



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Prospecção de Marcadores Genéticos Potenciais para Estudos Filogeográficos em Espécies de Tigridieae (Iridaceae)
Autor	DENIS DIAS DORNELLES
Orientador	TATIANA TEIXEIRA DE SOUZA CHIES

Prospecção de Marcadores Genéticos Potenciais para Estudos Filogeográficos em Espécies de Tigridieae (Iridaceae)

Denis Dias Dornelles ¹ ; Tatiana Teixeira de Souza Chies ¹ (orient.)

1- Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Instituto de Biociências

Estudos genealógicos têm empregado a filogeografia para investigar as relações entre os processos evolutivos, através da distribuição da variação genética entre populações. No Brasil, os Campos Sulinos gaúchos apresentam uma formação vegetal complexa e rica em endemismos e nele encontra-se uma das maiores famílias de monocotiledôneas, a família Iridaceae, representada por 37 espécies, 17 delas relacionadas na lista de táxons da flora do Rio Grande do Sul com algum grau de ameaça de extinção. Assim, o presente projeto tem por objetivo identificar e caracterizar sequências do genoma plastidial potenciais para estudos filogeográficos em Iridaceae (Iridoideae).

O presente estudo possui foco em oito espécies da tribo Tigridieae. A extração do material foliar coletado foi realizada através do método CTAB. A Eletroforese após extração, para verificação da presença de bandas de DNA foi realizada em gel de agarose 0,8%. As amostras foram amplificadas utilizando reação em cadeia da polimerase (PCR) para as regiões psbA-trnH e rps16 do DNA plastidial. Consecutivamente, as amostras passaram por uma nova eletroforese, em gel de Agarose 1% após o PCR, para quantificar e verificar se houve amplificação do DNA correspondendo ao fragmento selecionado.

Com a finalidade de eliminar o restante do produto de PCR que não reagiu na amplificação, foi realizada a purificação das amostras utilizando soluções de Polietileno Glicol e EtOH 80%. Dado por completa a purificação, as amostras passaram por uma última eletroforese em gel de Agarose 1%, com o intuito de observar se o restante do produto de PCR foi removido. Consecutivamente, as amostras foram preparadas e enviadas para o sequenciamento conforme as especificações recomendadas em sequenciador automático AppliedBiosystems, que utiliza o método de Sanger para os sequenciamentos. Após estes procedimentos, as sequências obtidas serão reunidas, editadas e alinhadas, constituindo matrizes de dados com sequências caracterizadas de acordo com índices de Diversidade Molecular e também analisadas para estimar a diferenciação geral de populações (F_{ST}) e a variância molecular (AMOVA).

Até o momento, obteve-se os resultados das ampliações realizadas para as espécies *Cypella hauthalii ssp. opalina* e *Herbertia aff. quareimana*, utilizando os marcadores rps16 intron e psbA-trnH Spacer na qual observou-se a quantidade de aproximadamente 800 pares de base para todas as amostras e concentrações de DNA em média de 100 ng. Os resultados do sequenciamento das amostras ainda estão sendo apurados. Espera-se ainda realizar novas ampliações com os marcadores rps16 intron, psbA-trnH e outros marcadores com novas amostras de outras populações e consecutivamente enviá-las para sequenciamento. Os resultados deste projeto servirão para identificar quais são as sequências do genoma plastidial mais adequadas, visando futuros estudos filogeográficos com espécies da tribo Tigridieae (Iridaceae).