



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA BABAÇU (*Orbignya phalerata* Mart).

Camila de Fátima Coelho Gavião¹, Vânia Cristina Rennó Azevedo¹, Jefferson Barros Machado¹, Valdomiro Aurélio Barbosa de Souza, Ana Yamaguishi Ciampi¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, camila@cenargen.embrapa.br, aciampi@cenargen.embrapa.br, azevedovcr@cenargen.embrapa.br; ² Embrapa Meio Norte,

Palavras-chave: palmeira; SSR; genética de populações; conservação; Arecaceae

Orbignya phalerata Mart. (babaçu) pertencente à família das palmeiras Arecaceae é uma das mais importantes representantes das palmeiras brasileiras, com alto potencial energético para produção de biodiesel. No Brasil, encontram-se espalhados ao sul da bacia amazônica, onde a floresta úmida cede lugar à vegetação típica dos cerrados. São os Estados do Maranhão, Piauí e Tocantins que concentram as maiores extensões de matas onde predominam os babaçus. O uso da biotecnologia pode ser de grande valia, pela possibilidade de aumento da produtividade e qualidade dos seus produtos. Até o momento, poucas são as informações a respeito de marcadores moleculares, genes e regiões cromossômicas que controlam caracteres de importância econômica neste gênero. No que se refere à estudos genéticos de populações naturais, os marcadores moleculares representam uma ferramenta poderosa na quantificação da diversidade genética. Dentre os diversos marcadores moleculares, os microssatélites-SSR destacam-se nos estudos de caracterização da estrutura genética de populações naturais, por apresentarem o maior conteúdo informativo por loco gênico entre as classes de marcadores moleculares atualmente utilizadas. Este trabalho tem como objetivo o desenvolvimento de microssatélites para *O. phalerata* visando a realização de estudos de caracterização e diversidade genética da espécie. Cerca de 50µg de DNA genômico foi digerido com a enzima de restrição MSE I. O processo de enriquecimento da biblioteca foi realizada com a hibridização do complexo bio-oligo (TC14) e posteriormente sua recuperação com auxílio de contas magnéticas ligadas a estreptavidina. Os fragmentos recuperados contendo poli AG/TC foram amplificados e ligados ao vetor pGEM-T e transformados em *E. coli*, cepa XL 1-Blue. As células transformadas foram multiplicadas meio de cultura LB-ampicilina, contendo X-Gal e IPTG. Das 672 colônias positivas, foram seqüenciados 288 produtos de PCR do DNA plasmidial, purificadas por ExoSap, os quais foram submetidos em seqüenciador automático ABI 3700. As 288 seqüências obtidas foram processadas e analisadas utilizando-se o programa Staden Package, com adaptações. Foram encontrados 158 microssatélites longos (com mais de seis repetições), sendo que 58 evidenciaram regiões, para desenho de pares de *primers*. Estes vêm sendo sintetizados para posterior otimização e caracterização em 24 acessos de *O. phalerata*. Esses SSRs abrem uma nova perspectiva para estudos de diversidade genética de babaçu e de espécies silvestres afins, bem como para análise de germoplasma de coleções conservados a campo.

Apoio financeiro: CNPq