

AVANÇOS NA FILOGENIA DE *Panicum* L. (POACEAE, PANICOIDEAE): AVALIAÇÃO DO POSICIONAMENTO FILOGENÉTICO DE *P. venezuelae* HACK.¹

Júlia da Costa Hillmann², R. Patrícia de Oliveira³, Fernando O. Zuloaga⁴, Christian da Silva⁵

¹ Vinculado ao projeto “Avanços na filogenia de *Panicum* L. (Poaceae, Panicoideae): resolução do posicionamento filogenético e taxonômico de *P. venezuelae* Hack.”

² Acadêmica do Curso de Ciências Biológicas - CERES - bolsista PROIP/UDESC

³ Programa de Pós-Graduação em Botânica, UEFS, Feira de Santana-BA

⁴ Instituto de Botânica Darwinion, San Isidro, Buenos Aires, Argentina

⁵ Orientador, Departamento de Engenharia de Pesca e Ciências Biológicas – CERES – christian.silva@udesc.br

Introdução: As gramíneas (Poaceae) representam uma das cinco famílias mais diversas das angiospermas, apresentando aproximadamente 11.000-11.500 espécies, distribuídas em ca. 800 gêneros e 12 subfamílias (SORENG et al., 2017). Na subfamília Panicoideae há 13 tribos, incluindo Paniceae e Paspaleae; a primeira contém 85 gêneros, sendo *Panicum* L. o que apresenta taxonomia mais complexa (SORENG et al., 2017). Esse gênero tem sido recuperado como polifilético em filogenias moleculares, com espécies distribuídas em várias linhagens distintas de Paniceae e Paspaleae (ver ZULOAGA et al., 2018). Para tornar *Panicum* monofilético, as espécies que não pertencem a *P.* subg. *Panicum* têm sido transferidas para gêneros novos ou já existentes, mas muitas ainda não foram avaliadas em filogenias ou permanecem com posição incerta, como é o caso de *P. venezuelae* Hack., amplamente distribuída na região Neotropical (SILVA et al., 2017). Desta forma, o presente estudo teve como objetivo reavaliar o posicionamento filogenético de *P. venezuelae* com base em sequências de DNA, a fim de subsidiar futuras alterações taxonômicas necessárias, visto que a espécie foi recuperada em Paspaleae, enquanto *Panicum* s.s. pertence a Paniceae (e.g., SILVA et al., 2017).

Material e métodos: A amostragem inclui representantes das tribos de Panicoideae, com enfoque em Paniceae e Paspaleae. *Chasmanthium laxum* (L.) H.O. Yates foi selecionada como *outgroup*, com base em Soreng et al. (2017). Foram usadas sequências de DNA do gene plastidial *ndhF* e a matriz foi construída com base em Silva et al. (2017) e Zuloaga et al. (2018), incluindo *P. venezuelae* e todas as espécies de *Panicum* com sequências disponíveis. Foi utilizado o GenBank para obter as sequências através dos números de acesso. A análise de inferência Bayesiana foi realizada utilizando o MrBayes v.3.2.6, via CIPRES. O modelo GTR+I+G foi selecionado para a 1^a, 2^a e 3^a posição dos códons através do MrModeltest v.2.3. Foram realizadas duas corridas simultâneas de quatro cadeias de MCMC por 15 x 10⁶ gerações, amostrando uma árvore a cada 10³ gerações. Após *burn-in* de 25%, foi gerado um consenso de maioria com os valores de probabilidade posterior (PP) como estimativas de suporte dos ramos.

Resultados: A análise Bayesiana recuperou as tribos basais de Panicoideae e um clado incluindo Gynerieae, Lecomtelleae, Andropogoneae, Arundinelleae, Paniceae e Paspaleae, com 1 PP (Fig. 1). Estas últimas também foram monofiléticas com forte sustentação (1 PP; Fig. 1). Os principais clados recuperados em Paniceae foram Dichantheliinae, Neurachninae, Anthepphorinae, Boivinellinae, Cenchrinae, Melinidinae e Panicinae, todos com 1 PP (Fig. 1). Em Paspaleae, os principais clados foram Otachyriinae (0,94 PP), Arthropogoninae (0,65 PP) e Paspalinae (1 PP), sendo que apenas esta última subtribo obteve suporte significativo

(Fig. 1). Os acessos de *P. venezuelae* foram recuperados em Paspalinae (1 PP), como grupo-irmão de *Oedochloa* (1 PP), porém, sem suporte significativo (0,81 PP) (Fig. 1). As espécies de *Panicum* s.s. (subg. *Panicum*) foram recuperadas em Panicinae (1 PP; Fig. 1).

Discussão: O resultado da análise do gene plastidial *ndhF* corrobora os achados de Silva et al. (2017), Soreng et al. (2017) e Zuloaga et al. (2018), recuperando *Panicum venezuelae* em Paspalinae (Paspaleae), como possivelmente mais próxima a *Oedochloa*. Além disso, foi confirmado que as espécies de *P. subg. Panicum* pertencem a Panicinae (Paniceae), não relacionadas a *P. venezuelae*. Com base nesses resultados, conclui-se que *P. venezuelae* deve ser segregada de *Panicum*, porém, sua relação com os demais gêneros de Paspalinae ainda é incerta. Novas análises com enfoque em Paspalinae e um maior número de marcadores pode solucionar essa questão.

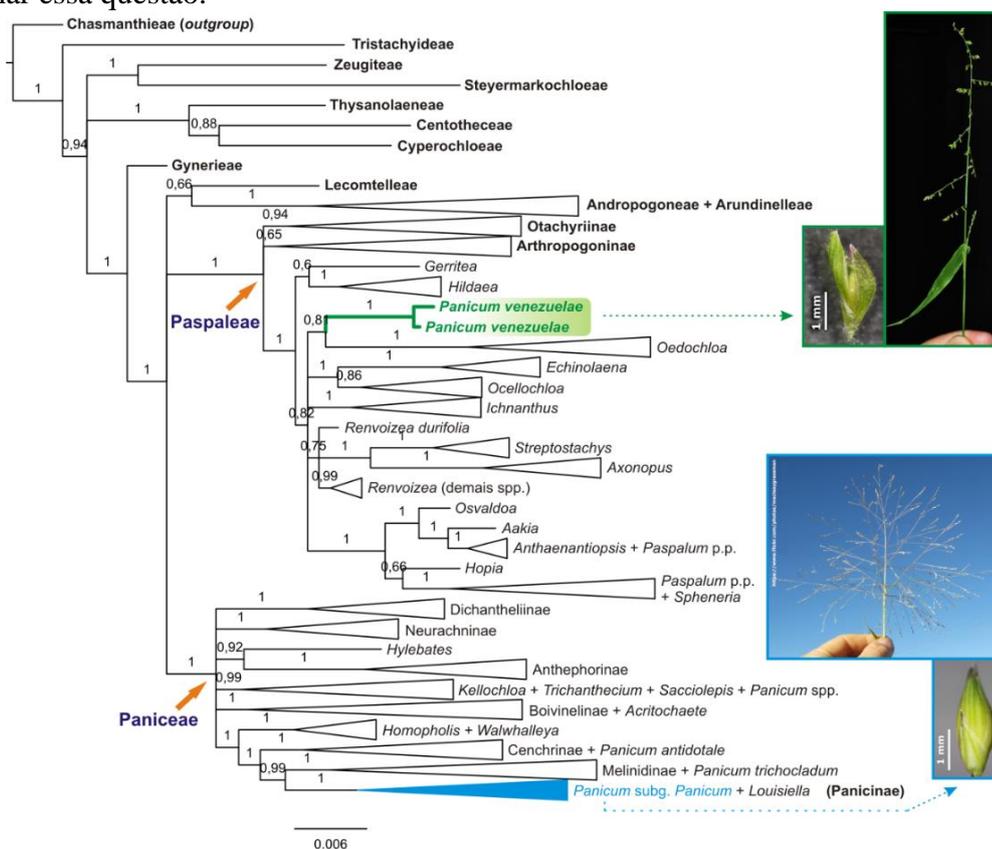


Figura 1. Árvore de consenso de maioria resultante da análise Bayesiana do gene *ndhF*, com valores de probabilidade posterior acima dos ramos. Os clados foram colapsados para facilitar a visualização dos relacionamentos.

Referências bibliográficas

- SILVA, C.; BESNARD, G.; PIOT, A.; RAZANATSOA, J.; OLIVEIRA, R. P.; VORONTSOVA, M. S. Museomics resolve the systematics of an endangered grass lineage endemic to north-western Madagascar. **Annals of Botany**, v. 119, p. 339-351, 2017.
- SORENG, R. J.; PETERSON, P. M.; ROMASCHENKO, K.; DAVIDSE, G.; TEISHER, J. K.; CLARK, L. G.; PATRICIA BARBERÁ, P.; GILLESPIE, L. J.; ZULOAGA, F. O. A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae) II: An update and a comparison of two 2015 classifications. **Journal of Systematics and Evolution**, v. 55, n. 4, p. 259- 290, 2017.
- ZULOAGA, F. O.; SALARIATO D. L.; SCATAGLINI, A. Molecular phylogeny of *Panicum* s. str. (Poaceae, Panicoideae, Paniceae) and insights into its biogeography and evolution. **PLoS ONE**, v. 13, n. 2, e0191529, 2018.

Palavras-chave: Gramíneas. Marcadores moleculares. Sistemática.