

168

**ESTUDO FILOGENÉTICO DO GRUPO DILATATA DO GÊNERO PASPALUM ATRAVÉS DO ESPAÇADOR *psbA-trnH* DO cpDNA.** Rogéria B. Miz e Tatiana T. de Souza-Chies (Deptº de Genética e Botânica, Biociências- UFRGS)

No Brasil são encontradas 220 espécies do gênero *Paspalum* (Valls, 1987) que tem recebido grande destaque no Rio Grande do Sul pelo seu alto valor forrageiro. O grupo Dilatata é composto de *P.dilatatum* (com sete biótipos), *P.urvillei*, *P.pauciciliatum* e *P.dasypleurum*. Os biótipos de *P.dilatatum* diferenciam-se morfológicamente, quanto ao tipo de reprodução, e quanto ao nível de ploidia. O objetivo deste trabalho é estabelecer as relações filogenéticas do grupo Dilatata através do seqüenciamento da região intergênica *psbA-trnH* do cpDNA (DNA plastidial), sendo que este grupo apresenta uma taxonomia muito complexa. Foram seqüenciados onze táxons representando espécies e biótipos do grupo Dilatata e um exemplar de *P.intermedium*. As seqüências obtidas apresentaram cerca de 600pb, e a análise de parcimônia foi realizada através do programa PAUP 4.0. O grupo externo utilizado foi *P.juergensii*, do grupo Paniculata. Verificou-se que *P.dilatatum* comum agrupa-se aos biótipos *P.dilatatum* Vacaria, Torres e Uruguaiana. Observou-se ainda uma relação entre o biótipo Chiru e a ssp. *Flavescens* de *P.dilatatum* e o relacionamento próximo entre *P.urvillei*, *P.intermedium* e *P.juergensii*. Outras análises filogenéticas foram realizadas, uma da região ITS do rDNA e outra com a combinação das seqüências de ITS e *psbA-trnH*. Conclui-se a partir das análises que as espécies do grupo Dilatata, para as seqüências analisadas, são muito similares entre si e isto pode ser devido a uma recente divergência das espécies do grupo, esta hipótese pode ser confirmada pelo alto índice de hibridação interespecífica que ocorre entre os mesmos. Atualmente, estão sendo testados outros espaçadores que poderão ser incluídos na análise. (CNPq e CNPq - PIBIC/UFRGS).