

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta tese será disponibilizado somente a partir de 26/04/2026.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de Botucatu



POPULAÇÕES DE *Lychnophora pinaster* MART. EM MINAS
GERAIS: ASPECTOS MORFOLÓGICOS, ANATÔMICOS,
QUÍMICOS E GENÉTICOS

JAMILE JORGE DA SILVA FERREIRA

Tese apresentada ao Instituto de Biociências,
Câmpus de Botucatu, UNESP, para obtenção de
título de Doutor no Programa de Pós-Graduação em
Ciências Biológicas (Botânica), Área de
concentração: Fisiologia do Metabolismo Vegetal.

BOTUCATU – SP

-2024-



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
Campus de Botucatu



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“Júlio de Mesquita Filho”

INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS DE BOTUCATU

**POPULAÇÕES DE *Lychnophora pinaster* MART. EM MINAS
GERAIS: ASPECTOS MORFOLÓGICOS, ANATÔMICOS,
QUÍMICOS E GENÉTICOS**

JAMILE JORGE DA SILVA FERREIRA

ORIENTADORA: PROF^a DR^a MARCIA ORTIZ MAYO MARQUES

Tese apresentada ao Instituto de Biociências,
Câmpus de Botucatu, UNESP, para obtenção de
título de Doutor no Programa de Pós-Graduação em
Ciências Biológicas (Botânica), Área de
concentração: Fisiologia do Metabolismo Vegetal.

BOTUCATU – SP

-2024-

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSANGELA APARECIDA LOBO-CRB 8/7500

Ferreira, Jamile Jorge da Silva.

Populações de *Lychnophora pinaster* Mart. em Minas Gerais :
aspectos morfológicos, anatômicos, químicos e genéticos / Jamile
Jorge da Silva Ferreira. - Botucatu, 2024

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP),
Instituto de Biociências, Botucatu

Orientador: Marcia Ortiz Mayo Marques

Capes: 20300000

1. Genética de populações. 2. Essências e óleos essenciais.
3. Plantas medicinais. 4. Retroelementos. 5. Sequências
repetitivas dispersas.

Palavras-chave: Elementos repetitivos; Genética de populações;
Óleos essenciais; Plantas medicinais; Retrotransposons.

ATA DA DEFESA PÚBLICA DA TESE DE DOUTORADO DE JAMILE JORGE DA SILVA FERREIRA, DISCENTE DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (BOTÂNICA), DO INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS - CÂMPUS DE BOTUCATU.

Aos 26 dias do mês de abril do ano de 2024, às 08:30 horas, por meio de Videoconferência, realizou-se a defesa de TESE DE DOUTORADO de JAMILE JORGE DA SILVA FERREIRA, intitulada **POPULAÇÕES DE *Lychnophora pinaster* MART. EM MINAS GERAIS: ASPECTOS MORFOLÓGICOS, ANATÔMICOS, QUÍMICOS E GENÉTICOS**. A Comissão Examinadora foi constituída pelos seguintes membros: Dr.^a MÁRCIA ORTIZ MAYO MARQUES (Orientador(a) - Participação Virtual) do(a) Centro de Pesquisa de Recursos Genéticos Vegetais / Instituto Agronômico de Campinas, Pesquisadora Dr.^a MARIA IMACULADA ZUCCHI (Participação Virtual) do(a) Polo Regional de Desenvolvimento Tecnológica do Centro Sul / Agência Paulista de Tecnologia do Agronegócio - APTA, Pesquisadora Dr.^a MARIA DA PAZ LIMA (Participação Virtual) do(a) Departamento de Produtos Naturais / Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - INPA- Manaus/AM, Profa. Dra. TATIANE MARIA RODRIGUES (Participação Virtual) do(a) Departamento de Biodiversidade e Bioestatística / Instituto de Biociências de Botucatu UNESP, Prof. Dr. MARCOS VINÍCIUS BOHRER MONTEIRO SIQUEIRA (Participação Virtual) do(a) Universidade Estadual de Minas Gerais - UEMG. Após a exposição pelo doutorando e arguição pelos membros da Comissão Examinadora que participaram do ato, de forma presencial e/ou virtual, o discente recebeu o conceito final: **APROVADO**. Nada mais havendo, foi lavrada a presente ata, que após lida e aprovada, foi assinada pelo(a) Presidente(a) da Comissão Examinadora.

Dr.^a MÁRCIA ORTIZ MAYO MARQUES



Documento assinado digitalmente

MÁRCIA ORTIZ MAYO MARQUES

Data: 29/04/2024 09:45:43-0300

Verifique em <https://validar.dl.gov.br>

**Dedico em primeiro lugar à Deus, que me fortalece a cada dia e ilumina os meus
caminhos.**

À minha família que muito me apoia em todas as minhas empreitadas.

**Dedico a todos, colegas, amigos e sem exceção, aos amados PROFESSORES que tanto
contribuíram nesta minha caminhada!**

Agradecimentos

Agradeço a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES por nos conceder a bolsa, pois sem ela, a realização deste trabalho seria impossível.

Gostaria de fazer um agradecimento especial aos Programas de Pós-Graduação: em Ciências Biológicas (Botânica) e Biologia Vegetal pelas oportunidades concedidas para o meu aperfeiçoamento e aprendizado profissional, pela disponibilidade de recursos, laboratórios e técnicos disponíveis tanto no IB em Botucatu, quanto em Rio Claro. Agradeço ainda, a todos os professores e professoras pela oportunidade de aprendizado durante as disciplinas cursadas.

Ao Instituto Agrônomo de Campinas – IAC pela oportunidade de aperfeiçoamento profissional, pela disponibilização de sua estrutura e recursos, e pelo acolhimento a mim dispensado.

Agradeço a Profa. Dra. Marcia Ortiz Mayo Marques pela orientação deste trabalho, pela dedicação, comprometimento e cuidados dispensados a mim durante todo o tempo em que estivemos na luta desenvolvendo essa pesquisa. Professora Marcia, serei grato por toda vida!!

A Dra. Maria Imaculada Zucchi e toda a equipe do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ – USP – Piracicaba, por disponibilizar toda sua estrutura para a realização de análises de dados moleculares, pelo acolhimento e atenção a mim dirigidos.

Agradeço aos colegas com os quais pude dividir momentos de aprendizado durante a realização das disciplinas que cursei.

As meninas: Andriele, Rosani e Malu pela parceria nas disciplinas, pelas saídas de campo, pelo compartilhamento de conhecimentos e pela amizade. Gratidão à todas!!

Aos amigos que fiz no IAC, no laboratório de Fitoquímica. Mariana, Paulo, Rafael, Júlio, Sandra, Daniela e Marina, obrigado pelas conversas e compartilhamento de experiências.

Agradeço aos colegas Roberto, Jonathan, Mateus e Zirlane pela ajuda na realização do tratamento e análises dos dados moleculares, e em especial, à Carol e João Vitor pela colaboração na montagem das bibliotecas GBS realizadas no Laboratório do Departamento de Genética da ESALQ.

Enfim, agradeço a Deus por me tornar forte e resiliente diante das adversidades da vida, por me iluminar e fazer enxergar saídas para a resolução de quaisquer problemas, agradeço a minha família, que mesmo longe, está sempre apoiando, mesmo sem entender o que estou a fazer. A todos, sem exceção, minha eterna gratidão!!

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS	I
LISTA DE FIGURAS	II
LISTA DE SIGLAS	III
I. INTRODUÇÃO GERAL.....	18
1. O Gênero <i>Lychnophora</i> Mart.....	18
1.1. Principais espécies de <i>Lychnophora</i> utilizadas na medicina popular.....	18
2. Aspectos Morfológicos e Anatômicos de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	21
3. Aspectos Fitoquímicos de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	25
4. Atividade Biológica de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	28
5. Estrutura populacional, diversidade genética e química de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart....	32
6. DNA Repetitivo-DNA satélite.....	35
7. Marcadores SSRs e SNPs.....	38
8. Elementos Transponíveis TEs.....	41
II. OBJETIVOS.....	44
III. REFERÊNCIAS.....	45
IV. CAPÍTULO I - <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.: Uma Revisão sobre aspectos: Morfológicos, Anatômicos, Químicos e Genéticos de Populações ocorrentes em Minas Gerais.....	60
1. INTRODUÇÃO.....	61
2. MATERIAIS MÉTODOS.....	64
2.1. Levantamento de materiais botânicos – Histórico dos estudos realizados.....	64
2.2. Estudos que trataram aspectos morfológicos e anatômicos de <i>L. pinaster</i>	65
2.3. Histórico dos estudos que trataram dos componentes químicos dos óleos essenciais de <i>L. pinaster</i>	66

2.4. Estudos de diversidade e estrutura genética – Principais estudos realizados.....	66
2.5. Principais análises de material genético empregadas nos estudos revisados.....	67
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	71
3.1. Características morfológicas e anatômicas.....	71
3.2. Caracterização de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	73
3.3. Aspectos da composição química dos óleos essenciais de populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	77
3.4. Diversidade genética de populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.: análises com marcadores microssatélites – SSRs.....	82
3.5. Estrutura genética de populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.: análises com marcadores microssatélites – SSRs.....	83
4. CONCLUSÃO.....	89
5. REFERÊNCIAS.....	90
V. CAPÍTULO II - Estrutura genética populacional e componentes químicos de óleos essenciais compartilhados entre populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	95
1. INTRODUÇÃO.....	96
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	98
2.1. Extração de DNA.....	98
2.2. Quantificação e Normalização de DNA.....	99
2.3. Preparação das Bibliotecas Genômicas.....	99
2.4. Genotipagem de descoberta de marcadores SNP.....	100
2.5. Diversidade e estrutura genética.....	100
2.6. Análises dos componentes químicos dos óleos essenciais de <i>L. pinaster</i>	101
2.7. Análise de agrupamentos em função dos componentes químicos dos óleos essenciais de <i>L. pinaster</i>	101
3. RESULTADOS E DISCUSÃO.....	102
3.1. Populações de <i>Lychnophora pinaster</i> , descoberta de SNP e processamento de dados.....	102

3.2. Diversidade Genética de Populações de <i>L. pinaster</i>	105
3.3. Estrutura Genética de dezesseis populações de <i>L. pinaster</i>	107
3.4. Compostos químicos de óleos essenciais compartilhados entre populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	118
4. CONCLUSÃO.....	127
5. REFERÊNCIAS.....	128
VI. CAPÍTULO III - Populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. (Asteraceae): composição repetitiva em sequências do DNA.....	133
1. INTRODUÇÃO.....	134
2. MATERIAIS E MÉTODOS.....	137
2.1. Extração de DNA.....	137
2.2. Quantificação e Normalização de DNA.....	137
2.3. Preparação das Bibliotecas Genômicas.....	138
2.4. Genotipagem de descoberta de marcadores SNP.....	138
2.5. Identificação e seleção de elementos transponíveis (TEs).....	139
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	141
3.1. Anotação e identificação preliminar de elementos transponíveis em <i>Lychnophora pinaster</i>	141
3.2. Diversidade de elementos retrotransposons Ty1-copia/SIRE/Tork/Ivana em <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	148
3.3. Diversidade de elementos retrotransposons Ty3-Gypsy/Tekay/Reina em <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	152
3.4. Elementos frequentes de Ty1-copia e Ty3-gypsy em <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	155
3.5. Análise individual e comparativa entre populações de <i>Lychnophora</i> sp.....	157
4. CONCLUSÃO.....	164
5. REFERÊNCIAS.....	165
VII. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	171

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1. Populações, códigos das populações, regiões e altitude das áreas de distribuição dos indivíduos de <i>Lychnophora pinaster</i> e estudos já realizados para 15 populações no estado de Minas Gerais, Brasil.....	68
Tabela 2. Diferenças morfológicas e anatômicas entre <i>L. ericoides</i> Mart. e <i>L. pinaster</i> Mart....	71
Tabela 3. Substâncias majoritárias presentes nos óleos essenciais de populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	78
Tabela 4. Índices de diversidade genética das populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. analisadas em estudos realizados com base em marcadores microssatélites – SSRs.....	86
Tabela 5. Número de indivíduos de dezesseis populações de <i>Lychnophora pinaster</i> sequenciados e selecionados.....	104
Tabela 6. Índices de diversidade genética para as dezesseis populações de <i>L. pinaster</i> distribuídas por quatro mesorregiões de Minas Gerais.....	106
Tabela 7. Substâncias majoritárias compartilhadas entre quinze populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart., ocorrentes em quatro mesorregiões de Minas Gerais.....	122
Tabela 8. Frequências de elementos Ty1-copia em <i>Clusters</i> e domínios codificantes internos do DNA repetitivo de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	146
Tabela 9. Informações das amostras das populações de <i>Lychnophora</i> sp. e códigos utilizados nas análises.....	158
Tabela 10. Classes/linhagens de DNA repetitivo e suas proporções genômicas (%) identificadas em análises individuais das populações de arnica (<i>Lychnophora</i> sp.), utilizando o RepeatExplorer2.....	158
Tabela 11. Classes de DNA repetitivo e suas proporções genômicas (%) identificadas na análise comparativa entre as populações de arnica (<i>Lychnophora</i> sp.), utilizando o RepeatExplorer2.....	161

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Distribuição do gênero <i>Lychnophora</i> Mart. pelo território brasileiro.....	18
Figura 2. Espécies de <i>Lychnophora</i> utilizadas na medicina popular. A. <i>L. ericoides</i> , B. <i>L. granmogolensis</i> , C. <i>L. passerina</i> , D. <i>L. pinaster</i> e E. <i>L. salicifolia</i>	19
Figura 3. Distribuição de populações de <i>L. pinaster</i> em 3 mesorregiões do estado de Minas Gerais.....	22
Figura 4. Distribuição geográfica das populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. no estado de Minas Gerais. Região Norte de Minas Gerais: Diamantina (DIMa), Itacambira/Botumirim (ITBO), Olhos D'Água (OD), Grão Mogol (GM); Região Metropolitana de Belo Horizonte: Caeté/Rio Acima (CTRA), Nova Lima/Serra da Calçada (NLSC), Ouro Branco (OB), Serra da Moeda (SM), Serra do Rola Moça (SRM); Campo das Vertentes: Antena (ANT), Areia Branca (AB), Poço Bonito (PB), Serra da Arnica (SA), Serra do Sofá (SS).....	64
Figura 5. Hábitos, ilustrações e características micromorfológicas e anatômicas de indivíduos de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. (A-B). Ilustrações de ramo, fruto e folhas de <i>L. pinaster</i> ; (a-e). Imagens dos hábitos; (g-i). Imagens de características anatômicas das folhas e (f). Estômato.....	72
Figura 6. Ilustração de ramo e fruto; (A-C). Imagens do hábito, glomérulos e frutos de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	76
Figura 7. Vias metabólicas e substâncias sintetizadas partindo da glicose no metabolismo especializado de plantas.....	81
Figura 8. Análise de agrupamento utilizando genótipos multilocos de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. Admixture model contendo 3 populações de <i>L. pinaster</i> (admitindo k=3), demonstradas pelas cores verde, azul e vermelha.....	88
Figura 9. Fst par a par entre as sete populações de <i>Lychnophora pinaster</i> analisadas. As populações PB, SS, SA, SSa, SB e AB são provenientes da região sul e a população OB da região sudeste do Estado de Minas Gerais – Brasil. OB: Ouro Branco, PB: Poço Bonito, SS: Serra do Sofá, SA: Serra da Arnica, SSa: Serra do Salto, SB: Serra Branca, AB: Areia Branca.....	88
Figura 10. Atribuição Bayesiana de 186 indivíduos de <i>Lychnophora pinaster</i> em (A) K=2, (B) K=3 e (C) K=4 clusters utilizando o software STRUCTURE v.2.3.4. As populações PB, SS, SA, SSa, SB e AB são provenientes da região sul e a população OB da região sudeste do Estado de Minas Gerais – Brasil. OB: Ouro Branco, PB: Poço Bonito, SS: Serra do Sofá, SA: Serra da Arnica, SSa: Serra do Salto, SB: Serra Branca, AB: Areia Branca.....	88

Figura 11. Quatro mesorregiões do estado de Minas Gerais, áreas de distribuição das 16 populações de <i>Lychnophora pinaster</i>	102
Figura 12. Dendograma e <i>heatmap</i> baseado no índice de fixação (F_{st}) de Wright expressando grande diferenciação entre as populações de <i>L. pinaster</i> ocorrentes em 4 mesorregiões do estado de Minas Gerais. GM: Grão Mogol, ITBO: Itacambira/Botumirim, DIMa: Diamantina, DI: Diamantina, OD: Olhos D'Água, ODMa: Olhos D'Água/Diamantina, CTRA: Caeté/Rio Acima, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco, SM: Serra da Moeda (SM), SEM: Serra do Rola Moça, AB: Areia Branca, SA: Serra da Arnica, SB: Serra Branca, SSa: Serra do Salto e SS: Serra do Sofá.....	109
Figura 13. Estimativa do modelo PCAdapt para formação de quatro grupos genéticos entre 16 populações de <i>L. pinaster</i> . Grão Mogol (MG), Itacambira/Botumirim (ITBO), Diamantina (DIMa), Diamantina (DI), Olhos D'Água/Diamantina (ODMa) e Olhos D'Água (OD); Caeté/Rio Acima (CTRA), Nova Lima/Serra da Calçada (NLSC), Ouro Branco (OB), Serra da Moeda (SM) e Serra do Rola Moça (SRM); Areia Branca (AB), Serra da Arnica (SA), Serra Branca (SB), Serra do Salto (SSa) e Serra do Sofá (SS).....	111
Figura 14. Teste <i>Admixture</i> de 16 Populações de <i>Lychnophora pinaster</i> do estado de Minas Gerais. (A). K=6, grupos genéticos de I-VI e (B). K=9, grupos genéticos de I-IX. AB: Areia Branca, CTRA: Caeté/Rio Acima, DI: Diamantina, DIMa: Diamantina, GM: Grão Mogol, ITBO: Itacambira/Botumirim, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco, OD: Olhos D'Água, ODMa: Olhos D'Água/Diamantina, SA: Serra da Arnica, SB: Serra Branca, Serra da Moeda, SRM: Serra do Rola Moça, SS: Serra do Sofá, SSa: Serra do Salto.....	113
Figura 15. Análise discriminante (DAPC) a partir de SNPs de 16 populações de <i>Lychnophora pinaster</i> . AB: Areia Branca, CTRA: Caeté/Rio Acima, DI: Diamantina, DIMa: Diamantina, GM: Grão Mogol, ITBO: Itacambira/Botumirim, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco, OD: Olhos D'Água, ODMa: Olhos D'Água/Diamantina, SA: Serra da Arnica, SB: Serra Branca, SM: Serra da Moeda, SRM: Serra do Rola Moça, SS: Serra do Sofá, SSa: Serra do Salto.....	117
Figura 16. Dendrograma de similaridade química dos óleos essenciais de 15 populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.. ANT: Antena, AB: Areia Branca, ERE: Estrada Real, CTRA: Caeté/Rio Acima, DIMa: Diamantina, GM: Grão Mogol, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco, OD: Olhos D'Água, PB: Poço Bonito, SA: Serra da Arnica, SB: Serra Branca, SM: Serra da Moeda, SSa: Serra do Salto, SSo: Serra do Sofá.....	123
Figura 17. Dendrograma baseado em 154 compostos químicos presentes nos óleos essenciais de 15 populações de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart. das regiões Norte, Metropolitana de Belo	

Horizonte e Campo das Vertentes do estado de Minas Gerais. Os agrupamentos refletem o compartilhamento de substâncias entre as populações.....123

Figura 18. Análise de *clusters* baseada no Algoritmo de Agrupamento *Kmeans* para populações de *Lychnophora pinaster*, sendo tomado como quantidade ótima de *clusters*, o K=3.

ANT: Antena, AB: Areia Branca, ERE: Estrada Real, PB: Poço Bonito, SA: Serra da Arnica, SSa: Serra do Salto, SS: Serra do Sofá; CTRA: Caeté/Rio Acima, DIMa: Diamantina, OD: Olhos D'Água, GM: Grão Mogol, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco e SM: Serra da Moeda.....126

Figura 19. Análise de componentes principais (PCA) a partir das substâncias majoritárias compartilhadas pelas 15 populações de *Lychnophora pinaster* Mart. ANT: Antena, AB: Areia Branca, ERE: Estrada Real, PB: Poço Bonito, SA: Serra da Arnica, SSa: Serra do Salto e Serra do Sofá, CTRA: Caeté/Rio Acima, NLSC: Nova Lima/Serra da Calçada, OB: Ouro Branco, SM: Serra da Moeda, OD: Olhos D'Água, GM: Grão Mogol, DIMa: Diamantina.....126

Figura 20. Sistema de classificação para elementos transponíveis. **(A).** Classificação dos elementos transponíveis de acordo com a ordem, superfamília e classe de elementos segundo a organização das sequências do DNA e os seus domínios codificantes, e **(B).** Esquema de organização da Classe I – LTR-Retrotransposons e suas duas superfamílias e linhagens de acordo com os seus domínios codificantes.....140

Figura 21. Resumo gráfico dos *superclusters* obtidos após análises preliminares da composição repetitiva do DNA de 16 populações de *Lychnophora pinaster* Mart.142

Figura 22. Dendrograma baseado em agrupamentos pareados (UPGMA) de 66 elementos/linhagens/famílias Ty1-copia de acordo com formação de *clusters* em cinco domínios codificantes internos: RH, INT, PROT, GAG e RT. Análise preliminar da composição repetitiva do DNA de populações de *Lychnophora pinaster*.....143

Figura 23. Tabela de anotações de elementos transponíveis: Ty1-copia e suas linhagens e Ty3-gypsy e suas linhagens em análise preliminar para a composição do DNA repetitivo de 16 populações de *Lychnophora pinaster* Mart., distribuídas por quatro mesorregiões do estado de Minas Gerais.....145

Figura 24. Dendrograma baseado em agrupamentos pareados (UPGMA) de 79 elementos/linhagens/famílias Ty3-gypsy de acordo com formação de *clusters* em cinco domínios codificantes internos: RH, INT, PROT, GAG e RT. Análise preliminar da composição repetitiva do DNA de populações de *Lychnophora pinaster*.....147

Figura 25. Representatividade dos elementos SIRE Ty1-copia nos cinco domínios codificantes internos: Integrase (INT), RNase H (RH), Protease (PROT), Grupo Antígeno Específico

(GAG) e Transcriptase Reversa (RT) na porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	148
Figura 26. Representatividade dos elementos TORK Ty1-copia em quatro domínios codificantes internos: Integrase (INT), RNase H (RH), Protease (PROT) e Transcriptase Reversa (RT) na porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	150
Figura 27. Representatividade dos elementos IVANA Ty1-copia em quatro domínios codificantes internos: Integrase (INT), RNase H (RH), Protease (PROT) e Transcriptase Reversa (RT) na porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	151
Figura 28. Representatividade dos elementos TEKAY Ty3-gypsy em cinco domínios codificantes internos: Integrase (INT), RNase H (RH), Protease (PROT), Grupo Antígeno Específico (GAG) e Transcriptase Reversa (RT) na porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	153
Figura 29. Representatividade dos elementos REINA Ty3-gypsy em dois domínios codificantes internos: RNase H (RH) e Reversa (RT) na porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	154
Figura 30. Ocorrência de Linhagens/famílias Ty1-copia e Ty3-gypsy na formação de <i>clusters</i> . Análise preliminar da porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	155
Figura 31. Frequência de ocorrências de linhagens/famílias Ty1-copia e Ty3-gypsy na composição da porção repetitiva do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	156
Figura 32. Frequência de linhagens/famílias Ty1-copia e Ty3-gypsy por domínio codificante interno. Análise preliminar da composição das sequências repetitivas do DNA de <i>Lychnophora pinaster</i> Mart.....	157
Figura 33. Abundância relativa (%) de sequências repetitivas nas populações individuais de arnica (<i>Lychnophora</i> sp.) conforme análise usando o RepeatExplorer2. lp. <i>Lychnophora pinaster</i> , ls. <i>Lychnophora salicifolia</i>	159
Figura 34. Proporção genômica das sequências repetitivas de duas superfamílias da ordem LTR identificadas nas populações de arnica (<i>Lychnophora</i> sp.). Ty1-copia e suas linhagens. Ty3-gypsy e suas linhagens. (lp. <i>Lychnophora pinaster</i> , ls. <i>Lychnophora salicifolia</i>	160
Figura 35. Comparação da composição repetitiva entre as populações de arnica (<i>Lychnophora</i> sp.) inferida a partir de uma análise comparativa do RepeatExplorer2. As colunas representam diferentes <i>clusters</i> e as cores representam diferentes repetições. Em vermelho (Tekay), e em verde (SIRE) representando as principais linhagens de DNA repetitivo componentes dos genomas de <i>Lychnophora pinaster</i> e <i>Lychnophora salicifolia</i>	163

LISTA DE SIGLAS

AB – Areia Branca

AFLP – *Amplified Fragment Length Polymorphism*

ANT – Antena

APTA – Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios

BH – Belo Horizonte

CAPES – Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior

CAPS – *Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*

CG-DIC – Cromatografia a Gás com Detector de Ionização de Chama

CG-EM – Cromatografia a Gás acoplada a Espectrometria de Massas

CTRA – Caeté/Rio Acima

DAPC – Análise Discriminante de Componentes Principais

DI – Diamantina

DIMa – Diamantina

ERE – Estrada Real

ESALQ – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz

F_{ST} – Coeficiente de Endogamia

GM – Grão Mogol

GPS – *Global Positioning System*

H_E – Heterozigosidade Esperada

H_O – Heterozigosidade Observada

IAC – Instituto Agrônômico

IB – Instituto de Biociências

ITBO – Itacambira/Botumirim

ISSR – *Inter Simple Sequence Repeats*

NGS – *Next-Generation Sequencing*

NLSC – Nova Lima Serra da Calçada

OB – Ouro Branco

OD – Olhos D'Água

ODMa – Olhos D'Água/Diamantina

PB – Poço Bonito

PCA – Análise de Componentes Principais

PCR – *Polymerase Chain Reaction*

RAPD – *Randon Amplified Polymorphic DNA*

SA – Serra da Arnica

SB – Serra Branca

SCAR – *Sequence Characterized Amplified Regions*

SM – Serra da Moeda

SRM – Serra do Rola Moça

SNPs – *Single Nucleotide Polymorphisms*

SSa – Serra do Salto

SSo – Serra do Sofá

SSCP – *Singe-Strand Conformation Polymorphism*

SSR – *Simple Sequence Repeats*

STR – Repetições de Tandem Curto

STS – *Sequence Tagged Sites*

TEs – Elementos Transponíveis

UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”

UNICAMP – Universidade Estadual de Campinas

USP – Universidade de São Paulo

Resumo

Lychnophora pinaster Mart., espécie endêmica do estado de Minas Gerais, é largamente utilizada como planta medicinal na medicina popular ao longo da cadeia montanhosa da Serra do Espinhaço. A espécie apresenta características polimórficas tanto para os aspectos morfológicos quanto para aspectos químicos dos óleos essenciais, além de apontar para uma grande diferenciação genética entre várias populações já estudadas anteriormente. *L. pinaster* é uma espécie irmã de *L. ericoides* com a qual, geralmente é muito confundida. Características morfológicas unidas às características anatômicas poderão auxiliar na separação entre as duas espécies. Diante deste contexto, este trabalho teve como principal objetivo realizar um estudo destacando os diversos aspectos morfológicos, anatômicos, químicos e genéticos de populações de *L. pinaster* ocorrentes no estado de Minas Gerais, buscando fornecer novos elementos e subsídios para futuros programas de conservação desta espécie, tendo como objetivos específicos: (i) Caracterizar grupos de características morfológicas e anatômicas relevantes para a identificação de *L. pinaster*; (ii) Realizar uma revisão sobre características morfológicas, anatômicas, genéticas e componentes químicos de populações de *L. pinaster*, destacando aspectos da composição química dos óleos essenciais de 15 populações; (iii) Identificar elementos de sequências repetitivas do DNA presentes em *L. pinaster*, através de marcadores moleculares (SNPs) presentes em populações da espécie, ocorrentes no estado de Minas Gerais; (iv) Verificar a estruturação populacional de 16 populações de *L. pinaster* ocorrentes em quatro mesorregiões do estado de Minas Gerais através de análises de marcadores SNPs; e (v) Verificar níveis de compartilhamento de compostos químicos entre populações de *L. pinaster* de uma mesma região ou de regiões diferentes. A revisão bibliográfica sobre aspectos de características morfológicas, anatômicas, químicas e genéticas confirmam o caráter polimórfico dos indivíduos das 15 populações quanto as características morfológicas evidenciadas após análises de 98 materiais, aspectos anatômicos como feixes vasculares colaterais, ausência de esclereides, estômatos projetados acima das demais células epidérmicas e ausência de criptas estomáticas são fortes caracteres para diferenciar *L. pinaster* de espécies muito próximas como *L. ericoides*, sendo os aspectos da composição química dos óleos essenciais e a genética de populações, dois pontos essenciais para o entendimento do comportamento das populações da espécie. A composição química dos óleos essenciais de *L. pinaster* evidencia a diferenciação de duas grandes grupos de populações em função de duas classes de compostos: Sesquiterpenos e Fenilpropanóides contribuindo para a divisão das populações por região de ocorrência, o mesmo, é verificado para os agrupamentos obtidos após análises realizadas com marcadores moleculares: SSRs e SNPs, onde os grupos genéticos formados sugeriram fortes evidências para agrupamentos em função das regiões de ocorrência das populações estudadas. As análises para identificação do DNA repetitivo em sequências de indivíduos de *L. pinaster*, revelaram preliminarmente uma abundância de 16 linhagens/famílias, sendo oito de Ty1-copia e oito de Ty3-gypsy. Os resultados dos dados analisados revelaram uma grande diversidade de características apresentadas por populações de *L. pinaster*. O acréscimo de informações e conhecimentos sobre esta espécie, poderá auxiliar no futuro na construção de planos de manejo e conservação de suas populações ameaçadas de extinção.

Palavras-chave: Elementos repetitivos, Genética de populações, Óleos essenciais, Plantas medicinais, Retrotransposons

Abstract

Lychnophora pinaster Mart., a species endemic to the state of Minas Gerais, is widely used as a medicinal plant in folk medicine along the mountain range of Serra do Espinhaço. The species presents polymorphic characteristics for both morphological and chemical aspects of essential oils, in addition to pointing to a great genetic differentiation between several populations previously studied. *L. pinaster* is a sister species of *L. ericoides* with which it is often confused. Morphological characteristics together with anatomical characteristics may help in the separation between the two species. In this context, the main objective of this work was to carry out a study highlighting the various morphological, anatomical, chemical and genetic aspects of *L. pinaster* populations occurring in the state of Minas Gerais, seeking to provide new elements and subsidies for future conservation programs of this species, with the following specific objectives: (i) To characterize groups of morphological and anatomical characteristics relevant to the identification of *L. pinaster*; (ii) To conduct a review of morphological, anatomical, genetic and chemical components of *L. pinaster* populations, highlighting aspects of the chemical composition of essential oils from 15 populations; (iii) To identify elements of repetitive DNA sequences present in *L. pinaster*, through molecular markers (SNPs) present in populations of the species, occurring in the state of Minas Gerais; (iv) To verify the population structure of 16 populations of *L. pinaster* occurring in four mesoregions of the state of Minas Gerais through analysis of SNP markers; and (v) To verify levels of sharing of chemical compounds between populations of *L. pinaster* from the same region or from different regions. The literature review on aspects of morphological, anatomical, chemical and genetic characteristics confirm the polymorphic character of the individuals of the 15 populations regarding the morphological characteristics evidenced after analysis of 98 materials, anatomical aspects such as collateral vascular bundles, absence of sclereids, stomata projected above the other epidermal cells and absence of stomatal crypts are strong characters to differentiate *L. pinaster* from very different species. *L. ericoides* and the aspects of the chemical composition of the essential oils and the genetics of populations, are two essential points for understanding the behavior of the populations of the species. The chemical composition of the essential oils of *L. pinaster* evidences the differentiation of two major groups of populations due to two classes of compounds: Sesquiterpenes and Phenylpropanoids, contributing to the division of populations by region of occurrence, the same is verified for the groupings obtained after analyses carried out with molecular markers: SSRs and SNPs, where the genetic groups formed suggested strong evidence for groupings according to the regions of occurrence of the populations studied. The analyses for the identification of repetitive DNA in sequences of individuals of *L. pinaster* preliminarily revealed an abundance of 16 lineages/families, eight of Ty1-copia and eight of Ty3-gypsy. The results of the analyzed data revealed a great diversity of characteristics presented by populations of *L. pinaster*. The addition of information and knowledge about this species may help in the future in the construction of management and conservation plans for its endangered populations.

Keywords: Essential oils, Medicinal plants, Population genetics, Repetitive elements, Retrotransposons

I. INTRODUÇÃO GERAL

1. O gênero *Lychnophora* Mart.

Lychnophora é um gênero pertencente à família Asteraceae (Compositae) (SEMIR *et al.*, 2011), circunscrito dentro da classe Equisetopsida, subclasse Magnoliidae e ordem Asterales (LOEUILLE *et al.*, 2015). O gênero *Lychnophora* é endêmico do Brasil (BFG, 2021) com cerca de 29 espécies descritas e distribuição confirmada para os estados da Bahia, Distrito Federal, Goiás, Minas Gerais, Piauí, São Paulo e Tocantins (Figura 1).

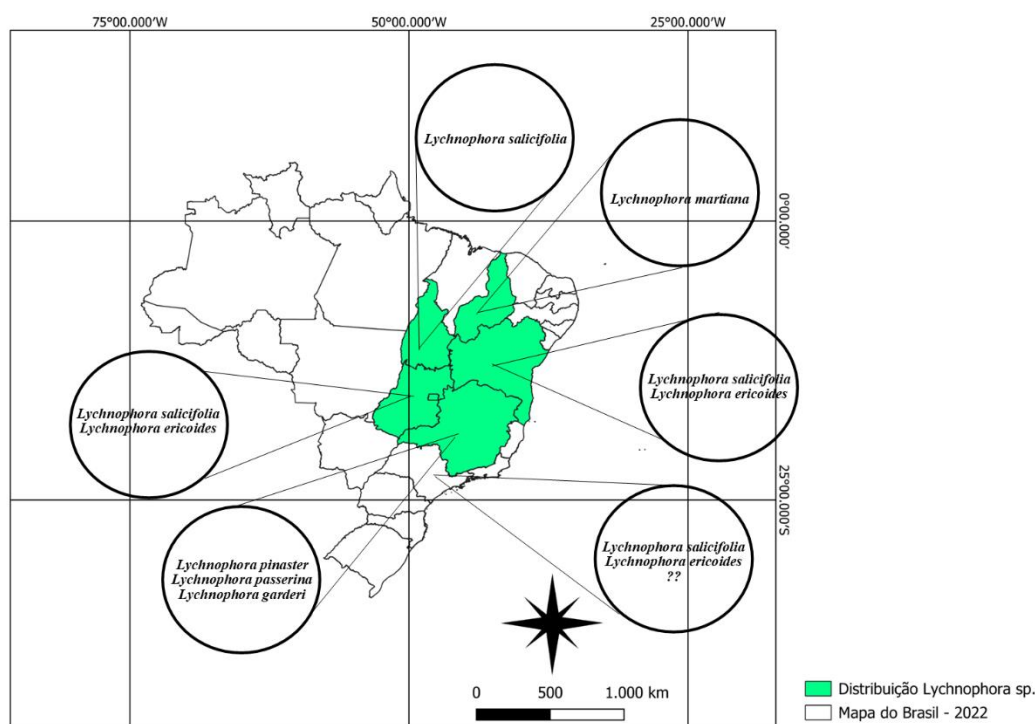


Figura 1. Distribuição do gênero *Lychnophora* Mart. pelo território brasileiro.

As espécies de *Lychnophora* apresentam hábito variando desde arvoretas a arbustos ou subarbustos candelabroiformes ou subdicotômicos, com ramos cilíndricos, cobertos por indumento variado podendo ser velutinos, pubérulos, tomentosos, vilosos ou lanosos. As folhas são imbricadas e ascendentes no ápice, alternas ou raramente opostas. As inflorescências seguem um padrão básico e são consideradas como glomérulos simples, o fruto é uma cipsela que pode ser glabra, glandulosa ou costada (SEMIR *et al.*, 2011).

1.1. Principais espécies de *Lychnophora* utilizadas na medicina popular

No Brasil as espécies do gênero são conhecidas como “arnica brasileira”, “arnicão brasileiro” ou “arnica da serra” e são geralmente utilizadas no tratamento de dores, inflamações, feridas e reumatismos (SAÚDE *et al.*, 1998; BERNARDES *et al.*, 2021). Atualmente no Brasil,

pelo menos 10 espécies de *Lychnophora* são reconhecidas por serem utilizadas na medicina popular, principalmente por apresentarem características morfológicas semelhantes entre si, estando dentre estas, *Lychnophora ericoides* Mart., *Lychnophora granmogolensis* (Duarte) Semir., *Lychnophora passerina* (Mart. ex DC.) Gardner, *L. pinaster* e *Lychnophora salicifolia* Mart. (SEMIR, 1991; CHAVES *et al.*, 2015; BERNARDES *et al.*, 2021) (Figura 2).

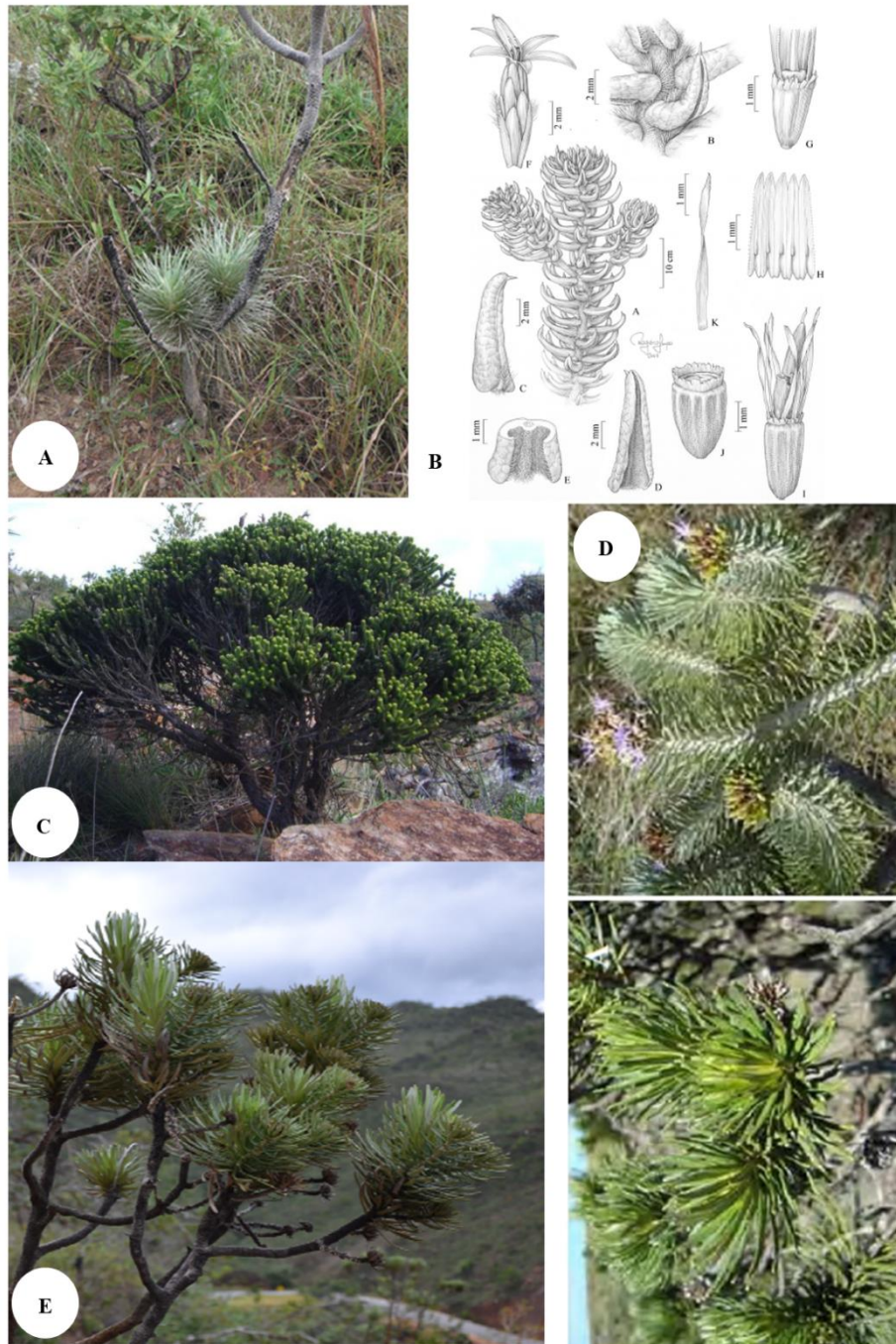


Figura 2. Espécies de *Lychnophora* utilizadas na medicina popular. **A.** *L. ericoides*, **B.** *L. granmogolensis*, **C.** *L. passerina*, **D.** *L. pinaster* e **E.** *L. salicifolia*. Imagens extraídas. **A.** Ribeiro-Silva *et al.* (2017), **B.** Semir *et al.* (2014), **C.** Oliveira (2010), **D.** Silva (2016) e **E.** Gouvea (2013).

Na medicina popular do Brasil, as espécies de *Lychnophora* mais utilizadas, são *L. ericoides* e *L. pinaster* Mart. devido a semelhanças morfológicas e químicas destas duas espécies com *Arnica montana* L. espécie europeia de arnica que já tinha o seu potencial medicinal reconhecido na Europa (CERQUEIRA *et al.*, 1987; CHAVES *et al.*, 2015; BERNARDES *et al.*, 2021).

As espécies de *Lychnophora* ocorrem de forma restrita em Campos rupestres, e em bioregiões adjacentes ao Cerrado e Caatinga (SEMIR *et al.*, 1991; ROBINSON, 1999; GOUVEIA, 2010; SEMIR *et al.*, 2011; COLLI-SILVA *et al.*, 2019). Algumas espécies de *Lychnophora* apresentam em sua distribuição um microendemismo muito pronunciado principalmente no estado de Minas Gerais (SEMIR *et al.*, 2011).

Devido a sua importância na medicina popular, espécies de *Lychnophora* tem sido exploradas sem um manejo específico para a sua conservação, isso tem causado forte pressão extrativista sobre populações de espécies microendêmicas no estado de Minas Gerais onde muitas espécies do gênero, foram incluídas na lista de espécies da flora nacional ameaçadas de extinção classificadas dentro das categorias: vulneráveis, em perigo, criticamente em perigo e provavelmente extintas (MENDONÇA, LINS, 2000; SILVA, 2016).

Após ser estabelecido por Martius em (1822), o gênero *Lychnophora* passou por diversas adições, relocalizações ou combinações de espécies propostas por diversos estudiosos do gênero (SEMIR *et al.*, 2011). Algumas revisões para suas espécies foram realizadas por Schultz-Bipontinus (1863), Baker (1873), Coile & Jones (1981), Semir (1991) e Robinson (1999).

Atualmente, poucos estudos foram realizados caracterizando morfológicamente os táxons representantes de *Lychnophora* em Semir (1991) é onde pode-se melhor encontrar uma caracterização morfológica para espécies do gênero, sendo esta complementada em Semir *et al.* (2011), que destacaram a importância do estudo dos caracteres vegetativos e reprodutivos a nível específico para o gênero (SEMIR *et al.*, 2011), levantando-se assim, a hipótese de que grupos de características morfológicas e anatômicas específicas podem auxiliar na identificação correta dos táxons do gênero, sendo necessário neste sentido, a realização de novos estudos que possam melhor caracterizar morfológicamente os representantes de *Lychnophora*.

Alguns estudos mais recentes vêm abordando não somente a importância de alguns táxons do gênero na medicina popular, mas também destacando características fitoquímicas de espécies como *L. ericoides*, *L. pinaster* e *Lychnophora salicifolia* Mart. (GOUVEIA, 2010; SILVA, 2016; MARQUES *et al.*, 2020; PAVARINI *et al.*, 2020).

Devido a relatos de seu uso medicinal, muitas espécies de *Lychnophora* foram estudadas quanto a atividade biológica de compostos químicos presentes em seus representantes (SEMIR

et al., 2011). Neste contexto, *L. pinaster* tem sido bastante estudada principalmente na caracterização de sua composição química e perfil metabólico (SILVA, 2016), com destaque para as importantes atividades biológicas desempenhadas por algumas substâncias presentes em estratos desta espécie (SILVEIRA *et al.*, 2005a; ABREU *et al.*, 2011; ANTONISAMY *et al.*, 2011; ABREU *et al.*, 2013; SILVA, 2016).

A grande maioria dos estudos tratando de *Lychnophora*, versam basicamente sobre aspectos relacionados a composição química de algumas de suas espécies de diferentes populações com destaque para Gouvea (2010) em seu estudo sobre a variação populacional dos metabolismos secundários do “arnicão brasileiro” (*L. salicifolia*) e Gouvea *et al.* (2012) destacando um método de HPLC-DAD-MS/MS na determinação de compostos principais no extrato bruto de *L. salicifolia*, ou estudos realizados por Chicaro *et al.* (2004) com *L. passerina*, Santos *et al.* (2005) com *L. ericoides*, Bernardes *et al.* (2019) com *Lychnophora* ssp..

Outros estudos como os realizados por Marques *et al.* (2020) com *L. pinaster*, Pavarini *et al.* (2020) estudando *L. ericoides* e mais recentemente, Bernardes *et al.* (2021) tratando de lactonas sesquiterpênicas em espécies de *Lychnophora*, ressaltaram principalmente as possibilidades e potenciais aplicabilidades de compostos presentes nestas espécies em possíveis tratamentos de diversas inflamações, sugerido hipoteticamente que os compostos químicos presentes em espécies de *Lychnophora* apresentam uma diversidade de atividades biológicas com grande eficiência, refletindo assim, a importância da realização de mais estudos que investiguem os compostos químicos presentes nos táxons desse gênero.

2. Aspectos Morfológicos e Anatômicos de *Lychnophora pinaster* Mart.

Lychnophora pinaster Mart. é uma espécie endêmica do estado de Minas Gerais pertencente a família Asteraceae, tribo Vernonieae e subtribo Lychnophorinae. A espécie apresenta microendemismo em algumas áreas inseridas dentro da Serra do Espinhaço, distribuída por 3 mesorregiões, onde ainda se encontram poucas populações remanescentes (Figura 3). Os indivíduos de *L. pinaster* se apresentam na forma de subarbustos eretos ramificados, pequenos arbustos ericoides e, mais raramente, como arbustos mais altos, variando entre 0,4m a 2,4m, podendo atingir até 3,6 m raramente (SEMIR, 1991; SEMIR *et al.*, 2011).

Suas folhas podem se apresentar muito imbricadas e ascendentes na parte superior dos ramos e mais patentes até pouco reflexas nas partes inferiores, variando nas formas linear, linear oblonga, rosmarinióide e ericóide, sendo ocasionalmente longa e linear em forma de fita. A base foliar vai de arredondada a auriculada, ligeiramente atenuada, de ápice obtuso a pouco arredondado ou raramente pouco agudo, margem revoluta, venação broquidódroma, face

adaxial intensamente tomentosa canescente, nervura principal subvilosa quando jovem, subglabrescente permanecendo pouco pubérula até totalmente glabra quando velha (SEMIR, 1991).

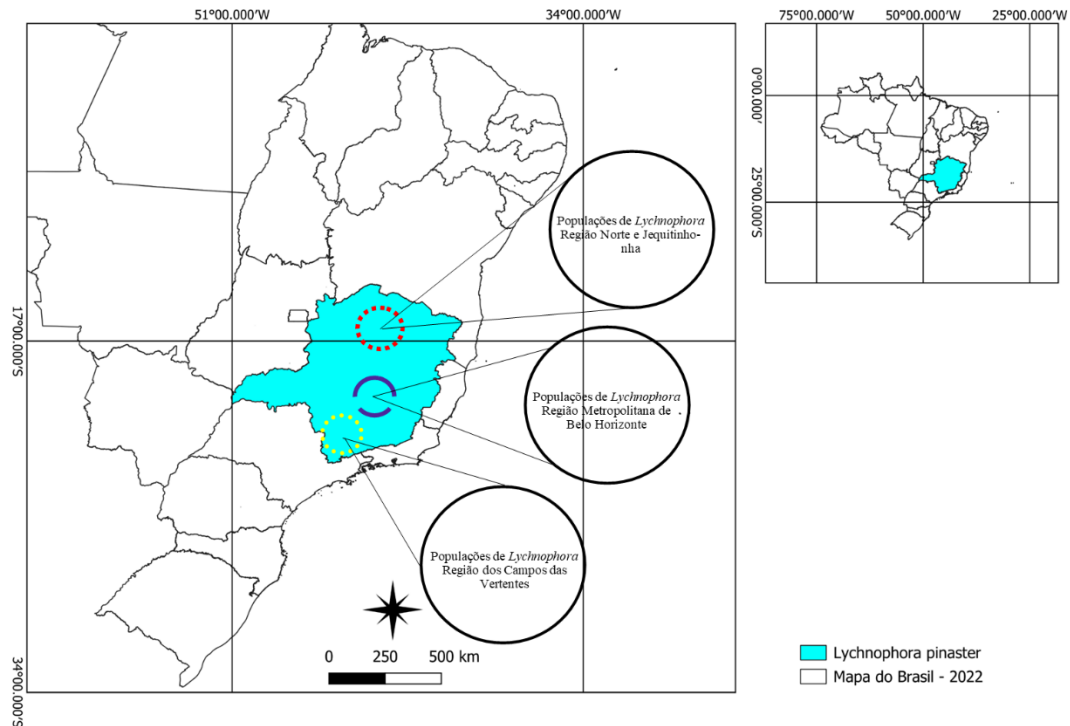


Figura 3. Distribuição de populações de *L. pinaster* em 3 mesorregiões do estado de Minas Gerais.

As folhas de *L. pinaster* podem apresentar textura que varia de muito rugosa e bulada, sendo às vezes quase lisa sua nervura principal é alargada e vai afinando da base para o ápice, a face abaxial é tomentosa, com tricomas subvilosos e tomentosos cobrindo todas as nervuras, com a principal subquadrática, que é não alada e sulcada (SEMIR, 1991; SEMIR *et al.*, 2011; MARQUES, 2020).

Quanto aos aspectos reprodutivos de *L. pinaster*, a espécie apresenta inflorescências do tipo glomérulos simples folhosos, típica para o gênero *Lychnophora* (SEMIR, 1991), glomérulos com capítulos campanulados portando de 3 a 5 flores com coloração lilás a purpúrea (SEMIR *et al.*, 2011).

O fruto é do tipo cápsela obcônica, oval cilíndrica, glabra ou glandulosa, olivácea a castanha as vezes com manchas atropurpúreas e com dispersão acondicionada às características sazonais em função de mudanças climáticas, sendo seu período de floração, entre os meses de agosto e outubro, com dispersão dos frutos nos meses de dezembro, janeiro e fevereiro (SILVA, 1998; SEMIR *et al.*, 2011; MARQUES, 2020).

L. pinaster tem sido utilizada como planta medicinal por populações que vivem em diversas comunidades localizadas nos entornos da Serra Geral (Serra do Espinhaço) no estado de Minas Gerais onde esta espécie apresenta microendemismo. A planta fornece ramos, folhas e inflorescências que são utilizadas na medicina popular tradicional principalmente como agentes anti-inflamatório e cicatrizantes, analgésicos, contra pancadas e contusões, hematomas e até mesmo contra picadas de insetos (RODRIGUES, CARVALHO, 2001; HABER *et al.*, 2009; SEMIR *et al.*, 2011; SILVA, 2016).

Devido a sua importância na medicina popular tradicional local, o extrativismo indiscriminado desta espécie unido a fatores como queimadas e desmatamento progressivo do Cerrado nas áreas de sua ocorrência, tem refletido em populações de *L. pinaster* apresentando um reduzido número de indivíduos o que confere à espécie, o *status* de ameaçada de extinção na Lista de Espécies Ameaçadas do Estado de Minas Gerais (COPOM, 1997; MENDONÇA, LINS, 2000; SILVA, 2016; MARQUES, 2020).

Com relação às características anatômicas das folhas de *L. pinaster*, estas apresentam caracteres xeromórficos como: cutícula grossa, folhas hipoestomáticas, e alta concentração de tricomas tectores, estando estes, presentes tanto em folhas jovens quanto nas folhas adultas. Os tricomas tectores podem ser ramificados, podendo ser encontrados em ambas as faces foliares apresentando distribuição aleatória sobre a superfície foliar. A sua epiderme é uniestratificada, com mesofilo compactado dorsiventralmente e feixes vasculares colaterais, na face adaxial a epiderme apresenta células volumosas e quadrangulares cobertas por uma cutícula espessa, na face abaxial, as células da epiderme são achatadas e menos volumosas com cutícula delgada (ISOBE, 2012).

Quanto aos tricomas glandulares presentes nas folhas de *L. pinaster*, estes são bisseriados, compostos por 10 células, sendo duas basais, seis no pedúnculo e duas formando a cabeça secretora com cutícula delgada. Dependendo do estágio de desenvolvimento da folha, os tricomas glandulares apresentam em seus diferentes estádios, variações em sua função secretora. Em folhas jovens, na face adaxial, estes tricomas apresentam-se totalmente desenvolvidos, ativos em secreção e com cutícula distendida, na face abaxial estes são menores e aparentam estarem em fase inicial do desenvolvimento. Nas folhas adultas, os tricomas glandulares presentes na face abaxial exibem atividade secretora, sendo que estes na face adaxial, apresentam cutícula rompida, o que indica o fim da atividade secretora (ISOBE, 2012).

Isobe (2012), desenvolveu um estudo até então mais bem detalhado sobre aspectos anatômicos de *L. pinaster*, destacando os caracteres de folhas com desenvolvimento completo, folhas jovens e os tipos de indumento encontrados na superfície foliar desta espécie.

Aspectos anatômicos/histológicos como os tipos de tricomas, sua presença ou ausência bem como suas formas e tamanhos, a ocorrência, a posição e organização das células epidérmicas, nervuras e suas orientações, os tipos de estômatos e diversas outras características da anatomia foliar, são importantes na identificação e separação de espécies no geral (SILVA *et al.*, 2005; ISOBE, 2012).

Estes aspectos e características anatômicas são particulares, especialmente em *L. pinaster* que tem como espécie similar *L. ericoides*, as duas espécies compartilham características morfológicas que se sobrepõem o que torna a separação das mesmas, uma tarefa difícil (SEMIR, 1991; SEMIR *et al.*, 2011). Analisando algumas características da anatomia foliar de *L. ericoides* e *L. pinaster*, Athayde *et al.* (2019), apresentaram uma série de fatores anatômicos que distinguem de forma clara estas duas espécies. Apesar de *L. pinaster* e *L. ericoides* apresentarem semelhanças quanto ao contorno da nervura média e a conformação do sistema vascular, as duas espécies se diferenciam pela presença de esclereides distribuídas por todo parênquima da nervura média em *L. ericoides*, estando estas, ausentes em *L. pinaster* (ATHAYDE *et al.*, 2019).

Em termos de separação entre as espécies *L. pinaster* e *L. ericoides*, a forma da folha é distinta para as duas espécies, podendo ser observadas dimensões maiores e margens menos flexionadas para a face abaxial em *L. ericoides*, sendo que em *L. pinaster* as folhas apresentam dimensões menores com margem muito revolutas (SEMIR *et al.*, 2011; ATHAYDE *et al.*, 2019). Lusa *et al.* (2018) estudando a evolução da diversidade estrutural de caules e folhas de diversos representantes da subtribo *Lychnophorinae*, destacaram as diversas características anatômicas das folhas de representantes do clado *Lychnophora sensu stricto*, observando que para a maioria das espécies deste clado, observa-se a presença de criptas na face abaxial das folhas sendo que estas criptas, não são observadas em *L. pinaster* (LUSA *et al.*, 2018).

O padrão de folha em relação a distribuição dos estômatos em *L. pinaster* é considerado como hipoestomática (SEMIR, 1991; LUQUE *et al.*, 1999; ISOBE, 2012; ATHAYDE *et al.*, 2019). Os estômatos presentes na face abaxial das folhas de *L. pinaster* são projetados acima das demais células epidérmicas (ISOBE, 2012), diferente do observado em outras espécies do gênero, como em *L. ericoides* onde os estômatos são observados no interior de criptas na face abaxial das folhas (ATHAYDE *et al.*, 2019).

Tanto as características morfológicas quanto as características anatômicas podem apresentar importantes marcadores que auxiliam no estudo dos diversos táxons. Em *L. pinaster* estas características refletem o comportamento dos diversos indivíduos desta espécie distribuídos em populações ocorrentes em áreas de campos rupestres em Minas Gerais, os caracteres xeromórficos até então descritos para *L. pinaster* (SEMIR, 1991; LUQUE *et al.*,

1999; ISOBE, 2012; ATHAYDE *et al.*, 2018), devem futuramente auxiliar na caracterização dos representantes de *L. pinaster* de diversas populações distribuídas nas regiões Norte, metropolitana de Belo Horizonte e Campos das Vertentes do estado de Minas Gerais.

3. Aspectos Fitoquímicos de *Lychnophora pinaster* Mart.

Muitas plantas do Cerrado têm sido utilizadas historicamente pelos povos que habitam as regiões cobertas por este bioma. No Brasil, o Cerrado cobre uma área aproximada de 2 milhões de Km², apresentando uma rica diversidade de espécies com importância cultural, econômica e medicinal, sendo um *hotspot* mundial com biodiversidade excepcional, possuindo diversas espécies endêmicas ameaçadas de extinção, merecendo assim, atenção prioritária para programas e projetos de conservação (MELO Jr *et al.*, 2012; STRASSBURG *et al.*, 2017; MARQUES, 2020).

Dentre algumas espécies ameaçadas ou vulnerável à extinção ocorrente nos campos rupestres e Cerrado no estado de Minas Gerais, encontra-se *Lychnophora pinaster* espécie endêmica desta fitofisionomia, sendo esta, muito utilizada na medicina popular de forma insustentável, sofrendo extinção de diversas populações naturais ao longo do tempo e atualmente, apresentando populações remanescentes reduzidas, o que torna a espécie, vulnerável a extinção (COPAN, 1997; SEMIR *et al.*, 2011; SILVA, 2016).

Lychnophora pinaster é uma planta medicinal intensamente utilizada como agente anti-inflamatório, analgésico e cicatrizante, aplicados contra pancadas, torções, contusões, hematomas ou picadas de insetos (HABER *et al.*, 2009; MARQUES, 2020), o que justifica a existência de estudos que comprovem o seu uso medicinal tradicional e possível potencial como agente quimioprolífico (FERRAZ-FILHA *et al.*, 2012; ABREU *et al.*, 2013; MARQUES, 2020).

Nos últimos anos, alguns estudos têm abordado algumas características do perfil químico da espécie *L. pinaster*, principalmente relacionado aos óleos essenciais de diversos indivíduos pertencentes às populações desta espécie nas Regiões Sul (Campos das Vertentes), Sudeste (Região Metropolitana de Belo Horizonte) e Norte (Diamantina, Grão Mogol e Olhos D'Água) do estado de Minas Gerais (SEMIR, 1991; SEMIR *et al.*, 2011).

Neste contexto, Haber (2008) mapeando os perfis químicos dos óleos essenciais de quatro populações de *L. pinaster* ocorrentes no sul de Minas Gerais, Isobe (2012) e Silva (2013), avaliando a influência da sazonalidade na composição química dos óleos essenciais de populações naturais de *L. pinaster* ocorrentes nos municípios de Lavras, Itumirim, Carrancas e Ingaí no sul do estado de Minas Gerais e Silva (2016), analisando os óleos essenciais de três

populações, duas em Carrancas no sul de Minas Gerais e uma em Itabirito no sudeste do estado, relataram a presença de algumas substâncias componentes do óleo essencial em *L. pinaster*.

Nos estudos conduzidos por Haber (2008), foram encontradas como substâncias majoritárias componentes dos óleos essenciais de populações naturais de *L. pinaster* o (*E*)-cinamato de metila para as populações Poço Bonito, Estrada Real e Estrada Real I (entre 61% e 82% do óleo essencial nestas populações) e o cedr-8(15)-en-9- α -ol cerca de 25,2% do óleo essencial para a população Antena (MARQUES, 2020).

Conduzindo novo estudo com os mesmos genótipos das populações naturais por meio de propagação vegetativa, indivíduos foram cultivados em Botucatu-SP, onde Haber (2008), avaliou os óleos essenciais dessas populações em três estações do ano (inverno, verão e outono), obtendo o seguinte resultado (a composição química das três populações Poço Bonito, Estrada Real e Estrada Real I, se mantiveram com o (*E*)-cinamato de metila como sendo a substância majoritária componente do óleo essencial destas populações cultivadas de *L. pinaster*) (HABER, 2008).

No mesmo estudo foi observado uma significativa mudança na composição química do óleo essencial dos indivíduos da população Antena, onde na população natural, o cedr-8(15)-en-9- α -ol era a substância majoritária, sendo observado para a população cultivada, a presença da substância (*E*)-cinamato de metila como substância majoritária (MARQUES, 2020).

Tanto nos estudos conduzidos por Isobe (2012), quanto nos estudos desenvolvidos por Silva (2013), as substâncias majoritárias presentes nos óleos essenciais das quatro populações de *L. pinaster* (Lavras, Itumirim, Carrancas e Ingaí), foram o (*E*)-cinamato de metila com variação entre 57% e 80%, e o (*E*)-cariofileno variando entre 3% e 18% independente do período do ano, sendo observado que, os óleos essenciais dos indivíduos apresentaram divergência na composição química entre e dentro das populações (MARQUES, 2020).

Silva (2016), ao analisar os óleos essenciais de três populações de *L. pinaster*, duas (em Carrancas Sul do estado de Minas Gerais) e uma (em Itabirito no sudeste de Minas Gerais), encontrou resultado similar aos resultados obtidos por Isobe (2012) e Silva (2013), onde o (*E*)-cinamato de metila foi a substância majoritária presente nos óleos essenciais das duas populações analisadas (em Carrancas), estando esta substância, ausente na população de Itabirito (no sudeste do estado de Minas Gerais), ocorrendo nesta população a predominância de sesquiterpenos (SILVA, 2013; MARQUES, 2020).

Em estudos recentes, Marques (2020), avaliou a composição química dos óleos essenciais de seis populações de *L. pinaster* ocorrentes nas Regiões Norte e Metropolitana de Belo Horizonte no estado de Minas Gerais, sendo que a composição química dos óleos essenciais apresentaram divergência em função das populações, para as populações ocorrentes

na Região Norte, as substâncias majoritárias componentes dos óleos essenciais de *L. pinaster*, foram o α -pineno (cerca de 12%) para a população de Grão Mogol (GM), o 14-acetoxi- α -humuleno (cerca de 21,9%) para a população de Diamantina (DIMA), o 14-hidroxi-4,5-dehidrocariofileno e esquamulosa (cerca de 9,13% e 8,30% respectivamente) para a população de Olhos D'Água (OD) (MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021).

Para as populações ocorrentes na Região Metropolitana de Belo Horizonte, Marques (2020), obteve como resultados, a ocorrência das substâncias majoritárias como componentes dos óleos essenciais de *L. pinaster*, o 1,7-diepi- α -cedrenal (6,46%) e (*Z*)-nerolidol (12,60%) na população Caeté/Rio Acima (CTRA), para Serra da Moeda, dois sesquiterpenos (1 e 7), sendo este último, componente exclusivo desta população, e para a população de Nova Lima/Serra da Calçada (NLSC), o 14-acetoxi- α -humuleno (cerca de 53,33%) (MARQUES, 2020).

Em estudo recente, Portella (2021), avaliou a influência da altitude na diversidade da composição química dos óleos essenciais de oito populações de *L. pinaster* ocorrentes em duas regiões de Minas Gerais (Região Norte e Região Metropolitana de Belo Horizonte), onde foi observado que em função da altitude, as populações avaliadas apresentaram uma elevada diversidade química. O autor, destaca que os compostos majoritários dos óleos essenciais das populações de *L. pinaster* para as duas regiões foram: o 14-hidroxi- α -humuleno para Grão Mogol (GM) e Diamantina (DI), cedr-8(15)-en-9- α -ol para Olhos D'Água (OD) e Diamantina (DI), o 14-acetoxi- α -humuleno para a Serra do Rola Moça (SRM) e o 4-oxo-15-nor-eudesman-11-eno para a Serra da Moeda (SM) (PORTELLA, 2021).

Todos os estudos conduzidos até então tratando sobre a composição química dos óleos essenciais de indivíduos de diferentes populações de *L. pinaster* ocorrentes nas Regiões Norte, Metropolitana de Belo Horizonte e em Campo das Vertentes (Sul) do estado de Minas Gerais, tem apontado para uma significativa divergência na composição química majoritária dos óleos essenciais das diferentes populações de *L. pinaster* (HABER, 2009; REIS *et al.*, 2010; ISOBE, 2012; SILVA, 2013; RESENDE, 2013; MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021).

Diante das pesquisas realizadas anteriormente, as evidências apontam para uma composição química dos óleos essenciais de populações de *L. pinaster*, onde dois perfis químicos despontam como possíveis variáveis entre as populações e as regiões onde estas se localizam, nos estudos desenvolvidos com populações de *L. pinaster* ocorrentes na região de Campo das Vertentes em Minas Gerais (HABER, 2009; REIS *et al.*, 2010; ISOBE, 2012; SILVA, 2013; RESENDE, 2013), ficou clara a predominância e abundância de compostos da classe dos fenilpropanóides como componentes majoritários dos óleos essenciais das populações de *L. pinaster* desta região, tendo o *trans*-cinamato de metila e o *trans*-cariofileno, como substâncias dominantes na composição dos óleos essenciais (MARQUES, 2020).

Para as populações de *L. pinaster* ocorrentes nas regiões Norte de Minas Gerais e região Metropolitana de Belo Horizonte, observou-se uma variedade de compostos pertencentes à classe dos sesquiterpenos, onde os estudos realizados por Marques (2020) e Portella (2021), utilizando indivíduos de populações ocorrentes nestas duas regiões de Minas Gerais, apontaram para uma variada composição química dos óleos essenciais das populações destas regiões.

No estudo realizado por Marques (2020), as substâncias majoritárias componentes dos óleos essenciais de *L. pinaster* para as populações ocorrentes na Região Norte foram o α -pineno, o 14-acetoxi- α -humuleno, o 14-hidroxi-4,5-dehidro-cariofileno e esquamulosona, e para as populações da Região Metropolitana de Belo Horizonte, o 1,7-diepi- α -cedrenal e (Z)-nerolidol, dois sesquiterpenos (1 e 7), e o 14-acetoxi- α -humuleno.

Para as populações das mesmas regiões de Minas Gerais, Portella (2021) relatou a ocorrência do 14-hidroxi- α -humuleno e o cedr-8(15)-en-9- α -ol, o 14-acetoxi- α -humuleno e o 4-oxo-15-nor-eudesman-11-eno (MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021).

Os aspectos químicos de *L. pinaster* tem despertado cada vez mais o interesse no campo da pesquisa envolvendo a área farmacêutica e industrial (LEITE *et al.*, 2007; SILVA *et al.*, 2012; PINHEIRO *et al.*, 2015; SILVA, 2016; MARQUES, 2020). Com a confirmação da grande variedade e divergência na composição química das populações de *L. pinaster* estudadas até então (MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021), investigações buscam testar e comprovar, as interações e eficácia das diversas substâncias componentes dos óleos essenciais desta espécie endêmica em determinadas situações, buscando futuramente, viabilizar a sua aplicabilidade para fins terapêuticos como anti-inflamatórios e antimicrobianos, ou industriais na produção de cosméticos, produtos de limpeza, produtos para higiene pessoal, ou na indústria alimentícia (FERREIRA, 2010; SILVA, 2016; MARQUES, 2020).

4. Atividade Biológica de *Lychnophora pinaster* Mart.

Historicamente diversas espécies do gênero *Lychnophora* (*Arnica* brasileira) são utilizadas na medicina popular tradicional por povos que vivem nos entornos dos campos rupestres no Cerrado brasileiro. No Brasil, as espécies *L. ericoides* e *L. pinaster* são as espécies de *Lychnophora* mais utilizadas no tratamento de dores, inflamações, feridas e reumatismos devido a semelhanças destas espécies com a espécie europeia (*Arnica montana* L.) que tem potencial medicinal reconhecido na Europa (CERQUEIRA *et al.*, 1987; SEMIR *et al.*, 2011; CHAVES *et al.*, 2015; BERNARDES *et al.*, 2021).

Pelo seu conhecido potencial medicinal, a espécie *L. pinaster* tem sido alvo de vários estudos e pesquisas que buscam testar a eficácia dos diversos extratos de indivíduos de populações ocorrentes na Serra do Espinhaço em Minas Gerais (SEMIR *et al.*, 2011).

Devido a uma grande variabilidade em sua composição química, *L. pinaster* apresenta diversos compostos químicos com ação biológica. Em muitos bioensaios realizados com extratos das partes aéreas de *L. pinaster*, ficou comprovada a sua ação tripanocida eficaz contra cepas Y tripomastigotas de *Triponosoma cruzi* (CHIARI *et al.*, 1996; SILVA, 2016). Em estudos anteriores, foi constatada a ação tripanocida da substância 15-deoxi-goiasensolido uma lactona sesquiterpênica (CHIARI *et al.*, 1991; DUARTE *et al.*, 1993).

A eliminação de até 100% de cepas Y de *T. cruzi*, também foi observada em experimentos onde foram utilizados extratos aquosos liofilizados de partes aéreas de *L. pinaster*, sendo identificados os compostos fenólicos, ácido caféico, ácido isoclorogênico, vitexina, isovitexina e quercetina (SILVEIRA *et al.*, 2005a; SILVA, 2016). Em extratos hexânicos das partes aéreas de *L. pinaster*, foi identificada pela primeira vez, um composto relacionado ao cariofileno, o ácido lychnophoico, mais tarde reclassificado como ácido E-lychnofórico, também testado contra formas tripomastigotas de *T. cruzi* com 100% de eficácia (OLIVEIRA *et al.*, 1996; ALCÂNTARA *et al.*, 2005; SILVEIRA *et al.*, 2005b).

Outros extratos de *L. pinaster*, como o extrato hexânico/diclorometânico obtido de suas folhas, de onde foi isolada a α -amirina um triterpeno pentacíclico, que juntamente com extratos apolares de folhas e caules da espécie, apresentaram atividade antibacteriana contra *Staphylococcus aureus* (ABREU *et al.*, 2011; SILVA, 2016).

Os extratos de partes aéreas de *L. pinaster* ainda foram testados tendo comprovadas as suas ações anti-inflamatória e antinociceptiva (GUZZO *et al.*, 2008). A ação anti-inflamatória dos extratos e compostos isolados de *L. pinaster* foram investigadas por meio de aplicações transdermal via fonoforese em patas de ratos com significativa degeneração das fibras musculares, onde após 72h da aplicação, o extrato hexânico exerceu moderada ação anti-inflamatória, sendo que o extrato aquoso diminuiu o processo inflamatório drasticamente no mesmo período, isso comparado ao tratamento com a dexametasona, uma droga anti-inflamatória potente (GUZZO *et al.*, 1996; CUPOLILO *et al.*, 2007; ABREU *et al.*, 2013).

Em outros ensaios com o mesmo intuito de testar a atividade anti-inflamatória de extratos da espécie, compostos como o flavonóide quercitina, o triterpeno lupeol, a mistura entre α -amirina e lupeol, a mistura entre os esteróides estigmasterol e sitosterol, isolados dos extratos hexânico de *L. pinaster*, foram testados, justificando assim, o uso medicinal tradicional da espécie (SILVA, 2016).

Em estudo conduzido por Ferreira (2010), onde foi avaliada a sua atividade anti-inflamatória e analgésica a partir de extratos da espécie coletada em áreas de campos rupestres em Nova Lima (Minas Gerais), foi evidenciada a presença de fenilpropanóides, terpenóides, flavonóides, antraquinonas e saponinas, sendo que neste mesmo estudo, os resultados obtidos

por meio de testes farmacológicos em camundongos, apontaram para um efeito anti-inflamatório e sedação sem prejuízo motor, sugerindo que, com mais estudos, os extratos de *L. pinaster* podem ser alternativos para insumos na produção de medicamentos (MARQUES, 2020).

Ainda, investigando a atividade anti-inflamatória dos extratos de *L. pinaster*, Pinheiro (2010), evidenciou atividade anti-inflamatória a partir de preparados de emulgel com 2% e 5% de extrato de *L. pinaster*, sendo esta atividade anti-inflamatória, superior se comparado ao medicamento Cataflam, sugerindo que a formulação de 2% de concentração, poderia vir a ser pelo seu baixo custo e eficiência, produzida em escala industrial (MARQUES, 2020).

Outros compostos relacionados a *L. pinaster*, foram estudados por Bernardes *et al.* (2019) e Bernardes *et al.* (2021) em pesquisas que tentaram demonstrar os efeitos das lactonas sesquiterpênicas sobre as inflamações causadas pela artrite (BERNARDES *et al.*, 2021).

Em seu primeiro estudo, Bernardes *et al.* (2019), observaram que todas as lactonas sesquiterpênicas avaliadas, isoladas de extratos Etanólico e Clorofórmico de *Lychnophora trichocarpa* Spreng, (Sinônimo para *L. pinaster*) e de *Lychnophora passerina* (Mart. Ex DC.) Gardner, apresentaram atividade anti-hiperuricêmica em doses de 5 e 10 mg/kg, as substâncias Goiazensolida e Licnofolida nas doses de 10 mg/kg e Eremantolida C nas doses de 5 e 10 mg/kg, apresentaram uma inibição notável da atividade oxidante da xantina hepática e efeito uricosúrico, sendo possíveis agentes futuros no tratamento da hiperuricemia e gota (BERNARDES *et al.*, 2019).

Bernardes *et al.* (2021), ainda estudando os efeitos das lactonas sesquiterpênicas Licnofolida e Eremantolida C isoladas de *L. trichocarpa* (um sinônimo de *L. pinaster*), testaram os efeitos destes compostos sobre artrite induzida por cristais MSU em camundongos C57BL6, observando que, ambas as substâncias testadas exerceram efeito anti-inflamatório inibitório quanto a migração de neutrófilos e a produção de NTF- α , concluindo que esses compostos também apresentaram atividade antinociceptiva e antioxidante (BERNARDES *et al.*, 2021).

Barros *et al.* (2021), também avaliaram os efeitos do extrato etanolico de *L. pinaster* na inflamação e dor causada pela gota aguda, destacando a ação dos seus principais componentes em artrite induzida em camundongos por injeção de cristais de MSU monossódico (MSU), concluindo que o extrato etanolico de *L. pinaster* e seus principais componentes químicos, inibiram a migração de neutrófilos, reduzindo as concentrações de IL-1 β e TNF- α , apontando para um efeito sinérgico de terpenos, flavonoides e ácidos fenólicos presentes no extrato, o que poderia apoiar, o seu uso, no tratamento de gota, inflamações e dor (BARROS *et al.*, 2021).

Os extratos etanolicos de *L. pinaster*, ainda foram testados por Ferreira *et al.* (2014). Neste foram avaliados a toxicidade e segurança do uso do extrato da espécie utilizando

camundongos suíços (machos e fêmeas), sendo a toxicidade aguda do extrato etanol bruto, avaliada a partir da administração do extrato via oral em doses únicas de 125, 250 e 500 mg/kg, avaliando-se os seus efeitos sobre a atividade locomotora espontânea, comportamento exploratório, força muscular, peso corporal, consumo de alimentos e água, peso relativo do órgão, histologia, parâmetros hematológicos e bioquímicos, sendo observado que, as três doses administradas não causaram danos ao tônus muscular (MARQUES, 2020).

Porém, nos testes realizados neste mesmo estudo, foi observado que para as doses de 250 e 500 mg/kg, ocorreu inibição significativa para a locomoção espontânea e o comportamento exploratório dos animais. Em testes de campo aberto, os autores, ainda observaram que, não houve alterações nos parâmetros hematológicos, consumo de água e alimentos, na variação de peso corporal e peso relativo dos órgãos. No entanto, foram observadas alterações nos parâmetros bioquímicos, e a avaliação histopatológica mostrou que ocorreu alterações celulares, como degeneração vacuolar, inflamação dos rins e fígado para todas as doses (FERREIRA *et al.*, 2014).

As atividades anti-inflamatória e anti-hiperuricêmica dos extratos etanolicos de *L. pinaster* foram estudadas por Müller *et al.* (2019). Neste estudo foi avaliado os efeitos dos seus componentes químicos sobre a inflamação e a hiperuricemia tendo como resultados comprovados, a atividade anti-inflamatória e anti-hiperuricêmica exercida pelos ácidos *E*-lichnoforico, clorogenico, cinamico e cafeico, e pela rutina e lupeol compostos presentes nos extratos etanolicos, concluindo que os extratos etanolicos de *L. pinaster* e seus componentes químicos, podem ser promissores agentes na terapia contra inflamações, hiperuricemia e gota (MÜLLER *et al.*, 2019).

Lychnophora pinaster apresenta grande polimorfismo distribuído pelas populações dessa espécie ao longa da Cadeia do Espinhaço em Minas Gerais (SEMIR *et al.*, 2011). Muitos estudos têm abordado aspectos da composição química e as possíveis atividades biológicas de extratos e óleos essenciais de diversos representantes da espécie nas diferentes regiões do estado (Minas Gerais), onde alguns autores tem utilizado de forma equivocada o sinônimo de *L. pinaster* (*L. trichocarpa*) um nome legítimo, mas incorreto para se referir à espécie aceita atualmente.

Nos estudos desenvolvidos por Souza *et al.* (2012); Ferrari *et al.* (2013); Bernardes *et al.* (2019); Caldeira *et al.* (2019); Caldeira *et al.* (2021) e Bernardes *et al.* (2021), todos se referindo as atividades anti-inflamatórias de compostos presentes no sinônimo de *L. pinaster* (*L. trichocarpa*), estes autores vem considerando *L. trichocarpa* como uma espécie válida de forma incorreta. Isso reflete uma das grandes dificuldades na determinação correta de *L.*

pinaster em relação a sua diferenciação das espécies consideradas irmãs dentro do gênero *Lychnophora*.

A composição química dos indivíduos bem como os tipos e classes de compostos, suas possíveis atividades biológicas e potenciais aplicabilidades futuras na indústria farmacêutica, são importantes incrementos ao conhecimento sobre a importância de *L. pinaster*, suas características químicas aplicadas para a sua diferenciação de outras espécies do gênero *Lychnophora*, poderão futuramente, evitar novos equívocos quanto a utilização da espécie correta, quer seja em estudos científicos, ou até mesmo no seu uso medicinal tradicional. Um estudo que caracterize possíveis marcadores químicos que auxilie na identificação inequívoca de *L. pinaster* e suas populações, e evidencie suas similaridades e divergências químicas, ainda se faz necessário, uma vez que, o emprego de marcadores químicos com valor quimiotaxonômico vem sendo aplicado dentro da família Asteraceae como o uso de lactonas sesquiterpênicas e alcaloides (COSTA, 1999; TRIGO, 1999).

Notar a presença de substâncias químicas e as empregar como marcadores possíveis para a caracterização de espécies e populações, pode favorecer e acrescentar ainda mais conhecimentos sobre a taxonomia de diversos táxons. Algumas vezes, quase todos os membros de um mesmo grupo, compartilham um padrão químico (VALLADÃO, 2011). Em alguns casos, estas substâncias podem ser mais específicas como a colchicina em *Gloriosa superba* L. (MISRA *et al.*, 2020) ou os triterpenos friedelina e β -friedelinol em espécies do gênero *Maytenus* Molina. (ALBERTON, 2002, VALLADÃO, 2011).

Para *L. pinaster* isso não seria diferente, suas diversas populações até então estudadas, aparentemente apresentam uma grande diversidade química quanto a composição dos óleos essenciais (MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021). Assim, hipoteticamente grupos de substâncias químicas compartilhadas entre os indivíduos das populações de *L. pinaster* poderia ser aplicadas como marcadores quimiotaxonômicos para expressar relações taxonômicas entre as populações e entre os indivíduos destas populações distribuídas pelas regiões Norte, Metropolitana de Belo Horizonte e Campos das Vertentes (Sul) de Minas Gerais.

5. Estrutura populacional, diversidade genética e química de *Lychnophora pinaster* Mart.

Estudos tratando sobre características genéticas envolvendo *L. pinaster* são escassos. Pouco se sabe sobre os aspectos genéticos dos indivíduos que compõem populações nativas desta espécie, que em seu ambiente de ocorrência, sofre sérios riscos de extinção. De modo geral, até o presente momento foram realizados apenas cinco estudos que abordam representantes de *L. pinaster* e alguns de seus aspectos e relacionamentos genéticos com as suas características químicas dentro de populações da espécie ocorrentes em três regiões do estado

de Minas Gerais (HABER *et al.*, 2009; VIEIRA, 2012; SILVA, 2016; MARQUES, 2020; PORTELLA, 2021).

Os marcadores moleculares como ferramentas úteis para estudos genéticos, marcam uma nova era no campo investigativo da genômica. Estes marcadores baseados em DNA, são amplamente utilizados nos mais diversos campos como em fisiologia taxonômica, embriologia, engenharia genética e outros (MARQUES, 2020). Marcadores moleculares expressam diferenças a nível molecular seja para o DNA ou proteínas. Estes são tipicamente definidos como um segmento particular de DNA que representa diferenças nas análises genômicas (DHUTMAL *et al.*, 2018; MARQUES, 2020).

Com a caracterização e descrição da técnica de Reação de Polimerização em Cadeia – PCR (*Polymerase Chain Reaction*) por Kary Mullis na década de 80, surgiram diversos estudos com marcadores de DNA como AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), CAPS (*Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*) ou PCR-RFLP, ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), SCAR (*Sequence Characterized Amplified Regions*), SSR (*Simple Sequence Repeats*), STS (*Sequence Tagged Sites*), SSCP (*Singe-Strand Conformation Polymorphism*), PCR-sequencing dentre muitos outros, contribuindo de forma decisiva para os avanços nas áreas de pesquisa envolvendo aspectos genéticos (COUTINHO *et al.*, 2006; SILVA, 2016).

Para *L. pinaster* em específico, estudos envolvendo populações das regiões Norte, Sudeste (região metropolitana de Belo Horizonte) e Sul (Campos das Vertentes), foram desenvolvidos a partir de 2004 pelo grupo de pesquisadores do Instituto Agrônomo – IAC com o objetivo de investigar a composição química e diversidade populacional de populações naturais desta espécie (SILVA, 2016).

Para tanto, o grupo de pesquisa iniciou as atividades desenvolvendo e caracterizando marcadores SSR para populações de *L. pinaster* ocorrentes no Sul do estado de Minas Gerais. Haber *et al.* (2009) apresentaram um primeiro estudo com o desenvolvimento e caracterização de 13 marcadores microssatélites polimórficos utilizados para analisar 37 indivíduos de *L. pinaster* distribuídos em duas populações nativas do sul de Minas Gerais gerando um total de 6,6 alelos por locus polimórfico (HABER *et al.*, 2009; SILVA, 2016).

Populações de *L. pinaster* vem sofrendo intensa pressão antrópica, quer seja pelo extrativismo sem controle ou plano de manejo ou pela destruição das áreas de ocorrência de populações da espécie com a implementação de empreendimentos da indústria mineradora no estado de Minas Gerais. A utilização de marcadores moleculares pode auxiliar no entendimento do funcionamento e comportamento de espécies ameaçadas que se encontram em áreas com habitats fragmentados reunidas em pequenas populações isoladas, como populações de *L.*

pinaster. Neste contexto, estudos tratando sobre suas características genéticas podem representar papel fundamental na conservação e preservação desta, e de outras espécies (LEE *et al.*, 2018; MARQUES, 2020).

Com o intuito de propor futuramente o desenvolvimento de programas de conservação e planos de manejo e uso medicinal de *L. pinaster* distribuídas nas diversas populações da espécie já estudadas nas três regiões (Norte, Sudeste e Sul) de Minas Gerais, estudos como o desenvolvido por Vieira (2012) com a investigação da diversidade genética e composição química dos óleos essenciais de *Lychnophora ericoides* Mart. e *L. pinaster*, acrescentaram uma visão mais clara sobre a diversidade genética de duas populações de *L. pinaster* ocorrentes na região norte de Minas Gerais (Olhos D'Água e Diamantina).

Neste estudo, Vieira (2012) utilizando análise de marcadores microssatélites, verificou que as populações de *L. pinaster* distribuídas pela região norte de Minas Gerais apresentaram um valor médio de heterozigosidade observada (H_O) e esperada (H_E) de 0.222 e 0.307 respectivamente com uma variabilidade genética considerada baixa entre as populações com coeficiente de endogamia de ($F_{ST} = 0.014$) se comparado a *L. ericoides* que apresentou um coeficiente de endogamia de ($F_{ST} = 0.370$) maior entre as populações.

Progredindo nos estudos e análises da diversidade genética e química de populações de *L. pinaster*, Silva (2016) amplia o foco investigativo para a espécie caracterizando os padrões de diversidade genética e estrutura populacional de sete populações de *L. pinaster* das regiões sul e sudeste de Minas Gerais, onde treze loci microssatélite anteriormente descritos por Haber *et al.* (2009) foram analisados.

Para este estudo, Silva (2016) utilizou a análise de oito loci que apresentaram polimorfismo, tendo como resultados significativos, a análise dos oito loci SSR com um total de 81 alelos gerados para 186 indivíduos estudados. Em seus resultados após análises de genética populacional, Silva (2016) encontrou uma média de 5.00 ± 0.24 de alelos próxima a 5.82, média encontrada por Haber *et al.* (2009) para populações nativas do sul de Minas Gerais, observando ainda, a existência de endogamia expressa pela heterozigosidade média esperada ($H_E = 0.565$) maior que a heterozigosidade média observado ($H_O = 0.425$).

Partindo de pesquisas e investigações que visam principalmente criar condições que poderão futuramente subsidiar novas possibilidades de conhecimento sobre a genética de populações nativas, como é o caso das populações de *L. pinaster*, o objetivo é preservar pela conservação e pelo manejo e utilização dos recursos genéticos vegetais. Neste caso, é necessário se observar aspectos fundamentais como o conhecimento sobre as bases moleculares que regem os mais diversos fenômenos biológicos dentro e entre estas populações nativas, sendo os marcadores moleculares, cruciais nestes processos (MONDINI *et al.*, 2009; SILVA, 2016).

Neste aspecto, ampliando e fornecendo um acréscimo substancial aos conhecimentos anteriormente agregados às características genéticas de diversos representantes de *L. pinaster* componentes de populações ocorrentes em Minas Gerais, estudos atuais como os desenvolvidos por Marques (2020) e Portella (2021), investigando os marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*), contribuíram para o entendimento do comportamento e dinâmica das populações de *L. pinaster* das regiões norte, sudeste e sul do estado de Minas Gerais.

Partido destes estudos, na atualidade sabe-se que as distâncias genéticas encontradas entre as populações até então estudadas, sofrem influência direta da distância geográfica e da endogamia dentro das populações contribuindo para o aumento desta distância (MARQUES, 2020). A análise do comportamento destas populações de *L. pinaster* utilizando os SNPs, ainda revelaram que as populações se mostraram estruturadas não apresentando padrões de agrupamento em função das regiões (MARQUES, 2020).

Esse grupo de populações de *L. pinaster* apresentam uma segregação espacial alélica, muito provavelmente determinada pelas serras do estado de Minas Gerais, sendo as faixas de altitudes determinantes para a diversidade genética destas populações de *L. pinaster* (PORTELLA, 2021).

Diante dos imensos esforços empregados pelo grupo de pesquisadores do Instituto Agrônomo de Campinas e colaboradores, desde 2004 a quase 20 anos atrás, muito se pode entender sobre a diversidade genética e aspectos químicos de *L. pinaster*, sobre seu *status* de conservação e distribuição de suas populações ao longo da Serra do Espinhaço, nas regiões norte, sudeste e sul do estado de Minas Gerais, conhecimentos estes, essenciais para o desenvolvimento de novas estratégias que fomentem pesquisas e programas para a conservação das populações naturais de *L. pinaster*.

6. DNA Repetitivo - DNA satélite

O DNA satélite (satDNA) compõe uma das partes mais fascinantes das porções repetitivas do genoma de organismos eucariontes (GARRIDO-RAMOS, 2017). Com a descoberta do DNA *tandem* com alto grau repetitivo, desde a década de 1960, diversos trabalhos têm abordado de forma extensa, inúmeros temas ligados a estrutura, organização, função e evolução das sequências repetitivas do DNA (GARRIDO-RAMOS, 2017).

O genoma dos eucariotos é tipicamente composto por uma diversidade de classes de sequências repetitivas de DNA dispersas, principalmente *transposons* e *retrotransposons*, sequências retrotranspostas, e algumas família de genes codificantes de proteínas, ou agrupadas em conjunto, como RNA ribossômico, famílias de genes codificantes de proteínas, satélites,

DNA telomérico e DNA centromérico (LOPEZ-FLORES, GARRIDO-RAMOS, 2012; BISCOTTI *et al.*, 2015; GARRIDO-RAMOS, 2017).

As famílias de DNA satélite, assim como os Elementos Transponíveis (TEs), contribuem bastante na composição do genoma. Estas famílias de DNA satélite se organizam em enormes matrizes de sequências curtas e altamente repetitivas não codificadas. Há muito a se discutir sobre a distribuição destas famílias (satDNA) entre as espécies. Sabe-se que diferentes famílias (satDNA) podem estar presentes em uma mesma espécie, por exemplo: 9 famílias compondo o genoma humano, 15 famílias em *Pisum sativum* L. e 69 famílias em *Lacusta migratoria* (LEVY *et al.*, 2007; MACAS *et al.*, 2007; MIGA, 2015; RUIZ-RUANO *et al.*, 2016; GARRIDO-RAMOS, 2017).

O DNA satélite pode ser encontrado em algumas espécies com predominância de algumas famílias satDNA (MRAVINAC *et al.*, 2005; RUIZ-RUANO *et al.*, 2016; GARRIDO-RAMOS, 2017). Por exemplo, a família satDNA mais abundante dentro do genoma humano, é a centromérica α satDNA que corresponde a mais da metade do total de conteúdo satDNA do genoma humano (LANDER *et al.*, 2001; MIGA, 2015).

Uma família satDNA pode ser específica de uma espécie, o que pode estar de acordo com a visão atualmente aceita de que estas são as partes evolutivas mais rápidas do genoma (GARRIDO-RAMOS, 2017), porém, além de satDNAs específicos de uma espécie, há famílias satDNA compartilhadas por diversas espécies relacionadas dentro de um gênero (BELYAYEV *et al.*, 2020), pelo conjunto completo de espécies que compõe um gênero, por diversos gêneros pertencentes a uma família, por uma família completa, por várias famílias ou até mesmo por uma ordem (BACHMANN *et al.*, 1994; GARRIDO-RAMOS *et al.*, 1998; ROBLES *et al.*, 2004; MARTINSEN *et al.*, 2009; CAFASSO, CHINALI, 2014; SUJIWATTANARAT *et al.*, 2015).

Desde o início do século XXI pesquisas vinham tratando o DNA satélite com indiferença. Os projetos de sequenciamento de genomas não foram capazes de responder com precisão aos estudos do satDNA, e se quer as metodologias mais clássicas conseguiram avançar na realização de estudos que pudessem abranger todos os conjuntos de sequências de satDNAs de um genoma (GARRIDO-RAMOS, 2021).

Os conhecimentos sobre a dinâmica dos satDNAs avançou de forma progressiva neste último século, principalmente pelo advento das novas técnicas e tecnologias analíticas (GARRIDO-RAMOS, 2021), com a descoberta dos satDNAs e a sua natureza altamente variável. Muitas pesquisas buscam cada vez mais entender as suas diversas implicações no genoma dos organismos eucarióticos, sabendo que estes estão envolvidos em um conjunto de funções que vão desde a organização do cromossomo e emparelhamento, no metabolismo

celular e até mesmo na modulação de funções genéticas (MESTROVIC *et al.*, 2015; BELYAYEV *et al.*, 2020).

Desde o seu descobrimento, mais de 50 anos atrás, o DNA satélite é, atualmente, considerado ainda uma das partes mais intrigantes e fascinantes do genoma (GARRIDO-RAMOS, 2017). No entanto, as novas abordagens sobre todo o genoma, e as novas vantagens para sua análise, renovaram e estimularam o interesse no desenvolvimento de novos estudos acerca dos conhecimentos dos satDNAs (GARRIDO-RAMOS, 2021).

O DNA satélite é comumente classificado em microssatélites, minissatélites, satélites e macrossatélites, sempre de acordo com o comprimento de suas repetições monoméricas (THAKUR *et al.*, 2021).

Os microssatélites, conhecidos como Repetições de Sequências Simples (SSRs), ou ainda como Repetições de Tandem Curto (STR), são repetições curtas com (2 – 6 bp), apresentam natureza polimórfica e estão presentes na região telomérica (GOMES *et al.*, 2010; THAKUR *et al.*, 2021); os minissatélites são repetições monoméricas geralmente maiores que os microssatélites (aproximadamente 15 bp), sendo encontrados em regiões eucromáticas do genoma de organismos vertebrados, de fungos e plantas.

Os satélites compreendem matrizes geralmente repetidas estando presentes nas regiões centroméricas, pericentroméricas e subteloméricas, as matrizes de satélites são caracterizadas por repetições simples ou complexas; e os macrossatélites que apresentam unidades de repetição monomérica muito maiores, variando em até algumas quilobases em comprimento, estes são encontrados em regiões subteloméricas (ALEXANDROV *et al.*, 2001; KOMISSAROV *et al.*, 2011; DUMBOVIC *et al.*, 2017; THAKUR *et al.*, 2021).

O DNA satélite possui alto grau de polimorfismo por apresentar variações no número de unidades repetitivas ocasionadas por mutações que envolvem diversos mecanismos. A grande variabilidade dentro das repetições de DNA satélites em organismos relacionados ou não, os tornam ótimos marcadores para mapeamento, caracterização de genomas, correlação entre genótipo-fenótipo, realização de seleção assistida por marcadores em plantas úteis para a agricultura, estudos de diversidade e ecologia molecular, evidenciando um melhor entendimento sobre evolução e funcionamento do genoma de eucariontes (TAUTZ, RENZ, 1984; NASLUND *et al.*, 2005; KAYSER, SCHNEIDER, 2009; BELYAYEV *et al.*, 2020; THAKUR *et al.*, 2021).

7. Marcadores SSRs e SNPs

Marcadores genéticos são comumente descritos como diferenças genéticas observadas entre organismos individuais ou entre espécies (BOHAR *et al.*, 2020). Os marcadores moleculares não representam genes alvos em sua essência, no entanto, agem como sinais, sendo classificados em três tipos principais, os marcadores morfológicos, os marcadores bioquímicos e os marcadores de DNA, estando esta classificação, baseada em variações alélicas causadas por traços fenotípicos, enzimáticos ou locais de variação do DNA (COLLARD *et al.*, 2005; BOHAR *et al.*, 2020).

Para a utilização de um sistema de marcadores moleculares eficiente, alguns critérios são considerados, os marcadores devem ser altamente polimórficos, distribuídos de forma uniforme, de preferência devem ser codominantes, alelo distinto, de cópia única, econômicos e favorável à automação (GUPTA *et al.*, 1999; BOHAR *et al.*, 2020).

Marcadores microssatélites (SSRs) são repetições de sequências simples usualmente empregadas no estudo da genética vegetal com a utilização da genotipagem de baixo e alto rendimento (VIEIRA *et al.*, 2016). Com os avanços tanto das técnicas, quanto das tecnologias e metodologias envolvidas nos estudos de genética molecular, ocorreu uma generalizada utilização de marcadores moleculares codominantes, principalmente os SSRs e mais recente, os SNPs (VIEIRA *et al.*, 2016).

Os microssatélites são referidos como repetições *tandem* com menos de 10 bp distribuídas em loci espalhados pelo genoma, além disso, os microssatélites apresentam muitas semelhanças com os minissatélites e os satélites em níveis genômicos e citológicos, apresentando uma disseminação intragenômica que precede agrupamentos, podendo exibir estados agrupados ou não agrupados, sendo estes em sua maioria semelhantes, exceto em comprimento repetido (RUIZ-RUANO *et al.*, 2016; GARRIDO-RAMOS, 2017).

Marcadores microssatélites são muito utilizados em estudos, especialmente de genética de populações vegetais por serem ferramentas extremamente eficientes (LAVOR *et al.*, 2014; TANAKA *et al.*, 2014; SILVA, 2016), sendo estes ainda classificados como repetições mono-, di-, tri-, tetra- e hexanucleotídicas, e dependendo do tipo de sequência repetitiva, podem ser: perfeitos com sequências sem interrupções (AT)₂₀, imperfeitos se ocorrerem interrupções ocasionadas pela presença de diferentes nucleotídeos alterando o padrão do motivo repetitivo (AT)₁₂ GC(AT)₈, e/ou sequências compostas por dois ou mais motivos *in tandem* (AT)₇(GC)₆ (WANG *et al.*, 2009; HOSHINO *et al.*, 2012; MIAH *et al.*, 2013; SILVA, 2016), sendo as repetições AT/TA, como motivos mais abundantes em plantas (KALIA *et al.*, 2011).

Os microssatélites são encontrados tanto em organismos procariontes quanto nos organismos eucariotos, estando amplamente difundidos por todo o genoma, principalmente na

eucromatina de eucariontes e no DNA nuclear ou organelar não codificante (PÉREZ-JIMÉNEZ *et al.*, 2013; PHUMICHAH *et al.*, 2015; VIEIRA *et al.*, 2016).

Microsatélites apresentam alta variação genética devido a sua alta heterozigosidade e a presença de alelos múltiplos, sendo um marcador neutro com grau de polimorfismo proporcional à taxa de mutação, que em termos estimativos, varia entre 10^{-2} a 10^{-4} por geração (ELLEGREN, 2004; MIAH *et al.*, 2013).

Por possuírem uma alta taxa de mutação (VIEIRA *et al.*, 2016), estudos indicam que os microsatélites poderiam comprometer a expressão gênica, por isso, estes estariam localizados com menor ocorrência em regiões genéticas, sendo que em regiões de codificação ocorrem com predominância, SSRs que apresentam motivos genéticos dos tipos tri e hexanucleotídeos (ZANG *et al.*, 2004; XU *et al.*, 2013b; VIEIRA *et al.*, 2016).

Microsatélites aparentemente podem surgir espontaneamente a partir de eventos de inserção ou deleção que duplicam sequências adjacentes, formando inicialmente proto-microsatélites ou elementos transponíveis que, podem inserir formas mais primitivas de microsatélites em regiões receptivas do genoma (ZHU *et al.*, 2000; WILDER, HOLLOCHER, 2001; KALIA *et al.*, 2011; SILVA, 2016).

Os SSRs tem sido os marcadores mais amplamente utilizados na genotipagem de plantas por serem altamente informativos, codominantes, apresentarem alelos múltiplos, serem reprodutíveis experimentalmente e transferíveis entre as espécies relacionadas (MANSON, 2015; VIEIRA *et al.*, 2016), sendo estas, úteis para estudos de diversidade medida com base na distância genética; na estimativa do fluxo gênico e passagem das taxas e estudos evolutivos, inferindo sobre as relações genéticas infraespecíficas (JONAH *et al.*, 2011; KALIA *et al.*, 2011).

Os marcadores microsatélites podem ser úteis no estudo de estruturas populacionais, no mapeamento genético e processos evolutivos (VIEIRA *et al.*, 2016), porém, mesmo com uma ampla aplicabilidade dos marcadores microsatélites em estudos genéticos desde sua descoberta na década de 1980, estudos sobre a sua importância biológica ainda são poucos, especialmente para plantas (MORGANTE *et al.*, 2002; VIEIRA *et al.*, 2016). No entanto, com a detecção e descoberta de microsatélites em regiões regulatórias e de transcrição do genoma, surgiu um crescente interesse científico pelo descobrimento de suas possíveis funções biológicas, e assim, publicações vem apresentando novas evidências do papel desempenhado pelos microsatélites em processos importantes tal como, regulação da transcrição e tradução, organização da cromatina, tamanho do genoma e ciclo celular (NEVO, 2001; LI *et al.*, 2004; GAO *et al.*, 2013; VIEIRA *et al.*, 2016).

Com o avanço tecnológico, a ampla utilização de marcadores moleculares tem contribuído de forma significativa para o estudo aplicado nos diversos métodos de reprodução de plantas, o que tem aumentado principalmente, o ritmo de melhorias das culturas (BOHAR *et al.*, 2020).

Tanto os SSRs quanto os SNPs são destaques em estudos que tratam SSRs e SNPs em conjunto ou especificamente em diversos gêneros vegetais como: a cevada (KOTA *et al.*, 2001), a mandioca (OLSEN, 2004), o milho (BLANCA *et al.*, 2011), a abóbora (YANG *et al.*, 2011), para árvores frutíferas cítricas (GARCIA-LOR *et al.*, 2013), para o arroz (SINGH *et al.*, 2013; SUMAN *et al.*, 2021), a jujuba chinesa (CHEN *et al.*, 2017), a amora (RUKMANGADA *et al.*, 2019), o mirtilo (WANG *et al.*, 2019) e para o sorgo (BAGGETT *et al.*, 2021), onde fica evidenciada a importância destes marcadores moleculares para o estudo da diversidade genética de populações, melhoramento de culturas e ecologia molecular.

Segundo Bohar *et al.* (2020), os SNPs são os marcadores moleculares mais comumente utilizados para diversas aplicações genômicas atualmente, principalmente pela sua abundância nos genomas de todos os organismos, sendo um marcador de fácil automação, o que leva a uma genotipagem de baixo custo e alto rendimento (RAFALSKI, 2002; BOHAR *et al.*, 2020).

Os SNPs são marcadores capazes de expressar diferenças únicas em bases de nucleotídeos entre duas sequências de DNA, fornecem formas mais simples e definitivas de marcadores moleculares, sendo sua frequência, na ordem de intervalo que compreende um SNP a cada 100 – 300 pb nas plantas (KUMAR *et al.*, 2018; MARQUES, 2020).

Os SNPs tornam-se a cada dia, um sistema de marcadores moleculares ideal, podendo ser usados da mesma forma que outros marcadores genéticos em uma diversidade de funções como o aprimoramento de culturas, análises de diversidade genética, em associação de características de marcadores ou seleção assistida de marcadores (YANG *et al.*, 2011). Os marcadores SNPs apresentam uma maior frequência nos genomas se comparado aos marcadores SSRs.

Yang *et al.* (2010) comparando estes dois sistemas de marcadores moleculares, observaram que o método de detecção SNP (Array-based), pode ser até 100 vezes mais rápido que o método de detecção de SSRs baseado em gel, observando que o seu custo, era de 4-5 vezes menor (YANG *et al.*, 2011).

Comparando a capacidade de SNPs e SSRs e sua contribuição na avaliação da estrutura de populações, Hamblin *et al.* (2007) utilizando 89 SSRs e 847 SNPs, observaram que os SSRs apresentaram desempenho melhor que os SNPs no agrupamento individual dentro das populações, no entanto, os dois marcadores mostraram que são consistentes no agrupamento quanto a estrutura de populações (YANG *et al.*, 2011).

Marcadores moleculares tem se mostrado uma ferramenta essencial para o estudo da estrutura de populações, diversidade genética e ecologia molecular, devido ao seu alto grau de mutação. Estes são indispensáveis nos processos de reprodução assistida por marcadores, promovendo uma identificação precisa e rápida, são eficientes na caracterização, no manejo e coleta de germoplasma de culturas, apresentam especificidade de lócus, reprodutibilidade e ampla distribuição por todo genoma de diversos organismos (SINGH *et al.*, 2013; HE *et al.*, 2014; NADEEM *et al.*, 2018; WANG *et al.*, 2019).

8. Elementos Transponíveis TEs

O genoma dos eucariotos é composto por regiões de sequências não codificadas, estas em sua maioria, incluem o DNA intergênico, elementos repetitivos e introns, sendo os Elementos Transponíveis – TEs, componentes de uma grande parte dos elementos repetitivos presentes no genoma de muitos eucariontes (SAHEBI *et al.*, 2018).

Fundamentalmente os TEs são bem diferentes dos genes, estando estes relacionados a sequências de DNA que são enriquecidas por modificações de cromatina associadas ao silenciamento transcricional (SAHEBI *et al.*, 2018). Dentro dos genomas dos eucariontes, os TEs são as sequências mais repetitivas, estes são capazes de se mover dentro e entre o genoma, gerar mutações, e amplificar o número de suas cópias (MUSZEWSKA *et al.*, 2011; ARANGO-LOPEZ *et al.*, 2017; OROZCO-ARIAS *et al.*, 2019).

Desde meados do século XX, quando foram descritos pela primeira vez em milho, os TEs, por vários anos, foram considerados como “DNA lixo” ou “parasitas genômicos” sem acrescentar qualquer benefício à composição do genoma dos hospedeiros, porém, descobertas indicaram que estes podem ser benéficos, fornecendo elementos genéticos com caráter regulatório, produzindo mudanças genômicas, compondo partes específicas de regiões do genoma como a região do centrômero (BRUNNER *et al.*, 2005; LIU *et al.*, 2008; RAVINDRAN, 2012; ZHANG, GAO, 2017; HIRSCH, SPRINGER, 2017; NEUMANN *et al.*, 2019; COSTA *et al.*, 2019).

Em geral, os TEs são classificados de acordo com as regiões que estão envolvidas diretamente na codificação e replicação do elemento, sendo que, os TEs que movem-se através de uma molécula de RNA (os retrotransposons), estão classificados dentro da Classe I, enquanto os TEs que movem-se através de uma molécula de DNA (os transposons), são classificados dentro da Classe II (WICKER *et al.*, 2007; CHAPARRO *et al.*, 2015; OROZCO-ARIAS *et al.*, 2019), dentre estes, os elementos classificados na Classe I, os retrotransposons, são predominantes em genomas de plantas (OLIVER *et al.*, 2013; MHIRI *et al.*, 2019).

Os retrotransposons ainda são subdivididos e classificados em quatro ordens: LTR-RT; não-LTR; PLEs e DIRS de acordo com suas características estruturais e ciclo de vida do elemento (CASACUBERTA, GONZÁLEZ, 2013; OROZCO-ARIAS *et al.*, 2019). A ordem LTR-RT é a mais comum, podendo contribuir em 75% a 80% do tamanho do genoma da planta, como observado na cevada, trigo e seringueira (GAO *et al.*, 2012; RAHMAN *et al.*, 2013; NEUMANN *et al.*, 2019).

Os TEs da Classe I, principalmente os retrotransposons LTRs, são comumente classificados apenas ao nível de superfamílias (a categoria mais ampla de classificação dos retrotransposons LTR), tipicamente os retrotransposons LTR encontram-se classificados dentro das superfamílias: Ty1/Copia (*Pseudoviridae*), Ty3/Cigana-Gypsy (*Metaviridae*), Bel-Pao (*Belpaoviridae*), Retrovírus (*Retroviridae*) e Retrovírus Endógenos (ERV *Retroviridae*), diferindo entre si, pela organização do domínio proteico na sequência poligênica (SCHNABLE *et al.*, 2009; BENNETZEN, WANG, 2014; NEUMANN *et al.*, 2019; NEUMANN *et al.*, 2019; ASSIS *et al.*, 2020), sendo que, apenas as superfamílias Ty1/Copia e Ty3/Cigana, ocorrem em plantas inserindo uma grande quantidade de elementos diversos (NEUMANN *et al.*, 2019).

Com base na organização interna do domínio de codificação, em plantas, a ordem LTR-RT é composta por duas superfamílias: Copia e Cigana (Gypsy). As duas superfamílias de LTR-RT, ainda foram subdivididas em linhagens e famílias por meio de análises filogenéticas com base em similaridades de regiões de codificação, muitas delas realizadas através do domínio enzimático conhecido como transcriptase reversa (RT) (LLORENS *et al.*, 2009; OROZCO-ARIAS *et al.*, 2019).

Em genomas vegetais, são descritas as linhagens: Ale (Retrofit), Alesia, Angela, Bianca, Bryco, Lyco, Gymco, Ikeros (Tork sto-4), Ivana (Oryco) e Osser, pertencentes a superfamília Copia, e para a superfamília Cigana (Gypsy), as linhagens Athila, Clamyvir, Galadriel, Selgy, TCnl, Reina, Tekay (Del), CRM, Phygy e TAT (OROZCO-ARIAS *et al.*, 2019).

Os retrotransposons de repetições de terminais longos (LTR-RTs) compõem um grande grupo diverso de TEs presentes nos eucariotos, sendo abundantes principalmente, em genomas vegetais (NEUMANN *et al.*, 2019). De modo geral, os retrotransposons exercem um papel importante na evolução de uma espécie, sua mobilidade produz variações genéticas, favorecendo rearranjos cromossômicos por meio de recombinações ilegítimas no mesmo cromossomo entre locais distantes ou em cromossomos diferentes (DEVOS *et al.*, 2002; LISCH, 2013; VANGELISTI *et al.*, 2021).

Os retrotransposons LTR-RT, atuam como um mecanismo de cópia e cola originando novas cópias de elementos aumentando o tamanho do genoma do hospedeiro após a integração, estes replicam-se através de um RNA intermediário, gerando assim, as novas cópias de

elementos. Este processo pode estar entre os principais impulsionadores da evolução do tamanho do genoma (VITTE, PANAUD, 2005; GROVER, WENDEL, 2010; GALINDO-GONZÁLEZ *et al.*, 2017; WICKER *et al.*, 2018; NEUMANN *et al.*, 2019).

Uma das características mais importantes apresentadas pelos retrotransposons LTR é a sua alta diversidade de sequências de nucleotídeos, que são no geral, únicas para uma espécie ou para um grupo determinado de espécies que são intimamente relacionadas (NEUMANN *et al.*, 2019). Os retrotransposons LTR-RTs autônomos, ainda possuem domínios internos que estão intimamente ligados a codificação de proteínas que relacionam-se diretamente com a sua transposição sendo os domínios: GAG (Antígeno específico do grupo) e POL (sintetizado como poliproteína contendo PROT, Aspartic Proteinase; INT, Integrase, RT, Transcriptase Reversa e RH, RNase H) importantes neste processo (COSTA *et al.*, 2019).

As duas superfamílias de retrotransposons LTR-RTs Copia e Sigana, as mais abundantes em plantas, assim como as outras três superfamílias LTR-RTs, são classificadas e divididas de acordo com inferências filogenéticas baseadas nos domínios das proteínas GAG e POL (LLORENS *et al.*, 2009; 2011; COSTA *et al.*, 2019). Os elementos componentes das superfamílias Copia e Sigana diferenciam-se pela organização de seus domínios internos (WICKER *et al.*, 2007; BENNETZEN, WANG, 2014, COSTA *et al.*, 2019), tendo as suas diversas linhagens, relações de similaridades sequenciais e organização molecular compartilhadas, sendo a sua identificação e caracterização, um passo fundamental para o entendimento dos mecanismos de transposição e história evolutiva deste sistema LTR-RT (EL BAIDOURI, PANAUD, 2013; OCHOA CRUZ *et al.*, 2016; VICIENT, CASACUBERTA, 2017; COSTA *et al.*, 2019).

Por serem abundantes em genomas vegetais, os TEs LTR-RTs, apresentam importância significativa quando investigados em sua ampla diversidade encontrada nos mais diversos genomas de plantas, em análises mais aprofundadas sobre estes diversos genomas. Estudos tem revelado que os TEs, especialmente contendo os elementos LTR-RT compõem: 8,9/125 Mb, cerca de 6,6% do genoma de *Arabidopsis* (*Arabidopsis* Genoma Initiative, 2000), 146,6/742,3 Mb, 31,1% do genoma da maçã (VELASCO *et al.*, 2010), 1432/2365 Mb, cerca de 70,1% do genoma do milho (RAYBURN *et al.*, 1993; SCHNABLE *et al.*, 2009), e 60,9/430 Mb, 14,5% do genoma do arroz (ECKARDT, 2000; PATERSON *et al.*, 2009).

Apresentando uma alta dinâmica na natureza, os TEs contribuem diretamente para a diversidade intraespecífica do genoma, promovendo variações no tamanho do genoma e expressão genética, sendo ativos na manutenção e estabilização de regiões do centrômero que são críticas, inserindo tipos específicos de TEs (MAKAREVITCH *et al.*, 2015; GAO *et*

al., 2015; FERREIRA DE CARVALHO *et al.*, 2016; SARKAR *et al.*, 2017; JAYASWAL *et al.*, 2020).

Assim, levando em consideração a importância da espécie *L. pinaster* para a medicina popular, o seu potencial uso futuro na composição de insumos para as indústrias farmacêutica, alimentícia, cosmética dentre outras, sua importância ecológica e o seu status de conservação, este trabalho tem como objetivo principal realizar um estudo destacando os diversos aspectos morfológicos, anatômicos, químicos e genéticos de populações de *Lychnophora pinaster* ocorrentes no estado de Minas Gerais, buscando fornecer novos elementos e subsídios para futuros programas de conservação de populações naturais desta espécie endêmica ameaçada de extinção.

III. REFERÊNCIAS

- ABREU, V.G.C; TAKAHASHI, J.A; DUARTE, L.P; PILÓ-VELOSO, D; JÚNIOR, P.A.S; ALVES, R.O; ROMANHA, A.J; ALCÂNTARA, A.F.C. Evaluation of the bactericidal and trypanocidal activities of triterpenes isolated from the leaves, stems, and flowers of *Lychnophora pinaster*. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 21(4), p. 615-621, 2011.
- ABREU, V.G.C; CORREA, G.M; SILVA, T.M; FONTOURA, H.S; CARA, D.C; PILÓ-VELOSO, D; ALCÂNTARA, A.F.C. Anti-inflammatory effects in muscle injury by transdermal application of gel with *Lychnophora pinaster* aerial parts using phonophoresis in rats. **BMC Complementary and Alternative Medicine**, v. 13(270), p. 2-8, 2013.
- ALBERTON, M.D. **Avaliação da autenticidade de amostras comerciais à base de Espinheira-Santa (*Maytenus ilicifolia* Martius ex Reissek) comercializadas na região de Tubarão – SC**. XI Encontro Estadual de Farmacêuticos e Bioquímicos, IX congresso Catarinense de Farmacêuticos e Bioquímicos e III Encontro de Farmacêuticos do Mercosul, código A5.02, 2002.
- ALCÂNTARA, A.F.C; SILVEIRA, D; CHIARI, E; OLIVEIRA, A.B; GUIMARÃES, J.E; RASLAN, D.S. Comparative analysis of the trypanocidal activity and chemical properties of *E*-lychnophoric acid and its derivatives using theoretical calculations. **Eclética Química**, v. 30(3), p. 37-45, 2005.
- ALEXANDROV, I; KAZAKOV, A; TUMENEVA, I; SHEPELEV, V; YUROV, Y. Alpha-satellite DNA de primatas: famílias antigas e novas. **Cromosoma**, v. 110(4), p. 253-66, 2001.
- ANTONISAMY, P; DURAIPANDIYAN, V; IGNACIMUTHU, S. Anti-inflammatory, analgesic and antipyretic effects of friedelin isolated from *Azima tetracantha* Lam. in mouse and rat models. **Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics**, v. 63(8), p. 1070-1077, 2011.
- ARABIDOPSIS GENOMA I. Análise da sequência de genomas da planta de floração *Arabidopsis thaliana*. **Natureza**, v. 408, p. 796-815, 2000.
- ARANGO-LÓPEZ, J; OROZCO-ARIAS, S; SALAZAR, J.A; GUYOT, R. **Colombian Conference on Computing**. Springer; Cham, Switzerland. Application of data mining algorithms to classify biological data: The *Coffea canephora* genome case. p. 156–170, 2017.
- ASSIS, R; BABA, V.Y; CINTRA, L.A; GONÇALVES, L; RODRIGUES, R; VANZELA, A. Relações genômicas e diversidade LTR-retrotransposon em três espécies cultivadas de *Capsicum* L. (Solanaceae). **BMC genomics**, v. 21(1), p. 237, 2020.
- ATHAYDE, A.L; RICHETTI, E; WOLFF, J; LUSA, M.G; BIAVATTI, M.W. “Arnicas” from Brazil: comparative analysis among ten species. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 29(4), p. 401-424, 2019.
- BACHMANN, L; VENANZETTI, F; SBORDONI, V. Caracterização de uma família de DNA de satélite específica de *Dolichopoda schiavazzii* (Orthoptera, Rhaphidophoridae). **Journal of Molecular and Evolution**, v. 39(3), p. 274-81.

BAGGETT, J.P; TILLET, R.L; COOPER, E.A; YERKA, M.K. De novo identification e sequenciamento direcionado de SSRs eficientemente impressões digitais Identidade sub-população sorgo bicolor. **PLos ONE**, v. 16(3), e0248213, 2021.

BAKER, J.G. **Flora Brasiliensis**, v. 6(2), p. 1-180, 1873.

BARROS, C.H; MATOSINHOS, R.C; BERNARDES, A.C.F.P.F; ARAÚJO, M.C.P.M; BEZERRA, J.P; SACHS, D; SOARES, R.D.O.A; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Efeitos de *Lychnophora pinaster* na inflamação e dor na gota aguda. **Journal of Etnopharmacology**, v. 280, p. 114460, 2021.

BELYAYEV, A; JOSEFIOVÁ, J; JANDOVÁ, M; MAHELKA, V; KRAK, K; MANDÁK, B. Transposons e DNA de satélite: sobre a origem da maior família de DNA de satélite no genoma do *Chenopodium*. **DNA da máfia**, v. 11, p. 20, 2020.

BENNETZEN, J.L; WANG, H. The contributions of transposable elements to the structure, function, and evolution of plant genomes. **Annual Review of Plant Biology**, v. 65, p. 505-30, 2014.

BERNARDES, A.C.F.P.F; COELHO, G.B; ARAÚJO, M.C.P.M; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. In vivo anti-hyperuricemic activity of sesquiterpene lactones from *Lychnophora* species. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 29(2), p. 241-245, 2019.

BERNARDES, A.C.F.P.F; MATOSINHOS, R.C; ARAÚJO M.C.P.M; BARROS, C.H; SOARES R.D.O.A; COSTA, D.C; SACHS, D; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Lactonas sesquiterpene da espécie *Lychnophora*: vias antinociceptivas, anti-inflamatórias e antioxidantes para tratar gota aguda. **Journal of Etnopharmacology**, v. 6(269), p. 113738, 2021.

BFG - Brazilian Flora Group. **Brazilian Flora 2020 project - Projeto Flora do Brasil 2020**. v. 393, p. 274, 2021.

BISCOTTI, M.A; OLMO, E; HESLOP-HARRISON, J.S. DNA repetitivo em genomas eucarióticos. **Cromossome Research**, v. 23(3), p. 415-20, 2015.

BLANCA, J; CAÑIZARES, J; ROIG, C; ZIARSOLO, P; NUEZ, F; PICÓ, B. Transcriptome caracterização e alta throughput SSRs e SNPs discovery in *Cucurbita pepo* (Cucurbitaceae). **Genômica BMC**, v. 12, p. 104, 2011.

BOHAR, R; CHITKINENI, A; VARSHNEY, R.K. Marcadores moleculares genéticos para acelerar os ganhos genéticos nas culturas. **Bioteecnologias**, v. 69(3), p. 158-160, 2020.

BRUNNER, S; FENGLER, K; MORGANTE, M; TINGEY, S; RAFALSKI, A. Evolution of DNA sequence nonhomologies among maize inbreds. The **Plant Cell**, v. 17(2), p. 343-60, 2005.

CALDEIRA, T.G; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A; DE LACERDA, D.L.R; MUSSEL, W.D.N; YOSHIDA, M.I; DE SOUZA, J. Caracterização polimórfica e implicações em propriedades biofarmacêuticas de potenciais candidatos a medicamentos anti-inflamatórios eremantholide C de *Lychnophora trichocarpa* (Arnica brasileira). **Journal of Pharmacy and Pharmacology**, v. 71(6), p. 910-919, 2019.

CALDEIRA, T.G; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A; GONZÁLEZ-ÁLVAREZ, I; BERMEJO, M; DE SOUZA, J. Eremantholide C de partes aéreas de *Lychnophora trichocarpa*, como

candidato à droga: previsão absorvida por fração em humanos e determinação da classe de permeabilidade bcs. **Daru Journal of Pharmaceutical Sciences**, v. 29(1), p. 195-203, 2021.

CAFASSO, D; CHINALI, G. Um DNA de satélite antigo manteve unidades repetitivas da estrutura original na maioria das espécies do gênero vegetal vivo *Zamia*. **Genoma**, v. 57(3), p. 125-35, 2014.

CASACUBERTA, E; GONZÁLEZ, J. O impacto dos elementos transposáveis na adaptação ambiental. **Molecular Ecology**, v. 22(6), p. 1503-17, 2013.

CERQUEIRA, M.B.S; SOUZA, J.T; JUNIOR, R.A; PEIXOTO, A.B.F. Ação analgésica do extrato bruto aquoso liofilizado do caule e folhas da *Lychnophora ericoides* Mart. (Arnica). **Ciência e Cultura**, v. 39, p. 551-553, 1987.

CHAPARRO, C; GAYRAUD, T; DE SOUZA, R.F; DOMINGUES, D.S; AKAFFOU, S; LAFORGA VANZELA, A.L; KOCHKO, A.D; RIGOREAU, M; CROUZILLAT, D; HAMON, S; HAMON, P; GUYOT, R. Retrotransposons de repetição de terminais com domínio GAG em genomas vegetais: um novo testemunho sobre o complexo mundo dos elementos transposáveis. **Genome Biology and Evolution**, v. 7(2), p. 493-504, 2015.

CHAVES, T.L; RICARDO, L; PAULA-SOUZA, J.D; BRANDÃO, M.D.G.L. Plantas brasileiras úteis sob a visão do escritor-naturalista João Guimarães Rosa. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 25, p. 437-444, 2015.

CHEN, W; HOU, L; ZHANG, Z; PANG, X; LI, Y. Genetic Diversity, Population Structure, and Linkage Disequilibrium of a Core Collection of *Ziziphus jujuba* Assessed with Genome-wide SNPs Desenvolvidos por Genotipagem-by-sequencing and SSR Markers. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 575, 2017.

CHIARI, E; OLIVEIRA, A.B; RASLAN, D.S; MESQUITA, A.A.L; TAVARES, K.G. Screening in vitro of natural-products against blood forms of *Trypanosoma cruzi*. **Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 85(3), p. 372-74, 1991.

CHIARI, E; DUARTE, D.S; RASLAN, D.S; SAÚDE, D.A; PERRY, K.S.P; BOAVENTURA, M.A.D; GRANDI, T.S.M; STEHMANN, J.R; ANJOS, A.M.G; OLIVEIRA, A.B. In vitro screening of asteraceae plant species against *Trypanosoma cruzi*. **Phytotherapy Research**, v. 10(7), p. 636-638, 1996.

CHIARO, P; PINTO, E; COLEPICCOLO, P; LOPES, J.L.C; LOPES, N.P. Flavonoids from *Lychnophora passerina* (Asteraceae): potential antioxidants and UV-protectants. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 32, p. 239-243, 2004.

COILE, N.C; JONES JR, S.B. **Brittonia**, v. 33, p. 528-542, 1981.

COLLARD, B.C; JAHUFER, M.Z; BROUWER, J.B; PANG, E.C. Introdução a marcadores, mapeamento de traços quantitativos (QTL) e seleção assistida por marcadores para melhoria de culturas: os conceitos básicos. **Euphytica**, v. 142(1-2), p. 169-196, 2005.

COPAM – CONSELHO DE POLÍTICA AMBIENTAL. **Lista das espécies ameaçadas de extinção da flora do Estado de Minas Gerais**. Deliberação COPAM 85/97 . Disponível em: <<http://www.biodiversitas.org.br/listas-mg/MG-especies-Flora-ameaçadas.pdf>>. Acesso em: 15 Junho 2011.

COSTA, F.B. ET. AL. **Quimiosistemática e filogenia de *Viguiera* (Asteraceae)** (Resumo). XXI Reunião Anual sobre Evolução, Sistemática e Ecologia Micromoleculares, pág. 69, 1999.

COSTA, Z.P; CAUZ-SANTOS, L.A; RAGAGNIN, G.T; VAN SLUYS, M.A; DORNELAS, M.C; BERGES, H; DE MELLO VARANI, A; VIEIRA, M.L.C. Transposable element discovery and characterization of LTR-retrotransposon evolutionary lineages in the tropical fruit species *Passiflora edulis*. **Molecula Biology Report**, v. 46(6), p. 6117-6133, 2019.

COUTINHO, H.D.M; NETO, V.M; VERDE, L.C.L. Técnicas com Marcadores Moleculares Usadas nas Ciências da Saúde. **Revista Brasileira de Ciências da Saúde**, v. 10(2), p. 177-188, 2006.

CUPOLILO, S.M.N; GOLLNER, A.M; SOUZA, R.L.P; TIAGO, D.A.G; LIMA, V.B.R; LIMA, T.S. Investigation of damage effects by antiinflammatory and immunosuppressive doses of dexamethasone on mice's gastric mucosal. **HU Revista**, v. 33, p. 17-22, 2007.

DEVOS, K.M; BROWN, J.K; BENNETZEN, J.L. Genome size reduction through illegitimate recombination counteracts genome expansion in *Arabidopsis*. **Genome Research**, v. 12(7), p. 1075-9, 2002.

DHUTMAL, R.R; MUNDHE, A.G; MORE, A.W. Molecular Marker Techniques: A Review. **International Journal Current Microbiology and Applied. Science, Special Issue**, v. 6, p. 816-825, 2018.

DUARTE, D.S; RASLAN, D.S; CHIARI, E; OLIVEIRA, A.B. Trypanocidal activity of *Lychnophora pinaster* Mart. **Memorial do Instituto Oswaldo Cruz**, p. 88-240, 1993.

DUMBOVIC, G; FORCALES, S.V; PERUCHO, M. Papéis emergentes de macrosatélite se repetem na organização do genoma e no desenvolvimento de doenças. **Epigenética**, v. 12(7), p. 515-526, 2017.

ECKARDT, N.A. Sequenciamento do genoma do arroz. **Célula vegetal**, v. 12, p. 2011-2017, 2000.

EL BAIDOURI, M; PANAUD, O. Comparative genomic paleontology across plant kingdom reveals the dynamics of TE-driven genome evolution. **Genome Biology and Evolution**, v. 5(5), p. 954-965, 2013.

ELLEGREN, H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. **Nature Reviews Genetics**, v. 5, p. 435-445, 2004.

FERRAZ-FILHA, Z. S; LOMBARDI, J. A; GUZZO, L. S; SAÚDE-GUIMARÃES, D. A. Brine shrimp (*Artemia salina* Leach) bioassay of extracts from *Lychnophoriopsis candelabrum* and different *Lychnophora* species. **Revista Brasileira de Plantas Medicinai**s, v. 14(2), p. 358-361, 2012.

FERRARI, F.C; FERREIRA, L.C; SOUZA, M.R; GRABE-GUIMARÃES, A; PAULA, C.A; REZENDE, S.A; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Lactonas sesquiterpene anti-inflamatórias de *Lychnophora trichocarpa* Spreng. (Arnica brasileira). **Phytotherapy Research**, v. 27(3), p. 384-9, 2013.

FERREIRA, S.A. **Avaliação da toxicidade e das atividades analgésica e anti-inflamatória do extrato etanólico de *Lychnophora pinaster* (arnica)**. UFOP, Ouro Preto, 2010.

FERREIRA, S.A; GUIMARÃES, A.G; FERRARI, F.C; CARNEIRO, C.M; PAIVA, N.C.N; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Assessment of acute toxicity of the ethanolic extract of *Lychnophora pinaster* (Brazilian arnica). **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 24(5), p. 553-560, 2014.

FERREIRA DE CARVALHO, J; DE JAGER, V; VAN GURP, T.P; WAGEMAKER, N.C; VERHOEVEN, K.J. Elementos transponíveis recentes e dinâmicos contribuem para a divergência genômica sob a assexualidade. **BMC Genome**, v. 17, p. 884, 2016.

GALINDO-GONZÁLEZ, L; MHIRI, C; DEYHOLOS, M.K; GRANDBASTIEN, M.A. LTR-retrotransposons nas fábricas: Motores de evolução. **Gene**, v. 626, p. 14-25, 2017.

GAO, D; JIMENEZ-LOPEZ, J.C; IWATA, A; GILL, N; JACKSON, S.A. Divergência funcional e estrutural de uma incomum família retrotransposon ltr em plantas. **PLoS ONE**, v. 7(10), e48595, 2012.

GAO, C; REN, X; MASON, A.S; LI, J; WANG, W; XIAO, M; FU, D. Revisitando um componente importante dos genomas vegetais: microsatélites. **Functional Plant Biology**, (40), p. 645-645, 2013.

GAO, D; JIANG, N; WING, R.A; JIANG, J; JACKSON, S.A. As transposons desempenham um papel importante na evolução e diversificação dos centrosmers entre espécies intimamente relacionadas. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, p. 216, 2015.

GARCIA-LOR, A; CURK, F; SNOUSSI-TRIFA, H; MORILLON, R; ANCILLO, G; LURO, F; NAVARRO, L; OLLITRAULT, P. Uma análise filogenética nuclear: SNPs, indels e SSRs fornecem novas percepções sobre as relações no grupo "verdadeiras árvores frutíferas cítricas" (Citrinae, Rutaceae) e a origem das espécies cultivadas. **Annals of Botany**, v. 111(1), p. 1-19, 2013.

GARRIDO-RAMOS, M.A; DE LA HERRÁN, R; REJÓN, C.R; REJÓN, M.R. Um DNA de satélite da família Sparidae (peixes, perciformes) associado a sequências telôméricas. **Genet celular citogeneta**, v. 83(1-2), p. 3-9, 1998.

GARRIDO RAMOS, M.A. DNA de satélite: um tópico em evolução. **Genes (Basileia)**, v. 8 (9), p. 230, 2017.

GARRIDO RAMOS, M.A. A Genômica do DNA do Satélite Vegetal. **Progress in Molecular end Subcellular Biology**, v. 60, p. 103-143, 2021.

GOMES, N.M; SHAY, J.W; WRIGHT, W.E. Biologia de Telômero em Metazoa. **FEBS Letters**, v. 584(17), p. 3741-51, 2010.

GOUVEA, D.R. **Estudo da variação populacional dos metabolitos secundários do Arnica (*Lychnophora salicifolia* Mart., *Vernonieae*, *Asteraceae*)**. Tese. Universidade de São Paulo – Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, p. 105, 2010.

GOUVEA, D.R; MELONI, F; RIBEIRO, A.B; LOPES, J.L; LOPES, N.P. Um novo método HPLC-DAD-MS/MS para a determinação simultânea de compostos principais no extrato bruto de *Lychnophora salicifolia* Mart. (arnicão brasileiro) deixa: aplicação à avaliação de variabilidade química. **Analytica Chimica Acta**, v. 20(748), p. 28-36, 2012.

GROVER, C.E; WENDEL, J.F. Insights recentes sobre mecanismos de variação do tamanho do genoma nas plantas. **Journal of Botany**, v. 2010, p. 1-8, 2010.

GUPTA, P.K; VARSHNEY, R.K; SHARMA, P.C; RAMESH, B. Marcadores moleculares e suas aplicações na criação de trigo. **Raça vegetal**, v. 118(5), p. 369-390, 1999.

GUZZO, C.A; LAZARUS, G.S; WERTH, V. Dermatological Pharmacology. In: HARDMAN, J. G.; LIMBIRD, L. E.; MOLINOFF, P. B.; RUDDON, R. W.; GILMAN, A. G. (Org.). **Goodman & Gilman's the pharmacological basis phytotherapeutics**, v. 9, p. 1604-6, 1996.

GUZZO, L.S; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A; SILVA, A.C.A; LOMBARDI, J.A; GUIMARÃES, H.N; GRABE-GUIMARÃES, A. Antinociceptive and antiinflammatory activities of ethanolic extracts of *Lychnophora* species. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 116, p. 120–124, 2008.

HABER, L.H. **Caracterização da diversidade genética, via marcador microsatélite, e constituintes do óleo essencial de *Lychnophora pinaster* Mart.** Tese. Faculdade de Ciências Agrônomicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, p. 151, 2008.

HABER, L.H; CAVALLARI, M.M; SANTOS, F.R; MARQUES, M.O; GIMENES, M.A; ZUCCHI, M.I. Desenvolvimento e caracterização de marcadores microsatélites para *Lychnophora pinaster*: um estudo para a conservação de uma planta medicinal nativa. **Resources Molecular and Ecology**, v. 9(3), p. 811-4, 2009.

HAMBLIN, M.T; WARBURTON, M.L; BUCKLER, E.S. Comparação empírica de repetições de sequência simples e polimorfismos de nucleotídeos únicos na avaliação da diversidade e da relação do milho. **PLoS ONE**, v. 12:e1367, 2007.

HE, J; ZHAO, X; LAROCHE, A; LU, ZX; LIU, H; LI, Z. Genotyping-by-sequencing (GBS), uma ferramenta final de seleção assistida por marcadores (MAS) para acelerar a criação de plantas. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, p. 484, 2014.

HIRSCH, C.D; SPRINGER, N.M. Transposable element influences on gene expression in plants. **Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms**, v. 1860(1), p. 157-165, 2017.

HOSHINO, A.A; BRAVO, J.P; NOBILE, P.M; MORELLI, K.A. Chapter 6. **Microsatellites as Tools for Genetic Diversity Analysis**. In: Caliskan M. (Org). Genetic Diversity in Microorganisms. Intech: Croacia. 2012.

ISOBE, M.T.C. **Anatomia foliar e influência da sazonalidade no óleo essencial de populações de *Lychnophora pinaster* Mart.** Dissertação (Mestrado em Agronomia – Horticultura) – Faculdade de Ciências Agrônomicas – Universidade Estadual Paulista, Botucatu, p. 93, 2012.

JAYASWAL, P.K; SHANKER, A; SINGH, N.K. Genoma ampla anotação e caracterização de jovens, intactos longos terminais repetitivos retrotransposons (In-LTR-RTs) de sete espécies de leguminosas. **Genética**, v. 148, p. 253-268, 2020.

JONAH, P; BELLO, L; LUCKY, O; MIDAU, A; MORUPPA, S. Review: a importância dos marcadores moleculares em programas de reprodução de plantas. **Global Journal of Science Frontier Research**, 11 eV-versl, 2011.

KALIA, R.K; RAI, M.K; KALIA, S; SINGH, R; DHAWAN, A.K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, v. 177, p. 309-334, 2011.

KAYSER, M; SCHNEIDER, P.M. Previsão baseada em DNA de características humanas externamente visíveis na perícia: motivações, desafios científicos e considerações éticas. **Science International Genetics forense**, v. 3(3), p. 154-61, 2009.

KOMISSAROV, A.S; GAVRILOVA, E.V; DEMIN, S.J; ISHOV, A.M; PODGORNAYA, O.I. Tandemly repeated DNA families in the mouse genome. **BMC Genomics**, v. 12, p. 531, 2011.

KOTA, R; VARSHNEY, R.K; THIEL, T; DEHMER, K.J; GRANER, A. Geração e comparação de SSRs e SNPs derivados de EST na cevada (*Hordeum vulgare* L.). **Hereditas**, v. 135(2-3), p. 145-51, 2001.

KUMAR, M.; CHAUDHARY, V.; SHARMA, V.R.; SIROHI, U.; SINGH, J. Advances in biochemical and molecular marker techniques and their applications in genetic studies of orchid: A review. **International Journal of Chemical Studies**, v. 6(6), p. 806-822, 2018.

LANDER, E.S; LINTON, L.M; BIRREN, B; NUSBAUM, C; ZODY, M.C; BALDWIN, J; DEVON, K; DEWAR, K; DOYLE, M; FITZHUGH, W; FUNKE, R; GAGE, D; HARRIS, K; HEAFORD, A; HOWLAND, J; KANN, L; LEHOCZKY, J; LEVINE, R; MCEWAN, P; MCKERNAN, K; MELDRIM, J; MESIROV, J.P; MIRANDA, C; MORRIS, W; NAYLOR, J; RAYMOND, C; ROSE, S.A; SOUGNEZ, C; STANGE-THOMANN, Y; STOJANOVIC, N. Consórcio Internacional de Sequenciamento de Genoma Humano. Sequenciamento inicial e análise do genoma humano. **Natureza**, v. 412(6846), p. 565, 2001.

LAVOR, P; BERG, C.V.D; JACOBI, C.M; CARMO, F.F; VERSIEUX L.M. Population genetics of the endemic and endangered *Vriesea minarum* (Bromeliaceae) in the Iron Quadrangle, Espinhaço Range, Brazil. **American Journal of Botany**, v. 101, p. 1167-1175, 2014.

LEE, S; CHOI, J; LEE, B; YU, J; LIM, C.E. Genetic diversity and structure of an endangered medicinal herb: implications for conservation. **AOB Plants**, 2018.

LEITE, A.M; LIMA, E.O; SOUZA, E.L; DINIZ, M.F.F.M; TRAJANO, V.N; MEDEIROS, I.A. Inhibitory effect of β -pinene, α -pinene and eugenol on the growth of potential infectious endocarditis causing Gram-positive bacteria. **Revista Brasileira de Ciências Farmacêuticas**, v. 43(1), p. 121-126, 2007.

LEVY, S; SUTTON, G; NG, P.C; FEUK, L; HALPERN, A.L; WALENZ, B.P; AXELROD, N; HUANG, J; KIRKNESS, E.F; DENISOV, G; LIN, Y; MACDONALD, J.R; PANG, A.W; SHAGO, M; STOCKWELL, T.B; TSIAMOURI, A; BAFNA, V; BANSAL, V; KRAVITZ, S.A; BUSAM, D.A; BEESON, K.Y; MCINTOSH, T.C; REMINGTON, K.A; ABRIL, J.F; GILL, J; BORMAN, J; ROGERS, Y.H; FRAZIER, M.E; SCHERER, S.W; STRAUSBERG,

R.L; VENTER, J.C. The diploid genome sequence of an individual human. **PLoS Biology**, v. 5(10), e254, 2007.

LI, Y.C; KOROL, A.B; FAHIMA, T; NEVO, E. Microsatélites dentro dos genes: estrutura, função e evolução. **Molecular Biology and Evolution**, v. 21(6), p. 991-1007, 2004.

LIU, Z; YUE, W; LI, D; WANG, R.R; KONG, X; LU, K; WANG, G; DONG, Y; JIN, W; ZHANG, X. Structure and dynamics of retrotransposons at wheat centromeres and pericentromeres. **Chromosoma**, v. 117(5), p. 445-56, 2008.

LISCH, D. How important are transposons for plant evolution? **Nature Reviews Genetics**, v. 14(1), p. 49-61, 2013.

LLORENS, C; MUÑOZ-POMER, A; BERNAD, L; BOTELLA, H; MOYA, A. Dinâmicas de rede de retroelements eucarióticos ltr além de árvores filogenéticas. **Biology Direct**, v. 4, p. 41, 2009.

LLORENS, C; FUTAMI, R; COVELLI, L. The Gypsy database (GyDB) of mobile genetic elements: release 2.0. **Nucleic Acids Research**, v. 39, p. D70-D74, 2011.

LOEUILLE, B; SEMIR, J; LOHMANN, L.G; PIRANI, J.R. A. Phylogenetic analysis of Lychnophorinae (Asteraceae: Vernonieae) based on molecular and morphological data. **Systematic Botany**, v. 40(1), p. 299–315, 2015.

LÓPEZ-FLORES, I; GARRIDO-RAMOS, M.A. O conteúdo repetitivo de DNA dos genomas eucarióticos. **Genome Dynamics**, v. 7, p. 1-28, 2012.

LUQUE, R.E.M; LUIZA, N; SEMIR, J. Anatomia foliar de *Lychnophora* Mart. (Vernonieae: Asteraceae). **Plantula**, v. 2(3), p. 141-152, 1999.

LUSA, M.G; LOEUILLE, B.F.P; CICCARELLI, D; APPEZZATO-DA-GLÓRIA, B. Evolution of stem and leaf structural diversity: a case study in Lychnophorinae (Asteraceae). **Botany Review**, v. 4, p. 017-9191, 2018.

MACAS, J; NEUMANN, P; NAVRÁTILOVÁ, A. DNA repetitivo no genoma da ervilha (*Pisum sativum* L.): caracterização abrangente utilizando 454 sequenciamento e comparação com soja e medicago truncatula. **Genômica BMC**, v. 8, p. 427, 2007.

MAKAREVITCH, I; WATERS, A.J; WEST, P.T; STITZER, M; HIRSCH, C.N; ROSS-IBARRA, J. Elementos transposáveis contribuem para a ativação de genes de milho em resposta ao estresse abiótico. **PLoS Genetics**, v. 11, e1004915, 2015.

MARQUES, A.P.S. **Diversidade química e genética de populações naturais de *Lychnophora pinaster* Mart.** Tese. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Instituto de Biociências, Botucatu – SP, p. 125, 2020.

MARQUES, A.P.S; BONFIM, F.P.G; SANTOS, D.G.P.O; LIMA, M.P; SEMIR, J; MARTINS, E.R; ZUCCHI, M.I; HANTAO, L.W; SAWAYA, A.C.H.F; MARQUES, M.O.M. Chemical diversity of essential oils from the Brazilian medicinal plant *Lychnophora pinaster* Mart from different environments. **Industrial Crops & Products**, 156, 112856. 2020.

MARTINSEN, L; VENANZETTI, F; JOHNSEN, A; SBORDONI, V; BACHMANN, L. Evolução molecular da família de DNA de satélite pDo500 em grilos das cavernas *Dolichopoda* (Raphidophoridae). **BMC Evolution and Biology**, v. 28(9), p. 301, 2009.

MASON, A.S. **SSR Genotyping**. In: Batley J, editor. *Planta Genotipagem*. Springer; Nova Iorque, NY, p. 77-89, 2015.

MELO JR, A.F; CARVALHO, D.F; VIEIRA, F; OLIVEIRA, D.A. Spatial genetic structure in natural populations of *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae) in North of the Minas Gerais, Brazil. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 43, p. 205-209, 2012.

MENDONÇA, M. P; LINS, L.V. **Lista vermelha das espécies ameaçadas de extinção da flora de Minas Gerais**. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas – Fundação Zoo-botânica de Belo Horizonte, p. 157, 2000.

MEŠTROVIĆ, N; MRAVINAC, B; PAVLEK, M; VOJVODA-ZELJKO, T; ŠATOVIĆ, E; PLOHL, M. Ligações estruturais e funcionais entre elementos transposáveis e DNAs via satélite. **Cromosome Research**, v. 23(3), p. 583-96, 2015.

MHIRI, C; PARISOD, C; DANIEL, J; PETIT, M; LIM, K.Y; DORLHAC DE BORNE, F; KOVARIK, A; LEITCH, A.R; GRANDBASTIEN, M.A. As cargas de elementos transposáveis dos pais influenciam sua dinâmica em híbridos e aotostraploides jovens nicotiana. **Novo Fitol**, v. 221(3), p. 1619-1633, 2019.

MIAH, G; RAFII, M.Y; ISMAIL, M.R; PUTEH, A.B; RAHIM, H.A; ISLAM, K.H.N; LATIF, M.A. A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 14, p. 22499-22528, 2013.

MIGA, K.H. Completing the human genome: The progress and challenge of satellite DNA assembly. **Chromosome Research**, v. 23, p. 421–426, 2015.

MISRA, A; SRIVASTAVA, S; KUMAR, S; SHUKLA, P.K; KUMAR, M; AGRAWAL, P.K; BARIK, S.K. Estudos quimiotaxonômicos sobre população natural de *Gloriosa superba* (L.) coletados da planície gangética (Índia) e sua atividade invitro antigout para a identificação de germoplasma de elite(s). **Journal of Etnopharmacology**, v. 249, p. 112387, 2019.

MONDINI, L; NOORANI, A; PAGNOTTA, M. A. Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools. **Diversity**, v. 1, p. 19-35, 2009.

MORGANTE, M; HANAFEY, M; POWELL, W. Microsatélites são preferencialmente associados com DNA não repetitivo em genomas vegetais. **Nature Genetics**, v. 30(2), p. 194-200, 2002.

MRAVINAC, B; PLOHL, M; UGARKOVIĆ, D. Preservação e conservação de alta sequência de DNAs por satélite sugerem restrições funcionais. **Journal Molecular and Evolution**, v. 61(4), p. 542-50, 2005.

MÜLLER, C.M.S; COELHO, G.B; DE PAULA, C; ARAÚJO, M.C.P.M; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Extrato etanol *Lychnophora pinaster* e seus componentes químicos amenizam hiperuricemia e inflamação relacionada. **Journal of Etnopharmacology**, v. 242, p. 112040, 2019.

MUSZEWSKA, A; HOFFMAN-SOMMER, M; GRYNBERG, M. LTR retrotransposons em fungos. **PLos ONE**, v. 6(12), e29425, 2011.

NADEEM, M.A; NAWAZ, M.A; SHAHID, M.Q; DOĞAN, Y; COMERTPAY, G; YILDIZ, M. DNA marcadores moleculares na reprodução de plantas: status atual e avanços recentes na seleção genômica e edição de genomas. **Biociencia. Biociencia. Equipe**, v. 32, p. 261-285, 2018.

NÄSLUND, K; SAETRE, P; VON SALOMÉ, J; BERGSTRÖM, TF; JAREBORG, N; JAZIN, E. Predição genômica de VNTRs humanos. **Genômica**, v. 85(1), p. 24-35, 2005.

NEUMANN, P; NOVÁK, P; HOŠTÁKOVÁ, N; MACAS, J. Levantamento sistemático de plantas LTR-retrotransposons elucidando relações filogenéticas de seus domínios de poliproteínas e fornece uma referência para classificação de elementos. **DNA Móvel**, v. 10(1), p. 1, 2019.

NEVO, E. Evolução da diversidade genoma-phenome sob estresse ambiental. **Proceedings of the National Academy of Science U S A**, v. 98(11), p. 6233-40, 2001.

OCHOA CRUZ, E.A; CRUZ, G.M.Q; VIEIRA, A.P; VAN SLUYS, M.A. Virus-like attachment sites as structural landmarks of plants retrotransposons. **Mobile DNA**, v. 7, p. 14, 2016.

OLIVEIRA, A.B; SAÚDE, D.A; PERRY, K.S.P; DUARTE, D.S; RASLAN, D.S; BOAVENTURA, M.A.D; CHIARI, E. Trypanocidal sesquiterpenes from *Lychnophora* species. **Phytotherapy Research**, v. 10(4), p. 292-295, 1996.

OLIVER, K.R; MCCOMB, J.A; GREENE, W.K. Elementos transposáveis: poderosos contribuintes para a evolução e diversidade do angiosperm. **Genome Biology and Evolution**, v. 5(10), p. 1886-901, 2013.

OLSEN, K.M. SNPs, SSRs e inferências sobre a origem da mandioca. **Plant Molecular Biology**, v. 56(4), p. 517-26, 2004.

OROZCO-ARIAS, S; ISAZA, G; GUYOT, R. Retrotransposons em Genomas Vegetais: Estrutura, Identificação e Classificação através de Bioinformática e Machine Learning. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20(15), p. 3837, 2019.

PATERSON, A.H; BOWERS, J.E; BRUGGMANN, R; DUBCHAK, I; GRIMWOOD, J; GUNDLACH, H. O genoma bicolor do Sorgo e a diversificação das gramíneas. **Natureza**, v. 457, p. 551-556, 2009.

PAVARINI, D.P; SEMIR, J; LOPES, J.L.C; SILVA, R.R; LOPES, N.P. Time-Scale Shifting of Volatile Semiochemical Levels in Wild Type *Lychnophora ericoides* (Brazilian arnica) and Pollinator Records. **Planta Medica**, v. 87, p. 101-112, 2020.

PÉREZ-JIMÉNEZ, M; BESNARD, G; DORADO, G; HERNANDEZ, P. Varietal tracing de azeites virgens baseados no perfil de variação de DNA plastida. **PLos ONE**, v. 8(8):e70507, 2013.

PINHEIRO, P.T.S.G. **Avaliação da atividade anti-inflamatória de formulações de uso tópico contendo extratos de *Lychnophora pinaster* e *Symphytum officinale***. UFOP, Ouro Preto, 2010.

PINHEIRO, M.D; MAGALHAES, R.M; TORRES, D. M; CAVALCANTE, R.C; MOTA, F.S.X; COELHO, E.M.A.O; MOREIRA, H.P; LIMA, G.C; ARAUJO, P.C.D; CARDOSO, J.H.L; DE SOUZA, A.N.C; DINIZ, L.R.L. Gastroprotective effect of alpha-pinene and its correlation with antiulcerogenic activity of essential oils obtained from *Hyptis* species. **Pharmacognosy Magazine**, v. 11(41), p. 123-130, 2015.

PHUMICHA, C; PHUMICHA, T; WONGKAEW, A. Novos marcadores de microsatélite de cloroplasto (cpSSR) para avaliação da diversidade genética da borracha *Hevea* cultivada e selvagem. **Plant Molecular Biology Report**, v. 33, p. 1486-1498, 2015.

PORTELLA, R.O. **Efeito da altitude na diversidade química e genética de *Lychnophora pinaster* Mart.** Tese. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Instituto de Biociências, Botucatu, p. 39, 2021.

RAFALSKI A. Aplicações de polimorfismos de nucleotídeos únicos na genética das culturas. Curr. Opin, opin. **Plant Biology**, v. 5(2), p. 94-100, 2002.

RAHMAN, A.Y; USHARRAJ, A.O; MISRA, B.B; THOTTATHIL, G.P; JAYASEKARAN, K; FENG, Y; HOU, S; ONG, S.Y; NG, FL; LEE, LS; TAN HS, SAKAFF MK, TEH, BS; KHOO, B.F; BADAI, S.S; AZIZ, N.A; YURYEV, A; KNUDSEN, B; DIONNE-LAPORTE, A; MCHUNU, N.P; YU, Q; LANGSTON, B.J; FREITAS, T.A; YOUNG, A.G; CHEN, R; WANG, L; NAJIMUDIN, N; SAITO, J.A; ALAM, M. Rascunho sequência de genoma da seringueira *Hevea brasiliensis*. **Genômica BMC**, v. 14, p. 75, 2013.

RAVINDRAN, S. Barbara McClintock and the discovery of jumping genes. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 109, p. 20198-20199, 2012.

RAYBURN, A.L; BIRADAR, D.P; BULLOCK, D.G; MCMURPHY, L.M. Conteúdo de DNA nuclear em híbridos F1 de milho. **Heredidade**, v. 70, p. 294-300, 1993.

REIS, E.S; PINTO, J.E.B.P; BERTOLUCCI, S.K.V; CORRÊA, R.M; PAULA, J.R.S. Seasonal variation in essential oils of *Lychnophora pinaster* Mart. **Journal of Essential Oil Research**, v. 22(2), p. 147-149, 2010.

RESENDE, J.M.V. **Óleo essencial de *Lychnophora pinaster* Mart.: caracterização química, atividade antibacteriana, antifúngica, antiocrotóxigena e hemolítica**. Tese. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

ROBINSON, H. Generic and Subtribal Classification of American Vernonieae. **Smithsonian Contributions of Botany**, v. 89, p. 1-116, 1999.

ROBLES, F; DE LA HERRÁN, R; LUDWIG, A; RUIZ REJÓN, C; RUIZ REJÓN, M; GARRIDO-RAMOS, M.A. Evolução de DNAs satélites antigos em genomas de esturjão. **Gene**, v. 338(1), p. 133-42, 2004.

RODRIGUES, V.E.G; CARVALHO, D.A. Levantamento etnobotânico de plantas medicinais no domínio do cerrado na região do Alto Rio Grande - Minas Gerais. **Ciência Agrotecnica**, v. 25(1), p.102-123, 2001.

RUIZ-RUANO, F.J; LÓPEZ-LEÓN, M.D; CABRERO, J; CAMACHO, J.P.M. High-throughput analysis of the satellitome illuminates satellite DNA evolution. **Scientific Reports**, v. 6, p. 28333, 2016.

RUKMANGADA, M.S; SUMATHY, R; NAIK, V.G. Anotação funcional de mulberry (*Morus* spp.) transcriptome, expressão diferencial de genes relacionados ao crescimento e identificação de SSRs putativas, SNPs e InDels. **Molecular Biology Reports**, v. 46(6), p. 6421-6434, 2019.

SAHEBI, M; HANAFI, M.M; VAN WIJNEN, A.J; RICE, D; RAFII, M.Y; AZIZI, P; OSMAN, M; TAHERI, S; BAKAR, M.F.A; ISA, M.N.M; NOOR, Y.M. Contribuição de elementos transposáveis no genoma da planta. **Gene**, v. 665, p. 155-166, 2018.

SANTOS, M.D; GOBBO-NETO, D; ALBERELLA, L; SOUZA, G.E.P; LOPES, N.P. Analgesic activity of di-caffeoylquinic acids from roots of *Lychnophora ericoides* (Arnica da serra). **Journal of Ethnopharmacology**, v. 96, p. 545-549, 2005.

SARKAR, D; MAHATO, A.K; SATYA, P; KUNDU, A; SINGH, S; JAYASWAL, P.K. O genoma do rascunho de *Corchorus olitorius* cv. JRO-524 (Navin). **Genome Data**, v. 12, p. 151-154, 2017.

SAÚDE, D.A; RASLAN, D.S; DE SOUZA, J.D; DE OLIVEIRA, A.B. Constituintes das partes aéreas de *Lychnophora trichocarpha*. **Fitoterapia**, v. 69, p. 90-91, 1998.

SCHNABLE, P.S; WARE, D; FULTON, R.S; STEIN, J.C; WEI, F; PASTERNAK, S. O genoma do milho B73: complexidade, diversidade e dinâmica. **Ciência**, v. 326, p. 1112-1115, 2009.

SCHULTZ-BIPONTINUS, C.H. *Lychnophora*. **Journal Pollichia**, v. 18(19), p. 157-190, 1863.

SEMIR, J. **Revisão taxonômica de *Lychnophora* Mart. (Vernoniaceae: Compositae)**. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) – Universidade de Campinas, Campinas, p. 515, 1991.

SEMIR, J; REZENDE, A.R; MONGE, M; LOPES, N.P. **As arnicas endêmicas das Serras do Brasil: Uma visão sobre a biologia e a química das espécies de *Lychnophora* (Asteraceae)**. Ouro Branco (MG): UFOP, p. 212, 2011.

SILVA, L.M; ALQUINI, Y; CAVALLET, V.J. Inter-relacoes entre a anatomia vegetal e a producao vegetal. **Acta Botanica Brasilica**, v. 19(1), p. 183-194, 2005.

SILVA, A.C.R; LOPES, P.M; AZEVEDO, M.M.B; COSTA, D.C.M; ALVIANO, C.S; ALVIANO, D.S. Biological activities of α -pinene and β -pinene enantiomers. **Molecules**, v. 17, 2012.

SILVA, P.S.S. **Caracterização da composição química dos óleos essenciais de *Lychnophora pinaster* Mart. em função da sazonalidade**. Dissertação. Faculdade de Ciências Agronômicas da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, p. 167, 2013.

SILVA, P.S.S. **Caracterização da diversidade genética e composição química de *Lychnophora pinaster* Mart.** Tese. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – UNESP – Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu – SP. 178p. 2016.

SILVEIRA, D; WAGNER, H; CHIARI, E; LOMBARDI, J.A; ASSUNÇÃO, A.C; OLIVEIRA, A.B; RASLAN, D.S. Biological activity of the aqueous extract of *Lychnophora pinaster* Mart. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 15(4), p. 294-297, 2005a.

SILVEIRA, D; SOUZA FILHO, J.D; OLIVEIRA, A.B; RASLAN, D.S. Lychnophoric acid from *Lychnophora pinaster*: a complete and unequivocal assignment by NMR spectroscopy. **Eclética Química**, v. 30(1), p. 37-41, 2005b.

SINGH, N; CHOUDHURY, D.R; SINGH, A.K; KUMAR, S; SRINIVASAN, K; TYAGI, R.K; SINGH, N.K; SINGH, R. Comparação de marcadores SSR e SNP na estimativa da diversidade genética e estrutura populacional das variedades de arroz indiano. **PLos ONE**, (12):e84136, 2013.

SOUZA, M.R; DE PAULA, C.A; RESENDE, M.L.P; GRABE-GUIMARÃES, A; FILHO, J.D.S; SAÚDE-GUIMARÃES, D.A. Base farmacológica para uso de *Lychnophora trichocarpa* na artrite gouty: efeitos anti-hiperuricêmicos e anti-inflamatórios de seu extrato, fração e constituintes. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 142(3), p. 845-50, 2012.

STRASSBURG, B.B.N; BROOKS, T; FELTRAN-BARBIERI, R; IRIBARREM, A; CROUZEILLES, R; LOYOLA, R; LATAWIEC, A.E; OLIVEIRA FILHO, F.J.B; SCARAMUZZA, C.A.M; SCARANO, F.R; SOARES-FILHO, B; BALMFORD, A. Moment of truth for the Cerrado hotspot. **Nature Ecology & Evolution**, v. 1, p. 1-3, 2017.

SUJIWATTANARAT, P; THAPANA, W; SRIKULNATH, K; HIRAI, Y; HIRAI, H; KOGA, A. Estrutura de repetição de alta ordem no DNA do satélite alfa ocorre em macacos do Novo Mundo e não se limita a hominídeos. **Scientific Reports**, v. 5, p. 10315, 2015.

SUMAN, K; NEERAJA, C.N; MADHUBABU, P; RATHOD, S; BEJ, S; JADHAV, K.P; KUMAR, J.A; CHAITANYA, U; PAWAR, S.C; RANI, S.H; SUBBARAO, L.V; VOLETI, S.R. Identificação de RILs promissores para zinco de alto grão através de genótipo × Análise ambiental e QTL de Zinco de Grãos Estáveis Usando SSRs e SNPs em Arroz (*Oryza sativa* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 587482, 2021.

TANAKA, K; OSHIO, A; ENOKI, S; KUBO, A; TAKAHARA, Y. Population genetic diversity of the endemic plant subspecies *Ixeridium dentatum* subsp. *nipponicum* (Asteraceae). **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 55, p. 73-78, 2014.

TAUTZ, D; RENZ, M. Sequências simples são componentes repetitivos onipresentes dos genomas eucarióticos. **Ácidos nucleicos Research**, v. 12(10), p. 4127-38, 1984.

THAKUR, J; PACKIARAJ, J; HENIKOFF, S. Sequence, Chromatin e Evolution of Satellite DNA. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22(9), p. 4309, 2021.

TRIGO, J.R. ET. AL. **Alcalóides pirrolizidínicos em senecio (Asteraceae, Senecioneae): importância taxonômica** (Resumo). XXI Reunião Anual sobre Evolução, Sistemática e Ecologia Micromoleculares, p. 73, 1999.

VALLADÃO, F.N. **Estudo Fitoquímico de Folhas e Polpa de Fruto de *Maytenus salicifolia* (Celastraceae) e Análise Quimiotaxonômica em *Maytenus* sp.** Tese. Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Instituto de Ciências Exatas – Belo Horizonte – MG, p. 149, 2011.

VANGELISTI, A; SIMONI, S; USAI, G; VENTIMIGLIA, M; NATALI, L; CAVALLINI, A; MASCAGNI, F; GIORDANI, T. (2021). Dinâmica de LTR-retrotransposon em genoma de figo comum (*Ficus carica* L.). **BMC Vegetal Biology**, v. 21(1), p. 221, 2021.

VELASCO, R; ZHARKIKH, A; AFFOURTIT, J; DHINGRA, A; CESTARO, A; KALYANARAMAN, A. O genoma da maçã domesticada (*Malus domestica* Borkh.). **Nature Genetic**, v. 42, p. 833-839, 2010.

VICIENT, C.M; CASACUBERTA, J.M. Impact of transposable elements on polyploid plant genomes. **Annals of Botany**, v. 120, p. 195-207, 2017.

VIEIRA, M.A.R. 2012. **Diversidade genética e constituição química dos óleos essenciais de populações de *Lychnophora ericoides* Mart. E *Lychnophora pinaster* Mart.** Tese. Faculdade de Ciências Agrônômicas/Universidade Estadual Paulista, Botucatu, p. 118, 2012.

VIEIRA, M.L; SANTINI, L; DINIZ, A.L; MUNHOZ, C.D.E.F. Marcadores microsátélites: o que significam e por que são tão úteis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 39(3), p. 312-328, 2016.

VITTE, C; PANAUD, O. LTR retrotransposons e tamanho do genoma da planta de floração: surgimento do modelo de aumento/diminuição. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 110(1-4), p. 91-107, 2005.

WANG, M.L; BARKLEY, N.A; JENKIS, T.M. Microsatellite markers in plants and insects. Part I: Applications of Biotechnology. **Genes, Genomes and Genomics**, v. 3(1), p. 1-14, 2009.

WANG, Y; SHAHID, M.Q; GHOURI, F; ERCİŞLI, S; BALOCH, F.S; NIE, F. Transcriptome análise e anotação: SNPs identificados a partir de cópia única anotado unigenes de três culturas de mirtilo poliploide. **PLos ONE**, v. 14(4):e0216299, 2019.

WICKER, T; SABOT, F; HUA-VAN, A; BENNETZEN, J.L; CAPY, P; CHALHOUB, B; FLAVELL, A; LEROY, P; MORGANTE, M; PANAUD, O; PAUX, E; SANMIGUEL, P; SCHULMAN, A.H. Um sistema de classificação unificado para elementos transposáveis eucarióticos. **Nature Reviews Genetics**, v. 8(12), p. 973-82, 2007.

WICKER, T; GUNDLACH, H; SPANNAGL, M; UAUY, C; BORRILL, P; RAMÍREZ-GONZÁLEZ, R.H; DE OLIVEIRA, R; MAYER, K.F.X; PAUX, E; CHOULET, F. Impact of transposable elements on genome structure and evolution in bread wheat. **Genome Biology**, v. 19(1), p. 103, 2018.

WILDER, J; HOLLOCHER, H. Mobile elements and the genesis of microsatellites in dipterans. **Molecular Biology and Evolution**, v. 18, p. 384-392, 2001.

XU, J; LIU, L; XU, Y; CHEN, C; RONG, T; ALI, F; ZHOU, S; WU, F; LIU, Y; WANG, J; CAO, M; LU, Y. Desenvolvimento e caracterização de marcadores repetitivos de sequência simples fornecendo cobertura em todo o genoma e alta resolução no milho. **DNA Research**, v. 20(5), p. 497-509, 2013.

YANG, X; YAN, J; SHAH, T; WARBURTON, M.L; LI, Q; LI, L; GAO, Y; CHAI, Y; FU, Z; ZHOU, Y; XU, S; BAI, G; MENG, Y; ZHENG, Y; LI, J. Análise genética e caracterização de um novo painel de mapeamento de associação de milho para dissecção quantitativa de loci. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121(3), p. 417-31, 2010.

YANG, X; XU, Y; SHAH, T; LI, H; HAN, Z; LI, J; YAN, J. Comparação de SSRs e SNPs na avaliação da relação genética no milho. **A Genetica**, v. 139(8), p. 1045-54, 2011.

ZHANG, L; YUAN, D; YU, S; LI, Z; CAO, Y; MIAO, Z; QIAN, H; TANG, K. Preferência de sequência simples se repete em regiões de codificação e não codificação de *Arabidopsis thaliana*. **Bioinformática**, (7), p. 1081-6, 2004.

ZHANG, Q.J; GAO, L.Z. Rapid and Recent Evolution of LTR Retrotransposons Drives Rice Genome Evolution During the Speciation of AA-Genome *Oryza* Species. **G3 (Bethesda)**, v. 7(6), p. 1875-1885, 2017.

ZHU, Y; STRASSMANN, J.E; QUELLER, D.C. Insertions, substitutions, and the origin of microsatellites. **Genetics Research**, 76, p. 227-236, 2000.

VII. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante dos expressivos resultados de diversos estudos já realizados para o conhecimento das características morfológicas, anatômicas e aspectos da composição química dos óleos essenciais com a observação de diferentes perfis químicos para as diversas populações de *L. pinaster* no estado de Minas Gerais, sendo esta uma espécie de uso medicinal popular tradicional, sugere-se assim, maiores esforços no emprego de pesquisas que visem avaliar as atividades terapêuticas dos diferentes perfis químicos de óleos essenciais presentes nas mais diversas populações desta espécie de arnica brasileira.

Os aspectos genéticos investigados, apontam para um processo de especiação. Isso reflete principalmente o *status* e situação na qual se encontram as populações de *L. pinaster* no estado de Minas Gerais, estando estas, expostas à antropização do seu habitat, fragmentação da vegetação ou progressiva ocupação das áreas onde ocorrem ou podem ocorrer populações desta espécie.

As análises referentes a características do genoma da espécie podem abrir novas perspectivas de investigações quanto a sua diversidade, para aspectos ecológicos a nível populacional para todas as regiões, além de sugerir futuras abordagens quanto as relações genéticas relacionadas a aspectos da composição química dos óleos essenciais de *L. pinaster*, surgindo assim, margens para o desenvolvimento futuro de novas pesquisas.

Assim, é recomendado a criação de um programa ou política de conservação para a espécie ou áreas de ocorrência da mesma, bem como a criação de um banco de dados com base em estudos que evidenciaram déficit de heterozigotos, endogamia, distância genética e grande diversidade química entre as diferentes populações distribuídas pelas quatro regiões do estado de Minas Gerais.