

**Laboratório de Genética Molecular - Nupgen -
DBC/Nupélia**

Table of contents

Início	5
1 O Laboratório	6
1.1 Apresentação do Laboratório	6
1.3 Linhas de Pesquisa	6
1.3.1 Taxonomia	6
1.3.2 Sistemática filogenética	6
1.3.3 Genética de populações	7
1.3.4 Biogeografia	7
1.4 Projetos do Nupgen	7
1.4.1 Peixes	7
1.4.2 Macrófitas	7
1.4.3 Parasitos	7
1.4.4 Microorganismos	8
1.4.5 Genes opsins	8
1.4.6 DNA Ambiental	8
2 Genética Molecular e Marcadores	9
2.1 O que é a genética molecular?	9
2.2 Marcadores Moleculares	9
I Protocolos	10
3 Diluições	11
3.1 Etanol	11
3.1.1 Etanol 70%	11
3.1.2 Etanol 80%	11
3.2 GelRed	12
3.3 Ladder 100pb	12
3.4 Lambda	12
3.4.1 Lambda 5ng/ L (para 1000 L)	12
3.4.2 Lambda 10ng/ L (para 1000 L)	12
3.4.3 Lambda 20ng/ L (para 1000 L)	12
3.5 Primer para uso (10 M)	13

3.6	Proteinase K 20 mg/mL	13
3.7	Tampão TBE 5x (estoque)	13
3.8	PEG 20% NaCl 2,5M (para 75 mL)	13
3.9	Diluição primer liofilizado	14
4	Extração	15
4.1	Protocolo de Extração de DNA - Promega Peixes	15
4.2	Protocolo de Extração de DNA - Promega Caramujos	16
4.3	Protocolo de Extração de DNA - Promega Macrófitas	17
4.4	Protocolo de Extração de DNA com Colunas - QIAGEN Parasitos	18
5	Eletroforese	19
5.1	Ladder	19
5.2	Lambda	19
5.3	Gel agarose	19
5.3.1	Gel 1%	19
5.3.2	Gel 1,4%	19
5.3.3	Gel 3%	20
5.4	Protocolo para quantificação	20
5.5	Protocolo para amplificação	20
5.6	Protocolo para purificação	20
5.7	Etc	20
5.7.1	Ladder 100 pb	20
5.7.2	Por amostra	20
5.7.3	Observações	20
6	Quantificação	21
6.1	Preparação por amostra	22
6.1.1	GelRed	22
6.1.2	Safer	22
6.2	Diluição do DNA para 5ng/ L	22
7	Amplificação	23
8	Purificação	24
8.1	Purificação com Polietilenoglicol (PEG)	24
9	Sequenciamento	25
II	Análises	26
10	Bancos de Dados Genéticos	27
10.1	GenBank	27

10.2 BOLD Systems	27
10.3 BLAST	28
11 Softwares	29
11.1 BioEdit	29
11.2 MEGA	29
11.3 IQTree	30
11.4 RAxML	30
11.5 PhyML	30
11.6 FigTree	31
12 Edição de sequências	32
12.1 Passo a passo para edição de sequências	32
13 Alinhamento	34
Referências	35

Início

Este é o livro online do **Nupgen**, o **Laboratório de Genética Molecular do Nupélia (DBC/Nupélia)**. Aqui você poderá encontrar textos explicativos sobre nossa linha de pesquisa, as metodologias utilizadas em nosso laboratório, bem como os protocolos atualizados. Este é um material introdutório destinado principalmente aos alunos do laboratório e pode servir como guia para as tarefas mais técnicas. Esperamos que ele funcione como um Procedimento Operacional Padrão (POP) em nosso laboratório, mantendo as equipes alinhadas, elevando a produtividade e evitando o desperdício de recursos dentro do laboratório. Este livro não precisa ser lido de forma sequencial e cada capítulo é independente de outros, no entanto, organizamos os capítulos seguindo a lógica de trabalho no laboratório para tornar a leitura mais fluida.

O objetivo deste livro não é substituir a colaboração entre alunos do laboratório, mas sim garantir que pequenos detalhes não sejam perdidos com o passar do tempo. Na verdade, esperamos que os tópicos deste livro sejam exaustivamente discutidos entre os alunos, a fim de melhorar este conteúdo e gerar novas perguntas que ajudem no desenvolvimento da pesquisa.

Este livro foi escrito em [Quarto](#).

Organização: Bruno Miotto

Autores: Adrian Silva, Bruno Miotto, Eloisa de Páris e Mayara Passere

1 O Laboratório

1.1 Apresentação do Laboratório

O Nupgen é o **Laboratório de Genética Molecular do Nupélia** (Núcleo de Pesquisas em Limnologia, Ictiologia e Aquicultura), na **Universidade Estadual de Maringá (UEM)**, Paraná, Brasil. Coordenado pela Professora Dra. **Alessandra Valéria de Oliveira**, o Nupgen conta com pesquisadores, alunos de graduação e de pós-graduação que desenvolvem pesquisas objetivando detectar polimorfismos genéticos em populações naturais.

1.2

1.3 Linhas de Pesquisa

Atualmente, o Nupgen aborda estudos relacionados a polimorfismo genético sob o escopo de uma ampla variedade de organismos: peixes, parasitas, macrófitas, macroinvertebrados, microorganismos, além de estudos utilizando DNA ambiental. Assim, os pesquisadores e alunos do laboratório conduzem as seguintes linhas de pesquisa:

1.3.1 Taxonomia

Consiste na identificação dos organismos utilizando marcadores moleculares. Projetos nessa linha de pesquisa costumam ocorrer em parceria com outros laboratórios, que contribuem com a identificação morfológica do organismo. A adição da genética molecular facilita a detecção de espécies novas, híbridos e espécies crípticas, por exemplo;

1.3.2 Sistemática filogenética

Diferente da taxonomia, projetos envolvendo Sistemática Filogenética não buscam somente identificar os organismos, mas também levantar hipóteses sobre a relação evolutiva entre eles (entre espécies de um mesmo gênero, por exemplo).

Exemplo de questão: elucidar a relação filogenética em um gênero cuja evolução das espécies seja pouco compreendida (resolução de politomias);

1.3.3 Genética de populações

A Genética de populações busca entender o fluxo gênico em uma população natural, podendo endereçar questões acerca de processos de especiação e adaptação, e podendo observar os efeitos da seleção natural, deriva genética e dos efeitos de gargalo.

Exemplo de questão: diversidade genética em uma população de peixes invasores;

1.3.4 Biogeografia

Biogeografia é uma linha de pesquisa multidisciplinar que busca entender a distribuição de um grupo de organismos em correlação com a evolução ambiental (escala de tempo geológica), gerando resultados importantes para a conservação da biodiversidade.

Exemplo de questão: detectar áreas de endemismo para macrófitas aquáticas.

1.4 Projetos do Nupgen

1.4.1 Peixes

Ictiofaunas de reservatórios aquáticos podem ser formadas por organismos nativos e invasores. O estudo de populações nativas é importante para verificar a presença e interação desses organismos de determinada região. E invasores, quando presentes, modificam o habitat e o sistema onde foram introduzidos, podendo levar a perda de biodiversidade local e alterações genéticas. Assim, estudos moleculares permitem estimar a diversidade e verificar as alterações genéticas que ocorrem nestes animais.

1.4.2 Macrófitas

As macrófitas aquáticas, quando invasoras, constituem uma ameaça em termos ecológicos e também econômicos. A correta identificação e a elucidação da diversidade genética desses organismos podem auxiliar na compreensão dos mecanismos de dispersão e colonização, como também no manejo adequado das espécies.

1.4.3 Parasitos

A relação parasito-hospedeiro possui grande importância nos ambientes naturais. O conhecimento da biodiversidade de parasitos contribui com o levantamento de espécies de hospedeiros no local, além de direcionar métodos de manejo para parasitos com potencial zoonótico.

1.4.4 Microorganismos

Mesmo invisíveis a olho nu, os microorganismos possuem grande importância em ambientes aquáticos, servindo como níveis inferiores na cadeia alimentar. Alguns organismos podem influenciar na qualidade d'água, por isso conhecer a diversidade destes microorganismos é fundamental

1.4.5 Genes opsins

O estudo de proteínas visuais possibilita observar e comparar a influência de fatores ecológicos no processo evolutivo de diversas linhagens, identificando como as espécies se adaptam a diversas pressões seletivas existentes no habitat.

1.4.6 DNA Ambiental

A partir de amostras de água, é possível obter fragmentos de DNA de organismos que estiveram neste ambiente. Peixes, microorganismos, anfíbios, parasitos e muitos outros organismos deixam rastros genéticos e podemos estudá-los indiretamente a partir de técnicas de sequenciamento de nova geração.

2 Genética Molecular e Marcadores

2.1 O que é a genética molecular?

A Genética Molecular utiliza o DNA como objeto de estudo. O DNA (ácido desoxirribonucleico) é uma biomolécula capaz de armazenar a informação biológica e perpetuá-la pelo processo de auto replicação semiconservativa. Sua estrutura é uma dupla-fita helicoidal de nucleotídeos, que por sua vez é composta por um grupo fosfato, uma pentose e uma base nitrogenada. As duas fitas de DNA são unidas por meio de ligações de hidrogênio entre as bases nitrogenadas. Existem quatro bases nitrogenadas: Adenina (A), Timina (T), Citosina (C) e Guanina (G), sendo a Adenina complementar à Timina, e a Citosina complementar à Guanina. Portanto, uma fita de DNA consiste em uma sequência de nucleotídeos, cuja ordem das bases nitrogenadas (A, T, C, G) determinaram as características biológicas. Embora as células possuam um aparato enzimático complexo que garante uma alta fidelidade nas sequências nucleotídicas durante a replicação do DNA, alguns “erros de replicação” podem ser perpetuados. Esses “erros”, além de fatores ambientais (como a radiação, por exemplo), podem levar a mutações. As mutações são a fonte do polimorfismo genético, que consiste no principal objetivo que permeia as pesquisas na área da Biologia Molecular. Conhecer com profundidade os mecanismos moleculares envolvidos na estrutura e replicação do DNA é importante para garantir o entendimento dos protocolos e o domínio das análises feitas no laboratório, por isso, recomenda-se a leitura de livros-base na área da Biologia Molecular e Genética. Segue abaixo uma lista das principais referências na área:

Bruce Alberts et al. (2017)

Anthony J. F. Griffiths et al. (2016)

Peter Snustad and Michael J. Simmons (2017)

2.2 Marcadores Moleculares

Part I

Protocolos

3 Diluições

As diluições são um procedimento comum em laboratório que consiste em misturar uma solução concentrada com uma solução diluente para produzir uma solução de concentração conhecida. Elas são utilizadas em diversas aplicações em laboratório, como preparação de amostras para análises químicas ou biológicas, padronização de soluções e muito mais.

Para realizar uma diluição, é necessário conhecer a concentração da solução inicial e a quantidade de solução diluente que será adicionada. A concentração da solução final pode ser calculada usando a fórmula de diluição:

$$C1 * V1 = C2 * V2$$

Onde $C1$ é a concentração da solução inicial, $V1$ é o volume da solução inicial, $C2$ é a concentração da solução final e $V2$ é o volume da solução final.

3.1 Etanol

3.1.1 Etanol 70%

Em um tubo tipo falcon, colocar:

- 70 mL de etanol absoluto
- 30 mL de água destilada

3.1.2 Etanol 80%

Em um tubo tipo falcon, colocar:

- 80 mL de etanol absoluto
- 20 mL de água destilada

3.2 GelRed

Em um tubo de 1,5 mL envolto com fita e papel alumínio, colocar:

- 1 L de GelRed (estoque)
- 500 L de água Milli-Q

3.3 Ladder 100pb

Em um tubo de 1,5 mL, colocar:

- 10 L de Ladder (estoque)
- 90 L de água Milli-Q

3.4 Lambda

3.4.1 Lambda 5ng/ L (para 1000 L)

- 9,27 L de lambda
- 990,73 L de água Milli-Q

3.4.2 Lambda 10ng/ L (para 1000 L)

- 18,56 L de lambda
- 981,44 L de água Milli-Q

3.4.3 Lambda 20ng/ L (para 1000 L)

- 37,11 L de lambda
- 962,89 L de água Milli-Q

3.5 Primer para uso (10 M)

Em um tubo, colocar:

- 10 L do primer estoque
- 50 L de água Milli-Q

3.6 Proteinase K 20 mg/mL

- 20 mg de Proteinase K (estoque)
- 1 mL de água Milli-Q

Modo de preparo: lavar bem uma espátula, esterilizar com álcool 70% e pesar a Proteinase K em um microtubo novo (1,5 mL). Adicionar a água Milli-Q e ressuspender bem com a pipeta. Agitar a solução no vórtex para homogeneizar bem. Manter no freezer.

3.7 Tampão TBE 5x (estoque)

- 54 g de Tris-Base
- 27,5 g de Ácido Bórico
- 20 mL de EDTA 0,5M pH 8,0

Completar para 1000 mL com água destilada

Modo de preparo: em um becker, colocar um pouco da água destilada. Colocar uma pulga no becker e utilizar o agitador para homogeneizar a solução. Ir adicionando aos poucos os reagentes. Ao final, utilizando uma proveta, completar o volume de água que falta e armazenar em frascos de vidro (tampa laranja). Etiquetar e autoclavar.

3.8 PEG 20% NaCl 2,5M (para 75 mL)

- 15 g de Polietilenoglicol
- 10,95 g de NaCl

Completar para 75 mL com água Milli-Q

Modo de preparo: colocar em um becker um pouco da água e misturar o Polietilenoglicol e o NaCl com um bastão de vidro até a solução ficar homogênea. Depois de homogeneizada, completar o volume de água que falta e com o auxílio de uma seringa passar a solução pelo filtro (0,2 µM – azul). Ir colocando em tubos Falcon para autoclavar. Após autoclavada, fazer alíquotas em microtubos de 1,5 mL. Manter no freezer da geladeira.

3.9 Diluição primer liofilizado

Quantidade em nmol x 1000 / 60 = Quantidade de água Milli-Q

Acrescentar essa quantidade de água no tubo do primer

Obs: 60 porque é a concentração utilizada para diluição dos primers no laboratório (= 60 µM)

4 Extração

4.1 Protocolo de Extração de DNA - Promega Peixes

1. Com pinça e bisturi, fracionar aproximadamente 20 mg de músculo.
2. Adicionar 400 μ L de Nuclei Lysis Solution.
3. Incubar por 30 minutos a 55° C.
4. Adicionar 10 μ L de Proteinase K 20 mg/ml.
5. Incubar a 55° C overnight ou de 2-3 horas até ficar homogêneo.
6. Adicionar 2 μ L de RNase Kit Solution e mexer a amostra por inversão.
7. Incubar 30 minutos a 37° C.
8. Deixar em temperatura ambiente por 5 minutos.
9. Adicionar 200 μ L de Protein Precipitation Solution e agitar por 20 segundos.
10. Deixar no gelo por 5 minutos.
11. Centrifugar por 10 minutos a 12.000 rpm.
12. Remover o sobrenadante transferindo para um tubo novo – descartar o pellet.
13. Adicionar 600 μ L de isopropanol e agitar por inversão.
14. Centrifugar por 2 minutos a 12.000 rpm – descartar o sobrenadante.
15. Adicionar 600 μ L de etanol 70% a temperatura ambiente.
16. Centrifugar por 2 minutos a 12.000 rpm – descartar sobrenadante.
17. Deixar secar – pode ser na estufa.
18. Ressuspender em 30 μ L de DNA Rehydration Solution. Deixar por 1 hora no banho a 65° C ou overnight a 4° C.

4.2 Protocolo de Extração de DNA - Promega Caramujos

1. Separar o tecido (0,5-1 cm) em um tubo de 1,5 ml.
2. Adicionar 500 μ l de Nuclei Lysis Solution.
3. Macerar o tecido com um pistilo.
4. Adicionar 17,5 μ l de Proteinase K 20 mg/ml.
5. Misturar com vórtex por 10 segundos.
6. Incubar a 55° C overnight OU incubar a 55° C por 3 horas, misturando com vórtex a cada hora.
7. Adicionar 3 μ l de RNase Solution à solução e misturar por inversão do tubo 2-5 vezes.
8. Incubar a 37° C por 30 minutos. Deixar as amostras esfriarem a temperatura ambiente por 5 minutos antes da próxima etapa.
9. Adicionar 200 μ l de Protein Precipitation Solution e misturar com o vórtex vigorosamente por 20 segundos.
10. Colocar as amostras no gelo por 5 minutos.
11. Centrifugar a 12.000 rpm por 4 minutos. A proteína precipitada formará um pellet no fundo.
12. Remover cuidadosamente o sobrenadante contendo o DNA (não retirar o pellet) e transferir para um novo tubo de 1,5 ml que já contenha 600 μ l de isopropanol (temperatura ambiente).
13. Misturar cuidadosamente a solução por inversão até os “fios” de DNA formarem uma massa visível.
14. Centrifugar a 12.000 rpm por 1 minuto. O DNA ficará visível como um pequeno pellet branco. Descartar cuidadosamente o sobrenadante.
15. Adicionar 600 μ l de etanol 70% (temperatura ambiente) e misturar cuidadosamente a solução por inversão para lavar o DNA.
16. Centrifugar a 12.000 rpm por 1 minuto.
17. Retirar o etanol cuidadosamente com uma pipeta sem retirar o pellet.
18. Inverter os tubos em papel e deixar secar por 10-15 minutos.
19. Adicionar 30 μ l de DNA Rehydration Solution e reidratar o DNA incubando a 65° C por 1 hora. Periodicamente misturar a solução com cuidado OU incubar a 4° C overnight.
20. Guardar o DNA extraído a 2-8° C.

4.3 Protocolo de Extração de DNA - Promega Macrófitas

1. Tubos de 1,5 mL.
2. Amostras + nitrogênio líquido (macerar).
3. Adicionar 600 μ l de Nuclei Lysis Solution (logo após macerar).
4. Banho de 15 minutos a 65° C.
5. Adicionar 3 μ l de RNase.
6. Virar o tubo 5x.
7. Colocar no banho por 15 minutos a 37° C (pode segurar na mão).
8. Deixar por 5 minutos em temperatura ambiente.
9. Adicionar 200 μ l de Protein Precipitation Solution.
10. Vórtex.
11. Centrifugar por 3 minutos a 16.000 ou 13.000 rpm.
12. Separar sobrenadante e descartar o resto.
13. Adicionar 600 μ l de isopropanol ao sobrenadante.
14. Virar 5x.
15. Centrifugar por 1 minuto a 16.000 ou 13.000 rpm.
16. Descartar sobrenadante.
17. Adicionar 600 μ l de etanol 70%.
18. Virar 5x.
19. Centrifugar por 1 minuto a 16.000 ou 13.000 rpm.
20. Descartar sobrenadante.
21. Deixar o tubo secar por 15 minutos na estufa.
22. Adicionar 50 μ l de DNA Rehydration Solution.

4.4 Protocolo de Extração de DNA com Colunas - QIAGEN Parasitos

1. Deixar o mínimo possível de líquido na amostra antes de começar.
2. Adicionar 180 μ L de Buffer ATL.
3. Adicionar 20 μ L de proteinase K. Misturar com vórtex e incubar a 56° C até completa lise celular (30min - 2h). Misturar com vórtex ocasionalmente durante a incubação.
4. Misturar com vórtex por 15 segundos.
5. Adicionar 200 μ L de Buffer AL. Misturar bem com vórtex.
6. Adicionar 200 μ L de etanol (96-100%). Misturar bem com vórtex.
7. Pipetar a mistura em uma coluna de centrifugação DNeasy Mini colocada em um tubo de coleta. Centrifugar a 8.000 rpm (6.000 x g) por 1 minuto. Descartar o líquido filtrado e o tubo de coleta.
8. Colocar a coluna em um novo tubo de coleta do kit. Adicionar 500 μ L de Buffer AW1.

Centrifugar por 1 minuto a 8.000 rpm. Descartar o líquido filtrado e o tubo de coleta.

9. Colocar a coluna em um novo tubo de coleta do kit. Adicionar 500 μ L de Buffer AW2. Centrifugar por 3 minutos a 14.000 rpm (20.000 x g). Descartar o líquido filtrado e o tubo de coleta.
10. Transferir a coluna para um eppendorf de 1,5 mL.
11. Adicionar 50 μ L de Buffer AE no centro da membrana da coluna para a eluição do DNA. Incubar por 1 minuto a temperatura ambiente (15-25° C). Centrifugar por 1 minuto a 8.000 rpm.
12. Descartar a coluna e guardar o DNA extraído.

5 Eletroforese

Texto sobre eletroforese

5.1 Ladder

5.2 Lambda

5.3 Gel agarose

5.3.1 Gel 1%

Cuba - 60 mL

0,6g de agarose
12 mL de TBE
48 mL de água destilada

Cuba - 120 mL

1,2g de agarose
24 mL de TBE
96 mL de água destilada

5.3.2 Gel 1,4%

Cuba - 120 mL

1,68g de agarose
24 mL de TBE
96 mL de água destilada

5.3.3 Gel 3%

Cuba - 120 mL
3,6g de agarose
24 mL de TBE
96 mL de água destilada

5.4 Protocolo para quantificação

5.5 Protocolo para amplificação

5.6 Protocolo para purificação

5.7 Etc

5.7.1 Ladder 100 pb

2 L de loading + 1 L de GelRed + 2 L de Ladder 100 pb

5.7.2 Por amostra

2 L de loading + 1 L de GelRed + 3 L da PCR

5.7.3 Observações

- Fio preto em cima (polo negativo) e o fio vermelho embaixo (polo positivo).
- Gel agarose 1% (pode ser reutilizado).
- Correr a 90 volts, por aproximadamente 1 hora.
- Colocar o Ladder 100 pb no primeiro poço.

6 Quantificação

Após a etapa de extração, determinar a concentração de DNA, assim como a sua qualidade e pureza, são fatores importantes para o desenvolvimento de estudos em biologia molecular. Dessa maneira, as amostras obtidas podem ser avaliadas quanto à sua concentração e qualidade. Essa avaliação pode acontecer de algumas maneiras, como realizando uma **eletroforese em gel de agarose**, através da **medição da absorbância com o uso de espectrofotômetros** ou utilizando **fluorímetro** por meio das alterações nas características de fluorescência na presença de DNA.

A quantificação irá fornecer informações sobre a concentração de DNA extraído, assim como a integridade das amostras que serão trabalhadas. Na quantificação utilizando gel de agarose, um gel com concentração de 1% é preparado e as amostras de DNA são aplicadas juntamente com amostras de concentrações conhecidas. Para essa finalidade, o DNA do bacteriófago **Lambda** é comumente utilizado como padrão. O gel é normalmente submetido a eletroforese e é realizada uma estimativa visual através da comparação com o DNA padrão para determinar a concentração de DNA em cada amostra, analisando a fluorescência e espessura das bandas, obtendo valores aproximados. Além disso, as amostras consideradas de boa qualidade irão formar bandas íntegras, enquanto amostras degradadas ou com presença de moléculas de RNA apresentarão rastros ao longo do gel.

Por outro lado, a quantificação em espectrofotômetros, como por exemplo o **NanoDrop**, fornece dados um pouco mais exatos sobre a concentração de DNA presente nas amostras. Entretanto, ainda são valores baseados em um calibrante, tomado como padrão, além de ser necessário adquirir aparelhos específicos para realizar a quantificação do DNA, tendo um custo elevado quando comparado à quantificação em gel. Essa quantificação é baseada na medição da quantidade de luz absorvida pelo DNA em solução no comprimento de onda de 260 nm. Quanto maior for a absorção de luz nesse comprimento de onda, maior a concentração de DNA extraído na amostra.

Já o fluorímetro é um dos métodos mais sensíveis e geralmente utilizado para amostras com pouca concentração de DNA ou que tenham contaminantes que absorvem comprimentos de onda de 260 nm. Essa análise acontece pela luz emitida de moléculas fluorogênicas, sendo um método alternativo para avaliar a concentração de DNA e RNA marcando a amostra com um marcador fluorescente (corante fluorescente). Porém, também é um método com um custo elevado e demanda um tempo maior para preparação das amostras.

O método de quantificação geralmente utilizado pelos pesquisadores do Nupgen é a **eletroforese em gel de agarose 1%**, visto que tem dado certo para a maioria dos grupos tra-

balhados no laboratório, exceto parasitas que não passam por essa etapa, indo diretamente para a PCR devido a baixa concentração de DNA obtida nas amostras. Na quantificação são utilizadas três concentrações diferentes de DNA Lambda, sendo elas: 5, 10 e 20 ng/ L.

6.1 Preparação por amostra

- Gel agarose 1%.
- Correr por aproximadamente 40 minutos, a 100 volts.
- DNA lambda (pipetar 5 L + 1 L de GelRed em cada um):
 - 5 ng/ L – 25 ng
 - 10 ng/ L – 50 ng
 - 20 ng/ L – 100 ng

6.1.1 GelRed

2 L de DNA + 1 L de loading + 1 L de GelRed + 1 L de água Milli-Q*

*água Milli-Q é opcional

6.1.2 Safer

3 L de DNA + 1 L de Safer + 2 L de água Milli-Q

6.2 Diluição do DNA para 5ng/ L

$$C1 * V1 = C2 * V2$$

C1 – concentração da amostra (inicial)

V1 – quantidade de DNA necessária (descobrir)

C2 – concentração para diluir (vai diluir para 5 ng)

V2 – volume final total (50 L)

OBS: Quantidade de água Milli-Q é: 50 L - quantidade de DNA

7 Amplificação

8 Purificação

8.1 Purificação com Polietilenoglicol (PEG)

1. Adicionar 50 μ L de PEG 20% NaCl 25m. em um tubo de 1,5 mL.
2. Transferir a PCR para o tubo e misturar.
3. Incubar o conteúdo do tubo a 37°C por 15 minutos.
4. Centrifugar a reação + PEG por 15 minutos a 12000 rpm.
5. Retirar o sobrenadante sem tocar na parede do tubo e descartar – usar pipeta.
6. Adicionar 62,5 μ L de etanol 80% (álcool Merck) gelado no tubo – colocar na parede.
7. Centrifugar por 2 minutos.
8. Virar o tubo, descartando o sobrenadante.
9. Deixar secar até não ter mais gotas – pode ser na estufa.
10. Ressuspender com 10 μ L de água Milli-Q lavando a parede do tubo de 5 a 6 vezes.

9 Sequenciamento

Part II

Análises

10 Bancos de Dados Genéticos

10.1 GenBank

Link: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

O GenBank é um banco de dados de sequências de DNA mantido pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI), um instituto do National Institutes of Health (NIH) dos Estados Unidos. Ele armazena sequências de DNA de diversas fontes, incluindo genomas, sequências de expressão gênica, sequências de proteínas e etc.

O GenBank é um recurso valioso para os pesquisadores de genética molecular porque permite o acesso a uma ampla variedade de sequências de DNA, tornando mais fácil a realização de análises e pesquisas. Além disso, o GenBank permite a submissão de novas sequências de DNA pelos usuários, o que permite o compartilhamento de dados entre os pesquisadores.

Todo trabalho ao ser publicado deve submeter as sequências utilizadas para o GenBank, dessa forma outros pesquisadores podem utilizar em suas próprias análises.

10.2 BOLD Systems

Link: <http://boldsystems.org/>

O BOLD Systems (Barcode of Life Data Systems) é um projeto de ciência cidadã que visa coletar e armazenar sequências de DNA barcodes (COI) de espécies de todo o mundo. O DNA barcode é um trecho curto de DNA que pode ser usado para identificar espécies de maneira rápida e precisa. Ele é amplamente utilizado em biologia evolutiva e conservação de espécies e é uma ferramenta valiosa para a identificação de espécies em ambientes complexos, como ecossistemas tropicais.

O BOLD Systems é mantido pelo Instituto de Biodiversidade do Canadá e é uma iniciativa internacional que conta com a participação de cientistas, conservacionistas e cidadãos do mundo todo. Ele possui uma base de dados online que armazena as sequências de DNA barcodes coletadas e permite o acesso a essas sequências pelos usuários.

10.3 BLAST

Link: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

O BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) é uma ferramenta amplamente utilizada pelos pesquisadores de genética molecular para realizar buscas de sequências de DNA em bancos de dados de sequências. Ele é mantido pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI) e está disponível gratuitamente na internet.

O BLAST funciona comparando uma sequência de entrada com as sequências armazenadas em um banco de dados de referência e encontrando as sequências mais similares. Ele utiliza uma técnica de alinhamento de sequências chamada alinhamento local, que permite o alinhamento apenas de trechos similares das sequências, ignorando trechos com pouca similaridade.

O BLAST é amplamente utilizado em diversas análises de genética molecular, como a identificação de genes e/ou espécies.

11 Softwares

11.1 BioEdit

BioEdit é um editor de sequências de DNA e proteínas muito utilizado na genética molecular. Ele é especialmente útil na visualização de eletroferogramas, que são gráficos gerados por sequenciadores de DNA que mostram a sequência de base de uma amostra de DNA.

O BioEdit permite a visualização de eletroferogramas de maneira fácil e rápida, além de fornecer uma ampla gama de ferramentas para análise de sequências, como alinhamento de sequências, análise de substituição de nucleotídeos e proteínas, e muito mais. Ele também possui uma interface intuitiva e é compatível com Windows, MacOS e Linux.

Além da visualização de eletroferogramas, o BioEdit é amplamente utilizado em diversas outras tarefas de genética molecular, como edição de sequências, anotação de genes e análise de expressão gênica.

Usos

Prós

Contras

11.2 MEGA

O MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) é um software de análise de genética molecular utilizado para estudar a evolução e a relação filogenética entre sequências de DNA, RNA ou proteínas. Ele é amplamente utilizado por pesquisadores em diversas áreas da genética molecular, incluindo biologia evolutiva, genômica e epidemiologia de doenças.

O MEGA possui uma ampla gama de recursos, incluindo alinhamento de sequências, inferência de árvores filogenéticas, análise de substituição de nucleotídeos e proteínas, e muito mais. Ele também permite a visualização e análise de dados de diversas maneiras, como gráficos e tabelas.

Ele é um software fácil de usar, com uma interface intuitiva e uma ampla base de usuários e recursos on-line disponíveis. Ele é compatível com Windows, MacOS e Linux e está disponível para download gratuito em seu site oficial.

Atualmente o MEGA está na versão 10, mas contém um ou outro bug que pode atrapalhar bastante

Falar das versões (7 4ever)

Usos

Prós

Contras

11.3 IQTree

Usos

Prós

Contras

11.4 RAxML

Usos

Prós

Contras

11.5 PhyML

Usos

Prós

Contras

11.6 FigTree

FigTree é um software de visualização de árvores filogenéticas utilizado para exibir árvores inferidas a partir de sequências de DNA, RNA ou proteínas. Ele é compatível com Windows, MacOS e Linux e permite a visualização de árvores filogenéticas de maneira clara e intuitiva, tornando mais fácil a interpretação dos resultados.

O FigTree possui uma ampla gama de recursos de visualização, como opções de estilo de linha, rótulos de nós, legendas e muito mais. Ele também permite a exportação de árvores para vários formatos, incluindo imagens, PDF e arquivos Newick. Além disso, o FigTree possui uma interface intuitiva e é fácil de usar, mesmo para usuários sem experiência prévia em análises filogenéticas.

Prós

Contras

12 Edição de sequências

Após enviar nossas amostras para o sequenciamento, recebemos um conjunto de arquivos com os resultados. Mas antes de utilizá-los em análises, precisamos garantir a qualidade dos dados recebidos. É normal e esperado que sejam encontrados erros de leitura do sequenciador, mas devemos tomar cuidado para tornar esse processo livre de vieses e erros de interpretação.

Os arquivos geralmente são enviados em 2 formatos, um deles é responsável pela sequência de nucleotídeos de forma básica, geralmente no formato `.fasta/.fas` (é neste formato que baixamos as sequências do [GenBank](#)) ou `.seq`, e o outro arquivo é o responsável pelos dados do eletroferograma, onde podemos observar os picos do sinal do detector do sequenciador, recebido geralmente em formato `.ab1`.

Os arquivos FASTA podem ser abertos no programa [MEGA](#) (ou mesmo no bloco de notas para uma edição rápida no nome das sequências, por exemplo), enquanto os eletroferogramas podem ser visualizados com o programa [BioEdit](#).

12.1 Passo a passo para edição de sequências

Para realizar uma edição correta e livre de vieses, vamos utilizar papel e caneta além do BioEdit e MEGA. Peça ajuda para alguém que já fez isso antes.

1. Abra o eletroferograma com o BioEdit e anote cada observação da sequência em um papel, destacando o início e final da sequência, junto da numeração do nucleotídeo e a modificação a ser feita, por exemplo:

Seq1 - A04

Início

34

----->

ATGCTA

pb 134 145 167

Antes	Y	K	W

Agora C G A

Fim

673

----->

TGCCTA

Faça isso para a sequência inteira. O ideal é que você faça isso com todas as suas sequências de uma vez.

2. Abra o MEGA e realize as edições na seguinte ordem: 1. Correções de pb, 2. Corte do final da sequência, 3. Corte do início da sequência. Isso vai garantir que os números relativos a cada nucleotídeo não mude durante a edição.

13 Alinhamento

MEGA, raxML, phyML

Adicionar referências para cada um

MEGA 7:

Referências

- Anthony J. F. Griffiths, Susan R. Wessler, Sean B. Carroll, and John Doebley. 2016. *Introdução à Genética*. 11th ed. Guanabara Koogan.
- Bruce Alberts, Alexander Johnson, Julian Lewis, David Morgan, Martin Raff, Keith Roberts, Peter Walter, John Wilson, and Tim Hunt. 2017. *Biologia Molecular Da Célula*. 6th ed. Porto Alegre: Artmed.
- Peter Snustad, and Michael J. Simmons. 2017. *Fundamentos Da Genética*. 7th ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan.