

I.87

VARIABILIDADE ISOENZIMÁTICA EM *Sesbania* SPP. Elizabeth Ann Veasey e Paulo Sodero Martins, Laboratório de Genética Ecológica - Departamento de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, SP.

Este trabalho teve como objetivo o estudo da variação isoenzimática entre e dentro de sete espécies de *Sesbania* Scop. (*S. emerus*, *S. exasperata*, *S. grandiflora*, *S. rostrata*, *S. sesban*, *S. tetraptera* e *S. virgata*), avaliando-se um total de 22 acessos. Oito sistemas isoenzimáticos foram utilizados: fosfatase ácida (ACP), fosfoglucomutase (PGM), fosfoglucose isomerase (PGI), glutamato-oxaloacetato transaminase (GOT), isocitrato desidrogenase (IDH), malato desidrogenase (MDH), catalase (CAT) e peroxidase (PO). Utilizou-se dois tampões eletrodo/gel, tris-citrato e lítio-borato, água destilada como tampão de extração e cotilédones de 7 a 15 dias de idade para a extração das enzimas. Devido à dificuldade em se interpretar os zimogramas em termos de locos e alelos, comparou-se os acessos em termos de presença/ausência de bandas para cada sistema isoenzimático, obtendo-se desta forma um dendrograma utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método UPGMA, classificando as espécies em grupos distintos e mostrando as diferenças intraespecíficas. Os sistemas PGI, GOT e MDH apresentaram alto polimorfismo para alguns acessos de *S. sesban* (PGI e GOT) e *S. virgata* (MDH), com valores estimados de heterozigiosidade média de 0,284 e 0,348; índices de fixação de Wright (F) positivos de 0,436 e 0,799, indicando a presença de altos níveis de endogamia, bem como taxas de cruzamento aparente de 39 e 11% para *S. sesban* e *S. virgata*, respectivamente. Foram estimados os índices de diversidade de Nei (H_i , H_s e G_{ST}), cujos dados mostraram que 62,6% e 69,3% da variabilidade genética total foi atribuível à diferença entre acessos de *S. sesban* e *S. virgata*, respectivamente. Testes de pro gênite foram realizados com os acessos polimórficos dessas espécies, obtendo-se valores de 0,153; 0,154; e 0,493 de heterozigiosidade média e 61, 73 e 36% de taxas de cruzamento aparente para dois acessos de *S. sesban* (NO 2419, NO 2567) e um de *S. virgata* (NO 2565), respectivamente, mostrando a alta ocorrência de alopatrimia, principalmente para *S. sesban*, considerada uma espécie de grande potencial como forrageira e outros usos em sistemas silvopastoris.

Auxílio Financeiro: CNPq

PARATIAS

I.88

MARCADORES MOLECULARES (RAPD) NO ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE ETNOVARIETADES DE MANDIOCA (*MANIHOT ESCULENTA* CRANTZ). Gilda Santos Mühlen e Paulo Sodero Martins. Depto. Genética - ESALQ, Piracicaba - SP.

O objetivo deste trabalho foi detectar polimorfismos de DNA que auxiliem na interpretação da dinâmica evolutiva da mandioca nos sistemas agrícolas tradicionais. Centenas de etnovarietades de *Manihot esculenta* Cranz são mantidas *in situ* por comunidades indígenas, caboclos e caiçaras. A geração e manutenção desta grande variabilidade está associada a características ecológicas e sócio-culturais do manejo agrícola empregado. Marcadores moleculares foram avaliados quanto a sua adequação para detectar esta variabilidade genética. A coleta das etnovarietades de mandioca foi feita obedecendo três níveis de amostragem: roça, comunidade e região. DNA extraído de folhas de 56 plantas, originadas de 18 roças, em 13 comunidades de 3 diferentes regiões brasileiras, mantidas em estufa ou em canteiros ao ar livre, foi quantificado e submetido a reações de amplificação por enzima Taq polimerase em equipamento termociclador. Como iniciadores ("primers") foram utilizados oligonucleotídeos dos "kits" OPX e OPE (da OPERON). A análise dos polimorfismos detectados, feita com o programa NTSYS, mostra que há grande variabilidade tanto entre regiões como dentro de uma região e mesmo dentro de uma mesma roça.

Apoio financeiro: FAPESP 95/3207-5.

I.89

Comparative analysis of protein patterns in different lines of *Phaseolus lunatus* as related to seed characteristics.

Yaguitu, A.¹; Cardoso, V. J. M.² Depto. de Botânica; Instituto de Biotecnologia; UNESP-Rio Claro

Phaseolus lunatus (lima or sieva beans) is grown for dried shelled beans, and green beans can be used for canning and freezing. Many cultivars (cvs.) of lima bean are recorded and selection of cvs. has been done. In order to obtain an improvement of the cvs., their correct identification is needed. Polyacrilamide gel electrophoresis (PAGE) is a laboratory method used for biochemical analysis of seeds and seedlings, and of characterization and screening for cvs. in *Phaseolus* spp. The objective of this study was to verify changes in the protein patterns of 24 cultivars/lines of *Phaseolus lunatus* using SDS-PAGE as well as to evaluate this technique as a tool of screening for cvs.. Proteins were extracted in a sample buffer containing 2% SDS, 20% glycerol, 0.5 M Tris-HCl (pH 6.8), 5% 2-mercaptoethanol and 2.5% bromophenol blue (front dye). Electrophoresis was carried out on 5-20% (W/V) gradient polyacrilamide running gels. After electrophoresis gels were stained with 0.1% Coomassie Brilliant Blue R250 dye made up in the fixer ethanol: acetic acid: water (3: 1: 6). Gels were destained by diffusion in ethanol: acetic acid: water (3: 1: 6) destaining solution. The lines of *Phaseolus lunatus* were assembled in 11 groups according to their protein patterns. Such groups were not related to their morphological characteristics, suggesting such a method may be suitable for selecting cvs. of *P. lunatus*, although it does not screen for all of them. Thus, it must be used as a complement to the morphological characterization.

Auxílio financeiro: CAPES

I.90

VARIABILIDADE INTERESPECÍFICA EM *Paspalum notatum* FLÜGGÉ. Luiz Alberto Rocha Batista e Rodolfo Godoy, Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste (CPPSE/EMBRAPA), São Carlos, SP.

Onze acessos de *P. notatum* coletados em locais com latitudes e longitudes variando de 30° 06'S a 30° 30'N e 47° 53'W a 82° 10'W, respectivamente, foram avaliados no CPPSE/EMBRAPA através de 28 descritores vegetativos, 19 reprodutivos e 12 agrônômicos, com objetivo de determinar seu grau de similaridade. Pela análise de agrupamento com base em todos os descritores houve formação de três grupos sendo que o primeiro uniu os acessos BRA-006301 (Uruguiana, RS) = BRA-010006 (Laguna, SC) > BRA-006513 (Uruguiana, RS) > BRA-012254 (Macapá, AP) = BRA-019178 (São Carlos, SP) > BRA-007986 (Guaíba, RS) > BRA-006467 (Alegrete, RS), o segundo na seqüência BRA-006173 (Bagé, RS) = BRA-008028 (Lages, SC) > BRA-001122 (Flórida, USA) e o terceiro grupo contendo somente o acesso BRA-001074 (Bella Vista, Paraguai). Na análise dos componentes principais, os três primeiros autovalores explicaram 61% da variabilidade disponível, sendo que o primeiro agrupou os descritores quantitativos referentes a dimensão da planta e produção de matéria seca total no ano e no inverno, o segundo agrupou os descritores qualitativos referentes principalmente a pilosidade e o terceiro, os descritores quantitativos referentes às características das sementes e de produção de matéria seca no verão. Com os resultados obtidos podemos concluir a existência de variabilidade genética quantitativa e qualitativa entre os acessos avaliados. O fato desses acessos se reproduzirem por apomixia ou vegetativamente, sugere que sua estabilidade tenha sido obtida dentro da região de origem. Acessos com sistema de reprodução sexual têm maiores chances de serem encontrados nestas regiões e são os promotores da variabilidade genética no processo evolutivo da espécie de *Paspalum notatum*.

Apoio financeiro: EMBRAPA, CNPq e FAPESP