



DESENVOLVIMENTO DE METODOLOGIA DE IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO COMPLEXO BABAÇU (*Attalea* spp.)

LORENA RAMOS DA MATA¹; PETER WARD INGLIS²; VÂNIA CRISTINA RENNÓ AZEVEDO³

¹Farmacêutica, estudante de pós-graduação, Universidade de Brasília - DF, e-mail: lorena.mata@embrapa.br

²Bolsista DTI/CNPq- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: peterwinglis@gmail.com

³Pesquisadora- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: vania.azevedo@embrapa.br

Resumo: Babaçu é o nome comum de várias espécies do gênero *Attalea*, da subfamília Coccoideae, que pertencem à família Arecaceae. Apresentam ampla distribuição no Nordeste do Brasil e no Sul da bacia amazônica em, pelo menos, nove estados. Objetivamos determinar a aplicabilidade das regiões nucleotídicas tidas como adequadas para técnicas de "DNA barcode", na tentativa de diferenciar sete espécies do gênero *Attalea*: *A. speciosa*, *A. barreirenses*, *A. phalerata*, *A. eichleri*, *A. maripa.*, *A. funifera* e *A. vitrivir*. As sequências foram obtidas de material amostrado em campo, incluindo pelo menos três acessos de cada espécie. O grupo externo das árvores filogenéticas utilizado foi *Cocos nucifera*. As sequências foram selecionadas no *GenBank* (*in silico*). Foram utilizados os marcadores de cloroplasto recomendados pelo CBOL (rbcL, TrnL-F e MatK). Foi observada alta eficiência de amplificação e sequenciamento, entretanto, baixo poder discriminatório em *Attalea*. Diante deste resultado, também foi utilizado o marcador ITS do gene de RNA ribossomal nuclear. Para as espécies cuja amplificação e sequenciamento foram eficientes, esta região foi informativa e discriminatória. Novas análises estão em andamento para que seja possível discriminar por DNA *barcoding* todas as sete espécies.

Palavras-chave: Babaçu; Barcode; ITS; MatK; rbcL; TrnL-F.