



DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Cereus jamacaru* DC. POR MEIO DE ISOESTERASES

GAMA, T.C.C.¹; ORASMO, G.R.²

¹Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Piauí, thaiscabralpi@gmail.com

²Departamento de Biologia, Universidade Federal do Piauí, gleice@ufpi.edu.br

Resumo: Padrões isoenzimáticos podem ser usados na análise da estrutura genética de populações. O objetivo deste estudo foi analisar a diversidade genética através do polimorfismo de isoesterases em mandacaru (*Cereus jamacaru* DC.) mantidos no Piauí. Nove amostras de mandacaru oriundos dos municípios de Teresina e Parnaíba foram analisadas em gel de poliacrilamida 12%. Um total de 103 plântulas foi homogeneizado individualmente em solução de extração e visualizado após 5h de migração, utilizando-se os substratos α - e β -naftil acetato. Foram detectados sete *loci* de isoesterases e cinco destes (Est-2, Est-4, Est-5, Est-11 e Est-12), considerados polimórficos, foram utilizados nas análises. O número médio de alelos por *loci* foi 2,6 e o índice de fixação 78%. Todos *loci* foram polimórficos, a heterozigosidade média esperada foi 51% e a observada 31%, indicando moderada diversidade genética. O valor positivo de *Fis* mostra que há um déficit de heterozigotos, o qual foi de 40%, de acordo com *Fit*, já o *Fst* (25%) mostrou uma alta divergência. A similaridade variou de 40-98%, sendo o menor índice entre Teresina e Parnaíba e a maior semelhança entre amostras de Teresina. O dendrograma gerado formou dois grupos, distinguindo as amostras de Teresina das de Parnaíba, exceto, por uma das amostras de Teresina. As isoesterases permitiram a análise da diversidade genética em mandacaru e, portanto, podem ser usadas para análise da estrutura populacional e para detectar variações alélicas. Estas informações são importantes para a conservação da biodiversidade no bioma caatinga e para auxiliar futuros programas de melhoramento genético de mandacaru.

Palavras-chave: Isoenzimas; Mandacaru; Polimorfismos.