

VARIAÇÃO GENÉTICA POPULACIONAL EM *Stryphnodendron adstringens* (MART.) COVILLE (LEGUMINOSAE) NOS DOMÍNIOS FITOGEográficos DO CERRADO BRASILEIRO

Lorena S. Machado¹; Ramilla dos S. Braga-Ferreira¹; Ariany R. Gonçalves²; Lázaro J. Chaves³; José Alexandre F. Diniz-Filho⁴; Tatianne P. F. Abreu-Jardim⁵; Thaís G. de Castro⁴; Mariana P. C. Telles^{4,6}

¹Universidade Federal de Rondonópolis.

²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás.

³Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia.

⁴Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas.

⁵Instituto Boitatá de Etnobiologia e Conservação da Fauna.

⁶Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Escola de Ciências Médicas e da Vida.

*E-mail do autor apresentador: lorena.machado@aluno.ufr.edu.br

Hipóteses biogeográficas sobre o Cerrado assumem que a região central apresenta alta biodiversidade e estabilidade climática histórica. Espécies nativas com ampla distribuição no Cerrado, como *Stryphnodendron adstringens*, conhecida como barbatimão e por seu potencial medicinal, é um recurso genético importante no Cerrado, tornando-se alvo em estudos de caracterização genética. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre populações de barbatimão dentro dos domínios fitogeográficos do Cerrado. Assim, o DNA foliar foi extraído e utilizado para sequenciamento Sanger de regiões cloroplastidiais (*psbA-trnH* e *trnL-F*) e nuclear (*ETS 18S*) em 17 populações dos domínios centro-oeste, central, nordeste e sudeste do Cerrado. A AMOVA foi aplicada para verificar os níveis de divergência genética populacional hierárquica. Foi observado que a diversidade nucleotídica e haplotípica média foram baixas, com $\pi = 0,003$ e $h = 0,652$ para cpDNA e $\pi = 0,002$ e $h = 0,440$ para nDNA. A diversidade haplotípica média foi maior para a região centro-oeste ($h = 0,218$) com cpDNA, já para nDNA, a região sudeste ($h = 0,462$) apresentou maior valor. A divergência genética foi maior em cpDNA para os três níveis analisados: entre os domínios fitogeográficos (cpDNA - $\phi_{CT} = 0,414$; nDNA - $\phi_{CT} = 0,096$; $p < 0,001$); entre populações (cpDNA - $\phi_{ST} = 0,928$; nDNA - $\phi_{ST} = 0,355$; $p < 0,001$) e entre populações dentro dos domínios (cpDNA - $\phi_{SC} = 0,878$; nDNA - $\phi_{SC} = 0,286$; $p < 0,001$). Assim, não existe uma concordância entre as regiões de cpDNA e nDNA para a organização da variabilidade genética populacional em barbatimão. No cpDNA, a diversidade genética está fortemente estruturada entre populações e existe alta divergência entre os domínios fitogeográficos, padrão oposto ao observado para nDNA. Isto pode indicar que mecanismos de polinização e dispersão agem diferente na organização da variação genética em barbatimão, trazendo resultados úteis em estratégias de manejo e conservação genética da espécie, principalmente para o seu uso medicinal.

Palavras-chave: AMOVA; filogeografia; recursos genéticos.

Agradecimentos: INCT-EECBio (CNPq: 465610/20145 e FAPEG: 201810267000023), Universal CNPq (402178/2016-5) e FAPEG (201410267001736).