

Baixa diversidade genética na população brasileira de *Lepidochelys olivacea* (Tartaruga Oliva).

Luiza B Fernandes
Jaqueline Comin de Castilhos
Sandro Luis Bonatto

Projetos de conservação, como o TAMAR no Brasil e em vários outros países, têm permitido uma maior proteção às tartarugas marinhas, porém, elas ainda correm riscos devido à captura em atividades de pesca, à matança das fêmeas e destruição dos ninhos nas praias e à poluição dos oceanos. As rotas migratórias, o grau de isolamento entre as populações e a fidelidade ao sítio de desova precisam ainda ser mais estudadas não só nesta espécie como nas outras espécies de tartarugas marinhas. 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 dados do projeto TAMAR, a Oliva apresenta uma população reduzida na costa brasileira. No litoral de Sergipe ocorre a maior concentração de fêmeas desovando no Brasil. Muito pouco é conhecido sobre a diversidade genética das populações dessa espécie. Estas questões precisam ser melhor conhecidas para que seja possível aprimorar as 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 estudadas 44 amostras de pele coletadas nas bases do Projeto TAMAR nos estados de Sergipe: bases de Pirambú (n=31), Abaís (n=07), Ponta dos Mangues (n=06) e Bahia: base de Sítio do Conde (n=05) nas temporadas de 2002/2003 e 2003/2004. As amostras conservadas em álcool 70% tiveram seu DNA extraído utilizando-se dois protocolos: fenol:clorofórmio e sílica. O gene para o citocromo b foi amplificado através de PCR, seqüenciado, e as seqüências obtidas foram alinhadas no programa ClustalX e editadas manualmente no BioEdit. Todas as seqüências foram idênticas entre si, em aproximadamente 1000pb do gene, 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 do Sergipe e Bahia. Este estudo será complementado com a análise da região controle do DNA mitocondrial.