



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

| | |
|-------------------|---|
| Evento | Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2019 |
| Local | Campus do Vale - UFRGS |
| Título | Hibridação interespecífica entre espécies simpátricas de Petunia |
| Autor | PEDRO HENRIQUE PEZZI |
| Orientador | LORETA BRANDAO DE FREITAS |

Hibridação interespecífica entre espécies simpátricas de *Petunia*

Pedro Henrique Pezzi¹ e Loreta Brandão de Freitas¹

¹Laboratório de Evolução Molecular, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

Hibridação é um processo que pode influenciar na evolução e diversificação de plantas, gerando indivíduos com maior diversidade genética, aumentando suas chances de adaptação a um novo ambiente. *Petunia* (Solanaceae) é um gênero mundialmente conhecido pela espécie ornamental *P. hybrida* e composto por 14 espécies silvestres distribuídas na América do Sul. Eventos de hibridação já foram propostos para diferentes espécies do gênero, incluindo híbridos de *P. inflata* x *P. interior*, espécies que ocorrem em simpatria no noroeste do Rio Grande do Sul e sudoeste de Santa Catarina. A hibridação entre elas foi sugerida pela ocorrência de indivíduos com morfologia intermediária e compartilhamento de marcadores genéticos. Por isso, o objetivo deste trabalho foi investigar a origem evolutiva de possíveis híbridos entre as espécies *P. inflata* e *P. interior*. Foram coletados indivíduos de populações alopátricas de *P. interior* e de *P. inflata*, além de indivíduos das duas espécies que ocorrem em simpatria, totalizando 68 indivíduos, sendo sete populações de *P. interior* e cinco de *P. inflata*. O DNA foi extraído pelo método CTAB e utilizado para construir uma biblioteca de GBS (*genotyping by sequencing*). As leituras do DNA que retornaram do sequenciamento foram trabalhadas por métodos de bioinformática a fim de criar um arquivo contendo as variantes do tipo SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) que serviu como base para as análises populacionais. As leituras foram mapeadas contra o genoma de *P. inflata*. Os loci em desequilíbrio de ligação foram detectados pelo software VCFtools e os loci sob seleção foram identificados pelo programa BayeScan. Após a remoção desses loci, obtivemos um total de 31935 SNPs no arquivo final. Uma análise de componentes principais (PCA) e um dendrograma foram realizados no pacote R para compreender as relações entre as espécies e os possíveis híbridos. Os resultados indicaram uma divisão em dois grupos: um grupo composto apenas por indivíduos de *P. interior*, pertencentes às quatro populações de terras altas (elevação maior que 500 m) e um grupo composto pelas cinco populações de *P. inflata* e três populações de *P. interior* de terras baixas (elevação menor que 500 m). Dentro desse último grupo, um subgrupo é formado por indivíduos das duas espécies, incluindo aqueles que ocorrem em simpatria, evidenciando que essas duas espécies compartilham marcadores genéticos na região em que são encontradas próximas. Esse compartilhamento de SNPs pode ser sugestivo de hibridação entre as espécies na zona de simpatria, porém mais análises devem ser realizadas para melhor compreensão desse processo.