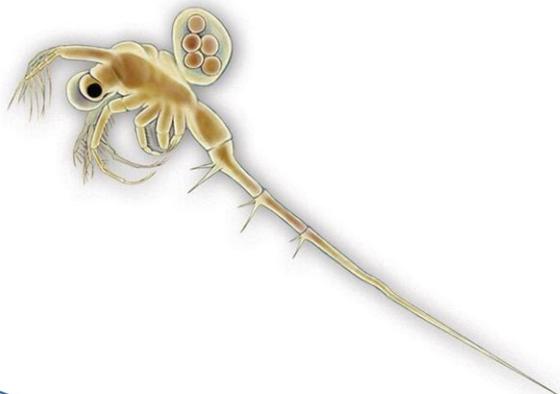


TAXONOMIA NA ERA GENÔMICA

Estudos filogenômicos semelhantes baseados em genômica **resolveram e esclareceram as classificações taxonômicas conflitantes** de numerosas espécies de plantas e animais, incluindo:

1. Trigo (gênero *Triticum* L. ([Goncharov et al. 2009](#) ; [Goncharov 2011](#)))
2. Estrela frágil (gênero *Ophioderma* ([Lessios e Hendler 2022](#)))
3. Bambu (*Phyllostachys edulis* ([Zhao et al. 2015](#)))
4. Samambaia (*Alsophila spinulosa* ([Huang et al. 2022](#)))
5. Zokors (gênero *Myospalax* ([Liu et al. 2022](#)))
6. Pulga de água espinhosa (*Bythotrephes leydig* ([Karpowicz et al. 2021](#)))
7. Arruda do prado (*Thalictrum* spp. ([Xiang et al. 2022](#)))
8. Sálvia (*Salvia* spp. ([Hu et al. 2018](#)))



A taxonomia confusa na classificação de *Cannabis* levou a um **DEBATE CONTÍNUO** sobre se o gênero *Cannabis* consiste numa **ÚNICA ESPÉCIE OU EM MÚLTIPLAS ESPÉCIES OU SUBESPÉCIES DISTINTAS.**



E o **SEQUENCIAMENTO DO GENOMA E A BIOINFORMÁTICA** proporcionaram **maior RESOLUÇÃO** de atribuições taxonômicas em nível de espécie.



Teorias da classificação inicial da *Cannabis*

QUAIS SÃO AS ESPÉCIES DESCRITAS que temos atualmente, com base em MORFOLOGIA?????

TIPOS DE CANNABIS



INDICA

Menor
Folhagem larga
Tons escuros
Climas frios e secos



RUDERALIS

Espécie ancestral da cannabis



SATIVA

Mais alta
Folhagem fina
Tons claros
Climas quentes e úmidos

• Mas...

- Análises genéticas **NÃO** SUPORTAM SEPARAÇÃO DESTES TÁXONS EM ESPÉCIES

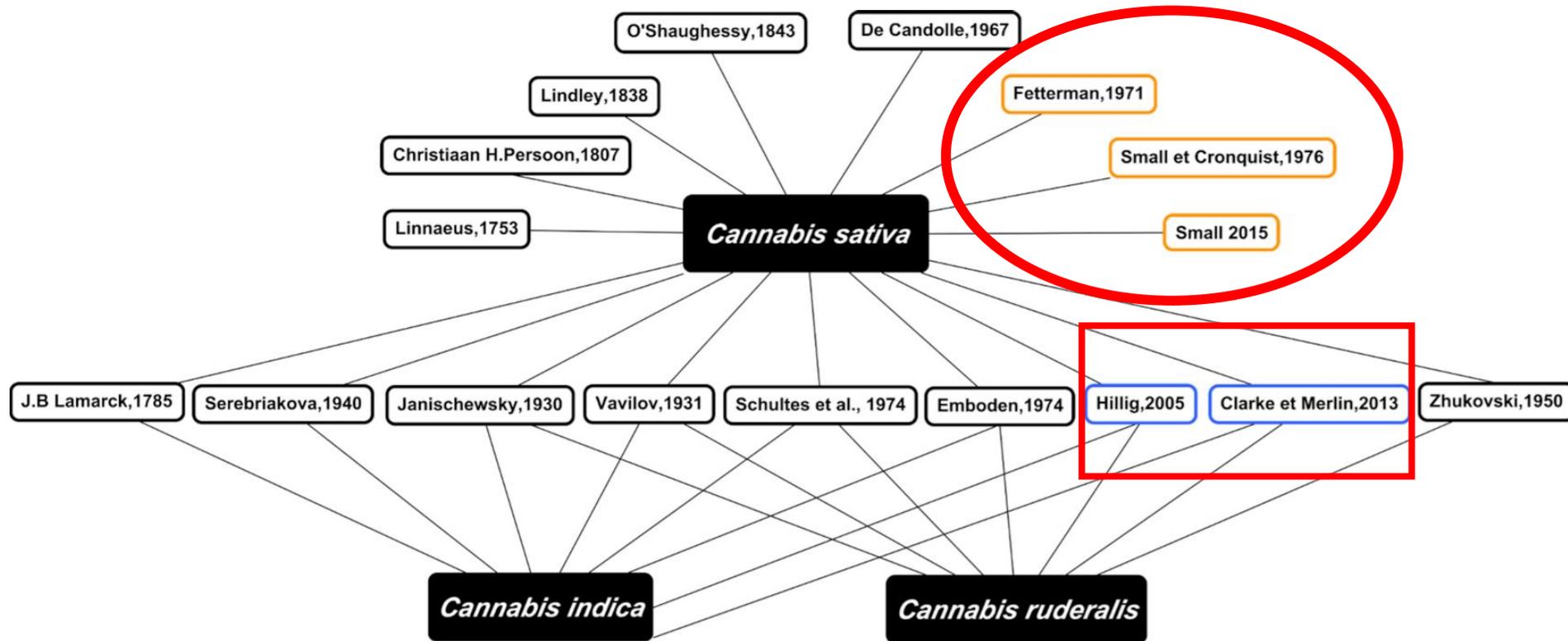
A HIBRIDIZAÇÃO E INTERCRUZAMENTOS DE PLANTAS TEM TORNADO TAIS DISTINÇÕES COMPLICADAS...

HÍBRIDA

Mistura de diferentes cepas.
Tipo mais comum



Teorias da classificação inicial da *Cannabis*



TRÊS CLASSIFICAÇÕES TAXONÔMICAS PRIMÁRIAS DO GÊNERO *Cannabis* e AUTORES

As caixas de texto pretas - autores cuja classificação foi **ABORDAGEM MORFOLÓGICA/ANATÔMICA**;

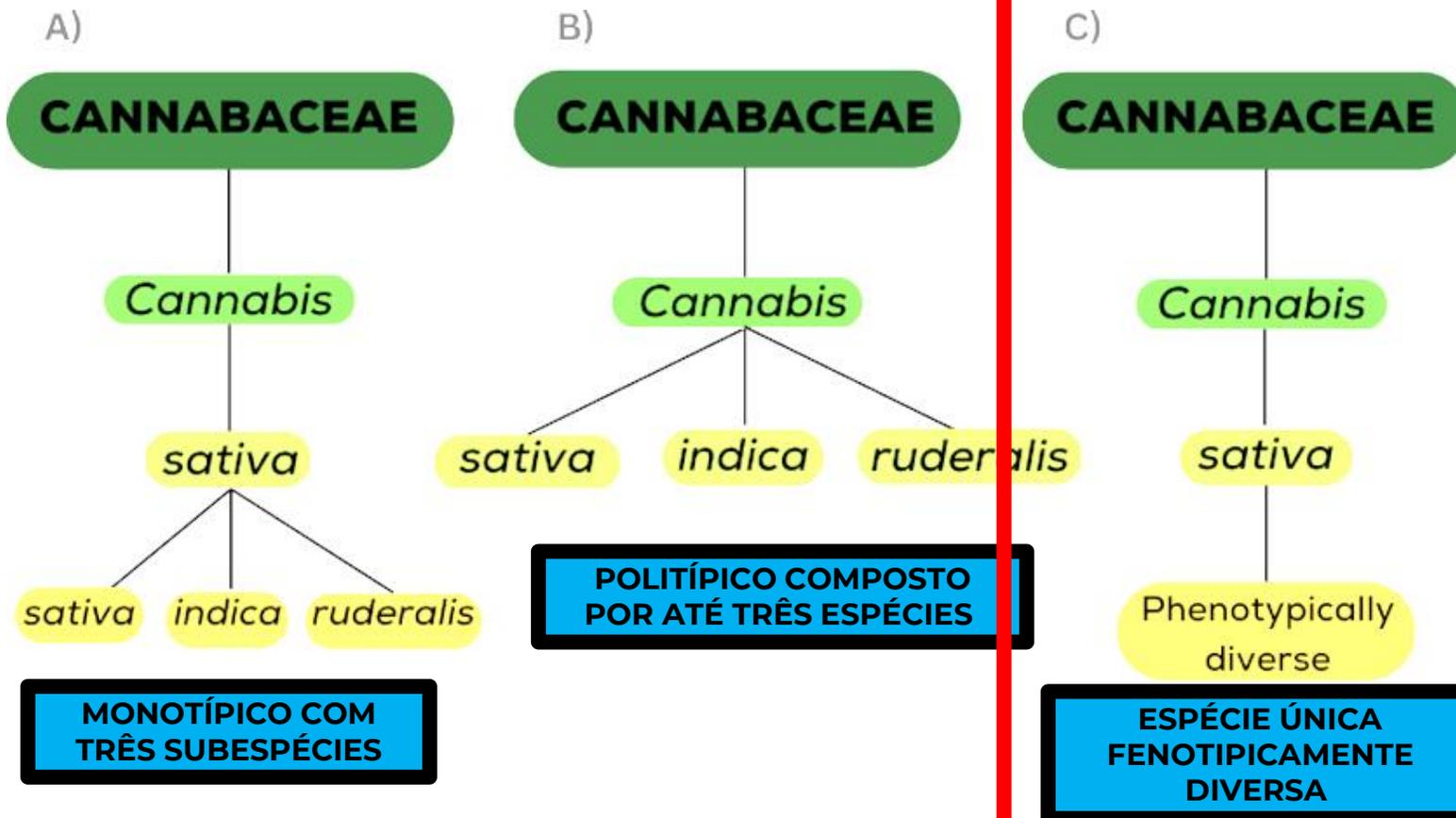
As **caixas de texto com contorno laranja** - autores que usam uma **ABORDAGEM QUÍMICA**;

As **CAIXAS AZUIS**, os autores utilizaram uma **ABORDAGEM MOLECULAR** para classificar.



Teorias da classificação inicial da *Cannabis*

- A **CLASSIFICAÇÃO DO GÊNERO** *Cannabis* e das suas espécies tem sido **DEBATIDA HÁ MUITO TEMPO**
- Até o momento, inúmeras classificações foram propostas com base em **características morfológicas, ambientais e químicas**, mas elas se enquadram amplamente em **TRÊS** estruturas predominantes



Três teorias de classificação para *Cannabaceae* baseadas na síntese e resumo dos artigos disponíveis na literatura.

Classificação contemporânea da *Cannabis* baseada na genômica

SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DA CANNABIS

A empresa Medicinal Genomics, com sede em Massachusetts, sequenciará todo o genoma da *Cannabis sativa* L. Como isso afetará a pesquisa científica e a saúde pública?



van Bakel et al. *Genome Biology* 2011, 12:R102



Open Access

Transcriptome of *Cannabis*

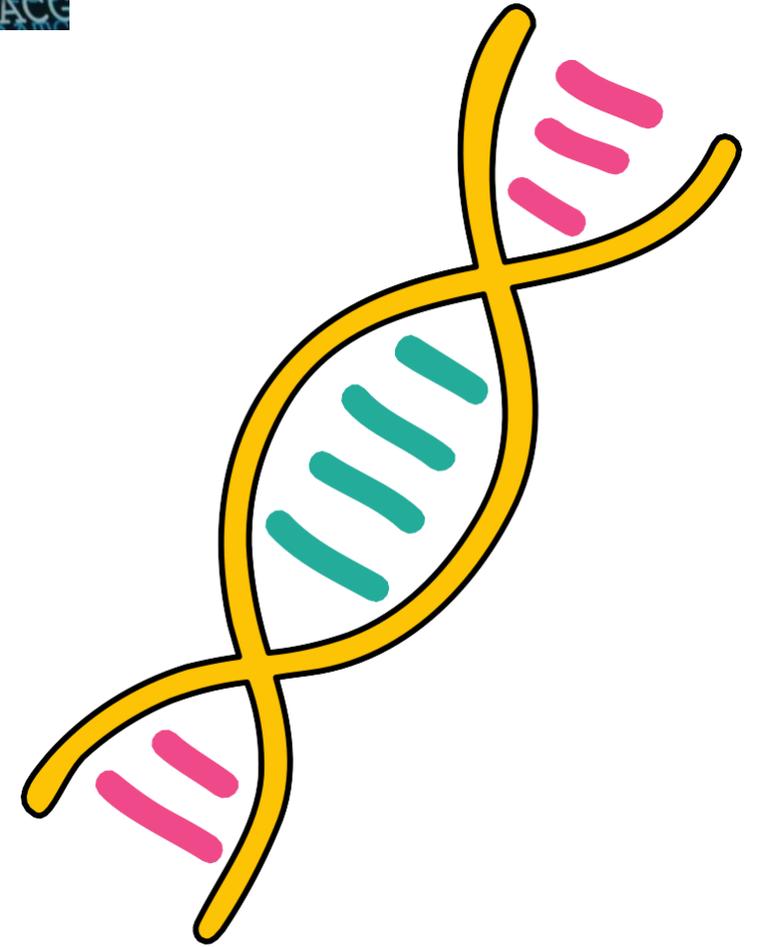
M Tallon³, Andrew G Sharpe³, Timothy R Hughes^{1,4*} and

Background: *Cannabis sativa* has been cultivated throughout human history as a source of fiber, oil and food, and for its medicinal and intoxicating properties. Selective breeding has produced cannabis plants for specific uses, including high-potency marijuana strains and hemp cultivars for fiber and seed production. The molecular biology underlying cannabinoid biosynthesis and other traits of interest is largely unexplored.

Results: We sequenced genomic DNA and RNA from the marijuana strain Purple Kush using shortread approaches. We report a draft haploid genome sequence of 534 Mb and a transcriptome of 30,000 genes. Comparison of the transcriptome of Purple Kush with that of the hemp cultivar 'Finola' revealed that many genes encoding proteins involved in cannabinoid and precursor pathways are more highly expressed in Purple Kush than in 'Finola'. The exclusive occurrence of Δ^9 -tetrahydrocannabinolic acid synthase in the Purple Kush transcriptome, and its

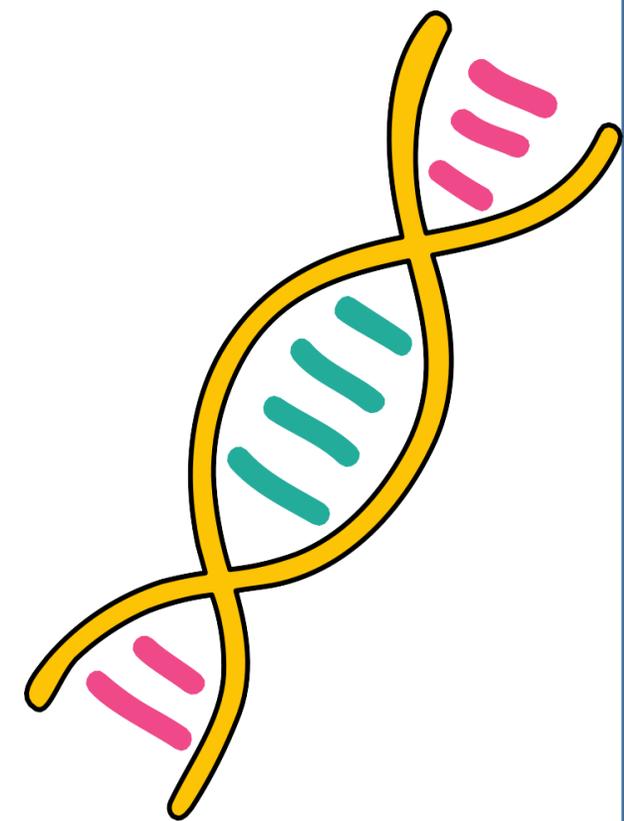
SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DA CANNABIS

- A primeira montagem de genoma de referência de *Cannabis sativa* do tipo droga strain *Purple Kush* em 2011 representou um **momento marcante no estudo da cannabis e abriu as portas para estudos genéticos avançados e maior resolução taxonômica do gênero.**
- Este projeto de montagem de uma **PLANTA FEMININA** foi produzido usando sequenciamento de **leitura curta** e permitiu cobrir **~60%**, 534 Mb do genoma da *Cannabis* e a anotação de **30.000 genes**



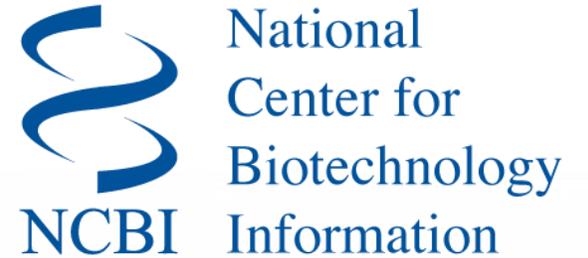
```
1 >CM054919.1 Cannabis sativa cultivar Pink pepper isolate KNU-18-1 chromosome 1, whole genome shotgun sequence
2 CACGAACCCTGAACCACTGAACCAGAACCCACAAACCACAAACCACAAACCTAAACAGAACCACGAACCACGAACCACAAA
3 CCACAAACCCTGAACCTAGACACGAACTGAAACCACAAACCACAGAACCACCTAAACCTAAAACCTAAAACCACAAA
4 CCACAAACCACGAACCCTGATAACCACGAACCACAACTAGGCAAACCACAGACCACAGACCCTGAACCACAGAACAC
5 AACCACTGAACCACGAACCACAGAACCACAGACCACCACAGACCACGAACCACACTGACACCCACCACACAGACACGAACA
6 ACGAACACAGAACCCTTGAACCCACGAACCCTAGCTACGACGAGGatcgggtgatccttctgaacaggaactttagcAG
7 TAGTTTTCTCAATTGGTTCGACTGAGgaagtgggattgtcctcctcttgagtggaagaggacggaacattggaaggactt
8 atatctgaaagcatttctccaactactttactttgtgggttgaaattcctaataatagtcatttcaaggaagtggc
9 atttgtggaacaacactttatcatccttccGACTATAAagtagtcacccctagtcctttagaatttccgacaaca
10 tgcaaacctcagttcgtgactcaagtttgacGTCTTtatttcttaagacatgagcagggcacccccagattctgtaatgg
11 cgtaaacctaggtgtacgaccattctatagttctaaaggtgtccttagtgattgatttagatggaacaacatttagaatgtc
12 ggttgccatctgaaatgcatatccccagaaggacgtaggttagagttgaataactaagcatggacctaactatttccaaaa
13 gcgtgcgattcgcgtcttctgcaactccattttgctgtggagcgcctaggggcggttaattgggattcaattccaagttca
14 attaaatgatcttgaactgcatatccatataattctccaccctatcagttcgcgaagatctttaatggtttatttaattg
15 gttttgagccaatgcgtgaaattcctgaaactttcaAACGTTTcggatttcttatgcataaggtaaatagtcctatct
16 agagtaattgtcaatgaaagtgacaagtagtactataaccacctcgagcttttacattcaaaggtccgcaaacatctgaat
17 gcactaaccttaggggttgttggcagctctccctttgcagagaaagaacatttagtcatttcttcttaagcaagac
18 tcgcaaacaggtaattcacctaagacgacattttcaatggaccgtcttggtagcctatttagtctgtcatagcctat
19 gtgacctaaacgtaaatgcatagatgtttctattatcatcatcgatcttttcttttgggttcttaggttagcta
20 ctttaaaaagttcgttatgtagggcaaatgggtgttctgggtctaagaacataaaagcccctgttccatggatgcaacaca
21 atatgaatgtcatttcgagaaatggtagttacagaacttgaaaaatctaatttgtattgttgcaattgtaagcatgaaac
22 agaaaccaagtttctactgaaatttggaaatgtataagacattgtctaattcctcaaaattctgtttgaaactgagtttg
23 ctttctctagctctaaccgaaaccatttctcattaccaaccttaagtttcaactctcggatttcaataaattcaa
24 ttgaaagcaattgcaatgaacaactacatggttttagaccagaatcaagaatccaaatggatttatcattctctaa
25 aacacatgattcgaagactaaagcatcactgcttattcgtttgttaattgttcttctgttGTACAATTTGTTgcaag
26 tataacttgaggaagtggaaatcacttctcttctcaactaagcttgaatagtaggatttatggagtatgaact
27 atttgctcttcagagtgaacaattccagcttacctgttctggaatttcatgttcatcatgagcatatgtgaagtatt
28 aatctgacaaggagttcctaactcaagttcatttctcaagatattaactaagagtggaaatgggatgagggtattggca
29 ctacaacatcaataaaacagaagtaagggtttgggtcaaatcacaagaagttcagataatacaaaatcaacata
30 tgttataaaaaactaaatcaacatagtttatttccaaggttctaaCATAATGAAAtgcagtgccccgtaggcgag
31 agtcaagataacattagttgaatagagtagtttagctcatctaaaataaaaccattttagcaacctttattcgatcaaa
32 atgagaatccaatgttgtcccggtaggcgagagtcaagggtattctcattttatgagcttccaccattgtttcatgttt
33 atgagtttatctcaagtagtcaccgtaggggagagtcataagagacgaaaactcaaaaacattatcatatgagatc
34 ttacgggtttaaagtttcaacgaataaccatccatagggggacgaagtctagcgtcttgagtttatattgaaaaaatt
35 taactttgtaagacgaacaatagagatcgaatatctttgattaaagctcattatttaaaaaaaatagtgttttatt
36 taatcatcagttccatattttaataatgaaaaattacaattaaagttggtttaaaaaaaatcaactttaattaaatt
37 tcaatcattatataaaattcgaataaaatttgaataaatggaacaaatttgaataatcttgtttaagttgttttagaa
38 gaatcaaaaaatcaactaaatatcttcaattttaataataaaaattaaagttgtaaccacttaatttgaataa
39 ttccattttaagtttaatttgaataaatcaacttaaaaaatatttaagaatcttaataactaattcttaaaattcc
40 tcaacttaattttgaaatttgaatcaaaagatattcagatttaagttgatttagagataactaaatttaactta
```

SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DA CANNABIS



(Bradshaw *et al.* , [1981](#) ; Long *et al.* , [2017](#)), (Van Bakel *et al.* , [2011](#)).

SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DA CANNABIS



Atualmente, mais de **15 montagens** (resolvidas em cromossomos ou em nível de scaffolds) usando sequenciamento **MONTAGEM HÍBRIDA** de **leitura curta e longa** estão disponíveis no Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia (NCBI) com apenas 1 aceita.

[Hurgobin et al. \(2021\)](#) revisaram exaustivamente os diferentes genomas de referência *da Cannabis* .

Eles descobriram que partes dos aglomerados de DNA ribossômico centrômeros e sequências **ESTÃO FALTANDO E NÃO ESTÃO MAPEADAS NOS CONJUNTOS DO GENOMA DA CANNABIS ATUALMENTE DISPONÍVEIS.**

MUITA INFORMAÇÃO AINDA ESTÁ FALTANDO

(Bradshaw et al ., [1981](#) ; Long et al ., [2017](#)), (Van Bakel et al ., [2011](#)).



SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DA CANNABIS

Genoma de referência



Genoma do paciente



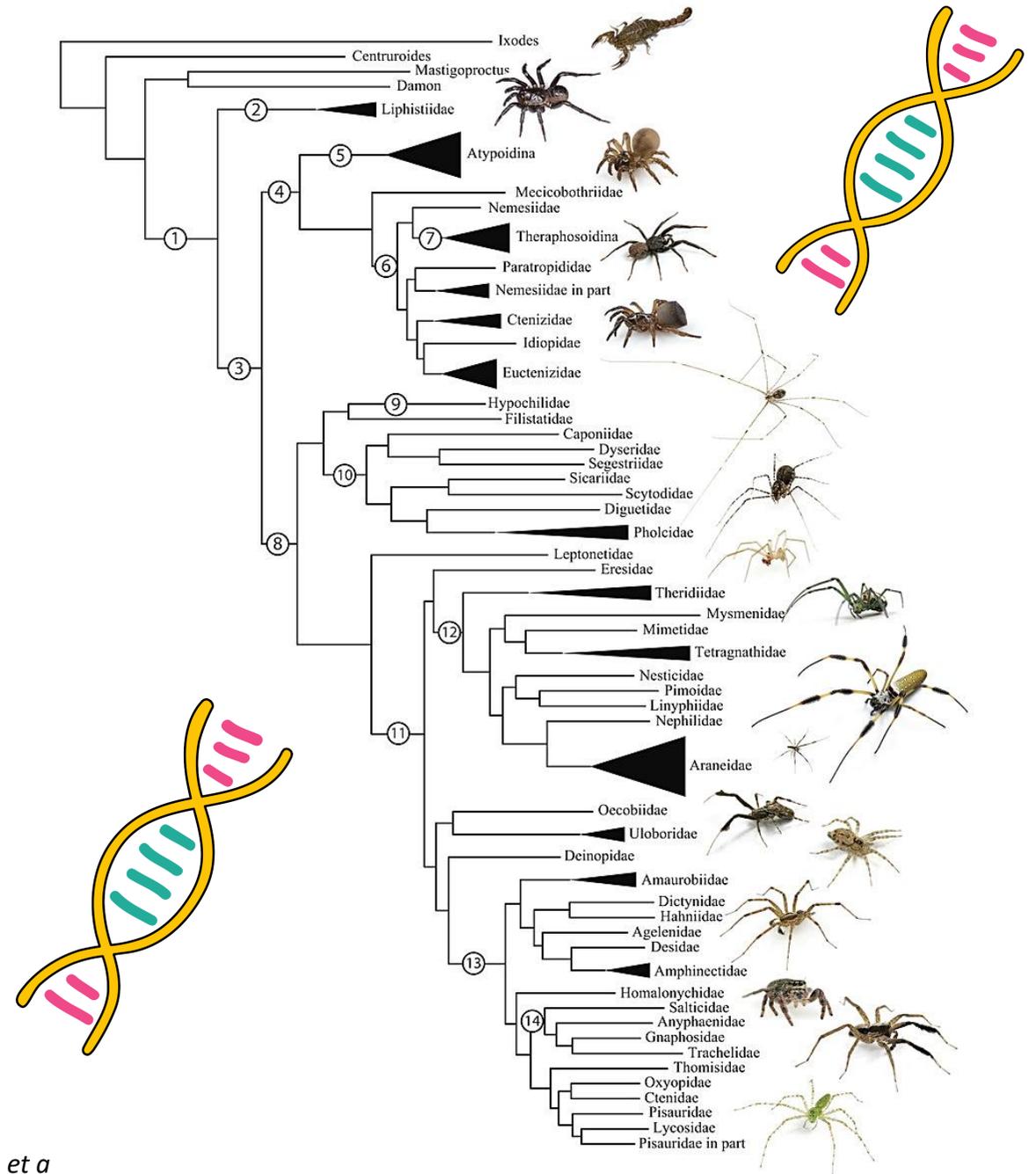
Troca T > C

Variante



FILOGENÔMICA

Uma nova era de taxonomia baseada na genômica que **liga a filogenia e os dados genômicos**, os chamados **filogenômicos**, o que levou à reclassificação e clarificação de muitas relações taxonômicas em várias espécies



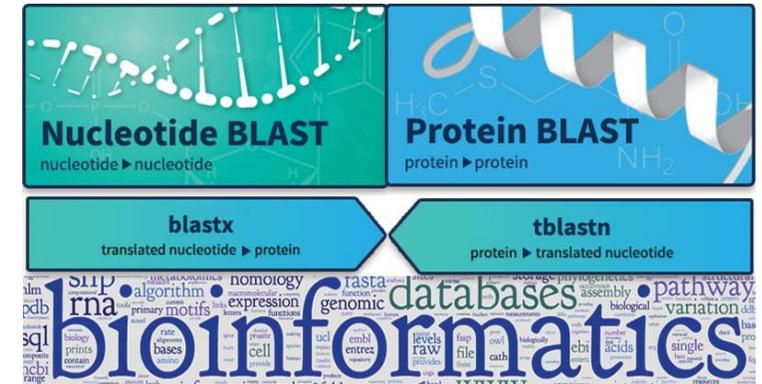
FILOGENÔMICA *Cannabis*

Desde a publicação do primeiro genoma de referência *da Cannabis*, há mais de uma década, estudos contemporâneos têm procurado ir **ALÉM DO CONTEÚDO DE CANABINÓIDES E TÊM TENTADO IDENTIFICAR CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS.**

A PRINCIPAL META DOS PESQUISADORES SERIA DISTINGUIR ENTRE *Cannabis* DO TIPO CÂNHAMO E DO TIPO DROGA

E

DESCOBRIR SOBRE A REAL CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA E IDENTIFICAÇÃO *da Cannabis*



FILOGENÔMICA *Cannabis*



BRIEF COMMUNICATION

<https://doi.org/10.1038/s41477-021-01003-y>

nature
plants

Check for updates

OPEN *Cannabis* labelling is associated with genetic variation in terpene synthase genes

Sophie Watts¹, Michel McElroy¹, Zoë Migicovsky¹, Hugo Maassen², Robin van Velzen^{1,2,3} and Sean Myles¹

Analysis of over 100 *Cannabis* samples quantified for terpene and cannabinoid content and genotyped for over 100,000 single nucleotide polymorphisms indicated that Sativa- and Indica-labelled samples were genetically indistinct on a genome-wide scale. Instead, we found that *Cannabis* labelling was associated with variation in a small number of terpenes whose concentrations are controlled by genetic variation at tandem arrays of terpene synthase genes.

the first ten PCs of the genomic data in a linear model) explained only 37% of the variance in labelling (Fig. 1c). Sativa–Indica labels thus do not accurately reflect genetic relatedness, which is consistent with previous work^{17,18}. In addition, we determined that pairs of samples with identical cultivar names (for example, OG Kush) were often as genetically and chemically distant from each other as pairs of samples with different names (Extended Data Fig. 2). This is consistent with previous studies indicating that cultivar names were not

A rotulagem da *Cannabis* está associada à variação genética nos genes da terpeno sintase.

DOI : <https://doi.org/10.1038/s41477-021-01003-y>

([Watts et al. 2021](#))

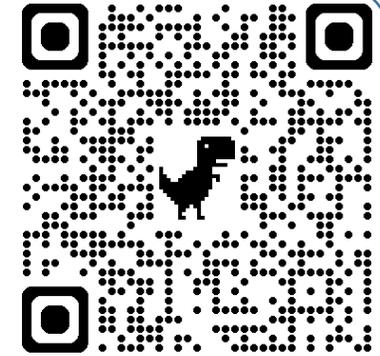
Recentemente genotiparam **137 plantas** de *Cannabis* ‘tipo droga’ usando polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) derivados da análise de genotipagem por sequenciamento (GBS) - ***Genotyping By Sequencing***

Os autores conduziram uma análise de PCA usando dados genômicos e descobriram que as **AMOSTRAS MARCADAS COM SATIVA E INDICA ERAM GENETICAMENTE INDISTINTAS EM ESCALA GENÔMICA.**

(PCA) é um dos métodos estatísticos de múltiplas variáveis mais simples.

SNPs: Pontos do genoma que diferem por um único nucleotídeo entre uma porção da população e outra

FILOGENÔMICA *Cannabis*



BRIEF COMMUNICATION

<https://doi.org/10.1038/s41477-021-01003-y>

nature
plants

Check for updates

OPEN

Cannabis labelling is associated with genetic variation in terpene synthase genes

Sophie Watts¹, Michel McElroy¹, Zoë Migicovsky¹, Hugo Maassen², Robin van Velzen^{2,3} and Sean Myles¹✉

Analysis of over 100 *Cannabis* samples quantified for terpene and cannabinoid content and genotyped for over 100,000 single nucleotide polymorphisms indicated that Sativa- and Indica-labelled samples were genetically indistinct on a genome-wide scale. Instead, we found that *Cannabis* labelling was associated with variation in a small number of terpenes whose concentrations are controlled by genetic variation at tandem arrays of terpene synthase genes.

the first ten PCs of the genomic data in a linear model) explained only 37% of the variance in labelling (Fig. 1c). Sativa-Indica labels thus do not accurately reflect genetic relatedness, which is consistent with previous work^{17,18}. In addition, we determined that pairs of samples with identical cultivar names (for example, OG Kush) were often as genetically and chemically distant from each other as pairs of samples with different names (Extended Data Fig. 2). This is consistent with previous studies indicating that cultivar names were not

A rotulagem da cannabis está associada à variação genética nos genes da terpeno sintase.

DOI : <https://doi.org/10.1038/s41477-021-01003-y>

([Watts et al. 2021](#))

Os autores observaram que **A CLASSIFICAÇÃO *sativa / indica* QUE É ATUALMENTE USADA PARA ROTULAR A CANNABIS :**

CAPTA MAL A VARIAÇÃO GENÔMICA E METABOLÔMICA GLOBAL.

FILOGENÔMICA *Cannabis*



Schwabe and McGlaughlin *Journal of Cannabis Research* (2019) 1:3
<https://doi.org/10.1186/s42238-019-0001-1>

Journal of Cannabis
Research

ORIGINAL RESEARCH

Open Access

Genetic tools weed out misconceptions of strain reliability in *Cannabis sativa*: implications for a budding industry



Anna L. Schwabe^{†*} and Mitchell E. McGlaughlin[†]

Abstract

Background: Unlike other plants, *Cannabis sativa* is excluded from regulation by the United States Department of Agriculture (USDA). Distinctive *Cannabis* varieties are ostracized from registration and therefore nearly impossible to verify. As *Cannabis* has become legal for medical and recreational consumption in many states, consumers have been exposed to a wave of novel *Cannabis* products with many distinctive names. Despite more than 2000 named strains being available to consumers, questions about the consistency of commercially available strains have not been investigated through scientific methodologies. As *Cannabis* legalization and consumption increases, the need to provide consumers with consistent products becomes more pressing. In this research, we examined commercially available, drug-type *Cannabis* strains using genetic methods to determine if the commonly referenced distinctions are supported and if samples with the same strain name are consistent when obtained from different facilities.

Ferramentas genéticas eliminam equívocos sobre a confiabilidade da cepa em *Cannabis sativa*: implicações para uma indústria emergente.

doi: [10.1186/s42238-019-0001-1](https://doi.org/10.1186/s42238-019-0001-1)

(Schwabe e McGlaughlin 2019)

OBJETIVO FOI DESCOBRIR SE AS DISTINÇÕES FREQUENTEMENTE CITADAS E USADAS COMERCIALMENTE: *sativa*, *indica* e *híbrida*:

1. **PODEM SER GENETICAMENTE CORROBORADAS**
2. **E SE AS AMOSTRAS COM A MESMA DESIGNAÇÃO DE VARIEDADE SÃO CONSISTENTEMENTE AGRUPADAS QUANDO COLETADAS DE DIFERENTES FORNECEDORES.**

Assim, eles usaram o genoma do **PURPLE KUSH** para criar **DEZ NOVOS MARCADORES** para investigar a possível diversidade genética em **30 plantas diferentes** coletadas em dispensários em **TRÊS ESTADOS DIFERENTES DOS EUA.**

FILOGENÔMICA *Cannabis*



Schwabe and McGlaughlin *Journal of Cannabis Research* (2019) 1:3
<https://doi.org/10.1186/s42238-019-0001-1>

Journal of Cannabis
Research

ORIGINAL RESEARCH

Open Access

Genetic tools weed out misconceptions of strain reliability in *Cannabis sativa*: implications for a budding industry



Anna L. Schwabe^{†*} and Mitchell E. McGlaughlin[†]

Abstract

Background: Unlike other plants, *Cannabis sativa* is excluded from regulation by the United States Department of Agriculture (USDA). Distinctive *Cannabis* varieties are ostracized from registration and therefore nearly impossible to verify. As *Cannabis* has become legal for medical and recreational consumption in many states, consumers have been exposed to a wave of novel *Cannabis* products with many distinctive names. Despite more than 2000 named strains being available to consumers, questions about the consistency of commercially available strains have not been investigated through scientific methodologies. As *Cannabis* legalization and consumption increases, the need to provide consumers with consistent products becomes more pressing. In this research, we examined commercially available, drug-type *Cannabis* strains using genetic methods to determine if the commonly referenced distinctions are supported and if samples with the same strain name are consistent when obtained from different facilities.

Ferramentas genéticas eliminam equívocos sobre a confiabilidade da cepa em *Cannabis sativa*: implicações para uma indústria emergente.

doi: [10.1186/s42238-019-0001-1](https://doi.org/10.1186/s42238-019-0001-1)

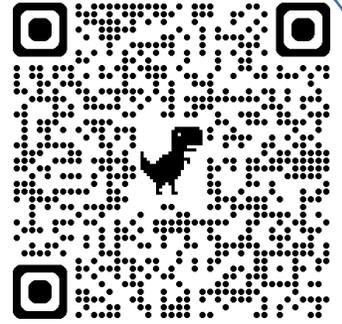
(Schwabe e McGlaughlin 2019)

Eles descobriram que as “**DESIGNAÇÕES COMUMENTE** usadas *de sativa*, *indica* e *híbrida* **NÃO TINHAM UMA DIFERENÇA GENÉTICA CLARA.**”

NAS AMOSTRAS COM “O MESMO NOME DE VARIEDADE”, FORAM ENCONTRADAS:

VARIAÇÕES GENÉTICAS SIGNIFICATIVAS, SUGERINDO UMA IDENTIFICAÇÃO INCONSISTENTE DO QUE É OFERECIDO AOS CONSUMIDORES.

FILOGENÔMICA *Cannabis*



frontiers
in Plant Science

REVIEW
published: 25 September 2020
doi: 10.3389/fpls.2020.573299



Potentials and Challenges of Genomics for Breeding Cannabis Cultivars

Gianni Barcaccia*, Fabio Palumbo, Francesco Scariolo, Alessandro Vannozzi, Marcello Borin and Stefano Bona

DAFNAE—Department of Agronomy, Food, Natural Resources, Animals and Environment, University of Padova, Campus of Agripolis, Legnaro, Italy

Cannabis (*Cannabis sativa* L.) is an influential yet controversial agricultural plant with a very long and prominent history of recreational, medicinal, and industrial usages. Given the importance of this species, we deepened some of the main challenges—along with potential solutions—behind the breeding of new cannabis cultivars. One of the main issues that should be fixed before starting new breeding programs is the uncertain

Potenciais e Desafios da Genômica para o Melhoramento de Cultivares de *Cannabis* – Itália

<https://doi.org/10.3389/fpls.2020.573299>

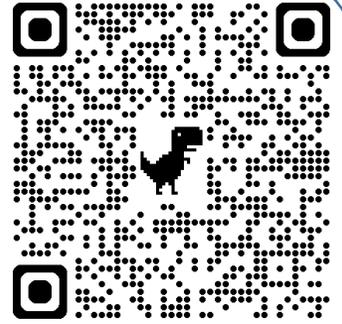
([Barcaccia et al. \(2020\)](#))

Usaram técnicas de **código de barras de DNA (DNA barcoding)** para explorar a classificação taxonômica *da Cannabis*.

Eles coletaram 112 sequências das quais revisaram os dados de **DNA barcoding** (**sequências ITS1, ITS2, matK e rbcL**) disponíveis para *Cannabis* nos bancos de dados **BOLD** e **GenBank (NCBI)**

Fizeram um Alinhamento para comparar sequencias e....

FILOGENÔMICA *Cannabis*



frontiers
in Plant Science

REVIEW
published: 25 September 2020
doi: 10.3389/fpls.2020.573299



Potentials and Challenges of Genomics for Breeding Cannabis Cultivars

Gianni Barcaccia*, Fabio Palumbo, Francesco Scariolo, Alessandro Vannozzi, Marcello Borin and Stefano Bona

DAFNAE—Department of Agronomy, Food, Natural Resources, Animals and Environment, University of Padova, Campus of Agripolis, Legnaro, Italy

Cannabis (*Cannabis sativa* L.) is an influential yet controversial agricultural plant with a very long and prominent history of recreational, medicinal, and industrial usages. Given the importance of this species, we deepened some of the main challenges—along with potential solutions—behind the breeding of new cannabis cultivars. One of the main issues that should be fixed before starting new breeding programs is the uncertain

Eles concluíram que o termo usado deveria ser: **VARIETADES BOTÂNICAS, E NÃO SUBESPÉCIES PARA CLASSIFICAR O GÊNERO** *Cannabis* (*C. sativa* subsp. *sativa* e *C. sativa* subsp. *indica*)

Isso ilustra que o debate contemporâneo sobre a classificação taxonômica da *Cannabis* não está totalmente resolvido.

Potenciais e Desafios da Genômica para o Melhoramento de Cultivares de *Cannabis* – Itália

<https://doi.org/10.3389/fpls.2020.573299>

(Barcaccia et al. (2020)

FILOGENÔMICA *Cannabis*

Conclusões dos estudos mais recentes

diferentes trajetórias de reprodução. No geral, as suas descobertas oferecem uma perspectiva global

sobre para distinguir e avaliar plantas distintas e descobriu que a maioria das características fenotípicas mole medidas não estavam geneticamente associadas (Vergara et al. 2021 a) sugerindo ainda uma

espéci dos EUA. Eles descobriram que as designações comumente usadas *de sativa, indica e híbrida* não tinham

encontr diferente (Schwabe et al. 2021). No geral, eles não encontraram nenhuma distinção genética clara ofereci entre as subcategorias *sativa híbrida e indica* nas amostras de maconha no varejo, ressaltando a

confusã (FST) para cada população (Lynch et al. 2016). No geral, com a falta de evidências existentes de barreiras reprodutivas e as diferenças genéticas geralmente pequenas entre as amostras *de cânhamo e do tipo de droga* examinadas em seu estudo, os autores recomendam continuar a tratar

), ilustrando ainda mais que o debate contemporâneo sobre a classificação taxonômica da cannabis não está totalmente resolvido.

CONCLUSÃO

Análises morfológicas são bem sucedidas para muitas espécies, mas **revelaram-se inadequadas para resolver a classificação da *Cannabis***

O **uso de ferramentas e técnicas genômicas** permitiu aos pesquisadores **identificar variações** genéticas e **diferenciar espécies e subespécies**.

A **crescente acessibilidade a estas técnicas** ajudaram a **LANÇAR LUZ** sobre a desafiadora taxonomia da *Cannabis*.

INFORMAÇÃO TAXONÔMICA PRECISA é crucial para o estudo da *Cannabis* e, na sua ausência, corremos **O RISCO DE PERDA DE DIVERSIDADE GENÉTICA**, uma vez que as raças locais históricas podem não ser identificadas e preservadas.



CONCLUSÃO

As evidências do sequenciamento genômico e outras técnicas moleculares **APOIAM FORTEMENTE A HIPÓTESE DE UMA ESPÉCIE MONOTÍPICA ALTAMENTE DIVERSIFICADA**, e hipóteses mais antigas que postulam múltiplas espécies ou subespécies, que agora parecem **MENOS PROVÁVEIS À LUZ DOS DADOS EMERGENTES**.

A taxonomia das espécies está se tornando mais clara e continuará a se beneficiar dos avanços nas ferramentas genômicas.

Em última análise, **a confirmação de uma espécie monotípica de *Cannabis* altamente diversificada será uma contribuição significativa para a história taxonômica da planta** e permitirá a preservação de uma valiosa diversidade genética.



TAREFA

**Quais são as 3 Teorias de
classificação inicial da
Cannabis?**

**E qual seria a teoria mais
aceita a luz da genômica?**





www.biocomicals.com



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS



Éliana Lapierre, Adrian S. Monthony, and Davoud Torkamaneh. 2023. Genomics-based taxonomy to clarify cannabis classification. **Genome**. 66(8): 202-211. <https://doi.org/10.1139/gen-2023-0005> 2023.

Van Bakel, H., Stout, J. M., Cote, A. G., Tallon, C. M., Sharpe, A. G., Hughes, T. R., & Page, J. E. The draft genome and transcriptome of *Cannabis sativa*. **Genome biology**, 12(10), 1-18. (2011). [doi:10.1186/gb-2011-12-10-r102](https://doi.org/10.1186/gb-2011-12-10-r102)

Hurgobin, B., Tamiru-Oli, M., Welling, M. T., Doblin, M. S., Bacic, A., Whelan, J., & Lewsey, M. G. Recent advances in *Cannabis sativa* genomics research. **New Phytologist**, 230(1), 73-89. (2021). <https://doi.org/10.1111/nph.17140>