

# UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA

Larissa Dalpaz de Azevedo

Estrutura espaço-temporal da população de baleias-de-bryde na Bacia de Santos: uma abordagem multimétodos

Larissa Dalpa	z de Azevedo
Estrutura espaço-temporal da população de abordagem n	
	Dissertação submetida ao Programa de pós-graduação em Ecologia da Universidade Federal de Santa Catarina para a obtenção do título de mestra em Ecologia.
	Orientador: Prof. Dr. Fábio Gonçalves Daura-Jorge
	Coorientador: Prof. Dr. Leonardo Liberali Wedekin
Floriar	nópolis

# Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Dalpaz, Larissa Dalpaz Estrutura espaço-temporal da população de baleias-de Bryde na Bacia de Santos : uma abordagem multi-métodos / Larissa Dalpaz Dalpaz ; orientador, Fábio Gonçalves Daura Jorge, coorientador, Leonardo Liberali Wedekin, 2020. 89 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós Graduação em Ecologia, Florianópolis, 2020.

Inclui referências.

1. Ecologia. 2. Diversidade genética. 3. Fotoidentificação. 4. Modelagem de hábitat. 5. Telemetria satelital. I. Daura Jorge, Fábio Gonçalves . II. Wedekin, Leonardo Liberali. III. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Ecologia. IV. Título.

#### Larissa Dalpaz de Azevedo

# Estrutura espaço-temporal da população de baleias-de-bryde na Bacia de Santos: uma abordagem multimétodos.

O presente trabalho em nível de mestrado foi avaliado e aprovado por banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Profa. Dra. Liliane Ferreira Lodi Instituto Mar Adentro

Prof. Dr. Paulo César de Azevedo Simões-Lopes Universidade Federal de Santa Catarina

Profa. Dra. Michele de Sá Dechoum Universidade Federal de Santa Catarina

Prof. Dr. Thiago César Lima Silveira Universidade Federal de Santa Catarina

Certificamos que esta é a **versão original e final** do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de mestre em Ecologia.

Profa. Dra. Andrea Santarosa Freira Coordenadora do Programa

Prof. Dr. Fábio Gonçalves Daura Jorge Orientador

Florianópolis, 2020.

Dedico este trabalho à mãe, ao Nando e à Lê; às mulheres; e aos seres de *la mar*.

#### **AGRADECIMENTOS**

Por êsses longes todos eu passei, com pessoa minha do meu lado, a gente se querendo bem.

[Grande Sertão: Veredas. João Guimarães Rosa, 1956].

Agradeço todo o acolhimento e apoio da minha família matriorca, de mulheres que me inspiram diariamente. Especialmente à minha mãe, Ivete: com toda sua força, sabedoria, sensibilidade, pele hidratada e comida afetuosa. Teu convite pra ir ver o mar foi um dos momentos mais especiais. Te amo! À minha irmã, Leticia, por ter sido minha primeira companheira de aventuras e pelo nosso pacto de nunca envelhecer. Encho o peito de orgulho pra falar de ti e amo tua versão Leticia-filósofa. E à tia Kika, pelos chimas compartidos, por trazer arte para nossas vidas e por sua forma peculiar de demonstrar carinho.

Ao Nando, meu companheiro de tantos trajetos. É tão gostoso esse sentir que tenho por ti! Essa troca de afeto, admiração e amor. Junto com o caminhar do mestrado, trilhamos um novo sonho-desafio: morar juntes e construir nosso lar. E sigo feliz em vivenciar isso contigo e me (re) apaixonar por teu (s) ser (es) diversas vezes. Ainda bem que és o menino do dedo (e do olho) verde, que sustenta nossa horta! E tem uma sensibilidade e paixão lindas por todas as formas de vida. Admiro isso demais em ti. Agradeço por segurares as pontas comigo nessa reta final – tu tornaste tudo mais leve. Te amo! E graças a ti, ganhei uma nova família: Jacque, Marcelo e Nina, agradeço pelo carinho, pelos bons papos e por me apresentarem ao viciante mundo do vinho e da pimenta.

Esses dois últimos anos não teriam sido os mesmos sem a parceria da sereia-rainhados- botos: Ju. Parece que foi ontem que a gente estava lá na Bahia, fazendo reiki no envelope da inscrição pro mestrado hahaha. E olha nós aqui, miga! Te amo, admiro e venero, és uma fonte constante de inspiração e sensibilidade na vida. E além de sereias, somos marujas! Ju, Lu e Gabi: formamos a equipe dos sonhos no nosso primeiro trabalho nós-por-nós. E isso é só a pontinho do que está por vir! E seguindo o ritmo de mulheres incríveis: Mia, Mari & Rafa. Sem palavras pro fôlego constante que vocês nos dão pra continuar sonhando e realizando. Vocês são um horizonte pra onde quero seguir e seguiremos juntas - ganhando até prêmio, chiiiques! E Sheylinha, mulher arretada que amo! Nem acredito que estás vindo pra Floripa. A Ilha vai ficar pequena pra nós!

Agradeço à família LAMAQ, especialmente à subfamília Barcelouca: Cla, Maca, Ju, Gabi & John. O que foi dividir esses dias (e apartamento) com vocês!? Insuperável! Me apaixonei ainda mais por cada uma. E à visita mais que especial da Nina e Mandinha – queria colocar vocês num potinho pra ter por perto, mas a felicidade de ver vocês voando supera o desejo egoísta.

À turma da raça (Bel, Gabi, Ale, Midiã, Alê, Dé, Gustavo, JV, Igor e Vitor) – pelas farofadas e noites de jogos. A Vá, amiga que me enche de orgulho e inspiração nessa vida de coincidir fases. Nosso abraço demorado no dia da defesa me fez flutuar. Aos migues do tempo de graduação, May, Tomás & Mari, pelos bons papos sobre a vida e por toparem as viagens-perrengue. Inclusive, tá na hora da próxima! E ao bonde das pedaleiras (aposentadas): Pri, Ra, Ju, Má, Tai, Sami, Camilinha. Encontrar vocês é revigorante e é lindo como respeitamos nossos processos individuais e continuamos com essa sintonia!

Ao Biquinho, um serzinho encantado que teve uma breve passagem na vida, mas me marcou muito. Foste muito amado e espero que tenhas sentido esse amor!

Às pessoas que constroem e são o Programa de Ecologia. Por todes que fomos às ruas para reivindicar nossos direitos; pelas/os colegas da representação discente (Bi, Mari, Leo, Vitor e Feibes); à mulherada que é excelente em trabalhar e ótima em festejar (Bi, Hellen, Grazi, Brisa, Ju, Aline, Bru, Ide, Mari, Ângela, Maristela, Su, Thay, Ale, Aline e Cla). À turma de corrida da pós, que despertou esse gostinho de um hábito tão bom! Um agradecimento especial a Bárbara e a Ide, que me acolheram e compartilharam o computador e a sala comigo, quando meu computador decidiu que não queria saber mais de dissertação. E não podia faltar a turma de ecologia de campo, com os bilhetinhos do coração mais ousados e a melhor farofa!

À equipe do Coral Vivo, que me acolheu em uma vivência marcante. A pluralidade de pessoas que compõem esse projeto torna ele tão apaixonante e rico. Agradeço especialmente à Ale, minha parceira de trabalho e carnaval (tua energia é contagiante!), ao Leandro, Fê, Cris, Priscila, Beach (o homem-peixe), Romário, Arthur e Alex.

Agradeço à banca pela disposição em contribuir com este trabalho. Lili: foi uma grande realização embarcar contigo (uma grande ídola) e nos emocionarmos com os bichos. Paulinho: tenho um carinho e admiração imensos por ti, mesmo que andes por aí tentando desmentir minha fofura. Teu coração enorme é o berço da família tão legal que construímos no LAMAQ. E espero que estejas com o visual flanelinha na minha defesa, hein! Thiago: valeu pelo chimas, pelas conversas tranquilas e pela disposição em sempre ajudar. Michele: tenho grande admiração por tua pessoa, por teus posicionamentos e pela profissional que és.

Fazes parte do horizonte de mulheres pra onde olho e me inspiro.

Agradeço a todas as mulheres que lutaram e lutam para que hoje estejamos aqui. A todas as pessoas que constroem a universidade e permanecem invisibilizadas neste processo, muitas vezes com condições de trabalho precarizadas. E é impossível esquecer-se daquelas que estão nas periferias, marginalizadas na sociedade, e sequer têm acesso a uma escola ou universidade. Para ser socialmente justa, a educação precisa continuar sendo pública, gratuita e libertadora!

Finalmente, um agradecimento muito especial aos meus orientadores Fábio e Léo, pelas oportunidades que me proporcionaram, pela confiança e pela inspiração. Espero que sigamos aprendendo mutuamente! Fábio, te agradeço especialmente por teres me motivado nessa reta final, tu foste imprescindível! Me espelho e aprendo muito contigo, na forma como buscas equilibrar e valorizar os múltiplos aspectos da vida, trazendo sempre sensibilidade.

Agradecemos também à PETROBRAS por ter cedido os dados do Projeto de Monitoramento de Cetáceos na Bacia de Santos (PMC-BS). Este projeto foi executado pela PETROBRAS para cumprimento de condicionante ambiental exigida no Licenciamento Ambiental conduzido pelo IBAMA das atividades de produção e escoamento de petróleo e gás natural no Pólo Pré-Sal da Bacia de Santos (processo no. 02001.114279/2017-80, ACCTMB

Se você quiser ver uma baleia vai precisar de uma janela e de um oceano.

De tempo para esperar de tempo para olhar de tempo para pensar "será que é uma baleia?".

> Se você quiser ver uma baleia vai precisar manter os olhos no mar e esperar... esperar...

[Se você quiser ver uma baleia. Julie Fogliano, 2013].



A simplicidade permite ser grande

#### **RESUMO**

As baleias-de-bryde permanecem ao longo de todo ano em águas quentes e subtropicais, contribuindo de forma essencial para ciclagem de nutrientes nos ecossistemas marinhos. Apesar de sua relevância ecológica, estão entre as baleias menos conhecidas mundialmente. Determinar sua estrutura populacional é um passo fundamental para conservação da espécie e de suas contribuições ecossistêmicas, permitindo mitigar impactos aos quais elas estejam expostas. Desta forma, buscamos determinar a estrutura populacional de baleias-de-bryde na Bacia de Santos através de fontes de informação múltiplas e complementares (genética populacional, modelagem de uso de habitat, fotoidentificação e telemetria satelital), testando a hipótese de que há estruturação espaço-temporal regida por habitats costeiro e oceânico. Foram considerados dados coletados entre 2015 e 2019 através de cruzeiros embarcados de Avistagem e de Telemetria do Projeto de Monitoramento de Cetáceos da Bacia de Santos (PMC-BS/PETROBRAS). Neste período, 82 grupos foram registrados e 13 biópsias coletadas. Os resultados apontaram para existência de uma única população de Balaenoptera brydei, presente ao longo de todo ano na Bacia de Santos e utilizando a área para fins de alimentação e reprodução. A população não apresentou estruturação em relação aos habitats, com níveis de diversidade genética reduzidos. Há um padrão de deslocamento latitudinal entre as estações, com concentração na costa sudeste nas estações quentes e em águas mais profundas nas estações frias. Foram evidenciados padrões de fidelidade a determinadas áreas, além de deslocamentos entre os habitats costeiro e oceânico. As características físicas e oceanográficas que regem sua distribuição são consistentes com eventos de ressurgência, tanto na região costeira quanto na quebra da plataforma continental, e os deslocamentos entre habitats aparentemente refletem mudanças na produtividade e disponibilidade de presas. Este trabalho apresentou informações inéditas para compreensão da ecologia de baleias-de-bryde em águas brasileiras. Este conhecimento é fundamental para definição de políticas e prioridades de conservação desta população, além de prover informações de base para monitoramento de possíveis alterações populacionais, considerando o contexto de intensa pressão antrópica na área em questão.

**Palavras-chave:** Atlântico Sul Ocidental, *Balaenoptera brydei*, diversidade genética, fotoidentificação, modelagem de habitat, telemetria satelital.

#### **ABSTRACT**

Bryde's whales remain year round in warm and subtropical waters. These animals play a crucial role into nutrient cycling in marine ecosystems. Despite their ecological relevance, they are among the most unknown baleen whales. Determining its population structure is a must-do step towards the conservation of the species and the maintenance of its ecosystem role, preventing negative impacts to which they might be exposed. Thus, we seek to determine the population structure of Bryde's whales in the South and Southeast Brazilian coast through multiple and complementary sources of information (habitat use modeling, photo-identification, satellite telemetry, and population genetics). We tested the hypothesis for existence of spatial-temporal structuring driven by coastal and oceanic habitats. Data collection occurred between 2015 and 2019 and was performed regularly by the Cetacean Monitoring Project in Santos Basin (PMC-BS/PETROBRAS) through boat-based Line Transect and Telemetry cruises. During this period, 82 groups were registered and 13 biopsies were collected. Our results pointed to the existence of a single population of Balaenoptera brydei that remains throughout the year in Santos Basin, using this e area for both feeding and breeding purposes. The population did not present structure in relation to the habitats, with reduced levels of genetic diversity. There is a pattern of latitudinal movement among seasons, with a concentration on the southeast coast during warm seasons and in deeper waters in cold seasons. Besides movement between coastal and oceanic habitats, fidelity patterns to certain areas were also evidenced. The physio-oceanographic characteristics that drive its distribution are consistent with upwelling events and the shifts between habitats probably reflect changes in productivity and, consequently, in its prey availability. This work introduced unprecedented information to understand the ecology of Bryde's whales in Brazilian waters. This knowledge is fundamental for the definition of conservation policies and priorities for this population and provides baseline information for monitoring population changes, considering the context of intense anthropic pressure in the area in question.

**Keywords:** *Balaenoptera brydei*, genetic diversity, habitat use modeling, photoidentification, satellital telemetry, South Atlantic Ocean, South Brazil Bight.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Localização da Bacia de Santos (23°S a 28°S / 40°W a 49°W) em relação
à América do Sul. Destaque para gradiente de profundidades da área de estudo a partir da
costa, sendo: até isóbata de 50m (cinza); até isóbata de 200m (azul claro); até isóbata de
2000m (verde-água); e após isóbata de 2000m (azul escuro). A estrela vermelha indica o
limite sul da Bacia de Santos (Florianópolis-SC) e a estrela amarela indica o limite norte
(Cabo Frio-RJ)21
Figura 2 - Exemplo do desenho amostral referente aos cruzeiros de Avistagem e
Telemetria na Bacia de Santos. Rotas percorridas (A) na primeira campanha de Avistagem
(B) e na quarta campanha de Telemetria. Limites da Bacia de Santos destacados pela linha
tracejada em azul
Figura 3 – Vista geral dos botes infláveis utilizados para aproximação dos grupos-
alvo nas campanhas de Telemetria na Bacia de Santos
Figura 4 - Distribuição espacial e agrupamento dos registros de baleias-de-bryde na
Bacia de Santos entre costeiros e oceânicos. Registros realizados nas campanhas embarcadas
de Avistagem e Telemetria. Os registros costeiros (até 200m de profundidade) estão
contornados em azul; e os registros oceânicos (acima de 200m de profundidade) contornados
em amarelo
Figura 5 - Seções do corpo de Balaenoptera brydei, codificadas para cálculo de
presença-ausência e densidade de lesões de tubarão-charuto (Isistius sp.). As nove seções se
referem à cabeça em vista dorsal (Cv), dorso em vista dorsal (Dv), pedúnculo em vista dorsal
(Pv), cabeça do lado esquerdo (Ce), dorso do lado esquerdo (De), pedúnculo do lado esquerdo
(Pe), cabeça do lado direito (Cd), dorso do lado direito (Dd) e pedúnculo do lado direito (Pd).
31
Figura 6 - Localização das 13 amostras de biópsias de Balaenoptera brydei
coletadas na Bacia de Santos entre 2016 e 2018, com respectivas datas de coleta. Amostras
costeiras em azul (G104, G106, G107, G112, G182 e G187) e amostras oceânicas em verde
(G24, G30, G67, G68, G86, G93 e G282). Data das amostras coletadas em estações quentes
(novembro a abril) destacadas em amarelo; e data das amostras coletadas em estações frias
(maio a outubro) destacadas em cinza

Figura 7 – Mapa de concentração (kernel 50%) dos registros de baleia-de-Bryde na
Bacia de Santos em estações quentes (amarelo) e estações frias (azul). Seta vermelha
indicando a região conhecida como "fenda" (aproximadamente -27°S; -44°W)40
Figura 8 - Número de registros (A) e tamanho médio de grupo (B) de baleias-de-
bryde por estação (quentes e frias) e por habitat (costeiro e oceânico) na Bacia de Santos.
Registros costeiros em verde e registros oceânicos em azul. Na figura B as linhas horizontais
representam o tamanho médio dos grupos costeiros (em verde) e oceânicos (em azul)41
Figura 9 - Distribuição espacial dos eventos de alimentação de baleia-de-Bryde
registrados na Bacia de Santos. Registros destacados quando às estações que ocorreram: frias
(em azul) ou quentes (em laranja)
Figura 10 - Total de filhotes registrados em cada mês, com profundidade de cada
registro. Destaque (em amarelo) para o registro de filhote em águas profundas, no mês de abril
Figura 11 - Distribuição espacial dos grupos de baleia-de-Bryde registrados com
filhotes na Bacia de Santos. Registros destacados quando ao mês em que ocorreram: janeiro
(azul), fevereiro (verde), março (roxo) e abril (laranja)
Figura 12 - Curva de acúmulo de indivíduos de baleia-de-Bryde identificados e
catalogados no catálogo de referência ao longo das campanhas de amostragem na Bacia de
Santos
Figura 13 – Distribuição espacial das reavistagens de indivíduos de baleia-de-Bryde
registrados na Bacia de Santos. Data correspondente à realização de cada registro
Figura 14 - Áreas de concentração de baleias-de-bryde com e sem lesões de tubarão-
charuto ( <i>Isistius</i> sp.) na Bacia de Santos
Figura 15 - Proporção dos registros de baleia-de-Bryde com e sem lesão entre os
habitats costeiro e oceânico da Bacia de Santos
Figura 16 - Taxa média de lesões de tubarão charuto por seção do corpo nos
registros costeiros e oceânicos de baleia-de-Bryde na Bacia de Santos. As linhas horizontais
representam o tamanho médio dos grupos costeiros (em verde) e oceânicos (em azul)49
Figura 17 – Movimentação da baleia-de-Bryde ID 166662, marcada com
transmissor satelital na Bacia de Santos em 25/07/2017. A trajetória tem sentido da cor verde-
clara (primeiras coordenadas transmitidas) até a cor vermelha (últimas coordenadas
transmitidas)
Figura 18 – Informações diárias da movimentação de baleia-de-Bryde marcada na
Bacia de Santos: maior distância da costa atingida (km); distância percorrida (km);

profundidade máxima atingida (m) e velocidade máxima (km/h). A movimentação foi
dividida em quatro momentos: Permanência próxima à Ilha (preto); Distanciamento e
reaproximação da costa (vermelho); Deslocamento paralelo à costa (azul); Deslocamento para
o talude (lilás).
Figura 19 - Correlograma dos registros de baleia-de-Bryde na Bacia de Santos.
Valores de correlação diferentes de zero apontam para existência de autocorrelação53
Figura 20- Previsões do modelo mais parcimonioso para a modelagem de uso de
habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos. As previsões mostram o efeito (A) da
velocidade da corrente; (B) da distância da costa; e (C) da declividade (em graus) sobre o
número de registros de baleias-de-bryde.
Figura 21- Mapa de abundâncias preditas gerado a partir do modelo mais
parcimonioso. O gradiente varia de ambientes menos adequados (em branco) a ambientes
mais adequados (em verde)

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> – Descrição das categorias de classificação de qualidade dos registros
fotográficos de Balaenoptera brydei na Bacia de Santos.
Tabela 2 - Classificação das posições enviadas pelos transmissores satelitais quanto
à precisão (em metros) e ao número de mensagens recebidas pelo satélite no momento de sua
passagem
Tabela 3 – Fonte de obtenção dos valores das variáveis ambientais fixas e dinâmicas
utilizadas para modelagem de habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos34
Tabela 4 - Resultados da identificação genética das amostras de Balaenoptera
brydei através da região controle do DNAmt usando o DNA Surveillance e GenBank e
sexagem molecular. Caracterização do habitat (oce = oceânico e cost = costeiro) no qual o
indivíduo foi amostrado. HBE = identificação do haplótipo
Tabela 5 - Diversidade genética dos locos de microssatélites para Balaenoptera
<i>brydei</i> amostrada na Bacia de Santos. N = número de amostras, k = número de alelos por loco,
$H_O$ = heterozigosidade observada, $H_E$ = heterozigosidade esperada
Tabela 6 - Informações dos registros que compuseram as reavistagens de Baleias-
de-bryde na Bacia de Santos. Catálogo (C), indivíduo (ID), profundidade (Prof.), tamanho de
grupo (Tg), presença de filhotes (Fi), intervalo entre registros (Int.), distancia entre registros
(Dist.), deslocamento diário (Desl.), diferença de profundidade entre registros (Dif. prof.);
Brydes do Brasil (BB)
Tabela 7 - Informações dos transmissores satelitais implantados em baleias-de-
bryde na Bacia de Santos durante as campanhas de Telemetria. TAG = Tipo de Transmissor
satelital; ID = código de identificação da marcação; Camp = Campanha da marcação; PT =
total de pontos de localização recebidos; PF = total de pontos resultantes após a filtragem50
Tabela 8 - Valores de Inflação de Variância para os preditores selecionados para
modelagem de uso de habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos. As variáveis
profundidade e temperatura mínima foram retiradas das análises por apresentarem grau de
colineariedade moderado (VIF>3.3)
Tabela 9 - Descrição dos modelos mais parcimoniosos considerando as diferentes
estruturas de autocorrelação espacial inseridas. Todos os modelos consideram como variável
resposta o número de registros por milha náutica percorrida em cada célula em função de
todas as variáveis explanatórias de forma aditiva (modelo saturado)

# SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
1.1	OBJETIVOS	20
1.1.1	Objetivo Geral	20
1.1.2	Objetivos Específicos	20
2	MATERIAL E MÉTODOS	20
2.1	ÁREA DE ESTUDO E ESTRATÉGIA AMOSTRAL	21
2.2	CARACTERIZAÇÃO DOS REGISTROS	24
2.3 MOLEC	COLETA DE BIÓPSIAS, EXTRAÇÃO DO DNA E IDENTIFICA	•
2.4	ANÁLISES GENÉTICAS	
2.4.1	DNA mitocondrial	26
2.4.2	DNA nuclear	27
2.5	FOTOIDENTIFICAÇÃO	28
2.6	LESÕES DE TUBARÃO-CHARUTO	30
2.7	TELEMETRIA	32
2.8	MODELAGEM DE HABITAT	33
3	RESULTADOS	36
3.1 ESPÉCI	DIVERSIDADE GENÉTICA E IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR IE E DO SEXO	
3.2	CARACTERIZAÇÃO DOS REGISTROS	39
3.3	FOTOIDENTIFICAÇÃO	44
3.4	LESÕES DE TUBARÃO-CHARUTO	46
3.5	TELEMETRIA	49
3.6	MODELAGEM DE HABITAT	52
4	DISCUSSÃO	55
4.1	DIVERSIDADE GENÉTICA	56
4.2	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E CARACTERÍSTICAS DOS REGISTROS	58

4.3	MODELAGEM DE HABITAT	61
5	CONCLUSÃO	62
	REFERÊNCIAS	64
	APÊNDICE	83

## 1 INTRODUÇÃO

À primeira vista a paisagem marinha parece homogênea e contínua, uma vez que seu gradiente ambiental é de difícil discernimento (THORROLD 2006). Os cetáceos estão inseridos nesta paisagem e, apesar da elevada capacidade de dispersão (PALUMBI 2004, PRATT et al. 2018), apresentam diferenças populacionais consideráveis e complexas (HOELZEL 1998). Estas diferenças na distribuição e abundância dos indivíduos são consequência da interação entre atributos comportamentais e condições ambientais (PALSBØLL 1995).

No ambiente marinho, estas condições ambientais incluem a profundidade, temperatura (CAÑADAS et al. 2005), declividade (PALMA & MATANO 2009), incidência de ventos (COELHO-SOUZA et al. 2012), correntes marítimas (BENSON et al. 2002), sistemas de frentes climáticas (MENDES et al. 2002), ressurgências (CROLL et al. 2005), produção primária (PANIGADA et al. 2008) e distribuição de presas (PENRY et al. 2011). A presença e abundância destas presas é a principal motivadora na distribuição dos indivíduos (HASTIE et al. 2004) e o uso e seleção dos habitats resultantes é apontado como importante agente estruturador das populações (LOUIS et al. 2014).

Uma estrutura populacional pode ser identificada ao se descrever características populacionais como a densidade de indivíduos, estrutura etária, razão sexual, sazonalidade, padrões de uso de habitat e variabilidade genética. O uso do habitat é a forma como um organismo utiliza os recursos físicos e biológicos em determinado habitat, podendo ser para forrageio, abrigo, reprodução ou outros traços de sua história de vida (KRAUSMAN 1999). Desta forma, podem haver sobreposição ou variações sazonais no uso e ocupação destes habitats. Ao utilizar os habitas de formas distintas, os grupos de indivíduos podem se diferenciar na paisagem por traços genéticos, ecológicos, fenotípicos e/ou fisiológicos (LOWRY 2012). Se a variação hereditária for suficiente para a seleção natural atuar, e se a adaptação local for mais forte do que o fluxo gênico entre os grupos, esta diferenciação resultará em diferentes ecótipos (WOLLEBAEK et al. 2018). Sendo assim, para definição de uma estrutura populacional e de possíveis ecótipos é necessária a combinação de estudos moleculares, ecológicos, de distribuição e comportamento. Exemplos de reconhecimento de ecótipos em cetáceos incluem a classificação das orcas (*Orcinus orca*) em grupos residentes, transientes ou oceânicos (DE BRUYN et al. 2013); dos golfinhos-nariz-de-garrafa (*Tursiops* 

*truncatus*) em grupos costeiros e oceânicos (PERRIN et al. 2011); e a sugestão de ecótipos costeiros e oceânicos para baleias-de-bryde (BEST 1977).

As baleias-de-bryde (Balaenoptera brydei) estão entre as baleias menos conhecidas mundialmente (KATO & PERRIN 2009). Apesar de esta espécie permanecer em águas quentes e subtropicais ao longo de todo o ano e contribuir para ciclagem de nutrientes nos ecossistemas marinhos (ROMAN et al. 2014), pouco se sabe sobre suas populações (KATO & PERRIN 2009). Algumas populações estão criticamente ameaçadas (CORKERON & KRAUS 2018), como a pequena população do Golfo do México que possui uma diversidade genética extremamente baixa (ROSEL & WILCOX 2014). Por outro lado, outras populações pequenas possuem uma diversidade genética moderada, sugerindo conectividade entre elas (WISEMAN 2008, TEZANOS-PINTO et al. 2017). Adicionalmente, os poucos estudos realizados revelaram diferentes padrões de movimentos (CORKERON et al. 2011; WEIR et al. 2012; SOLDEVILLA et al. 2017; TARDIN et al. 2017; MACIEL et al. 2018) e de estratégias de forrageio (IZADI et al. 2018; TERSHY 1992; ALVES et al. 2010) entre populações. Na África do Sul, por exemplo, a ocorrência de indivíduos de hábitos costeiros e oceânicos com distintos padrões de sazonalidade na distribuição, com variações no tamanho e forma corpórea, com diferenças nos padrões de cicatrização e no comportamento alimentar e reprodutivo, sugerem a existência de marcante estruturação populacional (BEST 2001).

Neste contexto de populações pequenas e conectadas ou diferenciadas estruturalmente, persiste um debate taxonômico. O que se pensava ser inicialmente uma única espécie representa hoje um grupo de baleias estreitamente relacionadas e sem número de espécies definido – um "complexo de espécies". Há uma proposta de definição de duas espécies de baleias-de-bryde (WADA et al. 2003), que diferem principalmente no tamanho: uma forma menor, *Balaenoptera edeni*, descrita por Anderson (1879); e *Balaenoptera brydei*, descrita por Olsen (1913). Posteriormente, a baleia-de-Omura (*Balaenoptera omurai*) foi considerada membra deste complexo (WADA et al. 2003), enquanto a população de baleias-de-bryde no Golfo do México foi apontada como uma possível espécie à parte (ROSEL & WILCOX 2014).

No Brasil, informações sobre a espécie ainda são escassas e os estudos estão concentrados majoritariamente em áreas costeiras e na região sudeste (SICILIANO et al. 2004, FIGUEIREDO & SIMÃO 2014, FIGUEIREDO et al. 2015, LODI et al. 2015,

GONÇALVES et al. 2016, MACIEL et al. 2016, TARDIN et al. 2017), apesar de sua ocorrência no habitat oceânico (GONÇALVES & ANDRIOLO 2006). Os dados de encalhes e de avistagens sugerem que a baleia-de-bryde é comum ao longo da costa sudeste do Brasil (LODI et al. 2015; MOURA & SICILIANO 2012), mas apesar da grande capacidade de dispersão, o fluxo gênico entre estas baleias pode ser afetado por inúmeros fatores como características oceanográficas (GAGGIOTTI 2017), diferentes períodos reprodutivos (BEST 1977, ZERBINI et al. 1997) e diferenças na concentração e dinâmica de presas (FIGUEIREDO et al. 2014, ZERBINI et al. 1997). Em relação à taxonomia, PASTENE e colaboradores (2015) sugerem que as baleias do Peru, Chile e Brasil sejam consideradas B. *brydei*. No entanto, o estudo contou com apenas oito amostras de animais encalhados Na costa sul e sudeste do Brasil. Dessa forma, estudos sistemáticos e de maior abrangência espacial são necessários para compreender a estruturação desta população no Atlântico Sul (PASTENE et al. 2015).

Uma revisão sobre a espécie apontou que as pesquisas com baleias-de-bryde devem focar em questões populacionais e de definição taxonômica através de abordagens integradas (CONSTANTINE et al. 2018). Neste contexto, o Projeto de Monitoramento de Cetáceos na Bacia de Santos (PMC-BS) consiste em uma oportunidade única para expandir as informações sobre a espécies na região. O PMC-BS é composto por Cruzeiros de Avistagem e MAP (Monitoramento Acústico Passivo), Sobrevoos de Avistagem Aérea e Cruzeiros de Telemetria, com atividades de fotoidentificação e coleta de biópsias para análises genéticas e de contaminantes. O monitoramento abrange todas as espécies de cetáceos com possível ocorrência na Bacia de Santos e dentre seus objetivos estão "ampliar o grau de conhecimento sobre a riqueza e a distribuição de espécies de cetáceos na Bacia de Santos" e "levantar informações sobre o uso de habitats de algumas espécies, combinando múltiplas abordagens metodológicas".

Dentre as técnicas aplicadas, a fotoidentificação se destaca por ser uma forma não invasiva que permite acessar inúmeras informações sobre a história natural e ecologia da espécie-alvo. Ela se baseia na capacidade de reconhecimento dos indivíduos através de marcas naturais de longa duração (PETERSON 1972, GOODALL 1986). A primeira aplicação sistemática desta técnica com cetáceos consistiu no acompanhamento de um indivíduo de golfinho-nariz-de-garrafa (*Tursiops truncatus*) e permitiu inferir sobre sua área de vida e distribuição (CALDWELL 1955). Esta técnica vem sendo aplicada com diversas

finalidades: (1) determinar padrões de residência e/ou fidelidade à determinada área (SIMÕES-LOPES & FABIAN 1999, LODI et al. 2015); (2) identificar áreas de ocorrência, padrões de movimento e padrões migratórios (BAUMGARTNER et al. 2003, WHITEHEAD et al. 2008); (3) aplicar modelos de marcação-recaptura para estimar parâmetros populacionais como abundância e sobrevivência (BARLOW & TAYLOR 2005, SILVA et al. 2009); (4) monitorar marcas naturais e lesões epidérmicas indicadoras de estado de saúde do indivíduo (NEILSON et al. 2009); (5) descrever padrões de organização social e genealogias (LUSSEAU et al. 2003); e (6) descrever elementos da história de vida como idade de maturação sexual, intervalo de reprodução, período de amamentação, parâmetros reprodutivos e demográficos (FRUET 2008). Para as baleias-de-bryde, o reconhecimento individual se dá principalmente pela nadadeira dorsal, além de marcas como cortes, arranhões, deformidades e mutilações. Dentre as marcas encontradas nas baleias-de-bryde e em outras espécies de cetáceos estão lesões decorrentes de mordidas de tubarões-charutos (Isistius sp.). Estudos com conteúdo estomacal deste tubarão já mostraram a presença de gordura de baleia-de-Bryde em sua dieta (MURAKAMI et al. 2018). Estes tubarões possuem hábito estritamente oceânico e a presença de suas lesões vêm sendo usada como parâmetro para indicar o uso de habitats oceânicos por baleias marcadas (MOORE et al. 2003).

A telemetria, por sua vez, é o processo de obtenção de dados através de um transmissor fixado no corpo de um animal. Esta técnica trouxe importantes avanços no conhecimento sobre os padrões de movimentação, uso de habitat, distribuição, área de vida, físiologia e comportamento de mamíferos marinhos (READ 2002, ZERBINI et al. 2006, ANDRIOLO et al. 2014). Embora a tecnologia destes transmissores tenha avançado muito nas últimas décadas, é importante considerar que a instalação de um equipamento no corpo do animal pode trazer sérios prejuízos a sua saúde, com danos agudos e/ou crônicos (p. ex., GENDRON et al. 2015). O custo/benefício de seu uso deve ser avaliado caso a caso e as práticas que minimizem os impactos ao animal devem ser sempre aplicadas, como aproximações mais lentas e escolha de indivíduos em comportamento tranquilo e sem presença de filhotes (ALVES et al. 2010). As baleias-de-bryde parecem reagir pouco à implantação do transmissor *per si*, mas apresentam comportamento evasivo quanto à aproximação de embarcações (WATKINS 1981).

A modelagem de habitat, por sua vez, é uma ferramenta analítica poderosa para compreender onde os animais são encontrados, porque ocorrem ali e onde é esperado que ocorram (GARAFFO et al. 2011), sendo esta uma questão central para a ecologia (KREBS 1972). A modelagem da distribuição espacial de uma espécie deve considerar variáveis descritoras de disponibilidade de recurso relevantes (AUSTIN 2002), além de variáveis físiográficas (BLASI & BOITANI 2012) e oceanográficas (BALLANCE et al. 2006) quando em ambiente marinho. Isto permite compreender a relação da espécie com seu habitat e realizar predições de distribuição e ocorrência (BOUCHET et al. 2019). Para construir estes modelos, é primordial investigar a distribuição e abundância dos animais-alvo (REDFERN et al. 2006). Os dados provenientes dessa amostragem comumente trazem desafios para sua aplicação nos modelos – como a autocorrelação espacial e a inflação de zeros (DINIZ-FILHO et al. 2003, WENGER & FREEMAN 2008, TARDIN et al. 2017). Para gerarem estimativas robustas e serem aplicados de forma assertiva em medidas de conservação, é imprescindível que os modelos considerem estes fatores (REDFERN et al. 2006)

A genética também desempenha um papel central para caracterizar a estrutura de uma população, permitindo estimar parâmetros populacionais de diversidade genética, dispersão entre populações e independência na dinâmica destas (HEDRICK 2001). Estruturas genéticas em populações de cetáceos já foram evidenciadas em diversas regiões geográficas e incluem populações de falsa-orca (*Pseudorca crassidens*) no Pacífico Norte (CHIVERS et al. 2007); toninha-comum (*Phocoena phocoena*) no sudeste do Atlântico Norte (FONTAINE et al. 2007); golfinho-nariz-de-garrafa (*Tursiops truncatus*) no Atlântico Sul Ocidental (COSTA et al. 2019); baleia-jubarte (*Megatera novaeangliae*) nos oceanos Atlântico e Índico e Atlântico Sul Ocidental e Pacífico Sul Oriental (ROSENBAUM et al. 2009, CYPRIANO-SOUZA et al. 2017); boto-cinza (*Sotalia guianensis*) e tucuxi (*Sotalia fluviatilis*) no Atlântico (CABALLERO et al. 2018); e baleia-sei (*Balaenoptera borealis*) no Atlântico e Pacífico Norte (HUIJSER et al.2018). A identificação destas populações independentes e com diferenciação genética significativa tanto nuclear quanto mitocondrial (e, portanto, baixo fluxo gênico) aponta para necessidade de ações de manejo individualizadas para garantir sua viabilidade (HANSKI 1998, PALSBØLL et al. 2007).

Compreender a estrutura populacional e os requerimentos ecológicos das populações são pré-requisitos para garantir o sucesso nas estratégias de conservação e mitigação dos impactos antropogênicos aos quais elas estejam expostas (EVANS & GATES 1997,

FREDRIKSSON & NIJMAN 2004). Adicionalmente, as informações ecológicas relacionadas às populações de cetáceos são importantes preditoras para identificar e definir zonas prioritárias de conservação marinha (DAY 2002, BAILEY & THOMPSON 2009; DRANSFIELD et al. 2014) e entender como atividades antrópicas podem alterar a relação das espécies com seu meio (TARDIN et al. 2020). Estes dados tornam-se urgentes, especialmente para a área da Bacia de Santos, em virtude das atividades de exploração de petróleo e gás no pré sal (DE OLIVEIRA et al. 2016).

#### 1.1 OBJETIVOS

#### 1.1.1 Objetivo Geral

Buscamos determinar a estrutura populacional de baleias-de-bryde na Bacia de Santos através de fontes de informação múltiplas e complementares, testando a hipótese de que há estruturação espaço-temporal regida pelos habitats costeiro e oceânico. Este trabalho contribuirá, adicionalmente, com o debate taxonômico da espécie no Atlântico Sul Ocidental.

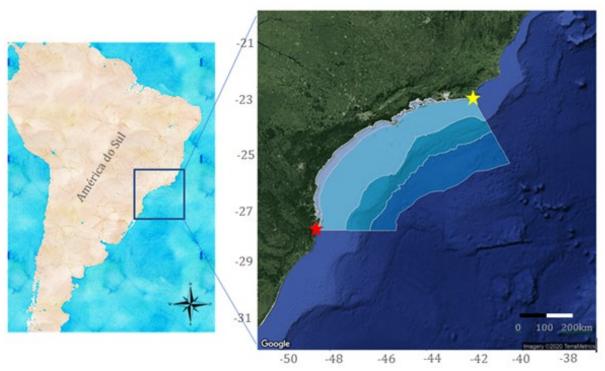
#### 1.1.2 Objetivos Específicos

- (1) identificar a espécie de baleia-de-Bryde que ocorre na Bacia de Santos;
- (2) avaliar a razão sexual e a variabilidade genética mitocondrial e nuclear da população e investigar a estruturação genética em relação aos habitats costeiro e oceânico;
- (2) comparar tamanho e composição dos grupos e estratégias comportamentais (alimentação e reprodução) entre registros costeiros e oceânicos e entre estações, para avaliar variações que caracterizem diferenças populacionais entre habitats;
- (3) avaliar a ocorrência de padrões de fidelidade, sazonalidade e de movimento dos indivíduos entre habitats costeiro e oceânico;
  - (4) descrever os padrões de distribuição espacial e uso de habitat da baleia-de-Bryde.

#### 2 MATERIAL E MÉTODOS

#### 2.1 ÁREA DE ESTUDO E ESTRATÉGIA AMOSTRAL

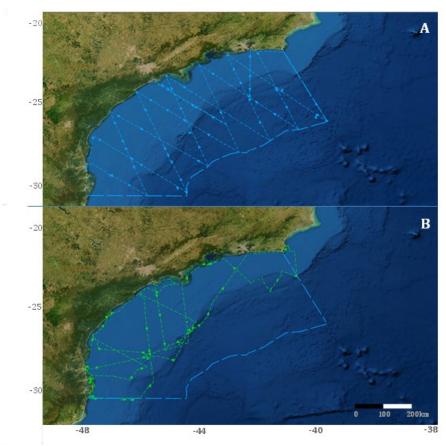
A Bacia de Santos - área monitorada pelo Projeto de Monitoramento de Cetáceos na Bacia de Santos (PMC-BS) - está situada na região Sul e Sudeste do Brasil, estendendo-se de Cabo Frio (RJ) a Florianópolis (SC), e abrange uma área total de mais de 350 mil quilômetros quadrados (Figura 1). Duas plataformas de pesquisa embarcada com coleta sistemática e diferentes abordagens metodológicas foram utilizadas: os cruzeiros de Avistagem e os cruzeiros de Telemetria.



**Figura 1** – Localização da Bacia de Santos (23°S a 28°S / 40°W a 49°W) em relação à América do Sul. Destaque para gradiente de profundidades da área de estudo a partir da costa, sendo: até isóbata de 50m (cinza); até isóbata de 200m (azul claro); até isóbata de 2000m (verde-água); e após isóbata de 2000m (azul escuro). A estrela vermelha indica o limite sul da Bacia de Santos (Florianópolis-SC) e a estrela amarela indica o limite norte (Cabo Frio-RJ).

O desenho amostral dos cruzeiros de Avistagem foi constituído por linhas de transecção em ziguezague, abrangendo áreas costeiras e oceânicas (Figura 2-A). As transecções foram percorridas em uma embarcação motorizada de 23m, com velocidade média de sete nós. A embarcação sempre iniciou o percurso a partir do sul da área de estudo, em sentido norte, completando um dos ziguezagues; e voltou a partir do norte da área de estudo, percorrendo o outro ziguezague em sentido sul. Cada campanha de avistagem

consistiu na amostragem destas linhas de transecção, sendo que o posicionamento das linhas era alterado entre as campanhas, a fim de cobrir a área da forma mais homogênea possível. A abordagem utilizada nas campanhas de Avistagem foi o "modo de passagem", que consiste na contagem de grupos ao longo das linhas de transecção sem paralisação da amostragem ou desvio de rota. A técnica aplicada foi a de transecções lineares com amostragem de distâncias (*Distance Sampling*), que consiste em percorrer linhas de transecção e realizar a contagens de animais de interesse ao longo dessas linhas, registrando a distância de detecção dos mesmos em relação à linha de transecção (BUCKLAND et al. 2001). As observações foram feitas a partir de um ponto elevado da embarcação (cerca de 8 metros acima do nível do mar). Cinco observadores de bordo se revezavam entre três posições: duas de observação em cada bordo; e uma posição de anotador/observador na proa. Deste modo, três observadores de bordo atuavam simultaneamente em esforço amostral. Os observadores permaneceram em esforço de procura por grupos enquanto existisse luz natural (aproximadamente 12 horas/dia). As buscas eram feitas a olho nu, com binóculos reticulados (7x50) e binóculo com estabilização de imagem (15x50).



**Figura 2** – Exemplo do desenho amostral referente aos cruzeiros de Avistagem e Telemetria na Bacia de Santos. Rotas percorridas (A) na primeira campanha de Avistagem (B) e na quarta campanha de Telemetria. Limites da Bacia de Santos destacados pela linha tracejada em azul.

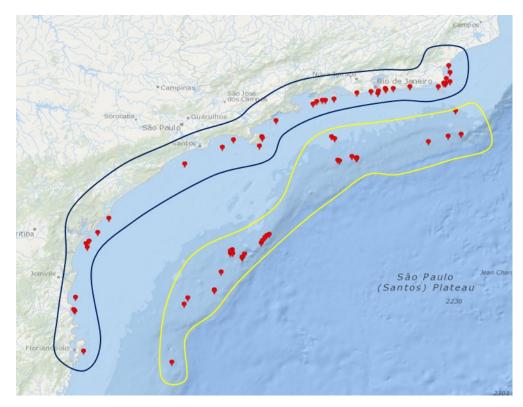
O desenho amostral dos cruzeiros de Telemetria consistiu em rotas que contemplassem águas rasas e profundas (Figura 2-B). Estas rotas foram planejadas para aumentar a probabilidade de encontro com os animais e eram passíveis de ajustes devido a condições climáticas desfavoráveis. A operação nas campanhas de Telemetria consistiu em duas fases: de busca ativa pelos animais a partir da torre de observação; e de aproximação do grupo-alvo para marcação com transmissores, realização dos procedimentos de fotoidentificação e coleta de biópsia. A aproximação se deu a partir de um bote inflável (Figura 3) e a decisão pela marcação ou não de um animal considerou critérios como seu comportamento e a presença de filhotes (ALVES et al. 2010, GENDRON 2015).



**Figura 3** – Vista geral dos botes infláveis utilizados para aproximação dos grupos-alvo nas campanhas de Telemetria na Bacia de Santos.

### 2.2 CARACTERIZAÇÃO DOS REGISTROS

Os registros foram agrupados entre costeiros ou oceânicos de acordo com sua profundidade do. Para definir a faixa de profundidade correspondente a cada região (costeira ou oceânica), plotamos todos os registros realizados e os agrupamos espacialmente (Figura 4). A partir deste agrupamento, extraímos a faixa de profundidade correspondente aos registros incluídos na região costeira e aqueles inseridos na região oceânica. Os registros com profundidade inferior a 200m foram considerados costeiros e com profundidade igual ou superior a 200m foram considerados oceânicos.



**Figura 4** – Distribuição espacial e agrupamento dos registros de baleias-de-bryde na Bacia de Santos entre costeiros e oceânicos. Registros realizados nas campanhas embarcadas de Avistagem e Telemetria. Os registros costeiros (até 200m de profundidade) estão contornados em azul; e os registros oceânicos (acima de 200m de profundidade) contornados em amarelo.

Para definição das estações, considerou-se que a estação quente compreende os meses de novembro a abril, enquanto a estação fria os meses de maio a outubro. O tamanho de grupo, a presença e número de filhotes, e os eventos de alimentação a partir de observações *ad libitum* foram registrados para cada grupo avistado. Indivíduos foram considerados filhotes ao apresentarem tamanho corporal de até 2/3 de um indivíduo adulto (cerca de 10m). Já os comportamentos de alimentação foram definidos a partir do registro de cardumes junto ao grupo e de padrões comportamentais característicos (como mergulhos com deslocamento errático e ziguezagues na superfície).

Quanto à ocorrência e caracterização dos registros, testamos se a proporção de registros costeiros e oceânicos variou entre estações através de teste do qui-quadrado (p<0,05). Calculamos médias para os tamanhos de grupo por registro costeiro e oceânico, bem como dos registros em estações quentes e frias. Testamos se estas médias variaram através do teste *t-student* (p<0,05). Os registros de presença de filhotes foram espacializados e analisados descritivamente quanto a sazonalidade e profundidades de ocorrência. Os eventos de

alimentação também foram espacializados e avaliados quanto ao habitat e estação na qual foram registrados. A área de concentração (densidade Kernel 50%) dos registros foi estimada entre estações quentes e frias através do pacote adehabitatHR (CALENGE 2006) e com parâmetro de suavização definido como h=0,5.

# 2.3 COLETA DE BIÓPSIAS, EXTRAÇÃO DO DNA E IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DO SEXO

A coleta de biópsias de pele foi realizada prioritariamente nas Campanhas de Telemetria e oportunisticamente nas de Avistagem. As amostras foram obtidas por meio de coleta com balestra e dardos com ponteiras adaptadas (LAMBERTSEN 1987, SINCLAIR et al. 2015). As amostras de pele foram preservadas em etanol 70% e posteriormente armazenadas a -20C (AMOS 1991). Estas amostras foram processadas (extração de DNA, sexagem molecular, amplificação da região controle do DNA mitocondrial e de nove locos de microssatélites por PCR e verificação em gel) pelo Laboratório de Biologia Genômica e Molecular da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS).

Cada amostra foi caracterizada quanto à estação e habitat – costeiro ou oceânico – em que foi coletada. O DNA das amostras foi extraído utilizando o kit *DNeasy Blood and Tissue* (Qiagen) de acordo com o protocolo do fabricante. A determinação molecular do sexo de cada amostra foi realizada através da amplificação do gene Sry (macho específico) e dos genes ZFX/ZFY (fêmea e macho), como controle positivo, seguindo o protocolo de Gilson e colaboradores (1998). O produto amplificado foi verificado em gel de agarose (1,5%) e o sexo dos indivíduos identificado como macho (duas bandas) ou fêmea (uma banda).

#### 2.4 ANÁLISES GENÉTICAS

#### 2.4.1 DNA mitocondrial

Um fragmento de aproximadamente 800 pares de base da região controle do DNA mitocondrial (DNAmt) foi amplificado para cada amostra usando os primers Dlp1.5 e Dlp8G (BAKER et al. 1998). As reações de PCR foram: 2,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,2 mM de dNTPs, 0,4 µM

de cada *primer*, 0,125 U da enzima Platinum *Taq* DNA Polymerase (Invitrogen), 1 X o tampão de reação (Invitrogen), e 1 μl de DNA (aproximadamente 20 ng). O perfil do PCR no termociclador consistiu de uma desnaturação inicial a 94°C por 2 min, seguido por 35 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 s, anelamento a 56°C por 40 s, e extensão a 72°C por 40 s, e concluído com uma extensão final a 72°C por 10 min. Os produtos amplificados foram enviados para a Macrogen Inc. (Seoul, Coréia do Sul) para purificação e sequenciamento (ambas as direções) em um sequenciador ABI 3730XL (Applied Biosystems). As sequências resultantes foram alinhadas e as posições variáveis confirmadas visualmente através dos cromatogramas usando o programa SEQUENCHER 5.4.6 (Gene Codes Corporation).

Para a identificação molecular, a sequência da região controle do DNAmt de cada amostra foi comparada, utilizando o programa DNA Surveillance (ROSS et al. 2003), com as sequências do banco de dados de referência *Witness for the Whale* e *Mysticetes*. As sequências também foram comparadas com o banco de sequências de DNA do GenBank usando a ferramenta BLAST desse banco, pela qual se verifica a espécie com maior similaridade (JOHNSON 2008).

Para cada amostra genética foram considerados os seguintes índices de diversidade genética: diversidade haplotípica (Hd), que estima a probabilidade de dois haplótipos retirados da amostra serem diferentes; e diversidade nucleotídica ( $\pi$ ), que representa o número médio de diferenças entre duas sequências retiradas ao acaso da amostra. Para avaliar a diversidade genética do DNAmt, o número de haplótipos, os índices de diversidade haplotípica (h) e nucleotídica ( $\pi$ ) e a frequência de haplótipos foram estimados usando o programa DNASP 6.12.1 (ROZAS et al. 2017). Os haplótipos de mtDNA obtidos foram comparados com sequências previamente reportadas no GenBank (KANDA et al. 2007, KERSHAW et al. 2013, LUKSENBURG et al. 2015, PASTENE et al. 2015).

#### 2.4.2 DNA nuclear

As amostras foram genotipadas para nove locos de microssatélites (seis dinucleotídeos: EV1, EV14, EV37, EV94, EV96 (VALSECCHI & AMOS 1996), GT23 (BÉRUBÉ et al. 2000) e três tetranucleotídeos: GATA28, GATA53, GATA417 (PALSBOLL et al. 1997)). As condições de amplificação para cada loco foram padronizadas e as amplificações foram conduzidas num volume final de 10 μl, com as concentrações no PCR e as condições no termociclador variando dependendo do par de *primers*. Os locos de

microssatélites amplificados foram enviados para a Macrogen Inc. (Seoul, Coréia do Sul) para genotipagem no sequenciador automático ABI 3730XL. Os alelos de cada loco foram visualizados usando o programa Peak Scanner<sup>TM</sup> v1.0 (Applied Biosystems) e os genótipos foram determinados.

A diversidade genética nuclear foi estimada como número de alelos por loco (K), número médio de alelos por loco (A), heterozigosidade observada (HO) e esperada (HE), supondo equilíbrio de Hardy-Weinberg para cada um dos locos, usando o programa CERVUS, versão 3.0 (KALINOWSKI et al. 2007).

## 2.5 FOTOIDENTIFICAÇÃO

Os registros fotográficos foram coletados prioritariamente nas campanhas de Telemetria e oportunisticamente nas campanhas de Avistagem. Ao encontrar um grupo, protocolos de fotoidentificação tradicionais e bem estabelecidos foram aplicados (ex. KATONA & WHITEHEAD 1981). As fotografias das nadadeiras dorsais eram tomadas de forma aleatória, sem preferencias por indivíduos marcados e buscando sempre homogeneizar o esforço entre diferentes indivíduos, o que reduz possíveis distorções de análises posteriores (GORMLEY et al. 2005). Todos os registros fotográficos foram separados por campanha, data, hora e fotógrafo. Cada fotografia foi classificada entre quatro categorias de acordo com critérios de qualidade do registro (foco, ângulo, luz, nitidez) e de distinguibilidade de marcas e características individuais (de dorsal indistinguível a muito distinta) (Tabela 1). As fotografias consideradas adequadas para aplicação da técnica de fotoidentificação e para análise das lesões foram aquelas com qualidade igual ou superior a B-. Já para o catálogo referência de fotoidentificação foram incluídas apenas fotos de qualidade A ou B+.

**Tabela 1** – Descrição das categorias de classificação de qualidade dos registros fotográficos de *Balaenoptera brydei* na Bacia de Santos.

Categoria	Descrição da fotografia		
A	Com informações para análise e boa/excelente qualidade		
$\mathbf{B}$ +	Com informações para análises		
В-	Com possíveis informações para análise, mas de baixa qualidade ou		
	com indivíduos pouco distinguíveis		
C	Sem informação ou qualidade necessária para análise		

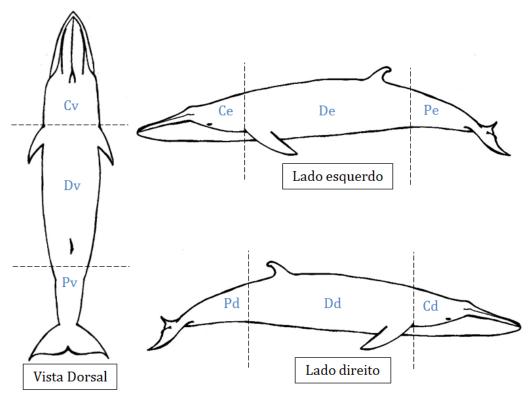
O primeiro passo da aplicação da técnica de fotoidentificação foi distinguir o(s) indivíduo(s) identificável(is) em cada grupo (HAMMOND et al. 1990) e selecionar suas melhores fotos. Todas as fotografias utilizadas nas análises foram armazenadas com as informações da planilha de campo associadas ao registro (coordenadas, tamanho de grupo, etc). Estas fotos foram comparadas com o catálogo referência e desta comparação eram possíveis dois resultados: o indivíduo não ser reconhecido no catálogo (ID nova); ou haver o pareamento com algum indivíduo já catalogado (match) (HAMMOND et al. 1990). No primeiro caso, o novo indivíduo recebia um código sequencial (ID) e era adicionado ao catálogo. No caso de uma suspeita de reavistagem, as fotografías eram revistas por mais de um membro da equipe para confirmar o match. Caso o indivíduo não fosse reconhecido no catálogo (ID nova), mas não apresentasse marcas distinguíveis ou fotos de qualidade adequadas (A ou B+), este novo indivíduo era catalogado como NI (não-identificado). Também foram realizadas comparações do catálogo do PMC-BS com os de outros grupos de pesquisa (Projeto Baleias e Golfinhos do Rio de Janeiro e Laboratório de Bioacústica e Ecologia de Cetáceos da UFRRJ) ou por foto-doações (Projeto Baleia à Vista). Para cada registro fotográfico que compôs uma reavistagem foram anotadas as informações associadas (catálogo de origem, código de identificação, data, hora, campanha, coordenadas, profundidade e informações sobre o grupo). Estas informações foram utilizadas para confecção de mapas de ocorrência e para calcular as diferenças de tempo, de distância e de profundidade entre estes registros. Para os registros fotográficos sem informação de profundidade associada (provenientes de outros catálogos ou de foto-doações), obtivemos esta informação a partir das coordenadas do registro com a função get.depth do pacote marmap (PANTE & SIMON-BOUHET 2013). A diferença da distância entre os registros foi calculada a partir de suas coordenadas com a função distm do pacote geosphere (HIJMANS et al. 2017).

Uma curva de acúmulo de indivíduos catalogados através de fotoidentificação foi construída para avaliar a suficiência amostral. A curva foi baseada no número de indivíduos catalogados por campanha amostrada, e o método utilizado para construção destas foi o "aleatório" (*random*), que considera a curva de acúmulo média (GOTELLI & COLWELL, 2001). A estimativa de indivíduos catalogados é apresentada seguida de seu intervalo de confiança, em nível de significância de 95% (p < 0,05). Os registros que compuseram cada reavistagem (*matchs*) foram comparados quanto aos habitats onde foram feitos. As diferenças

de profundidade, o intervalo (em dias) e a distância (em quilômetros) foram comparadas entre as reavistagens.

#### 2.6 LESÕES DE TUBARÃO-CHARUTO

Todas as fotografias obtidas para cada indivíduo com qualidade mínima B- foram analisadas quanto a presença de lesões. Cada indivíduo foi registrado com as informações associadas ao seu registro (coordenadas, campanha, data, hora, tamanho e composição do grupo) e recebeu um código de identificação composto pela data e hora do registro, além da letra "U" se for um único indivíduo no grupo; ou do número correspondente se houver mais de um indivíduo no grupo. Para contabilizar estas lesões, o corpo da baleia foi dividido em 9 seções (Figura 5). Cada seção do corpo foi considerada viável para análise quando apresentava ao menos uma fotografia com mais de 50% desta seção visível. Para cada seção do corpo em que foi possível esta avaliação, as lesões foram contabilizadas. Além da quantificação, as baleias foram classificadas de forma qualitativa pela presença (1) ou ausência (0) de lesões. Em caso de incerteza na identificação de uma lesão como cicatriz de tubarão-charuto, a mesma não foi considerada.



**Figura 5** – Seções do corpo de *Balaenoptera brydei*, codificadas para cálculo de presençaausência e densidade de lesões de tubarão-charuto (*Isistius* sp.). As nove seções se referem à cabeça em vista dorsal (Cv), dorso em vista dorsal (Dv), pedúnculo em vista dorsal (Pv), cabeça do lado esquerdo (Ce), dorso do lado esquerdo (De), pedúnculo do lado esquerdo (Pe), cabeça do lado direito (Cd), dorso do lado direito (Dd) e pedúnculo do lado direito (Pd).

Estimamos a área de concentração espacial dos animais com e sem lesão utilizando o método fixo de densidade Kernel 50% (WORTON 1989) através do pacote adehabitatHR (CALENGE 2006) e com parâmetro de suavização definido como h=0,5. Testamos se a presença de cicatrizes está relacionada ao habitat onde a baleia foi registrada através do teste do qui-quadrado (p<0,05), tendo como variável resposta binária a presença (1) ou ausência (0) de lesões; e como variável explanatória o habitat do registro (se costeiro ou oceânico). Calculamos uma taxa de lesões por seção do corpo para cada baleia, considerando o número total de lesões dividido pelo total de seções do corpo disponíveis para cada indivíduo. Testamos se, entre os indivíduos com lesões, a taxa de lesões por seção do corpo variou entre os habitats através de teste de Wilcox (p<0,05). Finalmente, consideramos os animais com taxa de lesão acima da média (estimada para todos os indivíduos) e determinamos o habitat onde foram registrados.

#### 2.7 TELEMETRIA

O procedimento de telemetria consistiu na instalação no corpo dos animais de transmissores que registram informações específicas sobre estes (MATE et al. 2007). Os transmissores puderam ser de dois tipos: transmissores satelitais, que fornecem apenas informações sobre a posição geográfica dos animais (mensagens de localização apenas) (ZERBINI et al. 2006); e transmissores arquivais, que além da posição possuem sensores capazes de registrar informações adicionais, como tempo e profundidade de mergulho (JOHNSON & TYACK 2003). Os transmissores satelitais utilizados foram do tipo Splash10 (Wildlife Computers) e sua implantação no corpo do animal se deu pelo sistema de ancoragem LIMPET (Low-Impact Minimally Percutaneous External-electronics Transmitter), que fica fixado na nadadeira dorsal dos indivíduos ou em sua base (WATKINS 1979). A configuração destas âncoras de implantação dos transmissores foi a configuração LIMPET com duas âncoras de seis pétalas. Os métodos de marcação com transmissores satelitais consistiram em um rifle de ar comprimido até a terceira campanha, além de uma balestra de 150 libras de pressão (EXCALIBUR VIXEN II) a partir da quarta campanha. Estes transmissores possuem antenas externas que são responsáveis por transmitir a informação por mensagens via satélite. As informações coletadas pelos transmissores satelitais incluíram hora e posição geográfica (via sistema satelital Argos), além do erro associado a cada posição. Cada posição e seu respectivo erro foram classificados em sete classes de acordo com a precisão e pelo número de mensagens enviadas pelo transmissor durante a passagem dos satélites (Tabela 2) (WITT et al. 2010). As posições classificadas como "Z" foram excluídas das análises.

**Tabela 2** – Classificação das posições enviadas pelos transmissores satelitais quanto à precisão (em metros) e ao número de mensagens recebidas pelo satélite no momento de sua passagem.

Classe	Precisão	N° de mensagens		
3	<250m	Quatro ou mais		
2	250-500m	Quatro ou mais		
1	500-1.500m	Quatro ou mais		
0	>1.500m	Quatro ou mais		
$\mathbf{A}$	Sem estimativa	Três		
В	Sem estimativa	Uma ou duas		
${f Z}$	Localização inválida	-		

Os transmissores arquivais utilizados foram do tipo DTAG (WHOI) e seu sistema de fixação é formado por quatro ventosas de sucção (JOHNSON & TYACK 2003). A implantação destes transmissores se deu através de uma vara de fibra de carbono que prendia o DTAG no animal através de pressão com as ventosas de sucção (JOHNSON & TYACK 2003). Este animal focal era então acompanhado com o auxílio de antenas direcionais Yagi, ligadas a receptores de sinais VHF até o momento em que o DTAG se desprendia. O DTAG era então resgatado e os dados registrados eram armazenados em computadores.

Para cada posição incluída nas análises foi determinada: a profundidade, através da função *get.depth* do pacote *marmap* (PANTE & SIMON-BOUHET 2013); e a distância da costa, que foi extraída com a função *extract* do pacote *sdmpredictors* (BOSCH et al. 2017). A distância entre as coordenadas de cada posição foi calculada com a função *distanceTrack* do pacote *argosfilter* (FREITAS 2010). Foi também calculada a velocidade de deslocamento considerando o tempo e a distância percorrida entre cada transmissão de localização. Os padrões de movimento e deslocamento foram espacializados e analisados descritivamente a partir das informações obtidas pelos transmissores. Para cada dia em que houve transmissão determinamos a maior distância da costa atingida pelo animal (em metros); a distância percorrida no dia (em km); a profundidade máxima atingida (em metros); e a velocidade máxima atingida entre duas localizações naquele dia.

#### 2.8 MODELAGEM DE HABITAT

A escolha das variáveis preditivas foi baseada em revisão bibliográfica sobre fatores que regem a distribuição da espécie e demais animais marinhos. Como alguns fatores são difíceis de serem diretamente mensurados (e.g., disponibilidade de presas), utilizamos aproximações que os representam (PANIGADA et al. 2008). Os preditores considerados foram: profundidade, clorofila, velocidade de corrente, temperaturas mínima, máxima e média na superfície, salinidade, declividade e distância da costa.

Obtivemos camadas com valores das variáveis ambientais por múltiplas fontes. Valores referentes a variáveis fixas (profundidade, declividade e distância da costa) foram obtidos através do banco de dados do *Bio-oracle (TYBERGHEIN et al. 2012, ASSIS et al. 2018)*. Para as variáveis dinâmicas, obtivemos valores diários para cada dia amostrado,

utilizando o software *Marine Geospatial Ecology* no Arcgis para acessar bancos de dados preprocessados de diversos satélites (conforme Tabela 3). A partir destes valores diários, foi calculada uma média para cada variável por campanha.

**Tabela 3** – Fonte de obtenção dos valores das variáveis ambientais fixas e dinâmicas utilizadas para modelagem de habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos.

Dado	Fonte						
VARIÁVEIS FIXAS							
Declividade	Becker et al. 2009 URL: http://topex.ucsd.edu/WWW html/srtm30 plus.html						
Distância da	Wessel and Smith 1996						
costa	URL:http://www.ngdc.noaa.gov/mgg/shorelines/gshhs.html						
Profundidade	GEBCO URL: http://gebco.net EMODnet Bathymetry URL: http://www.emodnet-bathymetry.eu/						
	VARIÁVEIS DINÂMICAS						
Velocidade da Corrente	OSCAR NOAA						
Temperatura	<ul> <li>The Danish Meteorological Institute (DMI)</li> <li>The Oceanographic Modeling and Observation Network (REMO) at Applied Meteorology Laboratory/Federal University of Rio de Janeiro (LMA/UFRJ)</li> </ul>						
Clorofila	<ul> <li>- Aqua - the Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer (MODIS) sensor carried by the Aqua satellite.</li> <li>- Kwiatkowska, E.J., B.A. Franz, G. Meister, C.R. McClain, and X. Xiong (2008). Cross-Calibration of ocean color bands from Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer on Terra platform. Applied Optics 47(36): 6796-6810.</li> </ul>						
Salinidade	HYCOM + NCODA Global 1/12° Reanalysis (GLBu0.08/expt_19.0)						

Plotamos os valores das variáveis, os registros e as rotas percorridas em um grid com células de aproximadamente 30km², que corresponde à unidade amostral da modelagem de habitat. Para as variáveis fixas, foram obtidos valores a partir das coordenadas centrais da célula com a função *extract* do pacote *raster* (HIJMANS & VAN ETTEN 2016). Para as demais variáveis, foram calculadas médias por campanha a partir dos valores diários. Obtivemos também o número total de registros por campanha e a distância total por campanha percorrida em cada célula. A fim de reduzir a inflação de zeros no modelo, células

com distância inferior a 12 milhas náuticas percorridas foram desconsideradas – uma vez que esta foi a distância mínima percorrida para se obter um registro. Para as células com algum valor de variável ausente (por problemas no satélite, por exemplo), extraímos o valor da célula mais próxima através da função *get.knnx* do pacote FNN (BEYGELZIMER et al. 2013).

O diagnóstico de colineariedade (forte correlação entre duas ou mais variáveis explanatórias) foi realizado a partir da função *vifstep* do pacote *usdm* (NAIMI et al. 2014). Esta função calcula os valores de VIF (fator de inflação da variância) para todas as variáveis, exclui aquela com maior VIF e repete o procedimento até que nenhuma variável esteja acima do limite estabelecido (VIF<3.3) (KOCK & LYNN 2012).

Adicionalmente, é preciso investigar a existência de autocorrelação espacial (DORMANN et al. 2007), já que observações próximas tendem a apresentar valores similares refletindo uma associação e dependência. Avaliamos a existência de autocorrelação espacial nos dados através de um correlograma com a função *spline.correlog* do pacote *ncf* (BJORNSTAD 2018). Esta função calcula a autocorrelação espacial de maneira que a aleatoriedade nos dados resultará em valores de correlação iguais a zero. Já a presença de autocorrelação poderá se dar por valores positivos (autocorrelação positiva) ou negativos (autocorrelação negativa). Para lidar com a autocorrelação espacial, foram comparados modelos saturados com quatro estruturas de correlação distintas (exponencial, Gaussiana, esférica e linear), além de um modelo sem estrutura de autocorrelação. Para avaliar a adequabilidade destas estruturas, foram gerados semivariogramas através da função *Variogram* do pacote *nlme* (PINHEIRO et al. 2013). A definição da estrutura mais adequada se deu através da seleção do modelo com menor valor de Critério de Informação de Akaike.

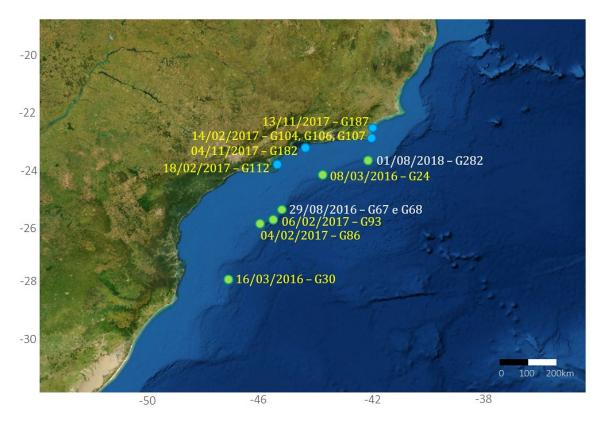
As variações no número de registros em cada célula foram analisadas através de modelagem estatística, utilizando o método dos mínimos quadrados generalizados (GLS). O número de registros foi ajustado em função da distância (em milhas náuticas) percorrida em cada célula, uma vez que as células não foram igualmente amostradas, que foi incluído como termo *offset* no modelo. Desta forma, considerou-se a taxa de encontro (número de registros por milha náutica percorrida) em cada célula em função das variáveis independentes. Selecionamos as variáveis por eliminação progressiva, utilizando o critério de informação de Akaike (AIC) e peso de Akaike para classificar e encontrar o modelo mais parcimonioso. Para cálculos de AIC, peso de Akaike e outros parâmetros, utilizamos o pacote *MuMIn* (BARTON)

2019). Os menores valores de critério de informação de Akaike (AIC) foram usados para definir os modelos mais parcimoniosos (TABACHNICK & FIDELL 2007). Este critério considera o bom ajuste do modelo aos dados, impondo penalidades pelo número de parâmetros utilizados. Estimamos primeiramente o modelo mais saturado (com todas as variáveis) e observou-se que, com a retirada de variáveis, o poder de explicação do modelo seria reduzido (aumento do valor de AIC). Sendo assim, gerou-se um conjunto de modelos candidatos e calculou-se o ΔAIC= ΔAICi-ΔAICmin, onde ΔAICi é o valor de AIC do modelo i e ΔAICmin é o valor mínimo dentre todos os modelos. A seleção dos modelos se deu com base nestes valores de ΔAIC, sendo que os modelos com ΔAIC<2 puderam ser incluídos como modelos com suporte substancial (BURNHAM & ANDERSON 2002). A partir dos modelos validados, foram geradas predições com a função *predict* do pacote *raster*.

#### **3 RESULTADOS**

# 3.1 DIVERSIDADE GENÉTICA E IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DA ESPÉCIE E DO SEXO

Foram considerados dados coletados em 16 campanhas, sendo oito de Avistagem e oito de Telemetria, entre os anos de 2015 e 2019. Neste período, foram coletadas 13 biópsias, a maioria em estações quentes (n=11). Em relação ao habitat, a proporção de amostras costeiras (n=6) e oceânicas (n=7) foi bem distribuída (Figura 6).



**Figura 6** – Localização das 13 amostras de biópsias de *Balaenoptera brydei* coletadas na Bacia de Santos entre 2016 e 2018, com respectivas datas de coleta. Amostras costeiras em azul (G104, G106, G107, G112, G182 e G187) e amostras oceânicas em verde (G24, G30, G67, G68, G86, G93 e G282). Data das amostras coletadas em estações quentes (novembro a abril) destacadas em amarelo; e data das amostras coletadas em estações frias (maio a outubro) destacadas em cinza.

As sequências obtidas a partir das amostras foram agrupadas com alto suporte (98%) com as de referência de *B. brydei* no DNA Surveillance e apresentaram maior similaridade com as sequências de *B. brydei* no GenBank. Dentre estas amostras, 11 haviam sido identificadas em campo como *B. edeni* e duas amostras (G67 e G68) haviam sido identificadas como *B. borealis* (Tabela 4), provavelmente devido à similaridade entre as duas espécies e à ocorrência de ambas em um grupo misto com 11 indivíduos. Após a identificação da espécie, o sexo foi determinado para 12 dos 13 indivíduos, resultando em quatro machos e oito fêmeas (Tabela 4), ou seja, uma razão sexual maior para fêmeas (2:1 fêmeas para machos).

Considerando as 13 amostras de baleia-de-Bryde, o alinhamento das sequências (677 pares de base) resultou em três haplótipos definidos por seis sítios polimórficos. Houve compartilhamento de haplótipo entre indivíduos dos diferentes habitats, sendo que o haplótipo

mais frequente (HBE1) foi encontrado em cinco animais amostrados na área costeira e seis na área oceânica. Comparando esse haplótipo com as sequências previamente reportadas no GenBank ele foi compartilhado com o haplótipo BR36 (EF068048), o qual foi identificado em sete das oitos amostras do Brasil do estudo de Pastene e colaboradores (2015), e com o haplótipo KF9116567 identificado em uma amostra de baleia-de-Bryde de Aruba (LUKSENBURG et al. 2015). No estudo de Luksenburg e colaboradores (2015) esse haplótipo foi agrupado no clado *offshore* junto com uma amostra oceânica da África do Sul e uma da Ilha da Madeira. Já o haplótipo HBE2 foi encontrado em um único indivíduo amostrado em área oceânica, enquanto o HBE3 foi encontrado em um único indivíduo amostrado em área costeira (Tabela 4).

**Tabela 4** – Resultados da identificação genética das amostras de *Balaenoptera brydei* através da região controle do DNAmt usando o DNA Surveillance e GenBank e sexagem molecular. Caracterização do habitat (oce = oceânico e cost = costeiro) no qual o indivíduo foi amostrado. HBE = identificação do haplótipo.

Amostra	Habitat	Haplótipo	DNA Surveillance	GenBank	Espécie identificada no campo	Sexagem molecular
G24	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G30	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Macho
<b>G67</b>	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. borealis	-
G68	oce	HBE 2	B. brydei	B. brydei	B. borealis	Fêmea
G86	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
<b>G93</b>	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Macho
G104	cost	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G106	cost	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G107	cost	HBE 3	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G112	cost	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Macho
G182	cost	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G187	cost	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Fêmea
G282	oce	HBE 1	B. brydei	B. brydei	B. edeni	Macho

As baleias-de-bryde da Bacia de Santos apresentaram uma diversidade haplotípica (h = 0,295) e nucleotídica ( $\pi$  = 0,15%) da região controle do DNAmt muito baixa. Os animais amostrados também apresentaram uma baixa diversidade genética nuclear, com o número médio de alelos por loco de 3,67 e heterozigosidade média observada de 0,438 (Tabela 5). Esta baixa diversidade nuclear e o compartilhamento do haplótipo mais frequente entre

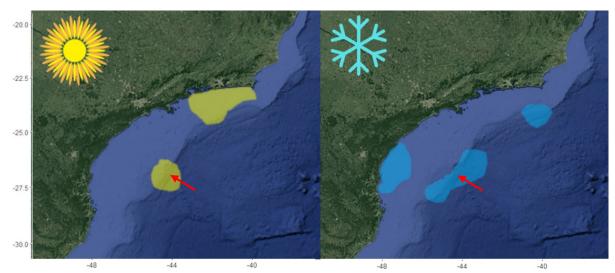
indivíduos costeiros e oceânicos indicam que todos os animais constituam uma única população.

**Tabela 5** – Diversidade genética dos locos de microssatélites para *Balaenoptera brydei* amostrada na Bacia de Santos. N = número de amostras, k = número de alelos por loco,  $H_O$  = heterozigosidade observada,  $H_E$  = heterozigosidade esperada.

Lócus	N	k	HE	НО
EV1	12	3	0,236	0,250
<b>EV14</b>	12	5	0,710	0,417
<b>EV37</b>	10	1	0,000	0,000
<b>EV94</b>	12	2	0,518	0,583
<b>EV96</b>	11	4	0,658	0,364
GATA28	12	6	0,783	0,833
GATA53	11	3	0,481	0,364
GATA417	12	6	0,725	0,500
GT23	11	3	0,541	0,636
Média	-	3,67	0,516	0,438

# 3.2 CARACTERIZAÇÃO DOS REGISTROS

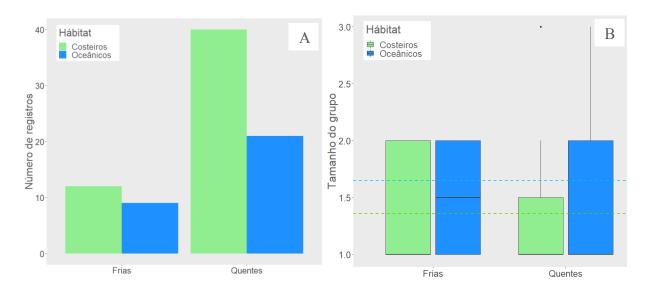
No período amostrado foram registrados 82 grupos. Foi possível observar um padrão sazonal na concentração dos registros, seguindo um movimento latitudinal (Figura 7). Nas estações quentes a concentração se deu na região costeira sudeste, enquanto nas estações frias a concentração é mais ao sul. Há também uma área de concentração comum ao longo de todo o ano, na região conhecida como "fenda" (Figura 7).



**Figura 7** – Mapa de concentração (kernel 50%) dos registros de baleia-de-Bryde na Bacia de Santos em estações quentes (amarelo) e estações frias (azul). Seta vermelha indicando a região conhecida como "fenda" (aproximadamente -27°S; -44°W).

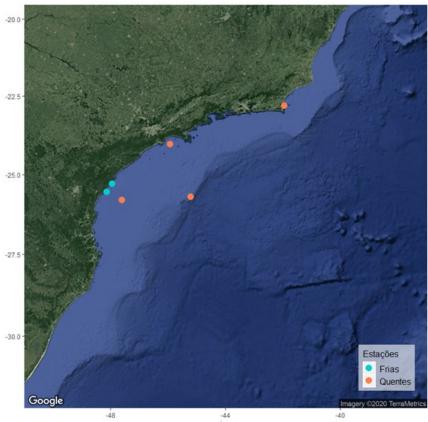
O habitat costeiro concentrou 63,4% dos registros (n=52), e 74,4% dos registros (n=61) ocorreram em estações quentes (Figura 8-A). A proporção de registros costeiros e oceânicos não variou entre as estações (X²=0.375, GL=1, p=0.5), sendo que houve mais registros costeiros nas duas estações; e mais registros em estações quentes nos dois habitats. O tamanho dos grupos variou desde indivíduos solitários (n=53) até grupos de quatro indivíduos (n=2). Os registros foram predominantemente de animais solitários (64,6% dos registros). Uma agregação de 10 indivíduos também foi registrada durante o inverno no habitat oceânico (-25°47'S;-44°95'W; profundidade 652m). Este grupo foi identificado em campo como *Balaenoptera borealis*, mas após análise genética de duas amostras coletadas na ocasião, foram identificadas como *B. brydei*. Por tratar-se de um valor extremo e por trazer incertezas quanto à definição taxonômica de todos os indivíduos (podendo tratar-se de um grupo misto), o grupo foi desconsiderado para as análises.

O tamanho médio dos grupos foi de  $1,47 \pm 0,74$  indivíduos (Figura 8-B). Este tamanho não variou entre os habitats costeiro  $(1,36 \pm 0,66)$  e oceânico  $(1,65 \pm 0,86)$  (F=2.899, GL=1, p=0.09) e nem entre as estações quentes  $(1,5 \pm 0,8)$  e frias  $(1,4 \pm 0,5)$  (F=0.228, GL=1, p=0.635). Em ambos predominaram indivíduos solitários.



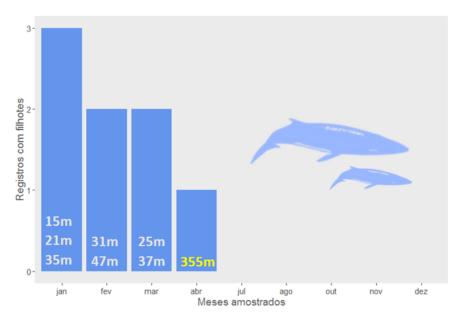
**Figura 8** – Número de registros (A) e tamanho médio de grupo (B) de baleias-de-bryde por estação (quentes e frias) e por habitat (costeiro e oceânico) na Bacia de Santos. Registros costeiros em verde e registros oceânicos em azul. Na figura B as linhas horizontais representam o tamanho médio dos grupos costeiros (em verde) e oceânicos (em azul).

Registramos seis eventos classificados como de alimentação que ocorreram tanto em estações quentes (n=4), quanto em estações frias (n=2) (Figura 9). Foram cinco eventos em águas rasas e um em águas profundas. Nestes eventos, o tamanho dos grupos variou de indivíduos solitários (n=3) a duplas (n=3) e em nenhum deles foi registrada presença de filhotes.

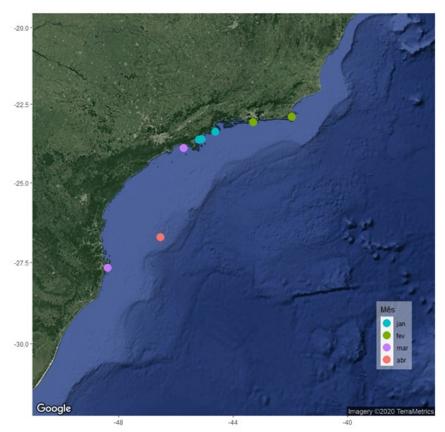


**Figura 9** – Distribuição espacial dos eventos de alimentação de baleia-de-Bryde registrados na Bacia de Santos. Registros destacados quando às estações que ocorreram: frias (em azul) ou quentes (em laranja).

Foram registrados oito grupos com filhotes, todos em estações quentes (de janeiro a abril) (Figura 10). Com exceção de um registro em águas profundas (355m), os demais filhotes foram registrados em águas rasas (<50m). Estes grupos foram predominantemente compostos por um adulto com filhote (n=6) (Apêndice A). Os dois registros de filhotes mais ao sul ocorreram nos meses de março e abril, enquanto na região sudeste os registros de filhotes ficaram concentrados entre janeiro e fevereiro (Figura 11).



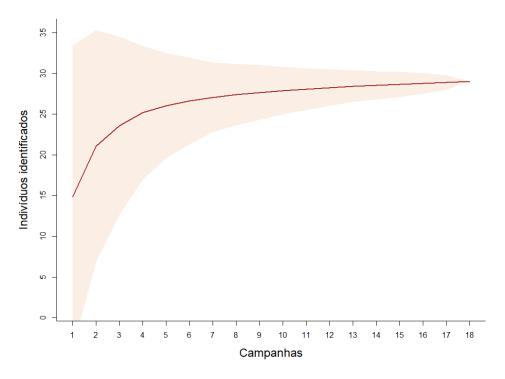
**Figura 10** - Total de filhotes registrados em cada mês, com profundidade de cada registro. Destaque (em amarelo) para o registro de filhote em águas profundas, no mês de abril.



**Figura 11** – Distribuição espacial dos grupos de baleia-de-Bryde registrados com filhotes na Bacia de Santos. Registros destacados quando ao mês em que ocorreram: janeiro (azul), fevereiro (verde), março (roxo) e abril (laranja).

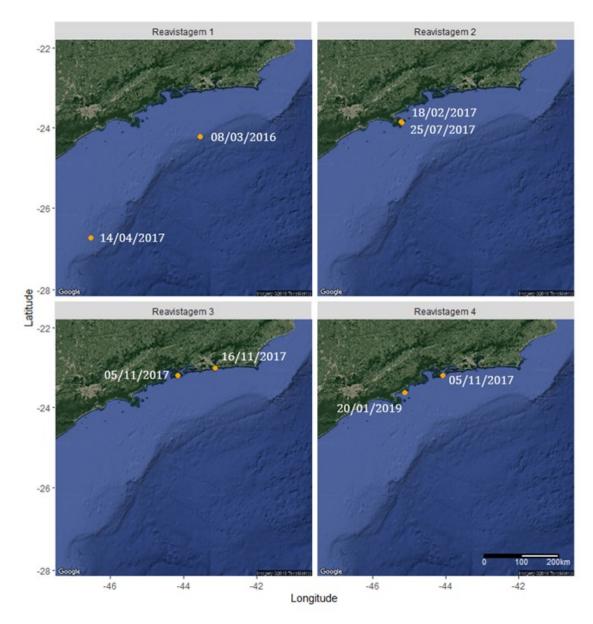
# 3.3 FOTOIDENTIFICAÇÃO

Um total de 765 fotografías foram categorizadas com qualidade suficiente (A, B+ ou B-) para serem utilizadas nas comparações. A partir destas fotografías foram reconhecidos 29 indivíduos ao longo de 16 campanhas. A curva de novos indivíduos fotoidentificados se tornou assintótica ao longo das campanhas, sugerindo que a população foi bem amostrada neste período (Figura 12).



**Figura 12** – Curva de acúmulo de indivíduos de baleia-de-Bryde identificados e catalogados no catálogo de referência ao longo das campanhas de amostragem na Bacia de Santos.

Quatro indivíduos foram reavistados considerando as comparações com o catálogo do PMC-BS e com os catálogos de referência dos demais projetos (Figura 13). Todas as reavistagens foram registradas no mesmo habitat (costeiro ou oceânico) do primeiro registro de cada indivíduo, sendo que a diferença média de profundidade entre os registros foi de apenas 12,3 ± 8,0 m. Desta forma, os registros de fotoidentificação não apontaram movimentos entre habitats.



**Figura 13** — Distribuição espacial das reavistagens de indivíduos de baleia-de-Bryde registrados na Bacia de Santos. Data correspondente à realização de cada registro.

O maior intervalo entre registros de um mesmo indivíduo foi de 441 dias, com distância de 123,35km e diferença de profundidade de apenas 14m (Reavistagem 4; Figura 12; Tabela 6). A maior distância de reavistagem foi de 409,66km, com intervalo de 402 dias e diferença de profundidade de 26m – sendo esta a maior variação de profundidade registrada (Reavistagem 1, Figura 12, Tabela 6). Os indivíduos das reavistagens 1 e 4 foram reavistados na presença de filhote em seus últimos registros. O primeiro caso consistiu em uma dupla de adultos e um filhote e o segundo caso uma provável fêmea com filhote. Obtivemos também 5

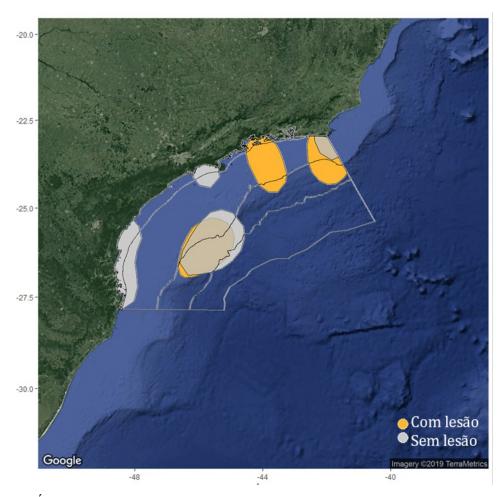
reavistagens de um mesmo indivíduo (id=09#) entre 2017 e 2019. Em todos os registros o animal estava na mesma região costeira, próximo a Ilhabela (SP), sugerindo um padrão de fidelidade à área.

**Tabela 6** – Informações dos registros que compuseram as reavistagens de Baleias-de-bryde na Bacia de Santos. Catálogo (C), indivíduo (ID), profundidade (Prof.), tamanho de grupo (Tg), presença de filhotes (Fi), intervalo entre registros (Int.), distancia entre registros (Dist.), deslocamento diário (Desl.), diferença de profundidade entre registros (Dif. prof.); Brydes do Brasil (BB).

Match	C	ID	Data	Prof. (m)	Tg	Fi	Int. (dias)	Dist. (km)	Desl. (km/dia)	Dif. prof. (m)
1	PMC	03	08/03/16	329	1	0	-	-	-	-
1	PMC	03	14/04/17	355	3	1	402	409,7	1,02	26
•	PMC	09	18/02/17	22	1	0	-	-	-	-
2	PMC	09	25/07/17	30	1	0	157	3,2	0,02	8
2	PMC	15	05/11/17	28	1	0	-	-	-	-
3	BB	05	16/11/17	21	-	-	11	106,3	9,66	7
4	PMC	16	05/11/17	29	2	0	-	-	-	-
	PMC	16	20/01/19	21	2	1	441	114,9	0,26	8

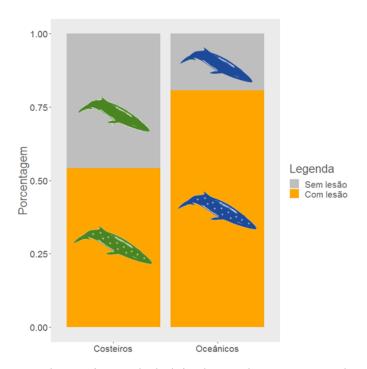
## 3.4 LESÕES DE TUBARÃO-CHARUTO

Em relação às lesões de tubarão-charuto, foram triados registros de 102 animais, sendo que 55 apresentaram ao menos alguma seção do corpo com fotografia viável para análise. Destes, 24 foram registros costeiros e 31 oceânicos. Houve concentração de animais com e sem lesões em ambos os habitats (Figura 14). Do total de indivíduos analisados (n=55), 69% apresentaram lesões (n=38). Dos animais com lesões (n=38), 65,8% foram registrados no talude (n=25).



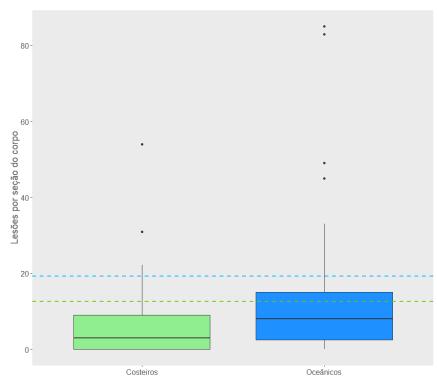
**Figura 14** - Áreas de concentração de baleias-de-bryde com e sem lesões de tubarão-charuto (*Isistius* sp.) na Bacia de Santos.

Dentre os registros costeiros (n=24) 54,2% apresentaram lesões (n=13) e dos registros oceânicos (n=31) 80,6% apresentaram lesões (n=25) (Figura 15). A frequência de animais com lesões variou marginalmente entre os habitats ( $X^2 = 3.2877$ , df = 1, p = 0.069), sendo que a proporção de animais com lesões foi maior nos animais oceânicos (80,6%) em relação aos costeiros (54,2%).



**Figura 15** – Proporção dos registros de baleia-de-Bryde com e sem lesão entre os habitats costeiro e oceânico da Bacia de Santos.

Considerando apenas os animais com lesões, a taxa média foi de  $16,96 \pm 20,6$  lesões por seção do corpo (Figura 16). Esta taxa não variou com o habitat do registro (W = 128.5, p = 0.3), apresentando elevado desvio padrão em relação à média, tanto para registros oceânicos ( $19,2 \pm 23$ ) quanto para costeiros ( $12,6 \pm 14,7$ ), o que aponta para grande variação individual na incidência destas cicatrizes. Dos animais com taxa de lesões acima da média (n=15), 66,7% (n=10) foram registros oceânicos.



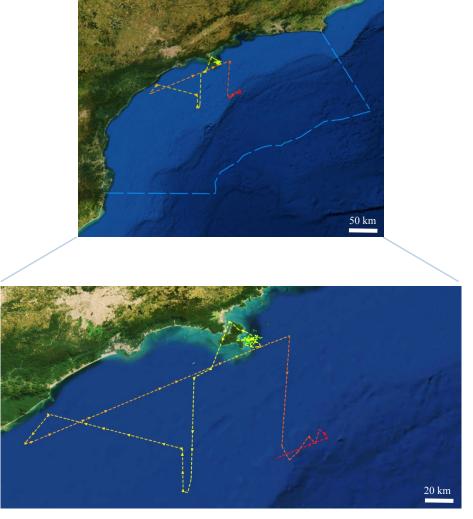
**Figura 16** – Taxa média de lesões de tubarão charuto por seção do corpo nos registros costeiros e oceânicos de baleia-de-Bryde na Bacia de Santos. As linhas horizontais representam o tamanho médio dos grupos costeiros (em verde) e oceânicos (em azul).

## 3.5 TELEMETRIA

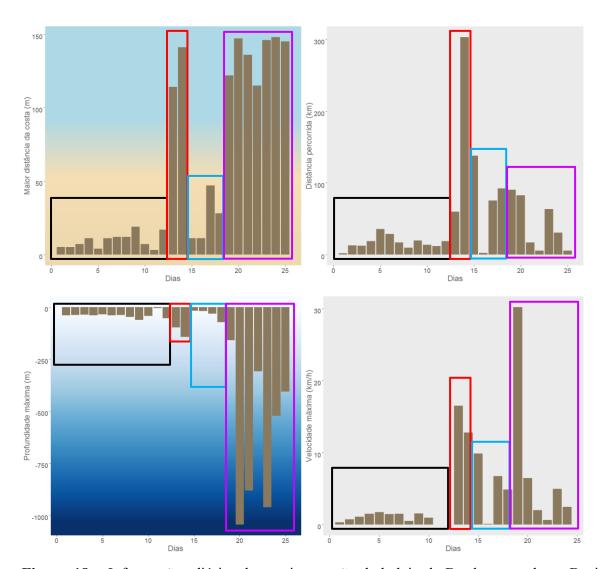
Foram realizadas 29 tentativas de marcação com transmissores satelitais. Em 22 destas, o procedimento não pôde ser concretizado por conta do comportamento evasivo do animal. Em outras duas ocasiões houve falha na implantação, com perda do transmissor. Cinco baleias foram marcadas com sucesso (Tabela 7), mas apenas um indivíduo (id=166662) permaneceu com o transmissor por um período considerável para análise de padrões de uso da área. Este indivíduo corresponde ao mesmo indivíduo da Reavistagem 2 e foi marcado próximo à Ilha de São Sebastião (SP). Seu monitoramento durou 27 dias, sendo que em 25 dias houve transmissão de localizações (Figura 17). Neste período, o animal percorreu 1.164,92km, com deslocamento máximo diário de 303,4km, indicando a ocorrência de movimentos entre habitats costeiros e oceânicos. O período monitorado pôde ser dividido em quatro momentos: permanência próximo à Ilha de São Sebastião (preto; 1º ao 12º dia); distanciamento e reaproximação da costa (vermelho; 13º e 14º dia); deslocamento paralelo à costa (azul; 15º ao 18º dia); deslocamento para o talude (violeta; 19º ao 25º) (Figura 18).

**Tabela 7** – Informações dos transmissores satelitais implantados em baleias-de-bryde na Bacia de Santos durante as campanhas de Telemetria. TAG = Tipo de Transmissor satelital; ID = código de identificação da marcação; Camp = Campanha da marcação; PT = total de pontos de localização recebidos; PF = total de pontos resultantes após a filtragem.

TAG	ID	Camp	Data	Duração	PT	PF	obs.
DTAG	DTAG01	1	08/03/2019	1h30	-	-	-
DTAG	DTAG02	3	14/02/2017	3h50	-	-	-
LIMPET	166662	4	25/07/2017	27 dias	107	69	ID 09#
LIMPET	34775	5	13/11/2017	2 dias	9	7	-
LIMPET	58004	7	01/08/2018	4 dias	-	-	-



**Figura 17** – Movimentação da baleia-de-Bryde ID 166662, marcada com transmissor satelital na Bacia de Santos em 25/07/2017. A trajetória tem sentido da cor verde-clara (primeiras coordenadas transmitidas) até a cor vermelha (últimas coordenadas transmitidas).



**Figura 18** – Informações diárias da movimentação de baleia-de-Bryde marcada na Bacia de Santos: maior distância da costa atingida (km); distância percorrida (km); profundidade máxima atingida (m) e velocidade máxima (km/h). A movimentação foi dividida em quatro momentos: Permanência próxima à Ilha (preto); Distanciamento e reaproximação da costa (vermelho); Deslocamento paralelo à costa (azul); Deslocamento para o talude (lilás).

- (1) <u>Permanência próxima à Ilha (1° a 12° dia)</u>: o animal permaneceu em uma mesma região costeira (Ilha de São Sebastião), atingindo profundidade máxima de 62m. Neste período, deslocou-se pouco (média =  $16.6 \pm 8.7$  km/dia; máx = 35.37 km/dia) e a baixas velocidades (média =  $1.12 \pm 0.49$ km/h; máxima = 1.72 km/h).
- (2) <u>Distanciamento e reaproximação da costa (13º ao 14º dia)</u>: período com bastante movimentação, no qual o animal percorreu sua maior distância em um dia (303,4 km). Deslocou-se a velocidades maiores (média = 14,65 ± 2,6 km/h), afastando-se da costa

(distância máxima = 141 km) e atingindo profundidades um pouco maiores (máxima = 143m).

- (3) <u>Deslocamento paralelo à costa (15° ao 18° dia)</u>: permaneceu em águas costeiras (distância máxima = 47 km) e rasas (profundidade máxima = 72m), onde oscilou entre períodos de maior (137,8 km/dia) e menor deslocamento (2 km/dia).
- (4) <u>Deslocamento para o talude (19° ao 25° dia)</u>: deslocou-se de forma intensa pela plataforma continental, desempenhando sua maior velocidade (30,2 km/h) e atingindo a maior profundidade (1.044m). Permaneceu então em águas profundas (média =  $539,6 \pm 381,2$ m), onde oscilou entre períodos de deslocamento curtos (5,3 km/dia) e mais extensos (90,2 km/dia). Sua velocidade média nesta região foi superior à registrada durante sua permanência em águas costeiras (média =  $6,7 \pm 10,6$  km/h).

#### 3.6 MODELAGEM DE HABITAT

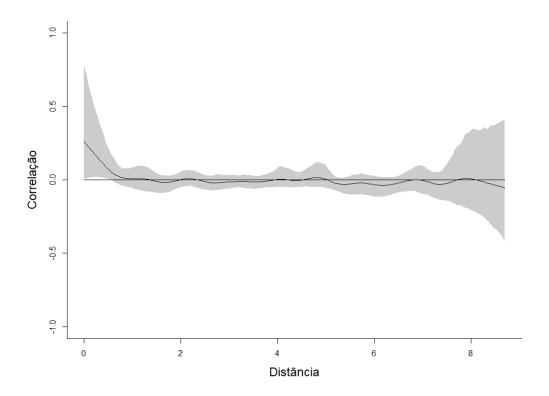
As variáveis de profundidade e temperatura mínima apresentaram colineariedade moderada (VIF>3.3) e foram retiradas das análises (Tabela 8). Os demais preditores foram considerados na modelagem.

**Tabela 8** – Valores de Inflação de Variância para os preditores selecionados para modelagem de uso de habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos. As variáveis profundidade e temperatura mínima foram retiradas das análises por apresentarem grau de colineariedade moderado (VIF>3.3).

Variáveis	VIF
Clorofila	1,981264
Declividade	1,412486
Distância da costa	2,071151
Profundidade	-
Salinidade	3,105510
Temperatura máxima	1,692454
Temperatura média	2,303245
Temperatura mínima	-
Velocidade da corrente	1,957707

A distribuição espacial dos registros apresentou correlação positiva entre células mais próximas e negativa entre células mais distantes (Figura 19). Isso indica que células mais próximas tenderam a ser mais semelhantes entre si, enquanto células mais distantes tenderam

a ser mais diferentes entre si. A estrutura de correlação mais adequada para lidar com esta autocorrelação espacial foi a estrutura de correlação esférica (Tabela 9).



**Figura 19** — Correlograma dos registros de baleia-de-Bryde na Bacia de Santos. Valores de correlação diferentes de zero apontam para existência de autocorrelação.

**Tabela 9** — Descrição dos modelos mais parcimoniosos considerando as diferentes estruturas de autocorrelação espacial inseridas. Todos os modelos consideram como variável resposta o número de registros por milha náutica percorrida em cada célula em função de todas as variáveis explanatórias de forma aditiva (modelo saturado).

Modelo	Estrutura	GL	logLik	AICc	Delta	Peso
test3	Esférica	13	-329.955	687.3	0.00	0.258
test2	Gaussiana	13	-329.958	687.3	0.01	0.257
test4	Linear	13	-330.067	687.5	0.23	0.230
test1	Exponencial	13	-330.136	687.7	0.36	0.215
sem	Sem	11	-334.016	691.0	3.73	0.040

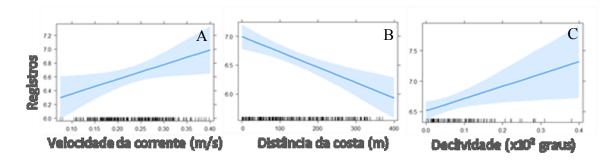
GL=Graus de Liberdade; logLik=log da probabilidade; AIC=Critério de informação de Akaike; Delta=AIC $_{\rm modelo}$ -AIC $_{\rm minimo}$ 

Foram construídos cinco modelos com número de registros por milha náutica percorrida em cada célula em função das variáveis explanatórias de forma aditiva, além do

modelo nulo (Tabela 10). Os modelos que melhor explicaram e se ajustaram aos dados foram aqueles que consideraram a influência conjunta das variáveis distância da costa (p<0.001), declividade (p=0.02) e velocidade da corrente (p=0.03). Assim, as áreas mais utilizadas foram águas costeiras, de maior declividade e com maior velocidade de corrente na superfície (Figura 20).

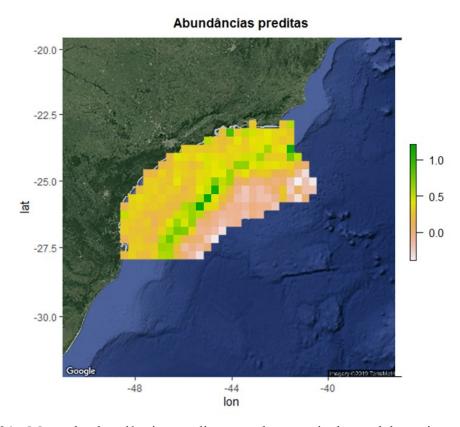
**Tabela 10** – Descrição dos modelos referentes às variações na taxa de encontro de baleias-debryde na Bacia de Santos. A variável resposta, em todos os casos, é o número de registros por milha percorrida em cada célula amostrada. A distância percorrida (milhas náuticas) em cada célula foi considerada offset. As variáveis explanatórias foram clorofila (clor), velocidade da corrente (v\_cor), temperatura máxima (t\_max), temperatura média (t\_med), salinidade (sal), declividade (dec) e distância da costa (d\_costa).

Variáveis Explanatórias	GL	logLik	AICc	delta	Peso
v_cor + dec + d_costa	7	-317.81	650.0	0.00	0.833
1	4	-322.97	654.1	4.05	0.110
clor + v_cor + dec + d_costa	8	-319.48	655.5	5.46	0.054
clor + v_cor + t_max+ dec + d_costa	9	-321.60	661.9	11.83	0.002
$clor + v\_cor + t\_max + t\_med + dec + d\_costa$	10	-323.16	667.2	17.11	0.000
clor + v_cor + t_max + t_med + sal + dec + d_costa	11	-323.58	670.2	20.12	0.000



**Figura 20**— Previsões do modelo mais parcimonioso para a modelagem de uso de habitat de baleias-de-bryde na Bacia de Santos. As previsões mostram o efeito (A) da velocidade da corrente; (B) da distância da costa; e (C) da declividade (em graus) sobre o número de registros de baleias-de-bryde.

O mapa de abundâncias preditas aponta para as áreas com maior adequabilidade como sendo a região costeira sudeste (SP e RJ) e, especialmente, ao longo de toda a quebra da plataforma continental (Figura 21).



**Figura 21**— Mapa de abundâncias preditas gerado a partir do modelo mais parcimonioso. O gradiente varia de ambientes menos adequados (em branco) a ambientes mais adequados (em verde).

# 4 DISCUSSÃO

Nossos resultados apontam para existência de uma única população de *Balaenoptera brydei* que permanece ao longo de todo ano na Bacia de Santos, utilizando a área para fins de alimentação e reprodução. A população não apresentou nenhum indício de estruturação em relação aos habitats, com níveis de diversidade genética bastante reduzidos. Sua distribuição na área de estudo apresenta padrão sazonal, com deslocamento latitudinal entre as estações. Estas diferenças nas áreas de concentração parecem ser influenciadas por sazonalidade reprodutiva e por variações na concentração de presas. Foram evidenciados padrões de fidelidade a determinadas áreas, além de deslocamentos entre os habitats costeiro e oceânico. As características físicas e oceanográficas que regem sua distribuição são consistentes com eventos de ressurgência tanto na região costeira quanto na quebra da plataforma e os

deslocamentos entre habitats provavelmente refletem mudanças na produtividade e disponibilidade de presas.

## 4.1 DIVERSIDADE GENÉTICA

A identificação das amostras coletadas como *Balaenoptera brydei* reforça a ocorrência dessa espécie no Brasil, de acordo com a classificação proposta por Wada (2003). Este resultado já havia sido apontado em um estudo prévio que identificou oito amostras de baleia-de-Bryde como *B. brydei* (PASTENE et al., 2015). Entretanto, esse trabalho utilizou apenas dados provenientes de animais encalhados na costa brasileira sul e sudeste. Eram necessárias, portanto, mais amostras para reforçar esta conclusão, especialmente de áreas oceânicas. Ao contrário das amostras de encalhe, cuja origem dos animais é incerta (PELTIER et al. 2012), as biópsias aqui analisadas estão associadas a coordenadas precisas de sua localização. Com isso, foi possível demonstrar que há compartilhamento do haplótipo mais frequente entre indivíduos amostrados tanto na costa quanto no talude. Este mesmo haplótipo foi compartilhado com um haplótipo de Aruba (LUKSENBURG 2014), que por sua vez foi agrupado com B. *brydei* oceânicas da África do Sul e da Ilha da Madeira. Considerando nossos resultados, a definição da espécie como B. *brydei* para o Atlântico Sul Ocidental ganha robustez.

Estas baleias amostradas na Bacia de Santos constituem uma única população, com baixíssima diversidade genética e sem estruturação em relação aos habitats. Estes níveis de diversidade genética são inferiores às populações de baleia-de-Bryde nos Oceanos Pacífico e Índico (KANDA et al. 2007) e corroboram a menor diversidade genética encontrada para as baleias-de-bryde que ocorrem no Brasil em relação aos animais encontrados no Peru e Chile (PASTENE et al. 2015). Apesar do tamanho amostral reduzido (n=13), ao compararmos a diversidade genética obtida com aquela obtida para 20 indivíduos de baleia-sei (*Balaenoptera borelis*) amostrados na mesma área de estudo, a diversidade genética desta última é muito maior (h = 0,953 e  $\pi$  = 0,81% para DNAmt, A = 10,33 e H<sub>O</sub> = 0,761 para microssatélites), sugerindo que a população de baleias-de-bryde na área realmente possui reduzida diversidade genética.

Dentre as possíveis causas para explicar o baixo nível de diversidade genética, podemos citar eventos históricos naturais, como recente divergência evolutiva (PALSBØLL et al. 2004), ou algum evento que tenha causado redução no tamanho populacional (gargalos demográficos) e consequente aumento na incidência de endocruzamentos (LACY 1997, HEDRYCK & MILLER 1992). Em relação a esta última hipótese, é sabido que baleias da família Balaenopteridae foram intensamente caçados no Brasil (PAIVA & GRANJEIRO 1965). Entretanto, a confusão taxonômica envolvendo as espécies dessa família (WISEMAN 2008) pode ter levado a estimativas de captura subestimadas (BEST 1977). Assim como ocorreu neste trabalho, é provável que muitos animais tenham sido identificados de forma errônea ao longo das estimativas de captura nas estações baleeiras (CONSTANTINE et al. 2018). Portanto, a baixa diversidade genética observada pode ser consequência da captura destes animais de forma mais intensa do que se pensava – reduzindo o tamanho populacional original.

Populações reduzidas tendem a apresentar menor diversidade genética por serem mais afetadas em eventos estocásticos (como deriva genética) (ALLENDORF et al. 2007). Sem variação genética, uma população pode não persistir frente a mudanças em variáveis ambientais e, como resultado, enfrentar riscos maiores de declínio populacional e até de extinção (HUGHES et al. 2008). Este *vortex* para a extinção (FAGAN & HOLMES 2006) é uma ameaça para a população de baleias-de-bryde aqui estudada, uma vez que a Bacia de Santos apresenta importantes pressões antrópicas provenientes de atividades como exploração de petróleo e gás e pesca industrial (FORMIGLI et al. 2009; DE OLIVEIRA et al. 2016). Diante disso, torna-se urgente a continuação de seu monitoramento na área, bem como a coleta de mais informações que permitam responder melhor os motivos de sua baixa variabilidade genética. Estimativas de abundância e outros parâmetros populacionais também são urgentes. Entender as causas de baixa diversidade genética e parâmetros populacionais diversos é um requisito para se discutir estratégias de conservação que ajudem a evitar a redução na aptidão individual e na capacidade adaptativa da população (LANDE et al. 1988).

Embora nossos resultados corroborem o compartilhamento de haplótipos entre baleias-de-bryde de diferentes hemisférios e oceanos, provavelmente devido a uma divergência recente entre as populações (KANDA et al. 2007), resta ainda entender como se dá o fluxo gênico pós-divergência entre estas populações. A baixa diversidade genética encontrada na população deste estudo levanta a hipótese de reduzido fluxo gênico

interpopulacional e, para elucidar esta hipótese, é necessário um número maior de amostras e de marcadores específicos para esta análise - como SNPs (*single nucleotide polymorphism*). Considerando a possibilidade de uma população isolada com uma baixa diversidade genética observada, é fundamental que essa população seja manejada como uma entidade separada (MORITZ 2002), considerando o máximo de parâmetros populacionais da mesma ao se tentar entender sua dinâmica no tempo.

# 4.2 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E CARACTERÍSTICAS DOS REGISTROS

Foram determinadas distintas áreas de concentração entre estações quentes e frias, com um padrão de movimentação latitudinal. Esta variação sazonal nas áreas de concentração reforça a falta de estruturação desta população em relação aos habitats. Evidencia-se, por sua vez, um padrão de deslocamento e de diferentes usos das áreas costeiras e oceânicas, considerando eventos de alimentação e reprodução.

No verão, a concentração costeira pode ser explicada como uma busca de fêmeas lactantes por águas mais calmas e rasas (WISEMAN et al. 2011). Adicionalmente, a sardinhaverdadeira (*Sardinella brasiliensis*), principal presa da espécie (SICILIANO et al. 2004), se aproxima da região costeira em estações quentes (MORAES et al. 2012), sendo uma fonte energética de alimento – tanto para fêmeas lactantes quanto para demais indivíduos da população. Como já descrito previamente, a aproximação dessa presa é um fator que atrai as baleias-de-bryde para costa sudeste (FIGUEIREDO et al. 2014). Diferentemente do comportamento reprodutivo, não parece haver um padrão sazonal para alimentação, e a busca por presas específicas e de alto valor energético pode explicar seu deslocamento entre áreas de concentração.

Estas áreas de concentração identificadas na Bacia de Santos corresponderam aos limites norte e sul do esforço amostral. É sabido que no limite de distribuição de uma população, a abundância de indivíduos tende a diminuir (BROWN 1984). Isto não ocorreu aqui e é sabido que há registros de baleias-de-bryde para além da região amostrada (ANDRIOLO et al. 2010). Desta forma, esforços sistemáticos mais ao sul e mais ao norte da Bacia de Santos são fundamentais para auxiliar na compreensão da estrutura desta população em todo o Atlântico Sul Ocidental.

Ao longo de todo ano e nos dois hábitats, costeiro e oceânico, as baleias-de-bryde foram registradas, principalmente como indivíduos solitários. Este padrão de grupo solitário foi observado inclusive nos eventos de alimentação e reprodução. O estilo de vida solitário indica a ausência de fortes pressões seletivas para cooperação e a presença de fatores que promovam a solitude (SANDELL 1989). Dentre os fatores que favorecem a vida solitária, estão características da presa e do modo de forrageio (SANDELL 1989). De acordo com esta lógica, predadores que comem presas muito menores que si próprios tendem a fazê-lo de forma solitária. Apesar de este não ser o caso de muitas baleias, inclusive entre outros Balenopterídeos que formam grandes grupos para se alimentar de krill (baleia-fin; TERSHY 1992), isso parece verdade para baleias-debryde. Um estudo de comportamento com estes animais já havia apontado que baleias-de-bryde tendem a não formar grupos, mesmo em agregações, onde cada baleia respondia de forma independente e não-cooperativa ao movimento da presa (TERSHY et al. 1993). Adicionalmente, o tamanho do grupo de predadores é um reflexo do tamanho das manchas de presas (GOODALL 1968). Apesar de não termos estimativas de abundância das principais presas da espécie para área de estudo, é provável que esta abundância seja limitada. A costa brasileira é majoritariamente influenciada pela corrente do Brasil – uma corrente com perfil oligotrófico e baixa biomassa de peixes (BRANDINO 1990, PALMA & MATANO 2009). Adicionalmente, muitos estoques de peixes e demais recursos alimentares da espécie vem sofrendo redução por conta da sobrepesca (VASCONCELLOS & GASALLA 2010). A limitação destes recursos reduziria o beneficio individual para as baleias-de-bryde (ABRAMS 2007) e, apesar de formarem agregações sazonais motivadas pela variação na presença de presas (WHITEHEAD & KAHN 1992), a escassez desse recurso pode desfavorecer a formação de grupos (BERTRAM 1978). O pequeno tamanho nas manchas de presas, somado ao fato de que estes animais não tenham aparentemente um período definido de alimentação, pode acabar favorecendo a competição intraespecífica, já que o encontro com a presa é oportunístico e incerto, não havendo um local ou período definido que favorece o desenvolvimento de táticas cooperativas de forrageio.

Além das táticas de forrageio, a formação de grupos ou a vida solitária também está fortemente associada à redução de risco de predação. No caso dos cetáceos, seu principal predador são orcas e as estratégias de antipredação podem ser em agregações ou individuais (CONNOR 2000). Um trabalho que avaliou as diferentes respostas de baleias aos ataques de orcas mostrou que, no caso das baleias-de-bryde, a estratégia adotada é individual e de fuga, consistindo no deslocamento rápido e direcional (FORD & REEVES 2008).

Através da técnica de fotoidentificação, pudemos identificar padrões de fidelidade e de retorno tanto a áreas específicas quanto a áreas com condições semelhantes. Curiosamente, nenhum indivíduo foi reavistado em um habitat diferente da avistagem inicial, o que sugere ou um padrão de fidelidade temporária a um determinado habitat, ou a ocorrência de visitas repetidas ao mesmo, após deslocamentos para o outro habitat. Os dados de telemetria evidenciaram justamente esta possibilidade de deslocamento entre habitats. Até onde sabemos, esta é a primeira baleia-de-Bryde marcada e acompanhada por satélite no Atlântico Sul Ocidental. Este animal forneceu informações importantes sobre os padrões comportamentais de deslocamento da espécie e de uso da área. A baleia acompanhada utilizou tanto águas costeiras quanto oceânicas em curto período de tempo (28 dias), chegando a percorrer mais de 300km em um dia. Esta é a maior distância registrada em deslocamento para a espécie e ocorreu sobre a extensão da plataforma continental, em direção ao talude. Seu comportamento reforçou a existência de áreas de permanência (provável alimentação) e áreas por onde o animal transita de forma mais rápida e direta. Conhecer estas rotas de deslocamento é fundamental para se reduzir riscos de colisão com embarcações. Com a obtenção de mais informações deste tipo, será possível prever áreas com maior risco de colisão que podem ser usadas em ações de manejo e redução destes eventos.

As informações complementares obtidas através da técnica de fotoidentificação e de telemetria satelital reforçam a importância e a complementariedade da aplicação conjunta de métodos em compreender questões ecológicas. Entretanto, apesar dos importantes resultados, a telemetria se mostrou uma técnica de difícil aplicação para espécie, por conta de seu comportamento evasivo. A fuga dos animais se deu especialmente pela aproximação do barco – e não pela implantação do satélite *per si*. Desta forma, é fundamental que a aproximação seja feita em barcos silenciosos, com manobras previsíveis e sem permanência por longos períodos perseguindo o animal, evitando estresse prolongado (WATKINS 1981). Já a fotoidentificação trata-se de uma técnica não-invasiva e se mostrou uma boa ferramenta para a espécie, reforçando a potencialidade de uso de suas marcas naturais para identificação individual. Considerando as áreas de concentração costeiras determinadas para a espécie na Bacia de Santos, é altamente recomendável que esforços de fotoidentificação nestas áreas sejam aplicados ou intensificados. Além de acrescentar informações acerca de padrões de movimento e fidelidade, esta técnica oferece a oportunidade de se estudar o estado de saúde

da população e de elucidar os processos de cicatrização e variação de marcas individuais — que permanecem desconhecidos para a espécie e são fundamentais para o próprio aprimoramento da técnica. Neste estudo, por exemplo, as marcas de tubarão-charuto foram utilizadas eventualmente como características secundárias para identificação individual, mas seu padrão de cicatrização precisa ser determinado para que seu uso de forma sistemático seja aplicado.

A avaliação de cicatrizes de tubarão-charuto também permitiu inferências quanto ao padrão espacial da espécie. As diferenças encontradas na densidade destas lesões entre indivíduos podem ser explicadas por diferenças ontogênicas ou por variações comportamentais entre os indivíduos no uso das áreas. Animais com maiores taxas de cicatrizes podem refletir tanto animais mais velhos, quanto animais que ficam mais tempo em águas oceânicas, área de ocorrência do tubarão-charuto (PARIN 1996). A ocorrência de animais com cicatrizes em águas costeiras confirma a aproximação de animais que estiveram em águas oceânicas. Entretanto, estas informações não nos permite ainda afirmar se este deslocamento entre áreas é um padrão comum para toda população. Pode haver, por exemplo, baleias oceânicas com cicatrizes que nunca se aproximam da costa, ou baleias costeiras que nunca transitam para águas profundas, o que explicaria a concentração costeira de animais sem cicatrizes ao sul da área de estudo. A compreensão das variações individuais no uso e no deslocamento entre habitats requer um aumento amostral e a continuação da aplicação combinada das abordagens de fotoidentificação, de telemetria satelital, de comparação das cicatrizes e de genética (por exemplo, para a sexagem e geração de estimativas de idade).

#### 4.3 MODELAGEM DE HABITAT

Na Bacia de Santos, as baleias-de-bryde se concentram em regiões costeiras ou na quebra da plataforma continental (altas declividades), com velocidades da corrente na superfície elevadas. Estas características refletem importantes eventos de ressurgência na região, que consistem em um deslocamento da camada de água superfícial que é então substituída por águas mais profundas e ricas em matéria orgânica — aumentando a produtividade e, consequentemente, a disponibilidade de presas (BRANDINI 1990). Estes eventos de ressurgência ocorrem tanto sazonalmente na costa sudeste, quanto ao longo de todo ano na quebra da plataforma continental (CALADO et al. 2008, PALMA & MATANO

2009). Na quebra da plataforma continental, a passagem da Corrente do Brasil traz a Água Central do Atlântico Sul (ACAS) para regiões da plataforma da Bacia de Santos (CAMPOS et al. 2000). A passagem desta corrente tem efeitos de aumento de velocidade da corrente superficial, gerando vórtices por conta da diferença de temperatura (DA SILVEIRA et al. 2000). Ao penetrar na Bacia de Santos, a ACAS produz a chamada "ressurgência de quebra de plataforma", um importante mecanismo que provê nutrientes e aumenta a produtividade local ao longo de todo o ano (CAMPOS et al. 1995). Já na região costeira de Cabo Frio, os eventos de ressurgência são sazonais e se dão por influência da predominância de ventos do quadrante nordeste no verão (PALMA & MATANO 2009), sendo também constatado um aumento na velocidade da corrente por conta deste mecanismo (CALADO et al. 2008).

Estes eventos meteoceanográficos, eventuais na costa e recorrentes na quebra da plataforma, propiciam condições localizadas de maior produtividade e, consequentemente, de maior disponibilidade de presas onde ocorrem. O uso do habitat pelas baleias-de-bryde na Bacia de Santos é, portanto, provavelmente motivado por estas oportunidades de disposição de recursos.

## 5 CONCLUSÃO

Este trabalho apresentou informações inéditas para compreensão da ecologia de baleias-de-bryde em águas brasileiras. A identificação dos animais como B. *brydei* pode colaborar na tentativa de resolução do complexo taxonômico de baleias-de-bryde no Atlântico Sul Ocidental. A população em questão possui baixíssima diversidade genética, demandando prioridade para se gerar estimativas de abundância, além de ações de conservação específicas que garantam sua viabilidade. Principalmente, nossos resultados elucidaram como, onde e quando estes animais usam e se distribuem na Bacia de Santos. Apresentamos suas áreas de concentração nas diferentes estações, destacando-se especialmente a costa sudeste durante as estações quentes e um deslocamento latitudinal e para águas mais profundas nas estações frias. Há também uma área na quebra da plataforma continental onde permanecem ao longo de todo ano. Além deste padrão de movimento ao longo do ano, há certo grau de fidelidade no retorno a áreas. Evidenciamos sazonalidade na presença de filhotes, além de registrar a distribuição de eventos de alimentação. Tanto a presença de filhotes quanto os eventos de

alimentação ocorreram principalmente em regiões costeiras. As características que regem a distribuição de baleias-de-bryde na Bacia de Santos refletem eventos de ressurgência — tanto na costa, quanto na quebra da plataforma continental — que aumentam a disponibilidade de presas. As informações aqui apresentadas são fundamentais para definição de políticas e prioridades de conservação desta população, além do estabelecimento de informações de base para monitoramento de possíveis alterações populacionais, considerando o contexto de intensa pressão antrópica na área em questão.

# REFERÊNCIAS

ABRAMS, P. A. Habitat choice in predator-prey systems: spatial instability due to interacting adaptive movements. **The American Naturalist**, v. 169, n. 5, p. 581-594, 2007.

ALLENDORF, F. W.; LUIKART, G.; AITKEN, S. N. Conservation and the genetics of populations. **mammalia**, v. 2007, n. 2007, p. 189-197, 2007.

ALVES, L. C. P. S; MOREIRA, S.; SIMÕES-LOPES, P. C. & ANDRIOLO, A. Behavioral responses of humpback whales, *Megaptera novaeangliae* (Cetacea:Balaenopteridae), to satellite transmitter deployment procedures. **Zoologia** 27 (1):1–6. 2010.

AMOS, W. Long-term skin preservation of whale skin for DNA analysis. **Rep Int Whaling Comm Spec. Issue**, v. 13, p. 99-103, 1991.

ANDERSON, J. Comprising and Account of the zoological results of the two Expeditions to Western Yunnan 1868 and 1875. **Anatomical and Zoological Researches**, v. 1, p. 551-564, 1879.

ANDRIOLO, A. et al. Distribution and relative abundance of large whales in a former whaling ground off eastern South America. **Zoologia (Curitiba)**, v. 27, n. 5, p. 741-750, 2010.

ANDRIOLO, A.; ZERBINI, A. N.; MOREIRA, S.; PIZZORNO, J. L.; DANILEWICZ, D.; MAIA, Y. G.; MAMEDE, N.; CASTRO, F. R. & CLAPHAM, P. What do humpback whales *Megaptera novaeangliae* (Cetartiodactyla: Balaenopteridae) pairs do after tagging? **Zoologia** 31 (2): 105–113. 2014.

ASSIS, J., TYBERGHEIN, L., BOSH, S., VERBRUGGEN, H., SERRÃO, E. A., & DE CLERCK, O. Bio-ORACLE v2. 0: Extending marine data layers for bioclimatic modelling. **Global Ecology and Biogeography**, v. 27, n. 3, p. 277-284, 2018.

AUSTIN, M. P. Spatial prediction of species distribution: an interface between ecological theory and statistical modelling. **Ecological modelling**, v. 157, n. 2-3, p. 101-118, 2002.

BAILEY, H.; THOMPSON, P. M. Using marine mammal habitat modelling to identify priority conservation zones within a marine protected area. **Marine Ecology Progress Series**, v. 378, p. 279-287, 2009. 60

BAKER, C. S., FLÓREZ-GONZÁLEZ, L., ABERNETHY, B., ROSENBAUM, H. C., SLADE, R. W., CAPELLA, J., & BANNISTER, J. L. Mitochondrial DNA variation and maternal gene flow among humpback whales of the Southern Hemisphere. **Marine Mammal Science**, v. 14, n. 4, p. 721-737, 1998.

BALLANCE, L. T.; PITMAN, R. L.; FIEDLER, P. C. Oceanographic influences on seabirds and cetaceans of the eastern tropical Pacific: a review. **Progress in Oceanography**, v. 69, n. 2-4, p. 360-390, 2006.

BARLOW, J., & TAYLOR, B. L. Estimates of sperm whale abundance in the northeastern temperate Pacific from a combined acoustic and visual survey. *Marine Mammal Science*, 21(3), 429-445. 2005.

BARTON, K. Package 'MuMIn'. R package version, v. 1, n. 6, 2019.

BAUMGARTNER, M. F.; COLE, T. V.; CAMPBELL, R. G.; TEEGARDEN, G. J., & DURBIN, E. G. Associations between North Atlantic right whales and their prey, *Calanus finmarchicus*, over diel and tidal time scales. **Marine Ecology Progress Series**, *264*(155), 66. 2003.

BENSON, S. R., CROLL, D. A., MARINOVIC, B. B., CHAVEZ, F. P., & HARVEY, J. T. Changes in the cetacean assemblage of a coastal upwelling ecosystem during El Niño 1997–98 and La Niña 1999. **Progress in Oceanography**, v. 54, n. 1-4, p. 279-291, 2002.

BERTRAM, B.CR. Living in groups: predators and prey. **Behavioural ecology: an evolutionary approach**, p. 221-248, 1978.

BÉRUBÉ, M., JØRGENSEN, H., MCEWING, R., & PALSBØLL, P. J. Polymorphic dinucleotide microsatellite loci isolated from the humpback whale, *Megaptera novaeangliae*. **Molecular Ecology**, v. 9, n. 12, p. 2181-2183, 2000.

BEST, P. B. Distribution and population separation of Bryde's whale *Balaenoptera edeni* off southern Africa. **Marine Ecology Progress Series**, v. 220, p. 277-289, 2001.

BEST, P. B. Two allopatric forms of Bryde's whale off South Africa. **Report of the International Whaling Commission**, n. 1, p. 10-38, 1977.

BEYGELZIMER A., SHAM K, JOHN L, SUNIL A, DAVID M & SHENGQIAO L. FNN: fast nearest neighbor search algorithms and applications. **R package version**, v. 1, n. 1, 2013.

BLASI, M. F. & BOITANI, L. Modelling fine-scale distribution of the bottlenose dolphin *Tursiops truncatus* using physiographic features on Filicudi (southern Thyrrenian Sea, Italy). **Endangered Species Research**, v. 17, n. 3, p. 269-288, 2012.

BOSCH, S.; TYBERGHEIN, L.; DE CLERCK, O. sdmpredictors: an R package for species distribution modelling predictor datasets. **Marine Species Distributions: From data to predictive models**, p. 49, 2017.

BOUCHET PJ, MILLER DL, ROBERTS JJ, MANNOCCI L, HARRIS CM, THOMAS L. From here and now to there and then: Practical recommendations for extrapolating cetacean density surface models to novel conditions. **Technical report 2019-01 v1.0, Centre for Research into Ecological & Environmental Modelling (CREEM)**, University of St Andrews, 59 p. 2019.

BRANDINI, F. P. Hydrography and characteristics of the phytoplankton in shelf and oceanic waters off southeastern Brazil during winter (July/August 1982) and summer (February/March 1984). **Hydrobiologia**, v. 196, n. 2, p. 111-148, 1990.

BROWN, J. H. On the relationship between abundance and distribution of species. **The american naturalist**, v. 124, n. 2, p. 255-279, 1984.

BUCKLAND, S.; ANDERSON, D.R.; BURNHAM, K.P.; LAAKE, J., BORCHERS, D., THOMAS, L. Introduction to distance sampling: estimating abundance of biological populations. Oxford, UK: **Oxford University Press**. 448 p. 2001. 62

BURNHAM, K.; ANDERSON, D. Model Selection and Multi-model Inference. 2nd ed.Springer: New York. 2002.

CABALLERO, S., HOLLATZ, C., RODRÍGUEZ, S., TRUJILLO, F., & BAKER, C. S. Population Structure of Riverine and Coastal Dolphins Sotalia fluviatilis and Sotalia guianensis: Patterns of Nuclear and Mitochondrial Diversity and Implications for Conservation. **Journal of Heredity**, v. 109, n. 7, p. 757-770, 2018.

CALADO, L. GANGOPADHYAY, A. DA SILVEIRA, I. C. A. Feature-oriented regional modeling and simulations (FORMS) for the western South Atlantic: Southeastern Brazil region. **Ocean Modelling**, v. 25, n. 1-2, p. 48-64, 2008.

CALDWELL, D. K. Evidence of home range of an Atlantic bottlenose dolphin. **Journal of Mammalogy**, v. 36, n. 2, p. 304-305, 1955.

CALENGE, C. The package "adehabitat" for the R software: a tool for the analysis of space and habitat use by animals. **Ecological modelling**, v. 197, n. 3-4, p. 516-519, 2006.

CAMPOS, E. J. D.; VELHOTE, D.; DA SILVEIRA, I. C. A. Shelf break upwelling driven by Brazil Current cyclonic meanders. **Geophys. Res. Let.,** v. 27, p. 751-754, 2000.

CAMPOS, E. J. D.; GONÇALVES, J. E. & IKEDA, Y. Water mass structure and geostrophic circulation in the South brazilian Bight. **J. Geophisical Research**, v. 100, n. 18, p. 537-18, 1995.

CAÑADAS, A., SAGARMINAGA, R., DE STEPHANIS, R., URQUIOLA, E., & HAMMOND, P. S. Habitat preference modelling as a conservation tool: proposals for marine protected areas for cetaceans in southern Spanish waters. **Aquatic conservation: marine and freshwater ecosystems**, v. 15, n. 5, p. 495-521, 2005.

CHIVERS, S. J., BAIRD, R. W., MCSWEENEY, D. J., WEBSTER, D. L., HEDRICK, N. M., & SALINAS, J. C. Genetic variation and evidence for population structure in eastern

North Pacific false killer whales (Pseudorca crassidens). **Canadian Journal of Zoology**, v. 85, n. 7, p. 783-794, 2007.

COELHO-SOUZA, S. A., LÓPEZ, M. S., GUIMARÃES, J. R. D., COUTINHO, R., & CANDELLA, R. N. Biophysical interactions in the Cabo Frio upwelling system, Southeastern Brazil. **Brazilian Journal of Oceanography**, v. 60, n. 3, p. 353-365, 2012.

CONNOR, R. C. Group living in whales and dolphins. Cetacean societies: Field studies of dolphins and whales, p. 199-218, 2000.

CONSTANTINE, R., IWATA, T., NIEUKIRK, S. L., & PENRY, G. S. Future Directions in Research on Bryde's Whales. **Frontiers in Marine Science**, v. 5, p. 333, 2018.

CORKERON, P. & KRAUS, S. D. Baleen whale species at risk of extinction. **Nature** 554:169. 2018.

CORKERON, P. J., MINTON, G., COLLINS, T., FINDLAY, K., WILLSON, A., & BALDWIN, R. CORKERON, P. J., MINTON, G., COLLINS, T., FINDLAY, K., WILLSON, A., & BALDWIN, R. Spatial models of sparse data to inform cetacean conservation planning: an example from Oman. **Endangered Species Research**, v. 15, n. 1, p. 39-52, 2011.

COSTA, A. P., FRUET, P. F., SECCHI, E. R., DAURA-JORGE, F. G., SIMÕES-LOPES, P. C., DI TULLIO, J. C., & ROSEL, P. E. Ecological Divergence and Speciation in Common Bottlenose Dolphins in the Western South Atlantic. **Journal of Evolutionary Biology**, 2019.

CROLL, D. A., MARINOVIC, B., BENSON, S., CHAVEZ, F. P., BLACK, N., TERNULLO, R., & TERSHY, B. R. From wind to whales: trophic links in a coastal upwelling system. **Marine Ecology Progress Series**, v. 289, p. 117-130, 2005.

CYPRIANO-SOUZA, A. L., ENGEL, M. H., CABALLERO, S., OLAVARRÍA, C., FLÓREZ-GONZÁLEZ, L., CAPELLA, J. & BAKER, C. S. Genetic differentiation between humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) from Atlantic and Pacific breeding grounds of South America. **Marine Mammal Science**, v. 33, n. 2, p. 457-479, 2017. 64

DA SILVEIRA, I. C. A., SCHMIDT, A. C. K., CAMPOS, E. J. D., DE GODOI, S. S., & IKEDA, Y. A corrente do Brasil ao largo da costa leste brasileira. **Rev. Bras. Ocean**, v. 48, n. 2, p. 171-183, 2000.

DAY, Jon C. Zoning—lessons from the Great Barrier Reef marine park. **Ocean & coastal management**, v. 45, n. 2-3, p. 139-156, 2002.

DE BRUYN, PJ N.; TOSH, C. A.; TERAUDS, A. Killer whale ecotypes: is there a global model?. **Biological Reviews**, v. 88, n. 1, p. 62-80, 2013.

DE OLIVEIRA, L.K.; CEPIK, M.; BRITES, P.V.P. O pré-sal e segurança do Atlântico Sul: a defesa em camadas e o papel da integração sul-americana. **Capa-revista da EGN**, v. 20, n. 1, p. 139-164, 2016.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; BINI, L. M.; HAWKINS, B. A. Spatial autocorrelation and red herrings in geographical ecology. **Global ecology and Biogeography**, v. 12, n. 1, p. 53-64, 2003.

DORMANN, C., M. MCPHERSON, J., B. ARAÚJO, M., BIVAND, R., BOLLIGER, J., CARL, G. & KÜHN, I. Methods to account for spatial autocorrelation in the analysis of species distributional data: a review. **Ecography**, v. 30, n. 5, p. 609-628, 2007.

DRANSFIELD, A., HINES, E., MCGOWAN, J., HOLZMAN, B., NUR, N., ELLIOTT, M. & JAHNCKE, J. Where the whales are: using habitat modeling to support changes in shipping regulations within National Marine Sanctuaries in Central California. **Endangered Species Research**, v. 26, n. 1, p. 39-57, 2014.

EVANS, Daniel R.; GATES, J. Edward. Cowbird selection of breeding areas: the role of habitat and bird species abundance. **The Wilson Bulletin**, p. 470-480, 1997.

FAGAN, W. F. & HOLMES, E. E. Quantifying the extinction vortex. **Ecology letters**, v. 9, n. 1, p. 51-60, 2006.

FIGUEIREDO, L. D. & SIMÃO, S. M. Bryde's Whale (*Balaenoptera edeni*) Vocalizations from Southeast Brazil. **Aquatic Mammals**, v. 40, n. 3, 2014.

FIGUEIREDO, L. D., TARDIN, R. H., LODI, L., DE SÁ MACIEL, I., DOS SANTOS ALVES, M. A., & SIMÃO, S. M. Photo-id catalog points to some degree of Bryde's whales (*Balaenoptera edeni*) site fidelity to Cabo Frio region, southeastern Brazil. **Brazilian Journal of Aquatic Science and Technology**, v. 18, n. 2, p. 59-64, 2015.

FIGUEIREDO, L. D., TARDIN, R. H., LODI, L., MACIEL, I. S., ALVES, M. A. S., & SIMÃO, S. M. Site fidelity of Bryde's whales (*Balaenoptera edeni*) in Cabo Frio region, southeastern Brazil, through photoidentification technique. *Brazilian Journal of Aquatic Science and Technology*, 18(2), 59-64. 2014.

FONTAINE, M. C., BAIRD, S. J., PIRY, S., RAY, N., TOLLEY, K. A., DUKE, S. & ÖZTÜRK, B. Rise of oceanographic barriers in continuous populations of a cetacean: the genetic structure of harbour porpoises in Old World waters. **BMC biology**, v. 5, n. 1, p. 30, 2007.

FORD, J.K.B & REEVES, R.R. Fight or flight: antipredator strategies of baleen whales. **Mammal Review**, v. 38, n. 1, p. 50-86, 2008.

FREDRIKSSON, Gabriella M.; NIJMAN, Vincent. Habitat use and conservation status of two elusive ground birds (*Carpococcyx radiatus* and *Polyplectron schleiermacheri*) in the Sungai Wain Protection Forest, East Kalimantan, Indonesian Borneo. **Oryx**, v. 38, n. 3, p. 297-303, 2004.

FREITAS, C. argosfilter: Argos locations filter. *R package version 0.62*. 2010.

FRUET, P. Abundância, mortalidade em atividades pesqueiras e viabilidade da população de botos (*Tursiops truncatus*) do estuário da lagoa dos patos, RS, Brasil. M. Sc. dissertação. FURG, Rio Grande. 192pp. 2008. 66

GAGGIOTTI, O. E. Metapopulations of Marine Species with Larval Dispersal: A Counterpoint to Ilkka's Glanville Fritillary Metapopulations. In: **Annales Zoologici Fennici. Finnish Zoological and Botanical Publishing**, p. 97-112. 2017.

GARAFFO, G. V., DANS, S. L., PEDRAZA, S. N., DEGRATI, M., SCHIAVINI, A., GONZÁLEZ, R., & CRESPO, E. A. Modeling habitat use for dusky dolphin and Commerson's dolphin in Patagonia. **Marine Ecology Progress Series**, v. 421, p. 217-227, 2011.

GENDRON, D., SERRANO, I. M., DE LA CRUZ, A. U., CALAMBOKIDIS, J., & MATE, B. Long-term individual sighting history database: an effective tool to monitor satellite tag effects on cetaceans. **Endangered Species Research**, v. 26, n. 3, p. 235-241, 2015.

GILL, P. C., MORRICE, M. G., PAGE, B., PIRZL, R., LEVINGS, A. H., & COYNE, M. Blue whale habitat selection and within-season distribution in a regional upwelling system off southern Australia. **Marine ecology progress series**, v. 421, p. 243-263, 2011.

GONÇALVES, L. R. & ANDRIOLO, A. Ocorrência, distribuição e comportamento de baleias-de-bryde (*Balaenoptera edeni* Anderson, 1879)(Cetacea, Mysticeti) em áreas costais e oceânicas do sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zoociências**, v. 8, n. 2, 2006.

GONÇALVES, L.R.; AUGUSTOWSKI, M.; ANDRIOLO, A. Occurrence, distribution and behaviour of Bryde's whales (Cetacea: Mysticeti) off south-east Brazil. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, v. 96, n. 4, p. 943-954, 2016.

GOODALL, J. The chimpanzees of Gombe: Patterns of behavior. Cambridge Mass, 1986.

GOODALL, J.V.L. The behaviour of free-living chimpanzees in the Gombe Stream Reserve. **Animal behaviour monographs**, v. 1, p. 161-IN12, 1968.

GORMLEY, A. M., DAWSON, S. M., DAWSON, S. M., SLOOTEN, E., & BRÄGER, S. Capture-recapture estimates of Hector's dolphin abundance at Banks Peninsula, New Zealand. **Marine Mammal Science**, v. 21, n. 2, p. 204-216, 2005.

GOTELLI, N. J. & COLWELL, R. K. Quantifying biodiversity: procedures and pitfalls in the measurement and comparison of species richness. **Ecology letters**, v. 4, n. 4, p. 379-391, 2001.

HAMMOND, P. S.; MIZROCH, S. A., & DONOVAN, G. P. Individual recognition of cetaceans: use of photo-identification and other techniques to estimate population parameters. **Reports of the International Whaling Commission**. 1990.

HANSKI, I. Metapopulation dynamics. Nature, v. 396, n. 6706, p. 41-49, 1998.

HASTIE, G. D., WILSON, B. E. N., WILSON, L. J., PARSONS, K. M., & THOMPSON, P. M. Functional mechanisms underlying cetacean distribution patterns: hotspots for bottlenose dolphins are linked to foraging. **Marine Biology**, v. 144, n. 2, p. 397-403, 2004.

HEDRICK, P. W. & MILLER, P. S. Conservation genetics: techniques and fundamentals. **Ecological Applications**, v. 2, n. 1, p. 30-46, 1992.

HEDRICK, P.W. Conservation genetics: where are we now? **Trends Ecol Evol** 16:629–636. 2001.

HIJMANS, R. J., WILLIAMS, E., VENNES, C., & HIJMANS, M. R. J. Package 'geosphere'. **Spherical trigonometry**, v. 1, p. 7, 2017.

HIJMANS, Robert J.; VAN ETTEN, Jacob. raster: Geographic data analysis and modeling. **R** package version, v. 2, n. 8, 2016.

HOELZEL, A. R. Genetic structure of cetacean populations in sympatry, parapatry, and mixed assemblages: implications for conservation policy. **Journal of Heredity**, v. 89, n. 5, p. 451-458, 1998.

HUGHES, A. R., INOUYE, B. D., JOHNSON, M. T., UNDERWOOD, N., & VELLEND, M. Ecological consequences of genetic diversity. **Ecology letters**, v. 11, n. 6, p. 609-623, 2008.

HUIJSER, L. A., BÉRUBÉ, M., CABRERA, A. A., PRIETO, R., SILVA, M. A., ROBBINS, J. & VÍKINGSSON, G. A. Population structure of North Atlantic and North Pacific sei whales (*Balaenoptera borealis*) inferred from mitochondrial control region DNA sequences and microsatellite genotypes. **Conservation genetics**, v. 19, n. 4, p. 1007-1024, 2018.

IZADI, S., JOHNSON, M., DE SOTO, N. A., & CONSTANTINE, R. Night-life of Bryde's whales: ecological implications of resting in a baleen whale. **Behavioral Ecology and Sociobiology, 72**(5), 78. 2018.

ROMAN, J., ESTES, J. A., MORISSETTE, L., SMITH, C., COSTA, D., MCCARTHY, J. & SMETACEK, V. Whales as marine ecosystem engineers. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 12, n. 7, p. 377-385, 2014.

JOHNSON, M. P.; TYACK, P. L. A digital acoustic recording tag for measuring the response of wild marine mammals to sound. **IEEE journal of oceanic engineering**, v. 28, n. 1, p. 3-12, 2003.

JOHNSON, M., ZARETSKAYA, I., RAYTSELIS, Y., MEREZHUK, Y., MCGINNIS, S., & MADDEN, T. L. NCBI BLAST: a better web interface. **Nucleic acids research**, v. 36, n. suppl 2, p. W5-W9, 2008.

KALINOWSKI, S. T.; TAPER, M. L.; MARSHALL, T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular ecology**, v. 16, n. 5, p. 1099-1106, 2007.

KANDA, N., GOTO, M., KATO, H., MCPHEE, M. V., & PASTENE, L. A. Population genetic structure of Bryde's whales (*Balaenoptera brydei*) at the inter-oceanic and transequatorial levels. **Conservation Genetics**, v. 8, n. 4, p. 853-864, 2007.

KATO, H. & PERRIN, W. F. Bryde's whales: *Balaenoptera edeni/brydei*. In: **Encyclopedia** of marine mammals. Academic Press, p. 158-163. 2009.

KATONA, S. K. & WHITEHEAD, H. P. Identifying humpback whales using their natural markings. **Polar Record**, v. 20, n. 128, p. 439-444, 1981.

KERSHAW, F., LESLIE, M. S., COLLINS, T., MANSUR, R. M., SMITH, B. D., MINTON, G. & ROSENBAUM, H. C. Population differentiation of 2 forms of Bryde's whales in the Indian and Pacific Oceans. **Journal of Heredity**, v. 104, n. 6, p. 755-764, 2013.

KOCK, N. & LYNN, G. Lateral collinearity and misleading results in variance-based SEM: An illustration and recommendations. **Journal of the Association for Information Systems**, v. 13, n. 7, 2012.

KRAUSMAN, Paul R. Some basic principles of habitat use. **Grazing behavior of livestock and wildlife**, v. 70, p. 85-90, 1999.

KREBS, Charles J. The experimental analysis of distribution and abundance. **Ecology. New York: Harper and Row**, p. 1-14, 1972.

LACY, R. C. Importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. **Journal of Mammalogy**, v. 78, n. 2, p. 320-335, 1997.

LAMBERTSEN, R. H. A biopsy system for large whales and its use for cytogenetics. **Journal of Mammalogy**, v. 68, n. 2, p. 443-445, 1987.

LANDE, R. Genetics and demography in biological conservation. **Science**, v. 241, n. 4872, p. 1455-1460, 1988.

LODI, L.; TARDIN, R. H.; HETZEL, B.; MACIEL, I. S.; FIGUEIREDO, L. D.; SIMÃO, S. M. Bryde's whale (Cetartiodactyla: Balaenopteridae) occurrence and movements in coastal areas of southeastern Brazil. **Zoologia (Curitiba)**, v. 32, n. 2, p. 171-175, 2015.

LOUIS, M., VIRICEL, A., LUCAS, T., PELTIER, H., ALFONSI, E., BERROW, S. & DE STEPHANIS, R. Habitat-driven population structure of bottlenose dolphins, *Tursiops truncatus*, in the NorthEast Atlantic. **Molecular Ecology**, v. 23, n. 4, p. 857-874, 2014. 70

LOWRY, D. B. Ecotypes and the controversy over stages in the formation of new species. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 106, n. 2, p. 241-257, 2012.

LUKSENBURG, J. A. The cetaceans of Aruba, southern Caribbean. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, v. 94, n. 6, p. 1161-1174, 2014.

LUSSEAU, D.; SCHNEIDER, K.; BOISSEAU, O. J.; HAASE, P.; SLOOTEN, E., & DAWSON, S. M. The bottlenose dolphin community of Doubtful Sound features a large proportion of long-lasting associations. **Behavioral Ecology and Sociobiology**, *54*(4), 396-405. 2003.

MACIEL, I S.; TARDIN, R H.; SIMÃO, S M. Occurrence and habitat use of Bryde's whales (Balaenoptera edeni) in the Cabo Frio region, South-eastern Brazil. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, p. 1-6, 2016.

MACIEL, I. S.; TARDIN, R. H.; SIMÃO, S. M. Occurrence and habitat use of Bryde's whales (*Balaenoptera edeni*) in the Cabo Frio region, South-eastern Brazil. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, v. 98, n. 5, p. 1081-1086, 2018.

MATE, B., MESECAR, R. & LAGERQUIST, B. The evolution of satellite-monitored radio tags for large whales: One laboratory's experience. **Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography**, v. 54, n. 3-4, p. 224-247, 2007.

MELLO NETO, T.; MACIEL, I.; TARDIN, R. H.; SIMÃO, S. M. Twisting Movements During Feeding Behavior by a Bryde's Whale (*Balaenoptera edeni*) Off the Coast of Southeastern Brazil. **Aquatic Mammals**, v. 43, n. 5, p. 501-507, 2017.

MENDES, S., TURRELL, W., LÜTKEBOHLE, T., & THOMPSON, P. Influence of the tidal cycle and a tidal intrusion front on the spatio-temporal distribution of coastal bottlenose dolphins. **Marine Ecology Progress Series**, v. 239, p. 221-229, 2002.

MOORE, Michael; STEINER, Lisa; JANN, Beatrice. Cetacean surveys in the Cape Verde Islands and the use of cookiecutter shark bite lesions as a population marker for fin whales. **Aquatic Mammals**, v. 29, n. 3, p. 383-389, 2003.

MORAES, L. E. D. S., GHERARDI, D. F. M., KATSURAGAWA, M., & PAES, E. T. Brazilian sardine (*Sardinella brasiliensis* Steindachner, 1879) spawning and nursery habitats: spatial-scale partitioning and multiscale relationships with thermohaline descriptors. **ICES Journal of Marine Science**, v. 69, n. 6, p. 939-952, 2012.

MORITZ, Craig. Defining 'evolutionarily significant units' for conservation. **Trends in ecology & evolution,** v. 9, n. 10, p. 373-375, 1994.

MORITZ, C. Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. **Systematic biology**, v. 51, n. 2, p. 238-254, 2002.

MOURA, J. F.; SICILIANO, S. Stranding pattern of Bryde's whales along the south-eastern coast of Brazil. **Marine Biodiversity Records**, v. 5, 2012.

FORMIGLI, J. M., PINTO, C., CARLOS, A., & ALMEIDA, A. S. SS: Santos Basin's Pre-Salt Reservoirs Development: The Way Ahead. In: **Offshore Technology Conference**. Offshore Technology Conference, 2009

MURAKAMI, Chisato; YOSHIDA, Hideyoshi; YONEZAKI, Shiroh. Cookie-cutter shark Isistius brasiliensis eats Bryde's whale *Balaenoptera bryde*i. **Ichthyological Research**, v. 65, n. 3, p. 398-404, 2018.

NAIMI, B., HAMM, N. A., GROEN, T. A., SKIDMORE, A. K., & TOXOPEUS, A. G. Where is positional uncertainty a problem for species distribution modelling?. **Ecography**, v. 37, n. 2, p. 191-203, 2014.

NEILSON, J. L.; STRALEY, J. M.; GABRIELE, C. M. & HILLS, S. Non-lethal entanglement of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in fishing gear in northern Southeast Alaska. **Journal of Biogeography**, *36*(3), 452-464. 2009.

OLSEN, O. On the External Characters and Biology of Bryde's Whale *Balaeoenoptera brydei*, a new Rorqual from the Coast of South Africa\*. In: **Proceedings of the Zoological Society of London**. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, 1913.

PAIVA, M. P. & GRANJEIRO, B. F. Biological investigations on the whaling seasons 1960-1963, off Northeartern coast of Brazil. 1965.

PALMA, E. D. & MATANO, R. P. Disentangling the upwelling mechanisms of the South Brazil Bight. **Continental Shelf Research**, v. 29, n. 11-12, p. 1525-1534, 2009.

PALMA, E. D.; MATANO, R. P.; PIOLA, A. R. A numerical study of the Southwestern Atlantic Shelf circulation: Stratified ocean response to local and offshore forcing. **Journal of Geophysical Research: Oceans**, v. 113, n. C11, 2008. 72

PALSBØLL, P. J. et al. Distribution of mtDNA haplotypes in North Atlantic humpback whales: the influence of behaviour on population structure. **Marine Ecology Progress Series**, p. 1-10, 1995.

PALSBØLL, P. J., BÉRUBÉ, M., AGUILAR, A., NOTARBARTOLO-DI-SCIARA, G., & NIELSEN, R. Discerning between recurrent gene flow and recent divergence under a finite-site mutation model applied to North Atlantic and Mediterranean Sea fin whale (Balaenoptera physalus) populations. **Evolution**, v. 58, n. 3, p. 670-675, 2004.

PALSBØLL, P. J., BÉRUBÉ, M., LARSEN, A. H., & JØRGENSEN, H. Primers for the amplification of tri-and tetramer microsatellite loci in baleen whales. **Molecular Ecology**, v. 6, n. 9, p. 893-895, 1997.

PALSBØLL, P.J.; BERUBE, M., ALLENDORF, F.W. Identification of management units using population genetic data. **Trends Ecol Evol** 22:11–16. 2007.

PALUMBI, S. R. Marine reserves and ocean neighborhoods: the spatial scale of marine populations and their management. **Annu. Rev. Environ. Resour.**, v. 29, p. 31-68, 2004.

PANIGADA, S., ZANARDELLI, M., MACKENZIE, M., DONOVAN, C., MÉLIN, F., & HAMMOND, P. S. Modelling habitat preferences for fin whales and striped dolphins in the Pelagos Sanctuary (Western Mediterranean Sea) with physiographic and remote sensing variables. **Remote Sensing of Environment**, v. 112, n. 8, p. 3400-3412, 2008.

PANTE, E & SIMON-BOUHET, B. marmap: a package for importing, plotting and analyzing bathymetric and topographic data in R. **PLoS One**, v. 8, n. 9, 2013.

PARIN, N. V. Data on the biology and distribution of the pelagic sharks *Euprotomicrus* bispinatus and *Isistius brasiliensis* (Squalidae, Pisces). **Tr Instituta Okeanol**, v. 73, p. 173-195, 1966.

PASTENE, L. A., ACEVEDO, J., SICILIANO, S., SHOLL, T. G., DE MOURA, J. F., OTT, P. H., & AGUAYO-LOBO, A. Population genetic structure of the South American Bryde's whale. **Revista de biología marina y oceanografía**, v. 50, n. 3, p. 453-464, 2015.

PELTIER, H., DABIN, W., DANIEL, P., VAN CANNEYT, O., DORÉMUS, G., HUON, M., & RIDOUX, V. The significance of stranding data as indicators of cetacean populations at sea: modelling the drift of cetacean carcasses. **Ecological Indicators**, v. 18, p. 278-290, 2012.

PENRY, G. S.; COCKCROFT, V. G.; HAMMOND, P. S. Seasonal fluctuations in occurrence of inshore Bryde's whales in Plettenberg Bay, South Africa, with notes on feeding and multispecies associations. **African Journal of Marine Science**, v. 33, n. 3, p. 403-414, 2011.

PERRIN, W. F., THIELEKING, J. L., WALKER, W. A., ARCHER, F. I., & ROBERTSON, K. M. Common bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) in California waters: Cranial differentiation of coastal and offshore ecotypes. **Marine Mammal Science**, v. 27, n. 4, p. 769-792, 2011.

PETERSEN, J.C.B. An identification system for zebra (*Equus burchelli*, Gray). **African Journal of Ecology**, v. 10, n. 1, p. 59-63, 1972.

PINHEIRO, H. T; JOYEUX, J.; MARTINS, A. S. Reef fisheries and underwater surveys indicate overfishing of a Brazilian coastal island. **Natureza & Conservação**, v. 8, n. 2, p. 151-159, 2010.

PRATT, E. A.; BEHEREGARAY, L. B.; BILGMANN, K.; ZANARDO, N.; DIAZ-AGUIRRE, F.; MÖLLER, L. M. Hierarchical metapopulation structure in a highly mobile marine predator: the southern Australian coastal bottlenose dolphin (*Tursiops cf. australis*). **Conservation Genetics**, 1-18. 2018.

READ, A.J. Telemetry. In: Perrin, W.F., Würsig, B and Thewissen, H. (editors). Encyclopedia of Marine Mammals. Academic Press, San Diego, CA pp. 1232-1235. 2002. 74

REDFERN, J. V., FERGUSON, M. C., BECKER, E. A., HYRENBACH, K. D., GOOD, C., BARLOW, J. & FAUCHALD, P. Techniques for cetacean–habitat modeling. **Marine Ecology Progress Series**, v. 310, p. 271-295, 2006.

REILLY, S.B.; BANNISTER, J.L.; BEST, P.B.; BROWN, M.; BROWNELL,R.L.; BUTTERWORTH,D.S.; CLAPHAM, P.J.; COOKE, J.; DONOVAN, G.P.; URBÁN, J.; ZERBINI, A.N. 2008. *Balaenoptera edeni*. **The IUCN Red List of Threatened Species** 2008.

ROSEL, P. E. & WILCOX, L. A. Genetic evidence reveals a unique lineage of Bryde's whales in the northern Gulf of Mexico. **Endangered Species Research**, v. 25, n. 1, p. 19-34, 2014.

ROSEL, P. E.; WILCOX, L. A. Genetic evidence reveals a unique lineage of Bryde's whales in the northern Gulf of Mexico. **Endangered Species Research**, v. 25, n. 1, p. 19-34, 2014.

ROSENBAUM, H. C., POMILLA, C., MENDEZ, M., LESLIE, M. S., BEST, P. B., FINDLAY, K. P., & BONATTO, S. L. Population structure of humpback whales from their breeding grounds in the South Atlantic and Indian Oceans. **PLoS One**, v. 4, n. 10, 2009.

ROSS, H. A., LENTO, G. M., DALEBOUT, M. L., GOODE, M., EWING, G., MCLAREN, P. & BAKER, C. S. DNA surveillance: web-based molecular identification of whales, dolphins, and porpoises. **Journal of Heredity**, v. 94, n. 2, p. 111-114, 2003.

ROZAS, J., FERRER-MATA, A., SÁNCHEZ-DELBARRIO, J. C., GUIRAO-RICO, S., LIBRADO, P., RAMOS-ONSINS, S. E. & SÁNCHEZ-GRACIA, A. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. **Molecular biology and evolution**, v. 34, n. 12, p. 3299-3302, 2017.

SANDELL, M. The mating tactics and spacing patterns of solitary carnivores. In: Carnivore behavior, ecology, and evolution. Springer, Boston, MA. p. 164-182. 1989.

SICILIANO, S.; DE OLIVEIRA SANTOS, M. C.; VICENTE, A. F.; ALVARENGA, F. S.; ZAMPIROLLI, É.; BRITO, J. L.; AZEVEDO, A.F.; PIZZORNO, J. L. A. Strandings and

feeding records of Bryde's whales (*Balaenoptera edeni*) in south-eastern Brazil. **Journal of** the Marine Biological Association of the United Kingdom, v. 84, n. 4, p. 857-859, 2004.

SILVA, M.; MAGALHAES, S.; PRIETO, R.; SANTOS, R. S., & HAMMOND, P. S. Estimating survival and abundance in a bottlenose dolphin population taking into account transience and temporary emigration. **Marine Ecology Progress Series**, 392, 263–276. 2009.

SIMÕES-LOPES, P. C., & FABIAN, M. E. Residence patterns and site fidelity in bottlenose dolphins, *Tursiops truncatus* (Montagu)(Cetacea, Delphinidae) off Southern Brazil. **Revista brasileira de Zoologia**, *16*(4), 1017-1024. 1999.

SINCLAIR, C., SINCLAIR, J., ZOLMAN, E. S., MARTINEZ, A., RIISHØJGAARD, L. P., & BARRY, K. P. Remote biopsy field sampling procedures for cetaceans used during the Natural Resource Damage Assessment of the MSC252 Deepwater Horizon Oil Spill. 2015.

SOLDEVILLA, M. S., HILDEBRAND, J. A., FRASIER, K. E., DIAS, L. A., MARTINEZ, A., MULLIN, K. D. & GARRISON, L. P. Spatial distribution and dive behavior of Gulf of Mexico Bryde's whales: potential risk of vessel strikes and fisheries interactions. **Endangered Species Research**, v. 32, p. 533-550, 2017.

TABACHNICK, B. G. & FIDELL, L. S.; ULLMAN, Jodie B. Using multivariate statistics. Boston, MA: Pearson, 2007.

TARDIN, R. H., CHUN, Y., JENKINS, C. N., MACIEL, I. S., SIMÃO, S. M., & ALVES, M. A. S. Environment and anthropogenic activities influence cetacean habitat use in southeastern Brazil. **Marine Ecology Progress Series**, v. 616, p. 197-210, 2019.

TARDIN, R. H., CHUN, Y., SIMÃO, S. M., & ALVES, M. A. S. Modeling habitat use by Bryde's whale *Balaenoptera edeni* off southeastern Brazil. **Marine Ecology Progress Series**, v. 576, p. 89-103, 2017.

TARDIN, R. H., MACIEL, I. S., ESPÉCIE, M. A., MELO-SANTOS, G., SIMÃO, S. M., & ALVES, M. A. S. Modelling habitat use by the Guiana dolphin, *Sotalia guianensis*, in southeastern Brazil: Effects of environmental and anthropogenic variables, and the adequacy

of current management measures. Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems. 2020.

TERSHY, B. R. Body size, diet, habitat use, and social behavior of *Balaenoptera* whales in the Gulf of California. **Journal of Mammalogy**, v. 73, n. 3, p. 477-486, 1992.

TERSHY, B. R., ACEVEDO-GUTIÉRREZ, A., BREESE, D., & STRONG, C. Diet and feeding behavior of fin and Bryde's whales in the central Gulf of California, Mexico. **Rev Inv Cient**, v. 1, n. 1, p. 31-38, 1993.

TEZANOS-PINTO, G.; HUPMAN, K.; WISEMAN, N.; DWYER, S. L.; BAKER, C. S.; BROOKS4, L.; OUTHWAITE, B.; LEA, C.; STOCKIN, K.A. Local abundance, apparent survival and site fidelity of Bryde's whales in the Hauraki Gulf (New Zealand) inferred from longterm photo-identification. **Endanger. Species Res.** 34, 61–73. 2017.

THORROLD, S. R. Ocean ecology: don't fence me in. **Current Biology**, v. 16, n. 16, p. R638-R640. 2006.

TYBERGHEIN L, VERBRUGGEN H, PAULY K, TROUPIN C, MINEUR F, DE CLERCK O. Bio-ORACLE: a global environmental dataset for marine species distribution modelling. **Global ecology and biogeography**, v. 21, n. 2, p. 272-281, 2012.

VASCONCELLOS, M; GASALLA, M A. Fisheries catches and the carrying capacity of marine ecosystems in southern Brazil. **Fisheries Research**, v. 50, n. 3, p. 279-295, 2001.

WADA, Shiro; OISHI, Masayuki; YAMADA, Tadasu K. A newly discovered species of living baleen whale. **Nature**, v. 426, n. 6964, p. 278-281, 2003.

WATKINS, W. A. A projectile point for penetrating whale blubber. **Deep Sea Research Part A. Oceanographic Research Papers**, v. 26, n. 11, p. 1301-1308, 1979.

WATKINS, W. A. Reaction of three species of whales Balaenoptera physalus, Megaptera novaeangliae, and Balaenoptera edeni to implanted radio tags. **Deep Sea Research Part A. Oceanographic Research Papers**, v. 28, n. 6, p. 589-599, 1981.

WEIR, Caroline R.; MACLEOD, Colin D.; PIERCE, Graham J. Habitat preferences and evidence for niche partitioning amongst cetaceans in the waters between Gabon and Angola, eastern tropical Atlantic. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, v. 92, n. 8, p. 1735-1749, 2012.

WENGER, Seth J. & FREEMAN, Mary C. Estimating species occurrence, abundance, and detection probability using zero-inflated distributions. Ecology, v. 89, n. 10, p. 2953-2959, 2008.

WHITEHEAD, H., COAKES, A., JAQUET, N. & LUSSEAU, S. Movements of sperm whales in the tropical Pacific. **Marine Ecology-Progress Series-**, *361*, 291. 2008.

WHITEHEAD, Hal; KAHN, Benjamin. Temporal and geographic variation in the social structure of female sperm whales. **Canadian Journal of Zoology**, v. 70, n. 11, p. 2145-2149, 1992.

WISEMAN, N. Genetic Identity and Ecology of Bryde's Whales in the Hauraki Gulf, New Zealand. Ph.D. dissertation, University of Auckland, Auckland. 2008.

WISEMAN, N.; PARSONS, S.; STOCKIN, K.A. & BAKER, C.S. Seasonal occurrence and distribution of Bryde's whales in the Hauraki Gulf, New Zealand. **Marine Mammal Science**, v. 27, n. 4, p. E253-E267, 2011.

WITT, M. J., ÅKESSON, S., BRODERICK, A. C., COYNE, M. S., ELLICK, J., FORMIA, A. & GODLEY, B. J. Assessing accuracy and utility of satellite-tracking data using Argoslinked Fastloc-GPS. **Animal Behaviour**, v. 80, n. 3, p. 571, 2010. 78

WOLLEBAEK, J.; HEGGENES, J.; ROED, K. H. Life histories and ecotype conservation in an adaptive vertebrate: Genetic constitution of piscivorous brown trout covaries with habitat stability. **Ecology and evolution**, v. 8, n. 5, p. 2729-2745, 2018.

WORTON, B. J. Kernel methods for estimating the utilization distribution in home-range studies. **Ecology**, v. 70, n. 1, p. 164-168, 1989.

ZERBINI, A. N., SECCHI, E. R., SICILIANO, S., & SIMÕES-LOPES, P. C. A review of the occurrence and distribution of whales of the genus *Balaenoptera* along the Brazilian coast. **Report of the International Whaling Commission**, 47, 407-417. 1997.

ZERBINI, A. N.; ANDRIOLO, A.; HEIDE-JØRGENSEN, M. P.; PIZZORNO, J. L.;MAIA, Y. G.; VANBLARICOM, G. R.; DEMASTER, D. P.; SIMÕES-LOPES, P. C.;MOREIRA, S. & BETHLEM, C.. Satellite-monitored movements of humpback whales *Megaptera novaeangliae* in the Southwest Atlantic Ocean. **Marine Ecology Progress Series** 313: 295–304. 2006.

## **APÊNDICE**

**Apêndice** A – Informações dos registros de filhotes de baleias-de-bryde na Bacia de Santos. Coordenadas do registro, profundidade (prof), tamanho do grupo\*, tipo de cruzeiro (A = Avistagem e T = Telemetria), campanha, mês (jan = janeiro, fev = fevereiro, mar = março, abr = abril, estação do registro (Q = quentes, F = frias) e habitat (costeiro ou oceânico).

latitude	longitude	prof	grupo*	cruzeiro	camp	mes	habitat
-23,90556	-45,73058	25	2	T	1	mar	cost
-27,66593	-48,39808	37	2	T	1	mar	cost
-22,90549	-41,95480	31	2	T	3	fev	cost
-26,71795	-46,54275	355	3	A	4	abr	oce
-23,62726	-45,20205	15	3	T	8	jan	cost
-23,62090	-45,11489	21	2	T	8	jan	cost
-23,36863	-44,62466	35	2	T	8	jan	cost
-23,06802	-43,30809	47	2	T	8	fev	cost

<sup>\*</sup> O tamanho de grupo inclui o filhote.