

VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Cattleya labiata* EM POPULAÇÃO NATURAL LOCALIZADA EM MARANGUAPE, CEARÁ

ANA VERUSKA C. SILVA¹, LUCAS R. PINHEIRO², LEANDRO E. C. DINIZ³, ANA S. LEDO⁴, ALLÍVIA R. F. SANTOS⁵

¹. Aluno de doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037 CEP 37200-000 Lavras, MG, Brasil. lucaspinheiro@hotmail.com.

². Pesquisadora Embrapa Tabuleiros Costeiros - Laboratório de Biologia Molecular, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Sergipe, Brasil, CEP 49025-040. anaveruska@cpatc.embrapa.br

³. Pesquisador Embrapa Tabuleiros Costeiros - Laboratório de Biologia Molecular, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Sergipe, Brasil, CEP 49025-040. leandro.diniz@cpatc.embrapa.br

⁴. Pesquisadora Embrapa Tabuleiros Costeiros - Laboratório de Cultura de Tecidos, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Sergipe, Brasil, CEP 49025-040. analedo@cpatc.embrapa.br

⁵. Aluna de doutorado - Departamento de Producción Vegetal, Universidade de Santiago de Compostela, Caixa Postal 27002, Lugo, Espanha. alliviarouse@hotmail.com

As orquideas são de grande importância para o agronegócio florícola mundial. Dentre as espécies que ocorrem no Brasil destaca-se *Cattleya labiata*, que tem ocorrência relatada para os estados de Alagoas, Ceará, Paraíba e Pernambuco. Essa espécie é amplamente utilizada em cruzamentos, produzindo híbridos comerciais. A pressão de coleta e a destruição de seu habitat tem reduzido drasticamente as populações naturais da espécie. Há necessidade de conhecer a diversidade genética dessas populações para planejamento de estratégias para sua conservação. O objetivo deste trabalho foi verificar a variabilidade genética entre 17 indivíduos de *Cattleya labiata*, de uma população localizada na cidade de Maranguape, Ceará. A extração do DNA foi feita pelo método CTAB, 12 iniciadores RAPD foram utilizados para as reações de PCR e geraram um total de 85 fragmentos, todos polimórficos. As medidas de similaridade genética foram obtidas por meio do coeficiente de Jaccard, com auxílio do programa XLSTAT e os agrupamentos foram obtidos por meio do UPGMA (*Unweighted Paired Group Method With Arithmetic Mean*). A similaridade genética variou de 0,225, entre os indivíduos CE1.5 e CE1.6, a

0,828, entre CE1.7 e CE1.8. Houve a formação de quatro grupos, e identificação dos indivíduos mais divergentes: CE1.5 (G1), CE1.17 (G2), CE1.6 (G3) e CE1.1 (G4). Há alta variabilidade genética entre os indivíduos na população avaliada.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Embrapa Tabuleiros Costeiros pelo apoio financeiro ao projeto e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de Mestrado.