

## Estudos genéticos em *Lavandula* spp., na região da Beira Interior

Tatiana Diamantino<sup>1,2</sup>, Joana Domingues<sup>2</sup>, Fernanda Delgado<sup>1,3</sup>, José Carlos Gonçalves<sup>1,2,3</sup>, Maria Margarida Ribeiro<sup>1,3,4</sup>

<sup>1</sup>IPCB-ESA – Instituto Politécnico de Castelo Branco, Escola Superior Agrária, Quinta Sra. de Mércules 6001-909 Castelo Branco, Portugal; <sup>2</sup>CBPBI – Centro de Biotecnologia de Plantas da Beira Interior, Castelo Branco, Portugal; <sup>3</sup>CERNAS-IPCB – Research Centre for Natural Resources, Environment and Society, Instituto Politécnico de Castelo Branco, Portugal; <sup>4</sup>CEF – Centro de Estudos Florestais, Instituto Superior de Agronomia, Universidade de Lisboa, Tapada da Ajuda, 1349-017 Lisboa, Portugal

O género *Lavandula* pertence à família Lamiaceae constituída por espécies com características aromáticas e medicinais, com grande interesse económico devido à produção de óleos essenciais. Especificamente, na região da Beira Interior crescem espontaneamente as espécies *Lavandula pedunculata*, *L. stoechas* subsp. *luisieri* e *L. stoechas* subsp. *stoechas*. As duas subespécies (*luisieri* e *stoechas*) suscitam dúvidas quanto à sua distinção morfológica, e diferenciam-se potencialmente pelo perfil de compostos químicos dos seus óleos essenciais. Assim, a utilização de marcadores moleculares desenvolvidos para o género, poderão ajudar a clarificar a taxonomia. Como tal, este trabalho teve como principal objetivo a genotipagem de amostras de *Lavandula* spp., da Beira Interior, utilizando microssatélites nucleares (SSR).

Para a análise da diversidade genética foi recolhido material vegetal de 120 plantas de 8 populações da Beira Interior, 6 de *L. stoechas* subsp. *luisieri*, 1 de *Lavandula pedunculata* e 1 de *L. stoechas* subsp. *stoechas*. Efetuou-se a extração do DNA usando um kit comercial, seguido de amplificação enzimática com 6 microssatélites nucleares e análise de fragmentos utilizando um sequenciador capilar. Foram calculados parâmetros de diversidade genética, o número de alelos ( $N_a$ ), o número efetivo de alelos ( $N_e$ ), a heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e a heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), usando o *software* GenALEX. As populações apresentam uma elevada diversidade genética,  $H_e=0,76$ , e um coeficiente de endogamia ( $F_{is}=0,02$ ) muito baixo e não diferente de 0, refletindo a não existência de excesso de homozigóticos ( $H_o \sim H_e$ ). As populações com valores mais elevados de diversidade genética são a CB e a PG. A análise de variância molecular (AMOVA) indica uma elevada diferenciação genética entre populações, 18% ( $F_{st}$ ). Todas as populações revelam a presença de alelos privados, o que, juntamente com o valor do  $F_{st}$ , indica um reduzido fluxo genético entre as populações, devido, possivelmente, ao sistema de cruzamento anemófilo e a uma baixa dispersão de sementes. O fluxo genético médio estimado ( $N_m$ ), o número de migrantes que entram numa população por geração, foi baixo = 1,2. A análise de componentes principais (PCA) calculada com base na matriz de identidade de Nei, aplicando o *software* NTSYS, explicou 84% da variância, usando as duas primeiras componentes. Verificam-se duas aglomerações nas populações de *L. stoechas*, mas a população VR (*L. stoechas* subsp. *stoechas*) e a O (*L. pedunculata*) encontram-se mais afastadas das outras (*L. stoechas* subsp. *luisieri*), em particular a *L. pedunculata*. O dendrograma (UPGMA), efetuado com o mesmo *software* e matriz, também revelou dois grupos. É necessário verificar se existe ou não congruência entre as distâncias genéticas e geográficas.

Financiamento: A equipa agradece ao Centro de Biotecnologia de Plantas da Beira Interior e ao projeto CULTIVAR (CENTRO-01-0145-FEDER-000020).