



abdell_hamze@hotmail.com

Hamze, AAL, et al. - RAPD, variabilidade genética

Hamze, AAL; Kalil Filho, AN; Bertão, MR; Santos, ÁF; Neves, EJM; Sousa, VA

Departamento de Ciências Biológicas – Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” – Unesp, Embrapa Florestas – Empresa Brasileira de Pesquisas Agropecuárias.

Caracterização da variabilidade genética de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) mediante o uso de marcadores moleculares do tipo RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)

Pesquisas com pupunheiras (*Bactris gasipaes* Kunth) têm sido intensificadas em vários países devido ao crescente uso dessa espécie para a produção agrícola de palmito, em substituição à exploração predatória de palmeiras silvestres. Por ser uma espécie ainda pouco estudada, pesquisadores utilizam diferentes caracteres para avaliar o crescimento e a comparação de resultados. O presente trabalho visa à padronização de medidas a serem usadas em estudos genéticos, visando a produção de palmito. Um objetivo importante do manejo genético de populações é a retenção da variabilidade genética, em parte reduzida pelo endocruzamento. Com o rápido avanço das técnicas de genética molecular nos últimos anos percebeu-se que muitas destas podem contribuir consideravelmente para o manejo de espécies ameaçadas de extinção e para a conservação da biodiversidade. No presente trabalho foram analisados 400 exemplares da espécie *Bactris gasipaes* Kunth (*Palmae*, Plantas) com o objetivo de contribuir com informações sobre a variabilidade genética destas plantas. Amostras de folhas foram coletadas de plantas fornecidas pela Embrapa Florestas – Empresa Brasileira de Pesquisas Agropecuárias (Colombo – PR). A extração e quantificação do DNA genômico foi feita de acordo com a técnica de PAZINI, 1999. Para a detecção de polimorfismo genético foi empregado a técnica de marcadores moleculares RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e, para a análise dos dados, o programa NTSYS-pc versão 2.02g, cujas similaridades de *Jaccard* foram estimadas para agrupamento das plantas com UPGMA. Para a detecção da variabilidade também foi empregada a técnica de PCR (Polimerase Chain Reaction), 14 *primers* foram testados e geraram 82 marcadores, onde 72 foram polimórficos no conjunto das plantas. Detectou-se uma similaridade entre os indivíduos de 0,535, considerada pequena já que é uma distância esperada entre espécies. Conclui-se que é necessário unir dados genéticos com morfológicos para obter um resultado mais preciso, que possa auxiliar ainda mais na retenção da variabilidade genética, para uniformizar os padrões de produção dessa espécie. ■