

**Filogenia de Polygalaceae com ênfase em *Caamembeca*  
Mascarenhas, R. B. 1; van den Berg, C. 2, Pastore, J.F.P. 3**

1. Bolsista PIBIC/CNPq, Graduando em Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: renata.mascarenhas1@hotmail.com

2. Orientador, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: vcassio@gmail.com

3. Participante do projeto, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – Parque Estação Biológica - PqEB - Av. W5 Norte (final). Caixa Postal 02372 – CEP 70.770-917, Brasília, Distrito Federal, Brazil; e-mail: jfpastore@hotmail.com

**PALAVRAS-CHAVE:** *Ligustrina*, delimitação, variabilidade genética.

## **INTRODUÇÃO**

---

*Caamembeca* J.F.B.Pastore é um gênero recém segregado da família Polygalaceae. É restrito América do Sul, sendo Bahia o estado do Brasil que apresenta o maior número de táxons e é encontrado em todos os biomas, com exceção dos Pampas. Possui onze espécies e sete variedades (Marques & Peixoto, 2007; Pastore, 2012).

Apresentam um caule cilíndrico, estriado, folhoso com um sistema radicular variado. As folhas são alternas, comumente pecioladas com um par de nectários na base com brácteas ciliadas persistentes nos frutos. (Marques & Peixoto, 2007, Pastore, 2006). O cálice e corola pentâmeros de consistência membranácea ou carnosos. Estão agrupadas em inflorescência dispostas em ramos terminais, axilares, extra-axilares ou opositifolios. Apresentam cálice persistente no fruto dispostas em dois verticilos, tricomas simples e as gemas florais são protegidas por uma bráctea e duas bractéolas. Os frutos normalmente são em cápsula rimosa com deiscência loculicida. Algumas espécies apresentam sementes com carúnculas (Chodat, 1889; Marques & Peixoto, 2007; Pastore, 2006).

O presente trabalho tem como objetivo testar os espécimes de diferentes regiões geográficas se o recém segregado gênero *Caamembeca* é monofilético, apresentando uma filogenia robusta para *Caamembeca* com base em marcadores nucleares e plastídias. Ainda, testar se existe estruturação geográfica em relação aos cladogramas internos de *Caamembeca* e os seus biomas de ocorrência e se a origem e diversificação destes cladogramas podem ser explicadas por eventos únicos de migração e diversificação.

## **MATERIAL, MÉTODOS OU METODOLOGIA**

---

Os espécimes utilizados foram obtidos por meio de empréstimos de espécimes do herbário da Universidade Estadual de Feira de Santana (HUEFS) e do banco de DNA total do Laboratório de Sistemática Molecular de Plantas (LAMOL). A amostragem inclui as espécies de diferentes regiões geográficas.

No LAMOL foram feitas extrações das amostras do herbário com base no protocolo padrão de Doyle & Doyle (1987) para extração de DNA de tecidos. O DNA genômico extraído e não utilizado na pesquisa foi depositado no banco de DNA's totais LAMOL, depois de serem cadastradas no banco de dados do laboratório.

As amostras extraídas foram amplificadas por reação da Polimerase em cadeia (PCR) regiões de genomas plastidial como *TrnL-F* e *matK*, assim como a região nuclear como ITS (*Internal transcribed spacer*). Os produtos de PCR foram quantificados em

eletroforese em gel de agarose 1%, utilizando brometo de etídio (0,01g/ml) e os resultados positivos foram purificados com polietileno glicol a 20% (PEG).

A reação de sequenciamento utilizou as proporções de: 0,5 µL de Big Dye 3.1; 1,75 µL de tampão 5x; 1,0 µL de primer diluído 1/10; e 5,75 água e DNA variantes por amostra totalizando volume final de 10 µL. Após a limpeza e secagem das amostras, as mesmas foram ressuspensas em formamida, e levadas ao termociclador por três minutos a 94 °C e dois minutos a 4 °C, passando por um choque térmico após a finalização da reação, por fim as amostras são levadas ao sequenciador ABI 3130XL Genetic Analyser (Applied Biosystem).

Os dados foram analisados para cada região independentemente as análises foram feitas com base em Parcimônia por meio do no programa PAUP (Swofford, D.L), e análises Bayesiana no programa (MrBayes (Huelsenbeck, J. et al)).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

No total foram utilizadas 45 amostras extraídas ou conseguidas através de empréstimo do Banco de DNA's do Laboratório de Sistemática molecular de Plantas (LAMOL/UEFS). As espécies extraídas foram: *C. grandifolia* (A.St.-Hil. & Moq.) J.F.B.Pastore, *C. laureola* (A.St.-Hil. & Moq.) J.F.B.Pastore, *C. martinelli* (Marques & E.F.Guim.) J.F.B. Pastore var. *martinellii*, *C. oleifolia* (A.St.-Hil. & Moq.) J.F.B.Pastore, *C. oxyphylla* var. *oxyphylla* (DC.) J.F.B.Pastore, *C. oxyphylla* var. *salicina* (DC.) J.F.B. Pastore comb. ined., *C. spectabilis* (DC.) J.F.B. Pastore var. *amazonensis* (Marques & E.F.Guim.) J.F.B. Pastore, *C. spectabilis* (DC.) J.F.B. Pastore var. *autranii* (Chodat) J.F.B.Pastore, *C. ulei* (Taub.) J.F.B.Pastore, *C. warmingiana* (A.W.Benn.) J.F.B.Pastore.

Dentre as regiões testadas, foi concluída a amplificação de dez espécies de *Caamembeca* para ITS, oito espécies para a região *matk* utilizando os primer's *1100L* e *trn2K*, seis espécies para a região *matk* utilizando os primer's *443F* e *1535R*, e cinco espécies foram amplificadas pra a região *trnL-F*.

A árvore filogenética final (Figura 1), utilizando as três regiões, trouxe dados interessantes. Nesta, *C. grandifolia*, coletada na Bahia, aprece como grupo mais basal, podendo ser considerada grupo irmão dos demais clados desse gênero e reforça o monofiletismo do grupo.

Outro ponto importante a ser discutido é o aparecimento de *C. oleifolia* como grupo irmão de *C. oxyphylla* var. *salicina* que se diversificaram a partir de *C. oxyphylla*. Assim, para melhor delimitação dessas espécies é considerável que *C. oxyphylla* var. *salicina* seja considerada uma nova espécie, as diferenças morfológicas existente entre esses clados apóiem esse desmembramento, ou, como uma segunda opção, *C. oleifolia* seja enquadrada como uma variedade dentro de *C. oxyphylla*.

Foi encontrado, também, uma diversificação molecular nas variedades de *C. spectabilis* e na semelhança destes clados com *C. martinellii* var. *martinellii* e *C. ulei*, que aparecem como grupo irmão de, respectivamente, *C. var. amazonensis* e *C. spectabilis* var. *spectabilis*, espécime coletado no Pará. Neste caso, como todos os espécimes citados acima parecem ter se modificado a partir de uma *C. spectabilis* var. *spectabilis*, é considerável que *C. spectabilis* var. *autrani*, *C. spectabilis* var. *amazonensis* sejam desmembradas formando novas espécies. A redelimitação dessas espécies é apoiada por diferenças morfológicas entre os espécimes.

O cladograma para o grupo de *C. spectabilis* apresenta partes ainda não resolvidas devido à falta de DNA de qualidade para os espécimes de *C. martinellii* var. *carnosa*, *C. warmingiana* e *C. insignis*.

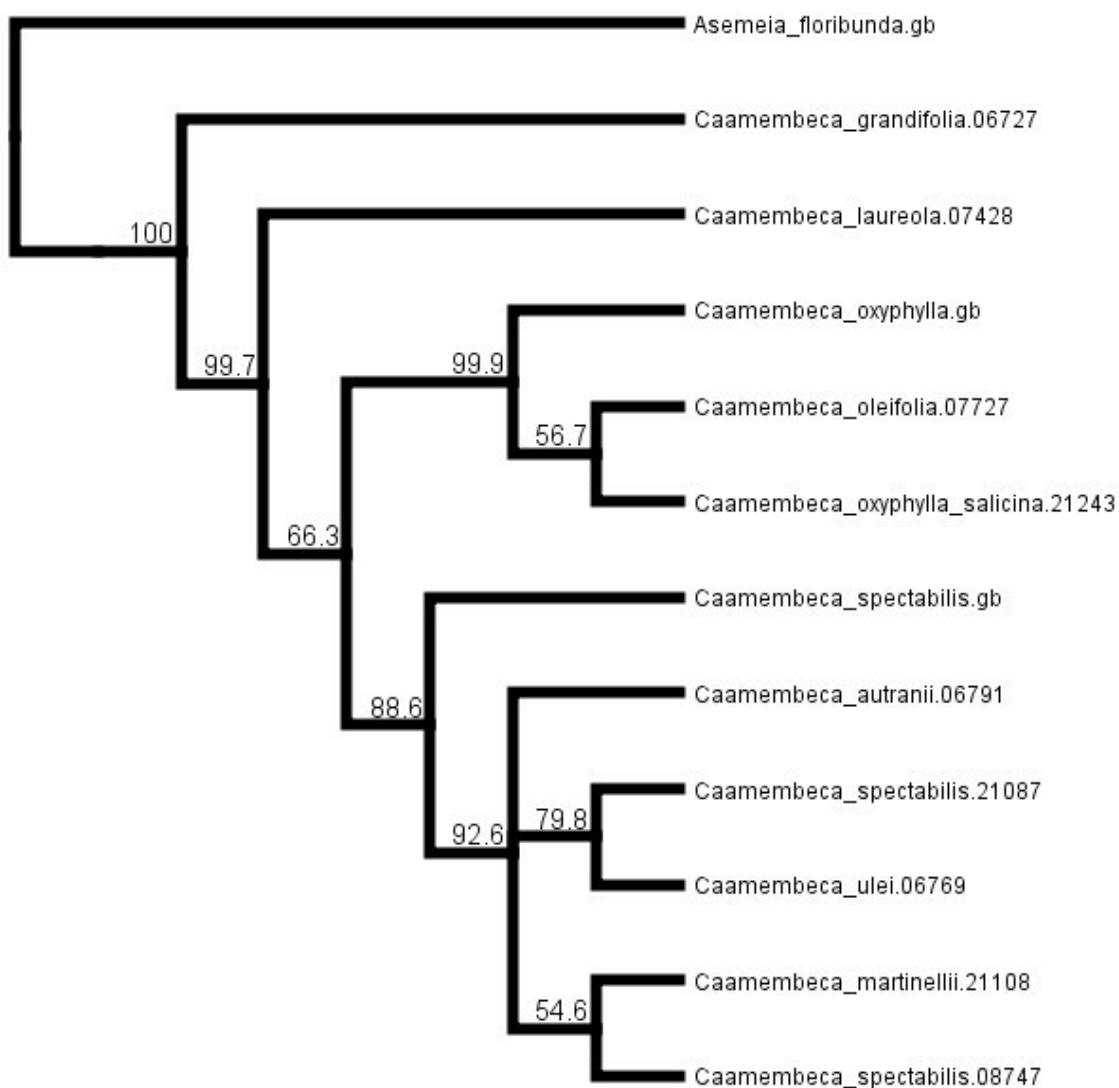
## CONSIDERAÇÕES FINAIS

---

Devido a variabilidade genética apontada na árvore filogenética e as diferenças morfológicas descritas para esses espécimes (Marques & Peixoto, 2007), o desmembramento das variedades das espécies de *C. spectabilis* e *C. oxyphylla* melhoraria o esquema de delimitação do grupo *Caamembeca*.

## ANEXOS

---



**Figura 1:** Árvore filogenética final do gênero de *Caamembeca*.

---

## REFERÊNCIAS

---

CHODAT, R. 1889. Polygalacées. Contributions a la Flore du Paraguay III. Mémoire de La Société de Physique et D' Histoire Naturelle, Genève 30(8): 113-114.

DOYLE, J.J; DOYLE, J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11-15.

MARQUES, M.C.M; PEIXOTO, A.L. 2007. Estudo taxonômico de *Polygala* subgênero *Ligustrina*, *Rodriguésia* 58: 95–146.

PASTORE, J.F.B. 2006. *Polygalaceae Hoffmanns. & Link no Distrito Federal, Brasil*. 216f. Dissertação (Mestrado em Botânica), Universidade Brasília, Brasília, 2006.

PASTORE, J.F.B. 2012. *Caamembeca*: Generic status and new name for *Polygala* subgenus *Ligustrina* (Polygalaceae). *Kew Bulletin* 67: 435–442. doi: 10.1007/s12225-012-9360-x

HUELSENBECK, J; LARGET, B; MARK, P; RONQUIST, F; SIMON, D; TESLENKO, M. MrBayes 3.2, disponível a partir de <http://mrbayes.sourceforge.net/index.php>

SWOFFORD, D. 2002, Phylogenetic Analysis Usando Parcimônia 4.0 Beta, disponível a partir de <http://paup.csit.fsu.edu/about.html>