

PESQUISA E CONSERVAÇÃO DE TARTARUGAS MARINHAS NO BRASIL E AS RECENTES CONTRIBUIÇÕES DA TELEMETRIA E DA GENÉTICA

Estéfane Cardinot Reis e Daphne Wrobel Goldberg

INTRODUÇÃO

As cinco espécies de tartarugas marinhas que ocorrem no Brasil (*Carreta caretta*, *Chelonia mydas*, *Eretmochelys imbricata*, *Lepidochelys olivacea* e *Dermochelys coriacea*) são listadas, nacional e internacionalmente, sob algum grau de ameaça de extinção (Martins e Molina, 2008; Santos *et al.*, 2011; IUCN, 2014) (Tabela 1).

No país, até o início da década de 1980, as populações de tartarugas marinhas foram drasticamente ameaçadas pela coleta de ovos para consumo e pelo abate das fêmeas para uso da carne e derivados. Tal situação era agravada pela escassez de informações sobre as espécies, suas populações e o comportamento desses organismos no litoral

do país, assim como pela inexistência de uma legislação específica de proteção às tartarugas marinhas. Por serem um recurso compartilhado com outras nações, o Brasil passou a sofrer uma crescente pressão internacional no sentido de criar leis de proteção mais abrangentes e implementar programas específicos para sua conservação (Marcovaldi e Marcovaldi, 1999). Nesse contexto, o então Instituto Brasileiro de Desenvolvimento Florestal (IBDF), atual Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA), instituiu em 1980, em parceria com a Fundação Brasileira para Conservação da Natureza (FBCN), o Programa Nacional para Conservação das Tartarugas Marinhas, criando assim o Projeto TAMAR.

TABELA 1. Status de ameaça das cinco espécies de tartarugas marinhas que ocorrem no Brasil segundo a União Internacional para a Conservação da Natureza (*International Union for Conservation of Nature – IUCN*, 2014), o Ministério do Meio Ambiente do Brasil (Martins e Molina, 2008) e o Plano de Ação Nacional para Conservação das Tartarugas Marinhas (Santos *et al.*, 2011). Dados específicos para três estados brasileiros: ES – Espírito Santo, RJ – Rio de Janeiro e SP – São Paulo (Martins e Molina, 2008). Onde: VU – vulnerável, EN – em perigo, CR – criticamente em perigo, (*) classificação segundo Martins e Molina (2008), (**) classificação segundo Santos *et al.* (2011).

Espécie	Nome Popular	Status de Ameaça				
		IUCN	Brasil	ES	RJ	SP
<i>Chelonia mydas</i>	Tartaruga-verde	EN	VU* / VU**	VU	VU	EN
<i>Caretta caretta</i>	Tartaruga-cabeçuda	EN	VU* / EN**	VU	VU	EN
<i>Eretmochelys imbricata</i>	Tartaruga-de-pente	CR	EN* / CR**	EN	VU	EN
<i>Lepidochelys olivacea</i>	Tartaruga-oliva	EN	EN* / EN**	EN	–	EN
<i>Dermochelys coriacea</i>	Tartaruga-de-couro	CR	CR* / CR**	CR	VU	EN

Nessa mesma época, foram criadas as primeiras Unidades de Conservação Marinha do Brasil, constituindo instrumentos legais importantes para a proteção dos ecossistemas marinhos e, conseqüentemente, para a conservação das tartarugas marinhas. Em 1986, a Portaria N-005 da Superintendência de Desenvolvimento da Pesca (SUDEPE) passou a proibir a captura de qualquer espécie de tartaruga marinha, assim como molestar esses animais em suas áreas de reprodução e coletar seus ovos. Em 1989, através da Portaria 1.522, o IBAMA passou a reconhecer as cinco espécies de tartarugas marinhas existentes no Brasil como pertencentes à Lista Oficial de Espécies da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção, protegendo-as de modo integral. Em 2003, essa portaria foi ratificada pela Instrução Normativa 3 do Ministério do Meio Ambiente (MMA).

Desde então, uma série de leis, portarias, instruções normativas, resoluções e decretos vêm assegurando a proteção legal às tartarugas marinhas em âmbito nacional (Santos *et al.*, 2011). No contexto das atividades de exploração e produção de óleo e gás, destaca-se a Instrução Normativa Conjunta 1, de 27/05/2011, que estabelece períodos de restrição periódica para as atividades de E&P (sísmica, perfuração, instalação ou lançamento de dutos etc.) em áreas prioritárias para a conservação de tartarugas marinhas na costa brasileira.

Estas foram definidas como áreas 1 (do Município de Macaé – RJ à divisa com o Estado do Espírito Santo), 2 (de Aracruz – ES a Una – BA), 3 (de Salvador – BA a Piaçabuçu – AL) e 4 (de Pitimbu – PB a Natal – RN), sendo os períodos de restrição de outubro a fevereiro (para as três primeiras) e de dezembro a maio (para a última). E desde a Resolução CONAMA 10, de 24/10/1996, os processos de licenciamento ambiental (previstos na Lei 6.938/81 e Decreto 99.274/90) envolvendo praias onde ocorre a desova de tartarugas marinhas só podem efetivar-se após a avaliação e recomendação do IBAMA, juntamente com o parecer do Centro TAMAR/ICMBio. Adicionalmente, há áreas protegidas (como Áreas de Proteção Ambiental, Áreas de Relevante Interesse Ecológico, Estações Ecológicas, Parques Nacionais e Estaduais, Reservas Biológicas e Extrativistas, Refúgios de Vida Silvestre etc.), já criadas ou em processo de proposição/criação, relevantes para a conservação das tartarugas marinhas no litoral do país. Algumas dessas Unidades de Conservação apresentam, em seus planos de manejo ou, em alguns casos, no próprio decreto de criação, o objetivo de proteger tais organismos.

Além disso, o Brasil é signatário de vários tratados e acordos internacionais, inclusive da Convenção sobre o Comércio Internacional de Espécies Ameaçadas da Fauna e Flora Selvagem (*Convention on International Trade in Endangered*

Species of Wild Fauna and Flora – CITES) e da Convenção Interamericana para Proteção e Conservação das Tartarugas Marinhas (*Inter-American Convention for the Protection and Conservation of Sea Turtles* – IAC). A CITES proíbe o comércio internacional, de ou para os países signatários, das espécies listadas em seus apêndices. Estas são agrupadas conforme seu grau de ameaça, sendo o Apêndice I constituído por espécies ameaçadas de extinção que são ou poderiam ser afetadas pelo comércio, o que inclui todas as tartarugas marinhas. Já a IAC, que entrou em vigência em 2001 e conta atualmente com 15 países-membros, tem como objetivo a proteção, conservação e recuperação das populações de tartarugas marinhas e de seus habitats, promovendo, para isto, acordos multilaterais.

Desde sua criação, o Projeto TAMAR expandiu suas atividades de conservação por nove estados brasileiros (Ceará, Rio Grande do Norte – Praia da Pipa e Barreira do Inferno, Pernambuco – Fernando de Noronha, Sergipe, Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo e Santa Catarina), totalizando aproximadamente 1.100 km de praias monitoradas, por meio de 23 bases mantidas em áreas de alimentação e desova desses animais, no litoral e nas ilhas oceânicas (Santos *et al.*, 2011). Adicionalmente, tem crescido significativamente no país o número de pesquisadores em instituições de ensino superior que têm as tartarugas marinhas como alvo de estudo, assim como a abrangência dos temas de pesquisa, e de Organizações Não Governamentais (ONGs) se dedicando à proteção de sítios de reprodução e ao monitoramento de ocorrências não reprodutivas/encalhes, em locais onde não há atuação do Projeto TAMAR.

Entre 2004 e 2007, o Centro de Pesquisas e Desenvolvimento Leopoldo Américo Miguez de Mello (Cenpes/Petrobras) desenvolveu, em parceria com o Projeto TAMAR, o Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil, do qual faziam parte: o Estudo da Biologia das Tartarugas Marinhas através da Telemetria por Satélite e o Estudo dos Padrões Genéticos das Populações de Tartarugas Marinhas em Áreas de Desova e Pesca no Litoral Brasileiro.

Nas últimas décadas, técnicas de rastreamento (e.g. como a radiotelemetria e a telemetria por satélite, por exemplo) têm sido amplamente utilizadas para caracterizar padrões de deslocamento e uso de habitats de organismos marinhos, inclusive das tartarugas marinhas (Schofield *et al.*, 2007; Godley *et al.*, 2008; Hart e Hyrenbach, 2009). Essas técnicas têm auxiliado os pesquisadores a compreenderem, por exemplo, o movimento de fêmeas adultas durante a temporada reprodutiva e após esse período – incluindo a fidelidade ao sítio de desova e a frequência de posturas, a migração para zonas de alimentação e seu posterior retorno aos sítios de nidificação, os padrões de deslocamento de machos e fêmeas e fatores que afetam a distribuição dos organismos, entre outros (Godley *et al.*, 2008; Schofield *et al.*, 2010a, 2010b; Tucker, 2010). A telemetria vem sendo cada vez mais empregada em questões interdisciplinares de ecologia e gestão de recursos que envolvem, por exemplo, o forrageamento, o comportamento migratório e a sobreposição de organismos marinhos com atividades antrópicas (como diferentes artes de pesca, exploração e produção de óleo e gás, entre outras), apresentando, portanto, uma aplicação também conservacionista (James *et al.*, 2005; Schofield *et al.*, 2007; Hays, 2008; Hart e Hyrenbach, 2009; Maxwell *et al.*, 2011). A utilização de dispositivos de rastreamento com maior resolução e acurácia vem permitindo a avaliação de posicionamento e deslocamento em escala fina, auxiliando, inclusive, na definição dos limites de áreas de proteção marinha (Hazel, 2009; Schofield *et al.*, 2013).

As análises genéticas, por sua vez, têm sido mundialmente utilizadas no estudo das tartarugas marinhas para identificar a composição, distribuição e dinâmica das populações, além de avaliar comportamento migratório, filopatria, conectividade, múltipla paternidade, hibridação, relações filogenéticas e filogeográficas, resolução de incertezas taxonômicas, entre outros (Bowen e Karl, 2007; Jensen *et al.*, 2013). A abordagem genética permite descrever estruturas populacionais e, por extensão, definir Unidades de Manejo, o que tem particular importância no aspecto conservacionista,

sendo considerada, globalmente, uma prioridade de pesquisa para as tartarugas marinhas (Hamann *et al.*, 2010; Wallace *et al.*, 2010). Diferentes marcadores e análises moleculares podem ser empregados para alcançar tais objetivos. A utilização do DNA mitocondrial, um marcador de matrilinearidade (herança materna) e de evolução rápida, é útil, por exemplo, na investigação da estrutura genética entre populações reprodutivas e, por conseguinte, da fidelidade das fêmeas aos sítios de desova (comportamento filopátrico). Além disso, através de comparações das relações entre linhagens de DNA mitocondrial e suas respectivas áreas geográficas, é possível inferir questões sobre história populacional, colonização e dispersão a longa distância (Bowen e Karl, 2007; Jensen *et al.*, 2013). Quando as populações de desova apresentam nítidas diferenças de composição ou frequência de haplótipos, também é possível definir, através da Análise de Estoque Misto (*Mixed Stock Analysis* – MSA; Okuyama e Bolker, 2005; Bolker *et al.*, 2007), a origem materna de machos e fêmeas em vários estágios de vida, provenientes de habitats de alimentação, corredores migratórios e/ou oriundos de encalhes ou capturas incidentais (Jensen *et al.*, 2013). Já marcadores nucleares e genômicos mais amplos, de herança biparental, permitem acessar o fluxo gênico mediado pelos machos e fornecer, a partir da avaliação das variações em suas taxas de mutação, *insights* em relação a processos populacionais, em diferentes escalas de tempo (Bowen e Karl, 2007; Jensen *et al.*, 2013).

O presente capítulo tem como objetivos revisar os resultados de telemetria e genética gerados no âmbito do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil, além de atualizar tais informações com base em dados de literatura mais recentes que tratam dessas vertentes de estudo aplicadas às tartarugas marinhas no país.

MATERIAL E MÉTODOS

As informações referentes aos estudos de telemetria e genética desenvolvidos no âmbito do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas

do Brasil foram levantadas por meio de relatórios técnicos internos da empresa e de dissertações, teses e publicações científicas advindas desses estudos. Para fornecer um cenário mais completo acerca da pesquisa sobre as tartarugas marinhas no Brasil com uso das ferramentas de telemetria e genética, foram utilizados dados adicionais já publicados ou em vias de publicação (através de comunicação pessoal dos pesquisadores envolvidos).

Estudo da biologia das tartarugas marinhas através da telemetria por satélite

A instalação de transmissores teve como alvo fêmeas adultas das espécies *E. imbricata* (tartaruga-de-pente), *C. caretta* (tartaruga-cabeçuda), *L. olivacea* (tartaruga-oliva) e *D. coriacea* (tartaruga-de-couro), que desovam prioritariamente em praias do litoral brasileiro, com o objetivo de investigar seus deslocamentos reprodutivos e pós-reprodutivos. Ao todo, foram acoplados transmissores em 15 tartarugas-de-pente, provenientes de sítios de desova no litoral norte da Bahia, marcadas entre 05/02/2005 e 28/03/2005 (Marcovaldi *et al.*, 2012); 10 tartarugas-cabeçudas, igualmente provenientes de sítios de desova no litoral norte da Bahia, marcadas entre 25/01/2006 e 05/03/2006 (Marcovaldi *et al.*, 2010); 10 tartarugas-olivas, provenientes de sítios de desova no litoral de Sergipe, marcadas entre 01/02/2006 e 03/04/2006 (Silva *et al.*, 2011); e quatro tartarugas-de-couro, sendo três provenientes de sítios de desova no litoral do Espírito Santo, marcadas entre 13 e 15/12/2005, e uma oriunda de captura incidental a 200 km da costa do Estado de São Paulo, marcada em 12/02/2006 (Almeida *et al.*, 2011). Para a coleta dos dados emitidos pelos transmissores satelitais, foram utilizados os serviços do Sistema ARGOS de rastreamento via satélite.

Estudo dos padrões genéticos das populações de tartarugas marinhas em áreas de desova e pesca no litoral brasileiro

No âmbito desse estudo, o marcador mitocondrial (região controle ou *D-loop*) foi utilizado

na caracterização genética de 335 amostras de *C. caretta*, sendo 205 fêmeas provenientes de sítios de desova no Rio Grande do Norte, em Sergipe, na Bahia, no Espírito Santo e no Rio de Janeiro, e 130 indivíduos capturados incidentalmente ou encalhados no Ceará, no Rio Grande do Norte, em Sergipe, no Rio de Janeiro e na Elevação do Rio Grande (Reis *et al.*, 2009; Reis *et al.*, 2010a, 2010b); 119 amostras de *E. imbricata* de sítios de desova na Bahia (Lara-Ruiz *et al.*, 2006); 92 amostras de *L. olivacea* de sítios de desova em Sergipe, na Bahia e no Espírito Santo (Hahn, 2011); e 63 amostras de *D. coriacea*, sendo 11 fêmeas nidificantes do Espírito Santo e 52 indivíduos capturados incidentalmente ou encalhados no Rio Grande do Sul (Vargas *et al.*, 2008). Além da caracterização genética, esse estudo teve por objetivos avaliar a existência de estruturação entre sítios de desova e entre agregados de alimentação (onde a pesca está presente), identificar a origem materna de indivíduos capturados incidentalmente ou encalhados no litoral brasileiro e identificar casos de hibridação entre as espécies. Tais análises foram realizadas através de parcerias com o Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), o Laboratório de Genética Marinha da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ) e o Laboratório de Biologia Genômica e Molecular da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUC-RS).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os principais resultados dos estudos de telemetria e genética das tartarugas marinhas no Brasil, advindos do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil e de literatura, serão apresentados a seguir, separadamente por espécie.

Caretta caretta (Linnaeus, 1758)

A tartaruga-cabeçuda é considerada a mais abundante em relação ao número de desovas no litoral brasileiro. Suas áreas principais de desova estão localizadas em Sergipe, norte da Bahia, norte do Espírito Santo e norte do Estado do Rio de

Janeiro. Áreas secundárias de desova ocorrem no sul do Espírito Santo e sul da Bahia (Santos *et al.*, 2011). Nas áreas com desovas regulares, a temporada reprodutiva tem início em meados de setembro e termina em março, sendo novembro o mês com maior número de desovas. O comprimento curvilíneo de carapaça (CCC) médio de fêmeas adultas de praias de desova de Sergipe é de 103 cm (Marcovaldi e Chaloupka, 2007; Santos *et al.*, 2011). No Rio de Janeiro, por sua vez, o CCC médio de fêmeas adultas em atividade reprodutiva é um pouco menor (100,5 cm) (Lima *et al.*, 2012).

Já foi demonstrado que, nas praias de desova dessa espécie na Bahia e em Sergipe, há uma maior proporção de fêmeas entre os filhotes eclodidos (entre 89,3 e 100%) (Marcovaldi *et al.*, 1997), o que seria contrabalanceado por uma proporção de machos mais elevada nas praias do Espírito Santo (Baptistotte *et al.*, 1999) e, possivelmente, do Rio de Janeiro (Lima *et al.*, 2012). Entretanto, tal desequilíbrio na razão sexual já foi apontado como uma das possíveis causas do fenômeno de hibridação envolvendo a espécie, e já observado no Brasil em elevadas proporções (Lara-Ruiz *et al.*, 2008; Reis *et al.*, 2010b), como será abordado mais adiante.

Telemetria

Marcovaldi *et al.* (2010) estudaram os movimentos reprodutivos e pós-reprodutivos de 10 fêmeas adultas de *C. caretta* oriundas de praias de nidificação no norte da Bahia, que registra a maior população de desova dessa espécie no Brasil (Marcovaldi e Chaloupka, 2007). A duração do sinal variou entre 426 e 1.284 dias, com média de 870,3 dias. As distâncias totais percorridas variaram entre 5.132 e 17.681 km, com média de 9.197,3 km (Marcovaldi *et al.*, 2010). Os resultados desse trabalho indicaram que oito fêmeas permaneceram nas proximidades da área de desova por 12 a 66 dias após a implantação dos transmissores, mostrando fidelidade a esses sítios, mesmo numa escala regional. As outras duas iniciaram suas migrações pós-reprodutivas imediatamente após a marcação. Durante os movimentos pós-reprodutivos, todas as tartarugas migraram para áreas de alimentação

situadas na plataforma continental das regiões Norte e Nordeste do Brasil, sendo uma no litoral do Pará, uma no Maranhão e oito ao longo da costa do Ceará (Figura 1). No entanto, há registros na literatura de tartarugas-cabeçudas adultas se alimentando em ambientes oceânicos (Hatase *et al.*, 2002; Hawkes *et al.*, 2006). As distâncias entre as áreas de desova e de alimentação alcançaram até 2.400 km, percorridas entre 28 e 47 dias. Esses deslocamentos ocorreram em águas costeiras, entre 25 e 50 m de profundidade, com curtas e esporádicas excursões a águas mais profundas. Cinco fêmeas foram monitoradas durante as subsequentes migrações reprodutivas a essa mesma área de desova, o que ocorreu a intervalos de dois ou três anos, demonstrando filopatria a essa região. As fêmeas também foram monitoradas durante uma segunda migração pós-reprodutiva, de volta às áreas de alimentação, mostrando igualmente forte fidelidade a esses sítios. Os deslocamentos dos sítios de desova para as zonas de alimentação e vice-versa ocorreram ao longo da plataforma continental, delineando aparentemente um corredor migratório. A costa Norte-Nordeste do Brasil, mais especificamente do Estado do Ceará, é uma importante área de alimentação para as tartarugas-cabeçudas que desovam no litoral norte da Bahia (Santos *et al.*, 2011). No decorrer desse trajeto, ao longo da costa de vários estados brasileiros, esses organismos se expõem a uma série de ameaças, o que ressalta a necessidade de ações integradas e complementares a fim de assegurar a sua preservação. O fato de tais deslocamentos ocorrerem dentro dos limites de um único país, pelo menos para a população avaliada, fornece, a princípio, uma perspectiva positiva à proteção das tartarugas-cabeçudas nessa importante fase de seu ciclo de vida, já que, nacionalmente, há políticas e estratégias de conservação minimamente estabelecidas (Marcovaldi *et al.*, 2010).

Lemke *et al.* (2003), num trabalho anterior com oito fêmeas adultas de sítios de desova no Espírito Santo (Comboios e Povoação), da temporada reprodutiva de 2000/2001, identificaram rotas sem qualquer padrão definido, utilizando

predominantemente a plataforma continental. Tais deslocamentos envolveram o direcionamento tanto para norte como para sul, diferentemente do reportado por Marcovaldi *et al.* (2010). Cabe salientar que estudos genéticos têm sugerido a existência de dois ou três estoques populacionais de *C. caretta* no país (Nordeste e Sudeste, conforme Reis *et al.*, 2010a, ou Nordeste, Espírito Santo e Rio de Janeiro, conforme Shamblin *et al.*, 2014), o que poderia justificar essa diferença de padrões migratórios.

Adicionalmente, Goldberg *et al.* (2011) colocaram um transmissor satelital em um macho adulto de tartaruga-cabeçuda encontrado enalhado em Santa Catarina. O animal apresentava um anzol (classificado como J 5/0) na região distal do esôfago, que foi removido cirurgicamente. Tal petrecho é comumente utilizado pela frota de Itaipava para a captura de pargo (*Pagrus pagrus*) e dourado (*Coryphaena hippurus*). Após liberação, o indivíduo migrou em direção ao extremo sul do país, percorrendo 1.279 km em 17 dias (velocidade média de 3,13 km/h). O deslocamento se deu ao longo da plataforma continental, em profundidades que variaram entre 3 e 50 m. A cerca de 80 km ao sul da cidade de Rio Grande, o macho passou a utilizar uma área mais restrita, onde permaneceu por 123 dias. Durante este período, reduziu sua velocidade média para 1,6 km/h, realizando pequenos deslocamentos, o que sugere atividade de alimentação. A área utilizada possui fundo predominantemente arenoso, com ocorrência de pelo menos 94 espécies de macroinvertebrados bentônicos, incluindo o ermitão *Loxopagurus loxochelis* (Capitoli e Bemvenuti, 2004), principal item da dieta de *C. caretta* no sul do Rio Grande do Sul (Barros, 2010). Após permanecer cerca de quatro meses no extremo sul do Brasil, o macho começou a se deslocar em direção norte, percorrendo 651 km até parar de emitir sinal. É possível que ele tenha iniciado o processo migratório para uma área reprodutiva no litoral do Sudeste ou Nordeste do país.

Mais recentemente, Barceló *et al.* (2013) colocaram transmissores satelitais em 27 juvenis de *C. caretta* capturados incidentalmente pelas frotas

brasileira e uruguaia de espinhel pelágico, operando no Atlântico Sul Ocidental, entre julho de 2006 e março de 2010. A duração do sinal variou entre 3 e 639 dias (média de 259 dias), durante os quais as tartarugas se deslocaram entre 25 e 45° S de latitude e 35 a 54° O de longitude. Os resultados indicaram áreas de uso intensivo localizadas sobre a plataforma e o talude continental, contemplando a Zona Econômica Exclusiva do sul do Brasil, Uruguai e Argentina, além de águas internacionais adjacentes. A profundidade máxima de mergulho variou entre 100 e 300 m, entre cinco tartarugas avaliadas. Duas realizaram mergulhos sucessivos até uma mesma profundidade (< 200 m), o que pode estar relacionado com a alimentação no fundo marinho. Movimentos latitudinais variaram segundo a estação do ano e a temperatura superficial do

mar, sugerindo forte sazonalidade. Tal padrão norte-sul de deslocamento sazonal já foi igualmente identificado entre tartarugas-cabeçudas do Pacífico Norte, Atlântico Norte e Mediterrâneo (Bentivegna, 2002; Kobayashi *et al.*, 2008; Mansfield *et al.*, 2009) e parece estar associado à preferência ou limite termal de cada espécie, assim como à disponibilidade de presas/alimento em cada estação (McMahon e Hays, 2006; Hawkes *et al.*, 2007).

Genética

Baseada na variabilidade da região controle do DNA mitocondrial (sequências de 380 pares de bases – pb), a caracterização genética de tartarugas-cabeçudas provenientes de sítios de desova prioritários no Brasil (nos estados de Sergipe – N = 51, da Bahia – N = 39, do Espírito Santo – N = 50 e

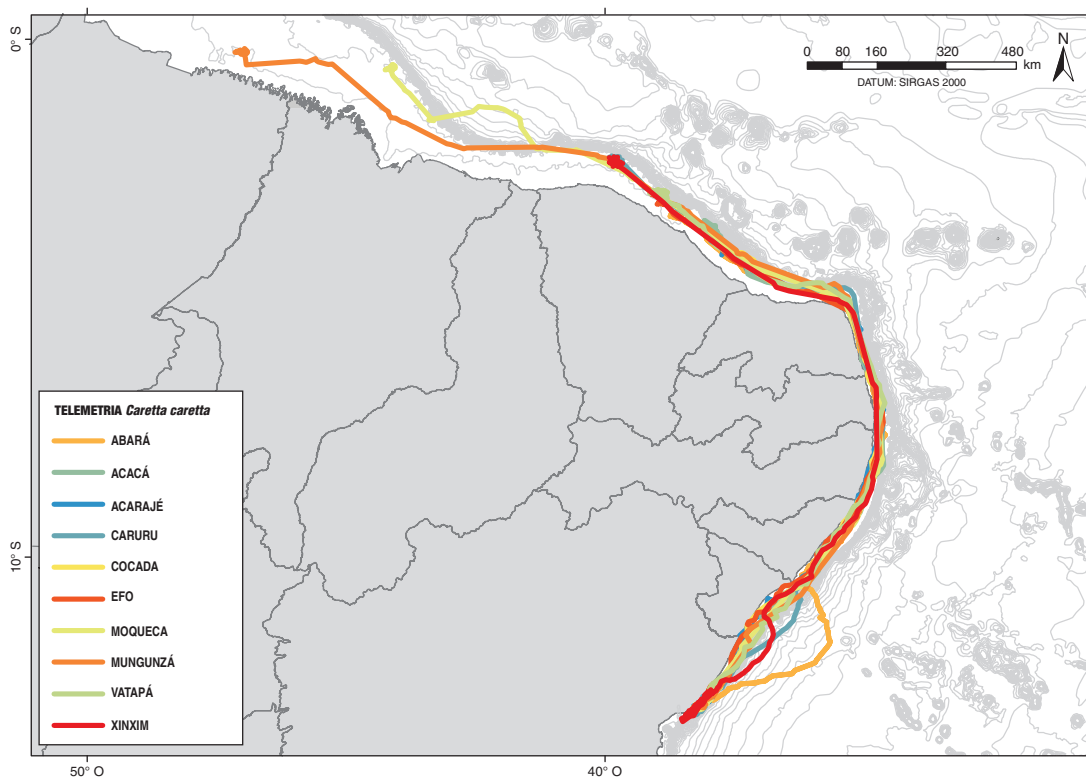


FIGURA 1. Dados de rastreamento por satélite de *Caretta caretta* obtidos no âmbito do Programa de Pesquisa sobre Tartarugas Marinhas do Brasil.

do Rio de Janeiro – N = 64) indicou a existência de sequências exclusivas e, portanto, de um perfil genético distinto daquele das demais populações de desova do mundo (Reis *et al.*, 2010a). Para tais sítios, foram identificados apenas três haplótipos: CC-A4 (N = 176), CC-A24 (N = 13) e CC-A25 (N = 1), diferenciados por quatro sítios polimórficos. Também foi identificado, entre as amostras de Sergipe, um haplótipo referente à espécie *L. olivacea* (N = 14), apesar de os indivíduos apresentarem características morfológicas de *C. caretta*, sinalizando a ocorrência de hibridação entre as duas espécies (Reis *et al.*, 2009; Reis *et al.*, 2010a, 2010b). Outros casos de hibridação serão apresentados e discutidos adiante. A baixa diversidade nucleotídica, ou seja, a pequena variação de sítios polimórficos entre os haplótipos de *C. caretta* do país, sugeriu sua ancestralidade comum, tendo no CC-A4 (comum a todas as localidades e em elevada frequência) a provável origem das populações brasileiras. Reis *et al.* (2010a) mostraram também uma nítida redução da diversidade do litoral norte para o sul do Brasil e sugeriram a existência de dois estoques genéticos, um composto por Sergipe e Bahia e o outro, por Espírito Santo e Rio de Janeiro.

Mais recentemente, quando analisados fragmentos de aproximadamente 800 pb (para Sergipe – N = 27, Bahia – N = 32, Espírito Santo – N = 23 e Rio de Janeiro – N = 49), foram identificados quatro haplótipos, sendo três variantes do CC-A4: CC-A4.1 (N = 37), CC-A4.2 (N = 85) e CC-A4.3 (N = 4), além do haplótipo CC-A24.1 (N = 5) (Shamblin *et al.*, 2014). Testes baseados nas sequências mais longas sugeriram diferenciação genética da população do Rio de Janeiro em relação aos demais estados. Contudo, quando combinados os dados de Shamblin *et al.* (2014) com os de Reis *et al.* (2010a), confirmou-se a existência de uma quebra entre Bahia e Espírito Santo, propondo-se, portanto, a definição de três estoques populacionais (ou Unidades de Manejo) no Atlântico Sul Ocidental: Nordeste (composto por Sergipe e Bahia), Espírito Santo e Rio de Janeiro (Shamblin *et al.*, 2014).

Para a Elevação do Rio Grande (ERG), uma reconhecida área de alimentação e desenvolvimento

de juvenis de *C. caretta* no sul do país, Reis *et al.* (2010a) identificaram seis haplótipos de DNA mitocondrial (380 pb) entre 125 amostras: CC-A2 (N = 13), CC-A4 (N = 59), CC-A11 (N = 19), CC-A33 (N = 18), CC-A34 (N = 15) e CC-A35 (N = 1). Caraccio *et al.* (2008), analisando 14 indivíduos capturados incidentalmente pela pesca costeira de arrasto e 29 pela pesca de espinhel pelágico em águas uruguaias, identificaram os mesmos haplótipos presentes na ERG: CC-A2 (N = 2), CC-A4 (N = 32), CC-A11 (N = 1), CC-A33 (N = 2) e CC-A34 (N = 2). Indivíduos capturados sob a plataforma continental (N = 14) eram primariamente adultos e apresentavam o haplótipo CC-A4, enquanto os oceânicos (N = 29) eram juvenis com haplótipos diversos, além do CC-A4 (Caraccio *et al.*, 2008). Haplótipos característicos da população brasileira (CC-A4, CC-A24 e variantes, quando analisados fragmentos mais longos) também foram identificados entre amostras de captura incidental (N = 24) e encalhe (N = 37) em Buenos Aires, Argentina (Prosdociami *et al.*, 2015). Tais resultados mostram que as tartarugas-cabeçudas do Brasil realizam migrações pela plataforma continental até áreas de alimentação e desenvolvimento em maiores latitudes.

Os agregados de alimentação tendem a ser, de fato, mais diversos que os sítios de desova, uma vez que as fêmeas mostram filopatria (ou seja, fidelidade aos sítios de origem), ao passo que as áreas de alimentação podem receber indivíduos provenientes de diversas origens natais, sendo, por isso, considerados estoques mistos. O haplótipo CC-A2, oriundo de sítios de desova no Atlântico Norte e no Mediterrâneo; CC-A11, de sítios de desova no Atlântico Norte; CC-A33, da Austrália e Nova Caledônia; e CC-A34, da Austrália, Nova Caledônia e do Japão (Bowen *et al.*, 2004; Carreras *et al.*, 2006; Boyle *et al.*, 2009; Watanabe *et al.*, 2011), confirmam o comportamento migratório transoceânico das tartarugas-cabeçudas e a existência de um estoque misto na ERG (Reis *et al.*, 2010a). A Análise de Estoque Misto realizada por Reis *et al.* (2010a) indicou a maior contribuição dos sítios de desova brasileiros (59,5%) à composição da ERG, assim como contribuições expressivas da Austrália (28,5%)

e do Mediterrâneo (10,5%). O haplótipo CC-A35, considerado órfão por nunca ter sido registrado para um sítio de desova, foi excluído da MSA. Em análises filogenéticas, este haplótipo formou um ramo independente com CC-A33 e CC-A34, indicando uma possível origem comum. É imprescindível interpretar os resultados da MSA com cautela porque, apesar desta análise considerar que todas as populações de origem são conhecidas, ainda há inúmeras lacunas representadas por áreas pouco ou não amostradas, particularmente na África e no Indo-Pacífico (Reis *et al.*, 2010a).

Novas suposições sobre a origem das *C. caretta* da ERG foram levantadas a partir dos resultados de Shamblin *et al.* (2014), que identificaram variantes dos haplótipos CC-A2 (CC-A2.1, com ~800 pb) e CC-A11 (CC-A11.6, com ~800 pb) para populações de desova na África do Sul e Oman, respectivamente. Modelos de dispersão, baseados na deriva passiva de indivíduos juvenis em estágio oceânico, de fato, suportam a conectividade entre Atlântico Sul e África do Sul, mas não confirmam migrações mais distantes envolvendo o Índico (Mansfield e Putman, 2013).

A avaliação genética de outras amostras de captura incidental no Ceará (N = 1), no Rio Grande do Norte (N = 1), em Sergipe (N = 1) e no Rio de Janeiro (N = 2) revelou ainda a presença dos haplótipos CC-A17 (originário de Cabo Verde; Monzón-Argüello *et al.*, 2009), CC-A2, CcxLo (híbrido de *C. caretta* com *L. olivacea*) e CC-A4, respectivamente. Isso confirma o padrão transoceânico de migrações realizadas pela espécie (Reis *et al.*, 2009). A avaliação adicional de uma amostra de desova ocasional no Rio Grande do Norte revelou o haplótipo CC-A1, característico do Atlântico Norte (Estados Unidos e Cabo Verde; Bowen *et al.*, 2004; Monzón-Argüello *et al.*, 2009), o que poderia indicar uma possível origem da colonização dos sítios de desova brasileiros (Reis *et al.*, 2009).

***Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766)**

Os principais sítios de desova (áreas prioritárias) da tartaruga-de-pente no Brasil encontram-se no norte da Bahia e de Sergipe, e no litoral sul do

Rio Grande do Norte (Marcovaldi *et al.*, 2007; Santos *et al.*, 2013). Ocorrem ainda áreas secundárias de desova no Ceará, na Paraíba e no Espírito Santo (Santos *et al.*, 2011), além de registros ocasionais no norte do Rio de Janeiro (Lima *et al.*, 2012). A temporada reprodutiva em Sergipe e na Bahia estende-se de novembro a março, com maior número de desovas entre dezembro e fevereiro; enquanto no Rio Grande do Norte ocorre de novembro a abril, com pico entre janeiro e março (Marcovaldi *et al.*, 2007). O CCC médio de fêmeas adultas que desovam no norte da Bahia é de 97,4 cm (Santos *et al.*, 2011) e de 92 cm para as que desovam no sul do Rio Grande do Norte (Santos *et al.*, 2010).

Telemetry

Com o objetivo de se estudar os movimentos reprodutivos e pós-reprodutivos de *E. imbricata*, Marcovaldi *et al.* (2012) marcaram 15 fêmeas adultas oriundas de praias de nidificação no norte da Bahia, onde se localiza o principal sítio de desova dessa espécie no Atlântico Sul (Marcovaldi *et al.*, 2007). A duração do sinal variou entre 15 e 804 dias, com média de 333,7 dias. As distâncias totais percorridas variaram entre 65 e 6.903 km, com média de 2.198,5 km. Cabe destacar que das 15 fêmeas marcadas, nove foram morfológica e geneticamente classificadas como *E. imbricata* ("legítimas"), sendo as outras seis consideradas híbridas por apresentarem morfologia de *E. imbricata*, mas DNA mitocondrial de *C. caretta*. Em relação à duração do sinal, as tartarugas-de-pente "legítimas" permaneceram transmitindo entre 15 e 753 dias, com média de 262,2 dias, ao passo que as híbridas, entre 19 e 804 dias, com média de 440,8 dias. As distâncias totais percorridas também apresentaram significativa variação: enquanto as tartarugas "legítimas" percorreram entre 65 e 2.977 km, com média de 1.266,5 km, as híbridas percorreram entre 760 e 6.903 km, com média de 3.596,5 km (Marcovaldi *et al.*, 2012).

Até então, os padrões migratórios de *E. imbricata* eram praticamente desconhecidos para as populações de desova do Atlântico Sul. Os resultados desse estudo mostraram que, durante o intervalo

internidal (período entre as sucessivas desovas numa temporada reprodutiva), as fêmeas marcadas permaneceram em águas costeiras no norte da Bahia por 12 a 60 dias, com exceção de duas que imediatamente iniciaram suas migrações pós-reprodutivas. Outras duas pararam de emitir sinais durante esse período. As áreas ocupadas pelas tartarugas durante o intervalo internidal variaram entre 43,1 e 447,9 km². As migrações pós-reprodutivas foram realizadas principalmente sobre a plataforma continental, em áreas cuja profundidade era inferior a 200 m. Apenas algumas realizaram deslocamentos a áreas com profundidade superior a isso (e.g. até isóbata de 1.000 m), mas com distância da costa inferior a 24 km. Nas subsequentes temporadas reprodutivas, duas fêmeas retornaram aos mesmos sítios reprodutivos dois anos após a

marcação, utilizando sempre a mesma rota migratória (Marcovaldi *et al.*, 2012).

Das 13 fêmeas marcadas que continuaram emitindo sinais, cinco (quatro "legítimas" e uma híbrida) deslocaram-se em direção ao sul e oito (três "legítimas" e cinco híbridas), ao norte. Interessantemente, a telemetria mostrou que as zonas de alimentação das tartarugas-de-pente "legítimas" estavam situadas ao longo da costa leste do Brasil, em ecossistemas de recifes costeiros, entre 9 e 17,5° S (estados de Alagoas, Sergipe e Bahia), localizadas a até 530 km de distância em relação aos sítios reprodutivos. Enquanto isso, as híbridas migraram para áreas de alimentação mais distantes, localizadas entre 1.150 e 2.550 km das praias de desova, ao longo da costa norte do país, entre 0 e 5° S (estados do Pará, Ceará e Rio Grande do Norte), com exceção de

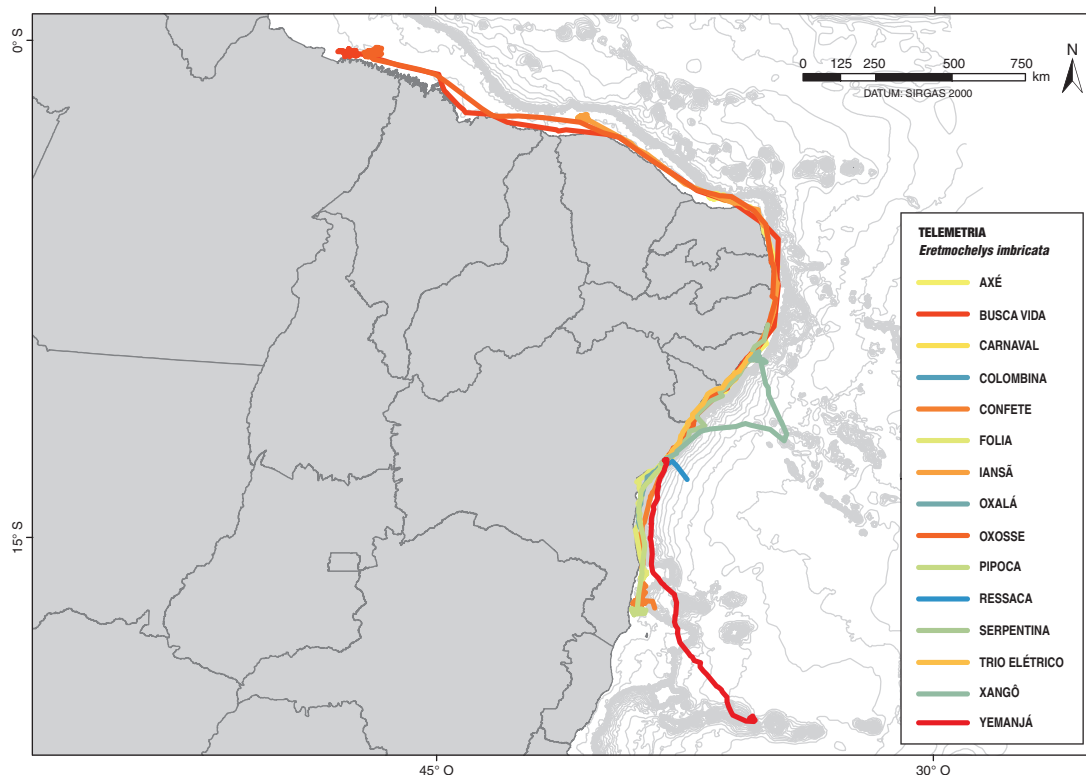


FIGURA 2. Dados de rastreamento por satélite de *Eretmochelys imbricata* obtidos no âmbito do Programa de Pesquisa sobre Tartarugas Marinhas do Brasil.

uma, que se manteve junto à costa da Bahia (Figura 2). Apenas duas híbridas permaneceram associadas, pelo menos parcialmente, a habitats recifais. As áreas de forrageamento mais distantes das tartarugas híbridas são as mesmas das tartarugas-cabeçadas, conforme mapeado por Marcovaldi *et al.* (2010). Isso indica que o comportamento migratório em tartarugas marinhas pode ser influenciado por aspectos genéticos.

A extensão das áreas de forrageamento, que depende basicamente da disponibilidade de alimento e abrigo (Cuevas *et al.*, 2008), variou entre 225,7 e 2.192,3 km², e não houve diferenças significativas entre a extensão das áreas utilizadas pelas tartarugas-de-pente “legítimas” e pelas híbridas (Marcovaldi *et al.*, 2012). A localização das áreas de forrageamento das tartarugas-de-pente “legítimas” sobrepõe-se parcialmente com Áreas Marinhas Protegidas (AMPs) já estabelecidas, distribuídas ao longo das principais áreas recifais no Brasil. Apesar do litoral brasileiro se estender por mais de 8.000 km, um número ainda pequeno de AMPs foi estabelecido até hoje. Esses resultados ressaltam a importância de fortalecer o monitoramento das AMPs para assegurar a proteção de habitats críticos para as tartarugas-de-pente no Brasil (Marcovaldi *et al.*, 2012).

Genética

Lara-Ruiz *et al.* (2006) avaliaram a diversidade genética de 119 fêmeas de tartarugas-de-pente, provenientes de sítios de desova no norte da Bahia (Arembepe – N = 58, Praia do Forte – N = 53 e Costa do Sauípe – N = 8), com base na variabilidade da região controle do DNA mitocondrial. Foram identificados sete haplótipos (752 pb): EiBR2 (N = 2), EiBR3 (N = 21), EiBR4 (N = 29), EiBR8 (N = 52), EiBR9 (N = 4), EiBR10 (N = 10) e EiBR16 (N = 1). Contudo, apenas quatro destes eram típicos da espécie (EiBR8, EiBR9, EiBR10 e EiBR16), somando juntos 56,3% (N = 67) das amostras. Quando considerados apenas estes haplótipos, foram observados três sítios polimórficos e baixos índices de diversidade. Mesmo morfologicamente identificadas como *E. imbricata*, 50 tartarugas

(42%) apresentaram haplótipos característicos do estoque brasileiro de *C. caretta* (EiBR3 e EiBR4, equivalentes a CC-A4), indicando a ocorrência de hibridação em elevada frequência, a possibilidade de introgressão entre essas espécies e a produção de gerações subsequentes de híbridos. Outras duas tartarugas (1,7%), com morfologia mista de *E. imbricata* e *L. olivacea*, apresentaram um haplótipo de tartaruga-oliva do Atlântico (EiBR2, equivalente ao haplótipo F), o mais comum entre sítios de desova brasileiros, sugerindo que a hibridação entre essas espécies seria um processo mais recente. As três espécies reproduzem-se ao longo da costa da Bahia, havendo sobreposição espacial e temporal (mesmo que parcial) de suas temporadas reprodutivas, o que poderia justificar a ocorrência desse fenômeno. Apesar de casos de hibridação já terem sido reportados em literatura (Conceição *et al.*, 1990; Karl *et al.*, 1995), nenhuma outra localidade apresentou frequências tão elevadas quanto a reportada por Lara-Ruiz *et al.* (2006). Análises adicionais sobre os casos de hibridação serão apresentadas e discutidas adiante.

Mais recentemente, Vilaça *et al.* (2013) analisaram amostras de *E. imbricata* de sítios de desova no Ceará (N = 2), Rio Grande do Norte (N = 27) e Sergipe (N = 4), além de agregados de alimentação em Fernando de Noronha (N = 54) e Atol das Rocas (N = 40), com base na variabilidade da região controle do DNA mitocondrial e de cinco genes autossômicos (nucleares). Foram identificados 10 outros haplótipos de DNA mitocondrial (~740 pb): EiBR5-7, EiBR12-15, EiBR17-19, além dos sete previamente reportados por Lara-Ruiz *et al.* (2006). EiBR8 apresentou maior frequência (N = 140), sendo comum a todos os sítios (de desova e alimentação) amostrados no país. Apenas quatro haplótipos típicos da espécie foram identificados entre os sítios de desova do Brasil: EiBR8-10 e EiBR16, todos mais semelhantes a sequências descritas para o Caribe. Os demais foram reportados apenas para os agregados de alimentação, que consequentemente apresentaram maior diversidade. Híbridos foram identificados somente entre amostras de desova (Ceará, Sergipe e Bahia), não

estando presentes nos agregados de alimentação, o que sugere comportamentos distintos dos de *E. imbricata*. Outros estudos vêm demonstrando, de fato, que indivíduos híbridos apresentam distribuição e comportamento distintos do esperado para a espécie "original" (Marcovaldi *et al.*, 2012, usando telemetria; Proietti *et al.*, 2013, usando genética e modelos de dispersão de partículas; e Prosdócimi *et al.*, 2014a, através de estudos genéticos). A Análise de Variância Molecular (*Analysis of Molecular Variance* – AMOVA) sugeriu que os sítios de alimentação de Atol das Rocas e Fernando de Noronha formem um único agregado, enquanto os de desova sejam considerados como duas unidades demográficas distintas (Rio Grande do Norte e Bahia). A Análise de Estoque Misto (MSA), por sua vez, indicou maior contribuição do Brasil e do Caribe na composição genética desses agregados, além de menores contribuições do Atlântico Oriental e do Indo-Pacífico.

Finalmente, Proietti *et al.* (2014) avaliaram a estrutura populacional e origens natais de 157 juvenis de *E. imbricata* provenientes de cinco áreas de alimentação: São Pedro e São Paulo (N = 12), Abrolhos (N = 65), Ceará (N = 23), Bahia (N = 32) e sul do Brasil (Arvoredo e Cassino; N = 25), considerando para isso dados genéticos (haplótipos da região controle do DNA mitocondrial), oceanográficos (dispersão de boias de deriva) e de tamanho das populações fonte. Foram identificados 10 haplótipos (~740 pb), sendo EIBR8 igualmente o mais frequente (N = 126; 80,3%). Entre as amostras do Ceará e sul do Brasil, reconhecidas áreas de alimentação de tartarugas-cabeçudas, foram identificados híbridos entre *E. imbricata* x *C. caretta*, sugerindo que estes apresentam distribuição e comportamento equivalentes aos da espécie de quem herdaram o DNA mitocondrial. A AMOVA indicou forte estruturação entre os agregados de alimentação do Brasil, da África e do Caribe, conforme verificado também por Vilaça *et al.* (2013). Considerando apenas os agregados nacionais, houve diferenciação em dois grupos: um composto por São Pedro e São Paulo, Noronha e Ceará, influenciado pela Corrente Sul Equatorial/Norte do Brasil,

e o outro composto por Bahia, Abrolhos e Arvoredo/Cassino, influenciado pela Corrente do Brasil. A MSA, por sua vez, indicou as populações nacionais (Rio Grande do Norte e Bahia) como principais fontes à composição desses agregados de alimentação, mas com algumas contribuições da África e do Caribe. Dados oceanográficos corroboraram a origem nacional dos agregados de alimentação do país, indicando também alta conexão com o Oeste Africano, mas nenhuma com o Caribe. Apesar de os dados de deriva não confirmarem integralmente as estimativas da MSA, quando combinados às informações de tamanho das populações de desova, verifica-se forte correlação com a Análise de Estoque Misto. Esses resultados sugerem que tanto as correntes oceânicas quanto os tamanhos populacionais influenciam a distribuição de haplótipos das populações brasileiras de *E. imbricata* (Proietti *et al.*, 2014).

***Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829)**

A principal área de desova da tartaruga-oliva no Brasil encontra-se entre o litoral sul de Alagoas e norte da Bahia, com maior concentração de desovas no Estado de Sergipe (Silva *et al.*, 2007). O litoral do Espírito Santo é considerado uma área secundária de desovas dessa espécie, com o registro de um número menos expressivo de ninhos (Silva *et al.*, 2007). Sua temporada reprodutiva estende-se de setembro a março, com pico de desovas entre novembro e janeiro (Santos *et al.*, 2011). O CCC médio de fêmeas adultas que desovam em Sergipe e na Bahia é de 73 cm, sendo essa a menor espécie de tartaruga marinha encontrada no Brasil (Santos *et al.*, 2011).

Telemetria

Apesar de esforços conservacionistas, particularmente focados nas praias de desova, terem sido implementados pelo Projeto TAMAR em Sergipe desde 1982, pouco se sabia até então sobre alguns aspectos do ciclo de vida de *L. olivacea*, como seus movimentos pós-reprodutivos e suas zonas de alimentação. Nesse sentido, Silva *et al.* (2011)

marcaram 10 fêmeas de tartarugas-olivas provenientes de praias de desova em Sergipe, maior sítio de nidificação dessa espécie no Brasil (Silva *et al.*, 2007), com o intuito principal de avaliar seus movimentos internidais e pós-reprodutivos. Os autores também relacionaram os trajetos percorridos pelas tartarugas com dados de captura incidental pela pescaria costeira de arrasto de camarão (Silva *et al.*, 2010; Castilhos *et al.*, 2014), assim como pela de espinhel pelágico (Sales *et al.*, 2008), uma vez que estas representam uma ameaça global às populações de tartarugas marinhas. Especificamente, a pescaria de arrasto opera em profundidades inferiores a 30 m e a distâncias que variam entre 3 a 15 km da costa (Silva *et al.*, 2010), área que corresponde ao habitat internidial de tartarugas-olivas adultas (Silva *et al.*, 2011). Essa sobreposição espacial aumenta a susceptibilidade de captura incidental de indivíduos adultos e, portanto, biologicamente mais relevantes para a manutenção da população reprodutiva da espécie.

No trabalho de Silva *et al.* (2011), a duração do sinal variou entre 14 e 297 dias, com média de 113,9 dias. As distâncias totais percorridas variaram entre 264 e 4.212 km, com média de 1.452,1 km. Das 10 fêmeas marcadas, seis permaneceram nas proximidades dos sítios de desova por 20 a 84 dias, antes de iniciarem suas migrações pós-reprodutivas, enquanto quatro deixaram a região imediatamente após desova e subsequente colocação dos transmissores. As análises revelaram que as tartarugas que permaneceram nas proximidades dos sítios reprodutivos ocuparam uma área equivalente a 5.223,8 km². A porção central dessa área, onde 50% dos sinais foram captados, corresponde a 9,3% da área de nidificação para a espécie. A distância média da costa que os indivíduos apresentaram durante os intervalos internidais foi de $7 \pm 5,6$ km (1 – 36 km), e a profundidade média que ocuparam foi de $19,8 \pm 45,7$ m (1 – 420 m), valores esses que se sobrepõem à área onde ocorre a pescaria de arrasto de camarão. Das quatro tartarugas que deixaram a área de desova imediatamente após a marcação, duas migraram para águas oceânicas equatoriais, sendo que uma delas

ainda permaneceu por 34 dias numa área nerítica de forrageamento em Alagoas, seguindo então para o litoral da Paraíba, de onde finalmente partiu para águas oceânicas (Figura 3). Os deslocamentos oceânicos dessas tartarugas abrangeram áreas intensivamente utilizadas pela frota pesqueira de espinhel, onde embarcações internacionais costumam operar com um número consideravelmente maior de anzóis (Sales *et al.*, 2008). Oito tartarugas deslocaram-se ao longo da plataforma continental brasileira, entre 18 e 51,6 m de profundidade, até áreas neríticas de forrageamento, sendo cinco delas até o litoral das regiões Norte (Pará) e Nordeste (Rio Grande do Norte, Pernambuco, Alagoas e Bahia) e apenas uma até o Sudeste (Espírito Santo) do país. As distâncias percorridas entre sítios de desova e zonas de alimentação variaram entre 222 e 2.300 km, num período de 16 a 78 dias. As demais fêmeas pararam de transmitir sinais antes de atingirem suas áreas de alimentação ou águas oceânicas. Ainda assim, fica evidente que as tartarugas-olivas utilizam múltiplas estratégias de alimentação e habitats, em águas costeiras e oceânicas, possivelmente em função da disponibilidade de recursos de cada região (Bolten, 2003). Também apresentam plasticidade comportamental em relação aos deslocamentos pós-reprodutivos, uma vez que é possível observar migrações tanto costeiras (maioria) quanto oceânicas, assim como a utilização de ambas por um mesmo animal. As regiões Norte e Nordeste do Brasil e as águas internacionais adjacentes são conhecidas por apresentarem elevadas taxas de captura incidental pelas pescarias costeiras e oceânicas, particularmente de arrasto (Silva *et al.*, 2010) e de espinhel (Sales *et al.*, 2008). A partir da telemetria, foi possível notar uma grande sobreposição entre as áreas utilizadas pelas tartarugas-olivas, seja entre as sucessivas desovas, ao longo de suas rotas migratórias ou para forrageamento, e a grande variedade de artes de pesca costeiras e oceânicas em atividade na região (Marcovaldi *et al.*, 2006). Essa sobreposição representa uma dificuldade adicional à implementação de ações conservacionistas, uma vez que atinge os interesses da indústria da pesca. Por isso mesmo,

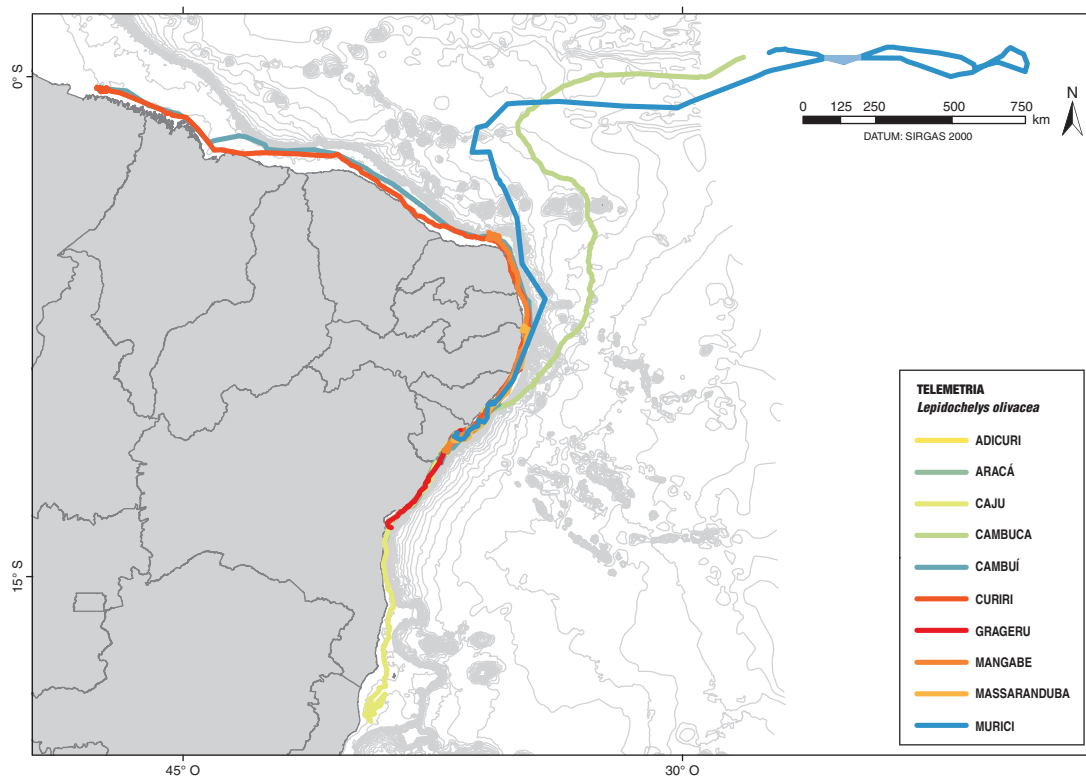


FIGURA 3. Dados de rastreamento por satélite de *Lepidochelys olivacea* obtidos no âmbito do Programa de Pesquisa sobre Tartarugas Marinhas do Brasil.

requer maiores esforços no sentido de monitorar a captura incidental e mitigar seus impactos (Silva *et al.*, 2011).

O Projeto TAMAR vem realizando estudos adicionais, com o apoio de parceiros, para identificar áreas de alimentação e rotas migratórias de fêmeas nidificantes de *L. olivacea* em Sergipe, além de sobreposições entre suas áreas de uso e atividades antrópicas na região. Para tanto, foram marcadas 41 fêmeas recentemente. Os deslocamentos registrados foram amplos, compreendendo áreas costeiras e oceânicas desde o Pará até Santa Catarina. A plataforma continental do Rio Grande do Norte foi mapeada como uma área de alimentação das tartarugas-olivas. Em média, foram percorridas distâncias de 2.000 km entre áreas de nidificação e alimentação. Algumas realizaram deslocamentos

de até 6.000 km (média de 3.700 km), cruzando o Atlântico até a margem equatorial do continente africano. Estas migrações duraram entre 45 e 90 dias (SEATURTLE, 2014; TAMAR, 2014).

Genética

A diversidade genética e a estrutura populacional de *L. olivacea* em sítios de desova no Brasil foi avaliada por Hahn (2011) através da região controle do DNA mitocondrial (haplótipos de 694 pb) de 92 amostras advindas de Sergipe: Ponta dos Mangues (N = 7), Pirambu (N = 44), Aracaju (N = 3) e Abaís (N = 21); norte da Bahia: Sítio do Conde (N = 11), Praia do Forte (N = 2), Arembepe (N = 1); e Espírito Santo (N = 1). Adicionalmente, foram analisados 15 *loci* de microsatélites de 67 amostras provenientes de Sergipe: Ponta dos Mangues

(N = 4), Pirambu (N = 27) e Abaís (N = 14); e norte da Bahia: Sítio do Conde (N = 18), Praia do Forte (N = 2) e Arembepe (N = 2). Apenas três haplótipos de DNA mitocondrial (694 pb) foram identificados: F, F1 e F2, sendo o mais comum (F) encontrado em quase 95% dos indivíduos amostrados, indicando a baixa diversidade genética dos sítios de desova brasileiros. De fato, dentre as espécies da família Cheloniidae no país, *L. olivacea* é a que apresenta os mais baixos índices de diversidade genética para o DNA mitocondrial. Esses três haplótipos são idênticos ao descrito por Bowen *et al.* (1998), mais curto (com 470 pb) e definido como F, ao analisar 15 amostras de tartarugas-olivas de um sítio de desova em Sergipe.

Tais autores, analisando fragmentos de 470 pb de 80 amostras, identificaram apenas dois haplótipos de DNA mitocondrial entre as populações do Atlântico (32 amostras): F (compartilhado entre Brasil, Suriname e Guiné Bissau) e E (apresentado apenas por Suriname), e 10 haplótipos entre as populações do Indo-Pacífico (48 amostras): G (apenas na Austrália), H-I e K (apenas no Sri Lanka), J (compartilhado entre Sri Lanka, Malásia e Austrália) e L-P (apenas na Costa Rica). Dessa forma, as populações de desova do Atlântico apresentam a menor diversidade genética entre as colônias de nidificação da espécie até então amostradas, o que poderia ser justificado por uma colonização recente (estimada em cerca de 200 – 300 mil anos a partir do Índico, Bowen *et al.*, 1998), em conjunto com um forte efeito fundador, ou por altas taxas de migração. Esse e outros estudos indicaram também a existência de partição geográfica entre as linhagens de DNA mitocondrial, ou seja, de estruturação genética entre as bacias oceânicas: Atlântico, Índico, Indo-Pacífico e Pacífico Leste (Bowen *et al.*, 1998; Shanker *et al.*, 2004; Hahn, 2011). As inúmeras lacunas na amostragem de sítios de desova de *L. olivacea* e os reduzidos números amostrais, contudo, limitam as interpretações desses estudos quanto à estrutura populacional e filogeografia.

Para o Brasil, os resultados de Hahn (2011) indicaram a ausência de diferenciação genética entre os sítios de desova (tanto para o DNA mitocondrial

quanto para os microssatélites), sugerindo assim a existência de uma única população de desova de tartarugas-olivas no país e a importância dos machos como mediadores de fluxo gênico. Além disso, os dados de microssatélites sinalizaram que a população brasileira não apresenta sinais de um efeito gargalo recente, de forma que as pressões antrópicas ainda não teriam afetado significativamente a diversidade genética desta população em termos do DNA nuclear (Hahn, 2011). No entanto, tais avaliações precisam ser complementadas com o aumento do número amostral de algumas populações ou grupos de indivíduos, a investigação genética de sítios de desova e alimentação ainda não amostrados e a partir da utilização de outros marcadores genéticos.

***Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758)**

A espécie *Chelonia mydas* apresenta a maior abundância de indivíduos juvenis ao longo da costa brasileira, onde os espécimes se concentram em zonas de alimentação. Já a desova ocorre quase que exclusivamente nas ilhas oceânicas, sendo as principais áreas: Atol das Rocas – RN, Fernando de Noronha – PE e Trindade – ES. Desovas regulares, porém em pequeno número, também ocorrem no litoral norte da Bahia (Santos *et al.*, 2011). Nas ilhas oceânicas, a temporada reprodutiva da *C. mydas* tem início em dezembro e estende-se até maio ou início de junho, indicando um padrão temporal de desovas diferente daquele usualmente encontrado no litoral continental (Santos *et al.*, 2011). O comprimento curvilíneo de carapaça (CCC) médio dos animais adultos no Brasil é de 115,6 cm (Santos *et al.*, 2011).

Telemetria

Apesar de, no âmbito do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil, não terem sido desenvolvidos estudos de telemetria envolvendo *C. mydas*, Godley *et al.* (2003) já haviam estudado padrões de deslocamento dessa espécie em águas brasileiras, tanto através de telemetria quanto de marcação e recaptura. Nesse estudo, foram utilizadas oito tartarugas-verdes, das quais

quatro eram juvenis, duas eram possíveis fêmeas adultas pequenas e as duas outras, adultas. Todas foram capturadas por pescadores e levadas até a base do Projeto TAMAR em Almofala, no Estado do Ceará. Apenas uma foi proveniente de Fortaleza. A duração da transmissão, também baseada no sistema ARGOS, variou entre 1 e 197 dias, com média de 70 dias. Essas informações foram integradas àquelas de marcação e recaptura coletadas por mais de uma década no mesmo local. Ambas as metodologias sugeriram que tais tartarugas apresentam um de três padrões gerais de comportamento: movimentos pronunciados de longo alcance (> 100 km), movimentos de alcance moderado (< 100 km) ou residência prolongada, com alta fidelidade ao local de captura/soltura desses indivíduos. Duas tartarugas realizaram deslocamentos superiores a 100 km, ao passo que três apresentaram deslocamentos moderados e outras duas (juvenis pequenas), residência nas proximidades de Almofala. Com base nos deslocamentos observados, Godley *et al.* (2003) supuseram que o padrão de utilização do habitat por tartarugas-verdes maiores dependeria de sua dieta: uma alimentação baseada em grama marinha reduziria o alcance de sua dispersão, ao passo que se baseada em macroalgas poderia abranger uma área de até 90 km de linha de costa. Adicionalmente, o fato de cinco tartarugas terem se deslocado por águas costeiras, o que as predispõe à captura incidental por diferentes artes de pesca, também sinalizou uma importante ameaça a esses organismos na região (Godley *et al.*, 2003).

Migrações entre sítios de desova e zonas de alimentação de *C. mydas* já foram igualmente investigadas. Hays *et al.* (2002) já haviam indicado, por exemplo, que em suas migrações pós-reprodutivas entre a Ilha de Ascensão, uma importante área de nidificação no meio do Atlântico, e zonas de alimentação no Brasil, as tartarugas-verdes empreendem deslocamentos superiores a 2.300 km em duas fases distintas: a travessia quase direta pelo oceano aberto, seguida por movimentos ao longo da costa, para norte ou sul, até seu destino final. Tais deslocamentos costeiros, uma vez que se

sobrepõem a áreas de pesca, podem colocar esses organismos em risco de captura e morte (Hays *et al.*, 2002). Adicionalmente, Luschi *et al.* (2003) demonstraram que na migração entre a Ilha de Ascensão e o Brasil, as tartarugas-verdes são capazes de manter cursos retos por longas distâncias em mar aberto, podem realizar movimentos exploratórios em diferentes direções, corrigir seu curso ao longo do trajeto com base em informações externas e inicialmente manter a mesma direção da corrente fluente de oeste-sul-oeste, possivelmente orientadas por sinais químicos.

Genética

Em relação aos sítios de desova de *C. mydas* no Brasil, Bjørndal *et al.* (2006) identificaram 10 haplótipos de DNA mitocondrial (sequências de ~490 pb) em 168 amostras advindas de Fernando de Noronha (N = 16), Atol das Rocas (N = 53) e Trindade (N = 99), sendo eles: CM-A8 (N = 117), CM-A9 (N = 26), CM-A10 (N = 2), CM-A11 (N = 2), CM-A12 (N = 5), CM-A23 (N = 6), CM-A24 (N = 1), CM-A25 (N = 3), CM-A32 (N = 5) e CM-A33 (N = 1). Tais resultados sugerem que o haplótipo CM-A8, mais comum e abundante (inclusive entre outras populações de desova do Atlântico), seja o mais próximo do ancestral. Adicionalmente, a Análise de Variância Molecular (AMOVA) sinalizou a existência de estruturação genética significativa, porém relativamente baixa entre as três populações de desova brasileiras. Testes adicionais, contudo, indicaram não haver diferenças significativas entre Fernando de Noronha e Atol das Rocas (distantes apenas 155 km entre si), mas que ambas se diferenciavam significativamente de Trindade (distante cerca de 1.850 km) (Bjørndal *et al.*, 2006). Mais recentemente, análises baseadas em fragmentos mais longos da região controle (> 800 pb) e em sequências curtas repetidas em tandem (*Short Tandem Repeats* – STRs) também do DNA mitocondrial sugeriram, entretanto, que Fernando de Noronha e Atol das Rocas constituem populações discretas em relação ao comportamento filopátrico das fêmeas, ou seja, duas Unidades de Manejo distintas (Shamblin *et al.*, 2015). A análise de fragmentos mais longos do

DNA mitocondrial permitiu a subdivisão do haplótipo CM-A8 em algumas variantes, incrementando, portanto, a resolução das análises populacionais e de estoque misto.

Bjorndal *et al.* (2006) também analisaram 32 amostras de agregados de alimentação em Fernando de Noronha (N = 9) e Atol das Rocas (N = 23), encontrando seis haplótipos (~490 pb): CM-A5 (N = 5), CM-A6 (N = 2) e CM-A46 (N = 1), sendo três deles já reportados entre as amostras de desova: CM-A8 (N = 20), CM-A9 (N = 3) e CM-A10 (N = 1). A Análise de Estoque Misto (MSA) sinalizou a Ilha de Ascensão como fonte primária desses agregados, com prováveis contribuições do Caribe (principalmente São Tomé) e Oeste Africano. Igualmente, com o intuito de testar hipóteses de dispersão em tartarugas-verdes, Naro-Maciel *et al.* (2007, 2012) analisaram a região controle do DNA mitocondrial (~490 pb) de 30 machos adultos de uma área de acasalamento em Atol das Rocas e de 650 amostras de sítios de alimentação no Brasil: Almofala – CE (N = 117), Fernando de Noronha – PE (N = 117), Atol das Rocas – RN (N = 101), Bahia (N = 45), Espírito Santo (N = 157) e Ubatuba – SP (N = 113), comparando os resultados obtidos com informações disponíveis para sítios de desova e alimentação no Atlântico e no Mediterrâneo. Estudos semelhantes foram desenvolvidos por Proietti *et al.* (2009, 2012) com tartarugas-verdes juvenis provenientes da Ilha do Arvoredo – SC (N = 115) e da Praia do Cassino – RS (N = 101), e por Jordão *et al.* (2015a, 2015b) com juvenis advindos de São Francisco de Itabapoana – RJ (N = 190) e do Complexo Estuarino de Paranaguá – SP (PEC, N = 60), todas representando áreas de alimentação no Sul e Sudeste do Brasil.

Para todas as áreas de alimentação estudadas, os haplótipos predominantes foram CM-A8 e CM-A5 (Naro-Maciel *et al.*, 2007, 2012; Proietti *et al.*, 2009, 2012; Jordão *et al.*, 2015a, 2015b), que somam mais de 95% do total. Portanto, todos os demais haplótipos (com frequência inferior a 5%) são considerados raros na amostragem. Os resultados dessas pesquisas indicaram que os machos de Atol das Rocas diferenciaram-se geneticamente

dos juvenis locais, mas não das fêmeas nidificantes. Combinado aos dados de marcação e recaptura, isso indica uma possível filopatria masculina (Naro-Maciel *et al.*, 2012). As áreas de alimentação do Atlântico Sul Ocidental são geneticamente similares entre si (principalmente os geograficamente mais próximos entre si), com exceção de Almofala, e geneticamente distintas dos estoques mistos do Caribe e América do Norte (Proietti *et al.*, 2012). Essa diferenciação entre os agregados de alimentação (mesmo que menos pronunciada numa escala intrarregional) é consistente com um modelo de fidelidade natal dos juvenis (Naro-Maciel *et al.*, 2012). Jordão *et al.* (2015b) indicaram ainda que o compartilhamento de juvenis entre áreas de alimentação no Brasil, no Uruguai e na Argentina é consistente com a hipótese de um corredor migratório entre esses países, como já sugerido por Fallabrino *et al.* (2010). Tal proximidade pode simplificar o estabelecimento de medidas conservacionistas em âmbito regional e internacional. No entanto, a conectividade entre esses grupos no Atlântico Sul Ocidental alerta para a necessidade de se monitorar e evitar a disseminação de doenças debilitantes como a fibropapilomatose (Naro-Maciel *et al.*, 2012).

Assim, todos os agregados de alimentação do Brasil constituem estoques mistos, cujas contribuições ou fontes natais advêm primariamente da Ilha de Ascensão, e em seguida das Ilhas de Aves (Suriname) e Trindade (Naro-Maciel *et al.*, 2012; Proietti *et al.*, 2012). De fato, a avaliação de trajetórias de deriva, realizada por Proietti *et al.* (2012) com base em dados do NOAA's *Global Drifter Program*, revelou que indivíduos das Ilhas de Ascensão e Trindade têm maior chance de alcançar o Brasil. A Costa Rica é uma fonte rara de indivíduos para o Atlântico Sul Ocidental, exceto para a área de alimentação de Almofala (Naro-Maciel *et al.*, 2007). Possíveis ligações com as populações africanas foram consideradas, mas não houve resolução suficiente das análises para confirmá-las (Naro-Maciel *et al.*, 2012). De forma geral, as maiores contribuições aos agregados de alimentação ocorreram a partir de populações de desova geograficamente

próximas (Naro-Maciél *et al.*, 2012). Jordão *et al.* (2015a, 2015b) indicaram ainda contribuições das populações de desova de Guiné Bissau e Guiana Francesa, esta última amostrada geneticamente pela primeira vez por tais autores. A contribuição da Guiana Francesa tem sido comprovada e reforçada através de resultados de telemetria (Baudouin *et al.*, 2015; Chambault *et al.*, 2015). Enquanto isso, simulações de transporte em modelos de circulação oceânica sugerem apenas limitadas contribuições de Guiné Bissau aos agregados de alimentação no Brasil (Putman e Naro-Maciél, 2013).

Dessa forma, esforços como a cooperação entre especialistas do Brasil, do Uruguai e da Argentina, compondo a Rede ASO (Atlântico Sul Ocidental), são fundamentais para ampliar o conhecimento e estabelecer medidas conservacionistas sobre os juvenis de *C. mydas* que utilizam a costa desses países como um corredor migratório ("Corredor Azul", Fallabrino *et al.*, 2010). Além disso, considerando que essas áreas constituem estoques mistos, medidas de conservação sobre esses organismos no Brasil complementam esforços globais para garantir a permanência e o incremento de populações reprodutivas a milhares de quilômetros de distância (Naro-Maciél *et al.*, 2012).

***Dermochelys coriacea* (Vandelli, 1761)**

No Brasil, a única região com desovas regulares de tartarugas-de-couro é o litoral norte do Espírito Santo, onde a temporada estende-se de setembro a janeiro, com pico de desovas em novembro e dezembro (Thomé *et al.*, 2007). Há ainda registros de ocorrências reprodutivas no Piauí (Loebmann *et al.*, 2008) e relatos de desovas ocasionais no Rio Grande do Norte, na Bahia, no Rio de Janeiro, em Santa Catarina e no Rio Grande do Sul (Soto *et al.*, 1997; Barata e Fabiano, 2002; Gandu *et al.*, 2014). Apesar da população reprodutiva do norte do Espírito Santo restringir-se a poucos indivíduos, da ordem de 1 a 19 fêmeas (Thomé *et al.*, 2007), grandes densidades de indivíduos no estágio pelágico são observadas ao longo da costa nas regiões Sudeste e Sul do Brasil (Barata *et al.*, 2004). O CCC

médio das fêmeas que compõem essa população é de 159,8 cm (Thomé *et al.*, 2007).

Telemetria

Almeida *et al.* (2011) colocaram transmissores satelitais em quatro fêmeas de *D. coriacea* igualmente com o intuito de avaliar seus deslocamentos. Destas, três foram marcadas em praias de desova no Espírito Santo e uma, em mar aberto, após sua captura incidental pela pesca de emalhe de deriva, no litoral do Estado de São Paulo. Esta última recebeu o transmissor recuperado de uma das tartarugas marcadas no Espírito Santo, encontrada morta numa rede de emalhe costeira, na desembocadura do Rio Doce, 26 dias após sua marcação. Entre as tartarugas provenientes de sítios de desova, a duração da transmissão variou entre 26 e 409 dias, com média de 274,3 dias. As distâncias totais percorridas variaram entre 1.868 e 15.982 km, com média de 10.182,7 km. A outra tartaruga, marcada a 200 km da costa na Região Sudeste do país, foi monitorada por 97 dias e percorreu 4.165 km (Almeida *et al.*, 2011).

Os resultados desse estudo mostraram que, durante o intervalo internidal, as três fêmeas nidificantes no Espírito Santo migraram até 160 km, usando uma área de 4.400 km², e retornaram à praia para desovar pelo menos uma vez após a colocação dos transmissores. A outra tartaruga não realizou desovas enquanto foi monitorada. As tartarugas-de-couro marcadas não apresentaram qualquer padrão evidente de deslocamento, o que era previsível tendo em vista o reduzido número de animais marcados. A primeira tartaruga afastou-se 150 km da costa, retornando para desovar 13 dias após a marcação. Em seguida, deslocou-se para sul, afastando-se cerca de 80 km da costa e novamente retornando à praia para desovar no 25º dia após a marcação, sendo capturada e morta pela pesca no dia seguinte. Sua necropsia indicou a presença de ovos, sugerindo que ainda fazia novas posturas. A segunda, após concluir a temporada de desova, deslocou-se por águas oceânicas até o litoral do Rio Grande do Sul, onde permaneceu por 50 dias. Depois disso, deslocou-se até águas uruguaias,

retornando em seguida até o litoral de São Paulo, de onde partiu para uma travessia transoceânica de 6.775 km até águas a 350 km da costa angolana. A terceira, por sua vez, deslocou-se através da plataforma continental até alcançar o estuário do Rio da Prata, entre o Uruguai e a Argentina, onde permaneceu por 55 dias. Em seguida, retornou ao litoral de São Paulo e novamente ao estuário (Figura 4). O Rio da Prata é reconhecidamente uma importante área de alimentação para tartarugas dessa espécie no Atlântico Sul Ocidental (López-Mendilaharsu *et al.*, 2009). Por fim, a tartaruga marcada em alto-mar no litoral de São Paulo deslocou-se por águas oceânicas até a costa do Estado do Rio de Janeiro, e depois pela plataforma continental até a costa da Bahia e finalmente do Espírito Santo,

onde as transmissões cessaram. A foz do Rio Doce, no norte do Estado do Espírito Santo, e suas águas adjacentes foram intensivamente utilizadas pelas tartarugas-de-couro durante seu intervalo intertidal. Com isso, ficou evidente que a distribuição das tartarugas-de-couro ultrapassa os limites da REBIO Comboios, no norte do Espírito Santo, e reforça a necessidade de expandir as áreas de conservação dessa população de desova, já severamente reduzida, além de mitigar os impactos das pescarias costeiras e oceânicas no Sudeste e Sul do país (Almeida *et al.*, 2011).

O rastreamento por satélite revelou ainda a utilização de áreas ao sul da América do Sul, compreendendo águas brasileiras, uruguaias e argentinas, para alimentação. Essas áreas são igualmente

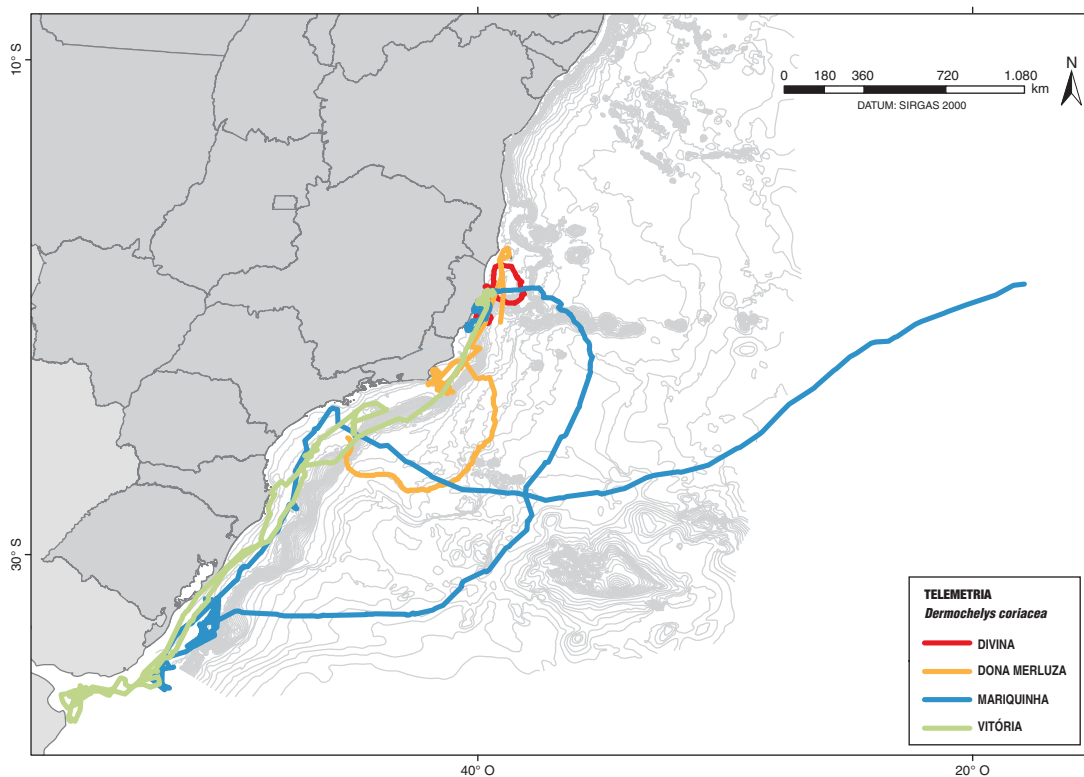


FIGURA 4. Dados de rastreamento por satélite de *Dermochelys coriacea* obtidos no âmbito do Programa de Pesquisa sobre Tartarugas Marinhas do Brasil.

utilizadas por tartarugas-de-couro provenientes de outras populações de desova (como do Gabão, na África), como vem sendo demonstrado por dados de marcação e recaptura (Billes *et al.*, 2006), genética (Vargas *et al.*, 2008) e demais dados de telemetria (Witt *et al.*, 2011). Além disso, alertam para a sobreposição dos habitats de desova, migração e alimentação das tartarugas-de-couro com atividades antrópicas, particularmente com a pesca (Fossette *et al.*, 2014). Portanto, a utilização dessas áreas por tartarugas-de-couro de populações de desova distintas, de ambos os lados do Atlântico Sul, reforça a necessidade de os esforços conservacionistas contemplarem uma perspectiva regional mais ampla (Almeida *et al.*, 2011).

Genética

Vargas *et al.* (2008) analisaram amostras de fêmeas de tartarugas-de-couro (N = 11) provenientes de um sítio de desova no Espírito Santo e de indivíduos em estágio pelágico (N = 52), sendo seis capturados incidentalmente pela pesca na região da Elevação do Rio Grande (ERG) e 46 advindos de um encalhe em massa no Rio Grande do Sul. A região controle do DNA mitocondrial dessas amostras foi analisada e comparada com a de populações de desova do Atlântico e do Indo-Pacífico (com base em haplótipos de 496 pb, comuns a todas as amostras), de modo a avaliar a estruturação entre populações de desova e investigar a origem das tartarugas-de-couro em estágio pelágico que ocorrem no Brasil.

Entre as amostras de desova (N = 11), foram identificados dois haplótipos: A (N = 10; ou A1 com 711 pb, equivalente a Dc1.1 em Dutton *et al.*, 2013), comum a populações de desova do Atlântico e do Indo-Pacífico, e C (N = 1; equivalente a Dc3.1 em Dutton *et al.*, 2013), comum a outras populações de desova do Atlântico (Vargas *et al.*, 2008). Entre os indivíduos pelágicos (N = 52), a análise de sequências de 496 pb revelou a ocorrência de cinco haplótipos distintos: A (N = 41), A2 (N = 6), C (N = 2), D (N = 1) e I (N = 2), diferenciados por cinco sítios polimórficos, mas quando considerados fragmentos de 711 pb, sete haplótipos foram diferenciados por

nove sítios polimórficos: A1 (N = 34), A2, A3 (N = 6), A4 (N = 1), C, D e I (Vargas *et al.*, 2008) (equivalentes, respectivamente, a Dc1.1, Dc13.1, Dc1.3, Dc1.4, Dc3.1, Dc4.1 e Dc9.1 em Dutton *et al.*, 2013). Dessa forma, o uso de sequências mais longas claramente incrementou a resolução dos haplótipos de DNA mitocondrial, subdividindo o haplótipo A, comum no Atlântico, em A1, A3 e A4.

Primeiramente, a Análise de Variância Molecular (AMOVA) entre populações de desova indicou clara estruturação em duas unidades demográficas distintas: Atlântico (composta por Brasil, Flórida – EUA, Costa Rica – lado Atlântico, Trindade, Suriname/Guiana Francesa, Ilha de Santa Cruz e África do Sul) e Indo-Pacífico (composta por Malásia, Ilhas Salomão, México e Costa Rica – lado Pacífico), com baixa diferenciação entre as populações dentro de cada unidade ou agrupamento macrogeográfico (Vargas *et al.*, 2008). Por sua vez, a Análise de Estoque Misto, baseada em haplótipos de 496 pb desses estoques populacionais, revelou uma contribuição mais expressiva dos sítios de desova do Atlântico (96,1%, principalmente do Brasil) que do Indo-Pacífico (3,9%) para a composição dos agregados pelágicos de tartarugas-de-couro no país. Vargas *et al.* (2008) sinalizaram, portanto, a origem diversa e complexa desses organismos, mas suportada pelo padrão de dispersão a longa distância característico da espécie. Contudo, cabe salientar as limitações advindas da análise de fragmentos menores do DNA mitocondrial (496 pb) e a exclusão da MSA de haplótipos considerados órfãos, ou seja, sem origem conhecida (como o haplótipo A2, identificado entre as tartarugas-de-couro da ERG, mas até então nunca registrado para um sítio de desova).

Mais recentemente, Dutton *et al.* (2013) analisaram amostras de nove sítios de desova com base em fragmentos mais longos de DNA mitocondrial (832 pb, padronizando a nomenclatura com base em haplótipos de 763 pb) e microssatélites (DNA nuclear). A avaliação de trechos mais longos do DNA mitocondrial permitiu distinguir as populações de desova da África do Sul e do Caribe, até então reunidas como Atlântico. Além disso, os

autores caracterizaram outras duas populações de desova da espécie na costa ocidental africana: Gabão e Gana. Com isso, identificaram haplótipos estritamente africanos (como Dc4.1 e Dc13.1 – equivalente ao A2 encontrado por Vargas *et al.*, 2008) e uma variante do haplótipo Dc3, exclusiva do Caribe (Dc3.2). Para a população de desova do Brasil (23 amostras), foram identificados apenas dois haplótipos: Dc1.1 (N = 9) e Dc3.1 (N = 14), em concordância com Vargas *et al.* (2008). Com a identificação da origem do haplótipo A2 (ou Dc13.1 em Dutton *et al.*, 2013) nas colônias de desova do Gabão e Gana, ficou evidente a contribuição do estoque populacional do Oeste Africano à composição dos agregados pelágicos de alimentação das tartarugas-de-couro no Atlântico Sul, o que vem sendo corroborado por dados de telemetria e de marcação e recaptura (Billes *et al.*, 2006; Witt *et al.*, 2011).

Adicionalmente, análises genéticas igualmente baseadas em fragmentos de 763 pb do DNA mitocondrial de 33 amostras de tartarugas-de-couro de agregados de alimentação de Buenos Aires, Argentina (BA) indicaram composição similar à encontrada para a ERG: Dc1.1 (A1, N = 26), Dc1.3 (A3, N = 4), Dc13.1 (A2, N = 2) e Dc1.4 (A4, N = 1). A análise de Escalonamento Multidimensional (*Multidimensional Scaling* – MDS) entre os agregados de alimentação BA e ERG e sete populações de desova do Atlântico indicou a conexão destes com as populações de desova da África Ocidental (Prosdocimi *et al.*, 2014b), corroborando as análises anteriores. É consenso que a padronização em relação ao uso de segmentos mais longos do DNA mitocondrial, em estudos futuros, auxiliará na discriminação de haplótipos e, conseqüentemente, no refinamento das análises populacionais e de estoque misto.

AVALIAÇÃO INTEGRADA DOS DADOS DE TELEMETRIA

A duração do sinal de telemetria foi bastante variável entre as quatro espécies estudadas no âmbito do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil, tendo sido registrada a menor média em *L. olivacea* (com 113,9 dias de

transmissão; Silva *et al.*, 2011) e a maior em *C. caretta* (com 870,3 dias de transmissão; Marcovaldi *et al.*, 2010). O mesmo acontece para as distâncias totais percorridas, sendo as menores médias observadas em *L. olivacea* (com 1.452,1 km; Silva *et al.*, 2011) e as maiores em *D. coriacea* (com 10.182,7 km; Almeida *et al.*, 2011). Tais variações podem ser explicadas por aspectos comportamentais de cada espécie, que podem, por exemplo, facilitar ou postergar a perda do sinal e/ou justificar as maiores e menores distâncias percorridas. Embora não seja possível determinar com exatidão as causas de cada interrupção da transmissão, as referências disponíveis apontam para falhas nos equipamentos ou em sua implantação nas tartarugas, falhas nas baterias, mortalidade dos animais e avarias causadas por choque com embarcações, ou por atrito com formações rochosas e coralíneas (*e.g.* Hays *et al.*, 2007; Godley *et al.*, 2008).

Quando as informações pontuais dos registros de telemetria são analisadas por bacia (Tabela 2), percebe-se que, de fato, as fêmeas de cada espécie permanecem nas proximidades de seus sítios de desova apenas durante o período entre sucessivas posturas em uma mesma temporada reprodutiva (intervalo internidal). Isso justifica as elevadas porcentagens dos registros pontuais de telemetria nas bacias onde as tartarugas foram originalmente marcadas: 25,75% dos registros de *C. caretta* na Bacia de Jacuípe – Bahia, 27% dos registros de *E. imbricata* na Bacia de Jacuípe – Bahia, 36,84% dos registros de *L. olivacea* na Bacia de Sergipe-Alagoas e 40,41% dos registros de *D. coriacea* na Bacia do Espírito Santo (Tabela 2). Após o término das posturas, essas fêmeas, em geral, migram de seus sítios de desova para zonas de alimentação. Isso justifica as porcentagens também elevadas de registros nas bacias onde se encontram suas áreas de alimentação: 22,81 e 22,86% dos registros de *C. caretta* nas Bacias do Ceará e Potiguar, respectivamente; 14,8, 13,38 e 12,76% dos registros de *E. imbricata* nas Bacias de Sergipe-Alagoas, Cumuruxatiba (Bahia) e Potiguar, respectivamente; 24,41% dos registros de *L. olivacea* na Bacia Potiguar; e 23,95% dos registros de *D. coriacea*

TABELA 2. Informações pontuais dos registros de telemetria por bacia sedimentar advindos do estudo com 39 tartarugas marinhas, sendo: 10 fêmeas de *Caretta caretta* marcadas no norte da Bahia, 15 fêmeas de *Eretmochelys imbricata* marcadas no norte da Bahia, 10 fêmeas de *Lepidochelys olivacea* marcadas em Sergipe e quatro fêmeas de *Dermochelys coriacea*, das quais três foram marcadas no Espírito Santo e uma foi proveniente de captura incidental no litoral de São Paulo. Com exceção da última, todas as demais fêmeas foram oriundas de sítios de desova. Fonte: Banco de Dados Petrobras/Cenpes, Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil (2004-2007). Onde: N INDIV = frequência absoluta de indivíduos registrados por bacia sedimentar, N PONTOS = frequência absoluta de registros pontuais de telemetria por bacia sedimentar, % N PONTOS = frequência relativa de registros pontuais de telemetria por bacia sedimentar.

Bacias	Espécies											
	<i>Carreta carreta</i>			<i>Eretmochelys imbricata</i>			<i>Lepidochelys olivacea</i>			<i>Dermochelys coriacea</i>		
	N INDIV	N PONTOS	% N PONTOS	N INDIV	N PONTOS	% N PONTOS	N INDIV	N PONTOS	% N PONTOS	N INDIV	N PONTOS	% N PONTOS
Foz do Amazonas	0	0	0	1	6	0,37	0	0	0	0	0	0
Pará-Maranhão	2	100	5,06	2	140	8,63	2	66	6,03	0	0	0
Barreirinhas	2	23	1,16	2	8	0,49	2	12	1,10	0	0	0
Ceará	7	451	22,81	3	98	6,04	2	23	2,10	0	0	0
Potiguar	10	452	22,86	4	207	12,76	5	267	24,41	0	0	0
Pernambuco-Paraíba	10	140	7,08	5	28	1,73	6	110	10,05	0	0	0
Sergipe-Alagoas	10	289	14,62	7	240	14,80	10	403	36,84	1	6	0,48
Jacuípe	10	509	25,75	15	438	27,00	5	92	8,41	0	0	0
Camamu-Almada	2	13	0,66	6	92	5,67	3	36	3,29	0	0	0
Jequitinhonha	0	0	0	4	114	7,03	1	9	0,82	0	0	0
Cumuruxatiba	0	0	0	4	217	13,38	1	14	1,28	1	2	0,16
Mucuri	0	0	0	1	15	0,92	1	9	0,82	3	34	2,70
Espírito Santo	0	0	0	1	19	1,17	1	53	4,84	4	508	40,41
Campos	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	158	12,57
Santos	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	248	19,73
Pelotas	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	301	23,95
TOTAL	10	1.977	100	15	1.622	100	10	1.094	100	4	1.257	100

na Baía de Pelotas, bem próximo de seus sítios de alimentação em águas uruguaias e argentinas (Tabela 2). A porcentagem elevada de registros de *D. coriacea* na Baía de Santos deve-se ao fato de que uma das fêmeas estudadas, originária da captura incidental no litoral de São Paulo, foi marcada e devolvida ao mar nessa região (Tabela 2). Esses dados comprovam a intensa utilização do litoral brasileiro, principalmente da zona costeira, pelas diferentes espécies de tartarugas marinhas.

AVALIAÇÃO GENÉTICA DOS CASOS DE HIBRIDAÇÃO

Desde a primeira descrição de uma tartaruga marinha híbrida, por Garman, em 1888, diversos casos de hibridação vêm sendo reportados na literatura. Contudo, tais relatos baseavam-se exclusivamente na identificação de indivíduos com morfologia intermediária entre espécies (Carr e Dodd, 1983; Kamezaki, 1983; Wood *et al.*, 1983; Frazier, 1988). Somente a partir da década de 1990, marcadores moleculares começaram a ser utilizados na investigação desse fenômeno, trazendo maiores esclarecimentos sobre os processos de hibridação e introgressão (Conceição *et al.*, 1990; Karl *et al.*, 1995; Seminoff *et al.*, 2003; James *et al.*, 2004). Apesar de serem considerados processos naturais na evolução animal, ainda não são completamente compreendidos, inclusive se teriam efeito deletério a alguns táxons. Já foram identificados híbridos entre *C. mydas* x *E. imbricata*, *C. caretta* x *E. imbricata*, *C. caretta* x *L. olivacea*, *C. caretta* x *L. kempii*, *C. mydas* x *C. caretta* e *E. imbricata* x *L. olivacea*. Cabe destacar que as tribos Caretteni (*L. olivacea*, *L. kempii*, *C. caretta* e *E. imbricata*) e Chelonini (*C. mydas*) divergiram há cerca de 63 milhões de anos (Naro-Maciel *et al.*, 2008) e, ainda assim, cruzamentos interespecíficos são capazes de produzir indivíduos férteis. Isso viabiliza o processo de introgressão, no qual fêmeas híbridas (F1) cruzariam com machos da espécie parental, gerando prole (F2) com características diagnósticas desta, mas com DNA mitocondrial da outra (Lara-Ruiz *et al.*, 2008; Reis *et al.*, 2010b). A ocorrência de hibridação é favorecida

pela sobreposição de áreas e períodos de reprodução entre algumas espécies, assim como a maior abundância de uma das espécies (Karl *et al.*, 1995), e pelo fato de os machos serem generalistas em relação à escolha de parceiras sexuais (Bowen, 2007). Além disso, a intervenção humana (através da alteração de habitats ou de atividades predatórias que resultem em gargalos populacionais, formas de manejo que alterem as razões sexuais etc.) e fenômenos climáticos (como o aquecimento global) também têm sido apontados como fatores capazes de favorecer a ocorrência de cruzamentos interespecíficos (Karl *et al.*, 1995; Reis *et al.*, 2010b).

Lara-Ruiz *et al.* (2008) e Reis *et al.* (2010b), através da análise do DNA mitocondrial, relataram frequências muito elevadas de hibridação em sítios de desova no litoral brasileiro: 43,7% das fêmeas morfológicamente identificadas como *E. imbricata*, que desovaram no norte da Bahia entre 1999/2000 e 2004/2005, eram híbridas com *C. caretta* ou *L. olivacea*, e 27,5% das *C. caretta*, que desovaram em Sergipe entre 2004/2005 e 2005/2006, eram híbridas com *L. olivacea*. Apesar de o fluxo gênico entre as espécies da família Cheloniidae ser um fenômeno recorrente, as elevadas frequências observadas no Brasil parecem ser indício de um processo incomum e que deve ser melhor investigado. Isso foi realizado por Vilaça *et al.* (2012), a partir da avaliação de 12 marcadores nucleares. Os resultados deste estudo indicaram que os fenômenos de hibridação no litoral brasileiro são eventos recentes (de pelo menos duas gerações ou aproximadamente 40 anos) e que poderiam estar relacionados com o declínio populacional, decorrente da caça desses organismos e do aquecimento local de algumas praias pelo desmatamento costeiro, que atingiu seu clímax na década de 1970. A maior parte dos híbridos entre *L. olivacea* x *E. imbricata* e *L. olivacea* x *C. caretta* foi diagnosticada como de primeira geração ou F1, sendo o retrocruzamento observado apenas nos híbridos entre *C. caretta* x *E. imbricata* (F1 ou > F1). Com a utilização de marcadores nucleares, um híbrido previamente identificado como *C. caretta* x *E. imbricata* por Lara-Ruiz *et al.* (2006) foi redefinido como *C. caretta* x *E. imbricata* x *C.*

mydas, indicando que o processo de hibridação pode envolver múltiplas espécies.

Curiosamente, alguns estudos vêm demonstrando que indivíduos híbridos podem apresentar distribuição e comportamentos (migratório, alimentar etc.) distintos do esperado para a espécie "original" (segundo morfologia). Marcovaldi *et al.* (2012), por exemplo, através de telemetria, demonstraram que indivíduos híbridos entre *E. imbricata* x *C. caretta* se deslocaram por distâncias maiores que as tartarugas-de-pente, em alguns casos sobrepondo-se a áreas de alimentação típicas das tartarugas-cabeçudas, e que poucos permaneceram associados a recifes de corais (comportamento típico de *E. imbricata*). Proietti *et al.* (2013), através de análises genéticas e de simulações de dispersão oceânica, também mostraram que híbridos entre *E. imbricata* x *C. caretta* (com caracteres morfológicos da primeira, mas DNA mitocondrial da segunda) apresentam traços comportamentais típicos das tartarugas-cabeçudas, como padrão migratório e utilização de áreas de alimentação no sul do país. Isto ainda foi corroborado por Prosdocimi *et al.* (2014a) que, ao analisar juvenis de *E. imbricata* encontrados em estuários argentinos (reconhecida área de alimentação de tartarugas-cabeçudas), identificaram híbridos dessa espécie com *C. caretta*. Esses resultados sinalizam a possível influência de caracteres genéticos na determinação da distribuição, comportamento e ecologia das tartarugas.

As causas da ocorrência de fluxo gênico entre as diferentes espécies de tartarugas marinhas devem ser melhor investigadas, uma vez que tal fenômeno é capaz de comprometer a viabilidade das espécies parentais a longo prazo e a aptidão dessas populações, afetando diretamente sua conservação (Vilaça *et al.*, 2012).

CONCLUSÕES

Os dados oriundos do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil, assim como de estudos desenvolvidos por outros grupos de pesquisa no Brasil nas mesmas vertentes, revelaram que as tartarugas marinhas que desovam

no Brasil apresentam, de forma geral, um perfil genético diferenciado do das demais populações do mundo, apesar de uma baixa variabilidade do DNA mitocondrial. Paralelamente, a telemetria e a genética indicaram a utilização de diversos agregados de alimentação ao longo do litoral brasileiro não somente por fêmeas nidificantes no país como também por indivíduos provenientes de diversas origens natais, o que explica a maior diversidade genética dessas áreas, consideradas estoques mistos. Isso reforça a importância e a necessidade de preservação dessas áreas de alimentação ao longo do litoral brasileiro, uma vez que indivíduos de diferentes populações dependem delas para seu desenvolvimento. Ambas as metodologias permitiram o entendimento e a comprovação de aspectos importantes da biologia e do ciclo de vida desses organismos, como o comportamento filopátrico e os padrões de dispersão entre sítios de desova e forrageamento, tanto em escala regional quanto mais ampla.

Assim, a telemetria mostrou-se uma ferramenta útil para avaliar áreas de uso das tartarugas marinhas ao longo do litoral brasileiro e fora deste, deduzindo a existência de áreas de alimentação a partir da concentração e duração dos registros (tempo de permanência numa área), além de auxiliar na compreensão da dinâmica de seus deslocamentos entre sítios de desova e zonas de alimentação. O mapeamento das áreas de uso pelas tartarugas marinhas também permitiu a visualização da sobreposição dessas com diversas atividades antrópicas, que potencialmente ameaçam a viabilidade de suas populações. A genética, por sua vez, foi capaz de revelar a diversidade e estruturação de populações de desova, de determinar a composição e a origem natal de tartarugas encalhadas, capturadas incidentalmente em artes de pesca e/ou provenientes de sítios de alimentação, e indicar a ocorrência de casos de hibridação. Além disso, através do uso dessa ferramenta, foi possível inferir hipóteses filogeográficas e contribuir para a resolução de Unidades de Manejo.

Desde a realização do Programa de Pesquisa sobre as Tartarugas Marinhas do Brasil (2004-2007),

novas tecnologias e técnicas têm sido desenvolvidas no âmbito do rastreamento por satélite (Hays, 2008; Hazel, 2009; Witt *et al.*, 2010) e da genética (Bowen e Karl, 2007; Wallace *et al.*, 2010; Jensen *et al.*, 2013), de modo que a capacidade de resolução de algumas análises foi consideravelmente ampliada. Nesse sentido, tais ferramentas podem ser ainda mais exploradas para uma compreensão mais ampla sobre as questões que envolvem esses organismos. Além disso, há ainda muitas lacunas de conhecimento, representadas por áreas de desova e alimentação pouco ou não amostradas em estudos genéticos e estágios e fases do ciclo de vida das tartarugas marinhas escassamente conhecidos e que podem ser alvos de estudos de telemetria.

No entanto, a complexidade biológica das tartarugas marinhas e os inúmeros fatores capazes de ameaçar a viabilidade de suas populações sinalizam a necessidade de integração das informações já existentes (mapeamento de sítios de desova e de alimentação, dados de estrutura populacional advindos de análises genéticas, rotas migratórias provenientes da telemetria, informações advindas da marcação e recaptura de indivíduos etc.) e a execução de novos estudos baseados em múltiplas abordagens, de modo a preencher as lacunas de conhecimento sobre as espécies, avaliar os efeitos sinérgicos das ações humanas e fornecer subsídios para a definição de estratégias efetivas de manejo e conservação desses organismos em âmbito nacional.

Referências

- Almeida, A.P., Eckert, S.A., Bruno, S.C., Scalfoni, J.T., Giffoni, B., López-Mendilaharsu, M., Thomé, J.C.A. 2011. Satellite-tracked movements of female *Dermochelys coriacea* from southeastern Brazil. *Endangered Species Research*. 15: 77-86.
- Baptistotte, C., Scalfone, J.T., Mrosovsky, N. 1999. Male producing thermal ecology of a southern loggerhead turtle nesting beach in Brazil: implications for conservation. *Zoological Society of London*. 2(1): 9-13.
- Barata, P.C.R., Fabiano, F.F.C. 2002. Evidence for leatherback sea turtle (*Dermochelys coriacea*) nesting in Arraial do Cabo, State of Rio de Janeiro, and a review of occasional leatherback nests in Brazil. *Marine Turtle Newsletter*. 96: 13-16.
- Barata, P.C.R., Lima, E.H.S.M., Borges-Martins, M., Scalfoni, J.T., Bellini, C., Siciliano, S. 2004. Records of the leatherback sea turtle (*Dermochelys coriacea*) on the Brazilian coast, 1969-2001. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*. 84(6): 1233-1240.
- Barceló, C., Domingo, A., Miller, P., Ortega, L., Giffoni, B., Sales, G., McNaughton, L., Marcovaldi, M., Heppell, S.S., Swimmer, Y. 2013. High-use areas, seasonal movements and dive patterns of juvenile loggerhead sea turtles in the Southwestern Atlantic Ocean. *Marine Ecology Progress Series*. 479: 235-250.
- Barros, J.A. 2010. Alimentação da tartaruga-cabeçuda (*Caretta caretta*) em habitat oceânico e nerítico no sul do Brasil: composição, aspectos nutricionais e resíduos sólidos antropogênicos [Mestrado]. Rio Grande: Universidade Federal do Rio Grande (FURG).
- Baudouin, M., Thoisy, B., Chambault, P., Berzins, R., Enraygues, M., Kelle, L., Turny, A., Le Maho, Y., Chevallier, D. 2015. Identification of key marine areas for conservation based on satellite tracking of post-nesting migrating green turtles (*Chelonia mydas*). *Biological Conservation*. 184: 36-41.
- Bentivegna, F. 2002. Intra-Mediterranean migrations of loggerhead sea turtles (*Caretta caretta*) monitored by satellite telemetry. *Marine Biology*. 141(4): 795-800.
- Billes, A., Fretey, J., Verhage, B., Huijbregts, B., Giffoni, B., Prodocimi, L., Albarada, D.A., Georges, J.Y., Tiwari, M. 2006. First evidence of leatherback movement from Africa to South America. *Marine Turtle Newsletter*. 111: 13-14.
- Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Moreira, L., Bellini, C., Marcovaldi, M.A. 2006. Population structure and diversity of Brazilian green turtle rookeries based on mitochondrial DNA sequences. *Chelonian Conservation and Biology*. 5(2): 262-268.
- Bolten, A.B. 2003. Variation in Sea Turtle Life History Patterns: Neritic vs. Oceanic Developmental Stages. In: Lutz, P.L., Musick, J.A., Wyneken, J., editors. *The Biology of Sea Turtles*. Florida: CRC Press. v. 2. p. 243-257.
- Bolker, B.M., Okuyama, T., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B. 2007. Incorporating multiple mixed stocks in mixed stock analysis: 'many-to-many' analyses. *Molecular Ecology*. 16(4): 685-695.
- Bowen, B.W. 2007. Sexual harassment by a male green turtle (*Chelonia mydas*). *Marine Turtle Newsletter*. 117: 10.
- Bowen, B.W., Karl, S.A. 2007. Population genetics and phylogeography of sea turtles. *Molecular Ecology*. 16(23): 4886-4907.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Chow, S.M., Bostrom, M., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Okuyama, T., Bolker, B.M., Epperly, S., Lacasella, E., Shaver, D., Dodd, M., Hopkins-Murphy, S.R., Musick, J. A., Swingle, M., Rankin-Baransky, K., Teas, W., Witzell, W.N., Dutton, P.H. 2004. Natal homing in juvenile loggerhead turtles (*Caretta caretta*). *Molecular Ecology*. 13(12): 3797-3808.

- Bowen, B.W., Clark, A.M., Abreu-Grobois, F.A., Chaves, A., Reichard, H.A., Ferl, R.J. 1998. Global phylogeography of the ridley sea turtle (*Lepidochelys* spp.) as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Genetica*. 101(3): 179-189.
- Boyle, M.C., FitzSimmons, N.N., Limpus, C.J., Kelez, S., Velez-Zuazo, X., Waycott, M. 2009. Evidence for transoceanic migrations by loggerhead sea turtles in the southern Pacific Ocean. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 276(1664): 1993-1999.
- Capítoli, R.R., Bemvenuti, C. 2004. Distribuição batimétrica e variações de diversidade dos macroinvertebrados bentônicos da plataforma continental e talude superior no extremo sul do Brasil. *Atlântica*. 26: 27-43.
- Caraccio, M.N., Domingo, A., Márquez, A., Naro-Maciél, E., Miller, P., Pereira, A. 2008. Las aguas del Atlántico Sudoccidental y su importancia en el ciclo de vida de la tortuga cabezona (*Caretta caretta*): evidencias através del análisis del ADNmt. *Collective Volume of Scientific Papers. ICCAT*. 62(6): 1831-1837.
- Carr, A.F., Dodd, C.K. 1983. Sea turtles and the problem of hybridization. In: Schonewald-Cox, C.M., Chambers, S.M., MacBryde, B., Thomas, L., editors. *Genetics and Conservation – a reference for managing wild animal and plant populations*. California: Benjamin-Cummings Publishing Company. p. 277-287.
- Carreras, C., Pont, S., Maffucci, F., Pascual, M., Barceló, A., Bentivegna, F., Cardona, L., Alegre, F., SantFélix, M., Fernández, G., Aguilar, A. 2006. Genetic structuring of immature loggerhead sea turtles (*Caretta caretta*) in the Mediterranean Sea reflects water circulation patterns. *Marine Biology*. 149(5): 1269-1279.
- Castilhos, J.C., Silva, A.C.C.D., Marcovaldi, M.A., Lopez, G.G., Goldberg, D.W. 2014. Preliminary data on olive ridley (*Lepidochelys olivacea*) strandings in Northeastern Brazil. *Proceedings of the 34th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation*. New Orleans.
- Chambault, P., Pinaud, D., Vantrepotte, V., Kelle, L., Entraygues, M., Guinet, C., Berzins, R., Bilo, K., Gaspar, P., Thoisy, B., Le Maho, Y., Chevallier, D. 2015. Dispersal and diving adjustments of green turtles in response to dynamic environmental conditions during post-nesting migration. *Plos One*. 10(9): e0137340.
- Conceição, M.B., Levy, J.A., Marins, L.F., Marcovaldi, M.A. 1990. Electrophoretic characterization of a hybrid between *Eretmochelys imbricata* and *Caretta caretta* (Cheloniidae). *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: comparative biochemistry*. 97(2): 275-278.
- Cuevas, E., Abreu-Grobois, F.A., Guzmán-Hernández, V., Liceaga-Correa, M.A., Van Dam, R.P. 2008. Post-nesting migratory movements of hawksbill turtles *Eretmochelys imbricata* in waters adjacent to the Yucatan Peninsula, Mexico. *Endangered Species Research*. 10: 123-133.
- Dutton, P.H., Roden, S.E., Stewart, K.R., LaCasella, E., Tiwari, M., Formia, A., Thomé, J.C., Livingstone, S.R., Eckert, S., Chacon-Chaverri, D., Rivalan, P., Allman, P. 2013. Population stock structure of leatherback turtles (*Dermochelys coriacea*) in the Atlantic revealed using mtDNA and microsatellite markers. *Conservation Genetics*. 14(3): 625-636.
- Fallabrino, A., González-Carman, V., Becker, J.H., Bondioli, A.C.V., Estima, S.C. 2010. Corredor Azul: marine protected areas and sea turtles in the SW Atlantic. In: Blumenthal, J., Panagopoulou, A., Rees, A.F., editors. *Proceedings of the 30th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation*. Miami: NOAA. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC, 396.
- Fossette, S., Witt, M., Miller, P., Nalovic, M., Albareda, D., Almeida, A., Broderick, A., Chacón-Chaverri, D., Coyne, M., Domingo, A., Eckert, S., Evans, D., Fallabrino, A., Ferraroli, S., Formia, A., Giffoni, B., Hays, G. C., Hughes, G., Kelle, L., Leslie, A., López-Mendilaharsu, M., Luschi, P., Prosdocimi, L., Rodriguez-Heredia, S., Turny, A., Verhage, S., Godley, B. J. 2014. Pan-Atlantic analysis of the overlap of a highly migratory species, the leatherback turtle, with pelagic longline fisheries. *Proceedings of the Royal Society of London B*. 281(1780): 20133065.
- Frazier, J. 1988. Sea turtles in the Land of the Dragon. *Sanctuary*. 8: 15-23.
- Gandu, M.D., Goldberg, D.W., Lopez, G.G., Tognin, F. 2014. Evidence of leatherback nesting activity in Northern Bahia, Brazil. *Marine Turtle Newsletter*. 141: 10-12.
- Garman, S. 1888. Reptiles and batrachians from the Caymans and the Bahamas. *Bulletin of the Essex Institute*. 20: 1-13.
- Godley, B.J., Blumenthal, J.M., Broderick, A.C., Coyne, M.S., Godfrey, M.H., Hawkes, L.A., Witt, M.J. 2008. Satellite tracking of sea turtles: Where have we been and where do we go next? *Endangered Species Research*. 4(1/2): 3-22.
- Godley, B.J., Lima, E.H.S.M., Akesson, S., Broderick, A.C., Glen, F., Godfrey, M.H., Luschi, P., Hays, G.C. 2003. Movement patterns of green turtles in Brazilian coastal waters described by satellite tracking and flipper tagging. *Marine Ecology Progress Series*. 253: 279-288.
- Goldberg, D.W., Wanderlinde, J., Britto, M.K., Monteiro, D.S., Cegoni, C.T., Fiedler, F.N., Swimmer, Y., Stahelin, G.D. 2011. Telemetria por satélite de um macho adulto de tartaruga-cabeçuda *Caretta caretta* no litoral Sul do Brasil. In: Livro de Resumos da V Jornada de Pesquisa e Conservação de Tartarugas Marinhas no Atlântico Sul Ocidental. Florianópolis. p. 79-82.
- Hahn, A.T. 2011. Filogeografia Global da Tartaruga-Oliva (*Lepidochelys olivacea*) [Doutorado]. Porto Alegre: Pontifícia Universidade Católica.
- Hamann, M., Godfrey, M.H., Seminoff, J.A., Arthur, K.E., Barata, P.C.R., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Broderick, A.C., Campbell, L.M., Carreras, C., Casale, P., Chaloupka, M., Chan, S.K.F., Coyne, M.S., Crowder, L.B., Diez, C.E., Dutton, P.H., Epperly, S.P., FitzSimmons, N.N.K., Formia, A., Girondot, M., Hays, G.C., Cheng, I.J., Kaska, Y., Lewison, R., Mortimer, J.A., Nichols, W.J., Reina, R.D., Shanker, K., Spotila, J.R., Tomas, J., Wallace, B.P., Work, T.M., Zbinden, J., Godley, B.J. 2010. Global research priorities for sea turtles: informing management and conservation in the 21st century. *Endangered Species Research*. 11: 245-269.

- Hart, K.M., Hyrenbach, D. 2009. Satellite telemetry of marine megavertebrates: the coming of age of an experimental science. *Endangered Species Research*. 10: 9-20.
- Hatake, H., Takai, N., Matsuzawa, Y., Sakamoto, W., Omuta, K., Goto, K., Arai, N., Fujiwara, T. 2002. Size-related differences in feeding habitat use of adult female loggerhead turtles *Caretta caretta* around Japan determined by stable isotope analyses and satellite telemetry. *Marine Ecology Progress Series*. 233: 273-281.
- Hawkes, L.A., Broderick, A.C., Coyne, M.S., Godfrey, M.H., Godley, B.J. 2007. Only some like it hot – quantifying the environmental niche of the loggerhead sea turtles. *Diversity and Distributions*. 13: 447-457.
- Hawkes, L.A., Broderick, A.C., Coyne, M.S., Godfrey, M.H., Lopez-Jurado, L.F., Lopez-Suarez, P., Merino, S.E., Varo-Cruz, N., Godley, B.J. 2006. Phenotypically linked dichotomy in sea turtle foraging requires multiple conservation approaches. *Current Biology*. 16(10): 990-995.
- Hays, G.C. 2008. Sea turtles: A review of some key recent discoveries and remaining questions. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 356(1/2): 1-7.
- Hays, G.C., Bradshaw, C.J.A., James, M.C., Lovell, P., Sims, D.W. 2007. Why do Argos satellite tags deployed on marine animals stop transmitting? *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 349(1): 52-60.
- Hays, G.C., Broderick, A.C., Godley, B.J., Lovell, P., Martin, C., McConnell, B.J., Richardson, S. 2002. Bi-phasal long-distance migration in green turtles. *Animal Behaviour*. 64(6): 895-898.
- Hazel, J. 2009. Evaluation of fast-acquisition GPS in stationary tests and fine-scale tracking of green turtles. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 374(1): 58-68.
- IUCN. 2014. International Union for Conservation of Nature. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2014.1. Disponível em: <http://www.iucnredlist.org>
- James, M., Martin, K., Dutton, P. 2004. Hybridization between a green turtle, *Chelonia mydas*, and a loggerhead turtle, *Caretta caretta*, and the first record of a green turtle in Atlantic Canada. *Canadian Field Naturalist*. 118(4): 579-582.
- James, M.C., Ottensmeyer, C.A., Myers, R.A. 2005. Identification of high-use habitat and threats to leatherback sea turtles in northern waters: new directions for conservation. *Ecology Letters*. 8(2): 195-201.
- Jensen, P.M., FitzSimmons, N., Dutton, P.H. 2013. Molecular genetics of sea turtles. In: Wyneken, J., Lohmann, K.J., Musick, J.A., editors. *The Biology of Sea Turtles*. Florida: CRC Press. v. 3. p. 135-161.
- Jordão, J.C., Bondioli, A.C.V., Guebert, F.M., Thoisy, B., Almeida-Toledo, L.F. 2015a. Green turtle (*Chelonia mydas*) genetic diversity at Paranaguá Estuarine Complex feeding grounds in Brazil. *Genetics and Molecular Biology*. 38(3): 346-352.
- Jordão, J.C., Bondioli, A.C.V., Almeida-Toledo, L.F., Bilo, K., Berzins, R., Le Maho, Y., Chevallier, D., Thoisy, B. 2015b. Mixed-stock analysis in green turtles *Chelonia mydas*: mtDNA decipher current connections among West Atlantic populations. *Mitochondrial DNA*. 18: 1-11.
- Kamezaki, N. 1983. The possibility of hybridization between the loggerhead turtle, *Caretta caretta*, and the hawksbill turtle, *Eretmochelys imbricata*, in specimens hatched from eggs collected in Chita Peninsula. *Japanese Journal of Herpetology*. 10(2): 52-53.
- Karl, S.A., Bowen, B.W., Avise, J.C. 1995. Hybridization among the ancient mariners: characterization of marine turtle hybrids with molecular genetic assays. *Journal of Heredity*. 86(4): 262-268.
- Kobayashi, D.R., Polovina, J.J., Parker, D.M., Kamezaki, N., Cheng, I.-J., Uchida, I., Dutton, P.H., Balazs, G.H. 2008. Pelagic habitat characterization of loggerhead sea turtles, *Caretta caretta*, in the North Pacific Ocean (1997-2006): insights from satellite tag tracking and remotely sensed data. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 356(1/2): 96-114.
- Lara-Ruiz, P., Lopez, G.G., Santos, F.R., Soares, L.S. 2006. Extensive hybridization in hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) nesting in Brazil revealed by mtDNA analyses. *Conservation Genetics*. 7(5): 773-781.
- Lemke, D., Frazier, J.G., Thomé, J.C.A., Almeida, A.P., Scalfoni, J. 2003. Satellite telemetry of loggerheads in Brazil. In: Pilcher, N.J., editor. *Proceedings of the 23rd Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation*, Kuala Lumpur. Miami: NOAA. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC, 536. p. 230-233.
- Lima, E.P.E., Wanderlinde, J., Almeida, D.T., Lopez, G.G., Goldberg, D.W. 2012. Nesting ecology and conservation of the loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) in Rio de Janeiro, Brazil. *Chelonian Conservation and Biology*. 11(2): 249-254.
- Loebmann, D., Legat, J.F.A., Legat, A.P., Camargo, R.C.R., Erthal, S., Severo, M.M., Goes, J.M. 2008. *Dermochelys coriacea* (Leatherback sea turtle) nesting. *Herpetological Review*. 39(1): 81.
- López-Mendilaharsu, M., Rocha, C.F.D., Miller, P., Domingo, A., Prosdoci, L. 2009. Insights on leatherback turtle movements and high use areas in the Southwest Atlantic Ocean. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 378(1-2): 31-39.
- Luschi, P., Hays, G.C., Papi, F. 2003. A review of long-distance movements by marine turtles, and the possible role of ocean currents. *Oikos*. 103(2): 293-302.
- Mansfield, K.L., Putman, N.F. 2013. Oceanic habits and habitats. In: Wyneken, J., Lohmann, K.J., Musick, J.A., editors. *The Biology of Sea Turtles*. Florida: CRC Press. v. 3. p. 189-211.
- Mansfield, K., Saba, V.S., Keinath, J.A., Musick, J.A. 2009. Satellite tracking reveals a dichotomy in migration strategies among juvenile loggerhead turtles in the Northwest Atlantic. *Marine Biology*. 156: 2555-2570.
- Marcovaldi, M.A., Chaloupka, M. 2007. Conservation status of the loggerhead sea turtle in Brazil: an encouraging outlook. *Endangered Species Research*. 3(2): 133-143.
- Marcovaldi, M.A., Marcovaldi, G.G. 1999. Marine Turtles of Brazil: the history and structure of Projeto TAMAR-IBAMA. *Biological Conservation*. 91(1): 35-41.

- Marcovaldi, M.A., Godfrey, M.H., Mrosovsky, N. 1997. Estimating sex ratios of loggerhead turtles in Brazil from pivotal incubation durations. *Canadian Journal of Zoology*. 75(5): 755-770.
- Marcovaldi, M.A., Lopez, G.G., Soares, L.S., Santos, A.J.B., Bellini, C., Barata, P.C.R. 2007. Fifteen years of hawksbill sea turtle (*Eretmochelys imbricata*) nesting in Northern Brazil. *Chelonian Conservation and Biology*. 6(2): 223-228.
- Marcovaldi, M.A., Lopez, G.G., Soares, L.S., Lima, E.H.S.M., Thomé, J.C.A., Almeida, A.P. 2010. Satellite-tracking of female loggerhead turtles highlights fidelity behavior in northeastern Brazil. *Endangered Species Research*. 12: 263-272.
- Marcovaldi, M.A., Lopez, G.G., Soares, L.S., López-Mendilaharsu, M. 2012. Satellite tracking of hawksbill turtles *Eretmochelys imbricata* nesting in northern Bahia, Brazil: turtle movements and foraging destinations. *Endangered Species Research*. 17(2): 123-132.
- Marcovaldi, M.A., Sales, G., Thomé, J.C., Silva, A.C.C.D., Gallo, B.M.G., Lima, E.H.S.M., Lima, E.P., Bellini, C. 2006. Sea turtles and fishery interactions in Brazil: identifying and mitigating potential conflicts. *Marine Turtle Newsletter*. 112: 4-8.
- Martins, M.R.C., Molina, F.B. 2008. Panorama Geral dos Répteis Ameaçados do Brasil. In: Machado, A.B.M., Drummond G.M., Paglia A.P., editores. Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção. Brasília, DF: MMA; Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas. p. 326-377.
- Maxwell, S.M., Breed, G.A., Nickel, B.A., Makanga-Bahouna, J., Pemo-Makaya, E., Parnell, R.J., Formia, A., Nguouesso, S., Godley, B.J., Costa, D.P., Witt, M.J., Coyne, M.S. 2011. Using satellite tracking to optimize protection of long-lived marine species: olive ridley sea turtle conservation in Central Africa. *Plos One*. 6(5): e19905.
- McMahon, C., Hays, G. 2006. Thermal niche, large-scale movements and implications of climate change for a critically endangered marine vertebrate. *Global Change Biology*. 12(7): 1330-1338.
- Monzón-Argüello, C., Rico, C., Carreras, C., Calabuig, P., Marco, A., López-Jurado, L.F. 2009. Variation in spatial distribution of juvenile loggerhead turtles in the eastern Atlantic and western Mediterranean Sea. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 373: 79-86.
- Naro-Maciel, E., Becker, J.H., Lima, H.S.M., Marcovaldi, M.A., DeSalle, R. 2007. Testing Dispersal Hypotheses in Foraging Green Sea Turtles (*Chelonia mydas*) of Brazil. *Journal of Heredity*. 98(1): 29-39.
- Naro-Maciel, E., Bondioli, A.C.V., Martin, M., Almeida, A.P., Baptistotte, C., Bellini, C., Marcovaldi, M.A., Santos, A.J.B., Amato, G. 2012. The Interplay of Homing and Dispersal in Green Turtles: a focus on the southwestern atlantic. *Journal of Heredity*. 103(6): 792-805.
- Naro-Maciel, E., Le, M., FitzSimmons, N.N., Amato, G. 2008. Evolutionary relationships of marine turtles: a molecular phylogeny based on nuclear and mitochondrial genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 49(2): 659-662.
- Okuyama, T., Bolker, B.M. 2005. Combining genetic and ecological data to estimate sea turtle origins. *Ecological Applications*. 15(1): 315-325.
- Proietti, M.C., Lara-Ruiz, P., Reisser, J.R., Pinto, L.S., Dellagostin, O.A., Marins, L.F. 2009. 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*. 32(3): 613-618.
- Proietti, M.C., Reisser, J.W., Kinas, P.G., Kerr, R., Monteiro, D.S., Marins, L.F., Secchi, E.R. 2012. Green turtle *Chelonia mydas* mixed stocks in the western South Atlantic, as revealed by mtDNA haplotypes and drifter trajectories. *Marine Ecology Progress Series*. 447: 195-209.
- Proietti, M.C., Reisser, J., Marins, L.F., Marcovaldi, M.A., Soares, L.S., Monteiro, D.S., Wijeratne, S., Pattiaratchi, C., Secchi, E.R. 2013. Hawksbill x loggerhead sea turtle hybrids at Bahia, Brazil: where do their offspring go? *PeerJ*. 2: e255.
- Proietti, M.C., Reisser, J., Marins, L.F., Rodriguez-Zarate, C., Marcovaldi, M.A., Monteiro, D.S., Pattiaratchi, C., Secchi, E.R. 2014. Genetic structure and natal origins of immature hawksbill turtles (*Eretmochelys imbricata*) in Brazilian waters. *Plos One*. 9(2): e88746.
- Prosdocimi, L., Bruno, I., Diaz, L., González-Carman, V., Albareda, D.A., Remis, M.I. 2014a. Southernmost reports of the hawksbill sea turtle, *Eretmochelys imbricata*, in temperate waters of Argentina and evidence of a hybrid origin supported by mitochondrial DNA analysis. *Herpetological Review*. 45(1): 1-5.
- Prosdocimi, L., Dutton, P.H., Albareda, D., Remis, M.I. 2014b. Origin and genetic diversity of leatherbacks (*Dermodochelys coriacea*) at Argentine foraging grounds. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 458: 13-19.
- Prosdocimi, L., Bugoni, L., Albareda, D., Remis, M.I. 2015. Are stocks of immature loggerhead sea turtles always mixed? *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 466: 85-91.
- Putman, N.F., Naro-Maciel, E. 2013. Finding the 'lost years' in green turtles: insights from ocean circulation models and genetic analysis. *Proceedings of the Royal Society B*. 280(1768): 1-6.
- Reis, E.C., Soares, L.S., Lôbo-Hajdu, G. 2009. Genetic characterization of loggerhead turtles from bycatch reports and uncommon nesting sites. *Marine Turtle Newsletter*. 126: 15-17.
- Reis, E.C., Soares, L.S., Vargas, S.M., Santos, F.R., Young, R.J., Bjørndal, K.A., Bolten, A.B., Lôbo-Hajdu, G. 2010a. Genetic composition, population structure and phylogeography of the loggerhead sea turtle: colonization hypothesis for the Brazilian rookeries. *Conservation Genetics*. 11(4): 1467-1477.
- Reis, E.C., Soares, L.S., Lôbo-Hajdu, G. 2010b. Evidence of olive ridley mitochondrial genome introgression into loggerhead turtle rookeries of Sergipe, Brazil. *Conservation Genetics*. 11(4): 1587-1591.
- Sales, G., Giffoni, B.G., Barata, P.C.R. 2008. Incidental catch of sea turtles by the Brazilian pelagic longline fishery. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*. 88(4): 853-864.
- Santos, A.J.B., Bellini, C., Vieira, D.H.G., Neto, L.D., Corso, G. 2013. Northeast Brazil shows highest hawksbill turtle

- nesting density in the South Atlantic. *Endangered Species Research*. 21: 25-32.
- Santos, A.J.B., Freire, E.M.X., Bellini, C., Corso, G. 2010. Body mass and the energy budget of gravid hawksbill turtles (*Eretmochelys imbricata*) during the nesting season. *Journal of Herpetology*. 44: 352-359.
- Santos, A.S., Almeida, A.P., Santos, A.J.B., Gallo, B., Giffoni, B., Baptistotte, C., Coelho, C.A., Lima, E.H.S.M., Sales, G., Lopez, G.G., Stahelin, G., Becker, H., Castilhos, J.C., Thomé, J.C.S.A., Wanderlinde, J., Marcovaldi, M.A., Lopez-Mendilaharsu, M.M., Damasceno, M.T., Barata, P.C.R., Sforza, R. 2011. Plano de Ação Nacional para a Conservação das Tartarugas Marinhas. In: Marcovaldi, M.A., Santos, A.S., Sales, G., editores. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, ICMBio. 120 p. (Série Espécies Ameaçadas, 25).
- Schofield, G., Hobson, V.J., Fossette, S., Lilley, M.K.S., Katselidis, K.A., Hays, G.C. 2010a. Fidelity to foraging sites, consistency of migration routes and habitat modulation of home range by sea turtles. *Diversity and Distributions*. 16(5): 840-853.
- Schofield, G., Hobson, V.J., Lilley, M.K.S., Katselidis, K.A., Bishop, C.M., Brown, P., Hays, G.C. 2010b. Inter-annual variability in the home range of breeding turtles: implications for current and future conservation management. *Biological Conservation*. 143(3): 722-730.
- Schofield, G., Bishop, C.M., MacLean, G., Brown, P., Baker, M., Katselidis, K.A., Dimopoulos, P., Pantis, J.D., Hays, G.C. 2007. Novel GPS tracking of sea turtles as a tool for conservation management. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 347(1/2): 58-68.
- Schofield, G., Scott, R., Dimadi, A., Fossette, S., Katselidis, K.A., Koutsoubas, D., Lilley, M.K.S., Pantis, J.D., Karagouni, A.D., Hays, G.C. 2013. Evidence-based marine protected area planning for a highly mobile endangered marine vertebrate. *Biological Conservation*. 161: 101-109.
- SEATURTLE. 2014. Seaturtle.org Satellite Tracking Program. Disponível em: <http://www.seaturtle.org/tracking/>
- Seminoff, J.A., Karl, S.A., Schwartz, T., Resendiz, A. 2003. Hybridization of the green turtle (*Chelonia mydas*) and hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) in the Pacific Ocean: indication of an absence of gender bias in the directionality of crosses. *Bulletin of Marine Science*. 73(3): 643-652.
- Shamblin, B.M., Bolten, A.B., Abreu-Grobois, F.A., Bjørndal, K.A., Cardona, L., Carreras, C., Clusa, M., Monzón-Argüello, C., Nairn, C.J., Nielsen, J.T., Nei, R., Soares, L.S., Stewart, K.R., Vilaça, S.T., Turkozian, O., Yilmaz, C., Dutton, P.H. 2014. 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* 9(1): e85956.
- Shamblin, B.M., Dutton, P.H., Bjørndal, K.A., Bolten, A.B., Naro-Maciel, E., Santos, A.J.B., Bellini, C., Baptistotte, C., Marcovaldi, M.A., Nairn, C.J. 2015. Deeper Mitochondrial Sequencing Reveals Cryptic Diversity and Structure in Brazilian Green Turtle Rookeries. *Chelonian Conservation and Biology* 14(2): 167-172.
- Shanker, K., Ramadev, J., Choudury, B.C., Singh, L., Aggarwal, R.K. 2004. Phylogeography of olive ridley turtles (*Lepidochelys olivacea*) on the east coast of India: implications for conservation theory. *Molecular Ecology*. 13(7): 1899-1909.
- Silva, A.C.C.D., Castilhos, J.C., Lopez, G.G., Barata, P.C.R. 2007. 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*. 87(4): 1047-1056.
- Silva, A.C.C.D., Castilhos, J.C., Santos, E.A.P., Brondizio, L.S., Bugoni, L. 2010. Efforts to reduce sea turtle bycatch in the shrimp fishery in Northeastern Brazil through a co-management process. *Ocean and Coastal Management*. 53: 570-576.
- Silva, A.C.C.D., Santos, E.A.P., Oliveira, F.L.C., Weber, M.I., Batista, J.A.F., Serafini, T.Z., Castilhos, J.C. 2011. Satellite-tracking reveals multiple foraging strategies and threats for olive ridley turtles in Brazil. *Marine Ecology Progress Series*. 443: 237-247.
- Soto, J.M.R., Beheregaray, R.C.P., Rebello, R.A.R.P. 1997. Range extension: nesting by *Dermodochelys* and *Caretta* in Southern Brazil. *Marine Turtle Newsletter*. 77: 6-7.
- TAMAR. 2014. Projeto TAMAR/ICMBio. Disponível em: <http://www.tamar.org.br/>
- Thomé, J.C.A., Baptistotte, C., Moreira, L.M.P., Scalfoni, J.T., Almeida, A.P., Rieth, D.B., Barata, P.C.R. 2007. Nesting biology and conservation of the leatherback sea turtle (*Dermodochelys coriacea*) in the state of Espírito Santo, Brazil, 1988-1989 to 2003-2004. *Chelonian Conservation and Biology*. 6(1): 15-27.
- Tucker, A.D. 2010. Nest site fidelity and clutch frequency of loggerhead turtles are better elucidated by satellite telemetry than by nocturnal tagging efforts: Implications for stock estimation. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 383(1): 48-55.
- Vargas, S.M., Araújo, F.C.F., Monteiro, D.S., Estima, S.C., Almeida, A.P., Soares, L.S., Santos, F.R. 2008. Genetic diversity and origin of leatherback turtles (*Dermodochelys coriacea*) from the Brazilian coast. *Journal of Heredity*. 99(2): 215-220.
- Vilaça, S.T., Lara-Ruiz, P., Marcovaldi, M.A., Soares, L.S., Santos, F.R. 2013. Population origin and historical demography in hawksbill (*Eretmochelys imbricata*) feeding and nesting aggregates from Brazil. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 446: 334-344.
- Vilaça, S.T., Vargas, S.M., Lara-Ruiz, P., Molfetti, E., Reis, E.C., Lôbo-Hajdu, G., Soares, L.S., Santos, F.R. 2012. Nuclear markers reveal a complex introgression pattern among marine turtle species on the Brazilian coast. *Molecular Ecology*. 21(17): 4300-4312.
- Wallace, B.P., Lewinson, R.L., McDonald, R.K., Kot, C.Y., Kelez, S., Bjorkland, R.K., Finkbeiner, E.M., Helmbrecht, S., Crowder, L.B. 2010. Global patterns of marine turtle bycatch. *Conservation Letters*. 3(3): 131-142.
- Watanabe, K.K., Hatase, H., Kinoshita, M., Omuta, K., Bando, T., Kamezaki, N., Sato, K., Matsuzawa, Y., Goto, K., Nakashima, Y., Takeshita, H., Aoyama, J., Tsukamoto, K. 2011. Population structure of the loggerhead turtle *Caretta caretta*, a

- large marine carnivore that exhibits alternative foraging behaviors. *Marine Ecology Progress Series*. 424: 273-283.
- Witt, M.J., Akesson, S., Broderick, A.C., Coyne, M.S., Ellick, J., Formia, A., Hays, G.C., Luschi, P., Stroud, S., Godley, B.J. 2010. Assessing accuracy and utility of satellite tracking data using Argos-linked Fastloc-GPS. *Animal Behaviour*. 80(3): 571-581.
- Witt, M.J., Bonguno, E.A., Broderick, A.C., Coyne, M.S., Formia, A., Gibudi, A., Mounquengui, G.A.M., Moussounda, C., Nsafou, M., Nougessono, S., Parnell, R.J., Sounquet, G.P., Verhage, S., Godley, B.J. 2011. Tracking leatherback turtles from the world's largest rookery: assessing threats across the South Atlantic. *Proceedings of the Royal Society B*. 278(1716): 2338-2347.
- Wood, J.R., Wood, F.E., Critchley, K. 1983. Hybridization of *Chelonia mydas* and *Eretmochelys imbricata*. *Copeia*. 1983(3): 839-842.