

ANÁLISE PRELIMINAR DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE *MYRSINE* L. (PRIMULACEAE) POR ISSR

Iana Pedro da Silva Quadros¹; Tatiana Tavares Carrijo²; Adésio Ferreira da Silva²; José Romário de Carvalho³; Liziane Gabriel de Paula⁴; Marcia Flores da Silva Ferreira²

¹Mestranda Genética e Melhoramento – CCA/UFES/Alegre-ES/Brasil. Bolsista CAPES – email: ianaquadros@gmail.com; ²Professor (a) do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Vegetal - CCA/UFES/Alegre-ES/Brasil; ³Doutorando em Produção Vegetal – CCA/UFES/Alegre-ES/Brasil. Bolsista FAPES; ⁴Bolsista de Apoio Técnico no Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal– CCA/UFES/Alegre-ES/Brasil.

Myrsine é um dos 11 gêneros da família Primulaceae encontrados no Brasil, estando representado por 26 espécies. As espécies do gênero apresentam potencial medicinal, com importância, para o melhoramento e uso, a correta identificação das espécies. A morfologia das flores é geralmente homogênea, oferecendo poucas características distintivas às espécies. Caracteres vegetativos, como a forma e o tamanho das folhas por exemplo, assumem um importante papel na taxonomia das espécies. A dificuldade enfrentada neste sentido é que a morfologia das folhas é influenciada pelo ambiente. Isto dificulta a distinção de espécies, sobretudo aquelas estritamente relacionadas. Estudos moleculares podem contribuir para o refinamento taxonômico do gênero, auxiliando na delimitação das espécies. Entretanto, abordagens que empregaram marcadores moleculares em Primulaceae são escassos e recentes, e esses se reduzem ainda mais em se tratando do gênero *Myrsine*. Assim, objetivou-se com este trabalho a avaliação da diversidade genética de espécies e populações de *Myrsine* com a utilização de marcadores moleculares ISSR. Foram analisadas oito espécies, totalizando 48 indivíduos, com 10 *primers* ISSR, os quais produziram um total de 188 bandas, das quais 5 monomórficas. Os valores de dissimilaridade genética, calculados de acordo com o índice de Nei e Li, variaram de 0,31 a 0,57 para as espécies e de 0,44 a 0,50 para as quatro populações analisadas. Os agrupamentos revelados a partir do método de UPGMA correspondem às oito espécies estudadas. Os acessos *M. umbellata* e *M. venosa* foram mais dissimilares e *M. hermogenesii* e *M. venosa* mais similares. Os marcadores ISSR utilizados neste estudo demonstraram eficiência na detecção de polimorfismos moleculares, revelando variabilidade genética entre os 48 acessos. Diante dos resultados obtidos neste trabalho, é possível inferir que existe considerável variabilidade genética inter e intraespecífica entre as espécies de *Myrsine*, demonstrando o potencial dos marcadores para a delimitação taxonômica das espécies.

Palavras-chave: Myrsinaceae, taxonomia, variabilidade genética.