



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES (SSR) PARA *Piper hispidinervum* (PIMENTA LONGA)

Marlei de Fátima Pereira¹; Ana Gláucia Heinrich¹; Ana Y. Ciampi¹; Zilneide Pedroza de Sousa Amaral¹; Jacson Rondinelli da S. Negreiros²; Vânia Cristina Rennó Azevedo¹.

¹: CENARGEN/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - marleipereira@yahoo.com.br, aninhaglaucia@hotmail.com, aciampi@cenargen.embrapa.br, zilneide@cenargen.embrapa.br, vania.azevedo@cenargen.embrapa.br; ² CPAFAC/Embrapa Acre - jacson@cpafac.embrapa.br;

Palavras-chave: recursos genéticos vegetais, caracterização genética, conservação.

Dentre as diversas espécies nativas da Amazônia com elevado potencial econômico, destaca-se *Piper hispidinervum*, popularmente conhecida como pimenta longa. A espécie é grande produtora de safrol, um composto usado como matéria-prima da manufatura de heliotropina (fixador de fragrâncias) e butóxido de piperolina (PBO) usado como sinérgico em inseticidas naturais. Devido ao potencial econômico para o Brasil, diversos projetos vêm sendo desenvolvidos com o intuito de caracterizar a espécie quanto à produção e utilização dos compostos de interesse. O objetivo deste trabalho foi desenvolver marcadores moleculares microssatélites para *P. hispidinervum*. Uma bateria de *primers* flanqueando locos microssatélites foi desenvolvida a partir de duas bibliotecas genômicas enriquecidas (TC₁₃). A digestão do DNA foi realizada com as enzimas *MseI* e *Tsp*. Os fragmentos foram clonados no vetor pGEM-T *Easy Vector* (Promega) e transformados em células competentes de *E. coli*. Após a seleção dos clones positivos foi feita a extração plasmidial pelo método de lise alcalina. Os clones positivos foram seqüenciados utilizando o kit *BigDye Terminator* e sequenciador ABI 3700 (*Applied Biosystems*). Os *primers* foram desenhados utilizando os *softwares Staden Package e Primer 3*. Dos fragmentos gerados pela enzima *MseI* e *Tsp*, foram obtidos e seqüenciados 1056 e 670 clones, respectivamente. Destes, 469 (44,4% - *MseI*) e 94 (14% - *Tsp*) continham regiões microssatélites. Para a enzima *MseI* foram identificadas 109 seqüências (23,2%) e 20 para *Tsp* (21,3%) com regiões flanqueadoras adequadas para desenho e síntese de iniciadores. Estes *primers* (129) já foram sintetizados e a próxima etapa deste trabalho será a otimização e validação dos locos. Nesta etapa será utilizado o



VEGETAIS

DNA de 24 indivíduos provenientes de uma população natural de *P. hispidinervum*. Com essa metodologia será possível avaliar a variabilidade genética dos acessos conservados na Embrapa Acre, bem como realizar estudos em populações naturais, visando coleta de genótipos para enriquecimento da coleção e programas de melhoramento genético.

Fonte Financiadora: EMBRAPA