

Similaridade genética entre os acessos de faveira-de-bolota do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte*

Maria dos Remédios Ferreira¹; Gisele Holanda de Sá²; Giovana Sarah Sales Batista²; Paulo Sarmanho da Costa Lima³; Raimundo Bezerra de Araújo Neto³

¹Estudante de Farmácia/UNIFSA, bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa Meio-Norte, remedios2015ferreira@gmail.com ²Mestranda em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí. ³Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br

Parkia platycephala (Benth), conhecida por faveira-de-bolota, destaca-se por ser uma espécie de grande importância para a alimentação bovina, principalmente por seu valor nutricional. A fragmentação dos ecossistemas florestais, associada à falta de conhecimento da riqueza dos recursos genéticos, tem propiciado a perda da variabilidade genética de populações naturais. Diante disso, o presente estudo objetivou a caracterização molecular de 12 acessos de faveira-de-bolota do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Os acessos foram coletados de diferentes localidades do Piauí, como Valença e Inhuma, e avaliados por meio de marcadores moleculares ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). Para extração, foram utilizadas folhas jovens de cada acesso, seguindo o protocolo de extração convencional. Foram selecionados seis *primers*. Os fragmentos gerados a partir da amplificação foram separados em gel de agarose (1,5%). O alinhamento das bandas foi realizado com o auxílio do programa CorelDRAW® Graphics Suite X8 Copyright © (1989-2016 Corel Corporation) para, em seguida, elaborar uma matriz utilizando-se “um” para representar presença de banda e “zero” a ausência. A similaridade genética foi estimada pelo coeficiente de Jaccard. As análises foram realizadas no programa PAST, com o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e os dados foram submetidos a análises multivariadas para estimar a diversidade genética. O dendrograma apresentou índice de correlação cofenética de 70%, demonstrando confiabilidade na associação da matriz expressa no dendrograma. A partir de um dendrograma baseado nos índices de similaridade e distância, foi possível identificar a formação de sete grupos: quatro constituídos por um acesso cada e os outros três grupos compostos por dois acessos. A maioria dos acessos agrupou-se independentemente de sua população de origem. Os marcadores ISSR utilizados mostraram-se eficientes nesse estudo de diversidade *Parkia platycephala*. Com as análises preliminares realizadas, foi possível observar existência de diversidade genética entre os acessos das duas populações.

Palavras-chave: ISSR, marcador molecular, PCR, diversidade genética.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, CNPq.

*Apoio financeiro: CNPq.