CARACTERIZAÇÃO, DIVERSIDADE E COMPOSIÇÃO GENÉTICA DE TARTARUGA-DE-COURO (*Dermochelys coriacea)* EM ÁREAS DE ALIMENTAÇÃO DO BRASIL

Gabrielly Loretti Schultz[1]*; Sarah de Souza Alves Teodoro[1]; Alexsandro Santos[2]; Daniella Torres Almeida Pereira[2]; Tatiane Bittar Vieira[2]; Marta Cremer[3]; Camila Domit[4]; Sarah Maria Vargas[1].

(1) Laboratório de Genética e Evolução Molecular (LGEM), Universidade Federal do Espírito Santos – UFES; (2) Fundação Projeto TAMAR; (3) Universidade da Região de Joinville - UNIVILLE; (4) Universidade Federal do Paraná – UFPR. *e-mail para correspondência: ygschultz@gmail.com

Genética de populações

A tartaruga-de-couro (*Dermochelys coriacea)* é amplamente distribuída geograficamente, ocorrendo em áreas tropicais e temperadas ao redor do mundo. Por passarem a maior parte do seu ciclo de vida em oceano aberto, elas realizam longas migrações entre as áreas de nidificação e de alimentação, sendo a maior parte dos estudos genéticos realizados em áreas de desova. No Atlântico Sudoeste, a subpopulação de *D. coriacea* é composta por poucos indivíduos e a desova ocorre frequentemente no litoral norte do Espírito Santo, entretanto, desovas ocasionais podem acontecer em outros estados brasileiros. O objetivo deste estudo foi caracterizar geneticamente a diversidade e a composição genética de tartarugas-de-couro em áreas de alimentação do Brasil, comparando com outras áreas de nidificação. Foram coletados tecido epitelial e muscular de animais adultos e juvenis entre 2016 e 2022 em áreas de encalhes/alimentação (Rio de Janeiro, N = 10, Paraná, N = 19 e Santa Catarina, N = 16). Sequenciamos fragmentos de 763 pares de bases da região controle do DNA mitocondrial e os combinamos com dados de estudos publicados em áreas de nidificação do Oceano Atlântico da África e do Espírito Santo, América Central do Norte, e de uma área de alimentação no Rio Grande do Sul. Os valores de diversidade genética (F_{ST}) foram obtidos através do programa Arlequin v3.5. As diversidades haplotípicas variaram de 0,142 a 0,533, sendo a maior encontrada em duas localidades, na região de desova de Guiana Francesa/Suriname e do Espírito Santo. As áreas de alimentação do Sul do Brasil foram agrupadas em uma única região por homogeneidade genética ($F_{ST} < -0,005$; $p > 0,001$) e apresentaram uma diversidade haplotípica de 0,493. O teste de F_{ST} pareado revelou que os indivíduos encontrados em áreas de alimentação da região Sul possuem homogeneidade genética com os do Gabão ($F_{ST} = 0,003$; $p > 0,200$) e de Gana ($F_{ST} = 0,020$; $p > 0,050$), indicando um fluxo migratório entre a África e o Brasil. A ausência de estruturação genética do SUL com Gabão e Gana auxilia em meios para a conservação dessa população africana em áreas de forrageamento. As análises do DNAmt são úteis para compreender a origem dos indivíduos em áreas de alimentação, no entanto, análises com marcadores biparentais ajudará a aprofundar os dados obtidos sobre as áreas de alimentação, a conhecer melhor os fluxos migratórios e a elaborar projetos de manejo e conservação para a espécie.

Palavras-chave: Tartaruga gigante. Áreas de alimentação. Nidificação. DNA mitocondrial.

Agradecimentos: UFES, FAPES, CNPq, CAPES, Fundação RENOVA, Reserva Caruara, Fundação Projeto TAMAR, UNIVILLE, LEC-UFPR, NuBiGen, LGEM, Ana Carolina e Alberty.