



III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP

ISBN - 978-85-66836-07-3

FILOGENIA DE POPULAÇÕES NATIVAS DE *Schinus terebinthifolius* Raddi

BRUNO AMARAL CRISPIM¹; JANNAINA VELASQUES DA COSTA PINTO²; ADRIELLE AYUMI DE VASCONCELOS³; NÉSTOR ANTONIO HEREDIA ZARATE⁴; ALEXEIA GRISOLIA BARUFATTI⁴; MARIA DO CARMO VIEIRA⁴

¹Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS, brunocrispim.bio@gmail.com

²Universidade Federal da Grande Dourados e Universiteit Gent, janna.velasques@ugent.be

³Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS, adriayumi@gmail.com

⁴Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS, alexeiagrisolia@ufgd.edu.br; mariavieira@ufgd.edu.br

Amostras de pimenta-rosa foram coletadas em diferentes biomas: Restinga, Mata Atlântica, Floresta semi-decídua de altitude e Cerrado e tiveram suas regiões intergênicas trnH-psbA, trnS-trnG, rpl20-5'-rps12 sequenciadas para investigar variações intra- e inter-específica e estudos de filogenia. As regiões trnH-psbA e rpl20-rps12 revelaram apenas um polimorfismo intersubespecífico nos acessos de Dourados e, portanto, não foram as mais indicadas para o estudo. A região intergênica trnS-trnG apresentou-se como a mais informativa, encontrando maior número de haplótipos, polimorfismos intersubespecíficos e intravarietais. Para análise filogenética, foram incluídas sequências dos haplótipos A, B e C depositadas no GenBank por Williams et al. (2005); os cladogramas reforçam padrão de agrupamento por similaridade ecogeográfica na espécie. Os acessos do Cerrado revelaram maior diversidade genética, podendo ser interpretada como mutações influenciadas pelas condições ambientais ou resultado de hibridização e seleção que influenciaram também em diferenças morfológicas e variação na composição química dos óleos essenciais. No entanto, ressalta-se a necessidade de estudos adicionais com maior número amostral e marcadores moleculares afim de confirmar origem e diferenças entre populações.

Palavras-Chave: Pimenta-rosa, planta medicinal, haplótipos, biodiversidade

Agradecimentos: Capes, Fundect-MS e CNPq