

UTILIDADE DAS SEQÜÊNCIAS ITS DO nrDNA PARA O ESTUDO DE POLIPLÓIDES EM PASSIFLORA MISERA. Carolina Giacomet¹, Valéria C. Muschner¹, Francisco M. Salzano¹, Loreta B. de Freitas¹ (¹Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

A poliploidia tem recebido grande atenção dos botânicos por ser um provável sistema de especiação em plantas. A utilização de marcadores moleculares em estudos de poliploidia tem fornecido importantes informações para elucidar a dinâmica evolutiva destas espécies. O espaçador interno transcrito do nrDNA (ITS) pode fornecer informações sobre a idade de espécies híbridas e sua origem, estando presentes em centenas de cópias homogêneas no genoma. *Passiflora misera* é uma espécie de ampla distribuição na América do Sul, incluindo-se aí o Brasil. Através de análise citogenética, sabe-se que indivíduos de *P. misera* da região nordeste do Brasil são hexaplóides, enquanto que indivíduos da região sul são diplóides. As duas formas cromossômicas não diferem morfologicamente e não se sabe a origem dos poliplóides. O objetivo deste trabalho é verificar a origem dos indivíduos hexaplóides de *P. misera*. Para isto foram feitas extrações de DNA de folhas jovens e a região ITS foi amplificada por PCR. Os produtos de PCR foram purificados enzimaticamente e seqüenciados em seqüenciador automático. A análise de 21 indivíduos (nove da região sul e doze da região nordeste) permite inferir que a poliploidia em *P. misera* seja um evento recente; ao contrário do esperado, os indivíduos não possuem sua seqüência totalmente homogeneizada, sendo os diplóides menos variáveis do que os hexaplóides. As perspectivas desse trabalho envolvem a coleta de um número maior de indivíduos, tentando-se ampliar a representatividade da área de distribuição da espécie e a clonagem dos fragmentos amplificados, comparando-se as seqüências obtidas por essa metodologia com as seqüências de outras espécies de *Passiflora*. (PRONEX, FINEP, CNPq, Fapergs e Propesq-UFRGS).