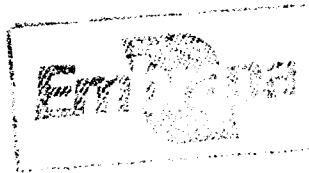


XVIII SIMPÓSIO DE PLANTAS
MEDICINAIS
DO BRASIL

CENTRO DE CONVENÇÕES STUDIO 5

16 a 19 DE NOVEMBRO DE 2004

L I V R O D E
Resumos



Manaus - AM

AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE FÁFIA (*Pfaffia glomerata* (Spreng.) Pedersen POR MEIO DE MARCADORES RAPD

KAMADA, T.¹; PICOLI, E. A. T.²; ALFENAS, A. C.³; CRUZ, C. D.⁴; VIEIRA, R. F.⁵; OLIVEIRA, L. O.⁶; OTONI, W. C.⁷; COSTA, R. R.⁸ -

¹doutorando do curso de genética e melhoramento/UFV e professor da Fundação do Ensino Superior de Rio Verde; ²doutorando do curso de genética e melhoramento/UFV; ³Professor do laboratório Patologia florestal e genética da interação planta patógeno - Biagro/UFV; ⁴ Professor do lab. de bioinformática - Bioagro/UFV; ⁵ Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁶ Professor do Dpto. de Bioquímica/UFV e; ⁷ Professor do lab. de cultura de tecidos - Bioagro/UFV ⁸ Estudante do curso de Agronomia/UFV (kamada@fesurv.br).

A fáfia conhecida também como ginseng brasileiro, tem se destacado pelas suas propriedades medicinais semelhantes ao *Panax ginseng*, sendo utilizada como afrodisíaca e nos tratamentos associados ao envelhecimento precoce. Populações nativas de fáfia vêm sofrendo intenso extrativismo motivado pela exportação de suas raízes ricas em saponinas. Tais fatos mobilizaram instituições locais e nacionais de pesquisa e extensão para preservação da variabilidade genética e desenvolvimento de técnicas de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética de quatro populações oriundas da região do Rio Paraná e preservadas na coleção de plantas medicinais da Embrapa Recursos Genéticos, por meio do marcador RAPD. O DNA foi extraído pelo protocolo de CTAB a partir das folhas de plantas cultivadas "in vitro". As reações de amplificação foram realizadas para 69 primers, do total de 120 primers avaliados. Foram obtidos 298 marcadores polimórficos e 125 monomórficos. A divergência genética entre os indivíduos foi determinada pelo complemento aritmético do coeficiente de similaridade proposto por Nei & Li. A maior dissimilaridade (0,5182) foi encontrada entre indivíduos de populações distintas e a menor (0,0257), entre indivíduos da mesma população. O valor médio da dissimilaridade genética foi de 0,2937. A análise de agrupamento pelo método de Tocher distribuiu os indivíduos em 18 grupos. Na avaliação individual de cada população, observou-se maior média de dissimilaridade (0,3113) e número de grupos (8) na população coletada em área de vegetação modificada pela presença de pastagem, com indícios de reconstituição da vegetação nativa. Os resultados permitem concluir que: *i*) as populações avaliadas apresentam variabilidade genética com potencial para possíveis variações fenotípicas dos caracteres agrônômicos e fitoquímicos; *ii*) os locais para busca de variabilidade genética da *Pfaffia glometa* não deve ser restrita a áreas de vegetação nativa e estável, uma vez que foi encontrada alta variabilidade em local associado a vegetação de pastagem.

Apoio: Fesurv/UFV/Capes.