

**Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da
Área Ambiental I – Porção Capixaba do Rio Doce e Região
Marinha e Costeira Adjacente**

A6MTS2 – Material Suplementar 2

Anexo 6 Megafauna - Tartarugas

RT-39 RRDM/FEV 22

RA2021 PMBA/FEST-RRDM

Vitória,

Fevereiro de 2022

1 RESULTADOS GENÉTICA DE TARTARUGAS

Quadro 1: Avanço físico e processamento genético das amostras coletadas para as populações de tartarugas marinhas *Caretta caretta*, *Chelonia mydas* e *Dermochelys coriacea*, contemplando o período Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (Ano 1, Ano 2, Ano 3) e Áreas Controle, com base na extração de gDNA, no sequenciamento dados mitocondriais (mtDNA) e de genotipagem dos microsatélites (SSR's). N: Número amostral; gDNA: DNA genômico; mtDNA: Região controle do genoma mitocondrial (Dloop); SSRs: Regiões de microsatélites do DNA nuclear. NA: Dados não disponíveis.

Espécie	Local	N	Datas de coleta	Extração gDNA	Sequenciamento mtDNA - Dloop	Genotipagem - SSRs
Pré Rompimento da Barragem						
<i>Caretta caretta</i>	Povoação, Linhares - ES	24	2004 a 2009	100% (24)	100%	100%
	SHAMBLIN et al., 2014	23	1999 a 2005	NA	NA	NA
<i>Chelonia mydas</i>	NARO-MACIEL et al., 2012	157	2000 a 2006	NA	NA	NA
<i>Dermochelys coriacea</i>	DUTTON et al., 2013; VARGAS et al., 2019	36	1999 a 2009	NA	NA	NA
	Povoação e Regência, Linhares - ES	9 (5 fêmeas e 4 filhotes)	2004 e 2010	100% (9)	88% (8)	100%

Quadro 1, continuação: Avanço físico e processamento genético das amostras coletadas para as populações de tartarugas marinhas *Caretta caretta*, *Chelonia mydas* e *Dermochelys coriacea*, contemplando o período Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (Ano 1, Ano 2, Ano 3) e Áreas Controle, com base na extração de gDNA, no sequenciamento dados mitocondriais (mtDNA) e de genotipagem dos microssatélites (SSR's). N: Número amostral; gDNA: DNA genômico; mtDNA: Região controle do genoma mitocondrial (Dloop); SSRs: Regiões de microssatélites do DNA nuclear. NA: Dados não disponíveis.

Espécie	Local	N	Datas de coleta	Extração gDNA	Sequenciamento mtDNA - Dloop	Genotipagem - SSRs
Ano 1						
<i>Caretta caretta</i>	Povoação, Linhares - ES	60	12/12/2018 a 24/01/2019	100% (60)	100%	100%
<i>Chelonia mydas</i>	APA Costa das Algas, Santa Cruz, Aracruz - ES	50	10 a 11/11/2018; 11 a 14/02/2019; 01 a 04/04/2019; 06 a 11/06/2019	100% (50)	98% (49)	100%
	Ilha de Coroa Vermelha, Nova Viçosa - BA (Área Controle)	50	05 a 06/02/2019 07 a 09/04/2019	100% (50)	80% (40)	100%
<i>Dermochelys coriacea</i>	Povoação e Regência, Linhares - ES	11 (9 fêmeas e 2 filhotes)	19/11/2018 a 11/03/2019	100% (11)	100%	100%

Quadro 1, continuação: Avanço físico e processamento genético das amostras coletadas para as populações de tartarugas marinhas *Caretta caretta*, *Chelonia mydas* e *Dermochelys coriacea*, contemplando o período Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (Ano 1, Ano 2, Ano 3) e Áreas Controle, com base na extração de gDNA, no sequenciamento dados mitocondriais (mtDNA) e de genotipagem dos microssatélites (SSR's). N: Número amostral; gDNA: DNA genômico; mtDNA: Região controle do genoma mitocondrial (Dloop); SSRs: Regiões de microssatélites do DNA nuclear. NA: Dados não disponíveis.

Espécie	Local	N	Datas de coleta	Extração gDNA	Sequenciamento mtDNA - Dloop	Genotipagem - SSRs
Ano 2						
<i>Caretta caretta</i>	Povoação, Linhares - ES	59	10/10/2019 a 02/1/2020	100% (59)	100%	100%
	Arembepe, Camaçari - BA (Área Controle)	31	27/11/2019 a 01/1/2020	100% (31)	61% (19)	100%
<i>Chelonia mydas</i>	APA Costa das Algas, Santa Cruz, Aracruz - ES	29	27/01/2020 a 02/02/2020	100% (29)	90% (26)	100%
	Ilha de Coroa Vermelha, Nova Viçosa - BA (Área Controle)	25	16/01/2020 a 18/01/2020	100% (25)	100% (25)	100%
<i>Dermochelys coriacea</i>	Povoação e Regência, Linhares - ES	21 (6 fêmeas e 15 filhotes)	09/10/2019 a 13/03/2020	95% (20)	95% (20)	100%

Quadro 1, continuação: Avanço físico e processamento genético das amostras coletadas para as populações de tartarugas marinhas *Caretta caretta*, *Chelonia mydas* e *Dermochelys coriacea*, contemplando o período Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (Ano 1, Ano 2, Ano 3) e Áreas Controle, com base na extração de gDNA, no sequenciamento dados mitocondriais (mtDNA) e de genotipagem dos microssatélites (SSR's). N: Número amostral; gDNA: DNA genômico; mtDNA: Região controle do genoma mitocondrial (Dloop); SSRs: Regiões de microssatélites do DNA nuclear. NA: Dados não disponíveis.

Espécie	Local	N	Datas de coleta	Extração gDNA	Sequenciamento mtDNA - Dloop	Genotipagem - SSRs
Ano 3						
<i>Caretta caretta</i>	Povoação, Linhares - ES	12	28/12/2020 a 16/01/2021	100% (12)	100%	100%
<i>Chelonia mydas</i>	APA Costa das Algas, Santa Cruz, Aracruz - ES	95	02 a 07/02/2021 24 a 29/05/2021 24 a 31/08/2021	100% (95)	71% (67)	100%
	Ilha de Coroa Vermelha, Nova Viçosa - BA (Área Controle)	105	18 a 22/01/2021 18 a 21/05/2021 16 a 19/08/2021	100% (105)	71% (74)	100%
<i>Dermochelys coriacea</i> *	Povoação e Regência, Linhares - ES	16 (1 macho e 15 fêmeas)	14/10/2020 a 30/11/2020	100% (16)	93% (15)	93% (15)

Nota: Não foram realizadas coletas de *Caretta caretta* na Área Controle em Arembépe, Camaçari, BA no período correspondente, pois as atividades estavam suspensas devido à COVID-19.

*Amostras doadas por colaboradores externos.

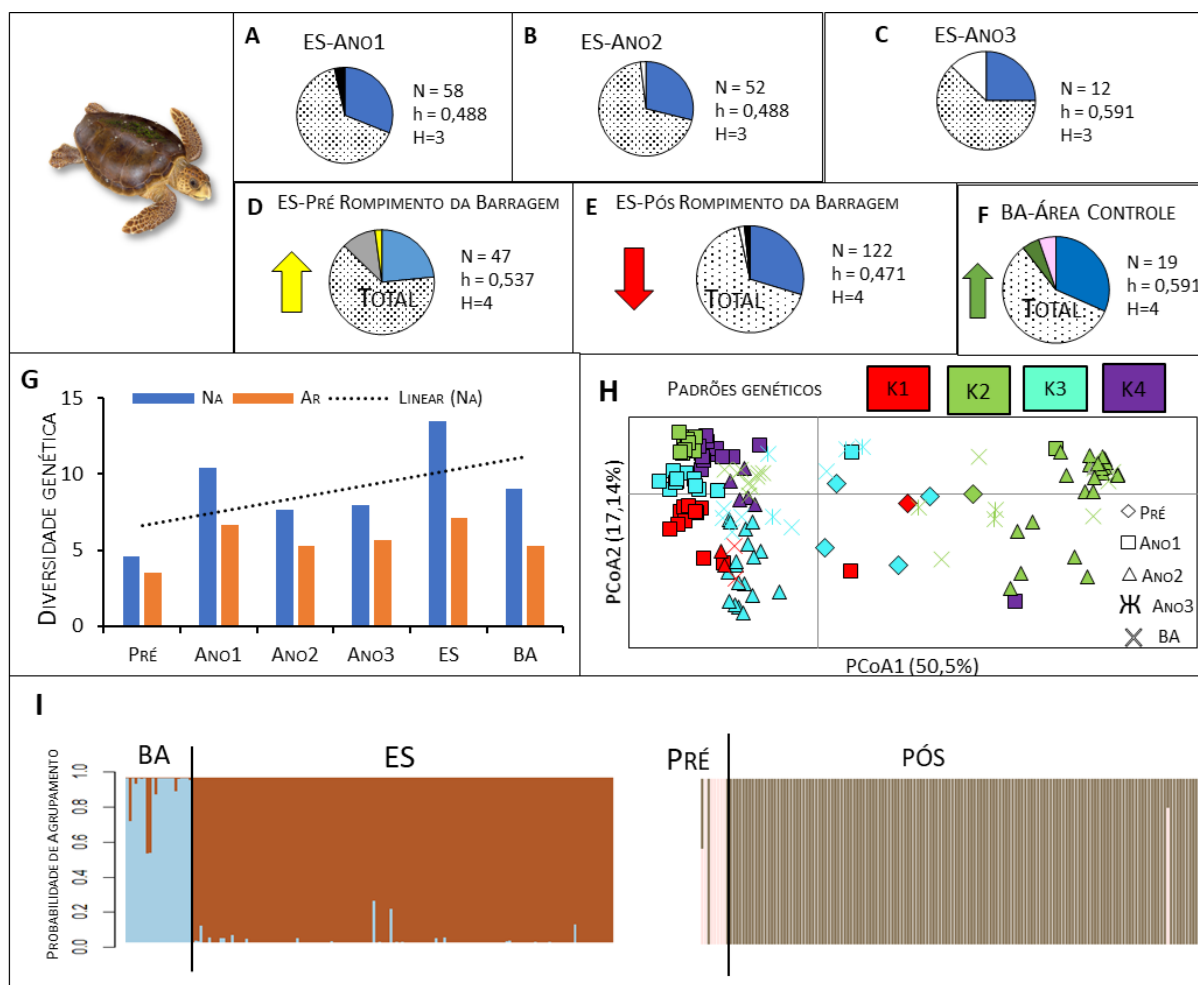
Tabela 1: Caracterização genética a partir de dados mitocondriais da região D-loop das populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta* - ES [Praias de Povoação e Comboios] e Área controle - BA [Arembepe], B) *Chelonia mydas* - ES [APA Costa das Algas] e Área Controle - BA [Coroa Vermelha], C) *Dermochelys coriacea* - ES [Praia de Povoação] amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). N: Tamanho amostral; H: Número de haplótipos; h (DV): Diversidade haplotípica e Desvio padrão; π (DV): Diversidade nucleotídica e Desvio padrão.

Espécie	N	H	h (DV)	π (DV)	Referências
A) <i>Caretta caretta</i>					
Pré Rompimento da Barragem (1999 - 2009)	47	4	0,537 (0,066)	0,00076 (0,00012)	SHAMBLIN et al., 2014; RRDM-RT37-RSE2021
ES - Ano 1	58	3	0,481 (0,047)	0,0006 (0,0007)	RRDM-RT23-RA2019
ES - Ano 2	52	3	0,445 (0,056)	0,0005 (0,0005)	RRDM-RT36D-RA2020
ES - Ano 3	12	3	0,591 (0,108)	0,0008 (0,0008)	RRDM-RT37-RSE2021
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	12 2	4	0,470 (0,035)	0,0006 (0,00005)	RRDM-RT37-RSE2021
BA - Área Controle	19	4	0,591 (0,088)	0,0008 (0,0001)	RRDM-RT36D-RA2020
B) <i>Chelonia mydas</i>					
Pré Rompimento da Barragem (2000 a 2006)	15 7	9	0,6032 (0,0308)	0,002650 (0,001855)	NARO-MACIEL et al., 2012
ES - Ano 1	49	6	0,5034 (0,0707)	0,001710 (0,001379)	Presente relatório
ES - Ano 2	26	4	0,5908 (0,0535)	0,002338 (0,001752)	Presente relatório
ES - Ano 3	67	5	0,5152 (0,0463)	0,002104 (0,001586)	Presente relatório
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	14 2	10	0,5271 (0,0333)	0,002047 (0,001540)	Presente relatório
BA - Ano 1	40	7	0,6487 (0,0676)	0,002822 (0,001969)	Presente relatório

Tabela 1, continuação: Caracterização genética a partir de dados mitocondriais da região D-loop das populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta* - ES [Praias de Povoação e Comboios] e Área controle - BA [Arembepe], B) *Chelonia mydas* - ES [APA Costa das Algas] e Área Controle - BA [Coroa Vermelha], C) *Dermochelys coriacea* - ES [Praia de Povoação] amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). N: Tamanho amostral; H: Número de haplótipos; *h* (DV): Diversidade haplotípica e Desvio padrão; π (DV): Diversidade nucleotídica e Desvio padrão.

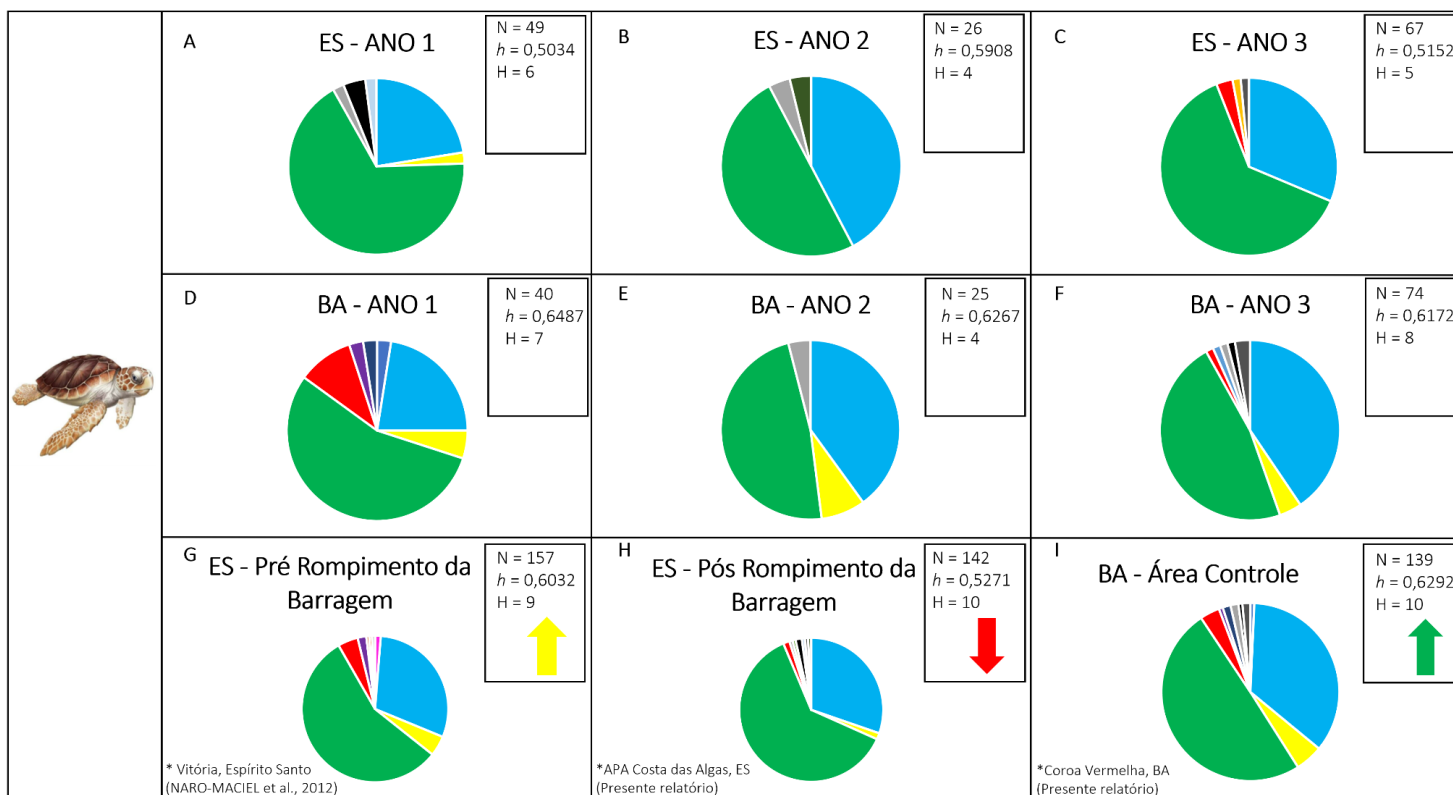
Espécie	N	H	<i>h</i> (DV)	π (DV)	Referências
B) <i>Chelonia mydas</i>					
BA - Ano 2	25	4	0,6267 (0,0576)	0.002310 (0,001739)	RRDM-RT36D- RA2020
BA - Ano 3	74	8	0.6172 (0.0336)	0.002304 (0.001679)	Presente relatório
BA - Área Controle (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	13 9	10	0.6292 (0.0274)	0.002491 (0.001765)	Presente relatório
C) <i>Dermochelys coriacea</i>					
Pré Rompimento da Barragem (1992-2009)	36	3	0,532 (0,039)	0,0038 (0,0002)	DUTTON et al., 2013; VARGAS et al., 2019
ES - Ano 1	9	2	0,3889 (0,164)	0,0025 (0,0018)	RRDM-RT23- RA2019
ES - Ano 2	5	2	0,4000 (0,237)	0,0005 (0,0006)	RRDM-RT36D- RA2020
ES - Ano 3	15	2	0.5333 (0,051)	0,0035 (0,0022)	RRDM-RT37- RSE2021
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	29	3	0,4920 (0,075)	0,0029 (0,0018)	RRDM-RT37- RSE2021

Figura 2: Avaliação genética espaço-temporal das populações de *Caretta caretta* monitoradas no ES [Praias de Povoação e Comboios], comparando os períodos: Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano1, ES - Ano 2, ES - Ano 3), e Área Controle na BA (Arembepe), baseado em dados mitocondriais sobre a distribuição e frequência haplotípica do D-loop (A-F); de microssatélites sobre os índices de diversidade genética (G), Análise de Componentes Principais e a distribuição dos respectivos padrões genéticos (H), e Probabilidade de Agrupamento individual comparando ES (área impactada) com BA - Área Controle (não-impactada) e, entre os períodos Pré e Pós o Rompimento da Barragem de Fundão (I).



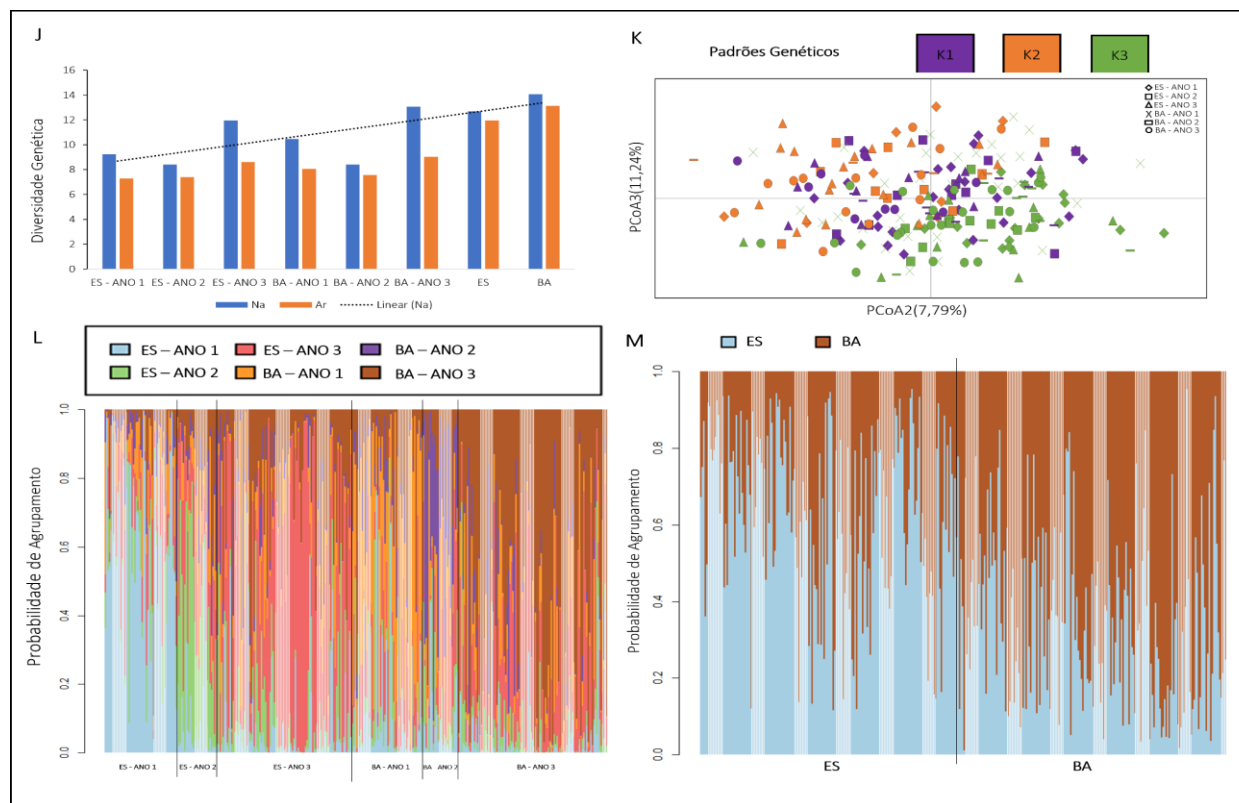
Nota: Pré Rompimento da Barragem - Dados anteriores ao rompimento da barragem de Fundão. ES - Ano 1: 2018/19 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 2: 2019/20 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 3: 2020/21 do PMBA/Fest-RRDM; N: Tamanho amostral; h: Diversidade haplotípica; H: Número de haplótipos; Na: Número de alelos médio por locus de microssatélites; Ar: Riqueza alélica; Linear (Na): Linha de tendência linear para Na.

Figura 3: Avaliação genética espaço-temporal das populações de *Chelonia mydas* monitoradas no ES [APA Costa das Algas, Aracruz, Santa Cruz], comparando os períodos: Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem [ES - Ano1, ES - Ano 2, ES - Ano 3], e na Área Controle [Nova Viçosa, Coroa Vermelha, BA], baseados em dados mitocondriais sobre a distribuição e frequência haplotípica do D-loop (A-I); de microssatélites sobre os índices de diversidade genética (J), Análise de Componentes Principais e a distribuição dos respectivos padrões genéticos (K), e Probabilidade de Agrupamento individual comparando os períodos (L) e as áreas, ES [impactada] e BA [controle - não impactada] (M).



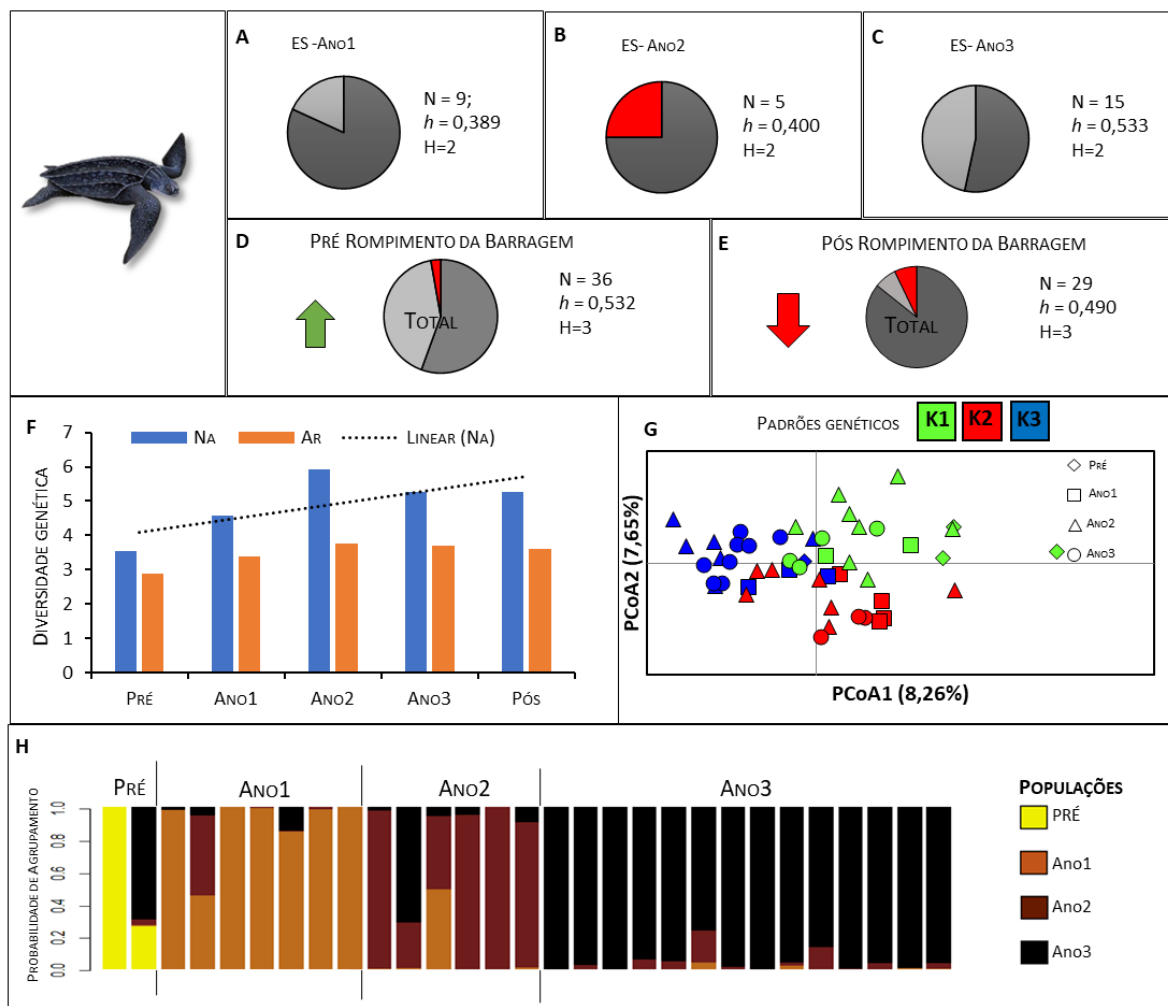
Nota: Pré Rompimento da Barragem - Dados anteriores ao Rompimento da Barragem de Fundão (veja NARO-MACIEL et al., 2012). ES - Ano 1: 2018/19 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 2: 2019/20 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 3: 2020/21 do PMBA/Fest-RRDM; N: Tamanho amostral; h: Diversidade haplotípica; H: Número de haplótipos; Na: Número de alelos médio por locus de microssatélites; Ar: Riqueza alélica; Linear (Na): Linha de tendência linear para Na.

Figura 3, continuação: Avaliação genética espaço-temporal das populações de *Chelonia mydas* monitoradas no ES [APA Costa das Algas, Aracruz, Santa Cruz], comparando os períodos: Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem [ES - Ano1, ES - Ano 2, ES - Ano 3], e na Área Controle [Nova Viçosa, Coroa Vermelha, BA], baseados em dados mitocondriais sobre a distribuição e frequência haplotípica do D-loop (A-I); de microssatélites sobre os índices de diversidade genética (J), Análise de Componentes Principais e a distribuição dos respectivos padrões genéticos (K), e Probabilidade de Agrupamento individual comparando os períodos [ES - Ano1, ES - Ano 2, ES - Ano 3, BA - Ano1, BA - Ano 2, BA - Ano 3] (L), e as áreas, ES [impactada] e BA [controle - não impactada] (M).



Nota: Pré Rompimento da Barragem - Dados anteriores ao Rompimento da Barragem de Fundão (veja NARO-MACIEL et al., 2012). ES - Ano 1: 2018/19 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 2: 2019/20 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 3: 2020/21 do PMBA/Fest-RRDM; N: Tamanho amostral; h : Diversidade haplotípica; H: Número de haplótipos; Na: Número de alelos médio por locus de microssatélites; Ar: Riqueza alélica; Linear (Na): Linha de tendência linear para Na.

Figura 4: Avaliação genética espaço-temporal das populações de *Dermochelys coriacea* monitoradas no ES [Praia de Povoação], comparando os períodos: Pré Rompimento da Barragem e Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano1, ES - Ano 2, ES - Ano 3), baseado em dados mitocondriais sobre a distribuição e frequência haplotípica do D-loop (A-E); de microssatélites sobre os índices de diversidade genética (F), Análise de Componentes Principais e a distribuição dos respectivos padrões genéticos (G) e Probabilidade de Agrupamento individual separado por anos (H).



Nota: Pré Rompimento da Barragem: Dados anteriores ao Rompimento da Barragem de Fundão [DUTTON et al., 2013; VARGAS et al., 2019]; ES - Ano 1: 2018/19 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 2: 2019/20 do PMBA/Fest-RRDM; ES - Ano 3: 2020/21 do PMBA/Fest-RRDM; N: tamanho amostral; h: diversidade haplotípica; H: número de haplótipos; Na: número de alelos médio por locus de microssatélites; Ar: riqueza alélica; Linear(Na): linha de tendência linear para Na.

Tabela 2: Comparações pareadas entre as populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta*, B) *Chelonia mydas* e C) *Dermochelys coriacea* amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). A diagonal inferior representa comparações com dados mitocondriais (Fst) e diagonal superior dados de microssatélites (θst). Os valores em negrito são significativos ($P \leq 0,005$). ND = Dados não disponíveis.

A) <i>Caretta caretta</i>						
	Pré Rompimento da Barragem	ES - Ano 1	ES - Ano 2	ES - Ano 3	BA - Área Controle	ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)
Pré Rompimento da Barragem	-	0,104	0,097	0,128	0,13	0,06
ES - Ano 1	-0,0004	-	0,098	0,076	0,079	0,026
ES - Ano 2	-0,0018	-0,0147	-	0,074	0,047	0,02
ES - Ano 3	-0,024	-0,0378	-0,0332	-	0,099	0,035
BA - Área Controle	-0,0122	-0,0231	-0,016	-0,0606	-	0,043
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	0,0034	-0,0121	-0,0124	-0,0342	-0,0168	-

Tabela 2, continuação: Comparações pareadas entre as populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta*, B) *Chelonia mydas* e C) *Dermochelys coriacea* amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). A diagonal inferior representa comparações com dados mitocondriais (Fst) e diagonal superior dados de microssatélites (θ_{st}). Os valores em negrito são significativos ($P \leq 0,005$). ND = Dados não disponíveis.

B) <i>Chelonia mydas</i>									
	Pré Rompimento da Barragem	ES - Ano 1	ES - Ano 2	ES - Ano 3	ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	BA - Ano 1	BA - Ano 2	BA - Ano 3	BA - Área Controle (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)
Pré Rompimento da Barragem	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
ES - Ano 1	0,00778	-	0,009	0,018	0,004	0,009	0,007	0,025	0,015
ES - Ano 2	-0,00399	0,03826	-	0,011	0,001	0,008	0,001	0,015	0,008
ES - Ano 3	-0,00331	-0,00363	0,00353	-	0,000	0,004	0,010	0,003	0,002
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	-0,00075	-0,00368	0,00606	-0,01005	-	0,002	0,003	0,008	0,003
BA - Ano 1	-0,00639	0,00410	0,01222	0,00082	0,00376	-	0,004	0,007	0,000
BA - Ano 2	-0,00638	0,036659	-0,03575	0,00771	0,00871	0,00642	-	0,012	0,003
BA - Ano 3	0,00680	0,04685	-0,0232	0,01626	0,01939	0,01900	-0,02442	-	0,000
BA - Área Controle (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	-0,00072	0,02893	-0,01612	0,00738	0,01016	0,00319	-0,01925	-0,0070	-

Tabela 2, continuação: Comparações pareadas entre as populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta*, B) *Chelonia mydas* e C) *Dermochelys coriacea* amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). A diagonal inferior representa comparações com dados mitocondriais (Fst) e diagonal superior dados de microssatélites (θ_{st}). Os valores em negrito são significativos ($P \leq 0,005$).

C) <i>Dermochelys coriacea</i>					
	Pré Rompimento da Barragem	ES - Ano 1	ES - Ano 2	ES - Ano 3	ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)
Pré Rompimento da Barragem	-	0,039	0,098	0,128	0,06
ES - Ano 1	-0,0286	-	0,113	0,095	0,027
ES - Ano 2	-0,2992	-0,0428	-	0,083	0,024
ES - Ano 3	0,1032	0,0341	0,1618	-	0,001
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	0,0011	-0,0494	0,0327	-0,0105	-

Tabela 3: Caracterização genética a partir de dados de microssatélites das populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta*, B) *Chelonia mydas* e C) *Dermochelys coriacea* amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). N: tamanho amostral; Na: Número médio de alelos por loci; Ar: Riqueza alélica; Ho: Heterozigosidade observada; He: Heterozigosidade esperada. Ne: Número populacional efetivo e intervalo de confiança 95%.

Espécie	N	Na	Ar	Ho	He	Ne	Referências
A) <i>Caretta caretta</i>							
Pré Rompimento da Barragem (1999 - 2009)	6	4,6	3,54	0,594	0,58	142,4 (110,6-195,7)	RRDM-RT23-RA2019
ES - Ano 1	61	10,4	6,69	0,875	0,835	118,1 (92-161)	RRDM-RT23-RA2019
ES - Ano 2	52	7,66	5,31	0,757	0,749	22,3 (13,9-95)	RRDM-RT36D-RA2020
ES - Ano 3	12	7,933	5,68	0,819	0,764	77 (26,8-101)	RRDM-RT37-RSE2021
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	141	13,46	7,13	0,839	0,84	207,0 (162,4-280,3)	RRDM-RT37-RSE2021
BA - Área Controle	24	7,666	5,31	0,757	0,749	75,5 (40,3-358,0)	RRDM-RT36D-RA2020
B) <i>Chelonia mydas</i>							
ES - Ano 1	50	9,235	7,2769	0,661	0,693	993,8 (311,3 - ∞)	Presente relatório
ES - Ano 2	29	8,412	7,3913	0,693	0,705	237,3 (103,7 - ∞)	Presente relatório
ES - Ano 3	95	11,941	8,6142	0,694	0,778	460,8 (300,9 - 933,4)	Presente relatório
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	174	12,706	11,956	0,684	0,749	274,5 (229,1 - 338,3)	Presente relatório

Tabela 3, continuação: Tabela 3: Caracterização genética a partir de dados de microssatélites das populações de tartarugas marinhas. A) *Caretta caretta*, B) *Chelonia mydas* e C) *Dermochelys coriacea* amostradas nos períodos Pré Rompimento da Barragem, Pós Rompimento da Barragem (ES - Ano 1, ES - Ano 2, ES - Ano 3) e Áreas Controle (BA - Ano 1, BA - Ano 2, BA - Ano 3). N: tamanho amostral; Na: Número médio de alelos por loci; Ar: Riqueza alélica; Ho: Heterozigosidade observada; He: Heterozigosidade esperada. Ne: Número populacional efetivo e intervalo de confiança 95%.

Espécie	N	Na	Ar	Ho	He	Ne	Referências
B) <i>Chelonia mydas</i>							
BA - Ano 1	50	10,471	8,0615	0,690	0,736	725,5 (279,6 - ∞)	Presente relatório
BA - Ano 2	25	8,412	7,5599	0,671	0,705	∞ (408,5 - ∞)	Presente relatório
BA - Ano 3	105	13,059	9,0384	0,672	0,764	520,4 (341,1 - 1044,7)	Presente relatório
BA - Área Controle (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	180	14,059	13,122	0,676	0,756	752,5 (273,6 - ∞)	Presente relatório
C) <i>Dermochelys coriacea</i>							
Pré Rompimento da Barragem (2004/2005)	5	3,538	2,84	0,571	0,573	23,5 (7,8-46)	RRDM-RT23- RA2019
ES - Ano 1	7	4,200	2,38	0,638	0,601	6,6 (3,3-14,3)	RRDM-RT23- RA2019
ES - Ano 2	6	4,400	2,57	0,720	0,610	5,6 (6,8-8,9)	RRDM-RT36D- RA2020
ES - Ano 3	14	5,080	2,73	0,690	0,640	11,8 (3,1-20,9)	RRDM-RT37- RSE2021
ES - Pós Rompimento da Barragem (Ano 1 + Ano 2 + Ano 3)	29	6,520	5,97	0,685	0,653	29,7 (11-26,4)	RRDM-RT37- RSE2021