

166

VARIABILIDADE GENÉTICA DO GÊNERO *PASPALUM* L. GRUPO PLICATULA UTILIZANDO MARCADORES OBTIDOS POR ENZIMAS DE RESTRIÇÃO. Rafael C. Angrizani, Tatiana S. Chies (Departamentos de Botânica e Genética – IB – Universidade Federal do Rio Grande do Sul).

O gênero *Paspalum* L. apresenta uma especial importância para o sul do Brasil por apresentar o maior número de espécies nativas e por possuir um importante valor forrageiro. A taxonomia do gênero é muito difícil e complicada devido à grande variação gradual entre os tipos morfológicos. Abordagens taxonômicas sobre o gênero já datam do início do século passado. A mais aceita foi abordada por Chase (1929) que divide o gênero em grupos distintos. Esses grupos, que recebem o nome de “grupos informais”, foram definidos artificialmente de maneira que muitas das espécies não têm definição do grupo ao qual pertencem. O presente trabalho tem como principais objetivos uma caracterização molecular das diferentes espécies e biótipos pertencentes ao grupo informal conhecido como Plicatula, procurando alternativas para resolver os problemas de delimitações do grupo e contribuir assim para o estudo taxonômico e evolutivo do gênero *Paspalum*, além de obter dados para um possível melhoramento genético das espécies com valor comercial. Para tal caracterização molecular foram utilizadas enzimas de restrição para a obtenção de polimorfismo de DNA entre os táxons analisados. Foi utilizado como fonte de variabilidade genética entre os táxons o espaçador que intercala os genes *psbA* e *trnH* do DNA plastidial (cpDNA), considerando que esse espaçador é bastante variável. Após a extração de DNA total a partir das folhas secas em sílica gel e a amplificação desse espaçador por PCR, foram realizadas clivagens com enzimas de restrição, as enzimas utilizadas foram *AluI*, *EcoRI*, *HhaI* e *HindIII*. Até o momento, oito espécies já foram analisadas. Os resultados das clivagens foram analisados em géis de agarose 2%. O polimorfismo encontrado foi utilizado para comparações dos táxons pertencentes ao grupo Plicatula. Até o momento, encontramos polimorfismo utilizando as enzimas *EcoRI* e *AluI* (Fapergs, CNPq).