

TRANSFERIBILIDADE DE PRIMERS MICROSSATÉLITES E OTIMIZAÇÃO DA AMPLIFICAÇÃO DE REGIÕES CONSERVADAS NO DNA DAS ORGANELAS DE *Tibouchina papyrus* (PAU-PAPEL)

Dayane Borges Melo (Acadêmica); Profa. Dra. Mariana Pires de Campos Telles (Orientadora).
Departamento de Biologia. Universidade Católica de Goiás.
Contato: dayanemelo1@gmail.com

Tibouchina papyrus é uma planta endêmica do Cerrado que possui distribuição restrita aos campos rupestres das serras goianas. A espécie é ornamental, apresenta a casca do tronco escamado em lâminas finíssimas, parecendo papel de seda, por esse motivo, é denominada comumente de “pau-papel”. O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura genética de três populações situadas no Parque Estadual da Serra Dourada com base no polimorfismo de um gene organelar utilizando a estratégia PRC-RFLP (ou CAPS). Este método se baseia na amplificação de fragmentos de DNA amplificados via PCR, utilizando-se *primers* específicos, seguido da digestão com enzima de restrição, com a finalidade de gerar polimorfismo em regiões conservadas. Foram utilizadas as folhas de 165 indivíduos para extração do DNA. Posteriormente, o DNA foi quantificado e diluído para as reações de amplificação. Foi utilizado um *primer* de um gene cloroplastidial (*Trn*) para a amplificação de fragmentos de DNA via PCR e essas foram submetidas a uma reação de clivagem com a enzima de restrição Eco RV. Os fragmentos da clivagem foram submetidos a um gel de agarose 1,5 % e corados com *Cyber Gold*, a partir da codificação desses géis foi gerada uma matriz de dados que foi analisada no programa TFGA. Obtiveram-se oito alelos, sendo que o mais freqüente foi o 1600 pb (0,45). Os valores médios de diversidade genética nas populações variaram entre 0,50 e 0,75. De acordo com as distâncias genéticas de Nei 1972 as maiores distâncias foram encontradas entre as populações SD1 e SD3 (2,36) e as menores entre SD2 e SD3 (0,08). Os resultados mostraram que este loco, apesar de ser de uma região conservada do genoma organelar, possui altos níveis de diversidade genética, o que possibilita a estimativa eficiente da estruturação da variabilidade genética nas populações de *T. papyrus*. Embora as populações sejam relativamente próximas geograficamente o valor de estrutura genética foi alto, o que era de se esperar em função da região do genoma utilizada neste estudo. O perfil das distâncias genéticas observado revela a formação de dois grupos distintos compostos pelas populações SD2 e SD3 e outro pela SD1. Isto sugere que as populações SD2 e SD3 têm a mesma origem, se comportando como uma única população do ponto de vista evolutivo.

Palavras-chaves: 1) pau-papel; 2) CAPS; 3) SSR.

Apoio: PIBIC/CNPq