



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Verificação da ocorrência de hibridação entre <i>Trachemys dorigni</i> (Duméril & Bibron, 1835) e <i>Trachemys scripta</i> (Schoepff, 1792).
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 e existem registros de hibridação entre *T. s. elegans* e outras espécies do gênero *Trachemys* na América Central e América do Norte. Este estudo visa determinar se existe variação suficiente para distinção de híbridos entre *T. dorbigni* e *T. scripta* usando o gene mitocondrial citocromo b (Cytb) e três marcadores nucleares (PRLR, PRL35 e ACA4) e se essa distinção é compatível com as classificações morfológicas descritas para cada grupo. Foram utilizados 40 indivíduos, os quais são provenientes do Museu e do Centro de Reabilitação (CERAM), que pertence ao CECLIMAR/UFRGS, localizado em Imbé, do Parque Municipal Natural Tupancy, em Arroio do Sal, ambas cidades costeiras do RS, do na Reserva Romanetto, um criadouro de tartarugas no Paraná. Com base na morfologia, 21 indivíduos foram identificados como *T. dorbigni*, 11 como *T. Scripta*, e oito como híbridos em potencial. 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 os fragmentos de Cytb e nucleares para cada indivíduo. As amplificações foram checadas em gel de agarose, e as amplificações com boa qualidade foram purificadas enzimaticamente (ExoI e SAP) e sequenciadas pelo método de Sanger. 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. O programa MEGA5 foi utilizado para estimar as distâncias genéticas entre as diferentes espécies. Apesar das baixas distâncias genéticas entre espécies, todos os marcadores aqui estudados podem inequivocamente discriminar entre elas e demonstrar a existência de hibridismo devido à presença de posições diagnósticas no alinhamento. Todos os indivíduos tiveram linhagens genéticas correspondentes à sua classificação com base na morfologia, com exceção de seis indivíduos, os quais foram morfológicamente classificados como híbridos mas geneticamente apresentaram linhagens de *T. s. elegans*. Os indivíduos com problemas na classificação podem ser resultantes de retrocruzamento entre híbridos ou entre híbridos e *T. s. elegans*. Alternativamente, a variação morfológica de *T. s. elegans* pode estar sendo subestimada. A existência de híbridos mostra que pode haver introgressão do DNA na espécie nativa, o que sugere que a liberação ou a fuga de indivíduos exóticos na natureza pode ter consequências para a conservação e sobrevivência a longo prazo de *T. dorbigni*.