

Seção: Genética

IDENTIFICAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM ESPÉCIES BRASILEIRAS DE Piperaceae UTILIZANDO O MARCADOR NUCLEAR RIBOSSOMAL ITS E O ESPAÇADOR INTERGÊNICO *trnH-psbA*.

Ludmila Gondim RODRIGUES (1,2)
Micheline CARVALHO SILVA (1)
Lúcio Flávio DE ALENCAR FIGUEIREDO (1)
Peter Ward INGLIS (2)
Vânia Cristina Rennó AZEVEDO (2)

Piperaceae possui distribuição pantropical e inclui cerca de 2500-3000 espécies distribuídas em cinco gêneros, sendo a maioria pertencente à *Piper* L. e *Peperomia* Ruiz & Pav. *Piper* possui 1048 espécies, das quais 283 ocorrem no Brasil, sendo 191 endêmicas. O gênero é dividido em nove seções, das quais sete ocorrem no Brasil. *Peperomia* é o segundo maior gênero da família Piperaceae com 845 espécies. No Brasil ocorrem 159 espécies sendo 123 endêmicas. As espécies de *Peperomia* que ocorrem no Brasil são distribuídas em cinco subgêneros. A região do ITS é um dos locus mais usados em análises filogenéticas em nível de espécie e tem demonstrado alto nível de divergência interespecífica. A região do espaçador intergênico *trnH-psbA* é uma das mais variáveis do genoma de cloroplastos sendo bastante informativa em estudos de filogenia. O objetivo deste trabalho foi avaliar os polimorfismos nas sequências de ITS e *trnH-psbA* em 46 espécies de *Piper* e *Peperomia*, de 132 amostras coletadas nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. O DNA das amostras foi extraído com CTAB 2%, amplificado com os *primers* de ITS (18D, 28CC, Nnc18S10 e C26A) e *trnH-psbA* e sequenciado em sequenciador ABI3730. Até o momento foram sequenciadas 42 amostras de ITS e 20 de *trnH-psbA*. As sequências foram alinhadas e editadas no Sequencher 4.8. As extensões das sequências de ITS variaram de 190-808 pb em *Piper* (n = 31) e de 277-488 pb em *Peperomia* (n = 11); as de *trnH-psbA* variaram de 327-340 pb, todas do gênero *Piper*. Nesta etapa, foram identificados 694 sítios polimórficos nas sequências de ITS das espécies de *Piper* e 445 em *Peperomia*, sendo 162 e 116 INDEL, respectivamente. Nas sequências de *trnH-psbA* foram identificados 29 sítios polimórficos, sendo 22 INDEL. As sequências deste estudo estão sendo analisadas com as sequências de *Piper* (ITS n = 351 e *trnH-psbA* = 49) e *Peperomia* (ITS n = 68) depositadas no GenBank. A filogenia da família será analisada com as sequências deste estudo e as do GenBank.

Palavras-chave: polimorfismos, *Piper*, *Peperomia*

Créditos de Financiamento: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

(1) UnB - Universidade de Brasília Instituto de Ciências Biológicas - Departamento de Botânica
(2) Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Laboratório de Genética Vegetal