

[2015 - Atual] Contribuições da citogenética na sistemática, filogenia e melhoramento de Leguminosae (Fabaceae) do Nordeste brasileiro

Descrição: O presente projeto visa ampliar o conhecimento sobre a citogenética de Leguminosae distribuídas no Nordeste do Brasil. Para tal, foram elencados três subprojetos buscando gerar conhecimentos cito-moleculares que subsidiem o conhecimento da biodiversidade local, conservação, relações evolutivas e melhoramento genéticos nesse importante grupo de plantas. Esses subprojetos buscam analisar representantes dos gêneros *Caesalpinia* (Caesalpinoideae), *Moldenhawera* (Caesalpinoideae) e *Sthylosanthes* (Papilionoideae)..

[2015 - Atual] Origem das disjunções Sul-Americanas de *Podocarpus* L'HÉR. EX PERS. (Podocarpaceae): Filogeografia de *P. sellowii* e e filogenia do gênero com ênfase nas espécies brasileiras

Descrição: A América do Sul é uma das regiões mais biodiversas e com história geológica mais dinâmica do planeta. Entender como se distribui a biodiversidade no continente e quais os fatores ambientais e históricos responsáveis por esses padrões espaciais é importante para entender, inclusive, como mudanças climáticas poderão alterar a distribuição geográfica das espécies no futuro. Nos últimos anos, estudos biogeográficos e filogeográficos têm buscado compreender os padrões de distribuição e as relações evolutivas entre as linhagens de grupos Neotropicais. As gimnospermas atuais constituem um grupo vegetal bastante diverso do ponto de vista morfológico, filogenético e biogeográfico e que tem evoluído por um longo período de tempo, sobrevivendo a grandes alterações geológico-climáticas. Dentre os gêneros da família Podocarpaceae, *Podocarpus* se destaca por ser o mais representativo e um dos poucos dentre as gimnospermas a apresentar espécies nativas do Brasil. Além disso, existe uma série de fósseis que podem auxiliar na datação da origem de distintas linhagens, sendo assim um grupo modelo para estudos filogenéticos e filogeográficos na América do Sul. Dessa forma, o presente estudo visa aprofundar o entendimento da história demográfica de linhagens de *Podocarpus* na região Neotropical, avaliando o grau de estruturação genética das espécies com distribuição disjunta e o impacto dos eventos paleoclimáticos sobre a evolução dessas linhagens. Para isso, serão sequenciadas quatro regiões nucleares e plastidiais previamente utilizadas como DNA barcode ou em estudos filogenéticos do gênero. Serão realizadas uma reconstrução filogenética, com datação molecular e calibração baseada em fósseis, adicionando à filogenia do gênero uma maior representatividade de espécies brasileiras, e uma análise filogeográfica de *Podocarpus sellowii*, a mais bem distribuída no Brasil. Esse estudo pretende contribuir para o entendimento das relações históricas entre as regiões disjuntas de ocorrência do gênero, particularmente da Floresta Atlântica brasileira.

[2015 - Atual] Desarrollo de herramientas genómicas para la domesticación de *Paspalum dilatatum*

Descrição: La introducción de gramíneas perennes C4 en las pasturas permanentes puede tener impactos muy importantes en la estabilidad estacional de las mezclas y su resistencia a la invasión por malezas, además de aumentar su eficiencia de uso del nitrógeno y capacidad de secuestro de carbono. Estos efectos se espera que se intensifiquen en un escenario de cambio climático. Sin embargo, las especies tropicales difundidas en los mercados internacionales no se adaptan a zonas de transición como las nuestras debido a su baja tolerancia al frío. *Paspalum dilatatum* es una gramínea C4 con excelentes cualidades forrajeras pero tras varias décadas de esfuerzos en varios países, no se ha encontrado variabilidad para sus mayores limitantes como la baja producción de semilla y susceptibilidad a la infección por *Claviceps*. Además, no ha sido posible realizar mejoramiento convencional para esta especie debido a su nivel de ploidía impar y su reproducción asexual por apomixis. Dentro del complejo de especies emparentadas del género *Paspalum*, denominado grupo Dilatata, se encuentran 5 biotipos sexuales que comparten una misma fórmula genómica y en conjunto comprenden un amplio rango geográfico que incluye el Uruguay, Brasil, Chile, Paraguay y parte de Argentina. Estos biotipos si bien no ocurren en simpatria y presentan características morfológicas y fisiológicas muy diversas, pueden ser cruzados artificialmente con éxito para obtener híbridos fértiles en la mayoría de las combinaciones. Constituyen, por lo tanto, un vasto acervo genético que puede ser utilizado por los mejoradores para sintetizar diferentes combinaciones híbridas adaptadas a una gran variedad de situaciones productivas. En la actualidad, gracias a las tecnologías basadas en la secuenciación de nueva generación, su avance constante y sus costos decrecientes, es posible desarrollar herramientas de apoyo al mejoramiento en este tipo de especies. Este proyecto se plantea desarrollar las herramientas de análisis genómico para las

especies tetraploides del grupo Dilatata que permitan aplicar al mejoramiento de estas especies las metodologías que se utilizan en los cultivos mayores. De esta manera, se puede acelerar en gran medida los procesos de largo plazo y aprovechar un conjunto de germoplasma de dimensiones inusuales. Una de las preguntas que es necesario responder para viabilizar este emprendimiento es cuál es el grado de colinearidad entre los genomas de estas especies e identificar las limitaciones citogenéticas a la utilización de todo el conjunto de germoplasma. Entre los pasos intermedios propuestos se encuentran la secuenciación de los genomas cloroplásticos completos de los cinco biotipos, la generación de marcadores que permitan construir mapas genéticos suficientemente densos, la identificación de secuencias repetitivas que diferencien los genomas de estas especies, la generación de un mapa citogenético, y la generación de un genoma de referencia utilizando una especie diploide emparentada. Simultáneamente se realizarán cruzamientos y generarán poblaciones de líneas recombinantes que serán caracterizadas. Al finalizar el proyecto se espera contar con la capacidad de realizar mapas genéticos que permitan identificar las regiones relacionadas a las características agronómicas de mayor interés. Debido a que la evidencia actual indica que este grupo de especies tuvo un origen único, el conjunto de herramientas desarrolladas permitirán además responder algunas preguntas básicas de importancia en la genómica actual como son los procesos de diferenciación citogenética a nivel estructural y de secuencias repetitivas y el proceso de diploidización que ha venido sufriendo este grupo de especies poliploides desde su origen a partir de la hibridación entre dos especies diploides..

[2014 - Atual] **Evolução cariotípica em vegetais de pequeno genoma utilizando ferramentas citogenômicas**

Descrição: A citogenômica surgiu recentemente pela união da citogenética molecular e da genômica estrutural e tem permitido avanços em diversas áreas, desde a caracterização básica de genomas até o diagnóstico de doenças como o câncer. A partir de uma análise conjunta citomolecular e in silico de sequências de DNA selecionadas a partir das informações de um genoma completo ou parcialmente sequenciado é possível caracterizar genomas e disponibilizar marcadores para análises comparadas em espécies próximas, para as quais ferramentas genômicas ainda não estão disponíveis. Em plantas, essa abordagem é especialmente útil para a caracterização de espécies de genoma pequeno. Isso porque, por um lado, mais informações genômicas estão disponíveis e, por outro lado, esses grupos são pobremente caracterizados através da citogenética clássica. O presente projeto pretende, portanto, aprofundar os estudos dos gêneros Citrus (Rutaceae), Phaseolus (Fabaceae) e Rhynchospora (Cyperaceae), utilizando essa abordagem, a fim de esclarecer os principais eventos de evolução cariotípica presentes nesses grupos. Além da importância econômica de espécies dos dois primeiros gêneros, para os três existem ferramentas genômicas disponíveis ou em desenvolvimento e suas espécies apresentam particularidades cariotípicas bem distintas em relação à distribuição da heterocromatina, à organização do centrômero e às possíveis alterações cromossômicas envolvidas na sua evolução. Desse modo, esses grupos servirão de modelo para o estudo da evolução cariotípica de espécies vegetais de pequeno genoma..

[2013 - Atual] **Citogenômica comparativa em vegetais de pequeno genoma**

Descrição: A citogenômica surgiu recentemente pela união da citogenética molecular e da genômica estrutural e tem propiciado avanços em diversas áreas, desde a caracterização básica de genomas até o tratamento diferenciado de pacientes de câncer. A partir de uma análise conjunta cito-molecular e in silico de sequências de DNA selecionadas a partir das informações de um genoma completo ou parcialmente sequenciado é possível caracterizar genomas e disponibilizar marcadores para análises comparadas em espécies próximas, para as quais ferramentas genômicas ainda não estão disponíveis. Em plantas, essa abordagem é especialmente útil para a caracterização de espécies de genoma pequeno. Isso porque, por um lado, mais informações genômicas estão disponíveis e, por outro lado, esses grupos são pobremente caracterizados através da citogenética clássica. O presente projeto pretende portanto aprofundar os estudos dos gêneros Citrus, Phaseolus e Rhynchospora utilizando essa abordagem. Para esses gêneros existem ferramentas genômicas disponíveis e suas espécies apresentam particularidades cariotípicas em relação à distribuição da heterocromatina, da organização do centrômero e às alterações cromossômicas propostas. Desse modo, esses grupos servirão de modelo para o estudo da evolução cariotípica de espécies vegetais de pequeno genoma..

[2013 - Atual] **Análises filogenéticas e cariotípicas de espécies vegetais do Nordeste brasileiro**

Descrição: A sistemática vegetal ganhou novo impulso com o uso da filogenia molecular, baseada principalmente na comparação de sequências de DNA. Essas análises expandiram a compreensão das relações entre as angiospermas, quer seja em análises de hierarquias taxonômicas maiores ou menores. Ao longo dos últimos anos, o grupo de pesquisa de Citogenética Vegetal da UFPE vem gerando dados interessantes sobre a variação estrutural cromossômica e as relações citotaxonômicas de espécies do nordeste brasileiro. Entretanto, a falta de uma filogenia molecular para muitos desses grupos impossibilita uma interpretação mais clara da variabilidade cariotípica e do papel das mudanças cromossômicas na sua evolução. Este projeto visa usar a filogenética molecular para dar subsídios à sistemática de alguns grupos taxonomicamente complexos do nordeste brasileiro, bem como usar as informações geradas pelas filogenias para integrá-los a dados cromossômicos e estudar mais detalhadamente sua evolução cariotípica. Nesse caso, pretendemos complementar a análise de grupos cariotipicamente bem estudados e acrescentar uma abordagem de filogenia molecular. Para tal, foram selecionados três grupos, o gênero *Caesalpinia* (Leguminosae), a tribo *Gilliesieae* (Amaryllidaceae) e o gênero *Rhynchospora* (Cyperaceae)..

[2012 - Atual] **Relações evolutivas e citofilogenia do gênero *Nothoscordum* (Amaryllidaceae)**

Descrição: Ao longo dos últimos anos uma série de trabalhos desenvolvidos no Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal-UFPE trouxeram novas interpretações sobre as relações evolutivas, taxonomia e citogenética de representantes sul-americanos da subfamília *Allioideae* (Amaryllidaceae). Embora a motivação inicial dessas análises tenha sido citogenética (se tratam dos maiores cromossomos da flora sul-americana), recentemente a inclusão de métodos moleculares permitiu um avanço na área de citofilogenia (combinação de citogenética e cladística através de métodos filogenéticos comparativos). Os avanços dessas publicações recentes permitiram uma melhor circunscrição genérica, interpretação da evolução cariotípica e estabelecimento de filogenias moleculares para boa parte dos gêneros, entretanto ainda falta concluir a análise molecular do principal gênero do grupo: *Nothoscordum*. Trata-se do maior gênero sul-americano de *Allioideae* (~ 25 spp.), com distribuição geográfica mais ampla, maior diversidade cromossômica e com a taxonomia mais complexa. Assim, este projeto visa completar uma filogenia molecular preliminar (baseada inicialmente com sequências nucleares ITS) através do sequenciamento de três loci plastidiais (trnL-trnF, psbA-trnH e rbcL). Posteriormente as topologias resultantes serão utilizadas para interpretar a evolução cariotípica (citofilogenia) através de dados cito-moleculares já obtidos para seus representantes. Adicionalmente, as análises moleculares visam contribuir para uma melhor delimitação taxonômica do gênero. O presente projeto, portanto, visa a conclusão de uma importante análise que vem sendo desenvolvida ao longo de vários anos numa parceria entre a UFPE e a Universidad de la República, Montevideú, Uruguai..