

# Caracterização genética e detecção de hibridização em populações de *Eretmochelys imbricata* (Reptilia: Cheloniidae) no Brasil



Lara-Ruiz, P<sup>1</sup>; Soares, L<sup>2</sup>; Lopez, GG<sup>2</sup>; Silva, LP<sup>1</sup>; Santos, FR<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular, ICB, UFMG. fsantos@icb.ufmg.br

<sup>2</sup> Fundação Pró-Tamar. Isoares@tamar.org.br

## Introdução

A tartaruga de pente ocorre em áreas tropicais dos oceanos Atlântico, Índico e Pacífico e é considerada criticamente ameaçada. O estado da Bahia concentra mais de 90% das desovas nas praias brasileiras e desovas esporádicas são registradas em outros estados (Figura 1). No estado também são registradas 50% das desovas da tartaruga cabeçuda (*Caretta caretta*) e 20% das desovas da tartaruga oliva (*Lepidochelys olivacea*) (Banco de dados Projeto Tamar-Ibama).

Marcadores moleculares têm sido amplamente usados para estudar a biologia de diversas espécies de tartarugas marinhas, porém, os trabalhos realizados no Brasil são escassos. Neste trabalho, seqüências de ~750pb da região controle do mtDNA foram analisadas objetivando a caracterização de populações em áreas de desova e de alimentação da espécie no Brasil. Para isto, amostras de 233 indivíduos coletadas pelo TAMAR (alimentação, n = 93; desova, n = 140) foram processadas e analisadas no Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular (LBEM, UFMG).

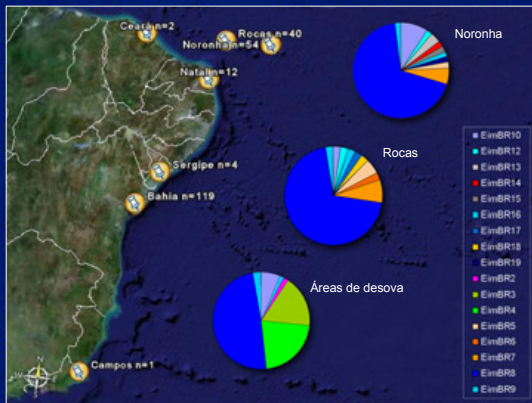


Figura 1 - Áreas de desova e alimentação de tartaruga de pente no litoral brasileiro e distribuição de haplótipos nas praias e áreas de alimentação (Noronha e Rocas)

	Alimentação	Desova	
		Sem Híbridos	Com Híbridos
N	93	84	140
N haplótipos	14	4	7
N loci (pb)	739	738	750
Sítios polimórficos (S)	48	3	139
Transições	41	3	96
Transversões	6	0	32
Div. Haplótipica (h)	0,52 ± 0,06	0,31 ± 0,06	0,68 ± 0,02
Div. Nucleotídica (π)	0,009 ± 0,005	0,0005 ± 0,0005	0,056 ± 0,03
Diferenças par a par (k)	6,99 ± 3,31	0,33 ± 0,33	44,68 ± 19,49

Tabela 1. Índices de diversidade genética.

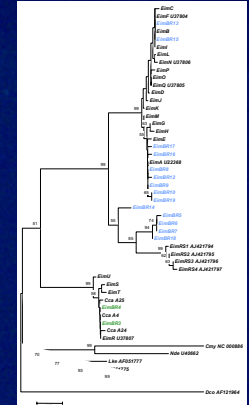


Figura 4. Neighbour Joining Tree. Relações filogenéticas entre os haplótipos.

## Resultados e Discussão

Foram encontrados 17 haplótipos definidos por 157 sítios polimórficos; onze deles (EiBR 5,6,7,8, 9, 10,12,13,14,15 e 16) são seqüências características de *E. imbricata*, encontradas em 76% dos indivíduos (Figura 2). O haplótipo mais comum EimBR8 (Figura 3) caracteriza 57% de toda a amostra e é semelhante (porém maior) ao haplótipo mais comum registrado no Atlântico. EiBR3 e EiBR4 são mais relacionados com seqüências de tartaruga cabeçuda (Figura 4) e foram encontrados em 23% das amostras. O haplótipo EiBR2 é característico de tartaruga oliva e foi encontrado unicamente em dois indivíduos (Figura 4). A distribuição geográfica destes haplótipos indicou a presença de híbridos unicamente nas populações que desovam no litoral (39% dos 140 indivíduos; Figura 1). A população das praias apresenta poucos haplótipos (EiBR 8, 9, 10 e 16), todos possivelmente derivados do EiBR8 (Figura 3), fato que explica os baixos índices de variabilidade genética encontrados (Tabela 1). A população de juvenis que se alimenta na região de Noronha e Atol das Rocas apresenta maior diversidade, com uma maior quantidade de haplótipos derivados do EiBR8 (EiBR9, 10, 12, 16, 17 e 19) e de outros haplótipos de linhagens bem diferenciadas, identificados como haplótipos relacionados com outros já registrados para populações no Caribe (EiBR 13 e 15) e no Mar Vermelho e África (EiBR5, 6, 7 e 18), além do haplótipo EiBR14 que agrupa com o grupo da África mas de uma maneira mais distante, não contando com registros de seqüências similares na literatura (Figura 3).

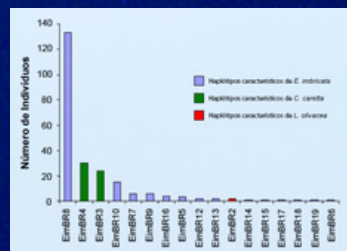


Figura 2. Frequência de ocorrência dos haplótipos encontrados na amostra de 233 indivíduos caracterizados morfológicamente como *E. imbricata*.

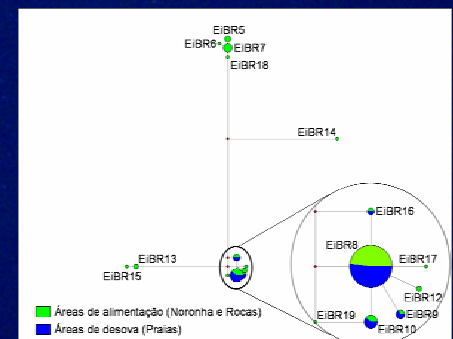


Figura 3. Median Joining Network. Relações entre os haplótipos característicos de *Eretmochelys imbricata*

## Conclusões

- Processos de hibridização entre indivíduos de diversas espécies da família Cheloniidae ocorrem no Brasil com frequências mais elevadas do que em populações de outros países.
- A alta frequência de hibridização detectada entre a tartaruga de pente e a cabeçuda pode indicar um processo avançado de introgressão e, portanto, uma perda da identidade genética da população da espécie que desova no Brasil.
- A diversidade genética remanescente nas populações que desovam no litoral Brasileiro se apresenta muito baixa, considerando apenas os haplótipos de *E. imbricata*.
- As análises das amostras das áreas de alimentação sugerem a utilização do Atol das Rocas e Fernando de Noronha como áreas compartilhadas por populações de juvenis provenientes do Brasil e de diversos outros sítios de desova tanto no Caribe, quanto na África e Mar vermelho.
- Estudos de genética da conservação em quelônios marinhos podem contribuir significativamente para dirigir estratégias de manejo para a conservação da espécie.

## Agradecimentos

Aos demais membros do Projeto TAMAR - IBAMA, Fundação Pró-TAMAR e LBEM. Este estudo foi financiado pelo Projeto de Conservação e Utilização Sustentável da Diversidade Biológica Brasileira (PROBIO), Centro de Pesquisas e Desenvolvimento da Petrobrás (CENPES).