

Diversidade genética da tartaruga da amazônia (*Podocnemis expansa*) na bacia hidrográfica Tocantins-Araguaia

Bárbara Beatriz de Sousa Rocha¹ (babiabio@gmail.com), Samuel Rezende Paiva¹ (samuel@cenargen.embrapa.br), Rafael Antônio Machado Balestra² (rbalestra@gmail.com), Ana Paula Gomes Lustosa² (anaplustosa@hotmail.com)

1) Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2) Centro Nacional de Conservação de Répteis e Anfíbios-RAN/ICMBio

As populações da tartaruga da Amazônia (*Podocnemis expansa*) vêm sendo sistematicamente reduzidas principalmente em razão da sua sobreexploração que potencializa fatores inerentes à espécie que dificultam sua conservação, destacando-se o baixo índice de recrutamento, a longevidade e a vulnerabilidade durante o período reprodutivo. Com efeito, a espécie figura no Apêndice II da Convenção sobre o Comércio Internacional de Espécies Ameaçadas (CITES), e é categorizada na IUCN como espécie com baixo risco de extinção em virtude da sua ampla área de distribuição, porém vulnerável à extinção em certas regiões/localidades, havendo assim a necessidade premente da implantação e aprimoramento de programas de conservação direcionados à espécie. Desde 1985 está em execução o manejo conservacionista e monitoramento da tartaruga da Amazônia, conduzido pelo RAN/ICMBio, na APA Meandros do rio Araguaia (GO), médio Araguaia (bacia hidrográfica Tocantins-Araguaia), sendo que apesar destes esforços tem-se constatado um declínio populacional acentuado da espécie nessa região ecótona dos biomas Cerrado e Amazônico. Com o objetivo de incorporar novas ferramentas para implementar esse programa, este trabalho foi realizado de forma a: (1) criar um banco de amostras biológicas estratégico e de referência da espécie e, a princípio, para a bacia hidrográfica em voga; bem como (2) iniciar análises com marcadores moleculares baseados em polimorfismos do DNA para avaliar tanto a diversidade genética das suas populações existentes bem como a existência ou não de estrutura genética dentro da Bacia. Desta forma, foram amostrados 100 indivíduos no total, sendo 50 provenientes do rio Crixás (afluente do rio Araguaia) e 50 do rio Araguaia. A estratégia de coleta consistiu em amostrar 05 indivíduos de pelo menos 10 ninhos em cada rio, de forma a ter amostras suficientes para avaliar tanto a diversidade genética, bem como a existência ou não de filopatria dentro da espécie nesta região. As amostras coletadas tiveram seu DNA extraído e mantidos no Banco de DNA e Tecidos do Laboratório de Genética Animal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília (DF). A metodologia inicial escolhida para testar as hipóteses propostas foi sequenciamento de parte da região controle do DNA mitocondrial (mtDNA) diretamente de amplicons obtidos pela técnica de PCR realizada com primers específicos para espécie. Foram sequenciados 519 pares de bases de 69 indivíduos provenientes das duas localidades mencionadas. Nenhum polimorfismo foi identificado entre as duas populações, o que sugere uma homogeneidade dos animais dentro dos rios amostrados, bem como a inexistência de estrutura populacional. Para avaliar a diversidade genética dessa bacia hidrográfica com outras que compõem a abrangência geográfica da espécie, o único haplótipo identificado foi comparado com 294 indivíduos da

espécie que apresentam sequências depositadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) para essas mesmas regiões do mtDNA. Nestas comparações foram avaliadas 492 pares de bases que evidenciaram a existência de apenas 08 SNPs/08 haplótipos entre todos os animais, com uma diversidade nucleotídica P_i de 0,0023 e uma diversidade haplotípica H_d de 0,519. O haplótipo identificado no presente estudo é o segundo mais frequente já observado para a espécie (80 dos 294 indivíduos analisados) que, por sua vez, também foi observado nos rios Branco (RR), Purus (AM), Amazonas (AM), Tapajós (PA) e Xingu (PA), além da própria bacia do Araguaia. Todas as duas localidades amostradas no presente trabalho são inéditas para este tipo de marcador dentro da bacia em pauta. Por essa classe de marcadores é possível sugerir que medidas de translocações/ manejo dentro da bacia do Araguaia poderão ser feitas para a espécie, visto a baixa estrutura populacional observada neste trabalho e na literatura. Contudo, para translocações de, por exemplo, animais entre bacias hidrográficas, é necessário a realização de novas coletas mais abrangentes, bem como adição de novos marcadores, talvez genômicos, de forma que a formulação de medidas de conservação seja realizada de forma mais holística e eficiente.