DNA MITOCONDRIAL REVELA HOMOGENEIDADE GENÉTICA EM ANIMAIS ENCALHADOS E CONECTIVIDADE GLOBAL EM TARTARUGAS-CABEÇUDAS

Autores/Authors: Luisa Lima Tose[1], Ana Carolina Barcelos[1], Sarah de Souza Alves Teodoro[1], João Guedes da Fonseca[1], Daniella Torres Almeida Pereira[2]; Camila Domit [3], Sarah Maria Vargas[1]

Filiações/Affiliations: 1 - Laboratório de Genética e Evolução Molecular, Universidade Federal do Espírito Santo, 2 - Fundação Projeto TAMAR, 3 - Laboratório de Ecologia e Conservação, Universidade Federal do Paraná (LEC/UFPR).

Campo de Pesquisa/Field of Research: ANIMAL

Resumo/Abstract: A tartaruga-cabeçuda (*Caretta caretta*) é uma das cinco espécies de tartarugas marinhas encontradas no Brasil, classificada como "vulnerável" na Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza e dos Recursos Naturais. Os adultos se alimentam em áreas neríticas, enquanto os juvenis ocupam tanto áreas neríticas quanto oceânicas. Registros de capturas incidentais por pesca ocorrem nas áreas neríticas ao longo da costa do Brasil, do nordeste ao sul, e no ambiente oceânico pela pesca industrial ao longo da costa sul. Essas tartarugas são altamente migratórias e têm um ciclo de vida complexo, o que dificulta as pesquisas sobre elas. Estudos genéticos têm sido cruciais para compreender melhor a diversidade genética, as rotas migratórias, processos de hibridização, filopatria e filogenética. Este estudo visou estimar a diversidade genética e a conectividade dos animais juvenis e adultos de *C. caretta* encontrados encalhados no Rio de Janeiro (RJ) e no Paraná (PR), através do sequenciamento da região D-loop do DNA mitocondrial. As amostras dos dois agregados também foram comparadas com dados da literatura de áreas do Atlântico Norte, Mediterrâneo e Pacífico. Os resultados demonstram que os agregados de animais encontrados no RJ e no PR possuem diversidade haplotípica (h) moderada (RJ h = 0,5170 e PR h = 0,5779), ausência de diferenciação genética entre si devido ao valor do F_{ST} não significativo (0,00226; p > 0,05) e compartilham a maioria dos haplótipos. Animais do agregado do RJ apresentaram apenas haplótipos característicos de áreas de desova do Brasil, mas os animais do PR apresentaram, além de haplótipos característicos do Brasil, haplótipos de populações de desova do Pacífico e do Atlântico Norte. Ademais, um animal do agregado do PR apresentou um haplótipo característico da espécie *Lepidochelys olivacea*. Em comparação com as localidades do Brasil, as regiões do Atlântico Norte, Mediterrâneo e Pacífico apresentaram alta diferenciação genética com o $F_{ST} > 0,70$ e p = 0,00. Com isso, foi possível obter um melhor entendimento sobre a diversidade dos animais encalhados na costa brasileira, detectar indícios de hibridização com a espécie *L. olivacea* e entender a contribuição das áreas de desova do Brasil e do mundo para os mesmos.

Palavras-chave/Keywords: *Caretta caretta*, DNA mitocondrial, estrutura populacional, genética de populações, hibridização

Agradecimentos/Acknowledgements: Agradeço à FAPES pelo apoio financeiro, à equipe do LGEM pelo suporte prestado sempre que necessário, ao NuBiGen pelo treinamento e apoio técnico, à Fundação Projeto Tamar e ao PMP-BS (PR) por disponibilizar as amostras utilizadas neste trabalho. PMP-BS (PR) - Projeto de Monitoramento de Praia da Bacia de Santos (PMP-BS) é uma condicionante do IBAMA à Petrobras, parte do licenciamento para exploração de petróleo e gás natural na Bacia de Santos.