

DIVERSIDADE GENÉTICA DE TARTARUGAS CABEÇUDAS, *Caretta caretta* (REPTILIA: CHELONIDAE), CAPTURADAS INCIDENTALMENTE NO LITORAL SUL/SUDESTE DO BRASIL.

Vargas, SM¹, Lara-Ruiz, P¹; Marcovaldi, M. A².; Soares, L²; Santos, FR¹

¹ Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais.

² Fundação Pró-Tamar.

sarahmvbio@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Caretta caretta*, mtDNA, diversidade genética.

A tartaruga cabeçuda ou mestiça, *Caretta caretta*, é considerada “em perigo de extinção” pela IUCN. Como nas outras espécies, os indivíduos de *C. caretta* realizam longas migrações e usam uma variedade de habitats em diferentes estágios de suas vidas. A tartaruga cabeçuda se distribui globalmente ao longo de latitudes tropicais e subtropicais, mas ocorre mais em áreas temperadas do que outras tartarugas marinhas da família Cheloniidae. Habitam plataformas continentais, baías, lagoas e estuários nos oceanos Atlântico, Mediterrâneo, Pacífico e Índico. No Brasil, entre Rio de Janeiro e Sergipe, encontra-se a maior população de tartarugas cabeçudas na América Latina desovando entre setembro e março, correspondendo a 54% do total de desovas de tartarugas marinhas no litoral brasileiro. Juvenis desta espécie são encontrados ao longo do litoral sul/sudeste do Brasil, e representam 72% das tartarugas capturadas incidentalmente pela pesca de espinhel pelágico, que deve estar levando a uma redução das populações desta espécie. Atualmente, o estudo genético de populações de tartarugas marinhas é feito com seqüências de DNA mitocondrial numa escala global, objetivando a identificação dos locais de origem dos animais presentes em diversas áreas de pesca, bem como para uma caracterização inicial da diversidade genética remanescente nas populações. Biópsias de pele coletadas pelo Projeto Tamar-Ibama nas principais áreas de captura incidental de tartarugas cabeçudas no litoral Sul/Sudeste do Brasil foram processadas e analisadas de duas formas. Na primeira análise foram geradas seqüências de 525 pb da região hipervariável do DNA mitocondrial de 84 indivíduos. Foram encontrados 7 haplótipos distintos definidos por 37 sítios variáveis, e os índices de diversidade genética foram $h = 0,7344$ e $\pi = 0,01912$, que apresentaram valores relativamente altos. O número médio observado de diferenças de nucleotídeos (κ) foi 9,868. Na segunda análise foram utilizados apenas 372 pb da região hipervariável do DNA mitocondrial dos mesmos 84 indivíduos, para comparar com dados publicados. Nesta análise foram encontrados 5 haplótipos previamente descritos: Cc A4 (46% - haplótipo mais freqüente nas áreas de desova do Brasil), haplótipo Cc A11 (13%), Cc A2 (13% - múltiplas áreas do Atlântico e Índico); Cc A33 (12%) e Cc A34 (15% - sudoeste do Pacífico). Estes resultados demonstram a importância da conservação destas populações de tartarugas cabeçudas e a necessidade de medidas mitigadoras para minimizar o impacto negativo da pesca no Atlântico Sudoeste. A conservação da diversidade genética de diversas populações de *Caretta caretta* no mundo depende do manejo adequado das atividades nesta região que agrega animais juvenis tanto de populações que desovam no Brasil bem como no Oeste Africano e Oceano Índico.

Apoio Financeiro: CENPES, Capes
Colaboração Científica: CENPES