



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

KAREN KAROLINE ABREU DA SILVA

BIOINFORMÁTICA APLICADA À ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA
DE TARTARUGAS MARINHAS

FORTALEZA

2023

KAREN KAROLINE ABREU DA SILVA

**BIOINFORMÁTICA APLICADA À ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA
DE TARTARUGAS MARINHAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Ceará, como requisito final à obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Maggioni.

FORTALEZA

2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

Silva, Karen Karoline Abreu da.

Bioinformática aplicada à análise da distribuição geográfica de tartarugas marinhas / Karen Karoline Abreu da Silva. – 2023.

61 f. : il. color.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências, Curso de Ciências Biológicas, Fortaleza, 2023.

Orientação: Prof. Dr. Rodrigo Maggioni.

1. Genética da conservação. 2. Dados biológicos. 3. Alinhamento. 4. Testudines. I. Título.

CDD 570

KAREN KAROLINE ABREU DA SILVA

**BIOINFORMÁTICA APLICADA À ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA
DE TARTARUGAS MARINHAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Ceará, como requisito final à obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas.

Aprovada em: 06/12/2023.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Rodrigo Maggioni (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr. Rafael dos Santos Rocha
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Ma. Cibele Castro Monteiro
Universidade Federal do Ceará (UFC)

AGRADECIMENTOS

À minha família pelo apoio incondicional e tudo o que fizeram por mim.

Agradecimento especial para a minha falecida avó que foi, é e sempre será meu alicerce. Seu ensino, cuidado e incentivo me tornaram a pessoa que sou. Infelizmente não presenciou minha entrada para o ensino superior, mas sei que sem ela eu não estaria aqui. Sou grata por tanto.

Ao meu melhor amigo Adrian por ser uma pessoa tão incrível, forte e por sempre estar aqui para o que for preciso. Tantas risadas, momentos especiais, de desespero e acolhimento nesses 5 anos de amizade que eu espero que dure pra sempre.

À minha melhor amiga Lícia por me aturar por tantos anos, por ser uma pessoa extremamente companheira e resiliente. Obrigada pelos momentos incríveis que vivemos e ainda temos para viver.

Ao meu melhor amigo Adryel pelos incontáveis anos de amizade, os momentos inesquecíveis e por sempre tirar de mim as melhores risadas.

Agradeço à Raquel que em pouco tempo se tornou uma pessoa tão especial para mim. Ao Maurisso pelos melhores momentos de descontração. Victória por ser uma amiga tão doce e acolhedora nesses 15 anos de amizade. Ariane por ser uma pessoa tão incrível e estar ali para o que for preciso. Sara por ser uma pessoa tão querida e encantadora com seu jeito dócil.

Agradecimento mais que especial aos meus amigos Leanderson, Filipe, Bryan, Daniely, Marcelo, Wendell e Victor. Obrigada pelos 7 anos incríveis de risadas, distrações e reclamações. Espero vê-los muito em breve.

Aos amigos que fiz na biologia. Sem eles não seria possível passar por tantos momentos caóticos na graduação.

Aos colegas de laboratório Cibele, Rafael, Vilany, Endrel, Jhonatas, Juliana e Graça pelo acolhimento, ensino e momentos de descontração.

À Cibele, por ter me acolhido tão bem, orientado e pelas palavras de incentivo. Obrigada por todo o apoio durante esse período tão especial para mim.

Ao Doutor Rafael Rocha pela orientação, acolhimento, disponibilidade e conselhos.

Ao professor Rodrigo pela orientação durante o período no laboratório.

À banca pela disponibilidade de participar da avaliação do meu trabalho.

À UFC e FUNCAP pelo apoio financeiro durante os cinco anos de graduação.

RESUMO

São identificadas sete espécies de tartarugas marinhas distribuídas globalmente. Há anos tem-se observado o declínio populacional das tartarugas marinhas devido a ações antrópicas, exploração comercial, pesca incidental, ciclo de vida complexo e até hibridização. O seu comportamento filopátrico, a paternidade múltipla e sua capacidade de percorrer milhares de quilômetros por diferentes bacias oceânicas, para alimentação e nidificação facilitaram o fluxo gênico e a colonização de novas regiões. Entretanto, esses fatores dificultam o entendimento acerca dos aspectos biológicos das espécies e impactos antropogênicos. Nesse sentido, as análises genéticas tornaram-se imprescindíveis para caracterização, identificação, comportamento migratório, estudos evolutivos e filogeográficos das espécies. Os avanços nas técnicas de biologia molecular permitiram a criação de marcadores moleculares para avaliação da diversidade genética, taxas evolutivas e estrutura populacional. Os avanços tecnológicos permitiram a criação de programas computacionais para armazenar, comparar dados biológicos em estudos genéticos, permitindo realizar inferências acerca da diversidade e relações evolutivas a partir de sequências genéticas. Portanto, o presente estudo teve por objetivo avaliar a distribuição das espécies com base nas sequências disponibilizadas no banco de dados Genbank para os genes COI, RAG-1 e BDNF. As sequências obtidas pelo GenBank foram alinhadas pelo programa MEGA e utilizados na construção de árvores filogenéticas e rede de haplótipos pelo MEGA e PopArt, respectivamente. Os resultados mostraram relações evolutivas similares aos observados na literatura. Os resultados de filogeografia indicaram possíveis colonizações e fluxo gênico sob influência de aspectos geográficos nas migrações transoceânicas. Observou-se isolamento oceânico em alguns padrões de *Chelonia mydas* e *Eretmochelys imbricata*, indicando presença de barreira geográfica. Os resultados podem auxiliar no estabelecimento de padrões de distribuição das espécies e assim auxiliar na elaboração de estratégias de conservação para espécies ameaçadas.

Palavras-chave: genética da conservação; dados biológicos; alinhamento; testudines.

ABSTRACT

There are seven species of sea turtles distributed globally. Sea turtle populations have been declining for years due to anthropogenic actions, commercial exploitation, incidental fishing, a complex life cycle and even hybridization. Their philopatric behavior, multiple paternity and ability to travel thousands of kilometers through different ocean basins to feed and nest have facilitated gene flow and the colonization of new regions. However, these factors make it difficult to understand the biological aspects of the species and anthropogenic impacts. In this sense, genetic analyses have become essential for the characterization, identification, migratory behavior, evolutionary and phylogeographic studies of species. Advances in molecular biology techniques have made it possible to create molecular markers for assessing genetic diversity, evolutionary rates and population structure. Technological advances have enabled the creation of softwares to store and compare biological data in genetic studies, allowing inferences to be made about diversity and evolutionary relationships based on genetic sequences. Therefore, the aim of this study was to evaluate the distribution of species based on the sequences available in the Genbank database for the COI, RAG-1 and BDNF genes. The sequences obtained from GenBank were aligned using the MEGA program and used to build phylogenetic trees and haplotype networks using MEGA and PopArt, respectively. The results showed evolutionary relationships similar to those observed in the literature. The phylogeography results indicated possible colonization and gene flow under the influence of geographical aspects in transoceanic migrations. Oceanic isolation was observed in some patterns of *Chelonia mydas* and *Eretmochelys imbricata*, indicating the presence of a geographical barrier. The results may help to establish species distribution patterns and thus assist in the development of conservation strategies for endangered species.

Keywords: conservation genetics; biological data; alignment; testudines.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. <i>Chelonia mydas</i>	18
Figura 2. <i>Dermochelys coriacea</i>	18
Figura 3. <i>Eretmochelys imbricata</i>	18
Figura 4. <i>Caretta caretta</i>	18
Figura 5. <i>Lepidochelys kempii</i>	18
Figura 6. <i>Lepidochelys olivacea</i>	18
Figura 7. <i>Natator depressus</i>	19
Figura 8. Rede de haplótipos de <i>Chelonia mydas</i> para o gene COI.....	27
Figura 9. Árvore filogenética de <i>Chelonia mydas</i> para o gene COI.....	28
Figura 10. Rede de haplótipos de <i>Caretta caretta</i> para o gene COI.....	30
Figura 11. Árvore filogenética de <i>Caretta caretta</i> para o gene COI.....	30
Figura 12. Rede de haplótipos de <i>Eretmochelys imbricata</i> para o gene COI.....	32
Figura 13. Árvore filogenética de <i>Eretmochelys imbricata</i> para o gene COI.....	32
Figura 14. Rede de haplótipos de <i>Lepidochelys olivacea</i> para o gene COI.....	33
Figura 15. Rede de haplótipos de <i>Dermochelys coriacea</i> para o gene COI.....	34
Figura 16. Árvore filogenética das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene BDNF	36
Figura 17. Rede de haplótipos das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene BDNF.	37
Figura 18. Árvore filogenética das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene RAG-141	41
Figura 19. Rede de haplótipos das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene RAG-1	42

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Sequências obtidas para o gene COI.....	26
Tabela 2. Sequências obtidas para o gene BDNF.....	35
Tabela 3. Sequências obtidas para o gene RAG-1	40
Tabela 4. Número de acesso para as sequências do gene COI	59
Tabela 5. Número de acesso para as sequências do gene BDNF	61
Tabela 6. Número de acesso para as sequências do gene RAG-1	63

LISTA DE QUADROS

Quadro 1. Palavras-chave utilizadas para busca.	24
---	----

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

COI	Cytochrome C Oxidase 1
RAG - 1	Recombination Activating Gene 1
BDNF	Brain Derived Neurotrophic Factor
POP ART	Population Analysis with Reticulate Trees
MEGA	Molecular Evolutionary Genetics Analysis

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	14
2. REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 Tartarugas marinhas: aspectos biológicos e filogeográficos.....	15
2.2 Distribuição geográfica das tartarugas marinhas	17
2.3 Análises filogeográficas	19
2.4 A importância da Biologia Molecular para estudos de diversidade genética	19
2.5 Análise computacional de dados biológicos para estudos de diversidade	21
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 Caracterização da pesquisa	24
3.2 Origem dos dados.....	24
3.3 Alinhamento das sequências	25
3.4 Análise filogeográfica	25
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1 Região mitocondrial amplificada para o gene COI.....	26
4.2 Região nuclear amplificada para o gene BDNF	35
4.3 Região nuclear amplificada para o gene RAG-1.....	40
5 CONCLUSÃO.....	45

1 INTRODUÇÃO

As tartarugas marinhas são organismos com ocorrência em todos os mares e oceanos do mundo. Esses organismos possuem um ciclo de vida complexo e longo, e comportamento migratório, o que dificulta o entendimento acerca de sua história de vida completa (Stubbs *et al.*, 2019). Apesar de terem surgido há milhões de anos e sobreviverem a períodos que provocaram a extinção de milhares espécies e terem se mantido, atualmente enfrentam declínio populacional, relacionado principalmente às atividades humanas, que afetam desde ao início do seu ciclo de vida pela ocupação de praias de nidificação, ao desenvolvimento nos oceanos pela poluição até a morte causada pela pesca incidental (Lutcavage *et al.*, 1997). Além disso, seu comportamento migratório, estilo de vida e ocorrência de fluxo gênico contribuem para a diversidade genética das populações (Reece; Castoe; Parkinson, 2005).

Outro fator considerável na ecologia populacional das tartarugas é a hibridização, em que há a troca de material genético entre linhagens distintas (Rhymer; Simberloff, 1996), ocorrência que pode estar relacionada a ações antrópicas e intensificar o declínio populacional do grupo. A convergência dos caracteres genéticos de espécies diferentes pode influenciar na reprodução e adaptação, levando a um processo de extinção (Rhymer; Simberloff, 1996). Portanto, é importante compreender como ocorre este fenômeno biológico e como pode afetar as relações evolutivas interespecíficas (Allendorf *et al.*, 2001).

Nesse contexto, buscando a preservação das espécies ameaçadas de extinção, foram criadas entidades de proteção ambiental de organismos ameaçados de extinção. Os projetos têm por objetivo promover pesquisa, manejo, proteção, educação ambiental e conservação de organismos marinhos. No Brasil o projeto TAMAR atua para conservação das espécies de tartarugas marinhas (Silva *et al.*, 2015), bem como o Instituto Verdeluz em Fortaleza e a ONG Aquasis, que realizam trabalhos de monitoramento prioritariamente no estado do Ceará. Os Programas de Monitoramento de Praias (PMPs) fortalecem a conservação das áreas de nidificação e alimentação por meio de políticas de conservação e o recrutamento de colaboradores que contribuem para a conservação, realização de pesquisas sobre a biologia das tartarugas, além promover atividades ambientais para a inclusão da comunidade (Godley *et al.*, 2020).

Além do trabalho de conservação realizado em campo, análises moleculares a partir de marcadores genéticos tornaram-se importantes métodos para determinar história, demografia

e extensão de fluxo gênico entre populações, contribuindo para o conhecimento em ecologia, sistemática e preservação das espécies (Fitzsimmons *et al.*, 2020). Na literatura, tem-se utilizado genes mitocondriais e moleculares para estudos de caracterização, à exemplo de COI, CMOS, 12S, 16S, RAG-1 e BDNF (Naro-Maciel *et al.*, 2008). A partir de etapas de biologia molecular, pode-se obter as sequências dos genes e estas podem ser utilizadas em estudos de bioinformática.

A bioinformática é um campo multidisciplinar que, a partir de técnicas de computação com informações biológicas, desenvolveram programas computacionais capazes de armazenar, agrupar, comparar e analisar matematicamente e estatisticamente dados biológicos brutos, e assim permitindo mapear sequências de aminoácidos e nucleotídeos, agrupar dados, determinar funções de genes, construir árvores filogenéticas, sequenciar amostras, avaliar expressão gênica e outras coisas mais (Diniz; Canduri, 2017). Em vista disso, a bioinformática torna-se uma importante ferramenta utilizada em pesquisas científicas, permitindo a realização de análises computacionais de dados biológicos.

Inúmeros esforços têm sido desempenhados pela comunidade acadêmica a fim de garantir a conservação das tartarugas marinhas. Parte desses esforços reside na pesquisa dos aspectos migratórios, utilizando-se ferramentas sofisticadas de biologia molecular. No entanto, ainda não há consenso com relação a quais marcadores genéticos oferecem melhores resultados de análise.

Dessa forma, o objetivo geral desta pesquisa foi avaliar a distribuição geográfica das sete espécies de tartarugas marinhas a partir de sequências genéticas depositadas em um banco genômico público, utilizando genes já descritos na literatura. Como objetivos específicos, foram traçados: (a) verificar para qual ou quais genes analisados (BDNF, COI e RAG-1) há mais depósito sequências no banco de dados genômicos GenBank; (b) verificar para qual gene de estudo é possível se estabelecer melhores estudos evolutivos resultados do ponto de vista evolutivo e filogeográfico.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Tartarugas marinhas: aspectos biológicos e filogeográficos

As tartarugas marinhas são répteis pertencentes a Ordem Testudines, a qual se dividem em duas famílias: (a) Cheloniidae, representada por cinco gêneros e seis espécies,

Eretmochelys imbricata (Linnaeus, 1766), *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758), *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758), *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829), *Lepidochelys kempii* (Garman, 1880) e *Natator depressus* (Garman, 1880) e (b) a família Dermochelyidae, que possui somente a espécie *Dermochelys coriacea* (Vandelli, 1761) (Naro-Maciel, 2008). Ainda que sejam apenas sete espécies, elas estão distribuídas por todos os oceanos e ocupam diferentes áreas de alimentação e reprodução (Musick; Limpus, 1997).

Esses animais possuem papel importante nos níveis tróficos, atuando na ciclagem de nutrientes, podendo conduzir alimentos de lugares abundantes em recursos para outros menos abundantes (Reis; Goldberg, 2017). Além disso, quando encalham nas praias, conseguem transportar invertebrados de ecossistemas mais profundos para as zonas costeiras nas praias de desovas (Deegan, 1993). Alimentam-se de organismos do ambiente marinho, assim como servem de alimento para outros animais e podem atuar como vetores de patógenos (Bjorndal; Jackson, 2003). Devido à ampla dispersão pelos ecossistemas marinhos, as tartarugas estão suscetíveis ao declínio populacional, pelo consumo de ovos, capturas de fêmeas, poluição, patógenos, pesca incidental, ocupação urbana e hibridização (Lutcavage *et al.*, 1997; Wallace *et al.* 2011; Ferreira *et al.*, 2022). Das cinco espécies que ocorrem no Brasil, somente *Chelonia mydas* não se encontra em risco de extinção (MMA, 2022).

As tartarugas possuem um ciclo de vida longo e complexo, caracterizado por rotas de migrações transoceânicas (Reis *et al.*, 2010). Ao deixarem o ninho, migram para o oceano por um longo período, em que dificilmente são observados, até a fase juvenil, quando voltam para as águas costeiras. Entretanto, Putman e Mansfield (2015) supõem que que filhotes realizam dispersão ativa ao invés de distribuição passiva pelas correntes oceânicas. Estudos apontam que as fêmeas, ao atingirem a maturação sexual, retornam ao local de desova nas estações reprodutivas (Davenport, 1998). Isso só é possível porque, ao se deslocarem em direção ao mar, os filhotes obtêm as características da praia de desova, como composição da água e campo magnético da Terra, que os ajudam a terem percepção de orientação (Luschi *et al.*, 2007). Esse comportamento de retorno ao local de nascimento para desova foi denominado de ‘*Natal Homing*’ (Carr, 1967), ou comportamento filopátrico e poderia evidenciar padrões de distribuição populacional das espécies (Allard *et al.* 1994).

2.2 Distribuição geográfica das tartarugas marinhas

A espécie *Dermochelys coriacea*, conhecida como tartaruga-de-couro, ocorre em todos os oceanos percorrendo as maiores distâncias, podendo navegar por águas mais frias, se adaptando às maiores altitudes das regiões temperadas (Sudoeste do oceano Índico) e nidificando em praias continentais do Atlântico e Pacífico (regiões tropicais). Nidificam em baixa densidade as ilhas do Mar de Bismarck, ilhas Salomão, Pequenas e Grandes Antilhas (Márquez 1990; Pritchard; Mortimer, 1999). Está classificada como vulnerável A2bd pela Lista Vermelha (Wallace; Tiwari; Girondot, 2013).

A tartaruga-verde, *Chelonia mydas* distribui-se pelo mundo todo, percorrendo águas tropicais, temperadas e subtropicais, regiões costeiras de todos os oceanos (Pritchard; Mortimer, 1999), incluindo Brasil, Costa Rica, Estados Unidos, Austrália, Japão, México, dentre outros (Bowen *et al.*, 1992). Classificada como "Em Perigo" A2bd pela Lista Vermelha (Seminoff, 2004).

Caretta caretta, conhecida como a tartaruga-cabeçuda, realiza migrações transoceânicas, do norte dos oceanos Atlântico e Pacífico, incluindo migrações transoceânicas de desenvolvimento pelo Pacífico Sul, da direção sudoeste para a sudeste (Boyle *et al.*, 2009). Nidificam regiões tropicais, subtropicais e temperados, como sul do Brasil, Mar Mediterrâneo, Japão, dentre outros (Pritchard; Mortimer, 1999). Está classificada como "Vulnerável" A2bd pela Lista Vermelha (Casale; Tucker, 2017).

Eretmochelys imbricata, ou tartaruga-de-pente, percorre águas rasas de oceanos tropicais e subtropicais e as maiores populações encontram-se pelo México, Austrália, Seychelles e Indonésia (Márquez, 1990; Pritchard; Mortimer, 1999). Classificada como Criticamente Em Perigo pela Lista Vermelha (Mortimer, J.A & Donnelly, 2008).

Conhecida como tartaruga-oliva, *Lepidochelys olivacea* distribui-se pelos oceanos tropicais e subtropicais, nidificando em várias praias do Pacífico Oriental, Atlântico Sul, norte do Oceano Índico e Pacífico Ocidental, à exemplo de México, Colômbia no Pacífico Oriental, Brasil pelo Atlântico Sul, Índia pelo norte do oceano Índico, Malásia e Tailândia no Pacífico Ocidental (Pritchard; Mortimer, 1999). Podem nidificar em pequenos grupos ou solitariamente, mas milhares se reúnem para nidificar em praias da Índia, México e Costa Rica (Pritchard; Mortimer, 1999). Está classificada como "Vulnerável" A2bd pela Lista Vermelha (Abreu-Grobois; Plotkin, 2008).

Classificada como "Criticamente Em Perigo" A2bd pela Lista Vermelha (Wibbels; Baven, 2019), *Lepidochelys kempii* pode ser encontrada no Golfo do México, além de estar

limitada geograficamente pela costa ocidental da Europa e costa oriental dos Estados Unidos, sul do Texas. A sobre-exploração de populações e a pesca incidental reduziu drasticamente os grupos (Pritchard; Mortimer, 1999).

Natator depressus, conhecida como tartaruga-australiana, vive na plataforma continental australiana, sul da indonésia e nova guiné, limitada geograficamente em comparação às demais espécies além de não possuírem fase oceânica de desenvolvimento (Pritchard; Mortimer, 1999; Spotila, 2004). Pela lista vermelha, os dados são insuficientes.

Figura 2. *Dermochelys coriacea*



Fonte: TAMAR

Figura 1. *Chelonia mydas*



Fonte: TAMAR

Figura 4. *Caretta caretta*



Fonte: TAMAR

Figura 3. *Eretmochelys imbricata*



Fonte: TAMAR

Figura 6. *Lepidochelys olivacea*



Fonte: TAMAR

Figura 5. *Lepidochelys kempii*



Fonte: IUCN

Figura 7. *Natator depressus*



Fonte: IUCN

2.3 Análises filogeográficas

Proposto pela primeira vez por JC Avise em 1987 na literatura genética, o termo filogeografia abrange conceitos atrelados à distribuição geográfica das populações à níveis intraespecíficos e interespecíficos (Avise, 1998). A filogeografia é um campo de estudo que investiga os processos evolutivos e ecológicos responsáveis pela distribuição das espécies dentro de contextos cronológicos e geográficos (Bowen *et al.*, 2016). A partir de dados sobre a distribuição das linhagens genéticas, é possível avaliar a origem, distribuição e diversidade das espécies (Avise, 2000). As informações filogeográficas das populações de tartarugas marinhas têm sua importância na caracterização genética, análises de diversidade, compreensão das rotas migratórias, inferências sobre mudanças temporais levando em conta o contexto geográfico, distribuição geográfica e origem evolutiva (Beheregaray, 2008). Estudos filogeográficos têm sido associados ao uso de DNA mitocondrial de animais (Bowen; Karl, 2007, Vilaça *et al.*, 2013, Proietti *et al.*, 2014 Vargas *et al.*, 2015).

2.4 Diversidade genética de tartarugas marinhas: genes mais estudados

Em razão do comportamento complexo das tartarugas marinhas e sua distribuição populacional, diferentes técnicas de análises moleculares têm sido aplicadas para estudos demográficos (Wallace *et al.*, 2010). Por exemplo, o melhoramento da produção de sequências de DNA permitiu a criação de diferentes marcadores moleculares para estudos de filogenética (Duchene *et al.*, 2012). Além disso, sequências de DNA de tartarugas foram utilizadas para demonstrar a relação entre a taxa metabólica, taxa energética, tempo de geração e desenvolvimento evolutivo molecular entre as espécies (Avise *et al.*, 1992; Bowen; Karl,

1993). Estudos utilizando dados genéticos confirmaram a hipótese de natal homing a partir da observação da delimitação genética em populações de nidificação (Meylan; Bowen; Avise, 1990).

Nesse contexto, boa parte dos estudos de filogeografia de tartarugas marinhas utilizou marcadores de mtDNA para avaliar a diversidade genética e investigar relações entre populações (Carreras *et al.*, 2006; Formia *et al.*, 2006; Dutton *et al.*, 2008; Tikochinski *et al.*, 2012; López-Barrera *et al.*, 2016; Vilaça *et al.*, 2022) O DNA mitocondrial, herdado da fêmea, é uma ferramenta útil para determinar origem materna, populações de nidificação, além de indicar comportamento filopátrico (Meylan; Bowen; Avise, 1990). Entretanto, o mtDNA pode ter uma resposta limitada, necessitando a utilização de marcadores nucleares, que são herdados tanto da mãe quanto do pai e nos estudos podem ter maior precisão estatística dos resultados (Komoroske *et al.*, 2017).

O uso combinado de marcadores mitocondriais e nucleares pode auxiliar na investigação e descoberta de novos híbridos que não podem ser identificados por morfologia. Além de permitir identificar níveis de introgressão (Carreras *et al.*, 2006; Naro-Maciel *et al.*, 2008; Bagda; Bardakci; Turkozan, 2012; Brito *et al.*, 2020). Portanto, foram desenvolvidos marcadores nucleares para todas as espécies de tartarugas marinhas, aplicados à estudos sobre o componente genético masculino das populações (Komoroske *et al.*, 2017). Estudos de biologia molecular foram desenvolvidos utilizando marcadores nucleares e mitocondriais, para investigar hibridização, filopatria de machos, caracterização genética (Fitzsimmons *et al.*, 1997; Naro-Maciel *et al.*, 2008; Vilaça *et al.* 2012; Garofalo *et al.*, 2013).

A metodologia do código de barras de DNA intensificou a utilidade do gene mitocondrial citocromo oxidase I (COI) como marcador molecular para identificação taxonômica (Dawnay *et al.*, 2007). e a crescente utilização do gene levou ao consenso deste marcador para identificação de espécies animais e publicação de sequências, como um código de barras (Dawnay *et al.*, 2007). A disponibilização de sequências de espécies para este marcador permite comparar dados e que podem ser utilizados para estudos do estado de conservação das populações e genética populacional (Petit-Marty; Vázquez-Luis; Hendriks, 2020) Ele é considerado o marcador essencial para a identificação das espécies visto que a sequência nucleotídica é conservada a níveis intraespecíficos e variada a níveis interespecíficos (Hubert *et al.*, 2008).

Ainda que forneça material genético conservado, esse gene pode apresentar mudanças nas sequências nucleotídicas, permitindo distinguir populações (Camacho-Sánchez *et al.*, 2022). Outra aplicação importante no uso de dados de sequências de DNA utilizando o

COI é a construção de rede de haplótipos e árvores filogenéticas, que permitirão avaliar a distância genética e relações evolutivas das espécies (Komoroske *et al.*, 2017; Naro-Maciel *et al.*, 2010). Especificamente para tartarugas marinhas, Naro-Maciel (2010) estabeleceu um fragmento de 815bp do gene COI, que pode ser utilizado para as sete espécies de tartarugas marinhas. As sequências fornecidas a partir desse marcador permitem melhor entendimento acerca das rotas migratórias e relações evolutivas das tartarugas marinhas (Komoroske *et al.*, 2017) Portanto, as sequências de COI tornam-se uma ferramenta fundamental para estudar diversos aspectos das espécies de tartarugas marinhas, na distinção das espécies, além de ser instrumento de análises taxonômicas (Vargas, Araújo; Santos, 2009; Deef, 2023).

Ao se falar em marcadores de regiões nucleares, um exemplo é o BDNF, fator neurotrófico derivado do cérebro, importante componente para a sobrevivência dos neurônios e a resposta aos estímulos (Ikegame *et al.*, 2013). Alguns estudos vêm utilizando este marcador na produção de sequências para identificação de híbridos, caracterização genética, evolução molecular e variação interespecífica (Garofalo *et al.*, 2012; Vilaça; Santos, 2013).

O gene ativador de recombinação, RAG-1, é um codificador de proteínas do sistema imunológico e que ocorre em vertebrados. Estudos moleculares têm sido realizados para avaliação das relações filogenéticas de tartarugas, a fim de averiguar a relação evolutiva entre as populações (Krenz *et al.*, 2005). Vilaça e Santos (2013) utilizaram sequências produzidas por esse gene para análises de variação interespecífica.

2.5 Análise computacional de dados biológicos para estudos de diversidade

A bioinformática utiliza conhecimento de diversas áreas para estudar o genoma dos organismos a partir de dados, modelos e programas computacionais. Por meio dos avanços tecnológicos na área da biologia molecular atrelado às ferramentas de bioinformática, é possível desenvolver softwares que servirão para análises genéticas para determinar funções de genes e proteínas, criar árvores filogenéticas, redes de haplótipos, determinar configuração de proteínas e seus ligantes bem como avaliar expressão gênica (Araújo *et al.*, 2008)

Esses estudos são possíveis graças ao agrupamento de dados genéticos, depositados em bancos de dados. Estes têm se tornado cada vez mais utilizados por pesquisadores para o armazenamento de dados de DNA que poderão ser utilizados em estudos de biologia molecular, filogenia e filogeografia (McCormack *et al.*, 2013).

O Genbank é o maior banco de dados genéticos disponível publicamente (Leray *et al.*, 2019). Possuindo sequências de nucleotídeos para mais de cem mil espécies, o repositório

é essencial para a filogenética (Sanderson *et al.*, 2008) e o uso da análise computacional de dados biológicos tornou-se indispensável para a filogenética (Degrave; Machado, 2007).

Uma metodologia bastante utilizada na bioinformática é o alinhamento de sequências, que consiste em comparar diferentes sequências a fim de organizar caracteres que tenham a mesma ordem nas sequências utilizadas (Pearson; Lipman, 1988). É composto por três tipos: alinhamento em pares, múltiplas sequências e sequência estrutural. Além disso, são divididos em alinhamento global ou local, correspondente aos números de sequências utilizadas (Pearson; Lipman, 1988).

O alinhamento múltiplo global, método de alinhamento de sequências, procura comparar mais de duas sequências e encontrar a melhor correspondência entre os caracteres (Donkor; Dayle; Theophilus, 2014). A partir do alinhamento múltiplo, o resultado pode ser aplicado para algumas funções como identificação de regiões conservadas, identificação de divergência nos nucleotídeos, construção de árvores filogenéticas e redes de haplótipos (Wheeler; Kececioglu, 2007).

Um software da bioinformática bastante utilizado é o MEGA (Tamura; Stecher; Kumar, 2021) para análises como alinhamentos, determinação da matriz de distância, construção de árvores filogenéticas, modificação de nucleotídeos para aminoácidos, distância evolutiva, dentre outros (Sohpal; Dey; Singh, 2010). As ferramentas permitem encontrar relações evolutivas entre as sequências, além de relações estruturais e funcionais. Além disso, podem mostrar regiões conservadas em sequências pouco semelhantes e regiões que evoluem mais lentamente comparadas a outras de um genoma (Batzoglou *et al.*, 2005).

A área que estuda a relação evolutiva entre as espécies e seus ancestrais comuns é a filogenia e uma das maneiras de estudar essa relação é por meio de uma árvore filogenética (Rizzo; Rouchka, 2007). Ela contém nós que representam os táxons, além de ramos representando o tempo de divergência entre as espécies (Horiike, 2016). Originalmente, a filogenia era baseada em comparação morfológica entre fósseis, entretanto, informações morfológicas são limitadas. Atualmente, com a otimização da obtenção de dados moleculares, a maioria das árvores filogenéticas são construídas a partir de sequências de aminoácidos e nucleotídeos. Tem-se o desenvolvimento de programas para a construção de árvores filogenéticas utilizando dados moleculares. A partir disso, pode-se aferir sobre o desenvolvimento evolutivo das espécies, identificação de espécies e evolução de genes (Horiike, 2016).

Geralmente a construção de uma árvore filogenética se dá por etapas utilizando alguns programas para organização e interpretação desses dados. Ao obter as sequências em

laboratório ou a partir de bancos de dados na internet, faz-se o alinhamento, estimativa de distância e construção da árvore em programas específicos para cada função. O MEGA é um programa que reúne as ferramentas necessárias para cada etapa, sendo um programa adequado para medir, construir e avaliar a distância evolutiva entre as espécies (Hall, 2013; Khan, 2017).

Uma outra forma de demonstrar a relação entre as espécies em estudos filogeográficos é por meio de rede de haplótipos, utilizando sequências moleculares (Garcia *et al.*, 2021). As redes de haplótipos basicamente são utilizadas para estudar as relações históricas e biogeográficas entre as espécies de diferentes populações. Um dos softwares utilizados para esses estudos de genética populacional é o POP-Art (*Population Analysis with Reticulate Trees*), que desenvolve mapas a partir de dados moleculares das espécies e assim fazer a inferência sobre a distribuição geográfica das populações (Leigh; Bryant, 2015). Esses mapas auxiliam na investigação sobre a distribuição, especiação, migrações e estrutura populacional de diversas espécies (Garcia *et al.*, 2021). Portanto, o uso de dados genéticos em árvores filogenéticas e rede de haplótipos tem se tornado meios mais produtivos para estudos de distribuição, evolução, colonização, fluxo gênico e estrutura de populações (Paradis, 2018).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Caracterização da pesquisa

O presente estudo classifica-se como pesquisa descritiva, caracterizada pela descrição de determinadas características que compõem uma população ou fenômeno a partir de técnicas de coleta de dados (Gil, 2008).

3.2 Origem dos dados

Inicialmente realizou-se a escolha dos genes a serem utilizados como base do trabalho. Baseado em análise prévia de artigos sobre caracterização genética de tartarugas marinhas, observou-se a incidência do gene mitocondrial COI e alguns estudos utilizando os genes nucleares RAG-1 e BDNF.

A partir das definições de genes a serem utilizados, realizou-se a busca de sequências genéticas no banco de dados "GenBank", do *National Center for Biotechnology Information* para cada espécie e cada gene, considerando-se os critérios detalhados no quadro 1. Não houve restrição de ano para as amostras. Os arquivos das sequências, para cada gene e espécie, foram salvos e organizados na extensão .fasta, para os quais foram considerados os dados de localização e número de acesso da sequência no GenBank.

Quadro 1. Palavras-chave utilizadas para busca.

Região alvo	Palavras-chave
COI	"COI", "marine turtle", "COI marine turtle"
RAG-1	"RAG1", "RAG-1", "marine turtle", "RAG1 marine turtle", "RAG-1 marine turtle"
BDNF	"BFNF", "marine turtle", "BDNF marine turtle"

3.3 Alinhamento das sequências

Após a organização das sequências, a análise dos dados foi feita por grupo gênico de análise, ou seja, para COI, BDNF e RAG-1, separadamente. As sequências, por grupo, foram submetidas a alinhamento múltiplo utilizando-se o programa “MEGA11” (Tamura; Stecher; Kumar, 2021). Para os alinhamentos, somente foram consideradas sequências verificadas. Todos os alinhamentos foram realizados utilizando-se a ferramenta algorítmica ClustalW. Especificamente para as sequências do gene COI, os alinhamentos foram feitos por espécie de tartaruga.

A partir dos alinhamentos organizados, converteu-se o arquivo para o formato .mega para demais análises. Em seguida realizou-se a construção de árvores filogenéticas. A elaboração ocorreu pelo programa MEGA11 (Tamura; Stecher; Kumar, 2021) utilizando as ferramentas “Phylogeny” e “Neighbor Joining Tree” com os arquivos de alinhamentos convertidos e método “bootstrap” com 1000 repetições. A construção das árvores filogenéticas para os genes BDNF e RAG-1 foi realizada para todas as espécies, enquanto para o gene COI, foram construídas cinco árvores filogenéticas representando cada espécie de ocorrência no Brasil (*Caretta caretta*, *Eretmochelys imbricata*, *Chelonia mydas*, *Dermochelys coriacea*, *Lepidochelys olivacea*). Ao final, todas as árvores filogenéticas foram salvas na extensão .jpeg.

3.4 Análise filogeográfica

As análises de filogeografia foram feitas a partir da construção de redes de haplótipos utilizando o programa “PopArt”, para identificação de agrupamentos com base em loci polimórficos. A construção deu-se a partir dos alinhamentos das sequências em formato .fasta convertidos para o formato .nexus, modificados em bloco de notas para a leitura adequada no programa. Para construção das árvores no programa, utilizou-se o método “Minimum Spanning Network” que constrói uma matriz de distância entre as sequências. Ao final, todas as imagens foram salvas na extensão .png.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da busca no banco de dados GenBank forneceu informações sobre cada espécie para cada gene abordado no trabalho, incluindo as sequências nucleotídicas, tamanho das sequências, ano, localização, autor, artigo (se submetido e/ou publicado) e proteína deduzida. São dados essenciais para caracterização das espécies e estudos comparativos. Para as análises do trabalho foram priorizadas as sequências nucleotídicas e localização para análises filogenéticas e filogeográficas.

Ao todo, foram cento e catorze sequências utilizadas para as sete espécies espalhadas globalmente pelas bacias do Atlântico-Mediterrâneo e Indo-Pacífico. *Chelonia mydas* foi a espécie mais abordada. Estados Unidos, México e Austrália foram os locais mais frequentes e COI o gene com mais resultados. No geral, foram encontradas 56 sequências de *Chelonia mydas*, 11 de *Eretmochelys imbricata*, 16 de *Dermochelys coriacea*, 17 de *Caretta caretta*, 10 de *Lepidochelys olivacea*, 2 de *Lepidochelys kempii* e 2 de *Natator depressus*.

4.1 Região mitocondrial amplificada pelo gene COI

A partir da análise no GenBank, foram obtidas 53 sequências referentes à região COI, das quais as mais frequentes foram para a espécie *Chelonia mydas* com 36 sequências, seguida de *Caretta caretta* com 6. No entanto, não foram obtidas sequências para a espécie *Natator depressus* e *Lepidochelys kempii* (Tabela 1).

Tabela 1. Sequências obtidas para o gene COI

Espécie	Número de sequências	Localização
<i>Eretmochelys imbricata</i>	5	Peru, Colômbia, Porto Rico e Austrália (2)
<i>Chelonia mydas</i>	36	Brasil, México (25), China (2), Índia (2), Estados Unidos, Quênia e Austrália (4)
<i>Caretta caretta</i>	6	Quênia, Itália. Estados Unidos, Austrália e Turquia (2)

<i>Dermochelys coriacea</i>	3	Malta, Austrália e Ilhas Virgens
<i>Lepidochelys olivacea</i>	3	Austrália e Índia (2)

Figura 8. Rede de haplótipos de *Chelonia mydas* para o gene COI

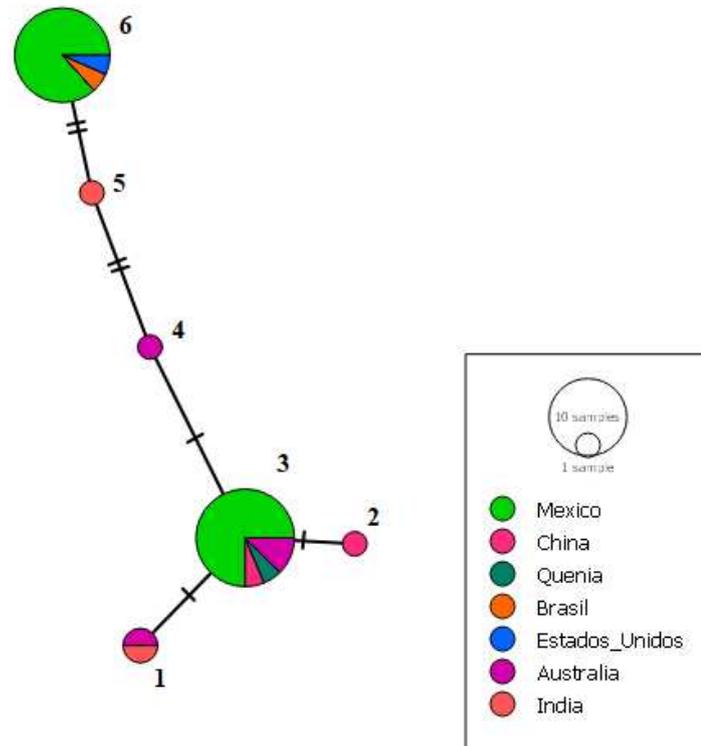
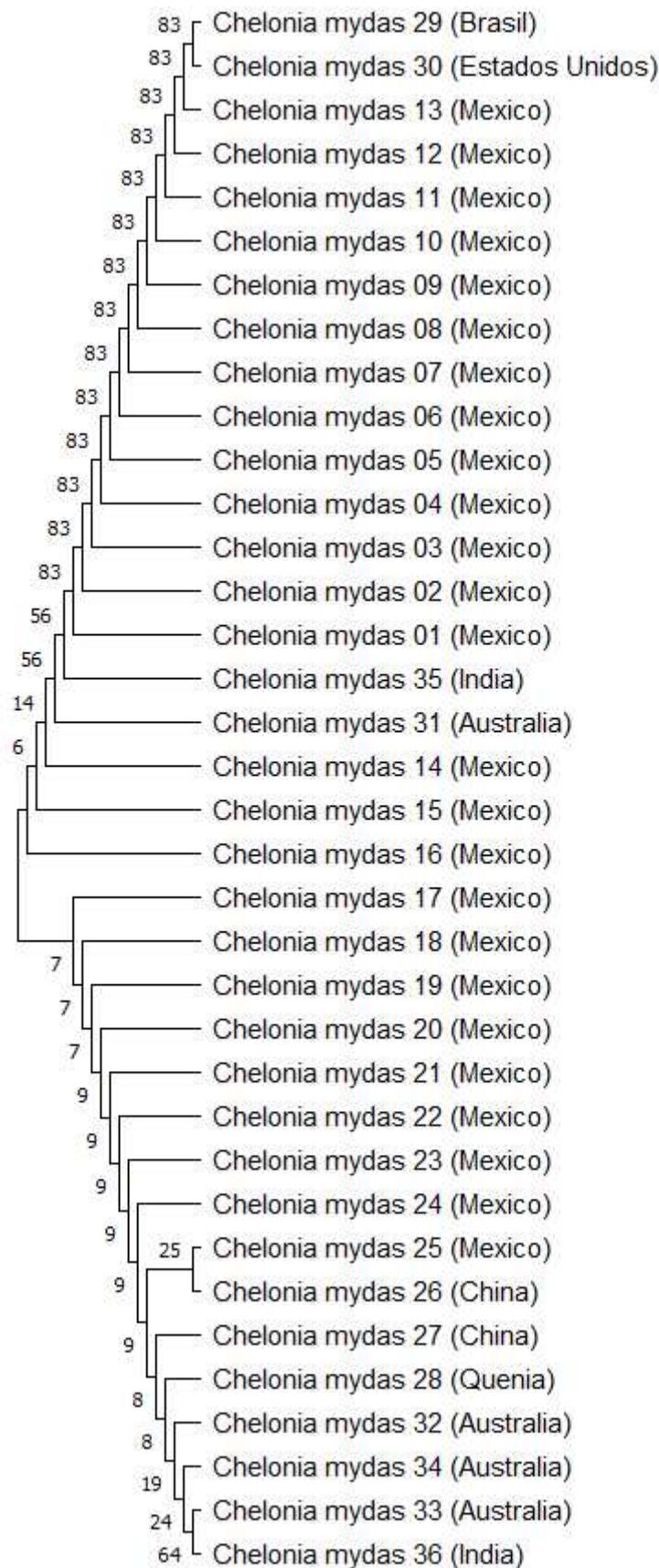


Figura 9. Árvore filogenética de *Chelonia mydas* para o gene COI



Para o gene COI, os resultados mostraram seis haplótipos divididos de acordo com a similaridade de sequências nucleotídicas a seguir:

Haplótipo 1 - Austrália e Índia

Haplótipo 2 - China

Haplótipo 3 - México (Pacífico), China, Austrália e Quênia

Haplótipo 4 - Austrália

Haplótipo 5 - Índia

Haplótipo 6 - México (Atlântico), Brasil, Estados Unidos

A árvore filogenética, como consta na figura 8, apontou divergência entre linhagens do Atlântico e Pacífico para tartarugas verdes que habitam as regiões do México, também indicada pelos haplótipos 3 e 6 (figura 9). Linhagens da Índia e Austrália próximas ao clado do Atlântico.

Os resultados de filogenia e filogeografia agrupam *Chelonia mydas* em um grupo com indivíduos encontrados tanto no Oceano Atlântico (haplótipo 6) quanto no Oceano Pacífico (haplótipo 3) baseado na similaridade de suas sequências, expostas nas figuras 8 e 9.

Essa conexão entre indivíduos do Brasil com México e Austrália, indica que não há barreiras físicas para a distribuição das tartarugas verdes na bacia do Atlântico-Mediterrâneo, que podem trocar informações genéticas por meio de colonização, assim como as linhagens do Indo-Pacífico, que estão agrupadas em um haplótipo.

Acredita-se que as linhagens do Atlântico-Mediterrâneo e Pacífico foram colonizadas por eventos diferentes e que a região do Indo-pacífico foi o precursor evolutivo, a partir de estudos moleculares com mtDNA (Jensen *et al.*, 2019). Isso também é sustentado pela teoria de que a região do Indo-Pacífico foi a responsável pela origem e distribuição de espécies marinhas tropicais (Bowen *et al.*, 2013). Estima-se que, as linhagens do Atlântico e do Pacífico divergem em mais de três milhões de anos (Duchene *et al.*, 2012) e que estão agrupadas geograficamente em duas regiões: Atlântico-Mediterrâneo e Indo-Pacífico por conta de barreiras climáticas e geográficas, principalmente pelas zonas temperadas frias do extremo sul da África. (Bowen *et al.*, 1992). Entretanto, a árvore filogenética mostra similaridade entre regiões do Indo-Pacífico (Índia e Austrália) e Atlântico (Brasil, México e Estados Unidos), levantando a possibilidade de fluxo gênico a partir de rotas migratórias do sul da África.

Figura 10. Rede de haplótipos de *Caretta caretta* para o gene COI

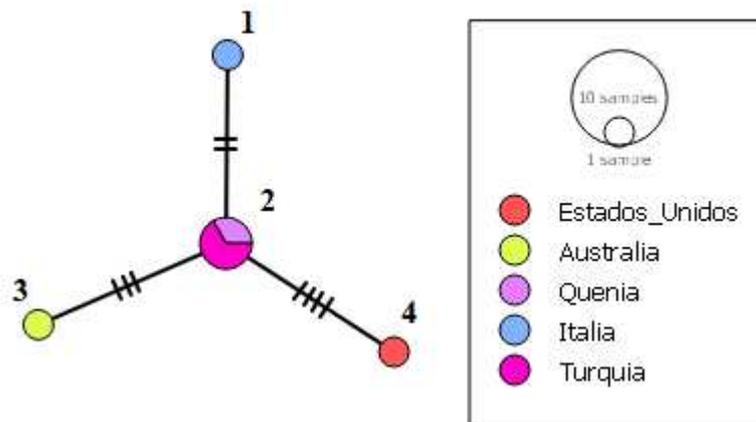
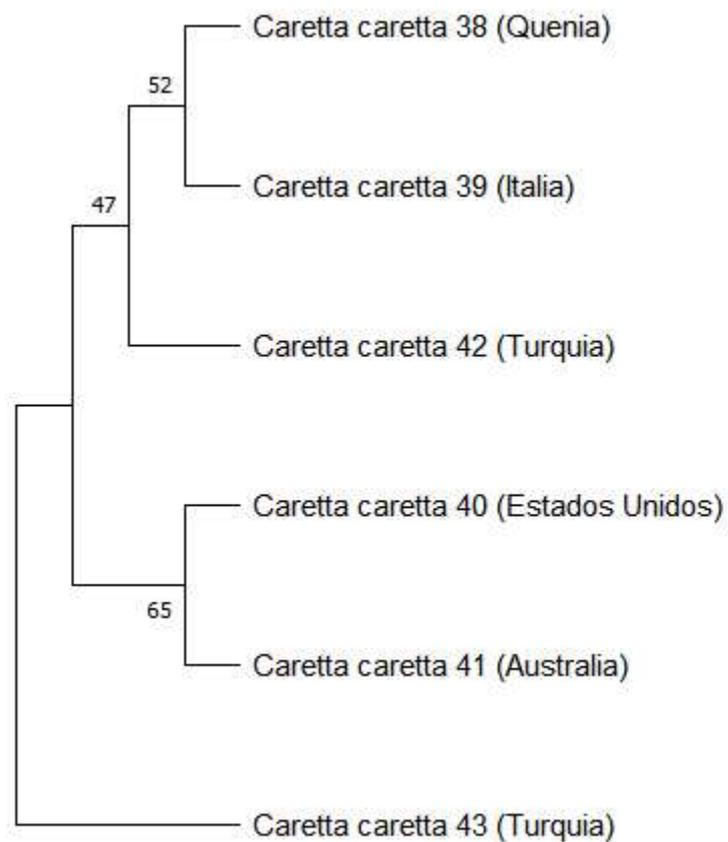


Figura 11. Árvore filogenética de *Caretta caretta* para o gene COI



Para o gene COI, os resultados mostraram quatro haplótipos divididos de acordo com a seguinte similaridade de sequências nucleotídicas.:

Haplótipo 1 - Itália

Haplótipo 2 - Quênia e Turquia

Haplótipo 3 - Austrália

Haplótipo 4 - Estados Unidos

A árvore filogenética apontou proximidades entre as linhagens de Itália (Mediterrâneo) e Quênia (Índico) com Turquia (Mediterrâneo), que não corrobora com os haplótipos. Além disso, proximidade entre Austrália e Estados Unidos pode ser observada com linhagem basal da Turquia, porém cada linhagem pertence a diferentes haplótipos (figuras 10 e 11).

A diferença nos resultados se deve pela metodologia utilizada na construção do mapa e da árvore em seus respectivos programas. As mudanças climáticas influenciaram a distribuição populacional e de nidificação das tartarugas (Bowen *et al.*, 1993) A nidificação das tartarugas cabeçudas estão atreladas às zonas quentes e temperadas. E essas migrações reprodutivas de milhares de quilômetros abrangem o Mar Mediterrâneo e os Oceanos Atlântico, Índico e Pacífico Ocidental. As populações de cabeçudas provavelmente foram isoladas geograficamente ao longo da época mais fria do período Pleistoceno, provocando a migração para as latitudes mais altas pelo sul da África. Portanto, o litoral do Sul da África proporciona um caminho para as migrações transoceânicas Atlântico-Mediterrâneo e Indo-Pacífico, compartilhando informações genéticas entre populações (Bowen *et al.*, 1994). Tartarugas juvenis frequentemente visitam áreas costeiras do Mediterrâneo como Turquia e Itália em rotas migratórias de alimentação (Maffucci; Kooistra; Bentivegna, 2006). Essas rotas para áreas de alimentação do Mediterrâneo são influenciadas pelas correntes marítimas e massas de água (Yilmaz; Turkozan; Bardakci, 2011).

Figura 12. Rede de haplótipos de *Eretmochelys imbricata* para o gene COI

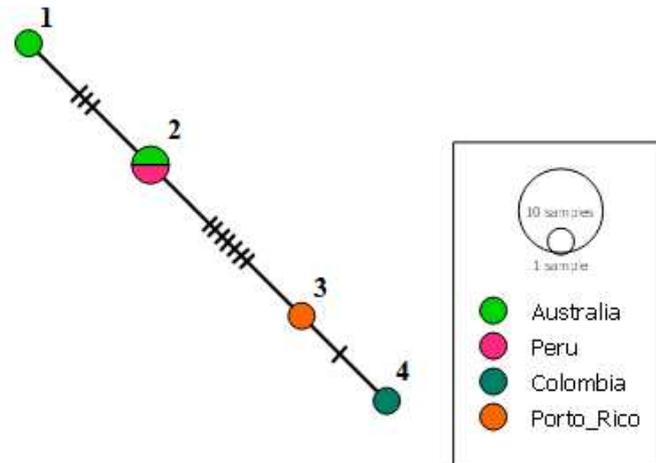
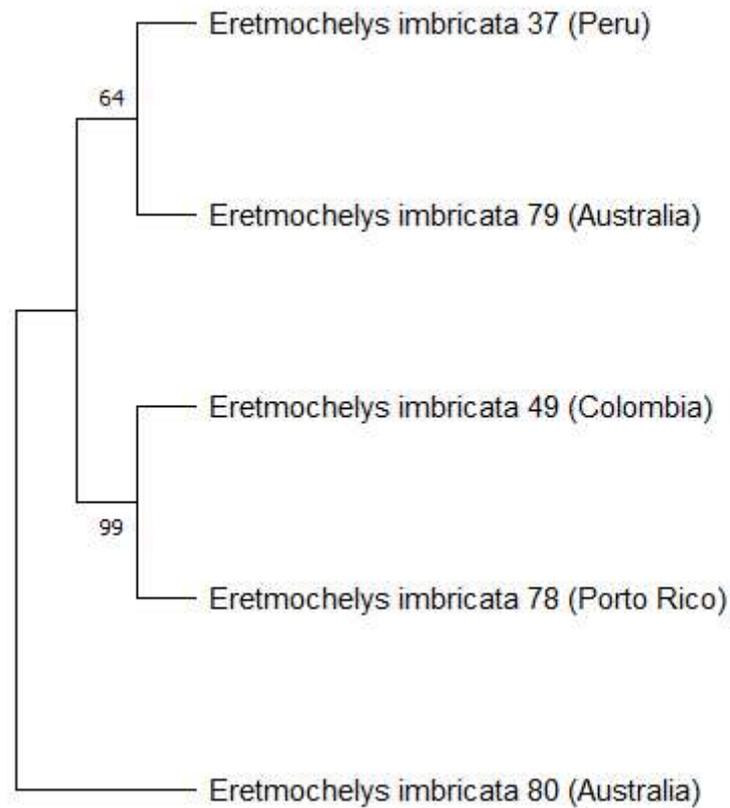


Figura 13. Árvore filogenética de *Eretmochelys imbricata* para o gene COI



Para o gene COI, os resultados mostraram quatro haplótipos divididos de acordo com a similaridade de sequências nucleotídicas.

Haplótipo 1 - Austrália

Haplótipo 2 - Austrália e Peru

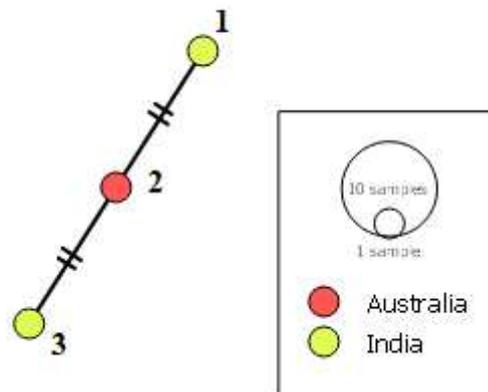
Haplótipo 3 - Porto Rico

Haplótipo 4 - Colômbia

A árvore filogenética apontou proximidades entre as linhagens do Pacífico que estão localizadas na Austrália e Peru. Assim como mostrou conexões entre linhagens do Atlântico, Porto Rico e Colômbia. A segunda sequência da Austrália é mostrada como clado basal, bem como mostram as figuras 12 e 13.

A conexão entre amostras de Austrália e Peru na região do pacífico pode estar associada a migração pelas correntes oceânicas da região (Blumenthal *et al.*, 2009), além da distribuição dos recifes de corais, que podem influenciar as unidades demográficas (Arantes; Vargas; Santos, 2020). A divergência observada entre as linhagens do Atlântico (Colômbia e Peru) e as linhagens do Pacífico (Austrália e Peru) podem estar relacionadas às barreiras geográficas do Atlântico Sul (Duchene *et al.*, 2012), provocando barreiras de fluxo gênico.

Figura 14. Rede de haplótipos de *Lepidochelys olivacea* para o gene COI



Para o gene COI, os resultados mostraram três haplótipos divididos de acordo com a similaridade de sequências nucleotídicas.

Haplótipo 1 - Índia

Haplótipo 2 - Austrália

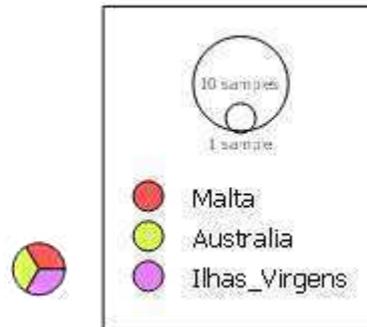
Haplótipo 3 - Índia

Sequências insuficientes para montagem de árvore filogenética

Os resultados da rede de haplótipos de *Lepidochelys olivacea* (figura 14) apontam diferentes agrupamentos para as sequências, que estão distribuídas pelos Oceanos Índico e Pacífico. A espécie possui distribuição pelos Oceanos Índico, Pacífico e Atlântico em zonas

temperadas quentes e zonas tropicais, com comportamento altamente migratório entre áreas de alimentação e nidificação (Bowen *et al.*, 1997). Além disso, possuem colônias de nidificação na Índia e Austrália (Shanker; Pandav; Choudhury, 2004; Whiting *et al.*, 2007). Os resultados sugerem que as linhagens da Índia divergiram de populações da Austrália.

Figura 15. Rede de haplótipos de *Dermochelys coriacea* para o gene COI



Para o gene COI, os resultados mostraram um haplótipo agrupado de acordo com a similaridade de sequências nucleotídicas:

Haplótipo único - Malta, Austrália, Ilhas Virgens (EUA)

Porém, somente três sequências são insuficientes para a montagem da árvore filogenética.

Nota-se que a localização das sequências difere, revelando possível colonização e fluxo gênico. Outra possível explicação a ser apontada se apoia na teoria da lenta taxa de mutação do DNA mitocondrial das tartarugas de couro (Dutton *et al.*, 1999). É necessário maior amostragem para uma análise mais precisa de filogeografia.

4.2 Região nuclear amplificada para o gene BDNF

A partir da análise no GenBank, foram obtidas 45 sequências referentes à região BDNF, das quais as mais frequentes foram para a espécie *Chelonia mydas* com 15 sequências, seguida de *Dermochelys coriacea* com 10. No entanto, foram obtidas poucas sequências para as espécies *Natator depressus* e *Lepidochelys kempii* (Tabela 2).

Tabela 2. Sequências obtidas para o gene BDNF

Espécie	Número de sequências	Localização
<i>Eretmochelys imbricata</i>	4	Estados Unidos (3) e Austrália
<i>Chelonia mydas</i>	15	Brasil (5), Estados Unidos(2), México (2), Israel (5) e Austrália (1)
<i>Caretta caretta</i>	9	Brasil, Austrália, Estados Unidos (3) e Itália (4)
<i>Dermochelys coriacea</i>	10	Estados Unidos (7), Malta, Gabão e Austrália
<i>Lepidochelys olivacea</i>	5	Brasil, Austrália, Gana e Estados Unidos (2)
<i>Lepidochelys kempii</i>	1	Estados Unidos
<i>Natator depressus</i>	1	Austrália

Figura 16. Árvore filogenética das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene BDNF

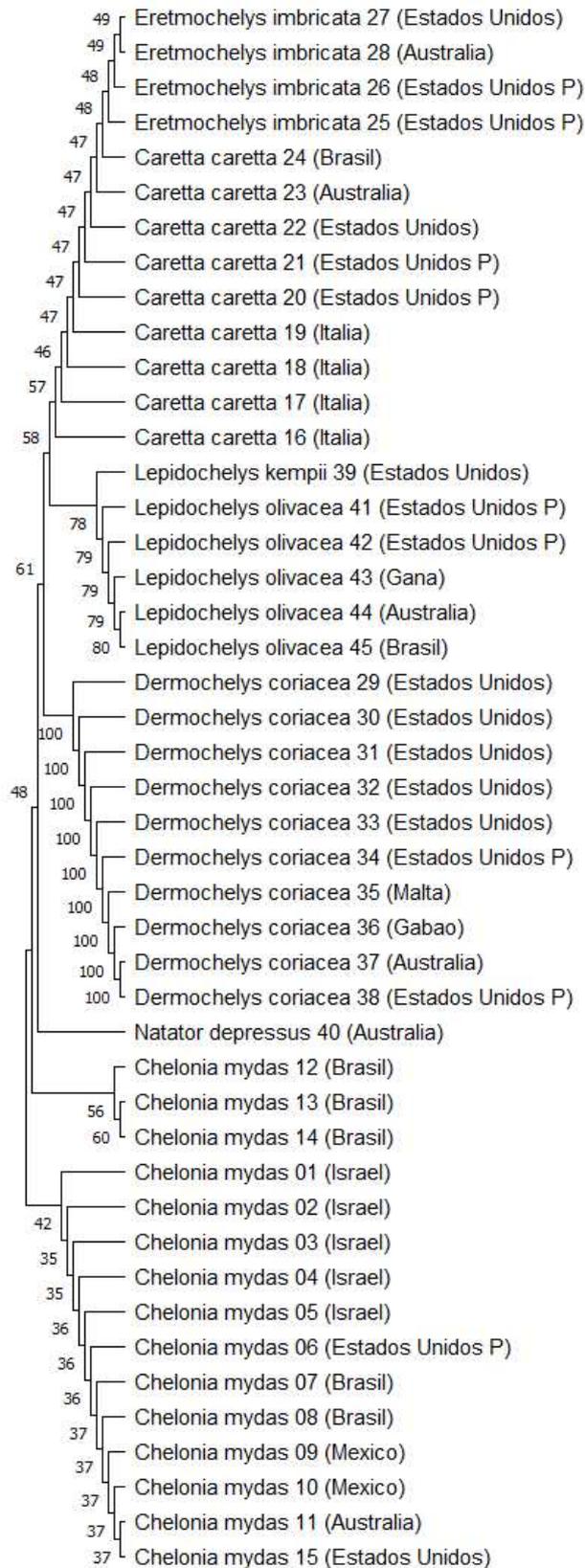
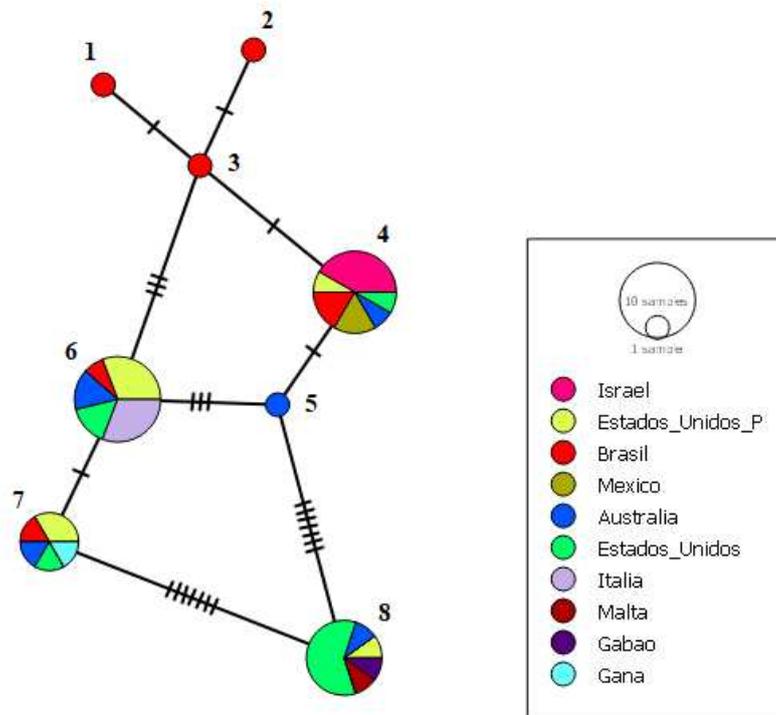


Figura 17. Rede de haplótipos das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene BDNF



Para o gene BDNF, os resultados mostraram oito haplótipos divididos de acordo com a similaridade de sequências nucleotídicas:

Haplótipo 1 - Brasil (*Chelonia mydas*)

Haplótipo 2 - Brasil (*Chelonia mydas*)

Haplótipo 3 - Brasil (*Chelonia mydas*)

Haplótipo 4 - Israel, Brasil, Estados Unidos (Pacífico), México, Austrália, Estados Unidos (*Chelonia mydas*)

Haplótipo 5 - Austrália (*Natator depressus*)

Haplótipo 6 - Itália (CC), Estados Unidos (CC e EI), Estados Unidos P (CC e EI), Austrália e Brasil (CC)

Haplótipo 7 - Brasil (LO), Estados Unidos P (LO), Gana (LO), Austrália (LO), Estados Unidos (LK)

Haplótipo 8 - Estados Unidos P, Gabão, Malta, Austrália, Estados Unidos (*Dermochelys coriacea*)

Os resultados de árvore filogenética se assemelham aos haplótipos de acordo com as proximidades e divisão dos clados. As linhagens de *Eretmochelys imbricata* dos oceanos Atlântico e Pacífico possuem proximidade genética. Além disso, nota-se a conexão de

Eretmochelys imbricata com *Caretta caretta*, *Lepidochelys olivacea* e *Lepidochelys kempii*. *C. caretta* demonstrando proximidade de populações do Atlântico-Mediterrâneo e Indo-Pacífico. *L. olivacea* possuem indivíduos do Atlântico e Pacífico, além de ser táxon-irmão de *L. kempii*. *Dermochelys coriacea* possuem linhagens nos oceanos Atlântico, Mediterrâneo e Pacífico. *Natator depressus* ramificou-se como táxon isolado, porém com proximidade à *Chelonia mydas*, que possui linhagens próximas localizadas nos oceanos Atlântico, Índico e Pacífico (figuras 16 e 17).

Estudos de composição genética indicaram que, a partir de resultados de baixa diversidade de nucleotídeos, algumas populações do Brasil podem estar associados aos dos Estados Unidos a partir da colonização de populações do sul (Reis *et al.*, 2009). Os resultados do presente estudo colocam *Caretta caretta*, *Lepidochelys olivacea*, *Lepidochelys kempii* e *Eretmochelys imbricata* em regiões bem próximas com base no nDNA, corroborando com estudos de Naro-Maciel (2008). A proximidade entre as linhagens de regiões do Atlântico, Mediterrâneo e Pacífico podem ser explicadas pelo comportamento migratório em regiões quentes e temperadas (Bowen *et al.*, 1994)

Natator depressus nidificam exclusivamente regiões ao norte da Austrália, forrageiam regiões ao norte do país, como também o lado leste da Indonésia e lado sul de Nova Guiné (Fitzsimmons *et al.*, 2020). O isolamento de *Natator depressus* nos resultados se deve ao seu endemismo, sendo uma espécie que habita a costa australiana (Theissinger *et al.*, 2008). Sua migração é limitada geograficamente às regiões costeiras mais rasas pelo menos na fase inicial da vida (Walker; Parmenter, 1990).

O resultado filogenético para *Natator depressus* o coloca isolado das outras espécies (figura 16). Anteriormente, essa espécie foi considerada como pertencente ao gênero *Chelonia* (*Chelonia depressa* Garman, 1880), além de ser integrada à tribo Caretteni. Entretanto, estudos recentes defendem a dissociação da espécie a estas classificações e o coloca como espécie *Natator depressus* (Naro-Maciel *et al.*, 2008; Samon *et al.*, 2016). Os resultados filogeográficos e filogenéticos o coloca próximo à *Chelonia mydas*, que já foi relacionado de acordo com estudos moleculares utilizando marcadores mitocondriais por Naro-Maciel (2008).

As mudanças climáticas durante o Pleistoceno afetaram a dinâmica populacional de tartarugas verdes e outros organismos marinhos pela mudança na temperatura, nível do mar e dinâmica da costa (Jensen *et al.*, 2019) O agrupamento de *Chlonia mydas* coloca linhagens do Atlântico e Pacífico no mesmo haplótipo 3 (figura 17). Essas conexões podem estar associadas aos eventos geológicos recentes ou podem estar relacionadas pelo fluxo gênico entre diferentes populações e os acasalamentos podem ocorrer entre indivíduos de diferentes locais durante

migrações (Karl; Bowen; Avise, 1992) Utilizando marcadores nucleares e mitocondriais, Naro-Maciel (2008) estimou a divergência entre as linhagens transoceânicas de tartarugas verdes em 7 milhões de anos, estando temporalmente de acordo com o desaparecimento do Mar de Tétis , que impediu o cruzamento entre populações marinhas do Atlântico e Indo-Pacífico. Além disso, atribui-se a separação geográfica das espécies tropicais às temperaturas baixas das zonas temperadas. Entretanto, estudos recentes utilizando microssatélites e mtDNA revelam linhagens transoceânicas de tartarugas verdes agrupadas entre si (Bourjea *et al.*, 2006).

O gênero *Lepidochelys* engloba as espécies *Lepidochelys olivacea* e *Lepidochelys kempii*, que estão alocadas no subgrupo Carettini, que inclui *Caretta caretta* e *Eretmochelys imbricata* (Naro-Maciel; Fitzsimmons; Amato, 2008), também demonstrado pela árvore filogenética (Figura 17). Especificamente, *L. kempii* é a espécie de tartaruga marinha mais ameaçada no mundo, e sua distribuição está fortemente relacionada à região do Golfo do México, onde está localizada sua área de nidificação, e com algumas populações em outras regiões do Atlântico Norte como o sul do Texas (Bowen *et al.*, 1998; Gredzens; Shaver, 2020). *L. kempii* é a tartaruga mais ameaçada de extinção e seu declínio populacional pode ocasionar a diminuição da variabilidade genética. Estudos sugerem que *L. olivacea* colonizou populações do Atlântico por meio da rota do Cabo da Boa Esperança, no sul da África durante o período final do Pleistoceno e hoje possuem linhagens ao oeste da África e litoral leste da América do Sul (Bowen, 1997; Ferreira *et al.*, 2021).

A tartaruga de couro, *Dermochelys coriacea*, é a única representante da família *Dermochelyidae*. Sua dispersão geográfica compreende regiões do Atlântico, Pacífico, Índico e Mar Mediterrâneo. A maior população da tartaruga de couro está localizada no Atlântico Sul, abrangendo mais de quarenta mil fêmeas que nidificam a costa do Gabão (Witt *et al.*, 2011). As linhagens oriundas da África Ocidental migram para as áreas de forrageamento da América do Sul. Além disso, a identificação de populações de tartarugas de couro nos Estados Unidos possibilita a elaboração de hipóteses de colonização e fluxo gênico. (Dutton *et al.*, 2013).

Tartaruga de pente, *Eretmochelys imbricata*, está agrupada de acordo com o que se refere à tribo *Carettini* (Naro-Maciel, 2008), como pode ser visto na figura 16. Pelas redes de haplótipos, observa-se que está agrupada com *Caretta caretta* em regiões que compreendem o Atlântico e o Pacífico. Dutton (1996), observou essa relação com tartaruga cabeçuda utilizando ND4-LEU tRNA em filogenia molecular. As populações de *E. imbricata* divergiram a partir do fechamento do Istmo do Panamá, na época do Plioceno (Duchene *et al.*, 2012). Visto que as tartarugas de pente estão acostumadas às regiões tropicais, as regiões temperadas são as menos favoráveis para rotas migratórias, provocando divergência genética entre linhagens do Atlântico

e Pacífico pela limitação geográfica do sul da África e América (Arantes; Vargas; Santos, 2020). Entretanto, Vargas (2015), relatou evidências de conexões entre bacias do Atlântico com colônias do Indo-Pacífico.

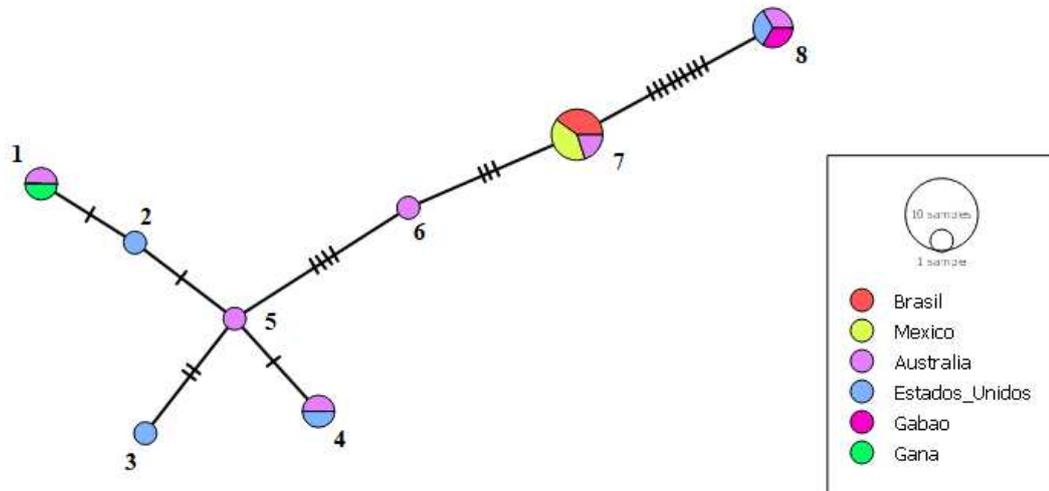
4.3 Região nuclear amplificada pelo gene RAG-1

A partir da análise no GenBank, foram obtidas 16 sequências referentes à região RAG-1, das quais as mais frequentes foram para a espécie *Chelonia mydas* com 5 sequências. Foram obtidas poucas sequências para as sete espécies (Tabela 3).

Tabela 3. Sequências obtidas para o gene RAG-1

Espécie	Número de sequências	Localização
<i>Eretmochelys imbricata</i>	2	Estados Unidos e Austrália
<i>Chelonia mydas</i>	5	Brasil (2), México (2) e Austrália (1)
<i>Caretta caretta</i>	2	Estados Unidos e Austrália
<i>Dermochelys coriacea</i>	3	Estados Unidos, Gabão e Austrália
<i>Lepidochelys olivacea</i>	2	Gana e Austrália
<i>Lepidochelys kempii</i>	1	Estados Unidos
<i>Natator depressus</i>	1	Austrália

Figura 19. Rede de haplótipos das sete espécies de tartarugas marinhas para o gene RAG-1



Os resultados filogeográficos de RAG-1 revelaram oito haplótipos distribuídos pelas bacias do Atlântico e Indo-Pacífico:

Haplótipo 1 - Austrália e Gana (*Lepidochelys olivacea*)

Haplótipo 2 - Estados Unidos (*Lepidochelys kempii*)

Haplótipo 3 - Estados Unidos (*Eretmochelys imbricata*)

Haplótipo 4 - Estados Unidos e Austrália (*Caretta caretta*)

Haplótipo 5 - Austrália (*Eretmochelys imbricata*)

Haplótipo 6 - Austrália (*Natator depressus*)

Haplótipo 7 - Brasil, México e Austrália (*Chelonia mydas*)

Haplótipo 8 - Gabão, Austrália, Estados Unidos P (*Dermochelys coriacea*)

As sequências para RAG-1 foram reunidas em uma árvore filogenética com sequências nucleotídicas levando em conta seus alinhamentos e similaridades entre as sequências (figura 18). *Chelonia mydas* possui linhagens encontradas pelo Atlântico e Pacífico, além disso, observa-se uma proximidade entre *Chelonia mydas* e *Natator depressus*. Linhagens de *Dermochelys coriacea* distribuídas pelo Indo-Pacífico e Atlântico, bem como *Caretta caretta*, que possui uma conexão com o gênero *Lepidochelys*.

A filogenia constata que *Lepidochelys olivacea* é táxon-irmão de *Lepidochelys kempii*. A linhagem de *Eretmochelys* dos Estados Unidos mostra conexões com *Caretta caretta*,

Chelonia mydas e *Lepidochelys olivacea* (grupo Carettini), enquanto a linhagem da Austrália está mais próxima de *Dermochelys* e *Chelonini*.

Os resultados filogenéticos e filogeográficos agrupam e aproximam linhagens do Atlântico e do Indo-Pacífico (figuras 18 e 19). Entretanto, devido às condições climáticas extremamente frias do extremo sul da África, esta foi considerada como uma barreira à dispersão das tartarugas verdes (Bowen *et al.*, 1992). Entretanto, estudos de Zee (2021) sustentam a teoria dos vazamentos de águas quentes que facilitaram a dispersão de populações de tartarugas verdes pelo extremo sul da África. Encalhes de tartarugas foram observados na África, mais especificamente Cidade do Cabo (Atlântico) mas não significa uma situação de nidificação e sim pode estar relacionado à nidificação em regiões próximas, abrindo margem para a possibilidade de ocorrência de fluxo gênico pela rota da África do Sul, explicando dos agrupamentos transoceânicos e um possível fenômeno biológico (Roberts; Schwartz; Karl, 2004).

Assim como BDNF, a filogenia de *Natator depressus* o coloca próximo à *Chelonia mydas*. Estudos anteriores colocaram como gênero *Chelonia* (Garman 1880) ou até mesmo na tribo Carettini (Dutton, 1996). Entretanto, atualmente está agrupada na tribo Chelonini próximo à *Chelonia mydas* (Naro-Maciel, 2008), como mostram os resultados de árvore filogenética. Ao sul da Austrália, nidificam principalmente durante o verão, ao norte a nidificação ocorre no inverno (Limpus, 2007). Ao eclodir, os filhotes não migram por milhares de quilômetros da costa por correntes oceânicas e iniciam seu desenvolvimento até a fase juvenil, elas acabam por migrar pela plataforma continental nerítica, indicando sua distribuição geográfica limitada. (Wildermann *et al.*, 2017; Walker; Parmenter, 1990).

A espécie *Caretta caretta*, de acordo com os resultados da árvore filogenética (Figura 18) está agrupada na tribo Carettini, que abrange, além de *C. caretta*, as espécies *Lepidochelys olivacea*, *Lepidochelys kempii* e *Eretmochelys imbricata*, já estudado em análises moleculares de Dutton (1996) e ratificada por Naro-Maciel (2008).

Com base na rede de haplótipos e localização, acredita-se que houve fluxo gênico entre os oceanos Atlântico e Índico por migrações ao redor do sul da África pelas águas temperadas. Outra explicação para o agrupamento se deve ao isolamento das populações por milhões de anos, e a transferência de material genético após o isolamento resultou na semelhança entre os haplótipos. (Bowen *et al.*, 1994).

A tartaruga de couro, dentre as espécies de tartarugas marinhas, é a mais abrangente do mundo, influenciada pelos recursos climáticos das zonas temperadas (Molfetti *et al.*, 2013). Além disso, sua migração é variada de acordo com a disponibilidade de alimento e temperatura

das águas (Sale *et al.*, 2006). O agrupamento de linhagens do Atlântico com Indo-Pacífico (Haplótipo 8), pode influenciar a hipótese de que as linhagens mais recentes surgiram da região Indo-Pacífico (Dutton *et al.*, 1999). A costa do Gabão é nidificada pela maior população de tartarugas de couro do mundo, porém são escassas as informações sobre o comportamento migratório nesta região (Witt *et al.*, 2011).

Os resultados de haplótipos mostraram bifurcação das sequências de *Eretmochelys imbricata* do Atlântico e do Pacífico, além de divisão evolutiva (Figura 18). A diversidade genética dessas linhagens pode estar relacionada ao processo de divergência das linhagens do Indo-Pacífico, com mudanças nas correntes oceânicas que iniciaram no final do Pleioceno. Além disso, a falta de agrupamento de linhagens do Atlântico e Indo-Pacífico pode indicar que o sul da África representa uma barreira geográfica determinando a diversidade genética da espécie (Vargas *et al.*, 2015).

A árvore filogenética indicou a conexão entre as espécies do gênero *Lepidochelys*, que abrange as espécies *Lepidochelys kempii* e *Lepidochelys olivacea*, agrupamento confirmado por análises moleculares (Naro-Maciel, 2008) e divergência teorizada de acordo com a formação do Istmo do Panamá. *Lepidochelys kempii* são nativas do Golfo do México, com forte comportamento filopátrico nesta área e migração para áreas do Atlântico Norte para desenvolvimento e alimentação (Bowen *et al.*, 1997; Camacho-Sánchez *et al.*, 2022). Os resultados de filogeografia agrupam as tartarugas oliva do Atlântico e Norte. isso pode estar associado à colonização do Atlântico por meio do Cabo da Boa Esperança (África do Sul) (Hughes, 1972).

Os resultados obtidos a partir de uma pesquisa descritiva podem auxiliar na investigação da relação existente entre as variáveis abordadas do campo amostral. Além disso, a pesquisa bibliográfica faz parte dos métodos da pesquisa descritiva a partir de materiais pré-existentes na literatura (Raupp; Brauen, 2006).

Em geral, as análises filogenéticas produziram resultados consistentes àqueles já observados na literatura quanto à similaridade e divisão de clados. As análises filogeográficas revelaram padrões de haplótipos indicando a incidência de migrações transoceânicas intraespecíficas. Os resultados mostraram possíveis colonizações e fluxo gênico influenciados pelas correntes oceânicas e temperatura das águas, influenciando a estruturação genética das espécies. O conjunto de sequências obtidas destacou a escassez de dados para *Lepidochelys kempii* e *Natator depressus*, destacando a necessidade de mais dados para estudos de ecologia, genética e conservação. Além disso, nota-se a necessidade de mais estudos com marcadores nucleares para observação da influência dos machos na filogeografia e para estudos de

hibridização. Os resultados podem auxiliar a biologia da conservação ao definir possíveis rotas de migração e assim traçar estratégias de conservação para espécies ameaçadas e proteção das praias de nidificação.

5 CONCLUSÃO

Os resultados auxiliaram o entendimento da filogenia e comportamento migratório das tartarugas marinhas que estão distribuídas globalmente. O gene COI apresentou o maior número de sequências no banco de dados GenBank, indicando a frequência de seu uso para caracterização genética. Em geral, os genes COI e BDNF mostraram os melhores resultados, indicando a necessidade do uso combinado destes genes para análises filogeográficas e filogenéticas.

REFERÊNCIAS

- ABREU-GROBOIS, A.; PLOTKIN, P. (IUCN SSC Marine Turtle Specialist Group). 2008. *Lepidochelys olivacea*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2008: e.T11534A3292503.<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2008.RLTS.T11534A3292503.en>. Accessed on 16 November 2023.
- ALLARD, Marc W.; MIYAMOTO, Michael M.; BJORNDAL, Karen A.; BOLTEN, Alan B.; BOWEN, Brian W.. Support for Natal Homing in Green Turtles from Mitochondrial DNA Sequences. *Copeia*, [S.L.], v. 1994, n. 1, p. 34, 1 fev. 1994. JSTOR. <http://dx.doi.org/10.2307/1446668>.
- ALLENDORF, Fred W.; LEARY, Robb F.; SPRUELL, Paul; WENBURG, John K.. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends In Ecology & Evolution*, [S.L.], v. 16, n. 11, p. 613-622, nov. 2001. Elsevier BV. [http://dx.doi.org/10.1016/s0169-5347\(01\)02290-x](http://dx.doi.org/10.1016/s0169-5347(01)02290-x).
- ARANTES, Larissa S.; VARGAS, Sarah M.; SANTOS, Fabrício R.. Global phylogeography of the critically endangered hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*). *Genetics And Molecular Biology*, [S.L.], v. 43, n. 2, p. 1-12, 2020. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2019-0264> .
- ARAÚJO, Nilberto Dias de; FARIAS, Rodrigo Pessoa de; PEREIRA, Patrícia Barbosa; FIGUEIRÊDO, Flávia Mota de; MORAIS, Alanna Michely Batista de; SALDANHA, Livina Costa; GABRIEL, Jane Eyre. A ERA DA BIOINFORMÁTICA: seu potencial e suas implicações para as ciências da saúde. *Estudos de Biologia*, [S.L.], v. 30, n. 70/72, p. 143-148, 27 nov. 2008. Pontificia Universidade Catolica do Parana - PUCPR. <http://dx.doi.org/10.7213/reb.v30i70/72.22819>.
- AVISE, J. C.; REEB C. A., Saunders NC. Geographic population structure and species differences in mitochondrial DNA of mouthbrooding marine catfishes (Ariidae) and demersal spawning toadfishes (Batrachoididae). *Evolution*, 41, 1987, 991–1002
- AVISE, J C; BOWEN, B W; LAMB, T; MEYLAN, A B; BERMINGHAM, E. Mitochondrial DNA evolution at a turtle's pace: evidence for low genetic variability and reduced microevolutionary rate in the testudines.. *Molecular Biology And Evolution*, [S.L.], v. 3, n. 9, p. 457-473, maio 1992. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040735>.
- AVISE, J. C.. The history and purview of phylogeography: a personal reflection. *Molecular Ecology*, [S.L.], v. 7, n. 4, p. 371-379, abr. 1998. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00391.x>.
- AVISE, J. C. *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard university press, 2000, 441p.
- BAGDA, Efkan; BARDAKCI, Fevzi; TURKOZAN, Oguz. Lower genetic structuring in mitochondrial DNA than nuclear DNA among the nesting colonies of green turtles (*Chelonia*

mydas) in the Mediterranean. *Biochemical Systematics And Ecology*, [S.L.], v. 43, p. 192-199, ago. 2012. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bse.2012.03.015>.

BATZOGLOU, S.. The many faces of sequence alignment. *Briefings In Bioinformatics*, [S.L.], v. 6, n. 1, p. 6-22, 1 jan. 2005. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/bib/6.1.6>.

BEHEREGARAY, Luciano B.. Twenty years of phylogeography: the state of the field and the challenges for the southern hemisphere. *Molecular Ecology*, [S.L.], v. 17, n. 17, p. 3754-3774, 22 ago. 2008. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03857.x>.

BJORNDAL, K.; JACKSON, J. Roles of sea turtles in marine ecosystems: reconstructing the past. In: LUTZ, P. L.; MUSICK, J. A.; WYNEKEN, J. (org.). **The biology of sea turtles, Vol. II**. CRC Press. Florida, 2003. p. 259-273.

BOURJEA, J.; LAPÈGUE, S.; GAGNEVIN, L.; BRODERICK, D.; MORTIMER, J. A.; CICCIONE, S.; ROOS, D.; TAQUET, C.; GRIZEL, H.. Phylogeography of the green turtle, *Chelonia mydas*, in the Southwest Indian Ocean. *Molecular Ecology*, [S.L.], v. 16, n. 1, p. 175-186, 27 nov. 2006. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2006.03122.x>.

BOWEN, Brian W.; MEYLAN, Anne B.; ROSS, J. Perran; LIMPUS, Colin J.; BALAZS, George H.; AVISE, John C.. GLOBAL POPULATION STRUCTURE AND NATURAL HISTORY OF THE GREEN TURTLE (*CHELONIA MYDAS*) IN TERMS OF MATRIARCHAL PHYLOGENY. *Evolution*, [S.L.], v. 46, n. 4, p. 865-881, ago. 1992. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1558-5646.1992.tb00605.x>.

BOWEN, Brian, et al. "Population Structure of Loggerhead Turtles (*Caretta Caretta*) in the Northwestern Atlantic Ocean and Mediterranean Sea." *Conservation Biology*, vol. 7, no. 4, 1993, pp. 834-44. *JSTOR*, <http://www.jstor.org/stable/2386815>

BOWEN, Brian W.; KAMEZAKI, Naoki; LIMPUS, Colin J.; HUGHES, George R.; MEYLAN, Anne B.; AVISE, John C.. GLOBAL PHYLOGEOGRAPHY OF THE LOGGERHEAD TURTLE (*CARETTA CARETTA*) AS INDICATED BY MITOCHONDRIAL DNA HAPLOTYPES. *Evolution*, [S.L.], v. 48, n. 6, p. 1820-1828, dez. 1994. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1558-5646.1994.tb02217.x>.

BOWEN, B.W.; CLARK, A.M.; ABREU-GROBOIS, F.A.; CHAVES, A.; REICHART, H.A.; FERL, R.J.. Global phylogeography of the ridley sea turtles (*Lepidochelys* spp.) as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Genetica*, [S.L.], v. 101, n. 3, p. 179-189, 1997. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1023/a:1018382415005>.

BOWEN, Brian W.; ROCHA, Luiz A.; TOONEN, Robert J.; KARL, Stephen A.. The origins of tropical marine biodiversity. *Trends In Ecology & Evolution*, [S.L.], v. 28, n. 6, p. 359-366, jun. 2013. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tree.2013.01.018>.

BOWEN, B. W.; KARL, S. A.. Population genetics and phylogeography of sea turtles. *Molecular Ecology*, [S.L.], v. 16, n. 23, p. 4886-4907, 17 out. 2007. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2007.03542.x>.

BOWEN, Brian W.; GAITHER, Michelle R.; DIBATTISTA, Joseph D.; IACCHEI, Matthew; ANDREWS, Kimberly R.; GRANT, W. Stewart; TOONEN, Robert J.; BRIGGS, John C.. Comparative phylogeography of the ocean planet. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences**, [S.L.], v. 113, n. 29, p. 7962-7969, 18 jul. 2016. Proceedings of the National Academy of Sciences. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1602404113>.

BOYLE, M.C.; FITZSIMMONS, N.N.; LIMPUS, C.J.; KELEZ, S.; VELEZ-ZUAZO, X.; WAYCOTT, M.. Evidence for transoceanic migrations by loggerhead sea turtles in the southern Pacific Ocean. **Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences**, [S.L.], v. 276, n. 1664, p. 1993-1999, 4 mar. 2009. The Royal Society. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2008.1931>.

BLUMENTHAL, J. M.; ABREU-GROBOIS, F. A.; AUSTIN, T. J.; BRODERICK, A. C.; BRUFORD, M. W.; COYNE, M. S.; EBANKS-PETRIE, G.; FORMIA, A.; MEYLAN, P. A.; MEYLAN, A. B.. Turtle groups or turtle soup: dispersal patterns of hawksbill turtles in the caribbean. **Molecular Ecology**, [S.L.], v. 18, n. 23, p. 4841-4853, 17 nov. 2009. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2009.04403.x>.

BRITO, Cíntia; VILAÇA, Sibelle Torres; LACERDA, Ana Luzia; MAGGIONI, Rodrigo; MARCOVALDI, Maria Ângela; VÉLEZ-RUBIO, Gabriela; PROIETTI, Maíra Carneiro. Combined use of mitochondrial and nuclear genetic markers further reveal immature marine turtle hybrids along the South Western Atlantic. **Genetics And Molecular Biology**, [S.L.], v. 43, n. 2, p. 1-11, ago. 2020. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2019-0098>.

CAMACHO-SÁNCHEZ, Fátima Yedith; NARVÁEZ-ZAPATA, José Alberto; ACOSTA-SÁNCHEZ, Héctor Hugo; LÓPEZ-HERNÁNDEZ, Martha; LUZARIAGA-NEIRA, Agosto; RODRÍGUEZ-GONZÁLEZ, Herve; AGUIRRE, A. Alonso; REYES-LÓPEZ, Miguel Angel. Molecular Identification and Novel Mitochondrial COI Gene Haplotypes of Nesting Kemp's Ridley Turtles (*Lepidochelys kempii*) in Rancho Nuevo Sanctuary, Mexico. **Diversity**, [S.L.], v. 14, n. 5, p. 390, 14 maio 2022. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/d14050390>.

CARR, A. So Excellent a Fish: A Natural History of Sea Turtles. Charles Scribner's Sons; New York. 1967, 280 pp

CARRERAS, C.; PASCUAL, M.; CARDONA, L.; AGUILAR, A.; MARGARITOUSIS, D.; REES, A.; TURKOZAN, O.; LEVY, Y.; GASITH, A.; AUREGGI, M.. The genetic structure of the loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) in the Mediterranean as revealed by nuclear and mitochondrial DNA and its conservation implications. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 8, n. 4, p. 761-775, 9 nov. 2006. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-006-9224-8>.

CASALE, P.; TUCKER, A.D. 2017. *Caretta caretta* (amended version of 2015 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species 2017*: e.T3897A119333622. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-2.RLTS.T3897A119333622.en>. Accessed on 16 November 2023.

- DAVENPORT, J.. Sustaining Endothermy on a diet of cold jelly: Energetics of the Leatherback Turtle *Dermochelys coriacea*. **British Herpetological Society**, [s. l], v. 62, p. 5-8, 1998.
- DAWNAY, Nick; OGDEN, Rob; MCEWING, Ross; CARVALHO, Gary R.; THORPE, Roger S.. Validation of the barcoding gene COI for use in forensic genetic species identification. **Forensic Science International**, [S.L.], v. 173, n. 1, p. 1-6, nov. 2007. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.09.013>.
- DEEF, Lamiaa Elsayed Mokhtar. Molecular phylogenetics of some endangered turtles reveals new close genetic relationships. **International Journal Of Biology And Chemistry**, [S.L.], v. 16, n. 1, p. 17-32, jun. 2023. Al-Farabi Kazakh National University. <http://dx.doi.org/10.26577/ijbch.2023.v16.i1.02>.
- DEEGAN, Linda A.. Nutrient and Energy Transport between Estuaries and Coastal Marine Ecosystems by Fish Migration. **Canadian Journal Of Fisheries And Aquatic Sciences**, [S.L.], v. 50, n. 1, p. 74-79, 1 jan. 1993. Canadian Science Publishing. <http://dx.doi.org/10.1139/f93-009>.
- DEGRAVE, Wim; MACHADO, Carlos José Saldanha. Bioinformática e Saúde: uma visão geral. **Reciis**, [S.L.], v. 1, n. 2, p. 286-287, 20 dez. 2007. Fundacao Oswaldo Cruz. <http://dx.doi.org/10.3395/reciis.v1i2.sup.97pt>.
- DINIZ, W.J.s.; CANDURI, F.. Bioinformatics: an overview and its applications. **Genetics And Molecular Research**, [S.L.], v. 16, n. 1, p. 1-21, mar. 2017. Genetics and Molecular Research. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16019645>.
- DONKOR, E. S.; NICHOLAS, T. K. D. Dayie; THEOPHILUS, K Adiku. Bioinformatics with basic local alignment search tool (BLAST) and fast alignment (FASTA). **Journal Of Bioinformatics And Sequence Analysis**, [S.L.], v. 6, n. 1, p. 1-6, 30 abr. 2014. Academic Journals. <http://dx.doi.org/10.5897/ijbc2013.0086>.
- DUCHENE, Sebastián; FREY, Amy; ALFARO-NÓÑEZ, Alonzo; DUTTON, Peter H.; GILBERT, M. Thomas P.; MORIN, Phillip A.. Marine turtle mitogenome phylogenetics and evolution. **Molecular Phylogenetics And Evolution**, [S.L.], v. 65, n. 1, p. 241-250, out. 2012. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2012.06.010>.
- DUTTON, Peter H.; RODEN, Suzanne E.; STEWART, Kelly R.; LACASELLA, Erin; TIWARI, Manjula; FORMIA, Angela; THOMÉ, Joao Carlos; LIVINGSTONE, Suzanne R.; ECKERT, Scott; CHACON-CHAVERRI, Didiher. Population stock structure of leatherback turtles (*Dermochelys coriacea*) in the Atlantic revealed using mtDNA and microsatellite markers. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 14, n. 3, p. 625-636, 21 fev. 2013. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-013-0456-0>.
- DUTTON, Peter H.; DAVIS, Scott K.; GUERRA, Trina; OWENS, Dave. Molecular Phylogeny for Marine Turtles Based on Sequences of the ND4-Leucine tRNA and Control Regions of Mitochondrial DNA. **Molecular Phylogenetics And Evolution**, [S.L.], v. 5, n. 3, p. 511-521, jun. 1996. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1006/mpev.1996.0046>.

DUTTON, Peter H.; BOWEN, Brian W.; OWENS, David W.; BARRAGAN, Ana; DAVIS, Scott K.. Global phylogeography of the leatherback turtle (*Dermochelys coriacea*). **Journal Of Zoology**, [S.L.], v. 248, n. 3, p. 397-409, jul. 1999. Wiley.
<http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-7998.1999.tb01038.x>.

DUTTON, Ph; BALAZS, Gh; LEROUX, Ra; MURAKAWA, Skk; ZARATE, P; MARTINES, Ls. Composition of Hawaiian green turtle foraging aggregations: mtDNA evidence for a distinct regional population. **Endangered Species Research**, [S.L.], v. 5, p. 37-44, 13 ago. 2008. Inter-Research Science Center. <http://dx.doi.org/10.3354/esr00101>.

Eschscholtz JF . 1829. *Zoologischer Atlas, enthaltend Abbildungen un Beschreibungen neuer Thierarten, während des Flottcapitains von Kotzebue zweiter Reise um die Welt. 1823–1826 beobacht*. Berlin: G. Reimer.

FERRERA, Alexis; FORMIA, Angela; CIOFI, Claudio; NATALI, Chiara; AGYEKUMHENE, Andrews; ALLMAN, Phil. Genetic structure of olive ridley sea turtles (*Lepidochelys olivacea*) in Ghana, West Africa. **Journal Of Experimental Marine Biology And Ecology**, [S.L.], v. 544, n. 5, p. 1-9, nov. 2021. Elsevier BV.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.jembe.2021.151614>.

FERREIRA, Gabriel da Silva; SANTOS, José Ewerton Felinto dos; MOURA, Joana Cavalcante de; SILVA, Jaqueline dos Santos; SOUSA, Sabrina Sinara Portela de; SILVÉRIO, Michelline Lins. Ação antrópica, conservação e perfil das tartarugas marinhas no Brasil: uma revisão narrativa da literatura. **Research, Society And Development**, [S.L.], v. 11, n. 12, p. 1-16, 25 set. 2022. Research, Society and Development. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i12.35172>.

FITZSIMMONS, Nancy N.; LIMPUS, Colin J.; NORMAN, Janette A.; GOLDIZEN, Alan R.; MILLER, Jeffrey D.; MORITZ, Craig. Philopatry of male marine turtles inferred from mitochondrial DNA markers. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences**, [S.L.], v. 94, n. 16, p. 8912-8917, 5 ago. 1997. Proceedings of the National Academy of Sciences.
<http://dx.doi.org/10.1073/pnas.94.16.8912>.

FITZSIMMONS, Nancy N.; PITTARD, Stewart D.; MCINTYRE, Nathan; JENSEN, Michael P.; GUINEA, Mick; HAMANN, Mark; KENNETT, Rod; LEIS, Brett; LIMPUS, Colin J.; LIMPUS, Duncan J.. Phylogeography, genetic stocks, and conservation implications for an Australian endemic marine turtle. **Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems**, [S.L.], v. 30, n. 3, p. 440-460, 24 jan. 2020. Wiley.
<http://dx.doi.org/10.1002/aqc.3270>.

FORMIA, A.; GODLEY, B.J.; DONTAINE, J.-F.; BRUFORD, M.W.. Mitochondrial DNA diversity and phylogeography of endangered green turtle (*Chelonia mydas*) populations in Africa. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 7, n. 3, p. 353-369, 18 fev. 2006. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-005-9047-z>.

GARCIA, Eric; WRIGHT, Daniel; GATINS, Remy; ROBERTS, May B.; PINHEIRO, Hudson T.; SALAS, Eva; CHEN, Jei-Ying; WINNIKOFF, Jacob R.; BERNARDI, Giacomo. Haplotype network branch diversity, a new metric combining genetic and topological diversity to compare the complexity of haplotype networks. **Plos One**, [S.L.], v. 16, n. 6, p. 1-

5, 30 jun. 2021. Public Library of Science (PLoS).
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0251878>.

Garman S . 1880. On certain species of Chelonioidae. *Bulletin of the Museum of Comparative Zoology at Harvard College*6: 123–126.

GAROFALO, L.; ZACCARONI, A.; SCARAVELLI, D.; INSACCO, G.; ZANGRILLI, M.P.; NOVELLETTO, A.; LORENZINI, R.. Morphology vs Genetics: the hybrid origin of a sea turtle disproved by dna. *Mediterranean Marine Science*, [S.L.], v. 13, n. 2, p. 239-242, 7 set. 2012. National Documentation Centre (EKT). <http://dx.doi.org/10.12681/mms.303>.

GAROFALO, Luisa; MASTROGIACOMO, Angela; CASALE, Paolo; CARLINI, Rossella; ELENI, Claudia; FREGGI, Daniela; GELLI, Donatella; KNITTWEIS, Leyla; MIFSUD, Carmen; MINGOZZI, Toni. Genetic characterization of central Mediterranean stocks of the loggerhead turtle (*Caretta caretta*) using mitochondrial and nuclear markers, and conservation implications. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, [S.L.], v. 23, n. 6, p. 868-884, 8 mar. 2013. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1002/aqc.2338>.

GIL, Antonio Carlos. **Métodos e Técnicas de Pesquisa Social**. São Paulo: Atlas, 2008. 220 p.

GREDZENS, Christian; SHAVER, Donna J.. Satellite Tracking Can Inform Population-Level Dispersal to Foraging Grounds of Post-nesting Kemp’s Ridley Sea Turtles. *Frontiers In Marine Science*, [S.L.], v. 7, n. 3, p. 1-15, 9 jul. 2020. Frontiers Media SA.
<http://dx.doi.org/10.3389/fmars.2020.00559>

GODLEY, B. J.; BRODERICK, A. C.; COLMAN, L. P.; FORMIA, A.; GODFREY, M. H.; HAMANN, M.; NUNO, A.; OMEYER, L. C. M.; PATRÍCIO, A. R.; PHILLOTT, A. D.. Reflections on sea turtle conservation. *Oryx*, [S.L.], v. 54, n. 3, p. 287-289, 23 abr. 2020. Cambridge University Press (CUP). <http://dx.doi.org/10.1017/s0030605320000162>.

HALL, B. G.. Building Phylogenetic Trees from Molecular Data with MEGA. *Molecular Biology And Evolution*, [S.L.], v. 30, n. 5, p. 1229-1235, 13 mar. 2013. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/molbev/mst012>.

HORIIKE, Tokumasa. AN INTRODUCTION TO MOLECULAR PHYLOGENETIC ANALYSIS. *Reviews In Agricultural Science*, [S.L.], v. 4, p. 36-45, 2016. United Graduate School of Agricultural Science. http://dx.doi.org/10.7831/ras.4.0_36.

HUBERT, Nicolas; HANNER, Robert; HOLM, Erling; MANDRAK, Nicholas E.; TAYLOR, Eric; BURRIDGE, Mary; WATKINSON, Douglas; DUMONT, Pierre; CURRY, Allen; BENTZEN, Paul. Identifying Canadian Freshwater Fishes through DNA Barcodes. *Plos One*, [S.L.], v. 3, n. 6, p. 1-8, 18 jun. 2008. Public Library of Science (PLoS).
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0002490>.

HUGHES, George R.. The olive ridley sea-turtle (*Lepidochelys olivacea*) in South-east Africa. *Biological Conservation*, [S.L.], v. 4, n. 2, p. 128-134, jan. 1972. Elsevier BV.
[http://dx.doi.org/10.1016/0006-3207\(72\)90014-6](http://dx.doi.org/10.1016/0006-3207(72)90014-6).

IKEGAME, Tempei; BUNDO, Miki; MURATA, Yui; KASAI, Kiyoto; KATO, Tadafumi; IWAMOTO, Kazuya. DNA methylation of the BDNF gene and its relevance to psychiatric disorders. **Journal Of Human Genetics**, [S.L.], v. 58, n. 7, p. 434-438, 6 jun. 2013. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/jhg.2013.65>.

JENSEN, Michael P.; FITZSIMMONS, Nancy N.; BOURJEA, Jerome; HAMABATA, Tomoko; REECE, Joshua; DUTTON, Peter H.. The evolutionary history and global phylogeography of the green turtle (*Chelonia mydas*). **Journal Of Biogeography**, [S.L.], v. 46, n. 5, p. 860-870, 18 mar. 2019. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/jbi.13483>.

KARL, S A; BOWEN, B W; AVISE, J C. Global population genetic structure and male-mediated gene flow in the green turtle (*Chelonia mydas*): rflp analyses of anonymous nuclear loci. **Genetics**, [S.L.], v. 131, n. 1, p. 163-173, 1 maio 1992. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/genetics/131.1.163>.

KHAN, Nida Tabassum. MEGA - Core of Phylogenetic Analysis in Molecular Evolutionary Genetics. **Journal Of Phylogenetics & Evolutionary Biology**, [S.L.], v. 05, n. 02, p. 1-4, abr. 2017. OMICS Publishing Group. <http://dx.doi.org/10.4172/2329-9002.1000183>.

KOMOROSKE, Lisa M.; JENSEN, Michael P.; STEWART, Kelly R.; SHAMBLIN, Brian M.; DUTTON, Peter H.. Advances in the Application of Genetics in Marine Turtle Biology and Conservation. **Frontiers In Marine Science**, [S.L.], v. 4, p. 1-22, 7 jun. 2017. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fmars.2017.00156>.

KRENZ, James G.; NAYLOR, Gavin J.P.; SHAFFER, H. Bradley; JANZEN, Fredric J.. Molecular phylogenetics and evolution of turtles. **Molecular Phylogenetics And Evolution**, [S.L.], v. 37, n. 1, p. 178-191, out. 2005. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2005.04.027>.

LEE, Patricia L.M.; SCHOFIELD, Gail; HAUGHEY, Rebecca I.; MAZARIS, Antonios D.; HAYS, Graeme C.. A Review of Patterns of Multiple Paternity Across Sea Turtle Rookeries. **Advances In Marine Biology**, [S.L.], p. 1-31, 2018. Elsevier. <http://dx.doi.org/10.1016/bs.amb.2017.09.004>.

LEIGH, Jessica W.; BRYANT, David. Popart: full : feature software for haplotype network construction. **Methods In Ecology And Evolution**, [S.L.], v. 6, n. 9, p. 1110-1116, jul. 2015. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/2041-210x.12410>.

LERAY, Matthieu; KNOWLTON, Nancy; HO, Shian-Lei; NGUYEN, Bryan N.; MACHIDA, Ryuji J.. GenBank is a reliable resource for 21st century biodiversity research. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences**, [S.L.], v. 116, n. 45, p. 22651-22656, 21 out. 2019. Proceedings of the National Academy of Sciences. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1911714116>.

LIMPUS, Colin J.. **A BIOLOGICAL REVIEW OF AUSTRALIAN MARINE TURTLES**. Australia: E Queensland Environmental Protection Agency, 2007. 54 p.

LIMA, E.H.s.M. SEGUNDO LEVANTAMENTO DE ENCALHES DE TARTARUGAS MARINHAS REGISTRADAS PELO PROJETO TAMAR-IBAMA NO LITORAL DO

CEARÁ DURANTE OS ANOS DE 2005 E 2006. In: XII CONGRESSO LATINO-AMERICANO DE CIÊNCIAS DO MAR, 2007, . Florianópolis: S.I., 2007. p. 1-3.

Linnaeus C . 1758. *System Naturae, per Regna Tria Naturae, secundum Classes, Ordines, Genera, Species, cum Characteribus, Differentiis, Synonymis, Locis, Tomus I. Editio Decima, Reformata. [10th edn]* Holimae [Stockholm]: Laurentii Salvi.

Linnaeus C . 1766. *Systema naturae. Editio Duodecima. Reformata. Tomus I, Pars I, Regnum Animale. [12th edn]*. Holmiae [Stockholm]: Laurentii Salvii.

LÓPEZ-BARRERA E. A., REIS E.C., VILAÇA S. T., VARGAS S. M. Genetics and conservation of sea turtles. In: Rguez-Baron JM, Lara-Uc MM and Riosmeena-Rodriguez R (ed) **Advances in research techniques for the study of sea turtles**. 1st edition. Nova Publishers, New York, 2016, 119-163.

LUSCHI, Paolo; BENHAMOU, Simon; GIRARD, Charlotte; CICCIONE, Stephane; ROOS, David; SUDRE, Joël; BENVENUTI, Silvano. Marine Turtles Use Geomagnetic Cues during Open-Sea Homing. **Current Biology**, [S.L.], v. 17, n. 2, p. 126-133, jan. 2007. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2006.11.062>.

LUTCAVAGE, M.E.; PLOTKIN, P.; WITHERINGTON, B. & LUTZ, P.L. 1997. Human impacts on sea turtle survival. Pp. 387-409. In: P.L. Lutz & J.A. Musick (eds.). **The Biology of Sea Turtles, Vol. 1**. CRC Press, Florida. 432p.

MAFFUCCI, F.; KOOISTRA, W.H.C.F.; BENTIVEGNA, F.. Natal origin of loggerhead turtles, *Caretta caretta*, in the neritic habitat off the Italian coasts, Central Mediterranean. **Biological Conservation**, [S.L.], v. 127, n. 2, p. 183-189, jan. 2006. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.biocon.2005.08.009>.

MARCOVALDI, Maria Ângela; MARCOVALDI, Guy Guagni Dei. Marine turtles of Brazil: the history and structure of projeto tamar-ibama. **Biological Conservation**, [S.L.], v. 91, n. 1, p. 35-41, nov. 1999. Elsevier BV. [http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207\(99\)00043-9](http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207(99)00043-9).

MARQUEZ, M.R.. **FAO species catalogue. Vol.11. Sea turtles of the world. An annotated and illustrated catalogue of sea turtle species known to date**. Rome, Italy: Fao, 1990, 86p.

MCCORMACK, John E.; HIRD, Sarah M.; ZELLMER, Amanda J.; CARSTENS, Bryan C.; BRUMFIELD, Robb T.. Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. **Molecular Phylogenetics And Evolution**, [S.L.], v. 66, n. 2, p. 526-538, fev. 2013. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2011.12.007>.

MEYLAN, Anne B.; BOWEN, Brian W.; AVISE, John C.. A Genetic Test of the Natal Homing Versus Social Facilitation Models for Green Turtle Migration. **Science**, [S.L.], v. 248, n. 4956, p. 724-727, 11 maio 1990. American Association for the Advancement of Science (AAAS). <http://dx.doi.org/10.1126/science.2333522>.

MMA. **PORTARIA MMA Nº 148, DE 7 DE JUNHO DE 2022**. Disponível em: <https://in.gov.br/en/web/dou/-/portaria-mma-n-148-de-7-de-junho-de-2022-406272733>. Acesso em: 7 jun. 2022.

MOLFETTI, Érica; VILAÇA, Sibelle Torres; GEORGES, Jean-Yves; PLOT, Virginie; DELCROIX, Eric; SCAO, Rozen Le; LAVERGNE, Anne; BARRIOZ, Sébastien; SANTOS, Fabrício Rodrigues dos; THOISY, Benoît de. Recent Demographic History and Present Fine-Scale Structure in the Northwest Atlantic Leatherback (*Dermochelys coriacea*) Turtle Population. **Plos One**, [S.L.], v. 8, n. 3, p. 1-15, 13 mar. 2013. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0058061>.

MORTIMER, J.A; DONNELLY, M. (IUCN SSC Marine Turtle Specialist Group). 2008. *Eretmochelys imbricata*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2008: e.T8005A12881238.<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2008.RLTS.T8005A12881238.en>. Accessed on 16 November 2023.

MUSICK, J. A.; LIMPUS, C. J. Habitat utilization migration in juvenile sea turtles. In: LUTZ, P. L.; MUSICK, J. A. **The biology of sea turtles, Vol. 1**. CRC Press. Florida, 1997, p. 137- 163.

NARO-MACIEL, Eugenia; LE, Minh; FITZSIMMONS, Nancy N.; AMATO, George. Evolutionary relationships of marine turtles: a molecular phylogeny based on nuclear and mitochondrial genes. **Molecular Phylogenetics And Evolution**, [S.L.], v. 49, n. 2, p. 659-662, nov. 2008. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2008.08.004>.

NARO-MACIEL, Eugenia; REID, Brendan; FITZSIMMONS, Nancy N.; LE, Minh; DESALLE, Rob; AMATO, George. DNA barcodes for globally threatened marine turtles: a registry approach to documenting biodiversity. **Molecular Ecology Resources**, [S.L.], v. 10, n. 2, p. 252-263, 5 fev. 2010. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02747.x>.

PARADIS, Emmanuel. Analysis of haplotype networks: the randomized minimum spanning tree method. **Methods In Ecology And Evolution**, [S.L.], v. 9, n. 5, p. 1308-1317, 8 fev. 2018. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/2041-210x.12969>.

PEARSON, W R; LIPMAN, D J. Improved tools for biological sequence comparison. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences**, [S.L.], v. 85, n. 8, p. 2444-2448, abr. 1988. Proceedings of the National Academy of Sciences. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.85.8.2444>.

PETIT-MARTY, Natalia; VÁZQUEZ-LUIS, Maite; HENDRIKS, Iris E.. Use of the nucleotide diversity in COI mitochondrial gene as an early diagnostic of conservation status of animal species. **Conservation Letters**, [S.L.], v. 14, n. 1, p. 1-7, 26 ago. 2020. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/conl.12756>.

PRITCHARD, P.C.H. and MORTIMER, J.A. Taxonomy, External Morphology and Species Identification. In: Eckert, K.L., Bjorndal, K.A., Abreu-Grobois, F.A. and Donnelly, M., Eds., **Research and Management Techniques for the Conservation of Sea Turtles**, No. 4, IUCN/Species Survival Commission Marine Turtles Specialist Group Publication, Washington DC, 31-48, 1999.

PROIETTI, Maira C.; REISSER, Julia; MARINS, Luis Fernando; RODRIGUEZ-ZARATE, Clara; MARCOVALDI, Maria A.; MONTEIRO, Danielle S.; PATTIARATCHI, Charitha; SECCHI, Eduardo R.. Genetic Structure and Natal Origins of Immature Hawksbill Turtles

(*Eretmochelys imbricata*) in Brazilian Waters. **Plos One**, [S.L.], v. 9, n. 2, p. 1-12, 18 fev. 2014. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0088746>.

PUTMAN, Nathan F.; MANSFIELD, Katherine L.. Direct Evidence of Swimming Demonstrates Active Dispersal in the Sea Turtle “Lost Years”. **Current Biology**, [S.L.], v. 25, n. 9, p. 1221-1227, maio 2015. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2015.03.014>.

RAUPP, F. M.; BRAUEN, I. M.. Metodologia da pesquisa aplicável às Ciências Sociais. In I. M. Beuren (Ed.), *Como Elaborar Trabalhos Monográficos em Contabilidade: Teoria e Prática* (3rd ed., pp. 76-97). São Paulo: Atlas.. 2006

Red List Standards & Petitions Subcommittee. 1996. *Natator depressus* (errata version published in 2022). *The IUCN Red List of Threatened Species* 1996: e.T14363A210612474. Accessed on 16 November 2023.

REIS, Estéfane Cardinot *et al.* CONDIÇÃO DE SAÚDE DAS TARTARUGAS MARINHAS DO LITORAL CENTRO-NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, BRASIL: avaliação sobre a presença de agentes bacterianos, fibropapilomatose e interação com resíduos antropogênicos. **Oecologia Australis**, [S.L.], v. 14, n. 03, p. 756-765, set. 2010. Oecologia Australis. <http://dx.doi.org/10.4257/oeco.2010.1403.11>.

REIS, Estéfane Cardinot; GOLDBERG, Daphne Wrobel. Biologia, ecologia e conservação de tartarugas marinhas. **Mamíferos, Quelônios e Aves, Vol 7**, [S.L.], p. 63-89, 2017. Elsevier. <http://dx.doi.org/10.1016/b978-85-352-7661-9.50004-x>.

REECE, Joshua S.; CASTOE, Todd A.; PARKINSON, Christopher L.. Historical perspectives on population genetics and conservation of three marine turtle species. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 6, n. 2, p. 235-251, mar. 2005. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-004-7821-y>.

REIS, E. C.; SOARES, L. S.; VARGAS, S. M.; SANTOS, F. R.; YOUNG, R. J.; BJORNDAAL, K. A.; BOLTEN, A. B.; LÔBO-HAJDU, G.. Genetic composition, population structure and phylogeography of the loggerhead sea turtle: colonization hypothesis for the brazilian rookeries. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 11, n. 4, p. 1467-1477, 29 ago. 2009. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-009-9975-0>.

RHYMER, Judith M.; SIMBERLOFF, Daniel. EXTINCTION BY HYBRIDIZATION AND INTROGRESSION. **Annual Review Of Ecology And Systematics**, [S.L.], v. 27, n. 1, p. 83-109, nov. 1996. Annual Reviews. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.27.1.83>.

RIZZO, Jeffrey J.; ROUCHKA Eric C. “Review of Phylogenetic Tree Construction.” (2007).

ROBERTS, Mark; SCHWARTZ, Tonia s; A KARL, Stephen. Global Population Genetic Structure and Male-Mediated Gene Flow in the Green Sea Turtle (*Chelonia mydas*): analysis of microsatellite loci. **Genetics**, [S.L.], v. 166, n. 4, p. 1857-1870, 1 abr. 2004. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/genetics/166.4.1857>.

SALMON, Michael; WYNEKEN, Jeanette; HAMANN, Mark; WHITING, Scott. Early growth and development of morphological defenses in post-hatchling flatbacks (*Natator depressus*) and green turtles (*Chelonia mydas*). **Marine And Freshwater Behaviour And**

Physiology, [S.L.], v. 49, n. 6, p. 421-435, 24 out. 2016. Informa UK Limited.
<http://dx.doi.org/10.1080/10236244.2016.1241460>.

SILVA, Valéria R. F. da; MITRAUD, Sylvia F.; FERRAZ, Maria L. C. P.; LIMA, Eduardo H. S. M.; MELO, Maria Thereza D.; SANTOS, Armando J. B.; SILVA, Augusto César C. D. da; CASTILHOS, Jaqueline C. de; BATISTA, Jamyle A. F.; LOPEZ, Gustavo G.. Adaptive threat management framework: integrating people and turtles. **Environment, Development And Sustainability**, [S.L.], v. 18, n. 6, p. 1541-1558, 6 out. 2015. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10668-015-9716-0>.

SOHPAL, Vipin Kumar; DEY, Apurba; SINGH, Amarpal. MEGA biocentric software for sequence and phylogenetic analysis: a review. **International Journal Of Bioinformatics Research And Applications**, [S.L.], v. 6, n. 3, p. 230, 2010. Inderscience Publishers.
<http://dx.doi.org/10.1504/ijbra.2010.034072>.

SALE, Alessandro; LUSCHI, Paolo; MENCACCI, Resi; LAMBARDI, Paolo; HUGHES, George R.; HAYS, Graeme C.; BENVENUTI, Silvano; PAPI, Floriano. Long-term monitoring of leatherback turtle diving behaviour during oceanic movements. **Journal Of Experimental Marine Biology And Ecology**, [S.L.], v. 328, n. 2, p. 197-210, jan. 2006. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jembe.2005.07.006>.

SEMINOFF, J.A. (Southwest Fisheries Science Center, U.S.). 2004. *Chelonia mydas*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2004: e.T4615A11037468.
<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2004.RLTS.T4615A11037468.en>. Accessed on 16 November 2023.

SHANKER, Kartik; PANDAV, Bivash; CHOUDHURY, B.C.. An assessment of the olive ridley turtle (*Lepidochelys olivacea*) nesting population in Orissa, India. **Biological Conservation**, [S.L.], v. 115, n. 1, p. 149-160, jan. 2004. Elsevier BV.
[http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207\(03\)00104-6](http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207(03)00104-6).

SPOTILA J. R. . Sea turtles – a complete guide to their biology, behavior and conservation. The Jond Hopkins University Press., 2004 227 p.

STUBBS, Jessica L.; MITCHELL, Nicola J.; MARN, Nina; VANDERKLIFT, Mathew A.; PILLANS, Richard D.; AUGUSTINE, Starrlight. A full life cycle Dynamic Energy Budget (DEB) model for the green sea turtle (*Chelonia mydas*) fitted to data on embryonic development. **Journal Of Sea Research**, [S.L.], v. 143, p. 78-88, jan. 2019. Elsevier BV.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.seares.2018.06.012>.

TAMURA, Koichiro; STECHER, Glen; KUMAR, Sudhir. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. **Molecular Biology And Evolution**, [S.L.], v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 23 abr. 2021. Oxford University Press (OUP).
<http://dx.doi.org/10.1093/molbev/msab120>.

THEISSINGER, Kathrin; FITZSIMMONS, N. N.; LIMPUS, C. J.; PARMENTER, C. J.; PHILLOTT, A. D.. Mating system, multiple paternity and effective population size in the endemic flatback turtle (*Natator depressus*) in Australia. **Conservation Genetics**, [S.L.], v. 10, n. 2, p. 329-346, 13 abr. 2008. Springer Science and Business Media LLC.
<http://dx.doi.org/10.1007/s10592-008-9583-4>.

TIKOCHINSKI, Y.; BENDELAC, R.; BARASH, A.; DAYA, A.; LEVY, Y.; FRIEDMANN, A.. Mitochondrial DNA STR analysis as a tool for studying the green sea turtle (*Chelonia mydas*) populations: the mediterranean sea case study. **Marine Genomics**, [S.L.], v. 6, p. 17-24, jun. 2012. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.margen.2012.01.002>.

VARGAS, Sarah M.; JENSEN, Michael P.; HO, Simon Y. W.; MOBARAKI, Asghar; BRODERICK, Damien; MORTIMER, Jeanne A.; WHITING, Scott D.; MILLER, Jeff; PRINCE, Robert I. T.; BELL, Ian P.. Phylogeography, Genetic Diversity, and Management Units of Hawksbill Turtles in the Indo-Pacific. **Journal Of Heredity**, [S.L.], v. 107, n. 3, p. 199-213, 27 nov. 2015. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/jhered/esv091>.

VILAÇA, Sibelle T.; VARGAS, Sarah M.; LARA-RUIZ, Paula; MOLFETTI, Érica; REIS, Estéfane C.; LÔBO-HAJDU, Gisele; SOARES, Luciano S.; SANTOS, Fabrício R.. Nuclear markers reveal a complex introgression pattern among marine turtle species on the Brazilian coast. **Molecular Ecology**, [S.L.], v. 21, n. 17, p. 4300-4312, 11 jul. 2012. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2012.05685.x>.

VILAÇA, Sibelle Torres; SANTOS, Fabricio Rodrigues dos. Molecular Data for the Sea Turtle Population in Brazil. **Dataset Papers In Science**, [S.L.], v. 2013, p. 1-7, 22 ago. 2013. Hindawi Limited. <http://dx.doi.org/10.1155/2013/196492>.

VILAÇA, S.T.; LARA-RUIZ, P.; MARCOVALDI, M.A.; SOARES, L.s.; SANTOS, F.R.. Population origin and historical demography in hawksbill (*Eretmochelys imbricata*) feeding and nesting aggregates from Brazil. **Journal Of Experimental Marine Biology And Ecology**, [S.L.], v. 446, p. 334-344, ago. 2013. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jembe.2013.06.004>.

VILAÇA, Sibelle T.; MAROSO, Francesco; LARA, Paulo; THOISY, Benoit de; CHEVALLIER, Damien; ARANTES, Larissa Souza; SANTOS, Fabricio R.; BERTORELLE, Giorgio; MAZZONI, Camila J.. Evidence of backcross inviability and mitochondrial DNA paternal leakage in sea turtle hybrids. **Molecular Ecology**, [S.L.], v. 32, n. 3, p. 628-643, 23 nov. 2022. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/mec.16773>.

WALKER, T. A.; PARMENTER, C. J.. Absence of a Pelagic Phase in the Life Cycle of the Flatback Turtle, *Natator depressa* (Garman). **Journal Of Biogeography**, [S.L.], v. 17, n. 3, p. 275, maio 1990. JSTOR. <http://dx.doi.org/10.2307/2845123>.

WALKER, T. A.; PARMENTER, C. J.. Absence of a Pelagic Phase in the Life Cycle of the Flatback Turtle, *Natator depressa* (Garman). **Journal Of Biogeography**, [S.L.], v. 17, n. 3, p. 275, maio 1990. JSTOR. <http://dx.doi.org/10.2307/2845123>.

WALLACE, Bryan P.; DIMATTEO, Andrew D.; HURLEY, Brendan J.; FINKBEINER, Elena M.; BOLTEN, Alan B.; CHALOUKKA, Milani Y.; HUTCHINSON, Brian J.; ABREU-GROBOIS, F. Alberto; AMOROCHO, Diego; BJORN DAL, Karen A.. Regional Management Units for Marine Turtles: a novel framework for prioritizing conservation and research across multiple scales. **Plos One**, [S.L.], v. 5, n. 12, p. 1-11, 17 dez. 2010. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0015465>.

WALLACE, Bryan P.; DIMATTEO, Andrew D.; BOLTEN, Alan B.; CHALOUPKA, Milani Y.; HUTCHINSON, Brian J.; ABREU-GROBOIS, F. Alberto; MORTIMER, Jeanne A.; SEMINOFF, Jeffrey A.; AMOROCHO, Diego; BJORNDAL, Karen A.. Global Conservation Priorities for Marine Turtles. **Plos One**, [S.L.], v. 6, n. 9, p. 1-14, 28 set. 2011. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0024510>.

Wallace, B.P., Tiwari, M. & Girondot, M. 2013. *Dermochelys coriacea*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2013: e. T6494A43526147. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2013-2.RLTS.T6494A4352614> en. Accessed on 16 November 2023.

WHEELER, Travis J.; KECECIOGLU, John D.. Multiple alignment by aligning alignments. **Bioinformatics**, [S.L.], v. 23, n. 13, p. 559-568, 1 jul. 2007. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btm226>.

WHITING, Scott D.; LONG, John L.; HADDEN, Kate M.; LAUDER, Anderson D. K.; KOCH, Andrea U.. Insights into size, seasonality and biology of a nesting population of the Olive Ridley turtle in northern Australia. **Wildlife Research**, [S.L.], v. 34, n. 3, p. 200, 2007. CSIRO Publishing. <http://dx.doi.org/10.1071/wr06131>.

WIBBELS, T.; BEVAN, E. 2019. *Lepidochelys kempii* (errata version published in 2019). *The IUCN Red List of Threatened Species* 2019: e.T11533A155057916. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T11533A155057916>.en. Accessed on 16 November 2023.

WILDERMANN, Natalie; CRITCHELL, Kay; FUENTES, Mariana M. P. B.; LIMPUS, Colin J.; WOLANSKI, Eric; HAMANN, Mark. Does behaviour affect the dispersal of flatback post-hatchlings in the Great Barrier Reef? **Royal Society Open Science**, [S.L.], v. 4, n. 5, p. 170164, maio 2017. The Royal Society. <http://dx.doi.org/10.1098/rsos.170164>.

WITT, Matthew J.; BONGUNO, Eric Augowet; BRODERICK, Annette C.; COYNE, Michael S.; FORMIA, Angela; GIBUDI, Alain; MOUNGUENGUI, Gil Avery Mounquengui; MOUSSOUNDA, Carine; NSAFU, Monique; NOUGESSONO, Solange. Tracking leatherback turtles from the world's largest rookery: assessing threats across the south atlantic. **Proceedings Of The Royal Society B: Biological Sciences**, [S.L.], v. 278, n. 1716, p. 2338-2347, 5 jan. 2011. The Royal Society. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2010.2467>.

YILMAZ, Can; TURKOZAN, Oguz; BARDAKCI, Fevzi. Genetic structure of loggerhead turtle (*Caretta caretta*) populations in Turkey. **Biochemical Systematics And Ecology**, [S.L.], v. 39, n. 4-6, p. 266-276, ago. 2011. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bse.2011.08.018>.

ZEE, Jurjan P. van Der; CHRISTIANEN, Marjolijn J. A.; BÉRUBÉ, Martine; NAVA, Mabel; SCHUT, Kaj; HUMBER, Frances; ALFARO-NÓÑEZ, Alonzo; BECKING, Leontine E.; PALSBOÛLL, Per J.. The population genomic structure of green turtles (*Chelonia mydas*) suggests a warm-water corridor for tropical marine fauna between the Atlantic and Indian oceans during the last interglacial. **Heredity**, [S.L.], v. 127, n. 6, p. 510-521, 11 out. 2021. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41437-021-00475-0>.

APÊNDICE A – NÚMERO DE ACESSO AOS DADOS DO GENBANK

Tabela 4. Número de acesso para as sequências do gene COI

ESPÉCIE	Nº DE ACESSO	LOCAL	ANO
<i>Chelonia mydas</i>	MW996701.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996702.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996703.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996704.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996705.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996706.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996707.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996708.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996709.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996710.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996711.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996712.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996713.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996714.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996715.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996716.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996717.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996718.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996719.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996720.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996721.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996722.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996723.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996724.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MW996725.1	México	2021
<i>Chelonia mydas</i>	EU600157.1	China	2008
<i>Chelonia mydas</i>	EU600158.1	China	2008
<i>Chelonia mydas</i>	MN124278.1	Quênia	2020
<i>Chelonia mydas</i>	iGQ152877.1	Austrália	2016

<i>Chelonia mydas</i>	GQ152877.1	Austrália	2016
<i>Chelonia mydas</i>	GQ152877.1	Austrália	2016
<i>Chelonia mydas</i>	GQ152877.1	Austrália	2016
<i>Chelonia mydas</i>	GQ152877.1	Estados Unidos	2016
<i>Chelonia mydas</i>	KF894757.1	India	2013
<i>Chelonia mydas</i>	KF894758.1	India	2013
<i>Caretta caretta</i>	MN124279.1	Quênia	2020
<i>Caretta caretta</i>	KX241539.1	Itália	2017
<i>Caretta caretta</i>	GQ152889.1	Estados Unidos	2016
<i>Caretta caretta</i>	GQ152888.1	Austrália	2016
<i>Caretta caretta</i>	KP136711.1	Turquia	2015
<i>Caretta caretta</i>	KP136712.1	Turquia	2015
<i>Lepidochelys olivacea</i>	GQ152890.1	Austrália	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	KF894766.1	India	2013
<i>Lepidochelys olivacea</i>	KF894766.1	India	2013
<i>Dermochelys coriacea</i>	MH273769.1	Ilhas Virgens	2022
<i>Dermochelys coriacea</i>	GQ152876.1	Austrália	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	KU883273.1	Malta	2017
<i>Eretmochelys imbricata</i>	GQ152885.1	Austrália	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	GQ152886.1	Austrália	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	KU254594.1	Peru	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	JX571763.1	Colômbia	2014
<i>Eretmochelys</i>	GQ152887.1	Porto Rico	2016

imbricata

Tabela 5. Número de acesso para as sequências do gene BDNF

ESPÉCIE	Nº DE ACESSO	LOCAL	ANO
<i>Chelonia mydas</i>	XM 027830121.3	Israel	2021
<i>Chelonia mydas</i>	XM 007067914.3	Israel	2021
<i>Chelonia mydas</i>	XM 043549577.1	Israel	2021
<i>Chelonia mydas</i>	XM 043549576.1	Israel	2021
<i>Chelonia mydas</i>	XM 043549575.1	Israel	2021
<i>Chelonia mydas</i>	MT958899.1	Estados Unidos	2021
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039943.1	Brasil	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039950.1	Brasil	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039936.1	México	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039929.1	México	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039922.1	Austrália	2016
<i>Chelonia mydas</i>	JF415094.1	Brasil	2012
<i>Chelonia mydas</i>	JF415095.1	Brasil	2012
<i>Chelonia mydas</i>	JF415096.1	Brasil	2012
<i>Chelonia mydas</i>	GU085548.1	Estados Unidos	2010
<i>Caretta caretta</i>	XM 048855123.1	Itália	2022
<i>Caretta caretta</i>	XM 048855123.1	Itália	2022
<i>Caretta caretta</i>	XM 048855123.1	Itália	2022
<i>Caretta caretta</i>	XM 048855123.1	Itália	2022
<i>Caretta caretta</i>	MT958904.1	Estados Unidos	2021
<i>Caretta caretta</i>	MT958902.1	Estados Unidos	2021
<i>Caretta caretta</i>	FJ009029.1	Estados Unidos	2021
<i>Caretta caretta</i>	FJ009022.1	Austrália	2016
<i>Caretta caretta</i>	JF415092.1	Brasil	2012
<i>Eretmochelys imbricata</i>	MT958905.1	Estados Unidos	2021
<i>Eretmochelys imbricata</i>	MT958903.1	Estados Unidos	2021

<i>Eretmochelys imbricata</i>	FJ039972.1	Estados Unidos	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	FJ039965.1	Austrália	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	XM 038406183.2	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	XM 038406184.2	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	XM 038406185.2	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	XM 038406186.2	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	XM 038406188.2	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	MT958850.1	Estados Unidos	2021
<i>Dermochelys coriacea</i>	KU883274.1	Malta	2017
<i>Dermochelys coriacea</i>	FJ039915.1	Gabão	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	FJ039908.1	Austrália	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	GU085551.1	Estados Unidos	2010
<i>Natator depressus</i>	FJ039957.1	Austrália	2016
<i>Lepidochelys kempii</i>	FJ039993.1	Estados Unidos	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	MT958900.1	Estados Unidos	2021
<i>Lepidochelys</i>	MT958901.1	Estados Unidos	2021

<i>olivacea</i>			
<i>Lepidochelys olivacea</i>	FJ039986.1	Gana	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	FJ039979.1	Austrália	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	JF415093.1	Brasil	2016

Tabela 6. Número de acesso para as sequências do gene RAG-1

ESPÉCIE	Nº DE ACESSO	LOCAL	ANO
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039953.1	Brasil	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039946.1	Brasil	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039939.1	México	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039932.1	México	2016
<i>Chelonia mydas</i>	FJ039925.1	Austrália	2016
<i>Caretta caretta</i>	FJ009032.1	Estados Unidos	2016
<i>Caretta caretta</i>	FJ009025.1	Austrália	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	FJ039975.1	Estados Unidos	2016
<i>Eretmochelys imbricata</i>	FJ039968.1	Austrália	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	FJ039918.1	Gabão	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	FJ039911.1	Austrália	2016
<i>Dermochelys coriacea</i>	GU085671.1	Estados Unidos	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	FJ039989.1	Gana	2016
<i>Lepidochelys olivacea</i>	FJ039982.1	Austrália	2016
<i>Lepidochelys kempii</i>	FJ039996.1	Estados Unidos	2016

<i>Natator depressus</i>	FJ039961.1	Austrália	2016
--------------------------	------------	-----------	------
