

Fernandes, LB; Castilhos², J; Bonatto¹, SL¹Centro de Biologia Genômica e Molecular, Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS ²Projeto TAMAR-IBAMA, SE

Variabilidade no DNA mitocondrial de *Lepidochelys olivacea* (tartaruga marinha Oliva) na costa brasileira

Por muito tempo as tartarugas marinhas têm sido globalmente ameaçadas por atividades humanas. Populações já foram extintas e muitas outras foram drasticamente diminuídas. A criação de projetos de conservação, como o TAMAR no Brasil, e pelo mundo todo têm permitido uma maior proteção a estas espécies, porém elas ainda correm riscos devido à matança de fêmeas, captura de ovos nas praias e à captura acidental em atividades de pesca. As rotas migratórias, o grau de isolamento entre as populações e a fidelidade ao sítio de desova, são questões que precisam ser mais estudadas não só na tartaruga Oliva (*Lepidochelys olivacea*) como em todas as outras espécies de tartarugas marinhas. A Oliva é uma das mais abundantes tartarugas marinhas, é encontrada globalmente pelos mares tropicais, migrando entre as áreas de alimentação e desova nas praias continentais e ilhas oceânicas. 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 e sua estruturação geográfica. 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 49 amostras de pele ou músculo 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 protocolos diferentes: 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 pretende analisar também toda a região controle do DNA mitocondrial. ■

Apoio Financeiro: CNPq e FAPERGS