



**4ta Reunión de Investigación y Conservación de
Tortugas Marinas
en el Atlántico Sur Occidental (ASO)
y
III Jornadas de Conservación e Investigación de
Tortugas Marinas
en el Atlántico Sur Occidental (ASO)**

**25 al 28 de octubre de 2007
Piriápolis, Uruguay**

Apoya:



Auspicia:



MTSG - IUCN/SSC
MARINE TURTLE SPECIALIST GROUP



VARIABILIDADE GENÉTICA DA TARTARUGA OLIVA (*Lepidochelys olivacea*) NO BRASIL ATRAVÉS DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

Anelise Torres Hahn¹, Luciano Soares², Jaqualine Comin de Castilhos³ & Sandro L. Bonatto⁴

^{1 e 4} Centro de Biologia Genômica e Molecular, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. Av. Ipiranga, 6681, prédio 12 sala 172, Porto Alegre RS Brasil. ² Fundação Pró-Tamar, Salvador, BA, Brasil. ³ Projeto TAMAR, REBIO Santa Isabel, Pirambu, Sergipe
Mail: ¹ anehahn@gmail.com, ² Isoares@tamar.org.br, ³ jaqueline.tamar@terra.com.br, ⁴ slbonatto@pucrs.br

A tartaruga oliva, *Lepidochelys olivacea* é considerada a mais abundante espécie de tartaruga marinha, estando distribuída globalmente nos mares tropicais e também em pontos do Atlântico Norte, migrando entre as áreas de alimentação e desova. No Atlântico oeste é encontrada desde a Flórida, nos EUA, até o sul do Uruguai. Nesta região são conhecidos dois principais sítios de desova: leste do Suriname e Guiana Francesa; e Brasil, em Sergipe e norte da Bahia. Apesar da população desta espécie ter declinado nesta região principalmente pela captura incidental em redes de pesca; poluição oceânica; desenvolvimento costeiro e aumento do turismo no litoral, nos últimos anos tem-se verificado um aumento populacional. A criação de projetos de conservação, como o TAMAR no Brasil, e outros pelo mundo todo têm permitido uma maior proteção às tartarugas marinhas. As rotas migratórias, o grau de isolamento entre as populações e a fidelidade ao sítio de desova, são questões que precisam ser mais estudadas em todas as espécies. Sabe-se pouco sobre a diversidade genética e estruturação geográfica da tartaruga oliva no Atlântico. Microsatélites são ideais para estudos de diversidade genética e mapeamentos por causa da sua abundância, alto polimorfismo, codominância, fácil detecção e transferibilidade entre estudos. Marcadores microsatélites são herdados biparentalmente, ajudando a revelar padrões de fluxo gênico de mediadores machos e fêmeas, sendo considerados eficientes para o entendimento das relações genéticas entre populações, estrutura populacional, filogeografia e aspectos migratórios de uma espécie. Este trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética da espécie no Brasil através de marcadores microsatélites. Foram amplificados até o momento 6 *loci* de microsatélite (OR 1, OR 2, OR 3, OR 4, OR 7 e CM 84) para 80 amostras coletadas nas bases do Projeto TAMAR ao longo do litoral brasileiro. As análises foram realizadas com o programa ARLEQUIN 3.11. O número de alelos por *loci* variou de 5 (Cm84) a 13 (OR1 e OR4), com média de 9,2. O *locus* OR3 apresentou-se monomórfico. A heterozigosidade observada por *loco* variou de 0,19 a 0,78 (média de 0,54). Somente os *loci* OR2 e OR4 apresentaram desvio do equilíbrio de Hardy-Weiberg, porém, após a Correção de Bonferroni para múltiplas comparações este desvio não foi significativo. Da mesma forma não houve evidência de desequilíbrio de ligação entre *loci* após Correção de Bonferroni. Diferenciação entre subpopulações foi obtida através do teste de AMOVA também com o programa ARLEQUIN 3.11, considerando quatro sub-grupos: Rio Grande do Norte, Sergipe, Bahia e Espírito Santo/São

Paulo. A variação entre os grupos e entre as populações dentro dos grupos não foi significativa e o valor de F_{st} (0,0284) ($P > 0,1$) não indicou estruturação populacional. Para análises futuras serão ampliadas o número de amostras, assim como as populações amostradas e o número de locos amplificados para futuras análises. Ainda será testado estruturação populacional utilizando-se um método de agrupamento bayesiano através do programa STRUCTURE 2.2.

Palavras chaves: *Lepidochelys olivacea*, microsatélites, variabilidade genética

Apoio Financeiro: CENPES/PETROBRÁS e CNPq