



XIV Seminário de Iniciação Científica
Universidade Federal de Juiz de Fora
15 a 17 de outubro de 2008



Área: Ciências Biológicas

Projeto: ANÁLISE FILOGÊNICA EM ESPÉCIES DE *LIPPIA* SPP. (VERBENACEAE) DA CADEIA DO ESPINHAÇO_MG COM O USO DE CARACTERES MOLECULARES.

Orientador: Lyderson Facio Viccini

Bolsistas:

Camila De Sousa Queiroz (XVI PIBIC)

Chrystian Junqueira Alves (XVI PIBIC)

Participantes:

Fernanda Sampaio (Aluno Participante)

Marco Antonio Machado (Co-Orientador)

Karla Yotoko (Co-Orientador)

Resumo:

O gênero *Lippia* é um dos principais gêneros da família Verbenaceae. O número de espécies é considerado próximo a 200 e grande parte destas se destacam por suas propriedades medicinais. Dentro do gênero *Lippia* tem sido identificados problemas de delimitação taxonômica, como é o caso de *L. rotundifolia* e *L. lacunosa*, *L. glandulosa* e *L. microphylla* além de *L. sidoides* e *L. salviifolia*. O objetivo deste trabalho foi analisar filogeneticamente 24 táxons com base em seqüências de DNA da região nuclear ITS e cloroplastidial TrnL-F, tab ab, tab cd e tab ef. Além disso, características morfológicas e de número cromossômico associados aos dados moleculares foram utilizados para auxiliar na elucidação dos problemas taxonômicos citados. Realizou-se a extração do DNA, amplificação e purificação das regiões de interesse e posterior seqüenciamento. As análises foram feitas com três métodos diferentes, máxima verossimilhança, máxima parcimônia e método bayesiano. Os resultados da árvore construída com dados da região ITS revelaram ramos bem sustentados, dentre os quais destaca-se o que reúne todas as espécies estudadas da seção *Goniostachyum*, evidenciada pela análise bayesiana com 93% de probabilidade posterior e pela uniformidade do número cromossômico $2n=24$. As outras duas seções, *Zapania* e *Rhodolippia* apareceram como parafiléticas. Os dados para a região de TrnL-F não demonstraram variabilidade suficiente para a maioria das seqüências. No entanto a árvore para a região TrnL-F tab ab permitiu considerar um ponto importante para a discussão dos problemas taxonômicos. O clado constituído pelas espécies *L. corymbosa*, *L. lacunosa* e *L. rotundifolia*- 99% de probabilidade posterior. Na árvore para a região ITS ocorreu o agrupamento de *L. corymbosa* e *L. lacunosa* com 93% de probabilidade posterior acentuando a hipótese de parentesco que as envolve. Além da semelhança morfológica entre tais espécies, dados citogenéticos revelaram que as espécies *L. lacunosa* e *L. rotundifolia* possuem $2n=56$ e *L. corymbosa* $2n=28$, o que corrobora a grande proximidade entre elas. Quanto ao problema envolvendo *L. glandulosa* e *L. microphylla*, os resultados obtidos indicam a existência de um complexo morfológicamente muito variado que leva a problemas na identificação dessas duas espécies. No caso de sinonimização de *L. sidoides* e *L. salviifolia* as análises para a região ITS revelaram grande complexidade uma vez que as três populações analisadas de *L. sidoides* aparecem em ramos diferentes. É possível que a alta plasticidade fenotípica e a ampla ocorrência de *L. sidoides* possam explicar tal comportamento. De forma geral, o gene ITS permitiu a identificação de uma seção monofilética e reforçou a problemática da seção *Zapania*, que se mostrou parafilética. Já o gene TrnL-F, apesar de limitado pela ausência de polimorfismo entre as espécies, revelou-se decisivo para a compreensão do parentesco que envolve *L. corymbosa*, *L. lacunosa* e *L. rotundifolia*.

Auxílio financeiro: CNPq, Fapemig