

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-

leculares são ferramentas eficientes na quantificação da estrutura genética das populações e na determinação das consequências dos processos de introgressão e hibridação em espécies incipientes. O objetivo deste projeto é estudar a natureza do isolamento reprodutivo entre populações simpáticas de espécies congêneres de bromélias, por meio da caracterização da estrutura genética populacional revelada por marcadores moleculares uni e biparentais. Essas informações são fundamentais para a compreensão dos processos que moldaram a extraordinária riqueza biológica presente nas florestas neotropicais e das consequências genético-evolutivas da fragmentação de ambientes e diminuição do tamanho populacional com vistas à conservação da biodiversidade.

173

Estudos filogenéticos e sistemáticos em Rutaceae: filogenia e delimitação de Galipeinae (Galipeae) baseados em sequências do DNA do núcleo e cloroplasto

Milton Groppo Júnior

Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2006/03170-0

Vigência: 1/6/2007 a 31/5/2011

A subtribo Galipeinae (da tribo Galipeae) é o maior grupo taxonômico da família Rutaceae, com ca. 26 gêneros e 160 espécies exclusivamente neotropicais. Dessas, ca. 120 espécies (22 gêneros) ocorrem no Brasil, 45 (43 brasileiras) pertencentes ao gênero *Conchocarpus*. Sendo tão diversa, há problemas na delimitação genérica de alguns grupos, os gêneros definidos por limitados conjuntos de estados de caráter, e não por estados de caráter exclusivos (sinapomorfias). Vários gêneros são monotípicos ou com menos de cinco espécies. Além disso, estudos moleculares recentes demonstraram que a subtribo não é monofilética, necessitando ser recircunscrita. Este projeto tem como um dos objetivos avaliar a filogenia de Galipeinae, utilizando a metodologia cladística em um contexto molecular, na tentativa de clarificar as relações entre os gêneros e apresentar nova proposta de circunscrição para alguns grupos, notadamente *Conchocarpus*, além de testar a própria circunscrição da subtribo. Características morfológicas como grau de conação das pétalas, dos carpelos e zigomorfia da corola serão otimizadas nas árvores moleculares resultantes, na tentativa de relacionar as características florais e do fruto com possíveis polinizadores e dispersores. Serão incluídos nas análises também gêneros que emergiram como próximos à Galipeinae em estudos recentes (como *Hortia*), que fazem parte de um grupo informalmente denominado Galipeinae expandida.

174

Sistemas reprodutivos e análise histológica dos eventos posteriores à polinização em espécies autoférteis e autoestéreis de Bignoniaceae

Nelson Sabino Bittencourt Júnior

Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas de São José do Rio Preto

Universidade Estadual Paulista (Unesp)

Processo 2005/59234-4

Vigência: 1/4/2006 a 31/3/2010

O presente estudo tem como propósito investigar a reprodução por sementes em dez espécies pertencentes aos gêneros *Crescentia*, *Cybistax*, *Jacaranda*, *Spathodea* e *Tabebuia*, visando alcançar os seguintes objetivos: 1) determinar o sistema reprodutivo e verificar os eventos posteriores à polinização em pistilos autopolinizados vs. submetidos à polinização cruzada, nas espécies em que tais estudos ainda não foram realizados; 2) verificar a possível ocorrência de interfertilidade entre as espécies estudadas; 3) contribuir para o conhecimento sobre a embriologia de Bignoniaceae (em espécies autoestéreis); 4) determinar a longevidade dos pistilos e caracterizar, histologicamente, a organização e a ativação da zona de abscisão pedicelo-receptacular em flores autopolinizadas e não polinizadas; 5) comparar os dados desta análise com as transformações que ocorrem no saco embrionário após início da antese, em pistilos autopolinizados vs. não polinizados (em espécies poliembriônicas); 6) determinar o momento em que se inicia e comparar o progresso do desenvolvimento inicial do endosperma, do embrião zigótico e dos embriões adventícios em óvulos de pistilos autopolinizados e submetidos à polinização cruzada, bem como comparar o desenvolvimento posterior ao início da antese em óvulos de pistilos polinizados vs. não polinizados. Este estudo será realizado com base em experimentos de polinizações manuais e análises de microscopia óptica e eletrônica.

175

Variações sazonais e tolerância a deficiência hídrica de mudas de espécies tropicais arbóreas de diferentes grupos sucessionais

Gustavo Maia Souza

Faculdade de Ciências Agrárias de Presidente Prudente

Universidade do Oeste Paulista (Unoeste)

Processo 2003/06939-5

Vigência: 1/6/2004 a 31/5/2008

A crescente importância em se conservar e restaurar ambientes naturais, como as florestas tropicais, traz a necessidade do desenvolvimento de programas de manejo e projetos de restauração florestal cada vez mais eficientes e ecologicamente adequados para a manutenção da biodiversidade. Neste contexto, o conhecimento da eco-