

029

**CONTRIBUIÇÃO DAS SEQUÊNCIAS ITS1 E ITS2 DO rDNA NUCLEAR PARA A RECONSTITUIÇÃO FILOGENÉTICA DO GÊNERO *Passiflora*.** Nicole de M. Scherer<sup>1</sup>, Valéria C. Muschner<sup>1</sup>, Carla Finkler<sup>1</sup>, Loreta B. de Freitas<sup>1</sup>, Tatiana T. Souza Chies<sup>2</sup>, Sandro L. Bonatto<sup>3</sup> e Francisco M. Salzano<sup>1</sup>. (<sup>1</sup>Dep. Genética, UFRGS;<sup>2</sup>Dep. Botânica, UFRGS; <sup>3</sup>Fac. Biociências, PUCRS. Porto Alegre, RS)

Estudos filogenéticos em plantas baseavam-se principalmente, até pouco tempo, na análise das características morfológicas e, em poucos casos, bioquímicas. Com o advento da biologia molecular, novas formas de análise mostraram-se eficientes no estudo da história evolutiva dos organismos, analisando-se regiões conservadas do DNA. O objetivo deste trabalho é contribuir para a reconstrução filogenética do gênero *Passiflora* usando marcadores moleculares, obtidos a partir do seqüenciamento das regiões ITS1 e ITS2 do rDNA (espaçadores internos transcritos, não codificadores, do DNA ribossomal). Tais marcadores foram escolhidos em virtude de serem regiões altamente conservadas. Para isto, estão sendo estudadas 25 espécies de *Passiflora*, sendo o DNA genômico total extraído de plântulas ou folhas jovens coletadas na natureza. Os DNAs obtidos são amplificados por PCR específico e seqüenciados pelo método de Sanger, usando como marcador radioativo o isótopo S<sup>35</sup>, ou seqüenciador automático ABI Prism 310 (Perkin Elmer). As regiões amplificadas correspondem a um total de 700 pb aproximadamente, incluindo o gene 5,8S. As seqüências obtidas são alinhadas e analisadas, com o auxílio do programa Paup 3.1, para análise de Parsimônia e, com o programa MEGA, para análise de Neighbor joining. Os resultados até então obtidos, com a análise das seqüências de 11 espécies, sugerem: a) variação na seqüência do gene 5,8S; b) os agrupamentos obtidos com as seqüências de ITS1 diferem dos obtidos para as seqüências de ITS2; c) não houve agrupamento consistente entre espécies de um mesmo subgênero; d) existe indicação de que o subgênero *Decaloba* seja monofilético. (Apoio financeiro: PRONEX, FINEP, CNPq, FAPERGS, PROPESQ/UFRGS)