

Caracterização molecular de *Campomanesia xanthocarpa* O. Berg. do bosque municipal de Paranavaí – Paraná

Nakamura, SS²; Dias, DC¹; Vilela, FC¹; Santos, RL²; Romagnolo, MB³; Gasques, LS⁴; Linde, GA⁴; Colauto, NB⁴; Valle, JS⁴

¹Acadêmica de Farmácia – PIBIC/Universidade Paranaense (UNIPAR); ²Acadêmico de Farmácia – PIC/UNIPAR; ³Universidade Estadual de Maringá/UEM; ⁴Laboratório de Biologia Molecular/UNIPAR.
deboracamiladias@hotmail.com

Campomanesia xanthocarpa (Myrtaceae), conhecida por guabiroba, guavirova ou guariva, apresenta ampla distribuição ocorrendo do Espírito Santo ao Rio Grande do Sul. Empregada como ornamental, produtora de madeira, melífera, produz frutos comestíveis e suas folhas são utilizadas como medicinais para problemas intestinais. É comum a identificação de diferentes espécies de Myrtaceae devido principalmente à escassez de informações e à complexidade taxonômica. Dados preliminares de levantamento florístico realizado no bosque municipal de Paranavaí (PR) evidenciaram variação morfológica em *C. xanthocarpa*, agrupando os indivíduos em dois grupos (folhas largas - FL e estreitas - FE). Sequências de DNA que codificam RNA ribossomais (rRNA) têm sido utilizadas no estudo de relações taxonômicas e variabilidade genética em plantas. Os genes rRNA estão arranjados em seqüências repetidas separadas por diferentes espaçadores, dentre eles dois ITS (espaçadores internos transcritos), úteis na caracterização genética por serem seqüências curtas e facilmente amplificadas. Nesse trabalho empregamos a técnica de PCR-RFLP para a caracterização genética de indivíduos de *C. xanthocarpa* coletados no bosque municipal de Paranavaí. Os ITS foram amplificados em um único fragmento (ITS1-5.8S-ITS2) (25 ng de DNA, 0,2 mM de cada primer, 1,5 U de *Taq* DNA polimerase; 100 mM de dNTPs; 2,0 mM de MgCl₂ e tampão da enzima 1x). Os produtos da amplificação foram digeridos com 11 endonucleases de restrição de acordo com as recomendações do fabricante. Com base no RFLP elaboramos uma matriz de presença/ausência de sítios de restrição que foi analisada com o software Arlequin 3.1. A PCR resultou na amplificação de um fragmento com 730 pb em todas as amostras analisadas. Tamanho que está na faixa do estimado a partir de dados de sequenciamento (GenBank) de outras espécies do gênero (700 pb). Não há dados publicados sobre ITS de *C. xanthocarpa*. Duas (*Hae*III e *Mbo*I) endonucleases testadas foram capazes de detectar variabilidade genética. A análise dos padrões de restrição revelou a presença de quatro haplótipos para o grupo FL e dois para o grupo FE. Há maior variabilidade genética no grupo FL (0,7500 ± 0,1391) do que no grupo FE (0,2222 ± 0,1662) e a variação existente entre os grupos foi de 38,75%. O teste global de diferenciação entre as amostras, realizado utilizando-se valores de F_{st} ($P = 0,03455 \pm 0,0291$) indica que não há diferenciação significativa entre os grupos FL e FE. Assim, o agrupamento de acordo com a característica morfológica não pode ser corroborado pela análise genética empregando-se esse tipo de marcador e a maior variabilidade no grupo FL pode ser explicada pela ação de fatores com deriva genética, mutação e seleção. Apoio Financeiro: UNIPAR/DEGPP/COPIIC