

RESUMO

A Botânica Forense é a aplicação do estudo das plantas ou de vestígios de origem vegetal na resolução de crimes ou outras questões legais. Embora bastante útil, continua a ser uma ciência pouco utilizada na área forense, tendo como maior aplicação a identificação de espécies e de plantas ilegais. No entanto, a identificação de espécies de plantas através da Botânica Clássica não é por vezes possível pelo facto do material botânico se encontrar bastante degradado, impedindo a sua identificação pelos métodos tradicionais. Por sua vez, a Botânica Molecular, a partir de técnicas baseadas no DNA, permite identificar quantidades vestigiais de plantas.

Neste estudo foram analisadas 38 espécies de plantas, nomeadamente plantas não vasculares (criptógamas não vasculares), plantas vasculares sem sementes (criptógamas vasculares) e com sementes (angiospérmicas e gimnospérmicas). Seguindo as recomendações do CBOL (*Consortium for the Barcode of Life*), utilizou-se um sistema "código de barras" constituído por porções de dois genes cloroplastidiais, o *matK* (maturase K) e o *rbcL* (ribulose-1,5-bifosfato carboxilase/oxigenase), para identificação das plantas terrestres.

Para além da identificação de espécies de plantas, outros objetivos deste trabalho consistiram na otimização dos métodos de extração e de amplificação por PCR (*Polymerase Chain Reaction*) do DNA das plantas, usando dois pares de *primers* igualmente recomendados pelo CBOL: o par (*3F_KIM/1R_KIM*), para o gene *matK* e o par (*rbcLa_f/rbcLa_r*), para o gene *rbcL*. Estes dois pares de *primers* em conjunto, amplificaram e sequenciaram 73,68% das plantas em estudo. Por terem sido inicialmente desenhados para as angiospérmicas, sendo este o maior grupo de plantas terrestres, este dois pares de *primers* amplificaram e sequenciaram maioritariamente estas plantas. Contudo, neste trabalho, obteve-se igualmente sucesso na amplificação e sequenciação de criptógamas, não vasculares e vascular (fetos e musgo), e em 2 gimnospérmicas com o par de *primers* (*rbcLa_f/rbcLa_r*). Em contraposição, o par de *primers* (*3F_KIM/1R_KIM*) para o gene *matK* não proporcionou resultados na amplificação e sequenciação destas plantas.

Este estudo pretende ser um contributo não só com a sua aplicação em laboratórios forenses em Portugal, mas também para colaborar na base de dados de identificação de espécies botânicas.