



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Dinâmica da herança de mtDNA em híbridos putativos entre <i>Trachemys dorbigni</i> e <i>Trachemys scripta</i> no Rio Grande do Sul, Brasil.
Autor	PEDRO IVO CAMPANI DE CASTRO FIGUEIREDO
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

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*. 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 (ExoI 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. 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 *Trachemys 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.