

UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
CAMPUS A. C. SIMÕES
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
CURSO CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - BACHARELADO

THAILA MYRELLA LEITE ALVES DE OLIVEIRA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DA TARTARUGA-VERDE (*Chelonia mydas*) NA ÁREA
DE PROTEÇÃO AMBIENTAL COSTA DOS CORAIS**

MACEIÓ

2023

THAILA MYRELLA LEITE ALVES DE OLIVEIRA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DA TARTARUGA-VERDE (*Chelonia mydas*) NA ÁREA
DE PROTEÇÃO AMBIENTAL COSTA DOS CORAIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Alagoas, como requisito para obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Robson Guimarães dos Santos

Coorientador: Dr. João Paulo Felix Augusto de Almeida

MACEIÓ

2023

Catálogo na fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Central
Divisão de Tratamento Técnico
Bibliotecária: Taciana Sousa dos Santos – CRB-4 – 2062

O48d Oliveira, Thaila Myrella Leite Alves de.
Diversidade genética da tartaruga-verde (*Chelonia mydas*) na área de
proteção ambiental Costa dos Corais / Thaila Myrella Leite Alves de
Oliveira. – 2023.
36 f. : il. color.

Orientador: Robson Guimarães dos Santos.
Coorientador: João Paulo Felix Augusto de Almeida.
Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso em Ciências Biológicas:
Bacharelado) – Universidade Federal de Alagoas. Instituto de Ciências
Biológicas e da Saúde. Maceió, 2023.

Bibliografia: f. 24-28.
Apêndices: 29-36.

1. Tartaruga-verde. 2. Área de alimentação. 3. Diversidade genética. I.
Título.

CDU: 598.13 : 575

*Aos meus pais, Paula e Clenilton,
por me incentivarem sempre a seguir meus
sonhos.*

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais, Paula e Clenilton, por sempre colocarem a minha educação em primeiro lugar, além de que sempre estiveram ao meu lado me apoiando ao longo de toda a minha trajetória. Eu não estaria aqui sem todo o esforço e o apoio de vocês.

Aos meus avós, Niete e José Clovis, por me proporcionarem conviver tão próximo a natureza e despertar em mim a curiosidade de saber sempre mais sobre a fauna e a flora.

Ao meu namorado Yosaff pela compreensão e paciência demonstrado durante o período do projeto.

Às minhas amigas de graduação, Aminye, Camila, Carla Britto, Carla Moura, Grazielle, Isaely, Luciana, Roberta e Talita, pela amizade, companhia e apoio todos esses anos. Juntas conseguimos avançar e ultrapassar todos os obstáculos.

Ao meu orientador, Robson dos Santos, pela oportunidade de ingressar no LAMARC e por ter me ensinando tanto sobre o mundo das tartarugas marinhas. Sou muito grata por todos os aprendizados nos últimos cinco anos.

Ao meu coorientador, João Almeida, pela imensa paciência em me ensinar cada metodologia e pelas valiosas contribuições dadas durante todo o processo.

Aos meus amigos e colegas do Laboratório de Biologia Marinha e Conservação: Adriano, Gabriela, Ingredy, João, Kalyne, Laura, Lucia, Priscilla, Renata, pelas trocas de conhecimento e ensinamentos. Sou grata por tudo o que vivi e aprendi nesse período.

Ao Instituto Biota de Conservação, pelas oportunidades de acompanhar as atividades de perto e pela cessão dos espécimes estudados nesse trabalho.

À professora Dr. Tami Mott, por ceder os espaços do Laboratório de Biologia Integrativa – LABI para de partes da pesquisa.

À ONG Ecoassociados, pela oportunidade cedida de estagiar voluntariamente e obter experiências inestimáveis trabalhando com as tartarugas marinhas.

Às amigas de voluntariado na Ecoassociados: Carol, Júlia, Leticia, Luana, Taoana e Wanúbia, pela oportunidade de convívio, amizade e as grandes trocas de conhecimento.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa concedida quando fui aluna de Iniciação Científica.

À Universidade Federal de Alagoas, pelo ensino gratuito e de qualidade. Tive incontáveis oportunidades nos meus anos de graduação.

A todos que contribuíram para minha formação, muito obrigada!

Na natureza, nada existe sozinho.

- Rachel Carson

RESUMO

A tartaruga-verde (*Chelonia mydas*) possui um desenvolvimento lento e uma distribuição cosmopolita, ocorrendo em águas tropicais e subtropicais. Esta espécie realiza diversas migrações em todas as fases da sua ontogenia. Os sítios de alimentação (SA), onde passam a maior parte de suas vidas, são compostos por indivíduos de diferentes classes de tamanho e diferentes origens natais, por isso são denominados estoques mistos. As tartarugas fêmeas demonstram um comportamento filopátrico, que seria a tendência a retornarem à praia natal para nidificarem durante seus próximos ciclos reprodutivos. Esse comportamento produz uma estruturação genética entre os sítios de nidificação (SN), que geralmente pode ser detectada no DNA mitocondrial, por este apresentar uma herança materna. Neste estudo, análises genéticas foram realizadas para avaliar se a origem natal das tartarugas-verde, variam de acordo com a classe de tamanho dos indivíduos que utilizam a Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (APACC) como SA. Amostras de tecido muscular foram coletadas de 115 espécimes de *Chelonia mydas*, que foram separados em duas classes de tamanho: juvenis recém-recrutados para o SA (CCC ≤ 45 cm; N=53) e jovens estabelecidos no SA (CCC ≥ 55 cm; N=63). Foram geradas sequências de DNA mitocondrial e os haplótipos foram identificados utilizando a base de dados *Archie Carr Center for Sea Turtle Research*. Foram estimadas as diversidades de haplótipos (H) e de nucleotídeos (π), e realizada a Análise de Variância Molecular (AMOVA) para verificar se existe diferenciação genética entre as classes de tamanho. Foi empregada uma análise de estoque misto para avaliar as origens natais dos indivíduos presentes na área de estudo. Para essa análise foi utilizada a abordagem *many-to-one*, onde é estimada a provável origem natal de indivíduos em um estoque misto (sítio de alimentação) levando em consideração fontes múltiplas (sítios de nidificação). Foram encontrados oito haplótipos na área de estudo, e apenas o CM-A8 (68%; 66%) e CM-A5 (25%; 18%) foram os haplótipos mais frequentes para as duas classes de tamanho, ≤ 45 cm e ≥ 55 cm, respectivamente. A AMOVA indicou que a variação genética não foi significativa entre as duas classes de tamanho ($F_{ST} = 0,00393$, $p = 0,25762$), e que a maior variação genética estava dentro das classes (99,61%). Já as análises de estoque misto revelaram a Ilha de Ascensão (58,69%) e Guiné-Bissau (46,78%) como os principais contribuintes para a composição de indivíduos na APACC, ≤ 45 cm e ≥ 55 cm respectivamente. A Ilha de Trindade (32%) apresentou uma contribuição significativa apenas para os espécimes ≥ 55 cm. Os resultados deste estudo ajudam a compreender a diversidade genética de *C. mydas*, no SA na APACC, que se apresentou semelhante a outros SAs do Atlântico Sudoeste. Foi possível notar que a área de estudo possui conectividade com diversos SN do Atlântico, destacando assim a APACC como uma importante área de desenvolvimento e alimentação dessa espécie. Tais resultados em conjunto com pesquisas adicionais podem definir áreas-chave de forrageamento da tartaruga-verde dentro da APACC que, com manejo eficaz, formarão um eixo para auxiliar a proteger a espécie na região.

Palavras-chave: estoque misto; estrutura genética; sítio de alimentação.

ABSTRACT

The green turtle (*Chelonia mydas*) has a slow development and a cosmopolitan distribution, occurring in tropical and subtropical waters. This species performs several migrations at all stages of its ontogeny. The feeding groups (FG), where they spend most of their lives, are composed of individuals of different size classes and different natal origins, for this reason they are called mixed stocks. Female turtles demonstrate a philopatric behavior, which would be the tendency to return to the natal beach to nest during their next reproductive cycles. This behavior produces a genetic structure between nesting sites (NS), which can usually be detected in mitochondrial DNA, as it presents maternal inheritance. In this study, genetic analyzes were carried out to assess whether the natal origin of green turtles varies according to the size class of individuals that use the Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (APACC) as FG. Muscle tissue samples were collected from 115 specimens of *Chelonia mydas*, which were separated into two size classes: juveniles recently recruited to FG (CCL ≤ 45 cm; N=53) and established juveniles to FG (CCL ≥ 55 cm; N=63). Mitochondrial DNA sequences were generated and haplotypes were identified using the Archie Carr Center for Sea Turtle Research database. Haplotype (H) and nucleotide (π) diversities were estimated, and Molecular Variance Analysis (AMOVA) was performed to verify whether there is genetic differentiation between size classes. A mixed stock analysis was employed to assess the natal origins of individuals present in the study area. For this analysis, the many-to-one approach was used, where the probable natal origin of individuals in a mixed stock (feeding groups) is estimated, taking into account multiple sources (nesting sites). Eight haplotypes were found in the study area, and only CM-A8 (68%; 66%) and CM-A5 (25%; 18%) were the most frequent haplotypes for the two size classes, ≤ 45 cm and ≥ 55 cm respectively. AMOVA indicated that genetic variation was not significant between the two size classes ($F_{ST} = 0.00393$, $p = 0.25762$), and that the greatest genetic variation was within classes (99.61%). Mixed stock analyzes revealed Ascension Island (58.69%) and Guinea-Bissau (46.78%) as the main contributors to the composition of individuals in the APACC, ≤ 45 cm and ≥ 55 cm respectively. Trindade Island (32%) showed a significant contribution only for specimens ≥ 55 cm. The results of this study help to understand the genetic diversity of *C. mydas* in the FG for APACC, which was similar to other FGs in the Southwest Atlantic. It was possible to notice that the study area has connectivity with several NS of the Atlantic, thus highlighting the APACC as an important area of development and feeding of this species. Such results, together with additional research, may define key areas for green turtle foraging within the APACC that, with effective management, will form an axis to help protect the species in the region.

Keywordz: mixed stocks; genetic structure; feeding grounds.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AMOVA	Análise de Variância Molecular
APACC	Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais
CCC	Comprimento Curvilíneo da Carapaça
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
PELD	Programa de Pesquisa Ecológica de Longa Duração
SA	Sítio de Alimentação
SN	Sítio de Nidificação

SUMÁRIO

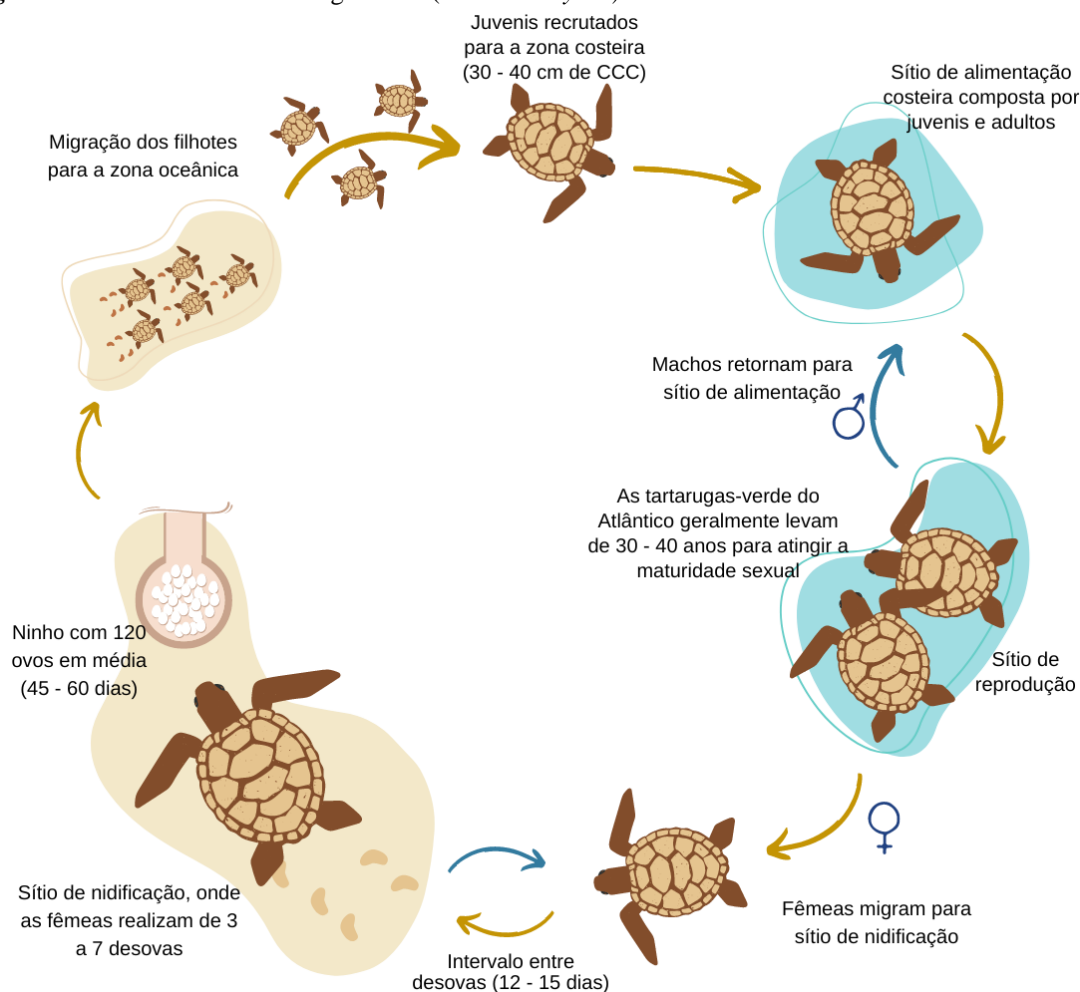
1	INTRODUÇÃO	10
2	OBJETIVOS	13
2.1	Objetivo geral	13
2.2	Objetivos específicos	13
3	MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1	Coleta de amostras	14
3.2	Procedimento laboratorial	15
3.3	Diversidade e diferenciação genética	15
3.4	Análise de estoque misto	16
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
4.1	Diversidade e diferenciação genética	18
4.2	Análise de estoque misto	20
5	CONCLUSÃO	23
	REFERÊNCIAS	24
	APÊNDICE A	29
	APÊNDICE B	34
	APÊNDICE C	36

1 INTRODUÇÃO

A tartaruga-verde (*Chelonia mydas*) é uma espécie de distribuição cosmopolita, ocorrendo em águas tropicais e subtropicais, utilizando ainda ambientes como estuários de rios e lagos, sendo assim caracterizada como a espécie de tartaruga marinha que apresenta hábitos mais costeiros (HIRTH, 1997). Atualmente, está classificada pela União Internacional para a Conservação da Natureza como ameaçada de extinção (IUCN, 2022).

O ciclo de vida da tartaruga-verde pode ser caracterizado por longas migrações e uma série de mudanças de uso de habitats ao longo de sua ontogenia (LUSCHI e CASALE, 2014). Após a eclosão, os filhotes emergem de seus ninhos nas praias de nidificação, rastejam para o mar e nadam até a zona oceânica, permanecendo no estágio oceânico por um período de tempo variável, nesse período as tartarugas-verdes apresentam uma dieta onívora, com tendência carnívora (Figura 1; MUSICK e LIMPUS, 1997; BJORN DAL, 2017).

Figura 1- Ciclo de vida da tartaruga-verde (*Chelonia mydas*)



Fonte: elaborado pela autora (2023)

Estudos de taxas de crescimento e estimativas de idade indicam que as tartarugas-verdes no oeste do Atlântico Sul geralmente passam dois anos no estágio oceânico até se

tornarem indivíduos juvenis e serem recrutadas para os sítios de alimentação (SA) costeiros, caracterizando o estágio nerítico de desenvolvimento (MUSICK e LIMPUS, 1997; BOLTEN, 2003; LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017). Após serem recrutados, os juvenis passam por uma mudança em sua dieta tornando-se indivíduos herbívoros, com uma dieta composta principalmente de macroalgas e fanerógamas marinhas (MORTIMER, 1982).

Esses SAs são geralmente compostos por estoques mistos, isto é, indivíduos derivados de diferentes sítios de nidificação (SN; BOWEN e KARL, 2007). Após atingir a maturidade sexual, as fêmeas adultas realizam migrações reprodutivas cíclicas entre os habitats de alimentação e nidificação potencialmente separados por milhares de quilômetros (NARO-MACIEL et al., 2012). Estudos anteriores de marcação e recaptura e de telemetria via satélite enfatizaram a conexão entre esses sítios de alimentação e nidificação (MORTIMER e CARR, 1987; LUSCHI et al., 1998). As fêmeas demonstram um comportamento filopátrico com relação às praias em que nidificam (BOWEN e KARL, 2007), ou seja, as tartarugas possuem uma tendência a retornarem à praia natal para nidificarem durante seus próximos ciclos reprodutivos.

Esse comportamento filopátrico das fêmeas produz uma estruturação genética entre os sítios de nidificação, que geralmente pode ser detectada no DNA mitocondrial, pois, é uma herança materna (e.g. NARO-MACIEL et al., 2014). Conhecer a estrutura genética da população dos SNs permite traçar a origem natal dos indivíduos nos SAs (NARO-MACIEL et al., 2012). Essa análise genética é uma ferramenta valiosa para investigar a conectividade entre essas áreas de nidificação e alimentação, pois, esclarecer padrões de dispersão e migração é um desafio em organismos altamente migratórios (BOWEN e KARL., 2007)

Dados da literatura revelaram que a América do Sul abriga diversos sítios de alimentação da tartaruga-verde, desde a costa da Argentina, em Buenos Aires, até o Ceará, com a maioria dos SAs estando distribuídos ao longo da costa brasileira: Almofalas (CE), Fernando de Noronha (PE), Bahia, Espírito Santo, Ubatuba (SP), Estuário Paranaguá (PR), Ilha do Arvoredo (SC) e Praia do Cassino (RS). Esses estudos apresentaram uma elevada contribuição da Ilha de Ascensão para a composição genética desses SAs. A ilha abriga o maior SN desta espécie no Atlântico Sul (NARO-MACIEL et al., 2007, 2012; PROIETTI et al., 2009, 2012; PROSDOCIMI et al., 2012; JORDÃO et al., 2015;).

As áreas de reprodução dessa espécie no Brasil estão localizadas em ilhas oceânicas isoladas, como a Ilha da Trindade (Espírito Santo, MOREIRA et al 1995), Atol das Rocas (Rio Grande do Norte, BELLINI et al., 1996) e Fernando de Noronha (Pernambuco, BELLINI e SANCHES 1996). Estas áreas isoladas estão protegidas ora em Unidades de Conservação

Federais (Reserva Biológica de Atol das Rocas e Parque Nacional Marinho de Fernando de Noronha) e ora em Municipal (Trindade/ ES, que também é área militar da Marinha, ALMEIDA et al., 2011a) e assim estas populações acabam sofrendo um menor impacto da urbanização e das atividades antrópicas quando comparada a zona costeira. Contudo, esta espécie apresenta ainda os maiores números de indivíduos juvenis mortos encalhados ao longo da costa brasileira, em comparação com outras espécies de tartaruga marinha, em decorrência do aumento da pesca costeira de emalhe (ALMEIDA et al., 2011a).

A Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (APACC) é um sítio de alimentação das tartarugas-verdes. É a maior unidade de conservação federal marinha costeira do Brasil (ICMBIO, 2022), nela se encontram as maiores extensões de recifes de coral costeiros do país. A APACC compreende 120 km de praias e manguezais, abrangendo assim oito municípios de Alagoas e três municípios do sul de Pernambuco. Está classificada como uma unidade de uso sustentável, que busca conciliar os objetivos de conservação/preservação ambiental e os usos direto (pesca) e indireto (turismo e pesquisa) dos recursos naturais de maneira sustentável (ICMBIO, 2022). A importância da APACC para as tartarugas marinhas já foi relatada por SANTOS et al. (2022), onde foi analisada as áreas principais de uso das tartarugas-marinhas com sobreposição as áreas marinhas protegidas e a área que teve maior recorrência foi a APACC por compreender áreas utilizadas por *Eretmochelys imbricata* (tartaruga-de-pente), assim como por compor corredor migratório de *Lepidochelys olivacea* (tartaruga-oliva) e *Caretta caretta* (tartaruga-cabeçuda).

As tartarugas que se deslocam entre áreas de conservação e áreas altamente urbanizadas durante as migrações de reprodução ou desenvolvimento podem enfrentar ameaças maiores fora das áreas protegidas, ressaltando assim a importância de entender sua distribuição populacional (NARO-MACIEL et al., 2012). Além disso, devido ao desenvolvimento lento das tartarugas-marinhas, é possível estudá-las em diferentes classes de tamanho possibilitando assim um recorte temporal da população, onde os indivíduos maiores nasceram há muito mais tempo que os menores (JENSEN et al., 2018), essas informações em conjunto podem auxiliar no planejamento de ações de conservação, especialmente em espécies com hábitos altamente migratórios, como é o caso das tartarugas-verdes, que podem estar sob uma ampla variedade de ameaças (WALLACE et al., 2012).

Diante disso, traçar a conectividade entre o sítio de alimentação da APACC com os sítios de nidificação da tartaruga-verde em diferentes classes de tamanho pode ser uma importante estratégia para informar o potencial dessa Unidade de Conservação para proteção dessa espécie.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar se a composição genética e estrutura populacional das tartarugas-verdes, *Chelonia mydas*, variam de acordo com a classe de tamanho dos indivíduos que utilizam a Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais como sítio de alimentação.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

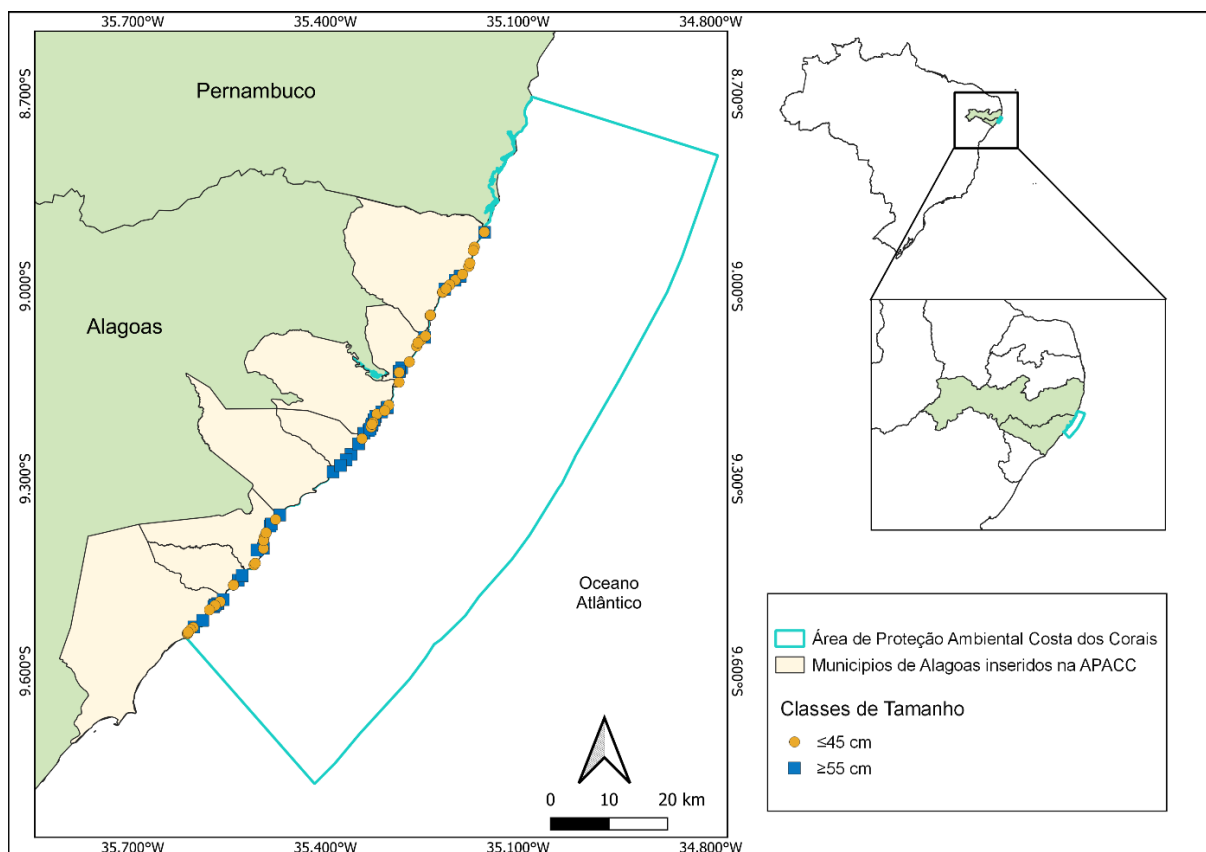
- a) Caracterizar geneticamente a população de tartarugas-verdes, de diferentes classes de tamanho, que utilizam à APACC como sítio de alimentação.
- b) Analisar se a estrutura genética varia entre diferentes classes de tamanho.
- c) Estimar as origens natais das tartarugas-verdes, com base em sequências de DNA mitocondrial, de diferentes classes de tamanho.

3 MATERIAL E METÓDOS

3.1 Coleta de amostras

A pesquisa foi desenvolvida na Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (APACC, figura 1), possuindo mais de 400 mil ha de área e cerca de 120 km de extensão ao longo da costa, entre os municípios de Tamandaré (PE) e norte de Maceió (AL) abrangendo áreas de praia e manguezais (ICMBIO, 2022). A coleta das amostras para as análises genéticas ocorreu dentro do âmbito do Programa de Monitoramento de Praia executado pelo Instituto Biota de Conservação, de maio/2018 a janeiro/2021, nos municípios de Alagoas que compõe a APACC, onde está instalado o Programa de Pesquisa Ecológica de Longa Duração (PELD) da APACC (ICMBIO, 2022).

Figura 2- Mapa da área de estudo. A: Mapa dos estados de Alagoas e Pernambuco, no Brasil; o retângulo verde indica a localização geográfica da área estudada (detalhada em B). B: Os municípios em destaque correspondem ao trecho onde foram feitas as coletas



Fonte: elaborado pela autora (2023)

Amostras de tecido muscular (n=115; Apêndice A) foram coletadas de indivíduos mortos encontrados encalhados ao longo das praias, e foram armazenados em etanol 92% e

mantidas a 18° C. As amostras foram divididas em duas classes de tamanho, levando em consideração o comprimento curvilíneo da carapaça (CCC): juvenis recém-recrutados para o SA (CCC \leq 45 cm; N=53) e jovens estabelecidos no SA (CCC \geq 55 cm; N=62). Dados de estimativa de idade e taxas de crescimento apontam que as tartarugas verdes no Atlântico geralmente têm de 2 a 7 anos quando são recrutadas para a zona nerítica, por volta de 30–40 cm de comprimento (GOSHE et al., 2010; LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017). Como as estimativas das taxas de crescimento de tartarugas-verdes do Atlântico Sul com CCC entre 30-39,9 cm e 40-49,9 cm são em torno de 3,89 cm e 2,82 cm por ano respectivamente (LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017), esperamos que indivíduos com CCC \leq 45 cm tenham sido recrutados para a zona nerítica nos últimos anos, enquanto indivíduos com CCC \geq 55 cm tenham sido recrutados por volta de 7 anos. Vale ressaltar que a variação na temperatura, qualidade da dieta e disponibilidade de alimentos afetariam as taxas de crescimento das tartarugas-verdes (REICH; BJORN DAL; BOLTEN, 2007).

3.2 Procedimento laboratorial

O DNA genômico total foi extraído utilizando o método de fenol-clorofórmio (SAMBROOK; FRITSCH; MANIATIS, 1989), e um fragmento de aproximadamente 490 pares de base (pb) da região controle do DNA mitocondrial foram amplificados através de Reações em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando os primers LCM15382 e H950 (ABREU-GROBOIS et al., 2006). Foram realizadas reações de PCR de 25 μ l, consistindo em 20,8 μ l de 1X Master Mix PCR Buffer com 0,4 mM de cada dNTP e 3 mM de MgCl₂, 1,0 μ l de cada primer (10 pmol); 0,2 μ l de Taq DNA polimerase (5 U/ μ l) e 2 μ l de amostras de DNA (>20 ng/ μ l). As amplificações foram realizadas usando o seguinte protocolo de PCR: desnaturação inicial a 94°C por 7 min, seguido de 35-40 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 s, pareamento a 57°C por 30 s, extensão a 72°C por 1 min e uma extensão final a 72°C por 5-7 min. Posteriormente, as amostras amplificadas com sucesso foram purificadas com isopropanol e enviadas para sequenciamento através do método de Sanger (SANGER et al., 1977).

3.3 Diversidade e diferenciação genética

As sequências de DNA foram submetidas à ferramenta BLAST no banco de dados GenBank para verificação de contaminação. Posteriormente as sequências foram editadas e alinhadas utilizando o BioEdit 7.0.5.3 (HALL, 2011), em seguida foram cortadas em um fragmento de 490 pb para melhor comparação com os sítios de nidificação. Os haplótipos mitocondriais foram identificados usando o banco de dados do *Archie Carr Center for Sea*

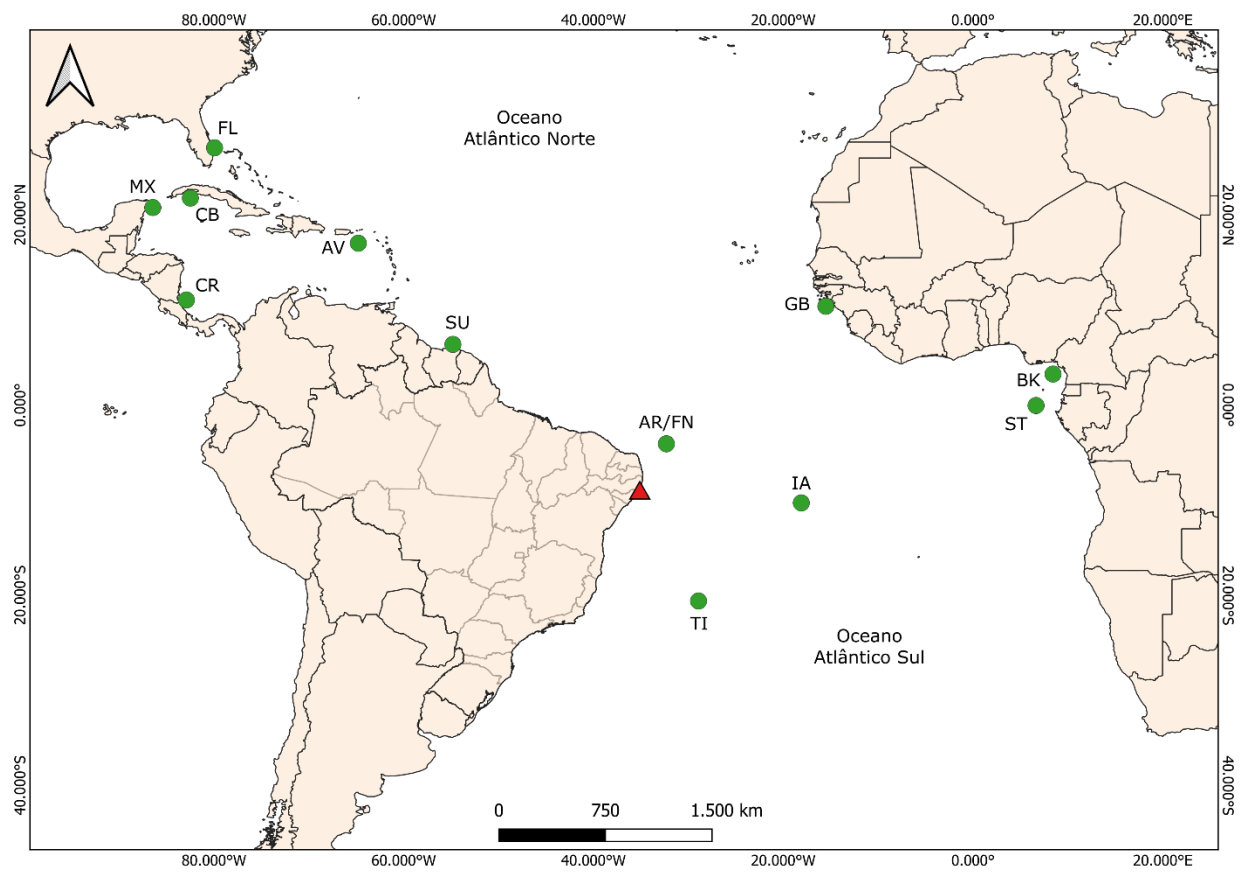
Turtle Research (<https://accstr.ufl.edu/resources/mtdna-sequences/>). As diversidades de haplótipos (H) e de nucleotídeos (π) foram estimadas usando o DnaSP 5.10 (LIBRADO e ROZAS, 2009). A diferenciação genética entre as duas classes de tamanho foi avaliada usando uma Análise de Variância Molecular (AMOVA) com 10.000 interações implementadas no Arlequin 3.5.2.2 (EXCOFFIER e LISCHER, 2010).

3.4 Análise de estoque Misto

Em seguida, duas análises de estoque misto foram empregadas independentemente para avaliar as origens natais dos indivíduos das duas classes de tamanho. Para essa análise foi utilizada a abordagem *many-to-one*, onde é estimada a provável origem natal de indivíduos em um estoque misto (sítio de alimentação) levando-se em consideração fontes múltiplas (sítios de nidificação) com base na frequência e proporções relativas de haplótipos usando métodos Bayesianos (PELLA e MASUDA, 2001). Foi levado em consideração o número de fêmeas nidificantes, como um prior para as análises (Apêndice B). As análises foram realizadas usando o software BAYES (PELLA e MASUDA, 2001), 12 execuções e 60.000 interações por cadeias de Markov em Monte Carlo (MCMC). O diagnóstico de Gelman-Rubin foi utilizado para avaliar a convergência das cadeias, assumindo valores abaixo de 1,2 como indicativos de convergência (GELMAN e RUBIN, 1992).

Os sítios de nidificações utilizados nas análises como possíveis fontes de indivíduos foram: Flórida e México (ENCALADA et al., 1996); Ilha de Aves e Suriname (BJORNDAL; BOLTEN; TROENG, 2005; SHAMBLIN et al., 2012); Ilha de Ascensão (FORMIA et al., 2007); Costa Rica (BJORNDAL; BOLTEN; TROENG, 2005); Cuba (RUIZ-URQUIOLA et al., 2010); Guiné-Bissau (PATRÍCIO et al., 2017); Atol das Rocas, Fernando de Noronha e Ilha de Trindade (BJORNDAL et al., 2006); São Tomé e Príncipe e Bioko (FORMIA et al., 2006; figura 3). Os dados de Atol das Rocas e Fernando de Noronha foram agrupados devido ao pequeno tamanho da amostra e porque esses dois SNs são geograficamente próximos e geneticamente semelhantes (BJORNDAL et al., 2006).

Figura 3 - Mapa da área de estudo. A Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais está simbolizado por triângulo e os sítios de nidificação de *Chelonia mydas* utilizados para a análise de estoque misto (simbolizados por círculos) foram: Flórida (FL), México (MX), Cuba (CB), Costa Rica (CR), Ilha de Aves (AV), Suriname (SU), Atol das Rocas e Fernando de Noronha (AR/FN), Ilha de Trindade (TI), Ilha de Ascensão (IA), Guiné-Bissau (GB), Bioko (BK) e São Tomé (ST)



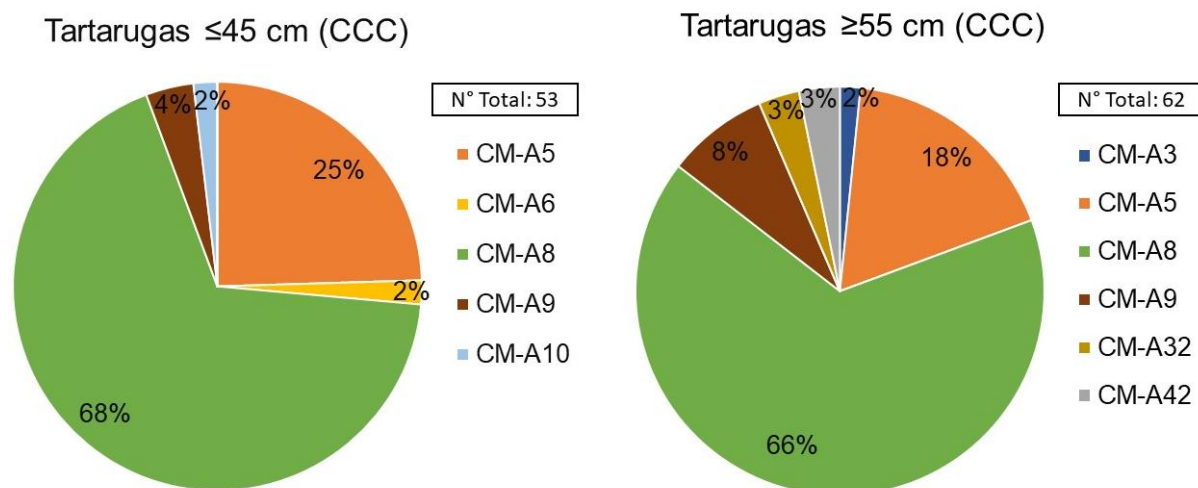
Fonte: elaborado pela autora (2023)

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Diversidade e diferenciação genética

Foram identificados oito haplótipos na área de estudo: CM-A3, CM-A5, CM-A6, CM-A8, CM-A9, CM-A10, CM-A32 e CM-A42. Mas, apenas três desses haplótipos foram compartilhados entre as duas classes de tamanho: CM-A5, CM-A8 e CM-A9 (Figura 2). Para a classe de tamanho ≤ 45 cm obtivemos cinco haplótipos, já para a classe de tamanho ≥ 55 cm foram seis haplótipos (Apêndice C). Os haplótipos CM-A8 (68%; 66%) e CM-A5 (25%; 18%) foram os mais frequentes para ambas as classes, ≤ 45 cm e ≥ 55 cm, respectivamente. Contudo, as classes de tamanho diferem na composição dos haplótipos menos frequentes, onde CM-A6 e CM-A10 aparecem somente nos espécimes ≤ 45 cm (CCC), e os haplótipos CM-A3, CM-A32 e CM-A42 aparecem apenas nos espécimes ≥ 55 cm (CCC; Figura 2). A composição dos haplótipos dos espécimes que utilizam a APACC como sítio de alimentação em ambas as classes se apresentou semelhante aos SAs das tartarugas-verdes ao longo da costa brasileira (JORDÃO et al., 2015; PROIETTI et al., 2012; NARO-MACIEL et al., 2007, 2012).

Gráfico 1 - Haplótipos de tartarugas-verdes de diferentes classes de tamanho com ocorrência na APACC



Fonte: elaborado pela autora (2023)

As diversidades de nucleotídeos e haplótipos foram ligeiramente maiores nos espécimes ≥ 55 cm ($\pi = 0,00224$, $H = 0,510$) do que nos espécimes ≤ 45 cm ($\pi = 0,00182$, $H = 0,485$). A análise AMOVA indicou que a variação genética não diferiu significativamente entre as duas classes de tamanho ($F_{ST} = 0,00393$, $p = 0,25762$), mas indicou que a maior variação genética estava dentro das classes (99,61%) do que entre elas (0,39%).

A análise genética de indivíduos em diferentes classes de tamanho nos proporciona a oportunidade de avaliar se há mudanças na diversidade genética das tartarugas-verdes ao longo do tempo na área de alimentação da APACC. A composição dos haplótipos de ambas as classes de tamanho foi relativamente diferente, como foi visto anteriormente os haplótipos mais comuns para as duas classes foram o CM-A8 e CM-A5. O haplótipo CM-A8 ocorre nos principais sítios de nidificação do Atlântico Sudoeste (NARO-MACIEL et al., 2014; PATRÍCIO et al., 2017), já o CM-A5 é mais frequentemente encontrado em SN mais próximo do Caribe, principalmente na Ilha de Aves e Suriname (BJORNDAL; BOLTEN; TROENG, 2005; SHAMBLIN et al., 2012). Porém, as classes de tamanho apresentaram incompatibilidade quando analisado os haplótipos em menores frequências, com exceção apenas do haplótipo CM-A9. Os haplótipos CM-A6 e CM-A10 estiveram presentes apenas nos indivíduos ≤ 45 cm, cujo o CM-A6 é encontrado em SN na Ilha de Ascensão, Suriname, Bioko e São Tomé (FORMIA et al., 2006, 2007; BJORNDAL; BOLTEN; TROENG, 2005; SHAMBLIN et al., 2012). Enquanto o CM-A10 está presente na Ilha de Ascensão e Atol das Rocas (BJORNDAL et al., 2006; FORMIA et al., 2007). Já os haplótipos CM-A3, CM-A32 e CM-A42 ocorreram apenas nos indivíduos ≥ 55 cm. Onde o CM-A3 é um haplotipo comumente encontrado nos sítios de nidificação caribenhos, principalmente na Costa Rica (BJORNDAL; BOLTEN; TROENG, 2005), já o CM-A32 possui origem natal nas Ilhas de Ascensão, Trindade e Atol das Rocas (BJORNDAL et al., 2006; FORMIA et al., 2007). Enquanto o CM-A42 é considerado um haplótipo raro e difícil de detectar, contudo já foi registrado na África Ocidental e em SA do Atlântico Sudoeste (SHAMBLIN et al., 2012; PATRICIO et al., 2017).

Observa-se um aumento na proporção do haplótipo CM-A5 para a classe de tamanho ≤ 45 cm, sendo este um haplótipo que ocorre com mais frequência no Caribe, como visto anteriormente. É possível notar uma diferenciação na diversidade genética entre as duas classes de tamanho, e essas variações populacionais observadas podem ser resultantes de modificações nas áreas de desova da região, em decorrência dos esforços de conservação. Apesar disso, a análise de diferenciação genética revelou que não há variabilidade genética significativa entre as duas classes de tamanho, de modo que, não houve uma mudança expressiva ao longo do tempo na composição genética das tartarugas-verdes que utilizam o sítio de alimentação da APACC. Além disto, os cinco haplótipos que são divergentes entre as classes de tamanho estavam presentes apenas em sete indivíduos (Apêndice C). Logo, faz-se necessário a continuação de estudos como este para que possamos compreender melhor a dinâmica populacional no sítio de alimentação da APACC.

4.2 Análise de estoque misto

As análises de estoque misto estimaram origens natais ligeiramente diferentes para as duas classes de tamanho (Tabela 1). A Ilha de Ascensão com 58,69% de contribuição, seguida por Suriname (21,35%) e Guiné-Bissau (14,44%) foram as principais contribuintes para os indivíduos ≤ 45 cm de CCC. Já para os indivíduos com CCC ≥ 55 cm Guiné-Bissau foi o SN que mais contribuiu (46,78%), seguida pela Ilha de Trindade (32%) e Suriname (13,65%). Todos os outros SNs contribuíram com menos de 5% para ambas as classes de tamanho (Tabela 1).

A Ilha de Ascensão é o maior sítio de nidificação no Atlântico Sul e, além disso, pode ser favorecida pela presença de correntes marítimas, por exemplo a Corrente Sul Equatorial, que contribuem para o movimento de indivíduos desse SN para os sítios de alimentação do Atlântico Sul (PROIETTI et al., 2012; JORDÃO et al., 2015). Vários fatores podem influenciar a composição genética de um SA, como número de fêmeas nidificantes, distância geográfica e até mesmo as correntes marítimas (JORDÃO et al., 2015). A Ilha de Ascensão geralmente é descrita como a principal contribuinte para a composição de indivíduos em SA do Atlântico Sudoeste, por outro lado as contribuições da Guiné-Bissau são geralmente consideradas improváveis (NARO-MACIEL et al., 2012; PROIETTI et al., 2012; ALMEIDA; SANTOS; MOTTÍ, 2021). Dados de rastreamento por satélite e modelagem de correntes oceânicas sugerem que as tartarugas-verde da Guiné-Bissau provavelmente utilizem sítios de alimentação de áreas costeiras da África Ocidental (GODLEY et al., 2010). No entanto, Patrício et al., (2017) já relataram essa potencial conectividade entre Guiné-Bissau, na África Ocidental, e o Atlântico Sudoeste.

Contudo, neste estudo, essa contribuição foi mais significativa para os indivíduos ≥ 55 cm (CCC), isso pode se dar pelo fato do haplótipo CM-A42 (N=2; Apêndice C) ser relatado apenas no SN de Guiné-Bissau (PATRÍCIO et al., 2017), e a ocorrência desse haplótipo apenas nesta classe de tamanho pode ter influenciado os resultados das análises de estoque misto. Além disso, com exceção de alguns indivíduos com registro para CM-A42 o único haplótipo com ocorrência em Guiné-Bissau é o CM-A8, que é frequentemente encontrado em todo o Atlântico Sudoeste, e essa ocorrência predominante do haplótipo CM-A8 provavelmente é decorrente de um evento recente de colonização (FORMIA et al., 2006), tais fatores limitaram as interpretações desses resultados (PATRÍCIO et al., 2017). Entretanto, esta hipótese de migração transatlântica para a tartaruga-verde já foi descrita em alguns estudos de análise de estoque misto (MONZÓN-ARGÜELLO et al., 2010; PATRÍCIO et al., 2017; JORDÃO et al., 2017).

Tabela 1 – Contribuição relativa média das populações de tartaruga-verde de duas classes de tamanho, dos sítios de nidificação para o sítio de alimentação da Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais, estimado utilizando uma abordagem *many-to-one*

Sítios de Nidificação	≤45 CM		≥55 CM	
	MÉDIA	97.5%	MÉDIA	97.5%
Florida	0.0008	(0-0.0095)	0.0010	(0-0.0122)
México	0.0022	(0-0.0210)	0.0024	(0-0.0225)
Costa Rica	0.0116	(0-0.0545)	0.0201	(0.0001-0.0736)
Aves	0.0331	(0-0.2881)	0.0416	(0-0.2411)
Suriname	0.2135	(0-0.3675)	0.1365	(0-0.2749)
Rocas/Noronha	0.0021	(0-0)	0.0017	(0-0)
Trindade	0.0028	(0-0.0230)	0.3205	(0.1221-0.5844)
Ascensão	0.5869	(0.1295-0.8280)	0.0077	(0-0.0834)
Guiné Bissau	0.1444	(0-0.5862)	0.4678	(0.2071-0.6776)
Bioko	0.0022	(0-0.0007)	0.0004	(0-0.0001)
São Tomé/Príncipe	0.0002	(0-0.0000)	0.0001	(0-0)
Cuba	0.0002	(0-0.0008)	0.0002	(0-0.0012)

Fonte: elaborado pela autora (2023)

A análise de estoque misto revelou alguns intervalos de confiança relativamente amplos em torno das estimativas médias, portanto, esses resultados devem ser tratados como um estimador qualitativo, e não quantitativo, como já sugerido por Bowen e Karl (2007).

A contribuição de Trindade apresentou-se relevante apenas para a composição dos indivíduos ≥ 55 cm, sendo o segundo maior SN contribuinte (Tabela 1). Esse resultado pode ter sido influenciado pelo número de indivíduos dessa classe de tamanho com haplótipo CM-A9 (N=5; Apêndice C), que ocorre em maior frequência em Trindade, um importante SN desta espécie na costa brasileira (BJORNDAL et al., 2006; ALMEIDA et al., 2011b). Naro-Maciel et al. (2012) relata que é esperado picos de contribuição das tartarugas de Trindade para SNs mais próximos, no Espírito Santo, mas, resultados de altas contribuições desse SN para os SAs na Bahia e em habitats de desenvolvimento na Argentina foram encontrados. Essa descoberta apoia que indivíduos desse SN também podem chegar ao SA da APACC, em Alagoas.

O tamanho das tartarugas-verdes nas áreas de alimentação do Atlântico Sudoeste aumenta do sul para o norte, com as tartarugas ocorrendo no sul do Brasil e no litoral do Uruguai e Argentina não costumando ultrapassar os 50 cm de CCC (BARATA et al., 2011; LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017). Esta diferença nas classes de tamanho nas áreas de alimentação do Atlântico Sudoeste, pode significar que os SA mais ao Sul (Argentina, Uruguai e Rio grande do Sul) podem refletir o recrutamento pós-pelágico inicial para habitats de desenvolvimento temporário usado principalmente por tartarugas-verde entre 3 e 7 anos de

idade (LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017), a falta de recursos na costa do Rio Grande do Sul também apoia essa hipótese, pois as tartarugas não conseguem encontrar alimento suficiente para sustentar um desenvolvimento posterior, assim acabam se movendo para sítios de alimentação mais ao norte (NAKASHIMA, 2008; LENZ; AVENS; BORGES-MARTINS, 2017). As tartarugas do SN de Trindade podem estar sendo guiadas pela Corrente do Brasil, que impulsiona esses indivíduos para o sul do Brasil, enquanto as tartarugas maiores capazes de nadar contra as correntes podem ser as que se alimentam mais ao norte do Brasil (NARO-MACIEL et al., 2012), como pode ser visto com a contribuição de Trindade para as tartarugas com CCC ≥ 55 cm.

Suriname apresentou uma contribuição expressiva para ambas as classes de tamanho (Tabela 1). Tal contribuição já foi relatada para SAs brasileiros em pesquisas genéticas anteriores (JORDÃO et al., 2015; CHAMBAULT et al., 2018), onde, Chambault et al., (2018) registraram o movimento de três tartarugas-verdes (CCC > 55 cm) provenientes do SN do Suriname nadando contra a Corrente da Guiana e fluindo para a costa brasileira.

A análise genética e de estoque misto de indivíduos em diferentes classes de tamanho nos proporciona a oportunidade de avaliar se há mudanças na diversidade genética das tartarugas-verdes ao longo do tempo, como também, se há mudanças na origem natal desses indivíduos que utilizam a APACC como sítio de alimentação. A APACC foi criada no intuito de preservar os recifes existentes na área, abrangendo todos ecossistemas presentes formado por mangues, pradarias de fanerógamas e recifes de coral, com uma predominância de cobertura vegetal (FERREIRA; CORRÊA; FERRAZ, 1998; MAIDA e FERREIRA, 2003; STEINER et al., 2015), como essa unidade de conservação já se mostrou uma importante área de uso e corredor migratório para outras espécies de tartarugas-marinhas (tartaruga-de-pente, tartaruga-oliva e tartaruga-cabeçuda) tais características podem apontá-la como de grande relevância para a conservação das tartarugas-verde, tendo em vista também que pode se tratar talvez da maior Área de Proteção Ambiental costeira do Atlântico Sudoeste. Logo, faz-se necessário a continuação de estudos como este em conjunto com outros métodos de abordagem, como por exemplo rastreamento por satélite, para que possamos compreender melhor a dinâmica populacional no sítio de alimentação da APACC e a distribuição provável dessa espécie.

5 CONCLUSÃO

Este trabalho caracteriza a diversidade genética de acordo com a classe de tamanho dos espécimes de *Chelonia mydas* que utilizam a Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais como sítio de alimentação. Para ambas as classes de tamanho utilizadas neste estudo o haplótipo mais frequente é o CM-A8, que é o mais comum nas populações de tartaruga-verde do Atlântico Sul. Enquanto isso, notou-se um leve aumento na proporção do haplótipo CM-A5, mais frequente em sítios de nidificação caribenhos, para os indivíduos ≤ 45 cm. A Ilha de Ascensão se mostrou a principal contribuinte para a os indivíduos com CCC ≤ 45 cm, como já descrito na maior parte das pesquisas conduzidas no Atlântico Sudoeste este sítio de nidificação é o principal contribuinte para os sítios de alimentação dessa região. Porém, também houve uma relevante contribuição do sítio de nidificação de Trindade, para a classe de tamanho dos indivíduos ≥ 55 cm de CCC. Apesar da dissemelhança dos haplótipos encontrados nas duas classes de tamanho a variabilidade genética entre as classes não foi significativa, de modo que, não houve uma mudança significativa ao longo do tempo na composição genética das tartarugas-verde que utilizam a APACC como sítio de alimentação. Entretanto, é possível destacar que a área de estudo possui diversidade genética parecida com outros sítios de alimentação, presentes ao longo da costa da América do Sul, como também, demonstrou uma conectividade com diversos sítios de nidificação dessa espécie no Atlântico, tornando-a uma importante área de abrigo e alimentação para indivíduos que vêm dos diferentes sítios de nidificação do Atlântico. Além do mais, a área de estudo possui uma grande área e extensa cobertura recifal que denotam a essa área um importante papel na conservação das tartarugas-verde. A APACC demonstra importância no desenvolvimento e alimentação para as tartarugas-verde, pode ser que, com pesquisas adicionais possam ser definidas áreas-chave de forrageamento dentro da APACC que, com manejo eficaz, formarão um eixo para auxiliar a proteger a espécie na região.

REFERÊNCIAS

- ABREU-GROBOIS, F. A. et al. New mtDNA D-loop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution of mixed stock analysis. **In: Proceedings of the 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology**. p. 179, 2006.
- ALMEIDA, J. P. F. A.; SANTOS, R. G.; MOTT, T. Sex ratios and natal origins of green turtles from feeding grounds in the Southwest Atlantic Ocean. **ICES Journal of Marine Science**, v. 78, n. 5, p. 1840–1848, 2021.
- ALMEIDA, A. P. et al. Estado de conservação da tartaruga marinha *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758). **Biodiversidade brasileira**, n. 1, p. 12–19, 2011a.
- ALMEIDA, A. P. et al. Green turtle nesting on Trindade Island, Brazil: abundance, trends, and biometrics. **Endangered Species Research**, v. 14, n. 3, p. 193-201, 2011b.
- BARATA, P. C. R. et al. Variação latitudinal na distribuição do tamanho de tartarugas-verdes (*Chelonia mydas*) ao longo de parte da costa leste da América do Sul. **In: V Jornada sobre Tartarugas Marinhas do Atlântico Sul Ocidental, 2011, Florianópolis**. p. 18–22, 2011.
- BELLINI, C. et al. Atol das Rocas biological reserve: second largest *Chelonia* rookery in Brazil. **Marine Turtle Newsletter**, v. 72, n. 1, p. 1-2, 1996.
- BELLINI, C.; SANCHES, T. M. Reproduction and feeding of marine turtles in the Fernando de Noronha Archipelago, Brazil. **Marine Turtle Newsletter**, v. 74, n. 1, p. 12-13, 1996.
- BOLTEN, A. B. et al. 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.; KARL, S. A. Population genetics and phylogeography of sea turtles. **Molecular Ecology**, v. 16, n. 23, p. 4886–4907, 2007.
- BJORNDAL, K. A.; BOLTEN, A. B.; TROENG, S. Population structure and genetic diversity in green turtles nesting at Tortuguero, Costa Rica, based on mitochondrial DNA control region sequences. **Marine Biology**, v. 147, n. 6, p. 1449-1457, 2005.
- BJORNDAL, K. A. et al. Population structure and diversity of brazilian green turtle rookeries based on mitochondrial DNA sequences. **Chelonian Conservation and Biology**, v. 5, n. 2, p. 262–268, 2006.
- BJORNDAL, K. A. Foraging ecology and nutrition of sea turtles. In: **The biology of sea turtles**. CRC press, 2017. p. 199-231.
- CHAMBAULT, P. et al. Connecting paths between juvenile and adult habitats in the Atlantic green turtle using genetics and satellite tracking. **Ecology and Evolution**, v. 8, n. 24, p.

12790–12802, 2018.

ENCALADA, S. E. et al. Phylogeography and population structure of the Atlantic and Mediterranean green turtle *Chelonia mydas*: a mitochondrial DNA control region sequence assessment. **Molecular Ecology**, v. 5, n. 4, p. 473-483, 1996.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular ecology resources**, v. 10, n. 3, p. 564-567, 2010.

FERREIRA, B. P.; CORRÊA, F. C.; FERRAZ, A. N. Relações morfométricas em peixes recifais da zona econômica exclusiva brasileira, região nordeste. **Boletim Técnico Científico do CEPENE**, v. 6, n. 1, p. 61-76, 1998.

FORMIA, A. et al. Genetic composition of the Ascension Island green turtle rookery based on mitochondrial DNA: implications for sampling and diversity. **Endangered Species Research**, v. 3, n. October, p. 145–158, 2007.

FORMIA, A. et al. Mitochondrial DNA diversity and phylogeography of endangered green turtle (*Chelonia mydas*) populations in Africa. **Conservation Genetics**, v. 7, n. 3, p. 353–369, 2006.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical science**, v. 7, p. 457-472, 1992.

GOSHE, L. R. et al. Estimation of age at maturation and growth of Atlantic green turtles (*Chelonia mydas*) using skeletochronology. **Marine Biology**, v. 157, n. 8, p. 1725-1740, 2010.

HALL, T. A. BioEdit: an important software for molecular biology. **GERF Bulletin of Biosciences**, v. 2, p. 60-61, 2011.

HIRTH, H. F. Synopsis of the biological data on the Green Turtle *Chelonia mydas* (Linnaeus 1758). **U.S. Fish and Wildlife Service**, 1997

ICMBIO. **Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais**. Disponível em: <http://icmbio.gov.br/apacostadoscorais/>. Acesso em: 05 fev. 2020.

IUCN. **IUCN Red List of Threatened Species**. Version 2022.1. Disponível em: www.iucnredlist.org. Acesso em: 16 nov. 2022.

JENSEN, M. P. et al. Environmental Warming and Feminization of One of the Largest Sea Turtle Populations in the World. **Current Biology**, v. 28, n. 1, p. 154- 159.e4, 8 Jan 2018.

JORDÃO, J. C. et al. Green turtle (*Chelonia mydas*) genetic diversity at Paranaguá Estuarine complex feeding grounds in Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 38, n. 3, p. 346–352, 2015.

JORDÃO, J. C. et al. Mixed-stock analysis in green turtles *Chelonia mydas*: mtDNA decipher current connections among west Atlantic populations. **Mitochondrial DNA Part A**, v. 28, n.

2, p. 197-207, 2017.

LAHANAS, P. et al. Genetic composition of a green turtle (*Chelonia mydas*) feeding ground population: evidence for multiple origins. **Marine Biology**, v. 130, p. 345-352, 1998.

LENZ, A. J.; AVENS, L.; BORGES-MARTINS, M. Age and growth of juvenile green turtles *Chelonia mydas* in the western South Atlantic Ocean. **Marine Ecology Progress Series**, v. 568, p. 191-201, 2017.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. **Bioinformatics**, v. 25, n. 11, p. 1451-1452, 2009.

LUKE, K. et al. Origins of green turtle (*Chelonia mydas*) feeding aggregations around Barbados, West Indies. **Marine Biology**, v. 144, n. 4, p. 799–805, 2004.

LUSCHI, P.; CASALE, P. Movement patterns of marine turtles in the Mediterranean Sea: a review. **Italian Journal of Zoology**, v. 81, n. 4, p. 478–495, 2014.

LUSCHI, P. et al. The navigational feats of green sea turtles migrating from Ascension Island investigated by satellite telemetry. **Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, v. 265, n. 1412, p. 2279-2284, 1998

MAIDA, M.; FERREIRA, B. P. Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais. **Atlas dos recifes de coral nas unidades de conservação brasileiras. Brasília: Ministério do Meio Ambiente**, p. 86-90, 2003.

MONZÓN-ARGÜELLO, C. et al. Evidence from genetic and Lagrangian drifter data for transatlantic transport of small juvenile green turtles. *Journal of Biogeography*, v.37, n. 9, p. 1752-1766, 2010.

MOREIRA, L. et al. Occurrence of *Chelonia mydas* on the Island of Trindade, Brazil. **Marine Turtle Newsletter**, v. 70, n. 2, p. 2, 1995.

MORTIMER, J. A.; CARR, A. Reproduction and migrations of the Ascension Island green turtle (*Chelonia mydas*). **Copeia**, p. 103-113, 1987.

MORTIMER, J. A. Feeding ecology of sea turtles. **Biology and conservation of sea turtles. Smithsonian Institution Press, Washington, DC**, v. 103, 1982.

MUSICK, J. A.; LIMPUS, C. J. Habitat utilization and migration in juvenile sea turtles. **The Biology of Sea Turtles**, Volume I, p. 137–163, 1997.

NAKASHIMA, S. B. **Dieta da tartaruga-verde, *Chelonia mydas* Linnaeus, 1758 (Testudines, Cheloniidae), no litoral norte do Rio Grande do Sul**. 2008. Dissertação de Mestrado. Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul.

NARO-MACIEL, E. et al. From refugia to rookeries: Phylogeography of Atlantic green turtles. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, v. 461, p. 306–316, 2014.

NARO-MACIEL, E. et al. Testing dispersal hypotheses in foraging green sea turtles (*Chelonia mydas*) of Brazil. **Journal of Heredity**, v. 98, n. 1, p. 29-39, 2007.

NARO-MACIEL, E. et al. The Interplay of Homing and Dispersal in Green Turtles: A Focus on the Southwestern Atlantic. **Journal of Heredity**, v. 103, n. 6, p. 792–805, 2012.

PATRÍCIO, A. R. et al. Dispersal of green turtles from Africa's largest rookery assessed through genetic markers. **Marine Ecology Progress Series**, v. 569, n. April, p. 215–225, 2017.

PELLA, J.; MASUDA, M. Bayesian methods for analysis of stock mixtures from genetic characters. **Fishery Bulletin**, v. 99, n. 1, p. 151–167, 2001.

PROIETTI, M. C. et al. Green turtles (*Chelonia mydas*) foraging at Arvoredo Island in Southern Brazil: Genetic characterization and mixed stock analysis through mtDNA control region haplotypes. **Genetics and molecular biology**, v. 32, p. 613–618, 2009.

PROIETTI, M. C. et al. Green turtle *Chelonia mydas* mixed stocks in the western South Atlantic, as revealed by mtDNA haplotypes and drifter trajectories. **Marine Ecology Progress Series**, v. 447, n. 1, p. 195–209, 2012.

PROSDOCIMI, L. et al. Genetic composition of green turtle feeding grounds in coastal waters of Argentina based on mitochondrial DNA. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, v. 412, p. 37–45, 2012.

REICH, K. J.; BJORNDAL, K. A.; BOLTEN, A. B. The 'lost years' of green turtles: using stable isotopes to study cryptic lifestages. **Biology letters**, v. 3, n. 6, p. 712–714, 2007.

RUIZ-URQUIOLA, A. et al. Population genetic structure of greater Caribbean green turtles (*Chelonia mydas*) based on mitochondrial DNA sequences, with an emphasis on rookeries from southwestern Cuba. **Revista de Investigaciones Marinas**, v. 31, n. 1, p. 33–52, 2010.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. Molecular cloning, a laboratory manual, 2nd edn, vol III. **Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York**, v. 9, p. 19, 1989.

SANTOS, J. A. et al. Identificação de Áreas Críticas para Tartarugas Marinhas e sua Relação com Unidades de Conservação no Brasil. **Biodiversidade Brasileira - BioBrasil**, v. 12, n. 4, p. 1–24, 2022.

SANGER, F. et al. Nucleotide sequence of bacteriophage phi X174 DNA. **Nature**, v. 265, n. 5596, p. 687–695, 1977.

SEMINOFF, J. A. et al. Status review of the green turtle (*Chelonia mydas*) under the Endangered Species Act. Endangered Species Act (NOAA Tech Memo NOAA-NMFS-SWFSC-539). La Jolla, CA: Southwest Fisheries Science Center, NOAA. 2015

SHAMBLIN, B. M. et al. Mitogenomic sequences better resolve stock structure of southern Greater Caribbean green turtle rookeries. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 10, p. 2330–2340, 2012.

STEINER, A. Q. et al. Zonação de recifes emersos da área de proteção ambiental costa dos

corais, nordeste do brasil. **Iheringia. série zoologia**, v. 105, p. 184-192, 2015.

VÉLEZ-RUBIO, G. M. et al. Ontogenetic dietary changes of green turtles (*Chelonia mydas*) in the temperate southwestern Atlantic. **Marine Biology**, v. 163, p. 1-16, 2016.

WALLACE, B. P. et al. Global conservation priorities for marine turtles. **PloS one**, v. 6, n. 9, p. e24510, 2011.

APÊNDICE A – Espécimes de *Chelonia mydas* coletados na Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais – Alagoas.

Registro	Data do Registro	Município	Localidade	Classe Etária	CCC (cm)	Haplotipos
T3T5 /2018	13/05/2018	Barra de Santo Antônio	Praia da Ilha da Crôa	≤45	39	CM-A8
T1T4 /2018	16/05/2018	Japaratinga	Praia do Pontal	≤45	38,4	CM-A8
T4T28 /2018	25/05/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	34,2	CM-A8
T1T15 /2018	07/06/2018	Maragogi	Praia de São Bento	≤45	35,2	CM-A8
T1T18 /2018	09/06/2018	Japaratinga	Praia da Barreira do Boqueirão	≤45	43,5	CM-A5
T1T20 /2018	10/06/2018	Maragogi	Praia de Maragogi	≤45	41,3	CM-A5
T1T23 /2018	13/06/2018	Maragogi	Praia de Maragogi	≤45	38,1	CM-A8
T1T35/2018	25/06/2018	Japaratinga	Praia do Boqueirão	≤45	43,6	CM-A8
T4T54/2018	28/06/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	40	CM-A8
T1T37 /2018	29/06/2018	Maragogi	Praia do Xaréu	≤45	31,4	CM-A8
T1T45 /2018	12/07/2018	Maragogi	Praia de Barra Grande	≤45	39,8	CM-A8
T1T48 /2018	12/07/2018	Maragogi	Praia de Ponta de Mangue	≤45	38,1	CM-A8
T3T37 /2018	13/07/2018	Barra de Santo Antônio	Praia de Pedra Preta	≤45	36,5	CM-A5
T1T56 /2018	20/07/2018	Maragogi	Praia de Burgalhau	≤45	40,1	CM-A5
T4T84 /2018	23/07/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	36,5	CM-A5
T2T38 /2018	29/07/2018	Porto de Pedras	Praia do Patacho	≤45	42,6	CM-A5
T4T112 /2018	15/08/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	40,3	CM-A8
T1T76 /2018	21/08/2018	Maragogi	Praia de São Bento	≤45	36,3	CM-A9
T2T50 /2018	22/08/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≤45	40,5	CM-A8
T1T78 /2018	23/08/2018	Maragogi	Praia de Maragogi	≤45	43,5	CM-A6
T1T81 /2018	25/08/2018	Maragogi	Praia de Barra Grande	≤45	36,1	CM-A8
T1T85 /2018	04/09/2018	Japaratinga	Praia de Japaratinga	≤45	41,5	CM-A8
T2T55 /2018	06/09/2018	Passo de Camaragibe	Praia do Marceneiro	≤45	41,5	CM-A5
T4T173 /2018	20/09/2018	Maceió	Praia de Pescaria	≤45	37,4	CM-A8
T3T81 /2018	24/09/2018	Barra de Santo Antônio	Praia do Carro Quebrado	≤45	44	CM-A8
T4T223 /2018	31/10/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	27,5	CM-A8

T4T227/2018	04/11/2018	Maceió	Praia de Pescaria	≤45	39,8	CM-A8
T4T228/2018	04/11/2018	Maceió	Praia de Pescaria	≤45	44,5	CM-A8
T2T91/2018	11/11/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≤45	42,2	CM-A5
T2T96/2018	17/11/2018	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≤45	43,2	CM-A8
T1T110/2018	18/11/2018	Japaratinga	Praia de Bitingui	≤45	37,2	CM-A8
T3T101/2018	19/11/2018	Paripueira	Praia de Paripueira	≤45	38	CM-A9
T1T116/2018	10/12/2018	Japaratinga	Praia de Japaratinga	≤45	40,3	CM-A8
T3T116/2018	11/12/2018	Barra de Santo Antônio	Praia da Ilha da Crôa	≤45	38,5	CM-A8
T1T121/2018	15/12/2018	Japaratinga	Praia de Japaratinga	≤45	39,4	CM-A8
T4T285/2018	28/12/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	29,8	CM-A8
T3T123/2018	29/12/2018	Barra de Santo Antônio	Praia da Barra de Santo Antônio	≤45	33	CM-A8
T3T125/2018	29/12/2018	Paripueira	Praia de Paripueira	≤45	35,5	CM-A8
T2T211/2019	26/12/2019	Porto de Pedras	Praia de Lages	≤45	41	CM-A8
T2T212/2019	26/12/2019	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≤45	44	CM-A5
T1T207/2019	27/12/2019	Maragogi	Praia de Burgalhau	≤45	44	CM-A8
T3T7/2020	28/01/2020	Barra de Santo Antônio	Praia da Ilha da Crôa	≤45	33,2	CM-A5
T3T13/2020	11/02/2020	Paripueira	Praia de Paripueira	≤45	45	CM-A10
T4T23/2020	07/03/2020	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	40,3	CM-A8
T1T34/2020	02/10/2020	Maragogi	Praia do Pontal de Maragogi	≤45	38,5	CM-A8
T2T45/2020	06/10/2020	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≤45	38,5	CM-A8
T2T48/2020	08/10/2020	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≤45	36,5	CM-A8
T1T35/2020	12/10/2020	Japaratinga	Praia de Japaratinga	≤45	45	CM-A8
T1T45/2020	09/11/2020	Maragogi	Praia de São Bento	≤45	33,5	CM-A5
T3T72/2020	25/11/2020	Barra de Santo Antônio	Praia da Ilha da Crôa	≤45	43	CM-A8
T4T137/2020	11/12/2020	Maceió	Praia de Ipioca	≤45	44	CM-A5

T1T5/2021	25/01/2021	Japaratinga	Praia de Japaratinga	≤ 45	36	CM-A5
TP				≤ 45		CM-A8
T1T3 /2018	11/05/2018	Japaratinga	Praia da Barreira do Boqueirão	≥ 55	72,0	CM-A5
T4T12 /2018	15/05/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	66,4	CM-A8
T4T15 /2018	17/05/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	72,7	CM-A8
T1T13 /2018	02/06/2018	Maragogi	Praia de Peroba	≥ 55	99,9	CM-A8
T4T32 /2018	04/06/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	63,2	CM-A8
T1T30 /2018	22/06/2018	Maragogi	Praia de Barra Grande	≥ 55	55,3	CM-A5
T2T20 /2018	25/06/2018	São Miguel dos Milagres	Praia do Riacho	≥ 55	67,8	CM-A8
T2T25 /2018	09/07/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	87,2	CM-A8
T3T34 /2018	09/07/2018	Paripueira	Praia de Paripueira	≥ 55	66,5	CM-A8
T2T30/2018	18/07/2018	Porto de Pedras	Praia do Patacho	≥ 55	80,9	CM-A32
T3T47 /2018	24/07/2018	Paripueira	Praia de Sonho Verde	≥ 55	55,5	CM-A5
T4T115 /2018	18/08/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	104,6	CM-A8
T2T49 /2018	21/08/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	65,7	CM-A3
T1T80 /2018	25/08/2018	Maragogi	Praia de Burgalhau	≥ 55	66,2	CM-A8
T3T66 /2018	05/09/2018	Barra de Santo Antônio	Praia da Pituba	≥ 55	58	CM-A8
T3T73 /2018	11/09/2018	Barra de Santo Antônio	Praia da Barra de Santo Antônio	≥ 55	63,2	CM-A8
T2T62 /2018	19/09/2018	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	74,4	CM-A8
T3T79 /2018	20/09/2018	Barra de Santo Antônio	Praia de Maré Mansa	≥ 55	68,5	CM-A42
T1T96 /2018	28/09/2018	Japaratinga	Praia do Boqueirão	≥ 55	61,3	CM-A8
T2T72 /2018	12/10/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	84,5	CM-A8
T2T73 /2018	13/10/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	86,5	CM-A5
T3T90 /2018	24/10/2018	Barra de Santo Antônio	Praia do Carro Quebrado	≥ 55	101,5	CM-A42
T2T81 /2018	25/10/2018	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	59,7	CM-A8
T2T85 /2018	01/11/2018	São Miguel dos Milagres	Praia do Toque	≥ 55	57,5	CM-A5

T2T86/2018	02/11/2018	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	57,1	CM-A8
T4T244/2018	15/11/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	56,7	CM-A8
T2T95/2018	16/11/2018	São Miguel dos Milagres	Praia de Porto da Rua	≥ 55	75,5	CM-A5
T4T245/2018	16/11/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	64,3	CM-A8
T2T100/2018	18/11/2018	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	75,6	CM-A8
T2T102/2018	18/11/2018	São Miguel dos Milagres	Praia de Porto da Rua	≥ 55	61,3	CM-A8
T2T105/2018	19/11/2018	São Miguel dos Milagres	Praia de Porto da Rua	≥ 55	66,2	CM-A8
T2T112/2018	27/11/2018	São Miguel dos Milagres	Praia de São Miguel dos Milagres	≥ 55	66,3	CM-A8
T2T118/2018	10/12/2018	Porto de Pedras	Praia das Palmeiras	≥ 55	102,3	CM-A5
T4T269/2018	13/12/2018	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	65	CM-A32
T1T119/2018	14/12/2018	Japaratinga	Praia do Boqueirão	≥ 55	62,6	CM-A8
T1T123/2018	17/12/2018	Maragogi	Praia de Maragogi	≥ 55	73,1	CM-A8
T2T130/2019	14/01/2019	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	101,3	CM-A9
T2T134/2019	18/01/2019	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	107,3	CM-A9
T1T134/2019	30/01/2019	Maragogi	Praia de São Bento	≥ 55	109,4	CM-A8
T3T159/2019	06/03/2019	Barra de Santo Antônio	Praia do Carro Quebrado	≥ 55	110	CM-A8
T3T220/2019	08/11/2019	Paripueira	Praia de Paripueira	≥ 55	108	CM-A9
T2T185/2019	08/11/2019	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	56	CM-A5
T3T228/2019	06/12/2019	Paripueira	Praia de Sonho Verde	≥ 55	69,9	CM-A8
T4T460/2019	10/12/2019	Maceió	Praia de Ipioca	≥ 55	74	CM-A8
T2T213/2019	31/12/2019	Passo de Camaragibe	Praia do Marceneiro	≥ 55	73,8	CM-A8
T2T3/2020	15/01/2020	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	72,2	CM-A8
T1T16/2020	03/03/2020	Japaratinga	Praia de Barreiras do Boqueirão	≥ 55	107	CM-A8
T3T49/2020	09/09/2020	Paripueira	Praia de Paripueira	≥ 55	56	CM-A8

T3T56/2020	14/09/2020	Barra de Santo Antônio	Praia de Morro de Camaragibe	≥ 55	112	CM-A8
T2T37/2020	01/10/2020	Porto de Pedras	Praia do Patacho	≥ 55	79	CM-A5
T2T41 /2020	01/10/2020	São Miguel dos Milagres	Praia de São Miguel dos Milagres	≥ 55	105	CM-A8
T2T49/2020	14/10/2020	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	96	CM-A8
T1T37/2020	19/10/2020	Maragogi	Praia de Peroba	≥ 55	65	CM-A8
T3T63/2020	19/10/2020	Paripueira	Praia de Paripueira	≥ 55	58	CM-A8
T3T71/2020	09/11/2020	Paripueira	Praia de Paripueira	≥ 55	57,5	CM-A5
T1T48/2020	11/11/2020	Maragogi	Praia do Pontal de Maragogi	≥ 55	56	CM-A9
T2T61/2020	12/11/2020	Porto de Pedras	Praia de Tatuamunha	≥ 55	60	CM-A8
T2T62/2020	12/11/2020	São Miguel dos Milagres	Praia de Porto da rua	≥ 55	70	CM-A8
T2T68/2020	25/11/2020	Porto de Pedras	Praia de Lages	≥ 55	58,5	CM-A8
T2T5/2021	19/01/2021	São Miguel dos Milagres	Praia de São Miguel	≥ 55	63	CM-A9
T3T2/2021	22/01/2021	Passo de Camaragibe	Praia do Morro de Camaragibe	≥ 55	72	CM-A8
TG				≥ 55		CM-A5

APÊNDICE B – Haplótipos das tartarugas-verdes (*Chelonia mydas*) encontrados nos sítios de nidificação (SN) utilizados neste estudo para estimar a contribuição para os sítios de alimentação (SA). FL – Flórida, MX – México, CR – Costa Rica, AV – Ilha de Aves, SU – Suriname, AR/FN – Atol das Rocas/Fernando de Noronha, TI – Ilha de Trindade, IA – Ilha de Ascensão, GB – Guiné-Bissau, BK – Bioko, ST – São Tomé, CB – Cuba. O número de fêmeas nidificantes é de Seminoff *et al.*, 2015. A – Encalada *et al.*, 1996; B – Bjorndal, Bolten, Troeng, 2005; C – Shamblin *et al.*, 2012; D – Bjorndal *et al.*, 2006; E – Formia *et al.*, 2007; F – Patrício *et al.*, 2017; G – Formia *et al.*, 2006; H – Ruiz-Urquiola *et al.*, 2010.

Haplótipo	Sítios de Nidificação											
	FL	MX	CR	AV	SU	AR/ FN	TI	IA	GB	BK	ST	CB
CM-A1	11	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
CM-A2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A3	12	5	395	5	1	-	-	-	-	-	-	16
CM-A4	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A5	-	1	32	62	55	-	-	-	-	-	1	-
CM-A6	-	-	-	-	2	-	-	11	-	5	1	-
CM-A7	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
CM-A8	-	-	-	-	-	50	67	204	170	45	17	-
CM-A9	-	-	-	-	-	7	19	9	-	-	-	-
CM-A10	-	-	-	-	-	2	-	5	-	-	-	-
CM-A11	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-
CM-A12	-	-	-	-	-	5	-	-	-	-	-	-
CM-A15	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A16	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A17	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A18	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A20	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A21	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CM-A23	-	-	-	-	-	-	6	1	-	-	-	-
CM-A24	-	-	-	-	-	-	1	7	-	-	-	-
CM-A25	-	-	-	-	-	3	-	1	-	-	-	-
CM-A27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
CM-A28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
CM-A32	-	-	-	-	-	1	4	1	-	-	-	-
CM-A33	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
CM-A35	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
CM-A36	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-
CM-A37	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
CM-A38	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-
CM-A39	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
CM-A42	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-
CM-A44	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
CM-A45	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-

CM-A46	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-
CM-A48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
CM-A50	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
CM-A56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
CM-A57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Total	24	20	433	67	59	69	99	245	171	50	26	28
N° fêmeas nidificantes	8,322	24,330	131,751	2,833	13,067	345	2,016	13,417	30,125	850	376	2,226
Fonte dos haplótipos	A	A	B	C	B,C	D	D	E	F	G	G	H

APÊNDICES C – Haplotipos de 115 espécimes de tartaruga-verde (*Chelonia mydas*) presentes no sítio de alimentação da APA Costa dos Corais – AL.

Haplotipos	≤45 cm	≥55 cm
CM-A3	-	1
CM-A5	13	11
CM-A6	1	-
CM-A8	36	41
CM-A9	2	5
CM-A10	1	-
CM-A32	-	2
CM-A42	-	2
Total	53	62