

DIVERSIDADE GENÉTICA DE MAURITIA FLEXUOSA L. NO NORTE DO ESTADO DE MATO GROSSO, BRASIL

Giseudo Aparecido de Paiva, Ana Paula Roveda, Kelli Évelin Müller Zortéa e Ana Aparecida Bandini Rossi

Mauritia flexuosa L., conhecida popularmente como buriti, é uma espécie de palmeira pertencente à família *Arecaceae*, com ocorrência nos biomas Amazônico, Cerrado, Caatinga e Pantanal. A espécie possui potencial econômico fornecendo matéria prima para indústrias farmacêuticas, alimentícias e de cosméticos. Neste sentido, é importante buscar métodos para conservação da espécie, através de estudos de diversidade genética. Este estudo objetivou avaliar a diversidade genética de genótipos nativos de *Mauritia flexuosa*. Foram amostrados 18 indivíduos de *M. flexuosa* localizados na comunidade Santa Luzia, zona rural do município de Alta Floresta-MT, dos quais foram coletadas folhas jovens para posterior extração de DNA. Para extração de DNA, utilizou-se o método de CTAB, com modificações para a espécie. Foram calculados o número total de bandas (NTB), número de bandas polimórficas (NBP) e a porcentagem de polimorfismo (P%) por primer, e estimada a porcentagem de loci polimórficos (P), o índice de diversidade de Shannon (I) e de Nei (H) e o Índice de Conteúdo Polimórfico (PIC). A matriz de dissimilaridade dos genótipos foi utilizada para agrupá-los por meio da montagem do dendrograma UPGMA. Também foi visualizada a relação genética entre os genótipos por meio da Análise de Coordenadas Principais (PCoA). Os nove primers utilizados geraram um total de 91 bandas, sendo 70,33% polimórficas. O número de bandas amplificadas variou entre 7 e 17, com média de 10,11 por primer. A porcentagem de polimorfismo evidenciada pelos marcadores ISSRs, apresentou uma média de 67,92%. Os valores do PIC variaram de 0,09 a 0,68. Os primers 873, 827, 807, 824, 844 e 848 apresentaram valores de PIC acima de 0,5, sendo considerados muito informativos. A diversidade de Nei foi de 0,25 e o índice de Shannon foi de 0,38, estes índices apresentam valores entre 0 e 1, e, quanto mais próximos de 0 mais baixa é a diversidade genética da população. Com base nesse índice foi possível observar que os genótipos de *M. flexuosa* estudados apresentam uma reserva de diversidade genética importante para a espécie. Na avaliação do dendrograma observou-se que os indivíduos 12 e 1 estão mais distantes geneticamente, corroborando com a PCoA. Os loci analisados apresentaram uma alta porcentagem de polimorfismo a nível de espécie. Propõe-se que os indivíduos dessa população sejam conservados, a fim de auxiliar na manutenção da diversidade genética da espécie e sua conservação efetiva.

Palavras-chave: Palmeira, Conservação, Polimorfismo.

Referências Bibliográficas:

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, v.32, n.2, p.314-331. 1980.

Pesquisas e Inovações em Ciências da Saúde e Biológicas: Produções Científicas Multidisciplinares no Século XXI, Volume 1

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, v.12: 13-15, 1990.

LEITMAN, P.; SOARES, K.; HENDERSON, A.; NOBLICK, L.; MARTINS, R.C. 2015. *Arecaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: . Acesso em: 29 set. 2021.

LORENZI, H.; NOBLICK, L.; KAHN, F.; FERREIRA, E. J. L. *Flora Brasileira: Arecaceae (Palmeiras)*. 1. ed. Nova Odessa: Plantarum. v.1, 2010. 384 p.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, New York, v. 70, n. 12, p. 3321-3323, 1973.

PÁDUA, J. A. R. *Genética da paisagem: áreas prioritárias para manejo e a conservação de Eremanthus erythropappus (DC.) Macleish no Estado de Minas Gerais*. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2011. 80 p. Dissertação Mestrado. Disponível em: . Acesso em: 04 mar. 2021.

ROSSI, F. S.; ROSSI, A. A. B.; DARDENGO, J. F. E.; BRAUWERS, L. R.; SILVA, M. L.; SEBBENN, A. M. Diversidade genética em populações naturais de *Mauritia flexuosa* L. f. (Arecaceae) com uso de marcadores ISSR. *Scientia Florestalis*, Piracicaba, v. 42, n. 104, p. 631-639, 2014.

YEH, F. C.; YANG, R. C.; BOYLE, T. POPGENE. Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Release 1.31. Edmonton: University of Alberta, 1999. 300 p.