

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO NATURAL DE *Cattleya labiata* LOCALIZADA EM URUBURETAMA, 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

A família Orquidaceae é a mais diversa dentre todas as famílias de angiospermas. No Brasil é estimada a ocorrência de 2350 espécies, em 200 gêneros. *Cattleya labiata* Lindl. se destaca por apresentar elevado valor ornamental, devido principalmente, ao tamanho e exuberância de suas flores e à potencialidade de hibridação. A perda da diversidade genética em populações de orquídeas é alta devido a diversos fatores antropomórficos. O objetivo deste trabalho foi verificar a diversidade genética entre 18 genótipos de *Cattleya labiata* de uma população localizada em Uruburetama, CE. 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 polimórficos. As medidas de similaridade genética foram obtidas por meio do coeficiente de Jaccard, com auxílio do programa XILSTAT e os agrupamentos foram obtidos por meio do UPGMA (*Unweighted Paired Group Method With Arithmetic Mean*) no programa XLSTAT. A similaridade genética, entre os indivíduos variou de 0,692, (CE2.2 e CE2.17), a 0,870 (CE2.5 e CE2.9). Houve a separação em três grupos distintos, sendo que o grupo II apresentou o maior número de

indivíduos (12). Foi possível verificar os indivíduos mais divergentes (CE2.11 - GI; CE2.1 – GII e CE2.2 - GIII). A caracterização molecular por marcadores RAPD mostrou-se eficiente para a análise da diversidade genética nessa população, indicando alto parentesco entre os indivíduos analisados.

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.