

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Cunila spicata* Benth. ESTIMADA ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES ISSR (Inter Simple Sequence Repeat)

Jucimar Zacaria (BIC-FAPERGS), Sergio Echeverrigaray (orientador) - Laboratório de Biotecnologia Vegetal e Microbiologia Aplicada/INBI/UCS - JZ_bio@yahoo.com.br

Pertencente a família Lamiaceae, o gênero *Cunila* apresenta uma ampla distribuição em toda a América, possuindo dois principais centros de distribuição, um no México com 10 espécies, e outro ao sul da América do Sul com 12 espécies. *Cunila spicata* é uma das espécies pertencente à seção Spicatae, previamente estabelecida por Epling (1936), com base no hábito e tipo de inflorescência. Descrições botânicas caracterizam-na como uma espécie sub arbustiva, extremamente odorífera, cujas folhas medem em torno de 1,5cm de comprimento e 0,6cm de largura. Suas flores apresentam corola branca com pintas vinosas nos lobos do lábio inferior e encontram-se disposta em espigas terminais com até 9cm de comprimento. A distribuição geográfica da espécie é reportada ao sul da América do Sul. *C. spicata* floresce e frutifica na primavera, estando estabelecida em banhados e orlas de mata de galeria. Esta espécie é utilizada na medicina popular como béquica, peitoral e sudorífera. Seus extratos apresentam comprovado efeito protetor contra convulsões crônicas e mostraram atividade antiviral. Neste contexto, marcadores ISSR foram aplicados como ferramentas de estudo da diversidade genética de um total de 10 populações de *Cunila spicata*, coletadas em distintos locais do estado do RS no período de setembro a dezembro de 2003, e um representante das espécies *Cunila galioides*, *Cunila menthoides* e *Cunila origanoides*. Utilizando primers selecionados um total de 160 produtos de amplificação, foram gerados com uma média de 17,7 fragmentos por primer. Quando considerada apenas populações de *C. spicata* obteve-se um total de 115 fragmentos com uma média de 12,7 por primer. A maior parte dos fragmentos mostraram-se polimórficos. Os perfis permitiram gerar uma matriz utilizada para o cálculo de distâncias de Jaccard. As distâncias intrapopulacionais foram menores do que as interpopulacionais, evidenciando a identidade genética das populações avaliadas. A análise de agrupamentos permitiu separar as três espécies utilizadas. Considerando apenas as 10 populações de *C. spicata*, foi possível evidenciar que cada população representa um *pool* gênico distinto, e que as mesmas podem ser separadas em quatro grupos de similaridade. Não foi observada relação entre os grupos formados e a origem geográfica dos materiais.

Palavras-chave: marcadores moleculares, *Cunila spicata*, genética de populações

Apoio: UCS, FAPERGS