

Taxonomia molecular de espécies de *Lippia* (Verbenaceae) da cadeia do espinhaço, MG

Queiroz, CS¹; Domingues, R²; Azevedo, ALS²; Machado, MA²; Guimarães, MFM²; Salimena, FRG³; Yotoko, KSC⁴; Viccini, LF¹

¹Laboratório de Genética, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Juiz de Fora; ²Embrapa Gado de Leite; ³Departamento de Botânica, Universidade Federal de Juiz de Fora; ⁴Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
 camila.sq@terra.com.br

Palavras-chave: *Lippia*, filogenia molecular, Cadeia do Espinhaço, Verbenaceae, ITS, TrnL-F

Caracteres moleculares vêm sendo constantemente utilizados na tentativa de resolver problemas taxonômicos. De forma geral, os problemas surgem quando caracteres morfológicos são insuficientes para uma classificação satisfatória de um determinado grupo de organismos. O gênero *Lippia* compreende cerca de 200 espécies com distribuição pantropical. Neste trabalho foram estudadas 24 espécies de *Lippia* que ocorrem na Cadeia do Espinhaço mineira. Estas espécies fazem parte de três seções taxonômicas definidas morfológicamente: *Zappania*, *Goniostachyum* e *Rhodolippia*, mas que ainda geram algumas discordâncias entre os especialistas quanto à sua delimitação. Um dos objetivos deste estudo foi verificar se estas seções também podem ser diagnosticadas através de dados moleculares. Como uma primeira abordagem, foram utilizados um gene nuclear e um plastidial: ITS e TrnL-F, respectivamente. As análises foram feitas com três métodos diferentes: máxima verossimilhança, máxima parcimônia e método bayesiano, com os dois genes em separado. Os resultados da árvore construída com o ITS nuclear revelaram ramos bem sustentados, dentre os quais destaca-se o que reúne todas as espécies estudadas da seção *Goniostachyum*, evidenciada pela análise bayesiana com 93% de probabilidade posterior. As demais seções apareceram como parafiléticas. Apesar de as análises estarem em fase inicial, o clado constituído pelas espécies *L. corymbosa* e *L. lacunosa* (100% de probabilidade posterior e 97% de bootstrap) na árvore do gene ITS é um ponto importante na discussão dos problemas taxonômicos, pois agrupou duas espécies semelhantes morfológicamente. Dados citogenéticos revelaram que a espécie *L. lacunosa* possui $2n=56$ e *L. corymbosa* $2n=28$. Informações sobre a quantidade de DNA corroboram as diferenças obtidas quanto ao número cromossômico. Os dados para a região de TrnL-F não demonstraram variabilidade suficiente para a maioria das seqüências, porém evidenciou uma forte relação entre *L. lacunosa*, *L. rotundifolia* e *L. corymbosa*, o que reforça a hipótese de uma relação muito próxima entre tais espécies. De forma geral, o gene ITS permitiu a identificação de uma seção monofilética e reforçou a problemática da seção *Zappania* que se mostrou parafilética. Já o gene TrnL-F mostrou-se limitado pela ausência de polimorfismo entre as espécies.

Apoio financeiro: CNPq, Fapemig.