

Dinâmica da herança de mtDNA em híbridos putativos entre *Trachemys dorbigni* e *Trachemys scripta* no Rio Grande do Sul, Brasil.

Figueiredo, PICC^{1,2}; Fagundes, NJR¹.

¹Departamento de Genética, UFRGS, Porto Alegre, RS

²Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR), UFRGS, Imbé, RS



UFRGS
PROPEAQ

XXV SIC
Salão Iniciação Científica

CB - Ciências Biológicas

INTRODUÇÃO

A introdução de espécies exóticas é a segunda principal causa de perda de biodiversidade global e pode contribuir para uma mudança significativa na organização e na funcionalidade das comunidades residentes. Uma das principais causas deste impacto negativo nas populações nativas é a hibridização entre espécies nativas e exóticas que podem produzir descendentes com baixa aptidão através da introgressão, na espécie nativa, de alelos menos adaptados ao contexto ecológico local. No Rio Grande do Sul (RS), as comunidades de *Trachemys dorbigni* estão sendo afetadas pela introdução de subespécies de *T. scripta*: *T. s. elegans* e *T. s. scripta*, nativas da América do Norte. Indivíduos com características morfológicas mistas podem ser encontrados no RS em regiões onde a libertação ou a fuga de indivíduos exóticos possam ter ocorrido. Este estudo visa determinar se existe variação suficiente para distinção entre *T. dorbigni*, *T. s. scripta* e *T. s. elegans* usando o gene mitocondrial citocromo b (Cytb) e quais as linhagens mitocondriais podem ser encontradas em indivíduos identificados morfológicamente como híbridos entre *T. dorbigni* e *T. scripta*.



Fig. 1. A) *T. s. elegans*; B) *T. dorbigni*. Espécimes encontrados na APA Delta do Jacuí, Porto Alegre, RS, Brasil. Fonte: BUJES, 2008.

MATERIAL E MÉTODOS

Até o momento, foram utilizados dez indivíduos, os quais são provenientes do Museu e do Centro de Reabilitação (CERAM), ambos pertencentes ao CECLIMAR/UFRGS, localizado em Imbé, uma cidade na região costeira RS. Destes, seis foram identificados como *T. dorbigni*, três como *T. scripta*, e um como um híbrido entre eles. Um pequeno fragmento de membrana interdigital foi amostrado para análise genética, e o DNA foi extraído utilizando o método do CTAB. A técnica de PCR foi utilizada para amplificar um fragmento de Cytb para cada indivíduo. As amplificações foram checadas em gel de agarose, e as amplificações com boa qualidade foram purificadas enzimaticamente (Exol e SAP) e enviada para o sequenciamento de Sanger na empresa Macrogen (Seul, Coréia do Sul). Os cromatogramas foram verificados e a sequência de consenso para cada indivíduo foi montado no programa Genious. As sequências foram alinhadas no programa Bioedit em conjunto com outras sequências para estas espécies encontradas no GenBank. Finalmente, o programa MEGA5 foi utilizado para estimar as distâncias genéticas entre as diferentes espécies usando as distâncias Kimura-2 parâmetros.



Fig. 2. Características morfológicas em vista ventral e dorsal de *T. dorbigni* (esq.), *T. s. elegans* (centro) e possível híbrido (dir.). Créditos: Pedro Figueiredo

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O fragmento de 705bp do Cytb aqui estudado pode inequivocamente discriminar entre espécies e subespécies, apresentando uma distância média de 5,2% entre *T. dorbigni* e *T. scripta*, e de 0,68% entre as subespécies de *T. scripta*. Mesmo a baixa distância genética entre *T. s. scripta* e *T. s. elegans*, permite uma boa discriminação entre as duas, devido à presença de três nucleotídeos diagnósticos no alinhamento. Todos os indivíduos tiveram linhagens de mtDNA correspondentes à sua classificação com base na morfologia, e o indivíduo classificado como um híbrido mostrou uma linhagem de mtDNA de *T. s. elegans*, que foi a única subespécie de *T. scripta* encontrada em nosso estudo. Estes resultados mostram que pode haver introgressão do mtDNA em espécies nativas, o que sugere que a liberação ou a fuga de espécies exóticas na natureza podem afetar a diversidade genética de *T. dorbigni*, com consequências para a sua conservação e sobrevivência no longo prazo.

Tabela 1. Sítios variáveis das sequências de CytB das espécies estudadas.

Espécies	Posição																	
	09	17	19	29	37	44	59	72	110	140	143	200	225	252	278	344	347	356
<i>T. dorbigni</i>	C	C	C	T	C	T	C	C	T	C	C	G	C	G	T	T	C	A
<i>T. scripta elegans</i> *	T	T	T	C	T	C	T	.	C	T	T	A	T	A	C	.	T	G
<i>T. scripta scripta</i>	T	T	T	C	T	C	T	T	C	T	T	A	T	A	C	C	T	G

Espécies	Posição																	
	374	381	401	419	428	452	453	464	465	533	548	565	572	590	626	641	647	650
<i>T. dorbigni</i>	C	C	T	T	A	C	C	C	A	G	A	T	C	A	C	C	C	T
<i>T. scripta elegans</i> *	T	T	C	C	G	T	A	T	G	A	C	C	.	C	T	T	T	C
<i>T. scripta scripta</i>	T	T	C	C	G	T	A	T	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C

T. dorbigni (7 espécimes); *T. s. elegans* (3 espécimes); *T. s. scripta* (0 indivíduos - sequência de mtDNA do GenBank). *O indivíduo identificado como um possível híbrido apresentou a mesma sequência de mtDNA que *T. s. elegans*.

REFERÊNCIAS

BUJES, C. S. **Biologia e conservação de quelônios no Delta do Rio Jacuí – RS: aspectos da história natural de espécies em ambientes alterados pelo homem**. 248 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal) – Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do sul, Porto Alegre. 2008.

RHYMER, J.M.; SIMBERLOFF, D. Extinction by hybridization and introgression. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, Calif., v. 27, p. 83 – 109, 1996.

SHWENK, S.; BREDE, N.; STREIT, B. Introduction: Extent, processes and evolutionary impact of interspecific hybridization in animals. **Philosophical Transactions of the Royal Society: Biological Science**, London, GB., v. 363, p. 2805 – 2811. 2008.



MODALIDADE
DE BOLSA

BIC UFRGS - REUNI

