

011

CONTRIBUIÇÃO DAS SEQUÊNCIAS ITS1 E ITS2 PARA A RECONSTITUIÇÃO FILOGENÉTICA DO GÊNERO *Passiflora*. Nicole de Miranda Scherer, Valeria C. Muschner, Carla Finkler, Loreta B. de Freitas, Tatiana T. Sousa-Chies e Francisco M. Salzano. (Dep. Genética, UFRGS, Porto Alegre, RS)

O gênero *Passiflora* compreende um grande número de espécies de larga complexidade taxonômica, baseando-se as classificações apenas em características morfológicas. O objetivo deste trabalho é reconstruir a filogenia do gênero usando dados moleculares, obtidos a partir do sequenciamento 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, inicialmente, 25 espécies de *Passiflora*, sendo o DNA genômico total extraído de plântulas ou folhas jovens. Os DNAs obtidos são amplificados por PCR específico, e sequenciados pelo método de Sanger, usando como marcador radioativo o isótopo S^{35} . As regiões amplificadas correspondem a um total de 700 pb aproximadamente, incluindo o gene 5,8S. O sequenciamento envolve apenas as regiões dos espaçadores. As sequências obtidas são alinhadas e analisadas com o auxílio do programa Paup 3.1. Os resultados até então obtidos não sugerem agrupamentos preferenciais concordantes com as seções propostas para o gênero, sendo as espécies mais próximas, segundo tais marcadores, *P. edulis* e *P. macrocarpa*. O maior número de diferenças encontrado entre as sequências analisadas foi devido a transições. O estudo terá continuidade aumentando-se o número de espécies analisadas.