

138

ANÁLISE FILOGENÉTICA DA FAMÍLIA ORCHIDACEAE COM BASE NO GENE DA MATURASE MATK. *Juline Marta Walter, Aline Jaime Leal, Rocco Alfredo Di Mare (orient.)* (UFSM).

A família Orchidaceae compreende aproximadamente 850 gêneros e 20.000 espécies arranjadas em cinco subfamílias: Apostasioideae, Cypripedioideae, Orchidoideae, Spiranthoideae e Epidendroideae, baseadas principalmente no número e posição das anteras. Poucos estudos taxonômicos aliados a técnicas moleculares dessa família foram realizados. O objetivo deste trabalho é apresentar inferência filogenética de algumas espécies de quatro subfamílias com base em seqüências obtidas em rede (NCBI) do gene da maturase *matK*. Esse gene cloroplástico, geralmente de 1342pb, é um intron que codifica a proteína multifuncional maturase. Os programas utilizados para o alinhamento e construção das árvores foram CLUSTALW, GeneDoc e MEGA. A inferência filogenética gerada pelo programa MEGA deveu-se ao método de bootstrap com mil repetições associado aos critérios Neighbor-joining e Máxima Parcimônia. O outgroup *Yucca schidigera*, pertence à família Agavaceae. Ambos critérios empregados apresentaram árvores similares, tanto na disposição das espécies nos clados quanto na frequência de bootstrap. Historicamente, Apostasioideae tem sido considerada a subfamília mais primitiva seguida por Cypripedioideae (Cameron et al., 1999). Isso confere com os resultados obtidos, pois o gênero *Apostasi* é monofilético e é o grupo mais basal. O gênero *Chamaeangis* também é monofilético para as suas espécies, sendo considerado gênero irmão de *Diaphanthe* de acordo com o suporte de 94% de bootstrap obtido pelo critério de Neighbor-joining. Confirmou-se no presente estudo que os gêneros *Phragmipedium* e *Paphiopedilum* são grupos irmãos. O gênero *Cypripedium* está relacionado aos outros dois gêneros irmãos acima citados por suporte de 98% de bootstrap. Cada vez mais ferramentas moleculares estão sendo utilizadas para novos estudos evolutivos acerca das espécies. Isso se faz necessário para podermos analisar, comparar e se for preciso, realocar espécies do seu local original para outro mais consensual na ampla rede taxonômica.