

## ANÁLISE DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE *Conyza bonariensis*

**Paula, J.M. de<sub>1</sub>; Pinto-Maglio, C.A.F.<sub>2</sub>; Pinto, L.R.<sub>3</sub>**

<sup>1</sup>Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical, Instituto Agrônomo (IAC), caixa postal 28, 13001-970, Campinas, São Paulo, Brasil, depaulajm@ibest.com.br. <sup>2</sup>Centro de Pesquisa & Desenvolvimento de Recursos Genéticos Vegetais. Laboratório de Citogenética, Instituto Agrônomo (IAC), Caixa postal 28, 13001-970, Campinas, São Paulo, Brasil. <sup>3</sup>Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana, Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Anel Viário, Contorno Sul, Km 321, caixa-postal 206, 14001-970, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

A diferenciação das espécies do gênero *Conyza* é baseada em caracteres morfológicos, que por muitas vezes é dificultada devido à ampla plasticidade fenotípica, o que pode levar a classificações equivocadas. Diante disso, objetivou-se neste estudo, verificar se a diversidade fenotípica da planta daninha *Conyza bonariensis* é de origem epigenética. Para isso, foi quantificado o grau de metilação do DNA, por meio da técnica de Msap (*Methylation Sensitive Amplified Fragments*), a qual utiliza as enzimas HpaI e MspI, para detectar a metilação da citosina interna (C5mCGG) e externa (5mCCGG) no local de restrição 5'CCGG. As análises foram feitas em cinco acessos que apresentavam padrão de variação fenotípica em relação a duas características morfológicas foliares, ou seja, comprimento e largura da folha. Foram realizadas as análises de similaridade genética (coeficiente de similaridade de Jaccard), análise de agrupamento (dendrograma) e a porcentagem de metilação interna e externa. Em relação aos níveis de metilação, houve maior similaridade genética entre os acessos com maior nível de metilação interna, quando comparado a metilação externa. Ao representar os resultados de similaridade nos dendrogramas, foi constatado três grupos distintos, sendo o Grupo I, representado pelos acessos 1 e 3; o Grupo II, pelos acessos 2 e 5; e o Grupo III representado pelo acesso 4, que se apresenta como intermediário ao Grupo II. Os resultados indicam que a variação fenotípica dos acessos é facilmente distinguível em relação a cada grupo. Assim sendo, este estudo abrirá novas possibilidades para a compreensão da variação fenotípica presente nesta planta daninha. Embora ainda não tenha determinado se as variações epigenéticas geram variação fenotípica, eles podem ser potencialmente associados com o fenótipo específico.

**Palavra chave:** fenótipo, planta daninha, variabilidade.

**Agradecimentos:** Coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior (CAPES)