

172

ANÁLISE POPULACIONAL DO ESPAÇADOR INTERGÊNICO ITS EM ESPÉCIES DE PASSIFLORA L. (PASSIFLORACEAE). *Geraldo Mader, Francisco M. Salzano, Loreta Brandao de Freitas (orient.) (UFRGS).*

O nrDNA de plantas superiores organiza-se em arranjos em uma ou mais regiões cromossômicas, e cada arranjo pode apresentar milhares de cópias. Mutações nestas repetições em tandem são individualmente homogenizadas através de evolução em concerto. Os espaçadores internos transcritos do DNA ribossomal (ITS1 e ITS2) podem apresentar variação interespecífica até, interpopulacional. Estudos filogenéticos no gênero *Passiflora* revelaram grande diversidade intra-específica deste marcador. Para avaliar o potencial de variação em ITS no gênero *Passiflora*, foram analisadas seqüências de 17 espécies (cerca de 300 indivíduos) de quatro subgêneros (*Passiflora*, *Decaloba*, *Astrophea* e *Dysosmia*). O DNA foi extraído de folhas jovens usando CTAB e a amplificação feita com primers universais para ITS. O seqüenciamento foi realizado no seqüenciador MegaBace2000. As seqüências foram alinhadas em Clustal X 1.81, a análise dos sítios variáveis foi realizada no programa MEGA 2.1. As relações entre as seqüências foram inferidas pelo método de "median-joining" através do programa NETWORK 3.1.1.1. Para verificar expansões populacionais recentes nas populações estudadas foram feitas análises no programa DNAsp 3.99. Entre as espécies analisadas, *P. pohlii* e *P. miersii* foram as únicas que não apresentaram variação intra-específica. Nas outras espécies, foram detectados eventos de inserção/deleção, mutações de ponto e indivíduos heterozigotos. A diversidade nucleotídica variou entre 0.025 (*P. tricuspis*) e 0.0006 (*P. caerulea*). Apesar de alta, a diversidade em ITS de *P. alata*, *P. caerulea* e *P. tenuifila*, não foi encontrada associação evidente entre os agrupamentos formados e a origem geográfica dos indivíduos. Enquanto em *P. actinia* e *P. elegans* foi possível detectar um padrão norte-sul no relacionamento entre as seqüências. Tempo de geração, localização cromossômica do nrDNA e fluxo gênico entre diferentes linhagens devem ser os fatores determinantes para a lenta homogeneização desta diversidade. (PIBIC).