

## Filogenia molecular de espécies do gênero *Manilkara* no Brasil

Sujii, PS<sup>1</sup>; Inglis, PW<sup>1</sup>; Gaiotto, FA<sup>2</sup>; Kanashiro, M.<sup>3</sup>; Martins da Silva, RCV<sup>3</sup>; Ciampi, AY<sup>1</sup>; Azevedo, VCR<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB Av. W5 norte (final), Brasília DF.

<sup>2</sup> Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus BA. <sup>3</sup>Embrapa Amazônia Oriental, Belém PA. sujiiips@gmail.com

**Palavras-chave:** ITS, rDNA, maçaranduba, Sapotaceae

Maçaranduba, como é conhecido o gênero *Manilkara* (Sapotaceae), é um conjunto composto por cerca de 70 espécies distribuídas nas regiões tropicais do mundo, com grande importância ecológica e econômica devida à alta resistência da madeira. A utilização de regiões ribossômicas e ITS (*Internal Transcribed Spacer*) apresenta vantagens no estudo de filogenia tais como serem universais, simples e de herança biparental, diferentemente de cpDNA que é de herança exclusivamente materna, na maioria das plantas. O sequenciamento da região ITS1-5.8S rDNA é uma boa estratégia para estudos filogenéticos, mesmo em espécies com pequenas variações entre indivíduos de regiões geograficamente distintas. O presente trabalho teve como objetivo construir a filogenia de espécies do gênero *Manilkara* encontradas no Brasil. Foi utilizado DNA total de dois a quatro indivíduos das seguintes espécies de *Manilkara*, totalizando vinte amostras: *M. amazonica*, *M. bidentata*, *M. cavalcantei*, *M. huberi* e *M. paraensis* todas da região Amazônica, coletadas na Floresta Nacional do Tapajós, Belterra, PA e *M. multifida* da região de Mata Atlântica no sul da Bahia. Foi realizado o sequenciamento de regiões do cistron nuclear ribossomal (18S - 5.8S - 26S) e de regiões ITS em ABI 3700. Os resultados obtidos foram utilizados para estimar a variação e a filogenia entre indivíduos das seis espécies do gênero. Foram obtidas sequências de aproximadamente 230pb, as quais foram alinhadas e analisadas pelo critério de parcimônia. Os resultados obtidos a partir das sequências geraram uma árvore consistente com o observado morfológicamente, em que *M. multifida* e *M. huberi* estão mais distantes das demais espécies. *M. multifida* é a única espécie que não ocorre na Floresta Amazônica e *M. huberi* é a espécie amazônica que apresenta maiores diferenças morfológicas em relação às demais, sendo a que atinge o maior DAP, a maior altura e a que possui a madeira mais densa e resistente. Atualmente estão sendo sequenciadas novas regiões para obter resultados mais consistentes, os quais serão utilizados em um estudo que visa a construção de uma árvore filogenética para espécies do gênero encontradas em diferentes partes do mundo, incluindo a América Central e Caribe, África e Ásia.

Apoio financeiro: CNPq/PPG7 e EMBRAPA.