

seleção desses por meio de ligação às enzimas em questão (*phage display*), a fim de compreender melhor a relação estrutura e função desses inibidores com as proteinases da coagulação. Esses inibidores poderão, no futuro, constituir a base para o desenvolvimento de anticoagulantes com aplicação terapêutica.

**167** **Identificação e clonagem de genes diferencialmente expressos em plantas de *Arabidopsis* por meio de *differential display* de mRNAs**

Celso Eduardo Benedetti

Laboratório Nacional de Luz Síncrotron (LNLS)

Associação Brasileira de Tecnologia de Luz Síncrotron (ABTLuS)

Ministério da Ciência e Tecnologia

Processo 1995/06662-5

Vigência: 1/3/1997 a 30/11/2001

O mutante de *Arabidopsis thaliana coi1* é insensível à fitotoxina coronatina e ao fator de regulação de crescimento de planta, ácido jasmônico. Flores do mutante *coi1* apresentam desenvolvimento de grão de pólen alterado e são, portanto, machos estéreis. O objetivo do trabalho é utilizar a técnica de *differential display* de mRNAs para isolar genes regulados por ácido jasmônico em plantas *Arabidopsis*, relacionados ao processo de desenvolvimento de grão de pólen.

## BOTÂNICA

**168** **Estudos filogenéticos e evolutivos em Apocynaceae neotropicais**

André Olmos Simões

Escola de Artes, Ciências e Humanidades

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2008/01213-0

Vigência: 1/12/2008 a 30/11/2012

Este projeto tem por objetivo a obtenção de auxílio para a pesquisa em três temas vinculados à sistemática e evolução da família Apocynaceae, com ênfase em seus grupos neotropicais: 1) filogenia e sistemática das espécies neotropicais de Willughbeieae; 2) morfologia e evolução da estrutura floral em Rauvolfioideae; 3) evolução dos frutos carnosos em Apocynaceae. Durante um período de quatro anos, a ser iniciado em agosto de 2008, pretende-se estudar a anatomia, morfologia, taxonomia e filogenia de espécies selecionadas de Apocynaceae de forma a testar hipóteses sobre a evolução das flores e frutos na família e investigar os relacionamentos filogenéticos das espécies de Willughbeieae, uma das maiores e menos estudadas tribos da subfamília Rauvolfioideae.

**169** **Equilíbrio energético da cana-de-açúcar: uma abordagem de sistemas para compreender a regulação do metabolismo da sacarose e a sinalização de açúcar**

Renato Vicentini dos Santos

Centro de Biologia Molecular

Universidade Estadual de Campinas (Unicamp)

Processo 2008/58031-0

Vigência: 1/8/2009 a 31/7/2013

A pesquisa da cana-de-açúcar identificou e caracterizou uma sequência de proteínas envolvidas na biossíntese de carbono e na detecção de açúcar. No entanto, os resultados correntes para compreender a biossíntese e a acumulação de sacarose ficaram aquém das expectativas. Os mecanismos moleculares responsáveis pela conversa cruzada entre esses diferentes caminhos regulatórios e de sinalização e sua diversificação em plantas ainda precisam ser melhor elucidados para se compreender os padrões de crescimento de plantas e a produção de biomassa. Está apenas começando a produção dos dados detalhados de expressão genética necessários para compreender a rede de interações em nível molecular. Para tratar da taxa de descoberta de genes, abordagens de alto rendimento foram desenvolvidas para a experimentação biológica e questões biológicas relevantes com respeito a genes, interações de proteínas ou redes de processos biológicos podem ser agora enfrentadas. Aqui, propõe-se desenvolver uma abordagem de pesquisa que integra biologia molecular e de sistemas para melhorar o conhecimento sobre a biossíntese de carboidratos e a sinalização regulamentar de açúcar na cana-de-açúcar. Neste projeto de pesquisa, serão criadas maneiras para aplicar análises de rede regulatória e modelos metabólicos dinâmicos em dados moleculares e genéticos da cana-de-açúcar relacionados à biossíntese da sacarose e definiremos a diversificação de programas de expressão induzidos por glicose e sacarose em angiospermas. Espera-se que os modelos detectem a regulação de muitos componentes genéticos da cana-de-açúcar e antecipa-se que os dados melhorarão visão da sinalização de açúcar em plantas. Simulações desses modelos proporcionarão uma ferramenta eficaz para a identificação de candidatos a manipulações genéticas que tenham a melhor chance de promover o aumento do conteúdo de sacarose e para a priorização de análises futuras. Os resultados integrarão bases de dados que poderão embasar projetos relacionados à pesquisa de biomassa e bioenergia.

**170** **Evolução dos sistemas de polinização em Vanilloideae (Orchidaceae) americanas**

Emerson Ricardo Pansarin

Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto  
 Universidade de São Paulo (USP)  
 Processo 2007/07445-7  
 Vigência: 1/4/2009 a 31/3/2012

A posição das orquídeas vaniloides na família Orchidaceae tem sido controversa, embora esse grupo apresente um conjunto de características que as distingue de todos os outros da família. Os estudos até agora realizados não incluem todos os gêneros pertencentes a ambos os grupos nas análises, e dados estão faltando, principalmente no que se refere às espécies sul-americanas. O presente trabalho tem por objetivo fazer uma análise da hipótese filogenética com os representantes de orquídeas vaniloides americanas e grupos externos a partir de dados macromoleculares para as regiões ITS (nrDNA), e matK, psbB e rbcL (cpDNA). Os dados de ITS serão usados para estabelecer as relações entre os gêneros e a posição de espécies saprofíticas no grupo. Por meio dos dados obtidos nas análises moleculares e de biologia floral das espécies, o presente trabalho pretende verificar como pode ter ocorrido o processo de evolução dos sistemas de polinização no grupo. Para isso, observações de campo serão realizadas para investigar os polinizadores e os mecanismos de polinização das espécies. Flores frescas serão coletadas e/ou fixadas para a realização de estudos morfoanatômicos que visarão detectar o tipo de recurso floral oferecido por cada espécie. Os dados obtidos aqui para as espécies sul-americanas de Vanilloideae serão acrescentados aos previamente publicados para os demais gêneros de orquídeas vaniloides americanas.

171

### Sistemática molecular, padrões de diversificação e conservação de orquídeas brasileiras

Samantha Koehler  
 Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)  
 Universidade de São Paulo (USP)  
 Processo 2006/55121-3  
 Vigência: 1/5/2007 a 30/4/2011

As orquídeas constituem a maior família de monocotiledôneas, sendo o Brasil um dos países com maior diversidade de espécies. Apesar do crescente número de estudos taxonômicos e florísticos publicados considerando orquídeas brasileiras, estudos filogenéticos e evolutivos ainda estão no princípio no país. Em vários grupos morfológicamente complexos e extremamente diversificados, a identificação de espécies é dificultada pela ocorrência de formas intermediárias e pelo polimorfismo de caracteres morfológicos, somados à ausência de chaves de identificação e tratamentos taxonômicos atualizados. Este projeto tem por objetivo estudar grupos morfológicamente com-

plexos de orquídeas brasileiras por meio da inferência de relações filogenéticas baseadas em marcadores moleculares visando: 1) esclarecer limites entre espécies e unidades taxonômicas infraespecíficas; 2) desenvolver revisões taxonômicas de grupos problemáticos; 3) identificar caracteres morfológicos evolutivamente informativos; 4) identificar fatores-chave na diversificação de linhagens e na manutenção de espécies; e 5) identificar populações prioritárias para conservação. Para tal, este projeto será baseado, principalmente, no estudo comparativo de sequências de DNA de evolução rápida e marcadores AFLP, além do estudo da variação de caracteres fenotípicos e do levantamento de dados biogeográficos complementares. Os marcadores moleculares serão comparados mediante análises filogenéticas, considerando os critérios de parcimônia máxima e verossimilhança máxima e análises de agrupamento (UPGMA e análise de coordenadas principais). Na etapa seguinte, as filogenias moleculares obtidas serão relacionadas com informações biogeográficas e fenotípicas por meio do método *nested clade analysis* visando à identificação de processos que originaram os padrões de diversidade observados nos grupos estudados. Métodos multivariados serão aplicados para a identificação de linhagens prioritárias para conservação.

172

### Especiação, isolamento reprodutivo e genética de populações em espécies de Bromeliaceae: implicações taxonômicas, evolutivas e conservacionistas

Clarisse Palma da Silva  
 Instituto de Botânica  
 Secretaria Estadual do Meio Ambiente (SMA-SP)  
 Processo 2009/52725-3  
 Vigência: 1/12/2009 a 30/11/2013

A diferenciação genética entre populações e especiação representa um dos tópicos mais debatidos em evolução. A especiação pode ser vista como a evolução de mecanismos de isolamento reprodutivo entre populações que anteriormente realizavam trocas gênicas. Esses mecanismos devem ser mantidos por barreiras ao fluxo gênico, para que as espécies incipientes permaneçam como entidades distintas. Porém cruzamentos entre espécies distintas (hibridação) são relativamente frequentes tanto em plantas como em animais e sua importância e consequência evolutiva têm sido motivo de discussão entre os estudiosos. Em relação à diversificação de linhagens, alguns autores sustentam que a hibridação é um processo raro, que ocorre numa escala local consistindo em um “ruído evolutivo” de pequena significância. Outros, no entanto, veem a hibridação como uma poderosa força evolutiva que criaria oportunidades para a diversificação adaptativa e especiação em populações naturais. Análises mo-