

SALÃO DE  
INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
**XXIX SIC**  
  
**UFRGS**  
PROPESQ



múltipla   
**UNIVERSIDADE**  
inovadora  inspiradora

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