

332

ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO GÊNERO PASPALUM L. GRUPO PLICATULA POR PADRÕES DE RESTRIÇÃO. *Rafael Costa Angrizani, Tatiana Teixeira de Souza Chies (orient.)* (Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, UFRGS).

O gênero *Paspalum* é bastante amplo em número de espécies, compondo o maior número nas comunidades herbáceas do país, além disto, possui um bom valor forrageiro sendo de grande importância para as pastagens nacionais. A taxonomia do gênero é bastante complicada devido à grande quantidade de espécies e a uma ampla variação gradual entre os tipos morfológicos. Inicialmente, o gênero foi dividido em grupos sem categorias taxonômicas formalizadas que receberam o nome de “grupos informais”, esses grupos foram definidos artificialmente de maneira que muitas espécies não têm definição do grupo ao qual pertencem. O nosso estudo tem como principal objetivo contribuir para a organização taxonômica e o estudo evolutivo do gênero *Paspalum* através da caracterização molecular das diferentes espécies e biótipos pertencentes ao grupo informal denominado *Plicatula*, procurando alternativas para resolver os problemas de delimitação do grupo. Para essa caracterização molecular escolhemos o uso de enzimas de restrição para a obtenção de polimorfismos de DNA entre os táxons que foram ou serão analisados. Como fonte de variabilidade genética entre os táxons escolhemos os espaçadores dos genes do cpDNA *psbA-trnH*, *trnT-trnF*, *trnF-trnL* e também utilizamos o intron do gene *trnL* e o ITS do rDNA, considerando que todos esses fragmentos possuem um bom nível de variação. Primeiramente se extraiu o DNA total do material a ser analisado a partir de folhas secas, seguido da amplificação dos fragmentos através de PCR e clivagens posteriores com enzimas de restrição, as enzimas utilizadas neste estudo foram *AluI*, *EcoRI*, *HindIII* e *HhaI*. Os resultados das clivagens foram analisados em géis de agarose 2%. Até o momento analisamos 10 táxons para o espaçador *psbA-trnH* e para o ITS e obtivemos polimorfismo com as enzimas *AluI*, *EcoRI* e *HhaI*. Podemos dividir os indivíduos analisados em apenas dois grupos com quatro e seis indivíduos respectivamente, o aumento da amostragem pode melhor resolver as delimitações do grupo *Plicatula*. (PIBIC/CNPq-UFRGS).