IDENTIFICAÇÃO GENÉTICA DE POSSÍVEIS HÍBRIDOS DE TARTARUGAS MARINHAS DA COSTA DO BRASIL

Autores/Authors: Maria Eduarda Rodrigues de Oliveira[1]; Sarah de Souza Alves Teodoro[1], Sarah Maria Vargas[1],

Filiações/Affiliations: (1) Universidade Federal do Espírito Santos – UFES

Campo de Pesquisa/Field of Research: Ciências Biológicas

Resumo/Abstract: Tartarugas marinhas apresentam ampla distribuição global e possuem diferentes habitats de nidificação em ambientes tropicais. Elas estão, em sua maioria, em alguma categoria de ameaça de acordo com a lista da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN). Essas ameaças vêm sendo intensificadas pelas intervenções humanas, que causam impactos ambientais, culminam em alterações no habitat e podem levar a cruzamentos interespecíficos que acabam gerando indivíduos híbridos, o que pode ser prejudicial para perpetuação das espécies. Estudos genéticos têm sido feitos para compreender a hibridização em tartarugas marinhas, integrando novas perspectivas na biologia e possibilitando estudos sobre as espécies. Assim, o objetivo do presente estudo foi identificar, usando marcadores de DNA nucleares (DNAn) e mitocondrial (DNAmt), a composição genética dos possíveis híbridos de tartarugas marinhas da costa do Brasil. As amostras analisadas, provenientes do Espírito Santo, foram de indivíduos identificados morfologicamente como *Caretta caretta* (*Cc*), e *Eretmochelys imbricata* (*Ei)*, mas que possuem uma ou mais características de uma ou mais espécies. As amostras biológicas de tecido (N=20) foram extraídas utilizando o Protocolo de Extração Salina. Os fragmentos do DNA genômico de cada indivíduo foram amplificados via PCR para três fragmentos do DNAn (CMOS, RAG1 e RAG2) e um do DNAmt (D-loop). As sequências foram alinhadas e analisadas no Geneious Prime. A hibridização foi inferida por meio do software STRUCTURE, utilizando marcadores de DNAn e haplótipos espécie-específicos. No presente estudo, analisando mtDNA e nDNA, dezesseis amostras (80%) apresentaram sinais de hibridização de *Cc* e *Ei*. Em frequência menor, duas amostras (10%) apresentaram suspeita de hibridização entre três espécies (*Lo, Cc e Ei*), e duas não apresentaram sinais de hibridização (10%). Os resultados deste estudo permitiram a identificação de híbridos em tartarugas marinhas por meio de análises de DNAmt e DNAn, reforçando a importância de utilizar diferentes regiões do DNA para a identificação de híbridos. O DNAmt foi crucial para determinar a espécie materna, enquanto o DNAn contribuiu para identificar as espécies parentais e as gerações híbridas. Entretanto, a identificação completa de alguns indivíduos híbridos foi limitada devido à presença de haplótipos de DNAn ainda não descritos na literatura. Assim, estudos futuros são necessários para a caracterização desses haplótipos desconhecidos. Os resultados deste estudo ampliam o entendimento sobre os cruzamentos interespecíficos entre tartarugas marinhas no Brasil e fornecem subsídios científicos para a conservação da biodiversidade das espécies ameaçadas envolvidas nesses eventos.

Palavras-chave: Cruzamentos interespecíficos, DNA nuclear, DNA mitocondrial, biologia molecular, conservação

Agradecemos a CNPq pelo apoio financeiro, ao NuBiGen e LGEM pelo apoio técnico e pelo espaço cedido para a realização da pesquisa e Fundação RENOVA.