

FILOGENIA DE *Panicum venezuelae* (POACEAE): EVIDÊNCIAS DAS REGIÕES NDHF, ITS E ETS¹

Júlia C. Hillmann², R. Patrícia de Oliveira³, Juan M. Acosta⁴, Fernando O. Zuloaga⁴, Christian 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 Botánica Darwinion, San Isidro, Buenos Aires, Argentina

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

Panicoideae, uma das subfamílias mais diversas das gramíneas (Poaceae), abrange ca. 3241 espécies em 247 gêneros e 13 tribos (SORENG *et al.*, 2017). Dentre essas tribos, destaca-se Paniceae, a maior tribo da subfamília, e Paspaleae, com histórico taxonômico compartilhado (SORENG *et al.*, 2017). O gênero *Panicum* já foi um dos mais diversos em Poaceae, porém, como foi diagnosticado como polifilético em estudos filogenéticos moleculares, hoje inclui espécies realocadas em vários gêneros de Paniceae e Paspaleae (ZULOAGA *et al.*, 2018). Contudo, *Panicum* ainda não é monofilético, visto que há espécies que já foram diagnosticadas fora do clado de *P. subg. Panicum*. Uma dessas espécies é *P. venezuelae*, cujo posicionamento filogenético ainda é incerto (SILVA *et al.*, 2017), o que é avaliado no presente estudo com base em sequências de marcadores plastidiais e nucleares.

A amostragem incluiu representantes da tribo Paspaleae, com enfoque na subtribo Paspalinae, abrangendo 14 de seus 17 gêneros (*ingroup*). *Orthoclada laxa* foi selecionada como *outgroup*. Foram usadas sequências de *ndhF* (plastidial) e ITS e ETS (nucleares) geradas por Silva *et al.* (2015, 2017, 2020), bem como sequências do GenBank e sequências inéditas de *P. venezuelae* e dos gêneros *Anthaenantiopsis*, *Axonopus*, *Hopia* e *Osvaldoa*, geradas no presente estudo. Os dados foram analisados de forma individual e combinada por meio de inferência Bayesiana, utilizando o software MrBayes v.3.2.6 via CIPRES. Os modelos evolutivos para cada partição foram estimados através do MrModeltest v.2.3, incluindo um modelo para os *indels*, codificados utilizando o SeqState.

Não foram identificados conflitos de topologia com suporte significativo envolvendo *Panicum venezuelae*, portanto, aqui serão ilustrados apenas os resultados da análise combinada (Fig. 1A). As sequências de *P. venezuelae* foram recuperadas como irmãs com suporte máximo (1 PP) em todas as topologias (e.g. Fig. 1A). A análise de *ndhF* recuperou o clado *P. venezuelae* como grupo-irmão de *Oedochloa*, apresentando suporte significativo (0,95 PP). Já na análise de ETS o clado *P. venezuelae* foi recuperado como grupo irmão de *Echinolaena*, enquanto na análise do ITS foi recuperado como grupo irmão de *Renvoizea*. Porém, em ambas não houve suporte significativo (0,76 PP e 0,80 PP, respectivamente). Na análise combinada o clado *P. venezuelae* se manteve como grupo irmão de *Oedochloa*, no entanto, o suporte reduziu consideravelmente para 0,59 PP (Fig. 1A).

O resultado da análise do gene plastidial *ndhF* corrobora os achados de Silva *et al.* (2017) que recuperaram *Panicum venezuelae* (Fig. 1B) como mais próxima a *Oedochloa* (Fig. 1C).

Porém, as regiões nucleares aparentemente contam uma história diferente para o táxon, sugerindo um possível relacionamento com *Echinolaena* (Fig. 1D) ou *Renvoizea* (Fig. 1E). Embora sejam gêneros relativamente distintos morfologicamente, apresentam espécies com apêndices na ráquia e espiguetas lateralmente comprimidas, caracteres também presentes em *P. venezuelae*. Em suma, o posicionamento de *P. venezuelae* permanece incerto, mas nenhum dos marcadores avaliados até o momento recuperou a espécie fora de Paspalinae, tampouco dentro do clado de algum de seus gêneros. Sendo assim, sugere-se que *P. venezuelae* seja formalmente segregada de *Panicum*, de modo a torná-lo monofilético.

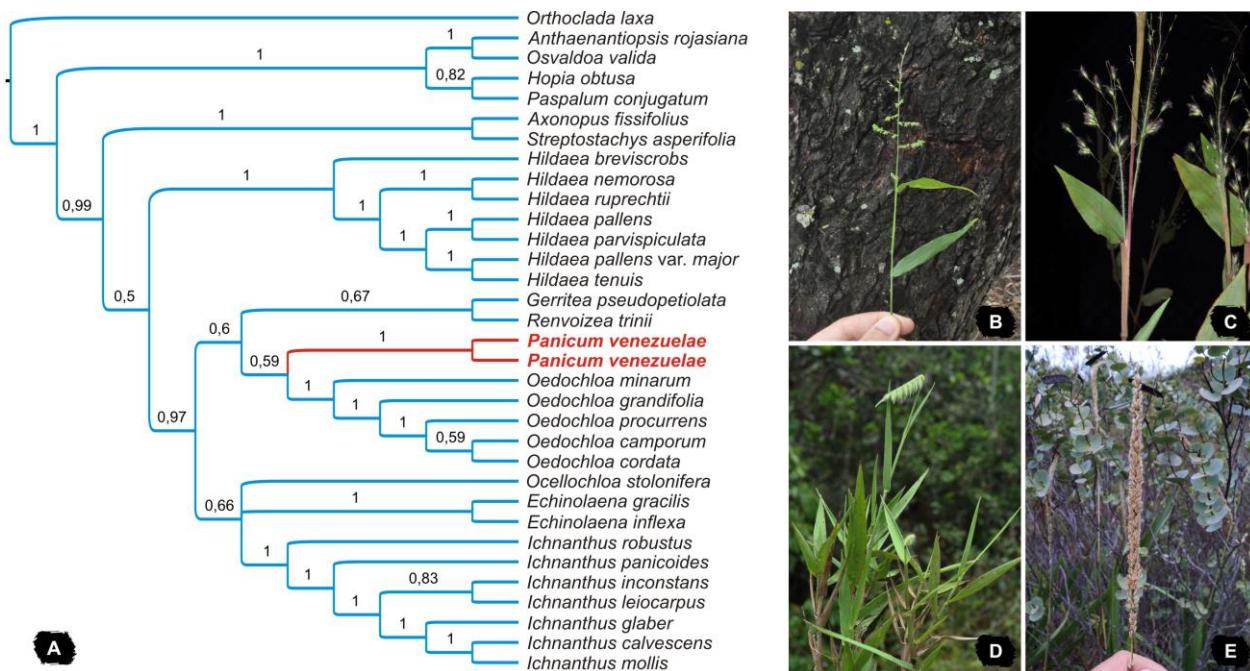


Figura 1. A. Árvore resultante da análise Bayesiana do *ndhF*, *ITS* e *ETS* com valores de probabilidade posterior acima dos ramos. B. *Panicum venezuelae*. C. *Oedochloa cordata*. D. *Echinolaena inflexa*. E. *Renvoizea* sp.

Referências bibliográficas

- SILVA, C. et al. Phylogenetic relationships of *Echinolaena* and *Ichnanthus* within Panicoideae (Poaceae) reveal two new genera of tropical grasses. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 93, p. 212-233, 2015.
- SILVA, C. et al. Museomics resolve the systematics of an endangered grass lineage endemic to north-western Madagascar. **Annals of Botany**, v. 119, p. 339-351, 2017.
- SILVA, C. et al. Assessing the molecular diversity of *Hildaea* (Poaceae, Panicoideae): reaching a compromise between the splitter and the lumper. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 192, p.121-147, 2020.
- SORENG, R. J. et al. 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 neotropicais. Paspalinae. Sistemática molecular.