**Material Suplementar – Anexo 6 (Megafauna)**

**Subprojeto “Cetáceos: Genética, Saúde, Dieta, Reprodução, Uso do habitat e Interação com a pesca”**

**Ambiente Costeiro – A6MCCS1 - Genética**

Tabela 1: Valores de ФST (Abaixo da diagonal) e Fst (acima da diagonal) par-a-par para os testes de estruturação genética realizados para as 210 sequências de D-loop da espécie *Sotalia guianensis* (409 bp). Valores estatisticamente significativos estão coloridos de cinza. P<0,05.

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Estruturação Espacial** | | | | | | |
|  | 1. Região 1 | 2. Região 2 | 3. Região 3 |  |  |  |
| 1. Região 1 | - | 0.020 | 0.032 |  |  |  |
| 2. Região 2 | 0.046 | - | 0.037 |  |  |  |
| 3. Região 3 | 0.061 | 0.090 | - |  |  |  |
| **Estruturação Temporal** | |  |  |  |  |  |
|  | Pré | Pós |  |  |  |  |
| Pré | - | 0.20080 |  |  |  |  |
| Pós | 0.16499 |  |  |  |  |  |
| **Estruturação espaço-temporal** | | | | | | |
|  | 1. Região 1 Pré | 2. Região 1 Pós | 3. Região 2 Pré | 4. Região 2 Pós | 5.Região 3 Pré | 6. Região 3 Pós |
| 1. Região 1 Pré | - | 0.257 | 0.152 | 0.287 | 0.093 | 0.271 |
| 2. Região 1 Pós | 0.257 | - | 0.168 | -0.002 | 0.204 | -0.039 |
| 3. Região 2 Pré | 0.152 | 0.168 | - | 0.184 | 0.105 | 0.161 |
| 4. Região 2 Pós | 0.287 |  | 0.184 | - | 0.282 | 0.031 |
| 5.Região 3 Pré | 0.093 | 0.204 | 0.105 | 0.282 | - | 0.159 |
| 6. Região 3 Pós | 0.271 | -0.039 | 0.161 | 0.031 | 0.159 | - |

Fonte: Autoria própria (2020)

Tabela 2: Análise de Variância Molecular (AMOVA) para os testes de estruturação genética realizados para 210 sequências de D-loop da espécie *Sotalia guianensis* (409 bp) Valores estatisticamente significativos estão coloridos de cinza. P<0,05.

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Estruturação Espacial** | | | | | | |
| Fonte de variação | d.f | Soma dos quadrados | Componentes de variação | | % de variação | |
| Entre populações | 2 | 2.158 | 0.01137 Va | | 2.82 | |
| Dentro das populações | 207 | 81.076 | 0.39167 Vb | | 97.18 | |
| Total | 209 | 83.233 | 0.40304 | |  | |
| Fst | 0.0282 |  |  | |  | |
| P-value | 0.001+-0.001 |  |  | | |  |
| **Estruturação Temporal** | | | | | | |
| Fonte de variação | d.f | Soma dos quadrados | | Componentes de variação | | % de variação |
| Entre populações | 1 | 9.571 | | 0.08883 Va | | 20.08 |
| Dentro das populações | 209 | 73.888 | | 0.35353 Vb | | 79.92 |
| Total | 210 | 83.460 | | 0.44236 | |  |
| Fst | 0.20080 |  | |  | |  |
| P-value | 0.000+-0.000 |  | |  | |  |
| **Estruturação espaço-temporal** | | | | | | |
| Fonte de variação | d.f | Soma dos quadrados | | Componentes de variação | | % de variação |
| Entre populações | 5 | 12.484 | | 0.06565 Va | | 15.92 |
| Dentro das populações | 204 | 70.749 | | 0.34681 Vb | | 84.08 |
| Total | 209 | 83.233 | |  | |  |
| Fst | 0.15918 |  | |  | |  |
| P-value | 0.000+-0.000 |  | |  | |  |

Fonte: Autoria própria (2020)

Tabela 3: Número de indivíduos (N), tamanho do fragmento (pb) analisado, n° de haplótipos (Nh), diversidade haplotípica (h), diversidade nucleotídica (π), D de Tajima, Fs de Fu para *Sotalia guianensis* em diferentes períodos e regiões com marcador D-loop (409p)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Indíces de diversidade por período** | | | | | | | | | | |
| 409pb | | N | | | Nh | ***h*** | | ***π*** | Tajima's D (p-value) | Fu's FS (p-value) |
| Pré | | 119 | | | 11 | 0.848+/- 0.017 | | 0.253 +/-0.163 | 0.810(0.704) | 0.291(0.671) |
| Pós | | 91 | | | 6 | 0.523 +/- 0.046 | | 0.095 +/-0.082 | -0.686 (0.268) | -1.688 (0.187) |
| Total | | 210 | | |  |  | |  |  |  |
| **Indíces de diversidade por região** | | | | | | | | | | |
|  | | N | | | Nh | ***h*** | | ***π*** | Tajima's D (p-value) | Fu's FS (p-value) |
| 1. Região 1 | | 52 | | | 7 | 0.776+/- 0.036 | | 0.185+/-0.130 | 0.417(0.674) | -1.047(0.315) |
| 2. Região 2 | | 123 | | | 13 | 0.762+/- 0.028 | | 0.185+/-0.129 | -0.013(0.482) | -5.247(0.023) |
| 3. Região 3 | | 35 | | | 8 | 0.863+/- 0.024 | | 0.244 +/-0.162 | 1.905(0.950) | -1.454(0.234) |
| Total | 210 | |  |  | | |  | |  |  |

Fonte: Autoria própria (2020

Figura 1: Rede de haplótipos baseada na análise de Median-Joining da região controle do DNA mitocondrial (D-loop) da espécie *Sotalia guianensis* nos diferentes períodos avaliados. Cada círculo corresponde a um haplótipo e seu tamanho é proporcional à sua frequência na população. Cores diferentes representam os diferentes períodos avaliados. 1 SNP (*Single Nucelotide Polymorphism*) significa um passo mutacional entre os haplóptipos.

Fonte: Autoria própria (2020)

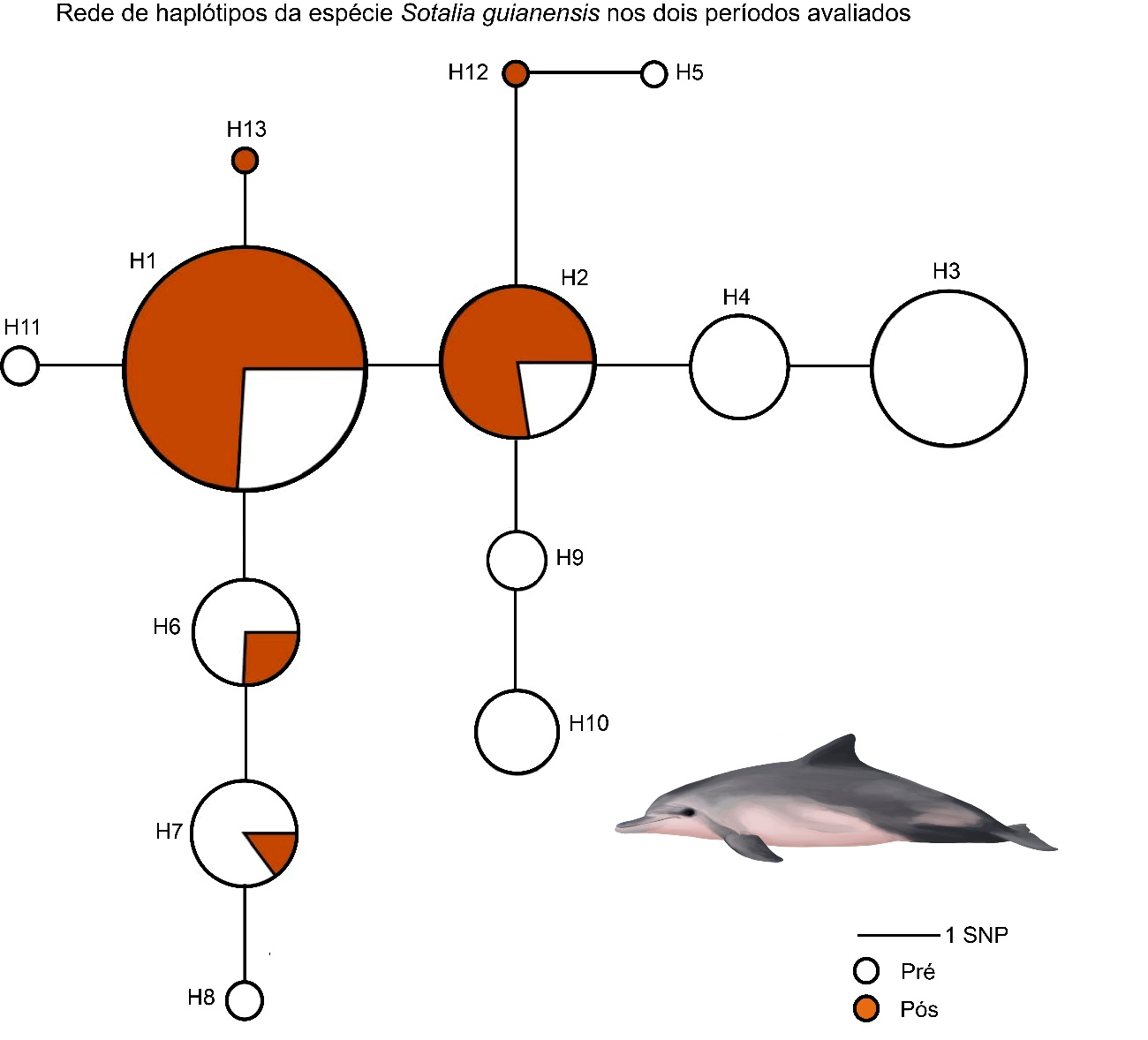


Figura 2: Rede de haplótipos baseada na análise de Median-Joining da região controle do DNA mitocondrial (D-loop) da espécie *Sotalia guianensis* nas três regiões avaliadas. Cada círculo corresponde a um haplótipo e seu tamanho é proporcional à sua frequência na população. Cores diferentes representam os diferentes períodos avaliados. 1 SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) significa um passo mutacional entre os haplóptipos.

Fonte: Autoria própria (2020)

