

SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES DE *DROSERA*, SEÇÃO *BRYASTRUM* E *LAMPROLEPIS* (DROSERACEAE), BASEADA EM CARACTERES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES

Thiago Lisboa Pereira¹, Vitor Fernandes Oliveira de Miranda²

Estudante do Curso de Ciências Biológicas; e-mail: thiagolis@gmail.com¹
Professor da Universidade de Mogi das Cruzes; e-mail: vmiranda@umc.br²

Área de conhecimento: Taxonomia de Fanerógamos

Palavras chave: Evolução, Taxonomia, *rbcL*

INTRODUÇÃO

Historicamente, os caracteres mais usados para taxonomia de *Drosera* foram: hábito, forma da folha, número de caracteres e morfologia, e a presença ou a ausência de estípulas e especialização de órgãos, tais como tubérculos e gemas. Nas décadas recentes, novas informações tal como o número de cromossomos, morfologia do pólen, compostos secundários, e tipos de germinação da semente, foram adicionados. Embora os diversos sistemas classificatórios tenham sido propostos, as delimitações do subgênero e as seções de *Drosera* são controversas. Dados moleculares têm sido amplamente utilizados na reconstrução de filogenias de grupos vegetais. Isso se deve à impressionante quantidade e caracteres variáveis os quais podem ser utilizados para a identificação, classificação e reconstrução filogenética, uma vez que cada nucleotídeo pode variar entre indivíduos, populações ou, até mesmo, entre níveis taxonômicos superiores. Nesse contexto, a utilização do seqüenciamento de DNA para estudos filogenéticos tem contribuído consideravelmente para a compreensão da filogenia de Droseraceae (e.g. MEIMBERG *et al.*, 2000; RIVADAVIA *et al.*, 2003), assim como outras famílias. Porém, são poucos os estudos disponíveis sobre a filogenia de Droseraceae utilizando dados moleculares. Alguns estudos empregaram o gene cloroplasmático *rbcL*, codificador da subunidade maior da enzima ribulose 1,5-bifosfato carboxilase/oxigenase (ALBERT *et al.*, 1992; WILLIAMS *et al.*, 1994; RIVADAVIA *et al.*, 2003). Miranda *et al.* (2006), recentemente, utilizaram o seqüenciamento da região ITS do DNA nuclear ribossomal para as inferências filogenéticas de Droseraceae. Os estudos de Albert *et al.* (1992) e Williams *et al.* (1994) demonstraram a monofilia de Droseraceae, com a provável exclusão de *Drosophyllum*. Da mesma forma, foi demonstrado que o gênero *Drosera* é monofilético (MIRANDA *et al.*, 2006), com a possível exclusão de *Drosera regia* (WILLIAMS *et al.*, 1994).

OBJETIVOS

O trabalho tem por objetivo a reanálise de caracteres morfológicos e análise de caracteres moleculares de espécies de *Drosera* (seções *Bryastrum* e *Lamprolepis*) para a posterior inferência filogenética. Ademais, criar hipóteses sobre a evolução dos diversos caracteres morfológicos, estudar o comportamento dos genes *rbcL* ao longo da evolução e inferir, se possível, correlações biogeográficas entre os táxons em estudo.

METODOLOGIA

Foram empregados para o presente estudo 28 táxons de Droseraceae e um de Drosophyllaceae. O material para o estudo das espécies brasileiras foi obtido através de coleta em campo, assim como também requisitado espécimes de coleções vivas internacionais (principalmente de pesquisadores e colecionadores), material este recebido na forma de espécimes (inteiros ou parciais) desidratados. Foram levantados 32 caracteres morfológicos de material fixado e coletado, com o auxílio de microscópio estereoscópio e óptico modelo CZM4 (Labomed). Foram também levantados caracteres conforme literatura consultada, dados moleculares foram obtidos através de buscas no GenBank. A codificação dos caracteres em matriz (caracteres binários e multi-estados, todos não-ordenados) foi feita utilizando o aplicativo NDE. A análise filogenética dos caracteres morfológicos e moleculares foi realizada através de buscas heurísticas com o uso do aplicativo PAUP* 4b10, utilizando o método de máxima parcimônia. Os cladogramas foram desenhados com o auxílio do programa TreeView. A consistência dos ramos foi analisada através de *bootstrap*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da matriz morfológica resultou 1.223 árvores mais parcimoniosas com 175 passos (IC= 0,5829; IR= 0,5731), das quais uma foi selecionada como hipótese filogenética. Considerando o gene *rbcL*, a busca heurística resultou 4 árvores mais parcimoniosas com 97 passos (IC= 0,8660; IR= 0,8898). O presente estudo indica que a seção *Lamprolepis* é artificial.

CONCLUSÃO

Foram estabelecidas as relações filogenéticas para o grupo e foi verificado que *Drosera pygmaea* não deve ser classificada em uma seção isolada (*Lamprolepis*), mas sim integrada à seção *Bryastrum*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBERT, V. A.; WILLIAMS, S. E.; CHASE, M. W. **Carnivorous plants: phylogeny and structural evolution.** *Science*, v.257, p.1491-1495, 1992.
- MEIMBERG, H.; DITTRICH P.; BRINGMANN G.; SCHLAUER J.; HEUBL G. **Molecular phylogeny of caryophyllidae s. l. based on *matK* sequences with special emphasis on carnivorous taxa.** *Plant Biology* 2: 218–228, 2000.
- MIRANDA, V. F. O.; FURLAN, A.; BACCI Jr., M.; MARTINS, V. G. **Phylogenetic relationships of Droseraceae based on morphological data and ITS rDNA sequences.** 2006 (não-publicado).
- RIVADAVIA, F.; KONDO, K.; KATO, M. & HASEBE, M. **Phylogeny of the sundews, *Drosera* (Droseraceae), based on chloroplast *rbcL* and nuclear 18S ribosomal DNA sequences.** *American Journal of Botany*, v.90(1), p.123-130, 2003.
- WILLIAMS, S. E.; ALBERT, V. A.; CHASE, M. W. **Relationships of Droseraceae: a cladistic analysis of *rbcL* sequence and morphological data.** *American Journal of Botany* 81: 1027–1037, 1994.