

Modalidade do trabalho: Relato de experiência
Evento: XXIV Seminário de Iniciação Científica

ABORDAGEM DA ÁRVORE FILOGENÉTICA DE CINCO ESPÉCIES DO GÊNERO PASPALUM L. (POACEAE)¹

Andressa Palharini Machado², Cristiano Guilherme Voigt³, Douglas De Jesus⁴, Mara Lisiane Tissot Squalli Houssaini⁵, Juliana Maria Fachineto⁶.

¹ Projeto de Pesquisa no Curso de Ciências Biológicas da Unijuí durante a disciplina de Evolução

² Aluna do Curso de Ciências Biológicas - Unijuí Bolsista PET(MEC/SESU)

³ Aluno do curso de Ciências Biológicas - Unijuí

⁴ Aluno do curso de Ciências Biológicas - Unijuí

⁵ Docente no curso de Ciências Biológicas – UNIJUI, tutora PET (MEC/SESU), Grupo de Pesquisa Biodiversidade e Ambiente – AMBIO.

⁶ Docente no curso de Ciências Biológicas - Unijuí

INTRODUÇÃO

O gênero *Paspalum* (Poaceae) tem ampla distribuição geográfica no planeta; abrangendo regiões de clima tropical, subtropical e temperado. No continente americano tem significativa representatividade (SANTOS, 2006). *Paspalum* é composto por cerca de 300 espécies (BARRETO 1974, apud BATISTA, 2000), grande parte delas ocorrem no território brasileiro, em diferentes formações vegetais e sob condições ecológicas variadas (BATISTA, 2000). As espécies de *Paspalum* se caracterizam por compor a vegetação dos campos naturais em muitas regiões, sendo difícil identificar alguma formação vegetal brasileira na qual não haja espécies do gênero (BATISTA, 2000), muitas delas com valor forrageiro (MEIRELLES et al., 2013).

Esse gênero destaca-se, principalmente, na fisionomia dos campos nativos do Bioma Pampa, o qual integra grande parte do território do Rio Grande do Sul (62,2% do território), parte da Argentina e todo o território do Uruguai (BOLDRINI et al., 2010). O Pampa apresenta um papel significativo na conservação da biodiversidade, pois apresenta riqueza de flora e fauna ainda pouco pesquisadas (BINKOWSKI, 2009).

A ocorrência de um grande número de espécies do gênero *Paspalum* em diversos pontos do continente americano, em especial na região sul, sugere ser este o centro de origem e diversificação genética de grande parte das espécies, como proposto por diversos pesquisadores e sistematizado por Batista (2000). Na fisionomia dos campos do Pampa o gênero *Paspalum* destaca-se entre as Poaceae nos campos bem drenados, mas está presente também em outras condições hídricas.

A alta percentagem de solo descoberto associada à dominância de espécies cespitosas eretas e de ciclo estival é característica nos campos da região, conforme descrito em Boldrini (1997). Espécies que apresentam alta frequência na vegetação estabelecida e alta taxa de frutificação como o gênero *Paspalum* nos campos do Litoral, apresentaram alta frequência no banco de sementes do solo (Garcia 2005).

Modalidade do trabalho: Relato de experiência
Evento: XXIV Seminário de Iniciação Científica

Devido à importância desse gênero, o objetivo deste trabalho foi elaborar uma proposta de relação filogenética de cinco espécies de *Paspalum*, a partir de sequências de DNA obtidas em um banco de dados genéticos situado em plataforma virtual de livre acesso.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizadas informações de cinco espécies do gênero *Paspalum* (*P. quadrifarium*, *P. urvillei*, *P. conjugatum*, *P. scrobiculatum*, *P. vaginatum*) e uma espécie do gênero *Saccharum* (*S. giganteum*) representando o grupo externo. As sequências genéticas das espécies foram obtidas no Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia (NCBI). Como marcador foi utilizado o gene *Mat-k*. As sequências de DNA selecionadas para análise foram alinhadas no programa *Mega 7* pelo *MUSCLE*. Disponível no site www.megasoftware.net para download. O alinhamento foi corrigido manualmente.

Para a construção da árvore filogenética foi utilizado o método de máxima parcimônia (MP) e para medir o grau de confiabilidade da árvore filogenética gerada foi utilizado o teste de *Bootstrap* com mil repetições.

O método de máxima parcimônia, segundo Schneider (2007), está baseado na suposição de que a árvore que representa a filogenia do grupo em estudo é a que apresenta o menor número de passos evolutivos para explicar toda a variação observada na matriz de dados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir dos dados analisados foi possível obter, nestas sequências, 700 pares de bases, a conservação da sequência foi de 626 sítios, que se mantiveram iguais em todas as sequências. Já 33 sítios foram variáveis, sendo apenas 5 parcimoniosamente informativos e com alguma importância na análise.

Obteve-se oito árvores mais parcimoniosas (comprimento=32 passos). O índice de consistência e o índice de retenção foram 1.00.

O único agrupamento que apresentou suporte (*Bootstrap*=100) foi o de *Paspalum quadrifarium* e *P. urvillei*. As demais espécies não formaram ramos suportados (figura 1).

A partir do teste de *Bootstrap*, foram estabelecidos os graus de confiança da árvore de parcimônia. Somente foram mantidos os graus de confiança que ficaram acima de 50%. Os ramos com suporte abaixo desse valor foram excluídos e se estabeleceram as politomias (também chamadas de pentes), ramos que não apresentaram confiança sustentada a partir do teste de *Bootstrap*.

O valor de *bootstrap* decorrente do alinhamento entre as espécies *P. quadrifarium* e *P. urvillei* que resultou em 100%, é um valor considerado significativo para apoiar a confiabilidade da relação de parentesco apresentada na árvore filogenética. Deste modo, a relação estabelecida na árvore entre *P. quadrifarium* e *P. urvillei* sugere a existência de um ancestral comum a ambas, ou seja, estas duas espécies são mais proximamente relacionadas do que com as demais.

A relação filogenética entre *P. quadrifarium* e *P. urvillei* representada na árvore não é facilmente explicada. A região sul do continente americano parece ser o local de origem e diversificação da maioria das espécies do gênero *Paspalum* (BATISTA, 1998). Estas duas espécies são nativas do Rio grande do Sul (LOPES e FRANKE, 2011; BARRETO, 1974 apud BATISTA 1998). Possivelmente, estas espécies divergiram em um local restrito; sua grande similaridade genética pode ser decorrente

Modalidade do trabalho: Relato de experiência
Evento: XXIV Seminário de Iniciação Científica

de uma separação mais recente. Por outro lado, essa similaridade genética poderia ser um efeito da falta de suporte em geral da árvore filogenética, do número pequeno de espécies estudadas, bem como pelo reduzido número de sítios variáveis e informativos utilizados na construção da árvore. As espécies representadas em politomias no cladograma foram *P. conjugatum*, *P. scrobiculatum* e *P. vaginatum*, além da espécie utilizada como grupo externo *Saccharum giganteum*. O valor de Bootstrap para estes táxons resultou inferior a 50%, o que, segundo Schneider (2007), é fraco e estes grupos devem ser considerados, portanto, como não resolvidos. Em relação a estas espécies, a falta de um maior número dados moleculares variáveis entre elas foi, possivelmente, o fator que desencadeou a formação de politomias. Assim, o número reduzido de dados utilizados impossibilitou a interpretação da relação filogenética destes grupos. FIGURA 1

CONCLUSÃO

Das espécies estudadas neste trabalho, *Paspalum quadrifarium* e *Paspalum urvillei* foram as únicas que apresentaram um agrupamento na árvore gerada. Elas tiveram um suporte de 100% em relação às outras espécies, que estabeleceram valor abaixo de 50%. De modo geral, os resultados são poucos confiáveis, pois as sequências de DNA não tiveram muitas variações e a árvore gerada apresentou baixa resolução. Para análises mais confiáveis serão necessários novos estudos e a utilização mais sequências genéticas e mais espécies, afim de aumentar o número de sítios informativos.

REFERÊNCIAS

- BATISTA, L.; NETO, A. Espécies do género *Paspalum* com potencial forrageiro. Embrapa Pecuária Sudeste, 2000.
- BATISTA, L.; GODOY, R. Capacidade de produção de sementes em acessos do género *Paspalum*. Revista Brasileira de Zootecnia, v. 27, n. 5, p. 841-847, 1998.
- BINKOWSKI, P. Conflitos ambientais e significados sociais em torno da expansão da silvicultura de eucalipto na “Metade Sul” do Rio Grande do Sul. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento Rural) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Ciências Econômicas, Programa de PósGraduação em Desenvolvimento Rural, Porto Alegre, 2009.
- BOLDRINI I.I. 1997. Campos do Rio Grande do Sul: caracterização fisionômica e problemática ocupacional. Boletim do Instituto de Biociências da Universidade Federal do Rio Grande do Sul 56: 1-39.
- BOLDRINI, I. I.; FERREIRA, P. M. A.; ANDRADE, B. O.; SCHNEIDER, A. A.; SETUBAL, R. B.; TREVISAN, R; FREITAS, E.M. Bioma Pampa: diversidade florística e fisionômica. Porto Alegre, editora Pallotti, 2010. 64 p.
- GARCIA E.N. 2005. Subsídios a conservação de campos no norte da Planície Costeira do Rio Grande do Sul, Brasil. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- LIMA MEIRELLES, Paulo Roberto de et al. Germoplasma do género *Paspalum* com potencial para produção de forragem. Bioscience Journal, p. 1587-1595, 2013.
- LOPES, R.; FRANKE, L. Produção de sementes de quatro ecótipos de *Paspalum* nativos do Rio Grande do Sul. Revista Brasileira de Zootecnia, v. 40, p. 20-30, 2011.
- SANTOS, Iris Almeida dos. Lista Atualizada das Espécies de *Paspalum* L. (POACEAE) Ocorrentes no Bioma Cerrado. Estud. Biol., v. 28, n. 65, p. 33-39, Out. /Dez., 2006.

Modalidade do trabalho: Relato de experiência
Evento: XXIV Seminário de Iniciação Científica

SCHNEIDER, Horacio. Métodos de análises filogenética: um guia prático; 2ª edição. Ribeirão Preto: Holos, Editora e Sociedade Brasileira de Genética, 2007.

Figura 1- Árvore filogenética de máxima parcimônia (MP) das cinco espécies do gênero *Paspalum* estudadas, utilizando-se o gene *Mat- k* como marcador; grau de confiabilidade pelo teste de Bootstrap. Gerada pelo programa Mega 7.

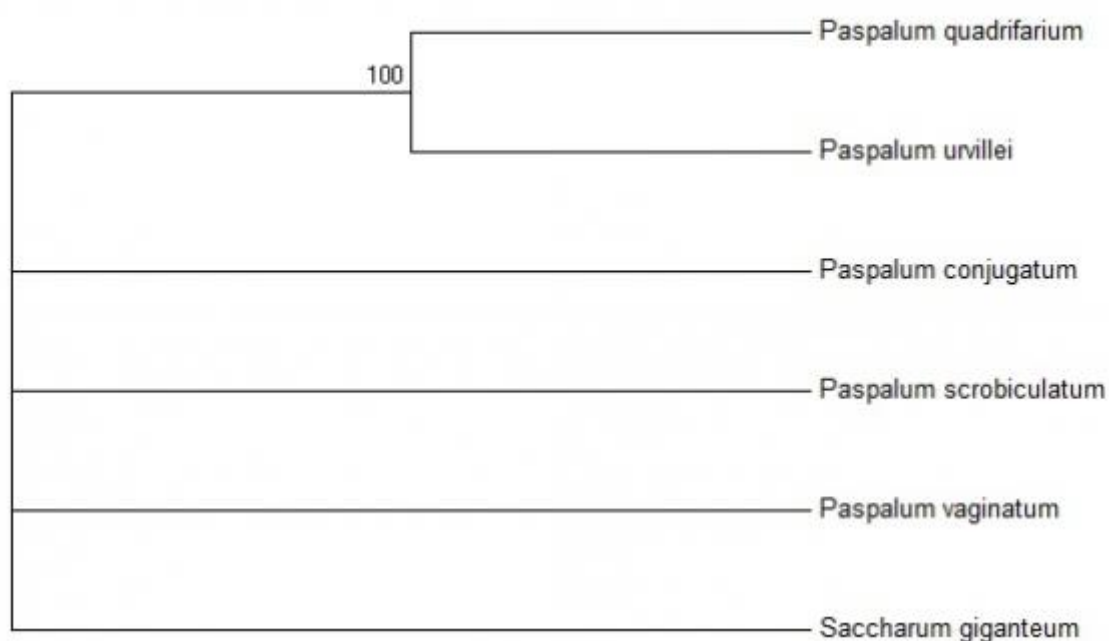


Figura 1- Árvore filogenética de máxima parcimônia (MP) das cinco espécies do gênero *Paspalum* estudadas, utilizando-se o gene *Mat- k* como marcador; grau de confiabilidade pelo teste de Bootstrap. Gerada pelo programa Mega 7.