

Diversidade genética e origem de tartarugas de couro (*Dermochelys coriacea*) encontradas na costa brasileira

Sarah M. Vargas¹, Flávia C. Araújo¹, Danielle Monteiro², Sérgio C. Estima², João Carlos A. Thomé³, Luciano S. Soares⁴, e Fabrício R. Santos¹

¹ Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular, ICB, UFMG, Belo Horizonte, MG, 31.270-010, Brazil

² Núcleo de Educação e Monitoramento Ambiental, NEMA, Rua Maria Araújo, 450, Rio Grande, RS, 96207-480, Brazil.

³ Projeto TAMAR-IBAMA, Caixa Postal 105, Linhares, ES, 29900-970, Brazil

⁴ Fundação Pró-Tamar, Caixa Postal 2219, Salvador, BA, 40223-970, Brazil.

Dermochelys coriacea é a espécie de tartaruga marinha com maior risco de extinção no Brasil e no mundo. Ela é classificada como criticamente ameaçada pela IUCN e pelo IBAMA. A população de tartarugas de couro que desovam no Brasil está restrita a poucos indivíduos que são encontrados apenas no estado do Espírito Santo. Além dos indivíduos observados na área de desova, um agregado pelágico de indivíduos encontrados em as águas das regiões Sul e Sudeste do país também foi analisado. Para entender melhor as relações entre as tartarugas de couro encontradas no Brasil e no mundo foram analisadas seqüências da região controle do DNAm de indivíduos em áreas de desova (n=11), animais do agregado pelágico incluindo animais capturados incidentalmente por redes de pesca (n=7) e animais encontrados mortos em praias do Rio Grande do Sul (n=45). As análises foram feitas de duas formas: a primeira usando seqüências mais longas (711 bp) para inferir os índices de diversidade e a segunda usando seqüências menores (496 bp) para comparar com dados da literatura e verificar locais de origem. Utilizando-se as seqüências maiores foram verificados 7 haplótipos definidos por 9 sítios polimórficos, ao contrário do observado com as seqüências menores, 5 haplótipos definidos por 5 sítios polimórficos. Comparando-se os haplótipos encontrados neste trabalho com os descritos na literatura, o agregado pelágico do Sul/Sudeste do Brasil apresentou dois indivíduos com um haplótipo encontrado anteriormente

apenas em áreas de desova das Ilhas Salomão (Pacífico), seis indivíduos com um haplótipo novo e a maioria dos indivíduos com o haplótipo mais comum em área de desova do Brasil. Os índices de diversidade encontrados para a população de desova do Brasil foram baixos, mas similar aos encontrados para outras populações ao redor do mundo. Este é o primeiro estudo sobre a diversidade genética em agregados pelágicos de tartarugas de couro no mundo e como esperado, o agregado apresentou maior diversidade e maior número de haplótipos que a população de desova. Um importante resultado deste trabalho foi que o haplótipo Dc A (496pb), o mais comum em áreas de desova do Atlântico, foi dividido em outros três haplótipos utilizando-se 711pb. Esta maior resolução proporcionada por sequências maiores poderá auxiliar nos estudos de verificação de origem de tartarugas de couro, principalmente no Atlântico.