

## VALIDAÇÃO DE FERRAMENTAS MOLECULARES PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO CARYOCAR

Ana Clara da Costa <sup>1\*</sup>, Carmen Elena Barragán-Ruiz<sup>1,2</sup>, Fernanda Braga<sup>1,2</sup>, Larissa Resende de Carvalho<sup>3</sup>, Rhewter Nunes<sup>4</sup>, Mariana de Campos Pires Telles<sup>1,2,5</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética & Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Goiás. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Ciência & Tecnologia (INCT) em “Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás. <sup>3</sup>Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal do Goiás. <sup>4</sup>Laboratório de Bioinformática e Biodiversidade (LBB), Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas (IACSB), Universidade Estadual de Goiás - Campus Oeste, UnU de Iporá, Iporá, GO, Brasil. <sup>5</sup>Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, GO, Brasil.

\*E-mail autor apresentador: anaclaracs0810@gmail.com\_

O gênero *Caryocar* (pequizeiro) é composto por espécies frutíferas no cerrado brasileiro, sendo considerado um recurso genético importante, se destacando por sua riqueza em açúcares e proteínas, podendo ser consumido *in natura* ou transformado em outras preparações. As espécies do gênero são denominadas pequizeiro nas diferentes regiões, todavia apresentam características nutritivas diferentes. No mercado, existe uma mistura de espécies do gênero sendo comercializada e a identificação da espécie a partir dos produtos não é fácil. Assim, considerando este panorama, o objetivo do trabalho foi validar ferramentas moleculares que possibilite a identificação e a discriminação de nove espécies do gênero. Para tanto, foram utilizados primers desenvolvidos para três regiões (*rbcL-atpB*, *trnS-trnG*, *rps3-rpl16*) do DNA cloroplastidial (cpDNA), considerando o genoma de *C. brasiliense*, *C. glabrum* e *C. cuneatum*. O DNA foi extraído do material foliar de nove indivíduos por espécie a partir do método CTAB 2%. A partir dos resultados foi possível identificar polimorfismos únicos dentro de cada espécie de *Caryocar*, que permitiram a discriminação entre as três espécies analisadas. As regiões do cpDNA mais importantes para permitir a identificação molecular das espécies foram: *Rbcl* e *AtpB*, pois elas foram as que mais apresentaram polimorfismo, permitindo a separação entre *C. cuneatum*, *C. brasiliense* e *C. edulis* das demais espécies (*C. brasiliense*, *C. villosum*, *C. coreaceum*, *C. microcarpum*, *C. glabrum* e *C. pallidum*). Por outro lado, o marcador *rps3-rpl16* não apresentou polimorfismo entre as espécies: *Caryocar brasiliense*, *C. villosum*, *C. coreaceum*, *C. cuneatum*, *C. glabrum* e *C. pallidum*. Esses marcadores podem ser utilizados para análises de certificação de produtos e fraudes em produtos oriundos de *Caryocar*.

**Palavras-chaves:** Barcode, identificação, sequenciamento.

**Agradecimentos:** INCT\_EECBio (CNPq – processo 465610/20145 e FAPEG – processo 201810267000023); “Araguaia Vivo 2030” TWRA/FAPEG (proc. n.º 202210267000536).