



Caracterização molecular de diferentes morfotipos de *Passiflora haematostigma* Mast. por meio do marcador ITS.

GERALDO MÄDER – UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
ALINE P. LORENZ-LEMKE - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
SANDRO L. BONATTO – PONTIFÍCIA UNIV. CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL
FERNANDO C. CAMPOS NETO
FRANCISCO M. SALZANO - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
LORETA B. DE FREITAS - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

geraldomader@pop.com.br

Os espaçadores intergênicos ITS1 e ITS2 localizam-se no nrDNA, em arranjos com centenas a milhares de cópias, em uma ou mais regiões cromossômicas. Mutações nessas seqüências são homogeneizadas através de evolução em concerto, mas a região ITS pode apresentar variação interespecífica ou interpopulacional. *Passiflora haematostigma*, pertencente ao subgênero *Astrophea* (Passifloraceae), apresenta formas morfológicas que diferem por características como: comprimento e espessura dos ramos, tamanho e quantidade de flores e frutos e dimensões das folhas. Esses diferentes morfotipos de *P. haematostigma*, podem ser encontrados em localidades diferentes de Minas Gerais. Para avaliar se esses diferentes morfotipos são características evolutivas representadas no genoma dessas plantas, foram analisadas as seqüências dos espaçadores ITS. O material analisado (mais de 20 indivíduos) foi coletado em campo, o DNA foi extraído de folhas jovens usando CTAB e a amplificação feita com primers universais para ITS. A amostra inclui indivíduos com morfologia variável, coletados em diferentes populações nos estados de Minas Gerais, Paraná e Santa Catarina. O seqüenciamento foi realizado no seqüenciador automático MegaBace 1000. As seqüências foram alinhadas pelo programa Clustal X 1.81 e corrigidas manualmente, a análise dos sítios variáveis foi realizada no programa MEGA 2.1. As relações entre as seqüências foram inferidas pelo método de "median-joining" no programa NETWORK 3.1.1.1. Os indivíduos coletados em SC e PR formaram um agrupamento distante das amostras coletadas em MG. Entre as amostras obtidas em MG, foram formados dois grupos distintos, onde todas as amostras identificadas como a forma "grande" ficaram nitidamente separadas das demais quanto ao tipo de seqüência encontrada. A distância geográfica entre SC-PR e MG pode ser a razão provável da diversidade genética encontrada entre estes materiais. Quanto ao padrão de estruturação observado em MG, estão sendo analisados mais indivíduos pertencentes aos dois morfotipos na tentativa de validar a associação destes com linhagens evolutivas diferentes.