

## **ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Croton blanchetianus* (EUPHORBIACEAE), POR MEIO DE MARCADORES ISSR**

Rosemeire Santos Costa<sup>1</sup>; Itamara Bonfim Gois<sup>1</sup>; Ryan Santos Ribeiro<sup>1</sup>; Lidiane Gonçalves de Souza<sup>1</sup>; Valéria Jesus dos Santos<sup>1</sup>; Vinícius Trindade de Souza<sup>1</sup>; José Carlos Freitas de Sá Filho<sup>1</sup>; Laura Catharine Dória Prata Lima<sup>1</sup>; Ana Veruska Cruz da Silva<sup>2</sup>; Arie Fitzgerald Blank<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Sergipe. <sup>2</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros. \*E-mail do autor apresentador: rose.scostaa@gmail.com

*Croton blanchetianus* Baill. é uma espécie aromática endêmica da Caatinga que possui uso difundido na medicina popular e atividades terapêutica e biológica comprovadas. Apesar da sua reconhecida importância como recurso natural, estudos sobre essa espécie são incipientes, assim como as estratégias aplicadas ao seu manejo, conservação e melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura genética, por meio de marcadores ISSR, de seis populações naturais de *C. blanchetianus* presentes no estado de Sergipe, Brasil. A distribuição da variabilidade genética entre e dentro das seis populações de *C. blanchetianus* (Aquidabã, Graccho Cardoso, Itabi, Lagarto, Tobias Barreto e Poço Verde) foi estimada por meio da análise de variância molecular (AMOVA). Adicionalmente, foram realizadas as seguintes análises multivariadas: análise de componentes principais – ACP; distância genética de Rogers; e análise Bayesiana, por meio do *software* Structure, para avaliar a distribuição dos 170 genótipos estudados. Essas estimativas foram baseadas na análise do perfil de amplificação de 20 *primers* ISSR, um total de 264 bandas polimórficas. Com base na análise de variância molecular (AMOVA), foi possível verificar que 94% da variação genética ocorre dentro das populações, enquanto 6% da variação ocorre entre populações. As análises multivariadas (ACP, distância genética de Rogers e Bayesiana – Estrutura populacional) não agruparam os genótipos de acordo com as populações de origem. Os mecanismos de polinização, dispersão, sistema reprodutivo e dispersão geográfica justificam o padrão de distribuição da variabilidade genética observado para *C. blanchetianus*. Os marcadores ISSR utilizados foram eficazes para a avaliação da estrutura genética das populações naturais de *C. blanchetianus*, e os resultados auxiliam na seleção de genótipos que poderão compor a coleção de *C. blanchetianus* no Banco Ativo de Germoplasma de Plantas Medicinais e Aromáticas da Universidade Federal de Sergipe.

**Palavras-chave:** marmeleiro; populações nativas; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** UFS, FAPITEC/SE, CAPES e CNPq.