

183

CARACTERIZAÇÃO POPULACIONAL DE ONZE ESPÉCIES DE PASSIFLORA L. (PASSIFLORACEAE) ATRAVÉS DO MARCADOR MOLECULAR ITS. *Geraldo Mader, Loreta Brandao de Freitas (orient.) (UFRGS).*

Os espaçadores ITS1 e ITS2 são os marcadores nucleares mais utilizados em estudos evolutivos de plantas. O nrDNA de plantas superiores está organizado em arranjos com centenas a milhares de cópias. Mutações nestas repetições são homogeneizadas através de evolução em concerto, mas a região ITS pode apresentar variação interespecífica e até, interpopulacional. Estudos filogenéticos em *Passiflora* revelaram grande diversidade intraespecífica deste marcador. Para avaliar a variação de ITS no gênero *Passiflora*, foram analisadas seqüências de 11 espécies (125 indivíduos). O DNA foi extraído de folhas jovens usando CTAB e a amplificação feita com primers universais para ITS. O seqüenciamento foi realizado no seqüenciador automático MegaBace1000. As seqüências foram alinhadas pelo programa Clustal X 1.81 e corrigidas manualmente, a análise dos sítios variáveis foi realizada no programa MEGA 2.1. As relações entre as seqüências foram inferidas pelo método de "median-joining" através do programa NETWORK 4.1.0.9. Para verificar se houve expansão populacional recente nas populações estudadas foram feitas análises no programa DNAsp 3.99. Entre as espécies analisadas, *P. urubiciensis* foi a única que não apresentou variação intraespecífica. Nas outras espécies, foram detectados eventos de inserção/deleção, mutações de ponto e indivíduos heterozigotos. Foi encontrada uma evidente estruturação geográfica nos indivíduos de *P. capsularis*, *P. organensis*, *P. haematostigma* e *P. cincinnata*. Inesperadas variações na região do gene 5, 8S foram encontradas em *P. capsularis*, *P. foetida* e *P. tricuspis*. Diferentes morfotipos de *P. haematostigma* apresentaram seqüências distintas. A diversidade das seqüências de *P. tricuspis* sugere que as amostras do Sul do país não correspondem a essa espécie. Tempo de geração, localização cromossômica e fluxo gênico entre diferentes linhagens devem ser os fatores determinantes para a lenta homogeneização desta diversidade e para a manutenção das diferentes cópias. (PIBIC).