

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E NATURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Diversidade e estrutura genética das tartarugas-oliva,
Lepidochelys olivacea (Eschscholtz, 1829) no Atlântico
Sudoeste

Brenda Foerste

Vitória, ES
Maio, 2025

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E NATURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Diversidade e estrutura genética das tartarugas-oliva,
Lepidochelys olivacea (Eschscholtz, 1829) no Atlântico
Sudoeste

Brenda Foerste

Orientadora: Prof.^a Dr.^a. Rita Gomes Rocha

Coorientadora: Prof.^a Dr.^a. Sarah Maria Vargas

Dissertação submetida ao Programa de Pós
Graduação em Ciências Biológicas (Biologia
Animal) da Universidade Federal do Espírito
Santo como requisito parcial para a obtenção do
grau de Mestre em Biologia Animal.

Vitória, ES

Ficha catalográfica disponibilizada pelo Sistema Integrado de
Bibliotecas - SIBI/UFES e elaborada pelo autor

F654d Foerste, Brenda, 1997-
Diversidade e estrutura genética das tartarugas-oliva,
Lepidochelys olivacea (Eschscholtz, 1829) no Atlântico Sudoeste
/ Brenda Foerste. - 2025.
(recurso não paginado). : il.

Orientadora: Rita Gomes Rocha.
Coorientadora: Sarah Maria Vargas.
Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) - Universidade
Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Humanas e
Naturais.

1. *Lepidochelys olivacea*. 2. microssatélites. 3. áreas de
alimentação. 4. áreas de desova. 5. costa brasileira. I. Rocha,
Rita Gomes. II. Vargas, Sarah Maria. III. Universidade Federal
do Espírito Santo. Centro de Ciências Humanas e Naturais. IV.
Título.

CDU: 57




Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas
UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO DO CURSO DE MESTRADO EM BIOLOGIA ANIMAL DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS DO CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E NATURAIS DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO – ATA Nº 247 – 27/05/2025


No dia vinte e sete do mês de maio de dois mil e vinte e cinco, em sessão remota, conforme Portaria Normativa nº 08 da Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação/UFES de 01 de julho de 2021, procedeu-se a avaliação da dissertação da aluna **Brenda Foerste**, que foi orientada pela Profa. Dra. Rita Gomes Rocha. Às nove horas, a Profa. Dra. Sarah Maria Vargas – UFES, Coorientadora e Presidente da Comissão Examinadora de Defesa de Dissertação, deu início aos trabalhos, convidando a compor a banca, sendo todos os professores doutores: Ana Paula Cazerta Farro – UFES (Examinadora Interna) e Dr. Gustavo David Stahelin – Fundação TAMAR (Examinador Externo). A seguir, a presidente solicitou a mestranda que fizesse uma explanação de seu trabalho intitulado “**Diversidade e estrutura genética das tartarugas-oliva, Lepidochelys olivacea (Eschscholtz, 1829), na costa do Brasil**”. Finda a apresentação, a presidente passou a palavra aos examinadores, que procederam à arguição da candidata. Ao final, a Comissão em sessão reservada deliberou pela **APROVAÇÃO** da referida dissertação nos termos do Regimento Interno do Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas e alertou que a aprovada somente terá direito ao título de Mestre após entrega da versão final de sua dissertação, em meio digital, à Secretaria do Programa. Encerrada a sessão, eu, Profa. Dra. Sarah Maria Vargas, presidente da Comissão Examinadora, lavrei a presente ata que vai assinada digitalmente por mim e pelos demais componentes da Comissão.

Documento assinado digitalmente

 SARAH MARIA VARGAS
Data: 02/09/2025 13:41:06-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


Profa. Dra. Sarah Maria Vargas (UFES)
Coorientadora e Presidente da Comissão Examinadora

Documento assinado digitalmente

 ANA PAULA CAZERTA FARRO DA ROSA
Data: 03/09/2025 12:19:03-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Ana Paula Cazerta Farro (UFES)
Examinadora Interna

Documento assinado digitalmente

 GUSTAVO DAVID STAHELIN
Data: 03/09/2025 11:29:29-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Gustavo David Stahelin (Fundação TAMAR)
Examinador Externo

AGRADECIMENTOS

Agradeço, com todo meu amor e gratidão, à minha mãe, Sabrina — minha heroína — por todo o apoio e incentivo nos momentos difíceis, de desânimo e cansaço.

Ao meu namorado, Lohan, sou profundamente grata por todo o amor, paciência e apoio incondicional, mesmo diante dos inúmeros momentos de ansiedade e estresse. Sem vocês ao meu lado, este trabalho não teria sido possível.

Aos meus amigos e familiares, meus sinceros agradecimentos pelo carinho, apoio e companhia ao longo dessa jornada.

À Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), ao Departamento de Ciências Biológicas e ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal (PPGBAN), agradeço pela formação, acolhimento e por todas as oportunidades de crescimento acadêmico e pessoal.

Ao Núcleo de Genética Aplicada à Conservação da Biodiversidade (NGACB), minha gratidão pela estrutura e todo o suporte oferecido durante o desenvolvimento deste trabalho.

Agradeço aos parceiros da Fundação Projeto TAMAR pelo essencial apoio na coleta de dados. À professora Marta Cremer (UNIVILLE), à Camila Domit e aos parceiros do Laboratório de Ecologia e Conservação (LEC) da Universidade Federal do Paraná, agradeço pela coleta e envio das amostras, que contribuíram significativamente para esta pesquisa.

Aos membros da banca examinadora, meu agradecimento pela disponibilidade, atenção e contribuições valiosas.

Sou grata à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) pelo apoio financeiro, essencial para a realização desta pesquisa.

À equipe do Laboratório de Genética e Evolução Molecular, agradeço pela parceria, colaboração e acolhimento ao longo dessa jornada.

Aos meus amigos do LGEM — Gabrielly, Alberty, Luisa e Anna Clara — agradeço pela companhia diária, pelas conversas durante os almoços, pelas fofocas e momentos de descontração que tornaram os dias mais leves e alegres.

Às minhas ex-estagiárias, Luísa e Anna Clara, que, de alguma forma, contribuíram com o meu percurso durante o mestrado e que hoje seguem trilhando seus próprios caminhos, deixo meu carinho e gratidão. É uma alegria ver o crescimento de vocês!

Agradeço, também, à pós-doutoranda Sarah Teodoro, pelas correções atentas, conselhos valiosos e por sempre estar disposta a contribuir com minha caminhada acadêmica.

À minha orientadora, Dra. Rita Gomes Rocha, expresso minha mais sincera gratidão pela orientação dedicada, pelos ensinamentos e por ter guiado este trabalho com sabedoria e generosidade.

À minha coorientadora, Profa. Dra. Sarah Maria Vargas, agradeço profundamente por todo o conhecimento compartilhado, pela paciência e pelo apoio constante durante esses anos de formação.

SUMÁRIO

1. Introdução	10
1.1. Tartarugas Marinhas	10
1.2. Identificação e Morfologia da Tartaruga-oliva	11
1.3. História Natural da Tartaruga-oliva	13
1.4. Distribuição Geográfica	15
1.5. Ameaças e Conservação	18
1.6. Genética da Conservação da Tartaruga-oliva	20
2. Objetivos	25
2.1. Objetivos Gerais	25
2.2. Objetivos Específicos	25
3. Materiais e Métodos	25
3.1. Amostragem e Área de Estudo	25
3.2. Extração do DNA	28
3.3. Amplificação e Genotipagem	28
3.4. Análise dos Dados	30
4. Resultados	32
4.1. Amplificação de microssatélites	32
4.2. Diversidade Genética	33
4.3. Estrutura Populacional	36
5. Discussão	43
5.1. Diversidade Genética da Tartaruga-oliva	43
5.2. Estrutura Genética Populacional	47
5.3. Origem dos animais em áreas de alimentação	49
5.4. Limitações do Estudo	50
6. Conclusão	52
Referências	53

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Ilustração das cinco espécies de tartarugas-marinhas que ocorrem no Brasil.....	11
Figura 2 - Fotografia de uma tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivacea</i>) adulta à esquerda e de um filhote da mesma espécie à direita.....	12
Figura 3 - Ilustração destacando as características morfológicas da tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivacea</i>)	12
Figura 4 - Esquema com o ciclo de vida de tartarugas marinhas.....	14
Figura 5 - Mapa de distribuição global da tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivacea</i>).....	15
Figura 6 - Fotografia documentando a desova em massa de fêmeas de tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivacea</i>) na praia de Ostional, na Costa Rica.....	16
Figura 7 - Mapa do Brasil contendo as áreas de desova (prioritária e ocasional) e distribuição da tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivecea</i>) na costa brasileira.....	18
Figura 8 - (A) Delimitação das seis Unidades Regionais de Manejo de <i>Lepidochelys olivacea</i> . (B) Localização de 18 estoques genéticos para tartarugas-oliva no mundo.....	23
Figura 9 - Mapa indicando a amostragem dos indivíduos da tartaruga-oliva (<i>Lepidochelys olivacea</i>) em sítios de nidificação e agregados de alimentação na costa brasileira.....	26
Figura 10 - Gráfico evidenciando a quantidade de amostras extraídas (azul) e genotipadas com sucesso (verde) para <i>Lepidochelys olivacea</i> neste estudo.....	32
Figura 11 - Análise de coordenadas principais para áreas de desova da tartaruga-oliva.....	39
Figura 12 - Análise de coordenadas principais para os agregados de alimentação da tartaruga-oliva.....	39
Figura 13 - Análise de coordenadas principais para os agregados de alimentação e área de desova da tartaruga-oliva.....	40
Figura 14 - Resultados da análise de Structure para <i>Lepidochelys olivacea</i> com o uso de 7 loci.....	41
Figura 15 - Gráficos de dispersão da análise discriminante de genótipos de tartaruga-oliva para a Costa do Brasil (A), Sítios de desova (B), Sítios de alimentação (C).....	42
Figura 16 - Comparação das heterozigosidades (eixo y) com as respectivas localidades com o número de loci utilizados em cada estudo dentro das barras e o N amostral entre parênteses (eixo x).....	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Sumário dos dados das amostras de <i>Lepidochelys olivacea</i> analisadas neste estudo, incluindo o local e ano de coleta, e o número de amostras coletadas por sexo.....	27
Tabela 2 - Detalhamento dos loci de microssatélites utilizados no presente estudo.....	30
Tabela 3 - Estatísticas resumidas para cada um dos sete loci microssatélites, considerando todas as localidades de <i>Lepidochelys olivacea</i> do Brasil analisadas neste estudo.....	34
Tabela 4 - Índices de diversidade genética por áreas de desova, áreas de forrageio, população nidificante (conjunto de sítios de desova), agregados de forrageio (conjunto de áreas de alimentação), população brasileira (conjunto total de amostras), para os 7 loci microssatélites da <i>Lepidochelys olivacea</i>	36
Tabela 5 - Estimativas FST pareadas para loci microssatélites para populações de áreas de desova e agregados de alimentação da <i>Lepidochelys olivacea</i> na costa brasileira.....	37
Tabela 6 - Resultados da Análise de Variância Molecular (AMOVA) para <i>Lepidochelys olivacea</i>	38

RESUMO

A tartaruga-oliva é uma das espécies de tartarugas marinhas mais abundante do mundo e possui uma distribuição circunglobal. Ela é classificada como “Vulnerável” pela Lista Vermelha das Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza e pela lista vermelha nacional. No Brasil, a espécie desova prioritariamente entre os estados de Sergipe, Bahia e Espírito Santo e forrageiam ao longo de toda costa do país. Este estudo teve como objetivo entender melhor a conectividade e diversidade das populações de tartarugas-oliva nas áreas de desova e nos agregados de alimentação na costa do Brasil. Utilizando sete marcadores microsatélites, foi possível verificar padrões de diferenciação genética distintos entre essas áreas de desova e alimentação, apesar dos valores de diversidade terem sido baixos em ambas as áreas ($h_o = 0,53$). Comparando a diversidade com outras populações da espécie no mundo, foi possível notar menor diversidade para os animais do Brasil, quando comparado com outras populações do Atlântico e principalmente do Indo-Pacífico. Já comparando com outras espécies de tartarugas marinhas brasileiras, a diversidade genética encontrada para a população de desova das tartarugas-oliva foi a mais baixa, inclusive menor que das tartarugas-de-couro que desovam somente no litoral do Espírito Santo e são consideradas Criticamente em Perigo de extinção. Apesar de haver um indício de estrutura genética entre as localidades de desova do Brasil, não houve uma separação clara entre as áreas de desova e alimentação, nem entre as localidades de alimentação. Embora não tenha sido possível determinar a origem dos indivíduos nas áreas de alimentação, conseguimos inferir dados valiosos sobre o fluxo gênico ao longo da costa brasileira. Esse estudo é um passo importante para entendermos a dinâmica genética dessas tartarugas e abre caminho para explorar ainda mais as populações ao longo de todo o Atlântico Sudoeste e contribuir com estratégias de manejo adequadas aos padrões de movimento da espécie.

Palavra-chaves: *Lepidochelys olivacea*, microsatélites, áreas de alimentação, áreas de desova, atlântico sudoeste.

ABSTRACT

The olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*) is a marine species with a broad circumglobal distribution, considered one of the most abundant worldwide and classified as "Vulnerable" by both the IUCN and National Species Red List. In Brazil, its reproduction is primarily concentrated between the states of Sergipe, Bahia, and Espírito Santo, while foraging areas are utilized along the entire coast. The present study investigated the connectivity and genetic diversity of olive ridley turtle populations in nesting areas and feeding aggregations in the Southwest Atlantic. Through the analysis of seven microsatellite markers, we identified significant patterns of genetic differentiation between the breeding and feeding areas despite the low and similar genetic diversity values observed. Comparison with other populations of the species globally revealed lower genetic diversity in Brazilian olive ridley turtles compared to other Atlantic and, particularly, Indo-Pacific populations. Additionally, the genetic diversity of the Brazilian nesting population was the lowest, even lower than that found in leatherback turtles (*Dermochelys coriacea*) that nest on the coast of Espírito Santo and are classified as Critically Endangered. Although we detected evidence of subtle genetic structuring among the different nesting sites in Brazil, we did not observe a clear genetic separation between nesting and feeding areas, nor between the different feeding areas sampled. Despite the difficulty in determining the origin of individuals in the foraging areas, this study allowed us to infer valuable information about gene flow along the Brazilian coast. In summary, this research represents a significant advancement in understanding the genetic dynamics of olive ridley turtle populations in the Southwest Atlantic, providing a foundation for future investigations on a broader scale and for the development of more effective management and conservation strategies aligned with the species' movement patterns.

Keywords: *Lepidochelys olivacea*, microsatellites, feeding areas, nesting areas, southwest atlantic.

1. Introdução

1.1. Tartarugas Marinhas

As tartarugas marinhas desempenham um papel fundamental na biota oceânica, atuando como bioindicadoras da saúde dos ecossistemas marinhos (Tavares et al. 2019). Além disso, são espécies-bandeiras, possuindo grande importância cultural para diversas comunidades costeiras ao redor do mundo, pois sua caricatura carismática atrai atenção e incentiva esforços de conservação para esses locais (Aguirre et al. 2004; Hancock, 2011). As tartarugas marinhas são extremamente suscetíveis às mudanças ambientais e, devido ao agravamento dos efeitos do desenvolvimento costeiro e atividades pesqueiras, todas as espécies de tartarugas marinhas estão classificadas como Vulneráveis, Em perigo, Criticamente em perigo ou com Dados insuficientes (IUCN, 2024).

Atualmente, sete espécies de tartarugas marinhas habitam os oceanos: *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758), *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758), *Dermochelys coriacea* (Vandelli, 1761), *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766), *Lepidochelys kempii* (Garman, 1980), *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829) e *Natator depressus* (Garman, 1980). Elas pertencem a duas famílias distintas: Dermochelyidae, com uma única espécie (*Dermochelys coriacea*), e Cheloniidae, com as outras seis espécies classificadas em cinco gêneros (Meylan e Meylan, 1999). Destas espécies, cinco ocorrem na costa brasileira, incluindo *Caretta caretta* (Tartaruga-Cabeçuda), *Chelonia mydas* (Tartaruga-verde), *Dermochelys coriacea* (Tartaruga-de-Couro), *Eretmochelys imbricata* (Tartaruga-de-Pente) e *Lepidochelys olivacea* (Tartaruga-Oliva) (Figura 1).

Dentre as espécies que ocorrem na costa brasileira, a tartaruga-oliva é a mais abundante, e enfrenta grandes pressões antropogênicas, como pesca acidental, coleta de ovos e perda de habitat, sendo ainda pouco estudada geneticamente (Wallace et al. 2011). No entanto, o uso de ferramentas moleculares possibilita identificar níveis de diversidade, conectividade, padrões migratórios e estrutura populacional (Bowen e Karl, 2007). Sendo uma ferramenta essencial para definir estratégias de conservação, nomeadamente a identificação de unidades de manejo (UMDs) (Palsbøll et al. 2007). Assim, os estudos genéticos voltados para a tartaruga-oliva poderão não só fornecer informações essenciais sobre a espécie, como também auxiliar na criação de planos de manejo desta espécie. Esses planos de manejo podem beneficiar outras espécies de tartaruga-marinha com história de vida semelhante, contribuindo para estratégias globais de conservação e proteção da biodiversidade marinha (López-Barrera et al. 2016).

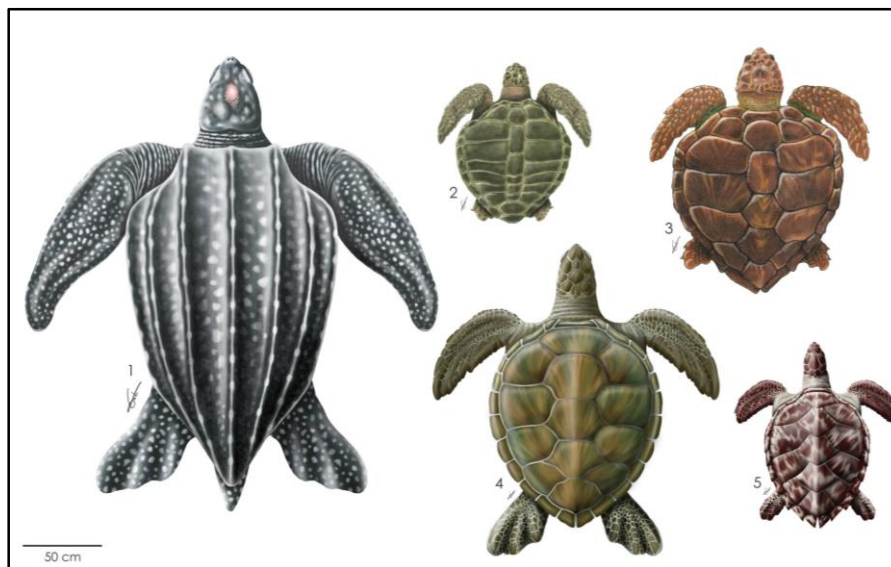


Figura 1- Ilustração das cinco espécies de tartarugas-marinhas que ocorrem no Brasil. (1) Tartaruga-de-couro, (2) tartaruga-oliva, (3) tartaruga-cabeçuda, (4) tartaruga-verde e (5) tartaruga-de-pente (5). Ilustração: Gabriel L. Gomes.

1.2. Identificação e Morfologia da Tartaruga-oliva

Lepidochelys olivacea é popularmente conhecida como tartaruga-oliva por possuir uma carapaça com coloração verde-acinzentada e ventre amarelo-claro, em adultos. Os juvenis apresentam coloração da carapaça cinza e no ventre branca, enquanto os filhotes possuem tonalidade marrom-acinzentada (Figura 2) (Pritchard e Mortimer, 1999). Sua carapaça é curta e larga, possui textura lisa com bordas posteriores levemente serrilhadas nos juvenis, que se tornam mais regulares conforme a maturação (Wyneken, 2001). As tartarugas-oliva do Pacífico Leste possuem a peculiaridade da carapaça ser elevada em formato tectiforme (Pritchard e Mortimer, 1999).

A tartaruga-oliva possui comprimento curvilíneo da carapaça (CCC) máximo de 72 cm em populações dos oceanos Pacífico, Índico e Atlântico Sul (América do Sul e África Ocidental). Seu peso pode variar entre 35 e 50 kg, sendo que as fêmeas do Atlântico Sul (Brasil = 41,3kg, Suriname = 35,7 kg - Pritchard, 1969; Castilhos e Tiwari, 2006) e do Pacífico Leste (México = 39,3 kg - Castilhos e Tiwari, 2006) possuem peso médio menor em comparação às fêmeas do Índico (Índia = 49,5 kg - Márquez, 1990).



Figura 2 - Fotografia de uma tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*) adulta à esquerda e de um filhote da mesma espécie à direita. Fonte: Fotografia de Bernard Gagnon e Projeto Tamar, respectivamente.

Morfológicamente, a tartaruga-oliva se diferencia das demais espécies por apresentar seis ou mais pares de placas costais, geralmente entre seis e oito, frequentemente dispostas de maneira assimétrica (Figura 3). Nos juvenis, os escudos são ligeiramente sobrepostos, enquanto nos adultos não apresentam sobreposição. Sua cabeça é relativamente grande e triangular, com largura de até 13 cm, possui dois pares de escamas pré-frontais e duas garras em cada nadadeira, em alguns adultos pode ter a ausência de uma garra na nadadeira dianteira. O plastrão possui quatro placas com poros infra marginais (Pritchard e Mortimer, 1999).

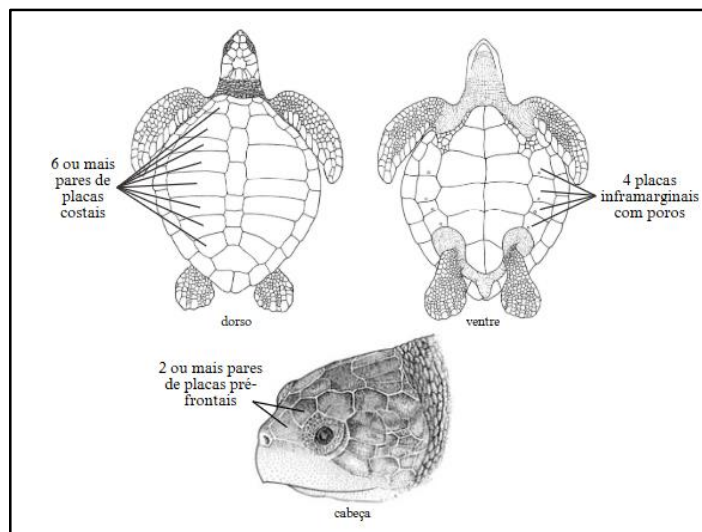


Figura 3 - Ilustração destacando as características morfológicas da tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*).
Fonte: Modificado de Pritchard e Mortimer (1999).

1.3. História Natural da Tartaruga-oliva

A tartaruga-oliva é uma espécie carnívora, altamente migratória, com um ciclo de vida complexo e longo. Elas utilizam diversas áreas ao longo da vida, podendo se deslocar cerca de 4000 km para forragear e copular (Silva et al. 2011). Permanecem quase toda a vida em águas oceânicas quentes, entre 23 a 28 °C, permanecendo 20% do tempo na superfície oceânica e 60% em profundidades acima de 40 metros, aproximando-se da costa apenas para a reprodução (Bolten, 2003; Polovina et al. 2004). Dessa forma, os aspectos da história de vida são pouco conhecidos, dificultando estudos comportamentais e ecológicos (Miller, 1997).

Os adultos se encontram em alto mar para copular e após o acasalamento, possivelmente, os machos migram aos sítios de alimentação e as fêmeas para os sítios de desova, retornando aos locais onde nasceram para desovar, comportamento denominado filopatria (Carr, 1975; Almeida, 2001). As fêmeas são marinhas e utilizam o ambiente terrestre apenas para a desova, garantindo um local seguro e adequado para a incubação dos ovos (Musick e Limpus, 2017).

As populações de *L. olivacea* apresentam adaptação reprodutiva influenciada pelas condições climáticas de suas áreas de ocorrência. No Suriname, por exemplo, a temporada de desova ocorre entre maio e julho, enquanto no Brasil ocorre entre outubro e março (Schulz, 1975; Godfrey e Chevalier, 2004). Essa diferença temporal sugere a ausência de sobreposição na época de desova entre populações geograficamente próximas.

As fêmeas possuem intervalo internidal (período entre as desovas) entre 14 e 75 dias, sendo influenciado por fatores ambientais (Pritchard, 1969; Schulz, 1975; Castilhos e Tiwari, 2006). No Brasil, as fêmeas podem desovar até três vezes, com intervalo internidal de 7 a 22 dias (Silva et al. 2007). Os deslocamentos pós-reprodutivos são costeiros e oceânicos, sendo que durante o período internidal a maioria das fêmeas permanece em águas neríticas (região que atinge, aproximadamente, 200 metros de profundidade e cerca de 50 a 60 km da margem litorânea) (Silva et al. 2011).

O sexo dos filhotes das tartarugas marinhas é determinado durante a incubação, sendo influenciado pela temperatura do ambiente (Ferreira Junior, 2009). Para as tartarugas-oliva do Brasil, quando a temperatura dos ninhos está acima da temperatura pivotal (31,2°C), há uma maior produção de fêmeas e, quando está abaixo (29,9°C), predominam os machos (Vasconcelos, 2017). Entretanto, temperaturas muito extremas podem atrapalhar o desenvolvimento embrionário (abaixo de 24°C e acima de 35°C) (Miller, 1997). O diâmetro dos ovos da tartaruga-oliva normalmente varia entre 37 e 42 mm, enquanto o tamanho médio

da ninhada varia de 105 a 120 ovos (Pritchard e Mortimer, 1999). Após a eclosão dos ovos, os filhotes emergem do ninho e rastejam até o mar. Embora o habitat dos filhotes não seja conhecido, é possível que permaneçam na fase pelágica, flutuando e acompanhando as correntes marinhas (Kopitsky et al. 2000). No Atlântico Norte, os filhotes migram até zonas que possuem grandes aglomerados de algas e matéria orgânica flutuante, essenciais para proteção e alimentação do filhote nos primeiros anos de vida (Kopitsky et al. 2000). Os juvenis compartilham algumas áreas utilizadas pelos adultos até atingirem a maturidade sexual, que ocorre por volta dos 16 anos de vida, porém, ainda há pouco conhecimento sobre essa fase do desenvolvimento (Petitet et al. 2015; Musick e Limpus, 2017) (Figura 4).

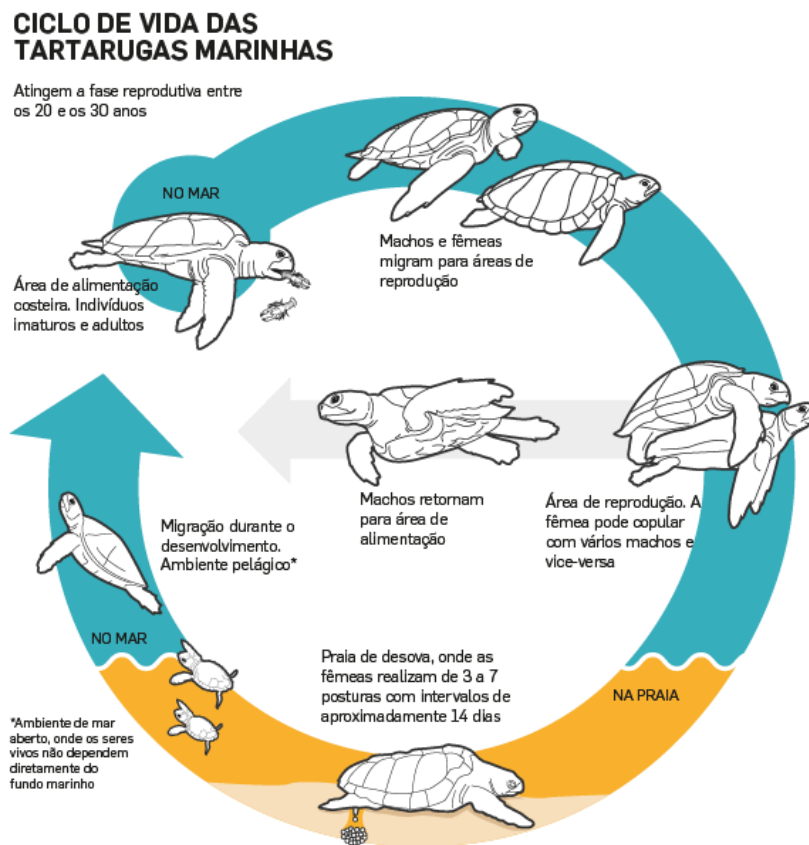


Figura 4 - Esquema com o ciclo de vida de tartarugas marinhas. Fonte: Fundação Projeto TAMAR.

1.4. Distribuição Geográfica

A tartaruga-oliva, provavelmente, é a espécie mais abundante do mundo e possui uma distribuição circunglobal entre todas as espécies de tartaruga-marinha viventes (Abreu-Grobois e Plotkin, 2008). Ocorre em mais de 60 países de regiões tropicais e subtropicais nos oceanos Pacífico, Atlântico e Índico (Figura 5) (Wallace et al. 2023). A tartaruga-oliva não se sobrepõe geograficamente com *L. kempii*, sua espécie irmã, cuja ocorrência está restrita ao Golfo do México e ao Mar do Caribe (Pritchard, 1969). A distribuição da espécie no Atlântico Oeste se estende desde a Flórida, nos Estados Unidos, até Montevidéu, no Uruguai. No entanto, sua ocorrência no Uruguai é considerada rara, com registros esporádicos ao longo das últimas décadas (Foley et al. 2003; González-Paredes et al. 2017). No Atlântico Leste, sua distribuição ocorre desde o norte do Senegal até a costa da Angola (Fretey et al. 2012; Metcalfe et al. 2015).



Figura 5 - Mapa de distribuição global da tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*). Em tracejado: Antiga área de distribuição. Em verde: nova área de distribuição da espécie. Fonte: Wallace et al. (2023).

De acordo com análises de telemetria satelital, a espécie utiliza a região costeira, desde o Rio Grande do Sul até a Guiana Francesa, com deslocamentos para águas internacionais, chegando à região equatorial da África (Silva et al. 2011). Esses dados indicam um uso amplo tanto da zona costeira (durante os deslocamentos entre desovas) quanto do oceano aberto (durante deslocamentos pós-reprodutivos). Os adultos exploram uma grande variedade de habitats para forrageamento, incluindo ambientes pelágicos e zonas costeiras relativamente rasas, alimentando-se principalmente de peixes, moluscos, crustáceos e algas (Reis e Goldberg,

2017). No entanto, as áreas de alimentação desses animais ainda são pouco conhecidas, devido à dificuldade de coletar dados em áreas oceânicas (Vargas et al. 2019).

No Atlântico Sudoeste, áreas de alimentação foram identificadas em diversos pontos da costa brasileira, incluindo Pará, Rio Grande do Norte, Pernambuco, Alagoas, Espírito Santo (Maruyama et al. 2023). Além dessas áreas, sugerem-se regiões de alimentação ao longo da porção sul da plataforma continental, desde o Rio de Janeiro e São Paulo até o norte de Santa Catarina. Fora da jurisdição brasileira, áreas de alimentação da tartaruga-oliva foram identificadas próximas à Mauritânia, Cabo Verde, Senegal, Gâmbia, Guiné-Bissau, Serra Leoa (Silva et al. 2011).

As principais áreas de desova estão concentradas em regiões de clima tropical no Pacífico Leste (Baja Califórnia e Sinaloa, do México à Colômbia), Atlântico (Guiana ao Brasil e África Ocidental), norte do Oceano Índico (especialmente Orissa, na Índia) e Pacífico Oeste (Malásia e Tailândia) (Pritchard e Mortimer, 1999). As fêmeas de tartaruga-oliva podem emergir do oceano para desovar de forma solitária ou em massa e sincronizadamente, onde centenas a milhares de fêmeas emergem juntas, comportamento reprodutivo conhecido como “*arribada*”. A *arribada* é uma estratégia adaptativa de algumas populações de *L. olivacea* que aumentam as chances de sobrevivência da espécie, funcionando como uma forma de saturação de predadores, pois reduz o risco de predação e aumenta as chances de sobrevivência dos ovos e das tartarugas recém-nascidas (Eckrich e Owens, 1995; Honarvar, 2007). A desova em massa ocorre em poucas praias do mundo no Pacífico e Índico, principalmente na Índia, México e Costa Rica (Figura 6) (Shanker et al. 2004; Fonseca et al. 2009; Ocaña, 2010).



Figura 6 - Fotografia documentando a desova em massa de fêmeas de tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*) na praia de Ostional, na Costa Rica. Foto: Thomas P. Peschak, National Geographic Image Collection.

A desova solitária das tartarugas-oliva possui uma ampla distribuição e ocorre em todos os oceanos (Castilhos et al. 2011; Reis e Goldberg, 2017). No Atlântico, a principal área de desova solitária ocorre na Angola (cerca de 80.000 desovas/ano — Morais e Tiwari, 2022) e a segunda área com maior densidade ocorre no Brasil (12.000 a 13.000 desovas/ano - Castilhos et al. 2022). No Gabão ocorre a segunda maior densidade de desova do Atlântico Oriental e a terceira maior densidade de desova do mundo, logo atrás do Brasil (2.370 a 9.814 desovas/ano) (Metcalf et al. 2015). A desova solitária ocorre também no Suriname e na Guiana Francesa, mas em menor densidade (Hoeckert et al. 1996; Marcovaldi, 1999; Metcalfe et al. 2015). Nos últimos 40 anos, o número de desovas solitárias declinou significativamente no Suriname, passando de 1.000-3.000 desovas/ano para 150–200 desovas/ano (Hoeckert et al. 1996; Marcovaldi, 1999; Hilterman et al. 2008). A Guiana Francesa mantém o número de desova estável há mais de 24 anos (1.716 a 3.257 desovas/ano) (Marcovaldi, 1999; Kelle et al. 2009).

No Brasil, a principal área de desova está localizada no Nordeste, abrangendo o litoral sul de Alagoas até o litoral norte da Bahia, com maior número de desovas em Sergipe. Ocorrências de desovas em menor número ocorrem no Espírito Santo, e desovas ocasionais já foram registradas no Rio de Janeiro, Rio Grande do Norte e Ceará (Lima et al. 2003; Castilhos et al. 2011) (Figura 7). Embora as praias de reprodução do Brasil sejam consideradas áreas de desovas solitárias, os locais de desova prioritários localizados em Sergipe e norte da Bahia, registram um comportamento sincronizado de desova em vários dias consecutivos com cerca de 900 ocorrências de desova (Silva et al. 2007; Santos et al. 2023).

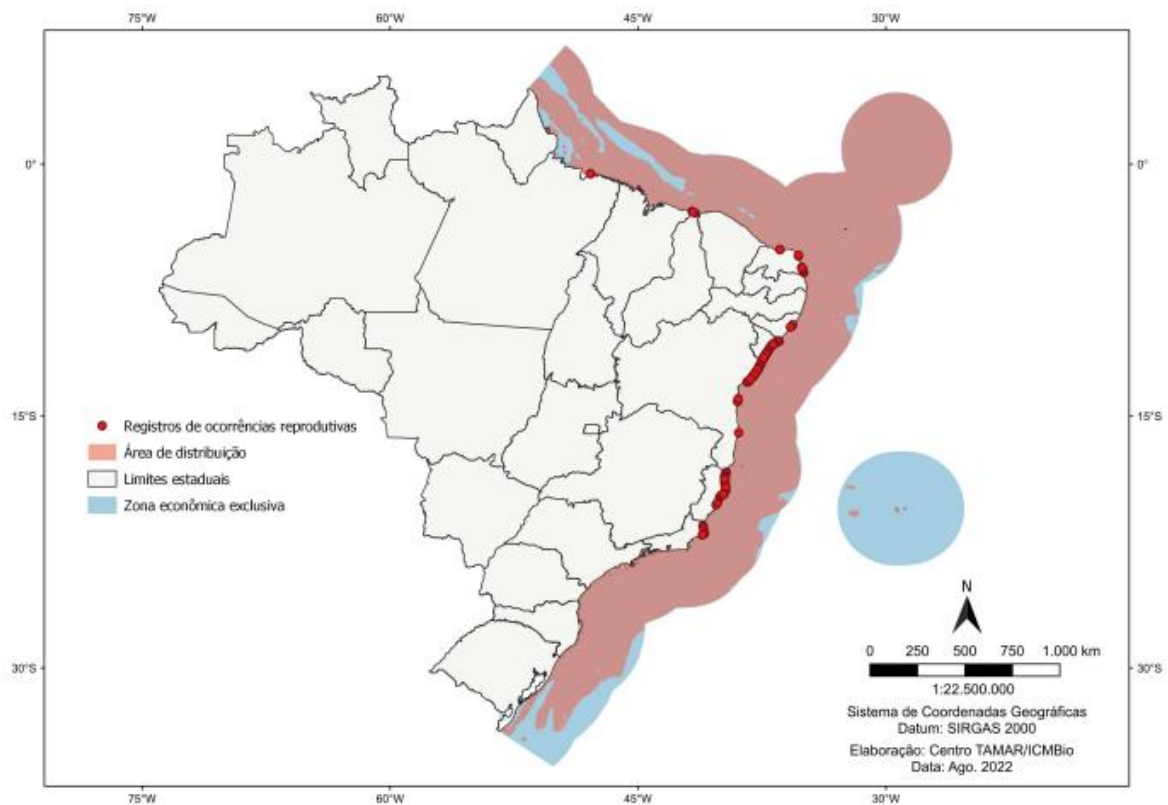


Figura 7 - Mapa do Brasil contendo as áreas de desova (prioritária e ocasional) e distribuição da tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*) na costa brasileira. Fonte: Santos et al. 2023

1.5. Ameaças e Conservação

Atualmente, a tartaruga-oliva é classificada como “Vulnerável” pela Lista Vermelha das Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza (Abreu-Grobois e Plotkin, 2008). Anteriormente listada como “Em Perigo”, em 2022 a espécie mudou seu status e está sendo considerada como “Vulnerável” no Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção do Ministério do Meio Ambiente com atualização da Portaria MMA n.º 148, de 7 de junho de 2022 (Brasil MMA, 2022). Além disso, a tartaruga-oliva está incluída no Apêndice I da Convenção sobre o Comércio Internacional de Espécies Ameaçadas da Fauna e Flora Selvagem (*Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Flora and Fauna* — CITES, 2019).

O atual status da tartaruga-oliva deve-se a diversos fatores, como atividades de pesca e desenvolvimento costeiro desenfreado. A captura incidental é a maior causa de encalhes de adultos e juvenis de tartarugas marinhas que sofrem constantemente com pesca de arrasto e espinhel pelágico nos oceanos em águas nacionais e internacionais (Castilhos, 2018). No Brasil,

há sobreposição das áreas de uso da tartaruga-oliva (principalmente em movimentos pós-reprodutivos) com as áreas utilizadas para pesca de arrasto de camarão, deixando a espécie ainda mais suscetível a impactos causados pelas capturas incidentais a este tipo de pesca (Silva et al. 2011; Guimarães et al. 2018). Outras ações antropogênicas causadas pelo desenvolvimento costeiro desordenado afetam as tartarugas marinhas, como a ocupação das áreas de preservação, enfermidades, poluição dos oceanos e caça de indivíduos para consumo da carne, ovos e uso da carapaça para decoração (ICMBio, 2011). Os maiores responsáveis pela predação de ninhos e fêmeas nidificantes são as raposas (*Cerdocyon thous*) e os cães domésticos (*Canis familiaris*), devido aos desequilíbrios antropogênicos que afetam os habitats desses animais (Longo et al. 2014; Melo et al. 2017; Fundação Mamíferos Aquáticos, 2019).

Há décadas, diversas iniciativas vêm sendo colocadas em prática para tentar reduzir os impactos sofridos pelas tartarugas-marinhas. Entre elas, estão a proteção das áreas onde elas desovam e leis que proíbem sua captura e comércio. Graças a esses esforços, hoje já é possível observar sinais positivos na recuperação dessas espécies. Para conservar e proteger as espécies de tartarugas-marinhas, incluindo a tartaruga-oliva no Brasil, vemos diversas Unidades de Conservação no âmbito Federal, Estadual e Municipal, que englobam tanto áreas costeiras como oceânicas, em diversos estados costeiros: Alagoas — Área de Proteção Ambiental (APA) de Piaçabuçu, APA da Costa dos Corais (entre o litoral sul pernambucano e norte alagoano); Bahia — Parque Nacional (PARNA) Marinho de Abrolhos, Reserva Extrativista (RESEX) Marinha de Corumbau, APA Lagoas de Guarajuba, APA Litoral Norte, APA Plataforma Continental do Litoral Norte, APA Mangue Seco, APA Ponta da Baleia/Abrolhos, APA Rio Capivara; Espírito Santo — Reserva Biológica (REBIO) de Comboio, APA Costa das Algas, Refúgio de Vida Silvestre (RVS) de Santa Cruz, APA Trindade e Martim Vaz e Monte Columbia, Monumento Natural do Arquipélago (MONA) de Trindade e Martim Vaz e Monte Columbia, Parque Estadual de Itaúnas, APA Praia de Guanabara, APA das Tartarugas; Pernambuco — PARNA Marinho de Fernando de Noronha, APA São Pedro e São Paulo, APA Fernando de Noronha, MONA São Pedro e São Paulo; Rio Grande do Norte — REBIO do Atol das Rocas, APA dos Recifes de Coral, APA Bonfim-Guaráiras; Sergipe — REBIO de Santa Isabel, APA Estadual do litoral Norte e Litoral Sul; Bahia — APA Estadual Litoral Norte e Sul; São Paulo — Área de Relevante Interesse Ecológico (ARIE) Queimada Grande e Queimada Pequena, Estação Ecológica (ESEC) Tupinambás; Santa Catarina — REBIO Ilha do Arvoredo; Maranhão — Parque estadual Marinho do Parcel do Manuel Luís (ICMBio-Portaria n.º 287, de 26 de abril de 2017). Além das Unidades de Conservação, a Fundação Projeto Tamar desempenha o papel de

proteção e estudo das tartarugas marinhas há décadas, e possui 22 bases em mais de oito estados brasileiros, responsáveis por realizar pesquisa, proteção e monitoramento em mais de 1.100 quilômetros de praias.

1.6. Genética da Conservação da Tartaruga-oliva

Estudos genéticos estão sendo cada vez mais aplicados às tartarugas marinhas pela dificuldade de entender a história de vida destas espécies em grande parte nos oceanos. Estas ferramentas nos permitem compreender, por exemplo, padrões de migração e dispersão espacial entre áreas de alimentação e desova, diversidade e estrutura genética populacional que auxiliam a desvendar diferentes tipos de ameaças que devem ser abordadas em um plano de conservação para o manejo das espécies (Bowen et al. 1998; Hanh, 2011; Ferrera et al. 2021; Cunha et al. 2022; Vilaça, et al. 2022).

Uma dessas ferramentas é o DNA mitocondrial (DNAMt), que sendo herdado maternamente, ajuda a desvendar a história evolutiva da linhagem materna dos indivíduos, a diversidade genética, a estrutura populacional espacial e temporal e a origem de animais encalhados e flagrados em áreas de alimentação (Vargas et al. 2008; Vargas et al. 2019). Como o uso exclusivo do DNAMt não inclui os padrões genéticos dos machos, os dados obtidos através do DNA nuclear (DNAn) podem complementar as informações obtidas por ele. Assim, o DNAn fornece uma visão mais aprofundada da estrutura de populações de tartarugas marinhas, já que possui a informação genética herdada de machos e fêmeas, e assim ajudam a entender padrões de conectividade, diversidade genética para aplicações de manejo e conservação, além de também serem utilizados para origem de animais flagrados em área de alimentação (Vilaça et al. 2022).

Os microssatélites (SSRs, do inglês *Simple Sequence Repeat*, ou STRs, do inglês *Single Tandem Repeat*) são um exemplo de marcador molecular nuclear amplamente utilizado (Silver-Gorges et al. 2020, Vargas et al. 2022, Vilaça et al. 2022, Ludwig et al. 2023, Amorim et al. 2025). São unidades curtas (de dois a seis pares de bases) e repetidas uma após a outra, extremamente úteis para estudos populacionais em diferentes níveis por serem altamente polimórficos e amplamente distribuídos no genoma do eucarioto. Eles podem fornecer informações como o grau de mistura genética entre populações, bem como diferentes níveis de parentesco e fluxo gênico (Turchetto-Zolet et al. 2013).

O uso desses marcadores moleculares nos mostra como as populações de espécies ameaçadas de extinção estão organizadas e se comportam, possibilitando a identificação de diferentes níveis de organização, como Unidades Evolutivamente Significativas (*Evolutionarily Significant Units* — ESUs), Populações Demograficamente Independentes (*Demographic Independent Populations* — DIPs), Unidades de Manejo (*Management Units* — MUs) e Unidades Regionais de Manejo (*Regional Management Units* — RMUs) (Moritz, 1994; Bowen e Carlos, 2007; Komoroske et al. 2017; Wallace et al. 2023). As ESUs foram descritas para incluir a diversidade genética para reter o potencial evolutivo e, assim, abordar questões de conservação de longo prazo, bem como tendências populacionais históricas, ao contrário das MUs (Moritz, 1994). As MUs são grupos que apresentam diferenças significativas na frequência dos alelos em loci nucleares ou mitocondriais, independentemente de sua separação filogenética, sendo consideradas mais adequadas para a implementação de ações de conservação a curto prazo. Já as DIPs são grupos de indivíduos com baixo grau de diferenciação genética dentro de MUs e são geralmente definidas com o uso de marcadores microssatélites (Dutton et al. 2013). A delimitação dessas unidades é fundamental para a criação de estratégias flexíveis e dinâmicas de manejo, permitindo identificar ameaças, lacunas de conhecimento e o estado de conservação das espécies ameaçadas (Wallace et al. 2010).

Em ambientes marinhos, pode ser desafiador determinar populações prioritárias para conservação apenas com o uso dos marcadores genéticos devido às peculiaridades dos oceanos e à complexidade dos padrões de dispersão das tartarugas marinhas. Para superar essa limitação, Wallace et al. (2010) propôs as RMUs, que permite identificar populações geneticamente distintas e ecologicamente significativas, facilitando a priorização de ações de conservação com base nas ameaças regionais e nas características populacionais.

As RMUs são estabelecidas a partir de diversas ferramentas e metodologias baseadas em resultados de estudos genéticos de populações reprodutivas e de alimentação, marcação e recaptura dos animais, telemetria satelital e aspectos da história natural e biogeografia dos animais (Wallace et al. 2010). Dessa forma, as RMUs delimitam populações funcionalmente independentes, com dinâmicas demográficas próprias, oferecendo um referencial essencial para estratégias de manejo e conservação (Abreu-Grobois et al. 2008; Wallace et al. 2023). Essa estrutura contribui diretamente para a mitigação de ameaças como a pesca incidental, a degradação de habitats e os impactos das mudanças climáticas, promovendo a proteção eficaz das tartarugas marinhas em uma escala global. Atualmente são reconhecidas 58 RMUs distribuídas entre as sete espécies, sendo seis RMUs para as tartarugas-olivas do mundo, que

contemplam as áreas de desova solitárias e arribadas em sobreposição (Figura 8A). Dentre todas as espécies de tartaruga marinha (exceto *Lepidochelys kempii*, que possui 1 RMU), a tartaruga oliva é a que possui o menor número de RMUs estabelecidas (Wallace et al. 2023).

Geralmente, espécies com ampla distribuição têm o fluxo gênico limitado por barreiras que dificultam a migração entre as populações, apresentando subdivisão populacional, como é o caso das tartarugas-marinhas (Frankham et al. 2002). A tartaruga-oliva apresenta uma estrutura genética complexa, com diferentes padrões de diversidade genética e genótipos em suas populações distribuídas nas três grandes bacias oceânicas: Atlântico, Índico e Pacífico (Wallace et al. 2023). Atualmente são conhecidos 18 estoques genéticos distintos para a espécie, localizados em seis Unidades Regionais de Manejo (RMUs), refletindo variações genéticas dentro dessas áreas (Figura 8B) (Wallace et al. 2023). A diversidade genética em cada um dos estoques pode influenciar a adaptação das populações a diferentes ambientes marinhos e costeiros, além de permitir que as espécies se ajustem às mudanças ambientais e a outros desafios (Shamblin et al. 2014).

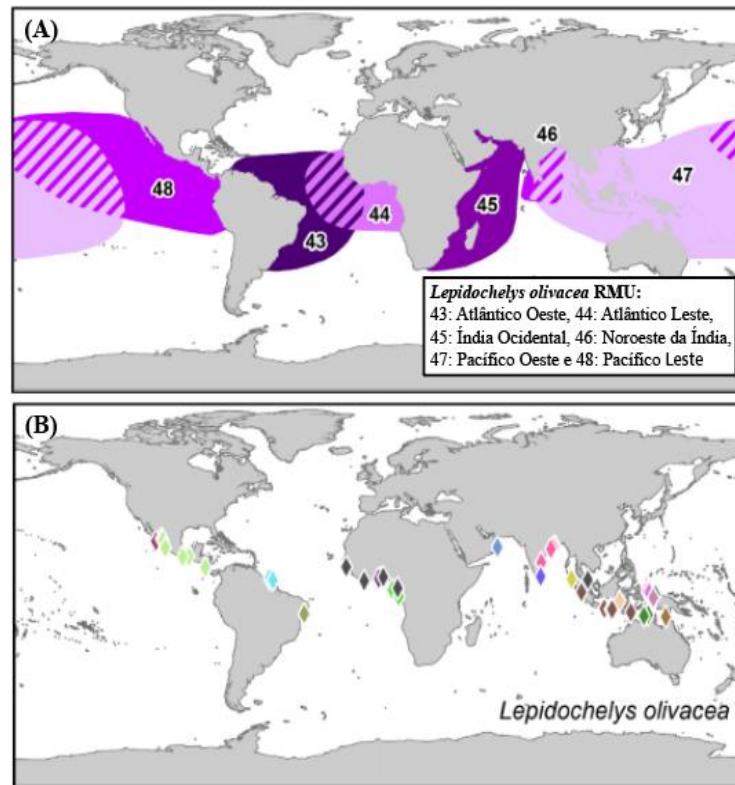


Figura 8 - (A) Delimitação das seis Unidades Regionais de Manejo de *Lepidochelys olivacea*. (B) Localização de 18 estoques genéticos para tartarugas-oliva no mundo, sendo 2 estoques no Atlântico Oriental, 2 no Atlântico Ocidental, 1 na Índia Ocidental, 1 Oman, 1 no Sri Lanka, 2 no pacífico Ocidental, 7 na Indonésia, 1 na Austrália Oriental e 1 na Austrália Ocidental. Fonte: Wallace et al. (2023).

A conectividade entre os estoques genéticos da *L. olivacea* desempenha um papel fundamental na manutenção da diversidade genética global da espécie. Quando as tartarugas migram entre suas áreas de alimentação e desova, elas podem compartilhar alelos genes entre as populações, garantindo que a espécie se mantenha adaptável às mudanças do ambiente ao longo do tempo (Dutton et al., 2008). No entanto, as ameaças enfrentadas por essas populações, como a pesca incidental e a destruição de habitats de desova, têm impactos diretos sobre a diversidade genética (Bowen et al. 1998).

No Atlântico, as subpopulações exibem baixa diversidade genética e alta conectividade, o que é evidenciado pela presença de nove haplótipos, dos quais, quatro são encontrados ao longo da costa brasileira (F, F1, F2 e E) (Reid et al., 2019). O haplótipo F é o mais comum, sendo compartilhado entre as diversas subpopulações da região, refletindo uma forte conectividade genética entre as áreas de desova e alimentação do Atlântico. Dois haplótipos são exclusivos do Brasil (F1 e F2), sugerindo um componente local na diversidade genética. O haplótipo E, identificado em uma área de alimentação no Paraná, também ocorre em outras

regiões como Suriname, Guiana Francesa e Gabão, indicando uma possível rota migratória entre essas regiões (Puertas et al. 2025). A localidade do Gabão é caracterizada por cinco haplótipos exclusivos, mas também compartilha os haplótipos F e E com outras populações do Atlântico, reforçando a interligação genética entre as populações da região (Bowen et al. 1998; Hahn, 2011; Ferrera et al. 2021; Vilaça et al. 2022).

A comparação entre as três bacias oceânicas revela que as populações do Atlântico são geneticamente mais homogêneas, interconectadas e com uma diversidade genética reduzida. Por outro lado, as populações do Pacífico apresentam uma maior diversidade genética, com um número considerável de haplótipos exclusivos, devido ao isolamento geográfico e às barreiras oceânicas, como correntes marinhas, que limitam a troca de indivíduos entre essas populações. Esse isolamento reflete a uma maior diversidade de haplótipos, sugerindo um fluxo gênico reduzido entre essas populações do pacífico (Bowen et al. 1998).

No Oceano Índico, as populações de *L. olivacea* apresentam uma diversidade genética intermediária, com evidências de algum grau de conectividade com o Atlântico. No entanto, as populações do Índico exibem haplótipos exclusivos, sugerindo um nível de isolamento genético. As áreas de nidificação na Índia e no Sri Lanka possuem haplótipos distintos, enquanto as populações de Madagascar e da Índia compartilham haplótipos com as populações do Atlântico e do Pacífico, indicando um fluxo gênico restrito entre as bacias (Vilaça et al. 2022; Frazier et al. 2007).

Esses padrões genéticos têm implicações importantes para a conservação da espécie, pois a manutenção da diversidade genética dentro das populações de cada bacia é crucial para a conservação da espécie a longo prazo (Bowen et al. 1998). Dessa forma, o presente estudo é essencial para a formulação de estratégias conservacionistas mais eficazes, assegurando a manutenção da variabilidade genética e a adaptação da espécie frente às mudanças antropogênicas (Castilhos et al. 2011). Assim, este trabalho contribuiu significativamente para a compreensão da diversidade e estrutura genética da tartaruga-oliva, permitindo a identificação de áreas prioritárias para conservação e orientando ações de manejo que garantam sua proteção a longo prazo.

2. Objetivos

2.1. Objetivos Gerais

Avaliar a diversidade genética e estrutura populacional da *Lepidochelys olivacea* em áreas de desova e alimentação ao longo da costa brasileira utilizando marcadores microssatélites, além de determinar a possível origem natal de animais encalhados e em áreas de alimentação.

2.2. Objetivos Específicos

- Caracterizar geneticamente as populações de desova e de agregados de alimentação de tartarugas-oliva com o uso de marcadores microssatélites;
- Calcular a diversidade genética das populações de desova e dos agregados de alimentação;
- Verificar se há estrutura populacional entre a localidade das áreas de desova e entre os agregados de alimentação;
- Determinar, quando possível, a origem dos indivíduos em áreas de alimentação com o uso de marcadores microssatélites.

3. Materiais e Métodos

3.1. Amostragem e Área de Estudo

Um total de 386 amostras de tecido de pele e muscular de indivíduos de *Lepidochelys olivacea* foram coletadas entre 2005 e 2023 em várias localidades da costa brasileira, incluindo sítios de desova e agregados de alimentação (Figura 9 e tabela suplementar 1). O material biológico utilizado foi disponibilizado pelas seguintes instituições: Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade da Região de Joinville (UNIVILLE), Fundação Projeto TAMAR, Braço Social, Ambipar e Universidade Federal do Rio Grande (FURG). As amostras foram devidamente armazenadas no Laboratório de Genética e Evolução Molecular (LGEM) da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Campus Goiabeiras, para análises subsequentes.

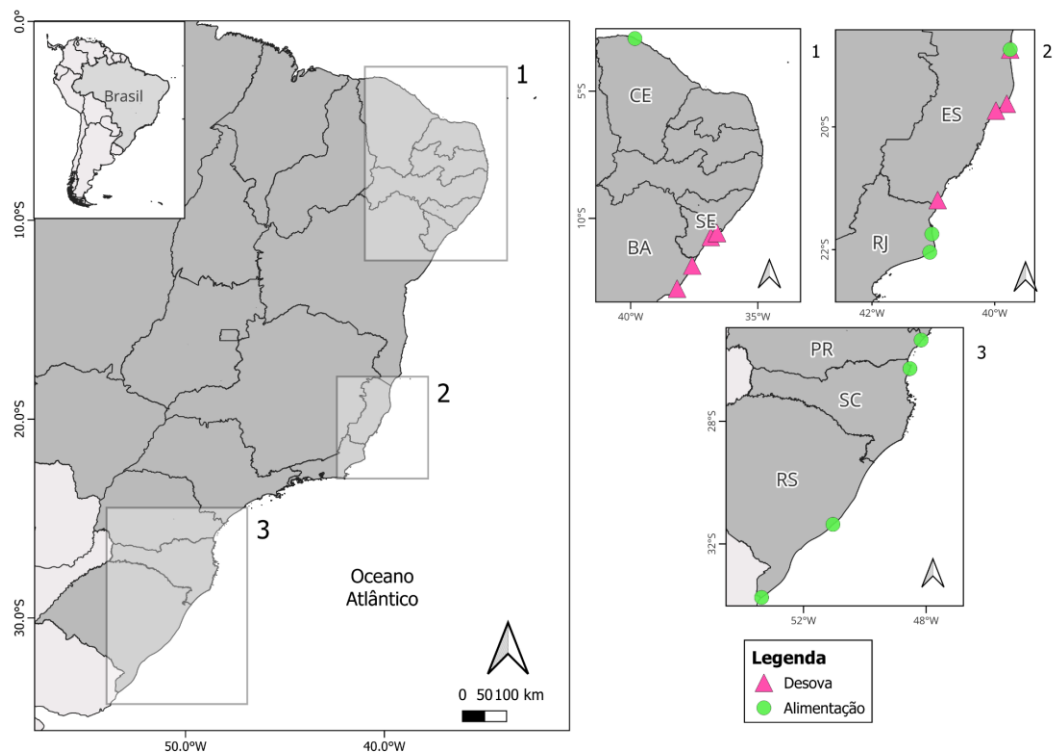


Figura 9 - Mapa indicando a amostragem dos indivíduos da tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*) em sítios de nidificação e agregados de alimentação na costa brasileira. Abreviações: AL = Alagoas; BA = Bahia; CE = Ceará; ES = Espírito Santo; PR = Paraná; RJ = Rio de Janeiro; RS = Rio Grande do Sul; SC = Santa Catarina e SE = Sergipe. Mapa elaborado no programa Qgis

Para os locais de desova foram obtidas 96 amostras de fêmeas nidificantes de *L. olivacea* durante os períodos reprodutivos de 2005 a 2022, provenientes do litoral norte de Sergipe (especificamente nas praias de Pirambu e Ponta dos Mangues), norte da Bahia (entre as praias de Sítio do Conde e Arembepe) e no Espírito Santo (especificamente nas praias de Presidente Kennedy, Guriri, Povoação, Comboios e Monsarás) (Tabela 1).

Para os agregados de alimentação, foram coletadas 293 amostras de indivíduos da tartaruga-oliva para nove localidades da costa brasileira entre 2013 a 2023. No Nordeste do Brasil, no Ceará, foram coletados indivíduos capturados incidentalmente nos açudes de pesca de Almofala durante o monitoramento de pesca pela Fundação Projeto Tamar. Em Alagoas, indivíduos encalhados entre as praias de Maragogi e Feliz Deserto foram coletados por monitoramento em praias pelo Instituto Biota de Conservação. No Sudeste, no Espírito Santo, foram encontrados animais encalhados nas praias de Guriri e Pontal do Ipiranga durante o monitoramento de praias realizado pela equipe da Ambipar. No Rio de Janeiro, tartarugas-oliva encalhadas foram coletadas entre as praias de Iquipari e o Farol de São Thomé pela equipe da

Ambipar. Por fim, na região Sul foram coletados indivíduos encalhados no Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul pela Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade da Região de Joinville (UNIVILLE) e Núcleo de Educação e Monitoramento Ambiental (NEMA), respectivamente (Tabela 1).

Para amostras de tartarugas marinhas encalhadas, pesquisadores utilizaram o código de decomposição de carcaças adaptado da classificação do estágio de decomposição das carcaças de mamíferos marinhos, dividido em cinco graus, sendo G1 representando o menor grau e G5 o grau máximo: 1. Animais vivos. 2. Carcaças frescas. 3. Razoável: Carcaça apresentando evidente inchaço, com órgãos ainda intactos, odor moderado e podendo apresentar algumas placas dérmicas soltas. 4. Estágio de decomposição avançado: apresentando odor forte, músculos e vísceras disformes ou quase liquefeitos, e danos graves à carcaça, podendo estar aberta em vários pontos. 5. Animal mumificado ou restos do esqueleto: tegumento pode estar aderido ao resto do esqueleto ou ossos totalmente limpos com ausência de tecidos (Geraci e Lounsbury, 2005).

Tabela 1 - Sumário dos dados das amostras de *Lepidochelys olivacea* analisadas neste estudo, incluindo o local e ano de coleta, e o número de amostras coletadas por sexo.
Abreviação: Fêmea = ♀, macho = ♂ e Indeterminado = I.

	Local	Ano de coleta	Nº de amostras (♂, ♀ e I)
Áreas de desova	Sergipe (SE)	2014 a 2016	39 (39 ♀)
	Bahia (BA)	2005 a 2010, 2012 e 2016	28 (28 ♀)
	Espírito Santo (ES)	2011 a 2022	29 (29 ♀)
Áreas de alimentação	Ceará (CE)	2013 a 2017	48 (7 ♂, 1 ♀ e 40 I)
	Alagoas (AL)	2018 a 2020	26 (7 ♂, 3 ♀ e 16 I)
	Espírito Santo (ES)	2018 e 2019	17 (8♂, 3 ♀ e 6 I)
	Rio de Janeiro (RJ)	2022 e 2023	34 (17 ♂, 8 ♀ e 9 I)
	Paraná (PR)	2015, 2017 a 2021	62 (10 ♂, 22 ♀ e 30 I)
	Santa Catarina (SC)	2017 a 2019	40 (5 ♂, 12 ♀ e 23 I)
	Rio Grande do Sul (RS)	2013 a 2021	45 (2 ♀ e 43 I)

3.2. Extração do DNA

Inicialmente, a extração do DNA genômico das amostras foi conduzida utilizando a técnica de extração salina, conforme proposto por Bruford et al. (1992) e desenvolvido por David Vieites na U.C. Berkeley, com composição de: solução tampão de extração, ddH₂O estéril, TE, SDS 10%, proteinase K 20 mg/mL, isopropanol e etanol 80%. As amostras altamente degradadas, devido ao seu avançado estado de decomposição, foram submetidas ao método de extração com CTAB 2%, que possui a composição: buffer CTAB 2%, ddH₂O estéril, TE, 20 mg/mL, isopropanol e etanol 70%, visando aprimorar a qualidade do DNA extraído (Doyle e Doyle, 1987). A qualidade, tanto em quantidade quanto em pureza, foi avaliada utilizando o espectrofotômetro NanoDrop ND-100 (Thermo Scientific) e gel de extração 1%. As amostras de DNA foram diluídas para a concentração 50 ng/μL, quando necessário.

3.3. Amplificação e Genotipagem

Os fragmentos de DNA genômico de dez marcadores microssatélites do DNA nuclear, nove específicos para *Lepidochelys olivacea* — OR1, OR2, OR3, OR4, OR7, OR9, OR11, OR18, OR22 (Aggarwal et al. 2004; Aggarwal et al. 2008) e um locus específico para *Chelonia mydas* — Cm84 (Fitzsimmons et al. 1995), foram amplificados para cada indivíduo por meio de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando o termociclador Veriti™ (Applied Biosystems).

Foi adotado o padrão estabelecido pelo Núcleo de Biodiversidade Genética Luiz Paulo de Souza Pinto (NuBiGen) — CCHN/UFES, que utiliza o protocolo econômico proposto por Schuelke (2000). Para seguir este protocolo, foram necessários três primers com as seguintes especificações: I. Primer de ida específico (*Forward*): Sequência original publicada + Sequência universal M13 (-21) incorporada à extremidade 5' (TGT AAA ACG ACG GCC AGT) (18pb). II. Primer Reverso (*Reverse*): sem modificações, sequência original publicada. III. Primer universal M13 (-21) TGT AAA ACG ACG GCC AGT (18pb): marcado com uma das 4 fluorescências compatíveis com o sequenciador ABI 3500 — (PET) TGT AAA ACG ACG GCC AGT, (NED) TGT AAA ACG ACG GCC AGT, (VIC) TGT AAA ACG ACG GCC AGT, (6-FAM) TGT AAA ACG ACG GCC AGT.

As PCRs para fins de genotipagem foram realizadas com um volume total de 12,5 μL com as seguintes condições: tampão de PCR 1X (Invitrogen®), MgCl₂ [1,5 mM], dNTPs [0,1

mM], primer *forward* [0,1 uM], primer *reverse* [0,2 uM], iniciador fluorescente M13 [0,16 uM], 1 U taq DNA polimerase (Invitrogen®) e DNA genômico [50 ng/ μ L]. As condições para a amplificação dos marcadores microssatélites foram: desnaturação inicial de 94 °C por 4 minutos, seguido de 29 ciclos que se repetem a: 94 °C por 30 segundos, anelamento do primer específico por 40 segundos (Tabela 2), extensão de 72 °C por 1 minuto e 30 segundos, incorporação da M13 em 8 ciclos a 94 °C por 30 segundos, 53 °C por 30 segundos, 72 °C por 30 segundos com extensão final de 72 °C por 30 minutos (Hahn, 2011).

Todos os produtos de PCR, incluindo controle positivo e negativo, foram verificados quanto à amplificação em gel de agarose a 1% por eletroforese e, após verificado sucesso da amplificação, as amostras seguiram para o procedimento da genotipagem. Os produtos amplificados foram reunidos em dois multiplex com cinco loci cada. Os multiplex foram escolhidos para evitar sobreposição de comprimento dos genótipos. A fluorescência PET, usada em dois marcadores, apresentou muitos ruídos, o que dificultou a leitura correta dos alelos. Com isso, houve alteração de fluorescência para esses dois marcadores, sendo feita novas PCRs com a fluorescência 6-FAM e VIC, que possuem menos ruídos.

A genotipagem dos indivíduos resultou de uma eletroforese capilar realizada no analisador genético modelo 3500 da Applied Biosystems®, onde há a separação dos fragmentos conforme seu tamanho, com posterior análise e identificação dos alelos encontrados. Para a reação de genotipagem, foi preparado um mix que inclui os produtos amplificados para os marcadores multiplexados, formamida e padrão de peso molecular GeneScan 600 LIZ Size Standard (LIZ®). Para avaliar as taxas de erro geradas na genotipagem, foi realizada uma repetição de 10% do material amplificado para cada marcador estudado.

Tabela 2 - Detalhamento dos loci de microssatélites utilizados no presente estudo.

Locus	Fluorescência	T _a (°C)	Intervalo de alelos esperado pela literatura (pb)	Intervalo de alelos observado neste trabalho (pb)
R1 ^O	PET/ 6-FAM*	55	150-202	154-206
R2 ^O	PET/ VIC*	55	153-189	186-200
R3 ^O	VIC	55	142-164	160-162
OR4	6-FAM	55	124-168	146-188
OR7	VIC	55	187-223	202-214
OR9	NED	55	148-192	174-188
OR11	6-FAM	55	194-250	236-258
OR18	NED	55	112-135	132-134
OR22	6-FAM	57	219-263	232-248
Cm84	VIC	58	322-352	336-352

T_a = temperatura de anelamento específica de cada locus. *Fluorescências secundárias utilizadas.

3.4. Análise dos Dados

Os genótipos de cada amostra para os dez loci microssatélites foram analisados e verificados no Programa Geneious 11.1.5 (Kearse et al. 2012). Foram selecionadas para as análises de diversidade e estrutura genética as amostras com 80% ou mais de sucesso nos 10 loci, e o restante das amostras foi removido para não enviesar os resultados. Os loci microssatélites foram avaliados para presença de desequilíbrio de ligação (LD) e alelos nulos no pacote PopPr (Kamvar et al. 2014 e 2015) e PopGenReport (Adamack e Guber, 2014; Gruber e Adamack, 2015) do programa R (R Core Team, 2020). Estatísticas de diversidade genética, como o número médio de alelos (N_a), o número de alelos efetivos (N_e), alelos privados (P_a), índice de fixação (F) apenas para as populações de desova e as heterozigosidades observadas (H_o) e esperadas (H_e) sob equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), foram estimadas usando GenAlEx (Peakall e Smouse, 2012). Os testes para desvio do HWE foram calculados usando o pacote PopGenReport, ajustado com o método de Bonferroni $\alpha = (0,05/ 63) = 7,9 \times 10^{-4}$ e $p = 0,05$ (Rice, 1989).

A diferenciação genética populacional das seis áreas de alimentação e das três áreas de desova foram avaliadas em comparações pareadas de F_{ST} (Weir e Cockerham, 1984). Os valores de diferenciação genética foram avaliados segundo os valores propostos por Wright (1978): $< 0,05$ – pequena diferenciação genética; de $0,05$ a $0,15$ – moderada; de $0,15$ a $0,25$ – alta; e $> 0,25$ – muito alta. A Análise de Variância Molecular (AMOVA) (Excoffier et al. 1992) foi realizada para observar o grau de diferenciação dentro dos indivíduos, entre os indivíduos e entre as populações. Os valores de F_{ST} pareados foram plotados em dois eixos após uma Análise de Ordenação de Coordenadas Principais (PCoA) para visualizar padrões espaciais emergentes. Todas as análises de diferenciação genética populacional foram geradas no GenAlEx.

A estrutura genética populacional também foi avaliada usando o método de agrupamento baseado em modelo bayesiano implementado no STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al. 2000), utilizando o procedimento de Markov Chain Monte Carlo (MCMC) para estimar a probabilidade nas quais os dados se ajustam à hipótese do número de clusters (K). Devido à amostragem desbalanceada entre as populações, foram implementados os parâmetros sugeridos por Wang (2017), onde um valor de ALFA não padrão de $0,1$ (cerca de $1/K$) e o modelo de frequência de alelos não correlacionados foram incluídos para que o STRUCTURE forneça uma inferência precisa para o número de K seguindo os mesmos parâmetros de Vilaça et al. (2022). O número de clusters foi testado realizando 20 réplicas para cada cluster de 1 a 10 com 1.000.000 de iterações MCMC e 10% de burn-in (Vilaça et al. 2022). As execuções foram realizadas com e sem a informação do local de amostragem. Utilizamos a ferramenta online CLUMPAK (Kopelman et al. 2015) para alinhar os múltiplos resultados gerados pelo STRUCTURE e determinar o número de K ideal, que foi graficamente exibido por DISTRUCT (Rosenberg, 2004).

A Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC) (Jombart et al. 2010) foi realizada no pacote Adegenet v. 2.1.3 (Jombart, 2008; Jombart e Ahmed, 2011) para explorar os padrões genéticos espaciais entre as populações estudadas. O número de clusters ideal foi previsto usando o menor valor de Critério de Informação Bayesiano (BIC) e foi mantido o número de componentes principais que mostraram 90% de variância acumulada.

4. Resultados

4.1. Amplificação de microssatélites

Todas as amostras de tartaruga-oliva provenientes da área de alimentação, exceto do Ceará, eram indivíduos de encalhe com grau de decomposição 3 a 5, sendo 11 amostras classificadas como grau 3, 105 amostras de grau 4, 12 amostras com o grau de decomposição 5 e 96 indivíduos não tiveram seu grau de decomposição registrado (NR). Dos 384 indivíduos genotipados para os 10 loci de microssatélites, 123 (31,54%) apresentaram genotipagem de boa qualidade para oito ou mais loci e restantes 267 indivíduos (68,46%) apresentaram dados faltantes em três ou mais loci e por isso foram excluídos das análises. O estado de Alagoas foi excluído das análises, pois somente um indivíduo foi genotipado com sucesso (Figura 10). Isto resultou em uma base de dados final de 122 indivíduos analisados para nove localidades: três para desova (Sergipe, Bahia e Espírito Santo) e seis agregados de alimentação (Ceará, Espírito Santo, Rio de Janeiro, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul) (Figura 10).

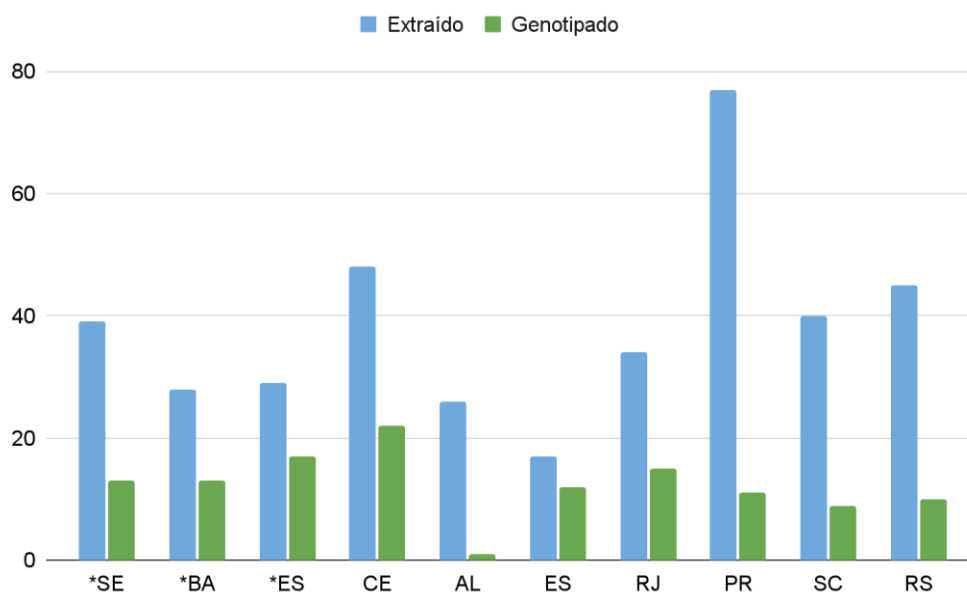


Figura 10 - Gráfico evidenciando a quantidade de amostras extraídas (azul) e genotipadas com sucesso (verde) para *Lepidochelys olivacea* neste estudo. Abreviações: AL = Alagoas; BA = Bahia; CE = Ceará; ES = Espírito Santo; PR = Paraná; RJ = Rio de Janeiro; RS = Rio Grande do Sul; SC = Santa Catarina e SE = Sergipe. *áreas de desova

Três marcadores microssatélites foram retirados no presente estudo: o locus OR3, que se apresentou monomórfico; o locus OR2, que apresentou uma frequência significativa de alelos nulos (28,2%); e o locus OR7, que apresentou ligação de 70% com o loci OR22. Como o locus OR7 apresentou maior diferença (8,967%) entre as heterozigosidade esperada e observada, ele foi excluído das análises. Todas as populações se mostraram em equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P > 0,05$ em todos os casos). Após a retirada dos loci problemáticos (OR2, OR3 e OR7), sete loci (OR1, OR4, OR9, OR11, OR18, OR22 e Cm84) foram usados para as análises subsequentes de diversidade e estrutura genético-populacional. A organização das análises em diferentes grupos — localidade total da costa brasileira ($n = 122$), áreas de desova ($n = 43$), agregados de alimentação ($n = 79$) e comparação entre localidade nidificante e de forrageio ($n = 43$ e $n = 79$) — permitiu uma avaliação mais detalhada da estrutura genética da tartaruga-oliva em diferentes contextos ecológicos.

4.2. Diversidade Genética

O agregado de indivíduos de tartarugas-oliva da costa brasileira apresentou 60 alelos com médias de 8,429 alelos por locus, 3,192 alelos efetivos e heterozigosidades observada e esperada de 0,529 e 0,606, respectivamente (Tabela 3). A diversidade por locus variou de 2 a 15 alelos, com 1,361 a 5,270 alelos efetivos, sendo OR1 o locus mais diverso e, OR18, o menos diverso (Tabela 3). Todos os sete loci foram polimórficos. Entre os loci, a heterozigosidade observada variou de 0,280 a 0,815, e a heterozigosidade esperada variou de 0,265 a 0,817. Os loci OR4 e OR9 apresentaram excesso de heterozigosidade observada ($H_o > H_e$) e consequentemente índice de fixação negativo.

Tabela 3 - Estatísticas resumidas para cada um dos sete loci microssatélites, considerando todas as localidades de *Lepidochelys olivacea* do Brasil analisadas neste estudo. N = número de amostras genotipadas, Na = número de alelos, Ne = número efetivo de alelos, Ho = heteroziguidade observada, He = heteroziguidade esperada e F = índice de fixação.

Locus	N	Na	Ne	Ho	He	F
OR1	101	15	3,569	0,554	0,720	0,230
OR4	119	13	4,774	0,815	0,791	-0,031
OR9	118	6	1,361	0,280	0,265	-0,054
OR11	95	11	5,463	0,653	0,817	0,201
OR18	121	2	1,668	0,372	0,400	0,071
OR22	121	5	2,166	0,537	0,538	0,002
Cm84	112	8	3,536	0,536	0,717	0,253
Média	-	60	3,220	0,535	0,607	0,096

A diversidade genética das localidades de desova analisadas variou entre as regiões estudadas (Tabela 4). A área de desova do Sergipe, apresentou o maior número médio de alelos por loci ($N_a = 4,857$), o maior número efetivo de alelos ($N_e = 2,954$) e o maior número de alelos privados ($P_a = 7$). A heteroziguidade observada ($H_o = 0,576$) manteve-se próxima à esperada ($H_e = 0,591$), e o coeficiente de endogamia negativo ($-0,008$) indicando leve excesso de heterozigotos. Na Bahia, a diversidade genética foi ligeiramente inferior à encontrada em Sergipe, com $N_a = 4,143$, $N_e = 2,816$ e $P_a = 2$. No entanto, a área de desova da Bahia apresentou o maior índice de heteroziguidade, com heteroziguidade observada ($H_o = 0,622$) e esperada ($H_e = 0,569$), resultando em um coeficiente de endogamia negativo ($-0,085$). A área de desova do Espírito Santo apresentou os menores valores de variabilidade genética, apesar de possuir mais indivíduos que as outras subpopulações, com $N_a = 4,0$ e $N_e = 2,606$. A heteroziguidade observada ($H_o = 0,441$) foi inferior à esperada ($H_e = 0,541$), levando a um coeficiente de endogamia positivo ($F = 0,126$), indicativo de déficit de heterozigotos.

Os agregados de alimentação do Atlântico Sudoeste apresentaram maior número médio de alelos por locus ($N_a = 7,857$) em comparação com a localidade de desova ($N_a = 6,143$). O número de alelos privados (P_a) também foi superior para os agregados de alimentação (17 alelos, sendo 12 considerando todas as populações) em relação à localidade de desova (quatro alelos, sendo dois para toda a população), sugerindo a existência de variação genética e potencial fluxo gênico diferenciado entre os grupos de alimentação. O número efetivo de alelos (N_e) foi similar entre as duas populações, com valores de 3,154 para alimentação e 3,049 para desova, indicando que, apesar da diferença no número total de alelos, a diversidade entre os grupos não é tão discrepante. A heteroziguidade observada (H_o) foi 0,535 para desova e 0,532 para a

localidade de alimentação, enquanto a heterozigosidade esperada (H_e) apresentou valores de 0,592 e 0,604, respectivamente.

A análise genética dos diferentes agregados de alimentação da tartaruga-oliva ao longo da costa brasileira revelou variações na diversidade genética entre os locais amostrados (Tabela 4). O número médio de alelos por locus (N_a) variou entre 3,714 a 4,741 e o número de alelos efetivos variou de 2,566 a 3,146, indicando diferenças na variabilidade genética entre os agregados. A heterozigosidade observada apresentou variações entre os agregados, sendo a mais baixa no Ceará ($H_o = 0,452$) e a mais alta no Rio Grande do Sul ($H_o = 0,643$), enquanto a heterozigosidade esperada seguiu um padrão semelhante, variando entre 0,531 e 0,619. No geral, os valores de H_o e H_e indicam uma diversidade genética moderada e relativamente equilibrada entre os diferentes agregados, sem sinais evidentes de redução significativa na variabilidade genética. Apesar de Ceará e Rio de Janeiro serem as áreas de alimentação com maior tamanho amostral, eles apresentaram os menores valores de diversidade ($H_o = 0,452$ e $H_o = 0,476$, respectivamente). Já as áreas do Sul com um pequeno tamanho amostral (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul) apresentaram diversidades superiores às demais áreas de alimentação ($H_o = 0,599$, $H_o = 0,632$, e $H_o = 0,643$, respectivamente). Rio de Janeiro apresentou mais alelos privados e o Rio Grande do Sul apresentou menos alelos (Tabela 4).

Tabela 4 - Índices de diversidade genética por áreas de desova, áreas de forrageio, população nidificante (conjunto de sítios de desova), agregados de forrageio (conjunto de áreas de alimentação), população brasileira (conjunto total de amostras), para os 7 loci microssatélites da *Lepidochelys olivacea*. N = número de amostras genotipadas, Na = número médio de alelos, Ne = número de alelos efetivos, Pa = Número de alelos privados, Ho = heterozigidade observada, He = heterozigidade esperada e F = índice de fixação.

Localidades	N	Na	Ne	Pa	Ho	He	F	
População nidificante	43	6,14	3,05	4*	0,53	0,59	0,061	
Áreas de desova	Sergipe	13	4,85	2,95	7 (1**)	0,58	0,59	-0,01
	Bahia	13	4,14	2,82	2 (1**)	0,62	0,57	-0,08
	Espírito Santo	17	4,00	2,61	3 (0)	0,44	0,54	0,13
Agregado de forrageio	79	7,86	3,15	17*	0,53	0,60	-	
Agregados de alimentação	Ceará	22	4,57	2,57	3 (0)	0,45	0,54	-
	Espírito Santo	12	4,00	2,56	3 (3**)	0,53	0,53	-
	Rio de Janeiro	15	4,57	2,86	5 (4**)	0,48	0,56	-
	Paraná	11	4,74	2,86	3 (3**)	0,60	0,59	-
	Santa Catarina	9	3,71	2,60	2 (2**)	0,63	0,56	-
	Rio Grande do Sul	10	4,00	3,15	1 (0)	0,64	0,62	-
População brasileira	122	8,57	3,22	-	0,53	0,61	-	

*Alelos privados considerando todas as localidades de desova x todas as localidades de alimentação,

**Alelos privados considerando as nove localidades estudadas separadamente.

4.3. Estrutura Populacional

As comparações das localidades de desova revelam uma moderada diferenciação genética entre Espírito Santo e Bahia ($F_{ST} = 0,081$ e $p = 0,001$). Já as comparações entre Espírito Santo e Sergipe mostraram diferenciação genética baixa ($F_{ST} = 0,043$ e $p = 0,002$) e Sergipe e Bahia não apresentaram diferenças genéticas significativas ($F_{ST} = 0,013$ e $p = 0,157$) (Tabela 5).

Entre as localidades dos agregados de alimentação, a divergência foi significativa para 12 de 15 comparações de pares ($p < 0,05$). Os pares que apresentaram as maiores diferenças genéticas foram Ceará x Santa Catarina e Rio de Janeiro x Santa Catarina ($F_{ST} = 0,102$ e $0,100$, $p < 0,05$, respectivamente). A maioria das outras comparações dos agregados de alimentação também apresentaram valores de F_{ST} moderados, exceto as comparações Rio de Janeiro x Paraná, Ceará x Rio Grande do Sul e Paraná x Ceará, mostram uma diferenciação genética menor em relação a outros estados, com F_{ST} variando entre 0,043 e 0,032. Os pares que não apresentaram diferença significativa ($p > 0,05$) foram Rio de Janeiro x Paraná, Ceará x Paraná e Ceará x Rio Grande do Sul (Tabela 5).

Sergipe apresentou uma diferença genética moderada com as localidades de alimentação de Espírito Santo e Rio de Janeiro ($F_{ST} = 0,072$ e $0,055$, $p < 0,05$, respectivamente), uma baixa diferença com Ceará e Rio Grande do Sul ($F_{ST} = 0,043$ e $0,033$, $p < 0,05$, respectivamente), e nenhuma diferença com Santa Catarina e Paraná ($p > 0,05$). A localidade de desova da Bahia apresentou as maiores taxas de diferença genética entre os agregados de alimentação, variando de $0,105$ a $0,093$ ($p < 0,05$), e não mostrou diferença significativa com Santa Catarina e Paraná ($p > 0,05$). Enquanto a localidade de desova do Espírito Santo teve uma baixa diferença genética em relação ao Espírito Santo encalhe e Paraná ($F_{ST} = 0,044$ e $0,031$, $p < 0,05$, respectivamente), uma diferença moderada com os indivíduos do agregado de Ceará ($F_{ST} = 0,102$, $p < 0,05$) e não apresentou diferença significativa com o Rio de Janeiro ($p > 0,05$) (Tabela 5).

Tabela 5 - Estimativas F_{ST} pareadas para loci microssatélites para populações de áreas de desova e agregados de alimentação da *Lepidochelys olivacea* na costa brasileira. O quadrante esquerdo superior se refere às comparações de F_{ST} dos agregados de alimentação (ESe = Espírito Santo encalhes, RJ = Rio de Janeiro, SC = Santa Catarina, PR = Paraná, CE = Ceará e RS = Rio Grande do Sul). O quadrante inferior direito se refere às comparações de F_{ST} das áreas de desova (ESd = Espírito Santo desova, SE = Sergipe e BA = Bahia). Abaixo da diagonal estão os valores F_{ST} acima da diagonal estão os valores p . Em negrito estão os valores significativos ($p < 0,05$).

	CE	ESe	RJ	PR	SC	RS	SE	BA	ESd
CE		0,001	0,001	0,017	0,001	0,011	0,002	0,001	0,001
ESe	0,086		0,001	0,083	0,002	0,003	0,001	0,001	0,007
RJ	0,071	0,072		0,006	0,001	0,003	0,001	0,001	0,007
PR	0,032	0,020	0,043		0,072	0,098	0,436	0,052	0,016
SC	0,102	0,099	0,100	0,029		0,002	0,325	0,317	0,001
RS	0,038	0,077	0,086	0,024	0,091		0,038	0,001	0,001
SE	0,043	0,072	0,055	0	0,006	0,033		0,155	0,002
BA	0,1	0,105	0,094	0,028	0,006	0,093	0,013		0,001
ESd	0,102	0,044	0,014	0,031	0,068	0,062	0,044	0,081	

A diferenciação genética global foi moderada e estatisticamente significativa, tanto considerando a costa brasileira como um todo, quanto apenas para as áreas de desova. (Tabela 6). Os resultados da AMOVA mostram que a maior parte da variação genética está dentro dos indivíduos, depois entre os indivíduos dentro das populações e por último entre as localidades (Tabela 6). Esses resultados indicam que, independentemente da escala analisada (população

brasileira, área de desova ou agregados de alimentação), a maior parte da diversidade genética está no nível individual, e a diferenciação genética entre as localidades variam de não significativas, a significativas baixas ou moderadas.

Tabela 6 - Resultados da Análise de Variância Molecular (AMOVA) para *Lepidochelys olivacea*.

	F_{ST} (valor de p)	Entre populações	Entre indivíduos dentro das populações	Dentro do indivíduo
Costa do Brasil	0,060 (0,001)	6%	18%	76%
Sítios de desova	0,049 (0,001)	5%	20%	75%
Agregados de alimentação	0,066 (0,001)	7%	16%	77%

A variação genética foi distribuída ao longo dos dois primeiros eixos principais nos gráficos de PCoA (Figuras 11 a 13). Para as áreas de desova, o primeiro eixo (PCo1) explicou 15,08% da variação genética, enquanto o segundo (PCo2) explicou 11,54% (Figura 11). Já para os agregados de alimentação, o PCo1 explicou 12,99% da variação genética, e o PCo2, 9,72% (Figura 12). Ao comparar os indivíduos de *L. olivacea* entre agregados de alimentação e localidades de desova, o PCo1 explicou 10,96% da variação genética, e o PCo2, 9,49% (Figura 13).

Nas localidades de desova, os indivíduos de diferentes áreas se agruparam de maneira distinta, indicando uma leve diferenciação genética entre elas, a área de desova do Nordeste (Sergipe e Bahia) e alguns indivíduos da área de desova do Espírito Santo, mostraram-se mais próximas, sugerindo uma similaridade genética significativa entre esses grupos, por outro lado, as localidades de desova do Espírito Santo e Bahia exibiram uma maior separação no gráfico, indicando maior diferenciação genética (Figura 11). Enquanto que para as localidades de alimentação, a dispersão dos indivíduos no gráfico indica que não há uma separação clara entre eles (Figura 12). Já a figura 13, apresentou uma sobreposição dos pontos indicando a conectividade genética entre alimentação e desova, resultado corroborado pelo F_{ST} ($F_{ST} = 0,015$ e $p = 0,01$), que indica baixa, mas significativa diferenciação genética observada entre as localidades de desova e alimentação.

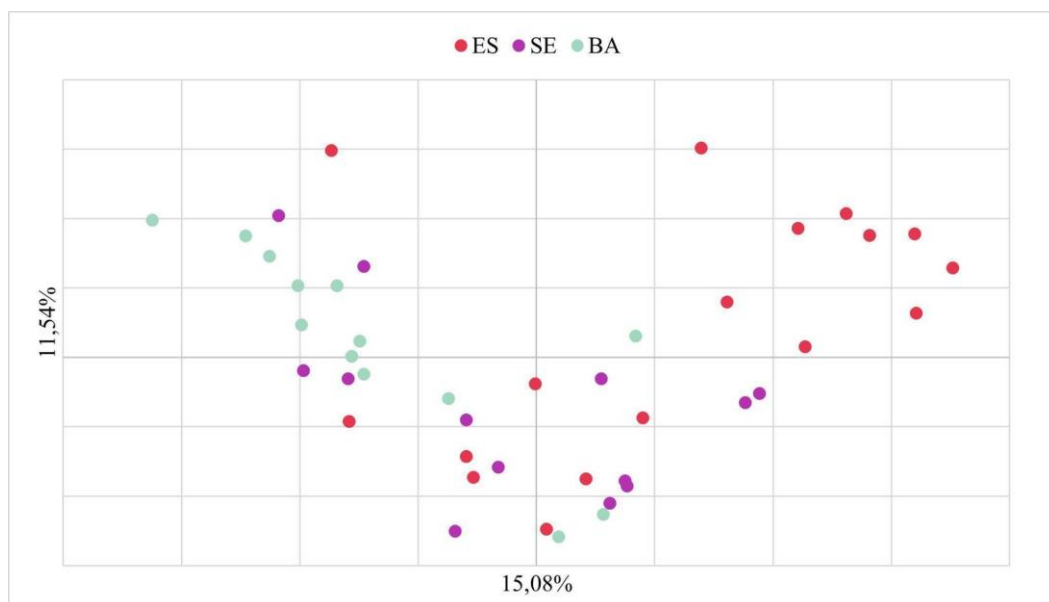


Figura 11 - Análise de coordenadas principais para áreas de desova da tartaruga-oliva.
 Abreviações: ES = Espírito Santo; SE = Sergipe; BA = Bahia.

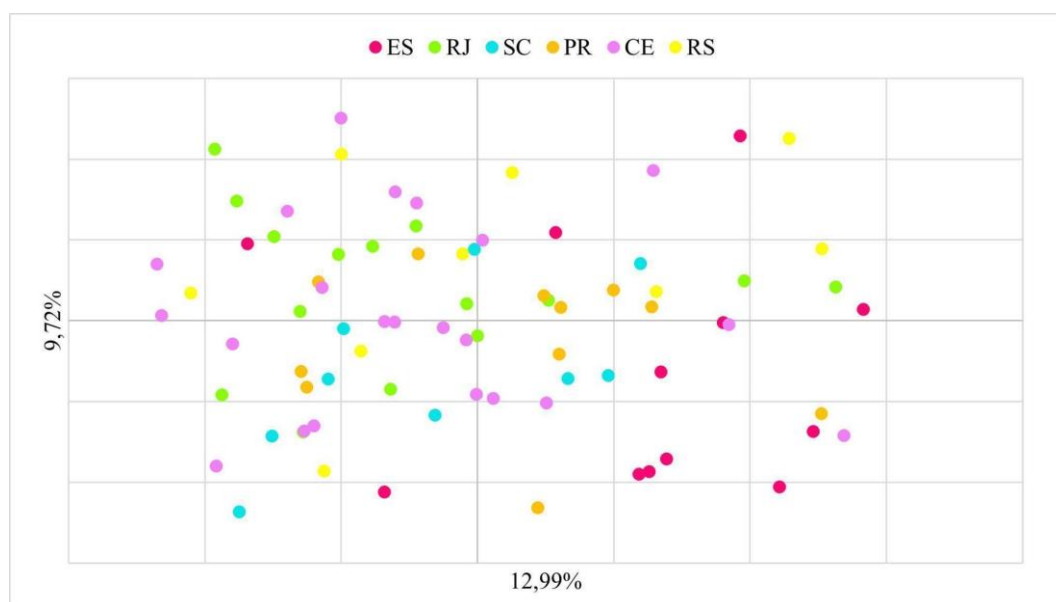


Figura 12 - Análise de coordenadas principais para os agregados de alimentação da tartaruga-oliva.
 Abreviações: ES = Espírito Santo; RJ = Rio de Janeiro; SC = Santa Catarina; PR = Paraná; RS = Rio Grande do Sul.

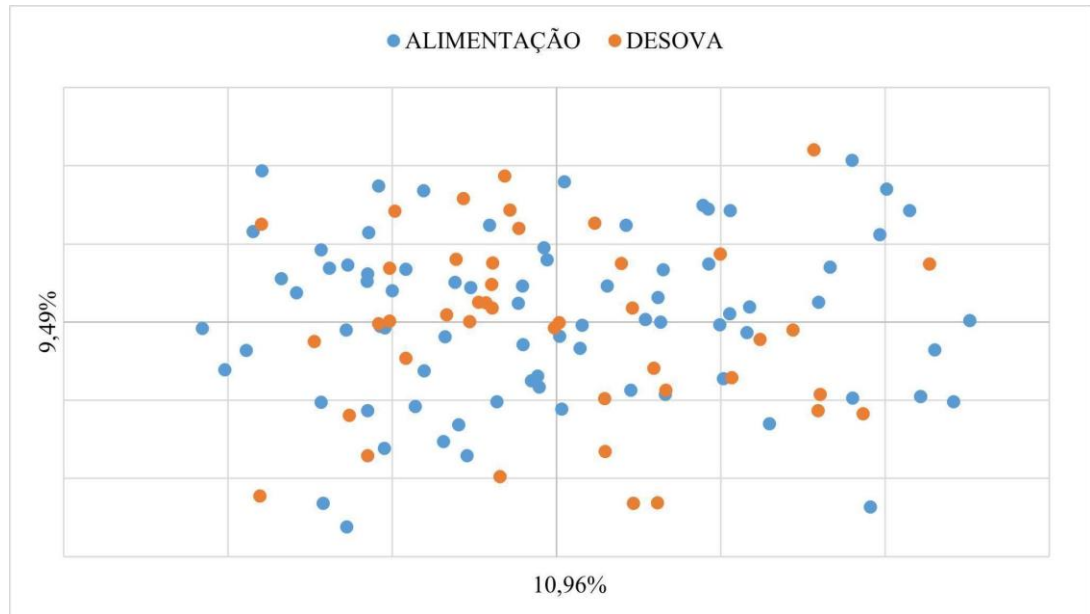
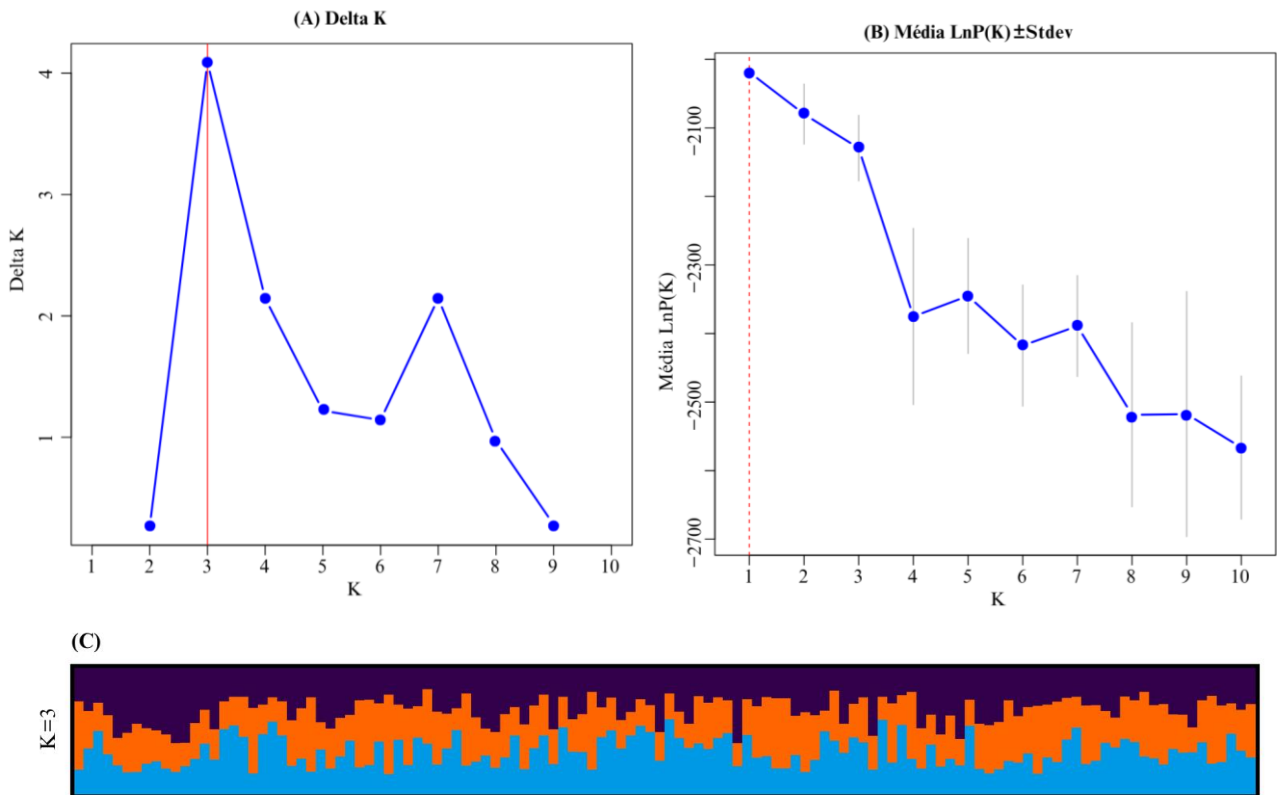


Figura 13- Análise de coordenadas principais para os agregados de alimentação e área de desova da tartaruga-oliva.

A análise de delta indica $K=3$ como o número mais provável de agrupamentos (Figuras 14^a e C), no entanto, isso não representa uma estruturação populacional, pois todos os indivíduos compartilham uma ancestralidade semelhante, representado pelo gráfico de likelihood, que aponta $K=1$ como o número mais adequado de agrupamentos (Figura 14B).

Figura 14 - Resultados da análise de Structure para *Lepidochelys olivacea* com o uso de 7 loci. (A) Gráfico Delta, indicando o número provável de clusters. (B) Gráfico de Likelihood indicando o número provável de agrupamentos. (C) Gráfico de barras para K=3, onde cada indivíduo é representado por uma barra vertical e comprimento de cada barra indica a probabilidade de associação em cada cluster.



Os resultados da análise DAPC mantiveram 100 componentes principais como preditores para a análise discriminante, com 98–99% da variância conservada. Esta análise revelou uma distribuição genética complexa entre as localidades da costa do Brasil, com múltiplos agrupamentos sobrepostos (Figura 15a). Quando analisadas de forma independente, as áreas de desova (Sergipe, Bahia e Espírito Santo) das tartarugas-olivas aparecem como três agrupamentos genéticos distintos (Figura 15b). O DAPC dos indivíduos de agregados de alimentação evidenciou a uma menor escala, uma sutil estrutura genética entre algumas

localidades analisadas, reforçando a distinção entre alguns grupos (Rio Grande do Sul e Santa Catarina) e a semelhança de outros grupos (Paraná e Ceará) (Figura 15c).

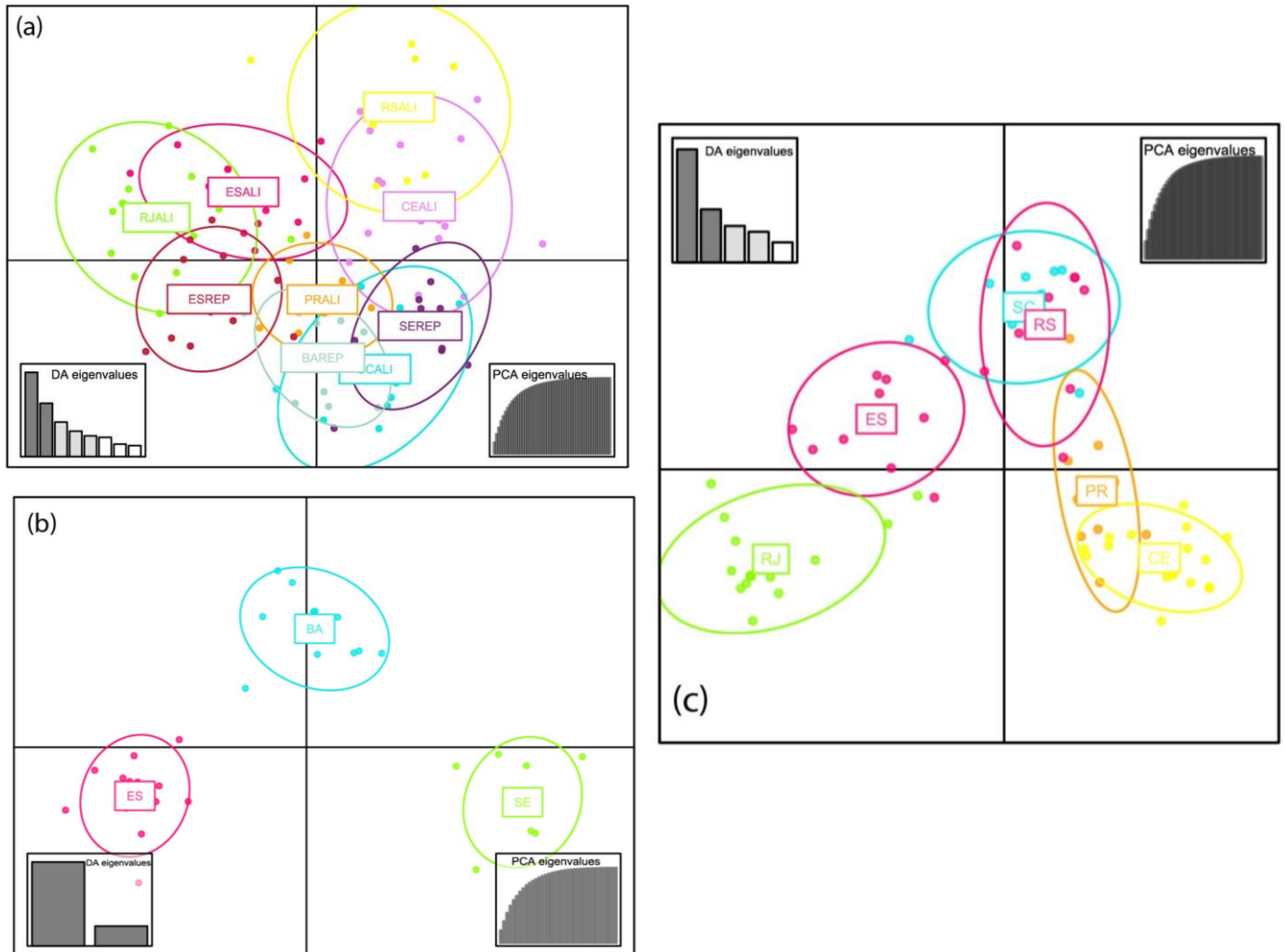


Figura 15 - Gráficos de dispersão da análise discriminante de genótipos de tartaruga-oliva para a Costa do Brasil (A), Sítios de desova (B), Sítios de alimentação (C). O número de autovalores da análise discriminante usados para plotagem é mostrado no encarte inferior esquerdo. O número de autovalores de PCA retidos como preditores para análise discriminante linear e a proporção da variação genética conservada (eixos x e y, respectivamente) são mostrados na inserção inferior direita.

5. Discussão

Este é o primeiro estudo de tartaruga-oliva no Atlântico Sul, a conduzir um amplo esforço amostral em nove localidades da costa brasileira, abrangendo áreas de alimentação e desova. Com o uso de ferramentas moleculares, em especial a análise de microssatélites — marcadores nucleares altamente informativos — foi possível mapear os padrões genético-populacionais das tartarugas-oliva que utilizam áreas de nidificação e alimentação ao longo da costa brasileira. A partir dessa análise, foi possível entender melhor a diversidade genética e a estrutura das populações dessas tartarugas, comparando-as com outras populações de *Lepidochelys olivacea* encontradas em diferentes regiões de nidificação e forrageamento nos oceanos Atlântico, Pacífico e Índico, bem como outras espécies de tartarugas marinhas. Para expandir e aprofundar os estudos já realizados, é essencial que novos projetos sejam desenvolvidos, abordando toda a vasta área oceânica do Atlântico Sudoeste, região onde se encontra a costa brasileira.

5.1. Diversidade Genética da Tartaruga-oliva

Esse estudo foi o primeiro a alcançar uma análise populacional com o uso de marcadores microssatélites para áreas de desova e sítios de alimentação de *Lepidochelys olivacea* da costa brasileira. No geral, os dados evidenciaram uma diversidade genética baixa quando comparado ao de outras espécies de tartarugas marinhas brasileiras e para a *L. olivacea* de outras regiões oceânicas, bem como ausência de estrutura genética, tanto para as populações de desova quanto para os agregados de alimentação.

A diversidade genética das tartarugas-oliva varia conforme a área geográfica e o número de marcadores utilizados (Silver-Georges et al. 2020; Rodrigues-Zárate et al. 2013; Vilaça et al. 2022). No Pacífico Leste, por exemplo, a heterozigosidade observada varia entre 0,62 para a Costa Rica, usando 6 loci microssatélites (Silver-Georges et al. 2020), e 0,76 para o México, usando 10 loci microssatélites (Rodrigues-Zárate et al. 2013). No Indo-Pacífico, a heterozigosidade observada varia entre 0,66 e 0,72, valores registrados na Malásia e na Austrália, respectivamente, usando 15 loci (Jensen et al. 2013; Vilaça et al. 2022). O valor mais alto registrado neste oceano foi de 0,85 em uma população nidificante do Sri Lanka (Vilaça et al. 2022). No Atlântico Leste, em Gana observa-se heterozigosidade de 0,58 para 7 loci microssatélites (Ferrera et al. 2021) e em Guiné-Bissau, com 15 loci microssatélites, a

heterozigotia é 0,66 (Vilaça et al. 2021). No Atlântico Oeste, que abrange a costa brasileira, há três populações reconhecidas: Brasil, Suriname e Guiana Francesa. Suriname e Guiana Francesa apresentam heterozigotia de 0,54 e 0,65, respectivamente, valores próximos aos encontrados para a população brasileira ($H_o = 0,63$), todos baseados em 15 loci microssatélites (Vilaça et al. 2022). Esse padrão de variação na diversidade genética também é observado no Brasil, com uma diversidade mais alta quando utilizados mais microssatélites, como evidenciado por Vilaça et al. (2022), e mais baixa neste estudo, que usou um número reduzido de marcadores (7 loci e $H_o = 0,53$). A diversidade genética da costa brasileira é intermediária dentro do Atlântico Sul, com valores variando entre 0,54 no Suriname e 0,66 na Guiné-Bissau, sendo mais baixa que as diversidades observadas no Pacífico Leste (até 0,76 no México) e no Indo-Pacífico (variando entre 0,66 na Malásia e 0,85 no Sri Lanka) (Figura 15).

A menor diversidade genética observada no Brasil pode ser explicada por fatores históricos e ecológicos, como o tamanho reduzido das populações locais e a recente colonização do Atlântico, associada à separação geográfica e barreiras ambientais. Segundo Vilaça et al. (2022), a diversidade genética no Atlântico Sul é limitada por processos como deriva genética, fluxo gênico restrito e o número reduzido de populações reprodutivas ao longo da costa. Esses fatores contribuem para a manutenção de uma diversidade genética relativamente baixa, especialmente quando comparada ao Pacífico Leste e ao Indo-Pacífico. Além disso, a recente expansão populacional dos indivíduos reprodutores na costa brasileira resultou em uma redução adicional da diversidade genética (Vilaça et al. 2022). Apesar disso, estudos indicam que, mesmo com esse histórico, os dados de microssatélites sugerem um cenário de recente estabilidade demográfica (Garza e Williamson, 2001; Hahn, 2011).

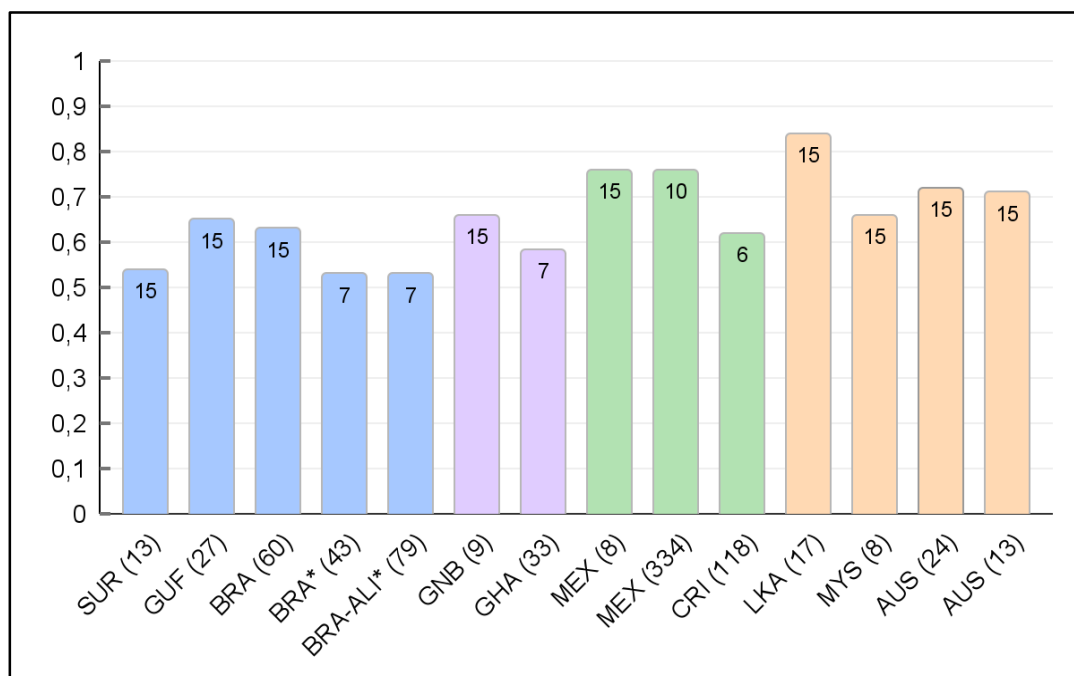


Figura 16 - Comparação das heterozigosidades (eixo y) com as respectivas localidades com o número de loci utilizados em cada estudo dentro das barras e o N amostral entre parênteses (eixo x). *Valores obtidos neste estudo. Abreviações: SUR = Suriname¹, GUF = Guiana Francesa¹, BRA = Brasil¹, BRA-ALI = Brasil Alimentação, GNB = Guiné-Bissau¹, GHA = Gana², MEX = México^{1,5}, CRI = Costa Rica⁶, LKA = Sri Lanka¹, MYS = Malásia¹, AUS = Austrália⁴. Azul = Atlântico Oeste, roxo = Atlântico Leste, verde = Pacífico e laranja = Indo-Pacífico. ¹ Vilaça et al. 2022, ² Ferrera et al. 2021, ⁴ Jensen et al. 2013, ⁵ Rodrigues-Zárate et al. 2013, ⁶ Silver-Georges 2020.

A análise da diversidade genética entre as áreas de desova de *Lepidochelys olivacea* ao longo da costa brasileira revelou diferenças marcantes entre as áreas de desova de Sergipe, Bahia e Espírito Santo. A área de desova da Bahia apresentou valores ligeiramente mais baixos de diversidade alélica, mas com uma heterozigosidade maior que aquela observada na localidade de desova do Sergipe. Esse excesso de heterozigotos nas localidades de desova de Sergipe e Bahia pode indicar uma população geneticamente equilibrada, sem evidências significativas de endogamia (Hedrick e Kalinowski, 2000). Esse padrão pode estar associado à intensa movimentação de indivíduos entre áreas de desova ao longo do Atlântico, favorecendo o fluxo gênico e a manutenção de níveis elevados de variabilidade genética.

A localidade de desova do Espírito Santo apresentou a menor diversidade alélica e heterozigótica entre as regiões de desova amostradas, apresentando um coeficiente de endogamia positivo, ao contrário da população de Sergipe e Bahia. O déficit de heterozigotos encontrado pela localidade de desova do ES pode ser frequentemente associado a processos como endogamia, deriva genética ou à existência de estrutura genética em pequenas escalas

geográficas (Hartl e Clark, 1989; Frankham et al. 2018). Como essa localidade é considerada uma área secundária de desova, Sergipe e Bahia são áreas prioritárias com densidade populacional maior (Castilhos et al. 2011). Espera-se que a localidade do ES possua índices de diversidade menores.

A população de desova de Sergipe apresentou maior número de alelos privados em comparação com as populações de desova da Bahia e Espírito Santo. A presença de mais alelos privados na população, pode indicar uma maior diversidade genética e potencial adaptativo, contribuindo para a capacidade da população em responder a mudanças ambientais e reduzir o risco de extinção (Frankham, 2002). Esse resultado sugere que os indivíduos que contribuem geneticamente para a população do Sergipe podem estar vindo de outras populações do Atlântico não analisadas no trabalho.

A área de alimentação apresentou maior quantidade de alelos e presença de alelos privados que a área de desova, porém o número efetivo de alelos e a heterozigosidade foi semelhante entre os grupos. Isto é um padrão comum para as tartarugas marinhas (áreas de alimentação com maior diversidade que desova), ao indicar que há indivíduos vindos de lugares distintos durante a fase de alimentação se concentrando, levando há um fluxo gênico mais complexo e conseqüentemente uma diversidade maior nas áreas de alimentação (Slatkin, 1987). Os valores de diversidade genética nas áreas de alimentação são muito inferiores ao esperado para regiões com estoques mistos (Puertas et al. 2025), conforme também observado nos microssatélites neste estudo. Por isso, embora haja a possibilidade de mistura de animais provenientes de diferentes localidades nessas áreas, as estimativas de diversidade genética permanecem muito baixas.

Além da *L. olivacea*, as áreas de desova de Sergipe, Bahia e Espírito Santo são compartilhadas por outra espécie de tartarugas marinhas, a *C. caretta*. Já a área do Espírito Santo também é compartilhada com *D. coriacea*. A tartaruga-cabeçuda, *C. caretta*, por exemplo, que desova nessas localidades, apresenta a mais alta diversidade de microssatélites entre todas as espécies de tartarugas marinhas da costa do Brasil ($H_o = 0,84$, Ludwig et al. 2023). Em contraste, a tartaruga-de-couro, *D. coriacea*, que apresenta desova exclusivamente no Espírito Santo, e apresenta heterozigosidade equiparável à tartaruga-oliva ($H_o = 0,66$, Vargas et al. 2022).

Em suma, neste trabalho observamos que a *L. olivacea* apresenta baixa diversidade genética, tanto em áreas de desova quanto em áreas de alimentação na costa brasileira. Essa baixa diversidade também se mantém quando comparada a outras regiões oceânicas (Figura 16).

Esse fato pode refletir padrões históricos de colonização mais recente (Duchene et al. 2012) e/ou menor fluxo gênico entre as áreas de nidificação e alimentação.

5.2. Estrutura Genética Populacional

A estrutura genética dessa espécie pode variar conforme os padrões migratórios, com algumas populações ao redor do mundo mostrando um alto grau de conectividade genética, enquanto outras apresentam um maior isolamento. Por exemplo, Bowen et al. (1997) sugeriram que as populações de *L. olivacea* do Atlântico Norte apresentam maior conectividade devido a migrações longitudinais entre áreas de alimentação e desova. Enquanto, Jensen et al. (2019) observaram que populações no Pacífico, especificamente na Austrália, possuem comportamentos migratórios mais restritos e exibem maior separação genética entre outras populações. Esses estudos demonstram como as variações nos padrões de dispersão influenciam diretamente a estrutura genética, evidenciando a importância de considerar esses fatores para uma compreensão mais precisa da dinâmica populacional dessa espécie.

O gênero *Lepidochelys* é mais novo de todos os outros gêneros de tartaruga-marinha, com cerca de 18 milhões de anos atrás, além disso, uma suposta espécie ancestral desse gênero foi isolada há 5 milhões de anos pela barreira vicariante do Istmo do Panamá, dando origem a duas espécies: *L. kempii* (0,066 MA), que atualmente é restrita ao mar do Caribe no Atlântico e a *L. olivacea* (2.7 MA - Pacífico) (Duchene et al. 2012). Logo, a tartaruga-oliva se expandiu para o Índico durante o Pleistoceno e colonizou o Atlântico através do Cabo da Boa Esperança, na África do Sul, há 230 mil anos, fato que pode explicar a baixa estrutura genética da tartaruga-oliva no Atlântico (Bowen et al. 1997; Shanker et al. 2004; Duchene et al. 2012).

De maneira geral, as áreas de desova e alimentação de tartarugas-oliva ao longo da costa brasileira não mostram uma estrutura genética clara. Tanto as análises do STRUCTURE, como a AMOVA, mostram que os indivíduos da costa brasileira partilham a mesma ancestralidade e a maioria da variação genética observada ocorre dentro dos indivíduos, e não entre as diferentes áreas amostradas. Esse padrão corrobora a ideia de que elas fazem parte de uma única Unidade de Manejo Regional (RMU) no Atlântico Sudoeste, onde existe um fluxo gênico entre as diferentes áreas (Wallace et al. 2023). A RMU do Atlântico Oeste inclui as populações reprodutivas do Espírito Santo, Bahia e Sergipe, juntamente com os indivíduos que forrageiam ao longo da costa brasileira e até em áreas do continente africano. Essas áreas compartilham

características ambientais e biológicas semelhantes, o que pode explicar a ocupação comum por tartarugas-oliva (Wallace et al. 2023).

Mesmo em populações geograficamente distantes no Atlântico, como Brasil, Guiana Francesa, Suriname e Guiné-Bissau, os estudos apontam para uma forte conectividade genética (Vilaça et al. 2022). Além disso, em outras regiões oceânicas, como o Indo-Oeste Pacífico e o Leste do Pacífico, embora exista uma diferenciação genética entre as populações, dentro dessas áreas, as subpopulações são geneticamente bastante conectadas (Vilaça et al. 2022).

Ao analisarmos separadamente as áreas de desova e alimentação, percebemos uma estrutura genética sutil nas áreas de desova, enquanto as áreas de alimentação mostram uma maior conectividade. As análises de F_{ST} mostram uma diferenciação genética de baixa a moderada entre as áreas de desova, o que está conforme os padrões observados no DAPC e no PCoA, reforçando que essas populações não são totalmente homogêneas. Já nas áreas de alimentação, a distinção é menos evidente nas análises de agrupamento, e os valores de F_{ST} , embora significativos, são geralmente menores do que os observados entre as áreas de desova, sugerindo uma maior conexão genética entre esses agregados. Esses resultados também foram corroborados pela análise de componentes principais (DAPC), que, apesar de apresentar algumas limitações, reforça a ideia de uma homogeneização entre essas áreas.

Entre as áreas de desova no Brasil verificamos a ausência de estrutura genética entre Sergipe e Bahia, evidenciada pela análise de PCoA. Isto sugere um fluxo gênico moderado entre essas colônias, o que é esperado, dado o comportamento filopátrico das fêmeas (Bowen et al. 1998; Avise, 2000). Essa proximidade genética é provavelmente influenciada pela proximidade geográfica e pela dispersão de juvenis pelas correntes marinhas (Márquez, 1990; Dutton et al. 2013). Já a diferenciação genética moderada entre as subpopulações da Bahia e do Espírito Santo pode refletir barreiras naturais ou até mesmo o comportamento mais restrito das fêmeas em relação ao local de nidificação (Bowen et al. 2005; Shamblin et al. 2014).

Entre as áreas de alimentação, uma estrutura genética sutil também se verifica. Embora os padrões genéticos variem, algumas localidades têm mais semelhanças entre si, enquanto outras mostram uma diferenciação maior. Isso provavelmente está relacionado ao uso de áreas de forrageio específicas, influenciadas pela disponibilidade de recursos alimentares ao longo da costa brasileira e do Atlântico (Shamblin et al. 2014; Bezerra et al. 2020). As correntes marinhas e outros fatores oceanográficos também desempenham um papel importante na distribuição das tartarugas e, conseqüentemente, na conectividade entre as áreas de alimentação.

O PCoA e F_{ST} reforçam a ideia de que, embora haja uma boa conectividade entre as áreas de alimentação, ainda existe alguma diferenciação genética entre elas. Essa diferenciação é mais pronunciada entre Ceará e Santa Catarina, e Rio de Janeiro com Santa Catarina, sugerindo que existem rotas migratórias distintas entre essas regiões, o que faz sentido considerando os padrões de migração sazonal das tartarugas (Shamblin et al. 2014; Lahanas et al. 1998). Além disso, a proximidade genética entre as populações de Paraná e Bahia indica um intercâmbio genético mais frequente, enquanto a maior divergência entre Rio Grande do Sul e Espírito Santo pode estar relacionada a barreiras geográficas ou comportamentais. A baixa diferenciação nos loci microssatélites podem ser explicada pelo fluxo gênico mediado por machos, o que é um padrão comum em tartarugas marinhas, e que ajuda a manter uma diversidade genética em uma mesma colônia de desova (Bowen e Karl, 2007).

Esses resultados ressaltam a complexidade da estrutura genética das tartarugas marinhas e a importância de estratégias de conservação que integrem tanto a conectividade genética entre as localidades, quanto às características específicas de cada localidade em que a espécie ocorre. A proteção das áreas de alimentação e dos sítios de desova deve ser uma prioridade, pois ambas são essenciais para a manutenção da diversidade genética e a sobrevivência da espécie ao longo do tempo.

5.3. Origem dos animais em áreas de alimentação

A falta de estruturação genética evidente entre as áreas de desova do Brasil, observada recorrendo a sete loci de marcadores microssatélites, limitou a determinação da origem dos animais em áreas de alimentação. Ademais, a presença de alelos privados em 28 dos 79 animais representantes das seis localidades de alimentação estudadas, pode indicar a contribuição genética de indivíduos externos às colônias brasileiras. Mais estudos utilizando mais amostras das áreas de desova, inclusive de regiões do Norte e Leste do Atlântico, são necessários para determinar a origem das tartarugas-oliva nas áreas de alimentação.

O aumento no número de loci microssatélites é crucial para tentar elucidar as lacunas, uma vez que mais loci podem melhorar a capacidade de detectar diferenciação genética em populações com fluxo gênico elevado. A inclusão de novos loci pode aumentar a sensibilidade da análise e permitir a detecção de padrões de estruturação mais sutis que não foram capturados nos sete loci utilizados no estudo atual. Além disso, outras abordagens podem ser exploradas

para investigar a origem dos animais. O sequenciamento de nova geração (NGS), por exemplo, permitiria identificar variantes genéticas adicionais, como SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único), o que pode oferecer uma resolução maior na diferenciação genética entre as colônias de desova. Também poderia ser útil a análise conjunta de marcadores mitocondriais e nucleares, eficazes em estudos de estruturação populacional e complementam os dados de microssatélites (Vilaça et al. 2022). Por fim, outras metodologias, como estudos com isótopos estáveis como o de Medeiros et al. (2019) para *C. caretta* e trabalhos de telemetria em populações de desova do Suriname, Guiana Francesa e países do continente africano com altas concentrações de animais também poderiam ajudar a elucidar a possível conexão entre as regiões.

5.4. Limitações do Estudo

Apesar do amplo esforço amostral, (N = 320), somente 38% das amostras puderam ser genotipadas com sucesso. Este baixo sucesso na genotipagem pode ter sido resultado da baixa qualidade de DNA extraído, uma vez que grande parte das amostras (176 amostras) advém de animais em avançado estado de decomposição. Essa degradação das amostras pode ter resultado em fragmentação do DNA, contaminação enzimática e/ou degradação das bases nitrogenadas (Butler, 2005), dificultando a obtenção de moléculas íntegras, e por consequência afetando os processos de análise e interpretação genética e podendo levar à perda de alelos e à mistura de DNA (Foran, 2006). Ademais, o DNA nuclear, alvo do nosso estudo, é mais suscetível à degradação do que o DNA mitocondrial tornando-se mais vulnerável à ação de enzimas (Li, 2008). Assim, amostras frescas e bem preservadas são fundamentais para a obtenção de DNA de alta qualidade (Neves, 2010). Estudos anteriores já demonstraram que a degradação do DNA extraído de tecidos de indivíduos mortos pode comprometer sua qualidade, resultando em falhas na genotipagem (Dutton et al. 2008; Vilaça et al. 2022).

O baixo sucesso na genotipagem, bem como a amostragem desigual entre estados brasileiros, contribuiu para uma representatividade desigual entre as localidades, resultando em um viés na cobertura geográfica dos dados genéticos. Embora estados como Ceará, Espírito Santo e Rio de Janeiro tenham apresentado um número considerável de indivíduos genotipados, locais como Alagoas, com somente uma amostra, foram excluídos das análises. Essa disparidade limita a abrangência das conclusões, pois uma amostragem insuficiente em determinadas regiões pode distorcer a percepção dos padrões de diversidade genética e estrutura populacional das tartarugas marinhas no Brasil. Dessa forma, é essencial ampliar os esforços

de amostragem ao longo da costa brasileira para garantir uma representação mais equilibrada das populações e evitar a exclusão de informações cruciais que possam impactar negativamente as estratégias de conservação (Reid et al. 2019; Vilaça et al. 2022).

Outro fator limitante deste trabalho foi o número reduzido de microssatélites usados para as análises e inferências genéticas. A decisão de excluir de três loci microssatélites (OR2, OR3 e OR7), apesar de melhorar a precisão das análises genéticas, reduziu o nosso número de marcadores de 10 para 7. Idealmente, a utilização de mais loci microssatélites, preferencialmente mais de dez, é recomendada para aumentar a confiabilidade das inferências genéticas. Embora a quantidade utilizada ainda permita análises relevantes, um número reduzido de loci pode aumentar a chance de interpretações menos precisas (Hahn, 2011; Turchetto-Zolet et al. 2013).

O marcador OR2 apresentou uma frequência elevada de alelos nulos, o que pode comprometer a estimativa da estrutura populacional e da diversidade genética (Paetkau e Strobeck, 1995). No entanto, em estudos anteriores com *L. olivacea* do Atlântico, não foi detectada a presença de alelos nulos para esse marcador (Hahn, 2011; Vilaça et al. 2022). O surgimento de alelos nulos no presente estudo pode ter sido causado por mutações nos sítios de ancoragem dos primers, impedindo a amplificação de alguns alelos (Callen et al. 1993; Chapuis e Estoup, 2007).

O locus OR3, em particular, apresentou-se monomórfico, indicando ausência de variabilidade genética entre os indivíduos amostrados. Esse padrão já havia sido documentado por Aggarwal et al. (2004) em *L. olivacea*, no entanto, estudos mais recentes para a espécie reportaram esse marcador como polimórfico (Hahn, 2011; Ferrera et al. 2021). Esse resultado pode ser consequência da fixação alélica, possivelmente devido à deriva genética ou ao fato de esse marcador ser pouco informativo para essa população.

Além disso, os marcadores OR7 e OR22 apresentaram ligação entre eles, geralmente o desequilíbrio de ligação surge devido à herança correlacionada de um loci por meio de conexão física em um cromossomo e seu surgimento pode ser influenciado por taxas de recombinação, estrutura populacional e processos evolutivos (Weir, 1979; Oraguzie et al. 2007). Esses loci já apresentaram ligação em populações da Costa Rica e México, no Oceano Pacífico (Silver-Gorges et al. 2020). Porém, no Atlântico, ainda não havia sido documentada a ligação genética entre esses loci (Hahn, 2011; Vilaça et al. 2022).

Embora o número de loci de microssatélites utilizados neste estudo seja inferior ao de algumas pesquisas (por exemplo, quinze no Sri Lanka - Vilaça et al. 2022), outros estudos

utilizaram menos loci (por exemplo, seis na Costa Rica - Silver-Georges, 2020). Os sete loci de microssatélites utilizados neste estudo são comparáveis a vários outros trabalhos, incluindo estudos de localidades dos oceanos Pacífico, Índico e Atlântico (Tabela Suplementar 1). A nossa seleção foi guiada pela qualidade e consistência da amplificação e pela necessidade de minimizar erros de genotipagem. Apesar do número menor, os sete loci utilizados são altamente polimórficos e validados em pesquisas anteriores (Fitzsimmons et al. 1995; Aggarwal et al. 2004; Aggarwal et al. 2008).

As limitações encontradas neste estudo, incluindo o uso de amostras em alto estágio de decomposição, a necessidade de maior representatividade geográfica e a otimização da seleção de loci, destacam a importância de abordagens complementares para o estudo da genética populacional da tartaruga-oliva.

6. Conclusão

Este estudo teve como objetivo entender melhor a conectividade e diversidade das populações de tartarugas-oliva nas áreas de desova e nos agregados de alimentação no Atlântico Sudoeste, utilizando marcadores microssatélites. Os resultados evidenciaram padrões de diferenciação genética distintos entre essas duas áreas, apesar dos valores de diversidade serem bem parecidos. Apesar de haver uma baixa estruturação genética entre as populações de desova, não houve uma separação clara entre as áreas de desova e alimentação. Esse estudo é um passo importante para entendermos a dinâmica genética dessas tartarugas e abre caminho para explorar ainda mais as populações ao longo de todo o Atlântico Sudoeste.

A baixa estrutura genética nos loci microssatélites pode ser explicada pelo fluxo gênico mediado pelos machos, um padrão comum entre as tartarugas marinhas, que acaba suavizando a diferenciação genética (Bowen e Karl, 2007). Esse fenômeno já foi observado em outras regiões oceânicas (Aggarwal et al. 2006; Vilaça et al. 2022). Além disso, os microssatélites refletem a complexidade da diversidade genética das tartarugas, que, por serem animais migratórios, apresentam padrões genéticos menos diferenciados entre grupos geograficamente distintos (Jensen et al. 2013).

Os resultados obtidos destacam a importância de pensarmos em estratégias de conservação que considerem tanto a conectividade das populações em grandes escalas quanto às particularidades locais. Embora a falta de estrutura genética clara indique ações coordenadas ao longo de toda a costa brasileira, a estruturação observada em algumas áreas mostra que

medidas regionais também são essenciais para garantir a proteção da espécie. No futuro, seria interessante integrar dados genéticos com modelos de dispersão oceânica, o que nos ajudaria a entender melhor o fluxo gênico e a conectividade entre as populações. A combinação dessas abordagens genéticas e ecológicas é fundamental para desenvolver estratégias de conservação mais precisas e eficazes, que considerem tanto a diversidade genética quanto os movimentos migratórios das tartarugas.

Referências

- ABREU-GROBOIS, A.; PLOTKIN, P. (IUCN SSC Marine Turtle Specialist Group). *Lepidochelys olivacea*. The IUCN Red List of Threatened Species, 2008.
- ADAMACK, A. T.; GRUBER, B. PopGenReport: simplifying basic population genetic analyses in R. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 5, n. 4, p. 384-387, 2014.
- AGGARWAL, R. K.; VELAVAN, T. P.; UDAYKUMAR, D.; HENDRE, P. S.; SHANKER, K.; CHOUDHURY, B. C.; SINGH, L. Development and characterization of novel microsatellite markers from the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*). *Mol Ecol NOTES*, V. 4, P. 77-79, 2004.
- AGGARWAL, R. K.; LALREMRUATA, A.; VELAVAN, T. P.; PAVANI SOWJANYA, A.; SINGH, L. DEVELOPMENT AND CHARACTERIZATION OF TEN NOVEL MICROSATELLITE MARKERS FROM OLIVE RIDLEY SEA TURTLE (*LEPIDOCHELYS OLIVACEA*). *CONSERV GENET*, V. 9, P. 981-984, 2008.
- AGUIRRE, A. A.; LUTZ, P. L. Marine turtles as sentinels of ecosystem health: is fibropapillomatosis an indicator? *EcoHealth*, v. 1, p. 275-283, 2004.
- ALMEIDA, A. P. Comportamento Reprodutivo de Tartarugas Marinhas. Projeto Tamar, 2001.
- BHOYAR, L.; MEHAR, P.; CHAVALI, K. An overview of DNA degradation and its implications in forensic caseworks. *Egyptian Journal of Forensic Sciences*, v. 14, n. 1, p. 15, 2024.
- BOLTEN, A. B. Variation in sea turtle life history patterns: neritic vs. oceanic developmental stages. *The biology of sea turtles*, v. 2, p. 243-257, 2003.
- BOWEN, B. W.; CLARK, A. M.; ABREU-GROBOIS, F. A.; CHAVES, A.; REICHART, H. A.; FERL, R. J. Global phylogeography of the ridley sea turtles (*Lepidochelys* spp.) as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Genetica*, v. 101, p. 179-189, 1997.
- BOWEN, B. W.; KARL, S. A. Population genetics and phylogeography of sea turtles. *Molecular ecology*, v. 16, n. 23, p. 4886-4907, 2007.

BRUFORD, M. W.; HANOTTE, O. L. I. V. I. E. R.; BROOKFIELD, J. F. Y.; BURKE, T. Single-locus and multilocus DNA fingerprinting. In: Hoelzel AR (ed) Molecular genetic analyses of populations. A Practical Approach. IRL Press, 225-269p. 1992.

BUTLER, J. M. Forensic DNA typing. Biology, technology and genetics of STR markers. Elsevier Academic Press, 2005.

CALLEN, D. F.; THOMPSON, A. D.; SHEN, Y.; PHILLIPS, H. A.; RICHARDS, R. I.; MULLEY, J. C.; SUTHERLAND, G. R. Incidence and origin of " null" alleles in the (AC) n microsatellite markers. American journal of human genetics, v. 52, n. 5, p. 922, 1993.

CARR, A. The Ascension Island green turtle colony. Copeia, p. 547-555, 1975.

CASTILHOS, J. C.; COELHO, C. A.; ARGOLO, J. F.; DOS SANTOS, E. A. P.; MARCOVALDI, M. Â.; DOS SANTOS, A. S.; LOPEZ, M. Avaliação do estado de conservação da tartaruga marinha *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829) no Brasil. *Biodiversidade Brasileira*, 1(1). 2011

CASTILHOS, J. C.; TIWARI, M. Preliminary data and observations from an increasing olive ridley population in Sergipe, Brazil. Marine Turtle Newsletter, v. 113, p. 6-7, 2006.

CHAPUIS, M. P.; ESTOUP, A. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. Molecular biology and evolution, v. 24, n. 3, p. 621-631, 2007.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical bulletin, 1987.

DUCHENE, S.; FREY, A.; ALFARO-NÚÑEZ, A.; DUTTON, P. H.; GILBERT, M. T. P.; MORIN, P. A. Marine turtle mitogenome phylogenetics and evolution. Molecular phylogenetics and evolution, v. 65, n. 1, p. 241-250, 2012

DUTTON, P. H. Methods for collection and preservation of samples for sea turtle genetic studies. In: Proceedings of the international symposium on sea turtle conservation genetics. NOAA Technical Memorandum NMFSSSEFSC-396, p. 17-24. 1996.

ECKRICH, C. E.; OWENS, D. W. Solitary versus arribada nesting in the olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*): a test of the predator-satiation hypothesis. Herpetologica, p. 349-354, 1995.

EMBRAPA. Fundamentos teórico-práticos e protocolos de extração e de amplificação de DNA por meio da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase. Embrapa Pecuária Sudeste São Carlos, SP. 2007.

ENCALADA, S. E. Conservation genetics of Atlantic and Mediterranean green turtles: inferences from mtDNA sequences. ON SEA TURTLE CONSERVATION GENETICS, p. 33, 1996.

FERREIRA JÚNIOR, P. D. Aspectos ecológicos da determinação sexual em tartarugas. Acta Amazonica, v. 39, p. 139-154, 2009.

FERRERA, A.; FORMIA, A.; CIOFI, C.; NATALI, C.; AGYEKUMHENE, A.; ALLMAN, P. Genetic structure of olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*) in Ghana, West Africa. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, v. 544, p. 151614, 2021.

FITZSIMMONS, N. N.; MORITZ, C.; MOORE, S. S. Conservation and dynamics of microsatellite loci over 300 million years of marine turtle evolution. *Molecular Biology and Evolution*, v. 12, n. 3, p. 432-440, 1995.

FOLEY, A. M.; DUTTON, P. H.; SINGEL, K. E.; REDLOW, A. E.; TEAS, W. G. The first records of olive ridleys in Florida, USA. *Marine Turtle Newsletter*, v. 101, n. 23-25, 2003.

FONSECA, L. G.; MURILLO, G. A.; GUADAMÚZ, L.; SPÍNOLA, R. M.; VALVERDE, R. A. Downward but stable trend in the abundance of arribada olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*) at Nancite Beach, Costa Rica (1971–2007). *Chelonian Conservation and Biology*, v. 8, n. 1, p. 19-27, 2009.

FORAN, D. R. Relative degradation of nuclear and mitochondrial DNA: an experimental approach. *Journal of forensic sciences*, v. 51, n. 4, p. 766-770, 2006.

FRANKHAM, R. *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press, 2002.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. *Conservation genetics*. 2018.

FRETEY, J.; NDOYE, A.; FALL, A. New Northern Limit of Nesting of *Lepidochelys olivacea* in the East Atlantic Ocean: North Senegal (West Africa). *Marine Turtle Newsletter*, v. 135, p. 19-20, 2012.

GARZA, J. C.; WILLIAMSON, E. G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular ecology*, v. 10, n. 2, p. 305-318, 2001.

GERACI, J. R.; LOUNSBURY, V. J. *Marine mammals ashore: a field guide for strandings*. National Aquarium in Baltimore. p. 183-184. 2005.

GODFREY, M. H.; CHEVALIER, J. The status of olive ridley sea turtles in the West Atlantic. Unpublished report to the Marine Turtle Specialist Group of the SSC/IUCN, 2004.

González-Paredes, D.; Vélez-Rubio, G.; Hahn, A. T.; Caraccio, M. N., & Estrades, A. New records of *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829) (Testudines, Cheloniidae) provide evidence that Uruguayan waters are the southernmost limit of distribution for the species in the western Atlantic Ocean. *Check List*, v. 13, n. 6, p. 863, 2017.

GRUBER, B.; ADAMACK, A. T. Landgenreport: a new R function to simplify landscape genetic analysis using resistance surface layers. *Molecular Ecology Resources*, v. 15, n. 5, p. 1172-1178, 2015.

GUIMARÃES, S. M.; TAVARES, D C.; MONTEIRO-NETO, C. Incidental capture of sea turtles by industrial bottom trawl fishery in the Tropical South-western Atlantic. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, v. 98, n. 6, p. 1525-1531, 2018.

HAHN, A. T. Filogeografia global da tartaruga oliva (*Lepidochelys olivacea*). 2011. 107 f. Tese (Doutorado em Zoologia) - Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2011.

HANCOCK, J. M. Desafios na conservação das Tartarugas Marinhas nos países lusófonos: procurando soluções no turismo. 2011.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. Principles of population genetics. 1989.

HEDRICK, P. W.; KALINOWSKI, S. T. Inbreeding depression in conservation biology. Annual review of ecology and systematics, v. 31, n. 1, p. 139-162, 2000

HOFFMANN, L. V.; BARROSO, P. A. V. Marcadores moleculares como ferramentas para estudos de genética de plantas. Embrapa. 2006.

HONARVAR, S. Nesting ecology of olive ridley (*Lepidochelys olivacea*) turtles on arribada nesting beaches. 2007. Tese de Doutorado. Drexel University.

IUCN. 2024. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2023-1. Available at: www.iucnredlist.org. (Accessed: 21 April 2024).

JENSEN, Michael P.; LIMPUS, Colin J.; WHITING, Scott D.; GUINEA, Michael; PRINCE, Robert I. T.; DETHMERS, Kiki E. M.; ADNYANA, Ida Bagus Windia; KENNETT, Rod; FITZSIMMONS, Nancy N. Defining olive ridley turtle *Lepidochelys olivacea* management units in Australia and assessing the potential impact of mortality in ghost nets. *Endangered Species Research*, v. 21, n. 3, p. 241–253, 2013.

JENSEN, M. P.; ABREU-GROBOIS, F. A.; FRYDENBERG, J.; LOESCHCKE, V. Microsatellites provide insight into contrasting mating patterns in arribada vs. non-arribada olive ridley sea turtle rookeries. *Molecular Ecology*, v. 15, n. 9, p. 2567-2575, 2006.

JOMBART, T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, v. 24, n. 11, p. 1403-1405, 2008.

JOMBART, T.; AHMED, I. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*, v. 27, n. 21, p. 3070-3071, 2011.

JOMBART, T.; DEVILLARD, S.; BALLOUX, F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC genetics*, v. 11, p. 1-15, 2010.

KAMVAR, Z. N.; BROOKS, J. C.; GRÜNWARD, N. J. Novel R tools for analysis of genome-wide population genetic data with emphasis on clonality. *Frontiers in genetics*, v. 6, p. 208, 2015.

KAMVAR, Z. N.; TABIMA, J. F.; GRÜNWARD, N. J. Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*, v. 2, p. e281, 2014.

KOPPELMAN; N. M.; MAYZEL; J.; JAKOBSSON; M.; ROSENBERG; N. A.; MAYROSE; I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources*, v. 15, n. 5, p. 1179-1191, 2015.

KOPITSKY, K.; PITMAN, R. L.; PLOTKIN, P. Investigations on at-sea mating and reproductive status of olive ridleys, *Lepidochelys olivacea*, captured in the eastern tropical Pacific. In: *Proceedings of the 19th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation*. NOAA. 291p. 2000.

LAHANAS; P. N.; BJORN DAL; K. A.; BOLTEN; A. B.; ENCALADA; S. E.; MIYAMOTO; M. M.; VALVERDE; R. A.; BOWEN; B. W. Genetic composition of a green turtle (*Chelonia mydas*) feeding ground population: evidence for multiple origins. *Marine Biology*, v. 130, p. 345-352, 1998.

LI, R. *Forensic biology: identification and DNA analysis of biological evidence*. CRC press, 2008.

LÓPEZ-BARRERA; E. A.; REIS; E. C.; VILAÇA; S. T.; VARGAS; S. M. Genetics and conservation of sea turtles. *Advances in research techniques for the study of sea turtles*. 1st edition. Nova Publishers, New York, p. 119-163, 2016.

LUDWIG; S.; AMORIM; L.; BARCELOS; A. C.; GUIMARÃES; P.; MEDEIROS; L.; ERICKSON; J.; VARGAS; S. M. Going deeper into the molecular ecology of the Southwest Atlantic *Caretta caretta* (Testudinata: Cheloniidae), what do microsatellites reveal to us?. *Marine Biology*, v. 170, n. 7, p. 78, 2023.

MARCOVALDI, M. A. Status and distribution of the olive ridley turtle, *Lepidochelys olivacea*, in the Western Atlantic Ocean. In: *Proceedings of the Regional Meeting, Marine Turtle Conservation in the Wider Caribbean Region: A Dialogue for Effective Regional Management*, Santo Domingo. p. 16-18.1999.

MÁRQUEZ, R. M. *Sea turtles of the world*. FAO Fisheries synopsis, v. 11, n. 125, p. I, 1990.

MARUYAMA; A. S.; BOTTA; S.; BASTOS; R. F.; DA SILVA; A. P.; MONTEIRO; D. S. Feeding ecology of the olive ridley turtle (*Lepidochelys olivacea*) in southern Brazil. *Marine Biology*, v. 170, n. 10, p. 131, 2023.

MATOS; L.; SILVA; A. C.; CASTILHOS; J. C.; WEBER; M. I.; SOARES; L. S.; VICENTE; L. Strong site fidelity and longer internesting interval for solitary nesting olive ridley sea turtles in Brazil. *Marine biology*, v. 159, p. 1011-1019, 2012.

MELO; M. R.; MARTINS; A. R.; BARBOSA; I. V.; ROMANO; P.; SHCOLNIK; W. Coleta, transporte e armazenamento de amostras para diagnóstico molecular. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*, v. 46, p. 375-381, 2010.

METCALFE, Kristian; AGAMBOUÉ, Pierre Didier; AUGOWET, Eric; BOUSSAMBA, Francois; CARDIEC, Floriane; FAY, J. Michael; FORMIA, Angela; KEMA KEMA, Judicael

Régis; KOUEREY, Carmen; KOUMBA MABERT, Brice Didier; MAXWELL, Sara M.; MINTON, Gianna; MOUNGUENGUI MOUNGUENGUI, Gil Avery; MOUSSONDA, Carine; MOUKOUMOU, Narcisse; MANFOUMBI, Jean Churley; MEGNE NGUEMA, Anicet; NZEGOUÉ, Jacob; PARNELL, Richard J.; DU PLESSIS, Philippe; SOUNGUET, Guy-Philippe; TILLEY, Dominic; VERHAGE, Sebastian; VILJOEN, Wynand; WHITE, Lee; WITT, Matthew J.; GODLEY, Brendan J. Going the extra mile: ground-based monitoring of olive ridley turtles reveals Gabon hosts the largest rookery in the Atlantic. *Biological Conservation*, v. 190, p. 14-22, 2015.

MEYLAN, A. B.; MEYLAN, P. A. Introduction to the evolution, life history, and biology of sea turtles. p. 3-5. In: ECKERT, Karen L., BJORN DAL, Karen A., ABREU-GROBOIS, F. Alberto; DONNELLY, M. *Research and management techniques for the conservation of sea turtles. IUCN/SSC Marine Turtle Specialist Group Publication*, nº 4, 1999.

MILLER, J. D. Reproduction in sea turtles. *The biology of sea turtles*, 1997.

MORAIS, M.; TIWARI, M. Surveys of the Angolan coast uncover the largest olive ridley sea turtle nesting population in the Atlantic and the largest non-arribada population globally. *Oryx*, v. 56, n. 5, p. 789-797, 2022.

MUSICK, J. A.; LIMPUS, C. J. Habitat utilization and migration in juvenile sea turtles. In: *The Biology of Sea Turtles, Volume I*. CRC Press, 2017. p. 137-163.

NEVES, V. C. Avaliação de protocolos de extração de DNA empregados na detecção de *Trypanosoma cruzi* Chagas, 1909 por PCR em triatomíneos. 2010. 162 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Parasitária) - Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, 2010.

OCANA, M. A. S. Arribada nesting of olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*) at La Escobill, Mexico. 2010.

ORAGUZIE; N. C.; WILCOX; P. L.; RIKKERINK; E. H.; DE SILVA; H. N. Linkage disequilibrium. In: *Association mapping in plants*. New York, NY: Springer New York. p. 11-39. 2007.

PALSBØLL, P. J.; BERUBE, M.; ALLENDORF, Fred W. Identification of management units using population genetic data. *Trends in ecology & evolution*, v. 22, n. 1, p. 11-16, 2007.

PEAKALL, R.; SMOUSE P. E. GenA1Ex 6.5: análise genética em Excel. Software de genética populacional para ensino e pesquisa - uma atualização. *Bioinformática* 28, 2537-2539, 2012.

PAETKAU, D.; STROBECK, C. The molecular basis and evolutionary history of a microsatellite null allele in bears. *Molecular ecology*, v. 4, n. 4, 1995.

PETITET; R.; AVENS; L.; CASTILHOS; J. C.; KINAS; P. G.; BUGONI; L. Age and growth of olive ridley sea turtles *Lepidochelys olivacea* in the main Brazilian nesting ground. *Marine Ecology Progress Series*, v. 541, p. 205-218, 2015.

- POLOVINA; J. J.; BALAZS; G. H.; HOWELL; E. A.; PARKER; D. M.; SEKI; M. P.; DUTTON; P. H. Forage and migration habitat of loggerhead (*Caretta caretta*) and olive ridley (*Lepidochelys olivacea*) sea turtles in the central North Pacific Ocean. *Fisheries Oceanography*, v. 13, n. 1, p. 36-51, 2004.
- PRENDINI, L.; HANNER, R.; DESALLE, R. Obtaining, storing and archiving specimens and tissue samples for use in molecular studies. *Techniques in molecular systematics and evolution*, p. 176-248, 2002.
- PRITCHARD, P. C. H. Sea turtles of the Guianas. *Bulletin of the Florida Museum of Natural History*, v. 13, n. 2, p. 85-140, 1969.
- PRITCHARD, P. C. H.; MORTIMER, J. A. Taxonomy, external morphology, and species identification. p. 21-40. In: *ECKERT, Karen L., BJORN DAL, Karen A., ABREU-GROBOIS, F. Alberto; DONNELLY, M. Research and management techniques for the conservation of sea turtles. IUCN/SSC Marine Turtle Specialist Group Publication, n° 4, 1999.*
- PUERTAS, I. P.; FOERSTE, B.; ESTIMA, S. C.; DA SILVA, A. P.; OLIVEIRA, B. S. S. P.; PATIRI, V. J. A.; GASPAR, R. S.; DE CASTILHOS, J. C.; LIMA, E. H. S. M.; DOS SANTOS, A. S.; DE ALMEIDA, D. T.; STAHELIN, G. D.; VÉLEZ-RUBIO, G. M.; VARGAS, S. M.; MONTEIRO, D. S.; PROIETTI, M. C. Genetic diversity, population structure and natal origins of the Olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*) in the Southwest Atlantic Ocean. *Marine Biology*, 2025, 172.7: 1-18.
- R Core TEAM. A language and environment for statistical computing, R Foundation for Statistical Computing, 2020.
- REID, B. N.; NARO-MACIEL, E.; HAHN, A. T.; FITZSIMMONS, N. N.; GEHARA, M. Geography best explains global patterns of genetic diversity and postglacial co-expansion in marine turtles. *Molecular Ecology*, v. 28, n. 14, p. 3358-3370, 2019.
- REIS, E. C.; GOLDBERG, Daphne W. *Biologia, ecologia e conservação de tartarugas marinhas. Mamíferos, quelônios e aves*, v. 7, 2017.
- RICE, W. R. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, p. 223-225, 1989.
- RODRÍGUEZ-ZÁRATE, C. J.; ROCHA-OLIVARES, A.; BEHEREGARAY, L. B. Genetic signature of a recent metapopulation bottleneck in the olive ridley turtle (*Lepidochelys olivacea*) after intensive commercial exploitation in Mexico. *Biological Conservation*, v. 168, p. 10-18, 2013.
- SCHULZ, J. P. Sea turtles nesting in Surinam. *Zoologische Verhandelingen*, v. 143, n. 1, p. 1-141, 1975.
- SELKOE, K. A.; TOONEN, R. J. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology letters*, v. 9, n. 5, p. 615-629, 2006.

SHAMBLIN, B. M. et al. Geographic patterns of genetic variation in a broadly distributed marine vertebrate: new insights into loggerhead turtle stock structure from expanded mitochondrial DNA sequences. PLoS One, v. 9, n. 1, p. e85956, 2014.

SHANKER, K.; RAMADEVI, J.; CHOUDHURY, B. C.; SINGH, L.; AGGARWAL, R. K. of olive ridley turtles (*Lepidochelys olivacea*) on the east coast of India: implications for conservation theory. Molecular Ecology, v. 13, n. 7, p. 1899-1909, 2004.

SHANKER, K.; PANDAV, B.; CHOUDHURY, B. C. An assessment of the olive ridley turtle (*Lepidochelys olivacea*) nesting population in Orissa, India. Biological Conservation, v. 115, n. 1, p. 149-160, 2004.

SILVA, A. C. C.; DOS SANTOS, E. A.; OLIVEIRA, F. L. D. C.; WEBER, M. I.; BATISTA, J. A.; SERAFINI, T. Z.; CASTILHOS, J. C. Satellite-tracking reveals multiple foraging strategies and threats for olive ridley turtles in Brazil. Marine Ecology Progress Series, v. 443, p. 237-247, 2011.

SILVA, A. C. C.; CASTILHOS, J. C.; LOPEZ, G. G.; BARATA, P. C. Nesting biology and conservation of the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*) in Brazil, 1991/1992 to 2002/2003. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, v. 87, n. 4, p. 1047-1056, 2007.

SILVER-GORGES, I.; KOVAL, J.; RODRIGUEZ-ZARATE, C. J.; PALADINO, F. V.; JORDAN, M. Large-scale connectivity, cryptic population structure, and relatedness in Eastern Pacific Olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*). Ecology and Evolution, v. 10, n. 16, p. 8688-8704, 2020.

SLATKIN, M. Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science, v. 236, n. 4803, p. 787-792, 1987.

SOUZA, J. P.; HI, E. M. B.; GONZALEZ, F.G. Revisão de métodos analíticos para determinação do consumo agudo de álcool em amostras biológicas. UNILUS Ensino e Pesquisa, v. 11, n. 25, p. 90-101, 2014.

TAPIR SPECIALIST GROUP. Técnicas de Amostragem para Análises Genéticas.

TAVARES, D. C.; MOURA, J. F.; ACEVEDO-TREJOS, E.; MERICO, A. Traits shared by marine megafauna and their relationships with ecosystem functions and services. Frontiers in Marine Science, v. 6, p. 262, 2019.

TURCHETTO-ZOLET, A. C.; SEGATTO, A. L. A.; TURCHETTO, C.; PALMA-SILVA, C.; FREITAS, L. B. Guia prático para estudos filogeográficos. SBG, 150p, 2013.

VARGAS, S. M.; ARAÚJO, F. C.; MONTEIRO, D. S.; ESTIMA, S. C.; ALMEIDA, A. P.; SOARES, L. S.; SANTOS, F. R. Genetic diversity and origin of leatherback turtles (*Dermochelys coriacea*) from the Brazilian coast. Journal of Heredity, v. 99, n. 2, p. 215-220, 2008.

VARGAS, S. M.; LINS, L. S. F.; MOLFETTI, É.; HO, S. Y. W.; MONTEIRO, D.; BARRETO, J.; COLMAN, L.; VILA-VERDE, L.; BAPTISTOTTE, C.; THOMÉ, J. C. A.; SANTOS, F. R. Revisiting the genetic diversity and population structure of the critically endangered leatherback turtles in the South-west Atlantic Ocean: insights for species conservation. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, v. 99, n. 1, p. 31-41, 2019.

VARGAS, S. M.; BARCELOS, A. C.; ROCHA, R. G.; GUIMARÃES, P.; AMORIM, L.; MARTINELLI, A.; SANTOS, F. R.; ERICKSON, J.; MARCONDES, A. C. J.; LUDWIG, S. Genetic monitoring of the critically endangered leatherback turtle (*Dermochelys coriacea*) in the South West Atlantic. *Regional Studies in Marine Science*, v. 55, p. 102530, 2022.

VASCONCELOS, D. G. Temperatura de incubação e estimativa da razão sexual de filhotes de *Lepidochelys Olivacea* (Eschscholtz, 1829) (Testudines, Cheloniidae), no Espírito Santo, Brasil. Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Espírito Santo, São Mateus. 2017.

VILAÇA, S. T.; HAHN, A. T.; NARO-MACIEL, E.; ABREU-GROBOIS, F. A.; BOWEN, B. W.; CASTILHOS, J. C.; CIOFI, C.; FITZSIMMONS, N. N.; JENSEN, M. P.; FORMIA, A.; LIMPUS, C. J.; NATALI, C.; SOARES, L. S.; DE THOISY, B.; WHITING, S. D.; BONATTO, S. L. Global phylogeography of ridley sea turtles (*Lepidochelys* spp.): evolution, demography, connectivity, and conservation. *Conservation Genetics*, v. 23, n. 6, p. 995-1010, 2022.

WALLACE, B. P.; DIMATTEO, A. D.; BOLTEN, A. B.; CHALOUPKA, M. Y.; HUTCHINSON, B. J.; ABREU-GROBOIS, F. A.; MORTIMER, J. A.; SEMINOFF, J. A.; AMOROCHO, D.; BJORNDAL, K. A.; BOURJEA, J.; BOWEN, B. W.; BRISEÑO DUEÑAS, R.; CASALE, P.; CHOUDHURY, B. C.; COSTA, A.; DUTTON, P. H.; FALLABRINO, A.; FINKBEINER, E. M.; GIRARD, A.; GIRONDOT, M.; HAMANN, M.; HURLEY, B. J.; LÓPEZ-MENDILAHARSU, M.; MARCOVALDI, M. A.; MUSICK, J. A.; NEL, R.; PILCHER, N. J.; TROËNG, S.; WITHERINGTON, B.; MAST, R. B. Global conservation priorities for marine turtles. *PloS one*, v. 6, n. 9, p. e24510, 2011.

WALLACE, B. P.; POSNIK, Z. A.; HURLEY, B. J.; DIMATTEO, A. D.; BANDIMERE, A.; RODRIGUEZ, I.; MAXWELL, S. M.; MEYER, L.; BRENNER, H.; JENSEN, M. P.; LACASELLA, E.; SHAMBLIN, B. M.; ABREU-GROBOIS, F. A.; STEWART, K. R.; DUTTON, P. H.; BARRIOS-GARRIDO, H.; DALLEAU, M.; DELL'AMICO, F.; ECKERT, K. L.; FITZSIMMONS, N. N.; GARCIA-CRUZ, M.; HAYS, G. C.; KELEZ, S.; LAGUEUX, C. J.; MADDEN HOF, C. A.; MARCO, A.; MARTINS, S. L. T.; MOBARAKI, A.; MORTIMER, J. A.; NEL, R.; PHILLOTT, A. D.; PILCHER, N. J.; PUTMAN, N. F.; REES, A. F.; RODRIGUEZ-BARON, J. M.; SEMINOFF, J. A.; SWAMINATHAN, A.; TÜRKOZAN, O.; VARGAS, S. M.; VERNET, P. D.; VILAÇA, S.; WHITING, S. D.; HUTCHINSON, B. J.; CASALE, P.; MAST, R. B. Marine turtle regional management units 2.0: an updated framework for conservation and research of wide-ranging megafauna species. *Endangered Species Research*, v. 52, p. 209-223, 2023.

WANG, J. The computer program structure for assigning individuals to populations: easy to use but easier to misuse. *Molecular ecology resources*, v. 17, n. 5, p. 981-990, 2017.

WEIR, B. S. Inferences about linkage disequilibrium. *Biometrics*, p. 235-254, 1979.

WYNEKEN, J. The anatomy of the sea turtles. U.S. Department of Commerce NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC-470, 5-8 p. 2001.

YNTEMA, C. L.; MROSOVSKY, N. Critical periods and pivotal temperatures for sexual differentiation in loggerhead sea turtles. Canadian Journal of Zoology, v. 60, n. 5, p. 1012-1016, 1982.