

LIBRO DE RESÚMENES



IX Jornadas - X Reunión de Investigación y Conservación
de Tortugas Marinas en el Atlántico Sur Occidental

#ASO2023 LA PALOMA - ROCHA - URUGUAY

Libro de resúmenes de las IX Jornadas de Conservación e Investigación de Tortugas Marinas en el Atlántico Sur Occidental

20 años de nuestra RED

4 al 7 de noviembre de 2023, La Paloma, Rocha, Uruguay.

Compiladoras:
Gabriela M. Vélez-Rubio, Sofía Stanley y Laura Prosdocimi

¿Cómo citar este Libro de resúmenes?

Vélez-Rubio GM, Stanley S, Prosdocimi L (2025) Libro de resúmenes de las IX Jornadas de Conservación e Investigación de Tortugas Marinas en el Atlántico Sur Occidental. La Paloma, Rocha (Uruguay).

¿Cómo citar un resumen de este Libro?

Autor (apellido, seguido de las iniciales del nombre), Autor (apellido, seguido de las iniciales del nombre) (2025) Titulo del resumen. En: Vélez-Rubio GM, et al. (Eds.) *Libro de resúmenes de las IX Jornadas de Conservación e Investigación de Tortugas Marinas en el Atlántico Sur Occidental*. La Paloma, Rocha (Uruguay).

equipe. Por isto, este trabalho apresenta o desenvolvimento de uma plataforma interativa que possibilita a obtenção de produtos visuais, a partir dos filtros determinados pelos usuários. O objetivo deste trabalho é elaborar a Plataforma de Informações Espaciais do NEMA (PIE-NEMA) para facilitar a análise e o compartilhamento dos dados de monitoramento de praia, permitindo a disponibilização de informações, como: mapas, gráficos e tabelas, a partir da criação de uma interface gráfica simples e didática.

Metodologia

A área de estudo (Fig. 1) compreende a mesma área do monitoramento de praia realizado pelo NEMA. Os monitoramentos de praia do litoral sul do RS ocorrem entre a Barra da Lagoa do Peixe ($31^{\circ}20' S / 51^{\circ}05' W$) até a Barra do Arroio Chuí ($33^{\circ}45' S / 53^{\circ}22' W$) percorrendo um total de 355 km de praia mensalmente.

Para facilitar a realização de consultas, a equipe do NEMA elaborou um modelo lógico para representar o BD-NEMA. A modelagem foi desenvolvida no software MySQL Workbench em 2015. Portanto, com as modificações aplicadas ao longo do tempo, este trabalho revisou e atualizou o modelo lógico.

Durante o processo de desenvolvimento, foi necessário determinar os resultados esperados pela equipe do NEMA. Contudo, foram definidos os produtos mais utilizados para analisar a dinâmica espaço-temporal dos encalhes de tartarugas marinhas, determinando tabelas, gráficos e mapas, como resultados visuais da PIE-NEMA. Com esta definição, foram implementadas visões no BD-NEMA por meio de scripts em linguagem SQL.

Para a análise de dados e elaboração de gráficos e mapas, foi utilizado o software R (R Core Team 2017). Além do programa R, o software RStudio foi utilizado como complementar às práticas da PIE-NEMA. A interface gráfica da PIE-NEMA foi desenvolvida por meio do pacote Shiny, dentro do software RStudio.

O processo de construção da PIE-NEMA se deu pela criação dos produtos como figuras estáticas. Posteriormente, os produtos foram adicionados no servidor e transformados em versões online e dinâmicas, disponíveis para os usuários.

Resultados e discussão

A atualização do modelo lógico do BD-NEMA facilitou a elaboração de consultas e visões. Portanto, o consideramos como o primeiro resultado obtido no desenvolvimento da PIE-NEMA.

Segundo Heuser, 1998 “O processo de modelagem lógica é adequado para a construção de um novo banco de dados.”. Entretanto, esse processo também pode ser atribuído a um desenvolvimento que englobe os dados já armazenados em um banco de dados e o processo de compartilhamento dos mesmos na web, como na construção da PIE-NEMA.

A modelagem lógica descreve e representa a estrutura de dados de um banco de dados, conforme vista pelo usuário do SGBD (Heuser 1998). O modelo lógico do BD-NEMA possibilitou a análise dos dados que foram inseridos na PIE-NEMA e, a partir desse processo, podemos garantir a consistência dos produtos disponíveis.

A plataforma (Fig. 2) apresenta gráficos, mapas e tabelas, como produtos disponíveis aos usuários. Na área dos mapas, há um sistema de filtragem com dois filtros disponíveis para o usuário. Também, disponibilizou-se quatro camadas espaciais que apresentam dados de densidade, percursos de monitoramento nas linhas de costa e pontos de ocorrências das tartarugas marinhas.

Já na área dos gráficos, também há um sistema de filtragem com quatro filtros disponíveis. Ademais, para contemplar diversas informações, a PIE-NEMA apresenta seis temáticas disponíveis para a formação dos histogramas. Desta forma, é possível verificar dados de encalhes por ano e por mês, o número de registros por espécie, entre outros.

Por fim, ainda na área dos gráficos, a PIE-NEMA disponibiliza uma tabela para download. Esse resultado é dependente dos filtros disponibilizados para os gráficos e possibilita que o usuário escolha a quantidade de registros presentes na tabela. O download é feito em .csv.

Duas vantagens tornam o software R muito popular. O fato de ter código aberto possibilita que qualquer pessoa tenha acesso gratuito. Ademais, trata-se de um programa altamente extensivo, ou seja, pode ser utilizado para realizar qualquer atividade computacional, desde que haja compatibilidade. Isto porque, trata-se de um ambiente de desenvolvimento integrado que utiliza a linguagem de programação R e apresenta uma interface gráfica didática e funcional.

A utilização do pacote Shiny possui, como uma das grandes vantagens, a disponibilização de dezenas de modelos para aplicação no desenvolvimento das interfaces. Esse pacote facilita a construção de aplicativos interativos na web, diretamente pelo R, em um ambiente com enfoque total para o desenvolvimento de aplicações (Konrath et al. 2018).

Conclui-se então, que a construção de uma plataforma online de informações espaciais foi eficaz para a disponibilização dos dados de monitoramento de praia do NEMA. O processo realizado cumpriu com o objetivo de facilitar a aquisição dos dados armazenados do BD-NEMA. Além de otimizar o processo de compartilhamento de dados para gestores ambientais, a fim de auxiliar na conservação das tartarugas marinhas.

Referências

- Bugoni, L; Krause, L; Petry M.V. 2003. Diet of sea turtles in southern Brazil. *Chelonian Conserv. and Biol.*, 4: 685-688.
- Castello, J.P.; Haimovici, M; Odebrecht, C; Vooren, C.M. 1998. A plataforma e o talude continental. Páginas 189-197 in U. Seeliger, C. Odebrecht e J.P. Castello (Eds.). Os ecossistemas costeiro e marinho do extremo sul do Brasil. Ecoscientia, Rio Grande
- Gandra, T.B.R; Estima, S.C; Monteiro, D.S; Silva, T.S.DA. 2005. Sistema de Informações Geográficas: uma ferramenta para conservação das tartarugas marinhas (NEMA, Ed.) II Jornada de Conservação e Pesquisa de Tartarugas Marinhas no Atlântico Sul Ocidental.
- Gandra, T.B.R; Suita, M.G.R; Araújo, T.G.DE; Silva, K.G.D. 2015. Projeto Pinípedes do Sul: uma metodologia de análise integrada através de Sistemas de Informações Georeferenciadas (SIG). Centro Acadêmico de Oceanologia (CAOC).
- Haimovici, M; Castello, J.P; Vooren, C.M. 1998. Pescarias. Páginas 205-218 in U. Seeliger, C. Odebrecht e J. P. Castello (Eds.). Os ecossistemas costeiro e marinho do extremo sul do Brasil. Ecoscientia, Rio Grande.
- Heuser, C. 1998. Projeto de Banco de Dados. Porto Alegre Sagra Luzzatto, [s. l.], v. 14, p. 282.
- Ibama, CEPERG. 2008. Desembarque de pescado no Rio Grande do Sul: 2007. Rio Grande: IBAMA/CEPERG.
- Konrath, A.C. et al. 2018. Desenvolvimento de Aplicativos Web Com R e Shiny: inovações no ensino de Estatística. Abakós, [s. l.], v. 6, n. 2, p. 55–71.
- Marcovaldi, M.A; Marcovaldi, G.G.D. 1999. Marine Turtles of Brazil: the History and Structure of Projeto TAMAR-IBAMA. *Biological Conservation*, vol. 91, pp. 35-41.

Monteiro, D.S; Estima, S.C; Gandra T.B.R; Silva, A.P; Bugoni, L; Swimmer, Y; Seminoff, J.A; Secchi, E.R. 2016. Long-term spatial and temporal patterns of sea turtle strandings in southern Brazil. Mar Biol 163: 247.

R Core Team. R. 2017. A Language and Environment for Statistical Computing, v. 2 E-book.

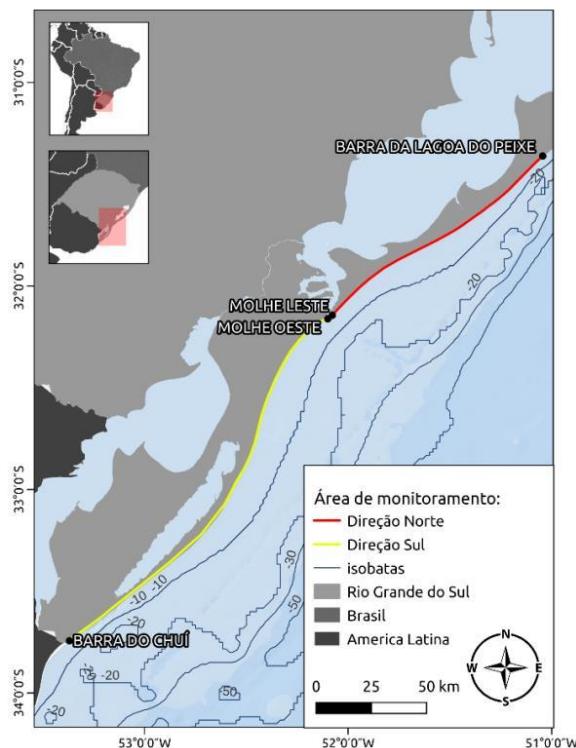


Figura 1. Área de estudo do trabalho.

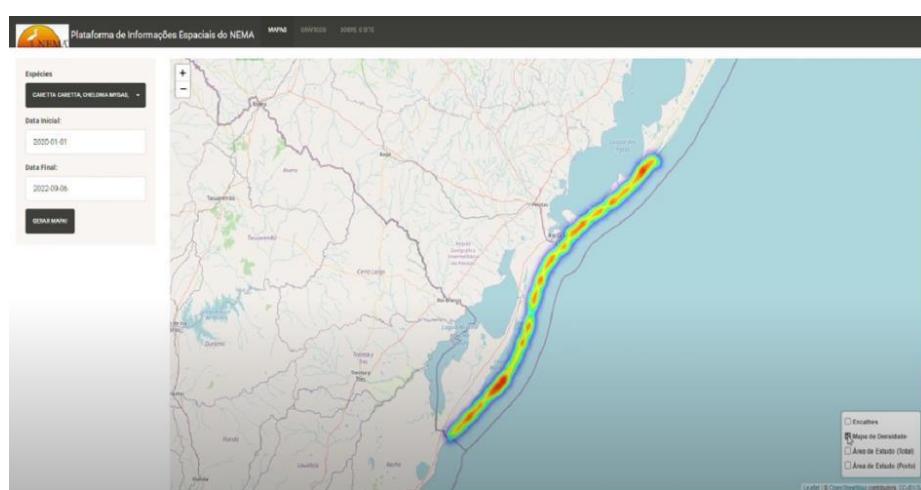


Figura 2. Mapa de densidade referente aos encalhes de *Chelonia mydas*, *Caretta caretta*, *Dermochelys coriacea*, *Lepidochelys olivacea* e *Eretmochelys imbricata*, entre os anos de 2020 e 2022.

COMPOSICIÓN GENÉTICA DE LA TORTUGA VERDE EN ÁREAS DE ALIMENTACIÓN DE URUGUAY

Laura Prosdocimi ^{1,2}, **Sibelle T. Vilaça** ³, **Eugenio Naro-Maciel** ⁴, **Ma. Noel Caraccio** ²,
Angela Formia ⁵ & **Gabriela M. Vélez-Rubio** ^{2,6}

1. Laboratorio de Ecología, Comportamiento y Mamíferos Marinos (LECyMM), Museo Argentino de Ciencias Naturales (MACN-CONICET). Av. Ángel Gallardo 470. (C1405DJR), CABA, Buenos Aires, Argentina (lprosdo@yahoo.com.ar).
2. Asociación Civil Karumbé. Rivera 3245, CP 11600, Montevideo, Uruguay.
3. Environmental Genomics, Vale Institute of Technology, Belém, Brazil.
4. Liberal Studies, New York University, 726 Broadway, New York, New York 10003
5. Sea Turtle Program, African Aquatic Conservation Fund, PO Box 366 Chilmark MA02535, USA
6. Sección Oceanografía y Ecología Marina, Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, 11400, Uruguay.

Palabras clave: ADNmt, haplotipos, *Chelonia mydas*

Introducción

Las aguas costeras de Uruguay son una importante zona de alimentación y desarrollo para las tortugas verdes (*Chelonia mydas*) juveniles en el Atlántico Sur Occidental (ASO). La presencia de esta especie se asocia con condiciones favorables de temperatura superficial del mar y fondos rocosos con abundantes macroalgas (Vélez-Rubio et al. 2016). Sin embargo, estas zonas costeras enfrentan amenazas de origen humano como, la presencia de residuos sólidos, el desarrollo costero, la pesca no regulada y la presencia de especies exóticas invasoras (Lezama et al. 2013; Vélez-Rubio et al. 2018). En base a estas amenazas esta especie está categorizada como Vulnerable en la Lista Roja de Especies Amenazadas de Uruguay (Carreira y Maneyro 2015). Estas presiones pueden afectar a las poblaciones reproductoras actuales y futuras de la especie (Wallace et al. 2013).

En las zonas de alimentación, se observa la coexistencia de juveniles provenientes de diferentes colonias anidadoras, formando agregaciones mixtas (Bolten 2003). Por lo tanto, es fundamental determinar el origen de estos individuos para desarrollar planes de conservación que abarquen todas las etapas de su ciclo de vida, dado que las tortugas marinas presentan comportamientos altamente migratorios entre sus áreas de reproducción, desarrollo y alimentación.

El objetivo principal del estudio es caracterizar la composición genética de las tortugas verdes en las aguas costeras de Uruguay y determinar su procedencia desde distintas playas de anidación. Se espera que estos resultados proporcionen nueva información sobre los movimientos migratorios de esta especie en el Océano Atlántico.

Metodología

El área de estudio comprende las aguas costeras entre Kiyú en el Departamento de San José ($34^{\circ} 58' S$, $56^{\circ} 56' O$) y la Barra del Chuy en el Departamento de Rocha ($33^{\circ} 44' S$, $53^{\circ} 22' O$).

Se analizaron muestras provenientes de dos períodos: i) 2003-2005 (n=144) y ii) 2009-2014 (n=57). Técnicos de la ONG Karumbé colectaron muestras de epidermis de tortugas capturadas vivas y muestras de músculo de individuos muertos varados; todas las muestras fueron conservadas en etanol al 96%.

Se extrajo ADNmit siguiendo los protocolos estándar (Allen et al. 1998), se secuenció la región D-loop considerando fragmentos cortos (481 pb) y largos (780 pb) (Lahanas et al. 1994; Abreu-Grobois et al. 2006). Se realizaron análisis de diversidad, estructura poblacional y de Stock Mixto (asignación de origen- MSA)(BAYES program; Pella & Masuda, 2001)

Resultados

Se amplificó con éxito un fragmento de la región control de ADNmit de 481 pb (N= 201) de ambos períodos y 57 muestras de un fragmento de 780 pb para el período 2009-2014 (Tabla 1).

Para las secuencias de 481 pb, se detectaron un total de 12 haplotipos (Tabla 1). El haplotipo más común fue el CM-A8 (78%), seguido del haplotipo CMA-5 (9%). Para las secuencias de 780 pb se encontraron un total de 10 haplotipos, siendo el más frecuente el CM-A8.1 (74%), seguido de CM-A5.1 (7%), CM-A42.1 (5%) y CM-A9.1 (4%) (Tabla 1). Cuando se compara con las secuencias cortas, se observa que el haplotipo CM-A8.1 es el más común en las colonias africanas y brasileñas y el CM-A5.1 en las áreas del Caribe. Los haplotipos CM-A8.2, CM-A9.3, CM-A44.1, CM-A45.1, CMA42.1, se han descrito recientemente en zonas de alimentación de Brasil y en colonias anidadoras de África (GenBank accession #JF308473, #JF308481; Formia *Com Pers*; Patricio et al. 2017 respectivamente).

Los resultados del AMOVA basado en frecuencias de haplotipos ($F_{ST} = 0.75$, $P < 0.006$) y considerando la divergencia entre haplotipos ($\Phi_{ST} = 0.73$, $P < 0.001$) reveló diferencias genéticas significativas (Tabla 2). Se observa un gradiente de diferenciación, donde las poblaciones del Atlántico norte presentan diferencias con las zonas de alimentación de Uruguay y norte de Brasil ($Fst \sim 0.1$) mientras que las zonas de alimentación del sur de Brasil se asemejan más a las de Uruguay ($Fst \sim 0.01$). El análisis de MSA teniendo en cuenta la distancia y la cantidad de hembras anidadoras, demostró que Isla Ascensión (IA) es la fuente principal de aporte a las zonas de alimentación de Uruguay, (44% y 43% respectivamente), siguiendo en importancia a Guinea Bissau (GB) (36% y 37% respectivamente), luego Trinidad (TI) con un 8% (Figura 2).

Discusión

Las tortugas verdes presentes en aguas costeras de Uruguay provienen principalmente de tres zonas de anidación del Atlántico Sur: IA (44%), siguiendo en importancia de GB - África (36%) y en menor porcentaje Isla TI - Brasil (0,8%). Estos resultados coinciden con lo encontrado al analizar las secuencias de 780 pb, ya que los haplotipos CM-A8.1, CM-A42.1, CM-A44.1, CM-A45.1 tienen una alta presencia en las áreas de anidación africanas (IA y GB). Los resultados son similares a lo ya descrito en otras zonas de alimentación del ASO que muestran que las tortugas verdes de las áreas de anidación de África Occidental migran a las áreas de alimentación de las costas de América del Sur. La diversidad haplotípica (h) y nucleótídica (π) presentaron valores inferiores a los encontrados en áreas de

alimentación de Argentina y sur de Brasil, pero son similares a los encontrados en otras áreas de alimentación del ASO (Savada et al. 2021).

Además, los resultados demuestran que existen haplotipos que aún no han sido identificados en zonas de anidación, como el CM-A33. Por otro lado, el haplotipo CM-A42 se ha encontrado en varias áreas de alimentación del ASO y solo se ha descrito en las áreas de anidación de Polião, Guinea Bissau (Patrício et al. 2017), lo que también explica los resultados de la MSA, colocando a la colonia de GB en segundo lugar en relación a su contribución. Este tipo de estudios es de gran importancia ya que nos permiten esclarecer rutas migratorias y sirven como herramientas para poder implementar medidas de mitigación de amenazas y planes de conservación tanto en áreas de reproducción, como en áreas de alimentación de juveniles de especies altamente amenazadas.

Agradecimientos

Agradecemos a los técnicos y voluntarios de Karumbé. Agradecer a los fondos provenientes de la Embajada Británica y a Rufford Small Grants. Este trabajo se realizó con los permisos de recolección científica de la Dirección de Recursos Naturales Renovables del Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (200/04, 073/08, 323/11).

Referencias

- Abreu Grobois, A., J. Horrocks, A. Formia, R. LeRoux, X., et al. 2006. New mtDNA dloop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution capacity of mixed stock analysis. Poster presented at the 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, Crete, Greece.
- Allen, M., A.S. Engstrom, S. Meyers, O. Handt, T. Saldeen, et al. 1998. Mitochondrial DNA sequencing of shed hairs and saliva on robbery caps: sensitivity and matching probabilities. *Journal of Forensic Sciences* 43:453-464.
- Bolten, A.B. 2003. Variation in sea turtle life history patterns: neritic versus oceanic developmental stages. In: Lutz, P.L., Musick, J.A., Wyneken, J. (Eds.), *The Biology of Sea Turtles*, vol 2. CRC Press, Boca Raton, FL, pp. 243–457. 257.
- Carreira, S. & R. Maneyro. 2015. Lista Roja de los Anfibios y Reptiles del Uruguay. Una evaluación del estado de conservación de la herpetofauna de Uruguay sobre la base de los criterios de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza. Dirección Nacional de Medio Ambiente, Montevideo
- Lahanas, P.N., M.M. Miyamoto, K.A. Bjorndal & A.B. Bolten. 1994. Molecular evolution and population genetics of greater Caribbean green turtles (*Chelonia mydas*) as inferred from mitochondrial DNA control region sequences. *Genetica* 94: 57-66.
- Lezama, C., Carranza, A., Fallabrino, A., Estrades, A., Scarabino, F., & López-Mendilaharsu, M. 2013. Unintended backpackers: bio-fouling of the invasive gastropod Rapana venosa on the green turtle *Chelonia mydas* in the Río de la Plata Estuary, Uruguay. *Biological invasions*, 15, 483-487.
- López-Mendilaharsu, M., G.M. Vélez-Rubio, C. Lezama, et al. 2016. Insights from a long-term monitoring of juvenile green turtles (*Chelonia mydas*) at the Coastal Marine Protected Area of Cerro Verde, Uruguay. *Marine Biology Research* 12: 541- 550.
- Patrício, A.R., A. Formia, C. Barbosa, A.C. Broderick et al. 2017. Dispersal of green turtles from Africa's largest rookery assessed through genetic markers. *Marine Ecology Progress Series* 569:215-225.

- Pella, J.J. & Masuda, M., 2001. Bayesian methods for analysis of stock mixtures from genetic characters. Fish. Bull. 9, 151–167.
- Savada, C. S., L. Prosdocimi, C. Domit & F. Simões de Almeida. 2021. Multiple haplotypes of *Chelonia mydas* juveniles in a threatened hotspot area in Southern Brazil. Genetics and Molecular Biology. Genetics and Molecular Biology 44- 3.
- Vélez-Rubio, G.M., Cardona, L., López-Mendilaharsu, M., Martinez Souza, G., et al. 2016. Ontogenetic dietary changes of green turtles (*Chelonia mydas*) in the temperate southwestern Atlantic. Mar. Biol. 163 (3), 1–16.
- Vélez-Rubio, G.M., Teryda, N., Asaroff, P.E., Estrade, A., Rodriguez, D. & Tomás, J. 2018. Differential impact of marine debris ingestion during ontogenetic dietary shift of green turtles in Uruguayan waters. Marine Pollution Bulletin 127: 603–611.
- Wallace, B.P., C.Y. Kot, A.D. Dimatteo, T. Lee, L.B. Crowder & R.L. Lewison. 2013. Impacts of fisheries bycatch on marine turtle populations worldwide: toward conservation and research priorities. Ecosphere 4:1–4

Tabla 1. Diversidad mitocondrial de tortugas verdes en la zona de alimentación de Uruguay (n=201), basada en 481 pb y 780 pb de la región de control de ADNmit.

	UY	
	481 bp	780 bp
CM-A1	1	
CM-A5	17	
CM-A5.1		4
CM-A6	4	
CM-A6.1		1
CM-A8	157	
CM-A8.1		42
CM-A8.2		1
CM-A9	6	
CM-A9.1		2
CM-A10	6	
CM-A10.1		1
CM-A23	1	
CM-A23.1		1
CM-A24	1	
CM-A32	2	
CM-A33	1	
CM-A42	3	
CM-A42.1		3
CM-A44.1		1
CM-A45.1		1
CM-A46	2	
No. of haplotypes	12	9
Sample size	201	57
<i>h</i>	0.393 (0.043)	
<i>p</i>	0.002 (0.001)	

Tabla 2. Diferenciación genética entre las áreas de alimentación de las tortugas verdes en el Atlántico occidental

	Northwestern Atlantic								Southwestern Atlantic									
	NC	FL	TX	BH	BB	NI	CV	AL	FN	BAH	ES	RJ	UB	PEC	ARV	CB	AR	UY
NC	<0.0001	<0.0001	0.054	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
FL	0.023		<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
TX	0.051	0.015	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
BH	0.014	0.026	0.067	<0.0001	0.014	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
BB	0.202	0.399	0.488	0.241	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
NI	0.096	0.082	0.200	0.027	0.295	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
CV	0.661	0.758	0.842	0.642	0.230	0.749	<0.0001	0.036	0.099	0.049	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
AL	0.531	0.675	0.733	0.550	0.165	0.607	0.060	<0.0001	0.009	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
FN	0.660	0.739	0.790	0.639	0.330	0.722	0.023	0.026	0.216	0.063	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	
BAH	0.704	0.777	0.863	0.668	0.346	0.797	0.047	0.060	0.005	0.910	0.072	0.018	0.036	0.188	0.144	0.243	<0.0001	
ES	0.742	0.780	0.856	0.682	0.431	0.812	0.060	0.073	0.008	-0.011	0.018	<0.0001	<0.0001	0.108	0.036	0.144	<0.0001	
RJ	0.758	0.783	0.860	0.689	0.462	0.825	0.147	0.084	0.031	0.019	0.018	0.117	0.550	0.910	0.946	0.901	<0.0001	
UB	0.736	0.774	0.860	0.671	0.413	0.819	0.200	0.075	0.044	0.065	0.054	0.006	0.162	0.099	0.126	0.072	0.468	
PEC	0.768	0.787	0.869	0.692	0.475	0.839	0.191	0.096	0.045	0.041	0.035	-0.001	0.003	0.252	0.577	0.315	0.636	
ARV	0.731	0.777	0.857	0.675	0.409	0.809	0.116	0.069	0.026	0.004	0.007	-0.005	0.011	0.001	0.856	0.973	<0.0001	
CB	0.727	0.779	0.856	0.676	0.404	0.807	0.131	0.071	0.024	0.015	0.017	-0.005	0.007	-0.002	-0.006	0.883	0.009	
AR	0.730	0.779	0.862	0.675	0.403	0.813	0.120	0.071	0.024	0.006	0.008	-0.005	0.013	0.000	-0.008	-0.007	<0.0001	
UY	0.789	0.792	0.876	0.701	0.513	0.857	0.283	0.123	0.081	0.108	0.087	0.019	-0.001	0.009	0.030	0.019	0.031	

Los valores de Φ_{sr} por pares se muestran en la matriz superior y los valores de F_{sr} por pares se indican en la matriz inferior. La significación estadística se evaluó utilizando 5000 permutaciones aleatorias. Los valores en negrita indican $P < 0,051$. Las abreviaturas se corresponden con la Figura 1.

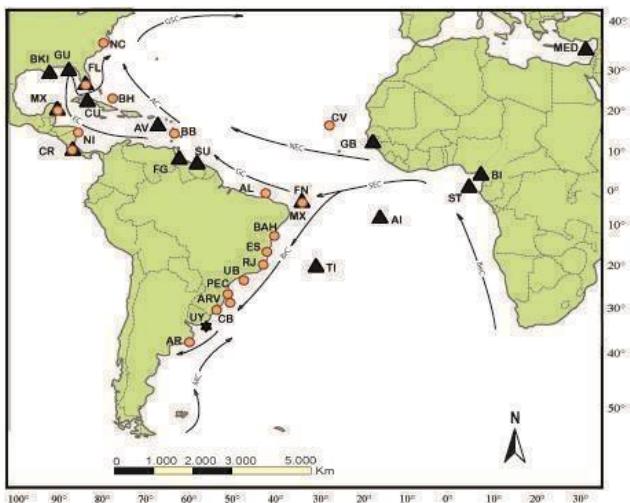


Figura 1. Mapa del océano Atlántico en el que se indican las poblaciones anidadoras del Atlántico este y oeste y las áreas de alimentación exclusivamente del Atlántico occidental. Área de alimentación de Uruguay (UY), simbolizado por estrellas. En círculos se indican otras áreas de alimentación y por triangulos las áreas de anidaciónA continuación se listan las zonas de alimentación y anidación: Bahamas (BH), Florida (FL), North Carolina (NC), Texas (TX), Barbados (BB), Nicaragua (N), Cabo Verde (CV), Almofala (AL), Atol das Rocas Fernando de Noronha and (FN), Bahía (BAH), Rio de janeiro (RJ), Espirito Santo (ESP) Ubatuba (UB), Paranahua (PEC), Arvoredo (ARV), Casino (CB), Argentina (AR). Nesting: Aves Island, Venezuela (AV), Matapica, Suriname (SU), Quintana Roo, México (MX), Lara Bay, Cypress (CY), Tortuguero, Costa Rica (CR), Isla Ascension, UK (AI), Poilaõ, Guinea Bissau (GB), Isla de Bioko, Guinea Equatorial (BI), Saõ Tomé (ST), Isla Trinidade, Brasil (TI). Las flechas representan las Corrientes oceánicas: Corriente del golfo (GSC), Antilles (AC), Florida (FC), Corriente Nor Ecuatorial (NEC), Corriente Sud Ecuatorial (SEC), Contra corriente Sud- Ecuatorial (SECC), Corriente de Guiana (GC), Corriente de Brasil (BrC), Corriente de Malvinas (MC), Corriente Sud Atlántica (SAC) y Corriente de Benguela (BeC).

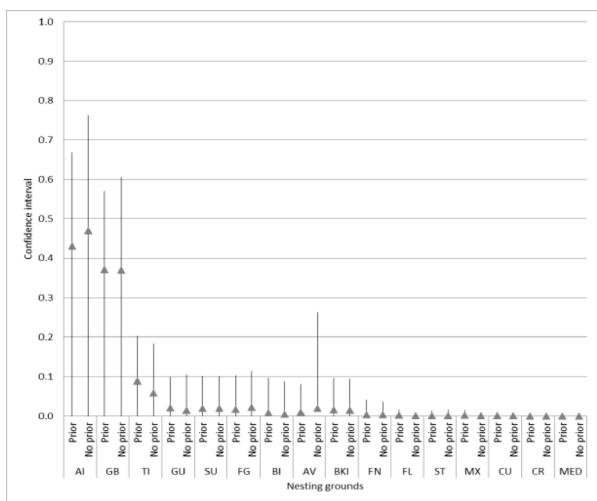


Figura 2. Contribuciones medias estimadas del stock de las colonias de tortugas verdes del Atlántico a la zona de alimentación de UY, utilizando haplotipos de la región de control (481 pb) considerando la contribución ponderada por el tamaño de la población (prior) y la distancia desde las zonas de anidación (no prior). Se indican intervalos de confianza (95%). Las abreviaturas corresponden a la Figura 1.