

FILOGENIA E VARIAÇÃO DO TAMANHO DO GENOMA EM BOMBACOIDEAE (MALVACEAE)

V Seminário de Pesquisa, Inovação e Pós-Graduação da Universidade Federal de Uberlândia (Iniciação Científica), 1ª edição, de 04/11/2025 a 13/11/2025
ISBN dos Anais: 978-65-5465-171-4

BARROSO; Geovanna Maria de Souza¹

RESUMO

A subfamília *Bombacoideae* (Malvaceae) é composta por espécies arbóreas predominantes em regiões tropicais e apresenta ampla variação no número cromossômico e no tamanho do genoma, frequentemente associada à apomixia. Contudo, estudos filogenéticos ainda negligenciam esses dados, limitando a compreensão dos processos evolutivos do grupo. Este trabalho tem como objetivo investigar como as variações no tamanho do genoma e nos sistemas reprodutivos se relacionam com a evolução da subfamília. Para isso, realizamos a extração e amplificação de DNA da região cloroplastidial **trnS-trnG** em diferentes espécies de Bombacoideae, integrando dados de citometria de fluxo e número cromossômico, com ênfase em espécies do Cerrado. Pela primeira vez, foram incluídas sequências de citótipos com variação no tamanho do genoma e no modo reprodutivo, além da espécie recentemente descrita *Eriotheca luzensis*. As sequências obtidas foram processadas e alinhadas com o auxílio dos softwares Chromas e MEGA11. Os resultados corroboram análises anteriores, indicando que as espécies apresentam genomas de grande porte (2,50 pg a 10,76 pg). Os maiores valores foram registrados em espécies do gênero *Eriotheca*, sendo *E. luzensis* aquela com o maior genoma, além de apresentar poliembrião, fenômeno associado à apomixia. Os diferentes citótipos analisados em *E. crenulata* e *E. pubescens* mostraram-se filogeneticamente distintos, posicionando-se em ramos separados da árvore, sugerindo diferenciação entre esses grupos. Assim, a integração de dados moleculares e citogenéticos contribui para esclarecer relações filogenéticas dentro de Bombacoideae e reforça a importância das espécies do Cerrado na diversificação de linhagens neotropicais, além de oferecer subsídios valiosos para estratégias de conservação.

PALAVRAS-CHAVE: Bombacoideae, Tamanho do genoma, Filogenia, Cerrado, Poliploidia

¹ Universidade Federal de Uberlândia , geovanna.barroso@ufu.br