

VARIABILIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE BALEIA-FRANCA (*Eubalaena australis*) NO ATLÂNTICO SUL OCIDENTAL.

Ott, P.H.^{1,2,3}, Freitas, T.R.O.³, Flores, P.A.C.⁴, Groch, K.R.⁴, Frasier, T.⁵ & White, B.N.⁵

¹Grupo de Estudos de Mamíferos Aquáticos do Rio Grande do Sul (GEMARS). Rua Felipe Neri, 382/203. Porto Alegre, RS 90440-150, Brasil. E-mail: gemars@terra.com.br

²Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (CECLIMAR/UFRGS). Av. Tramandaí, 976, Imbé, RS 95625-000, Brasil.

³Departamento de Genética, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Cx. Postal 15053, Porto Alegre, RS 91501-970, Brasil.

⁴International Wildlife Coalition-Brasil (IWC-Brasil). Cx. Postal 201, Imbituba, SC 88780-000, Brasil.

⁵Natural Resources DNA Profiling and Forensic Centre, Trent University, 1600 E. Bank Drive, Peterborough, Ontario, K9J7B8, Canadá.

O conhecimento a respeito da variabilidade genética e estrutura populacional de espécies exploradas comercialmente, ou ameaçadas de extinção, é um aspecto crítico no estabelecimento de planos efetivos de manejo e conservação. A baleia-franca (*Eubalaena australis*) é considerada uma espécie em risco de extinção em função da intensa exploração comercial que sofreu no passado. As estimativas mais recentes de tamanho populacional da espécie sugerem que existam cerca de 7.000 indivíduos no Hemisfério Sul, o que corresponde a apenas uma pequena fração (provavelmente entre 5 a 10%) de sua população original. No presente estudo, a variabilidade genética e a estrutura populacional da espécie no Atlântico Sul Ocidental foram investigadas a partir de marcadores genéticos nucleares (microsatélites) e mitocondriais (mtDNA). Um total de 77 indivíduos, pertencente a três regiões geográficas, foram analisados: sul do Brasil (n = 48); Península Valdés, Argentina (n=21); e Ilhas Geórgia do Sul (n=8). Enquanto as duas primeiras localidades são importantes áreas reprodutivas da espécie no Atlântico Sul, a última, é uma das poucas áreas de alimentação precisamente conhecida. Para as análises genético-populacionais foi realizado o seqüenciamento da região controladora do mtDNA e analisados 10 *loci* de microsatélites. A diversidade genética mitocondrial foi estimada através da diversidade haplotípica (h) e da diversidade nucleotídica (π), enquanto a diversidade nuclear, a partir do número de alelos por *locus* (A) e da heterozigosidade observada (H_O). A estrutura genética e o fluxo gênico entre as populações foram investigados através da estatística de Wright e da análise de variância molecular (AMOVA). A análise da região consenso (495bp) das seqüências de mtDNA revelou a existência de 43 sítios polimórficos, resultando em 30 haplótipos distintos. Apesar da existência de alguns haplótipos exclusivos nas diferentes regiões, a filogenia dos haplótipos não revelou a existência de uma relação direta entre os distintos clados e a origem geográfica dos indivíduos. A diversidade genética observada foi relativamente elevada, tanto do ponto de vista mitocondrial ($h=0,956$; $\pi=2,23$), como nuclear ($H_O=0,695$; $A=7,8$). Os resultados das análises de variância molecular, realizadas a partir dos dados mitocondriais e nucleares, revelaram que de toda a variação observada na amostra, apenas uma pequena parcela (<1,62%) deve-se a diferenças em nível interpopulacional. Essa pouca estruturação geográfica, também evidenciada pelos baixos índices de fixação obtidos a partir dos dados de mtDNA ($F_{ST}=0,009$ e $\Phi_{ST}=0,016$) e microsatélites ($F_{ST}=-0,000$ e $R_{ST}=0,001$), indicam que os indivíduos de baleia-franca que migram, durante o período de inverno, para as áreas reprodutivas do sul do Brasil e Argentina fazem parte de uma única população que, provavelmente, utiliza as Ilhas Geórgia do Sul como uma de suas áreas de alimentação. A existência de um intenso fluxo gênico entre essas diferentes regiões geográficas reforça a necessidade de acordos e esforços internacionais para a preservação da espécie. A total recuperação populacional de baleia-franca no Hemisfério Sul depende certamente em grande parte da utilização de todas as suas áreas históricas de ocupação.

Apoio Financeiro: CNPq, CAPES, Fundação O Boticário de Proteção à Natureza, WWF-Brasil, The Barbaro Delano Foundation. Trabalho realizado como parte da tese de doutorado de P.H. Ott desenvolvida junto ao Departamento de Genética da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. (No. dos processos das bolsas do CNPq no Brasil e exterior: 144064/98-7 e 200465/01-5).