

ESTUDOS EVOLUTIVOS EM ESPÉCIES VEGETAIS: ATIVIDADES DESENVOLVIDAS NO LEM-UFRGS

Freitas, Loreta B.; Ramos, Aline M.C.; Lorenz-Lemke, Aline P.; Segatto, Ana Lúcia; Dutra, Caroline G.; Turchetto, Caroline; Thomas, Eluíza; Salzano, Francisco M.; Mäder, Geraldo; Fregonezi, Jéferson N.; Fagundes, Nelson J.R.; Togni, Pakisa D.; Zamberlan, Priscilla M.; Kriedt, Raquel A.; Magnus, Tielli.

Laboratório de Evolução Molecular, Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS E-mail para contato: loreta.freitas@ufrgs.br URL: www.ufrgs.br/lem

Com o desenvolvimento de novas metodologias de estudo como a filogenia molecular e a filogeografia, novas abordagens e tratamentos puderem ser dados ao estudo dos processos evolutivos que estabeleceram os padrões de diversidade entre espécies vegetais. No Laboratório de Evolução Molecular (LEM-UFRGS) são desenvolvidas duas linhas de pesquisa cujo objetivo principal é entender os mecanismos e processos que dirigem a evolução de plantas nativas. Na primeira delas, utilizamos um enfoque filogenético a fim de determinar as relações filogenéticas dos gêneros, contribuindo para o aperfeiçoamento de suas classificações taxonômicas, enquanto que na segunda buscamos entender os processos de especiação nos gêneros, investigar a estrutura populacional de suas espécies e determinar os padrões filogeográficos envolvidos na estruturação destes gêneros. Atualmente estão sendo estudadas espécies de Passiflora, Petunia, Calibrachoa, Aureliana, Athenaea e Senecio. Em todos os estudos são coletadas folhas jovens dos indivíduos, sem ocasionar dano à planta, as quais são acondicionadas em sílica gel para desidratação. Os pontos de coleta são geo-referenciados e de cada um é feita uma exsicata. Após a dessecação, as folhas são pulverizadas com nitrogênio líquido e a partir deste pó é extraído o DNA. Nas diferentes abordagens conduzidas, o DNA é amplificado por PCR com diferentes conjuntos de iniciadores, adequados ao grau de variabilidade a ser estimado. São utilizados marcadores dos três genomas vegetais, os quais são sequenciados automaticamente. As sequências são alinhadas e analisadas usando programas de bioinformática adequados, escolhidos dentre os mais informativos e modernos métodos para análise filogenética e filogeográfica. Os resultados obtidos têm implicações taxonômicas, evolutivas e conservacionistas. O LEM-UFRGS conta com uma grande equipe de colaboradores dentre os quais destacam-se taxonomistas e geneticistas do Brasil e do exterior, especialistas nos grupos biológicos estudados ou nas ferramentas de análise utilizadas. O financiamento das pesquisas vem de agências governamentais e da sociedade civil, além de bolsas de estudo para os estudantes dos diferentes níveis, iniciação científica, mestrado, doutorado e pós-doutorado.Em seus dez anos de existência, já foram defendidas nove monografias de bacharelado em Ciências Biológicas, nove dissertações de mestrado e três teses de doutorado. Encontram-se em andamento dois trabalhos de iniciação científica, quatro monografias de bacharelado, duas dissertações de mestrado, quatro teses de doutorado e um trabalho de pós-doutorado. O LEM-UFRGS conta com uma área física de 120 m² e infra-estrutura para desenvolver técnicas de biologia molecular baseadas em amplificação por PCR, separação de fragmentos por eletroforese, clonagem de genes e fragmentos e sequenciamento, bem como o processamento computacional dos dados gerados.

Fontes de Financiamento: CNPq; Institutos do Milênio; PROTAX-MCT; FAPERGS; PRONEX; PROPESQ-UFRGS; Conservation International; Fundação Biodiversitas-CEPF.