

030

ANÁLISE DE SEQUÊNCIAS DE cpDNA E SEU PAPEL NA RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA DO GÊNERO *Passiflora* (PASSIFLORACEAE). Aline P. Lorenz¹, Patricia Koehler², Carla Finkler¹, Valéria C. Muschner¹, Sandro L. Bonatto³, Tatiana T. Souza-Chies⁴, Loreta B. de Freitas¹ e Francisco M. Salzano¹. ¹Dep.

Genética, UFRGS; ²PPG Agronomia, UFRGS; ³Fac. Biociências, PUCRS; ⁴Dep. Botânica, UFRGS. Porto Alegre, RS.

O gênero *Passiflora* (Passifloraceae) possui cerca de 440 espécies descritas, sendo o Brasil seu maior centro de dispersão. Este gênero apresenta uma taxonomia complexa, devido a uma grande diversidade de formas florais e vegetativas. Este trabalho tem como objetivo ajudar a resolver a filogenia do gênero utilizando dados moleculares. Estes dados estão sendo obtidos através da caracterização das seqüências de um espaçador localizado entre os genes trnL e trnF do DNA cloroplasmático de espécies brasileiras dos subgêneros *Passiflora* e *Decaloba*. O marcador foi escolhido por apresentar significativa variação e alto potencial filogenético, sendo bastante útil para comparações interespecíficas. Estão sendo estudadas 25 espécies, das quais o DNA genômico total foi extraído, e a partir deste foi feito um PCR específico, utilizando-se “primers” universais para amplificar a região desejada. As seqüências dos espaçadores das diferentes espécies foram obtidas por seqüenciamento automático em equipamento ABI PRISM 310 (Perkin Elmer). A análise dos resultados seguiu a metodologia de Neighbor Joining, com matrizes de distância genética de Kimura, com auxílio do programa MEGA. Os resultados obtidos com este marcador serão comparados com os já obtidos para as mesmas espécies com outros marcadores moleculares (ITS 1 e ITS 2) e dados de morfologia (taxonomia clássica do grupo), além da análise de outras espécies já coletadas e que serão coletadas brevemente. Os resultados aqui apresentados referem-se a análise de seqüências de 17 espécies, sendo dez de *Passiflora*, quatro de *Decaloba* e outras três pertencentes a três outros subgêneros. O ordenamento filogenético mostrou: a) total separação entre os subgêneros *Decaloba* e *Passiflora*; b) existe uma tendência à monofilia no subgênero *Decaloba*; c) inclusão das espécies pertencentes aos outros subgêneros em *Passiflora*; d) as espécies mais relacionadas foram *P. actinia* e *P. elegans*, que apresentam vários problemas de taxonomia. Subvenção: PRONEX, FINEP, CNPq, FAPERGS, PROPESQ/UFRGS