

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC
UFRGS
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	ANÁLISE FILOGENÉTICA DO COMPLEXO <i>Chascolytrum subaristatum</i> (Lam.) Desv. (Poaceae): resultados preliminares
Autor	RAMONNA DE OLIVEIRA
Orientador	TATIANA TEIXEIRA DE SOUZA CHIES

ANÁLISE FILOGENÉTICA DO COMPLEXO *Chascolytrum subaristatum* (Lam.) Desv. (Poaceae): resultados preliminares

Autor: Ramonna de Oliveira
Coorientador: Leonardo Nogueira da Silva
Orientadora: Tatiana Teixeira de Souza Chies

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O gênero *Chascolytrum* compreende 22 espécies originárias do Novo Mundo, sendo o Sul do Brasil seu centro de diversidade com a ocorrência de 18 espécies das quais seis são endêmicas. Dentre as espécies do gênero, *Chascolytrum subaristatum* apresenta maior amplitude geográfica, ocorrendo com frequência em regiões temperadas ou subtropicais da América do Sul, no sul do Brasil, Uruguai, Paraguai, Chile, Bolívia e Colômbia, da Argentina ao oeste do Peru, se estendendo até Guatemala e México, bem como grande variação morfológica em caracteres vegetativos e reprodutivos. Atualmente, a circunscrição de *C. subaristatum* inclui em sua sinonímia morfotipos anteriormente identificados como *Briza subaristata*, *B. macrostachya* e *B. erecta*, embora estas já tenham sido consideradas espécies distintas por diversos autores, com base em características morfológicas e ecológicas. Estudos anteriores baseados no uso de marcadores moleculares do tipo ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) para resolução taxonômica do complexo *C. subaristatum* não permitiram o reconhecimento de espécies distintas. Contudo, marcadores do tipo ISSR não são os mais adequados para inferir relações de parentesco entre táxons, sendo apropriados para estimar diversidade genética em níveis infraespecíficos. Mais tarde, as espécies *C. latifolium* e *C. altimontanum* foram descritas e incluídas neste complexo devido às afinidades morfológicas com *C. subaristatum*. Além disso, por *C. altimontanum* apresentar afinidades morfológicas com *C. paleapiliferum*, espécie restrita à região central da Argentina, esta também foi incluída no complexo. Neste sentido, este estudo tem como objetivo a reconstrução das relações filogenéticas das espécies incluídas no complexo *C. subaristatum* em relação às demais espécies do gênero, visando o suporte para decisões taxonômicas, como o reconhecimento de “*Briza erecta*” como uma espécie distinta. A amostragem compreende acessos incluídos em estudos anteriores disponíveis no Banco de DNA do Laboratório de Sistemática Molecular da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), sequências disponíveis no GenBank e novas amostras obtidas em expedições de campo realizadas entre setembro de 2014 e dezembro de 2016 em diferentes formações fisiográficas da Região Sul do Brasil e do Uruguai. Além do material testemunho a ser incorporado no Herbário do Instituto de Biociências (ICN), foram coletadas folhas jovens em sílica gel e o DNA genômico foi extraído utilizando o método CTAB. Além do gene nuclear GBSSI e do espaçador intergênico plastidial *trnL-trnF*, anteriormente utilizados em filogenias moleculares envolvendo o grupo, novos fragmentos plastidiais, como o íntron *rps16* e os espaçadores *ndhF-rpl32* e *petA-psbJ*, serão incluídos devido às altas taxas de variabilidade em níveis intraespecíficos. Até o momento, foram amplificados 60 acessos para os marcadores plastidiais *trnL-trnF* e *rps16*. Destes, 52 pertencem ao gênero *Chascolytrum*, contemplando 19 espécies do gênero e um provável novo táxon para a ciência. 29 acessos pertencem a diferentes morfotipos de *C. subaristatum* (*B. subaristata*, *B. macrostachya* e *B. erecta*), dois de *C. latifolium*, dois de *C. paleapiliferum*. O grupo externo foi representado por três espécies do gênero euroasiático *Briza* e pela espécie *Bromidium hygrometricum* Nees & Meyen. Os dois fragmentos amplificados apresentam entre 800 e 1000bp. As amostras serão purificadas com PEG 20% e enviadas para sequenciamento. Como o estudo ainda está em andamento, estima-se que até outubro de 2017 todas as sequências já tenham sido obtidas e as análises concluídas.