

UTILIZAÇÃO DE REGIÕES ESPAÇADORAS DO cpDNA e *phyC* PARA IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Cereus*

Andrea Florindo das Neves^{1*}; Liriana Belizário Cantagalli¹; Claudete

Aparecida Mangolin²; Maria de Fátima Pires da Silva Machado²

¹Centro Universitário Ingá. ²Universidade Estadual de Maringá. Maringá/Pr.
*prof.andreaneves@uninga.edu.br

O Brasil é o centro de diversidade de *Cereus*, um gênero que engloba cactos colunares, amplamente distribuídos desde o México até a Argentina. Assim como outras cactáceas, as espécies de *Cereus* possuem adaptações morfofisiológicas que permitem o seu desenvolvimento em condições edafoclimáticas limitantes para outras espécies. Diante do cenário mundial de aquecimento climático, cresce cada vez mais o interesse por espécies com tais adaptações, devido ao seu potencial de utilização em vários contextos: alimentação humana e animal, além da extração de compostos químicos de interesse. No intuito de caracterizar os recursos genéticos desse grupo de cactáceas, destaca-se a utilização de ferramentas da biologia molecular. Neste trabalho, o objetivo foi analisar as sequências de *phyC* (fitocromo C, um gene nuclear) e *psbD-trnT* (um espaçador intergênico de cpDNA), para verificar a sua utilização na identificação das espécies. A amostragem consistiu na coleta de *Cereus* sp., provenientes das regiões Sul, Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste, totalizando 39 amostras. Após a extração do DNA e sequenciamento, as sequências obtidas foram submetidas à ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), para alinhamento e comparação de similaridade com as sequências disponíveis no banco de dados. Os parâmetros foram mantidos na configuração padrão, e foram considerados os dez melhores alinhamentos obtidos para cada sequência. Para *phyC* foram obtidas 35 sequências, das quais: 85,7% foram altamente similares à *Cereus hildmannianus*, 11,4% das amostras foram identificadas como *C. fernambucensis*, e 2,9% como *Pilosocereus* sp. As quatro amostras identificadas como *C. fernambucensis* são provenientes da região litorânea do Espírito Santo, que se configura como área de ocorrência da espécie em questão, típica de vegetação de restinga e sobre afloramentos rochosos. Já a amostra identificada como *Pilosocereus* é uma das 5 amostras oriundas do Mato Grosso do Sul, onde o gênero *Cereus* é representado por espécies como *C. saddianus*, *C. mirabella* e *C. hildmannianus*. Considerando as 32 sequências obtidas a partir de *psbD-trnT* (cpDNA), observou-se o seguinte: 68,8% como *C. hildmannianus*, 15,6% como *C. fernambucensis* (cinco amostras do Espírito Santo) e 15,6% como *C. saddianus* (cinco amostras do Mato Grosso do Sul). Segundo o que é descrito na literatura e a respeito da distribuição de *Cereus* no Brasil, a utilização do espaçador intergênico *psbD-trnT*, mostrou que ele oferece níveis de variação superiores ao marcador nuclear (*phyC*), configurando-se como um “hotspot” mutacional.

Palavras-chave: cpDNA não codificante; cactácea; alinhamento.

Agradecimentos: CAPES e CNPQ.