

176

VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE VRIESEA GIGANTEA GAUD. (BROMELIACEAE) DO RIO GRANDE DO SUL (RS) ESTIMADA ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES.

Jamilla Alves Trindade Sampaio, Gecele Matos Paggi, Clarisse Palma da Silva, Eliane Kaltchuk dos Santos, Maria Helena Bodanese Zanettini, Fernanda Bered (orient.) (UFRGS). Em Bromeliaceae poucos trabalhos foram realizados para avaliar a variabilidade genética de populações naturais. As populações de *Vriesea gigantea* estão sendo reduzidas pela ação antrópica destrutiva de seu habitat e devido à coleta predatória. Além disso, *V. gigantea* está na lista de espécies ameaçadas de extinção do Rio Grande do Sul - SEMA. Apesar do potencial ornamental dessa espécie, há poucos produtores de bromélias que a cultivam comercialmente, sendo o mercado suprido pela coleta e comercialização ilegal. Estudos da variabilidade genética populacional contribuirão para o desenvolvimento de estratégias de utilização e conservação desta espécie. O objetivo deste trabalho é avaliar a variabilidade genética de populações de *V. gigantea* do RS através de marcadores moleculares do tipo RAPD, ISSR e SSR. Serão analisados 40 indivíduos de duas populações: Maquiné e Itapuã. A extração de DNA será realizada segundo Doyle & Doyle (1987). Serão utilizados pelo menos 10 primers de RAPD, quatro primers de ISSR e cinco pares de primers de SSR descritos para *Tillandsia fasciculata* e *Guzmania monostachya* por Boneh et al (2003). Os locos de SSR estão sendo amplificados segundo o protocolo de Boneh et al (2003) com modificações. As amplificações dos locos de RAPD e ISSR serão analisadas em gel de agarose 2% corado com brometo de etídio e, as amplificações dos locos de SSR em gel de acrilamida 6% corado com nitrato de prata. Até o momento, foram analisados dois locos de SSR: e6b – 3 alelos e p2p19 – 4 alelos. Os resultados preliminares indicam que *V. gigantea* apresenta alta variabilidade genética e que a população de Itapuã é menos variável que a de Maquiné. Os protocolos de amplificação de RAPD e ISSR estão sendo otimizados, já que esses marcadores moleculares nunca foram utilizados para esta espécie.