

haver seleção em favor dos heterozigotos, da mesma forma como foi demonstrada para outras espécies tropicais (*Cecropia obtusifolia*, *Astrocaryum mexicanum*). Com base nisso, o objetivo deste trabalho foi caracterizar geneticamente o recrutamento de plantas em diferentes fases de desenvolvimento do palmitreiro, visando avaliar a existência de seleção em favor de heterozigotos. Para isso foram coletadas amostras foliares de um grupo de plantas de uma população natural, no município de São Pedro de Alcântara (SC), pertencentes a quatro classes de altura: I – até 10 cm; II – de 11 a 50 cm; III – maiores de 50 cm e com altura de estipe exposta inferior a 1,30 m; IV – maiores que 1,30 m de estipe exposta e que ainda não emitiram inflorescência. Foram amostrados cerca de 100 indivíduos em cada classe, sendo a caracterização da diversidade genética realizada através de marcadores alozímicos, revelados a partir de eletroforese em gel de amido, utilizando-se 16 sistemas enzimáticos. A percentagem de locos polimórficos para cada classe foi de 50%, 56,3%, 62,5% e 56,3%. Da mesma forma, o número médio de alelos por loco foi de 2,4, 2,6, 2,5 e 2,4. A heterozigosidade média (He) foi de 0,259 (F=0,066), 0,284 (F=0,049), 0,282 (F=0,089) e 0,281 (F=0,036), para as quatro classes, respectivamente. Esses valores indicam que a diversidade genética para esta espécie e para a população em estudo é bastante elevada em relação a outras espécies tropicais estudadas. No entanto, a heterozigosidade média (He) não apresentou tendência de aumento para as classes superiores, bem como o índice de fixação (F) demonstrou uma certa endogamia para todas as classes; o que sugere inexistência de seleção em favor dos heterozigotos. Por outro lado, os marcadores alozímicos podem não ter sido adequados para demonstrar a existência desse fenômeno; sendo que isto poderia ser comprovado através da utilização de um marcador molecular com base em DNA. Contudo, dentro de cada classe foram amostrados indivíduos estagnados e em crescimento, podendo neste caso apresentar diferenças entre os dois grupos, sendo que tal aspecto encontra-se em fase de análise. Apoio financeiro – CAPES, PADCT/CNPq.

**GV125 - CARACTERIZAÇÃO DE LOCOS DE MICROSATÉLITES NA ESPÉCIE FORRAGEIRA ARACHIS PINTOI.** PALMIERI, D. A.; GIMENES, M. A.; BARBOSA, A. V. G.; LOPES, C. R. BIOGEM - Depto. de Genética-IB, UNESP Botucatu, SP

*Arachis pintoii* pertencente à seção *Caulorrhizae*, gênero *Arachis*, é uma espécie silvestre encontrada no território brasileiro, que tem sido utilizada com sucesso como forrageira, apesar de não ter sido submetida a nenhum programa de melhoramento genético. Atualmente existem muitos acessos que, se fossem utilizados, sem dúvida trariam grandes ganhos genéticos para essa espécie. A utilização desse material depende em parte do conhecimento da variabilidade encontrada no mesmo. Marcadores microssatélites são muitos usados em estudos da va-

riabilidade genética em germoplasma, devido ao grande potencial demonstrado na detecção de polimorfismo. O objetivo deste trabalho foi a caracterização de locos microssatélites que possam ser utilizados na avaliação da variabilidade genética no germoplasma de *A. pintoii*. DNA total de *A. pintoii* foi digerido com *Hae* III, *Alu* I e *Rsa* I e os fragmentos separados em gel de agarose de baixo ponto de fusão 1%. Fragmentos de 200 a 600 bp foram extraídos do gel e ligados ao vetor pBS. Clones carregando microssatélites do tipo (AC) e (AG) foram selecionados utilizando-se o kit Gene Trapper (GIBCO-BRL). "Primers" para 3 seqüências repetitivas: (AT)<sub>15</sub>, (AT)<sub>16</sub>, (GA)<sub>15</sub> foram selecionados após o sequenciamento. Todos os três pares de "primers" permitiram a amplificação de produtos com o tamanho esperado e detectaram alto polimorfismo entre 10 acessos analisados. Portanto, os três locos podem ser utilizados para análise da variabilidade genética em *A. pintoii*. Apoio financeiro: FAPESP

**GV126 - MULTIVARIATE PHENETIC DIVERGENCE IN PASPALUM GERMPLASM.** REGITANO N.O., A. I. and BATISTA, L.A.R.<sup>2</sup>. <sup>1</sup> Pos doctoral fellow FAPESP (99/02421-4) amadeu@cnpse.embrapa.br; <sup>2</sup> Researcher - Embrapa Pecuária Sudeste.

*Paspalum* is a quite diverse genus, natural of South America, highly adapted and responsible for a significant portion of forage produced in native grasslands. In much of the highland of Brazil, *Paspalum* grass species are dominant. Comprising various botanical groups, the genus represents valuable genetic resource against the genetic vulnerability represented by exotic grasses and for introduction on degraded environments. Additionally it has an important agronomic potential which is still unexplored. In this work, 19 accessions of *Paspalum plicatulum* and 12 of *Paspalum compressifolium*, from the germplasm bank maintained by Embrapa's Southeast Cattle Research Center in São Carlos, SP, were studied through multivariate clustering procedures based on mean Euclidean distance, estimated from 16 agronomic traits, 16 reproductive traits and 21 vegetative traits. Agronomic data represented the average of two replications of a completely randomized block experiment; a third replication was used for the collection of reproductive and vegetative descriptors. Experimental plots were 4m<sup>2</sup>. Mean Euclidean distance were estimated and the most divergent pair of accessions were identified for agronomic (BRA-012483 and BRA-013048), reproductive (BRA-012483 and BRA-014389) and vegetative descriptors (BRA-012483 and BRA-009211), all of *Paspalum plicatulum*, while less divergent pair of accessions were BRA-009229 and BRA-011207 of *Paspalum plicatulum* for agronomic traits, BRA-008524 and BRA-012173 of *Paspalum compressifolium* for reproductive characters and BRA-004120 and BRA-008940 of *Paspalum plicatulum* for vegetative traits. Single Linkage, Complete Linkage and UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic

average) clustering methods were applied to all traits and to each set of descriptors. UPGMA was the best methodology, as revealed by the highest estimated coefficient of cophenetic correlation: 0,77 for agronomic, 0,94 for reproductive, 0,83 for vegetative and 0,90 for total descriptors. Although good correlation coefficients were found between the distances sets and the dendrograms, no clear separation between the two species was made possible by any of the three groups of descriptors or when all descriptors were considered together. In fact *Paspalum plicatulum* and *Paspalum compressifolium* represent only a small fraction of the genus, and are probably morphologically too close to be separated by the set of descriptors used in this study. Financial support: Embrapa, CNPq and FAPESP

**GV127 - VARIABILIDADE GENÉTICA NO CRESCIMENTO INICIAL E EM PARÂMETROS RELACIONADOS À FOTOSÍNTESE EM STRYPHODENDRON ADSTRINGENS, O BARBATIMÃO.** GOULART, M. F.<sup>1</sup>; FONSECA, C. G.<sup>1</sup>; LEMOS F., J. P.<sup>2</sup>; LOVATO, M. B.<sup>1</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Biológicas, Depto. de Biologia Geral<sup>1</sup> e Depto. Botânica<sup>2</sup>. (lovatomb@mono.icb.ufmg.br)

Resquisas em genética de populações naturais são realizadas principalmente com marcadores moleculares, considerados neutros. Entretanto, para um melhor entendimento da dinâmica evolutiva dessas populações, tornam-se necessários estudos de caracteres de importância adaptativa. O presente estudo analisou a variabilidade genética em caracteres de crescimento e da fotossíntese em plantas de três populações de *Stryphnodendron adstringens* (Mimosoideae), uma arbórea do cerrado conhecida como barbatimão. Foram avaliadas 15 progênies, consideradas como famílias de meios irmãos, provenientes de árvores de três populações, Pirajú (SP), Gouveia (MG) e Furnas (MG). As plântulas foram cultivadas em casa de vegetação em três blocos casualizados, com cerca de três indivíduos por família em cada bloco. Na 20ª semana de cultivo, foram determinados parâmetros relacionados à fluorescência da clorofila, ETR, a taxa máxima aparente de transporte de elétrons,  $F_v$ , a produção de fluorescência mínima,  $F_{min}$ , a produção máxima de fluorescência e o rendimento quântico do potencial do fotossistema II ( $F_v/F_{min}$ , sendo  $F_v = F_m - F_{min}$ ), sendo os três últimos avaliados em ambientes claro e escuro. Também foram medidos o comprimento da parte aérea, o número de folhas, o número de folíolos da folha central, o comprimento e a largura do folíolo central, a massa seca da parte aérea e do sistema radicular. As herdabilidades desses caracteres apresentaram grande variação. ETR e o rendimento quântico medido em ambiente escuro mostraram herdabilidades baixas, sugerindo alta restrição a mudanças por seleção. A  $F_m$  medida tanto na presença quanto na ausência de luz, e o rendimento quântico, obtido no ambiente claro, apresentaram valores intermedi-

ários, variando entre 0,16 e 0,25. As  $F_v$  medidas no claro e no escuro apresentaram herdabilidades altas, maiores que 0,40. Dentre os caracteres utilizados para avaliar o crescimento, o comprimento da folha, as massas secas do sistema radicular e da parte aérea apresentaram os maiores índices de variabilidade genética, evidenciando a possibilidade de evolução por seleção natural desses caracteres. Apoio financeiro: CNPq e FAPEMIG.

**GV128 - VARIABILIDADE NO GRAU DE DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO DA ERVA-MATE (ILEX PARAGUARIENSIS A. ST.HIL.)** PALMA-S., P. C.; SCHINDWEIN, G.; BORTOLOTTI, J. S.; WINGE, H. Dep. Genética- IB- UFRGS. Caixa postal 15053; 91501-970 Porto Alegre-RS. clarissepalma@hotmail.com; winge@ufrgs.br

A erva-mate tem grande importância sócio-econômica, sendo encontrada principalmente no Sul do Brasil. Atualmente é consumida como chimarrão e tererê, porém suas possibilidades de uso vem aumentando muito nos últimos anos, sendo utilizada como chás, bebidas enlatadas, medicamentos (anti-reumáticos e diuréticos) etc. Porém há uma grande deficiência no estudos sobre sua biologia. Um dos problemas ainda não esclarecidos é a dormência dos embriões, que acarreta a demora para o início da germinação. Este é um dos problemas que dificultam a obtenção de mudas pelos produtores. **Objetivos:** Avaliar a variabilidade populacional no grau de desenvolvimento dos embriões, contribuir para o esclarecimento da sua dormência e fornecer informações que auxiliem na escolha de árvores que servirão como matrizes para sementes de qualidade. **Material e métodos:** amostras de frutos pretos (maduros) e frutos brancos (imaturos) foram coletadas e fixadas em campo (fev/mar. 97): 12 árvores de 4 populações naturais, MS, PR, SC e RS. De cada árvore e estágio de maturação dos frutos, cem embriões foram analisados (comprimento e largura máximos), em microscópio com escala embutida na ocular, e calculado o índice (comprimento/largura) para melhor identificação dos estágios de desenvolvimento dos embriões. Os dados obtidos foram analisados quanto às médias, desvio padrão, e outros parâmetros, através do programa NCSS60. A comparação entre árvores quanto à distribuição dos comprimentos e estágios foi realizada por  $\chi^2$  utilizando o programa PEPI (Computer Programs for Epidemiological Analysis). **Resultados e conclusões:** 1. embriões de fruto pretos e brancos das mesmas árvores não diferiram (com exceção de duas árvores, uma do MS que diferiu nos estágios e outra do RS que diferiu nos comprimentos), revelando que a dormência se instala antes dos frutos amadurecerem. 2. as médias dos comprimentos, por população, foram: MS=0,3075mm (de 0,230mm±0,027 até 0,377mm±0,054), PR=0,2799mm (de 0,227mm±0,025 até 0,337mm±0,043), SC=0,2686mm (de 0,226mm±0,031 até 0,322mm±0,037) e RS=0,3122mm (de 0,282mm±0,035 até 0,339mm±0,048), 3. Os embriões de maior compri-