



ISBN 978-85-66836-16-5

DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Meyerozyma caribbica* PROVENIENTES DA MICROFLORA DE COCO-ANÃO-VERDE¹ / Genetic diversity of *Meyerozyma caribbica* from green dwarf coconut microflora. J.M.G. BEZERRA²; S.B. RAMOS²; I.L. COELHO²; L.G.B. FERRAZ³; R.P. NEVES⁴; D. LARANJEIRA². ²Setor Fitossanidade/ Laboratório de Fungos de Solo - LAFSOL/ UFRPE, CEP 52171-900, Dois irmãos, Recife, PE; ³Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, CEP 50761-000, Bongi, Recife, PE; Laboratório de Micologia Médica / Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, CEP 50670-901, Cidade Universitária, Recife-PE. E-mail: juliannemaria5@hotmail.com

Leveduras são importantes e participativos agentes nos mais variados ecossistemas. Têm sido largamente estudadas e apresentam papel econômico importante em áreas como a biotecnologia. Os avanços, acerca da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), têm proporcionado identificação de espécies, resultados relacionados a variabilidade e expressão gênica, por exemplo. A técnica fingerprinting, utilizando marcadores como ERIC (consenso intergênico repetitivo enterobacterial) e BOX (elementos repetitivos relacionados a estruturação de proteínas), têm sido empregados para determinar a variabilidade e/ou diversidade de enterobactérias, tem ganhado destaque nos estudos de variabilidade intraespecífica, distinção de estirpes e genotipagem de fungos. Objetivou-se determinar a diversidade genética de cepas de *Meyerozyma caribbica*. Trinta e uma cepas de *M. caribbica*, recuperadas da microflora de coco-anão-verde, foram avaliadas por fingerprinting, utilizando os marcadores BOX (BOXA1R-5'CTACGGCA AGGCGACGCTGACG3') e ERIC (ERIC1- 5'AAGTAAGTGACTGGG GTGAGC3' e ERIC2-5'ATGTAAGCTCCTGGG GAT TCAC3'). A PCR (25 µl) foi realizada com 14,8 µl de água, 1 µl de DNA (60 ng), 2 µl de cada primers (20 e 50 pmol para BOX e ERIC, respectivamente), 0,2 µl de Taq DNA polimerase, 10x PCR reação buffer (200 mM Tris-HCl pH 8.4, 500 mM KCl), 50 mM MgCl₂ e 0,4 mM de cada dNTP (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA). Os amplicons, foram corados com SYBR® Green I Nucleic Acid Gel Stain (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA), separados por eletroforese em gel de agarose 1% em Tris-ácido bórico 1,0 x ácido EDTA (TBE) a 120 V por 180 min e fotografados sob luz UV. O conjunto de dados obtidos foi analisado pelo método de pares não ponderados com médias aritméticas (UPGMA) e distância de similaridade determinada segundo Jaccard's Coefficient. Observou-se que os marcadores BOX e ERIC diferenciaram até 27 e 35 bandas, respectivamente, ambos com um padrão de bandas comum entre as cepas, porém apresentando diferenças entre os isolados. A partir dos dendogramas de UPGMA, verificou-se, com similaridade de aproximadamente 50%, a formação de 5 e 14 grupos distintos para ERIC e BOX, respectivamente. Para os dois marcadores, a quantidade de grupos formados aumenta proporcionalmente ao índice de similaridade, podendo inferir que há uma grande diversidade genética entre as 31 cepas de *M. caribbica* utilizadas nesse trabalho e que ambos os marcadores foram eficientes para evidenciar essa diversidade genética.

Palavras chave: Fingerprinting; Leveduras; Marcadores; Similaridade; UPGMA.

¹ Conceder informações: Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA; Laboratório de Micologia Médica e Laboratório de Bioinformática e Biologia Evolutiva da Universidade Federal de Pernambuco – UFPE; Laboratório de Fitobacteriologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE; CAPES, CNPq e FACEPE.