

XVIII SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFJF

Grande área:

Ciências Biológicas

Projeto:

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE LIPPIA ALBA (VERBENACEAE) POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES

Autores:

FLÁVIA RANGEL DE SOUZA (XX PIBIC 2011/2012)
MARCO ANTONIO MACHADO
ANA LUISA SOUSA AZEVEDO
LYDERSON FACIO VICCINI (ORIENTADOR)

Resumo:

Entre as espécies do gênero *Lippia*, *Lippia alba* se destaca pelo seu uso medicinal e também por apresentar ampla plasticidade fenotípica tanto em seus caracteres morfológicos vegetativos quanto na composição de seus óleos essenciais. Na tentativa de entender as relações genéticas entre 94 acessos coletados em diferentes regiões do país e que apresentam diferentes quantidades de DNA, o polimorfismo obtido a partir de 13 primers ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) foi analisado. Folhas frescas foram coletadas e congeladas em nitrogênio líquido para posterior extração do DNA. As amplificações foram realizadas em termociclador tendo como volume total das amostras 25µL, composto pelo primer; dNTPs, Taq polimerase; Tris-HCl, MgCl₂ KCl e o DNA do acesso. Após a amplificação, os fragmentos foram carregados em géis de agarose 1,5% e submetidos à eletroforese em tampão TBE por cerca de 4h. Somente bandas consistentes foram consideradas. Foram atribuídos 1 para bandas presentes e 0 para bandas ausentes a fim de se construir de uma matriz binária baseada no complemento do índice de Jaccard. As análises de distância genética foram realizadas por meio do software NTSYSpc. Clones foram detectados em pequeno número e uma alta variabilidade pode ser observada em função da distância genética obtida entre os acessos. Embora a variabilidade esteja aparentemente distribuída de forma aleatória entre os acessos, no dendograma foi possível observar de forma geral dois grandes grupos de genótipos: os acessos coletados na região centro-oeste e sudeste formariam um grupo enquanto os acessos predominantemente originados do nordeste formariam outro grupo. Além deste padrão, observou-se também que alguns acessos aparecem agrupados quanto ao nível de ploidia evidenciando próxima relação entre eles. A ocorrência de acessos diploides associados a acessos com maior tamanho de genoma somados aos dados cromossômicos e de quantidade de DNA sugere que apenas um genoma esteja envolvido na formação do complexo poliploide.

Apoio financeiro: Capes, CNPq, Fapemig