



Análise filogenética de *Mimosa* L. ser. *Cordistipulae* Barneby (Leguminosae- Mimosoideae) com base em dados morfológicos.

JANAÍNA GELMA ALVES DO NASCIMENTO - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

LUCIANO PAGANUCCI DE QUEIROZ - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

CASSIO VAN DEN BERG - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

janaina@uefs.br

O gênero *Mimosa* está incluído na Tribo Mimoseae e contém 479 espécies, organizadas em 5 seções e 78 séries. Apesar de ser um dos maiores gêneros dentro da família, ainda não há estudos filogenéticos para ele. Com o objetivo de estudar a filogenia de espécies da série *Cordistipulae* foram analisadas suas 13 espécies e três grupos externos: *M. pithecolobioides* Benth., *M. filipes* Martius e *M. campicola* Harms. Foram utilizados 26 caracteres vegetativos e 12 reprodutivos. A análise de parcimônia foi executada no Paup usando uma busca heurística (algoritmo TBR) com parcimônia de Fitch com caracteres não ordenados a priori. Foram obtidas 69 árvores mais parcimoniosas, com 79 passos e índices de consistência (CI) de 0.69 e retenção (RI) de 0.61. No consenso estrito, *M. xiquexiquensis* Barneby foi grupo irmão do restante da série (clado-B), padrão sustentado pelo tamanho do pecíolo, comprimento das brácteas, comprimento do cálice e da corola. Ainda, *M. blanchetii* Benth., *M. brevipinna* Benth. e *M. cordistipula* Benth. Ficaram em posições não resolvidas na base do clado-B, que incluiu dois subclados: um clado formado por (*M. setuligera* Harms ((*M. misera* Benth., *M. minarum* Barneby) (*M. leptantha* Benth., *M. borboremae* Harms))) e o outro (*M. ulbrichiana* Harms (*M. morroensis* Barneby, *M. hirsuticaulis* Harms)). Este trabalho ressalta a importância de alguns caracteres morfológicos separando *M. xiquexiquensis* e no agrupamento das espécies em dois clados, e são eles o comprimento das pinas, as estípulas lanceoladas, a relação do comprimento e largura dos folíolos. Como caracteres sinapomórficos para a série *Cordistipulae* foram indicados a presença de tricomas, número de pares de pina parafilídios e espículas interpinais ausentes. As relações filogenéticas dentro da série são dados novos que deverão ser posteriormente comparados com uma filogenia molecular do grupo.

Apoio: FAPESB e CNPq.