

(BIOTECNOLOGIA E MEIO AMBIENTE) RECONSTRUÇÃO DO NÚMERO CROMOSSÔMICO ANCESTRAL E FILOGENIA MOLECULAR DE ESPÉCIES DA TRIBO CYMBIDIEAE (ORCHIDACEAE), COM ÊNFASE NAS ESPÉCIES AMAZÔNICAS

Encontro Nacional dos Estudantes de Biotecnologia, 8ª edição, de 26/07/2021 a 30/07/2021
ISBN dos Anais: 978-65-89908-64-7

SANTOS; Maria Fernanda Cerávolo Correa dos Santos¹, TRALDI; Josiane B.², AMORIM; Bruno S.³, PINANGÉ; Diego S. B.⁴

RESUMO

A família Orchidaceae é um dos maiores grupos vegetais com flor, compreendendo cerca de 8% de todas as espécies de plantas vasculares, as quais crescem em diversos habitats ao redor do mundo. A tribo *Cymbidieae*, que está inserida no grupo mais diverso dentro de Orchidaceae, a subfamília Epidendroideae. São consideradas de alto valor ornamental por causa de suas flores complexas de rara beleza e fascinam pesquisadores devido as suas síndromes de polinização e as diversas questões referente a delimitação de espécies dentro do grupo. Com isso, estudos integrativos como a citogenética se destacam por fornecer informações fundamentais no contexto da sistemática, além de estabelecer um importante papel em relações filogenéticas, que esclarecem *insights* sobre a história evolutiva e lacunas taxômicas que ainda permanecem entre os representantes da tribo *Cymbidieae*. Em vista disso, o objetivo do trabalho foi gerar uma hipótese filogenética e realizar análises de reconstrução ancestral do número cromossômico. A metodologia empregada foi, primeiramente, uma pesquisa bibliográfica para analisar quais espécies dentro da tribo possuíam dados citogenéticos. Após esta etapa, foi realizada a busca das sequências de *ITS*, *matK*, *rbcL*, *trnL-trnF* e *Ycf1* de espécies que tinham contagens cromossômicas conhecidas, disponíveis no *GenBank*. Em seguida, as sequências foram alinhadas no programa *Geneious*, empregando o algoritmo MUSCLE. A reconstrução filogenética foi realizada, inserindo duas espécies de outra tribo, como estratégias de enraizamento. Por fim, a reconstrução de caráter foi realizada utilizando os programas RASP e o ChromEvol. A análise filogenética demonstra que a recuperação da tribo se caracterizou como monofilética com valor de *Bootstrap* (BS) de 100%, dividida em três grandes clados e outros três menores, com todos agrupando espécies de uma mesma subtribo e todos foram recuperados com um suporte significativo, acima de BS=96. Na reconstrução ancestral, o número cromossômico $n=20$ foi recuperado com maior probabilidade de ser a condição plesiomórfica de todas as subtribos analisadas. A contagem mais provável para a subtribo *Cymbidiinae* foi $n=20$. Porém *Cymbidium eburneum* foi recuperado como uma espécie possivelmente poliplóide, com $n=40$. A análise do ChromEvol recuperou para a tribo o número cromossômico $n=22$, o principal rearranjo detectado foi a displóidia ascendente e descendente. Assim, tal análise sugeriu que as espécies *Cymbidium eburneum*, *Catasetum discolor* e *Christensonella madida* foram as únicas a passarem, exclusivamente, pelos eventos de poliploidia, tendo a displóidia como o principal evento evolutivo na modelagem dos cariótipos das espécies analisadas. Agradecimentos: CNPq, PIBIC/PAIC/UFAM 2020/2021 (PIB-B/0071/2020)

PALAVRAS-CHAVE: Ancestralidade cromossômica, *Cymbidieae*, reconstrução filogenética, Amazônia

¹ Universidade Federal do Amazonas, Departamento de Genética, Laboratório de Evolução Aplicada, Manaus, AM, Brasil., fernandaceravolo17@gmail.com

² Universidade Federal do Amazonas, Departamento de Genética, Laboratório de Citogenética Animal, Manaus, AM, Brasil., josianetraldi@ufam.edu.br

³ Universidade do Estado do Amazonas, Pós-Graduação em Biotecnologia e Recursos Naturais da Amazônia (PPGMBT-UEA), brunosarim@yahoo.com.br

⁴ Universidade Federal do Amazonas, Departamento de Genética, Laboratório de Evolução Aplicada, Manaus, AM, Brasil., diegosotero@ufam.edu.br