

CARACTERIZAÇÃO DE DIFERENTES POPULAÇÕES DE *Schinus molle* L. ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Gabriela Sasset (BIC-UCS), Ana Cristina Atti dos Santos, Andressa Tremea, Marcelo Rossato (orientador) - gsasset@ucs.br

Schinus molle é uma planta da família *Anacardiaceae*, com grande dispersão na América Latina. No Brasil é conhecida como aroeira-mansa ou anacauíta. É uma espécie heliófita distribuída de Minas Gerais até o Rio Grande do Sul. Esta árvore é utilizada pela população para fins medicinais, paisagísticos e produção madeira. Atualmente esta planta vem despertando interesse na indústria oleoquímica, por apresentar elevado teor de óleo, com composição química constituída de hidrocarbonetos monoterpênicos, alguns sesquiterpenos e fenóis, apresentando atividades antiinflamatórias, antimicrobianas, antiespasmódicas, antipiréticas e cicatrizantes. *S. molle* é considerada uma planta nativa de fecundação cruzada, selecionada por diferentes fatores ambientais, demonstrando uma variabilidade muito grande de fenótipos e quimiotipos. O objetivo deste trabalho foi a verificação de variabilidade genética de *S. molle* de diferentes regiões do estado do Rio Grande do Sul, utilizando sondas de ISSR (Inter Single Sequence Repeats). Foram selecionados diferentes genótipos do Banco Ativo de Germoplasma do Laboratório de Óleos Essências (BAG/LOES) da Universidade de Caxias do Sul, representando dez acessos de diferentes regiões agroecológicas do RS. Três gramas de folhas forneceram material biológico para a extração de DNA. Foi utilizado Kits de extração de DNA da Quiagen (Dnasy Plant Mini Kit). A utilização do Kit foi devido a dificuldade de extração de ácidos nucleicos desta planta, mesmo assim se obteve um DNA de melhor qualidade após as folhas passarem por uma extração de óleo em Soxhlet com éter, para depois ser feita a extração por Kit. Após a extração, o DNA foi submetido a técnica de ISSR em termociclador Tonagen-palm para amplificação. Após a eletroforese, os géis foram fotografados resultando uma matriz binária de ausência (0) e presença (1) de bandas. A análise da matriz foi realizada pelo programa estatístico SPSS 11.5. Os resultados demonstram um dendrograma com dois grupos distintos apresentando alguns genótipos intermediários a este grupo utilizando-se do coeficiente de Jaccard. Não foi possível obter co-relação dos genótipos com as diferentes regiões agroecológicas.

Palavras-chave: *anacardiaceae*, caracterização genética, PCR.

Apoio: UCS, FINEP/SEBRAE.