



## Houve perda significativa da variabilidade genética da tartaruga oliva (*Lepidochelys olivacea*) no litoral brasileiro devido à ação antrópica?

Hahn<sup>1</sup>, Anelise Torres; Castilho<sup>2</sup>, Jaqueline Comin de; Soares<sup>3</sup> Luciano; Bonatto<sup>1</sup>, Sandro L.

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Genômica e Molecular da PUCRS Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. Av. Ipiranga, 6681, prédio 12 sala 172, Porto Alegre RS Brasil. <sup>2</sup>TAMAR, REBIO Santa Isabel, Pirambu, Sergipe. <sup>3</sup>Fundação Pró-Tamar, Salvador, BA, Brasil.Projeto.

### Introdução

A tartaruga oliva, *L. olivacea* distribui-se globalmente em oceanos tropicais e subtropicais, sendo a mais abundante espécie de tartaruga marinha em nível global (Bowen *et al.* 1998), porém, é considerada a menos abundante no Atlântico Ocidental (Silva *et al.* 2007). As principais áreas de desova da espécie nesta área são leste do Suriname, Guiana Francesa (Godfrey & Chevalier, 2004) e Brasil (Sergipe e norte da Bahia) (Silva *et al.* 2007). Durante muitos anos, a captura da tartaruga oliva era atividade comum entre pescadores em Sergipe e norte da Bahia. Este fato somado à matança das fêmeas e a destruição dos ninhos nas praias eram considerados as principais ameaças à espécie no litoral brasileiro. Antes da implementação do Projeto TAMAR em Sergipe, há 26 anos, quase todos os ninhos de *L. olivacea* eram coletados para consumo, e moradores do local dizem não ter visto filhotes durante, aproximadamente, 15 anos (Silva *et al.*, 2007).

A baixa densidade demográfica e a rápida diminuição populacional (*bottleneck*) levam a população a uma perda mais rápida de alelos, ocasionando a perda de variabilidade genética e fixação de alelos deletérios, reduzindo o potencial adaptativo e aumentando a probabilidade de extinção (Frankham *et al.*, 2002). A identificação de populações que sofreram severa redução no tamanho é de extrema importância para conservação devido à sua maior suscetibilidade à extinção (Cornuet & Luikart, 1996). Aqui utilizamos oito *loci* de microssatélites para verificar se a população que desova no litoral de Sergipe e norte do litoral Baiano passou por um *bottleneck* recente.

### Metodologia

Amostras de DNA de tecido de indivíduos de tartaruga oliva foram extraídas seguindo protocolo de extração com sílica (Glenn *et al.*, 2005). As amplificações por PCR foram conduzidas num volume final de 10 µl. Oitenta e sete indivíduos amostrados no litoral do nordeste brasileiro foram amplificados para oito *loci* de microssatélites (Cm 84 e Ei 8 (Hoekert, *et al.*, 2002) OR 1, OR 2, OR 3, OR 4, OR 7 e OR 8 (Aggarwal *et al.*, 2004)). As reações foram lidas no seqüenciador automático de DNA MegaBACE 1000 (GE Healthcare). A identificação dos genótipos foi feita utilizando o software Genetic Profiler (GE Healthcare).

O programa BOTTLENECK versão 1.2.02 (Cornuet & Luikart, 1996) foi utilizado para verificar se esta população de tartaruga oliva passou por uma redução recente na diversidade genética através do modelo de mutação IAM (Modelo de Alelos Infinito). O teste “*Wilcoxon sign-rank test*” foi utilizado para determinar se a população exibe um número significativo de *loci* com excesso de heterozigosidade.

Os dados gerados neste trabalho são provenientes do sub-projeto “Genética da tartaruga oliva”, coordenado pelo Laboratório de Biologia Genômica e Molecular da PUCRS, inserido no projeto Mamíferos e Quelônios Marinhos do CENPES / PETROBRÁS em parceria com o Projeto TAMAR.

### Resultados

Os resultados obtidos indicam que os *loci* estão em equilíbrio de mutação e deriva (tab. 1) assim como o gráfico da distribuição das freqüências alélicas está na forma de L (fig. 1). A probabilidade obtida para o excesso de heterozigosidade não indicou perda efetiva do tamanho populacional ( $p = 0,65$ ), portanto não apresentando evidência de que a população tenha sofrido um efeito *bottleneck* recente.



Tabela 1: Número de alelos (k), heterozigosidade esperada (He), He em equilíbrio (Heq), desvio padrão (S.D.) e valor de p.

| Locus | n   | He   | Heq               | S.D. | P    |
|-------|-----|------|-------------------|------|------|
| OR-1  | 156 | 0.77 | 0.77              | 0.08 | 0.41 |
| OR-2  | 164 | 0.77 | 0.74              | 0.09 | 0.49 |
| OR-3  | 152 | 0    | MONOMORPHIC LOCUS |      |      |
| OR-4  | 166 | 0.81 | 0.84              | 0.06 | 0.23 |
| OR-7  | 134 | 0.65 | 0.6               | 0.14 | 0.45 |
| OR-8  | 128 | 0.57 | 0.74              | 0.09 | 0.06 |
| Cm-84 | 92  | 0.59 | 0.67              | 0.12 | 0.21 |
| Ei-8  | 66  | 0.91 | 0.86              | 0.05 | 0.02 |

Estes resultados indicam que, em tempos históricos, as ameaças a esta espécie no litoral brasileiro não afetaram significativamente a diversidade genética da população, pelo menos no genoma nuclear. Três explicações não excludentes podem ser colocadas: (i) um curto tempo, em gerações, no qual essa população sofreu diminuição de tamanho; (ii) a redução no número de indivíduos não foi grande o suficiente para perda de variabilidade (*bottleneck* demográfico, mas não genético); (iii) a população reduzida não está totalmente isolada e recebe genes de migrantes, o que obscurece os efeitos genéticos do gargalo populacional.

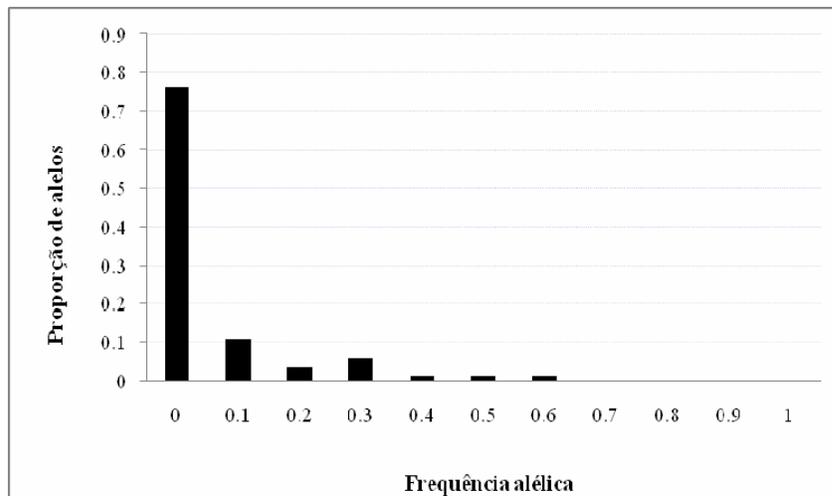


Figura 1: Frequências alélicas.

### Referências Citadas

- Aggarwal, R. K., T. P. Velavan, D. Udaykumar, P. S. Hendre, K. Shanker, B. C. Choudhury & L. Singh. 2004. Development and characterization of novel microsatellite markers from the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*). **Molecular Ecology notes**, 4: 77-79



XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

- Bowen, B. W., A. M. Clark, F. A. Abreu-Grobois, A. Chaves, H. A. Reichard & R. J. Ferl. 1998. Global phylogeography of the ridley sea turtle (*Lepidochelis* spp.) as inferred from mitochondrial DNA sequences. **Genetica**, **101**: 179-189.
- Cornuet, J. M. & G. Luikart. 1996. Description and power analyses of two tests for detecting population bottlenecks for allele frequency data. **Genetics**, **144**: 2001-2014
- Frankham, R., J. D. Ballou & D. A. Briscoe. 2002. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 616p il.
- Glenn, T. R. Baves & J. Bollback. 2005. DNA extraction protocols using silica. Internet: [www.uga.edu/srel/DNA\\_Lab/TSilicaDNA.rtf](http://www.uga.edu/srel/DNA_Lab/TSilicaDNA.rtf).
- Godfrey, M. H. & J. Chevalier. 2004. The status of olive ridley sea turtles in the west Atlantic. **Report requested by the olive ridley sea turtle assessment group of the Marine Turtle Specialist Group – SSC/IUCN**. 22p. il.
- Hoekert, W. E. J., H. Neuféglise, A. D. Schouten & S. B. J. Menken. 2002. Multiple paternity and female-biased mutation at a microsatellite locus in the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*). **Heredity**, **89**: 107-113
- Schneider, S., D. Roesslid & L. Excofier. 2000. Arlequin version 2000- a software for population data analysis. Internet: <http://anthropologie.unige.ch/arlequin>.
- Silva, A. C. C. D., J. C. Castilhos, G. Lopez & P. C. R. Barata. 2007. Nesting biology and conservation of the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*) in Brazil, 1991/1992 to 2002/2003. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, **87**: 1047-1056.