

PRIMEIROS REGISTROS DE HAPLÓTIPOS DA REGIÃO CONTROLE DO DNAmIT DE TARTARUGAS DA ESPÉCIE *Caretta caretta* (LINNAEUS, 1758) DE ÁREAS DE DESOVA NOS ESTADOS DO RIO DE JANEIRO E SERGIPE

Reis, EC*; Albano, RM**; Lôbo-Hajdu, G*; Marcovaldi, MA***; Soares, L***

* Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes, Departamento de Biologia Celular e Genética, Universidade do Estado do Rio de Janeiro. est.cardinot@gmail.com

** Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes, Departamento de Bioquímica, Universidade do Estado do Rio de Janeiro.

*** Fundação Centro Brasileiro de Proteção e Pesquisa das Tartarugas Marinhas, Projeto TAMAR-IBAMA.

Palavras-chave: Tartarugas marinhas; *Caretta caretta*; região controle do DNA mitocondrial; genética da conservação.

A tartaruga cabeçuda ou *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758), pertencente à família Cheloniidae, é considerada espécie ameaçada de extinção pela CITES (*Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Flora and Fauna*), assim como pela NOAA (*National Oceanic and Atmospheric Administration*), e espécie vulnerável pela IUCN (*The World Conservation Union*) e pelo MMA (Ministério do Meio Ambiente). No Brasil, a espécie é encontrada do norte do litoral do Rio de Janeiro até o litoral do Ceará, sendo considerada a mais abundante em relação ao número de desovas, que ocorrem em maior concentração nas praias dos estados do Espírito Santo e Bahia. Ainda assim, faltam estudos detalhados da estrutura de suas populações. Dentro deste contexto, o presente estudo tem como objetivo caracterizar a estrutura genética das populações da bacia de Campos - RJ e Pirambu - SE, sendo este o primeiro projeto para tais bases do TAMAR-IBAMA. O conhecimento da diversidade haplotípica destas populações permitirá uma maior eficácia de manejo e conservação da espécie no Brasil e conseqüentemente contribuirá para uma maior proteção global destes animais. Foram analisados fragmentos de aproximadamente 420 pares de bases da região controle do DNA mitocondrial ou *D-loop* de 46 espécimes de *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758). As amostras correspondem às temporadas de desova de 2004 e 2005. Fragmentos de tecido retirados a partir da nadadeira anterior destas tartarugas são mantidos em etanol 70% e enviados ao Laboratório de Genética Marinha (LGMar) da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). Neste laboratório, são efetuados os procedimentos de extração de DNA genômico total com tampão de lise contendo CTAB 2%, amplificação da região controle do DNAmIT com *primers* específicos através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e purificação do produto amplificado com *GFX™ PCR DNA and gel band purification kit* (GE Healthcare). O seqüenciamento das amostras purificadas é realizado em seqüenciador automático MegaBACE 1000 no Laboratório de Genoma do Centro Biomédico da mesma instituição. Após edição e análise das seqüências por programas computacionais, foram encontrados os haplótipos CC-A4 (93,48%), CC-A24 (2,17%) e um haplótipo aparentemente híbrido entre *Caretta caretta* e *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829), que se convencionou chamar de CCxLO (4,35%). A ocorrência do possível hibridismo ocorreu em amostras provenientes de Sergipe, onde encontra-se a maior população de tartarugas olivas no país, e ocorre sobreposição das duas espécies durante o período de reprodução e desova. O haplótipo encontrado alinha com o haplótipo já descrito para a população de *L. olivacea* que desova na região. Os resultados obtidos mostram semelhança estatística aos de Soares (2004) ($P = 0,05$), corroborando a hipótese de que as populações de *C. caretta* de áreas de desova do Brasil apresentam um perfil haplotípico distinto do das demais regiões do mundo.

Apoio financeiro: CENPES.

Colaboração Científica: CENPES