

HIBRIDIZAÇÃO ENTRE TARTARUGAS-DE-PENTE (*Eretmochelys imbricata*) E TARTARUGAS-CABEÇUDAS (*Caretta caretta*) IMATURAS NO LITORAL BRASILEIRO

**SILVA, Cíntia Brito Prudente da / FIGUEREDO, Ana Luzia/
MAGGIONI, Rodrigo/ MONTEIRO, Danielle (autores)
PROIETTI, Máira Carneiro (orientadora)
cintiabrito@gmail.com**

**Evento: XXIV Congresso de Iniciação Científica
Área do conhecimento: Oceanografia Biológica**

Palavras-chave: tartaruga marinha; híbrido; mtDNA.

1 INTRODUÇÃO

A hibridização natural entre tartarugas marinhas da família Cheloniidae já foi relatada para diversas espécies e o uso de marcadores moleculares em regiões do DNA mitocondrial (mtDNA) e nuclear (nDNA) são valiosas ferramentas para confirmar e avaliar a extensão destes eventos, que são comuns na costa do Brasil (Vilaça et al 2013). As causas ainda são pouco compreendidas e não se sabe as consequências deste fenômeno. Classificado como prioritário no Plano de Ação Nacional para a Conservação de Tartarugas Marinhas, este tema necessita de maiores investigações para definir a distribuição e estratégias de manejo de animais híbridos. Portanto, o presente trabalho busca investigar o processo de hibridização entre tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) e tartaruga-cabeçuda (*Caretta caretta*) em águas brasileiras através de análises genéticas de indivíduos morfológicamente identificados como tartaruga-de-pente, utilizando um marcador molecular do mtDNA.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

De forma geral, os eventos de hibridização entre tartarugas marinhas são esporádicos e envolvem poucos indivíduos, mas a população brasileira tem apresentado índices mais elevados. Um estudo realizado com fêmeas adultas na área de desova da Bahia encontrou híbridos de tartaruga-de-pente e tartaruga-cabeçuda com frequência de 42% (Lara-Ruiz et al 2006). Os filhotes originados do evento de hibridização foram reportados na literatura a primeira vez em 2014 pela equipe do Laboratório de Ecologia Molecular IO-FURG (Proietti et al 2014a e 2014b) identificado através da análise do mtDNA. Neste caso foram analisadas amostras de diversos locais de ocorrência da espécie ao longo da costa brasileira (n=157), encontrando híbridos imaturos de *Eretmochelys imbricata* e *Caretta caretta* no litoral do Ceará (n = 1) e na Praia do Cassino (n = 3).

3 MATERIAIS E MÉTODOS (ou PROCEDIMENTO METODOLÓGICO)

O presente trabalho utilizou novas amostras coletadas nos estados do Ceará, Bahia e Rio Grande do Sul. Ao todo foram analisadas 67 amostras, sendo 33 obtidas em Almofala-CE, 22 na costa norte da Bahia, 7 em Abrolhos-BA e 5 na Praia do Cassino-RS. O DNA foi isolado através de kit de extração e fragmentos da região

controle (D-Loop) do mtDNA foram amplificados através de PCR utilizando *primers* descritos por Abreu-Grobois et al (2006). A purificação do produto foi realizada com kit de purificação sendo cada amostra preparada para sequenciamento em ambas as direções no laboratório da Universidade Federal do Ceará. As seqüências de mtDNA foram alinhadas e classificadas de acordo com o GenBank® para identificar a espécie a partir do haplótipos apresentado.

4 RESULTADOS e DISCUSSÃO

Os resultados apresentados são parciais, mas já foi possível identificar nas amostras 4 animais híbridos com *Caretta caretta* (haplótipo CC-A4.2) e um com *Lepidochelys olivacea* (haplótipo 78920). Além disso, observou-se alta frequência de ocorrência do haplótipo EiA01 (n=47) presente em amostras de todas as áreas de coleta, e três outros haplótipos em menor frequência EiA32 (n=4), EiA61(n=1) e EiA62 (n=3), presente apenas nas amostras do Ceará e Bahia.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho é parte integrante de um projeto realizado pelo Laboratório de Ecologia Molecular Marinha IO-FURG que pretende utilizar outro marcador molecular, os microssatélites. Esta análise preliminar indicou a presença de híbridos, mas acredita-se que a frequência de ocorrência seja ainda maior. Com base nos dados será possível entender melhor a distribuição, espécies parentais e gerações destes híbridos, e através de colaborações com outros projetos sobre o tema, contribuir a conservação das populações de tartarugas marinhas no Brasil.

REFERÊNCIAS

Abreu-Grobois F., Horrocks J., Formia A., Dutton P., LeRoux R., Vélez-Zuazo X., Soares L., Meylan P. 2006. New mtDNA Dloop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution of mixed stock analyses. In: **Book of Abstracts Twenty-sixth Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation**. p 179.

Lara-Ruiz P., Lopez G.G., Santos F.R., Soares L.S. 2006. Extensive hybridization in hawksbill turtles (*Eretmochelys imbricata*) nesting in Brazil revealed by mtDNA analyses. **Conservation Genetics**. 7: 773–781.

Proietti M.C., Reisser J., Marins L.F., Marcovaldi M., Soares L.S., Monteiro D.S., Wijeratne S., Pattiaratchi C., Secchi E.R.. 2014a. Hawksbill x loggerhead sea turtle hybrids at Bahia, Brazil: where do their offspring go? **PeerJ** 2e255http://dx.doi.org/10.7717/peerj.255

Proietti M.C., Reisser J., Marins L.F., Rodrigues-Zarate C., Marcovaldi M.A., Monteiro D.S., Pattiaratchi C., Secchi E.R. 2014b. Genetic structure and natal origins of immature hawksbill turtles (*Eretmochelys imbricata*) in Brazilian waters. **Plos One**. 9(2):e88746.

Vilaça S.T. & Santos F. R. 2013. Molecular data for the sea turtle population in Brazil. **Data Set Papers in Science**. Hindawi Publishing Corporation.