

## DNA BARCODE PARA A IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES ARBÓREAS DA FAMÍLIA Fabaceae L.

Ana Beatriz de Sousa Freire<sup>1,3</sup>; Thainara Policarpo MENDES<sup>1,2</sup>; Thannya  
Nascimento Soares<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas I, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, CEP: 74001-970, Brasil.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás; Goiânia, GO, CEP: 74690-900, Brasil. <sup>3</sup>Discente do curso de Bacharelado em Ciências Biológicas na Universidade Federal de Goiás; e-mail: anafreire@discente.ufg.br

A família Fabaceae está entre as Angiospermas mais diversas do mundo, incluindo plantas com relevância medicinal, alimentícia e madeireira. A Convenção sobre o Comércio Internacional de Espécies Ameaçadas de Fauna e Flora Selvagens têm intensificado seus esforços de controle e manejo de diversas espécies madeireiras. Entretanto, um dos desafios é a identificação precisa dos espécimes envolvidos no comércio. Nesse contexto, a técnica de DNA barcoding é considerada promissora para alcançar resultados rápidos e identificação confiável de espécies, em comparação com análises morfológicas e de compostos bioquímicos. Diversas regiões são candidatas a DNA barcode em plantas, mas não há consenso sobre qual é a melhor para discriminar espécies, pois diferentes regiões são aplicadas em diferentes grupos. Neste estudo, objetivou-se avaliar e selecionar regiões potenciais de DNA barcode que permitam identificar molecularmente quatro espécies da família Fabaceae: *Amburana cearensis* (cerejeira), *Dipteryx alata* (baru), *Pterodon emarginatus* e *P. pubescens* (sucupira branca). Foram amostrados indivíduos de diferentes populações das quatro espécies, totalizando 39 indivíduos. Foram amplificadas quatro regiões universais utilizadas na identificação de plantas, segundo a literatura: matK, rbcL, ITS e psbA-trnH. Os dados de sequenciamento foram analisados quanto à diversidade nucleotídica, diversidade haplotípica, número de haplótipos e barcoding gap usando o método ABGD. Nossos resultados mostram que as regiões de espaçadores intergênicos psbA-trnH e ITS mostraram-se promissoras na identificação das espécies. Já os genes matK e rbcL funcionaram melhor ao nível de gênero. Além disso, o estudo indica que utilizar uma combinação de diferentes métodos pode ajudar na identificação de espécies madeireiras.

**Palavras-chave:** espécies madeireiras, identificação molecular, recursos genéticos, ABGD.

**Agradecimentos:** CNPq