

## DIVERSIDADE GENÉTICA DA TARTARUGA MARINHA *Lepidochelys olivacea* NO LITORAL BRASILEIRO

Luiza Barcellos Fernandes<sup>1</sup>, Jaqueline Castilhos<sup>2</sup> e Sandro Luis Bonatto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Biologia Genômica e Molecular, Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS; <sup>2</sup>Projeto TAMAR-IBAMA, SE  
[cucabf@hotmail.com](mailto:cucabf@hotmail.com)

Palavras-chave: *Lepidochelys olivacea*, mtDNA

Apesar da criação de projetos de conservação tais como o TAMAR no Brasil e em vários outros países ter permitido uma maior proteção, as tartarugas marinhas ainda correm riscos devido à captura em atividades de pesca, ocupação desordenada do litoral, atividade predatória e à poluição dos oceanos. Questões como as rotas migratórias, o grau de isolamento entre as populações e a fidelidade ao sítio de desova precisam ainda ser mais estudadas em muitas espécies. A tartaruga Oliva, *Lepidochelys olivacea*, distribui-se globalmente nas águas mornas dos mares tropicais e também em pontos do Atlântico Norte, migrando entre as áreas de alimentação e as de desova nas praias continentais. Segundo o projeto TAMAR, a Oliva apresenta uma população reduzida na costa brasileira, sendo que a maior concentração de fêmeas reprodutivas dessa espécie, desovando no Brasil hoje, ocorre no litoral de Sergipe. Além disso, muito pouco é conhecido sobre a diversidade genética e a sua estruturação geográfica de *L. olivacea* no litoral brasileiro. Estas questões precisam ser melhor conhecidas para elaborar estratégias globais de conservação. Este trabalho tem como objetivo estimar a variabilidade genética no DNA mitocondrial de *L. olivacea* no litoral brasileiro e comparar com populações de outros locais de desova no mundo. Até o momento foram sequenciados cerca de 600 pares de bases do gene para o citocromo b de 29 amostras coletadas nas bases do projeto TAMAR no estado de Sergipe: Pirambú (n=23), Abaís (n=3) e Ponta dos Mangues (n=3). As seqüências foram alinhadas no programa ClustalX e editadas manualmente no BioEdit. Todas as seqüências se mostraram idênticas, corroborando um estudo anterior que aponta para níveis extremamente baixos de variabilidade genética no mtDNA para *L. olivacea* como um todo e ausência de variabilidade na população de Sergipe. Este trabalho pretende amostrar um maior número de indivíduos coletados no período de desova de 2003/2004 bem como sequenciar todo o gene para o citocromo b e a região controladora do mtDNA.

Apoio financeiro: CNPq e FAPERGS