

Foto: Projeto Tamar



## ORIGENS NATAIS DE TARTARUGAS-OLIVA (*Lepidochelys olivacea*) EM ÁREAS DE ALIMENTAÇÃO NO EXTREMO SUL E NORDESTE DO BRASIL

Igor P. Puertas\*, Brenda Foerste, Sérgio C. Estima, Andrine P. Silva, Bruno S. de Oliveira, Gustavo D. Stahelin, Eduardo H.S.M. Lima, Sarah M. Vargas, Danielle S. Monteiro, Maíra C. Proietti

\*igorperesp@hotmail.com

## Uso do habitat:

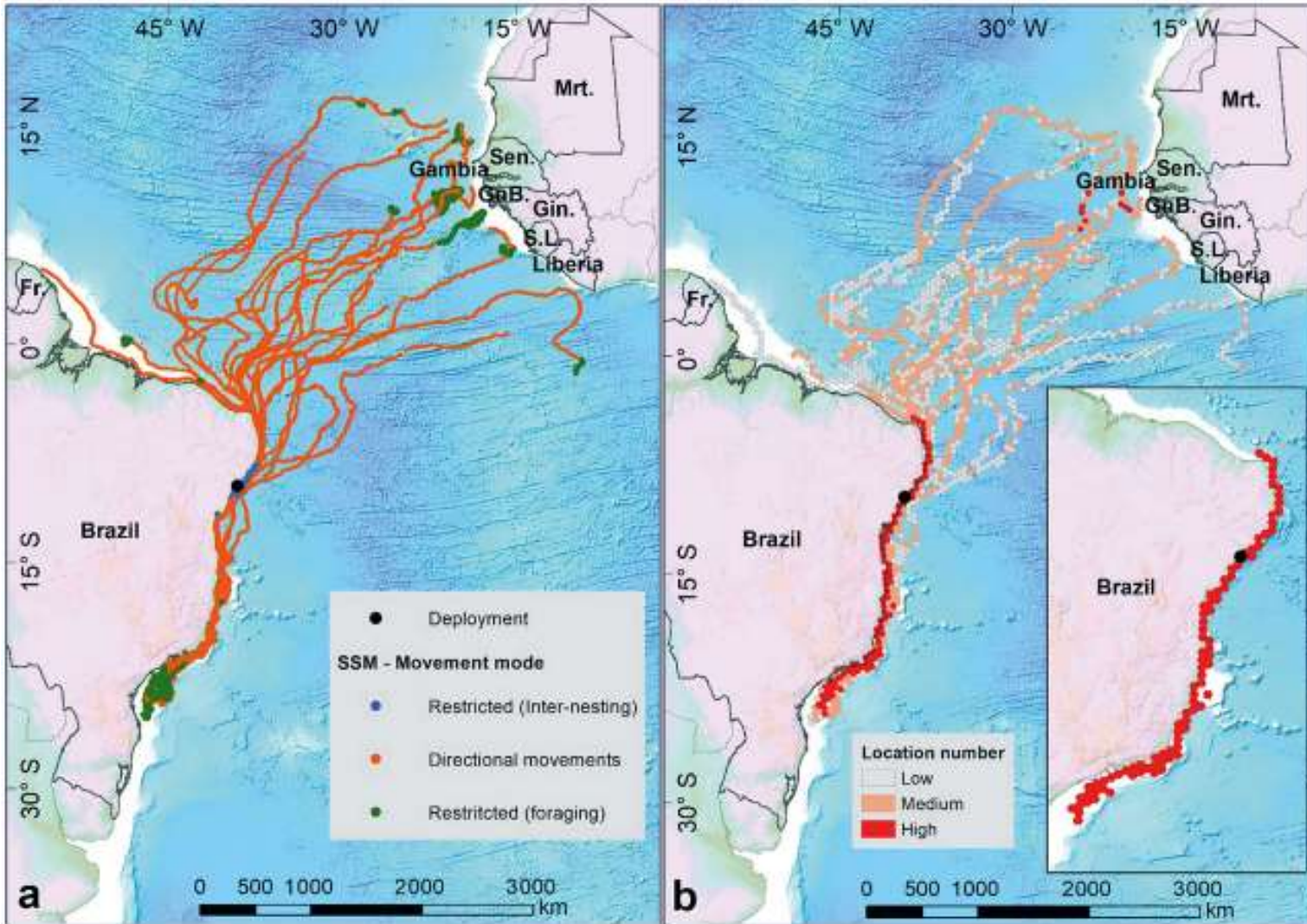


Foto: Projeto Tamar.

**Maiores (74,9cm):**

- Sul/Sudeste

**Médios (70,3cm):**

- Norte/Nordeste

**Pequenos (68,9cm):**

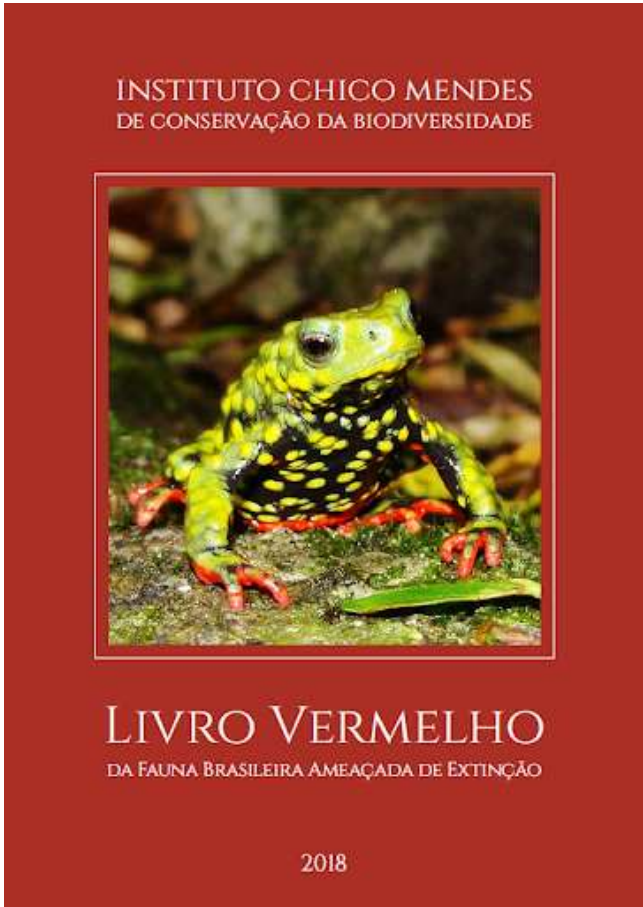
- Regiões oceânicas



Fonte: Retirado de Santos et al. (2019).

Status de conservação:

Vulnerável



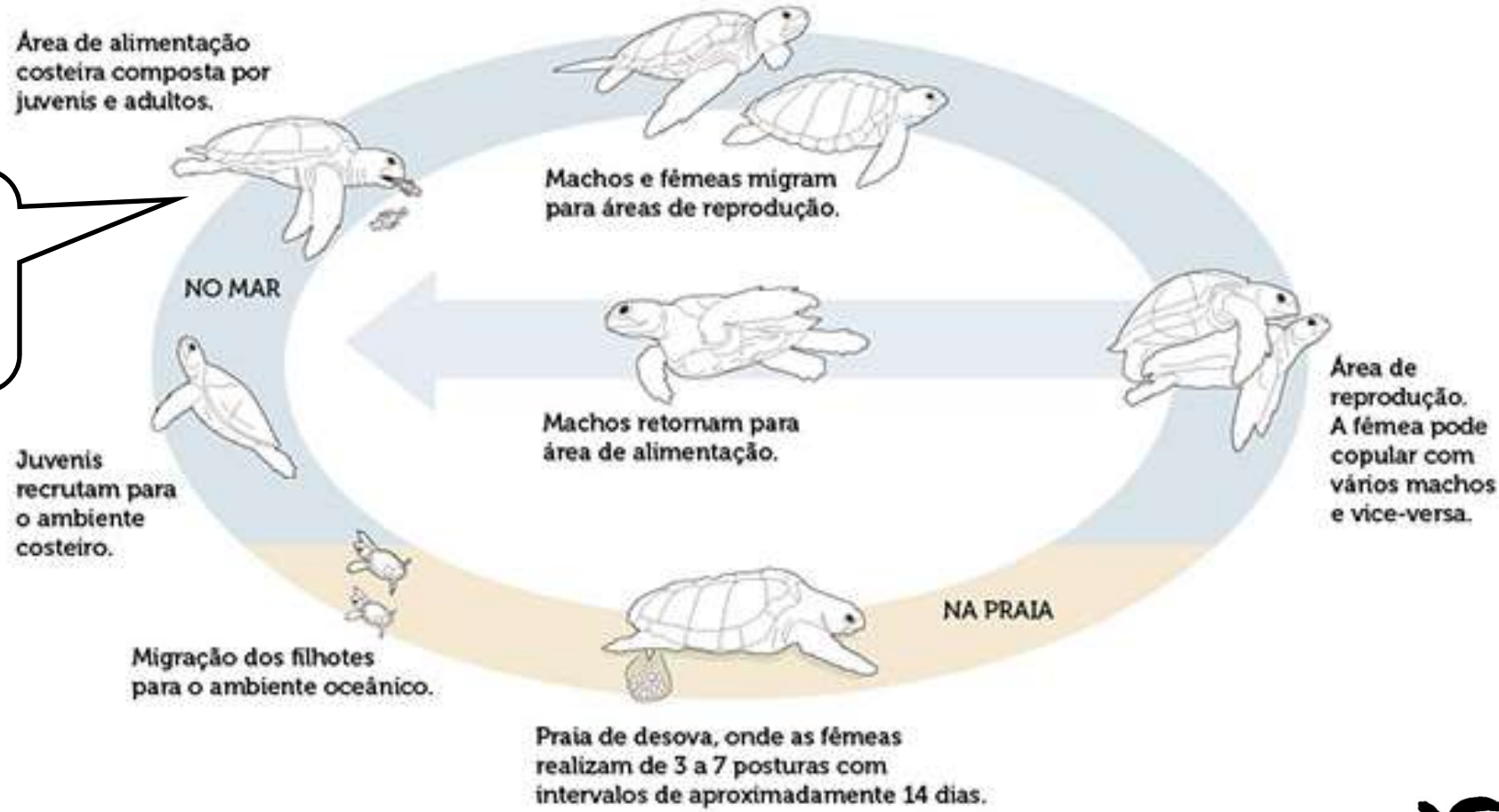
(Abreu-Grobois & Plotkin. 2008; Brasil MMA, 2022)

Ameaças:

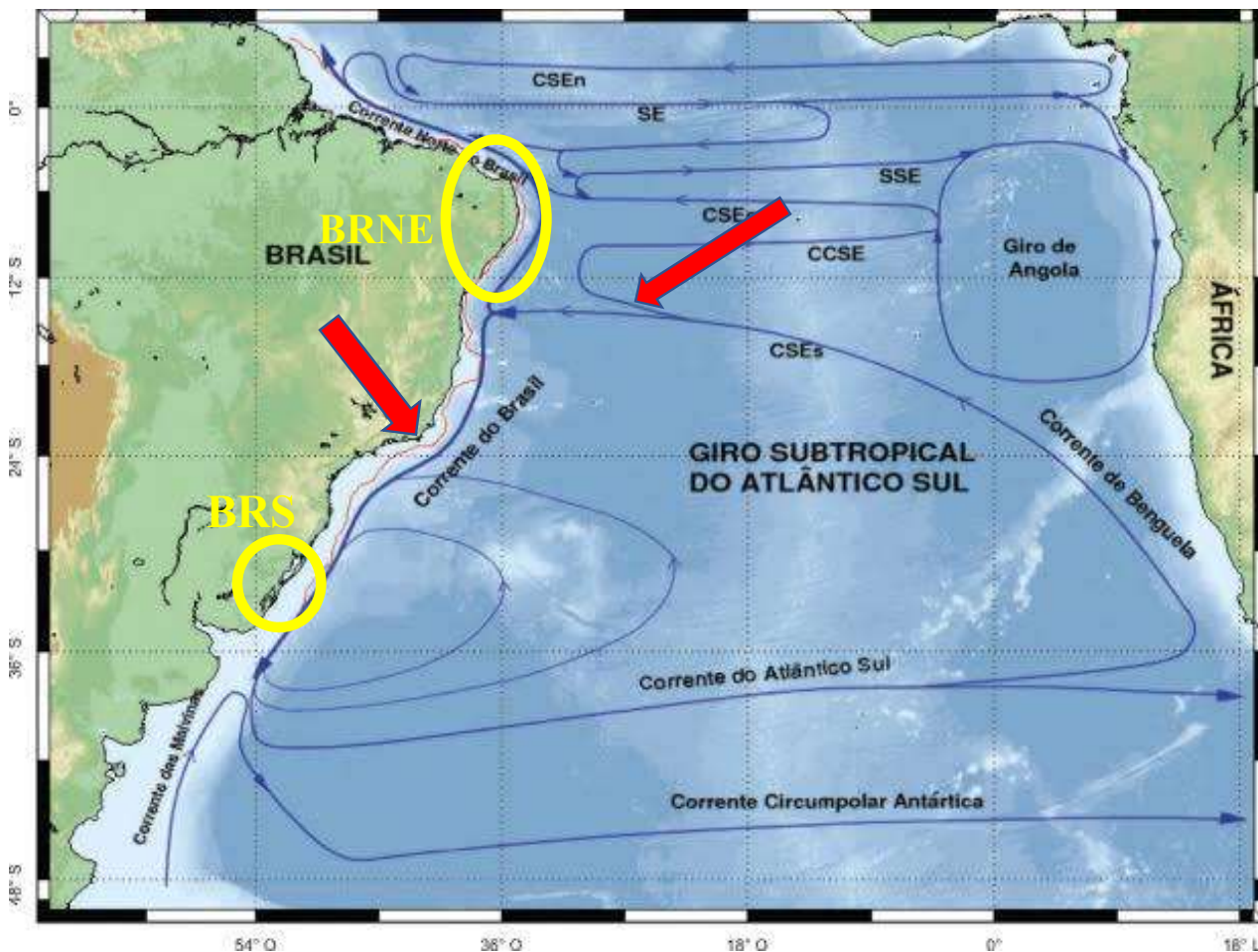


## Ciclo de vida:

Estoques mistos



## Origens natais: influências

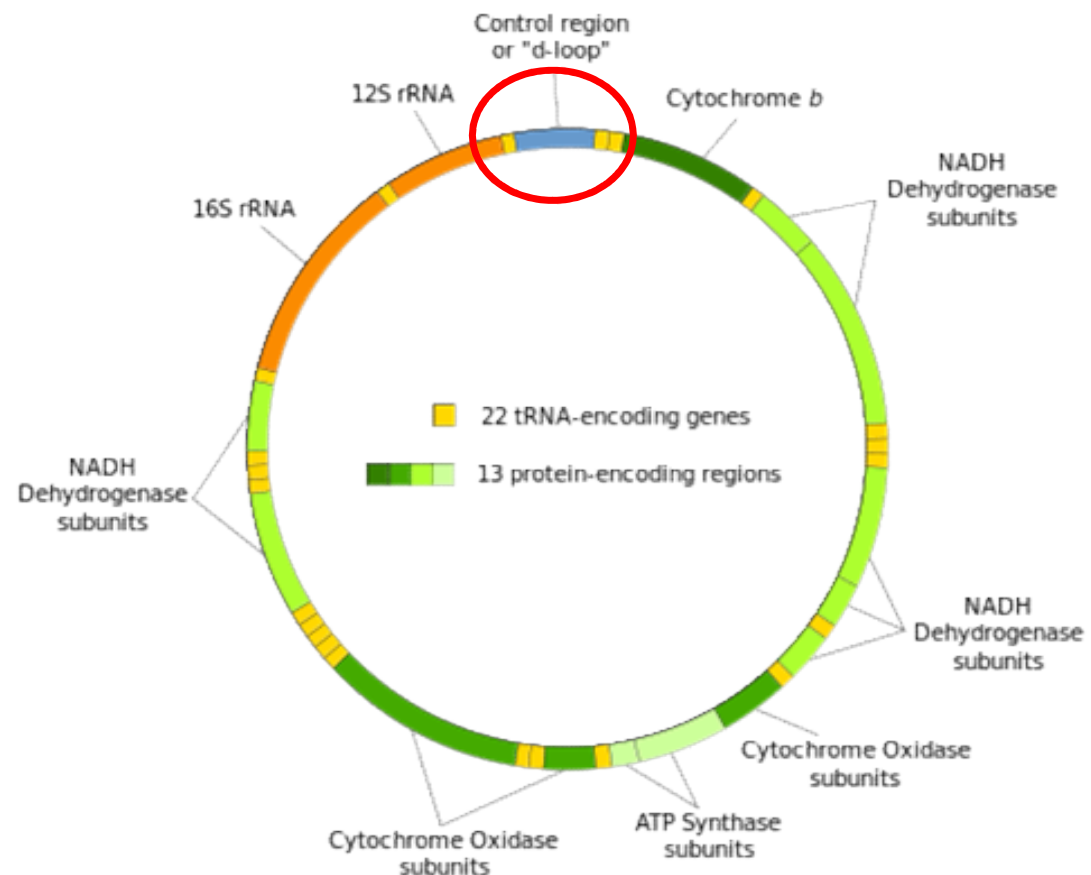


- Correntes favoráveis;
- Distâncias das áreas;
- Densidade de desovas nas áreas;
- Características biológicas (tolerância térmica).

Ferramentas genéticas:

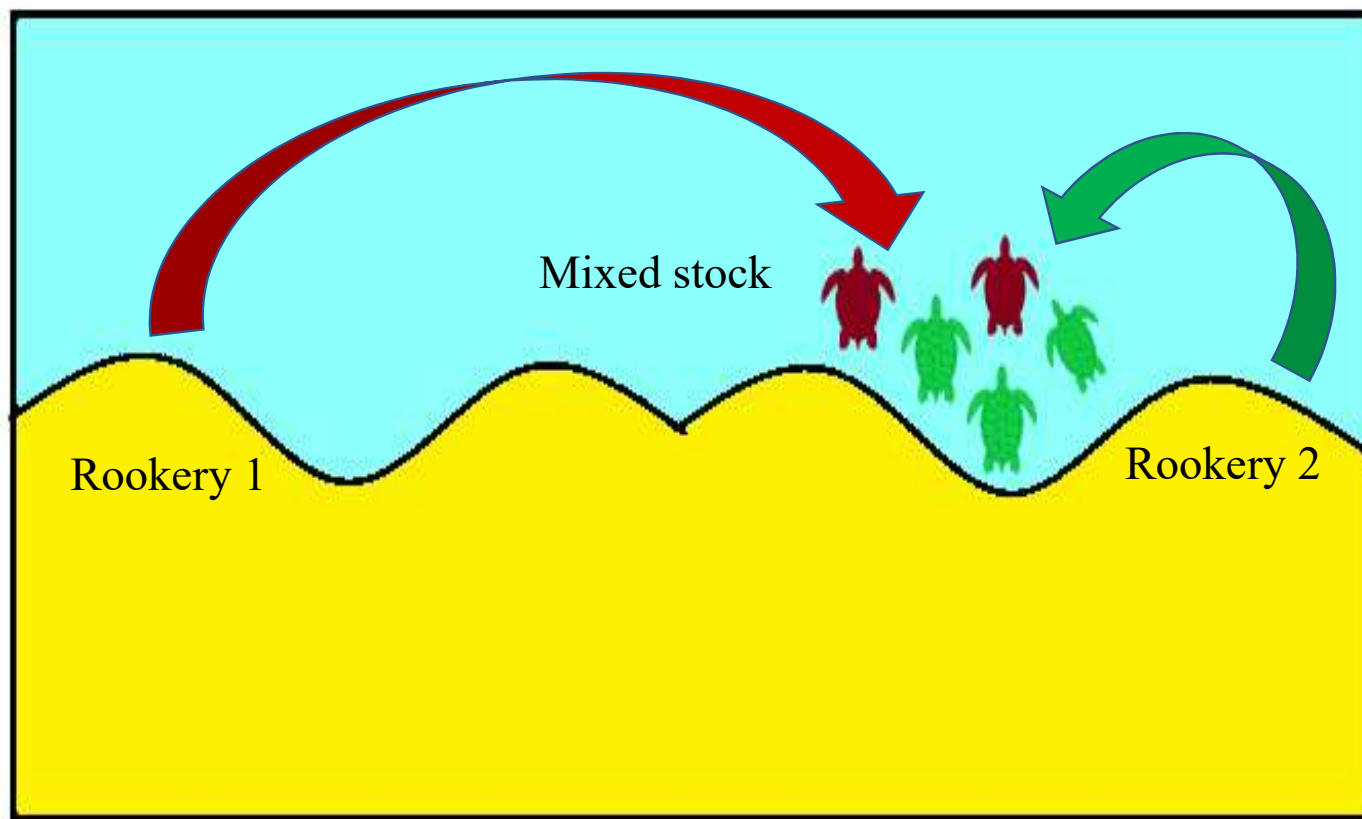
- Região Controle do DNA mitocondrial – D'loop

- Matrilinear;
- Análises populacionais;
- Traçar linhagens.



## Ferramentas genéticas: D'loop

- Análise de Estoques Mistos - MSA.



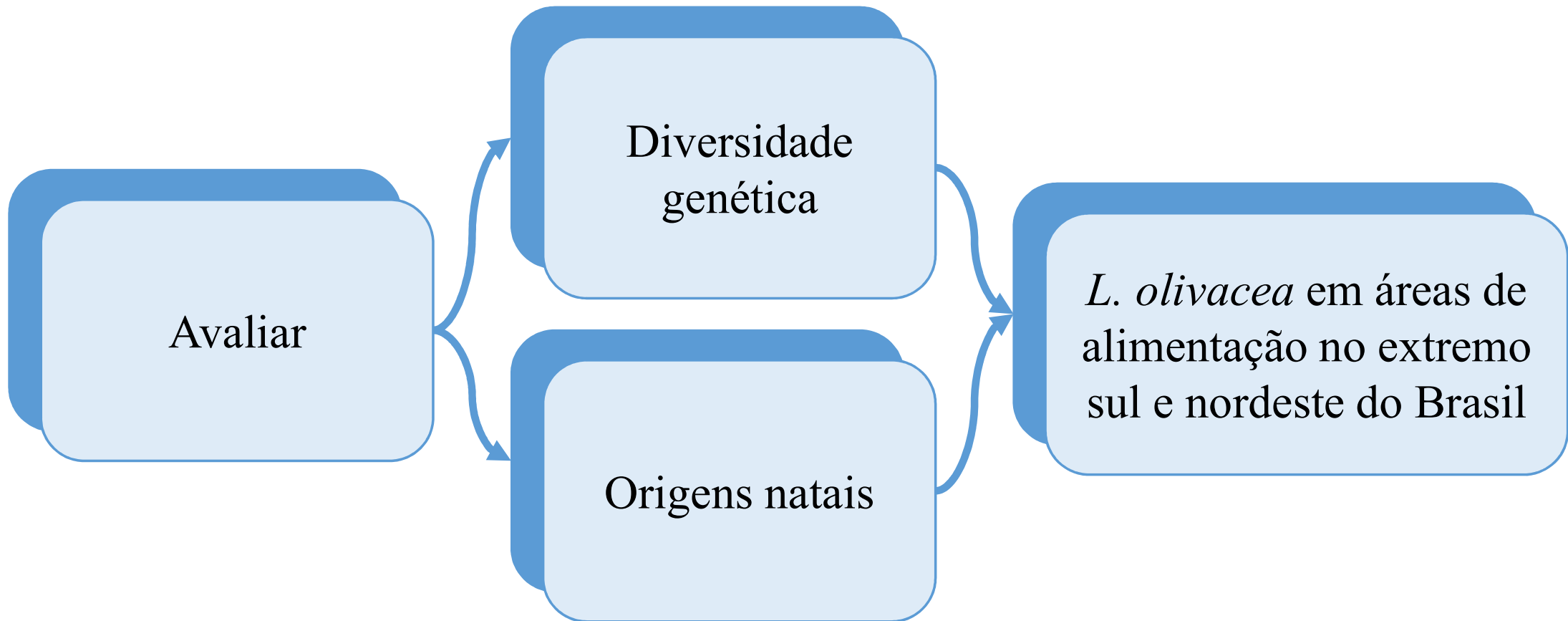


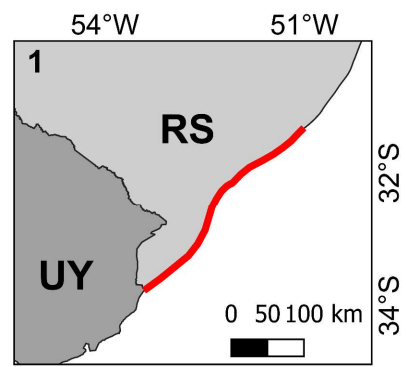
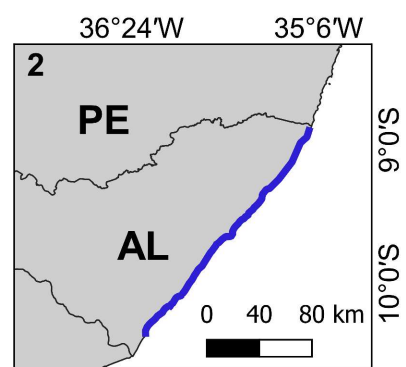
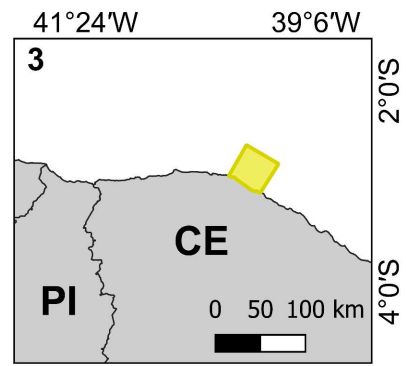
Origens de tartarugas-oliva em áreas de alimentação: ↓ estudos

Importante para entender:

- Conectividade de diferentes populações em fases não reprodutivas;
- Os possíveis impactos que estão suscetíveis.







### Almofala – Ceará

- Currais de pesca
- 40 indivíduos



### Alagoas

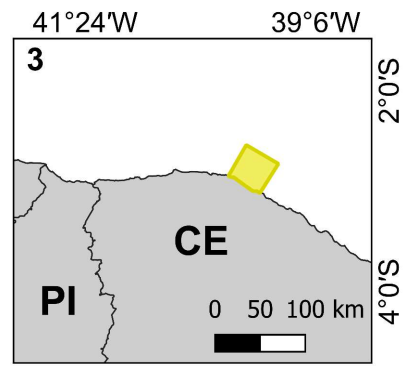
- Monitoramento de praia
- 18 indivíduos




### Sul do Rio Grande do Sul

- Monitoramento de praia
- 63 indivíduos

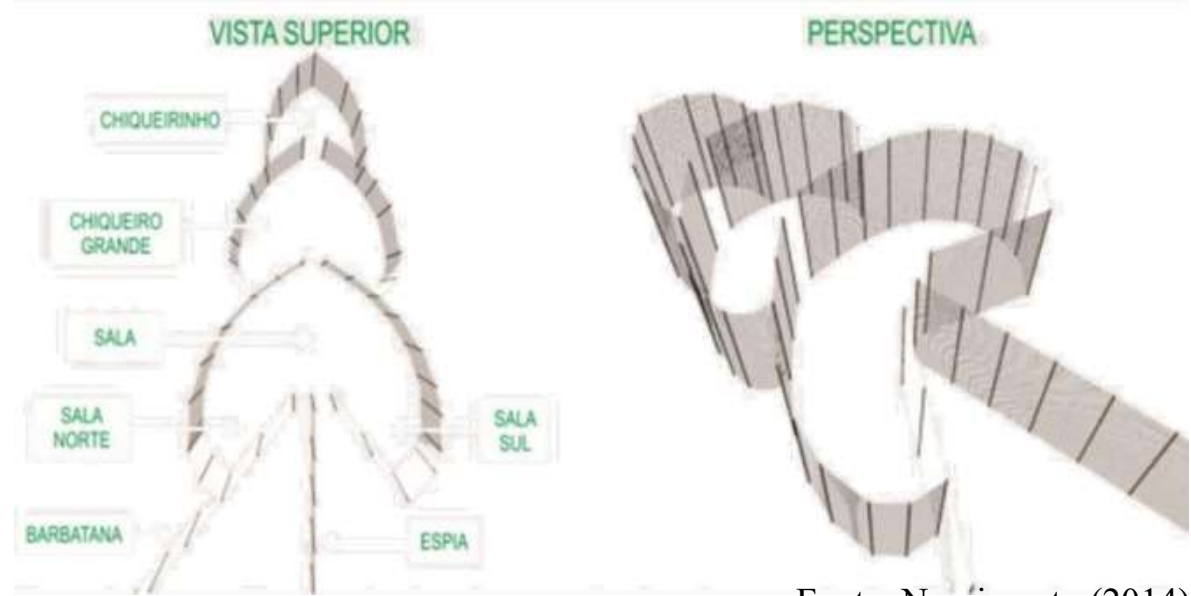






## Almofala – Ceará

- Currais de pesca
- 40 indivíduos



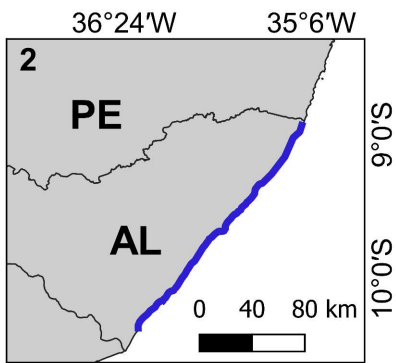
Fonte: Nascimento (2014)



- ## Alagoas
- Monitoramento de praia
  - 18 indivíduos



- ## Sul do Rio Grande do Sul
- Monitoramento de praia
  - 63 indivíduos



### Almofala – Ceará

- Currais de pesca
- 40 indivíduos

### Alagoas

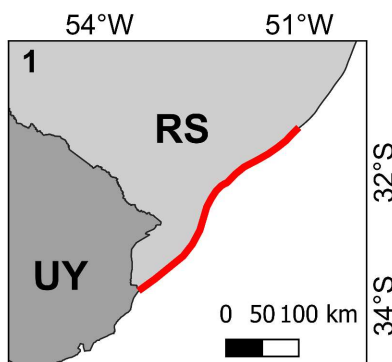
- Monitoramento de praia
- 18 indivíduos

### Sul do Rio Grande do Sul



- Monitoramento de praia
- 63 indivíduos





### Almofala – Ceará

- Currais de pesca
- 40 indivíduos

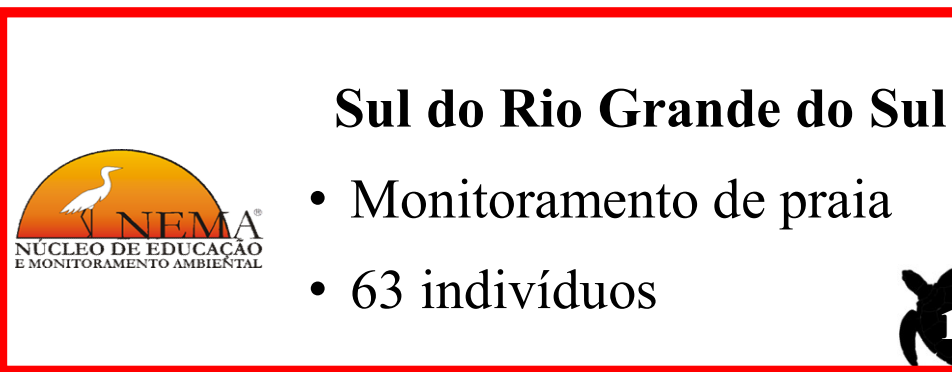
### Alagoas

- Monitoramento de praia
- 18 indivíduos

### Sul do Rio Grande do Sul

- Monitoramento de praia
- 63 indivíduos

Fotos: NEMA



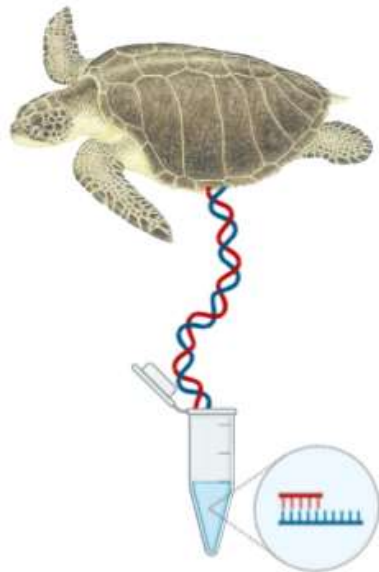
Introdução	Objetivos	Área de Estudo	Material & Métodos	Resultados & Discussão	Conclusões
------------	-----------	----------------	--------------------	------------------------	------------

Extração do DNA

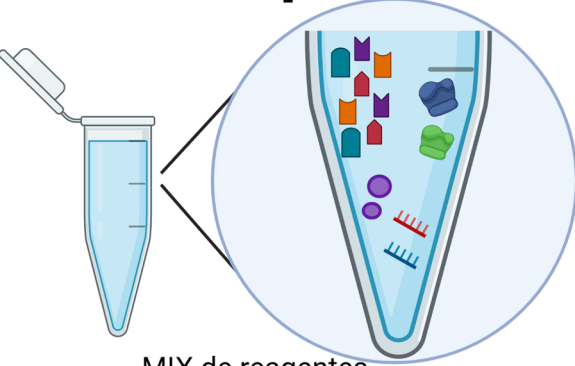
~800 pb amplificados por PCR

Purificação com PEG 15%

Sequenciamento Macrogen Inc. e LGEM-UFES



+



MIX de reagentes



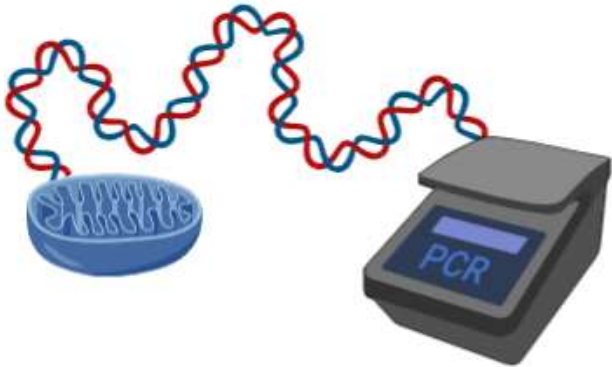
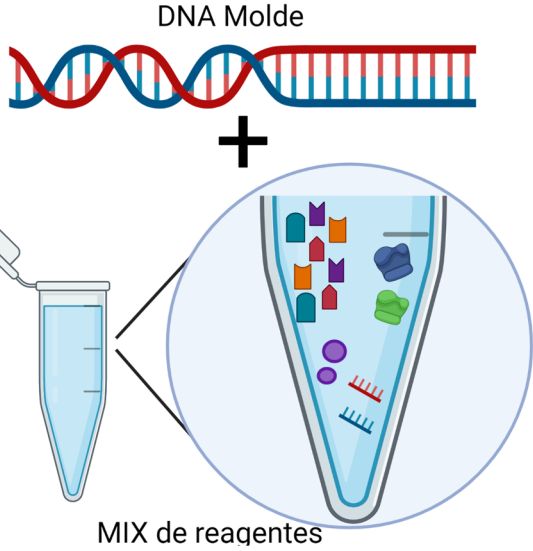
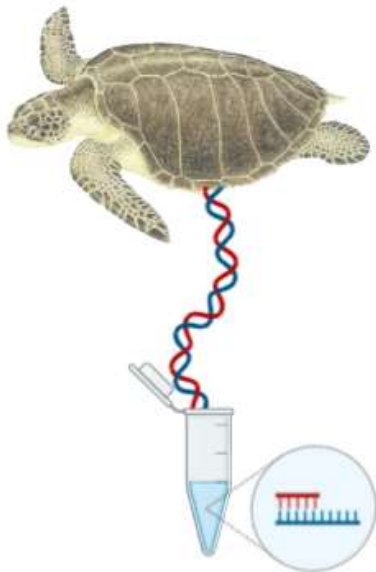
Introdução	Objetivos	Área de Estudo	Material & Métodos	Resultados & Discussão	Conclusões
------------	-----------	----------------	--------------------	------------------------	------------

Extração do DNA

~800 pb amplificados por PCR

Purificação com PEG 15%

Sequenciamento Macrogen Inc. e LGEM-UFES





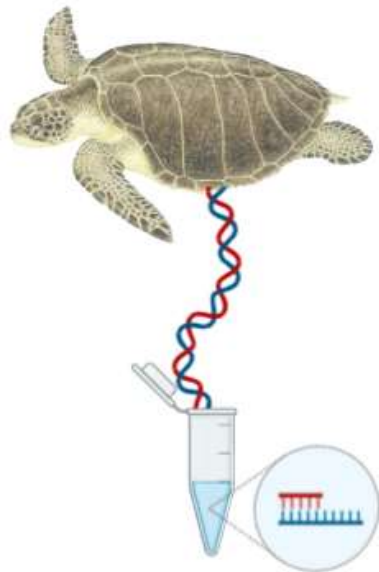
Introdução	Objetivos	Área de Estudo	Material & Métodos	Resultados & Discussão	Conclusões
------------	-----------	----------------	--------------------	------------------------	------------

Extração do DNA

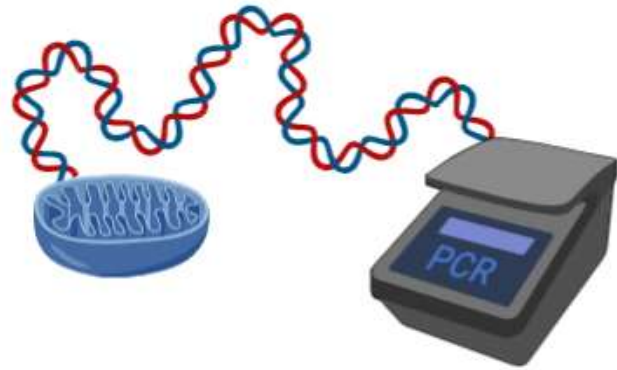
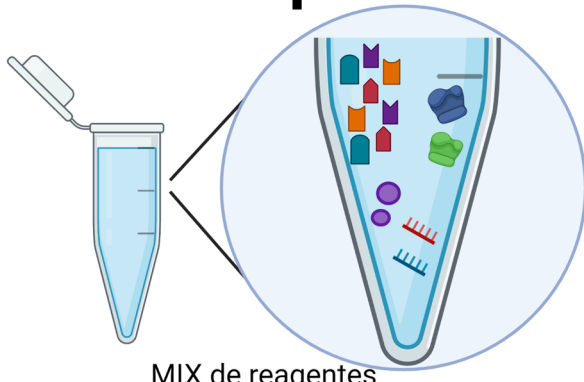
~800 pb amplificados por PCR

Purificação com PEG 15%

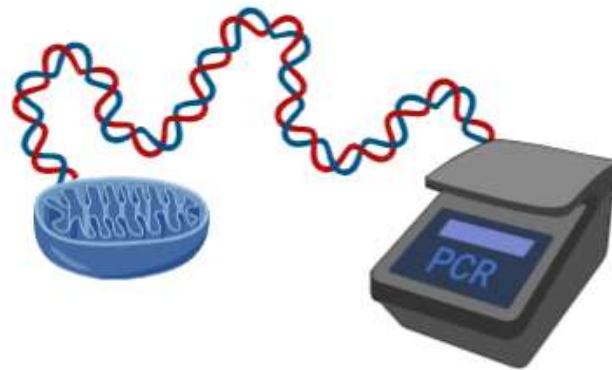
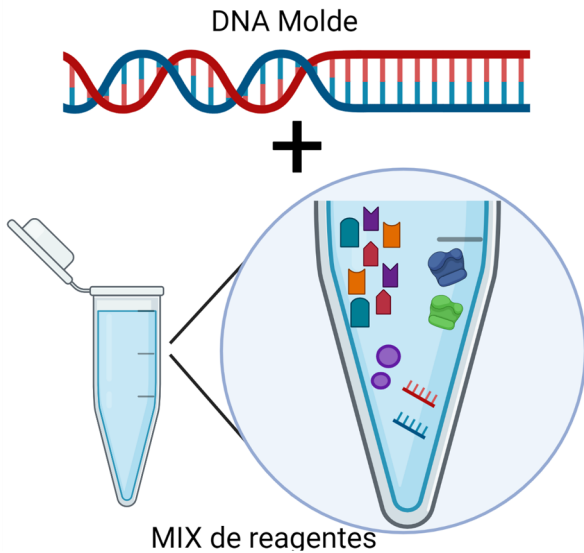
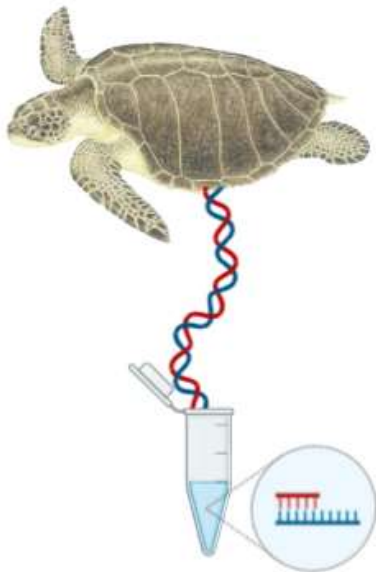
Sequenciamento Macrogen Inc. e LGEM-UFES



+

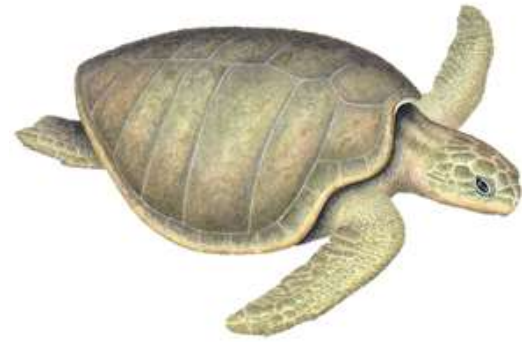


Introdução	Objetivos	Área de Estudo	Material & Métodos	Resultados & Discussão	Conclusões
------------	-----------	----------------	--------------------	------------------------	------------



**Sequências editadas (Bioedit)**

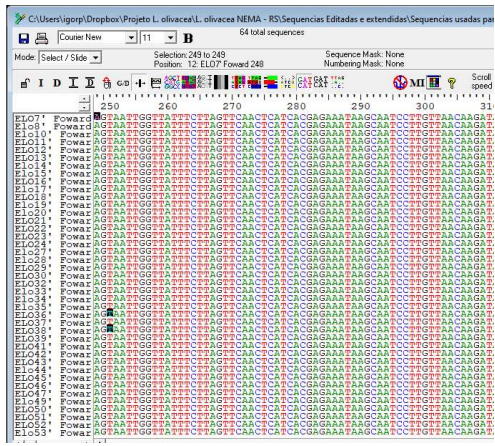
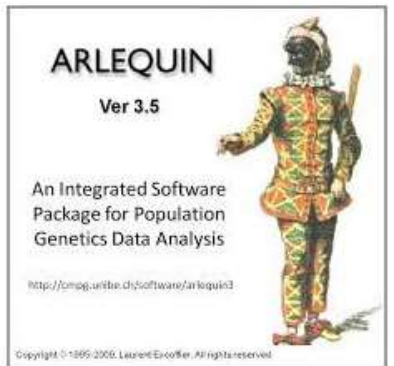
**Identificação de haplótipos (GenBank)**



**Análises populacionais (Arlequin)**

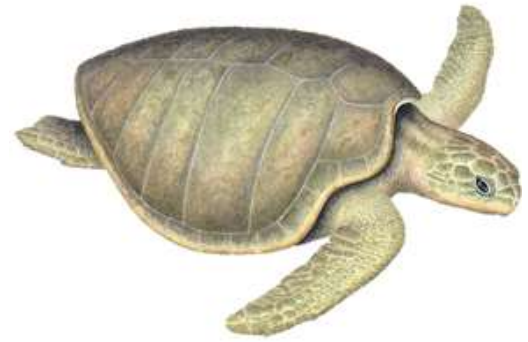
**Diversidade nucleotídica ( $\pi$ )**

**Diversidade haplotípica (h)**



Sequências editadas (Bioedit)

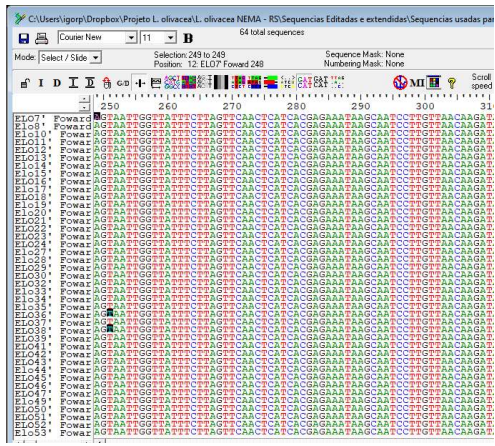
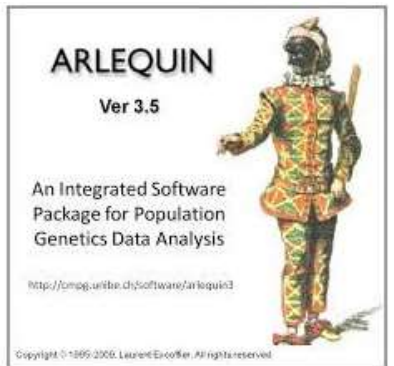
Identificação de haplótipos (GenBank)



Análises populacionais (Arlequin)

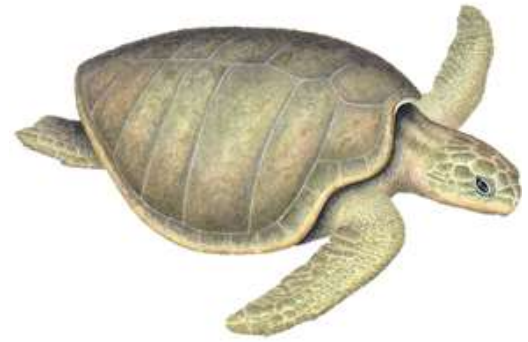
Diversidade nucleotídica ( $\pi$ )

Diversidade haplotípica (h)



Sequências editadas (Bioedit)

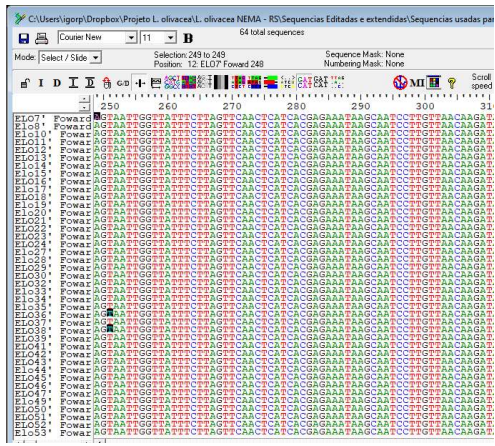
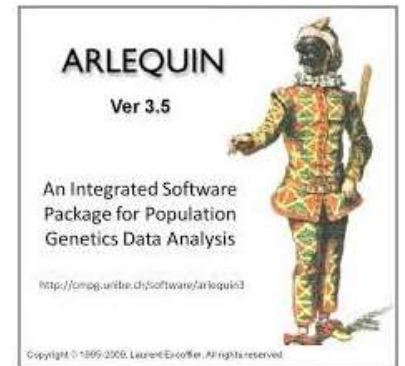
Identificação de haplótipos (GenBank)



Análises populacionais (Arlequin)

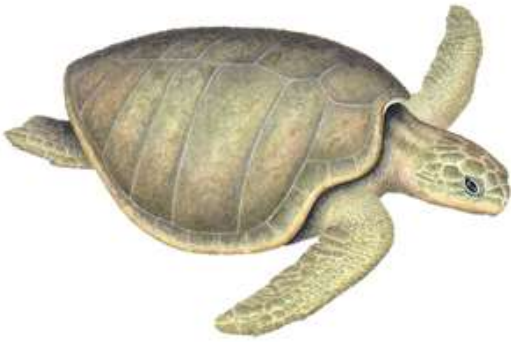
Diversidade nucleotídica ( $\pi$ )

Diversidade haplotípica (h)



Sequências editadas (Bioedit)

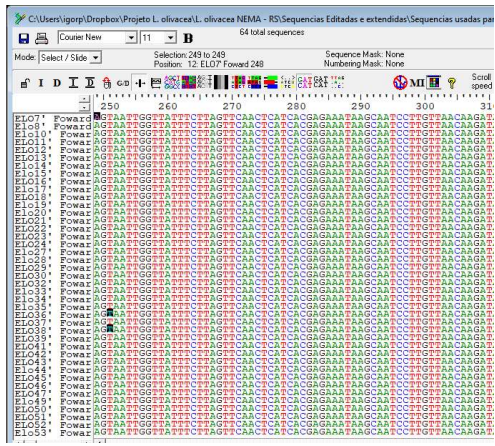
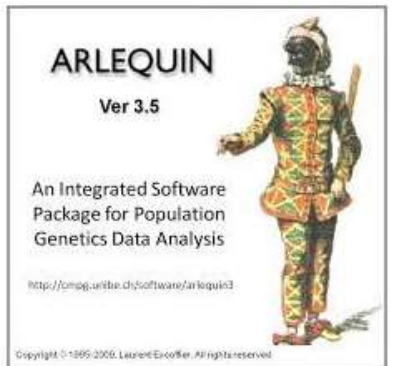
Identificação de haplótipos (GenBank)

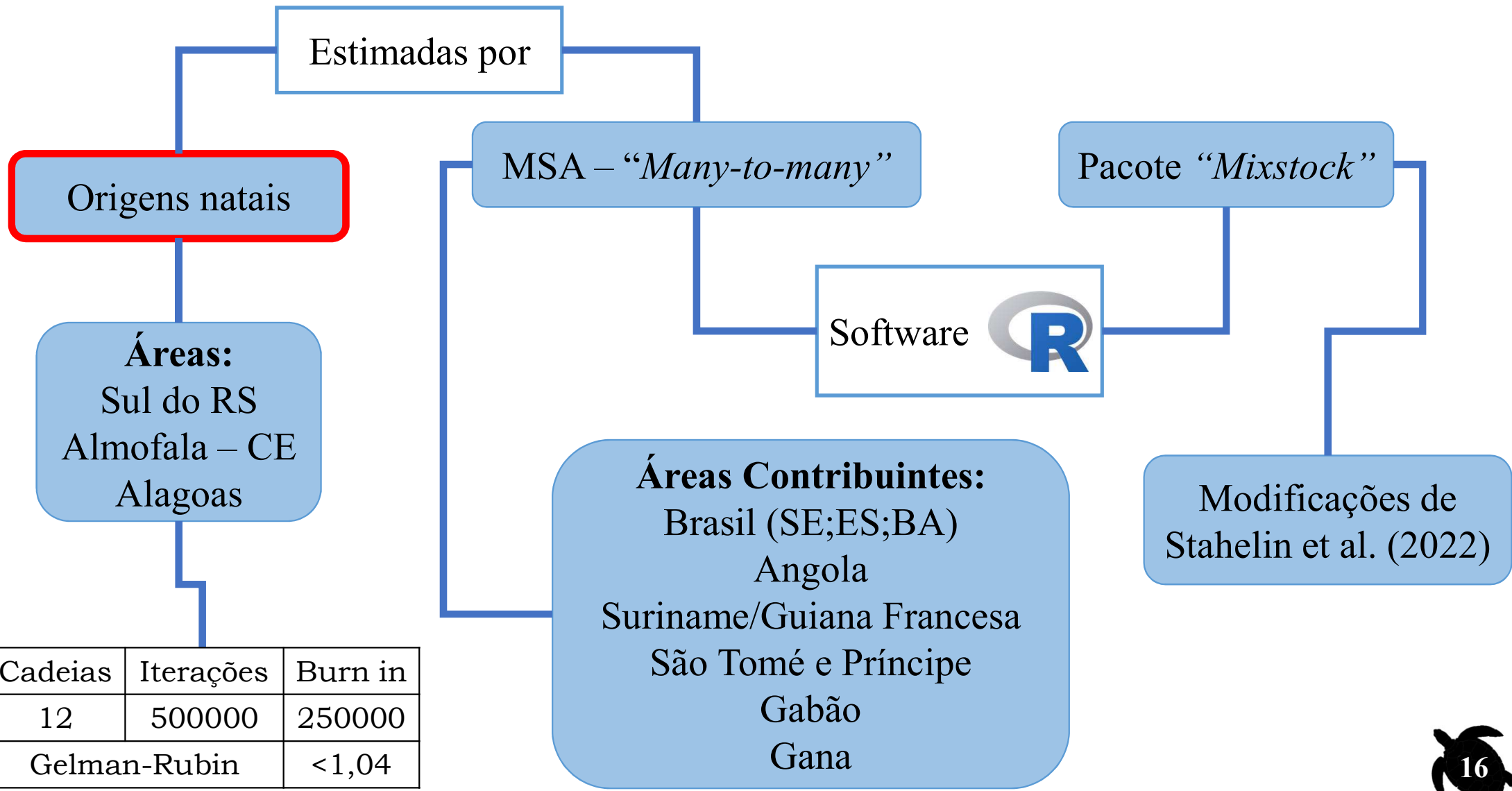


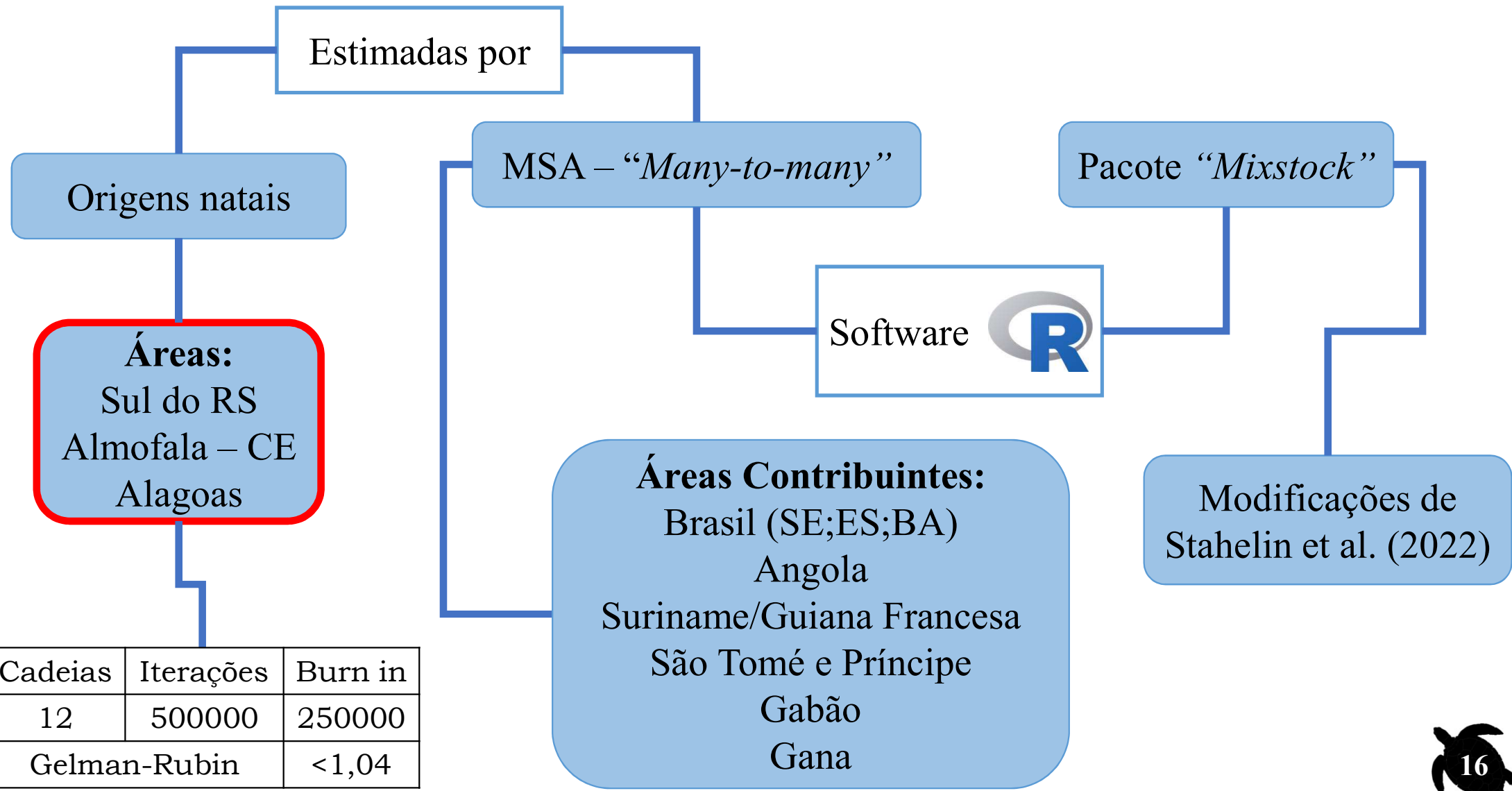
Análises populacionais (Arlequin)

Diversidade nucleotídica ( $\pi$ )

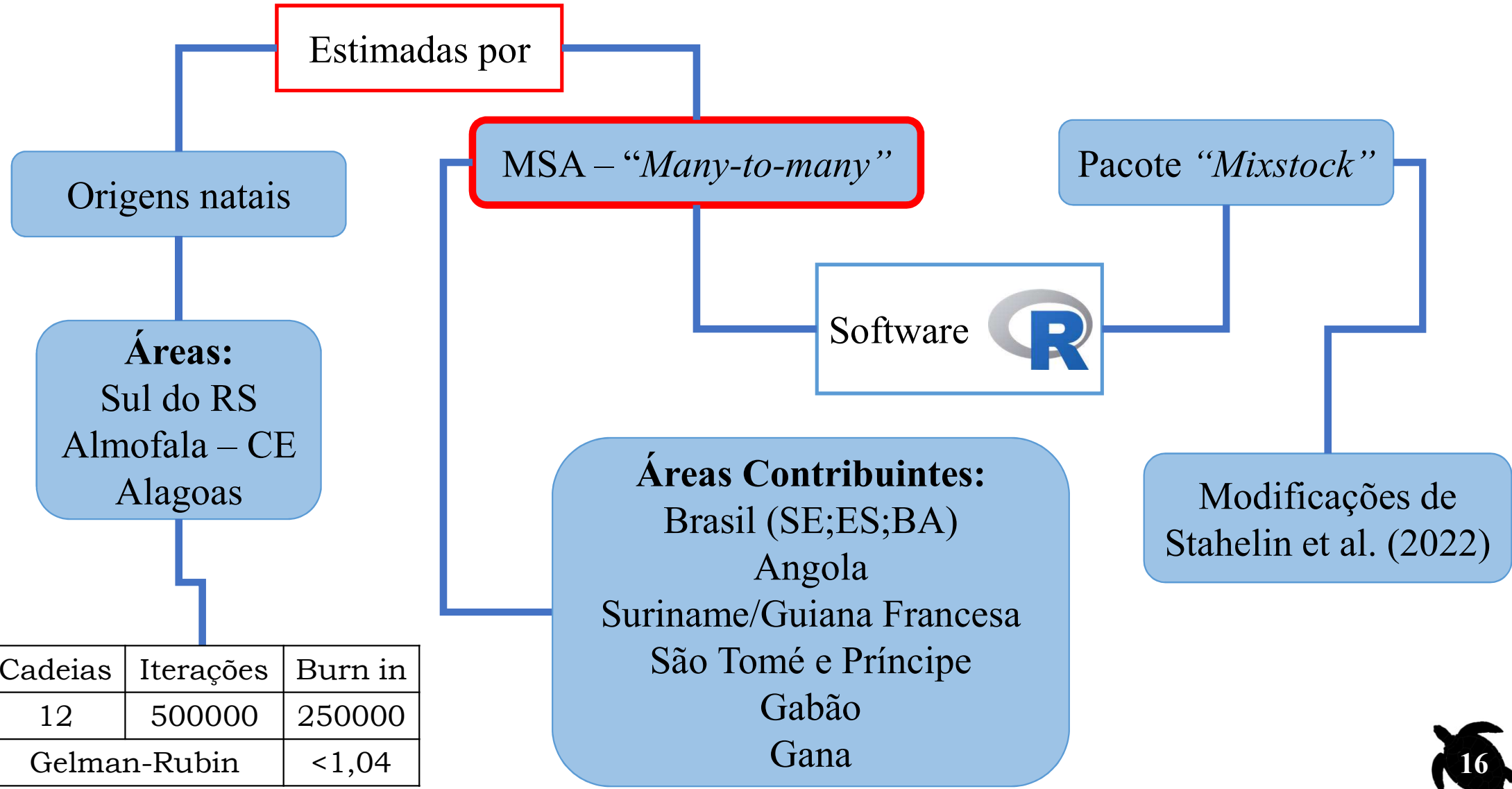
Diversidade haplotípica (h)



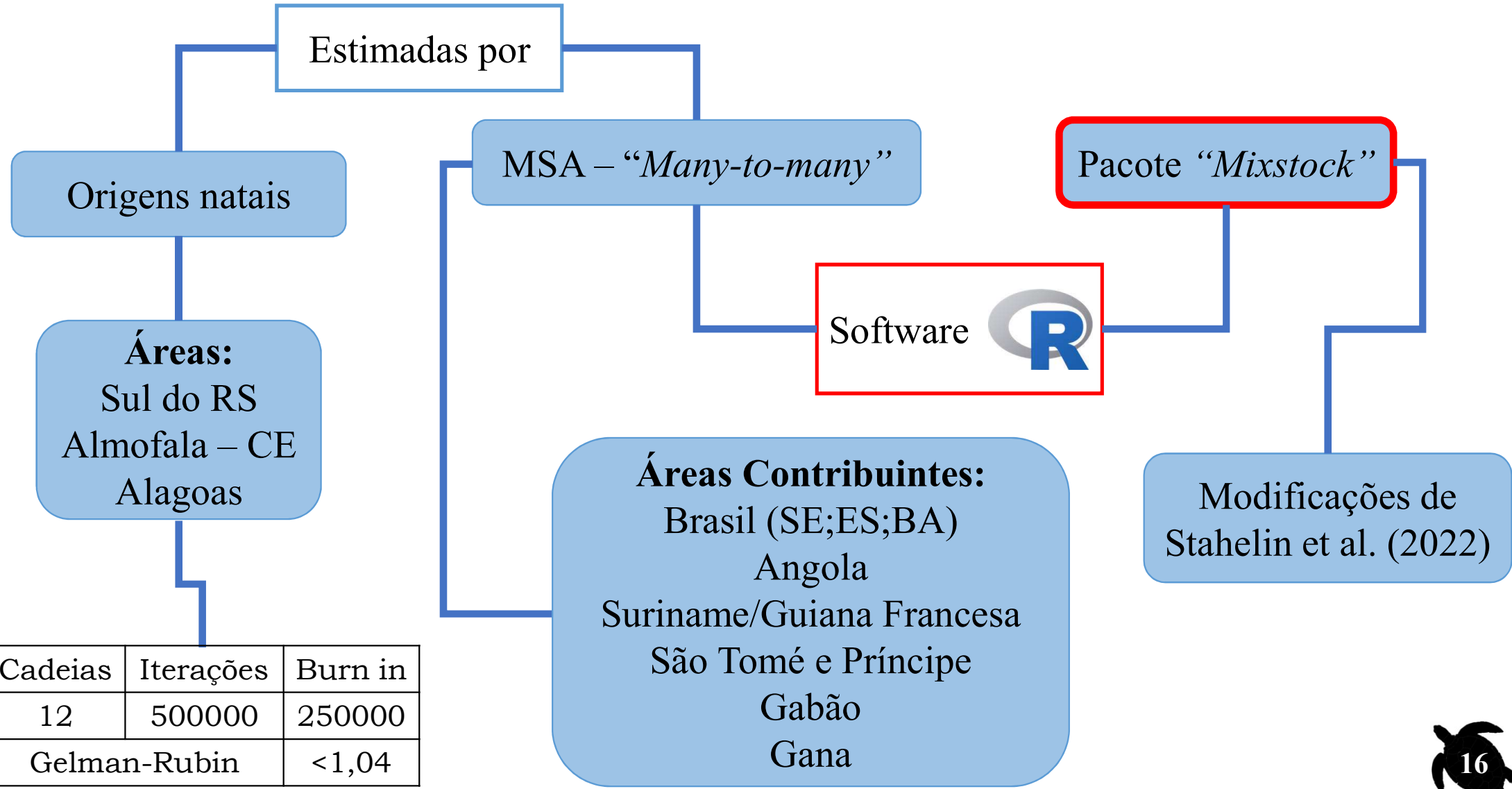


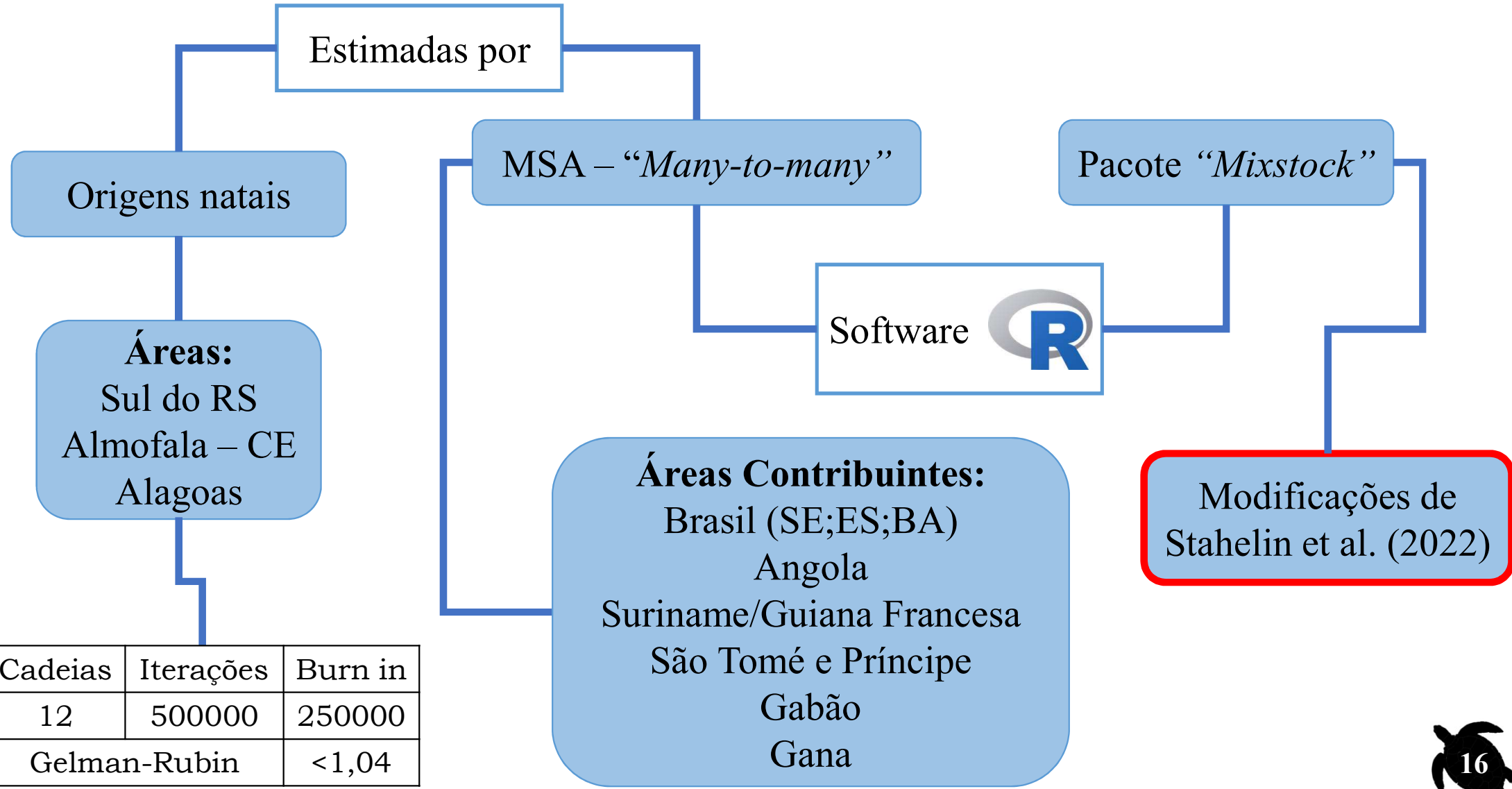




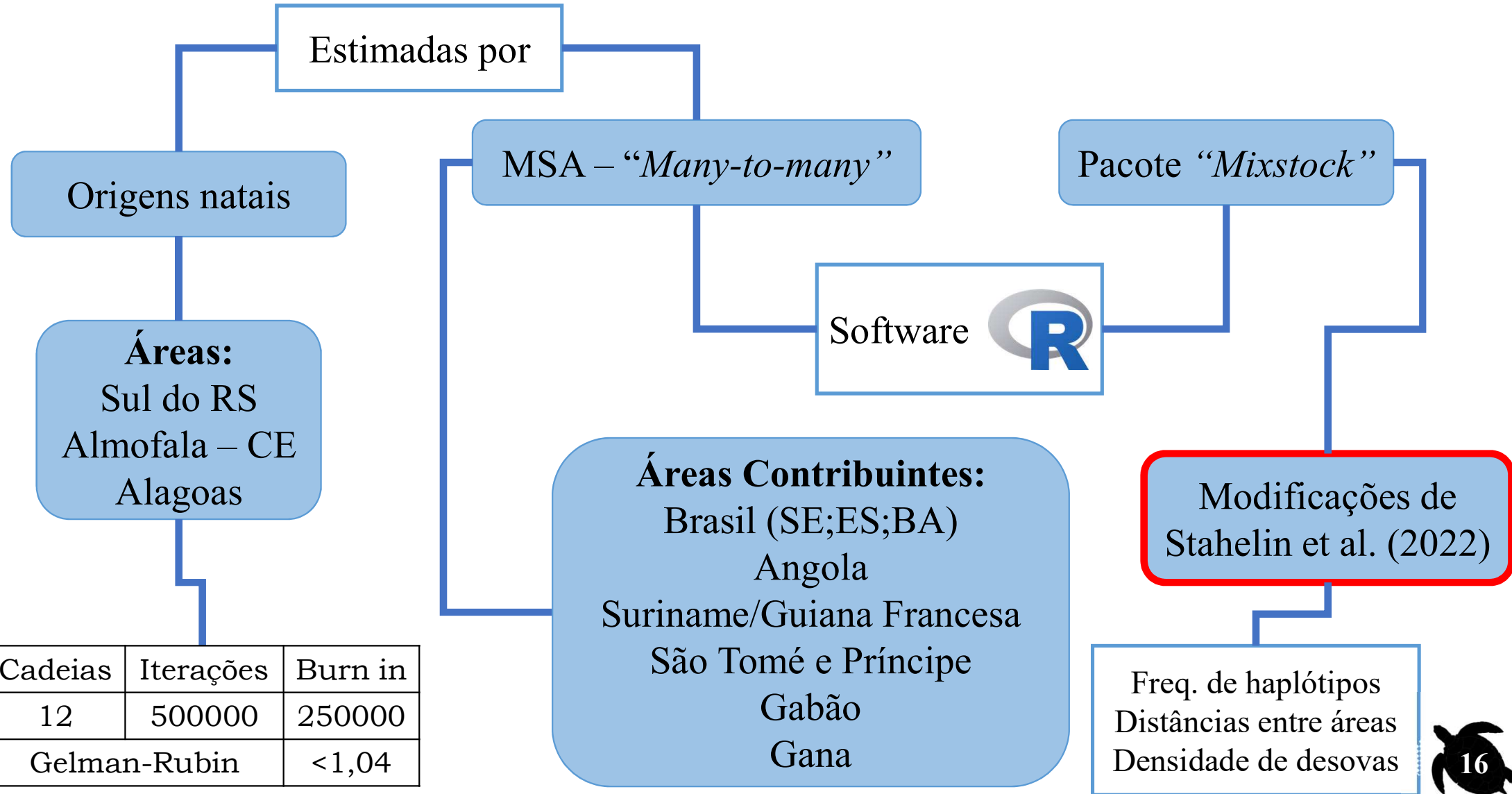


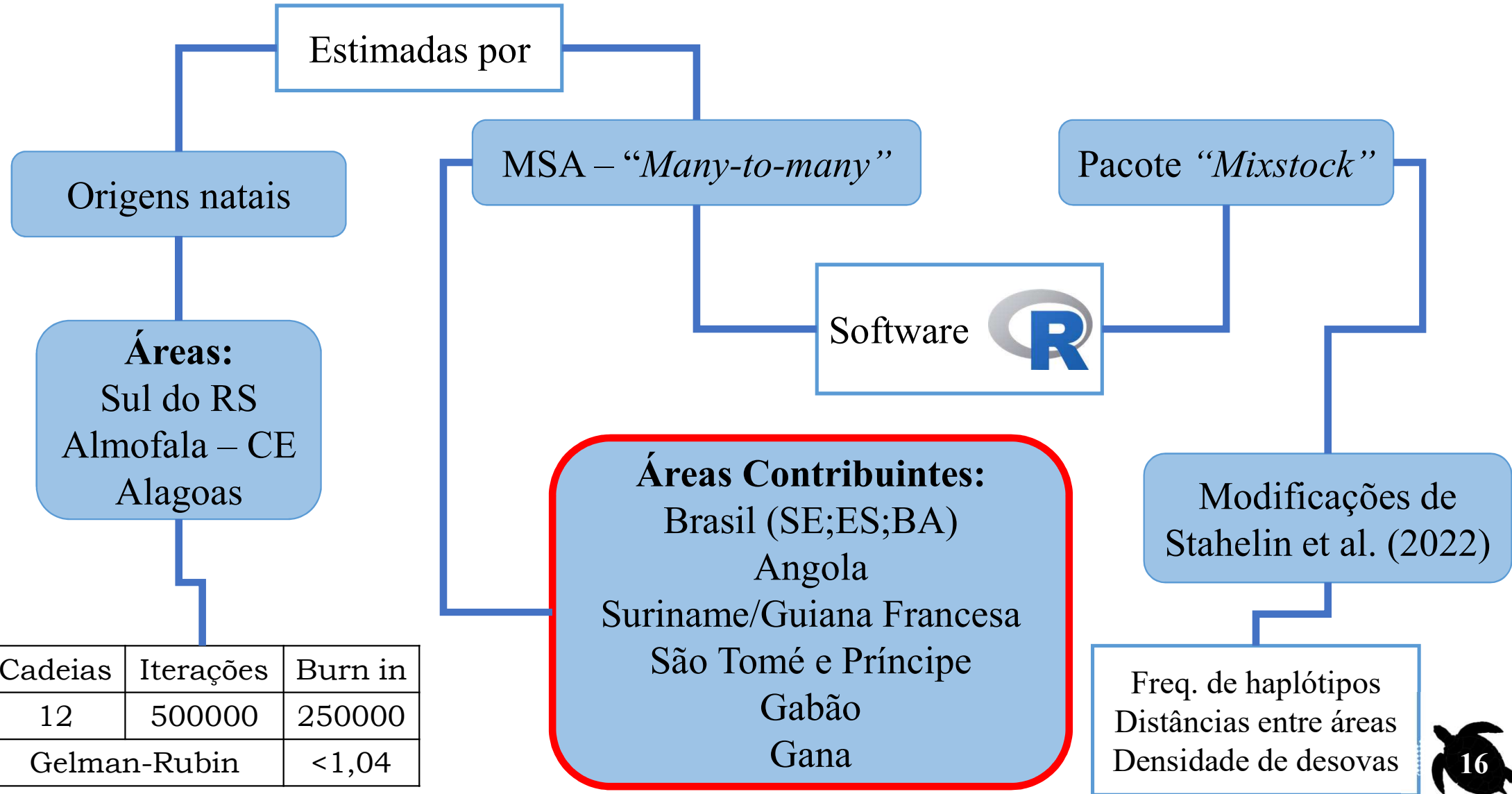
Cadeias	Iterações	Burn in
12	500000	250000
Gelman-Rubin		<1,04





Cadeias	Iterações	Burn in
12	500000	250000
Gelman-Rubin		<1,04



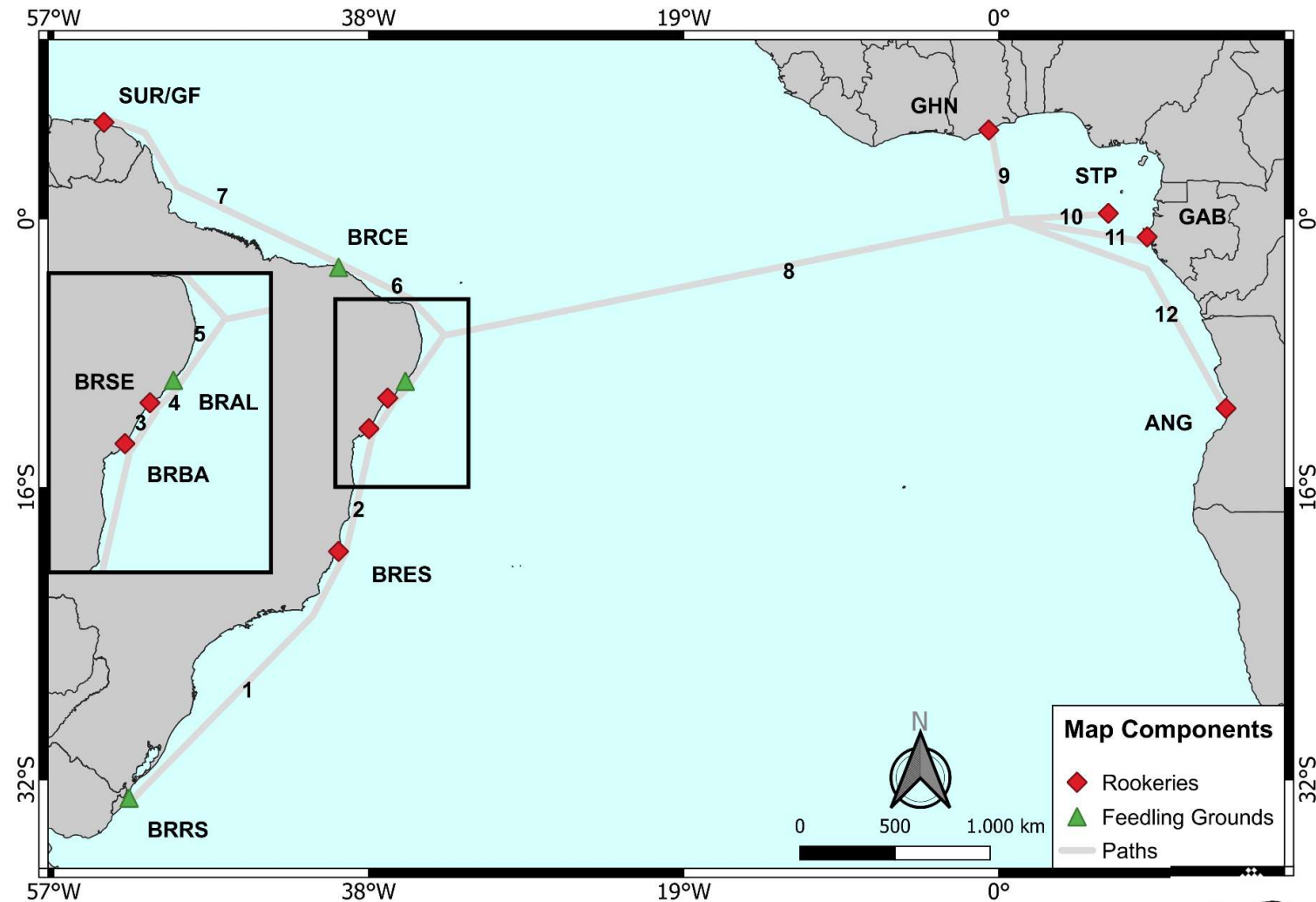
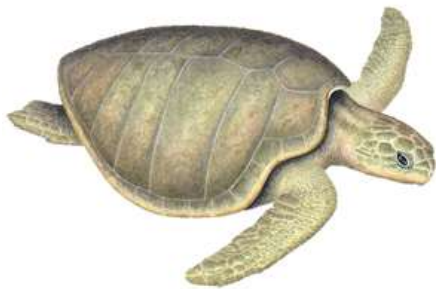


## Densidades de desovas:

Relatórios do grupo de especialistas da IUCN

## Distâncias:

Na mesma plataforma –  
Corredores ecológicos  
Plataforma diferente –  
Correntes superficiais



## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	<b>h</b>	<b><math>\pi</math></b>
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	h	$\pi$
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- 4 Haplótipos encontrados;
  - Todos já reportados na literatura para esta bacia oceânica;



## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	h	$\pi$
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- 4 Haplótipos encontrados;
- 2 Exclusivos da costa brasileira;
  - 1 para Alagoas e 1 para Ceará;

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	h	$\pi$
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- 4 Haplótipos encontrados;
- 2 Exclusivos da costa brasileira;
- 1 Já reportado para Suriname/Guiana Francesa e Gabão;
  - Indica possível contribuição dessas regiões para o RS;

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	h	$\pi$
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- 4 Haplótipos encontrados;
- 2 Exclusivos da costa brasileira;
- 1 Já reportado para Suriname/Guiana Francesa e Gabão;
- Lo67 sendo o mais frequente para todas as áreas.
  - Haplótipo central na diversidade do D'loop das tartarugas-oliva do Atlântico.

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	<b>h</b>	<b><math>\pi</math></b>
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- Diversidade genética baixa;

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	h	$\pi$
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- Diversidade genética baixa;
  - Diversidades nucleotídicas muito baixa;

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	<b>h</b>	<b><math>\pi</math></b>
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

- Diversidade genética baixa;
- Padrão diferente do observado para áreas de alimentação ao redor do globo;
  - Estoques mistos – espera-se diversidade mais elevada;

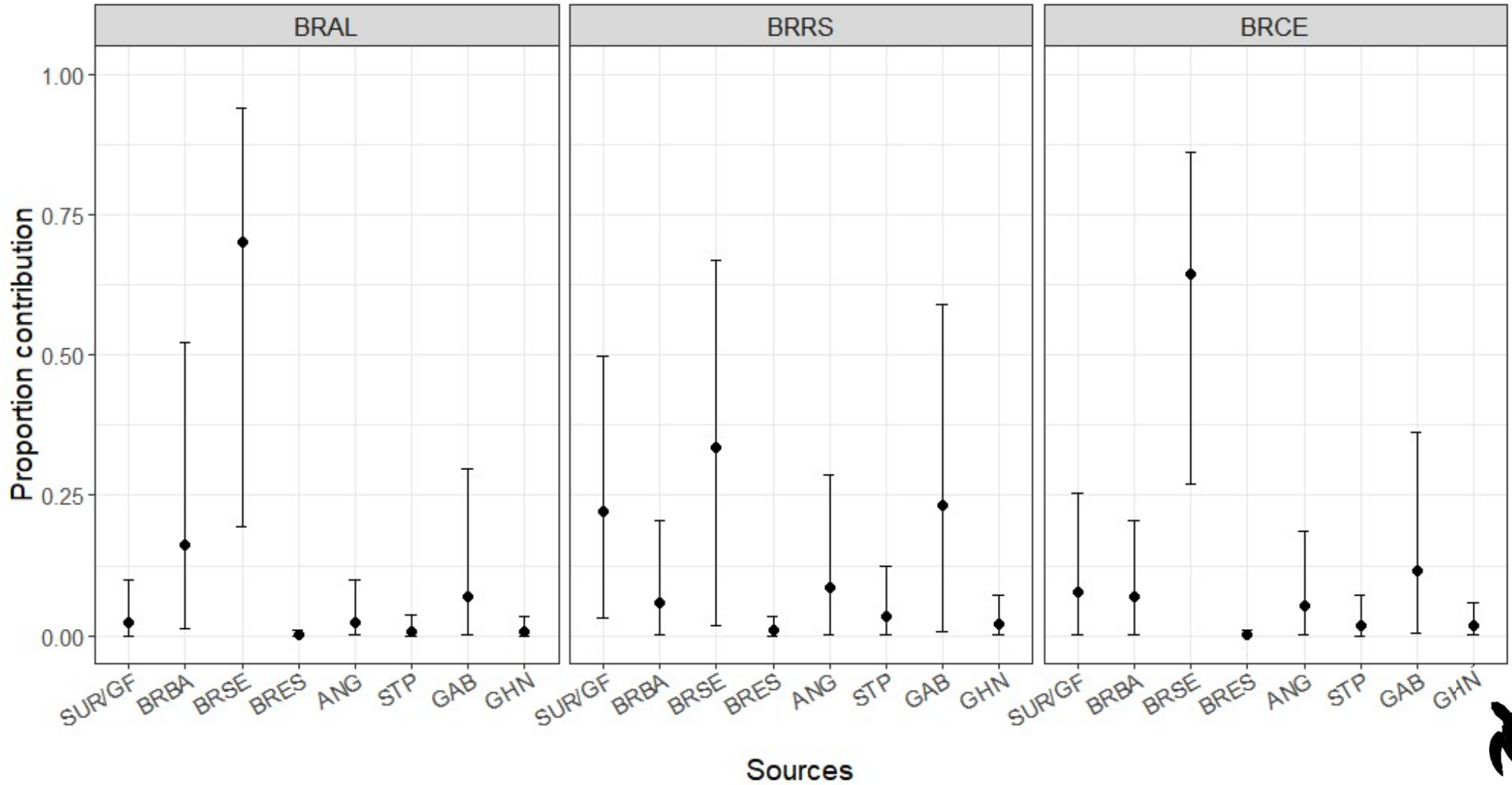
Local	<b>h</b>	<b><math>\pi</math></b>	Referência
Leste do Pacífico	0,61	0,0179	Duchene et al. (2012); Vilaça et al. (2022)
Golfo da Carpentaria (norte da Austrália)	0,97	0,0048	Jensen et al. (2013)

## Diversidade genética em áreas de alimentação

Haplótipo	Lo67	LoX3	LoX4	Lo66	Total	<b>h</b>	<b><math>\pi</math></b>
RS	58	0	0	5	63	0,149 +/- 0,057	0,0002 +/- 0,0003
AL	17	0	1	0	18	0,111 +/- 0,096	0,0002 +/- 0,0003
CE	39	1	0	0	40	0,050 +/- 0,047	0,0001 +/- 0,0002

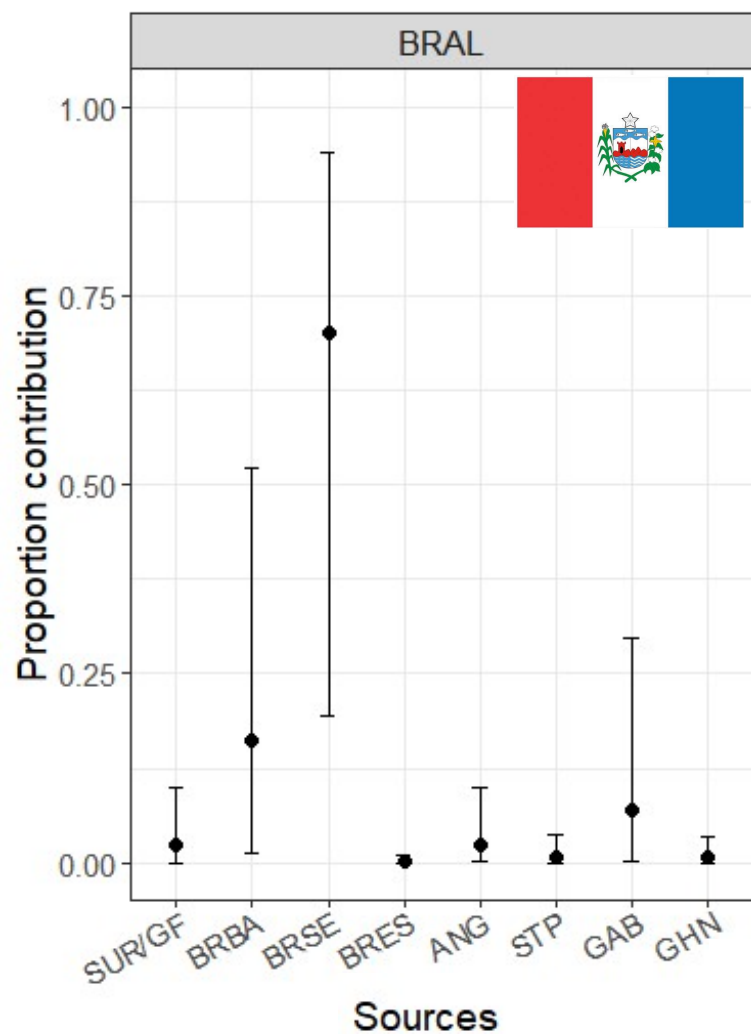
- Diversidade genética baixa;
- Padrão diferente do observado para áreas de alimentação ao redor do globo;
- Pode estar associado à baixa diversidade do Atlântico;
  - Preferências de áreas de alimentação entre o Leste e o Oeste da bacia oceânica;

## Origens natais em áreas de forrageio



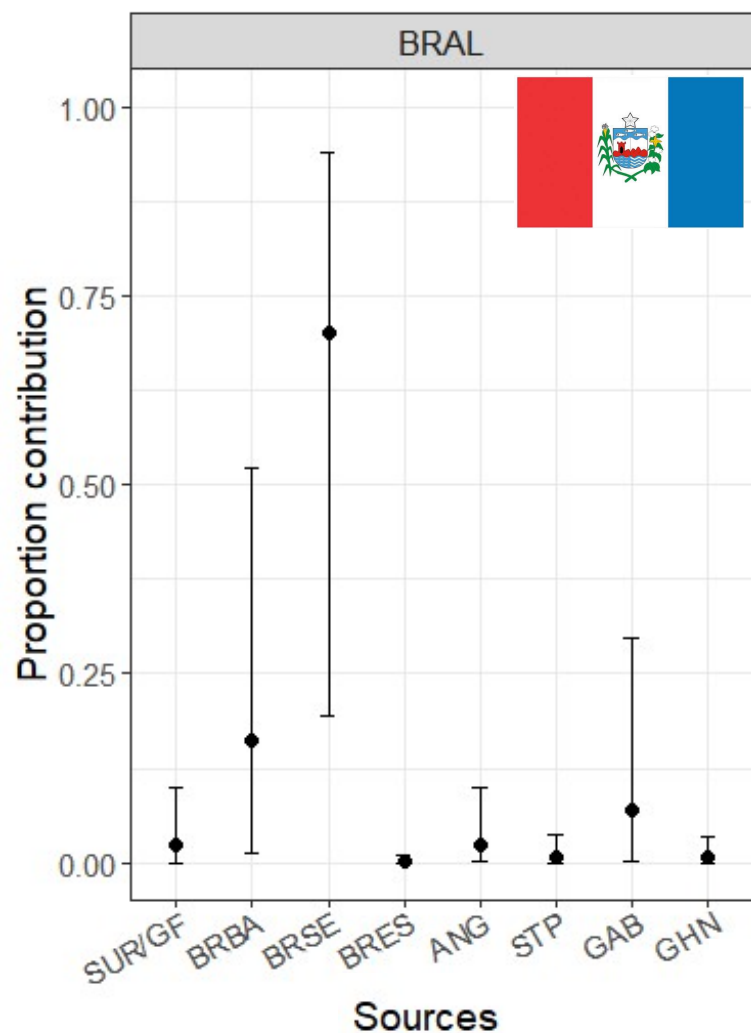


## Origens natais em áreas de forrageio

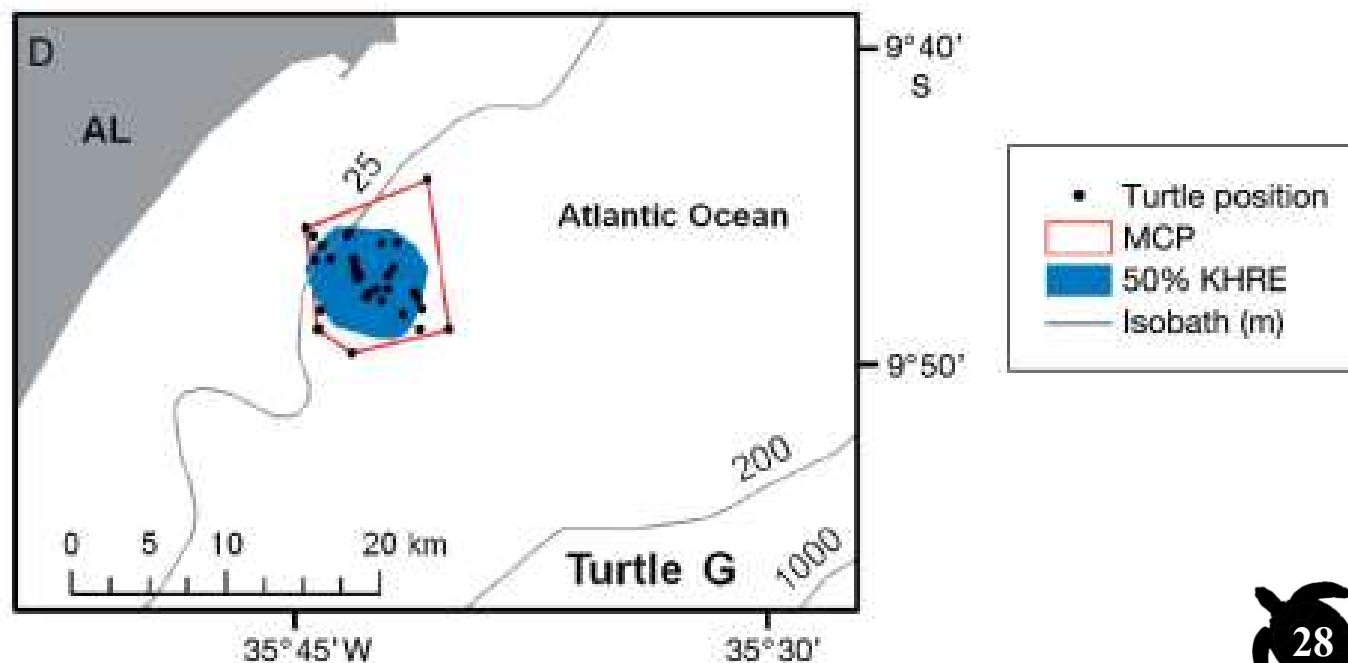


- Sergipe – Maior contribuição (70,3%);
- Seguido por Bahia (16%) e Gabão (7%);

## Origens natais em áreas de forrageio

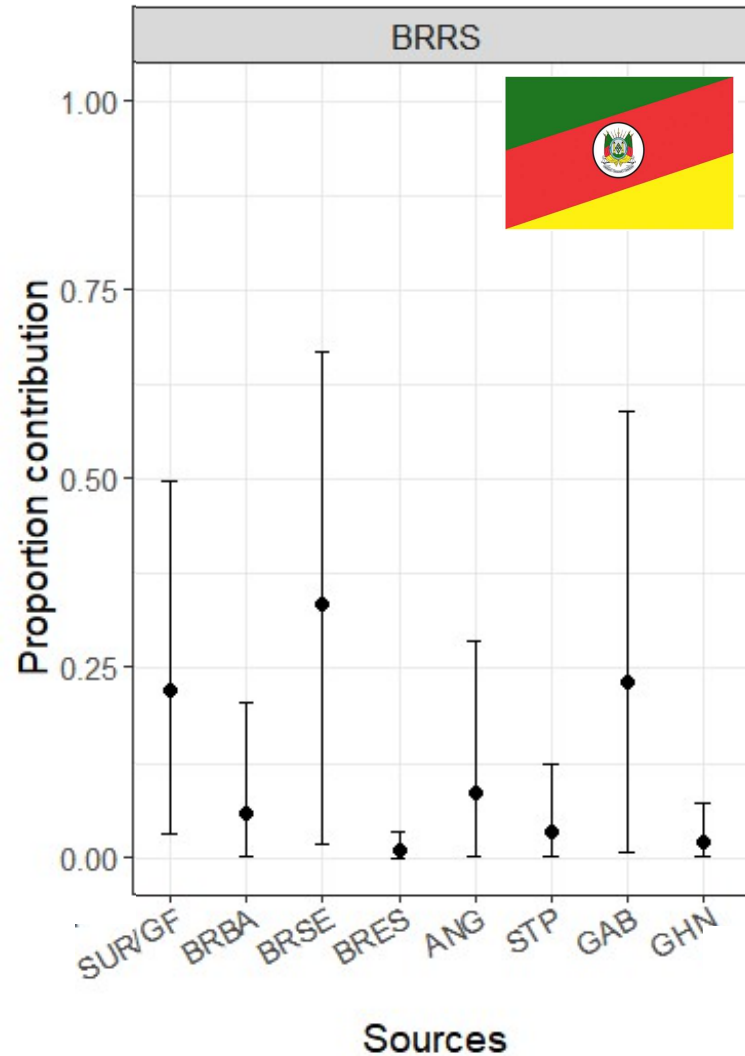


- Sergipe – Maior contribuição (70,3%);
- Seguido por Bahia (16%) e Gabão (7%);
- Telemetria – uso internidal da região.



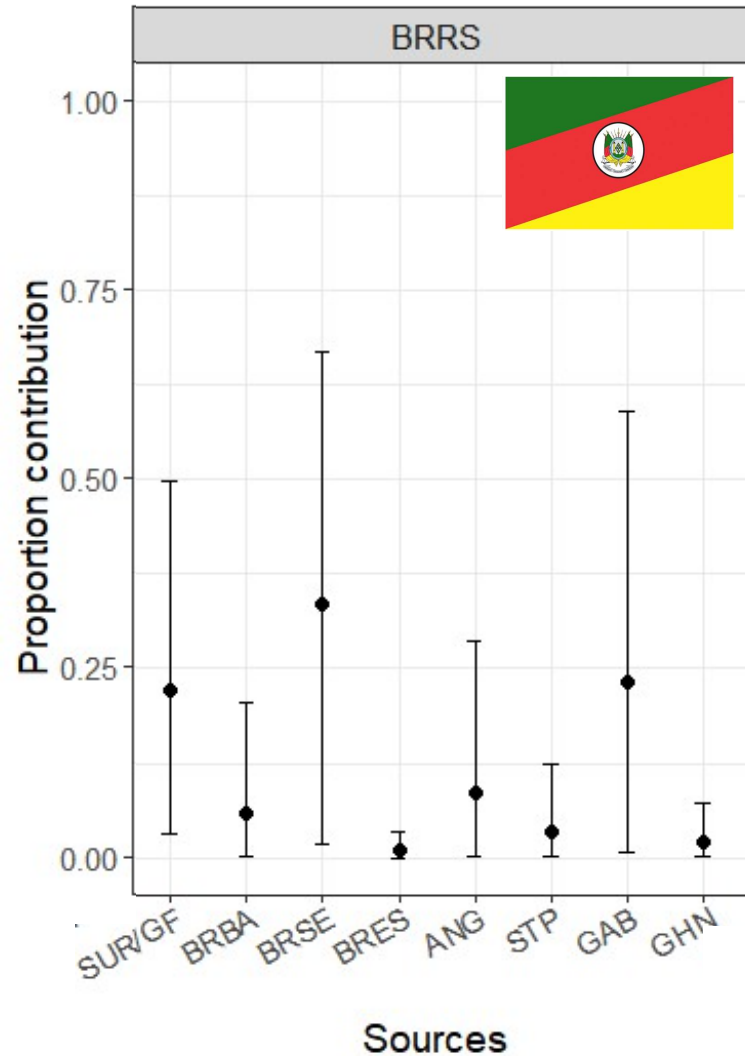
Fonte: Silva et al. (2011)

## Origens natais em áreas de forrageio

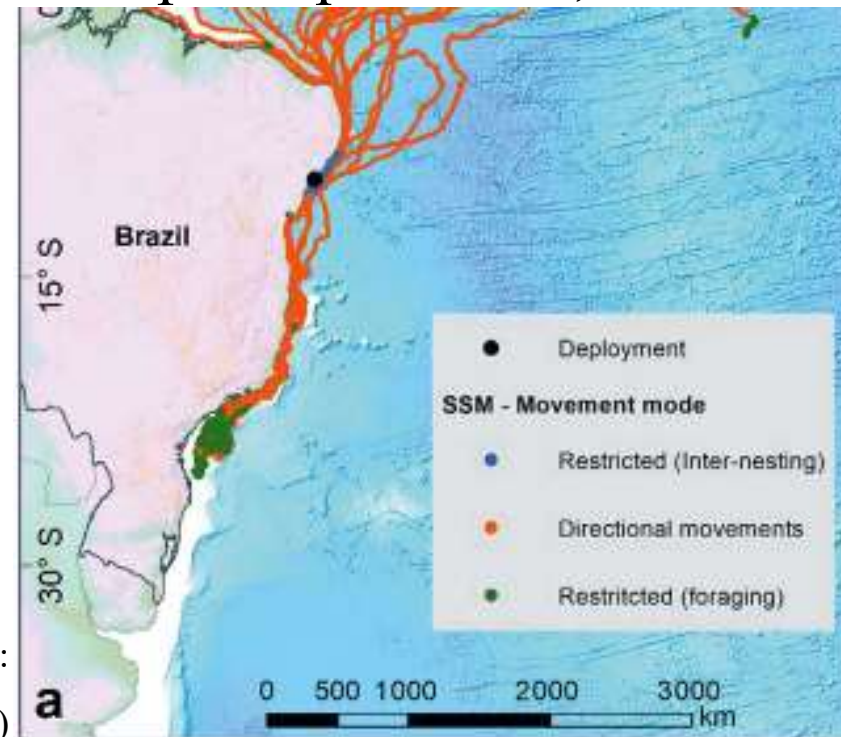


- Sergipe – Maior contribuição (33,5%);
- Seguido por Gabão (23%) e Suriname (22%);

## Origens natais em áreas de forrageio



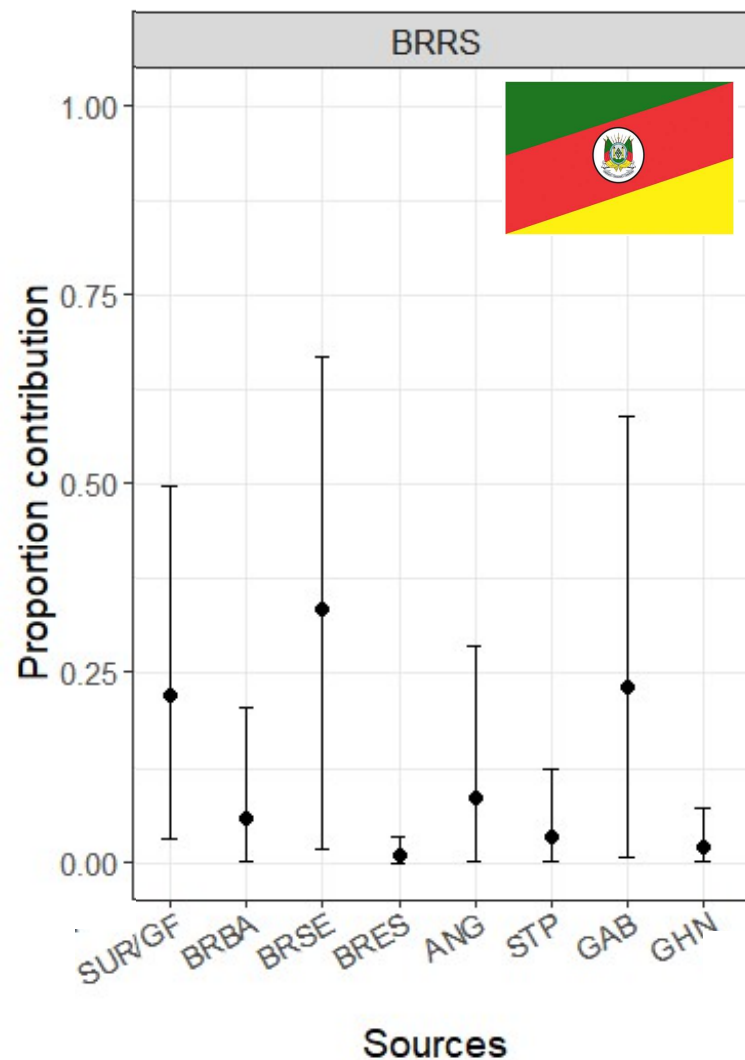
- Sergipe – Maior contribuição (33,5%);
- Seguido por Gabão (23%) e Suriname (22%);
- Telemetria – pós reprodutivo;



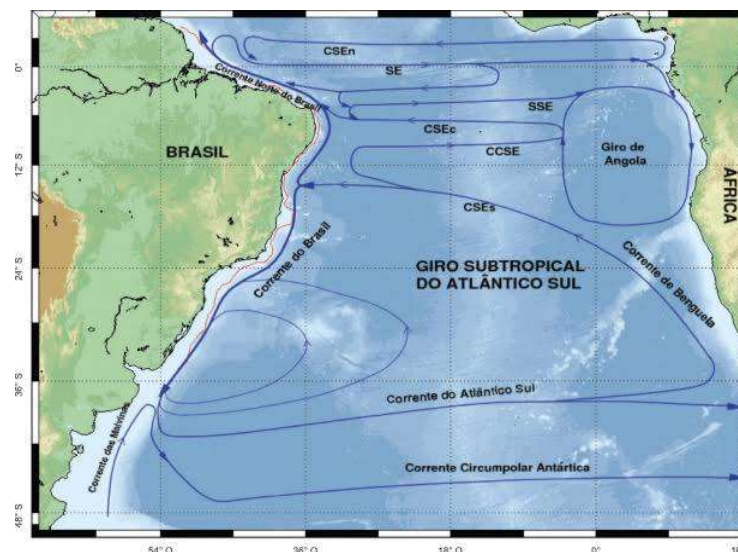
Fonte:

Santos et al. (2019)

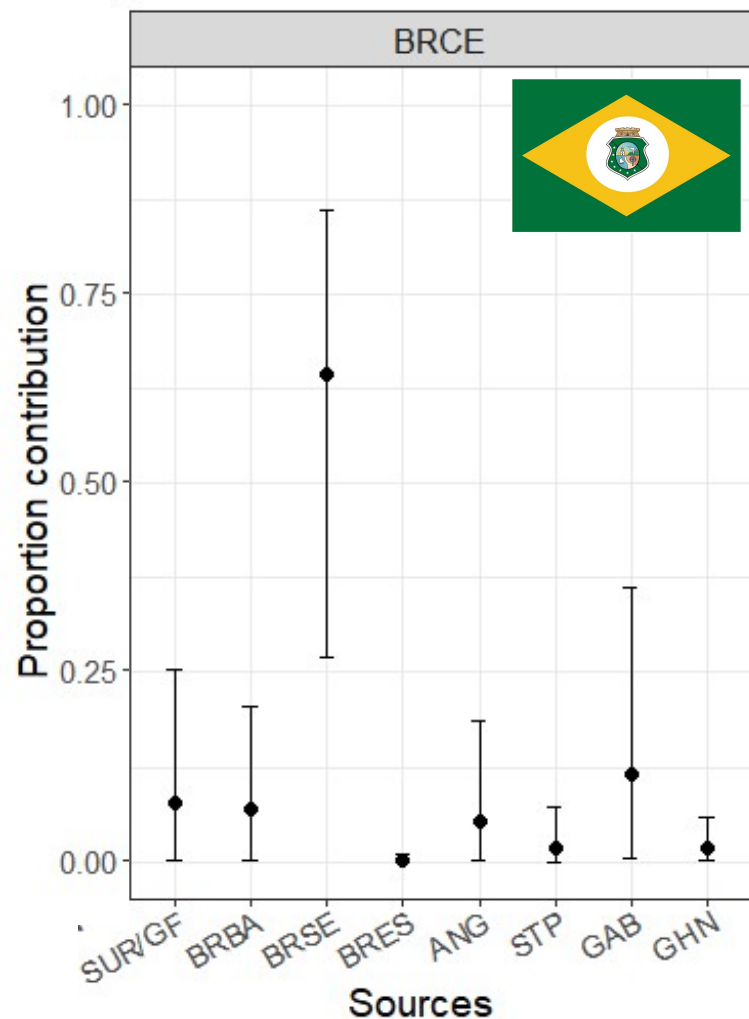
## Origens natais em áreas de forrageio



- Sergipe – Maior contribuição (33,5%);
- Seguido por Gabão (23%) e Suriname (22%);
- Telemetria – pós reprodutivo;
- Haplótipo Lo66 – influência nas estimativas.
  - Gabão – correntes favoráveis.

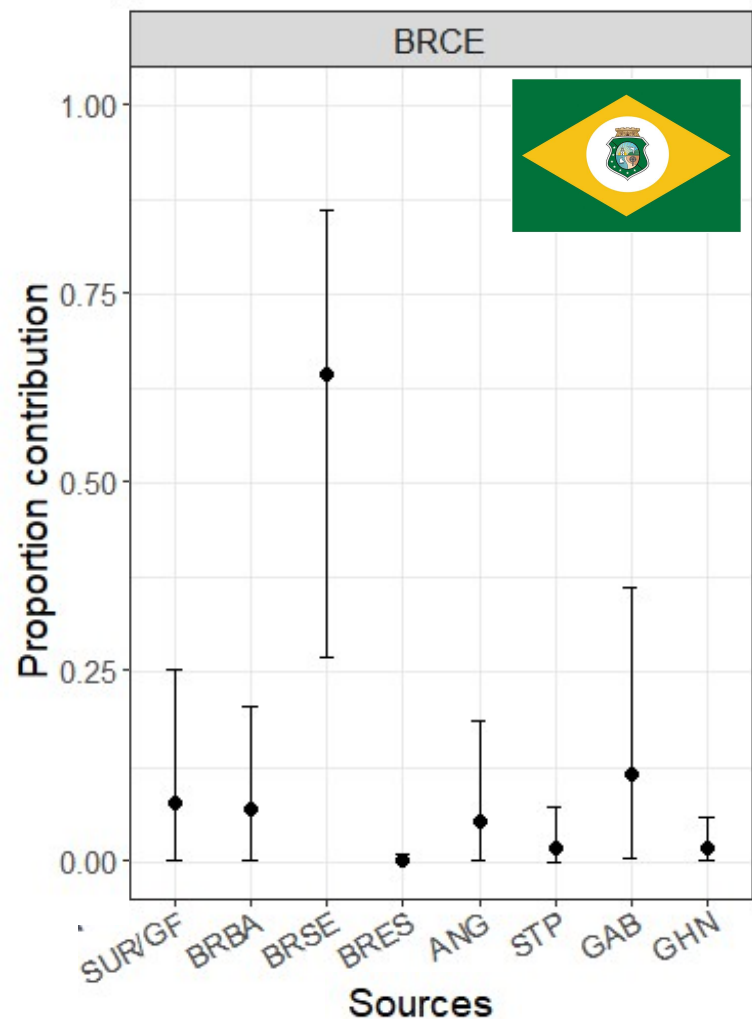


## Origens natais em áreas de forrageio

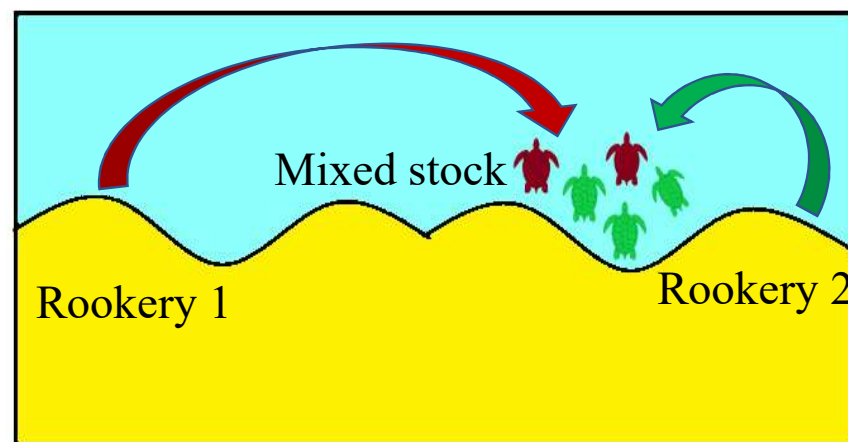


- Sergipe – Maior contribuição (64,3%);
- Seguido por Gabão (11,7%), Suriname (7,7%) e Bahia (7%).

## Origens natais em áreas de forrageio



- Sergipe – Maior contribuição (64,3%);
- Seguido por Gabão (11,7%), Suriname (7,7%) e Bahia (7%).
- Anilhas – fêmeas encontradas em SE (Lima et al., 2018);
- Proximidade com área de desova;
- Correntes favoráveis.



## Esses resultados indicam

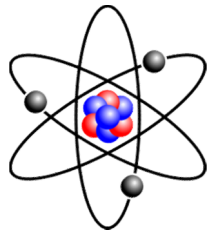
- Áreas de alimentação predominantemente compostas por animais nascidos no Brasil;
  - Especialmente de Sergipe e Bahia;
- No Nordeste e no Sul também foram observadas contribuições do Gabão, e no Sul também do Suriname/Guiana Francesa;
  - Conectividade entre diferentes regiões geopolíticas e a necessidade de cooperação internacional para a conservação.





## Esses resultados indicam

- É importante ressaltar: Intervalos de Credibilidade das estimativas **foram amplos**;
  - **Limita** a confiabilidade dos resultados;
  - Devem ser interpretados **com cautela**.
- Diversidade genética baixa no Atlântico afeta negativamente a precisão das estimativas;
  - Necessidade de **métodos complementares** para uma maior compreensão.



Importantes para a **elaboração e implementação** de planos de conservação regionais (ou internacionais) para a espécie.



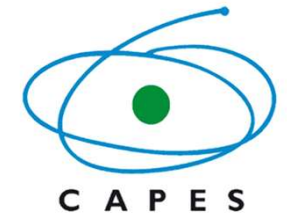
Foto: Chris Vaughan-Jones @chriscvj

Apesar da alta contribuição de indivíduos brasileiros, **também houve contribuições** de outros países;

Conservação destas áreas de forrageamento possa **impactar** as populações que desovam em outros locais do Atlântico, e vice-versa.



# Agradecimentos



E-mail: [igorperesp@hotmail.com](mailto:igorperesp@hotmail.com)