

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC




múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	VARIAÇÃO TEMPORAL DA ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÃO DA ESPÉCIE LIOLAEMUS ARAMBARENSIS EM BARRA DO RIBEIRO (GRUPO BOULENGERI, SUBGRUPO "WIEGMANNI")
Autor	TALITA MENGER RIBEIRO
Orientador	LAURA VERRASTRO VINAS

**VARIAÇÃO TEMPORAL DA ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÃO DA
ESPÉCIE *LIOLAEMUS ARAMBARENSIS* EM BARRA DO RIBEIRO (GRUPO
BOULENGERI, SUBGRUPO “WIEGMANNI”).**

Talita Menger Ribeiro

Orientadora: Profa. Dra. Laura Verrastro

UFRGS

A espécie de lagarto *Liolaemus arambarensis*, conhecida popularmente como lagartixas-dunas, é endêmica dos ambientes de restinga da Laguna dos Patos no Rio Grande do Sul, ocorrendo desde o município de Viamão até São Lourenço do Sul. A espécie está classificada como “em perigo” (EN) pela União Internacional para a Conservação da Natureza, devido sua distribuição restrita e a fragmentação de seu habitat. O presente estudo se propõe a avaliar aspectos genéticos de uma população de *Liolaemus arambarensis*, através da comparação de amostras genéticas de diferentes faixas temporais. O objetivo é analisar uma possível variação nos parâmetros genéticos ao longo deste período, caracterizando, assim, fluxo gênico, endocruzamento e tamanho populacional. A área de estudo localiza-se no município de Barra do Ribeiro e é caracterizada por uma extensa região de restinga e terrenos arenosos que formam dunas. Para as análises genéticas foi coletada a última falange dos dedos dos indivíduos, que já são cortadas para fins de marcação e recaptura de estudos já realizados com a espécie. As amostras foram armazenadas em tubos *Eppendorfs* em álcool 96% e congeladas. Após a coleta os indivíduos foram devolvidos ao local onde foram encontrados. Serão utilizadas 10 amostras já coletadas (anos 2002 e 2003), presentes na coleção científica do Laboratório de Herpetologia da UFRGS, e 10 amostras do ano de 2017. A extração de DNA das amostras foi conduzida de acordo com o protocolo de extração CTAB de Doyle & Doyle (1987). Após a extração, as amostras serão enviadas para uma empresa terceirizada que vai gerar e sequenciar RAD tags (restriction site-associated DNA). A construção da biblioteca RAD será realizada de acordo com o protocolo de digestão duplo descrito por Peterson et al. (2012). As bibliotecas serão sequenciadas utilizando a plataforma Illumina HiSeq 2000 (empresa terceirizada) gerando dados das sequências (FASTQ) que serão segregados a partir de *barcodes* individuais e cortados em aproximadamente 90 pb. Demais análises serão definidas com o avanço do estudo das técnicas e a partir de literatura específica.