

CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE BAUNILHAS BRASILEIRAS

Marília C. R. Pappas^{1*}; Tayara Colins Nunes²; Fernando Souza Rocha³; Luciano de Bem Bianchetti¹; Rosa de Belém N. Alves¹; Roberto Fontes Vieira¹; Georgios J. Pappas Jr.²

¹ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia ² Universidade de Brasília ³ Embrapa Cerrados *marilia.pappas@embrapa.br

Baunilha é uma especiaria com uso na gastronomia e nas indústrias alimentícia, cosmética e de perfumaria. Oriunda de frutos do gênero *Pantropical Vanilla* (Orchidaceae), compreende cerca de 120 espécies, mais da metade das espécies endêmicas da América. O subgrupo pertencente à seção Xanata é reconhecido pelo aroma dos frutos, derivado de uma combinação de compostos incluindo a peculiar vanilina. Apesar da diversidade de espécies, o mercado mundial da baunilha é dominado pela espécie de origem mexicana *Vanilla planifolia* (cerca de 95% da produção), seguido pelo híbrido *V. x tahitensis* (*Vanilla planifolia* x *V. odorata*). O Brasil possui cerca de 35 espécies do gênero e pouca informação disponível sobre estas. A produção de baunilhas nativas do Brasil é ainda incipiente, baseada principalmente em extrativismo. Diante da ameaça às pequenas populações e aos ambientes naturais em função do extrativismo, mudanças climáticas e expansão das fronteiras agrícolas, a conservação e o avanço do conhecimento do gênero são prementes. Usamos plantas do Banco de Germoplasma de Baunilhas da Embrapa para investigar a diversidade genética desta amostragem do gênero no Brasil. Dados de 473 locos SNPs polimórficos (call rate 80%) foram gerados por genotipagem por sequenciamento para 108 genótipos de oito espécies. Dados de heterozigosidade e índice de endogamia (Fis) indicam baixa diversidade genética considerando todas as espécies em conjunto e nos subgrupos de *V. pompona*, *V. phaeantha*, *V. chamissonis* e *V. cribbiana*, com exceção de *V. columbiana*. A baixa diversidade observada de maneira geral é condizente com a baixa taxa de germinação descrita para Orchidaceae, exclusivamente dependente de simbiose com micorriza. O índice de fixação (Fst) entre espécies mostra a maior similaridade entre *V. columbiana* e *V. chamissonis*. Análises usando o marcador ITS (*Internal Transcribed Spacer*), comumente usado em estudos filogenéticos, mostraram que este, assim como marcadores *barcode*, não possui resolução suficiente para discriminar *V. columbiana* de *V. chamissonis*. No entanto, o conjunto de dados SNPs gerados neste trabalho permitiu a efetiva separação de indivíduos por espécie. Além de contribuir com o avanço do conhecimento do gênero *Vanilla* no Brasil, vislumbramos o desenvolvimento de um painel de marcadores moleculares para identificação taxonômica precoce de mudas como forma de apoiar a cadeia produtiva em desenvolvimento, uma vez que esta identificação é altamente dependente de caracteres da morfologia floral e, portanto, tardia.

Palavras-chave: baunilhas, diversidade genética, genotipagem por sequenciamento

Agradecimentos: FAPDF, Embrapa.