

Sistemática Molecular de Metastelmatinae (Apocynaceae) com Ênfase em espécies Endêmicas da Chapada Diamantina, Bahia, Brasil

Uiara Catharina Soares e Silva; Alessandro Rapini; Maria José Gomes de Andrade & Cássio van den Berg

Palavras-chave: Apocynaceae, Asclepiadoideae, campos rupestres, endemismos, marcadores plastídias.

INTRODUÇÃO

Estudos filogenéticos com dados moleculares em Asclepiadoideae Neotropicais (Rapini *et al.* 2003, 2006; Liede-Schumann *et al.* 2005) contribuíram de forma significativa para o entendimento das relações filogenéticas de alguns grupos, aprimorando a classificação da subfamília através da criação de subtribos (Liede-Schumann *et al.* 2005) e gêneros (Konno *et al.* 2006). Entretanto, as relações filogenéticas entre alguns táxons ainda são incertas. Nesse sentido, destaca-se a subtribo Metastelmatinae, uma das mais diversas no Brasil.

A delimitação interna em Metastelmatinae tem se mostrado extremamente complexa. Essa dificuldade é marcante no nível de gênero, sobretudo pela grande diversidade e pouco conhecimento das espécies sul-americanas. Soma-se a isso uma diversificação relativamente rápida e recente, que parece ser responsável por um descompasso entre a grande variabilidade morfológica observada e a baixa variabilidade detectada nos diversos marcadores plastídias utilizados até aqui. Há, também, uma grande dificuldade de se trabalhar com sequências nucleares de ITS devido à presença de parálogos divergentes, exigindo clonagem dos produtos de PCR (Liede *et al.* 2004; Rapini *et al.* 2006) e um grande número de homoplasias morfológicas característico de Asclepiadoideae.

Buscando entender as relações em Metastelmatinae, avaliando a posição taxonômica de espécies endêmicas da Chapada Diamantina, Bahia, Brasil (*Barjonia harleyi* Fontella, *Metastelma giuliettianum* Fontella, *M. harleyi* Fontella, *M. myrtifolium* Decne. e *Hemipogon harleyi* Fontella) foram

utilizados três marcadores plastídias (*trnT-F*, *trnS-G* e *rps16*).

MATERIAL E MÉTODOS

O DNA foi extraído de amostras de tecido vegetal (folhas e/ou botões) desidratados em sílica-gel. A amplificação das regiões selecionadas foi otimizada para cada *primer*, os produtos da PCR foram purificados e posteriormente seqüenciados.

Análises de Máxima Parcimônia (MP) foram realizadas para as três regiões individualmente e combinadas, utilizando o PAUP (Swofford 2002). Uma análise combinada das três regiões também foi realizada através de Inferência Bayesiana (IB), utilizando o programa MrBayes 3.1 (Ronquist & Huesenbeck 2003). Para tanto, as regiões foram particionadas e analisadas em conjunto, mas desligadas entre si, de modo que os parâmetros foram estabelecidos individualmente para cada uma delas. A sustentação dos clados foi avaliada através de *bootstrap* (BT) na MP e probabilidade posterior (PP) na IB.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Esse é o primeiro estudo em Asclepiadoideae a analisar *trnT-L*, *rps16* e *trnS-G* utilizando inferência bayesiana, destacando-se também por incluir sete espécies de Metastelmatinae ainda não investigadas em estudos filogenéticos. Ele é congruente com os estudos prévios (Fig. 1), apresentando alto suporte para as subtribos Metastelmatinae, Oxypetalinae e Gonolobinae, incluindo a posição de *Blepharodon lineare* (Decne.) Decne. como grupo irmão do restante de Metastelmatinae e

de *Funastrum clausum* (Jacq.) Schltr. como grupo irmão das demais Oxypetalinae.

O polifiletismo de *Ditassa* sugerido em estudos morfológicos e moleculares é aqui confirmado. *Metastelma giuliettianum*, *M. harleyi* e *M. myrtifolium* agruparam-se com *Ditassa burchellii* Hook & Arn., *D. hispida* (Vell.) Fontella e *D. retusa* Mart. em todas as análises, formando, na análise combinada, um clado altamente sustentado na IB (PP=100%), mas não na MP. As espécies de *Metastelma* da América Central, incluindo a espécie-tipo do gênero, *M. parviflorum* (Swartz) R. Br., aparecem em um clado à parte (BT=65% e PP=100%), não recuperado no consenso estrito da MP. A espécie-tipo de *Ditassa*, *D. banksii* Schult., no entanto, não tem uma posição definida no núcleo de *Metastelmatinae*, impedindo uma decisão taxonômica segura com base apenas nestes resultados.

Com exceção de *Hemipogon harleyi*, que se agrupou com as espécies de *Minaria*, as demais espécies do gênero, *H. carassensis* (Malme) Rapini, *H. hemipogonoides* (Malme) Rapini e *H. luteus* E. Fourn., apesar da baixa sustentação (BT=54% e PP=95%), formaram um clado. Pela ausência de corona nas flores, as espécies volúveis de *Hemipogon* eram incluídas em *Astephanus*, um gênero restrito à África. O conceito de *Hemipogon*, no entanto, foi recentemente ampliado de modo a acomodar espécies que, independentemente do hábito, apresentavam folhas estreitas. Esse é o primeiro estudo com dados moleculares sinalizando a proximidade filogenética de espécies eretas e de flores com corona (*H. hemipogonoides*) com espécies volúveis e de flores sem corona (*H. carassensis* e *H. luteus*) nesse gênero.

A proximidade de *Barjonia harleyi* e *Minaria*, inicialmente sugerida com base em morfologia (Konno *et al.* 2006), é altamente sustentada com dados moleculares. Surpreendente, no entanto, é a posição de *Hemipogon harleyi* (Fontella) Goyder, uma trepadeira, que juntamente com *B. harleyi* e *Minaria*, grupos essencialmente subarbustivos, forma um clado altamente sustentado (BS=97% e PP=100), mas não

resolvido. Essa tricotomia abre perspectivas interessantes para o entendimento da evolução das espécies nos campos rupestres da Cadeia do Espinhaço. Sua resolução poderá levar à hipótese de dispersão dessa linhagem a partir da Bahia, se diversificando em Minas Gerais, no caso das espécies baianas formarem um grado basal, ou à hipótese de uma dicotomia relativamente antiga entre as linhagens da porção mineira e da porção baiana da Cadeia do Espinhaço, com a primeira apresentando uma taxa de diversificação bem mais acentuada que a última.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos à Sigrid por sua colaboração, especialmente com seqüências de *Metastelma* da América Central.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- KONNO, T.U.P.; RAPINI, A.; GOYDER, D.J. & CHASE, M.W. 2006. The New genus *Minaria*. *Taxon*, 55: 421-430.
- LIEDE-SCHUMANN, S; RAPINI, A.; GOYDER, D.J. & CHASE, M.W. 2005. Phylogenetics of the New World subtribes of Asclepiadeae (Apocynaceae - Asclepiadoideae): *Metastelmatinae*, *Oxypetalinae*, and *Gonolobinae*. *Systematic Botany*, 30: 184-195.
- RAPINI, A.; CHASE, M.W.; GOYDER, D.J. & GRIFFITHS, J. 2003. Asclepiadeae classification: evaluating the phylogenetic relationships of New World Asclepiadoideae (Apocynaceae). *Taxon*, 52: 33-50.
- RAPINI, A.; CHASE, M. W. & KONNO, T.U.P. 2006. Phylogenetics of South American Asclepiadeae (Apocynaceae). *Taxon*, 55: 119-124.
- RONQUIST, F. & HUESENBECK, J. P. 2003. MrBayes 3. Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19: 1572-1574.
- SWOFFORD, D. L. 2002. *PAUP*: Phylogenetic Analysis using Parsimony (and other methods)*, version. 4 beta 10. Sunderland: Sinauer Associates.

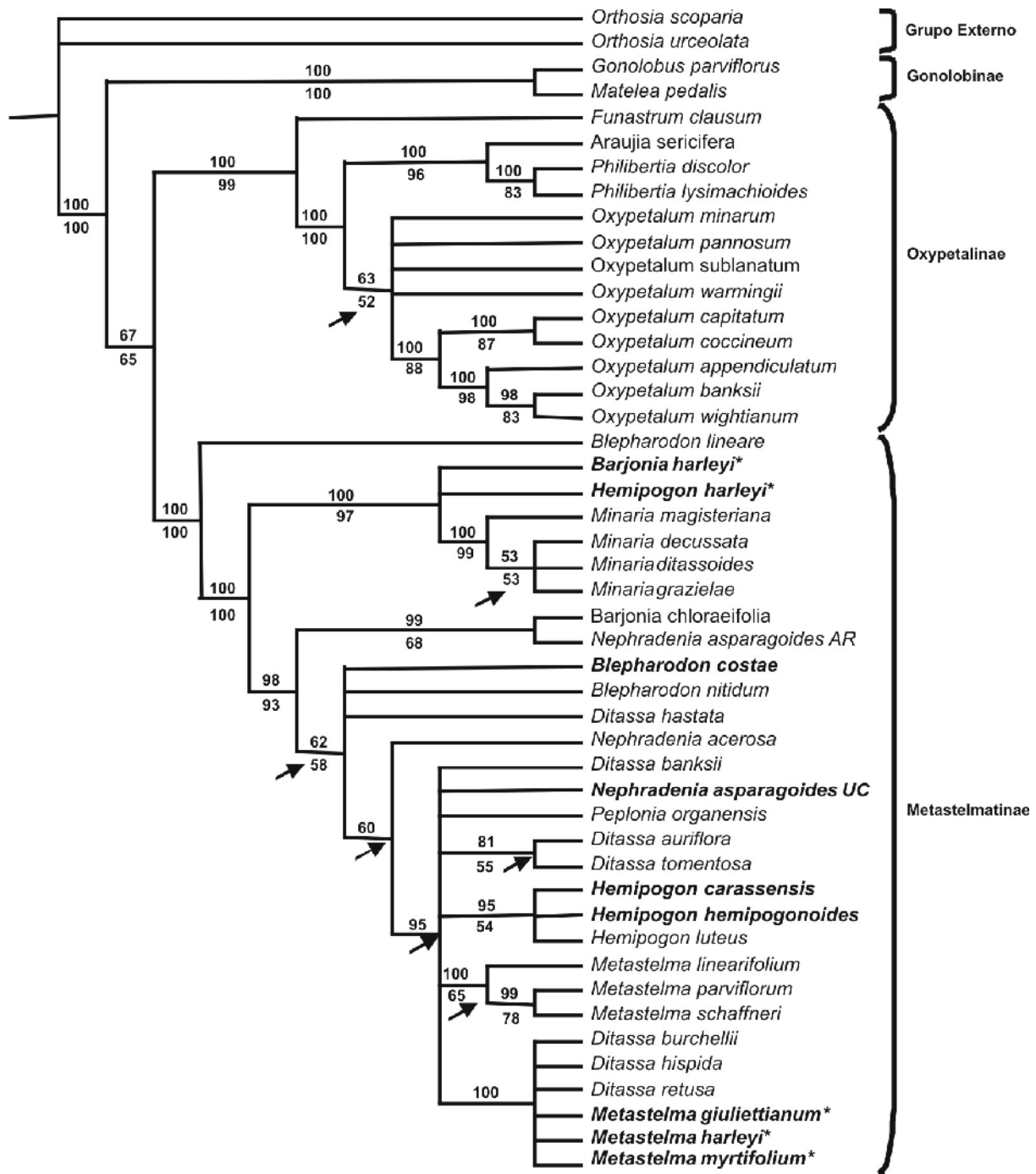


Figura 1. Consenso de maioria obtido a partir das 8.173 árvores geradas na inferência bayesiana (excluído *burn-in*) dos dados combinados de *trnT-L*, *rps16* e *trnS-G*. As setas indicam os clados que não aparecem no consenso estrito das 9.645 árvores mais parcimoniosas da análise combinada das três regiões. Os valores acima dos ramos indicam as probabilidades posteriores dos clados e os valores abaixo, o *bootstrap* obtido com parcimônia. Os táxons em negrito foram analisados filogeneticamente pela primeira vez neste estudo (exceto *Metastelma myrtifolium*); * indica as espécies endêmicas da Chapada Diamantina, Bahia, Brasil.