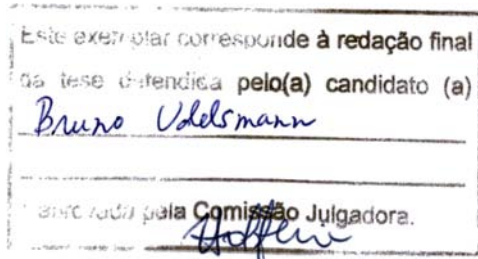


Universidade Estadual de Campinas
Instituto de Biologia



Bruno Udelsmann

**“Estudo Populacional de *Stramonita haemastoma* (Gastropoda,
Prosobranchia)”**



Dissertação apresentada ao Instituto de Biologia para obtenção do Título de Mestre em Genética e Biologia Molecular, na área de Genética Animal e Evolução.

Orientadora: Profa. Dra. Vera Nissaka Solferini

Co-Orientadora: Dra. Sônia C.S. Andrade

Campinas, 2009

Campinas, 11 de fevereiro de 2009

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Vera Nisaka Solferini (Orientadora)



Assinatura

Prof. Dr. Louis Bernard Klaczko

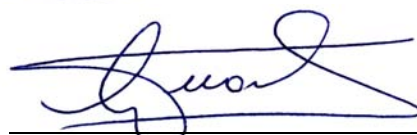
Assinatura

Prof. Dr. Sérgio Russo Matioli



Assinatura

Prof. Dr. Luiz Francisco Lembo Duarte



Assinatura

Prof. Dr. Evandro Marsola de Moraes

Assinatura

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA
BIBLIOTECA DO INSTITUTO DE BIOLOGIA – UNICAMP

Ud3e	Udelmann, Bruno Estudo populacional de <i>Stramonita haemastoma</i> (Gastropoda, Prosobranchia) / Bruno Udelmann. – Campinas, SP: [s.n.], 2009. Orientadores: Vera Nisaka Solferini, Sônia Cristina da Silva Andrade. Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia. 1. Genética de populações. 2. Moluscos. 3. Litoral. 4. <i>Stramonita haemastoma</i>. 5. Muricidae. I. Solferini, Vera Nisaka. II. Andrade, Sonia Crista da Silva. III. Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Biologia. IV. Título.
	(scs/ib)

Título em inglês: A population study of *Stramonita haemastoma* (Gastropoda, Prosobranchia).
Palavras-chave em inglês: Population genetics; Molluscs; Seashore; *Stramonita haemastoma*; Muricidae.
Área de concentração: Genética Animal e Evolução.
Titulação: Mestre em Genética e Biologia Molecular.
Banca examinadora: Vera Nisaka Solferini, Luiz Francisco Lembo Duarte, Sérgio Russo Matioli.
Data da defesa: 11/02/2009.
Programa de Pós-Graduação: Genética e Biologia Molecular

Agradecimentos:

Várias pessoas contribuíram para a conclusão deste trabalho, tanto de forma direta quanto de forma mais indireta durante o dia-a-dia, inclusive nos momentos fora do trabalho.

Agradeço à Vera, minha orientadora, pela orientação, paciência e compreensão.

À Sónia, minha co-orientadora, pela orientação, introdução às isoenzimas e aos moluscos.

À minha família por todo apoio prestado sempre.

À Mariana por todo carinho, incentivo e ajuda neste último um ano e meio.

Aos membros do laboratório, em especial Camila, Kaiser, Aluana e Joice.

Aos meus amigos Renato, Egito, Zapa, Drixco, Júlio, Fabrício e Leandrinho pelas baladas, risadas, viagens e todo o caos envolvido desde longas datas.

Aos meus amigos patinadores Felipe, Róds, Diego, Thiago, Marcelo (ou Bunekão) e Tim pelos rolés e inúmeras tricks.

Aos meus outros amigos.

Aos funcionários da UNICAMP que ajudaram.

À Fapesp pela bolsa e financiamento do projeto.

Índice:

Agradecimentos	v
Resumo	9
Abstract	11
Introdução Geral	13
Literatura Citada	23
Capítulo 1	29
Introdução	29
Objetivos	32
Material e Métodos	32
Resultados	41
Discussão	52
Considerações Finais	62
Literatura Citada	63
Capítulo 2	69
Introdução	69
Objetivos	70
Material e Métodos	71
Resultados	75
Discussão	113
Considerações Finais	119
Literatura Citada	120
Considerações Gerais	123
Apêndices	125
Apêndice I	125
Apêndice II	156
Apêndice III	168

Resumo:

Neste estudo foram analisados por eletroforese de isoenzimas e morfometria tradicional, indivíduos de *Stramonita haemastoma*, uma espécie de gastrópode que habita costões rochosos no litoral brasileiro.

Foram feitas coletas em nove localidades no litoral dos estados de Santa Catarina, São Paulo e Rio de Janeiro.

Em estudo prévio com esta espécie havia sido encontrado uma distinção genética em dois grupos. Tal distinção se manteve, com diferenças marcantes nas frequências dos alelos de três locos. Assim sendo, após interpretação dos géis de isoenzimas as amostras foram sub-divididas em dois grupos, denominados A e B. E esta divisão foi corroborada por um teste de atribuição de genótipos utilizando o programa Structure.

Os grupos genéticos foram então tratados independentemente para a obtenção de estimativas de variabilidade e estruturação genéticas. Os valores encontrados foram similares aos de outros moluscos com desenvolvimento larval planctotrófico. Sendo encontrada variabilidade moderadamente alta e estruturação reduzida. O grupo B apresentou maior estruturação indicando possíveis diferenças entre os grupos quanto ao desenvolvimento e dispersão.

Foram encontrados poucos desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram poucos, assim como de desequilíbrio de ligação. Diversos locos apresentaram diferenças significativas de frequência entre os grupos A e B.

A distância genética média das amostras foi de 0,338 entre os grupos, 0,006 entre as amostras do grupo A e 0,015 entre as amostras do grupo B. Estes valores são comparáveis aos encontrados em espécies cogenéricas.

Nos mesmos indivíduos das análises genéticas foram tomadas oito medidas distintas para análise morfológica. As medidas foram analisadas separadamente e por análise de componentes principais. A maior parte da diversidade foi encontrada entre as localidades amostradas e não entre os grupos A e B.

Nossos resultados indicam que *S. haemastoma* possui uma complexidade taxonômica ainda não elucidada, tendo os grupos A e B características de espécies crípticas.

Abstract:

In this study, *Stramonita haemastoma* individuals, a gastropod who inhabits marine rocky shores, were analysed through isozymes electrophoresys and traditional morphometrics.

Nine localities in the brazilian shore, extending from Santa Catarina to Rio de Janeiro were sampled.

In a preliminary study, a genetic distinction in two different groups was detected. This distinction continues to be found, with evident differentiation in three loci and in minor degree in other loci. After the interpretation of the isozymes data, individuals were adressed as belonging to groups A or B according to their genotypes. To corroborate with this division a genotype attribution test was performed using the software Structure, which resulted in a division 92% similar.

The groups A and B were treated independently to obtain the genetic variability and structure parameters. Values were similar to other molluscs whith similar larval development, with moderately high variation and reduced population structure. Group B has higher population structure indicating possible differences in development or dispersal.

There were few deviations to Hardy-Weinberg and few linkage disequilibrium, many loci differed in frequencies between populations of distinct groups.

Genetic distance was in average 0,338 between populations of distinct genetic groups, a value comparable to other cogeneric species. Between group A populations the distance was in average 0,006 and between group B populations distance was of 0,015 in average.

The same individual from the genetic analysis were used for the morphometrics. Eight different shell measures were used. Data was analysed measure by measure and through

principal components analysis. The majority of variation was found between sample sites rather than between the groups A and B.

From the results of this study it is possible to affirm that the taxonomy of *S. haemastoma* is not fully understood. The groups A and B have typical characteristics of cogenetic sibling species. More studies are necessary, in broader areas to assess the groups the status of distinct species, by the moment *S. haemastoma* should be addressed as a species complex.

Introdução Geral:

Organismo Estudado:

O filo Mollusca é o segundo filo com maior diversidade de espécies e está presente em diversos habitats, sobretudo em ambientes aquáticos. Entre os moluscos, a classe Gastropoda é a mais diversa e a mais conhecida, principalmente por suas belas conchas. O número de espécies estimado desta classe está entre 40.000 e 100.000 espécies (Bieler, 1992).

Esta classe possui ampla distribuição geográfica sendo encontrada em uma grande diversidade de habitats; muitas espécies vivem em costões rochosos marinhos (Solem, 1974). *Stramonita* (= *Thais*) *haemastoma* (Linnaeus 1767), da família Muricidae (Gastropoda: Prosobranchia), popularmente chamada de “saquarita”, possui representantes em toda costa atlântica das Américas, possuindo distribuição desde a Flórida nos Estados Unidos até o litoral de Santa Catarina. Também é encontrada na costa leste do Atlântico, desde o mar Mediterrâneo ao oeste da África (Abbot, 1974; Rios, 1994).

Esta espécie habita a região entremarés de costões rochosos, ocupando principalmente a faixa do mediolitoral inferior e infralitoral e também, em menor grau, áreas um pouco superiores (Magalhães, 2000). Sua habilidade de ocupação de diferentes microhabitats no costão é relacionada à grande plasticidade fenotípica da concha e da probóscide, dentre outras características (Magalhães, 1988; Watanabe e Young, 2006).

Como todos os membros da família Muricidae, *S. haemastoma* é um predador e tem por dieta bivalves dos gêneros *Perna*, *Brachidontes*, *Modiolus* e *Crassostrea*; cirripédios dos gêneros *Chthamalus*, *Tetraclita* e *Megabalanus*, além de poliquetos da espécie *Phragmatopoma lapidosa* e, eventualmente, canibalizam pequenos conspecíficos (Pereira et al., 1988; Duarte,

1990; Lavrado, 1992; Watanabe e Young, 2006). Quando alimenta-se de moluscos e cirripédios o animal perfura a concha destes com auxílio de sua rádula e de secreções enzimáticas; em seguida insere sua probóscide através da perfuração para realizar a alimentação (Butler; 1985). No caso de poliquetos não há necessidade de perfuração, sendo a probóscide inserida nos seus tubos. Em ambientes onde há escassez de bivalves e cirripédios e onde os poliquetos são abundantes os moluscos apresentam uma probóscide praticamente duas vezes maior que a daqueles que se alimentam apenas de bivalves (Watanabe e Young, 2006). Os hábitos alimentares desta espécie fazem dela uma praga para a ostreicultura (Pereira, 1988).

Sua concha mede até 90mm de comprimento e 55mm de largura, possui padrão em espiral com presença de um opérculo em formato de “D” (Kool, 1993). É um molusco dióico, a fertilização é interna (Kool, 1993), há formação de grupos para oviposição (Papp e Duarte, 2001) e apresenta um longo estágio larval planctotrófico (D’Asaro, 1966; Roller e Stickle, 1988); esta forma larval permite uma grande capacidade de dispersão (Janson, 1987; Raff, 1996; Todd et al, 1998; Bohonak, 1999).

S. haemastoma é um caramujo que se desloca bastante chegando a passar de uma pedra para outra do costão, para a formação de agregados ou em busca de alimento (Papp e Duarte, 2001).

O status taxonômico dos membros da família *Muricidae* é bastante discutido, pois muitas espécies apresentam convergências nas características da concha, que são utilizadas em estudos taxonômicos do grupo (Kool, 1993).

Dentro da espécie *S. haemastoma* também há certa controvérsia taxonômica. Devido à sua ampla distribuição ela foi descrita diversas vezes, possuindo diversos nomes sinônimos.

Kool fez uma revisão do gênero em 1987 e atribui o status de gênero à *Stramonita* (anteriormente um subgênero de *Thais*).

Há também controvérsia com relação à existência de algumas subespécies; a maioria pode ser atribuída aos sinônimos da espécie (Kool, 1993) e outras possivelmente são espécies distintas (Liu et al, 1991; Vermeij, 2001). Apenas uma subespécie é relatada no Brasil (*S. haemastoma floridana*) (Abbot, 1974). Em um trabalho preliminar realizado no litoral de São Paulo e do Rio de Janeiro, foram encontrados fortes indícios de divisão da espécie em dois grupos simpátricos e geneticamente distintos.

Evidências de espécies crípticas foram encontradas em outros gastrópodes. Na espécie *Littorina saxatilis* (família Littorinidae) foi encontrada, na Espanha e na Suécia, uma evidente divisão entre os indivíduos de regiões mais elevadas e de regiões inferiores baixas do costão e entre costões mais abrigados e aqueles expostos às ondas, com diferenciação morfológica e genética (isoenzimas e DNA nuclear) assim como um parcial isolamento pré-cópulatório (Johannesson et al 1993, 2003; Johannesson e Tatarenkov, 1996; Johannesson e Panova, 2004; revisto por Rolán-Alvarez, 2007). Esta diferenciação foi relacionada à adaptação a diferentes microhabitats no costão, formando grupos de acasalamento.

A partir dos dados da iniciação científica, cogitou-se que algo similar poderia estar ocorrendo em *S. haemastoma* no Brasil.

A existência de espécies crípticas é comum na maioria dos grupos marinhos, com diversos exemplos inclusive no Brasil (Ridgway et al, 1998; Ignácio et al, 2000; Rahman e Uehara, 2004; Lima et al, 2005; Crummet e Eernise, 2007; revisto por Knowlton, 1993). Isto resulta muitas vezes da falta de conhecimento básico das espécies estudadas.

O reconhecimento químico é um dos principais fatores que leva ao isolamento de diversas espécies crípticas. Esta modalidade de reconhecimento é bastante distinta do reconhecimento visual e auditivo e não é associado à diferenças morfológicas evidentes muitas vezes. O reconhecimento químico em invertebrados marinhos pode ser fundamental no recrutamento larval (Burton et al, 1982; Cronin et al, 1986; Phillips et al, 1986; Morrow et al, 1992; Hough e Naylor, 1992; Garcia-Lavandeira et al, 2005; Laimek et al, 2008) assim como na escolha de parceiros reprodutivos (Knowlton, 1986; Weinberg et al, 1990; Stanhope et al, 1992).

Além da presença de muitas espécies crípticas em ambientes marinhos, a própria especiação de muitos animais deste ambiente impõe um desafio as teorias de especiação existentes. Isto porque animais com estágio larval planctotrófico, como *S. haemastoma*, em geral possuem elevado fluxo gênico, o qual preveniria a especiação (Palumbi, 1994). Mesmo assim a abundância de espécies marinhas é elevada, inclusive naquelas com estágio larval planctotrófico, indicando que a especiação ocorre normalmente mesmo com estas características. Uma explicação é que os mares podem oferecer diversas barreiras invisíveis ao fluxo gênico, como as correntes marinhas, fazendo dos oceanos ambientes fragmentados apesar da aparente uniformidade (Maynard, 1976; McGowan e Walker, 1985; Incze et al, 1990). Muitas características locais também influenciam os movimentos da água, das correntes e conseqüentemente afetam o fluxo gênico.

Apesar dessas barreiras invisíveis ao fluxo gênico, os grandes tamanhos populacionais de muitas espécies marinhas, além da capacidade de produzir diversos eventos de recolonização fazem com que modelos de especiação alopátrica, dependentes muitas vezes de pequenas populações, tornem-se extremamente lentos. Por outro lado, alguns eventos de mutação e

seleção natural seriam capazes de alterar rapidamente frequências gênicas mesmo em grandes populações e eventualmente gerar isolamento reprodutivo (Banse, 1986; Barton, 1989).

A especiação simpátrica também é apontada com uma possibilidade para animais marinhos, com a seleção natural atuando seja sobre a competição por recursos limitados, ou sobre a seleção sexual, ou sobre a formação de raças com habitats específicos (revisto por Turelli, 2001). Um exemplo bastante conhecido de uma possível especiação simpátrica em andamento em moluscos, ocorre com *Littorina saxatilis*, que apresenta raças adaptadas a níveis distintos do costão (Johannesson et al, 1993, 2003; Fernández et al, 2005).

A genética de populações de *S. haemastoma* é pouco estudada. Liu et al (1991) fizeram um estudo no litoral dos Estados Unidos, do Texas à Florida, com as subespécies *S. h. floridana* e *S. h. canaliculata*, para as quais há uma grande ambigüidade taxonômica. Eles encontraram uma distância genética (Nei, 1978) marcante entre as duas subespécies ($D=0,30$). As características morfológicas que deveriam diferenciá-las, no entanto, mostraram-se ambíguas e com muita sobreposição de dados. A estruturação genética foi nula dentro das duas subespécies, demonstrando um elevado fluxo gênico entre as populações. A diversidade gênica foi distinta entre as subespécies, com *S.h. floridana* possuindo uma diversidade três vezes maior que a subespécie *S.h. canaliculata*.

Não existem estudos genéticos anteriores publicados sobre esta espécie no Brasil, no entanto existem dados de outros moluscos e outras espécies de costão com os quais comparações podem ser feitas. Em estudos com *Colisella subrugosa* (José e Solferini, 2006), litorínídeos (Andrade et al, 2003, 2005; Andrade e Solferini, 2007), ostras (Ignácio et al, 2000), anêmonas

(Russo et al, 1994), ascídias (Dias et al, 2006), entre outros. O padrão encontrado é de alta diversidade gênica, deficiência de heterozigotos em muitos dos moluscos e baixa estruturação nos animais de larva planctotrófica e estruturação mais elevada naqueles com desenvolvimento direto.

A relação de baixa estruturação genética com estágio larval planctotrófico é comum, porém existem barreiras que podem gerar estruturação mesmo em espécies com capacidade de grande dispersão. Estas barreiras podem ser físicas, como as correntes marinhas, ou comportamentais. Por exemplo, há estruturação genética em animais de larva planctotrófica em localidades como Cabo Haterras, *Cape Cod*, *Point Conception* e o arquipélago indonésio (revisto por Palumbi, 1994).

Região de Estudo:

O litoral brasileiro estende-se por mais de 7.400 km, a maioria na região intertropical e inteiramente voltado para o oceano Atlântico. As correntes oceânicas que chegam ao litoral brasileiro são basicamente: a corrente do Brasil (que flui do norte para o sul) e a corrente das Guianas (flui aproximadamente do sudeste para o noroeste), originadas da bifurcação da corrente Sul Equatorial (flui de leste para oeste); e a corrente das Malvinas fluindo do sul que se encontra com a corrente do Brasil.

A história geológica do litoral brasileiro remonta a 140 milhões de anos, quando no Cretáceo Inferior houve a formação de dois novos blocos continentais, a África e a América do Sul, e a formação do oceano atlântico (Ab' Saber, 2003).

Este estudo estendeu-se do litoral de Santa Catarina até o litoral do Rio de Janeiro, sendo também feitas coletas no litoral do Espírito Santo.

A vida na região entremarés de um costão marítimo exige uma grande adaptação. Ali os seres vivos enfrentam diferentes condições que se alternam de acordo com o ciclo das marés, intensidade das ondas, entre outras. Há, de um modo geral, uma elevada exposição aos rigores do ambiente físico, sendo o substrato um dos mais importantes fatores determinantes na distribuição e características adaptativas dos organismos. A dessecação, elevadas temperaturas e a própria luz devem ser enfrentadas durante a maré baixa quando muitos dos seres vivos do mediolitoral e do supralitoral são expostos ao ar, devendo possuir certa resistência à dessecação. Tais efeitos podem ser evitados pelo deslocamento ou recrutamento preferencial em locais abrigados, como frestas, no entanto isto na maioria das vezes não é possível, além de ser inviável para organismos fotossintetizantes.

Uma característica marcante dos costões rochosos, é a zonação de espécies. Como a tolerância das espécies à dessecação varia, estas se organizam ao longo do gradiente marinho/terrestre. Os fatores físicos são os principais determinantes desta zonação, e são resultado de diferentes tolerâncias aos estresses ambientais. Dentre os fatores biológicos, a competição por recursos limitados, principalmente por espaço, é a mais importante. Muitos organismos do supralitoral não possuem limitações físicas para ocupar regiões mais baixas, no entanto são deslocados pela competição com outras espécies. De forma geral, os limites inferiores das espécies são determinados por fatores biológicos (competição) e os limites superiores por fatores físicos (dessecação, temperatura, luminosidade) (Boaden, 1985).

Técnicas Utilizadas:

I - Isoenzimas

Em gastrópodes, um dos métodos para detectar e quantificar a variabilidade genética nas populações é a eletroforese de isoenzimas, que permite averiguar as diferentes formas moleculares de uma enzima catalisando a mesma reação (Thorpe e Solecava, 1994; Tan e Liu, 2001; Iness-Campbell et al 2003). Estas são uma expressão direta do genótipo, permitindo análises de variabilidade tanto dentro como entre populações.

A técnica de isoenzimas é vantajosa em uma série de aspectos. É uma análise objetiva, é um marcador codominante e apresenta menor custo em relação a outros marcadores moleculares (Van der Bank et al, 2001). No entanto é limitada pela presença de alelos nulos, modificações na sequência de DNA que não são detectáveis, e podem ocorrer mudanças nas proteínas após a tradução (Leberg, 1996). As isoenzimas são importantes para a compreensão e para a estimativa da variabilidade genética, do fluxo gênico, limite de espécies e hibridação, além de outros problemas (Murphy et al, 1996). Na taxonomia e sistemática é uma técnica usada principalmente para distinguir espécies próximas e para medir a divergência entre populações dentro de uma espécie (Van de Bank et al, 2001).

II – Morfometria tradicional

Os estudos sobre a forma dos seres vivos existem há séculos. Historicamente, a classificação taxonômica e compreensão da diversidade biológica foram ambas baseadas em descrições morfológicas. No início do século XX, a biologia iniciou uma transição de um campo

descritivo para uma ciência quantitativa, o que também ocorreu à morfometria (Bookstein, 1998).

A morfometria estuda a variação e mudança na forma (tamanho e formato) dos organismos. Ela adiciona um elemento quantitativo às descrições morfológicas, permitindo comparações mais rigorosas.

Sua forma tradicional, assim como a morfometria geométrica são bastante utilizadas na taxonomia; no entanto, ambas são bastante criticadas: a morfometria tradicional é criticada por causa de problemas de correção de tamanho e porque diferentes formas podem gerar as mesmas medidas (Adams et al, 2004); já a morfometria geométrica é criticada pela falta de informação entre os marcos anatômicos (Richtsmeier et al, 2002) e, em moluscos, pela dificuldade e a arbitrariedade em localizar os marcos (Johnston et al, 1991). Ambas são criticadas por dificuldades nas definições de tamanho e conseqüentemente problemas com definição de forma (Richtsmeier et al, 2002). Em moluscos, especialmente gastrópodes, estas críticas também são fortes apesar do amplo uso das técnicas morfométricas (Kool, 1993), as técnicas tradicionais são amplamente utilizadas nestes animais (Stone, 1998).

A morfometria tradicional vem sendo substituída pela geométrica desde a década de 1980 (Stone, 1998), no entanto esta substituição teve certa relutância em gastrópodes, isso porque existem dificuldades em encontrar os marcos anatômicos nas conchas (Johnston et al, 1991).

Apesar dos problemas da análise morfométrica da concha, seus estudos, sobretudo quando adicionados a alguma outra forma de análise, não deixam de apresentar resultados interessantes, principalmente na separação de espécies próximas (Kilgour et al, 1990;

Johanesson et al, 1993; Kool, 1993; Wulschleger e Jokela, 2002; Rintelen e Glaubrecht, 2003; Absalão et al, 2005).

Para este trabalho optou-se pela morfometria tradicional utilizando a análise de componentes principais (PCA), usada na separação de subespécies e espécies próximas de gastrópodes (Johanesson et al, 1993; Kool, 1993).

A análise de componentes principais (PCA) permite a apresentação de resultados de diversas medidas (Manly, 2005), e consegue separar diferenças de tamanho e formato (Jolicoeur, 1963) desde que estas não sejam confundidas por alometria (Tissot, 1988, e Airoidi e Flury, 1988).

Objetivo Geral:

Este trabalho teve por objetivo avaliar a estrutura genética populacional de *S. haemastoma* utilizando análise de isoenzimas. Foi avaliada a estrutura de cada um dos grupos geneticamente distintos encontrados durante o estudo prévio, sua relação e verificar se estes podem ou não representar espécies distintas. Foi realizada também uma análise morfológica da concha a fim de encontrar possíveis diferenças existentes entre os dois grupos e descrever a variação morfológica da espécie.

Literatura Citada:

- AB' SABER, A.N.; 2003. Litoral do Brasil – Brazilian Coast. Metalivros. 288p.
- ABBOTT, R. T. 1974. American Seashells, second edition, Van Nostrand Reinhold. 663p.
- ABSALÃO, R.S., SILVA, P.H. DE A. e PAULA, T.S.; 2005. Shell morphometrics in four species of Gadilidae (Mollusca, Scaphopoda) in southwestern Atlantic Ocean, Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, **22**: 175-179.
- ADAMS, D.C., ROHLF, F.J. e SLICE, D.E.; 2002. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. **Italian Journal of Zoology**, **71**: 5-16.
- AIROLDI, J. e FLURY, B. K. 1988. An application of common principal component analysis to cranial morphometry of *Microtus californicus* and *M. ochrogaster* (Mammalia, Rodentia). **Journal of Zoology (London)** **216**: 21-36.
- ANDRADE, S.C.S., MAGALHÃES, C.A. e SOLFERINI, V.N. 2003. Patterns Of Genetic Variability In Brazilian Littorinids (Mollusca): A Macrogeographic Approach. **Journal of Zoology Systematics and Evolution**, **41**: 249-255.
- ANDRADE, S.C.S., MEDEIROS, H.F. e SOLFERINI, V.N. 2005. Homogeneity test of Hardy-Weinberg deviations in brazilian Littorinids: evidence for selection? **Journal of Molluscan Studies**, **71**: 167-174.
- ANDRADE, S.C.S. e SOLFERINI, V.N.; 2007. Fine-scale genetic structure overrides macro-scale structure in a marine snail: nonrandom recruitment, demographic events or selection?. **Biological Journal of the Linnean Society** **91**: 23-36
- BANSE, K., 1986. Vertical distribution and vertical transport of planktonic larvae of echinoderms and benthic polychaetes in an open coastal sea. **Bulletin of Marine Science**, **39**: 162-175.
- BARTON, N.H., 1989. Founder effect speciation. In Speciation and its Consequences, eds. Otte, D.; Endler, J.A.; pp. 229-256. Sunderland, Mass: Sinauer. 679 pp.
- BIELER, R. 1992. Gastropod phylogeny and systematics. **Annual Review of Ecology and Systematics** **23**: 311–338.
- BOADEN, P.J.S.; 1985. An introduction to coastal ecology. Blackie & Son, Glasgow. 218p.
- BOHONAK, A.J.; 1999. Dispersal, gene flow, and population structure. **The Quarterly Review of Biology**, **74**: 21-45.
- BOOKSTEIN, F. L. 1998. A hundred years of morphometrics. **Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae** **44**: 7-59.

- BURTON, R.S. e FELDMAN, M.W.; 1982. Population genetics of coastal and estuarine invertebrates: does larval behavior influence population structure? In *Estuarine Comparisons*, ed. Kennedy, V.S., pp. 537-551. New York: Academic. 709pp.
- BURTON, R.S. 1998. Intraspecific phylogeography across the point conception biogeographic boundary. **Evolution**, **52**: 734-745.
- BUTLER, P. A. 1985. Synoptic review of the literature on the southern oyster drill *Thais haemastoma floridana*. N.O.A.A. Technical Report. NMFS 35:9.
- CRONIN, T.W. e FORWARD, R.B.; 1986. Vertical migration cycles of crab larvae and their role in larval dispersal. **Bulletin of Marine Science**, **39**: 192-201.
- CRUMMET, L.T. e EERNISE, D.J.. 2007. Genetic evidence for the cryptic species pair, *Lottia digitalis* and *Lottia austrodigitalis* and microhabitat partitioning in sympatry. **Marine Biology**, **152**: 1-13.
- CUNHA, S.B. e GUERRA, A.J.T. 1998. Geomorfologia do Brasil. BCD União de Editoras S.A. 392p.
- D'ASARO, C.N.; 1966. The egg capsules, embryogenesis, and early organogenesis of a common oyster predator, *Thais haemastoma floridana* (Gastropoda: Prosobranchia). **Bulletin of Marine Science**, **16**: 884-914.
- DIAS, G. M. ; DUARTE, L. L. ; SOLFERINI, V. N.; 2006. Low genetic differentiation between isolated populations of the colonial ascidians *Sympylegma rubra* Monniot, C. 1972. **Marine Biology**, **148**: 807-815.
- DUARTE, L.F.L., 1990. Seleção de presas e distribuição do gastrópode *Thais haemastoma* (L.) no costão da Praia do Rio Verde, Estação Ecológica de Juréia-Itatins, Estado de São Paulo. Tese de Doutorado. Instituto de Biologia. Universidade Estadual de Campinas, 106p.
- FERNÁNDEZ, J., GALINDO, J., FERNÁNDEZ, B., PÉREZ-FIGUEROA, A., CABALLERO, A., ROLÁN-ÁLVAREZ, E.; 2005. Genetic differentiation and estimation of effective population size and migration rates in two sympatric ecotypes of the marine snail *Littorina saxatilis*. **Journal of Heredity**, **96**: 460-464.
- GARCIA-LAVANDEIRA, M., SILVA, A., ABAD, M., PRAZOS, A.J., SÁNCHEZ, J.L. e PARALLÉ, L.; 2005. Effects of GABA and epinephrine on the settlement and metamorphosis of the larvae of four species of bivalve molluscs. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **316**: 146-156.
- HOUGH, A.R. e NAYLOR, E.; 1992. Biological and Physical aspects of migration in estuarine amphipod *Gammarus zaddachi*. **Marine Biology** **112**: 437-443.
- IGNACIO, B.L., ABSHER, T.M., LAZOSKI, C. e SOLÉ-CAVA, A.M.; 2000. Genetic evidence of the presence of two species of *Crassostrea* (Bivalvia: Ostreidae) on the coast of Brazil. **Marine Biology**, **136**: 987-991.
- INCZE, L.S., ORTNER, P.B. e SCHUMACHER, J.D.; 1990. Microzooplakton, vertical mixing and advection in a larval fish patch. **Journal of Plankton Research**, **12**: 365-379.

- INNESS-CAMPBELL, J.; STUCKEY, M. e JOHNSON, M.S. 2003. Allozymic investigation of phylogeny of *Littoraria* (Gastropoda : Littorinidae). **Journal Of Molluscan Studies** **69**: 19-26
- JANSON, K.; 1987. Allozyme and shell variation in two marine snails (*Littorina*, Prosobranchia) with different dispersal abilities. **Biological Journal of the Linnean Society**, **30**: 245-256.
- JOHANNESSON, K.; JOHANNESSON, B. e ROLÁN-ALVAREZ, E. 1993. Morphological differentiation and genetic cohesiveness over a microenvironmental gradient in the marine snail *Littorina saxatilis*. **Evolution**, **47(6)**:1770-1787
- JOHANNESSON, K. e TATARENKOV, A.; 1996. Allozyme variation in a snail (*Littorina saxatilis*)-deconfounding the effects of microhabitat and gene flow. **Evolution**, **51**: 402-409.
- JOHANNESSON, K., LUNDBERG, J., ANDRÉ, C. e NILSON, P.G.; 2003. Island isolation and habitat heterogeneity correlate with DNA variation in marine snail (*Littorina saxatilis*). **Biological Journal of the Linnean Society**, **82**: 377-384.
- JOHANNESSON, K. e PANOVA, M.; 2004. Microscale variation in Aat (aspartate aminotransferase) is supported by activity differences between upper and lower shore allozymes of *Littorina saxatilis*. **Marine Biology**, **144**: 1157-1164.
- JOLICOEUR, P. 1963. The multivariate generalization of the allometry equation. **Biometrics** **19**: 497-499.
- JOHNSTON, M. R., TOBACHNICKA R. E. e BOOKSTEIN, F.L.; 1991. Landmark-based morphometrics of spiral accretionary growth. **Paleobiology** **17**:19-36.
- JOSÉ, J. e SOLFERINI, V.N.; 2007. Population genetics of *Collisella subrugosa* (Patellogastropoda: Acmaeidae): evidence of two scales of population structure. **Genetica**, **130**: 73-82.
- KILGOUR, B.W., LYNN, D.H. e MACKIE, G.L.; 1990. Use of shell morphometric data to aid classification of *Pisidium* (Bivalvia: Sphaeridae). **American Malacological Bulletin**, **7**: 109-116.
- KNOWLTON, N.; 1986. Cryptic and sibling species among the decapod Crustacea. **Journal of Crustacean Biology**, **6**: 356-363.
- KNOWLTON, N.; 1993. Sibling species in the sea. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, **24**: 189-216.
- KOOL, S.P.; 1987. Significance of radular characters for reconstruction of thaidid phylogeny (Neogastropoda: Muricacea). **The Nautilus**, **101**: 117-131.
- KOOL, S.P.; 1993. Phylogenetic Analysis of the Rapaninae (Neogastropoda: Muricidae). **Malacologia**, **35 (2)**: 155-259.
- LAIMEK, P., CLARK, S., STEWART, M., PFEFFER, F., WANICHANON, C., HANNA, P. e SOBHON, P.; 2008. The presence of GABA in gastropod mucus and its role in inducing larval settlement. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **354**: 182-191.

- LAVRADO, H.P., 1992. Seleção de presas pelo gastrópodo *Thais haemastoma* (L.) na região de Arraial do Cabo, RJ. Dissertação de Mestrado. Instituto de Biologia. Universidade Estadual de Campinas, 106p.
- LEBERG, P.L. 1996. Applications of allozyme electrophoresis in conservation biology. In: Smith, T. B. & Wayne, R. K. (eds) *Molecular genetics approaches in conservation*. Oxford University Press, New York.
- LIMA, D., FREITAS, J.E.P., ARAUJO, M.E. e SOLÉ-CAVA, A.M.; 2005. Genetic detection of cryptic species in the frillfin goby *Bathygobius soporator*. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **320**: 211-223.
- LIU, L.L., FOLTZ, D.W. e STICKLE, W.B., 1991. Genetic population structure of the southern oyster drill *Stramonita (=Thais) haemastoma*. **Marine Biology** **111**: 71-79.
- MAGALHÃES, C. A., 1988. Padrões de variação morfológica em *Thais haemastoma* L., 1767 (Gastropoda: Prosobranchia). Dissertação de Mestrado. Instituto de Biologia. Universidade Estadual de Campinas, 107p.
- MAGALHÃES, C.A., 2000. Partilha de Recursos em Guilda de Gastrópodes Predadores em Costões de São Sebastião, SP. Tese de Doutorado. Instituto de Biologia. Universidade Estadual de Campinas, 142p.
- MANLY, B. F. J. 2005. Multivariate statistical methods: a primer. Third Edition Chapman and Hall, London. 214p.
- MAYNARD, N.G.; 1976. The relationship between diatoms in the surface sediments of the Atlantic Ocean and the biological and physical oceanography of overlying waters. **Paleobiology** **2**:91-121.
- McGOWAN, J.A. e WALKER, P.W.; 1985. Dominance and diversity maintenance in an oceanic ecosystem. **Ecological Monographs**, **55**: 113-118.
- MORROW, C.C., THORPE, J.P. e PICTON, B.E.; 1992. Genetic divergence and cryptic speciation in two morphs of the common subtidal nudibranch *Doto coronata* (Opisthobranchia: Dendronotacea: Dotoidae) from northern Irish Sea. **Marine Ecology, Progress Series**, **84**: 53-61.
- MURPHY, R. W.; SITES, J. W.; BUTH, D. G. e HAUFLE C. H. Proteins: isozyme electrophoresis. In: Hillis, D. M.; Moritz, C. & Mable, B. K. (eds) 1996. **Molecular systematics**. Second edition Sinauer Associates, Inc., Massachusetts.
- PAPP, M.G. e DUARTE, L.F.L., 2001. Locomotion of *Stramonita haemastoma* (Linnaeus)(Gastropoda, Muricidae) on a mixed shore of rocks and sand. **Revista Brasileira de Zoologia** **18 (1)**: 187-195.
- PEREIRA, O.M., YAMANAKA, N. e TANJI, S., 1988. Ataque da *Thais Haemastoma* (Linné, 1767) sobre a ostra cultivada *Crassostrea brasiliana* (Lamarck, 1819) em laboratório. **Boletim do Instituto de Pesca**, **15 (1)**: 266-288.
- PHILLIPS, B.F. e McWILLIAM, P.S.; 1986. The pelagic phase of spiny lobster development. **Can. Journ. Fish. Aquat. Sci.** **43**: 2153-2163.

- RAFF, R.A.; 1996. The shape of life genes, Development and the evolution of animal form. The university of chicago press.
- RAHMAN, S.M. e UEHARA, T.; 2004. Interspecific and intraspecific variations in sibling species of sea urchin *Echinometra*. **Comparative Biochemistry and Physiology – part A: Molecular and Integrative Physiology**, **139**: 469-478.
- RICHTSMEIER, J.T., DELEON, V.B. e LELE, S.R.; 2002. The promise of geometric morphometrics. **Yearbook of Physical Anthropology**, **45**: 63-91.
- RIDGWAY, T.M., STEWART, B.A., BRANCH, G.M. e HODGSON, A.N.; 1998. Morphological and genetic differentiation of *Patella granularis* (Gastropoda: Patellidae): recognition of two sibling species along the coast of southern África. **Journal of Zoology**, **245**: 317-333.
- RINTELEN, T.V. e GLAUBRECHT, M.; 2003. New discoveries in old lakes: three new species of *Tylomelania*: Sarasin & Sarasin, 1897 (Gastropoda: cerithioidea: pachychilidae) from the malili lake system on sulawesi, indonésia. **Journal of Molluscan Studies**, **69**: 3-17.
- RIOS, E.C., 1994. Seashells of Brazil. Editora da Fundação Universidade do Rio Grande, Rio Grande, 492p.
- ROLÁN-Alvarez, E.; 2007. Sympatric Speciation as a By-product of Ecological Adaptation in the Galician *Littorina saxatilis* Hybrid Zone. **Journal of Molluscan Studies**, **73**: 1-10.
- ROLLER, R.A. e STICKLE, W.B.; 1988. Intracapsular development of *Thais haemastoma canaliculata* (Gray) (Prosobranchia: Muricidae) under laboratory conditions. **American Malacological Bulletin**, **6**: 189–197.
- RUSSO, C., SOLÉ-CAVA, A.M. e THORPE, J.P.; 1994. Population structure and genetic variation in two tropical sea anemones (Cnidária, Actinidae) with different reproductive strategies. **Marine Biology**, **119**: 267-276.
- SILVEIRA, J.D., 1964. Morfologia do Litoral. Pp.253-305. In Brasil, a terra e o homem. Ed. A. de Azevedo, São Paulo.
- SOLEM, G.A., 1974. The shell makers, Wiley-interscience publication, 289p.
- STANHOPE, M.J., CONNELLY, M.M. e HARTWICK, B.; 1992. Evolution of crustacean chemical communication channel: behavioral and ecological genetic evidence for a habitat modified, race-specific pheromone. **Journal of Chemical Ecology**, **18**: 1871-1887.
- STONE, J.R. 1998. Landmark-Based Thin-Plate Spline Relative Warp Analysis of Gastropod Shells. **Systematic Biology** **47**(2):254-263
- TAN, K. S. e LIU, L. L.; 2001. Description of a new species of *Thais* (Mollusca : Neogastropoda : Muricidae) from Taiwan, based on morphological and allozyme analyses. **Zoological Science** **18** (9): 1275-1289

- THORPE J.P. e SOLECAVA A.M., 1994. The use of allozyme eletrophoresis in invertebrate systematics. **Zoologica Scripta** **23 (1)**: 3-18
- TISSOT, B. N. 1988. Multivariate analysis. Pp 35-51 in M. L. McKinney, ed. Heterochrony Evolution: a Multidisciplinary Approach. Plenum Press, NY.
- TODD, C.D., LAMBERT, W.J. e THORPE, J.P.; 1998. The genetic structure of intertidal populations of two species of nudibranch molluscs with planktotrophic and pelagic lecitotrophic stages: are pelagic larvae “for” dispersal? **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **228**: 1-28.
- VAN DER BANK, H.; VAN DER BANK, M. e VAN WYK, B-E. 2001. A review of the use of allozyme electrophoresis in plant systematics. **Biochemical Systematics an Ecology** **29**:469-483
- VERMEIJ, G.J., 2001. Distribution, history, and taxonomy of the Thais clade (Gastripoda: muricidae) in the neogene of tropical America. **Journal of Paleonthology** **75(3)**: 697-705
- WATANABE, J.T. e YOUNG, C.M., 2006. Feeding habits and phenotypic changes in proboscis length in the southern oyster drill, *Stramonita haemastoma* (Gastropoda: Muricidae), on Florida sabellariid worm reefs. **Marine Biology** **148(5)**: 1021-1029.
- WEINBERG, J.R., STARCZAK, V.R., MUELLER, C., PESCH, G.C. e LINDSAY, S.M.; 1990. Divergence between populations of a monogamous polychaete with male parental care: premating isolation and chromossome variation. **Marine Biology**, **107**: 205-213.
- WULLSCHLEGER, E.B. e JOKELA, J.; 2002. Morphological plasticity and divergence in life-history traits between two closely related freshwater snails, *Lymnaea ovata* and *Lymnaea peregra*. **Journal of Molluscan Studies**, **68**: 1-5.

Capítulo I – Variabilidade Genética e Estrutura Populacional de *Stramonita haemastoma* (Gastropoda, Prosobranchia).

Introdução:

Stramonita (= *Thais*) *haemastoma* (Linnaeus 1767), da família Muricidae (Gastropoda: Prosobranchia), popularmente chamada de “saquarita”, possui representantes em toda costa Atlântica das Américas, sendo encontrada desde a Flórida nos Estados Unidos até o litoral de Santa Catarina. Também é encontrada na costa leste do Atlântico, desde o mar Mediterrâneo ao oeste da África (Rios, 1994, Abbot, 1974).

O status taxonômico dos membros da família Muricidae é bastante discutido devido à convergência de características e a ampla distribuição de muitas das espécies (Kool, 1993; Vermeij, 2001). Dentro da espécie *S. haemastoma* também há certa controvérsia taxonômica; devido a sua ampla distribuição ela foi descrita diversas vezes, possuindo diversos nomes sinônimos. Kool et al. fez uma revisão do gênero *Thais* em 1987 e atribuiu o status de gênero a *Stramonita*, anteriormente um subgênero de *Thais*.

Há também controvérsia com relação à existência de algumas subespécies; a maioria pode ser atribuída aos sinônimos da espécie (Kool, 1993), e algumas possivelmente são espécies distintas (Liu et al, 1991; Vermeij, 2001). Embora apenas uma subespécie seja relatada no Brasil (*S. haemastoma floridana*) (Abbot, 1974), em um trabalho preliminar no litoral de São Paulo e do Rio de Janeiro, foram encontrados indícios de divisão da espécie em dois grupos geneticamente distintos. Os grupos apresentavam elevada distância genética e evidentes diferenças em três locos isozímicos (dois locos de Pgm, E.C. 2.7.5.1 e um de Pgi, E.C. 5.3.1.9).

Os grupos não foram confirmados como espécies distintas, assim como não foram encontradas diferenças morfológicas evidentes nas rádulas.

Estudos recentes têm demonstrado que alguns moluscos de costão apresentam estruturação microgeográfica, com diferenciação conforme a faixa estudada do costão formando, inclusive, raças morfolologicamente distintas (Johannesson et al, 1993, 1996; Johannesson e Panova, 2004; Rolán et al, 2004; Fernández et al, 2005). Estas diferenças estão relacionadas com as acentuadas mudanças físicas encontradas ao longo do costão, gerando adaptações habitat-específicas.

Dentro da família Muricidae há um ótimo exemplo de estruturação microgeográfica com a formação de grupos genéticos e raças morfolologicamente distintas. A espécie *Nucella lapillus* apresenta, em diversas localidades, dois morfos, um que habita as áreas superiores do costão, em ambientes mais abrigados, e outro que habita regiões mais baixas e mais expostas (Rolán et al, 2004). Os morfos apresentam diferenças sutis, porém significativas, de frequências alélicas e polimorfismo cromossômico (Pascoe et al, 2004), além de diferenças na morfologia da concha, sobretudo entre os juvenis, e da rádula (Rolán et al, 2004).

A variação temporal também pode levar à variação morfológica e genética em populações naturais. Na análise preliminar, as localidades apresentaram os grupos genéticos de *S. haemastoma* em diferentes proporções, não sendo possível identificar algum padrão.

Os trabalhos de genética de populações feitos com outras espécies de muricídeos encontram padrões em geral condizentes com o modo de desenvolvimento larval da espécie. *Nucella lapillus* possui desenvolvimento direto e apresenta, além de altos valores de diversidade gênica, estruturação elevada entre os diversos pontos de sua distribuição (Day et al, 1994), além da estruturação micro-geográfica (Rolán et al, 2004). As espécies que apresentam estágio larval

plancetotrófico possuem em geral baixa estruturação populacional e valores elevados de diversidade gênica (Liu et al, 1991; Holborn et al, 1994; Gallardo e Carrasco, 1996; Bohonak, 1999; Lambert et al, 2003; revisto por Palumbi, 1995). A deficiência de heterozigotos comumente encontrada em muitos moluscos (Zouros e Foltz, 1984; Andrade et al, 2005; Plutchak et al, 2006; José e Solferini, 2007) é relatada em poucos muricídeos, (Gallardo e Carrasco, 1996; Gajardo et al, 2001). Não foi relatada para *S. haemastoma* no estudo feito nos Estados Unidos por Liu et al (1991), que envolveu duas subespécies onde também foram encontrados baixos valores de estruturação em ambas e elevada diversidade gênica em apenas uma.

A divisão de *S. haemastoma* em subespécies gera confusão pois não existem características morfológicas evidentes para sua distinção taxonômica. As diferenças genéticas entre as duas subespécies analisadas no trabalho feito por Liu et al (1991) foram bastante evidentes, características de espécies cogenéricas distintas. No entanto as características morfológicas que, pela literatura, deveriam distingui-las mostraram enorme sobreposição, mostrando-se inconclusivas.

A partir dessas informações, a estruturação populacional de *S. haemastoma* foi investigada, em populações brasileiras. Averigou-se no presente trabalho, se a divisão genética anteriormente encontrada pode ser atribuída a espécies distintas e a estruturação genética destes grupos genéticos foi estimada macro e micro-geograficamente.

Objetivos:

- Verificar, por meio de análise de isoenzimas, se os grupos genéticos encontrados anteriormente representam espécies distintas.
- Caracterizar e comparar a variabilidade genética dos dois grupos.
- Verificar se há algum padrão de estruturação entre os grupos genéticos quanto à disposição no mediolitoral inferior e superior.
- Verificar se há algum padrão temporal da presença de cada grupo nas zonas do costão e diferentes localidades.

Material e Métodos*Coletas e Tratamento:*

Foram realizadas coletas em dois períodos de tempo distintos em nove localidades. Os locais e datas estão indicados na tabela 1 e na figura I pode ser vista a localização dos pontos de coleta.

Em cada localidade foram coletados aproximadamente 70 indivíduos. Em alguns dos pontos esta amostragem não foi possível devido à baixa disponibilidade de indivíduos. Em três dos pontos de coleta foi feita a divisão entre mediolitoral inferior e superior; nestes casos onde houve divisão entre mediolitoral inferior e superior cada faixa foi tratada como uma coleta independente.

Foram coletas também em Vila Velha – ES e na Bahia, no entanto, os indivíduos de *S. haemastoma* foram raros, sendo observados muitos indivíduos de *S. rústica*, não havendo um número suficiente de indivíduos para análise.

Os indivíduos coletados foram imediatamente congelados em nitrogênio líquido, onde foram mantidos até a realização das análises.

Eletroforese de isoenzimas:

-Extração:

Para a análise genética através da técnica de isoenzimas, foi removido de cada indivíduo um pedaço do músculo do pé. O tecido extraído foi então macerado em 200µl de tampão de extração (0.1 M Tris pH 8.0, 0.5% β-mercaptoethanol). As conchas e o restante do tecido foram conservados em etanol 80% para análises posteriores e registro.

-Aplicação das amostras:

O macerado foi absorvido em tiras de papel de filtro Whatman #3 que em seguida foram aplicadas em géis de amido Sigma 8,5%. Uma amostra de um dos extremos dos géis foi marcada com azul de bromofenol para indicar a posição de corrida.

Os sistemas tampão e as condições de corrida eletroforética estão indicadas na tabela 2.

-Coloração dos géis:

Cada gel foi fatiado e cada fatia incubada a 37°C imersa em solução de coloração segundo Shawn e Prasad (1970) e Ward e Warwick, (1980), após adaptações. Os sistemas enzimáticos revelados estão mostrados na tabela 3, totalizando nove sistemas e 14 locos. Após a coloração as fatias dos géis foram fixadas em uma mistura de metanol, água e ácido acético (5:5:1), em seguida foram fotografados e diafanizados para registro.

-Análise dos dados:

Os genótipos foram interpretados pela leitura direta dos géis, sendo os alelos designados de acordo com a sua mobilidade em relação ao alelo mais comum no loco.

Os dois grupos geneticamente distintos, denominados grupo A e grupo B, possuem uma evidente diferenciação nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi. No entanto, existem na maioria das localidades alguns indivíduos com genótipos ambíguos em um ou mais destes locos, os quais foram classificados como possíveis híbridos e removidos das análises, exceto do teste de atribuição de genótipos descrito mais adiante. Também foram retirados das análises os indivíduos sem informações nestes três locos. Na figura II pode ser visto um gel do sistema Pgm, mostrando a distinção em dois grupos (A e B) nos dois locos deste sistema e indicando dois possíveis híbridos.

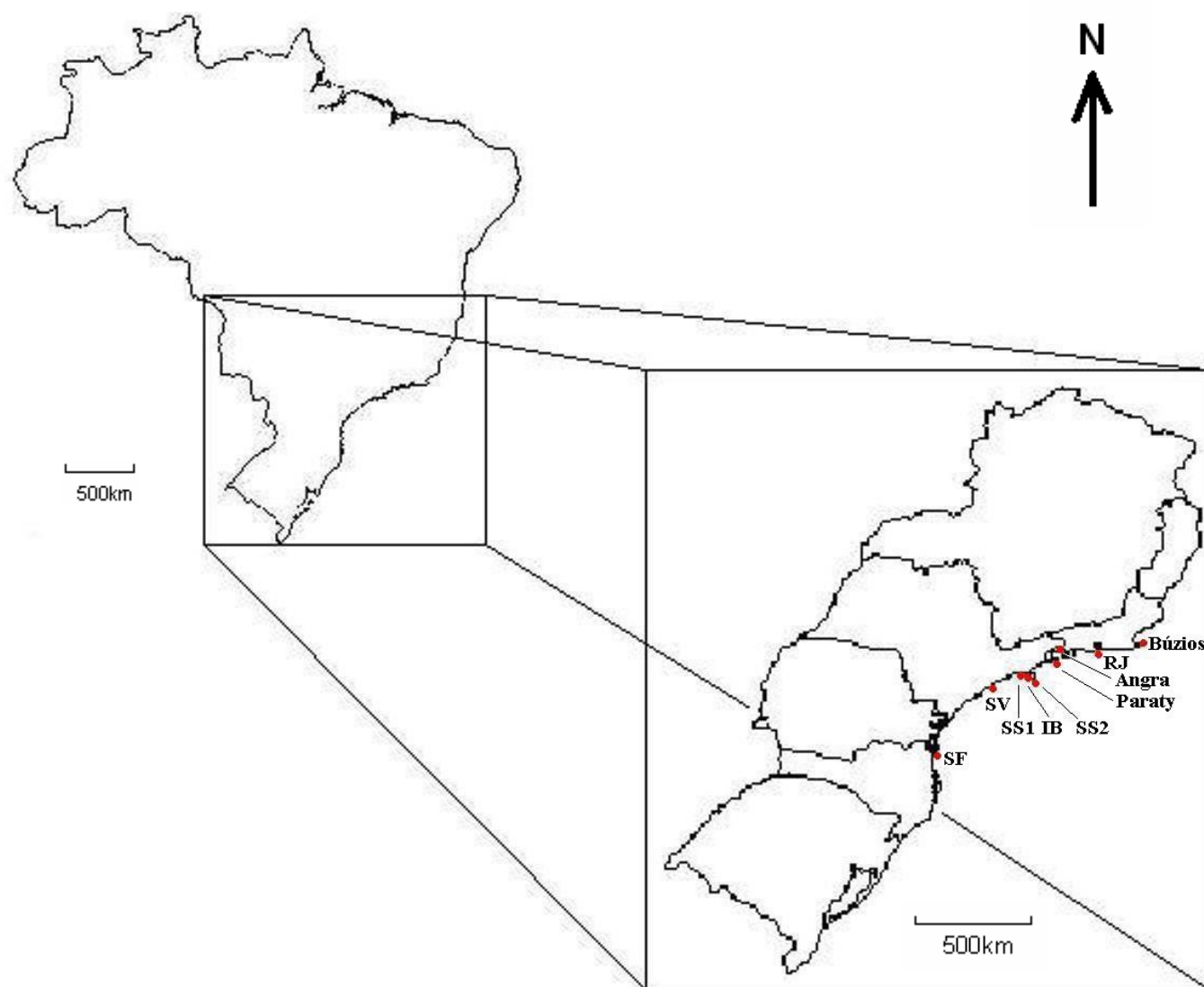


Figura I: Locais de coleta de *S. haemastoma*.

Tabela 1: Locais de coleta, data e como foram amostradas as faixas do costão.

Local:	Data Coleta I:	Data Coleta II:	Coordenadas:	Faixa do Costão:	Sigla Coleta I:	Sigla Coleta II:
São Francisco do Sul-SC, Enseada, Prainha	01/03/2006	24/09/2006	26°13'43''S 48°29'56''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	SFI	SFII
São Vicente-SP, Ilha Porchat	15/04/2006	10/09/2006	23°58'39''S 46°22'08''O	Mediolitoral inferior	SVinfraI	SVinfraII
São Vicente-SP, Ilha Porchat	15/04/2006	10/09/2006	23°58'39''S 46°22'08''O	Mediolitoral superior	SVsupraI	SVsupraII
Ilha Bela-SP, praia Grande	16/02/2006	20/10/2007	23°51'34''S 45°25'05''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	IBI	IBII
São Sebastião, Praia Toque-Toque pequeno	17/03/2007	19/10/2007	23°49'24''S 45°32'00''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	SS2I	SS2II
São Sebastião, Jukehy	17/03/2007	19/10/2007	23°46'17''S 45°43'22''O	Mediolitoral inferior	SS1infraI	SS1infraII
São Sebastião, Jukehy	17/03/2007	19/10/2007	23°46'17''S 45°43'22''O	Mediolitoral superior	SS1supraI	SS1supraII
Parati-RJ, Trindade, praia do Cepilho	07/05/2006	27/08/2007	23°20'39''S 44°42'46''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	ParatyI	ParatyII
Angra dos Reis-RJ, Praia do Frade	06/05/2006	28/08/2007	22°58'02''S 44°26'08''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	AngraI	AngraII
Rio de Janeiro-RJ, Arpoador	14/08/2006	14/04/2007	22°59'24''S 43°11'29''O	Mediolitoral inferior	RJinfraI	RJinfraII
Rio de Janeiro-RJ, Arpoador	14/08/2006	14/04/2007	22°59'24''S 43°11'29''O	Mediolitoral superior	RJsupraI	RJsupraII
Búzios-RJ, Praia da Tartaruga	31/05/2006	02/01/2007	22°45'19''S 41°54'09''O	Mediolitoral inferior e superior juntos	BúziosI	BúziosII

Tabela 2: Sistemas tampão usados nos géis, seus tempos de corrida e a voltagem/amperagem aplicadas.

	<i>Solução (A)</i> <i>pH6,1</i> <i>“Morfolina”</i>	<i>Solução (B)</i> <i>pH8,0</i> <i>“Tri citrato”</i>	<i>Solução (C)pH8,0</i> <i>“Lítio EDTA”</i>
Gel	0,42g de Ác. Cítrico N(3aminopropil) morfolina pH6,1 1000ml de água	1,211g de Tris 0,48g de Ác. cítrico 1000ml de água	2,4g LiOH 23,6g H₃BO₃ 4,4 g EDTA 1000ml de água
Eletrodo	diluído 1:20	diluído 1:25	diluído 1:10
Tempo de Corrida	3h	3h	3h
Condições	45mA constante	45mA constante	50mA constante

Tabela 3: Sistemas enzimáticos utilizados para análise de isoenzimas.

Enzima	Loco	Código (EC)	Sistema Tampão (Gel)
Isomerase da fosfoglicose	Pgi	5.3.1.9	A e C
Fosfoglicomutase	Pgm-1 Pgm-2	2.7.5.1	A
Desidrogenase do isocitrato	Idh-1 Idh-2	1.1.1.42	A
Desidrogenase do malato-NAD	Mdh	1.1.1.37	A
Transaminase do glutamato oxaloacetato	Got	2.6.1.1	B
Aminopectidase da leucina	Lap-2 Lap-3	3.4.11.1	C
Peptidases leucina-glicina-glicina	Pep LGG-1 Pep LGG-3	3.4.-.-	C
Esterase	Est-1 Est-2	3.1.1.1	C
Isomerase da manose-fosfato	Mpi	5.3.1.8	B

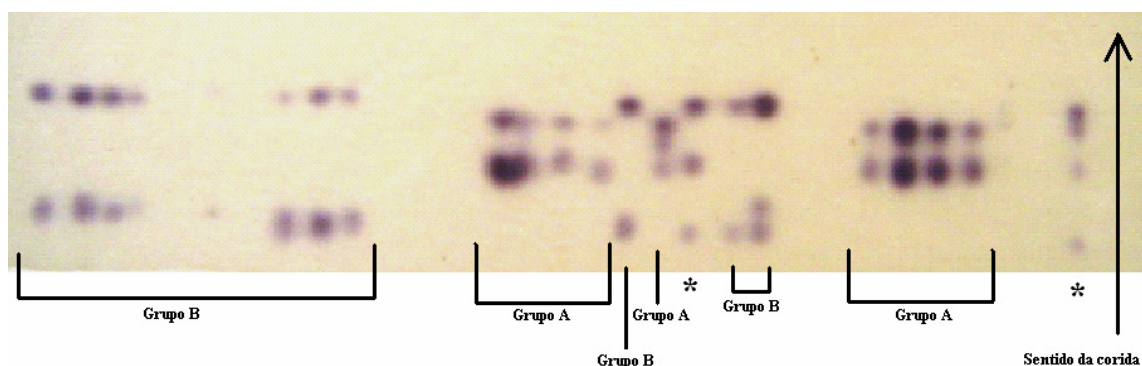


Figura II: Exemplo de gel do sistema Pgm, indicando a distinção entre os grupos genéticos. Os dois indivíduos marcados com asterisco são possíveis híbridos.

O teste de atribuição de genótipos foi feito utilizando o programa Structure (Pritchard et al, 2000 e Falush et al, 2003), a fim de analisar a estruturação populacional segundo um algoritmo Bayesiano e verificar se esta é similar à divisão feita com base nos locos Pgm-1 Pgm-2 e Pgi. A estimativa de parâmetros assume que as populações estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e que os marcadores estão em equilíbrio de ligação, no entanto esta aproximação mostrou-se robusta para alguns desvios de tais parâmetros (Falush et al, 2003). O modelo mais adequado foi baseado em *admixture* (ou seja, os indivíduos podem ter uma ancestralidade mista, de diversas localidades) e independência das frequências alélicas, onde estimativas $q(i)$ são feitas, que representam a proporção de filiação a cada um dos K clusters. Os padrões de iteração foram de 50.000 iterações com período *burn-in*, onde os dados não são tomados, seguidas de 500.000 iterações. Cinco simulações independentes foram feitas para cada estimativa de K (número de clusters de 1 a 10) para testar a consistência dos resultados. Todos os indivíduos amostrados foram incluídos nesta análise, inclusive os possíveis híbridos e indefinidos, e os dois períodos de coleta foram tratados juntos, de forma que todos os dados obtidos fossem levados em conta. O valor de K mais provável foi calculado segundo a metodologia proposta por Evanno

et. al. (2005) para valores de K de dois a dez. Nesta metodologia a probabilidade baseia-se na distribuição dos valores modais de ΔK .

As estimativas de variabilidade genética [proporção de locos polimórficos (P), número médio de alelos por loco (A), heterozigotidade observada e esperada (H_o e H_e respectivamente)] foram calculadas com auxílio do programa Genetix (Belkhir et al, 2002).

A estatística F foi realizada utilizando as estimativas f e θ de Weir e Cockerham (1984) com o uso de 10.000 randomizações para obtenção do intervalo de confiança.

Também foi feita uma análise de F_{ST} hierárquica em cada um dos grupos encontrados com auxílio do programa GDA (Lewis e Zaykin, 1999) a fim de verificar se há alguma diferença temporal significativa entre os períodos de coleta. Os grupo genéticos foram separados de acordo com o tempo de coleta e foram estimados dois valores distintos de F_{ST} : F_{ST-P} para diferentes períodos de coleta e F_{ST-S} para as amostras. Foram utilizados 10.000 reamostragens para estimar o intervalo de confiança.

Com auxílio do programa Genepop (Raymond e Rousset, 1995) foram feitos os seguintes testes exatos: teste exato para avaliar os locos e populações estatisticamente fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg; teste para a análise de desequilíbrio de ligação e sua significância estatística; e teste para a comparação par-a-par das frequências alélicas de todas as populações nos dois tempos de coleta para cada loco. Foram aplicadas cadeias de Markov em todos os testes; para os testes exatos de desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg e comparação das frequências alélicas os parâmetros foram: 10.000 dememorizações, 1.000 leva e 5000 iterações por leva; para o teste de desequilíbrio de ligação os parâmetros foram: 10000 dememorizações 100 leva e 5000 iterações por leva. Foi aplicada em seguida a correção de Bonferroni sequencial (Rice, 1989) em todos os casos.

Foi realizada uma análise de desequilíbrio de ligação para os locos como um todo, sem distinção de populações através de um teste exato, novamente com auxílio do programa Genepop e a correção de Bonferroni seqüencial. A fim de melhor averiguar a distinção dos grupos genéticos genéticos, o teste exato de desequilíbrio de ligação também foi feito sem a separação nos grupos; os parâmetros utilizados foram os mesmos.

Utilizando o programa TFPGA (Miller, 1997), foi calculada distância genética de Nei (1978) par a par entre as populações separadas nos grupos geneticamente distintos; os dois períodos de coleta foram analisados juntos. A partir das distâncias foi feito, com o mesmo programa, um dendograma (UPGMA).

Para verificar a relação entre as distâncias genéticas e as distâncias geográficas, foi feito teste de Mantel, comparando os valores de F_{ST} par-a-par e as distâncias geográficas diretas (em linha reta) entre as populações de cada grupo genético em cada um dos períodos de coleta. Foram feitas 10.000 permutações, o programa TFPGA (Miller, 1997) foi utilizado para esta análise.

Resultados:**Atribuição dos indivíduos para os grupos A e B:**

Com base na diferenciação entre os grupos geneticamente distintos, foi feita a atribuição de cada indivíduo para um de dois grupos, denominados “A” e “B”. Nas tabelas de frequências gênicas obtidas (tabelas I.1 a I.11 do apêndice I) podem ser vistas as diferenças presentes nestes locos entre os grupos; na figura II pode ser visto um exemplo de gel do sistema Pgm mostrando a distinção dos grupos. Vários locos além destes exibem diferenças entre os grupos, no entanto estas não são tão evidentes, limitando-se às frequências alélicas entre os grupos. Os valores significativos do teste exato de Fisher comparando estas frequências também se encontram no Apêndice I (tabelas I.12 a I.18).

Os indivíduos classificados como possíveis híbridos foram encontrados em frequência reduzida, porém não foram raros (frequência de 10,4% no período I de coletas e 9,5% no período II de coletas).

O teste de atribuição de genótipos rendeu uma separação similar àquela feita com base nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi. A divisão em dois grupos ($K=2$) mostrou-se a mais provável (valores de ΔK na tabela 4). Os resultados desta análise indivíduo por indivíduo para $K=2$ podem ser vistos no apêndice II.

A separação feita pelo programa foi 92% similar à separação feita durante a leitura dos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi nos géis, quando considerados todos os indivíduos amostrados. No entanto, se forem considerados somente os indivíduos enquadrados nos grupos A e B da divisão com base nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi durante a leitura (ou seja, descartando-se os possíveis

híbridos da divisão por estes três locos e os indivíduos sem informações nestes locos) este valor de semelhança passa a ser de 96%.

Tabela 4: Valor de ΔK para cada um dos valores de K testados no programa Structure.

k=	ΔK
2	7391,891
3	20,544
4	14,749
5	2,239
6	8,347
7	2,309
8	2,036
9	21,113
10	72,362

Todas as localidades apresentaram indivíduos dos dois grupos, em geral um dos grupos foi predominantemente, com alguns locais apresentando os dois em quantidades similares, esta desproporção em muitas localidades acabou gerando algumas amostras de tamanho reduzido.

A tabela 5 apresenta os grupos predominantes em cada localidade em cada período de coleta e os números amostrais de ambos acrescidos dos números de possíveis híbridos. Os indivíduos sem informação nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi, classificados como indefinidos não estão inclusos. Os números amostrais variam para cada loco analisado e podem ser vistos mais especificamente nas tabelas de frequências alélicas no Apêndice I.

Como cada grupo foi tratado independentemente, as amostras de menos de seis indivíduos não foram analisadas. No geral o grupo A mostrou-se mais numeroso.

Tabela 5: Grupo genético predominante em cada ponto de coleta (do sul ao norte) e seus números amostrais e número de possíveis híbridos por localidade (hib.).

	Local de Coleta:	Grupo Predominante:	n (A / B / hib.)
Período I:	São Francisco do Sul-SC	A e B	21 / 34 / 3
	São Vicente-SP, medioitoral inferior	A	41 / 4 / 5
	São Vicente-SP, medioitoral superior	A	26 / 1 / 2
	Ilha Bela-SP	A e B	23 / 16 / 6
	São Sebastião-SP, Juquehy, mediolitoral inferior	A	31 / 2 / 0
	São Sebastião-SP, Juquehy, mediolitoral superior	A	29 / 1 / 0
	São Sebastião-SP, Toque-Toque Pequeno	A e B	24 / 15 / 5
	Parati-RJ	B	5 / 22 / 7
	Angra dos Reis-RJ	A	28 / 5 / 5
	Rio de Janeiro-RJ, mediolitoral inferior	B	11 / 21 / 7
	Rio de Janeiro-RJ, mediolitoral superior	A	22 / 4 / 0
	Búzios-RJ	B	1 / 21 / 9
Período II:	São Francisco do Sul-SC	A	31 / 8 / 3
	São Vicente-SP, mediolitoral inferior	A	29 / 3 / 8
	São Vicente-SP, mediolitoral superior	A	36 / 2 / 0
	Ilha Bela-SP	A e B	25 / 23 / 12
	São Sebastião-SP, Juquehy, mediolitoral inferior	A	32 / 9 / 3
	São Sebastião-SP, Juquehy, mediolitoral superior	A	33 / 11 / 3
	São Sebastião-SP, Toque-Toque Pequeno	A	30 / 5 / 0
	Parati-RJ	B	3 / 30 / 1
	Angra dos Reis-RJ	A	38 / 2 / 1
	Rio de Janeiro-RJ, mediolitoral inferior	B	5 / 30 / 8
	Rio de Janeiro-RJ, mediolitoral superior	B	5 / 21 / 6
	Búzios-RJ	A e B	12 / 8 / 1

Variabilidade Genética Estimada:

Dos 14 locos amostrados cinco foram monomórficos em todas as amostras (critério 95%): Got, Idh-1, Mpi, Est-1 e Est-2. Estes locos apresentaram o mesmo alelo fixado para ambos grupos genéticos.

Considerando os grupos genéticos separadamente, os locos Pgm-1, Pgm-2, Pgi, Pep-LGG-1 e Lap-3 foram monomórficos no grupo A e somente os locos Pgm-1 e Pgi foram monomórficos no grupo B.

As frequências alélicas e tamanhos amostrais em cada população estão indicados nas tabelas I.1 a I.11 do Apêndice I. Os dois grupos genéticos e os dois tempos de coleta são mostrados na mesma tabela para uma maior facilidade de comparação.

As estimativas de variabilidade genética podem ser vistas na tabela 6.

Tabela 6: Variabilidade genética de *Stramonita haemastoma*, estimativa de F_{IS} e seu intervalo de confiança nas diferentes populações após separação dos grupos geneticamente distintos nos dois períodos de coleta e médias dos valores para cada grupo em cada período. H_e = diversidade gênica, H_o = Heterozigosidade observada, P = porcentagem de locos polimórficos (critério 95%), A = número médio de alelos por loco. Em cinza os valores de F_{IS} que não fora significativos.

Período I:					
Amostra	P	A	H_e	H_o	F_{IS}
SFIA	0,36	1,86	0,144	0,065	0,573 (0,331-0,755)
SFIB	0,43	1,93	0,186	0,061	0,687 (0,554-0,784)
SV1infraIA	0,36	1,93	0,136	0,076	0,453 (0,289-0,581)
SV1supraIA	0,21	1,43	0,098	0,034	0,682 (0,348-0,888)
IBIA	0,29	1,71	0,121	0,056	0,563 (0,304-0,760)
IBIB	0,64	2,14	0,251	0,063	0,776 (0,597-0,851)
SS1infraIA	0,29	1,71	0,110	0,066	0,4291 (0,161-0,643)
SS1ssupraIA	0,29	1,71	0,097	0,060	0,406 (0,123-0,563)
SS2IA	0,21	1,50	0,098	0,084	0,184 (-0,204-0,449)
SS2IB	0,29	1,43	0,107	0,035	0,716 (0,263-0,926)
ParatyIB	0,64	2,00	0,200	0,075	0,655 (0,409-0,766)
AngraIA	0,29	1,79	0,132	0,029	0,792 (0,634-0,916)
RJinfraIA	0,29	1,50	0,109	0,067	0,456 (-0,118-0,775)
RJinfraIB	0,50	1,86	0,176	0,086	0,537 (0,297-0,710)
RJsupraIA	0,29	1,64	0,123	0,086	0,332 (0,107-0,510)
BúziosIB	0,43	1,86	0,145	0,045	0,702 (0,518-0,820)
Média IA	0,29	1,68	0,117	0,062	0,494 (0,298-0,622)
Média IB	0,49	1,87	0,178	0,061	0,670 (0,570-0,759)

Tabela 6: (continuação)

Período II:					
Amostra	P	A	H_e	H_o	F_{IS}
SFIIA	0,29	1,64	0,133	0,073	0,477 (0,242-0,606)
SFIIB	0,15	1,23	0,086	0,096	-0,047 (-0,725-0,453)
SV1infraIIA	0,29	1,64	0,111	0,072	0,373 (0,108-0,572)
SV1supraIIA	0,14	1,71	0,093	0,066	0,307 (0,086-0,495)
IBIIA	0,29	1,71	0,124	0,101	0,214 (-0,038-0,375)
IBIIB	0,21	1,50	0,072	0,055	0,249 (-0,076-0,439)
SS1infraIIA	0,21	1,50	0,113	0,065	0,445 (0,183-0,628)
SS1infraIIB	0,29	1,43	0,096	0,049	0,547 (0,115-0,751)
SS1supraIIA	0,29	1,64	0,120	0,062	0,495 (0,308-0,629)
SS1supraIIB	0,29	1,43	0,113	0,035	0,715 (0,403-0,929)
SS2IIA	0,21	1,64	0,111	0,062	0,460 (0,245-0,614)
ParatyIIB	0,36	1,57	0,109	0,080	0,335 (-0,065-0,648)
AngraIIA	0,21	1,57	0,111	0,053	0,535 (0,299-0,693)
RJinfraIIB	0,29	1,64	0,104	0,054	0,502 (0,235-0,698)
RJsupraIIB	0,36	1,79	0,141	0,089	0,430 (0,003-0,582)
BúziosIIA	0,29	1,43	0,119	0,138	0,137 (-0,357-0,447)
BúziosIIB	0,38	1,54	0,163	0,042	0,792 (0,335-0,924)
Média IIA	0,25	1,61	0,115	0,077	0,399 (0,193-0,552)
Média IIB	0,29	1,52	0,111	0,063	0,454 (0,350-0,563)

Somente um par de locos foi encontrado em desequilíbrio de ligação estatisticamente significativo (SVinfraIA, Idh2 x Pep-LGG3, $p=0,003$, $ep=0,00006$). No teste com populações agrupadas, feito independentemente para os grupos A e B não foram encontrados desequilíbrios significativos. O teste de desequilíbrio de ligação, quando realizado sem a distinção dos grupos

genéticos, apresentou diversos resultados significativos, sobretudo, nas regiões de maior simpatria dos dois grupos (tabelas I.20 e I.21 do apêndice I).

Foram encontradas diferenças significativas nas frequências alélicas entre diversos pares de populações, os resultados significativos deste teste estão nas tabelas I.12 a I.18 do apêndice I. As diferenças significativas encontradas são, na grande maioria, entre populações do grupo A comparadas com populações do grupo B. Foram pouquíssimas as diferenças significativas entre populações dentro do grupo B e somente duas entre populações do grupo A tiveram resultados significativos, ambas no loco Pep-LGG-3. De um modo geral, além dos locos utilizados na separação visual, os locos Mdh, Idh-2 e Lap-2 apresentaram diferenciação nas frequências alélicas quando comparados um grupo com o outro.

Tabela 7: Populações e seus locos significativamente fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg nos dois períodos de coleta no grupo A.

		Loco	População	p=
Grupo A:	Período I:	Pgm-2	IBA	0,0269
		Mdh	AngraA	0,0000
		Idh-2	SFA	0,0024
		PEP-LGG-3	AngraA	0,0002
		PEP-LGG-3	SV1supraA	0,0016
		PEP-LGG-3	SV1infraA	0,0031
		PEP-LGG-3	IBA	0,0066
		Lap-2	SFA	0,0022
		Lap-2	SV1infraA	0,0000
		Lap-2	SS1ssupraA	0,0000
		Lap-2	AngraA	0,0000
		Lap-2	IBA	0,0001
		Lap-2	SS1infraA	0,0001
		Lap-2	RJsupraA	0,0001
	Período II:	PEP-LGG-3	SFIIA	0,0006
		PEP-LGG-3	AngraIIA	0,0002
		PEP-LGG-3	SS1supraI	0,0004
		PEP-LGG-3	SS1infraI	0,0053
		PEP-LGG-3	IBIIA	0,0102
		Lap-2	SS1supraIIA	0,0000
		Lap-2	SS2IIA	0,0000
		Lap-2	AngraIIA	0,0000
		Lap-2	SV1supraIIA	0,0005
		Lap-2	SFIIA	0,0014
		Lap-2	SV1infraIIA	0,0019
		Lap-2	BúziosIIA	0,0019
		Lap-2	SS1infraIIA	0,0057

Tabela 8: Populações e seus locos significativamente fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg nos dois períodos de coleta no grupo B.

		Loco	População	p=
Grupo B:	Período I:	Pgm-1	RJinfraB	0,0000
		Pgm-1	IBB	0,0063
		Pgm-2	BúziosB	0,0000
		Pgm-2	SFB	0,0000
		Pgm-2	ParatyB	0,0003
		Pgm-2	IBB	0,0086
		Mdh	ParatyB	0,0094
		Idh-2	IBB	0,0002
		Idh-2	RJinfraB	0,0017
		Idh-2	ParatyB	0,0018
		Idh-2	SS2B	0,0042
		Idh-2	BúziosB	0,0044
		Idh-2	SFB	0,0487
		PEP-LGG-1	ParatyB	0,0039
		PEP-LGG-3	SFB	0,0000
		PEP-LGG-3	IBB	0,0001
		PEP-LGG-3	BúziosB	0,0012
		PEP-LGG-3	RJinfraB	0,0026
	Período II:	Lap-2	SFB	0,0000
		Lap-2	BúziosB	0,0003
		Lap-2	RJinfraB	0,0119
		Lap-3	SFB	0,0067
		Idh-2	ParatyIIB	0,0005
		Idh-2	RJinfraIIB	0,0016
		PEP-LGG-3	SS1supraIIB	0,0003
		Lap-2	RJinfraIIB	0,0028

Estruturação Genética:

Os valores obtidos de F_{ST} foram baixos, porém significativos e podem ser vistos na tabela 9 juntamente com os valores médios de F_{IS} e seus respectivos intervalos de confiança.

Tabela 9: F_{IS} e F_{ST} e intervalos de confiança (critério 95%) para cada um dos grupos geneticamente distintos nos dois períodos de coleta.

		F_{IS}:	F_{ST}:
Período I:	A	0,494 (0,298-0,622)	0,020 (0,001-0,033)
	B	0,670 (0,570-0,759)	0,053 (0,029-0,080)
Período II:	A	0,399 (0,193-0,552)	0,018 (0,011-0,024)
	B	0,454 (0,350-0,563)	0,042 (0,031-0,064)

A matriz de distância genética par a par entre as populações separadas nos grupos geneticamente distintos pode ser vista na tabela I.22 no apêndice I. Com base nestas distâncias foi feito o dendograma (UPGMA), figura III. Em média a distância entre populações do grupo A foi de 0,006; entre populações do grupo B foi de 0,015; e entre populações do grupo A com populações do grupo B foi de 0,338.

O teste de Mantel comparando valores de F_{ST} e distâncias geográficas diretas não detectou relação significativa entre estes valores em nenhum dos grupos genéticos em nenhum dos períodos (Grupo A período I: $Z=683,312$, $p=0,076$; Grupo A período II: $Z=419,375$, $p=0,110$; Grupo B período I: $Z=230,685$, $p=0,896$; Grupo B período II: $Z=327,671$, $p=0,686$).

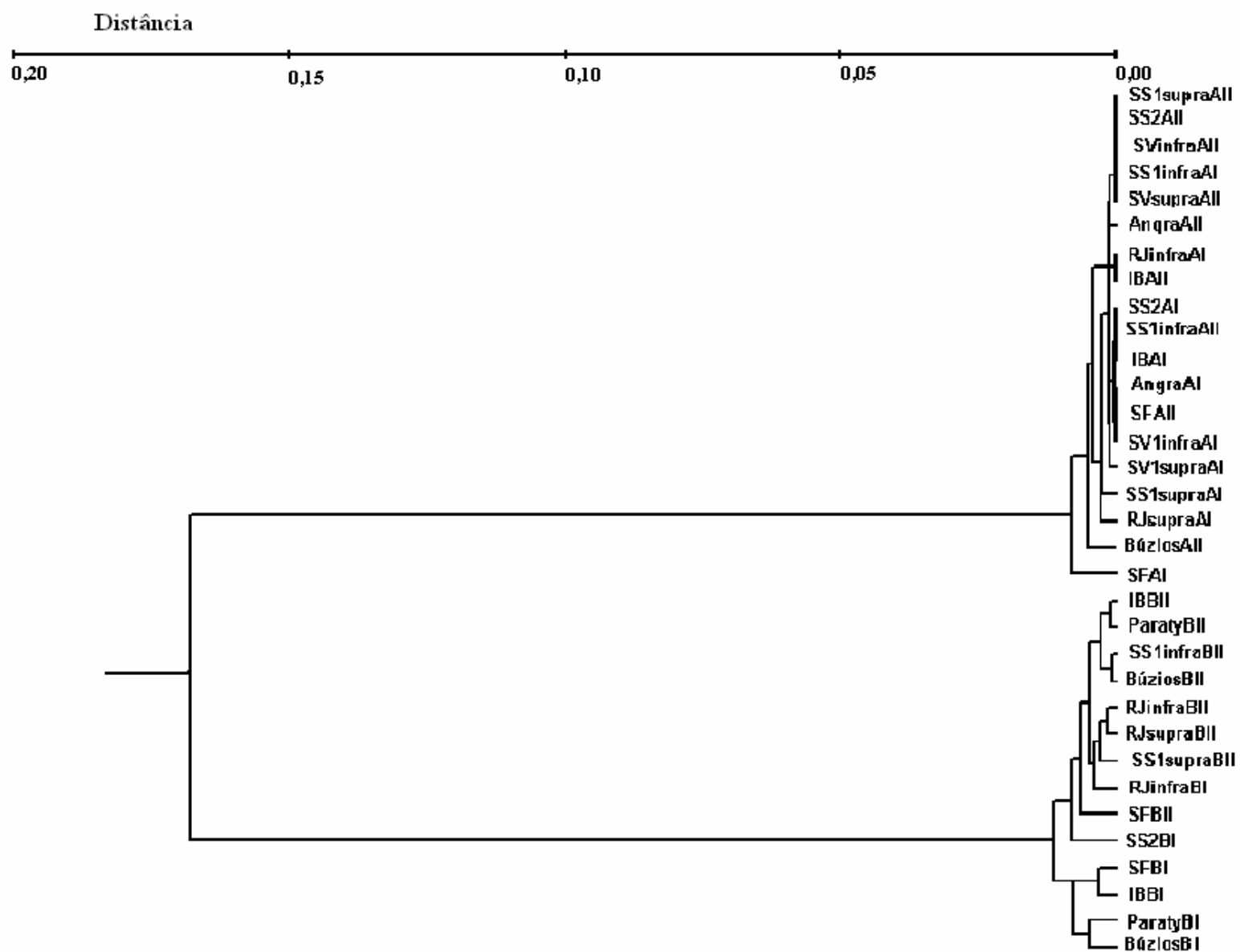


Figura III: Dendrograma (UPGMA) baseado na distância genética de Nei (1978).

Por fim foi feita a análise de F_{ST} hierárquica com auxílio do programa GDA (Lewis e Zaykin, 1999) a fim de verificar se há alguma diferença temporal significativa em cada um dos grupos encontrados entre os períodos de coleta. Os valores de F_{ST-P} indicam que não há diferença temporal no grupo A e que esta é baixa no grupo B. Os resultados estão na tabela 10.

Tabela 10: Análise de F_{ST} hierárquica entre os períodos de coleta para cada um dos grupos. Intervalo de confiança de 95%. F_{ST-P} para diferentes tempos de coleta (Períodos I e II) e F_{ST-S} para amostras dentro de cada grupo/período de coleta.

	F_{ST-P}	F_{ST-S}
Grupo A:	-0,001 (-0,004-0,002)	0,017 (0,011-0,024)
Grupo B:	0,043 (0,001-0,118)	0,089 (0,033-0,180)

Discussão:

Duas espécies?

Dois grupos geneticamente diferenciados dentro da espécie *Stramonita haemastoma* foram encontrados no litoral brasileiro. Tais grupos apresentam diferenças nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi e foram referidos como grupo A e grupo B. Posteriormente também foram notadas diferenças nas frequências alélicas de outros locos.

Apesar da distinção nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi, alguns indivíduos heterozigotos para alelos dos dois grupos foram encontrados em frequência baixa. Estes indivíduos em sua maioria não eram heterozigotos nos três locos usados na separação, indicando que provavelmente há certo fluxo gênico entre os grupos ou que estes alelos ainda são presentes nos dois grupos em baixa frequência, apontando para uma separação recente.

Como pode ser visto na tabela II.3 do apêndice II, em cada um dos dois *clusters* do teste de atribuição de genótipos, existe no *cluster* 1 a presença em baixa frequência de alelos predominantes do *cluster* 2, como o contrário não ocorre, se houver fluxo gênico presente entre os *clusters*, talvez seja principalmente no sentido do *cluster* 2 para o *cluster* 1. O *cluster* 1 é representado por indivíduos do grupo B e o *cluster* 2 por indivíduos do grupo A, o que indica a possibilidade de introgressão entre os grupos genéticos.

Dos 14 locos amostrados, além dos três utilizados na distinção dos grupos, os locos Mdh, Idh-2 e Lap-2 também apresentaram diferenciação significativa. Os testes de desequilíbrio de ligação reforçam a separação nos dois grupos: quando feitos sem a separação genética diversos locos apresentaram desequilíbrio e a separação nos dois grupos eliminou a maioria dos desequilíbrios.

Diferenças gênicas em vários locos, entre populações simpátricas, indicam que há uma barreira ao fluxo gênico e ao menos uma barreira reprodutiva parcial (Thorpe e Solé-Cava, 1994). Esta afirmação baseia-se em dois pressupostos: primeiramente não pode haver seleção pós-zigótica alterando as frequências gênicas e segundo não pode haver migração de indivíduos com frequências gênicas diferentes de outras localidades.

O pressuposto dos indivíduos migrantes com frequências gênicas diferenciadas é mais um problema teórico do que prático, pois por menor que seja a migração e o fluxo gênico entre populações este irá na maioria das vezes eliminar a divergência existente, exceto se houver uma pressão seletiva de grande intensidade (Wright, 1978, Nei, 1987). Em uma espécie como *S. haemastoma*, que possui um longo estágio larval planctotrófico e apresenta reduzida estruturação, isto parece improvável.

Assim, diferenças gênicas em vários locos entre populações simpátricas indicam que há uma barreira ao fluxo gênico e ao menos uma barreira reprodutiva parcial (Thorpe e Solé-Cava, 1994). Como visto nos resultados dos testes exatos comparando as frequências gênicas entre as populações (tabelas I.12 a I.19 Apêndice I), os locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi usados na separação dos grupos, assim como os locos Idh-2, Mdh e Lap-2 diferem nas frequências alélicas entre os grupos genéticos, indicando a existência desta barreira ao fluxo gênico entre os grupos de *S. haemastoma*, e talvez a existência de alguma barreira reprodutiva.

Estudos isoenzimáticos com espécies próximas de moluscos distinguiram espécies morfológicamente e ecologicamente similares. As diferenças em geral encontradas entre estas espécies são diferenças alélicas fixadas e grandes distâncias genéticas (Chambers, 1978; Woodruff et al, 1988; Staub et al, 1990; Liu et al, 1991; González-Wangüermert et al, 2005).

A distância genética entre as populações dos diferentes grupos, de em média 0,338 também se encaixa bem nestes valores. Thorpe e Solé-Cava (1994) fizeram uma revisão dos

valores de identidade genética de Nei (1972) (I) encontradas entre gêneros da mesma família, entre espécies do mesmo gênero e entre populações da mesma espécie. Ele classificou uma série de valores críticos de I : para espécies cogenéricas, 85% dos valores de I excedem 0,35 (76% acima de 0,4 e 90% acima de 0,3) e, no limite superior, cerca de 97% dos valores de I são inferiores a 0,85. Os valores de I entre populações co-específicas são 98% das vezes superiores a 0,85 e 80% das vezes superiores a 0,95. A identidade genética obtida entre populações do grupo A foi de em média 0,988 e entre populações do grupo B de 0,976, o valor médio entre o grupo A e o grupo B foi de 0,707; a identidade genética entre os grupos A e B coloca estes grupos em uma faixa característica de espécies cogenéricas. Os valores de identidade genética entre as populações dentro de cada grupo são típicas de populações co-específicas.

No entanto é importante frisar que a retirada dos possíveis híbridos das análises, tende a incrementar a distância entre os grupos. Em contrapartida o valor de D segundo a separação gerada pelo programa Structure, que não foi tão radical com relação à presença de alelos de grupos diferentes, continua elevado sendo $D=0,335$.

Com base nestes dados fica claro que há separação entre os dois grupos, com uma diferenciação característica de espécies cogenéricas. A presença de possíveis híbridos é um indício de que estes grupos podem talvez ainda manter algum fluxo gênico reduzido, seja por um menor valor adaptativo dos híbridos e/ou alguma forma de isolamento pré-zigótico. Também é possível uma separação recente, sem a fixação completa de alelos distintos entre os grupos nos locos utilizados na separação.

Outra possibilidade para esta distinção seria o polimorfismo Robertsoniano; no entanto Pascoe et al (2004) em um trabalho com oito espécies de muricídeos na Europa (entre elas *S. haemastoma*) encontrou tal polimorfismo somente em *Nucella lapillus*. Além disso, a diferenciação por este polimorfismo estaria restrita a poucos locos.

A separação genética em dois grupos distintos não era esperada em *S. haemastoma*, assim como muitos outros seres marinhos; esta é uma espécie que, devido ao grande fluxo gênico, o estágio larval planctotrófico e os altos números populacionais, representa um desafio às teorias de especiação.

Apesar do grande fluxo gênico existente na espécie, os oceanos fornecem diversas barreiras invisíveis ao fluxo gênico, muitas de caráter temporário e capazes assim de gerar ao menos um isolamento parcial. As correntes marítimas são as barreiras mais evidentes a este fluxo; dados com copépodos (McGowan e Walker, 1985), peixes (Incze et al, 1990) e zooplankton (Maynard, 1976) indicam que o oceano é um ambiente fragmentado apesar de sua aparente uniformidade. Além das correntes, características geográficas locais também são capazes de criar barreiras ao fluxo gênico. Por exemplo, o Cabo Haterras, cabo Cód, Point Conception e o arquipélago Indonésio, são locais onde o fluxo gênico em animais de larva planctotrófica é restrito ou foi restrito até recentemente, por influência das glaciações do pleistocênio (Saunders et al, 1985; Jablonski et al, 1985; Avise, 1992; Benzie e Stoddart, 1992; Bernardi et al, 1993; Burton, 1998; Lourie et al, 2005; Reide t al, 2006; Barber et al, 2006; revisto por Palumbi, 1994).

Outra possibilidade seria a seleção natural, que provocaria alterações nas frequências gênicas em cada localidade, gerando clinas ou diferenciação entre populações de diferentes localidades; isto ocorre, por exemplo, no mexilhão em *Mytilus edulis* (Koehn et al, 1980; Hilbish e Koehn, 1985). No entanto, a grande simpatria observada dos grupo de *S. haemastoma* limita tal hipótese, mesmo em uma escala local, uma vez que não foram encontradas diferenças evidentes entre o mediolitoral superior e inferior.

Apesar das barreiras exemplificadas, um problema persiste: o grande tamanho populacional. As barreiras encontradas ao fluxo gênico destes animais muitas vezes não

garantem que as novas populações serão de tamanho reduzido. Os modelos de especiação alopátrica dependem muitas vezes de pequenos tamanhos populacionais onde diferenciação genética irá ocorrer mais rapidamente. Além disso, múltiplas recolonizações são bastante comuns. Desta forma os processos de especiação em moluscos seriam extremamente demorados, no entanto, argumenta-se por contra, que simples eventos de mutação e seleção podem ser importantes forças, alterando rapidamente frequências gênicas mesmo em grandes populações e eventualmente criando isolamento reprodutivo (Banse, 1986; Barton, 1989).

Outro ponto de vista plausível seria a especiação simpátrica, que se daria por ação da seleção natural (revisto por Turelli et al, 2001).

A classe mais estudada de modelos de especiação simpátrica é a baseada nos modelos ecológicos, onde, a competição por recursos gera a seleção disruptiva com uma distribuição bimodal dos indivíduos levando possivelmente a especiação. Dieckmann et al (1999) propõe um modelo bastante interessante para este tipo de especiação simpátrica. Em moluscos, o caso de *Littorina saxatilis* é tido como um exemplo de processo simpátrico de especiação (em curso) baseada em condições ecológicas (Rolán-Alvarez, 2007).

A possibilidade de fluxo gênico em pequeno grau entre os dois grupos de *S. haemastoma* abre a possibilidade de introgressão. Tomando por base o conceito evolutivo de espécie, os grupos A e B possuem características genéticas típicas de espécies distintas cogenéricas, sendo de início mais cauteloso tratar *S. haemastoma* como um complexo de espécies.

Mais estudos em outras e nas mesmas localidades em tempos futuros podem ser bastante esclarecedores na questão taxonômica de *S. haemastoma*. Estudos mais localizados, preferencialmente em locais de grande simpatria, acompanhados de análises ecológicas de microhabitat e posicionamento dos animais podem ser muito úteis.

Variabilidade Genética Intrapopulacional Estimada:

Os valores de variabilidade encontrados foram parecidos nos dois grupos com apenas a porcentagem de locos polimórficos ligeiramente mais alta no grupo B.

Os valores obtidos são no geral moderadamente elevados. A porcentagem de locos polimórficos foi um pouco baixa e o número médio de alelos por loco foi baixo (tabela 6) quando comparados com os valores obtidos em outras espécies de moluscos no litoral brasileiro. Em membros da família *Littorinidae* foram obtidos valores de em média 45% de locos polimórficos por população e 2,7 alelos por loco por população (Andrade et al, 2003), enquanto em *Colisella subrugosa* estes valores foram respectivamente de 60% e 2,8 por população (José e Solferini, 2007). Os valores encontrados nestes grupos foram bastante elevados e superiores àqueles encontrados nas mesmas famílias em trabalhos realizados em outros países (Wilkins, 1977; Janson, 1985; Lavie et al, 1987; Ward, 1990; Sella et al, 1993; Corte-Real et al, 1996; Ridgway et al, 1998).

Em um trabalho realizado com duas subespécies de *S. haemastoma* nos Estados Unidos, Liu et al (1991) obtiveram valores um pouco mais elevados de polimorfismo para *S. haemastoma floridana* (P=39% em média por população); os indivíduos de *S. haemastoma* no Brasil são considerados membros desta subespécie (Abbot, 1974). No entanto a outra subespécie estudada, *S. haemastoma canaliculata*, apresentou valores bastante inferiores, sendo de em média 11% por população. O número médio de alelos por loco polimórfico destas duas subespécies foi similar, sendo de 2,2 e 2,4 para *S. haemastoma floridana* e *canaliculata* respectivamente, valores superiores ao encontrados neste estudo.

Com relação à diversidade gênica encontrada (H_e), os valores foram moderadamente altos, mas mais uma vez inferiores ao dos outros estudos brasileiros de moluscos, e similares aos estudos realizados com moluscos fora do Brasil (Wilkins, 1977; Janson, 1985; Lavie et al, 1987;

Ward, 1990; Sella et al, 1993; Corte-Real et al, 1996; Ridgway et al, 1998). Comparados com os valores obtidos por Liu et al (1991) eles foram muito parecidos com *S. haemastoma floridana* e superiores aos de *S. haemastoma canaliculata*.

De uma forma geral, a porcentagem de locos polimórficos foi similar à encontrada em outros moluscos marinhos, enquanto o número médio de alelos por loco foi um pouco inferior. A diversidade gênica foi moderadamente alta e similar à da mesma subespécie nos Estados Unidos. A alta diversidade gênica é associada à características bionômicas, ecológicas e ambientais assim como à heterogeneidade ambiental (Ward e Warwick, 1980), permitindo adaptação às variações ambientais no espaço e no tempo, em escalas micro e macro geográficas.

Os valores de F_{IS} foram elevados, com alguns locos significativamente fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg, principalmente os locos Lap-2 e Pep-LGG-3 no grupo A; no grupo B esta tendência não foi tão acentuada, sendo encontrados desvios sobretudo nos locos Lap-2, Pep-LGG-3, Pgm-1, Pgm-2 e Idh-2 no primeiro período de coleta enquanto no segundo período o número de valores significativos foi menor. No trabalho feito por Liu et al (1991) nos Estados Unidos não havia sido encontrado deficiência de heterozigotos na espécie.

A tendência à deficiência de heterozigotos em moluscos é conhecida há bastante tempo e seus motivos são em geral atribuídos ao endocruzamento, à seleção natural (disruptiva e balanceadora) e ao efeito Wahlund (Zouros e Foltz, 1984; Gallardo e Carrasco, 1996; Gajardo et al, 2001; Andrade et al, 2005; Plutchak et al, 2006; José e Solferini, 2007). *S. haemastoma* possui larva planctotrófica de longa duração, o que deveria gerar um recrutamento aleatório das larvas e panmixia. Os grandes tamanhos populacionais tornam a hipótese de endocruzamento bastante improvável; a seleção natural poderia ser um dos agentes na deficiência de heterozigotos, no entanto, esta deveria ser de grandes proporções, afetando profundamente a

espécie e gerando alta carga genética. Por fim o efeito Wahlund poderia ser um dos motivos dos altos valores de F_{IS} , Tracey et al(1975) criaram a idéia de grupos de acasalamento preferenciais, hipótese na qual indivíduos de genótipos similares agrupam-se para o acasalamento, gerando desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg, com deficiência de heterozigotos. Esta hipótese dos grupos de acasalamento preferenciais é discutida também para outras espécies de moluscos marinhos no Brasil (Andrade et al, 2005; José e Solferini, 2007).

Variabilidade genética entre amostras:

Em espécies como *S. haemastoma*, que possuem um longo estágio larval planctotrófico é esperada uma baixa estruturação genética.

Os valores de F_{ST} encontrados foram diferentes entre os dois grupos, ambos compatíveis com fluxo gênico entre populações em uma espécie de estágio larval planctotrófico.

O grupo A apresentou valores bastante reduzidos nos dois períodos de coleta ($F_{ST}=0,020$ e $0,018$ nos períodos I e II respectivamente), indicando uma estruturação mínima e, conseqüentemente, intenso fluxo gênico entre as populações. A análise hierárquica entre os tempos de coleta indicou ausência de variação temporal significativa. Os alelos raros encontrados neste grupo (frequência menor que 5%) foram em sua maioria encontrados em heterozigose e vários foram compartilhados por populações geograficamente distantes, mais um indício de grande fluxo gênico. As distâncias genéticas entre as populações deste grupo foram baixíssimas apesar das grandes distâncias geográficas entre as populações (fig. II). As comparações pelo teste de Mantel não demonstraram nenhuma relação significativa entre as distâncias geográficas e os valores de F_{ST} par-a-par.

O grupo B apresentou valores maiores de estruturação genética, com uma estruturação moderada nos dois períodos de coleta ($F_{ST}=0,053$ e $0,042$ respectivamente para os períodos I e

II). A análise hierárquica revelou uma diferenciação temporal baixa e significativa entre os períodos de coleta ($F_{ST-P}=0,043$), além de distâncias genéticas maiores. Se levarmos em conta todas as amostras deste grupo (os dois tempos de coleta), a estruturação encontrada foi moderada ($F_{ST-S}=0,089$). Alguns alelos raros foram encontrados simultaneamente em populações distantes. As distâncias genéticas entre as populações deste grupo também foram bem reduzidas, no entanto, em média, cerca de duas vezes e meia maiores que aquelas encontradas para o grupo A (Fig. II e tabela I.22 do apêndice I). Algumas populações deste grupo apresentaram diferenças significativas nas frequências alélicas em alguns locos. No entanto, o teste de Mantel não encontrou correlação significativa entre distância geográfica e F_{ST} par-a-par.

Esta maior estruturação no grupo B não era esperada e pode indicar alguma diferenciação entre os grupos quanto à maneira de recrutamento e dispersão. Outros estudos são necessários para um maior esclarecimento neste aspecto.

Algumas mudanças temporais não relacionadas a estruturação genética dentro dos grupos chamaram atenção. Primeiramente a mudança na quantidade de indivíduos de cada grupo nas amostras, a amostra de SS1infra e SS1supra, por exemplo, possuíam indivíduos majoritariamente do grupo A no primeiro período de coleta, tendo números reduzidos de indivíduos do grupo B que não foram suficientes para serem analisados. Já no segundo período de coletas a quantidade de indivíduos do grupo B foi bem maior e estes foram suficientes para serem incluídos nas análises. Nas amostras de RJsupra e infra ocorre algo ainda mais interessante. No primeiro período de coletas foram obtidos indivíduos do grupo A e B em RJinfra, enquanto em RJsupra foram obtidos majoritariamente indivíduos do grupo A. Já no segundo período de coletas, os indivíduos do grupo A foram escassos sendo encontrados tanto no mediolitoral superior e mediolitoral inferior basicamente indivíduos do grupo B. Estas flutuações indicam que deve haver uma dinâmica populacional intensa, apesar de certa

estabilidade genética temporal. A influência do meio ambiente é grande em *S. haemastoma*, tanto nas características dos animais quanto no seu desenvolvimento e números populacionais (Butler, 1985).

A predominância de somente um dos grupos em algumas localidades, como em Paraty (Grupo B), São Vicente e Angra dos Reis (Grupo A), sugere que pode haver alguma diferença de microhabitat preferencial de cada um dos grupos. A diferença de grupos entre mediolitoral inferior e superior no Rio de Janeiro no primeiro período de coletas também indica esta possível distinção. Assim, possivelmente, diferenças de cada ambiente favoreceriam um ou outro grupo.

Outra hipótese, mais plausível, seria que *S. haemastoma*, e no caso os dois grupos, possuem recrutamento mais complexo que uma simples disposição aleatória, tendo a larva certo controle e preferências do ambiente em que irá se fixar. Este recrutamento preferencial já é reportado para larvas planctotróficas de outras espécies (Burton e Feldman, 1982; Cronin e Forward, 1986; Phillips e McWilliam, 1986; Hough e Naylor, 1992; Laimek et al, 2008; revisto por Levin, 2006) e parece seguir padrões extremamente complexos, envolvendo muitas vezes reconhecimento químico. A frequência similar dos dois grupos em alguns dos pontos de coleta aponta para uma grande similaridade do ambiente preferencial que cada grupo teria. Nesta hipótese ainda podem haver pressões seletivas diferenciadas entre os grupos em diferentes localidades, no entanto menos intensas do que sob um recrutamento aleatório das larvas. Mais estudos seriam necessários para confirmar esta hipótese e discriminar quais as diferenças entre os ambientes preferenciais de cada grupo.

Considerações finais:

Os resultados indicam a divisão da espécie em dois grupos geneticamente distintos. Os grupos seguem o padrão esperado para a espécie, com baixa estruturação genética, certa deficiência de heterozigotos e variabilidade genética moderadamente alta. A maior estruturação no grupo B indica que possivelmente existem diferenças entre os grupos no modo de dispersão e recrutamento.

A distância encontrada entre os grupos genéticos é característica de espécies cogenéricas, porém algum fluxo gênico parece possível, ainda que bastante limitado, mantendo assim distintas as identidades dos dois grupos.

S. haemastoma possui grande variabilidade morfológica e possui assim diversos nomes sinônimos (Kool, 1993); algumas subespécies foram descritas, no entanto não há consenso quanto às diferenças morfológicas destas subespécies.

A distribuição temporal dos grupos indica uma dinâmica intensa, onde devem ocorrer múltiplas colonizações, o que é esperado em um ambiente de alta energia e impacto como no costão marinho. As diferenças de frequência dos grupos em cada localidade indicam um possível recrutamento preferencial das larvas de cada grupo para microhabitats diferentes.

A presença de grupos geneticamente distintos simpátricos de *S. haemastoma* em mais de uma localidade no mundo revela que esta espécie, de ampla distribuição geográfica, deve possuir grande complexidade taxonômica e que faltam estudos para a melhor compreensão de sua ecologia e taxonomia, devendo, por precaução, ser considerado um complexo de espécies até que maiores esclarecimentos surjam. Estudos ecológicos de microhabitat seguidos de análises genéticas podem trazer informações importantes.

Literatura citada:

- ABBOTT, R. T. 1974. American Seashells, second edition, Van Nostrand Reinhold.
- ANDRADE, S.C.S., MAGALHÃES, C.A. e SOLFERINI, V.N. 2003. Patterns Of Genetic Variability In Brazilian Littorinids (Mollusca): A Macrogeographic Approach. **Journal of Zoology Systematics and Evolution**, **41**: 249-255.
- ANDRADE, S.C.S., MEDEIROS, H.F. e SOLFERINI, V.N.; 2005. Homogeneity test of Hardy-Weinberg deviations in brazilian Littorinids: Evidence for selection? **Journal of Molluscan Studies**, **71**: 167-174.
- AVISE, J.C.; 1992. Molecular population structure and biogeographic history of a regional fauna: a case history with lessons for conservation biology. **Oikos**, **63**: 62-76.
- AYALA, F. J.; 1983. Enzymes as taxonomic characters. In: OXFORD, G.S. e ROLLINSON, D. (eds.) Protein polymorphism: adaptive and taxonomic significance. Academic Press, London.
- BANSE, K., 1986. Vertical distribution and vertical transport of planktonic larvae of echinoderms and benthic polychaetes in an open coastal sea. **Bulletin of Marine Science**, **39**: 162-175.
- BARBER, P.H., ERDMANN, M.V. e PALUMBI, S.R.; 2006. Comparative phylogeography of three co-distributed stomatopods: origins and timing of regional lineage diversification in the coral triangle. **Evolution**, **60**: 1825–1839.
- BARTON, N.H., 1989. Founder effect speciation. In Speciation and its Consequences, eds. Otte, D.; Endler, J.A.; pp. 229-256. Sunderland, Mass: Sinauer. 679 pp.
- BELKHIR K., BORSA P., CHIKHI L., RAUFASTE N. e BONHOMME F.; 1996-2002 GENETIX 4.04, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- BENZIE, J.A. e STODDART, J.A.; 1992. Genetic structure of crown-of-thorns starfish (*Acanthaster planci*) in Australia. **Marine Biology**, **112**: 631-639.
- BERNARDI, G., SORDINO, P. e POWERS, D.A.; 1993. Concordant mitochondrial and nuclear DNA phylogenies for populations of the teleost fish *Fundulus heteroclitus*. **Proceedings of the National Academy of Science USA**, **90**: 9217-9274.
- BOHONAK, A.J.; 1999. Dispersal, gene flow, and population structure. **The Quarterly Review of Biology**, **74**: 21-45.
- BURTON, R.S. e FELDMAN, M.W.; 1982. Population genetics of coastal and estuarine invertebrates: does larval behavior influence population structure? In Estuarine Comparisons, ed. Kennedy, V.S., pp. 537-551. New York: Academic. 709pp.
- BURTON, R.S. 1998. Intraspecific phylogeography across the point conception biogeographic boundary. **Evolution**: **52**: 734-745.
- BUTLER, P. A. 1985. Synoptic review of the literature on the southern oyster drill *Thais haemastoma floridana*. N.O.A.A. Technical Report. NMFS 35:9.

- CHAMBERS, S.M.; 1978. An eletrophoretically detected sibling species of “*Goniobasis floridensis*” (Mesogastropoda: Pleuroceridae). **Malacologia**, **17**: 157-162.
- CORTERREAL, H., HAWKINS, S.J. e THORPE, J.P.; 1996. Population differentiation and taxonomic status of the exploited limpet *Patella candei* in the mediterranean islands (Azores, Madeira, Canaries). **Marine Biology**, **125**: 141-152.
- CRANDALL, E.D., FREY, M. A., GROSBERG, R.K. e BARBER, P.H., 2008. Contrasting demographic history and phylogeographical patterns in two Indo-Pacific gastropods. **Mollecullar Ecology**, **17**: 611-626.
- CRONIN, T.W. e FORWARD, R.B.; 1986. Vertical migration cycles of crab larvae and their role in larval dispersal. **Bulletin of Marine Science**, **39**: 192-201.
- D’ASARO, C.N.; 1966. The egg capsules, embryogenesis, and early organogenesis of a common oyster predator, *Thais haemastoma floridana* (Gastropoda: Prosobranchia). **Bulletin of Marine Science**, **16**: 884–914.
- DAY, A.J., LEINAAS, H.P. e ANSTENSRUD, M.; 1994. Allozyme differentiation of populations of the dogwhelk *Nucella lapillus*, (L.): the relative effects of geographic distance and variation in chromossome number. **Biological Journal of the Linnean Society**, **51**: 257-277.
- DIECKMANN, U. e DOEBELI, M.; 1999. On the origin of species by sympatric speciation. **Nature**, **294**: 467-478.
- DOVER, G.; 1989. Molecular drive, a cohesive mode of species evolution. **Nature**, **299**: 111-117.
- EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J.; 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, **14**: 2611-2620.
- FALUSH, D., STEPHENS, M. e PRITCHARD, J.K.; 2003 Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. **Genetics**, **164**: 1567–1587.
- FERNÁNDEZ, J., GALINDO, J., FERNÁNDEZ, B., PÉREZ-FIGUEROA, A., CABALLERO, A. e ROLÁN-ÁLVAREZ, E.; 2005. Genetic differentiation and estimation of effective population size and migration rates in two sympatric ecotypes of the marine snail *Littorina saxatilis*. **Journal of Heredity**, **96**: 460-464.
- GAJARDO, G., CANCINO, J.M. e NAVARRO, J.M.; 2002. Genetic variation and population structure in the marine snail *Chorus giganteus* (Gastropod: Muricidae), an overexploited endemic resource from Chile. **Fisheries Research**, **55**: 329-333.
- GALLARDO, M.H. e CARRASCO, J.I.; 1996. Genetic cohesiveness among populations of *Concholepas concholepas* (Gastropoda, Muricidae) in Southern Chile. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **197**: 237-249.
- GONZÁLEZ-WANGÜEMERT, M., GIMÉNEZ-CASALDUERO, F. e PÉREZ-RUZAFÁ, Á.; 2005. Genetic differentiation of *Elysia timida* (Risso, 1818) populations en the Soutwest Mediterranean and Mar Menor coastal lagoon. **Biochemical Systematics and Ecology**, **34**: 514-527.
- HARTL, D.L., LOZOVSKAYA, E.R. e LAWRENCE, J.G.; 1992. Nonautonomous transposable elements in prokaryotes and eukaryotes. **Genetica**, **86**: 47-53.

- HILBISH, T.J. e KOEHN, R.K.; 1985. The physiological basis of natural selection at the LAP locus. **Evolution**, **39**: 1302-1317.
- HOLBORN, K., JOHNSON, M.S. e BLACK, R.; 1994. Population genetics of the corallivorous gastropod *Drupella cornus* at Ningaloo Reef, western Australia. **Coral reefs**, **13**: 33-39.
- HOUGH, A.R. e NAYLOR, E.; 1992. Biological and Physical aspects of migration in estuarine amphipod *Gammarus zaddachi*. **Marine Biology** **112**: 437-443.
- INCZE, L.S., ORTNER, P.B. e SCHUMACHER, J.D.; 1990. Microzooplakton, vertical mixing and advection in a larval fish patch. **Journal of Plankton Research**, **12**: 365-379.
- JABLONSKI, D., FLESSA, K. e VALENTINE, J.W.; 1985. Biogeography and paleobiology. **Paleobiology**, **11**: 75-90.
- JANSON, K., 1985. Genetic variation in three species of caribbean periwinkles, *Littorina angustior*, *L. lineolata* and *L. ziczac* (Gastropoda: Prosobranchia). **Bulletin of Marine Science**, **37**: 871-879.
- JANSON, K.; 1987. Allozyme and shell variation in two marine snails (*Littorina*, Prosobranchia) with different dispersal abilities. **Biological Journal of the Linnean Society**, **30**: 245-256.
- JOHANNESSON, K.; JOHANNESSON, B. e ROLÁN-ALVAREZ, E. 1993. Morphological differentiation and genetic cohesiveness over a microenvironmental gradient in the marine snail *Littorina saxatilis*. **Evolution**, **47(6)**:1770-1787
- JOHANNESSON, K. e TATARENKOV, A.; 1996. Allozyme variation in a snail (*Littorina saxatilis*)-deconfounding the effects of microhabitat and gene flow. **Evolution**, **51**: 402-409.
- JOHANNESSON, K., LUNDBERG, J., ANDRÉ, C. e NILSON, P.G.; 2003. Island isolation and habitat heterogeneity correlate with DNA variation in marine snail (*Littorina saxatilis*). **Biological Journal of the Linnean Society**, **82**: 377-384.
- JOHANNESSON, K. e PANOVA, M.; 2004. Microscale variation in Aat (aspartate aminotransferase) is supported by activity differences between upper and lower shore allozymes of *Littorina saxatilis*. **Marine Biology**, **144**: 1157-1164.
- JOSÉ, J. e SOLFERINI, V.N.; 2007. Population genetics of *Collisella subrugosa* (Patellogastropoda: Acmaeidae): evidence of two scales of population structure. **Genetica**, **130**: 73-82.
- KAWECKI, T.J.; 1997. Sympatric speciation by habitat specialization driven by deleterious mutations. **Evolution**, **51**: 1751-1763.
- KIRBY, R.R.; 2000. An ancient transpecific polymorphism shows extreme divergence in a multitrait cline in an intertidal snail (*Nucella lapillus* (L)). **Molecular Biology and Evolution**, **17**: 1816-1825.
- KOEHN, R.K., NEWELL, R.I. e IMMERMANN, F.; 1980. Maintenance of an aminopeptidase allele frequency cline by natural selection.. **Proceedings of the National Academy of Science USA**, **77**: 5385-5389.

- KOOL, S.P., 1987. Significance of radular characters for reconstruction of thaidid phylogeny (Neogastropoda: Muricacea). **The Nautilus**, **101**: 117-131.
- KOOL, S.P., 1993. Phylogenetic Analysis of the Rapaninae (Neogastropoda: Muricidae). **Malacologia**, **35** (2): 155-259.
- LAIMEK, P., CLARK, S., STEWART, M., PFEFFER, F., WANICHANON, C., HANNA, P. e SOBHON, P.; 2008. The presence of GABA in gastropod mucus and its role in inducing larval settlement. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **354**: 182-191.
- LAMBERT, W.J., TODD, C.D. e THORPE, J.P.; 2003. Genetic population structure of two intertidal nudibranch molluscs with contrasting larval types: temporal variation and transplant experiments. **Marine Biology**, **142**: 461-471.
- LAVIE, B., NOY, R. e NEVO, E.; 1987. Genetic variability in the marine gastropods *Patella coerulea* and *Patella aspera* – patterns and problems. **Marine Biology**, **96**: 367-370.
- LEVIN, L.A.; 2006. Recent progress in understanding larval dispersal: new directions and digressions. **Integrative and Comparative Biology**, **46**: 282-297.
- LEWIS, P.O. e ZAYKIN, D. 1999. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d12). Free program.
- LIU, L.L., FOLTZ, D.W. e STICKLE, W.B., 1991. Genetic population structure of the southern oyster drill *Stramonita (=Thais) haemastoma*. **Marine Biology**, **111**: 71-79.
- LOURIE, S.A., GREEN, D.M. e VINCENT, C.J.; 2005. Dispersal, habitat differences, and comparative phylogeography of Southeast Asian seahorses (Syngnathidae: Hippocampus). **Molecular Ecology**, **14**: 1073–1094.
- MAYNARD, N.G.; 1976. The relationship between diatoms in the surface sediments of the Atlantic Ocean and the biological and physical oceanography of overlying waters. **Paleobiology** **2**:91-121.
- McGOWAN, J.A. e WALKER, P.W.; 1985. Dominance and diversity maintenance in an oceanic ecosystem. **Ecological Monographs**, **55**: 113-118.
- MILLER, M. P., 1997. Tools for population genetic analysis (TFPGA) 1.3: A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. Logan, Utah, USA, Computer software distributed by the author.
- NEI, M.; 1972. Genetic distance between populations. **Amercian Naturalist**, **106**: 283-292.
- NEI, M.;1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, **89**:583–590.
- NEI, M.; 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- PALUMBI, S.R.; 1994. Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, **25**:547-572.
- PALUMBI, S.R.; 1995. Using genetics as an indirect estimator of larval dispersal. CRC press, New York.

- PAPP, M.G. e DUARTE, L.F.L., 2001. Locomotion of *Stramonita haemastoma* (Linnaeus)(Gastropoda, Muricidae) on a mixed shore of rocks and sand. **Revista Brasileira de Zoologia** **18** (1): 187-195.
- PASCOE, P.L., JHA, A.N. e DIXON, D.R.; 2004. Variation of karyotype composition and genome size in some muricid gastropods from the northern hemisphere. **Journal of Molluscan Studies**, **70**: 389-398.
- PHILLIPS, B.F. e McWILLIAM, P.S.; 1986. The pelagic phase of spiny lobster development. **Can. Journ. Fish. Aquat. Sci.** **43**: 2153-2163.
- PLUTCHAK, L.L., SIMMONS, R.E. e WOODRUFF, D.S.; 2006. Multilocus allozyme heterozygote deficiencies in *Crepidula onyx*: geographic and temporal patterns among adult snails in Mission Bay, California. **Journal of Molluscan Studies**, **72**: 337-348.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M. e DONNELLI, P.; 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, **155**: 945–959.
- RAFF, R.A.; 1996. The shape of life genes, Development and the evolution of animal form. The university of chicago press.
- RAYMOND M. e ROUSSET, F.; 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. **Journal of Heredity**, **86**:248-249
- REID, D.G., LAL, K. e MACKENZIE-DODDS, J.; 2006. Comparative phylogeography and species boundaries in Echinolittorina snails in the central Indo-West Pacific. **Journal of Biogeography**, **33**: 990–1006.
- RICE, W. R., 1989. Analyzing tables of statistical tests. **Evolution**, **43**: 223-225.
- RIDGWAY, T.M., STEWART, B.A., BRANCH, G.M. e HODGSON, A.N.; 1998. Morphological and genetic differentiation of *Patella gualanensis* (Gastropoda: Patellidae): recognition of two sibling species along the coast of southern Africa. **Journal of Zoology**, **245**: 317-333.
- RIOS, E.C., 1994. Seashells of Brazil. Editora da Fundação Universidade do Rio Grande, Rio Grande, 492p.
- ROLÁN, E., GUERRA-VARELA, J., COLSON, I., HUGHES, R.N. e ROLÁN-ALVAREZ, E.; 2004. Morphological and genetic analysis of two sympatric morphs of the dogwhelk *Nucella lapillus* (Gastropoda: Muricidae) from Galicia (Northwestern Spain). **Journal of Molluscan Studies**, **70**: 179-185.
- ROLÁN-ALVAREZ, E.; 2007. Sympatric speciation as a by-product of ecological adaptation in the galician *Littorina saxatilis* hybrid zone. **Journal of Molluscan Studies.**, **73**: 1-10.
- ROLLER, R.A. e STICKLE, W.B.; 1988. Intracapsular development of *Thais haemastoma canaliculata* (Gray) (Prosobranchia: Muricidae) under laboratory conditions. **American Malacological Bulletin**, **6**: 189–197.
- ROSE, M.R. e DOOLITTLE, F.; 1983. Molecular biological mechanisms of speciation. **Science**, **220**: 157-162.
- SAUNDERS, N.C., KESSLER, L.G. e AVISE, J.C.; 1985. Genetic variation and geographic differentiation in mitochondrial DNA of the horseshoe crab, *Limulus polyphemus*. **Genetics**, **112**: 613-627.
- SELLA, G., ROBOTTI, C.A. e BIGLIONE, V. 1993. Genetic divergence among 3 sympatric species of mediterranean *Patella* (Archaeogastropoda). **Marine Biology**, **115**: 401-405.

- SHAW, C.R. e PRASSAD, R.; 1970. Starch gel electrophoresis of enzymes – a compilation of recipes. **Biochemical Genetics**, **4**: 297-320.
- STAUB, K.C., WOODRUFF, D.S., UPATHAM, E.S. e VIYANANT, V.; 1990. Genetic variation in *Neotricula aperta*, the intermediate snail host of *Schistosoma mekongi*: allozyme differences reveal a group of sibling species. **American Malacological Bulletin**, **7**: 93-103.
- THORPE, J. P. e SOLÉ-CAVA, A. M. 1994. The use of allozyme electrophoresis in invertebrate systematics. **Zoologica Scripta**, **23**: 3-18
- TODD, C.D., LAMBERT, W.J. e THORPE, J.P.; 1998. The genetic structure of intertidal populations of two species of nudibranch molluscs with planktotrophic and pelagic lecithotrophic stages: are pelagic larvae “for” dispersal? **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, **228**: 1-28.
- TRACEY, M.L., BELLET, N.F. e GRAVEM, C.D., 1975. Excess allozyme homozygosity and breeding population structure in the mussel *Mytilus californianus*. **Marine Biology**, **32**: 303-311.
- TURELLI, M., BARTON, N.H. e COYNE, J.A.; 2001. Theory and speciation. **Trends in Ecology & Evolution**, **16**: 330-343.
- VERMEIJ, G.J., 2001. Distribution, history, and taxonomy of the Thais clade (Gastropoda: muricidae) in the neogene of tropical America. **Journal of Paleontology**, **75**(3): 697-705
- WARD, R.D. e WARWICK, T., 1980. Genetic differentiation in the molluscan species *Littorina rudis* and *L. arcana* (Prosobranchia: Littorinidae). **Biological Journal of the Linnean Society**, **14**: 417-428.
- WARD, R.D., 1990. Biochemical genetic variation in the genus *Littorina* (Prosobranchia: Mollusca). **Hydrobiologia**, **193**: 53-69.
- WEIR, B.S. e COCKERHAM, C.C.; 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, **38**: 1358-1370.
- WILEY, E.O.; 1981. Phylogenetics – the theory and practice of phylogenetics systematics. Jhon Wiley & Sons, New York.
- WILKINS, N.P., 1977. Genetic variability in littoral gastropods – phosphoglucose isomerase and phosphoglucomutase in *Patella vulgata* and *Patella aspera*. **Marine Biology**, **40**: 151-155.
- WOODRUFF, D.S., STAUB, K.C., UPATHAM, E.S., VIYANANT, V. e YUAN, V.; 1988. Genetic variation in *Oncomelania hupensis*: *Schistosoma japonicum* transmitting snails in China and the Philippines are distinct species. **Malacologia**, **29**: 347-361.
- WRIGHT, S. 1978. Evolution and the genetics of populations, vol. 4. Variability within and among natural populations. Univ. Chicago Press, Chicago.
- ZOUROS, E. e FOLTZ, D.W., 1984. Possible explanations of heterozygote deficiency in bivalve molluscs. **Malacologia**, **25**: 583-591.

Capítulo II - Análise Morfométrica de *Stramonita haemastoma* (Gastropoda, Prosobranchia) Associada a Dados Genéticos.

Introdução:

A presença de dois grupos geneticamente distintos dentro da espécie *S. haemastoma* leva a uma pergunta elementar: há alguma diferenciação morfológica entre os grupos? Devido a grande similaridade entre os grupos, optou-se por uma análise morfométrica a fim de testar se a diferenciação genética estaria relacionada a uma diferenciação morfológica.

A morfometria em seus primórdios, baseou-se em medidas como comprimento e largura, medida de ângulos e na estatística multivariada. Na década de oitenta esta passou a ser substituída pela morfometria geométrica (Rhopf e Marcus , 1993; Stone, 1998), que se baseia em marcos anatômicos. Esta substituição teve certa relutância em gastrópodes devido à dificuldade em encontrar os marcos anatômicos nas conchas (Johnston et al 1991).

As técnicas morfométricas tradicionais são amplamente utilizadas nestes animais (Kool, 1993; Stone, 1998); assim como a morfometria geométrica, ambas encontram certas críticas (Richtsmeier et al , 2002; Adams et al , 2004; Kool, 1993), mas a morfometria da concha têm uso na separação de subespécies e espécies próximas de gastrópodes (Johanneson et al , 1993; Kool, 1993; Rintelen e Glaubrecht, 2003; Absalão et al , 2005; Wulschleger e Jokela, 2002; Kilgour et al, 1990).

Neste trabalho optou-se pela morfometria tradicional da concha. Por ser uma abordagem simples e amplamente utilizada na sistemática de moluscos, esta análise associada à análise de componentes principais (PCA) permite que os resultados de diversas medidas sejam apresentados (Manly, 2005), possibilitando a separação de diferenças de tamanho e formato (Jolicoeur, 1963), desde que não haja alometria (Tissot, 1988; Airoidi e Flury, 1988).

Nos estudos com abordagem tanto genética quanto morfométrica, as diferenças encontradas foram associadas tanto à plasticidade fenotípica, devido a diferentes dietas e diferenças de nicho, como à fatores genéticos, com características hereditárias em laboratório, variando bastante conforme o caso estudado. Foi tentado em estudo anterior a diferenciação dos grupos genéticos de *S. haemastoma* através da análise da rádula dos animais, porém sem êxito.

Uma diferenciação morfológica entre os grupos genéticos seria valiosa para a taxonomia de *S. haemastoma*.

Objetivos:

- Descrever a variação morfológica de *Stramonita haemastoma* no litoral brasileiro.
- Testar se há alguma diferenciação morfológica da concha entre os dois grupos genéticos encontrados na espécie *S. haemastoma* no litoral brasileiro.

Material e Métodos:*Medidas:*

Exceto pelos indivíduos com conchas quebradas, foram tomadas as medidas de todos aqueles que foram analisados geneticamente. As medidas foram obtidas com o auxílio de um paquímetro marca Mitutoyo modelo da linha 500, com precisão de 0,01mm. Os pontos de coleta receberam os mesmos nomes que na análise genética do capítulo anterior (tabela 1).

As coletas foram divididas nos grupos genéticos encontrados, “A” e “B”, pela separação visual baseada nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi. As oito medidas utilizadas na análise estão indicadas na tabela 11 e figura IV.

As medidas escolhidas foram baseadas em outros trabalhos morfométricos da concha de gastrópodes, pelo seu amplo uso e por terem fornecido em espécies próximas ou crípticas informações importantes na separação das mesmas (Magalhães, 1988; Johanneson et al, 1993; Kool, 1993; Rintelen e Glaubrecht, 2003; Absalão et al, 2005; Wullschleger e Jukela, 2002; Kilgour et al, 1990).

Tabela 11: medidas que foram utilizadas para a análise.

Medida	Abreviação
1- Comprimento Total	CT
2- Largura Total	LT
3- Comprimento da Abertura	CA
4- Largura da abertura	LA
5- Espessura da Concha	EC
6- Largura do canal sifonal	LC
7- Diâmetro do último segmento	DS1
8- Diâmetro do penúltimo segmento	DS2

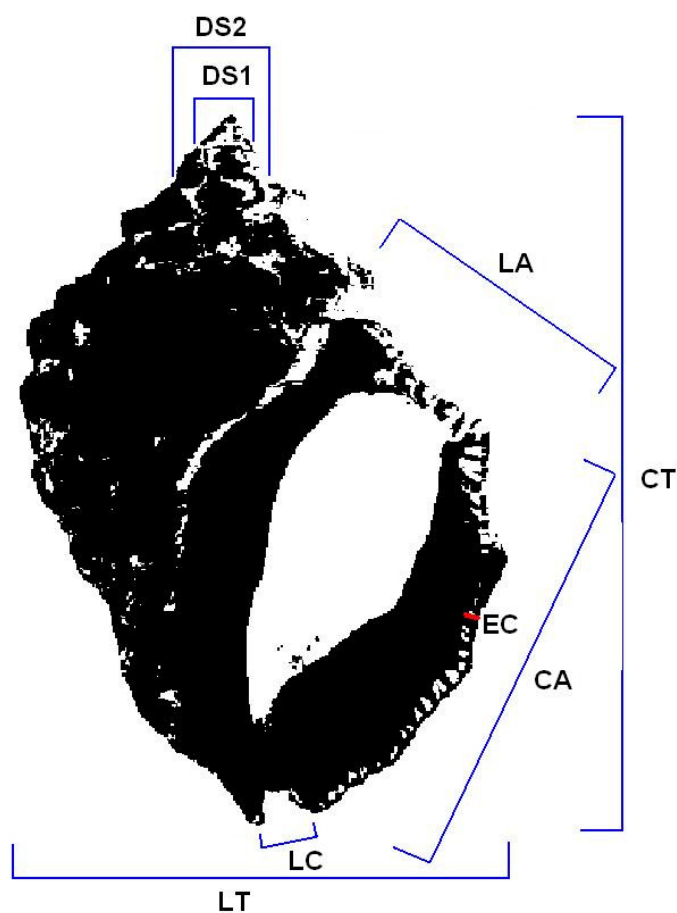


Figura IV: Medidas da concha utilizadas. Abreviauras na tabela 11.

Análises:

Segundo o teste de Shapiro-Wilk, realizado com o programa Bioestat versão 5.0 (Ayres, et al , 2007), os dados apresentaram distribuição normal em algumas amostras e em outras não; para evitar problemas com os pressupostos de algumas testes optou-se por uma análise não-paramétrica.

As análises foram todas feitas nos programas PAST (Hammer et al , 2001) e Bioestat (Ayres et al , 2007). Inicialmente as amostras do mesmo grupo genético foram comparadas umas com as outras para cada uma das medidas em cada período de coleta, para verificar a variação presente entre os pontos de coleta **dentro** de cada um dos grupos. Para isto foi utilizado o teste de Kruskal-Wallis seguido do teste de Mann-Whitney corrigido pela técnica de Bonferroni caso o primeiro teste fosse significativo; somente foram analisadas as populações de ao menos seis indivíduos.

A fim de verificar se alguma das medidas difere **entre** os grupos genéticos, foi aplicado o teste de Mann-Whitney para cada medida em cada um dos lugares onde os dois grupos foram presentes com pelo menos seis indivíduos.

Em seguida, visando comparar os grupos A e B e os períodos de coleta, a divisão em populações foi ignorada e os períodos I e II subdivididos nos grupos genéticos foram comparados com teste de Kruskal-Wallis seguido de Mann-Whitney par-a-par com correção de Bonferroni para cada uma das medidas (comparação entre IA, IB, IIA e IIB para cada uma das medidas).

Por fim foi feita a análise de componentes principais (PCA). Inicialmente todas as amostras foram incluídas na análise, sendo separadas as populações. Os tempos de coleta foram

tratados independentemente. As populações de menos de seis indivíduos não foram incluídas nesta análise.

A mesma análise também foi feita **localidade por localidade** com os dois tempos de coleta, os dois grupos genéticos (caso presentes) e caso o ponto de coleta tivesse separação entre mediolitoral inferior e superior, estes foram analisados no mesmo teste. Nesta segunda análise também foram incluídos os indivíduos que foram classificados como possíveis híbridos na análise genética do capítulo anterior, marcados nas análises com “*indef*”. Esta análise visou descrever a variação presente em cada localidade.

Foi feita, também, análise ignorando as divisões em populações, sendo comparados os grupos A e B nos dois períodos de coleta. Tal análise foi feita de duas formas: com separação dos tempos de coleta (comparação entre IA, IB, IIA e IIB) e sem separação dos tempos de coleta (comparação de todos os indivíduos do grupo A com todos do grupo B).

Todas as PCAs foram feitas com o uso de 1.000 *bootstraps* para obtenção do intervalo de confiança dos autovalores. A fim de obter uma melhor visualização dos resultados, os gráficos das duas componentes mais importantes foram analisados visualmente e os valores das mesmas componentes com ao menos seis indivíduos foram comparados entre as amostras testadas utilizando o teste de Kruskal-Wallis seguido do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni caso o primeiro teste fosse significativo. Nos locais onde somente duas amostras obtiveram números suficientes para serem comparadas foi aplicado o teste de Mann-Whitney.

Resultados:

As distribuições das medidas tomadas das conchas apresentaram certa irregularidade quanto a normalidade: uma mesma medida apresentava distribuição normal em uma população e em outra não. A distribuição das medidas em um histograma mostrou que diversas das medidas encontravam-se sob uma distribuição bimodal. Por esse motivo optou-se pelo uso de testes não-paramétricos. Os números amostrais, médias e desvios dos dados brutos estão no apêndice III (tabelas III.1 e III.2).

Os resultados do teste de Kruskal-Wallis para cada grupo genético em cada um dos períodos de coleta estão indicados na tabela 12, todos os valores encontrados foram altamente significativos. As comparações feitas pelo teste de Mann-Whitney estão no apêndice III (tabelas III.3 a III.34).

Já na tabela 13 estão os resultados do teste entre os grupos, aplicado nos locais onde os dois grupos genéticos foram presentes, localidade por localidade. Neste segundo teste foram encontrados resultados significativos principalmente em SS2I e RJinfral, porém nestas mesmas localidades no período II de coleta o mesmo não ocorreu.

Na tabela 14 estão os resultados do teste de Kruskal-Wallis entre os grupos genéticos e períodos de coleta sem separação nas populações amostradas para cada uma das medidas, todos os valores foram significativos, em seguida, na tabela 15 estão os resultados do pós-teste de Mann-Whitney par-a-par para todas as medidas.

Tabela 12: Resultados dos testes Kruskal-Wallis para cada medida nos dois períodos de coleta em cada um dos grupos genéticos. H- valor H do teste de Kruskal-Wallis, p=- probabilidade, gl- graus de liberdade.

		medida	H	p=	gl
Período I:	Grupo A:	CT	165,4	<0,001	10
		LT	143,0	<0,001	10
		CA	152,2	<0,001	10
		LA	125,4	<0,001	10
		EC	70,7	<0,001	10
		LC	91,6	<0,001	10
		DS1	63,3	<0,001	10
		DS2	58,0	<0,001	10
	Grupo B:	CT	41,3	<0,001	6
		LT	30,9	<0,001	6
		CA	38,9	<0,001	6
		LA	47,5	<0,001	6
		EC	23,2	<0,001	6
		LC	43,3	<0,001	6
		DS1	21,5	<0,001	6
		DS2	24,9	<0,001	6
Período II:	Grupo A:	CT	138,4	<0,001	10
		LT	129,3	<0,001	10
		CA	128,9	<0,001	10
		LA	89,8	<0,001	10
		EC	81,4	<0,001	10
		LC	79,9	<0,001	10
		DS1	82,1	<0,001	10
		DS2	63,7	<0,001	10
	Grupo B:	CT	41,9	<0,001	7
		LT	37,8	<0,001	7
		CA	48,9	<0,001	7
		LA	37,0	<0,001	7
		EC	32,8	<0,001	7
		LC	32,8	<0,001	7
		DS1	31,5	<0,001	7
		DS2	25,3	<0,001	7

Tabela 13: Resultados dos testes Mann-Whitney (T) entre os grupos genéticos nas localidades onde ambos foram presentes com pelo menos seis indivíduos nos dois períodos de coleta, em destaque estão os valores significativos. p= probabilidade.

Período I:	Medida	Local:						
		SF:	IB:	SS2	Paraty:	Angra:	RJinfra:	
	CT	T=190 p=0,4062	T=129 p=0,4380	T=29 p<0,0001	T=43 p=0,7762	T=35 p=0,1131	T=45 p=0,0231	
	LT	T=177 p=0,2528	T=123 p=0,2285	T=32 p<0,0001	T=40 p=0,6188	T=27 p=0,0440	T=43 p=0,0126	
	CA	T=151 p=0,0768	T=100 p=0,1334	T=20 p<0,0001	T=39,5 p=0,5940	T=30 p=0,0639	T=32 p=0,0058	
	LA	T=135,5 p=0,0436	T=75,5 p=0,1345	T=51 p=0,0004	T=--- p=---	T=54 p=0,5728	T=13 p=0,0008	
	EC	T=193 p=0,5524	T=74,5 p=0,0192	T=41 p=0,0001	T=--- p=---	T=28 p=0,0499	T=27 p=0,0043	
	LC	T=183 p=0,3999	T=134 p=0,7431	T=60 p=0,0006	T=223,5 p=0,3914	T=61 p=0,8509	T=18 p=0,0025	
	DS1	T=134 p=0,1418	T=146,5 p=0,8430	T=60,5 p=0,0017	T=43 p=0,7762	T=29,5 p=0,1432	T=75 p=0,1583	
	DS2	T=127 p=0,0743	T=137 p=0,6089	T=43 p=0,0005	T=19 p=0,5696	T=28 p=0,1441	T=75 p=0,1543	
Período II:	Medida	Local:						
		IB :	SS1 infra :	SS1supra :	SS2 :	RJinfra :	RJsupra :	Búzios :
	CT	T=181 p=0,0443	T=108 p=0,5097	T=152 p=0,7193	T=67 p=0,7237	T=65 p=0,7336	T=55 p=0,7842	T=25 p=0,4510
	LT	T=251 p=0,4575	T=65 p=0,2984	T=104 p=0,3720	T=48,5 p=0,2532	T=69 p=0,9800	T=50 p=0,5632	T=29 p=0,7250
	CA	T=247 p=0,5442	T=98,5 p=0,3268	T=154 p=0,7628	T=51 p=0,2679	T=70 p=0,9225	T=48 p=0,4840	T=33 p=0,9599
	LA	T=286,5 p=0,9918	T=71,5 p=0,4448	T=84 p=0,2954	T=33 p=0,0579	T=57 p=0,8852	T=47,5 p=0,4652	T=26 p=0,9098
	EC	T=190,5 p=0,0705	T=112 p=0,6002	T=106 p=0,2375	T=30 p=0,0411	T=26,5 p=0,0356	T=53 p=0,6924	T=24 p=0,7340
	LC	T=234,5 p=0,3829	T=80,5 p=0,1348	T=67 p=0,1384	T=48 p=0,2804	T=50,5 p=0,6033	T=43,5 p=0,5050	T=26 p=0,5136
	DS1	T=259 p=0,7255	T=69,5 p=0499	T=148 p=0,3711	T=44 p=0,1505	T=32 p=0,0451	T=29,5 p=0,0679	T=19 p=0,2548
	DS2	T=262 p=0,7739	T=90 p=0,2048	T=179,5 p=0,9676	T=22,5 p=0,0142	T=72 p=0,9062	T=0,51 p=0,5024	T=15 p=0,1753

Tabela 14: Resultado do teste de Kruskal-Wallis medida por medida entre grupos genéticos e períodos de coleta, sem distinção entre as populações coletadas. Medidas seguem a nomenclatura da tabela 11.

Medida	Valor H	Probabilidade
CT	H=19,39	p<0,005
LT	H=9,343	p<0,005
CA	H=11,58	p<0,005
LA	H=19,58	p<0,005
EC	H=45,47	p<0,005
LC	H=16,48	p<0,005
DS1	H=39,59	p<0,005
DS2	H=51,56	p<0,005

Tabela 15: Pós teste de Mann-Whitney par-a-par entre os grupos genéticos e períodos de coleta para cada uma das medidas tomadas. Legenda: IA=grupo genético A no primeiro período de coleta, IB= grupo genético B no primeiro período de coleta, IIA= grupo genético A no segundo período de coleta, IIB= grupo genético B no segundo período de coleta, medidas segundo nomenclatura da tabela 11. Em destaque os valores significativos.

CT	IA	IB	IIA
IB	1,00		
IIA	1,00	1,00	
IIB	0,001	0,001	0,005
LT	IA	IB	IIA
IB	0,7532		
IIA	0,030	1,00	
IIB	0,1114	1,00	1,00
CA	IA	IB	IIA
IB	0,008		
IIA	1,00	0,042	
IIB	1,00	0,05003	1,00
LA	IA	IB	IIA
IB	0,004		
IIA	0,284	0,143	
IIB	0,002	1,00	0,295

EC	IA	IB	IIA
IB	1,00		
IIA	<0,001	<0,001	
IIB	<0,001	<0,001	1,00
LC	IA	IB	IIA
IB	0,113		
IIA	0,002	1,00	
IIB	0,007	1,00	1,00
DS1	IA	IB	IIA
IB	1,00		
IIA	<0,001	0,020	
IIB	<0,001	0,010	1,00
DS2	IA	IB	IIA
IB	1,00		
IIA	<0,001	<0,001	
IIB	<0,001	<0,001	1,00

Os resultados de cada uma das PCAs foram agrupados em tópicos cada um com título representando a respectiva análise.

1-Análise do Período I, com todas as amostras inclusas:

Nas tabelas 16 e 17 e figuras V e VI estão os resultados da PCA para o primeiro período de coleta com todas as amostras na análise, na figura V cada localidade e grupo é representado por um símbolo. Devido ao grande número de populações na figura VI está a mesma figura, mas com distinção apenas entre indivíduos do grupo A e do grupo B. Em seguida nas tabelas 18 e 19 estão os valores do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para as duas primeiras componentes respectivamente. O teste de Kruskal-Wallis entre as amostras desta análise foi altamente significativo para as duas componentes (componente 1: $H=164,171$; $gl=15$; $p<0,0001$; componente 2: $H=138,305$; $gl=15$; $p<0,0001$).

Tabela 16: Auto-valores das componentes principais e porcentagem representada da variação das medidas dos indivíduos do primeiro período de coleta.

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
Período I:	1	108,066	92,537	91,328	93,656
	2	3,358	2,876	2,226	3,603
	3	2,531	2,168	1,745	2,657
	4	1,870	1,601	1,263	1,901
	5	0,591	0,506	0,365	0,628
	6	0,183	0,157	0,124	0,189
	7	0,115	0,098	0,071	0,121
	8	0,067	0,058	0,043	0,070

Tabela 17: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos do primeiro período de coleta.

Auto-vetores das componentes:			
Período I:	Medida\PC	1	2
	CT	0,7445	-0,6402
	LT	0,3896	0,5485
	CA	0,4606	0,3361
	LA	0,2624	0,4133
	EC	0,01783	0,0207
	LC	0,05323	0,04561
	DS1	0,03985	-0,05274
	DS2	0,09031	-0,01088

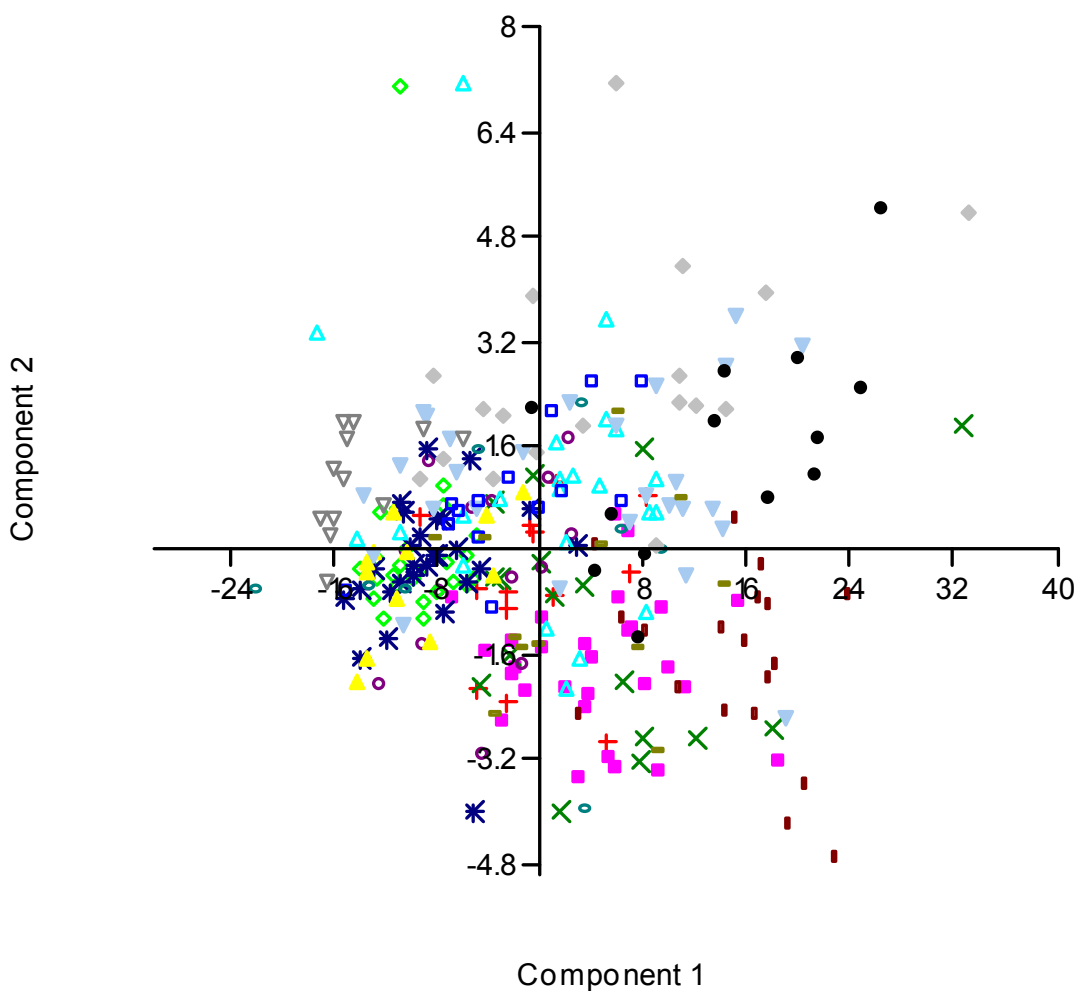


Figura V: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do primeiro período de coleta. Componentes 1 e 2 representadas.

Legenda: + SFAI; ■ SVinfraAI; X SVsupraAI; ○ IBAI; ◇ SS1infraAI; * SS1supraAI; ▲ SS2AI; ● AngraAI; ■ RJinfraAI; ▲ RJsupraAI; ▼ SFBI; □ IBBI; ▽ SS2BI; ◆ ParatyBI; • RJinfraBI; ■ BúziosBI.

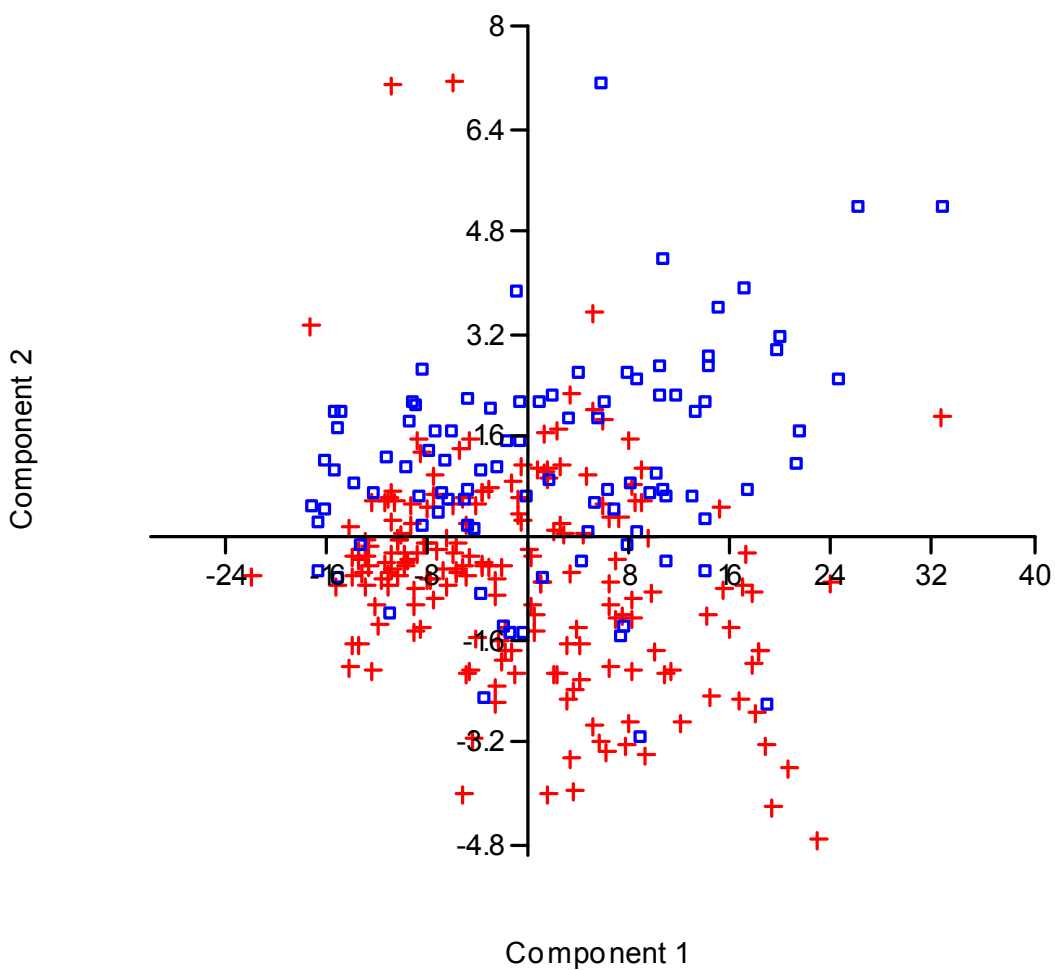


Figura VI: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do primeiro período de coletas divididos apenas nos dois grupos genéticos. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: + Grupo A; □ Grupo B.

Tabela 18: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal do período I. Em destaque os valores significativos.

	SFAI	SVinfraAI	SVsupraAI	IBAI	SS1infraAI	SS1supraAI	SS2AI	AngraAI	RJinfraAI	RJsupraAI	SFBI	IBBI	SS2BI	ParatyBI	RJinfraBI
SVinfraAI	1,0000														
SVsupraAI	1,0000	1,0000													
IBAI	1,0000	0,0083	0,4234												
SS1infraAI	0,0005	0,0000	0,0067	0,1187											
SS1supraAI	0,0034	0,0002	0,0263	0,8820	1,0000										
SS2AI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0019	0,0057									
AngraAI	0,0009	0,0007	0,0365	0,0001	0,0014	0,0008	0,0594								
RJinfraAI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0404							
RJsupraAI	0,0541	0,0003	0,0050	1,0000	1,0000	1,0000	0,0743	0,0004	1,0000						
SFBI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0053	0,0182	1,0000	0,0123	1,0000	0,0743					
IBBI	1,0000	0,3917	1,0000	1,0000	0,0077	0,0360	1,0000	0,0004	1,0000	0,6072	1,0000				
SS2BI	0,0048	0,0925	0,0008	0,0124	0,0585	0,0332	0,0039	0,0004	1,0000	0,5118	0,0010	0,0100			
ParatyBI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0001	0,0005	1,0000	0,0880	1,0000	0,0129	1,0000	1,0000	0,0014		
RJinfraBI	0,0267	0,1314	0,6889	0,0032	0,0001	0,0606	0,0271	1,0000	0,3182	0,0030	0,7300	0,0137	0,0030	1,0000	
BúziosBI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0005	0,0017	1,0000	0,0177	1,0000	0,0235	1,0000	1,0000	0,0056	1,0000	0,5154

Tabela 19: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal do período I. Em destaque os valores significativos.

	SFAI	SVinfraAI	SVsupraAI	IBAI	SS1infraAI	SS1supraAI	SS2AI	AngraAI	RJinfraAI	RJsupraAI	SFBI	IBBI	SS2BI	ParatyBI	RJinfraBI
SVinfraAI	0,5136														
SVsupraAI	1,0000	1,0000													
IBAI	1,0000	0,1502	1,0000												
SS1infraAI	1,0000	0,0121	1,0000	1,0000											
SS1supraAI	1,0000	0,0001	1,0000	1,0000	1,0000										
SS2AI	1,0000	0,0400	0,4476	1,0000	0,6822	0,4759									
AngraAI	1,0000	1,0000	1,0000	0,8916	0,0030	0,0072	0,0006								
RJinfraAI	1,0000	0,5095	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000							
RJsupraAI	1,0000	0,0913	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9417	0,8190	1,0000						
SFBI	0,0971	0,0009	0,0474	0,9572	0,0279	0,0170	1,0000	0,0485	1,0000	0,1285					
IBBI	0,8492	0,0832	0,6963	1,0000	0,3230	0,2608	1,0000	0,0008	1,0000	0,5171	1,0000				
SS2BI	0,1755	0,0002	0,2157	1,0000	0,0518	0,0420	1,0000	0,0010	1,0000	0,2411	1,0000	1,0000			
ParatyBI	0,0010	0,0018	0,0006	0,0019	0,0743	0,0185	0,0729	0,0217	0,2456	0,0012	0,1733	0,1395	0,2576		
RJinfraBI	0,2977	0,0002	0,0719	0,9812	0,2263	0,1619	1,0000	0,0025	1,0000	0,4337	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	
BúziosBI	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9417	1,0000	1,0000	1,0000	0,1591	0,4392	0,3535	0,0053	0,3639

2-Análise do Período II, com todas as amostras inclusas:

Nas tabelas 20 e 21 e figuras VII e VIII estão os resultados da PCA para o segundo período de coleta com todas as amostras na análise, na figura VII cada localidade e grupo é representado por um símbolo, devido ao grande número de populações na figura VIII está a mesma figura, mas com distinção apenas entre indivíduos do grupo A e do grupo B. Em seguida nas tabelas 22 e 23 estão os valores do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para as duas primeiras componentes respectivamente. O teste de Kruskal-Wallis entre as amostras desta análise foi altamente significativo para as duas componentes (componente 1: $H=133,976$; $gl=16$; $p<0,0001$; componente 2: $H=166,136$; $gl=16$; $p<0,0001$).

Tabela 20: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos do segundo período de coleta.

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
Período II:	1	93,274	94,794	93,628	95,737
	2	2,613	2,655	2,008	3,449
	3	1,021	1,037	0,764	1,364
	4	0,745	0,757	0,570	1,004
	5	0,418	0,425	0,317	0,528
	6	0,179	0,181	0,139	0,230
	7	0,101	0,102	0,074	0,135
	8	0,047	0,048	0,027	0,081

Tabela 21 Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos do segundo período de coleta.

Auto-vetores das componentes:			
Período II:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7383	0,6479
	LT	-0,4478	-0,3243
	CA	-0,4413	-0,5131
	LA	-0,2279	-0,45
	EC	-0,01449	-0,01085
	LC	-0,04838	-0,08729
	DS1	-0,03277	0,03751
	DS2	-0,06415	-0,01499

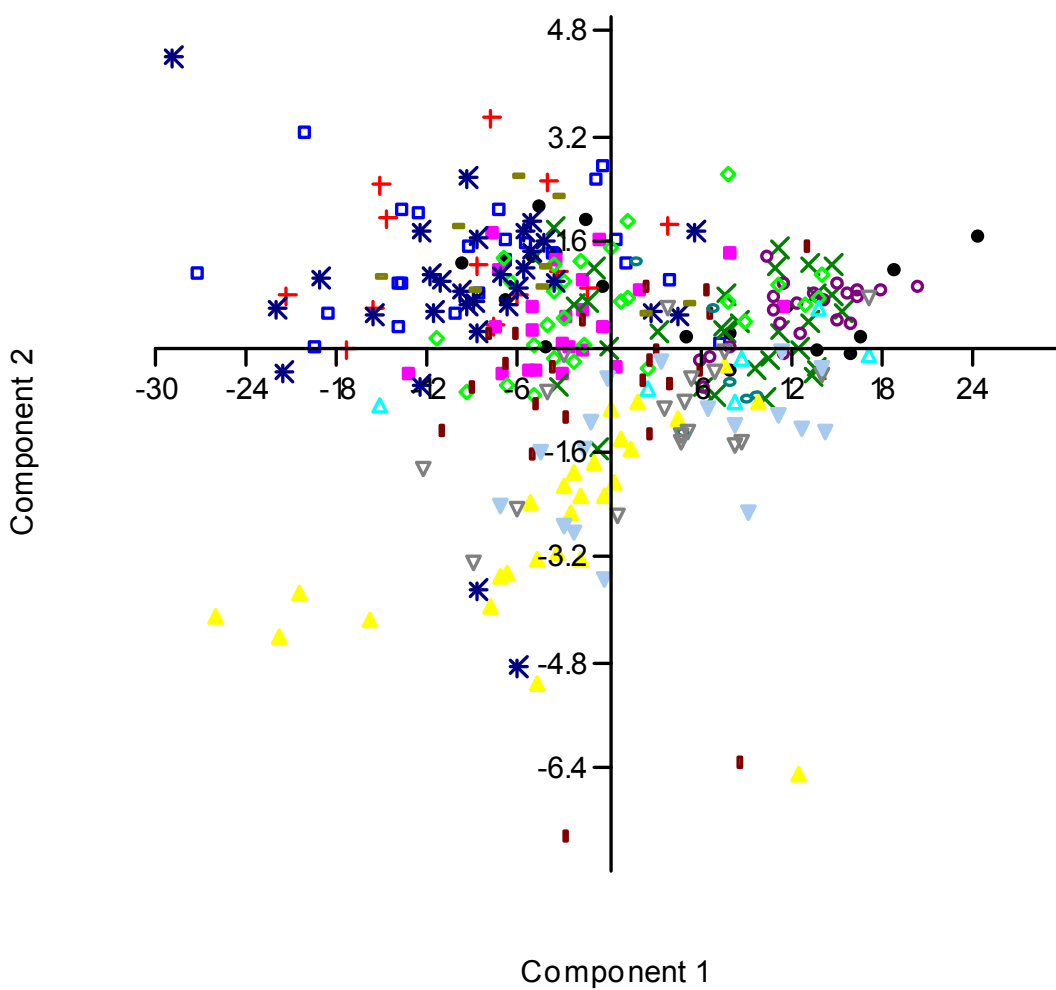


Figura VII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do segundo período de coleta. Componentes 1 e 2 representadas.

Legenda: • SFAII; + SVinfraAII; □ SVsupraAII; ■ IBAII; ✕ SS1infraAII; ● SS1supraAII; ◇ SS2AI; * AngraAII; ▲ RJsupraAII; ▬ BúziosAII; ● IBBII; ■ SS1infraBII; ◆ SS1supraBII; ▲ ParatyBII; ▾ RJinfraBII; ▽ RJsupraBII

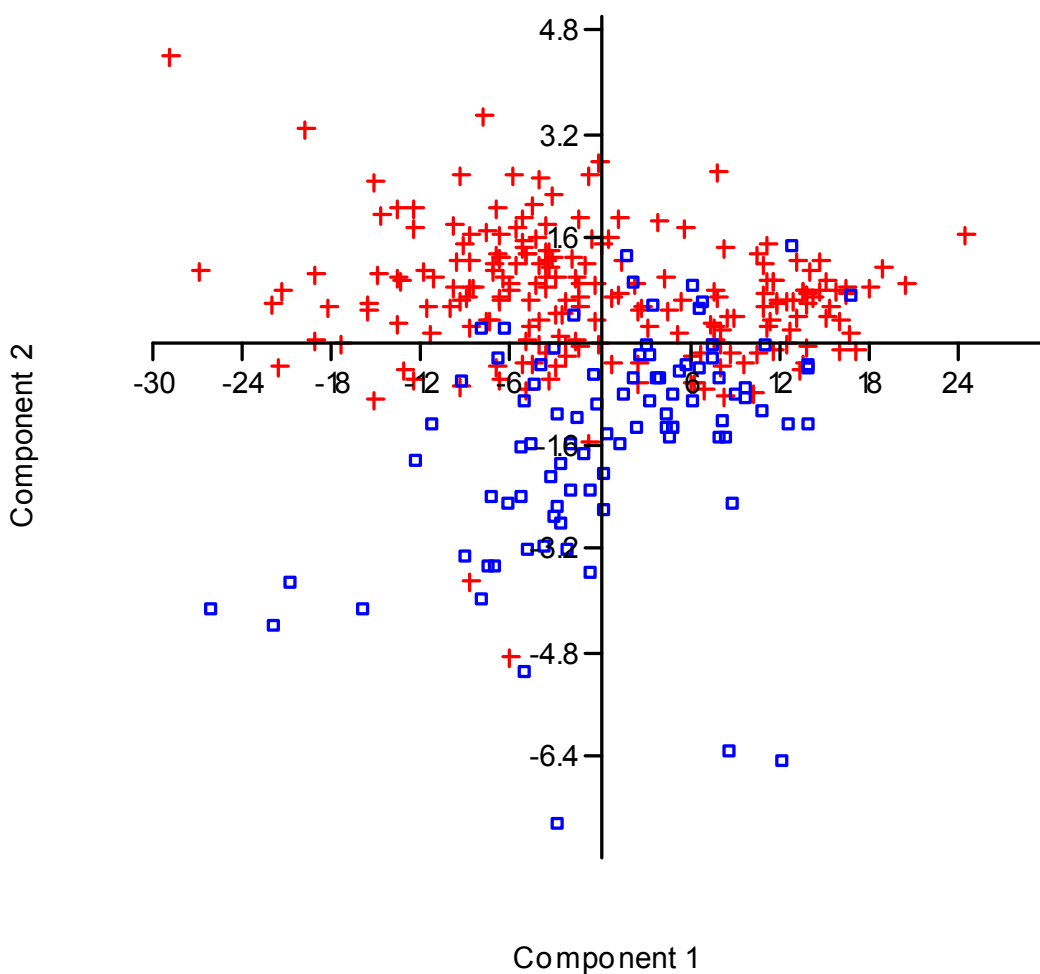


Figura VIII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do segundo período de coletas divididos apenas nos dois grupos genéticos. Componentes 1 e 2 representadas.

Legenda: + Grupo A; □ Grupo B.

Tabela 22: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal do período II. Em destaque os valores significativos.

	SFAII	SVinfraAI I	SVsupraA II	IIBAI	SS1infraA II	SS1supra AII	SS2AII	AngraAII	RJinfraAII	RJsupraAI I	SFBII	IIBBII	SS2BII	ParatyBII	RJinfraBII
SVinfraAI I	1,0000														
SVsupraA II	0,0460	1,0000													
IIBAI	1,0000	1,0000	0,5076												
SS1infraA II	1,0000	0,0146	0,0188	0,0035											
SS1supra AII	0,6045	0,0029	0,0009	0,0036	0,0797										
SS2AII	1,0000	1,0000	0,0271	1,0000	0,3364	0,0934									
AngraAII	0,0096	1,0000	1,0000	0,0750	0,0000	0,0001	0,0035								
RJinfraAII	1,0000	1,0000	0,5402	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9561							
RJsupraAI I	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0092	0,0019	1,0000	1,0000	1,0000						
SFBII	1,0000	1,0000	0,0331	1,0000	0,1041	0,0083	1,0000	0,0186	1,0000	1,0000					
IIBBII	1,0000	1,0000	0,1847	1,0000	1,0000	0,2323	1,0000	0,1172	1,0000	0,7635	1,0000				
SS2BII	1,0000	0,5343	0,0339	0,6135	1,0000	0,1674	1,0000	0,0071	1,0000	0,2992	1,0000	1,0000			
ParatyBII	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,0074	0,0011	1,0000	0,3341	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000		
RJinfraBII	1,0000	0,8765	0,0150	1,0000	1,0000	0,0002	1,0000	0,0126	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	
BúziosBII	1,0000	0,2306	0,0088	0,6032	1,0000	0,1008	1,0000	0,0006	1,0000	0,1661	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000

Tabela 23: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal do período II. Em destaque os valores significativos.

	SFAII	SVinfraAII	SVsupraAII	IIBAII	SS1infraAII	SS1supraAII	SS2AII	AngraAII	RJinfraAII	RJsupraAII	SFBII	IIBBII	SS2BII	ParatyBII	RJinfraBII
SVinfraAII	1,0000														
SVsupraAII	1,0000	1,0000													
IIBAII	1,0000	1,0000	0,3074												
SS1infraAII	1,0000	1,0000	0,0065	1,0000											
SS1supraAII	1,0000	1,0000	0,0537	1,0000	1,0000										
SS2AII	1,0000	1,0000	0,2068	1,0000	1,0000	1,0000									
AngraAII	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9483	1,0000	1,0000								
RJinfraAII	1,0000	0,5938	0,1847	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000							
RJsupraAII	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000						
SFBII	0,0567	0,0236	0,0934	0,4731	1,0000	0,0457	0,1937	0,0041	1,0000	0,1966					
IIBBII	1,0000	1,0000	0,6400	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000				
SS2BII	0,1634	0,0785	0,0068	1,0000	1,0000	0,0642	0,2947	0,0534	1,0000	0,2270	1,0000	1,0000			
ParatyBII	0,0053	0,0590	0,0002	0,0004	0,0001	0,0002	0,0000	0,0015	0,0338	0,0022	0,0010	0,1603	0,1027		
RJinfraBII	0,0003	0,0006	0,0100	0,0002	0,0007	0,0408	0,0887	0,0002	1,0000	0,0207	1,0000	1,0000	1,0000	0,1934	
BúziosBII	0,0007	0,0012	0,0274	0,0011	0,0012	0,0001	0,0003	0,0010	1,0000	0,0220	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000

A fim de melhor verificar possíveis diferenças entre os grupos em cada localidade foram feitas PCAs localidade por localidade, com os dois tempos de coleta e incluindo os indivíduos que não puderam ser definidos a nenhum dos grupos, seja por falta de dados genéticos ou ambigüidades nos locos (possíveis híbridos). Os resultados estão nos tópicos a seguir:

3- Análise de São Francisco do Sul (SF):

Nas tabelas 24 e 25 e figura IX estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em São Francisco do Sul (SF) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Nenhuma das componentes apresentou resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis (componente 1: $H=54,158$; $gl=2$; $p=0,0667$; componente 2: $H=48,224$; $gl=2$; $p=0,0897$).

Tabela 24: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de São Francisco do Sul (SF).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
SF:	1	99,471	93,793	91,313	95,705
	2	2,386	2,250	1,173	3,511
	3	2,052	1,935	0,979	3,386
	4	1,473	1,389	0,614	2,742
	5	0,296	0,279	0,162	0,397
	6	0,168	0,159	0,068	0,265
	7	0,117	0,111	0,061	0,163
	8	0,090	0,085	0,026	0,179

Tabela 25: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de São Francisco do Sul (SF).

Auto-vetores das componentes:			
SF:	Medida\PC	1	2
	CT	0,7445	-0,4043
	LT	0,4272	0,8832
	CA	0,4321	-0,1895
	LA	0,2493	0,0493
	EC	0,0294	0,0442
	LC	0,0403	0,0767
	DS1	0,0441	-0,0453
	DS2	0,0995	-0,0914

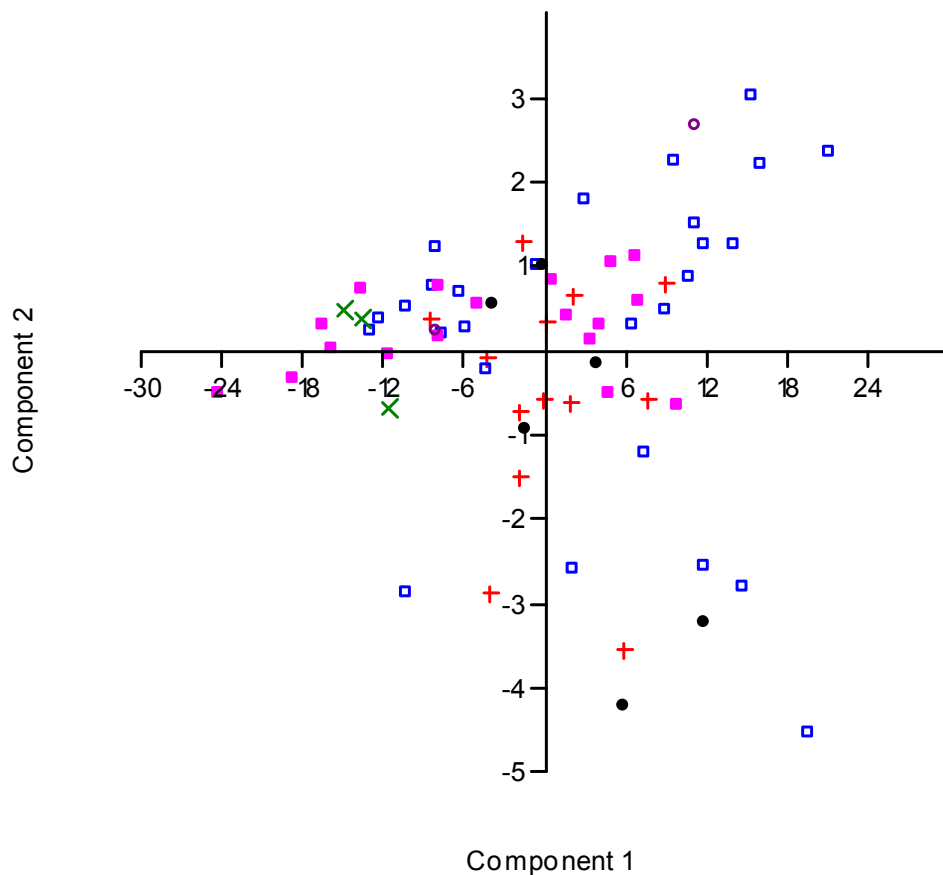


Figura IX: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de São Francisco do Sul (SF). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: SFAI +, SFBI □, SF indefinido I •, SFAII ■, SFBII X, SF indefinidos II o.

4- Análise de São Vicente (SV):

Nas tabelas 26 e 27 e figura X estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em São Vicente (SV) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. A primeira componente não apresentou resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis ($H=54,732$; $gl=3$; $p=0,14$), a segunda componente obteve resultado significativo ($H=40,9944$; $gl=3$; $p<0,01$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni estão na tabela 28.

Tabela 26: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de São Vicente (SV) (infra e supra).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
SV:	1	65,063	89,807	85,717	92,425
	2	2,949	4,071	2,664	6,408
	3	2,297	3,171	2,022	4,984
	4	1,095	1,511	0,938	2,156
	5	0,593	0,818	0,393	1,373
	6	0,289	0,399	0,237	0,585
	7	0,107	0,148	0,083	0,227
	8	0,054	0,075	0,040	0,109

Tabela 27: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de São Vicente (SV) (infra e supra).

Auto-vetores das componentes:			
SV:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7356	0,4654
	LT	-0,4238	-0,8445
	CA	-0,4487	0,0921
	LA	-0,2654	-0,1427
	EC	-0,0131	0,0425
	LC	-0,0574	-0,0223
	DS1	-0,0313	0,1069
	DS2	-0,0567	0,1665

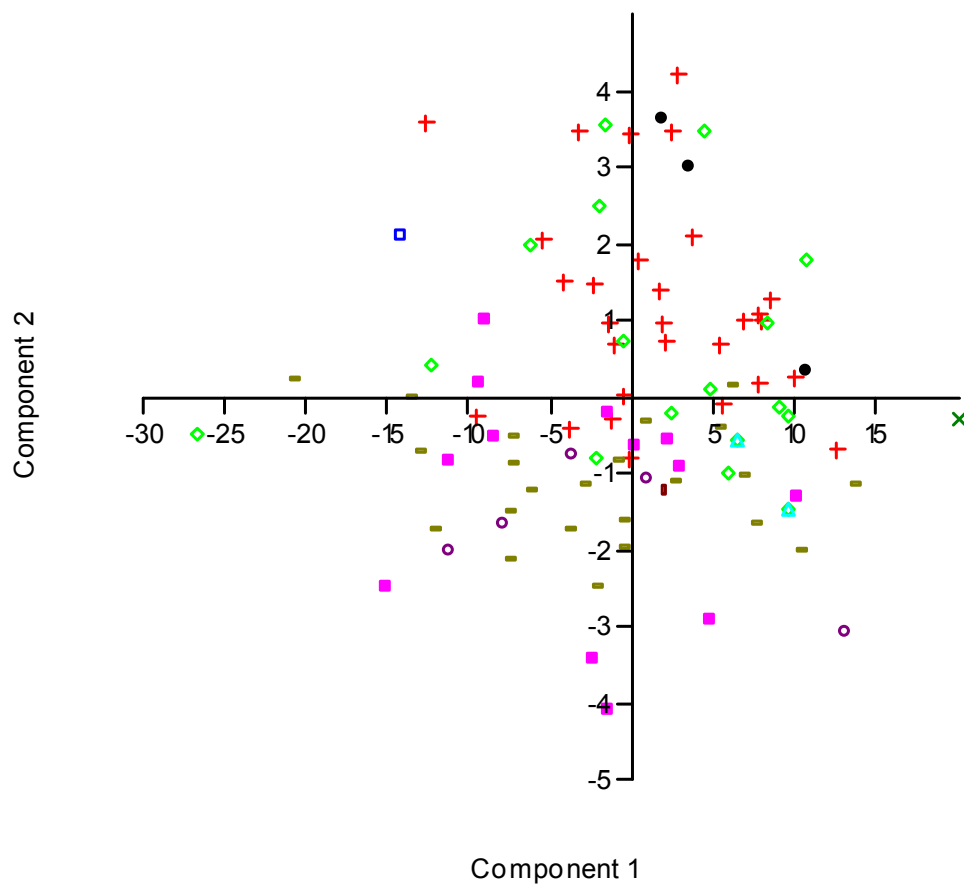


Figura X: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de São Vicente(SV) (infra e supra). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: SVinfraAI +, SVinfraBI □, SVinfra indefinido I •, SVinfraAII ■, SVinfraBII X, SV indefinidos II ○, SVsupraAI ◇, SVsupra indefinido I △, SVsupraAII -, SVsupraBII ▤, SVsupra indefinido II ◻.

Tabela 28: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal de São Vicente (SV). Em destaque os valores significativos.

	SVinfraAI	SVsupraAI	SVinfraAII
SVsupraAI	0,6981		
SVinfraAII	0,0002	0,0345	
SVsupraAII	0,0001	0,0005	1,0000

5- Análise de Ilha Bela (IB):

Nas tabelas 29 e 30 e figura XI estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em Ilha Bela (IB) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Ambas as componentes apresentaram resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis (componente 1: $H=16,540$; $gl=4$; $p=0,0024$; componente 2: $H=21,533$; $gl=4$; $p=0,0002$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni estão na tabela 31 e 32 para as componentes 1 e 2 respectivamente.

Tabela 29: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de Ilha Bela (IB).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
IB:	1	42,754	89,424	84,991	92,958
	2	2,255	4,717	1,730	9,154
	3	1,491	3,118	2,150	4,476
	4	0,570	1,192	0,532	2,001
	5	0,474	0,992	0,590	1,439
	6	0,154	0,323	0,207	0,446
	7	0,068	0,141	0,085	0,195
	8	0,045	0,093	0,048	0,134

Tabela 30: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de Ilha Bela (IB).

Auto-vetores das componentes:			
IB:	Medida\PC	1	2
	CT	0,6837	-0,6557
	LT	0,4921	0,4825
	CA	0,4664	0,3564
	LA	0,2507	0,2865
	EC	0,0247	0,0085
	LC	0,0525	0,0208
	DS1	0,0387	-0,0895
	DS2	0,0723	-0,3460

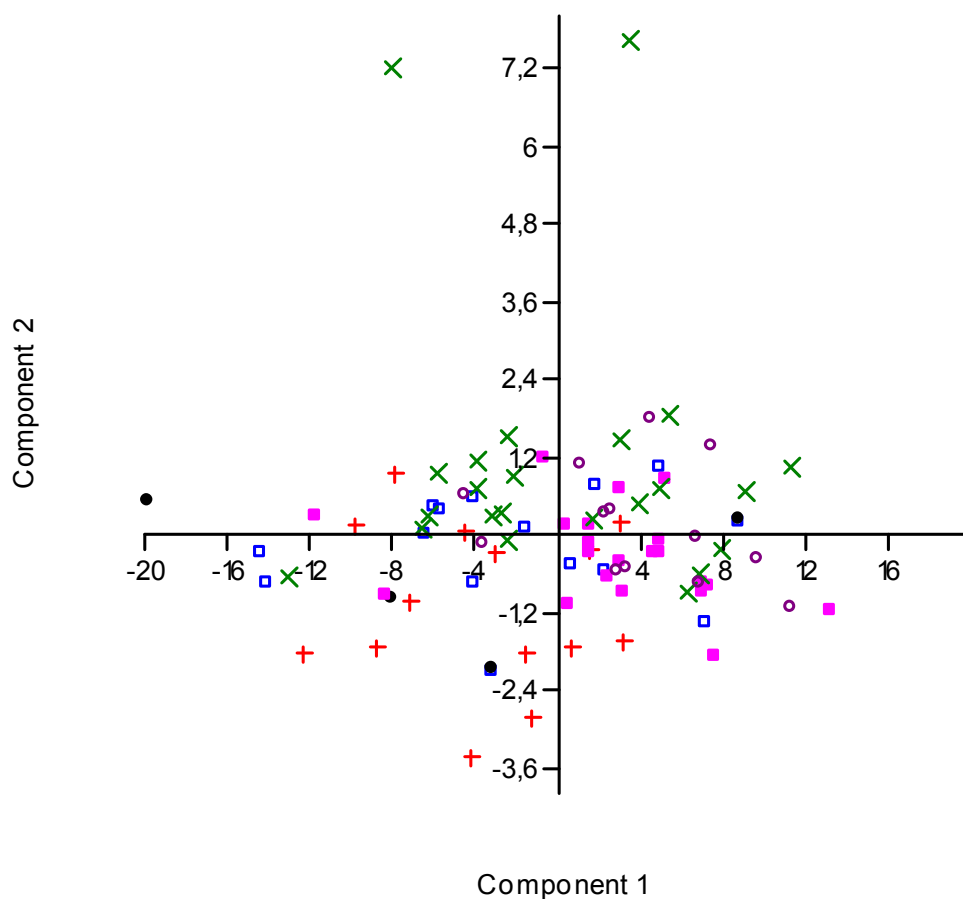


Figura XI: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de Ilha Bela (IB). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: SFAI +, SFB I □, SF indefinido I •, SFAII ■, SFBII X, SF indefinidos II ○.

Tabela 31: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal de Ilha Bela (IB). Em destaque os valores significativos.

	IB A I	IB B I	IB A II	IB B II
IB B I	1,0000			
IB A II	0,0071	0,2683		
IB B II	0,5814	1,0000	1,0000	
IB indef II	0,0125	0,1463	1,0000	1,0000

Tabela 32: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal de Ilha Bela (IB). Em destaque os valores significativos.

	IB A I	IB B I	IB A II	IB B II
IB B I	0,5212			
IB A II	1,0000	1,0000		
IB B II	0,0016	0,1556	0,0060	
IB indef II	0,1860	1,0000	1,0000	1,0000

6- Análise de São Sebastião, Toque-Toque Pequeno (SS2):

Nas tabelas 33 e 34 e figura XII estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em São Sebastião, Toque-Toque Pequeno (SS2) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. A primeira componente apresentou resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis ($H=22,968$; $gl=2$; $p<0,001$), a segunda componente não obteve resultado significativo ($H=29,743$; $gl=2$; $p<0,01$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni da primeira componente estão na tabela 33.

Tabela 33: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de São Sebastião – Toque Toque Pequeno (SS2).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
SS2:	1	73,851	93,528	90,775	95,842
	2	2,015	2,551	1,160	4,667
	3	1,724	2,183	1,537	3,095
	4	0,878	1,111	0,336	1,572
	5	0,251	0,318	0,159	0,453
	6	0,124	0,157	0,098	0,221
	7	0,060	0,077	0,039	0,106
	8	0,058	0,073	0,041	0,099

Tabela 34: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de São Sebastião - Toque Toque Pequeno (SS2).

	Auto-vetores das componentes:		
SS2:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7430	0,5825
	LT	-0,4553	-0,2383
	CA	-0,4078	-0,6441
	LA	-0,2385	-0,3493
	EC	-0,0290	-0,0077
	LC	-0,0469	-0,1185
	DS1	-0,0458	0,1146
	DS2	-0,1113	0,1995

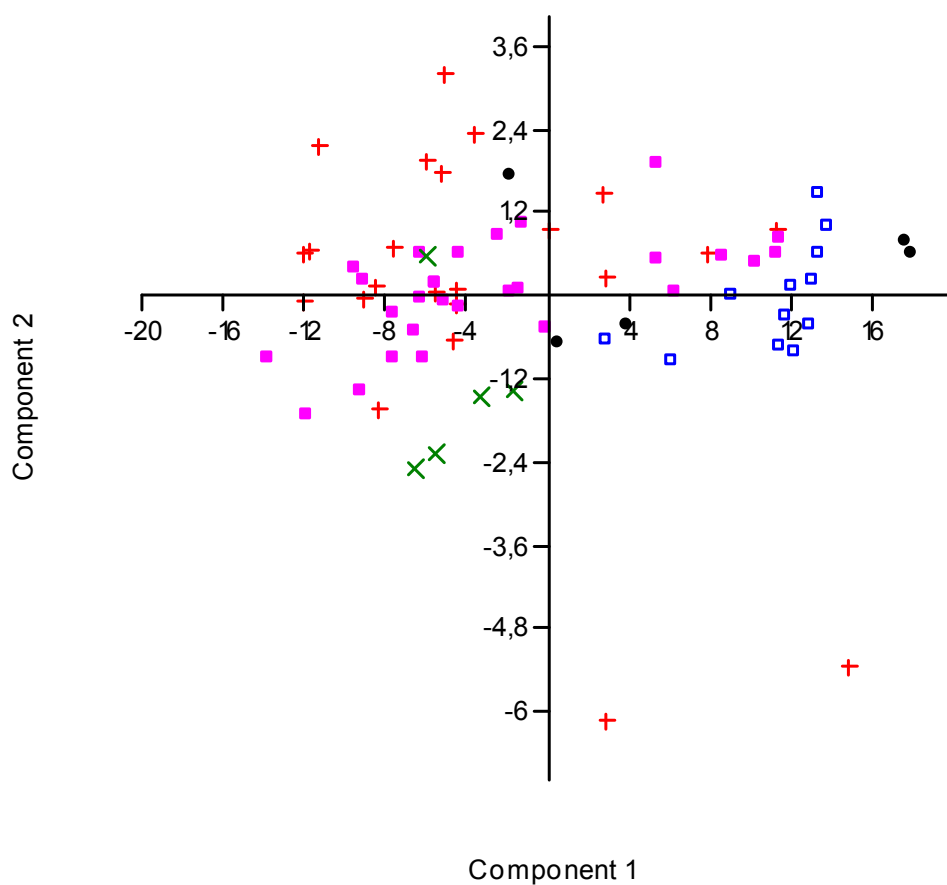


Figura XII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de São Sebastião - Toque Toque Pequeno (SS2). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: SS2AI +, SS2BI □, SS2 indefinido I •, SS2AII ■, SS2BII X, SS2 indefinidos II o.

Tabela 35: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal de São Sebastião, Toque-Toque Pequeno (SS2). Em destaque os valores significativos.

	SS2 A I	SS2 B I
SS2 B I	0,0985	
SS2 A II	1,0000	0,0000

7- Análise de São Sebastião, Juquehy (SS1):

Nas tabelas 36 e 37 e figura XIII estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em São Sebastião, Juquehy (SS1) inclusive os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Ambas as componentes apresentaram resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis (componente 1: $H=21,042$; $gl=4$; $p=0,0003$; componente 2: $H=57,118$; $gl=4$; $p<0,0001$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni estão na tabela 38 e 39 para as componentes 1 e 2 respectivamente.

Tabela 36: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de São Sebastião - Juquehy (SS1) (infra e supra).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
SS1:	1	21,874	87,742	82,008	91,344
	2	1,347	5,405	3,818	9,178
	3	0,817	3,278	1,622	5,062
	4	0,437	1,755	0,905	2,519
	5	0,236	0,946	0,594	1,411
	6	0,120	0,482	0,326	0,635
	7	0,061	0,246	0,155	0,339
	8	0,037	0,147	0,086	0,197

Tabela 37: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de São Sebastião - Juquehy (SS1) (infra e supra).

	Auto-vetores das componentes:		
SS1:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7192	0,5310
	LT	-0,4475	-0,2545
	CA	-0,4517	-0,4741
	LA	-0,2252	-0,4906
	EC	-0,0293	0,0566
	LC	-0,0504	-0,1508
	DS1	-0,0582	0,1681
	DS2	-0,1445	0,3655

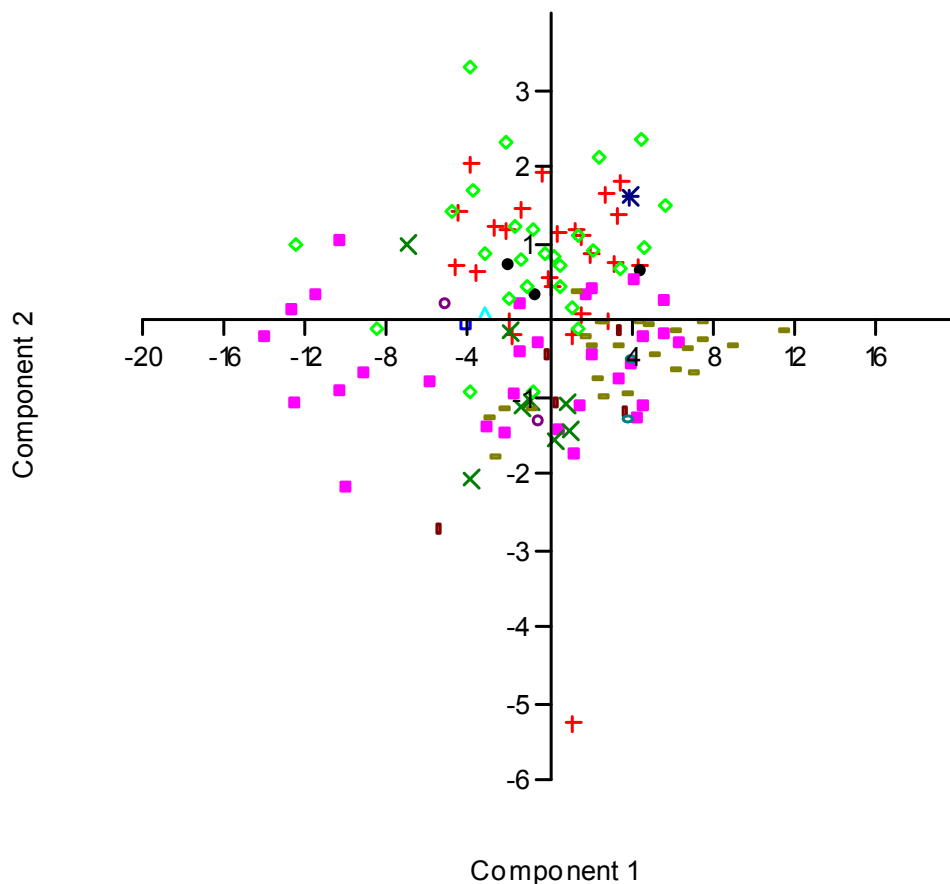


Figura XIII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de São Sebastião - Juquehy (SS1) (infra e supra). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: SS1infraAI +, SS1infraBI □, SS1infra indefinido I •, SS1infraAII ■, SS1infraBII X, SS1 indefinidos II o, SS1supraAI ◇, SS1supraBI *, SS1supra indefinido I ▲, SS1supraAII -, SS1supraBII |.

Tabela 38: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal de São Sebastião, Juquehy (SS1). Em destaque os valores significativos.

	SS1 infra A I	SS1 infra A II	SS1 infra B II	SS1 supra A I
SS1 infra A II	1,0000			
SS1 infra B II	1,0000	1,0000		
SS1 supra A I	1,0000	1,0000	1,0000	
SS1 supra A II	0,0048	0,0149	0,0119	0,0012

Tabela 39: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal de São Sebastião, Juquehy (SS1). Em destaque os valores significativos.

	SS1 infra A I	SS1 infra A II	SS1 infra B II	SS1 supra A I
SS1 infra A II	0,0070			
SS1 infra B II	0,0113	1,0000		
SS1 supra A I	1,0000	0,0000	0,0044	
SS1 supra A II	0,0029	1,0000	0,8561	0,0025

8- Análise de Paraty:

Nas tabelas 40 e 41 e figura XIV estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em Paraty inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. A primeira componente não apresentou resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis ($H=0,78$; $gl=2$; $p=0,6784$), a segunda componente obteve resultado significativo ($H=22,917$; $gl=2$; $p<0,0001$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni estão na tabela 42.

Tabela 40: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de Paraty.

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
Paraty:	1	121,002	92,340	86,072	95,833
	2	4,365	3,331	1,853	6,365
	3	3,118	2,380	0,754	6,802
	4	1,573	1,200	0,448	1,769
	5	0,646	0,493	0,211	0,933
	6	0,239	0,183	0,069	0,357
	7	0,070	0,054	0,017	0,114
	8	0,027	0,020	0,008	0,032

Tabela 41: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de Paraty.

Auto-vetores das componentes:			
Paraty:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7187	0,3994
	LT	-0,3825	-0,8684
	CA	-0,4752	0,0349
	LA	-0,3039	-0,0306
	EC	-0,0224	0,0013
	LC	-0,0631	0,0557
	DS1	-0,0451	0,1067
	DS2	-0,1114	0,2641

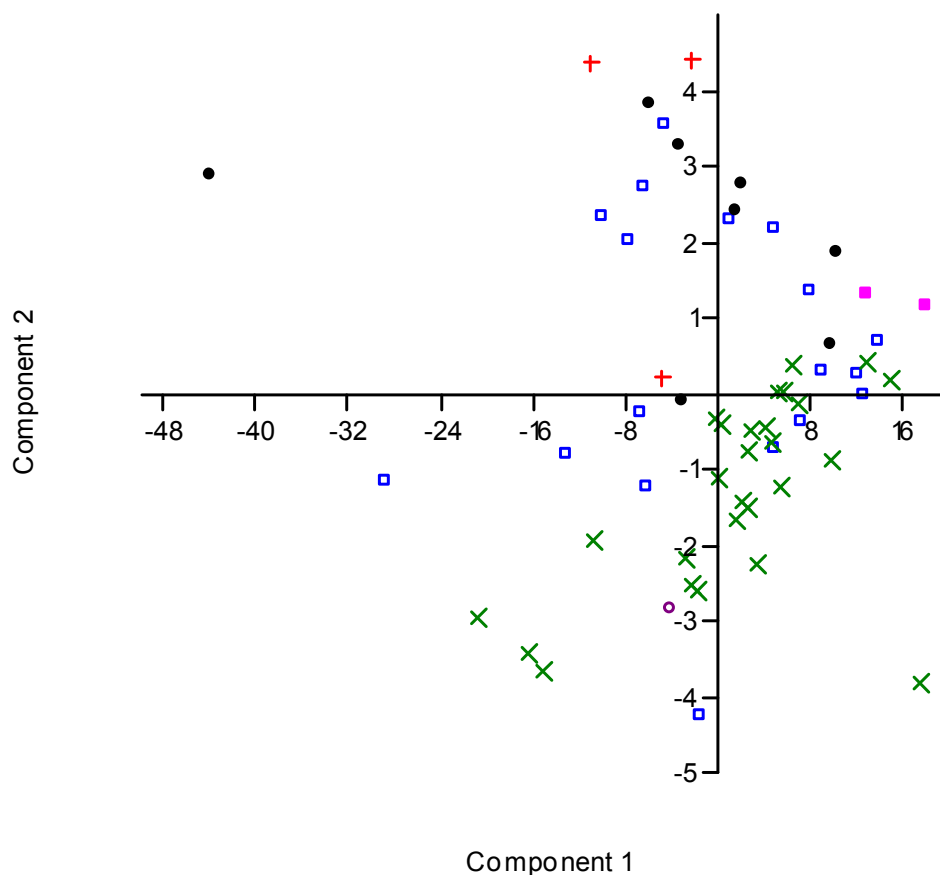


Figura XIV: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de Paraty. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: ParatyAI +, ParatyBI □, Paraty indefinido I •, ParatyAII ■, ParatyBII X, Paraty indefinidos II o.

Tabela 42: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal de Paraty. Em destaque os valores significativos.

	Paraty B I	Paraty indef I
Paraty indef I	0,0634	0,0000
Paraty B II	0,0027	0,0002

9- Análise de Angra dos Reis (Angra):

Nas tabelas 43 e 44 e figura XV estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em Angra dos Reis (Angra) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Somente as amostras Angra A I e Angra A II obtiveram números amostrais suficientes para serem comparadas estatisticamente. Entre estas foi aplicado o teste de Mann-Whitney às componentes 1 e 2, ambas foram significativas (componente 1: $T=151$; $p=0,0022$; componente 2: $T=89$; $p<0,0001$).

Tabela 43: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras de Angra.

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
Angra:	1	76,123	89,821	84,711	93,507
	2	3,888	4,587	2,952	7,446
	3	2,097	2,474	1,158	4,067
	4	1,634	1,928	0,825	3,273
	5	0,666	0,786	0,421	1,095
	6	0,141	0,166	0,068	0,253
	7	0,135	0,160	0,075	0,278
	8	0,067	0,079	0,038	0,105

Tabela 44: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos de Angra.

Auto-vetores das componentes:			
Angra:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7675	0,5728
	LT	-0,3817	-0,7192
	CA	-0,4217	-0,3745
	LA	-0,2726	-0,0343
	EC	-0,0113	0,0700
	LC	-0,0329	-0,0745
	DS1	-0,0421	-0,0227
	DS2	-0,1010	0,0472

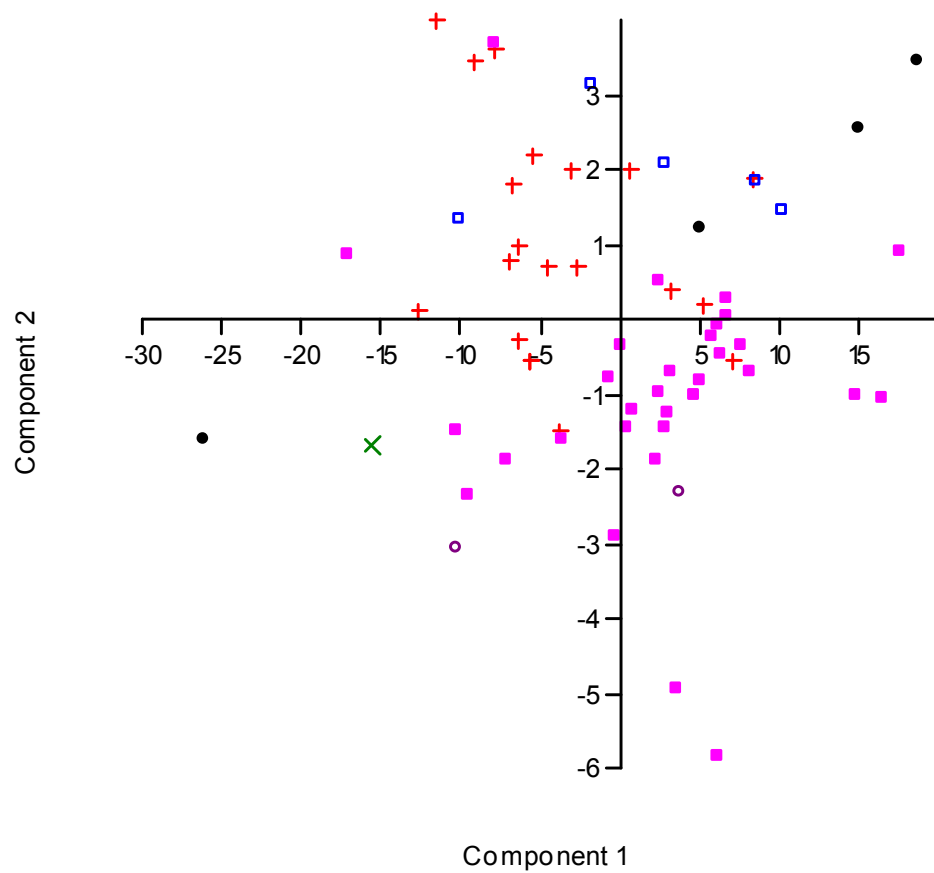


Figura XV: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos de Angra. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: AngraAI +, AngraBI □, Angra indefinido I •, AngraAII ■, AngraBII X, Angra indefinidos II ○.

10- Análise do Rio de Janeiro (RJ):

Nas tabelas 45 e 46 e figura XVI estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta no Rio de Janeiro (RJ) inclusos os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Ambas as componentes apresentaram resultados significativos no teste de Kruskal-Wallis (componente 1: $H=30,045$; $gl=4$; $p<0,0000$; componente 2: $H=35,658$; $gl=4$; $p<0,0001$), os resultados do teste de Mann-Whitney par a par corrigido por Bonferroni estão na tabela 47 e 48 para as componentes 1 e 2 respectivamente.

Tabela 45: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras do Rio de Janeiro (RJ).

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
RJ:	1	105,018	94,185	92,184	95,723
	2	3,687	3,307	2,321	4,833
	3	1,291	1,158	0,712	1,608
	4	0,875	0,785	0,499	1,113
	5	0,334	0,300	0,162	0,462
	6	0,200	0,179	0,111	0,235
	7	0,081	0,072	0,040	0,107
	8	0,017	0,015	0,008	0,021

Tabela 46: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos do Rio de Janeiro (RJ).

Auto-vetores das componentes:			
RJ:	Medida\PC	1	2
	CT	-0,7046	0,4397
	LT	-0,4022	-0,8714
	CA	-0,5089	0,1380
	LA	-0,2591	-0,1402
	EC	-0,0176	0,0045
	LC	-0,0647	-0,0370
	DS1	-0,0379	0,0302
	DS2	-0,0991	0,0797

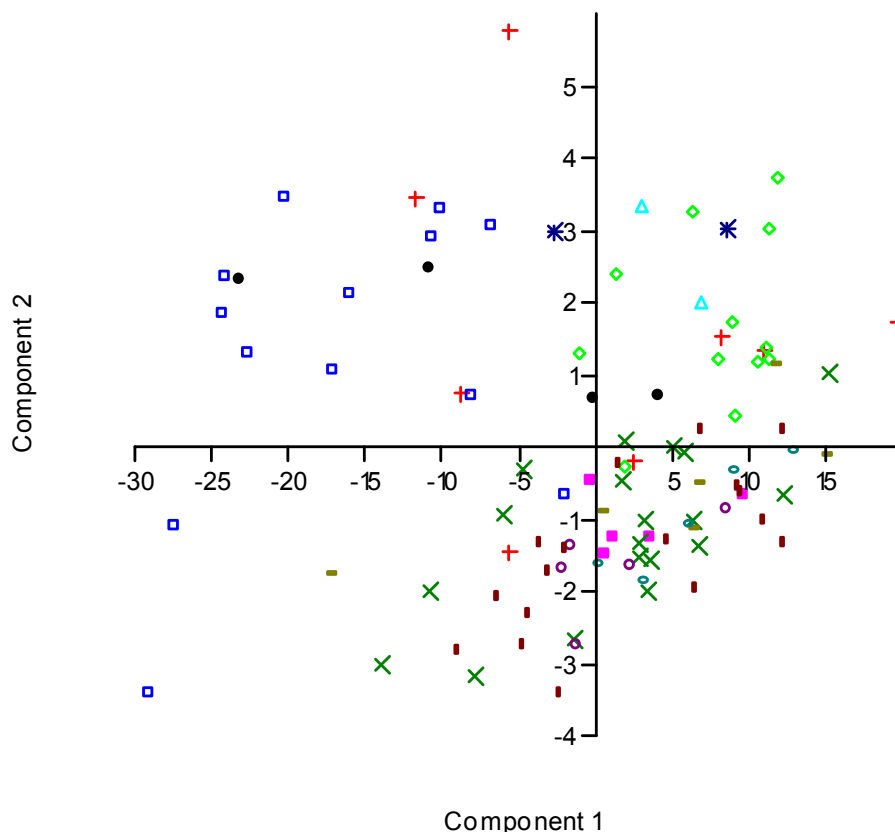


Figura XVI: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do Rio de Janeiro (RJ). Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: RJinfraAI +, RJinfraBI □, RJinfra indefinido I •, RJinfraAII ■, RJinfraBII X, RJ indefinidos II ○, RJsupraAI ◇, RJsupraBI *, RJsupra indefinido I △, RJsupraAII ■, RJsupraBII ■, RJsupra indefinido II ■.

Tabela 47: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a primeira componente principal do Rio de Janeiro (RJ). Em destaque os valores significativos.

	RJ infra A I	RJ Infra B I	RJ infra B II	RJ supra A I
RJ Infra B I	0,0265			
RJ Infra B II	1,0000	0,0003		
RJ supra A I	1,0000	0,0002	0,2440	
RJ supra B II	1,0000	0,0003	1,0000	0,5985

Tabela 48: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal do Rio de Janeiro (RJ). Em destaque os valores significativos.

	RJ infra A I	RJ Infra B I	RJ infra B II	RJ supra A I
RJ Infra B I	1,0000			
RJ Infra B II	0,0189	0,0097		
RJ supra A I	1,0000	1,0000	0,0001	
RJ supra B II	0,0122	0,0051	1,0000	0,0001

11- Análise de Búzios:

Nas tabelas 49 e 50 e figura XVII estão os resultados da PCA para os dois períodos de coleta em São Sebastião, Jaquehy (SS1) inclusive os indivíduos que não puderam ser atribuídos a nenhum dos grupos genéticos nas análises do capítulo anterior. Assim como ocorreu em Angra, somente duas amostras obtiveram números amostrais suficientes para serem comparadas estatisticamente, foram elas: Angra B I e Angra A II. Entre estas foi aplicado o teste de Mann-Whitney nos valores das componentes 1 e 2, somente a componente 2 apresentou resultados significativos (componente 1: $T=48$; $p=0,6959$; componente 2: $T=11$; $p=0,0025$).

Tabela 49: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Amostras do Búzios.

	PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
Búzios:	1	36,839	79,578	72,066	86,098
	2	4,984	10,767	6,893	16,107
	3	2,675	5,778	3,363	8,477
	4	0,936	2,023	0,805	3,181
	5	0,500	1,079	0,515	1,752
	6	0,162	0,351	0,069	0,518
	7	0,130	0,280	0,072	0,447
	8	0,067	0,144	0,038	0,236

Tabela 50: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas dos indivíduos do Búzios.

Auto-vetores das componentes:			
Búzios:	Medida\PC	1	2
	CT	0,7175	-0,2924
	LT	0,4685	0,7534
	CA	0,4201	-0,2096
	LA	0,2624	0,0636
	EC	0,0275	-0,0062
	LC	0,0313	0,0593
	DS1	0,0641	-0,1878
	DS2	0,1205	-0,5100

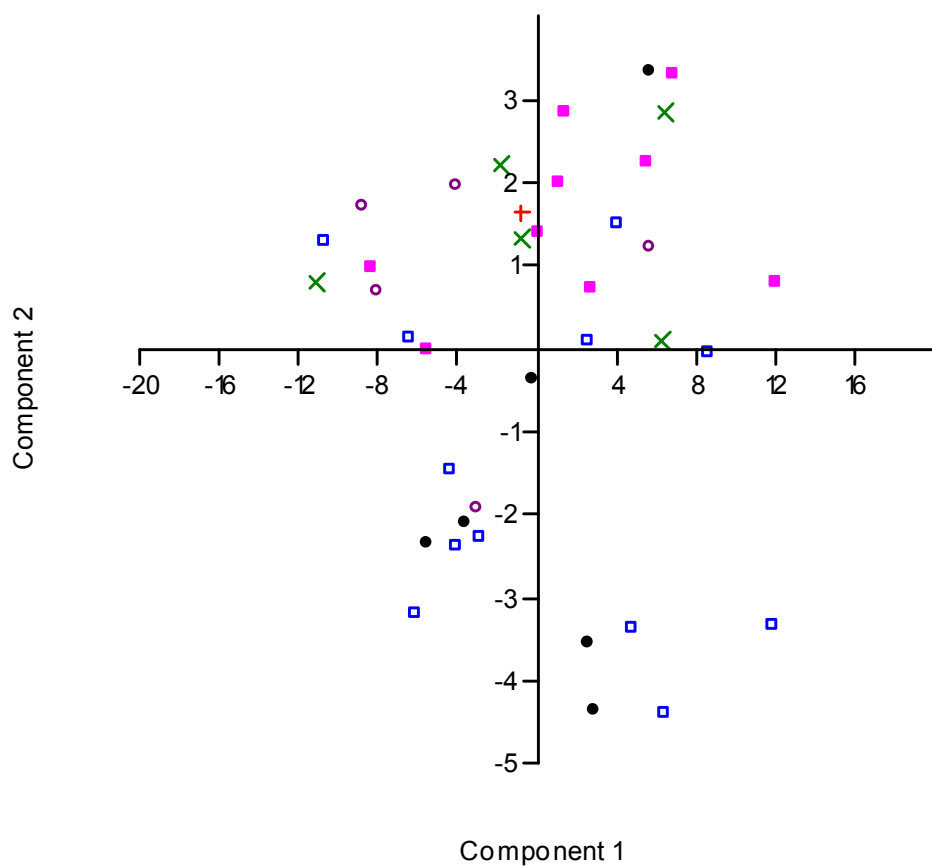


Figura XVII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos do Búzios. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: BúziosAI +, BúziosBI □, Búzios indefinido I •, BúziosAII ■, BúziosBII X, Búzios indefinidos II ○.

12- Análise entre grupos genéticos e períodos de coleta sem distinção de populações:

Nesta última análise de componentes principais os limites das populações foram ignorados, todos os indivíduos designados para um dos grupos genéticos foram usados, sendo feita apenas a distinção entre os grupos genéticos. Os dados foram tratados de duas formas, inicialmente com distinção entre os períodos de coleta e em seguida sem esta distinção, sendo neste segundo caso feito apenas um teste de Mann-Whitney entre os grupos A e B para as componentes um e dois.

Nas tabela 51, 52 e figuras XVIII e XIX estão os resultados para as duas primeiras componentes, na primeira figura há distinção entre os grupos genéticos e os períodos de coleta, na segunda apenas entre os grupos genéticos.

O teste de Kruskal-Wallis entre os grupos genéticos e períodos de coleta (IA, IB, IIA, IIB) não foi significativo para a primeira componente ($H=7,045$; $gl=4$; $p=0,0705$) e na segunda componente os resultados foram altamente significativos ($H=238,200$; $gl=4$; $p<0,0001$). Os resultados das comparações par-a-par estão na tabela 53.

O teste de Mann-Whitney comparando os dois grupos genéticos como um todo (unindo os períodos de coleta) não foi significativo para a componente 1 ($T=4,277 \times 10^4$; $p=0,5258$) e foi significativo para a componente 2 ($T=1,901 \times 10^4$; $p<0,0001$).

Tabela 51: Auto-valores das componentes principais e porcentagem da variação das medidas dos indivíduos. Todos os indivíduos incluídos.

PC	auto-valores	% var	Eig. 2.5%	Eig. 97,7%
1	100,944	92,991	92,105	93,785
2	3,254	2,998	2,556	3,568
3	1,758	1,619	1,319	1,920
4	1,651	1,521	1,279	1,767
5	0,576	0,531	0,418	0,648
6	0,189	0,174	0,148	0,203
7	0,115	0,106	0,084	0,128
8	0,067	0,061	0,048	0,075

Tabela 52: Auto-vetores das duas primeiras componentes principais das medidas de todos os indivíduos

Auto-vetores das componentes:		
Medida\PC	1	2
CT	0,7465	-0,6322
LT	0,4130	0,5009
CA	0,4480	0,3946
LA	0,2463	0,4016
EC	0,0173	-0,0079
LC	0,0506	0,0767
DS1	0,0375	-0,0906
DS2	0,0809	-0,1353

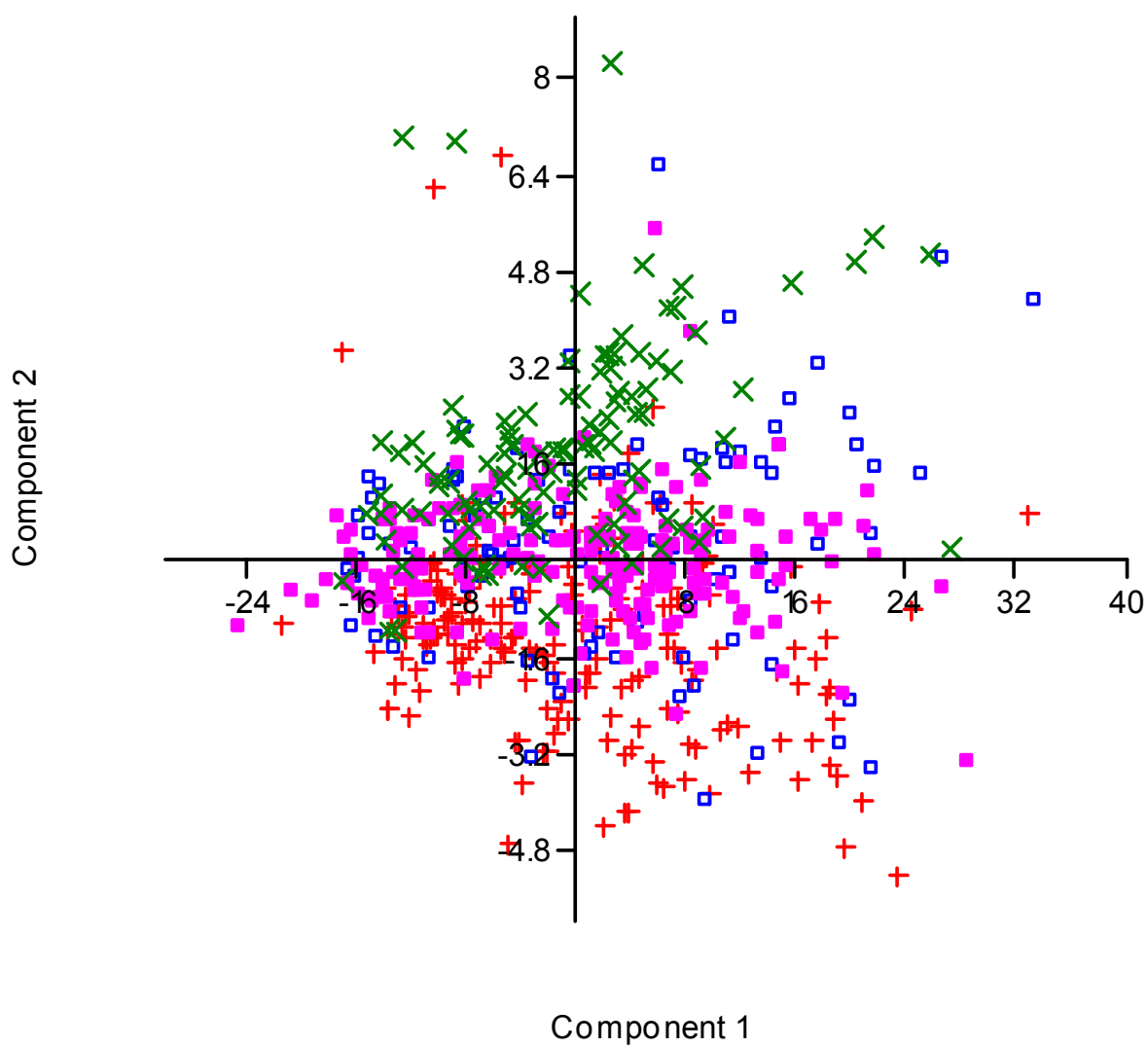


Figura XVIII: Diagrama de dispersão da PCA das medidas de todos os indivíduos. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: AI +, BI □, AII ■ e BII X.

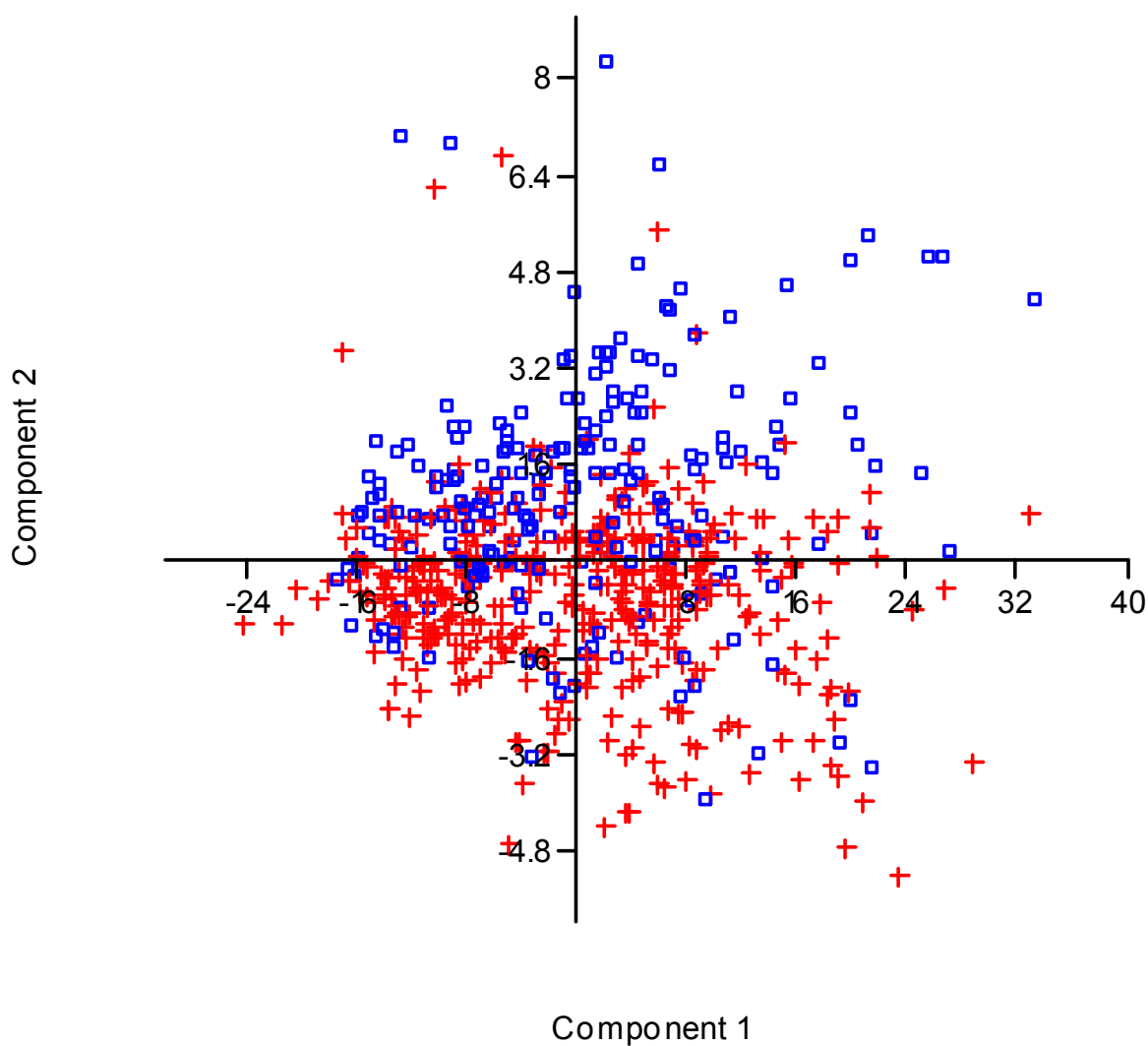


Figura XIX: Diagrama de dispersão da PCA das medidas dos indivíduos. Componentes 1 e 2 representadas. Legenda: grupo A + e grupo B □.

Tabela 53: Resultado do teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para a segunda componente principal da análise com todos indivíduos distinguindo grupos genéticos e períodos de coleta. Em destaque os valores significativos.

	IA	IB	IIA
IB	$2,53 \times 10^{-13}$		
IIA	$6,96 \times 10^{-22}$	0,1831	
IIB	$1,81 \times 10^{-36}$	$1,16 \times 10^{-09}$	$6,83 \times 10^{-26}$

Discussão:

Os testes de Kruskal-Wallis, medida por medida no mesmo grupo genético indicaram que sempre há alguma amostra com uma ordenação significativamente diferente do restante das amostras. O pós-teste de Mann-Whitney corrigido por Bonferroni (resultados no apêndice III) indicou grande diversidade entre as localidades no grupo genético “A”, com a amostra de RJsupra bastante diferenciada em relação às outras em vários dos caracteres no período I e a amostra de SS1supra no período II.

O mesmo pós-teste indicou uma diferenciação menos acentuada entre as amostras do grupo genético “B”, com SS2 bastante diferenciado no período I. No segundo período há um maior número de amostras diferenciadas sendo estas sobretudo de Paraty e SS1supra.

Esta alta variação fenotípica é reportada para *S. haemastoma* no litoral brasileiro (Magalhães, 1988) e em outras localidades (Kool, 1993; Liu et al , 1991; Vermeij, 2001), com variações de forma, cor e tamanho dentro de uma localidade e sobretudo entre localidades. Esta variação, em uma espécie que habita os dois extremos longitudinais do Atlântico, levou certos taxonomistas a duvidar da unidade genética de *S. haemastoma* (Kool, 1993, Vermeij, 2001), podendo esta variação dentro e entre localidades ser resultado da união de mais de uma espécie nas amostras.

Pelos resultados deste estudo, aparentemente, a alta variação fenotípica da concha é uma característica compartilhada pelos dois grupos, sendo mais acentuada no grupo “A”, no entanto não foram analisadas diversas características de forma e coloração, assim como da parte mole dos animais. Alta plasticidade fenotípica também é relatada para a espécie, com mudanças de tamanho da probóscide conforme mudanças no tipo de alimento (Watanabe e Young, 2006).

As diferenças entre o período I e II de coleta indicam uma variação temporal na diferenciação populacional, provavelmente resultante de uma dinâmica populacional de recolonizações e mudanças do ambiente. Watanabe e Young (2006) observaram que os indivíduos de *S. haemastoma* habitando na superfície de construções arenosas de poliquetos, apesar de terem uma alimentação privilegiada, desaparecem antes de reproduzirem, provavelmente perecendo antes da maturidade sexual.

As comparações entre os grupos genéticos “A” e “B” nos locais onde ambos estavam presentes indicam que, em sua maioria, os grupos não diferem significativamente nas medidas tomadas. As exceções foram SS2 e RJinfra no período I de coleta, sendo que o mesmo não ocorreu nestes locais no segundo período, indicando que a diferenciação no primeiro período pode ser resultante de um evento sazonal como o recrutamento.

Unindo os animais das diferentes populações e comparando somente os grupos A e B e os períodos de coleta (comparações entre IA, IB, IIA e IIB), sempre há alguma diferenciação significativa. Nas comparações par-a-par fica evidente que muitas das diferenças são entre os períodos de coleta no mesmo grupo genético, não havendo nenhuma indicação de algum padrão de diferenciação entre os grupos genéticos em nenhuma medida e indicando uma variação temporal das medidas, embora sem um padrão fixo.

Em seguida foi feita a análise de componentes principais. Inicialmente todas as populações nos grupos genéticos, foram comparadas para cada período de coleta. A transformação dos dados mostrou-se bastante eficaz nos dois casos. Nos períodos de coleta notam-se que os indivíduos das mesmas amostras tendem a ficar agrupados na grande maioria dos casos. Nos mesmos diagramas, com a distinção somente entre os grupos genéticos A e B, nota-se na componente dois uma leve distinção entre estes grupos, porém ainda com uma grande sobreposição. A componente um não apresenta nenhuma diferenciação em ambos os períodos.

Nas análises de Kruskal-Wallis dos valores de *loadings* das componentes, os testes indicaram a presença de população(ões) diferenciada(s) nas duas componentes dos dois períodos. Tal resultado era esperado tendo em vista os resultados das análises anteriores e não diz muito com relação a possíveis diferenças entre os grupos genéticos.

As comparações par-a-par pelo teste de Mann-Whitney corrigido segundo Bonferroni levam a um resultado mais interessante. A proporção de resultados significativos na componente **dois** nas comparações entre populações do grupo A com populações do grupo B (AxB) é maior que nas demais comparações (AxA e BxB) nos dois períodos de coleta. Comparando estas proporções através de testes exatos de Fisher par-a-par corrigidos por Bonferroni, temos diferenças significativas no **segundo** período, onde a proporção de resultados significativos nas comparações AxB é superior a proporção nas comparações AxA e BxB (AxA comparado com AxB, $p < 0,001$; BxB comparado com AxB, $p = 0,003$; AxA comparado com BxB, $p = 1,000$; valores corrigidos segundo Bonferroni). O **primeiro** período de coleta não apresentou resultados significativos neste aspecto (AxA comparado com AxB, $p = 0,112$; BxB comparado com AxB, $p = 0,171$; AxA comparado com BxB, $p = 1,000$; valores após a correção de Bonferroni). Apesar disso, a correção de Bonferroni é bastante discutida (revisto por Nakagawa, 2004) e os dados indicam uma tendência geral de maior diferenciação entre os grupos do que dentro dos mesmos **na componente dois**.

Os resultados da componente **dois** estão de acordo com o que pode ser observado nos diagramas de dispersão das componentes principais dos dois períodos onde há alguma distinção entre indivíduos do grupo genético A e do grupo genético B, apesar de ainda haver grande sobreposição. Nessa mesma componente (**dois**), as populações dos grupos A e B quando comparadas com outras do mesmo grupo mostraram-se relativamente homogêneas, com um número baixo de diferenciações significativas.

A componente **um**, no primeiro período de coleta mostrou heterogeneidade entre as amostras em todas as comparações efetuadas, com diversas comparações significativas e sem diferenças significativas na proporção de resultados significativos por tipo de comparação (AxA, BxB e AxB), apontando para a grande variação entre os pontos de coleta também observada nas análises medida por medida. Já no segundo período esta heterogeneidade também é observada, exceto no grupo genético B, onde todas as amostras foram homogêneas sendo a proporção de resultados significativos significativamente diferente em somente um dos casos (AxA comparado com BxB, $p=0,038$; BxB comparado com AxB, $p=0,193$; AxB comparado com AxA, $p=0,526$; valores corrigidos segundo Bonferroni). A componente **um** representou principalmente a variação encontrada entre as amostras do mesmo grupo genético, já notada nas análises prévias, com exceção do grupo genético B no segundo período.

Apesar do grupo B apresentar maior homogeneidade nas análises univariadas e na componente 1 no segundo período, vale ressaltar que as comparações par-a-par por Mann-Whitney foram todas corrigidas por Bonferroni. Essa correção é considerada bastante rigorosa (Nakagawa, 2004) e tende a reduzir o número de valores significativos, tornando difícil discutir homogeneidade entre as amostras.

Desta forma, esta análise revelou uma sutil diferenciação na componente 2, sendo importante frisar que esta componente representa somente 2,88% da variação encontrada no período I e 2,66% no período II, fazendo dessa diferenciação algo mínimo em relação aos dados utilizados neste estudo.

Nas análises localidade por localidade, a variação das medidas de todos os pontos foram bem representadas pelas PCAs. Búzios obteve a menor representação da variação na componente 1, com aproximadamente 80% da variação, no entanto a componente 2 desta

localidade representou mais de 10% da variação encontrada, representando juntas pouco mais de 90% da variação total.

As comparações localidade por localidade não demonstraram diferenciação entre os grupos genéticos, em devido à presença majoritária de um dos grupos em cada localidade, inviabilizando as comparações estatísticas. As comparações possíveis foram inconclusivas, com diferenças significativas no mesmo grupo entre os períodos de coleta e, no geral, menor diferenciação dos animais coletados no mesmo período em relação às diferenças entre períodos de coleta. As diferenças entre estes, se presentes nas medidas tomadas, são muito sutis.

Na análise sem distinção entre as populações, onde foram comparados os grupos genéticos e os períodos de coleta, não houve diferenciação entre os grupos genéticos e períodos de coleta na componente um. Na componente dois no entanto há diferenciação significativa entre todas as amostras exceto entre IA e IIB, pertencentes a grupos genéticos distintos. Isso mostra que a distinção entre os períodos de coleta provavelmente sobreposição-se às diferenças entre os grupos genéticos.

A diferenciação entre os grupos genéticos também é significativa nessa componente quando não há distinção entre os períodos de coleta. No entanto a sobreposição ainda é grande e a componente dois representa uma parcela mínima da variação. A ausência de diferenciação entre IA e IIB nesta componente e a diferenciação significativa entre os períodos de coleta no mesmo grupo genético compromete a diferenciação dos grupos nessa componente.

Com relação às medidas utilizadas, pode se dizer que os grupos genéticos A e B, apesar de uma mínima diferenciação, são crípticos. A elevada variação descrita para a espécie é compartilhada pelos dois grupos não sendo resultado da junção destes.

A variação de forma entre localidades encontrada nos dois grupos já era esperada para a espécie. Em muitos gastrópodes há variação e plasticidade fenotípica de diversas características,

induzida por fatores ambientais. Variação no formato da concha pode ser induzida pela presença de predadores, exposição às ondas, há também variação na coloração por influências ambientais entre outras (Hughes e Elner, 1979; Butler, 1985; Appleton e Palmer, 1988; Palmer, 1990; Kool, 1993; Rolán et al, 2004).

A alta variação em diversas espécies de moluscos indica que existem pressões seletivas no nível populacional influenciando características físicas dos animais. Estas mesmas pressões, por serem fortes o bastante a ponto de influenciar populações locais, podem induzir a convergência de características das espécies (Kool, 1993).

Em *Nucella lapilus*, os morfos encontrados apresentam diferenciação de tamanho, forma e cor, apesar da maior proximidade genética (Rolán et al, 2004); em *Littorina saxatilis* as diferenças morfológicas também são características, existindo estágios intermediários (Johannesson et al, 2003). Estas diferenças exemplificadas estão associadas a causas genéticas e também a causas ambientais, devido a diferentes micro-habitats, característica que não foi encontrada para os grupos de *S. haemastoma* deste estudo. Animais com desenvolvimento direto possuem em geral características mais especializadas ao seu ambiente, enquanto aqueles com larva planctônica são mais generalistas e podem apresentar uma maior uniformidade (Janson, 1987).

Mais estudos da morfologia de *S. haemastoma* são necessários para encontrar uma possível diferença entre os dois grupos genéticos; esta diferenciação parece detectável, uma vez que há ligeira diferenciação na componente dois deste estudo. Uma abordagem utilizando características anatômicas e morfometria geométrica poderia ser interessante. Estudos comportamentais, sobretudo do recrutamento seriam de grande auxílio na compreensão desta espécie, apesar da grande dificuldade na realização deste tipo de estudo.

Considerações finais:

As análises morfométricas mostraram a presença de uma grande variação fenotípica nos dois grupos genéticos, menos acentuada no grupo B. Esta alta variabilidade fenotípica já era descrita para a espécie (Magalhães, 1988).

Quando analisados como um todo, os grupos mostraram uma sutil diferenciação na componente 2 das análise de PCAs, no entanto ainda há grande sobreposição entre os grupos genéticos e tal componente representa menos de 3% da variação. Assim não se pode dizer que há alguma diferença entre os grupos, mas sim uma ligeira tendência a diferenciação.

As comparações feitas localidade por localidade não mostram esta tendência tanto nas análises de componente principal, como nas análises medida por medida. Quando presente, tal diferenciação ocorria em geral somente um dos períodos de coleta.

Nas comparações entre os grupos sem separação nas populações, muitas diferenças entre períodos de coleta são observadas, sobretudo na componente dois.

Tendo em vista a diferenciação mínima encontrada entre os grupos genéticos, é possível afirmar que, baseando-se em características básicas da concha, os grupos genéticos A e B são crípticos.

Uma pesquisa morfológica mais aprofundada, com uso de características anatômicas e morfometria geométrica podem ser de grande utilidade na separação dos dois grupos genéticos, assim como um estudo do recrutamento larval e reconhecimento químico.

Literatura citada:

- APPLETON, R.D., PALMER, A.R.; 1988. Water-bone stimuli released by predatory crabs and damaged prey induce more predator-resistant shells in a marine gastropod. **Proceedings of the National Academy of Science USA**, **85**: 4387-4391.
- ABSALÃO, R.S., SILVA, P.H.A., PAULA, T.S.; 2005. Shell morphometrics in four species of Gadilidae (Mollusca, Scaphopoda) in southwestern Atlantic ocean, Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, **22**: 175-179.
- ADAMS, D.C., ROHLF, F.J., SLICE, D.E.; 2004. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. **Italian journal of zoology**, **71**: 5-16.
- AIROLDI, J. & FLURY, B. K. 1988 Na application of common principal componet analysis to cranial morphometry of *Microtus californicus* and *M. ochrogaster* (Mammalia, Rodentia). **Journal of Zoology (London)** **216**: 21-36.
- AYRES, M., AYRES JR., M., AYRES, D.L., SANTOS, A.A.S.; 2007. BioEstat, aplicações estatísticas nas áreas das ciências bio-médicas. Belém, Brasil.
- BUTLER, P.A.; 1985. Synoptic review of the literature on the southern oyster drill *Thais haemastoma floridana*. **NOAA Technical Report** , NMFS 35, 12pp.
- HAMMER, Ø., HARPER, D. A. T., RYAN, P. D. 2001. PAST: Palaeontological Statistics software package for education and date analysis. **Paleontologia Eletrônica** **4**(1):9.
- HUGHES, R.N., ELNER, R.W.; 1980. Tactics of predator, *Carcinus maenas*, and morphological responses of the prey, *Nucella lapillus*. **Journal of Animal Ecology**, **30**: 245-256.
- JANSON, K.; 1987. Allozyme and shell variation in two marine snails (*Littorina*, Prosobranchia) with different dispersal abilities. **Biological Journal of the Linnaen Society**, **30**: 245-256.
- JOHANNESSON, K.; JOHANNESSON, B.; ROLÁN-ALVAREZ, E. 1993. Morphological differentiation and genetic cohesiveness over a microenvironmental gradient in the marine snail *Littorina saxatilis*. **Evolution** **47**(6):1770-1787
- JOHANNESSON, K., LUNDBERG, J., ANDRÉ, C. e NILSON, P.G.; 2003. Island isolation and habitat heterogeneity correlate with DNA variation in marine snail (*Littorina saxatilis*). **Biological Journal of the Linnean Society**, **82**: 377-384.
- JOHNSTON, M . R., R. E. TOBACHNICKA, ND F. L. BOOKSTEIN. 1991. Landmark-based morphometrics of spiral accretionary growth. **Paleobiology** **17**:19-36.

- JOLICOEUR, P. 1963. The multivariate generalization of the allometry equation. **Biometrics** **19**: 497-499.
- KOOL, S.P., 1987. Significance of radular characters for reconstruction of thaidid phylogeny (Neogastropoda: Muricacea). **The Nautilus**, **101**: 117-131.
- KOOL, S.P., 1993. Phylogenetic Analysis of the Rapaninae (Neogastropoda: Muricidae). **Malacologia**, **35 (2)**: 155-259.
- KILGOUR, B.W., LYNN, D.H., MACKIE, G.L.; 1990. Use of shell morphometric data to aid classification of *Pisidium* (Bivalvia: Sphaeridae). **American Malacological Bulletin**, **7**: 109-116.
- LIU, L.L., FOLTZ, D.W. e STICKLE, W.B., 1991. Genetic population structure of the southern oyster drill *Stramonita (=Thais) haemastoma*. **Marine Biology** **111**: 71-79.
- MAGALHÃES, C. A., 1988. Padrões de variação morfológica em *Thais haemastoma* L., 1767 (Gastropoda: Prosobranchia). Dissertação de Mestrado. Instituto de Biologia. Universidade Estadual de Campinas, 107p.
- MANLY, B. F. J. 2005. Multivariate statistical methods: a primer. Third Edition Chapman and Hall, London. 214p.
- NAKAGAWA, S., 2004. A farewell to Bonferroni: the problems of low statistical power and publication bias. **Behavioral Ecology**, **15**: 1044-1045.
- PALMER, A.R.; 1990. Effect of crab effluent and scent of damaged conspecifics on feeding, growth, and Shell morphology of the Atlantic dogwhelk *Nucella lapillus* (L.). **Hydrobiologia**, **193**: 155-182.
- RICHTSMEIER, J.T., DELEON, V.B., LELE, S.R.; 2002. The promise of geometric morphometrics. **Yearbook of Physical Anthropology**, **45**: 63-91.
- RINTELEN, T.V., GLAUBRECHT, M.; 2003. New discoveries in old lakes: three new species of *Tylomelania*: Sarasin & Sarasin, 1897 (Gastropoda: cerithioidea: pachychilidae) from the malili lake system on sulawesi, indonésia. **Journal of Molluscan Studies**, **69**: 3-17.
- ROLÁN, E., GUERRA-VARELA, J., COLSON, I., HUGHES, R.N. e ROLÁN-ALVAREZ, E.; 2004. Morphological and genetic analysis of two sympatric morphs of the dogwhelk *Nucella lapillus* (Gastropoda: Muricidae) from Galicia (Northwestern Spain). **Journal of Molluscan Studies**, **70**: 179-185.
- ROHLF, F.J., MARCUS, L.F.; 1993. A revolution in morphometrics. **TREE**, **8**: 129-132.
- STONE, J.R.; 1998. Landmark-based thin-plate spline relative warp analysis of gastropod shells. **Systematic Biology**, **47**: 254-263.

- TISSOT, B. N. 1988. Multivariate analysis. Pp 35-51 in M. L. McKinney, ed. *Heterochrony Evolution: a Multidisciplinary Approach*. Plenum Press, NY.
- VERMEIJ, G.J., 2001. Distribution, history, and taxonomy of the Thais clade (Gastropoda: muricidae) in the neogene of tropical America. **Journal of Paleontology**, **75(3)**: 697-705
- WATANABE, J.T. e YOUNG, C.M., 2006. Feeding habits and phenotypic changes in proboscis length in the southern oyster drill, *Stramonita haemastoma* (Gastropoda: Muricidae), on Florida sabellariid worm reefs. **Marine Biology** **148(5)**: 1021-1029.
- WULLSCHLEGER, E.B., JOKELA, J.; 2002. Morphological plasticity and divergence in life-history traits between two closely related freshwater snails, *Lymnaea ovata* and *Lymnaea peregra*. **Journal of Molluscan Studies**, **68**: 1-5.

Considerações Gerais:

- Os resultados indicam uma clara divisão da espécie em dois grupos geneticamente distintos, com distâncias comparáveis às de espécies cogenéricas. Possivelmente algum fluxo gênico existe entre estes, mas, limitado por algum mecanismo de isolamento reprodutivo. O compartilhamento de alguns alelos, em baixa frequência nos locos utilizados na distinção dos grupos, também pode indicar separação recente.

- Com exceção da estruturação genética moderada no grupo B, os dois grupos apresentaram as características esperadas para a espécie, com baixa estruturação genética (somente no grupo A), alguma deficiência de heterozigotos e variabilidade genética moderadamente alta. Esta maior estruturação no grupo B indica possíveis diferenças entre os grupos no desenvolvimento larval e/ou recrutamento.

- A distribuição dos grupos genéticos pode indicar uma preferência por micro-habitats diferentes em cada grupo, mas ainda com grande similaridade, além de uma dinâmica intensa com diversos eventos de recolonização. O recrutamento das larvas é provavelmente mais complexo do que uma mera distribuição aleatória.

- A presença de dois grupos genéticos revela uma complexidade taxonômica maior do que a descrita porém já esperada por alguns autores.

- Morfologicamente, os dois grupos genéticos apresentaram grande variação fenotípica, sobretudo entre localidades. Esta variação foi um pouco menos acentuada no grupo B.

- Há uma ligeira tendência à diferenciação morfológica entre os grupos genéticos. No entanto esta diferenciação é mínima, sobretudo entre animais da mesma localidade, não sendo possível distinguir os grupos genéticos a partir das medidas tomadas da concha.

- Os dados indicam os grupos genéticos A e B possuem características típicas de espécies cogenéricas crípticas. Apesar do possível fluxo gênico entre os grupos tal distinção se mantém. A partir das características encontradas, mais estudos são necessários para uma melhor compreensão da taxonomia do que pode ser chamado de complexo *Stramonita haemastoma*.

Apêndice I:

Neste apêndice estão inclusas as tabelas de frequência alélicas e números amostrais obtidas no estudo isoenzimático de *S. haemastoma* em cada uma das localidades amostradas (tabelas I.1x a I.10), os locais onde houve divisão entre mediolitoral inferior e superior foram tratados como pontos de coleta distintos. Os locos que foram completamente monomórficos estão agrupados na tabela I.11 onde estão indicados os números amostrais de cada localidade.

Em seguida estão as tabelas das comparações significativas das frequências gênicas entre as localidades realizada pelo teste exato (tabelas I.12 a I.19).

Após isso estão os resultados do teste de desequilíbrio de ligação por localidade sem a distinção dos grupos genéticos (tabelas I.20 e I.21).

E por último está a matriz de distâncias genéticas par-a-par entre as populações dos dois períodos de coleta (tabela I.22) utilizada para produzir o UPGMA do capítulo I (figura II).

Tabela I.1: Frequências alélicas do loco Idh-2 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Pgi		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
	(N)	10	22	20	5	28	19	8	31	14	23	11	22
	3	----	1,00	----	1,00	----	----	----	----	----	----	1,00	1,00
	4	1,00	----	1,00	----	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	----	----
	5	----	----	----	----	0,02	----	----	----	----	----	----	----
	Hexp	----	----	----	----	0,04	----	----	----	----	----	----	----
	Hobs	----	----	----	----	0,04	----	----	----	----	----	----	----
Pop Pgi		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
	(N)	27	28	6	27	28	8	24	24	15	4	24	
	3	----	----	1,00	----	----	1,00	----	----	1,00	1,00	1,00	
	4	1,00	1,00	----	1,00	1,00	----	1,00	1,00	----	----	----	
	5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	Hexp	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	Hobs	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
Pop Pgi		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
	(N)	15	32	7	13	19	17	14	7	11	3		
	3	----	----	----	0,92	1,00	----	1,00	----	1,00	1,00		
	4	1,00	1,00	1,00	0,08	----	1,00	----	1,00	----	----		
	5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	Hexp	----	----	----	0,14	----	----	----	----	----	----		
	Hobs	----	----	----	0,15	----	----	----	----	----	----		

Tabela I.2: Frequências alélicas do loco Pgm-1 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Pgm-1		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
(N)		21	29	29	8	39	29	26	36	18	25	12	23
2		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,17	----
3		----	1,00	----	1,00	----	----	----	----	----	----	0,83	0,98
4		0,98	----	1,00	----	0,99	1,00	1,00	1,00	0,97	0,96	----	----
5		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
6		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
7		0,02	----	----	----	0,01	----	----	----	0,03	0,04	----	0,02
Hexp		0,05	----	----	----	0,03	----	----	----	0,05	0,08	0,28	0,04
Hobs		0,05	----	----	----	0,03	----	----	----	0,06	0,08	----	0,04

Pop Pgm-1		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II
(N)		24	31	8	22	32	9	18	28	11	19	25
2		----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,03	----
3		----	----	1,00	----	----	1,00	----	----	0,95	0,92	1,00
4		0,98	1,00	----	1,00	1,00	----	1,00	1,00	----	----	----
5		----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,03	----
6		----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,03	----
7		0,02	----	----	----	----	----	----	----	0,05	----	----
Hexp		0,04	----	----	----	----	----	----	----	0,09	0,15	----
Hobs		0,04	----	----	----	----	----	----	----	0,09	0,11	----

Pop Pgm-1		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II
(N)		24	34	9	19	28	18	20	12	21	8
2		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
3		----	----	----	0,74	1,00	----	1,00	----	0,93	1,00
4		0,98	1,00	1,00	----	----	1,00	----	0,96	----	----
5		----	----	----	----	----	----	----	0,04	0,02	----
6		----	----	----	----	----	----	----	----	0,02	----
7		0,02	----	----	0,26	----	----	----	----	0,02	----
Hexp		0,04	----	----	0,39	----	----	----	0,08	0,14	----
Hobs		0,04	----	----	----	----	----	----	0,08	0,14	----

Tabela I.3: Frequências alélicas do loco Pgm-2 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
Pgm-2													
	(N)	21	34	27	7	41	29	26	36	19	25	13	23
	4	1,00	----	1,00	----	1,00	1,00	1,00	1,00	0,95	1,00	----	----
	5	----	0,76	----	1,00	----	----	----	----	0,05	----	0,73	1,00
	6	----	0,24	----	----	----	----	----	----	----	----	0,27	----
	Hexp	----	0,36	----	----	----	----	----	----	0,10	----	0,39	----
	Hobs	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,08	----
Pop		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
Pgm-2													
	(N)	26	31	9	25	32	11	18	28	11	20	28	
	4	1,00	1,00	----	1,00	1,00	----	1,00	1,00	----	----	----	
	5	----	----	1,00	----	----	1,00	----	----	1,00	0,50	1,00	
	6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,50	----	
	Hexp	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,50	----	
	Hobs	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,10	----	
Pop		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
Pgm-2													
	(N)	27	36	9	14	24	20	15	12	22	5		
	4	1,00	1,00	1,00	----	0,02	1,00	----	1,00	----	----		
	5	----	----	----	0,96	0,98	----	0,97	----	0,61	1,00		
	6	----	----	----	0,04	----	----	0,03	----	0,39	----		
	Hexp	----	----	----	0,07	0,04	----	0,06	----	0,47	----		
	Hobs	----	----	----	0,07	0,04	----	0,07	----	0,05	----		

Tabela I.4: Frequências alélicas do loco Idh-2 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Idh-2		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
(N)		19	31	29	8	37	29	21	36	23	25	13	23
1		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
2		----	----	0,02	0,25	----	0,03	0,02	----	----	0,04	0,12	0,11
3		0,08	0,37	0,05	0,25	0,07	0,03	----	0,04	----	0,04	0,35	0,35
4		0,89	0,60	0,88	0,50	0,92	0,93	0,98	0,96	1,00	0,92	0,46	0,54
5		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
6		----	0,02	0,05	----	0,01	----	----	----	----	----	0,08	----
7		0,03	0,02	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
Hexp		0,19	0,51	0,22	0,63	0,15	0,13	0,05	0,08	----	0,15	0,65	0,57
Hobs		0,05	0,32	0,24	0,75	0,16	0,07	0,05	0,03	----	0,12	0,15	0,43

Pop Idh-2		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II
(N)		31	32	7	29	33	11	23	30	14	20	29
1		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
2		----	----	0,21	----	----	----	----	0,02	----	0,10	0,16
3		0,02	0,03	0,36	0,03	0,03	0,59	----	0,02	0,32	0,50	0,47
4		0,98	0,97	0,36	0,97	0,97	0,41	1,00	0,97	0,61	0,38	0,38
5		----	----	0,07	----	----	----	----	----	----	----	----
6		----	----	----	----	----	----	----	----	0,07	0,03	----
7		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
Hexp		0,03	0,06	0,69	0,07	0,06	0,48	----	0,07	0,52	0,60	0,62
Hobs		0,03	----	0,43	0,07	----	0,27	----	0,07	0,21	0,35	0,34

Pop Idh-2		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II
(N)		28	34	11	18	26	20	21	11	21	8
1		----	----	0,09	0,08	0,04	----	0,07	----	0,02	0,06
2		----	----	----	0,19	0,06	0,10	----	----	0,02	0,38
3		0,04	0,01	0,09	0,17	0,31	----	0,19	----	0,50	0,25
4		0,93	0,99	0,77	0,53	0,54	0,83	0,62	1,00	0,43	0,31
5		----	----	----	----	----	----	0,02	----	----	----
6		0,04	----	0,05	0,03	0,06	0,03	0,10	----	----	----
7		----	----	----	----	----	0,05	----	----	0,02	----
Hexp		0,14	0,03	0,38	0,65	0,61	0,31	0,57	----	0,56	0,70
Hobs		0,14	0,03	0,27	0,28	0,35	0,25	0,38	----	0,33	0,38

Tabela I.5: Frequências alélicas do loco Mdh em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Mdh		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
	(N)	17	32	30	8	39	29	18	33	21	25	16	23
	3	0,44	0,88	0,57	1,00	0,50	0,38	0,50	0,39	0,62	0,68	0,84	1,00
	4	0,56	0,13	0,43	----	0,50	0,62	0,50	0,59	0,38	0,32	0,16	----
	7	----	----	----	----	----	----	----	0,02	----	----	----	----
	Hexp	0,49	0,22	0,49	----	0,50	0,47	0,50	0,50	0,47	0,44	0,26	----
	Hobs	0,18	0,19	0,33	----	0,28	0,41	0,22	0,45	0,29	0,56	0,06	----
Pop Mdh		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
	(N)	26	31	9	25	32	9	22	30	11	21	30	
	3	0,42	0,48	0,83	0,56	0,48	0,94	0,48	0,43	0,82	0,88	1,00	
	4	0,58	0,52	0,17	0,44	0,52	0,06	0,52	0,57	0,18	0,12	----	
	7	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	Hexp	0,49	0,50	0,28	0,49	0,50	0,10	0,50	0,49	0,30	0,21	----	
	Hobs	0,38	0,45	0,11	0,48	0,41	0,11	0,50	0,40	0,18	0,05	----	
Pop Mdh		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
	(N)	27	37	10	21	30	18	20	12	18	6		
	3	0,41	0,46	0,75	1,00	1,00	0,47	0,93	0,29	0,92	0,75		
	4	0,59	0,54	0,25	----	----	0,53	0,08	0,71	0,08	0,25		
	7	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	Hexp	0,48	0,50	0,38	----	----	0,50	0,14	0,41	0,15	0,38		
	Hobs	0,07	0,43	0,30	----	----	0,50	0,15	0,58	0,06	0,17		

Tabela I.6: Frequências alélicas do loco Lap-2 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Lap-2		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
(N)		11	20	27	6	27	24	8	30	19	13	16	18
1		0,05	----	----	----	0,04	----	----	----	----	----	----	----
2		0,14	0,13	0,24	----	0,26	0,21	----	0,08	0,26	0,42	0,03	----
3		0,09	0,15	0,37	----	0,28	0,25	0,56	0,25	0,42	0,19	0,03	0,06
4		0,73	0,73	0,33	0,58	0,37	0,46	0,44	0,52	0,32	0,31	0,69	0,94
5		----	----	0,06	0,42	0,06	0,08	----	0,07	----	0,08	0,25	----
6		----	----	----	----	----	----	----	0,02	----	----	----	----
8		----	----	----	----	----	----	----	0,07	----	----	----	----
Hexp		0,44	0,44	0,69	0,49	0,71	0,68	0,49	0,65	0,65	0,68	0,46	0,10
Hobs		0,18	0,05	0,44	0,50	0,30	0,38	0,13	0,37	0,21	0,46	0,25	----

Pop Lap-2		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II
(N)		13	23	7	15	25	8	10	23	8	13	26
1		0,04	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
2		0,15	0,30	----	0,20	0,20	----	0,15	0,09	----	----	0,02
3		0,31	0,33	0,07	0,10	0,26	----	0,45	0,33	----	0,08	----
4		0,50	0,37	0,93	0,67	0,46	0,75	0,40	0,54	0,88	0,92	0,94
5		----	----	----	0,03	0,08	0,25	----	0,04	0,13	----	0,04
6		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
8		----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
Hexp		0,63	0,66	0,13	0,50	0,67	0,38	0,62	0,59	0,22	0,14	0,11
Hobs		0,15	0,35	0,14	0,07	0,24	----	0,40	0,13	----	0,15	0,04

Pop Lap-2		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II
(N)		14	19	5	9	18	15	14	10	17	6
1		0,14	----	----	----	----	----	----	----	----	----
2		0,21	0,21	0,50	----	----	0,27	0,07	0,15	----	----
3		0,32	0,16	0,20	----	----	0,30	0,11	0,65	0,09	0,17
4		0,29	0,39	0,30	0,78	0,78	0,20	0,82	0,20	0,79	0,83
5		0,04	----	----	0,22	0,19	0,23	----	----	0,12	----
6		----	----	----	----	0,03	----	----	----	----	----
8		----	0,24	----	----	----	----	----	----	----	----
Hexp		0,75	0,72	0,62	0,35	0,36	0,74	0,31	0,52	0,35	0,28
Hobs		0,07	0,21	0,20	----	0,11	0,27	0,21	0,10	0,06	----

Tabela I.7: Frequências alélicas do loco Lap-3 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Lap-3		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
	(N)	8	11	7	0	10	6	5	28	10	14	3	13
	3	----	0,05	----	----	----	----	----	----	----	0,04	----	0,04
	4	1,00	0,68	1,00	----	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,96	0,67	0,96
	5	----	0,23	----	----	----	----	----	----	----	----	0,33	----
	6	----	0,05	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
	Hexp	----	0,48	----	----	----	----	----	----	----	0,07	0,44	0,07
	Hobs	----	0,18	----	----	----	----	----	----	----	0,07	----	0,08
Pop Lap-3		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
	(N)	12	27	8	18	26	7	14	24	8	6	2	
	3	----	----	----	----	----	----	----	0,02	----	----	----	
	4	0,96	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	0,67	0,75	
	5	0,04	----	----	----	----	----	----	----	----	0,33	0,25	
	6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	Hexp	0,08	----	----	----	----	----	----	0,04	----	0,44	0,38	
	Hobs	0,08	----	----	----	----	----	----	0,04	----	----	0,50	
Pop Lap-3		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
	(N)	16	4	2	12	14	13	10	1	7	0		
	3	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	4	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	1,00	----		
	5	----	----	----	----	----	----	----	0,50	----	----		
	6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	Hexp	----	----	----	----	----	----	----	0,50	----	----		
	Hobs	----	----	----	----	----	----	----	1,00	----	----		

Tabela I.8: Frequências alélicas do loco Pep-LGG-1 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Pep- LGG-1		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
	(N)	14	26	19	6	23	19	3	32	17	20	11	18
	2	----	----	----	----	0,02	----	----	----	----	----	----	----
	3	0,07	----	----	----	0,09	----	----	----	0,03	----	0,09	----
	4	0,93	1,00	1,00	1,00	0,89	1,00	1,00	1,00	0,97	1,00	0,86	1,00
	5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,05	----
	6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
	Hexp	0,13	----	----	----	0,20	----	----	----	0,06	----	0,24	----
	Hobs	----	----	----	----	0,13	----	----	----	0,06	----	0,09	----
Pop Pep- LGG-1		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
	(N)	30	32	7	29	29	10	21	29	15	15	23	
	2	----	0,02	----	0,03	0,05	----	----	----	----	----	----	
	3	0,08	----	0,14	0,02	0,03	----	0,02	0,03	----	----	0,09	
	4	0,92	0,98	0,86	0,95	0,91	1,00	0,98	0,97	1,00	0,87	0,91	
	5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,13	----	
	6	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	Hexp	0,15	0,03	0,24	0,10	0,16	----	0,05	0,07	----	0,23	0,16	
	Hobs	0,10	0,03	----	0,10	0,17	----	0,05	0,07	----	----	0,09	
Pop Pep- LGG-1		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
	(N)	21	34	6	11	19	11	7	10	7	5		
	2	----	----	----	----	----	0,05	----	----	----	0,20		
	3	----	0,01	----	----	0,05	0,05	----	----	----	----		
	4	1,00	0,99	0,92	0,91	0,95	0,91	0,79	1,00	1,00	0,80		
	5	----	----	----	----	----	----	0,21	----	----	----		
	6	----	----	0,08	0,09	----	----	----	----	----	----		
	Hexp	----	0,03	0,15	0,17	0,10	0,17	0,34	----	----	0,32		
	Hobs	----	0,03	0,17	0,18	0,11	0,18	0,43	----	----	----		

Tabela I.9: Frequências alélicas do loco Pep-LGG-3 em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop Pep- LGG-3		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
	(N)	11	18	10	2	22	13	13	24	12	16	10	15
	1	0,05	0,06	----	----	----	----	----	----	0,04	----	----	----
	2	0,23	0,25	----	----	----	----	0,04	----	0,04	----	0,15	----
	3	0,14	0,14	0,20	----	0,07	----	0,08	0,02	0,04	0,06	0,50	----
	4	0,45	0,56	0,70	1,00	0,84	0,88	0,81	0,98	0,79	0,81	0,30	0,93
	5	0,14	----	0,10	----	0,09	0,12	0,08	----	0,08	0,13	0,05	0,07
	Hexp	0,70	0,61	0,46	----	0,28	0,20	0,33	0,04	0,36	0,32	0,64	0,12
	Hobs	0,45	0,11	----	----	0,14	0,08	0,08	0,04	0,17	0,13	0,10	0,13
Pop Pep- LGG-3		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
	(N)	16	13	6	12	18	9	17	19	4	6	26	
	1	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
	2	0,03	0,15	----	----	----	0,06	----	----	0,25	0,08	----	
	3	0,03	----	----	0,04	0,03	0,17	0,06	----	----	----	0,13	
	4	0,94	0,81	1,00	0,92	0,83	0,56	0,91	0,82	0,75	0,75	0,87	
	5	----	0,04	----	0,04	0,14	0,22	0,03	0,18	----	0,17	----	
	Hexp	0,12	0,32	----	0,16	0,29	0,61	0,16	0,30	0,38	0,40	0,23	
	Hobs	0,13	0,08	----	0,08	0,06	0,11	0,18	0,16	----	0,17	0,12	
Pop Pep- LGG-3		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
	(N)	13	22	2	13	13	11	5	6	13	3		
	1	0,08	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	2	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	3	0,08	0,05	----	0,15	0,23	----	0,20	0,08	0,23	0,33		
	4	0,73	0,84	1,00	0,65	0,77	1,00	0,60	0,92	0,77	0,67		
	5	0,12	0,11	----	0,19	----	----	0,20	----	----	----		
	Hexp	0,44	0,28	----	0,51	0,36	----	0,56	0,15	0,36	0,44		
	Hobs	0,08	0,05	----	0,31	0,15	----	----	0,17	----	----		

Tabela I.10: Frequências alélicas do loco Mpi em todas as populações nos dois tempos de coleta, grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
Mpi	(N)	18	31	31	8	35	29	21	36	20	25	13	23
	2	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
	4	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	0,99	1,00	1,00	0,92	0,96
	5	----	----	----	----	----	0,02	----	0,01	----	----	0,08	0,04
	7	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----
	Hexp	----	----	----	----	----	0,03	----	0,03	----	----	0,14	0,08
	Hobs	----	----	----	----	----	0,03	----	0,03	----	----	0,15	0,09
Pop		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II	
Mpi	(N)	30	32	9	27	31	11	22	30	12	16	30	
	2	----	----	----	----	----	----	0,02	----	----	----	----	
	4	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00	0,94	0,98	
	5	----	----	----	----	----	----	----	----	----	0,06	0,02	
	7	----	----	----	0,02	----	----	----	----	----	----	----	
	Hexp	----	----	----	0,04	----	----	0,04	----	----	0,12	0,03	
	Hobs	----	----	----	0,04	----	----	0,05	----	----	0,13	0,03	
Pop		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II		
Mpi	(N)	15	38	9	14	30	19	21	12	21	7		
	2	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	4	1,00	1,00	1,00	0,89	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00		
	5	----	----	----	0,11	----	----	----	----	----	----		
	7	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----		
	Hexp	----	----	----	0,19	----	----	----	----	----	----		
	Hobs	----	----	----	0,21	----	----	----	----	----	----		

Tabela I.11: Números amostrais dos locos Idh-1, Got, Est-1 e Est-2, que foram monomórficos, em todas as populações nos dois tempos de coleta. grupo genético A em preto, grupo genético B em cinza.

Pop		SFA I	SF B I	SF A II	SF B II	SVinfA I	SVinf A II	SVsup A I	SVsup A II	IBA I	IB A II	IB B I	IB B II
Idh-1	(n)	19	32	31	8	40	29	26	36	23	25	16	23
Got	(n)	9	21	31	8	36	29	19	36	15	25	12	23
Est-1	(n)	16	33	31	8	37	29	26	36	21	25	12	23
Est-2	(n)	16	33	31	8	37	29	26	36	21	25	12	23

Pop		SS1infA I	SS1inf A II	SS1inf B II	SS1sup A I	SS1sup A II	SS1sup B II	SS2 A I	SS2 A II	SS2 B I	Par B I	Par B II
Idh-1	(n)	31	32	8	29	33	11	23	30	15	22	30
Got	(n)	26	32	9	25	33	11	19	30	12	15	30
Est-1	(n)	31	32	9	29	33	11	24	30	15	13	25
Est-2	(n)	31	32	9	29	33	11	24	30	15	13	25

Pop		AngA I	Ang A II	RJinfA I	RJinf B I	RJinf B II	RJsup A I	RJ sup B II	Búzios A II	Búzios B I	Búzios B II
Idh-1	(n)	31	38	11	21	30	22	21	12	21	8
Got	(n)	23	38	10	16	30	16	21	10	17	6
Est-1	(n)	20	34	8	11	30	17	21	12	20	8
Est-2	(n)	20	34	8	11	30	17	21	12	20	8

Tabela I.12: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00156$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Pgi. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=	Pop	Pop	p=	Ep=	Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	SFB	0,00000	0,00000	SV1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000	IBB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFA	IBB	0,00000	0,00000	SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000	IBB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFA	SS2B	0,00000	0,00000	SV1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000	IBB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SFA	ParatyB	0,00000	0,00000	SV1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000	IBB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFA	RJinfB	0,00000	0,00000	SV1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000	IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFA	BúziosB	0,00000	0,00000	SV1supA	IBB	0,00000	0,00000	IBB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFA	SFIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	SS2B	0,00000	0,00000	SS1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SFA	IBIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	ParatyB	0,00000	0,00000	SS1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SFA	SS1infIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	RJinfB	0,00000	0,00000	SS1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SFA	SS1supIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	BúziosB	0,00000	0,00000	SS1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	SFIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	IBIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJsupIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosIIB	0,00000	0,00000	SV1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1infA	0,00000	0,00000	SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1supA	0,00000	0,00000	SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFB	IBA	0,00000	0,00000	SV1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000	SS1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFB	SS1infA	0,00000	0,00000	IBA	IBB	0,00000	0,00000	SS1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFB	SS1supA	0,00000	0,00000	IBA	SS2B	0,00000	0,00000	SS1supA	SS2B	0,00000	0,00000
SFB	SS2A	0,00000	0,00000	IBA	ParatyB	0,00000	0,00000	SS1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SFB	AngraA	0,00000	0,00000	IBA	RJinfB	0,00000	0,00000	SS1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SFB	RJinfA	0,00000	0,00000	IBA	BúziosB	0,00000	0,00000	SS1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SFB	RJsupA	0,00000	0,00000	IBA	SFIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1infIIA	0,00000	0,00000	IBA	IBIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIIA	0,00000	0,00000	IBA	SS1infIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SFB	IBIIA	0,00000	0,00000	IBA	SS1supIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFB	SS1infIIA	0,00000	0,00000	IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFB	SS1supIIA	0,00000	0,00000	IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000	IBA	RJsupIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00000	0,00000	IBA	BúziosIIB	0,00000	0,00000	SS1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFB	BúziosIIA	0,00000	0,00000	IBB	SS1infA	0,00000	0,00000	SS2A	SS2B	0,00000	0,00000
SV1infA	IBB	0,00000	0,00000	IBB	SS1supA	0,00000	0,00000	SS2A	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS2B	0,00000	0,00000	IBB	SS2A	0,00000	0,00000	SS2A	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyB	0,00000	0,00000	IBB	AngraA	0,00000	0,00000	SS2A	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfB	0,00000	0,00000	IBB	RJinfA	0,00000	0,00000	SS2A	SFIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosB	0,00000	0,00000	IBB	RJsupA	0,00000	0,00000	SS2A	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SFIIB	0,00000	0,00000	IBB	SFIIA	0,00000	0,00000	SS2A	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000	IBB	SV1infIIA	0,00000	0,00000	SS2A	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000	IBB	SV1supIIA	0,00000	0,00000	SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000

Tabela I.12: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2A	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2B	AngraA	0,00000	0,00000
SS2B	RJinfA	0,00000	0,00000
SS2B	RJsupA	0,00000	0,00000
SS2B	SFIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SS2B	IBIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS2B	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS2B	BúziosIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJinfA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupA	0,00000	0,00000
ParatyB	SFIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS2IIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	SFIIB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJinfB	0,00000	0,00000
RJinfA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJinfA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	SS1infIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
RjinfA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RjinfA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RjinfA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RjinfA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	RJsupA	0,00000	0,00000
RJinfB	SFIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	IBIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS2IIA	0,00000	0,00000
RJinfB	AngralIA	0,00000	0,00000
RJinfB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJsupA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1inflIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SFIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	IBIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS2IIA	0,00000	0,00000
BúziosB	AngralIA	0,00000	0,00000
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1inflIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1supIIA	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SFIIB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1suplIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1inflIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	SS1suplIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	SS1suplIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1suplIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1suplIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1suplIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	SS1suplIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS1suplIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000

Tabela I.12: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
SS1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosIIB	0,00001	0,00000
BúziosIIA	BúziosIIB	0,00002	0,00000
RJinfA	BúziosIIB	0,00003	0,00000

Tabela I.13: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00028$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Pgm-1. Em negrito estão destacadas as comparações significativas entre populações do mesmo grupo genético. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	SFB	0,00000	0,00000
SFA	IBB	0,00000	0,00000
SFA	SS2B	0,00000	0,00000
SFA	ParatyB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosB	0,00000	0,00000
SFA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SFA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1infA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supA	0,00000	0,00000
SFB	IBA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supA	0,00000	0,00000
SFB	SS2A	0,00000	0,00000
SFB	AngraA	0,00000	0,00000
SFB	RJinfA	0,00000	0,00000
SFB	RJsupA	0,00000	0,00000
SFB	SFIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1infA	IBB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1infA	SFIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS2B	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1supA	SFIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBB	0,00000	0,00000
IBA	SS2B	0,00000	0,00000
IBA	ParatyB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosB	0,00000	0,00000
IBA	SFIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBB	SS1infA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supA	0,00000	0,00000
IBB	SS2A	0,00000	0,00000
IBB	AngraA	0,00000	0,00000
IBB	RJinfA	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
IBB	RJsupA	0,00000	0,00000
IBB	SFIIA	0,00000	0,00000
IBB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
IBB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	IBIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1infA	SFIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS2B	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1supA	SFIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS2B	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosB	0,00000	0,00000

Tabela I.13: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2A	SFIIB	0,00000	0,00000
SS2A	IBIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2B	AngraA	0,00000	0,00000
SS2B	RJinfA	0,00000	0,00000
SS2B	RJsupA	0,00000	0,00000
SS2B	SFIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SS2B	IBIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS2B	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS2B	BúziosIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJinfA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupA	0,00000	0,00000
ParatyB	SFIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS2IIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	SFIIB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
RJinfA	RJinfB	0,00000	0,00000
RJinfA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJinfA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	RJsupA	0,00000	0,00000
RJinfB	SFIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	IBIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS2IIA	0,00000	0,00000
RJinfB	AngraIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJsupA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SFIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	IBIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS2IIA	0,00000	0,00000
BúziosB	AngraIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1infIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000

Tabela I.13: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
SS1inflIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinflIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
BúziosIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFB	RJinfB	0,00004	0,00001
RJinfB	RJinflIIB	0,00005	0,00001
RJinfB	ParatyIIB	0,00011	0,00001

Tabela I.14: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00071$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Pgm-2. Em vermelho estão destacadas as comparações significativas entre populações do mesmo grupo genético. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	SFB	0,00000	0,00000
SFA	IBB	0,00000	0,00000
SFA	SS2B	0,00000	0,00000
SFA	ParatyB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosB	0,00000	0,00000
SFA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SFA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1infA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supA	0,00000	0,00000
SFB	IBA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supA	0,00000	0,00000
SFB	SS2A	0,00000	0,00000
SFB	AngraA	0,00000	0,00000
SFB	RJinfA	0,00000	0,00000
SFB	RJsupA	0,00000	0,00000
SFB	SFIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1infIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIA	0,00000	0,00000
SFB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supIA	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SV1infA	IBB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1infA	SFIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS2B	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1supA	SFIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBB	0,00000	0,00000
IBA	SS2B	0,00000	0,00000
IBA	ParatyB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosB	0,00000	0,00000
IBA	SFIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBB	SS1infA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supA	0,00000	0,00000
IBB	SS2A	0,00000	0,00000
IBB	AngraA	0,00000	0,00000
IBB	RJinfA	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
IBB	RJsupA	0,00000	0,00000
IBB	SFIIA	0,00000	0,00000
IBB	SV1infIA	0,00000	0,00000
IBB	SV1supIA	0,00000	0,00000
IBB	IBIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1infIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supIA	0,00000	0,00000
IBB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1infA	SFIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS2B	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1supA	SFIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS2B	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosB	0,00000	0,00000
SS2A	SFIIB	0,00000	0,00000

Tabela I.14: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2A	IBIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2B	AngraA	0,00000	0,00000
SS2B	RJinfA	0,00000	0,00000
SS2B	RJsupA	0,00000	0,00000
SS2B	SFIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1inflIA	0,00000	0,00000
SS2B	SV1supIA	0,00000	0,00000
SS2B	IBIIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1inflIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS1supIA	0,00000	0,00000
SS2B	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS2B	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS2B	BúziosIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJinfA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupA	0,00000	0,00000
ParatyB	SFIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1supIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIB	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1supIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS2IIA	0,00000	0,00000
ParatyB	ParatyIIB	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJinflIIB	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	SFIIB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJinflIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
AngraA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJinfB	0,00000	0,00000
RJinfA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJinfA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	RJsupA	0,00000	0,00000
RJinfB	SFIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1supIA	0,00000	0,00000
RJinfB	IBIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1supIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS2IIA	0,00000	0,00000
RJinfB	AngraIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJsupA	SFIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SFIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1supIA	0,00000	0,00000
BúziosB	IBIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	IBIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1supIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS2IIA	0,00000	0,00000
BúziosB	ParatyIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	AngraIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	RJinflIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	SFIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1inflIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SV1supIA	0,00000	0,00000
SFIIB	IBIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1supIA	0,00000	0,00000
SFIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1inflIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1inflIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1inflIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJinflIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1inflIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1supIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000

Tabela I.14: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
IBIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIA	SS1inflIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	RJinflIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1inflIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinflIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJinflIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinflIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinflIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
BúziosIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupIIB	0,00001	0,00000
ParatyB	RJinfB	0,00003	0,00000
ParatyB	SS1supIIB	0,00003	0,00000
SFB	RJinflIB	0,00006	0,00001
SFB	ParatyIIB	0,00008	0,00001
SS2B	ParatyB	0,00008	0,00001
ParatyB	SS1inflIIB	0,00009	0,00001
SFB	IBIIB	0,00016	0,00001
IBB	ParatyIIB	0,00024	0,00001
BúziosB	SS1supIIB	0,00027	0,00001
IBB	RJinflIB	0,00040	0,00002

Pop	Pop	p=	Ep=
IBB	IBIIB	0,00044	0,00002
RJinfB	BúziosB	0,00063	0,00002
BúziosB	RJsupIIB	0,00063	0,00002

Tabela I.15: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00017$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Idh-2. Em vermelho estão destacadas as comparações significativas entre populações do mesmo grupo genético. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	ParatyB	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1supA	0,00000	0,00000
SFB	IBA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supA	0,00000	0,00000
SFB	SS2A	0,00000	0,00000
SFB	AngraA	0,00000	0,00000
SFB	RJsupA	0,00000	0,00000
SFB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosB	0,00000	0,00000
IBA	SFIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
IBA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBB	SS1infA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supA	0,00000	0,00000
IBB	SS2A	0,00000	0,00000
IBB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1infA	SS2B	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1infA	SFIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2A	BúziosB	0,00000	0,00000
SS2A	IBIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS2A	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2A	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS2B	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupA	0,00000	0,00000
ParatyB	SFIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS2IIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
AngraA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS2IIA	0,00000	0,00000
RJinfB	AngraIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	BúziosB	0,00000	0,00000
RJsupA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SFIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1supIIA	0,00000	0,00000

Tabela I.15: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
BúziosB	IBIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS2IIA	0,00000	0,00000
BúziosB	AngraIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SV1infIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1infIIA	SS1infIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SS1infIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1infIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS1supIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SS1supIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2IIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
BúziosIIA	BúziosIIB	0,00000	0,00000
SFA	BúziosIIB	0,00001	0,00000
SFB	SV1infA	0,00001	0,00000
SFB	IBIIA	0,00001	0,00001
SV1infA	IBB	0,00001	0,00000
SV1infA	RJinfIIB	0,00001	0,00000
SV1supA	SS2B	0,00001	0,00000
SV1supA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
IBA	SS2B	0,00001	0,00000
IBB	AngraA	0,00001	0,00000
IBB	SV1infIIA	0,00001	0,00001
SS1supA	SFIIB	0,00001	0,00000
SS2A	SS2B	0,00001	0,00000
SS2A	SFIIB	0,00001	0,00000
SS2B	SS2IIA	0,00001	0,00000
AngraA	RJinfIIB	0,00001	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00001	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00001	0,00000
SFIIB	SV1supIIA	0,00001	0,00000
SFIIB	SS1infIIA	0,00001	0,00000
SFIIB	SS1supIIA	0,00001	0,00000
SV1infIIA	RJinfIIB	0,00001	0,00000
SV1supIIA	RJsupIIB	0,00001	0,00001
SS1infIIA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
SS1supIIA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
ParatyIIB	RJsupIIB	0,00001	0,00000
SFA	BúziosB	0,00002	0,00001
SFA	SS1supIIB	0,00002	0,00001
IBB	IBIIA	0,00002	0,00001
SS1supA	RJsupIIB	0,00002	0,00001
SS2B	SV1supIIA	0,00002	0,00001
SS2B	SS1supIIA	0,00002	0,00000
SFIIB	SS2IIA	0,00002	0,00001
SV1infIIA	SS1infIIB	0,00002	0,00001

Pop	Pop	p=	Ep=
SS1infIIB	BúziosIIA	0,00002	0,00000
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00002	0,00000
SFB	SFIIA	0,00003	0,00001
SS2B	SS1infIIA	0,00003	0,00001
RJinfA	ParatyIIB	0,00003	0,00001
IBIIA	IBIIB	0,00003	0,00001
SV1infA	SFIIB	0,00004	0,00001
SV1supA	SFIIB	0,00004	0,00001
RJinfB	SV1infIIA	0,00004	0,00001
SFIIA	SS1infIIB	0,00004	0,00001
SV1infIIA	RJsupIIB	0,00004	0,00001
IBIIA	SS1infIIB	0,00004	0,00001
SFB	BúziosIIB	0,00005	0,00001
AngraA	SFIIB	0,00005	0,00001
RJsupA	RJinfIIB	0,00005	0,00001
IBIIA	RJinfIIB	0,00005	0,00001
SS1supA	SS2B	0,00006	0,00001
SS2B	RJsupA	0,00006	0,00001
RJsupA	BúziosIIB	0,00006	0,00001
IBB	RJsupA	0,00007	0,00001
IBB	BúziosIIA	0,00008	0,00001
RJsupA	RJsupIIB	0,00009	0,00001
SFB	RJinfB	0,00010	0,00002
IBB	SFIIA	0,00011	0,00001
SS2B	SV1infIIA	0,00012	0,00001
SFA	SS1infIIB	0,00013	0,00002
RJinfB	SFIIA	0,00014	0,00002
RJsupA	SS1infIIB	0,00016	0,00002

Tabela I.16: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00013$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Mdh. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	RJinfB	0,00000	0,00000
SFA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFB	SV1infA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infA	0,00000	0,00000
SFB	AngraA	0,00000	0,00000
SFB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SV1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1infA	BúziosB	0,00000	0,00000
SS1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfB	0,00000	0,00000
SS1supA	IBIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfB	0,00000	0,00000
SS2A	IBIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfIIB	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	SS2IIA	0,00000	0,00000
ParatyB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfB	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	RJsupA	0,00000	0,00000
RJinfB	SFIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	SS2IIA	0,00000	0,00000
RJinfB	AngraIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS2IIA	0,00000	0,00000
BúziosB	AngraIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	SV1infIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SV1infIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
SV1infIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2IIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJsupIIB	0,00000	0,00000
RJinfIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFA	SFB	0,00001	0,00000
SFA	BúziosB	0,00001	0,00000
SFA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
SFB	SS2A	0,00001	0,00000
SV1infA	BúziosB	0,00001	0,00000
IBA	RJinfB	0,00001	0,00000
SS2A	RJsupIIB	0,00001	0,00000
RJinfB	IBIIA	0,00001	0,00000
RJsupA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
BúziosB	SS1infIIA	0,00001	0,00000
BúziosB	SS1supIIA	0,00001	0,00000
SFIIA	BúziosIIA	0,00001	0,00000

Tabela I.16: (continuação)

Pop	Pop	p=	Ep=
IBIIA	IBIIB	0,00001	0,00000
SV1infA	ParatyB	0,00002	0,00000
IBB	SV1infIIA	0,00002	0,00000
SS1infA	SFIIB	0,00002	0,00000
AngraA	SFIIB	0,00002	0,00000
SS2A	BúziosB	0,00003	0,00001
ParatyB	SS1infIIA	0,00003	0,00001
ParatyB	SS1supIIA	0,00003	0,00001
SFIIB	SS2IIA	0,00003	0,00000
SFIIB	AngraIIA	0,00003	0,00001
SV1infIIA	SS1supIIB	0,00003	0,00000
SV1supIIA	SS1supIIB	0,00003	0,00001
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00003	0,00000
IBB	SV1supIIA	0,00004	0,00001
SFB	RJsupA	0,00005	0,00001
SV1supA	RJsupIIB	0,00005	0,00001
SFA	ParatyB	0,00006	0,00001
SS2A	ParatyB	0,00006	0,00001
AngraA	SS1supIIB	0,00006	0,00001
IBB	BúziosIIA	0,00007	0,00001
SFA	SFIIB	0,00008	0,00001
RJsupA	BúziosB	0,00008	0,00001
SFB	SV1supA	0,00009	0,00001
SS1infA	SS1supIIB	0,00009	0,00001
SFIIA	RJsupIIB	0,00009	0,00001
SS1supIIB	SS2IIA	0,00009	0,00001
IBB	AngraA	0,00010	0,00001
SFIIB	SS1infIIA	0,00010	0,00001
SS1supA	RJsupIIB	0,00011	0,00001
SFIIB	SS1supIIA	0,00011	0,00001
RJsupA	SFIIB	0,00012	0,00001
SV1infA	SFIIB	0,00013	0,00001
SS1supIIB	AngraIIA	0,00013	0,00001

Tabela I.17: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00011$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Lap-2. Em vermelho estão destacadas as comparações significativas entre populações do mesmo grupo genético. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SV1infA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1supA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfB	0,00000	0,00000
IBA	BúziosB	0,00000	0,00000
IBA	SFIIB	0,00000	0,00000
IBA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
IBA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBB	SFIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2A	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS2A	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS2B	BúziosIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	RJsupA	0,00000	0,00000
ParatyB	SFIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	IBIIA	0,00000	0,00000
ParatyB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraA	BúziosB	0,00000	0,00000
AngraA	IBIIB	0,00000	0,00000
AngraA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
AngraA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RJinfA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJinfB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
RJinfB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
RJsupA	IBIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
RJsupA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
BúziosB	SFIIA	0,00000	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
BúziosB	IBIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	AngraIIA	0,00000	0,00000
BúziosB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SFIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SFIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SFIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
SFIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SV1infIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SV1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SV1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	IBIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
IBIIB	SS1infIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
IBIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS1infIIA	SS1supIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1infIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
SS1supIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
SS2IIA	ParatyIIB	0,00000	0,00000
ParatyIIB	AngraIIA	0,00000	0,00000
ParatyIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
AngraIIA	RJinfIIB	0,00000	0,00000
RJinfIIB	BúziosIIA	0,00000	0,00000
IBA	SS2B	0,00001	0,00000
IBB	AngraA	0,00001	0,00000
SS2A	IBIIB	0,00001	0,00000
ParatyB	AngraA	0,00001	0,00000
ParatyB	SS1infIIA	0,00001	0,00000
RJinfA	RJinfIIB	0,00001	0,00000
RJinfB	SFIIA	0,00001	0,00000
RJsupA	BúziosB	0,00001	0,00000

Pop	Pop	p=	Ep=
RJsupA	RJsupIIB	0,00001	0,00000
IBIIB	SS1supIIA	0,00001	0,00000
SS2IIA	RJinfIIB	0,00001	0,00001
SFB	RJsupA	0,00002	0,00000
SS2B	SS1infIIA	0,00002	0,00001
RJinfA	IBIIB	0,00002	0,00000
SV1infA	IBB	0,00003	0,00001
SV1infA	ParatyB	0,00003	0,00001
SV1infA	BúziosB	0,00003	0,00001
IBB	SS2A	0,00004	0,00001
RJsupIIB	BúziosIIA	0,00004	0,00001
SFB	RJinfIIB	0,00005	0,00001
IBB	IBIIA	0,00005	0,00001
AngraA	RJinfB	0,00005	0,00001
RJinfB	AngraIIA	0,00005	0,00001
SFIIA	SS1supIIB	0,00005	0,00001
SS2B	RJsupA	0,00006	0,00001
SS2B	SFIIA	0,00006	0,00001
ParatyB	AngraIIA	0,00006	0,00001
SV1supA	IBB	0,00007	0,00001
SV1supA	RJinfB	0,00007	0,00001
IBB	RJsupA	0,00007	0,00001
SS2A	RJinfB	0,00007	0,00001
ParatyB	RJinfA	0,00008	0,00001
RJinfB	RJsupA	0,00009	0,00001
SFIIA	SFIIB	0,00009	0,00001
SS1infIIB	BúziosIIA	0,00009	0,00001
SS1supIIB	AngraIIA	0,00009	0,00001
RJsupA	SS1infIIB	0,00010	0,00001
SS1infA	IBIIB	0,00011	0,00002
RJinfB	IBIIA	0,00011	0,00001
SV1supIIA	RJinfIIB	0,00011	0,00002

Tabela I.18: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00021$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Lap-3. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFB	SV1supIIA	0,00005	0,00001
SFB	SS1infIIA	0,00007	0,00001
SFB	SS1supIIA	0,00009	0,00001

Tabela I.19: Diferenças significativas segundo teste exato após correção de bonferroni sequencial ($\alpha=0,00010$) entre as frequências alélicas de cada localidade amostrada para o loco Lgg-3. Em vermelho estão destacadas as comparações significativas entre populações do mesmo grupo genético. Pop=população, Ep= erro padrão.

Pop	Pop	p=	Ep=
SFA	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
SFB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBB	SS1infA	0,00000	0,00000
IBB	SS2A	0,00000	0,00000
IBB	RJsupA	0,00000	0,00000
IBB	SV1infIIA	0,00000	0,00000
IBB	SV1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	IBIIB	0,00000	0,00000
IBB	SS1supIIA	0,00000	0,00000
IBB	SS2IIA	0,00000	0,00000
IBB	ParatyIIB	0,00000	0,00000
IBB	AngraIIA	0,00000	0,00000
SFA	ParatyIIB	0,00001	0,00000
SFB	AngraIIA	0,00001	0,00000
SV1infA	IBB	0,00001	0,00000
SFB	SS1supIIA	0,00002	0,00001
IBB	SS1supA	0,00002	0,00001
IBB	IBIIA	0,00003	0,00001
SFB	IBIIB	0,00004	0,00001
IBB	SS1infIIA	0,00004	0,00001
SFB	SV1infA	0,00005	0,00001
SFB	ParatyIIB	0,00006	0,00001
SV1supIIA	SS1supIIB	0,00006	0,00001
SFA	RJsupA	0,00007	0,00001

Figura I. 20: Pares de locos com desequilíbrio de ligação significativos segundo teste exato seguido da correção de Bonferroni sequencial para cada população do período I de coleta, sem distinção entre os grupos genéticos. α = nível de significância para cada localidade após a correção de Bonferroni sequencial; Pop= populações; Ep= Erro padrão.

Período I:	Pop	Locos		p=	Ep=
	SF $\alpha=0,00161$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
		Pgm-2	Pgi	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Mdh-1	0,00025	0,00003
		Mdh-1	Pgi	0,00083	0,00005
	SVinfra $\alpha=0,00200$	Pgm-1	Pgm-2	0,00017	0,00002
		Pgm-1	Pgi	0,00057	0,00003
		Pgm-1	Idh-2	0,00179	0,00010
	IB $\alpha=0,00147$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-2	Idh-2	0,00006	0,00002
		Pgm-1	Pgi	0,00034	0,00002
		Pgm-1	Idh-2	0,00059	0,00008
		Pgm-2	Pgi	0,00083	0,00006
Período II:	SS2 $\alpha=0,00161$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
		Pgm-2	Pgi	0,00000	0,00000
		Idh-2	Pgi	0,00003	0,00001
		Pgm-2	Idh-2	0,00011	0,00003
	Paraty $\alpha=0,00139$	Pgm-2	Lap-2	0,00005	0,00001
		Pgm-1	Pgm-2	0,00022	0,00003
	Angra $\alpha=0,00227$	Pgm-1	Pgm-2	0,00002	0,00001
		Pgi	Mpi	0,00003	0,00001
		Pgm-2	Pgi	0,00037	0,00002
		Pgm-2	Mpi	0,00133	0,00003
Período III:	Rjinfra $\alpha=0,00161$	Pgm-1	Pgm-2	0,00008	0,00003
		Pgm-2	Pgi	0,00046	0,00003
	Rjsupra $\alpha=0,00278$	Pgm-1	Pgm-2	0,00013	0,00001
		Pgm-1	Pgi	0,00013	0,00001
	RJ	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	RJ	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	RJ	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
		Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000

Figura I. 21: Pares de locos com desequilíbrio de ligação significativos segundo teste exato seguido da correção de Bonferroni seqüencial para cada população do período II de coleta, sem distinção entre os grupos genéticos. α = nível de significância para cada localidade após a correção de Bonferroni sequencial; Pop= populações; Ep= Erro padrão.

Período II:				
Pop	Locos		p=	Ep=
SFII $\alpha=0,00217$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
	Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Pgi	0,00006	0,00001
	Pgm-2	Idh-2	0,00043	0,00003

SV1infraII $\alpha=0,00192$	Pgm-1	Pgm-2	0,00015	0,00002
--------------------------------	-------	-------	---------	---------

SV1supraII $\alpha=0,00192$	Pgm-1	Pgm-2	0,00148	0,00003
--------------------------------	-------	-------	---------	---------

IBII $\alpha=0,00152$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Mdh-1	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Idh-2	0,00000	0,00000
	Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Pgi	0,00000	0,00000
	Mdh-1	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Lap-2	0,00000	0,00000
	Pgi	Lap-2	0,00001	0,00001
	Pgm-1	Mdh-1	0,00005	0,00001
	Idh-2	Pgi	0,00009	0,00002
	Pgm-1	Idh-2	0,00011	0,00003
	Pgm-1	Lap-2	0,00020	0,00004

SS1infraII $\alpha=0,00167$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
	Pgm-1	Idh-2	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Idh-2	0,00000	0,00000
	Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Pgi	0,00000	0,00000
	Idh-2	Pgi	0,00035	0,00002

Período II:				
Pop	Locos		p=	Ep=
SS1supraII $\alpha=0,00217$	Pgm-1	Pgm-2	0,00000	0,00000
	Pgm-1	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Pgi	0,00000	0,00000
	Idh-2	Pgi	0,00000	0,00000
	Pgm-2	Idh-2	0,00002	0,00001
	Pgm-1	Idh-2	0,00011	0,00001

SS2II $\alpha=0,00156$	Pgm-1	Pgm-2	0,00021	0,00001
	Idh-2	Pgi	0,00070	0,00003
	Pgm-2	Idh-2	0,00129	0,00005
	Pgm-1	Idh-2	0,00135	0,00005

ParatyII $\alpha=0,00161$	Pgm-2	Mdh-1	0,00041	0,00003
	Pgm-1	Mdh-1	0,00044	0,00003
	Pgm-1	Pgm-2	0,00114	0,00006

RJinfraII $\alpha=0,00208$	Pgm-1	Pgm-2	0,00001	0,00001
-------------------------------	-------	-------	---------	---------

BúziosII $\alpha=0,00250$	Pgm-1	Pgm-2	0,00010	0,00001
	Pgm-2	Mdh-1	0,00039	0,00002
	Pgm-1	Idh-2	0,00100	0,00009
	Pgm-2	Idh-2	0,00100	0,00005
	Mdh-1	Idh-2	0,00150	0,00007

Tabela I.22: Distâncias genéticas (Nei, 1978) par a par entre todas as populações analisadas (1-SFAI; 2-SV1infraAI; 3-SV1supraAI; 4-IBAI; 5-SS1infraAI; 6-SS1supraAI; 7-SS2AI; 8-AngraAI; 9-RJinfraAI; 10-RJsupraAI; 11-SFBI; 12-IBBI; 13-SS2BI; 14-ParatyBI; 15-RJinfraB; 16-BúziosB; 17-SFAII; 18-SVinfraAII; 19-SVsupraAII; 20-IBAI; 21-SS1infraAII; 22-SS1supraAII; 23-SS2AII; 24-AngraAII; 25-BúziosAII; 26-SFBII; 27-IBBII; 28-SS1infraBII; 29-SS1supraBII; 30-ParatyBII; 31-RJinfraBII; 32-RJsupraBII; 33-BúziosBII).

População	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	***															
2	0,012	***														
3	0,016	0,004	***													
4	0,017	0,000	0,001	***												
5	0,012	0,000	0,002	0,004	***											
6	0,009	0,003	0,010	0,007	0,002	***										
7	0,017	0,000	-0,002	-0,001	-0,002	0,005	***									
8	0,012	-0,001	0,003	0,002	0,002	0,009	0,000	***								
9	0,031	0,005	0,019	0,005	0,012	0,009	0,011	0,013	***							
10	0,028	0,002	0,009	0,005	0,005	0,011	0,003	0,004	0,006	***						
11	0,310	0,323	0,323	0,307	0,324	0,308	0,327	0,334	0,313	0,344	***					
12	0,318	0,344	0,349	0,336	0,352	0,332	0,357	0,355	0,345	0,367	0,007	***				
13	0,301	0,314	0,317	0,305	0,312	0,291	0,319	0,328	0,308	0,330	0,009	0,026	***			
14	0,325	0,335	0,339	0,330	0,334	0,312	0,343	0,354	0,323	0,356	0,012	0,020	0,030	***		
15	0,299	0,306	0,310	0,292	0,313	0,285	0,314	0,322	0,292	0,321	0,026	0,025	0,010	0,039	***	
16	0,306	0,308	0,312	0,301	0,313	0,290	0,315	0,324	0,295	0,324	0,012	0,018	0,015	0,010	0,021	***
17	0,012	0,000	0,002	-0,001	0,005	0,008	0,001	0,000	0,007	0,006	0,317	0,331	0,316	0,337	0,301	0,305
18	0,011	0,000	0,004	0,005	-0,001	0,003	0,000	0,000	0,013	0,003	0,329	0,354	0,315	0,338	0,312	0,315
19	0,014	0,003	0,004	0,008	-0,001	0,003	0,001	0,004	0,016	0,006	0,327	0,354	0,309	0,334	0,310	0,309
20	0,019	0,002	0,012	0,001	0,009	0,006	0,007	0,006	-0,002	0,006	0,310	0,333	0,308	0,327	0,289	0,299
21	0,011	0,000	0,003	0,000	0,001	0,005	0,000	0,000	0,007	0,004	0,322	0,353	0,315	0,342	0,315	0,317
22	0,009	-0,002	0,003	0,001	-0,001	0,001	0,000	0,001	0,009	0,004	0,323	0,346	0,311	0,334	0,304	0,310
23	0,008	0,001	0,001	0,004	0,000	0,003	0,000	0,002	0,017	0,008	0,324	0,348	0,311	0,331	0,306	0,312
24	0,012	0,001	0,007	0,005	0,002	0,004	0,003	0,002	0,011	0,007	0,328	0,353	0,317	0,342	0,311	0,316
25	0,035	0,009	0,003	0,009	0,003	0,024	0,001	0,005	0,028	0,009	0,345	0,372	0,371	0,363	0,377	0,368
26	0,386	0,363	0,372	0,350	0,368	0,344	0,370	0,384	0,338	0,360	0,027	0,039	0,011	0,039	0,011	0,024
27	0,331	0,331	0,333	0,318	0,330	0,304	0,334	0,351	0,312	0,347	0,019	0,039	0,003	0,027	0,010	0,016
28	0,335	0,332	0,337	0,327	0,329	0,309	0,337	0,353	0,319	0,343	0,024	0,042	0,004	0,028	0,016	0,017
29	0,337	0,350	0,357	0,341	0,361	0,334	0,363	0,364	0,339	0,370	0,016	0,017	0,006	0,031	0,011	0,012
30	0,354	0,358	0,365	0,349	0,358	0,331	0,366	0,381	0,336	0,375	0,011	0,020	0,007	0,015	0,014	0,014
31	0,327	0,328	0,334	0,317	0,333	0,307	0,336	0,346	0,312	0,342	0,016	0,021	0,003	0,034	0,006	0,011
32	0,315	0,324	0,326	0,310	0,329	0,306	0,330	0,339	0,316	0,348	0,014	0,020	0,005	0,030	0,007	0,017
33	0,365	0,375	0,374	0,368	0,375	0,357	0,380	0,391	0,372	0,391	0,016	0,015	0,010	0,029	0,013	0,019

Tabela I.22: (continuação)

População	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
18	0,004	***														
19	0,008	0,000	***													
20	0,001	0,007	0,012	***												
21	0,001	0,001	0,004	0,003	***											
22	0,001	-0,001	0,001	0,004	0,000	***										
23	0,004	-0,001	0,001	0,010	0,003	-0,001	***									
24	0,004	0,001	0,002	0,006	0,002	0,001	0,003	***								
25	0,010	0,007	0,009	0,021	0,007	0,010	0,009	0,013	***							
26	0,365	0,368	0,362	0,344	0,373	0,363	0,369	0,371	0,410	***						
27	0,333	0,334	0,327	0,319	0,337	0,329	0,329	0,335	0,392	0,010	***					
28	0,339	0,334	0,326	0,330	0,341	0,332	0,331	0,339	0,391	0,011	0,001	***				
29	0,344	0,357	0,356	0,337	0,360	0,350	0,352	0,357	0,423	0,015	0,011	0,015	***			
30	0,359	0,365	0,357	0,345	0,368	0,358	0,360	0,366	0,402	0,012	0,001	0,000	0,007	***		
31	0,325	0,337	0,330	0,315	0,338	0,328	0,332	0,335	0,395	0,005	0,004	0,007	0,004	0,003	***	
32	0,320	0,332	0,330	0,314	0,331	0,322	0,324	0,330	0,387	0,021	0,008	0,012	0,008	0,011	0,003	***
33	0,371	0,379	0,375	0,373	0,385	0,375	0,374	0,384	0,412	0,018	0,012	0,001	0,013	0,006	0,007	0,006

Apêndice II:

Neste apêndice estão mostrados os resultados indivíduo por indivíduo do teste de atribuição de genótipos feito utilizando o programa Structure (Pritchard et al, 2000 e Falush et al, 2003). Estão inclusos apenas os dados para $K=2$ da simulação que obteve a maior probabilidade.

Todos os indivíduos amostrados nos dois períodos de coleta foram inclusos nesta análise.

Os parâmetros da análise foram:

- 995 indivíduos
- 14 locos
- 50000 Burn-in period
- 500000 Iterações

Na tabela II.1 pode ser vista a proporção de pertencimento de cada um dos grupos geneticamente distintos (A e B) segundo a divisão pelos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi, em cada um dos dois clusters da análise, a partir destes dados é possível notar claramente a grande similaridade das duas divisões. Os indivíduos marcados com “?” são aqueles classificados como possíveis híbridos ou que não possuíam informação nos locos utilizados para a separação.

Tabela II.1: Proporção de pertencimento de cada uma dos grupos genéticos (A e B) segundo a divisão pelos loco Pgm-1, Pgm-2 e Pgi nos dois clusters encontrados (1 e 2). n= número de indivíduos, ?= possíveis híbridos ou sem informação nos locos de divisão.

Pop\cluster	1	2	n:
?	0,626	0,374	137
A	0,018	0,982	555
B	0,983	0,017	303

Na tabela II.2 estão os valores das proporções de pertencimento de cada indivíduo para cada um dos dois *clusters*, também está indicado para qual dos grupos cada indivíduo foi designado segundo a divisão visual pelos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi. Novamente os possíveis híbridos e indivíduos sem informação nos locos de divisão foram marcados com “?”. A figura II.1 é a mesma

representação de proporção de pertencimento, no entanto de uma forma gráfica, cada barra representa um indivíduo e cada uma das cores a porcentagem de pertencimento no cluster representado pela cor. E por fim a tabela II.3 indica as frequências alélicas de todos os locos testados em cada um dos clusters.

Tabela II.2: Proporção de pertencimento de cada indivíduo em cada um dos dois *clusters* para o período I de coleta. O grupo genético indicado foi feito a partir dos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi. ?= indivíduos possíveis híbridos ou sem informação nos locos Pgm-1, Pgm-2 e Pgi.

Ind.	Pop e n°	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
1	SF1	A	0,013	0,987
2	SF2	A	0,007	0,993
3	SF3	A	0,137	0,863
4	SF4	A	0,011	0,989
5	SF5	A	0,008	0,992
6	SF6	A	0,009	0,991
7	SF7	A	0,008	0,992
8	SF8	A	0,007	0,993
9	SF9	A	0,007	0,993
10	SF10	A	0,019	0,981
11	SF11	A	0,011	0,989
12	SF12	A	0,005	0,995
13	SF13	A	0,007	0,993
14	SF14	A	0,006	0,994
15	SF15	A	0,005	0,995
16	SF16	A	0,006	0,994
17	SF17	A	0,012	0,988
18	SF18	A	0,478	0,522
19	SF19	A	0,006	0,994
20	SF20	A	0,006	0,994
21	SF21	A	0,023	0,977
22	SF22	B	0,987	0,013
23	SF23	B	0,993	0,007
24	SF24	B	0,991	0,009
25	SF25	B	0,987	0,013
26	SF26	B	0,994	0,006
27	SF27	B	0,994	0,006
28	SF28	B	0,991	0,009
29	SF29	B	0,994	0,006
30	SF30	B	0,994	0,006
31	SF31	B	0,988	0,012
32	SF32	B	0,916	0,084
33	SF33	B	0,920	0,080
34	SF34	B	0,980	0,020
35	SF35	B	0,982	0,018
36	SF36	B	0,956	0,044
37	SF37	B	0,970	0,030
38	SF38	B	0,995	0,005
39	SF39	B	0,980	0,020
40	SF40	B	0,995	0,005
41	SF41	B	0,976	0,024
42	SF42	B	0,993	0,007
43	SF43	B	0,993	0,007
44	SF44	B	0,987	0,013
45	SF45	B	0,996	0,004
46	SF46	B	0,993	0,007
47	SF47	B	0,993	0,007
48	SF48	B	0,817	0,183
49	SF49	B	0,995	0,005
50	SF50	B	0,993	0,007
51	SF51	B	0,966	0,034
52	SF52	B	0,578	0,422
53	SF53	B	0,994	0,006
54	SF54	B	0,994	0,006
55	SF55	B	0,995	0,005
56	SF56	B	0,988	0,012
57	SF57	?	0,943	0,057
58	SF58	?	0,756	0,244
59	SF59	?	0,462	0,538

Ind.	Pop e n°	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
60	SF60	?	0,840	0,160
61	SF61	?	0,858	0,142
62	SF62	?	0,673	0,327
63	SF63	?	0,147	0,853
64	SV1infra1	A	0,011	0,989
65	SV1infra2	A	0,011	0,989
66	SV1infra3	A	0,009	0,991
67	SV1infra4	A	0,015	0,985
68	SV1infra5	A	0,008	0,992
69	SV1infra6	A	0,012	0,988
70	SV1infra7	A	0,009	0,991
71	SV1infra8	A	0,009	0,991
72	SV1infra9	A	0,008	0,992
73	SV1infra10	A	0,005	0,995
74	SV1infra11	A	0,007	0,993
75	SV1infra12	A	0,005	0,995
76	SV1infra13	A	0,007	0,993
77	SV1infra14	A	0,007	0,993
78	SV1infra15	A	0,010	0,990
79	SV1infra16	A	0,007	0,993
80	SV1infra17	A	0,039	0,961
81	SV1infra18	A	0,012	0,988
82	SV1infra19	A	0,009	0,991
83	SV1infra20	A	0,013	0,987
84	SV1infra21	A	0,006	0,994
85	SV1infra22	A	0,005	0,995
86	SV1infra23	A	0,008	0,992
87	SV1infra24	A	0,010	0,990
88	SV1infra25	A	0,008	0,992
89	SV1infra26	A	0,005	0,995
90	SV1infra27	A	0,009	0,991
91	SV1infra28	A	0,088	0,912
92	SV1infra29	A	0,021	0,979
93	SV1infra30	A	0,010	0,990
94	SV1infra31	A	0,005	0,995
95	SV1infra32	A	0,005	0,995
96	SV1infra33	A	0,007	0,993
97	SV1infra34	A	0,005	0,995
98	SV1infra35	A	0,006	0,994
99	SV1infra36	A	0,004	0,996
100	SV1infra37	A	0,006	0,994
101	SV1infra38	A	0,006	0,994
102	SV1infra39	A	0,005	0,995
103	SV1infra40	A	0,040	0,960
104	SV1infra41	A	0,393	0,607
105	SV1infra42	A	0,009	0,991
106	SV1infra43	A	0,096	0,904
107	SV1infra44	A	0,012	0,988
108	SV1infra45	A	0,019	0,981
109	SV1infra46	A	0,008	0,992
110	SV1infra47	A	0,023	0,977
111	SV1infra48	A	0,011	0,989
112	SV1infra49	B	0,994	0,006
113	SV1infra50	B	0,990	0,010
114	SV1infra51	B	0,977	0,023
115	SV1infra52	B	0,995	0,005
116	SV1infra53	?	0,202	0,798
117	SV1infra54	?	0,642	0,358
118	SV1infra55	?	0,331	0,669

Ind.	Pop e n°	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
119	SV1infra56	?	0,331	0,669
120	SV1infra57	?	0,331	0,669
121	SV1infra58	?	0,017	0,983
122	SV1infra59	?	0,014	0,986
123	SV1infra60	?	0,539	0,461
124	SV1supra1	A	0,016	0,984
125	SV1supra2	A	0,008	0,992
126	SV1supra3	A	0,009	0,991
127	SV1supra4	A	0,009	0,991
128	SV1supra5	A	0,013	0,987
129	SV1supra6	A	0,012	0,988
130	SV1supra7	A	0,007	0,993
131	SV1supra8	A	0,005	0,995
132	SV1supra9	A	0,009	0,991
133	SV1supra10	A	0,029	0,971
134	SV1supra11	A	0,008	0,992
135	SV1supra12	A	0,005	0,995
136	SV1supra13	A	0,005	0,995
137	SV1supra14	A	0,005	0,995
138	SV1supra15	A	0,006	0,994
139	SV1supra16	A	0,010	0,990
140	SV1supra17	A	0,005	0,995
141	SV1supra18	A	0,006	0,994
142	SV1supra19	A	0,005	0,995
143	SV1supra20	A	0,015	0,985
144	SV1supra21	A	0,009	0,991
145	SV1supra22	A	0,008	0,992
146	SV1supra23	A	0,011	0,989
147	SV1supra24	A	0,011	0,989
148	SV1supra25	A	0,022	0,978
149	SV1supra26	A	0,012	0,988
150	SV1supra27	B	0,992	0,008
151	SV1supra28	?	0,481	0,519
152	SV1supra29	?	0,284	0,716
153	SV1supra30	?	0,805	0,195
154	IB1	A	0,009	0,991
155	IB2	A	0,013	0,987
156	IB3	A	0,013	0,987
157	IB4	A	0,012	0,988
158	IB5	A	0,011	0,989
159	IB6	A	0,006	0,994
160	IB7	A	0,007	0,993
161	IB8	A	0,007	0,993
162	IB9	A	0,007	0,993
163	IB10	A	0,008	0,992
164	IB11	A	0,008	0,992
165	IB12	A	0,006	0,994
166	IB13	A	0,009	0,991
167	IB14	A	0,007	0,993
168	IB15	A	0,006	0,994
169	IB16	A	0,018	0,982
170	IB17	A	0,014	0,986
171	IB18	A	0,006	0,994
172	IB19	A	0,037	0,963
173	IB20	A	0,557	0,443
174	IB21	A	0,005	0,995
175	IB22	A	0,012	0,988
176	IB23	A	0,004	0,996
177	IB24	A	0,007	0,993

Tabela II.2: (continuação)

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
178	IB25	A	0,011	0,989
179	IB26	B	0,993	0,007
180	IB27	B	0,994	0,006
181	IB28	B	0,994	0,006
182	IB29	B	0,985	0,015
183	IB30	B	0,995	0,005
184	IB31	B	0,993	0,007
185	IB32	B	0,995	0,005
186	IB33	B	0,978	0,022
187	IB34	B	0,995	0,005
188	IB35	B	0,986	0,014
189	IB36	B	0,994	0,006
190	IB37	B	0,934	0,066
191	IB38	B	0,858	0,142
192	IB39	B	0,991	0,009
193	IB40	B	0,992	0,008
194	IB41	B	0,986	0,014
195	IB42	B	0,993	0,007
196	IB43	B	0,993	0,007
197	IB44	?	0,947	0,053
198	IB45	?	0,550	0,450
199	IB46	?	0,935	0,065
200	IB47	?	0,970	0,030
201	IB48	?	0,467	0,533
202	IB49	?	0,977	0,023
203	IB50	?	0,688	0,312
204	SS1infra1	A	0,005	0,995
205	SS1infra2	A	0,005	0,995
206	SS1infra3	A	0,007	0,993
207	SS1infra4	A	0,008	0,992
208	SS1infra5	A	0,020	0,980
209	SS1infra6	A	0,005	0,995
210	SS1infra7	A	0,006	0,994
211	SS1infra8	A	0,006	0,994
212	SS1infra9	A	0,020	0,980
213	SS1infra10	A	0,005	0,995
214	SS1infra11	A	0,015	0,985
215	SS1infra12	A	0,007	0,993
216	SS1infra13	A	0,007	0,993
217	SS1infra14	A	0,005	0,995
218	SS1infra15	A	0,005	0,995
219	SS1infra16	A	0,008	0,992
220	SS1infra17	A	0,008	0,992
221	SS1infra18	A	0,005	0,995
222	SS1infra19	A	0,006	0,994
223	SS1infra20	A	0,008	0,992
224	SS1infra21	A	0,008	0,992
225	SS1infra22	A	0,006	0,994
226	SS1infra23	A	0,014	0,986
227	SS1infra24	A	0,012	0,988
228	SS1infra25	A	0,015	0,985
229	SS1infra26	A	0,006	0,994
230	SS1infra27	A	0,019	0,981
231	SS1infra28	A	0,008	0,992
232	SS1infra29	A	0,013	0,987
233	SS1infra30	A	0,008	0,992
234	SS1infra31	A	0,006	0,994
235	SS1infra32	B	0,994	0,006
236	SS1infra33	B	0,992	0,008
237	SS1infra34	?	0,198	0,802
238	SS1infra35	?	0,023	0,977
239	SS1infra36	?	0,967	0,033
240	SS1supra1	A	0,005	0,995
241	SS1supra2	A	0,005	0,995
242	SS1supra3	A	0,006	0,994
243	SS1supra4	A	0,009	0,991
244	SS1supra5	A	0,008	0,992
245	SS1supra6	A	0,013	0,987
246	SS1supra7	A	0,023	0,977
247	SS1supra8	A	0,006	0,994
248	SS1supra9	A	0,012	0,988
249	SS1supra10	A	0,006	0,994
250	SS1supra11	A	0,008	0,992
251	SS1supra12	A	0,006	0,994
252	SS1supra13	A	0,029	0,971
253	SS1supra14	A	0,010	0,990
254	SS1supra15	A	0,005	0,995
255	SS1supra16	A	0,022	0,978
256	SS1supra17	A	0,008	0,992
257	SS1supra18	A	0,008	0,992
258	SS1supra19	A	0,006	0,994
259	SS1supra20	A	0,006	0,994
260	SS1supra21	A	0,022	0,978
261	SS1supra22	A	0,013	0,987
262	SS1supra23	A	0,008	0,992
263	SS1supra24	A	0,007	0,993
264	SS1supra25	A	0,005	0,995
265	SS1supra26	A	0,006	0,994
266	SS1supra27	A	0,008	0,992
267	SS1supra28	A	0,018	0,982
268	SS1supra29	A	0,012	0,988
269	SS1supra30	B	0,953	0,047
270	SS1supra31	?	0,064	0,936
271	SS2-1	A	0,005	0,995
272	SS2-2	A	0,006	0,994
273	SS2-3	A	0,006	0,994
274	SS2-4	A	0,006	0,994
275	SS2-5	A	0,008	0,992
276	SS2-6	A	0,007	0,993
277	SS2-7	A	0,011	0,989
278	SS2-8	A	0,008	0,992
279	SS2-9	A	0,006	0,994
280	SS2-10	A	0,005	0,995
281	SS2-11	A	0,007	0,993
282	SS2-12	A	0,006	0,994
283	SS2-13	A	0,005	0,995
284	SS2-14	A	0,007	0,993
285	SS2-15	A	0,007	0,993
286	SS2-16	A	0,011	0,989
287	SS2-17	A	0,011	0,989
288	SS2-18	A	0,005	0,995
289	SS2-19	A	0,020	0,980
290	SS2-20	A	0,004	0,996
291	SS2-21	A	0,004	0,996
292	SS2-22	A	0,009	0,991
293	SS2-23	A	0,014	0,986
294	SS2-24	A	0,013	0,987
295	SS2-25	B	0,994	0,006
296	SS2-26	B	0,994	0,006
297	SS2-27	B	0,986	0,014
298	SS2-28	B	0,984	0,016
299	SS2-29	B	0,993	0,007
300	SS2-30	B	0,992	0,008
301	SS2-31	B	0,993	0,007
302	SS2-32	B	0,992	0,008
303	SS2-33	B	0,989	0,011
304	SS2-34	B	0,993	0,007
305	SS2-35	B	0,973	0,027
306	SS2-36	B	0,988	0,012
307	SS2-37	B	0,864	0,136
308	SS2-38	B	0,992	0,008
309	SS2-39	B	0,994	0,006
310	SS2-40	?	0,975	0,025
311	SS2-41	?	0,842	0,158
312	SS2-42	?	0,904	0,096
313	SS2-43	?	0,978	0,022
314	SS2-44	?	0,032	0,968
315	Paraty1	A	0,006	0,994
316	Paraty2	A	0,008	0,992
317	Paraty3	A	0,005	0,995
318	Paraty4	A	0,412	0,588
319	Paraty5	A	0,005	0,995
320	Paraty6	B	0,945	0,055
321	Paraty7	B	0,991	0,009
322	Paraty8	B	0,991	0,009
323	Paraty9	B	0,863	0,137
324	Paraty10	B	0,996	0,004
325	Paraty11	B	0,995	0,005
326	Paraty12	B	0,993	0,007
327	Paraty13	B	0,997	0,003
328	Paraty14	B	0,989	0,011
329	Paraty15	B	0,992	0,008
330	Paraty16	B	0,992	0,008
331	Paraty17	B	0,991	0,009
332	Paraty18	B	0,991	0,009
333	Paraty19	B	0,994	0,006
334	Paraty20	B	0,987	0,013
335	Paraty21	B	0,994	0,006
336	Paraty22	B	0,986	0,014
337	Paraty23	B	0,989	0,011
338	Paraty24	B	0,990	0,010
339	Paraty25	B	0,991	0,009
340	Paraty26	B	0,991	0,009
341	Paraty27	B	0,995	0,005
342	Paraty28	B	0,959	0,041
343	Paraty29	?	0,862	0,138
344	Paraty30	?	0,720	0,280
345	Paraty31	?	0,962	0,038
346	Paraty32	?	0,970	0,030
347	Paraty33	?	0,950	0,050
348	Paraty34	?	0,796	0,204
349	Paraty35	?	0,799	0,201
350	Paraty36	?	0,802	0,198
351	Paraty37	?	0,758	0,242
352	Paraty38	?	0,386	0,614
353	Paraty39	?	0,560	0,440
354	Angra1	A	0,016	0,984
355	Angra2	A	0,009	0,991
356	Angra3	A	0,012	0,988
357	Angra4	A	0,012	0,988
358	Angra5	A	0,044	0,956
359	Angra6	A	0,009	0,991
360	Angra7	A	0,039	0,961
361	Angra8	A	0,007	0,993
362	Angra9	A	0,008	0,992
363	Angra10	A	0,007	0,993
364	Angra11	A	0,008	0,992
365	Angra12	A	0,005	0,995
366	Angra13	A	0,008	0,992
367	Angra14	A	0,005	0,995
368	Angra15	A	0,009	0,991
369	Angra16	A	0,013	0,987

Tabela II.2: (continuação)

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
370	Angra17	A	0,135	0,865
371	Angra18	A	0,007	0,993
372	Angra19	A	0,005	0,995
373	Angra20	A	0,008	0,992
374	Angra21	A	0,005	0,995
375	Angra22	A	0,005	0,995
376	Angra23	A	0,009	0,991
377	Angra24	A	0,021	0,979
378	Angra25	A	0,009	0,991
379	Angra26	A	0,018	0,982
380	Angra27	A	0,023	0,977
381	Angra28	A	0,008	0,992
382	Angra29	A	0,006	0,994
383	Angra30	A	0,004	0,996
384	Angra31	A	0,004	0,996
385	Angra32	A	0,006	0,994
386	Angra33	B	0,990	0,010
387	Angra34	B	0,994	0,006
388	Angra35	B	0,994	0,006
389	Angra36	B	0,994	0,006
390	Angra37	B	0,994	0,006
391	Angra38	?	0,140	0,860
392	Angra39	?	0,136	0,864
393	Angra40	?	0,974	0,026
394	Angra41	?	0,841	0,159
395	Angra42	?	0,938	0,062
396	Angra43	?	0,988	0,012
397	Angra44	?	0,011	0,989
398	Angra45	?	0,226	0,774
399	RJinfra1	A	0,009	0,991
400	RJinfra2	A	0,013	0,987
401	RJinfra3	A	0,713	0,287
402	RJinfra4	A	0,007	0,993
403	RJinfra5	A	0,006	0,994
404	RJinfra6	A	0,013	0,987
405	RJinfra7	A	0,012	0,988
406	RJinfra8	A	0,008	0,992
407	RJinfra9	A	0,018	0,982
408	RJinfra10	A	0,025	0,975
409	RJinfra11	A	0,011	0,989
410	RJinfra12	B	0,983	0,017
411	RJinfra13	B	0,992	0,008
412	RJinfra14	B	0,987	0,013
413	RJinfra15	B	0,995	0,005
414	RJinfra16	B	0,993	0,007
415	RJinfra17	B	0,991	0,009
416	RJinfra18	B	0,993	0,007
417	RJinfra19	B	0,989	0,011
418	RJinfra20	B	0,993	0,007
419	RJinfra21	B	0,994	0,006
420	RJinfra22	B	0,994	0,006
421	RJinfra23	B	0,914	0,086
422	RJinfra24	B	0,897	0,103
423	RJinfra25	B	0,993	0,007
424	RJinfra26	B	0,991	0,009
425	RJinfra27	B	0,990	0,010
426	RJinfra28	B	0,989	0,011
427	RJinfra29	B	0,989	0,011
428	RJinfra30	B	0,986	0,014
429	RJinfra31	B	0,993	0,007
430	RJinfra32	B	0,992	0,008
431	RJinfra33	?	0,900	0,100
432	RJinfra34	?	0,974	0,026
433	RJinfra35	?	0,820	0,180

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
434	RJinfra36	?	0,882	0,118
435	RJinfra37	?	0,993	0,007
436	RJinfra38	?	0,976	0,024
437	RJinfra39	?	0,925	0,075
438	RJinfra40	?	0,847	0,153
439	RJsupra1	A	0,008	0,992
440	RJsupra2	A	0,009	0,991
441	RJsupra3	A	0,006	0,994
442	RJsupra4	A	0,005	0,995
443	RJsupra5	A	0,005	0,995
444	RJsupra6	A	0,004	0,996
445	RJsupra7	A	0,005	0,995
446	RJsupra8	A	0,032	0,968
447	RJsupra9	A	0,009	0,991
448	RJsupra10	A	0,008	0,992
449	RJsupra11	A	0,005	0,995
450	RJsupra12	A	0,006	0,994
451	RJsupra13	A	0,009	0,991
452	RJsupra14	A	0,008	0,992
453	RJsupra15	A	0,007	0,993
454	RJsupra16	A	0,008	0,992
455	RJsupra17	A	0,025	0,975
456	RJsupra18	A	0,010	0,990
457	RJsupra19	A	0,012	0,988
458	RJsupra20	A	0,022	0,978
459	RJsupra21	A	0,048	0,952
460	RJsupra22	A	0,047	0,953
461	RJsupra23	B	0,987	0,013
462	RJsupra24	B	0,995	0,005
463	RJsupra25	B	0,996	0,004
464	RJsupra26	B	0,990	0,010
465	RJsupra27	?	0,915	0,085
466	RJsupra28	?	0,255	0,745
467	RJsupra29	?	0,013	0,987
468	RJsupra30	?	0,008	0,992
469	Búzios1	A	0,006	0,994
470	Búzios2	B	0,992	0,008
471	Búzios3	B	0,995	0,005
472	Búzios4	B	0,992	0,008
473	Búzios5	B	0,989	0,011
474	Búzios6	B	0,974	0,026
475	Búzios7	B	0,986	0,014
476	Búzios8	B	0,994	0,006
477	Búzios9	B	0,990	0,010
478	Búzios10	B	0,947	0,053
479	Búzios11	B	0,984	0,016
480	Búzios12	B	0,990	0,010
481	Búzios13	B	0,995	0,005
482	Búzios14	B	0,992	0,008
483	Búzios15	B	0,995	0,005
484	Búzios16	B	0,996	0,004
485	Búzios17	B	0,989	0,011
486	Búzios18	B	0,989	0,011
487	Búzios19	B	0,995	0,005
488	Búzios20	B	0,995	0,005
489	Búzios21	B	0,995	0,005
490	Búzios22	B	0,994	0,006
491	Búzios23	B	0,993	0,007
492	Búzios24	?	0,394	0,606
493	Búzios25	?	0,778	0,222
494	Búzios26	?	0,987	0,013
495	Búzios27	?	0,504	0,496
496	Búzios28	?	0,797	0,203
497	Búzios29	?	0,244	0,756

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
498	Búzios30	?	0,932	0,068
499	Búzios31	?	0,982	0,018
500	Búzios32	?	0,878	0,122
501	Búzios33	?	0,769	0,231
502	SFII1	A	0,011	0,989
503	SFII2	A	0,011	0,989
504	SFII3	A	0,008	0,992
505	SFII4	A	0,007	0,993
506	SFII5	A	0,012	0,988
507	SFII6	A	0,006	0,994
508	SFII7	A	0,014	0,986
509	SFII8	A	0,007	0,993
510	SFII9	A	0,006	0,994
511	SFII10	A	0,030	0,970
512	SFII11	A	0,011	0,989
513	SFII12	A	0,015	0,985
514	SFII13	A	0,010	0,990
515	SFII14	A	0,006	0,994
516	SFII15	A	0,007	0,993
517	SFII16	A	0,006	0,994
518	SFII17	A	0,011	0,989
519	SFII18	A	0,008	0,992
520	SFII19	A	0,006	0,994
521	SFII20	A	0,015	0,985
522	SFII21	A	0,012	0,988
523	SFII22	A	0,009	0,991
524	SFII23	A	0,004	0,996
525	SFII24	A	0,006	0,994
526	SFII25	A	0,029	0,971
527	SFII26	A	0,009	0,991
528	SFII27	A	0,011	0,989
529	SFII28	A	0,006	0,994
530	SFII29	A	0,023	0,977
531	SFII30	A	0,006	0,994
532	SFII31	A	0,005	0,995
533	SFII32	B	0,995	0,005
534	SFII33	B	0,995	0,005
535	SFII34	B	0,992	0,008
536	SFII35	B	0,991	0,009
537	SFII36	B	0,993	0,007
538	SFII37	B	0,995	0,005
539	SFII38	B	0,993	0,007
540	SFII39	B	0,993	0,007
541	SFII40	?	0,848	0,152
542	SFII41	?	0,051	0,949
543	SFII42	?	0,226	0,774
544	SFII43	?	0,022	0,978
545	SFII44	?	0,679	0,321
546	SV1infraII1	A	0,007	0,993
547	SV1infraII2	A	0,006	0,994
548	SV1infraII3	A	0,005	0,995
549	SV1infraII4	A	0,130	0,870
550	SV1infraII5	A	0,011	0,989
551	SV1infraII6	A	0,006	0,994
552	SV1infraII7	A	0,005	0,995
553	SV1infraII8	A	0,012	0,988
554	SV1infraII9	A	0,009	0,991
555	SV1infraII10	A	0,041	0,959
556	SV1infraII11	A	0,006	0,994
557	SV1infraII12	A	0,006	0,994
558	SV1infraII13	A	0,009	0,991
559	SV1infraII14	A	0,005	0,995
560	SV1infraII15	A	0,006	0,994
561	SV1infraII16	A	0,008	0,992

Tabela II.2: (continuação)

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
562	SV1infrall17	A	0,006	0,994
563	SV1infrall18	A	0,006	0,994
564	SV1infrall19	A	0,009	0,991
565	SV1infrall20	A	0,005	0,995
566	SV1infrall21	A	0,009	0,991
567	SV1infrall22	A	0,008	0,992
568	SV1infrall23	A	0,005	0,995
569	SV1infrall24	A	0,008	0,992
570	SV1infrall25	A	0,008	0,992
571	SV1infrall26	A	0,006	0,994
572	SV1infrall27	A	0,006	0,994
573	SV1infrall28	A	0,005	0,995
574	SV1infrall29	A	0,022	0,978
575	SV1infrall30	B	0,989	0,011
576	SV1infrall31	B	0,994	0,006
577	SV1infrall32	B	0,993	0,007
578	SV1infrall33	?	0,202	0,798
579	SV1infrall34	?	0,010	0,990
580	SV1infrall35	?	0,308	0,692
581	SV1infrall36	?	0,303	0,697
582	SV1infrall37	?	0,442	0,558
583	SV1infrall38	?	0,611	0,389
584	SV1infrall39	?	0,437	0,563
585	SV1infrall40	?	0,304	0,696
586	SV1infrall41	?	0,548	0,452
587	SV1infrall42	?	0,010	0,990
588	SV1suprall1	A	0,087	0,913
589	SV1suprall2	A	0,020	0,980
590	SV1suprall3	A	0,007	0,993
591	SV1suprall4	A	0,008	0,992
592	SV1suprall5	A	0,008	0,992
593	SV1suprall6	A	0,008	0,992
594	SV1suprall7	A	0,011	0,989
595	SV1suprall8	A	0,008	0,992
596	SV1suprall9	A	0,006	0,994
597	SV1suprall10	A	0,004	0,996
598	SV1suprall11	A	0,006	0,994
599	SV1suprall12	A	0,011	0,989
600	SV1suprall13	A	0,005	0,995
601	SV1suprall14	A	0,005	0,995
602	SV1suprall15	A	0,005	0,995
603	SV1suprall16	A	0,006	0,994
604	SV1suprall17	A	0,006	0,994
605	SV1suprall18	A	0,006	0,994
606	SV1suprall19	A	0,006	0,994
607	SV1suprall20	A	0,006	0,994
608	SV1suprall21	A	0,005	0,995
609	SV1suprall22	A	0,007	0,993
610	SV1suprall23	A	0,004	0,996
611	SV1suprall24	A	0,007	0,993
612	SV1suprall25	A	0,006	0,994
613	SV1suprall26	A	0,007	0,993
614	SV1suprall27	A	0,006	0,994
615	SV1suprall28	A	0,006	0,994
616	SV1suprall29	A	0,007	0,993
617	SV1suprall30	A	0,074	0,926
618	SV1suprall31	A	0,005	0,995
619	SV1suprall32	A	0,014	0,986
620	SV1suprall33	A	0,011	0,989
621	SV1suprall34	A	0,006	0,994
622	SV1suprall35	A	0,005	0,995
623	SV1suprall36	A	0,007	0,993
624	SV1suprall37	B	0,990	0,010
625	SV1suprall38	B	0,994	0,006

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
626	IBII1	A	0,010	0,990
627	IBII2	A	0,008	0,992
628	IBII3	A	0,006	0,994
629	IBII4	A	0,012	0,988
630	IBII5	A	0,014	0,986
631	IBII6	A	0,006	0,994
632	IBII7	A	0,008	0,992
633	IBII8	A	0,019	0,981
634	IBII9	A	0,011	0,989
635	IBII10	A	0,006	0,994
636	IBII11	A	0,005	0,995
637	IBII12	A	0,005	0,995
638	IBII13	A	0,008	0,992
639	IBII14	A	0,008	0,992
640	IBII15	A	0,005	0,995
641	IBII16	A	0,006	0,994
642	IBII17	A	0,006	0,994
643	IBII18	A	0,006	0,994
644	IBII19	A	0,013	0,987
645	IBII20	A	0,006	0,994
646	IBII21	A	0,129	0,871
647	IBII22	A	0,007	0,993
648	IBII23	A	0,006	0,994
649	IBII24	A	0,011	0,989
650	IBII25	A	0,009	0,991
651	IBII26	B	0,994	0,006
652	IBII27	B	0,994	0,006
653	IBII28	B	0,993	0,007
654	IBII29	B	0,995	0,005
655	IBII30	B	0,993	0,007
656	IBII31	B	0,975	0,025
657	IBII32	B	0,994	0,006
658	IBII33	B	0,994	0,006
659	IBII34	B	0,994	0,006
660	IBII35	B	0,994	0,006
661	IBII36	B	0,993	0,007
662	IBII37	B	0,994	0,006
663	IBII38	B	0,995	0,005
664	IBII39	B	0,995	0,005
665	IBII40	B	0,992	0,008
666	IBII41	B	0,993	0,007
667	IBII42	B	0,992	0,008
668	IBII43	B	0,993	0,007
669	IBII44	B	0,993	0,007
670	IBII45	B	0,996	0,004
671	IBII46	B	0,994	0,006
672	IBII47	B	0,995	0,005
673	IBII48	B	0,992	0,008
674	IBII49	?	0,009	0,991
675	IBII50	?	0,953	0,047
676	IBII51	?	0,990	0,010
677	IBII52	?	0,632	0,368
678	IBII53	?	0,862	0,138
679	IBII54	?	0,909	0,091
680	IBII55	?	0,986	0,014
681	IBII56	?	0,982	0,018
682	IBII57	?	0,986	0,014
683	IBII58	?	0,980	0,020
684	IBII59	?	0,826	0,174
685	IBII60	?	0,427	0,573
686	IBII61	?	0,114	0,886
687	SS1infrall1	A	0,015	0,985
688	SS1infrall2	A	0,008	0,992
689	SS1infrall3	A	0,007	0,993

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
690	SS1infrall4	A	0,005	0,995
691	SS1infrall5	A	0,006	0,994
692	SS1infrall6	A	0,008	0,992
693	SS1infrall7	A	0,005	0,995
694	SS1infrall8	A	0,009	0,991
695	SS1infrall9	A	0,012	0,988
696	SS1infrall10	A	0,012	0,988
697	SS1infrall11	A	0,007	0,993
698	SS1infrall12	A	0,005	0,995
699	SS1infrall13	A	0,005	0,995
700	SS1infrall14	A	0,004	0,996
701	SS1infrall15	A	0,008	0,992
702	SS1infrall16	A	0,007	0,993
703	SS1infrall17	A	0,006	0,994
704	SS1infrall18	A	0,006	0,994
705	SS1infrall19	A	0,006	0,994
706	SS1infrall20	A	0,006	0,994
707	SS1infrall21	A	0,005	0,995
708	SS1infrall22	A	0,006	0,994
709	SS1infrall23	A	0,004	0,996
710	SS1infrall24	A	0,005	0,995
711	SS1infrall25	A	0,004	0,996
712	SS1infrall26	A	0,005	0,995
713	SS1infrall27	A	0,007	0,993
714	SS1infrall28	A	0,005	0,995
715	SS1infrall29	A	0,004	0,996
716	SS1infrall30	A	0,005	0,995
717	SS1infrall31	A	0,008	0,992
718	SS1infrall32	A	0,382	0,618
719	SS1infrall33	B	0,989	0,011
720	SS1infrall34	B	0,994	0,006
721	SS1infrall35	B	0,853	0,147
722	SS1infrall36	B	0,994	0,006
723	SS1infrall37	B	0,995	0,005
724	SS1infrall38	B	0,985	0,015
725	SS1infrall39	B	0,995	0,005
726	SS1infrall40	B	0,992	0,008
727	SS1infrall41	B	0,993	0,007
728	SS1infrall42	?	0,006	0,994
729	SS1infrall43	?	0,932	0,068
730	SS1infrall44	?	0,986	0,014
731	SS1suprall1	A	0,014	0,986
732	SS1suprall2	A	0,006	0,994
733	SS1suprall3	A	0,008	0,992
734	SS1suprall4	A	0,005	0,995
735	SS1suprall5	A	0,009	0,991
736	SS1suprall6	A	0,017	0,983
737	SS1suprall7	A	0,008	0,992
738	SS1suprall8	A	0,006	0,994
739	SS1suprall9	A	0,008	0,992
740	SS1suprall10	A	0,007	0,993
741	SS1suprall11	A	0,009	0,991
742	SS1suprall12	A	0,005	0,995
743	SS1suprall13	A	0,005	0,995
744	SS1suprall14	A	0,006	0,994
745	SS1suprall15	A	0,006	0,994
746	SS1suprall16	A	0,006	0,994
747	SS1suprall17	A	0,008	0,992
748	SS1suprall18	A	0,005	0,995
749	SS1suprall19	A	0,007	0,993
750	SS1suprall20	A	0,006	0,994
751	SS1suprall21	A	0,080	0,920
752	SS1suprall22	A	0,010	0,990
753	SS1suprall23	A	0,006	0,994

Tabela II.2: (continuação)

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
754	SS1supraII24	A	0,004	0,996
755	SS1supraII25	A	0,006	0,994
756	SS1supraII26	A	0,006	0,994
757	SS1supraII27	A	0,008	0,992
758	SS1supraII28	A	0,006	0,994
759	SS1supraII29	A	0,004	0,996
760	SS1supraII30	A	0,006	0,994
761	SS1supraII31	A	0,006	0,994
762	SS1supraII32	A	0,006	0,994
763	SS1supraII33	A	0,007	0,993
764	SS1supraII34	B	0,995	0,005
765	SS1supraII35	B	0,995	0,005
766	SS1supraII36	B	0,991	0,009
767	SS1supraII37	B	0,989	0,011
768	SS1supraII38	B	0,992	0,008
769	SS1supraII39	B	0,994	0,006
770	SS1supraII40	B	0,995	0,005
771	SS1supraII41	B	0,996	0,004
772	SS1supraII42	B	0,990	0,010
773	SS1supraII43	B	0,995	0,005
774	SS1supraII44	B	0,991	0,009
775	SS1supraII45	?	0,543	0,457
776	SS1supraII46	?	0,966	0,034
777	SS1supraII47	?	0,607	0,393
778	SS2II1	A	0,006	0,994
779	SS2II2	A	0,006	0,994
780	SS2II3	A	0,005	0,995
781	SS2II4	A	0,005	0,995
782	SS2II5	A	0,006	0,994
783	SS2II6	A	0,010	0,990
784	SS2II7	A	0,006	0,994
785	SS2II8	A	0,008	0,992
786	SS2II9	A	0,017	0,983
787	SS2II10	A	0,006	0,994
788	SS2II11	A	0,008	0,992
789	SS2II12	A	0,005	0,995
790	SS2II13	A	0,059	0,941
791	SS2II14	A	0,013	0,987
792	SS2II15	A	0,008	0,992
793	SS2II16	A	0,006	0,994
794	SS2II17	A	0,006	0,994
795	SS2II18	A	0,010	0,990
796	SS2II19	A	0,008	0,992
797	SS2II20	A	0,010	0,990
798	SS2II21	A	0,004	0,996
799	SS2II22	A	0,006	0,994
800	SS2II23	A	0,004	0,996
801	SS2II24	A	0,004	0,996
802	SS2II25	A	0,010	0,990
803	SS2II26	A	0,006	0,994
804	SS2II27	A	0,008	0,992
805	SS2II28	A	0,008	0,992
806	SS2II29	A	0,011	0,989
807	SS2II30	A	0,008	0,992
808	SS2II31	B	0,993	0,007
809	SS2II32	B	0,996	0,004
810	SS2II33	B	0,995	0,005
811	SS2II34	B	0,989	0,011
812	SS2II35	B	0,985	0,015
813	ParatyII1	A	0,005	0,995
814	ParatyII2	A	0,006	0,994
815	ParatyII3	A	0,006	0,994
816	ParatyII4	B	0,994	0,006
817	ParatyII5	B	0,995	0,005
818	ParatyII6	B	0,995	0,005
819	ParatyII7	B	0,995	0,005
820	ParatyII8	B	0,965	0,035
821	ParatyII9	B	0,995	0,005
822	ParatyII10	B	0,994	0,006
823	ParatyII11	B	0,995	0,005
824	ParatyII12	B	0,996	0,004
825	ParatyII13	B	0,983	0,017
826	ParatyII14	B	0,995	0,005
827	ParatyII15	B	0,995	0,005
828	ParatyII16	B	0,996	0,004
829	ParatyII17	B	0,993	0,007
830	ParatyII18	B	0,994	0,006
831	ParatyII19	B	0,988	0,012
832	ParatyII20	B	0,990	0,010
833	ParatyII21	B	0,994	0,006
834	ParatyII22	B	0,980	0,020
835	ParatyII23	B	0,992	0,008
836	ParatyII24	B	0,992	0,008
837	ParatyII25	B	0,994	0,006
838	ParatyII26	B	0,992	0,008
839	ParatyII27	B	0,995	0,005
840	ParatyII28	B	0,995	0,005
841	ParatyII29	B	0,992	0,008
842	ParatyII30	B	0,991	0,009
843	ParatyII31	B	0,995	0,005
844	ParatyII32	B	0,994	0,006
845	ParatyII33	B	0,995	0,005
846	ParatyII34	?	0,987	0,013
847	ParatyII35	?	0,986	0,014
848	AngralI1	A	0,006	0,994
849	AngralI2	A	0,004	0,996
850	AngralI3	A	0,010	0,990
851	AngralI4	A	0,006	0,994
852	AngralI5	A	0,032	0,968
853	AngralI6	A	0,006	0,994
854	AngralI7	A	0,004	0,996
855	AngralI8	A	0,010	0,990
856	AngralI9	A	0,037	0,963
857	AngralI10	A	0,006	0,994
858	AngralI11	A	0,010	0,990
859	AngralI12	A	0,014	0,986
860	AngralI13	A	0,011	0,989
861	AngralI14	A	0,009	0,991
862	AngralI15	A	0,005	0,995
863	AngralI16	A	0,008	0,992
864	AngralI17	A	0,005	0,995
865	AngralI18	A	0,005	0,995
866	AngralI19	A	0,012	0,988
867	AngralI20	A	0,006	0,994
868	AngralI21	A	0,005	0,995
869	AngralI22	A	0,005	0,995
870	AngralI23	A	0,006	0,994
871	AngralI24	A	0,005	0,995
872	AngralI25	A	0,006	0,994
873	AngralI26	A	0,006	0,994
874	AngralI27	A	0,005	0,995
875	AngralI28	A	0,006	0,994
876	AngralI29	A	0,006	0,994
877	AngralI30	A	0,005	0,995
878	AngralI31	A	0,005	0,995
879	AngralI32	A	0,005	0,995
880	AngralI33	A	0,008	0,992
881	AngralI34	A	0,007	0,993
882	AngralI35	A	0,005	0,995
883	AngralI36	A	0,006	0,994
884	AngralI37	A	0,008	0,992
885	AngralI38	A	0,013	0,987
886	AngralI39	B	0,955	0,045
887	AngralI40	B	0,560	0,440
888	AngralI41	?	0,148	0,852
889	AngralI42	?	0,008	0,992
890	RJinfralI1	A	0,006	0,994
891	RJinfralI2	A	0,007	0,993
892	RJinfralI3	A	0,006	0,994
893	RJinfralI4	A	0,102	0,898
894	RJinfralI5	A	0,103	0,897
895	RJinfralI6	B	0,994	0,006
896	RJinfralI7	B	0,991	0,009
897	RJinfralI8	B	0,993	0,007
898	RJinfralI9	B	0,993	0,007
899	RJinfralI10	B	0,996	0,004
900	RJinfralI11	B	0,996	0,004
901	RJinfralI12	B	0,990	0,010
902	RJinfralI13	B	0,991	0,009
903	RJinfralI14	B	0,985	0,015
904	RJinfralI15	B	0,978	0,022
905	RJinfralI16	B	0,981	0,019
906	RJinfralI17	B	0,864	0,136
907	RJinfralI18	B	0,988	0,012
908	RJinfralI19	B	0,987	0,013
909	RJinfralI20	B	0,993	0,007
910	RJinfralI21	B	0,995	0,005
911	RJinfralI22	B	0,993	0,007
912	RJinfralI23	B	0,993	0,007
913	RJinfralI24	B	0,996	0,004
914	RJinfralI25	B	0,988	0,012
915	RJinfralI26	B	0,991	0,009
916	RJinfralI27	B	0,994	0,006
917	RJinfralI28	B	0,993	0,007
918	RJinfralI29	B	0,995	0,005
919	RJinfralI30	B	0,993	0,007
920	RJinfralI31	B	0,996	0,004
921	RJinfralI32	B	0,994	0,006
922	RJinfralI33	B	0,993	0,007
923	RJinfralI34	B	0,994	0,006
924	RJinfralI35	B	0,995	0,005
925	RJinfralI36	?	0,980	0,020
926	RJinfralI37	?	0,888	0,112
927	RJinfralI38	?	0,983	0,017
928	RJinfralI39	?	0,920	0,080
929	RJinfralI40	?	0,787	0,213
930	RJinfralI41	?	0,754	0,246
931	RJinfralI42	?	0,164	0,836
932	RJinfralI43	?	0,992	0,008
933	RJsupraII1	A	0,760	0,240
934	RJsupraII2	A	0,092	0,908
935	RJsupraII3	A	0,013	0,987
936	RJsupraII4	A	0,036	0,964
937	RJsupraII5	A	0,006	0,994
938	RJsupraII6	A	0,005	0,995
939	RJsupraII7	B	0,781	0,219
940	RJsupraII8	B	0,982	0,018
941	RJsupraII9	B	0,983	0,017
942	RJsupraII10	B	0,978	0,022
943	RJsupraII11	B	0,988	0,012
944	RJsupraII12	B	0,994	0,006
945	RJsupraII13	B	0,993	0,007

Tabela II.2: (continuação)

Ind.	Pop e n ^a	grupo	Prob. pertencimento	
			1	2
946	RJsupraII14	B	0,992	0,008
947	RJsupraII15	B	0,992	0,008
948	RJsupraII16	B	0,993	0,007
949	RJsupraII17	B	0,992	0,008
950	RJsupraII18	B	0,993	0,007
951	RJsupraII19	B	0,991	0,009
952	RJsupraII20	B	0,987	0,013
953	RJsupraII21	B	0,972	0,028
954	RJsupraII22	B	0,980	0,020
955	RJsupraII23	B	0,994	0,006
956	RJsupraII24	B	0,993	0,007
957	RJsupraII25	B	0,992	0,008
958	RJsupraII26	B	0,993	0,007
959	RJsupraII27	B	0,995	0,005
960	RJsupraII28	?	0,994	0,006
961	RJsupraII29	?	0,926	0,074
962	RJsupraII30	?	0,946	0,054
963	RJsupraII31	?	0,770	0,230
964	RJsupraII32	?	0,881	0,119
965	RJsupraII33	?	0,986	0,014
966	BúziosII1	A	0,006	0,994
967	BúziosII2	A	0,006	0,994
968	BúziosII3	A	0,007	0,993
969	BúziosII4	A	0,005	0,995
970	BúziosII5	A	0,005	0,995
971	BúziosII6	A	0,008	0,992
972	BúziosII7	A	0,008	0,992
973	BúziosII8	A	0,005	0,995
974	BúziosII9	A	0,005	0,995
975	BúziosII10	A	0,005	0,995
976	BúziosII11	A	0,014	0,986
977	BúziosII12	A	0,010	0,990
978	BúziosII13	B	0,986	0,014
979	BúziosII14	B	0,981	0,019
980	BúziosII15	B	0,993	0,007
981	BúziosII16	B	0,996	0,004
982	BúziosII17	B	0,983	0,017
983	BúziosII18	B	0,924	0,076
984	BúziosII19	B	0,995	0,005
985	BúziosII20	B	0,968	0,032
986	BúziosII21	?	0,016	0,984
987	BúziosII22	?	0,794	0,206
988	BúziosII23	?	0,887	0,113
989	BúziosII24	?	0,915	0,085
990	BúziosII25	?	0,191	0,809
991	BúziosII26	?	0,193	0,807
992	BúziosII27	?	0,146	0,854
993	BúziosII28	?	0,778	0,222
994	BúziosII29	?	0,344	0,656
995	BúziosII30	?	0,953	0,047

Figura II.1: Proporção de pertencimento de cada indivíduo em cada um dos dois *clusters*. Os números dos indivíduos são equivalentes àqueles da tabela II.2. A cor vermelha representa o *cluster* 1 e a cor verde representa o *cluster* 2.

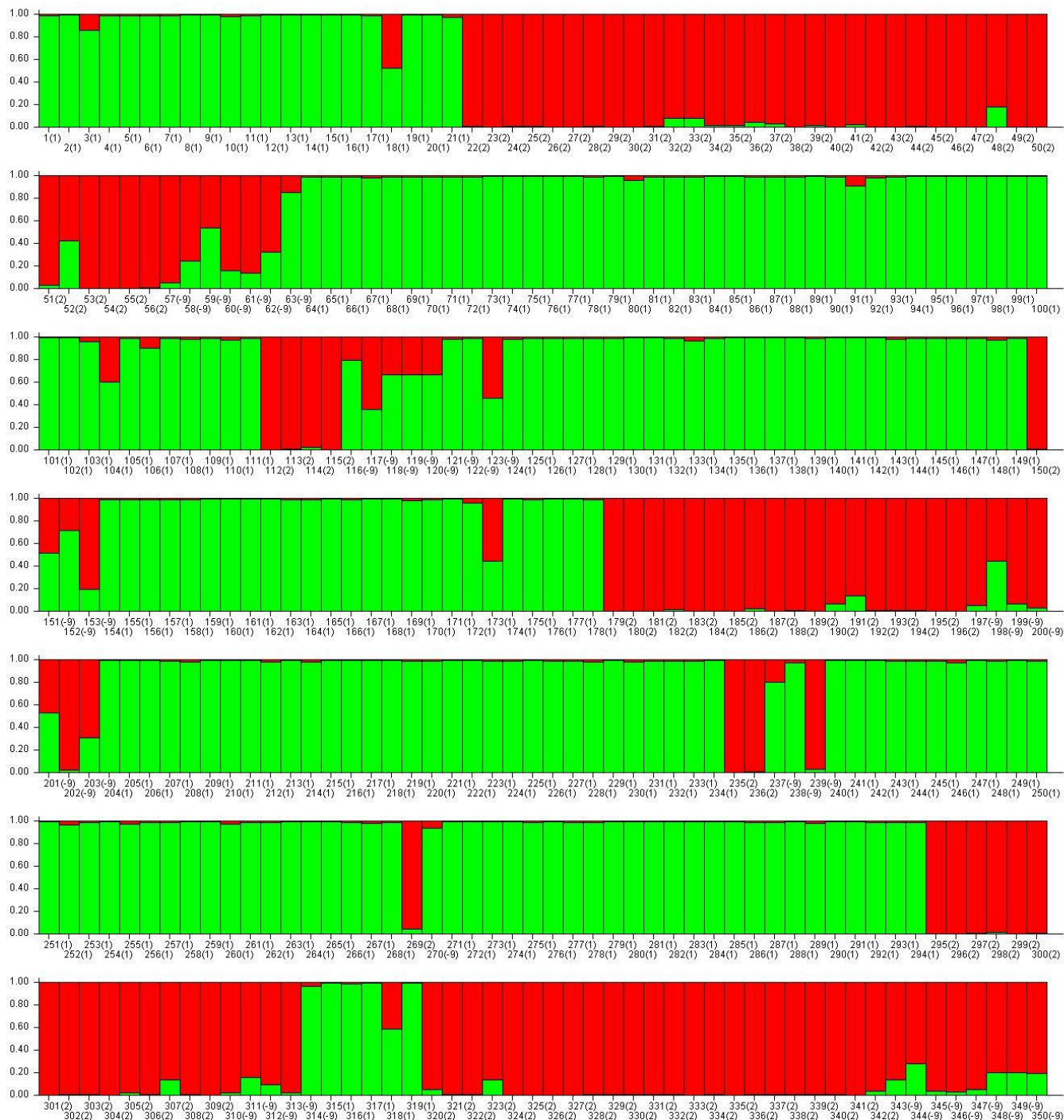


Figura II.1: (continuação)

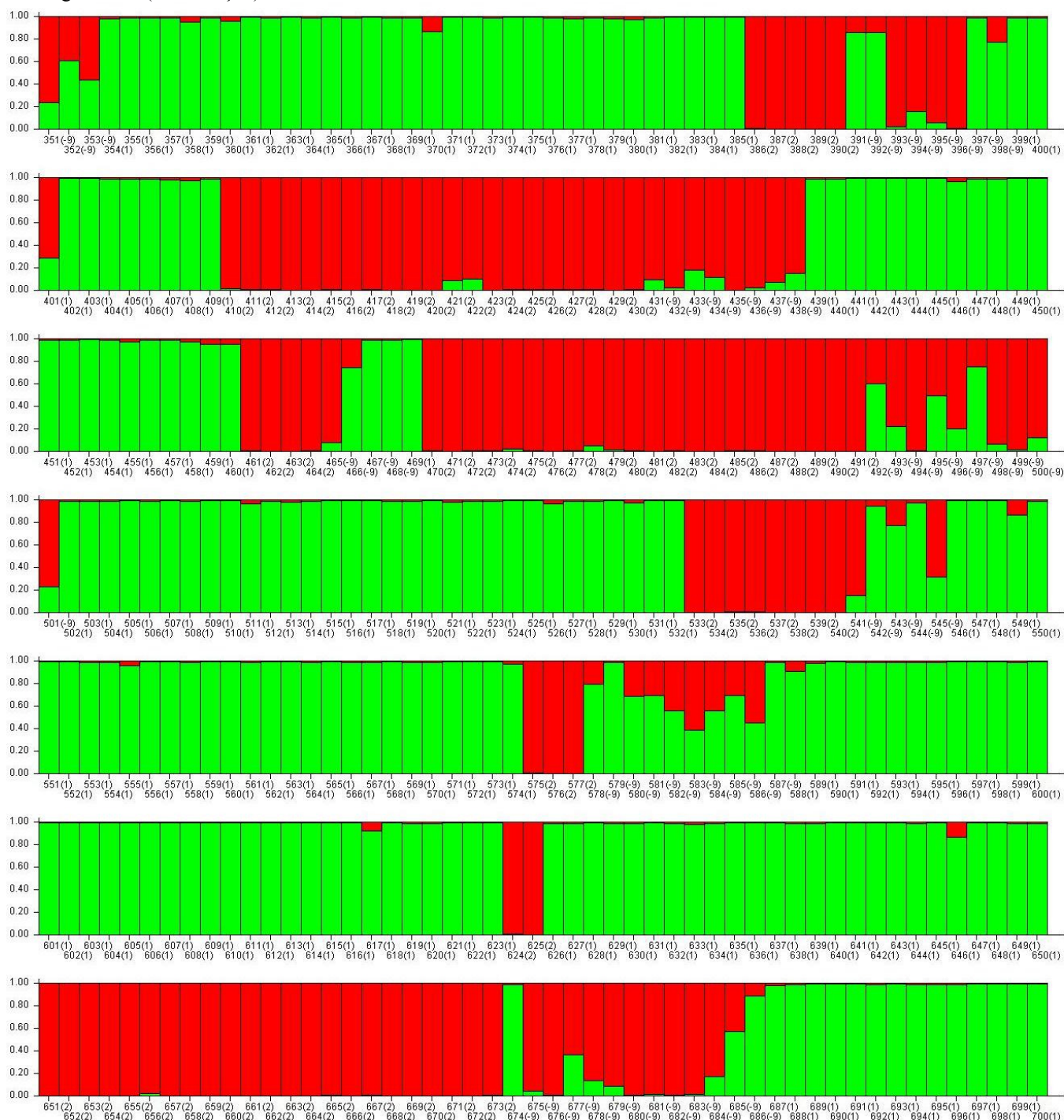


Figura II.1: (continuação)

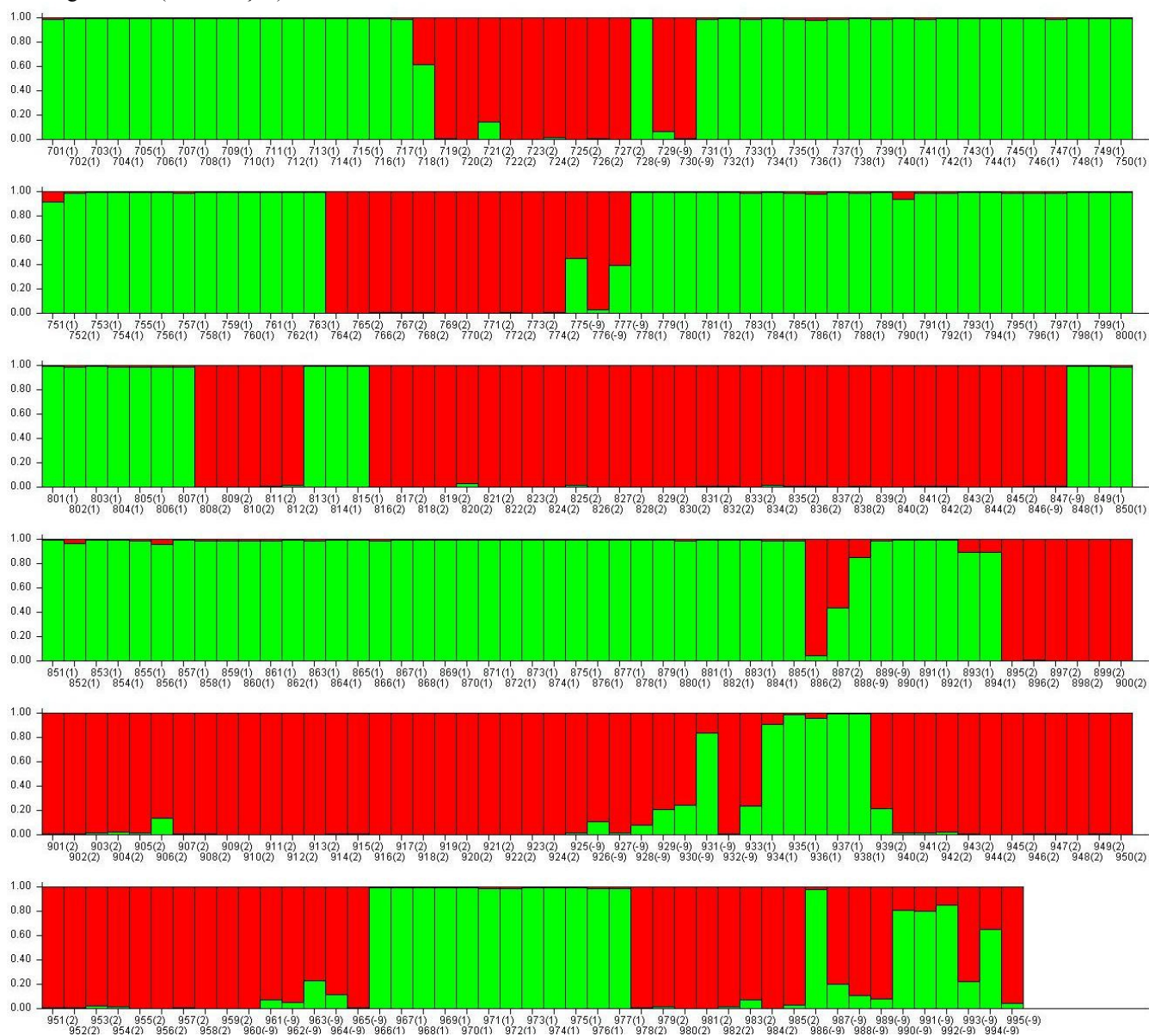


Tabela II.3: Frequências alélicas em cada loco para cada um dos dois *clusters* no período I de coleta.

Loco e alelos	Frequência no <i>cluster</i>	
	1	2
Pgm-1		
4	0,061	0,983
7	0,032	0,013
3	0,890	0,000
2	0,008	0,000
6	0,005	0,001
5	0,004	0,003
Pgm-2		
4	0,027	0,999
5	0,851	0,000
6	0,120	0,000
7	0,002	0,000
Mdh		
4	0,055	0,516
3	0,945	0,483
7	0,000	0,001
Idh-1		
4	1,000	1,000
Idh-2		
4	0,467	0,957
3	0,384	0,021
7	0,007	0,002
6	0,026	0,008
2	0,094	0,009
1	0,019	0,002
5	0,003	0,000
Pgi		
4	0,001	0,998
3	0,998	0,000
5	0,000	0,001
Got		
4	0,997	1,000
Mpi		
4	0,968	0,996
5	0,031	0,001
7	0,000	0,001
2	0,000	0,001

Loco e alelos	Frequência no <i>cluster</i>	
	1	2
Pep-LGG-1		
4	0,933	0,962
3	0,023	0,025
2	0,011	0,012
5	0,023	0,000
6	0,010	0,000
Pep-LGG-3		
4	0,700	0,843
5	0,080	0,080
3	0,151	0,049
1	0,005	0,008
2	0,064	0,020
Lap-2		
4	0,829	0,398
2	0,008	0,211
3	0,048	0,315
1	0,000	0,011
5	0,110	0,042
7	0,002	0,000
6	0,002	0,003
8	0,001	0,019
Lap-3		
4	0,933	0,990
3	0,013	0,005
6	0,004	0,000
5	0,050	0,004
Est-1		
4	1,000	1,000
Est-2		
4	1,000	1,000

Apêndice III:

Inicialmente encontram-se neste apêndice os números amostrais e valores de média e variância dos dados morfométricos. Em seguida estão as tabelas de todas as comparações par-a-par feitas entre as amostras do mesmo grupo genético para cada uma das medidas tomadas na análise morfométrica utilizando o teste de Mann-Whitney corrigido segundo Bonferroni. Cada tabela representa as comparações de uma medida específica em um dos grupos genéticos “A” ou “B” em todas as localidades amostradas. Mais informações sobre a metodologia encontram-se no Capítulo 2, as abreviações das localidades e das medidas são as mesmas do Capítulo 1 e Capítulo 2 respectivamente.

Tabela III.1: Números amostrais (n), médias e variâncias (var) para cada uma das medidas no primeiro período de coleta. Siglas das localidades conforme capítulos 1 e 2.

	medida	CT	LT	CA	LA	EC	LC	DS1	DS2
SFAI	n	15	15	15	15	15	15	13	13
	média	30,26	18,67	18,85	10,32	1,25	2,66	2,98	6,55
	var	12,97	4,99	6,43	1,58	0,07	0,17	0,34	1,85
SFBI	n	30	30	30	29	29	29	29	30
	média	31,97	20,62	21,15	12,06	1,25	2,78	2,76	5,85
	var	60,13	24,68	20,54	6,93	0,26	0,36	0,57	2,47
SFindef I	n	8	8	8	7	7	7	8	8
	média	29,45	17,29	19,31	11,00	1,04	2,44	2,74	5,31
	var	42,31	13,47	12,16	4,51	0,10	0,25	0,34	1,02
SV1infraAI	n	44	42	43	41	42	38	35	35
	média	35,28	19,59	21,58	10,67	1,04	2,97	3,36	6,50
	var	19,37	6,71	7,63	2,95	0,06	0,38	0,89	3,04
SV1infraBI	n	3	3	3	2	2	3	2	2
	média	48,91	25,45	29,77	19,74	1,87	4,84	3,38	6,32
	var	20,79	3,45	16,10	3,64	0,00	0,29	0,27	0,27
SV1infra indef I	n	7	7	7	6	6	6	5	5
	média	34,03	17,70	20,51	9,80	0,89	2,76	2,96	5,57
	var	15,40	0,94	8,72	2,17	0,05	0,24	1,11	2,63
SV1supraAI	n	23	22	23	23	22	22	18	18
	média	35,92	21,07	22,27	11,53	1,29	2,84	3,12	6,44
	var	54,41	17,91	22,61	6,97	0,36	0,48	0,99	3,70
SVsupra indef I	n	3	3	3	3	3	3	3	2
	média	33,02	20,98	21,59	11,74	1,14	2,36	4,00	6,10
	var	67,98	17,36	27,10	3,19	0,04	0,12	2,69	0,43
IBAI	n	18	19	18	16	19	18	18	18
	média	26,96	16,31	18,02	9,18	0,85	2,41	2,73	5,84
	var	10,61	8,08	4,98	1,93	0,08	0,21	0,32	0,89
IBBI	n	17	17	16	14	15	16	17	17
	média	28,15	17,61	19,42	10,15	1,01	2,40	2,69	5,71
	var	19,56	14,69	12,14	2,49	0,07	0,31	0,22	1,26
IB indef I	n	5	4	5	4	4	5	5	5
	média	24,76	15,71	17,01	9,56	0,96	2,03	2,54	5,44
	var	50,95	31,93	28,66	9,31	0,07	0,21	0,63	3,77
SS1infraAI	n	31	30	30	27	27	27	30	28
	média	23,42	15,53	15,07	7,85	0,94	2,11	2,55	5,14
	var	5,42	2,33	2,23	0,72	0,05	0,13	0,28	0,79
SS1infraBI	n	2	2	2	2	2	2	1	1
	média	26,35	17,77	17,72	8,97	1,34	2,34	3,32	5,58
	var	0,81	0,66	0,02	0,01	0,43	0,06	xxx	xxx
SS1infra indef I	n	3	3	3	3	3	3	3	3
	média	22,83	15,30	15,02	7,75	0,72	1,96	2,55	5,24
	var	6,09	2,64	2,27	0,53	0,04	0,23	0,03	0,35
SS1supraAI	n	29	29	29	29	29	29	28	27
	média	24,18	15,70	15,52	7,96	1,07	2,13	2,69	5,54
	var	7,53	3,56	4,23	1,27	0,05	0,23	0,16	1,02
SS1supraBI	n	1	1	1	1	1	1	1	1
	média	21,04	14,36	12,36	6,55	0,91	1,65	2,63	4,84
	var	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx
SS1supra indef I	n	1	1	1	1	1	1	1	1
	média	25,24	17,00	16,73	9,08	0,87	2,85	3,05	5,75
	var	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx

Tabela III.1: (continuação).

	medida	CT	LT	CA	LA	EC	LC	DS1	DS2
SS2AI	n	24	24	24	24	24	24	23	23
	média	30,26	19,91	20,02	10,78	1,34	2,56	2,79	6,09
	var	34,85	12,27	6,29	4,61	0,16	0,27	0,54	3,06
SS2BI	n	15	15	14	14	14	15	14	13
	média	19,96	13,82	14,19	8,12	0,79	1,99	2,08	3,93
	var	9,60	4,11	5,23	1,71	0,05	0,17	0,15	0,40
SS2 indef I	n	5	5	5	5	5	5	5	5
	média	22,16	15,10	15,04	8,26	1,12	2,07	2,08	4,45
	var	48,00	19,07	17,75	4,77	0,42	0,09	0,18	1,89
ParatyAI	n	5	5	5	3	3	5	5	5
	média	34,00	18,81	22,26	14,40	1,06	3,37	2,75	6,39
	var	63,12	22,80	18,64	1,19	0,02	0,20	0,51	2,24
ParatyBI	n	19	19	19	19	19	19	19	18
	média	32,43	20,81	23,80	13,79	1,08	3,19	2,68	5,96
	var	55,28	20,49	26,87	13,75	0,14	0,62	0,59	3,03
Paraty indef I	n	10	9	10	10	10	9	8	8
	média	33,88	19,77	23,99	13,60	1,16	3,67	2,89	6,55
	var	133,67	46,06	66,24	25,59	0,18	2,37	1,92	9,55
AngraAI	n	26	26	26	26	26	26	21	20
	média	43,32	24,21	26,20	13,99	1,15	3,15	3,10	6,06
	var	19,78	4,33	7,94	3,49	0,10	0,28	0,32	1,61
AngraBI	n	5	5	5	5	5	5	5	5
	média	38,77	20,95	23,27	13,29	1,70	3,12	2,68	5,65
	var	40,42	13,56	8,86	2,68	0,28	0,29	1,03	9,50
Angra indef I	n	8	8	8	8	8	8	5	4
	média	42,00	24,42	25,24	13,96	1,27	2,79	3,20	5,03
	var	121,57	49,65	45,85	20,60	0,16	0,35	3,20	5,80
RJinfraAI	n	10	11	10	9	11	9	11	11
	média	26,29	15,53	17,75	9,74	0,74	2,35	2,18	4,65
	var	64,94	19,27	28,84	7,66	0,03	0,63	0,61	2,60
RJinfraBI	n	19	18	18	13	15	16	20	20
	média	34,91	21,16	25,45	15,11	1,06	3,62	2,61	5,85
	var	79,55	33,61	40,58	4,89	0,07	0,73	0,84	4,66
RJinfra indef I	n	6	7	6	6	7	5	6	6
	média	32,77	20,65	22,96	12,03	1,09	2,93	2,93	6,07
	var	50,61	9,38	29,32	9,24	0,10	0,44	0,26	1,56
RJsupraAI	n	21	22	21	14	14	18	22	22
	média	22,65	13,31	15,59	7,93	0,74	2,09	1,93	3,94
	var	13,17	5,03	7,02	1,84	0,02	0,12	0,16	0,85
RJsupraBI	n	3	3	3	2	3	3	4	4
	média	25,63	14,07	18,08	9,77	0,71	2,25	2,23	4,58
	var	22,11	6,96	6,33	2,35	0,04	0,17	0,33	2,14
RJsupra indef I	n	4	4	4	2	2	3	4	4
	média	23,35	12,27	14,59	9,00	0,81	2,25	2,13	4,80
	var	18,06	6,48	3,55	0,25	0,04	0,11	0,36	5,41
BúziosAI	n	1	1	1	1	1	1	1	1
	média	30,26	20,90	20,20	12,79	0,90	2,70	2,92	6,42
	var	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx
BúziosBI	n	18	18	18	14	14	18	17	17
	média	33,09	18,96	21,40	11,39	1,36	2,66	3,30	6,86
	var	28,36	8,74	10,95	4,79	0,21	0,22	0,47	3,89
Búzios indef I	n	9	9	9	8	9	9	7	7
	média	34,77	19,91	22,03	11,31	0,98	2,52	2,99	6,21
	var	11,01	13,02	3,31	1,97	0,07	0,28	0,73	4,79

Tabela III.2: Números amostrais (n), médias e variâncias (var) para cada uma das medidas no segundo período de coleta. Siglas das localidades conforme capítulos 1 e 2.

	medida	CT	LT	CA	LA	EC	LC	DS1	DS2
SFAII	n	26	26	26	24	23	23	22	22
	média	26,43	17,24	17,28	9,77	0,92	2,56	2,16	4,03
	var	58,59	20,67	18,33	5,61	0,21	0,21	0,39	1,10
SFBII	n	3	3	3	3	3	3	3	3
	média	18,94	13,16	14,78	7,77	0,58	1,90	1,72	3,55
	var	0,66	0,06	6,81	0,08	0,02	0,05	0,03	0,02
SFindef II	n	3	3	3	3	2	2	3	3
	média	27,63	18,97	19,20	10,93	0,92	3,04	2,21	4,67
	var	49,74	34,68	33,60	10,21	0,11	0,73	0,04	0,00
SV1infraAII	n	18	17	18	16	16	15	17	17
	média	35,68	23,38	22,36	11,87	1,02	3,50	2,87	5,46
	var	47,93	14,15	18,83	4,78	0,06	0,47	0,29	1,22
SV1infraBII	n	2	2	2	2	2	1	3	3
	média	30,17	19,59	18,55	9,69	1,21	1,55	2,66	5,16
	var	200,00	87,38	57,25	17,05	0,83	xxx	0,07	0,33
SV1infra indef II	n	9	9	9	8	8	8	9	7
	média	33,09	21,65	21,26	11,15	0,86	3,24	2,52	4,77
	var	39,53	13,21	13,81	4,86	0,02	0,70	0,20	0,47
SV1supraAII	n	32	32	32	30	31	32	28	25
	média	35,64	22,76	22,13	11,80	0,99	3,11	2,52	5,29
	var	33,26	11,87	12,95	4,60	0,06	0,39	0,28	1,00
SVsupraBII	n	1	1	1	1	1	1	1	1
	média	33,17	21,23	21,06	11,55	1,34	2,80	2,22	4,31
	var	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx	xxx
IB AII	n	24	25	24	25	24	24	24	24
	média	31,57	20,01	20,99	11,15	1,10	2,85	2,67	5,25
	var	13,38	7,76	5,52	2,74	0,06	0,19	0,37	1,66
IB BII	n	23	23	23	23	23	23	23	23
	média	28,79	19,66	20,40	11,17	0,97	2,72	2,55	5,00
	var	22,76	8,37	10,45	2,73	0,06	0,26	0,11	0,88
IB indef II	n	13	13	13	13	13	13	13	13
	média	31,82	21,20	21,64	12,11	1,24	2,70	2,97	6,02
	var	11,59	4,60	4,48	1,99	0,09	0,12	0,47	2,59
SS1infraAII	n	32	30	32	30	32	31	32	32
	média	23,98	15,89	16,52	9,09	0,86	2,39	2,30	4,69
	var	23,33	8,49	8,14	2,69	0,07	0,25	0,21	1,04
SS1infraBII	n	8	6	8	6	8	8	8	8
	média	23,81	16,59	16,91	9,42	0,79	2,58	2,56	4,96
	var	5,21	1,24	1,53	0,37	0,03	0,07	0,11	0,67
SS1infra indef II	n	3	3	3	3	3	2	3	3
	média	24,06	16,56	16,66	9,05	0,79	2,58	2,51	4,89
	var	5,02	1,60	1,32	0,02	0,02	0,24	0,11	1,16
SS1supraAII	n	33	29	33	28	32	26	33	33
	média	20,96	13,33	14,70	7,95	0,62	2,18	1,93	4,05
	var	7,64	4,84	4,55	0,76	0,02	0,21	0,06	0,25
SS1supraBII	n	10	9	10	8	9	8	11	11
	média	21,45	14,11	15,07	8,49	0,69	1,88	2,01	4,07
	var	3,89	5,09	2,67	1,95	0,02	0,26	0,05	0,19
SS1supra indef II	n	3	3	3	3	3	2	3	3
	média	19,63	13,30	13,69	7,76	0,53	2,16	2,03	3,98
	var	0,34	0,82	0,42	0,30	0,01	0,00	0,01	0,04

Tabela III.2: (continuação).

	medida	CT	LT	CA	LA	EC	LC	DS1	DS2
SS2AII	n	30	29	30	29	29	28	30	30
	média	29,06	19,03	19,20	10,41	1,01	2,70	2,35	4,69
	var	29,52	11,83	11,50	4,05	0,06	0,25	0,22	1,21
SS2BII	n	5	5	5	5	5	5	5	5
	média	29,93	21,05	21,10	12,07	1,26	2,92	2,68	6,22
	var	2,39	1,05	1,95	0,48	0,06	0,14	0,22	0,32
ParatyAII	n	3	3	3	3	3	2	3	3
	média	21,24	14,47	15,56	8,36	0,67	2,63	1,90	4,25
	var	5,35	1,22	0,50	0,80	0,02	0,03	0,13	0,40
ParatyBII	n	30	30	30	30	30	29	29	29
	média	30,44	21,87	22,95	13,06	0,96	3,29	2,32	5,22
	var	38,45	14,83	20,28	6,78	0,02	0,42	0,21	0,79
Paraty indef II	n	2	2	2	2	2	1	2	2
	média	29,02	20,94	16,26	12,44	1,14	3,40	2,28	4,95
	var	146,38	73,21	1,84	19,91	0,11	xxx	0,83	5,18
AngraAII	n	38	37	38	38	38	38	33	35
	média	36,93	23,27	24,04	12,29	0,93	3,03	3,01	5,75
	var	29,15	8,72	9,11	3,69	0,04	0,23	0,47	1,83
AngraBII	n	2	2	2	2	2	2	2	1
	média	43,58	26,73	27,65	15,01	0,99	3,01	3,64	7,37
	var	88,71	30,58	31,44	19,34	0,00	0,00	0,03	xxx
Angra indef II	n	2	2	2	2	2	2	2	2
	média	40,53	27,01	26,48	14,17	1,02	3,54	2,94	5,59
	var	48,12	6,81	42,97	7,64	0,11	0,99	0,55	0,59
RJinfraAII	n	5	5	5	5	5	5	5	5
	média	25,20	17,98	17,62	10,43	0,68	2,78	2,62	4,78
	var	6,86	3,01	5,10	1,13	0,01	0,28	0,19	0,39
RJinfraBII	n	29	28	29	24	27	24	30	30
	média	25,52	16,85	16,64	9,53	0,74	2,45	2,06	4,38
	var	19,54	31,68	28,49	11,41	0,05	0,79	0,45	2,40
RJinfra indef II	n	8	6	8	6	7	7	7	8
	média	25,71	19,39	18,31	10,65	0,82	2,93	2,23	4,69
	var	6,54	4,22	3,53	0,61	0,02	0,66	0,09	0,52
RJsupraAII	n	6	6	6	6	6	6	6	6
	média	24,83	17,28	17,23	9,69	0,81	2,68	1,93	4,55
	var	67,13	29,68	27,06	6,80	0,05	1,08	0,37	0,94
RJsupraBII	n	20	20	20	20	20	19	20	21
	média	24,61	18,09	18,08	10,18	0,85	2,84	2,39	4,82
	var	25,67	14,25	10,46	4,30	0,03	0,43	0,16	0,98
RJsupra indef II	n	5	6	5	6	6	5	6	6
	média	22,73	17,01	16,43	9,62	0,77	2,52	1,98	4,36
	var	10,23	7,02	5,88	0,95	0,02	0,19	0,06	0,34
BúziosAII	n	13	13	13	13	13	13	12	11
	média	33,42	21,60	21,06	11,26	1,07	2,99	2,65	5,09
	var	20,15	8,09	6,31	2,72	0,04	0,16	0,22	0,65
BúziosBII	n	7	7	7	6	6	7	7	7
	média	30,87	20,91	20,65	11,32	1,14	2,88	3,32	6,00
	var	23,29	10,00	8,02	3,00	0,23	0,53	1,76	2,25
Búzios indef II	n	6	6	6	5	5	6	6	6
	média	29,40	18,04	18,48	10,22	1,00	2,72	2,34	4,87
	var	15,89	10,30	8,87	3,40	0,01	0,09	0,44	2,42

Tabela III.3: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CT período I grupo A. Destacados os valores significativos.

Pop.	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	0,0119									
SVsupraA	1,3280	51,5300								
IBA	1,7300	0,0000	0,0053							
SS1infraA	0,0000	0,0000	0,0000	0,0242						
SS1supraA	0,0004	0,0000	0,0000	0,3541	19,3300					
SS2A	18,3400	0,0657	1,2880	0,3736	0,0011	0,0042				
ParatyA	14,1100	42,8400	35,9000	3,1540	0,2896	0,6299	18,7400			
AngraA	0,0000	0,0000	0,0165	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,9266		
RJinfraA	11,6600	0,2162	0,3563	37,6000	24,1400	36,5300	14,5700	6,9180	0,0008	
RJsupraA	0,0004	0,0000	0,0000	0,0277	11,6300	3,7150	0,0024	0,1878	0,0000	11,2700

Tabela III.4: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CT período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	2,4900					
SS2B	0,0000	0,0010				
ParatyB	19,4600	1,3880	0,0001			
AngraB	2,4000	0,1007	0,0260	1,5870		
RJinfraB	5,1730	0,6045	0,0002	8,0030	10,0200	
BúziosB	11,2700	0,3207	0,0001	10,7800	1,9640	9,9790

Tabela III.5: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CT período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	0,0338									
SVsupraA	0,0009	44,0300								
IBA	3,5020	0,8079	0,2239							
SS1infraA	14,8700	0,0001	0,0000	0,0002						
SS1supraA	0,9282	0,0000	0,0000	0,0000	1,8440					
SS2A	15,5000	0,0594	0,0037	7,2670	0,0368	0,0000				
AngraA	0,0000	37,4100	20,5400	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000			
RJinfraA	42,2200	0,4480	0,0601	0,1620	17,4600	0,3357	5,7130	0,0440		
RJsupraA	35,5600	0,5647	0,4806	1,3260	54,1200	18,7100	6,1290	0,3603	28,7500	
BúziosA	0,5002	17,1500	13,6400	8,2570	0,0022	0,0001	0,9435	2,3590	0,3602	1,6890

Tabela III.6: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CT período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	0,1338						
SS1supraB	0,0044	1,0300					
SS2B	16,5000	0,1895	0,0754				
ParatyB	8,2260	0,0295	0,0009	22,2700			
RJinfraB	0,1601	3,2730	0,1238	0,5486	0,0059		
RJsupraB	0,5615	22,9300	5,0300	1,0710	0,0621	18,9500	
BúziosB	10,4800	0,3310	0,0558	18,1500	17,0900	0,9456	1,0010

Tabela III.7: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LT período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	17,3000									
SVsupraA	4,0030	11,7400								
IBA	1,5880	0,0245	0,0107							
SS1infraA	0,0011	0,0000	0,0000	11,3800						
SS1supraA	0,0062	0,0000	0,0000	21,3100	46,0800					
SS2A	3,2260	13,1000	49,7100	0,0271	0,0003	0,0005				
ParatyA	43,6400	52,7300	27,0800	12,4800	2,4820	2,8470	38,9100			
AngraA	0,0001	0,0000	0,0394	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,5465		
RJinfraA	3,3940	0,2480	0,1694	33,3100	40,4300	32,2100	0,4955	7,7450	0,0004	
RJsupraA	0,0002	0,0000	0,0000	0,0980	0,0156	0,0160	0,0001	1,7210	0,0000	10,3200

Tabela III.8: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LT período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	0,9981					
SS2B	0,0006	0,1226				
ParatyB	20,8300	1,0780	0,0002			
AngraB	19,0300	3,8410	0,0473	17,4500		
RJinfraB	17,9800	1,8730	0,0012	18,7200	19,1300	
BúziosB	4,9820	8,7930	0,0005	4,4690	4,0340	5,4890

Tabela III.9: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LT período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	0,0092									
SVsupraA	0,0022	25,0700								
IBA	6,4810	0,1694	0,4932							
SS1infraA	9,2170	0,0000	0,0000	0,0014						
SS1supraA	0,1119	0,0000	0,0000	0,0000	0,0481					
SS2A	11,0100	0,0298	0,0275	26,2300	0,0597	0,0000				
AngraA	0,0000	41,3300	35,3700	0,0012	0,0000	0,0000	0,0001			
RJinfraA	49,1300	0,3780	0,2290	0,9194	9,8510	0,1414	9,5340	0,0910		
RJsupraA	41,4500	1,5080	0,9473	2,9830	43,0400	2,5540	9,2390	0,5495	28,7500	
BúziosA	0,6663	6,9470	23,9700	8,7520	0,0017	0,0001	2,8900	6,0960	1,7250	2,7510

Tabela III.10: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LT período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	0,2527						
SS1supraB	0,0045	1,2640					
SS2B	8,6200	0,2272	0,0939				
ParatyB	1,5670	0,0241	0,0006	26,4200			
RJinfraB	4,4370	1,5360	0,0230	0,8107	0,0194		
RJsupraB	4,1270	19,3900	0,2855	4,5840	0,1812	18,9200	
BúziosB	10,4800	1,8350	0,1572	25,9600	25,6300	3,0460	2,9900

Tabela III.11: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CA período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	0,1169									
SVsupraA	0,9661	36,3400								
IBA	15,7400	0,0014	0,0468							
SS1infraA	0,0011	0,0000	0,0000	0,0012						
SS1supraA	0,0124	0,0000	0,0000	0,0544	21,5400					
SS2A	6,1790	2,1690	6,6630	0,4349	0,0000	0,0000				
ParatyA	3,0150	18,0200	38,3300	2,6540	0,2058	0,3557	3,7930			
AngraA	0,0000	0,0000	0,0226	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,8630		
RJinfraA	35,0500	2,1810	1,6390	45,6000	11,3200	14,6900	17,4100	6,9180	0,0070	
RJsupraA	0,1020	0,0000	0,0001	0,1951	28,3400	48,9800	0,0008	0,2311	0,0000	13,0200

Tabela III.12: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CA período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	4,9330					
SS2B	0,0003	0,0127				
ParatyB	2,2520	0,2862	0,0001			
AngraB	6,0660	0,9045	0,0404	18,6300		
RJinfraB	0,4764	0,2861	0,0002	7,7710	12,1000	
BúziosB	16,9400	2,9930	0,0002	3,0380	5,8760	1,7780

Tabela III.13: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CA período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	0,1188									
SVsupraA	0,0056	50,1300								
IBA	0,0721	23,2800	13,3700							
SS1infraA	28,4000	0,0013	0,0000	0,0001						
SS1supraA	0,8903	0,0000	0,0000	0,0000	1,0920					
SS2A	4,4880	1,3560	0,2845	1,8930	0,1590	0,0001				
AngraA	0,0000	5,7550	0,6843	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000			
RJinfraA	49,1300	0,8480	0,8508	0,3354	21,2500	0,9650	10,7200	0,0577		
RJsupraA	41,4500	1,1800	0,8491	1,7280	54,1200	12,9300	10,7500	0,3603	28,7500	
BúziosA	1,3700	20,9400	21,7700	44,9500	0,0172	0,0001	10,4700	0,2137	1,2910	2,7510

Tabela III.14: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para CA período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	0,0647						
SS1supraB	0,0037	0,5846					
SS2B	14,2600	0,1207	0,0754				
ParatyB	1,6330	0,0038	0,0002	10,7300			
RJinfraB	0,2557	5,6860	0,0664	0,5486	0,0005		
RJsupraB	1,0460	12,9000	0,5853	2,3300	0,0060	25,9600	
BúziosB	24,4100	0,3310	0,0800	25,9600	10,1200	2,3470	2,6380

Tabela III.15: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LA período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	20,6700								
SVsupraA	9,4380	12,2400							
IBA	1,7080	0,1481	0,0655						
SS1infraA	0,0001	0,0000	0,0000	0,0899					
SS1supraA	0,0004	0,0000	0,0000	0,2776	38,5600				
SS2A	14,3700	22,7400	31,2200	0,4796	0,0001	0,0003			
AngraA	0,0001	0,0000	0,0115	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001		
RJinfraA	23,0300	12,2400	5,9100	34,9700	3,8690	5,3200	12,7800	0,0431	
RJsupraA	0,0143	0,0005	0,0009	1,1150	38,6200	31,3900	0,0120	0,0000	5,1880

Tabela III.16: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LA período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	0,4901					
SS2B	0,0003	0,0346				
ParatyB	2,1020	0,0707	0,0002			
AngraB	8,5770	0,0744	0,0295	18,6300		
RJinfraB	0,0531	0,0006	0,0002	2,6220	1,5960	
BúziosB	8,0900	3,3830	0,0078	0,8687	2,2090	0,0509

Tabela III.17: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LA período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	0,6859									
SVsupraA	0,4255	35,9100								
IBA	3,3060	12,8900	22,4100							
SS1infraA	10,8700	0,0108	0,0003	0,0054						
SS1supraA	0,2239	0,0001	0,0000	0,0000	0,3907					
SS2A	22,3300	1,6520	1,5960	9,2320	0,6512	0,0009				
AngraA	0,0122	41,9000	13,6500	1,6480	0,0000	0,0000	0,0460			
RJinfraA	41,3000	9,5180	7,9160	14,6100	4,2400	0,0554	45,4700	1,0890		
RJsupraA	40,4900	5,3440	1,7640	3,7400	41,2600	3,1780	17,2700	0,8749	12,9400	
BúziosA	6,2600	22,8500	42,8900	48,9900	0,0949	0,0004	12,7300	10,1000	16,9400	7,9770

Tabela III.18: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LA período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	0,3714						
SS1supraB	0,0409	0,9285					
SS2B	6,1270	0,2272	0,1895				
ParatyB	0,1936	0,0378	0,0025	13,4300			
RJinfraB	6,6520	3,1860	0,1828	2,4790	0,0187		
RJsupraB	2,6020	16,9400	1,1040	1,4800	0,0110	12,8200	
BúziosB	22,0400	3,3790	0,6516	18,9300	6,4210	11,7300	6,1990

Tabela III.19: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para EC período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	0,2114								
SVsupraA	21,0300	2,7050							
IBA	0,0236	0,0726	0,0187						
SS1infraA	0,0304	2,8910	0,2651	6,6160					
SS1supraA	1,2010	16,2700	11,7800	0,0375	1,4870				
SS2A	9,4150	0,0620	12,0100	0,0160	0,0136	0,1480			
AngraA	14,2500	4,0330	29,5400	0,0404	0,5055	14,0300	2,5670		
RJinfraA	0,0084	0,0067	0,0129	12,6900	0,3919	0,0088	0,0106	0,0159	
RJsupraA	0,0023	0,0006	0,0020	10,2100	0,1322	0,0007	0,0022	0,0017	36,7500

Tabela III.20: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para EC período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
SFB						
IBB	5,1360					
SS2B	0,0953	0,3871				
ParatyB	9,2740	14,4900	0,0891			
AngraB	1,1500	0,4880	0,0744	0,6924		
RJinfraB	11,4300	3,5920	0,1976	8,3050	0,6110	
BúziosB	9,1740	0,4609	0,0071	0,7952	2,6590	2,8950

Tabela III.21: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para EC período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	4,9140									
SVsupraA	2,9280	38,1900								
IBA	0,1762	12,6400	6,9660							
SS1infraA	42,8100	1,5370	3,2290	0,0511						
SS1supraA	0,0106	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010					
SS2A	2,5080	44,1900	49,5000	10,7300	1,4380	0,0000				
AngraA	20,6800	9,1690	9,0940	0,2779	5,2400	0,0000	8,3010			
RJinfraA	6,5370	0,1077	0,7917	0,0608	4,7950	15,2000	0,1658	0,1341		
RJsupraA	36,6700	4,5760	6,7270	1,1570	35,4900	2,7400	5,0580	8,0350	22,6200	
BúziosA	0,8313	13,0000	28,5900	44,2000	0,9890	0,0001	24,1900	1,9240	0,1773	2,7510

Tabela III.22: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para EC período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	1,8900						
SS1supraB	0,0578	5,4300					
SS2B	1,0780	0,2916	0,0939				
ParatyB	22,6400	0,3592	0,0069	0,4254			
RJinfraB	0,4305	17,0700	1,5430	0,0866	0,0126		
RJsupraB	4,5220	10,4600	0,7041	0,1661	1,3040	6,1610	
BúziosB	14,8100	3,4800	0,7786	11,3000	26,9500	3,1760	10,5600

Tabela III.23: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LC período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	4,6150									
SVsupraA	31,1900	19,1300								
IBA	6,1410	0,0628	2,9470							
SS1infraA	0,0161	0,0000	0,0047	2,2810						
SS1supraA	0,0130	0,0000	0,0091	3,6310	51,0500					
SS2A	19,9700	0,4198	8,4100	22,0900	0,1083	0,0760				
ParatyA	1,0140	7,1210	7,3770	0,4480	0,0492	0,0732	0,9116			
AngraA	0,1990	15,7900	2,3420	0,0017	0,0000	0,0000	0,0110	12,4800		
RJinfraA	11,5800	1,6670	6,7300	53,8700	15,9200	17,1100	23,0400	0,9017	0,6296	
RJsupraA	0,0326	0,0001	0,0082	1,7990	44,4300	38,1500	0,1207	0,1089	0,0000	11,4200

Tabela III.24: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LC período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	0,8701					
SS2B	0,0021	0,5932				
ParatyB	3,0570	0,0832	0,0005			
AngraB	6,6960	0,2475	0,0834	21,0000		
RJinfraB	0,0431	0,0037	0,0002	3,3010	5,5640	
BúziosB	8,3890	2,2810	0,0133	0,6869	3,7740	0,0134

Tabela III.25: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LC período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SFA										
SVinfraA	0,0035									
SVsupraA	0,0199	5,3910								
IBA	2,2580	0,0447	3,0130							
SS1infraA	4,7560	0,0003	0,0002	0,0324						
SS1supraA	0,0977	0,0001	0,0000	0,0001	5,0880					
SS2A	25,6400	0,0189	0,2938	19,4700	1,6160	0,0163				
AngraA	0,0351	1,0340	27,7900	4,7010	0,0001	0,0000	0,7134			
RJinfraA	12,6600	2,4580	15,2000	42,5100	4,5190	2,2690	37,8400	27,9000		
RJsupraA	49,1100	1,7760	7,9180	30,3100	52,2900	28,3000	22,8900	7,0420	35,6400	
BúziosA	0,9667	2,0840	26,7600	19,0500	0,0864	0,0026	4,8930	37,6100	33,5600	18,6800

Tabela III.26: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para LC período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	15,1800						
SS1supraB	0,0477	0,2823					
SS2B	6,4470	3,4800	0,1895				
ParatyB	0,0189	0,0220	0,0013	7,0880			
RJinfraB	25,3900	14,0000	0,0285	6,3100	0,0226		
RJsupraB	15,7700	10,0600	0,0828	16,8500	0,5536	16,6200	
BúziosB	17,0500	20,9100	0,6683	23,9400	10,6800	13,1000	24,2900

Tabela III.27: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS1 período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	13,7900									
SVsupraA	48,8700	20,2000								
IBA	13,0700	1,9940	16,3000							
SS1infraA	3,3240	0,0147	3,2710	18,8800						
SS1supraA	6,7840	0,2067	10,1300	45,2100	17,3500					
SS2A	29,8300	3,8490	26,7500	38,1400	8,0330	21,1100				
ParatyA	23,6700	8,7050	27,6300	53,3600	39,8000	48,4100	34,7200			
AngraA	31,3900	38,6800	26,9500	2,3390	0,0236	0,1808	7,6340	13,2900		
RJinfraA	0,8228	0,0266	0,4118	1,3540	6,5380	1,1040	2,4650	4,9090	0,2076	
RJsupraA	0,0006	0,0000	0,0008	0,0042	0,0038	0,0001	0,0034	0,6310	0,0000	25,7400

Tabela III.28: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS1 período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	20,6200					
SS2B	0,0488	0,0238				
ParatyB	12,1000	11,9400	0,3578			
AngraB	15,4000	13,4000	5,1900	18,6300		
RJinfraB	6,8010	9,1790	1,4450	13,2900	18,7300	
BúziosB	0,3127	0,1167	0,0023	0,4350	3,5780	0,5481

Tabela III.29: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS1 período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA	RJsupraA
SVinfraA	0,0506									
SVsupraA	0,6084	1,6210								
IBA	0,2778	15,2900	34,4700							
SS1infraA	11,1000	0,0444	1,5280	1,0300						
SS1supraA	14,7300	0,0000	0,0000	0,0000	0,0339					
SS2A	5,4600	0,1432	4,9430	1,8930	36,4300	0,0054				
AngraA	0,0008	51,4100	0,1128	4,7670	0,0004	0,0000	0,0030			
RJinfraA	3,8650	19,0900	43,0300	52,4700	5,7690	0,1032	8,6510	10,3300		
RJsupraA	25,6700	0,3865	3,0180	1,3260	6,0120	34,4600	4,2980	0,1084	6,6380	
BúziosA	0,8093	14,2200	25,0700	54,1700	1,7110	0,0011	3,7220	4,5090	46,9800	3,5860

Tabela III.30: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS1 período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
IBB							
SS1infraB	23,9900						
SS1supraB	0,0042	0,0548					
SS2B	8,2270	14,2800	0,8781				
ParatyB	0,6104	2,4150	1,3230	2,6160			
RJinfraB	0,0131	0,3415	5,7620	0,8435	6,9770		
RJsupraB	6,1270	12,9000	0,2450	2,6890	11,9700	1,5680	
BúziosB	3,4980	6,1610	0,0433	14,6400	0,5699	0,1020	1,6580

Tabela III.31: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS2 período I grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	ParatyA	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	46,9000									
SVsupraA	23,9300	43,2000								
IBA	6,2600	15,4100	23,5900							
SS1infraA	0,1364	0,3612	0,8032	2,9100						
SS1supraA	1,4940	2,1740	7,9420	14,6400	25,5200					
SS2A	29,2300	25,2900	53,8500	25,8500	2,1990	11,3200				
ParatyA	38,1400	53,2100	43,6800	23,8600	2,3100	11,7100	55,0000			
AngraA	15,2400	31,0000	42,9700	25,5700	0,2371	5,4870	41,8500	33,5700		
RJinfraA	0,7001	0,1548	1,0060	0,7866	4,5790	1,7780	2,5750	5,5250	0,7716	
RJsupraA	0,0006	0,0000	0,0005	0,0001	0,0015	0,0000	0,0039	0,2735	0,0004	10,6800

Tabela III.32: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS2 período I grupo B. Destacados os valores significativos.

	SFB	IBB	SS2B	ParatyB	AngraB	RJinfraB
IBB	20,6300					
SS2B	0,0005	0,0021				
ParatyB	15,7600	18,6200	0,0075			
AngraB	6,5270	5,7270	2,1810	7,4650		
RJinfraB	12,4500	16,9500	0,1013	13,9300	14,8800	
BúziosB	0,6853	0,4832	0,0079	2,6930	3,8410	3,2850

Tabela III.33: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS2 período II grupo A. Destacados os valores significativos.

	SFA	SVinfraA	SVsupraA	IBA	SS1infraA	SS1supraA	SS2A	AngraA	RJinfraA
SVinfraA	0,0287								
SVsupraA	0,0204	30,5600							
IBA	0,1587	19,8700	38,3100						
SS1infraA	5,0060	0,6640	0,8914	3,3120					
SS1supraA	52,7400	0,0018	0,0002	0,0040	0,3034				
SS2A	6,8320	1,4340	0,6638	3,0530	36,9900	2,4880			
AngraA	0,0002	49,3200	12,2500	5,5330	0,0109	0,0000	0,0086		
RJinfraA	6,9410	9,3700	13,9700	34,3000	25,4900	1,6060	19,6900	7,1750	
RJsupraA	19,5600	4,0810	12,1300	18,5600	54,1200	7,9410	50,3500	3,6410	43,1300

Tabela III.34: Resultado teste de Mann-Whitney par-a-par corrigido por Bonferroni para DS2 período II grupo B. Destacados os valores significativos.

	IBB	SS1infraB	SS1supraB	SS2B	ParatyB	RJinfraB	RJsupraB
SS1infraB	22,0200						
SS1supraB	0,0629	0,1801					
SS2B	0,1945	0,6516	0,0622				
ParatyB	8,2220	9,4480	0,0139	0,3207			
RJinfraB	14,8400	23,2400	0,5627	0,2166	1,5980		
RJsupraB	17,6400	20,0000	1,8210	0,1760	5,0780	24,8000	
BúziosB	2,8160	4,9070	0,2166	21,9600	6,6440	1,6490	2,1080