

Universidade Federal de Minas Gerais  
Instituto de Ciências Biológicas  
Departamento de Biologia Geral  
Programa de Pós-Graduação em Genética

Dissertação de Mestrado

**Estudos Evolutivos No Gênero Pantropical *Cissus* L. (Vitaceae)  
Com Ênfase Nas Espécies Neotropicais**

Autora: Jacqueline Gomes Rodrigues  
Orientadora: Prof. Dr<sup>a</sup>. Maria Bernadete Lovato  
Coorientador: Prof. Dr. Julio Antonio Lombardi

Belo Horizonte,  
2012

Jacqueline Gomes Rodrigues

**Estudos Evolutivos Em Espécies Do Gênero Pantropical Cissus  
(Vitaceae) Com Ênfase Nas Espécies Neotropicais.**

Dissertação apresentada ao programa de Pós Graduação em Genética do Departamento de Biologia Geral do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Genética

Orientadora: Prof. Dr<sup>a</sup>. Maria Bernadete Lovato  
Universidade Federal de Minas Gerais  
Co-orientador: Prof. Dr. Julio Antonio Lombardi  
Universidade Estadual Paulista

Belo Horizonte

2012

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à minha orientadora Bernadete, primeiramente pela amizade adquirida desde que entrei para o Genepop em 2008, pelo incentivo e confiança depositada em mim.

Ao meu co-orientador Julio, pela imensa ajuda, ensinamentos, pelo material biológico fornecido e seu grande conhecimento taxonômico do grupo;

A todos os amigos que já passaram pelo laboratório Genepop: Renan, Helena, Luciana, Mariana, Fernanda, Priciane, Renata Santiago, Rosangela, Renata Acácio, Junia, Bruno, Michele, Larissa, Natália, Ludmila, Daniel e Matheus. Sempre companheiros na execução dos projetos e que se tornam grandes amigos.

Aos amigos do LDGH: prof. Eduardo Tarazona, Moara, Fernanda, Marília, Lu Werneck, Giordano, Donnys, Mateus, FerDi e tantos outros. Pela boa vizinhança, pela divertida convivência no laboratório, por tantos favores, conselhos e incentivo.

A todos do LBEM, principalmente o Anderson e Augusto pelos conselhos, discussões e críticas ao longo do trabalho.

Ao NAGE pela infra-estrutura oferecida ao sequenciamento de DNA e principalmente ao Juliano pela boa vontade em ajudar e amizade

Aos meus amados pais Josué e Leosmar e minha irmã Josiane, por garantirem todas as condições para que eu estudasse, por me incentivarem nesse caminho sempre, pela paciência e toda torcida sincera para o meu sucesso.

Ao Alexandre Salino, curador do BHCB, por me deixar pegar material do herbário.

Ao CNPq, pela bolsa concedida.

Obrigado a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Sumário	
LISTA DE FIGURAS .....	v
LISTA DE TABELAS .....	vii
RESUMO .....	1
ABSTRACT .....	2
INTRODUÇÃO .....	3
1) A família Vitaceae.....	3
2) Filogenia na família Vitaceae.....	4
3) O gênero <i>Cissus</i> .....	6
4) Objetivos.....	11
4.1. Gerais.....	11
4.2. Específicos .....	11
Artigo .....	12
Abstract .....	13
1. Introduction.....	14
2. Materials and Methods.....	16
2.1. Taxon sampling.....	16
2.2. DNA extraction, PCR and sequencing .....	16
2.3. Phylogenetics analyses .....	17
2.4. Estimation of divergence times .....	18
2.5. Ancestral state character reconstruction.....	19
2.6. Biogeographical analysis.....	19
3. Results.....	20
4. Discussion .....	22
<i>Cissus striata</i> clade:.....	22
<i>Cissus trianae</i> clade.....	23
The core <i>Cissus</i> clade.....	24
Biogeography implications.....	26
5. Literature cited .....	29
Appendix.....	45
Supplementary Information .....	47
CONCLUSÕES .....	51
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Algumas espécies de <i>Cissus</i> . (A) <i>Cissus campetris</i> (grupo XV), (B) <i>Cissus decidua</i> (grupo IX), (C) <i>Cissus erosa</i> (grupo V), (D) <i>Cissus tinctoria</i> (grupo XI). (cortesia de Júlio Antônio Lombardi) .....	8
Figura 2. Algumas espécies de <i>Cissus</i> . (A) <i>Cissus verticillata</i> (grupo XV), (B) <i>Cissus simpsiana</i> (grupo X), (C) <i>Cissus stipulata</i> (grupo XIV), (D) <i>Cissus striata</i> (grupo X). (cortesia de Júlio Antônio Lombardi) .....	9
Figura 3. Algumas espécies de <i>Cissus</i> . (A) <i>Cissus gongylodes</i> (grupo VII), (B) <i>Cissus spinosa</i> (grupo V), (C) <i>Cissus paraensis</i> (grupo XIV), (D) <i>Cissus verticillata</i> (grupo XV). (cortesia de Júlio Antônio Lombardi) .....	10
Figure 1 (Artigo): Bayesian consensus tree for the <i>trnL-F</i> sequences. Posterior probabilities values are below the branches and the bootstrap values from the corresponding maximum parsimony analysis and maximum likelihood analyses are above the branches, respectively (Asterisk indicates that the analysis was not supported, < 50%). Samples from the New World are shown in boldface. ....	39
Figure 2 (Artigo). Phylogenetic trees resulting from a Bayesian analysis of combined sequence data ( <i>trnL-F</i> , <i>rps16</i> and ITS) focusing on the America <i>Cissus</i> . Values below the branches represent Bayesian posterior probabilities and above the parsimony bootstrap and bootstrap from maximum likelihood, respectively (Asterisk indicates that the analysis was not supported, <50%). Samples from the New World are shown in boldface. ....	40
Figure 3 (Artigo) Chronogram resulting from the Beast analyze of combined sequence data ( <i>trnL-F</i> , <i>rps16</i> and ITS). The bars represent the 95% high posterior density credibility interval for node ages and the numbers above the branches are the posterior probability. Samples from the New World are shown in boldface. Calibration points are indicated with the letters A and B. ....	41
Figure 4 (Artigo). Reconstruction of leaf type parsimoniously optimized in a Bayesian consensus tree from the <i>trnL-F</i> data. ....	42

Figure 5 (Artigo). Graphical results of Bayesian Binary MCMC analysis (BBM) reconstruction of ancestral distribution areas using RASP. Pie charts at internal nodes represent the probabilities for each ancestral area. Bayesian posterior probability is indicated at the nodes. Geographical regions are indicated for by (A) America, (B) Africa, (C) Asia, (D) Australia .. 43

Figure 6 (Artigo). Graphical results of S-DIVA reconstruction of ancestral distribution areas using RASP. Pie charts at internal nodes represent the probabilities for each ancestral area. Bayesian posterior probability is indicated at the nodes. Geographical regions are indicated by (A) America, (B) Africa, (C) Asia, (D) Australia ..... 44

Figure S1 (Artigo, Supplementary information): Phylogenetic tree resulting from Bayesian analysis of *tmL-F* sequence data. Values below the branches represent Bayesian posterior probabilities and above the parsimony bootstrap and bootstrap from maximum likelihood respectively (Asterisk indicates that the analysis was not supported). ..... 47

Figure S2 (Artigo, Supplementary information): Phylogenetic tree resulting from Bayesian analysis of *rps16* sequence data. Values below the branches represent Bayesian posterior probabilities and above the parsimony bootstrap and bootstrap from maximum likelihood respectively (Asterisk indicates that the analysis was not supported). ..... 48

Figure S3 (Artigo, Supplementary information): Phylogenetic tree resulting from Bayesian analysis of entire ITS sequence data. Values below the branches represent Bayesian posterior probabilities and above the parsimony bootstrap and bootstrap from maximum likelihood respectively (Asterisk indicates that the analysis was not supported). . ..... 49

Figure S4 (Artigo, Supplementary information): Phylogenetic tree resulting from maximum parsimony analysis of ITS1 sequence data. Values above the branches represent the parsimony bootstrap. .... 50

## LISTA DE TABELAS

Tablela 1. Accessions with corresponding voucher information and GenBank reference numbers sequenced in this study. ....	38
--	----

## RESUMO

*Cissus* L. é o maior gênero da família Vitaceae, composto por cerca de 300 espécies. É um grupo heterogêneo morfológicamente e apresenta vasta distribuição na região pantropical, com centros de diversidade na América do Sul e África tropical. Estudos moleculares prévios foram conduzidos na família Vitaceae, porém muitas incertezas permanecem no grupo, principalmente na taxonomia infragenérica de *Cissus* que, com poucas espécies amostradas, demonstrou-se se tratar de um grupo polifilético. O objetivo do presente estudo foi inferir uma filogenia e biogeografia para espécies do gênero *Cissus* e fornecer subsídio para a posição das espécies do Novo Mundo no contexto da filogenia do gênero. As análises filogenéticas e o tempo de divergência foram determinados baseando-se nas sequências de três regiões não codificantes de DNA de cloroplasto (intron do *trnL*, região intergenica *trnL-F* e o intron *rps16*) e da região nuclear do espaçador ribossomal interno (ITS). As sequências do intron do *trnL* e *trnL-F* obtidas neste trabalho foram combinados com prévios dados publicados para família e também foram utilizadas para reconstrução de área ancestral. Todas as análises demonstraram que as espécies de *Cissus* não formam um grupo monofilético, corroborando os estudos moleculares realizados na família. As espécies da América do Sul *Cissus striata*, *C. simsiana* e *C. tweedieana* são consistentemente agrupadas com o gênero australiano *Clematicissus*. A espécie *C. trianae*, endêmica da América do Sul, forma um grupo monofilético com as quatro espécies australianas *C. antarctica*, *C. hypoglauca*, *C. oblonga* e *C. sterculiifolia*. Não sendo possível através de nossas análises, verificar a relação deste grupo com as outras espécies de *Cissus*. As demais espécies do gênero formam um grupo monofilético no qual as espécies do Novo Mundo formam uma única linhagem. O grupo monofilético de *Cissus* provavelmente teve origem na Ásia durante o Eoceno e pode ter derivado de um elemento da flora boreotropical. A relação geográfica das espécies do Velho Mundo é complexa com várias disjunções que pode ser um resultado da migração pela Laurasia. Os agrupamentos encontrados em nossas análises reúnem diversos grupos morfológicos propostos para as espécies da América do Sul. A morfologia foliar apresenta sinal filogenético e pode ser utilizado como um caráter para classificação infragenérica. O gênero precisa de mais estudos objetivando eliminar a polifilia aparente.



## ABSTRACT

*Cissus* L. is the largest genus of Vitaceae (the grape family) with about 350 species widely distributed in the tropical region. The genus *Cissus* displays extraordinary morphological diversity and complex geographical distribution with highest diversity in South America and Africa. Previous molecular studies were conducted in the family Vitaceae, but many uncertainties remain in the group, mostly in infrageneric taxonomy of *Cissus*, with few species sampled, it was shown it is a polyphyletic group. The aim of this study, therefore, is to infer a phylogeny and biogeography for species of *Cissus* with focus in the new world species. The phylogenetic and divergence time were determined based on data from three non-coding regions of chloroplast DNA (*trnL* intron, *trnL-F* intergenic region and the *rps16* intron) and data from nuclear markers (ITS). The data of the marker *trnL-F* were combined with previous data published for family and were used for reconstruction area ancestor. All analyses showed that *Cissus* species do not form a monophyletic group, according the other molecular studies in the family. The species of South America *Cissus striata*, *C. simsiana* and *C. tweediana* are consistently grouped with the genus Australian *Clematicissus*. The four Australian species *C. antarctica*, *C. hypoglauca*, *C. oblonga* and *C. sterculiifolia* form a monophyletic group with the species *C. trianae* endemic to South America. Through our analysis, we could not verify the relationship of this group with other species of *Cissus*. The other species of the genus form a monophyletic group which species of the new world form a single lineage. The monophyletic group of *Cissus* probably originated in Asia during the Eocene and could be an element of the forest boreotropical. The geographical relationship with the species of the Old World is complex with many disjunctions which may be a result of Laurasia migration. The clusters found in our molecular analysis combines several morphological groups proposed for South America species. The leaf morphology provides phylogenetic signal and can be used as a character for infrageneric classification. The genus needs more studies aiming to eliminate the group polyphyly.

## INTRODUÇÃO

### 1) A família Vitaceae

A família Vitaceae apresenta ca. 14 gêneros e 900 espécies, primariamente lianas distribuídas na região tropical da Ásia, África, Austrália, América e ilhas do oceano Pacífico (Soejima and Wen 2006). Os representantes mais reconhecidos da família e que possuem maior importância econômica são as uvas (várias espécies do gênero *Vitis*, especialmente *V. vinifera* L.), extensivamente cultivadas no mundo para a produção da fruta e do vinho. Algumas espécies da família também são muito cultivadas para a ornamentação (por exemplo, *Parthenocissus quinquefolia* L.).

A posição filogenética de Vitaceae dentro das Eudicotiledoneas não é precisa (Judd and Olmstead, 2004; APGII, 2003). Entretanto, Jansen *et al.*, (2006), em um estudo filogenético utilizando a sequência de DNA de todo o cloroplasto, demonstrou que Vitaceae é um dos primeiros clados das Rosídeas a divergir.

A família Vitaceae pode ser facilmente reconhecida pela presença de gavinhas opostas às folhas e pela morfologia da semente, geralmente com um par de invaginações ventrais e uma chalaza dorsal (Chen and Manchester, 2007; Wen *et al.*, 2007). As flores pequenas e irregulares são bissexuais na maioria dos gêneros, enquanto a forma das folhas pode ser variável dentro de um mesmo indivíduo (Rossetto *et al.*, 2001). As relações filogenéticas dentro da família não foram completamente resolvidas, principalmente devido às dificuldades morfológicas encontradas na delimitação dos gêneros dentro do grupo (Lombardi, 2007).

Esta dificuldade é refletida na história taxonômica da família Vitaceae, que começou com a descrição de Linnaeus das espécies *Cissus vitifolia* e *Vitis vinifera* em 1753. A difícil delimitação dos gêneros na família baseada na morfologia levou a uma série de circunscrições não acuradas dos gêneros, em especial de *Cissus*. Todos os gêneros de Vitaceae foram reunidos no gênero *Vitis* em 1818 por R. Brown, o que foi posteriormente criticado por Planchon (1884). Planchon descreveu 10 gêneros para a família (como Ampelidae) e aplicou classificações infragenéricas a *Vitis*, *Ampelocissus* e *Cissus* (Soejima, *et al.*, 2006). Para o gênero *Cissus* descreveu as seguintes divisões: *Eucissus*, *Cayratia* e *Cyphostemma*. As seções *Cayratia* e *Cyphostemma* ganharam posteriormente o status de gênero, por Gagnepain em 1910, e por Alston em 1931, respectivamente (Lombardi, 2000). *Cyphostemma* foi incluído novamente no gênero *Cissus* por Suessenguth, 1953, e posteriormente segregado por Descoings em 1960.

Atualmente *Ampelopsis* Michx contém aproximadamente 25 espécies com uma distribuição disjunta na Ásia, América do Norte e Europa (Chen and Manchester 2007). *Vitis* L. apresenta aproximadamente 70 espécies que se distribuem na região temperada do hemisfério norte, especialmente na América do Norte (Tröndle *et al.*, 2010). *Parthenocissus* Planch possui cerca de 15 espécies das quais aproximadamente nove possuem ocorrência na Ásia e três na América do Norte (Nie *et al.*, 2010). Recentemente o gênero *Yua* C.L.Li foi segregado de *Parthenocissus* e apresenta cerca de 3 espécies com distribuição no sul da China, Vietnã, Nepal e Índia (Nie *et al.*, 2010). *Cayratia* Juss (com cerca de 50 espécies) e *Tetrastigma* (com cerca de 90 espécies) ocorrem principalmente no sul da Ásia e Malásia. *Ampelocissus* Planch. apresenta cerca de 90 espécies que ocorrem tanto na Ásia e Malásia quanto na África e América Central. *Cyphostemma* (Planch.) Alton com cerca de 200 espécies e *Rhoicissus* Planch. com cerca de 12 espécies são gêneros que apresentam a maioria de suas espécies no continente Africano. Os gêneros *Nothocissus* (Planch.) Latiff, que possui 6 espécies e o gênero *Pterisanthes* Bl. que apresenta 20 espécies são ambos endêmicos da Malásia. O gênero *Acareosperma* Gagnep apresenta uma única rara espécie que é restrita à região dos Laos (Chen e Manchester 2007). O gênero *Clematicissus* Planch é endêmico da Austrália, se tratava de um gênero monoespecífico que recentemente recebeu mais uma espécie segregada do gênero *Cissus* (Jackes e Rossetto 2006). *Cissus* é o maior gênero da família Vitaceae com cerca de 350 espécies com distribuição pantropical (Lombardi 2000).

## 2) Filogenia na família Vitaceae

Devido à aparente dificuldade em esclarecer as relações filogenéticas na família Vitaceae pelos métodos tradicionais com base em caracteres morfológicos, os dados moleculares foram utilizados para auxiliar na taxonomia, e também permitiram questionar as abordagens filogenéticas propostas anteriormente (Ingrouille *et al.*, 2002; Rossetto *et al.*, 2002, 2007; Soejima and Wen, 2006; Wen *et al.*, 2007). Ingrouille *et al.*, (2002) utilizando o gene de cloroplasto *rbcL* analisou 11 gêneros da família Vitaceae, incluindo Leeaceae. Eles mostraram que *Leea* forma um grupo irmão ao restante das Vitaceae. *Ampelopsis* apareceu como um grupo basal enquanto que *Cissus*, *Ampelocissus* e *Clematicissus* formaram um grupo intermediário e *Vitis* o grupo mais derivado. *Cayratia* e *Tetrastigma* formaram um grupo irmão.

Rossetto *et al.*, (2001) realizaram um estudo filogenético utilizando o intron *trnL* com o objetivo de acessar a relação filogenética entre *Vitis vinifera* e os outros taxa que ocorrem na região da Austrália. Eles identificaram que as espécies *Cissus hypoglauca* A.Gray e

*Cissus sterculiifolia* (F.Muell. ex Benth.) estavam filogeneticamente relacionadas à *Vitis vinifera*, porém com baixo suporte. Rossetto *et al.*, (2002) utilizaram o intron *trnL* e o marcador nuclear (ITS1) e mostraram que quatro espécies de *Cissus* que ocorrem na Austrália (*Cissus antarctica* Vent, *C. hypoglauca*, *Cissus oblonga* (Benth.) Planch., e *C. sterculiifolia*) formavam um grupo irmão a *Vitis rotundifolia* Michx.

Apesar do suporte desta relação ser baixo, os autores sugeriram a possibilidade de transferência das quatro espécies de *Cissus* para um novo gênero a ser criado. Esta solução seria mais coerente, segundo os autores, já que *C. antarctica* apresentava um desenvolvimento floral intermediário entre *Vitis* e *Ampelopsis*. Entretanto, estudo feito por Rossetto *et al.*, (2007) não reproduziu esta relação de *Vitis* com as quatro espécies de *Cissus* e estudo de comparação ontogenética entre *C. antarctica* e *V. rotundifolia* não suportou a relação entre estas taxa (Timmons *et al.*, 2007).

Outro resultado interessante das análises filogenéticas de Rossetto *et al.*, (2002) é a proximidade filogenética encontrada entre a espécie *Cissus opaca* F.Muell. e o gênero até então monoespecífico *Clematicissus*. Baseado neste resultado, mais tarde, Jackes e Rossetto (2006) transferiram *C. opaca* para o gênero *Clematicissus*. Rossetto *et al.*, (2007) sugeriram que *Cissus tweediana* (Baker) Planch e *Cissus striata* Ruiz e Pav., espécies endêmicas da América do Sul, também são relacionadas com *Clematicissus*.

A análise filogenética de Soejima and Wen (2006) envolvendo 12 gêneros de Vitaceae, utilizando regiões de cloroplasto (região do *trnL-F*, espaçador *atpB-rbcL* e o intron *rps16*), mostrou a divisão da família em três clados: (1) o grupo formado por *Ampelopsis-Rhoicissus-Parthenocissus-Vitis-Nothocissus-Pterisanthes-Ampelocissus*; (2) um clado formado por espécies do gênero *Cissus*, exceto a espécie da América do Sul *C. striata*, e (3) um clado composto por *Cayratia-Tetrastigma-Cyphostemma*.

Wen *et al.* (2007), baseando-se no gene nuclear GAI1 recuperaram os clados reconhecidos com o estudo anterior com marcadores plastidiais (Soejima and Wen, 2006) com maior suporte para ramos. O artigo mais recente, diferentemente da filogenia conduzida com marcadores de cloroplasto, sugeriu que o grupo *Ampelopsis* está mais proximamente relacionado às espécies do gênero *Parthenocissus* que às do gênero *Vitis*, porém com baixo suporte dos ramos. Além disso, Wen *et al.* (2007) sugeriram que as espécies da América do sul, *Cissus striata* e *Cissus simsiana* Schult.& Schult.f., estão mais relacionadas a espécies dos gêneros *Rhoicissus* e *Ampelopsis* que a espécies de *Cissus* que foram amostradas da Ásia, África e América Central e do Sul, as quais, por sua vez, se mostraram monofiléticas. Recentemente Nie *et al.* (2012) sugeriram que as espécies *C. striata*, *C. tweediana* e *C. simsiana* constituem grupo irmão àquele formado pelas espécies de *Clematicissus* e estas formam um clado irmão às espécies de *Rhoicissus*. Ambos os grupos

estão inseridos em meio às espécies de *Ampelopsis*, tornando-se assim este um grupo parafilético.

### 3) O gênero *Cissus*

*Cissus* é o maior gênero da família Vitaceae, com cerca de 350 espécies descritas. Sua distribuição geográfica inclui a África, Américas, sul da Ásia, Austrália, e Nova Guiné (Lombardi 2000). O gênero é bastante heterogêneo, porém a maioria das espécies são lianas, apresentam flores predominantemente tetrâmeras, disco nectarífero adnato à parede do ovário e inflorescências desprovidas de ramos revolutos (Lombardi 1994). As figuras 1-3 mostram a morfologia de algumas espécies do gênero.

O centro de diversidade de espécies do gênero se encontra na América do Sul e África tropical (Chen and Manchester 2007). São reconhecidas cerca de 64 espécies de *Cissus* para a América do Sul, sendo 48 espécies endêmicas (Lombardi, 2002, 2004, 2007). É o único gênero da família representado naturalmente na região, exceto por *Vitis tiliifolia* Humb. and Bonpl. ex Roem. and Schult., ocorrente no noroeste da América do Sul (Lombardi, 2007).

As espécies de *Cissus* ocorrem em diversas altitudes (do nível do mar à cerca de 3050m) e em diversas formações vegetacionais, como matas primárias, secundárias, capoeiras e savanas (Lombardi, 2000). A costa atlântica do Brasil é o centro de diversidade para as espécies de *Cissus* com folhas compostas pinadas, com cinco espécies ocorrendo nesta região das oito descritas (Lombardi, 2002).

Apesar do gênero não ter atualmente uma significativa importância econômica, algumas espécies são muito utilizadas na medicina popular. Como uma planta potencialmente medicinal, *Cissus verticillata* (L.) Nicolson and C.E.Jarvis vem sendo estudada por diversos autores (Lans, 2006, Barbosa *et al.*, 2002, Lino *et al.*, 2008). A espécie é conhecida popularmente como insulina vegetal, e é bastante utilizada como anti-diabético, antiinflamatório, ativador da circulação sanguínea, tratamento ao reumatismo, entre outros (Santos *et al.*, 2008).

Apesar de ser um gênero bastante grande, nenhuma divisão subgenérica foi proposto, apenas agrupamentos informais baseados em caracteres morfológicos foram sugeridos: Jackes (1988) classificou as espécies que ocorrem na Austrália em três grupos distintos baseado na morfologia da folha, cotilédone e sementes, enquanto que para as espécies sul americanas Lombardi (2007) indicou 15 grupos informais, baseado em uma série de características que incluem morfologia das folhas, sementes e indumento.

Estudos filogenéticos ao nível genérico foram realizados apenas em *Vitis* (Tröndle *et al.*, 2010), *Ampelopsis* (Nie *et al.*, 2012) e *Parthenocissus* (Nie *et al.*, 2010). Nenhum estudo nesse nível foi realizado para *Cissus*, apenas maior enfoque foi dado ao gênero no estudo filogenético das espécies de Vitaceae que ocorrem na Austrália. Para conhecer a provável complexa história evolutiva de *Cissus* são essenciais os estudos das espécies da América do Sul, tendo em vista que o subcontinente é um dos locais de maior diversidade de *Cissus* e a não monofilia do gênero foi evidenciada em estudos anterior por espécies que ali ocorrem.



Figura 1. Algumas espécies de *Cissus*. (A) *Cissus campestris*, (B) *Cissus decidua*, (C) *Cissus erosa*, (D) *Cissus tinctoria*. (cortesia de Julio Antonio Lombardi)



Figura 2. Algumas espécies de *Cissus*. (A) *Cissus verticillata*, (B) *Cissus simsiana*, (C) *Cissus stipulata*, (D) *Cissus striata*. (cortesia de Julio Antonio Lombardi)





Figura 3. Algumas espécies de *Cissus*. (A) *Cissus gongylodes*, (B) *Cissus spinosa*, (C) *Cissus paraensis*, (D) *Cissus verticillata*. (cortesia de Julio Antonio Lombardi)

#### 4) Objetivos

##### 4.1. Gerais

Inferir uma filogenia para as espécies de *Cissus* baseada em marcadores moleculares, com ênfase nas espécies da América do Sul e contribuir para o conhecimento da história biogeográfica do gênero.

##### 4.2. Específicos

- a) Reconstruir a filogenia do gênero com base em sequências de DNA;
- b) contribuir para o esclarecimento das relações filogenéticas entre as espécies do gênero *Cissus*;
- c) Comparar os agrupamentos das espécies da América do Sul, baseados em caracteres morfológicos, com os agrupamentos obtidos pelos dados moleculares;
- d) sugerir padrões biogeográficos para as espécies que compõem o gênero.

A seguir serão apresentados os resultados da dissertação na forma de artigo a ser submetido ao periódico *Annals of Botany*, com um estudo detalhado das relações filogenéticas do gênero *Cissus* com ênfase nas espécies neotropicais. A seguir, serão apresentadas as conclusões do trabalho desenvolvido.