



Evento	Salão UFRGS 2024: SIC - XXXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2024
Local	Virtual
Título	Estômatos como preditores de tamanho de genoma em Melastomataceae
Autor	ANA CAROLINA MACIEL DEÕN
Orientador	MARCELO REGINATO

Estômatos como preditores de tamanho de genoma em Melastomataceae.

Ana Carolina Maciel Deñ. Orientador: Marcelo Reginato.

UFRGS

Justificativa: a família Melastomataceae é muito diversa, tanto em número de espécies quanto em variação morfológica e ambiental, tendo grande potencial para estudos de biologia evolutiva. No entanto, existem poucos dados citogenéticos dentro da família, incluindo tamanho de genoma, ploidia e número cromossômico. Neste contexto, este projeto visa fornecer dados de tamanho de estômatos, para futura avaliação de uma possível correlação entre esta característica e tamanho de genoma e ploidia em Melastomataceae. Objetivos: confeccionar lâminas com impressão de estômatos; capturar imagens das impressões dos estômatos sob microscópio óptico; medir as células-guarda a partir das imagens capturadas; fazer análises descritivas das medidas obtidas; e preparar o material testemunho para o herbário ICN. Metodologia: as lâminas de impressão de estômatos foram feitas a partir da aplicação de esmalte transparente sobre a face abaxial das folhas, e posterior retirada do esmalte com auxílio de fita adesiva transparente e fixação em lâmina para microscópio. As imagens foram feitas sob microscópio óptico com câmera acoplada e as medições foram realizadas pelo software StoManager. As análises descritivas foram feitas no programa R. O material testemunho das amostras analisadas foi preparado de acordo com as normas estabelecidas pelo Herbário ICN. Resultados: foram analisados 1.015 estômatos de 65 amostras de 44 espécies distribuídas em 9 gêneros. Os maiores tamanhos de estômatos foram encontrados no gênero *Clidemia* e os menores no gênero *Meriania*. Além disso, percebe-se que nas medidas de comprimento de estômato, houve maior variação dentro de cada gênero, principalmente para os gêneros *Pleroma* e *Miconia*, o que pode indicar variação no tamanho do genoma dentro destes grupos, caso o tamanho da célula-guarda seja um bom preditor, o que será avaliado em novas etapas deste projeto.