

## **Avaliação da identidade genética de *Chrysobalanus icaco* L. ocorrentes em restingas abertas visando determinar o tipo de propagação**

Soares, L.N.<sup>1</sup>; Moura, R.S<sup>1</sup>; Soares, B.O.<sup>2</sup>; Pettinelli, J.A.<sup>1</sup>; Gagliardi, R.F.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Marcadores Moleculares em Plantas da

UERJ; [leticia042013@gmail.com](mailto:leticia042013@gmail.com)

<sup>2</sup> Instituto Federal do Rio de Janeiro

O abajeru (*Chrysobalanus icaco* L.) é uma espécie encontrada em regiões costeiras de restinga aberta e semi-aberta. A espécie apresenta ampla distribuição global, podendo ser encontrada nos continentes americano, africano e asiático. Sua utilização econômica compreende desde a alimentação, a ornamentação e, principalmente, o uso na medicina tradicional, em função das suas propriedades antioxidantes, hipoglicemiantes e diuréticas. Para a utilização farmacológica é indispensável o desenvolvimento de estratégias para a conservação da diversidade. Entretanto, nas restingas abertas esta espécie tem um *habitus* rastejante, com formação de grandes moitas espalhadas, dificultando a coleta de amostras individuais, necessária aos estudos de diversidade, para o estabelecimento da conservação. Neste trabalho foi utilizado o marcador molecular dominante baseado em PCR (Polymerase Chain Reaction), RAPD (Random amplification of polymorphic DNA), visando determinar o meio de propagação da espécie nestes locais. O material vegetal foi coletado nas dunas de Cabo Frio, Rio de Janeiro, em área de loteamento. As folhas foram coletadas a partir de cinco moitas selecionadas, com objetivo de avaliar a identidade genética entre elas. A extração do DNA seguiu um protocolo padrão, com a maceração em nitrogênio líquido e a utilização de CTAB como tampão de extração. Em seguida, o material foi submetido à quantificação por nanoespectrofotometria e eletroforese em gel de agarose. Na sequência, as amostras de DNA foram amplificadas segundo protocolo padronizado de RAPD, utilizando-se seis *primers* selecionados previamente. Os resultados permitiram a determinação de índices de semelhança e diferença dentro de cada moita, com a determinação do índice de dissimilaridade, com base em matrizes estruturadas pelo número de bandas selecionadas, o que permite determinar o grau de proximidade genética dentro de cada moita. Foi detectada a presença de clones dentro das moitas, em função da propagação vegetativa oriunda do enraizamento dos ramos rastejantes. No entanto, os indivíduos analisados se mostraram distintos em sua maioria, embora com elevado grau de parentesco, indicando sua origem a partir da germinação de sementes da mesma planta matriz.

**Palavras-chave:** Abajeru, RAPD, Identidade

genética. **Agradecimentos:** Cetreina/UERJ; FAPERJ