



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Construção de marcadores genéticos do tipo microssatélites para análises moleculares do lagarto <i>Salvator merianae</i>
Autor	GUSTAVO HENRIQUE SILVA SANTOS
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

Construção de marcadores genéticos do tipo microssatélites para análises moleculares do
lagarto *Salvator merianae*

Gustavo Henrique Silva Santos

Nelson Jurandi Rosa Fagundes

Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

O gênero *Salvator* (Teiidae) é constituído pelas espécies de lagartos com maior tamanho corporal nas Américas, e podem atingir até 50 cm de comprimento rostro-cloacal. O lagarto *Salvator merianae* (lagarto-de-papo-amarelo) possui uma ampla distribuição geográfica, ocorrendo em diversos países da América do Sul, como Brasil, Argentina, Uruguai e Bolívia. Diversos aspectos ecológicos e comportamentais ainda são desconhecidos para populações dessa espécie, que também sofre uma carência de estudos moleculares. Os microssatélites, também conhecidos como repetições de sequências simples (SSR) se caracterizam por subunidades repetitivas justapostas, geralmente localizados no genoma nuclear. São marcadores não-codificantes em sua maioria e normalmente caracterizados por um elevado grau de polimorfismo. Nos últimos anos, locos de microssatélites têm sido utilizados em diferentes tipos de análise, como por exemplo, estudos de parentesco, genética forense, estrutura genética das populações, entre outras. Por serem marcadores altamente variáveis e possuírem uma alta taxa de evolução, os microssatélites possibilitam uma melhor resolução da estrutura genética da população quando comparados com outros marcadores. Este estudo objetiva a utilização de dezoito conjuntos de primers específicos previamente construídos para a amplificação e genotipagem de indivíduos de coleta na Estação Experimental da UFRGS (EEA-UFRGS), e também de amostras de indivíduos capturados no estado de Goiás e doados pela Universidade de Brasília (UnB), além de amostras de animais atropelados na BR-101, na Planície Costeira do Rio Grande do Sul. O DNA dos indivíduos de *S. merianae* foi extraído a partir de músculo usando o protocolo CTAB. Uma biblioteca enriquecida com repetições de microssatélite foi feita em parceria com o Laboratório de Evolução Molecular da UFRGS. O protocolo para amplificação de locos selecionados contendo regiões de SSR foi otimizado, estabelecendo-se a melhor temperatura de anelamento e número de ciclos para cada loco individual. As reações de PCR foram verificadas através de eletroforese horizontal em gel de agarose 2%, corado com GelRed. Foram utilizadas três fluorescências distintas (FAM, HEX e NED), que foram lidas após genotipagem por eletroforese capilar realizada por uma empresa terceirizada. Os cromatogramas foram analisados com o programa Peak Scanner. Até o momento dez marcadores foram otimizados para 46 indivíduos das três populações, destes um é monomórfico para todas as amostras. Para os nove marcadores polimórficos, o número médio de alelos por loco até o momento é de 5,88 alelos (variando de 4 a 9). Os marcadores já otimizados mostram-se potencialmente úteis para a confecção da biblioteca final de microssatélites a ser estabelecida para essa espécie. As próximas etapas do projeto constituirão na otimização dos oito marcadores restantes e da genotipagem dos indivíduos restantes no banco de amostras para todos os marcadores. Estimativas de heterozigosidade (esperada e observada), teste do Equilíbrio de Hardy-Weinberg, e estimativas de parentesco e endogamia serão úteis para caracterizar a estrutura genética presente na população da EEA/UFRGS.