Desenvolvimento de marcadores moleculares e diversidade genética de Pseudobombax marginatum: implicações para a conservação

PAULA TEIXEIRA GOMES (Autor), PATRICIA DE ABREU MOREIRA (Orientador)

Instituição de Ensino - Universidade Federal de Ouro Preto

Palavras Chaves:

Caatinga; Marcadores Moleculares; Microssatélites; Pseudobombax marginatum.

Resumo:

A Caatinga é uma das maiores e mais distintas regiões brasileiras, porém, esse bioma permanece como um dos menos conhecidos da América do Sul. Além disso, as ameaças a esse bioma colocam em risco a biodiversidade a ele associada. Assim, esse estudo tem como objetivo o desenvolvimento de marcadores moleculares microssatélites para Pseudobombax marginatum, uma espécie arbórea da Caatinga, popularmente conhecida como embiratanha. Devido à raridade e distribuição disjunta da espécie em áreas naturais e a atual fragmentação da Caatinga, o estudo da diversidade e estrutura genética de populações nessa região é de suma importância para gerar conhecimento sobre a espécie e sobre o bioma na qual ela está inserida, os quais encontram-se ameaçados. O estudo está sendo conduzido na Estação Ecológica do Seridó. Um total de 77 indivíduos foi amostrado e folhas foram coletadas para a extração de DNA. Uma amostra de DNA de um indivíduo foi submetida ao sequenciamento de nova geração na Plataforma Illumina MiSeq. As sequências geradas foram submetidas a uma montagem para a formação de sequências contíguas. As sequências consenso produzidas foram utilizadas como referência na busca por regiões que sejam possíveis marcadores moleculares. A identificação dos microssatélites foi feita e as sequências foram transferidas para o programa PRIMER3 para o desenho dos oligonucleotídeos que serão utilizados como iniciadores. Um total de 36 regiões foi selecionado e os oligonucleotídeos estão em fase de teste. Após a otimização e caracterização dos locus microssatélites a população de P. marginatum da ESEC Seridó será geneticamente avaliada. Até o momento foi realizada a extração do DNA das plantas, o mesmo foi extraído das folhas, de todos os indivíduos pelo procedimento padrão do CTAB 2%. Após as extrações, o DNA foi quantificado em gel de agarose. O protocolo de extração se mostrou satisfatório e o DNA obtido será amplificado por PCR na próxima etapa de otimização dos marcadores moleculares.

Publicado em:

- Evento:Encontro de Saberes 2015
- Área:CIÊNCIAS DA VIDA
- Subárea:BIOLOGIA GERAL