

Tabela 1: Resultado do teste de SIMPER para a microbiota em amostras de agua de fundo do ambiente marinho. Código dos pontos amostrais: Guarapari (pontos GUA1 e GUA 2), Vitória (pontos VIX1 e VIX2), Costa das Algas (CA1, CA2, CA3 e CA4), foz do rio Doce (FRD1, FRD3, FRD6, FRD8, FRD9 e FRD10), Degredo (DEG1 e DEG2), Barra Nova (BN1 e BN2), Itaúnas (ITA1 e ITA2), e Abrolhos (ABR01, ABR02, ABR04 e ABRC1).

Água de Fundo	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	GUA1	GUA2	VIX1	VIX2	CA1	CA2	CA3	CA4	FRD1	FRD3	FRD6	FRD8
D_5__Synechococcus CC9902	9,606	26,87	26,87	0,125	0,101	0,172	0,111	0,306	0,110	0,054	0,078	0,090	0,169	0,091	0,240
D_5__Pseudoalteromonas	5,863	16,40	43,28	0,055	0,152	0,001	0,001	0,004	0,143	0,146	0,179	0,148	0,091	0,145	0,092
D_3__SAR11 clade_D_5__Clade Ia	3,388	9,48	52,76	0,100	0,111	0,092	0,128	0,117	0,097	0,099	0,123	0,067	0,127	0,069	0,101
D_5__Halomonas	2,400	6,71	59,47	0,022	0,045	0,091	0,001	0,000	0,002	0,003	0,008	0,026	0,019	0,047	0,013
D_5__Marinobacter	2,252	6,30	65,77	0,015	0,020	0,000	0,000	0,000	0,001	0,002	0,004	0,022	0,013	0,038	0,008

Água de Fundo	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	FRD9	FRD10	DEG1	DEG2	BN1	BN2	ITA1	ITA2	ABR01	ABR02	ABR04	ABRC1
D_5__Synechococcus CC9902	9,606	26,87	26,87	0,137	0,055	0,256	0,196	0,166	0,267	0,255	0,167	0,338	0,312	0,324	0,306
D_5__Pseudoalteromonas	5,863	16,40	43,28	0,085	0,097	0,061	0,065	0,041	0,079	0,035	0,050	0,020	0,010	0,000	0,011
D_3__SAR11 clade_D_5__Clade Ia	3,388	9,48	52,76	0,072	0,069	0,033	0,031	0,040	0,073	0,023	0,036	0,057	0,076	0,055	0,048
D_5__Halomonas	2,400	6,71	59,47	0,036	0,019	0,063	0,050	0,008	0,019	0,037	0,065	0,018	0,008	0,000	0,003
D_5__Marinobacter	2,252	6,30	65,77	0,065	0,011	0,070	0,067	0,007	0,016	0,049	0,048	0,045	0,011	0,000	0,003

Tabela 2: Resultado do teste de SIMPER para microbiota em amostras de água de superfície do ambiente marinho. Código dos pontos amostrais: Guarapari (pontos GUA1 e GUA 2), Vitória (pontos VIX1 e VIX2), Costa das Algas (CA1, CA2, CA3 e CA4), foz do rio Doce (FRD1, FRD3, FRD6, FRD8, FRD9 e FRD10), Degredo (DEG1 e DEG2), Barra Nova (BN1 e BN2), Itaúnas (ITA1 e ITA2), e Abrolhos (ABR01, ABR02, ABR04 e ABRC1).

Água de Superfície	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	GUA1	GUA2	VIX1	VIX2	CA1	CA2	CA3	CA4	FRD1	FRD3	FRD6	FRD8
D_5__Synechococcus CC9902	7,901	27,70	27,70	0,140	0,131	0,208	0,312	0,381	0,234	0,201	0,135	0,124	0,180	0,213	0,235
D_5__Pseudoalteromonas	4,107	14,40	42,09	0,066	0,116	0,001	0,000	0,004	0,055	0,062	0,124	0,118	0,148	0,078	0,083
D_3__SAR11 clade_D_5__Clade Ia	3,116	10,92	53,01	0,111	0,113	0,118	0,106	0,130	0,118	0,157	0,129	0,089	0,086	0,076	0,085
D_5__Marinobacter	1,885	6,61	59,62	0,019	0,009	0,001	0,000	0,000	0,001	0,001	0,002	0,019	0,018	0,020	0,004
D_5__Halomonas	1,495	5,24	64,86	0,024	0,014	0,059	0,003	0,000	0,001	0,002	0,006	0,019	0,022	0,032	0,009
Água de Superfície	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	FRD9	FRD10	DEG1	DEG2	BN1	BN2	ITA1	ITA2	ABR01	ABR02	ABR04	ABRC1
D_5__Synechococcus CC9902	7,901	27,70	27,70	0,158	0,197	0,265	0,249	0,175	0,310	0,337	0,178	0,329	0,366	0,393	0,336
D_5__Pseudoalteromonas	4,107	14,40	42,09	0,045	0,133	0,059	0,063	0,054	0,063	0,036	0,067	0,002	0,037	0,009	0,001
D_3__SAR11 clade_D_5__Clade Ia	3,116	10,92	53,01	0,081	0,088	0,042	0,058	0,046	0,086	0,032	0,051	0,030	0,059	0,066	0,092
D_5__Marinobacter	1,885	6,61	59,62	0,019	0,009	0,030	0,050	0,005	0,008	0,031	0,058	0,000	0,120	0,004	0,001
D_5__Halomonas	1,495	5,24	64,86	0,015	0,029	0,022	0,023	0,005	0,010	0,020	0,057	0,001	0,048	0,004	0,003

Tabela 3: Resultado do teste de SIMPER para microbiota em amostras de sedimento do ambiente marinho. Código dos pontos amostrais: Guarapari (pontos GUA1 e GUA 2), Vitória (pontos VIX1 e VIX2), Costa das Algas (CA1, CA2, CA3 e CA4), foz do rio Doce (FRD1, FRD3, FRD6, FRD8, FRD9 e FRD10), Degredo (DEG1 e DEG2), Barra Nova (BN1 e BN2), Itaúnas (ITA1 e ITA2), e Abrolhos (ABR01, ABR02, ABR04 e ABRC1).

Sedimento	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	GUA1	GUA2	VIX1	VIX2	CA1	CA2	CA3	CA4	FRD1	FRD3	FRD6	FRD8
D±4±±Anaerolineaceae	3,183	10,55	10,55	0,042	0,028	0,012	0,030	0,020	0,031	0,038	0,027	0,052	0,047	0,054	0,046
D±4±±Clostridiaceae	3,081	10,21	20,76	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,001	0,001	0,002	0,019	0,070	0,003
D±4±±Desulfobulbaceae	2,956	9,80	30,56	0,013	0,003	0,002	0,005	0,005	0,021	0,004	0,001	0,075	0,021	0,023	0,016
D±4±±Sandaracinaceae	2,952	9,78	40,34	0,023	0,075	0,052	0,012	0,066	0,017	0,012	0,006	0,006	0,029	0,010	0,021
D±4±±Thermoanaerobaculaceae	2,330	7,72	48,07	0,034	0,034	0,039	0,018	0,043	0,037	0,041	0,053	0,016	0,034	0,024	0,031

  

Sedimento	Av, dissim	Contrib, %	Cumulative %	FRD9	FRD10	DEG1	DEG2	BN1	BN2	ITA1	ITA2	ABR01	ABR02	ABR04	ABRC1
D±4±±Anaerolineaceae	3,183	10,55	10,55	0,064	0,030	0,074	0,046	0,028	0,037	0,008	0,024	0,011	0,023	0,039	0,051
D±4±±Clostridiaceae	3,081	10,21	20,76	0,010	0,000	0,038	0,071	0,006	0,001	0,000	0,011	0,004	0,000	0,031	0,024
D±4±±Desulfobulbaceae	2,956	9,80	30,56	0,011	0,001	0,012	0,017	0,006	0,008	0,003	0,012	0,007	0,048	0,034	0,033
D±4±±Sandaracinaceae	2,952	9,78	40,34	0,015	0,051	0,008	0,013	0,021	0,011	0,018	0,017	0,024	0,019	0,013	0,021
D±4±±Thermoanaerobaculaceae	2,330	7,72	48,07	0,029	0,038	0,030	0,026	0,036	0,019	0,032	0,021	0,011	0,011	0,007	0,010

Tabela 4 - Resultado do teste de SIMPER nas estações de coleta no ambiente Abrolhos.

	Av. dissim	Contrib. %	Cumulative %	ABR01	ABR02	ABR04	ABRC1
<b>Coral - <i>Mussismilia harttii</i></b>							
D_5__Prochlorococcus MIT9313	7,727	11,14	11,14	0,076	0,000	0,284	0,001
D_5__Cloacibacterium	2,852	4,11	15,26	0,047	0,100	0,005	0,000
D_5__hgcl clade	2,308	3,33	18,59	0,010	0,000	0,000	0,089
D_4__Pirellulaceae_D_5__Bythopirellula	2,089	3,01	21,60	0,009	0,078	0,003	0,037
D_4__Pirellulaceae_D_5__Pir4 lineage	2,01	2,90	24,50	0,007	0,045	0,012	0,076
<b>Coral - <i>Millepora alcicornis</i></b>							
D_5__Halanaerobium	6,481	10,49	10,49	0,008	0,000	0,257	0,016
D_5__Paramaledivibacter	4,018	6,50	16,99	0,172	0,024	0,082	0,119
D_4__Ruminococcaceae	3,966	6,42	23,41	0,003	0,008	0,098	0,132
D_3__UBA4486	3,562	5,76	29,17	0,054	0,151	0,125	0,033
D_4__Cyclobacteriaceae	2,76	4,47	33,64	0,118	0,020	0,009	0,022