

ESTUDOS FILOGENÉTICOS DE *DESMODIUM* DESV. (LEGUMINOSAE-PAPILIONOIDEAE) PARA O ESTADO DA BAHIA, BRASIL.

Evandro Ancelmo dos Santos¹; Luciano Paganucci de Queiroz²; Laura Cristina Pires Lima³

1. Bolsista PROBIC, Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail : evandroancelmo@gmail.com

2. Orientador, Departamento de Biologia, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: luciano.paganucci@gmail.com

3. Colaboradora, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Universidade Estadual de Feira de Santana, email: lcplima@yahoo.com.br.

PALAVRAS-CHAVE: Bahia, *Desmodium*, Biogeografia.

INTRODUÇÃO

A diversidade de espécies vegetais na Bahia é extremamente alta, tendo sido estimada por (Harley & Mayo 1980) cerca de 10.000 espécies de Angiospermas. O estado da Bahia possui uma boa representatividade de quase todos os ecossistemas existentes no Brasil, Caatinga, Cerrado, Floresta Atlântica e Campo Rupestre, sendo que formações vegetacionais relacionadas com estes três últimos ecossistemas geralmente ocorrem como enclaves no Bioma da Caatinga e geralmente associados à Chapada Diamantina. Floristicamente, pode-se afirmar que Leguminosae é uma das famílias entre as angiospermas que possui maior riqueza de espécies nos diferentes biomas do Brasil (Lima, 2000; Queiroz, 2009).

Leguminosae Adans é a terceira maior família de Angiospermae com 727 gêneros e 19.325 espécies Lewis *et al.* (2005). Dentre os gêneros de Leguminosae, *Desmodium* destaca-se pela riqueza de espécies (275 spp.), com centros de diversidade na América do Sul e México (Ohashi, 2005). No Brasil, o gênero é representado por 32 espécies, 14 delas ocorrentes na Bahia (Lima *et al.*, 2010)

Como *Desmodium* é um gênero com baixa diversidade na Caatinga, Florestas Úmidas e riqueza de espécies no Cerrado (Azevedo, 1981), torna-se relevante fazer um estudo filogenético que esclareça o seu padrão biogeográfico na Bahia.

METODOLOGIA

Em laboratório foi extraído, amplificado DNA de 62 espécies incluindo gêneros *Desmodium*, *Alysicarpus*, *Clitoria*, *Centrosema* e *Mucuna*. A extração de DNA seguiu o protocolo de Doyle & Doyle (1987) modificado. A amplificação foi realizada num volume final de 30 µL contendo 1,5µl de MgCl₂, 3µl de tampão 0,6µl de dNTPs, 0,6µl de cada primer, 0,6µl de BSA (albumina bovina sérica), 1µl de taq polymerase e 1 µL de DNA total, além de 6µl de Betaína 5M e 0,6µl de DMSO. Com o programa inicial de desnaturação inicial de 4 min a 94°C, consistindo de 28 ciclos de 1 min a 94°C de desnaturação, 1 min de 50-52°C de anelamento e 3 min a 72°C de extensão, extensão final de 7 min a 72°C. As 62 espécies foram sequenciadas na Coréia e 18 sequências foram obtidas do genbank As sequências foram editadas no programa Staden package (Staden *et al.*, 1998) O alinhamento inicial foi realizado programa Muscle (Edgar, 2004), em seguida foi ajustado manualmente no programa Bioedit (Hall, 1999). Foram feitas análises de reconstrução filogenética sob os critérios de Bayesiana, Máxima Parcimônia e Máxima Verossimilhança. As análises de Máxima Parcimônia foram realizadas no programa PAUP*4.0b4a para Windows (Swofford 2003) seguindo o critério de Parcimônia de Fitch (Fitch, 1971). Para análise de Máxima Verossimilhança (ML) foi utilizado o software RAXML (Stamatakis, 2006). A Inferência Bayesiana (IB) foi feita no programa Mrbayes versão 3.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003) usando o modelo evolutivo GTR + I + Γ. A partir da árvore de consenso de maioria resultante da análise de Bayesiana foi efetuada a análise de datação no programa Beast v.1.5.3 (Drummond & Rambaut, 2007)

usando um modelo lognormal não correlacionado de relógio molecular, pelo modelo GTR+ I + Γ . Os nós foram calibrados a partir dos dados de (Lavin *et al.* 2005).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos táxons incluídos na amostragem, 16 foram confirmados para o estado da Bahia, das quais duas são restritas à Caatinga, uma restrita ao Cerrado e 12 são generalistas ocorrendo em mais de um tipo de formação vegetacional, geralmente associadas aos ambientes ruderais (Tabela 1). O grande número de espécies (12 spp.) ocorrentes em ambientes ruderais (Tabela 1) pode ser co-relacionado com a morfologia do gênero, indumento uncinado nos frutos que facilita a dispersão epizooecoria destes.

A análise de datação molecular a partir de dados de ITS evidenciou que a maior diversificação de *Desmodium* na Bahia, ocorreu no Final do Terciário (Plioceno e Pleistoceno), nos últimos três Ma. Esta diversificação recente do gênero é corroborada por estudos realizados com outros gêneros pantropicais como *Indigofera* (Schrire *et al.* 2009) e gêneros de rápida diversificação como *Inga* (Richardson *et al.*, 2001) e *Mimosa* (Simon *et al.*, 2009).

Os elementos oriundos das Florestas Secas (Caatinga) da América do Sul têm sido datados como mais antigas que os de Cerrado (Werneck 2011). Este estudo confirmou que as espécies de *Desmodium* encontradas no Cerrado são mais recentes quando comparadas com espécies da Caatinga (Tabela 1), concordando com os dados de (Werneck 2011). Provavelmente então a ocupação do Cerrado por estas espécies se deu mais recentemente quando comparada com a Caatinga e as Florestas Úmidas.

Segundo (Ribeiro *et al.*, 2007) o Cerrado se originou de alterações climáticas e geomorfológicas que causaram retrações e expansões de Florestas Úmidas e Secas durante o Quaternário. Essa retração das Florestas Úmidas coincidiu com a expansão das Florestas Secas, ocupando a maior parte do continente (Ribeiro *et al.*, 2007). Co-relacionando o estudo de (Ribeiro *et al.* 2007) com os dados obtidos neste estudo pode-se afirmar que *Desmodium procumbens* e *Desmodium uncinatum*, ocorrentes em Florestas Secas e Florestas Úmidas, respectivamente, ocuparam o território Baiano antes da formação do Cerrado neste estado; e *Desmodium platycarpum*, restrita ao Cerrado (Tabela 1) é uma das espécies mais recentes do gênero na Bahia.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante do exposto, pode-se considerar que *Desmodium* é um gênero de diversificação recente, e a ocupação deste na Bahia ocorreu primeiramente nas Florestas Secas e Florestas Úmidas, só após o período de retração e expansão destas florestas é que se formou o Cerrado e mais recentemente divergiram as espécies restritas a este habitat.

Tabela 1. Espécies de *Desmodium* ocorrentes na Bahia, com respectivos habitats e tempo de diversificação em Milhões de Anos, baseado em dados de ITS.

Espécie	Habitat				Tempo
	CA	CE	FLU	AR	
<i>Desmodium adscendens</i> (Sw.) DC.			x	x	0,57
<i>D. affine</i> Schltdl.			x		2,02
<i>D. axillare</i> (Sw.) DC.			x		2,10
<i>D. barbatum</i> (L.) Benth.	x			x	2,2
<i>D. cajanifolium</i> (Kunth) DC.		x	x	x	0,39
<i>D. discolor</i> Vogel		x	x	x	0,54
<i>D. distortum</i> (Aubl.) J.F. Macbr.	x	x	x	x	0,78
<i>D. glabrum</i> (Mill.) DC.	x				1,56

<i>D. incanum</i> DC.	x	x	x	x	2,02
<i>D. leiocarpum</i> (Spreng) G. Don		x	x	x	0,97
<i>D. platycarpum</i> Benth.		x			0,65
<i>D. procumbens</i> (Mill) Hitchc	x				2,16
<i>D. scorpiurus</i> (Sw.) Desv.			x	x	1,50
<i>D. tortuosum</i> (Sw.) DC.			x	x	1,52
<i>D. triflorum</i> (L.) DC.			x	x	2,10
<i>D. uncinatum</i> (Jacq.) DC.			x	x	2,19

Legenda: CA. Caatinga. CE. Cerrado. FLU. Florestas Úmidas. AR. Ambiente ruderal. O termo ambiente ruderal foi aplicado para qualquer ambiente perturbado, como terrenos baldios, por exemplo.

REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, A.M.G. 1981. *O gênero Desmodium Desv. no Brasil- considerações taxonômicas*. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual de Campinas. p.315
- DOYLE, J.J & J.L. DOYLE. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11-15.
- DRUMMOND, A.J. & A. RAMBAUT. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology* 7: 214.
- EDGAR, R.C. 2004. Muscle: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic acids Research* 32 (5):1792-1797.
- FITCH, W.M. 1971. Towards defining the course of evolution: minimum change for a specific tree topology. *Systematic Zoology* 20: 406-416.
- HALL, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98.
- HARLEY, R.M. & S.J. MAYO. 1980. *Towards checklist of the Flora of Bahia*. Royal Botanic Gardens, London. 245P
- LAVIN, M.; P.S. HERENDEEN; M.F. WOJCIECHOWSKI. 2005. Evolutionary Rates Analysis of Leguminosae Implicates a Rapid Diversification of Lineages during the Tertiary. *Systematic Biology* 54(4): 530–549.
- LEWIS, G.; B.SCHIRE; B. MACKINDER; M. LOCK. 2005. *Legumes of the World*. Kew: The Royal Botanic Garden. 577p.
- LIMA, H.C. 2000. *Leguminosas arbóreas da Mata Atlântica – uma análise da riqueza, padrões de distribuição geográfica e similaridades florísticas em remanescentes florestais do estado do Rio de Janeiro*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio de Janeiro. p.122.
- LIMA, L.C.P., M.L.A.A. OLIVEIRA, A.M.G.A. TOZZI. 2010. Fabaceae: *Desmodium*. in *Catálogo de Plantas e Fungos do Brasil*, v. 2, eds. R.C. Forzza e P. Leitman. (orgs.). Rio de Janeiro: Andrea Jakobsson Estúdio. p. 1029-1030
- OHASHI, H. 2005. Tribo Desmodieae. in *Legumes of the World*, eds. G. Lewis, B. Schrire, B. Mackinder, e M. Lock. Richmond: Royal Botanic Gardens. . Pp. 433-453
- QUEIROZ, L.P. 2009. *Leguminosas da Caatinga*. Feira de Santana. Universidade Estadual de Feira de Santana, 467p.
- RIBEIRO, F.J; A. E. ONIGEMO; A.E. RAMOS; A.V. REZENDE; A.B. SAMPAIO; A.P. SILVA; A. CASTRO; A. POTT; B.M. WALTER; C.A. KLINK; C.J. SILVA; C. PROENÇA; C.B.R. MUNHOZ; F. BORGHETTI; F. MARTINS; G.G. NETO; G.B. SANTOS; G.P. SILVA; J.A. RATTER; J. FELFILLI; J.D.V. HAY; J.A. RIZZO; J.C. DIANESE; J.C.S. SILVA; L. CORADIN; S.C. CALDAS; L.A.R. PEREIRA; M.de F.P. SILVA; M. G. NOBREGA; M. MACEDO. 2007. Cerrado e pantanal áreas e ações prioritárias para conservação da biodiversidade. p 23.

- RICHARDSON, J.E.; R.T. PENNINGTON; T.D. PENNINGTON; P.M. HOLLINGSWORTH. 2001. Recent and rapid diversification of a species-rich genus of neotropical trees. *Science* 293: 2242-2245.
- RONQUIST, F & J.P. HUELSENBECK. 2003. Mr Bayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19: 1572-1574.
- SCHRIRE, B.D.; M. LAVIN; N.P. BARKER; F. FOREST. 2009. Phylogeny of the tribe Indigofereae (Leguminosae – Papilionoideae): Geographically Structured more in Succulent-Rich and Temperate Settings than in Grass-Rich Environments. *American Journal of Botany* 96(4): 816–852.
- SIMON, M.F., R. GREYER., L.P. QUEIROZ, C. SKEMA, R.T. PENNINGTON, C.E. HUGHES. 2009. Recent assembly of the Cerrado, a Neotropical plant diversity hotspot. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106: 20359-20364.
- STADEN R., K.F. BEAL; J.K. BONFIELD. 1998. The Staden Package. *Methods in Molecular Biology* 132: 115-130.
- STAMATAKIS, A. 2006. RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics* 22: 2688-2690.
- SWOFFORD, DL. 2003. *PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods), version 4*. Sunderland: Sinauer Associates.
- WERNECK, F.P. 2011. The diversification of eastern South American open vegetation biomes: Historical biogeography and perspectives. *Quaternary Science Reviews* 30: 119.