

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 28/07/2023.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS



DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
ESTRUTURAL E FUNCIONAL

Laboratório de Biologia e Genética de Peixes

Dissertação de Mestrado

**Estrutura genética populacional do tubarão *Squalus albicaudus*
(*Chondrichthyes*: *Squaliformes*) no oceano Atlântico, com base
em marcadores genéticos moleculares**

Aisni Mayumi Corrêa de Lima Adachi

Botucatu-SP

2022



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS

**DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
ESTRUTURAL E FUNCIONAL**

Laboratório de Biologia e Genética de Peixes



**Estrutura genética populacional do tubarão *Squalus albicaudus*
(Chondrichthyes: Squaliformes) no oceano Atlântico, com base
em marcadores genéticos moleculares**

Aluna: Aisni Mayumi Corrêa de Lima Adachi

Orientador: Prof. Dr. Fausto Foresti

Coorientadora: Dra. Vanessa Paes da Cruz

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Zoologia) do Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre.

Botucatu - SP

2022

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE-CRB 8/5651

Adachi, Aisni Mayumi Corrêa de Lima.

Estrutura genética populacional do tubarão *Squalus albicaudus* (Chondrichthyes: Squaliformes) no oceano Atlântico, com base em marcadores genéticos moleculares / Aisni Mayumi Corrêa de Lima Adachi. - Botucatu, 2022

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de Botucatu
Orientador: Fausto Foresti
Coorientador: Vanessa Paes da Cruz
Capes: 20406010

1. Elasmobrânquios. 2. Peixe - Populações. 3. Tubarão (Peixe). 4. Genética populacional. 5. Marcadores genéticos. 6. Polimorfismo de nucleotídeo único.

Palavras-chave: Elasmobrânquios; Genética populacional; Peixe; SNPs.

Dedico a minha mãe, que sempre apoia os meus sonhos.

Agradecimentos

Agradeço a minha família que me apoio durante a vida acadêmica, começando pela graduação, principalmente a minha mãe Noemi e minha Tia Roseli, a minha prima Aiesca e aos meus primos Branco e Ju, que foram meus exemplos para estudar.

Ao meu orientador Fausto Foresti, pelos conselhos, paciência e sabedoria não apenas acadêmicos mas também vivências e a minha coorientadora Vanessa, que se tornou uma amiga com os melhores conselhos.

Ao professor Cláudio, que apesar de não me orientar no papel sempre esteve ao meu lado dando suporte e auxílio.

A minha amiga Giovana e aos meus amigos Bruno e Pablo, que estão ao meu lado desde a graduação e fizeram parte da “Equipe dos Ics” e agora para a vida.

E aos meus amigos e amigas do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes: Ailton, Bia B., Bia D., Fabi, Gabi, Mari, Najila, Nana, Sil e aos agregados do laboratório Ana Ju, Vi, Ingrid e Helo, se eu cheguei até aqui também foi graças a vocês também.

Por fim, agradeço ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológica (Zoologia) da Unesp de Botucatu, ao Instituto de Biotecnologia (IBETEC- Unesp Botucatu), e ao órgão de fomento Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP - Processo 2019/15148-0) no qual a minha bolsa de estudo foi concedida, e assim proporcionaram a realização do meu mestrado.

Resumo

A pesca excessiva acarretam mudanças na estratégia de vida das populações dos organismos, especialmente com relação aos tubarões e raias, organismos que compõem o grupo dos elasmobrânquios. Assim, compreender a estrutura das populações torna-se uma importante ferramenta de conservação e manejo dos estoques de peixes. O gênero *Squalus* (família Squalidae) é atualmente composto por 35 espécies de tubarões que são popularmente chamados de cação-bagre. Este gênero constitui um dos grupos de tubarões mais problemáticos taxonomicamente devido a grande similaridade morfológica entre as suas espécies. No oceano Atlântico existem cerca de 11 espécies do gênero *Squalus*; contudo, no litoral brasileiro essas espécies nunca tiveram suas populações analisadas. Em decorrência desses fatores e da escassez de dados sobre a espécie *Squalus albicaudus* que ocorre na região Nordeste e Sudeste do Brasil, estão atualmente classificados como “dados deficientes” na Lista Vermelha da IUCN (*International Union for Conservation of Nature*). Neste contexto, o presente estudo tem como objetivo principal rastrear marcadores do tipo SNPs (Polimorfismo de Nucleotídeo Único) para avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional da espécie *S. albicaudus* de ocorrência nas regiões Nordeste e Sudeste do Brasil. Uma biblioteca de *ddRADSeq* foi gerada a partir de 31 amostras de *S. albicaudus* obtidas em localidades do litoral de Pernambuco (n=14), Rio de Janeiro (n=4) e São Paulo (n=13). O rastreio dos marcadores foi realizado após o sequenciamento, sendo obtidos 455 SNPs. Os índices de diversidade genética foram baixos, tanto para a heterozigosidade observada quanto para a heterozigosidade esperada e o coeficiente de endogamia (F_{IS}) foi negativo em todas as localidades analisadas, indicando um excesso de heterozigotos; o F_{ST} pairwise variou de 0.0365 (Rio de Janeiro x São Paulo) a 0,0157 (Pernambuco x São Paulo), demonstrando ausência de estruturação populacional. As análises de STRUCTURE e DAPC indicaram que os indivíduos pertencem a um agrupamento genético que estão distribuídos nas mesmas proporções entre as localidades e que estão relacionados; sendo que um alto fluxo gênico foi detectado entre os indivíduos, calculado pela estimativa do número de migrantes. O tamanho efetivo populacional (N_e) foi baixo. Neste primeiro estudo de avaliação da diversidade genética e da estruturação populacional da espécie *S. albicaudus*, os resultados obtidos apresentam evidências da ocorrência de panmixia para as localidades analisadas. Considera-se, pois, as informações obtidas essenciais para o conhecimento do estoque desta espécie, além de ressaltar a necessidade de estudos para o manejo adequado e sua conservação.

Abstract

Overfishing causes changes in the life strategy of populations of organisms, especially in relation to sharks and rays, organisms that make up the group of elasmobranchs. Thus, understanding the structure of populations becomes an important tool for the conservation and management of fish stocks. The genus *Squalus* (family Squalidae) is currently composed of 35 species of sharks that are popularly called dogfish. This genus constitutes one of the most taxonomically problematic groups of sharks due to the great morphological similarity between their species. Besides the fact in the Atlantic Ocean there are about 11 species of the genus *Squalus*; however, these species of this group have never had their populations analyzed in the Brazilian coast. As a result of these factors and the scarcity of data on the species *Squalus albicaudus* that occurs in the Northeast and Southeast regions of Brazil, they are currently classified as “data deficient” on the IUCN Red List (International Union for Conservation of Nature). In this context, the main objective of the present study is to track SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) markers to assess the genetic diversity and population structure of the species *S. albicaudus* occurring in the Northeast and Southeast regions of Brazil. A ddRADSeq library was generated from 31 samples of *S. albicaudus* obtained from coastal locations in Pernambuco (n=14), Rio de Janeiro (n=4) and São Paulo (n=13). Marker screening was performed after sequencing, and 455 SNPs were obtained. The genetic diversity indices were low for both observed and expected heterozygosity and the inbreeding coefficient (FIS) was negative in all analyzed locations, indicating an excess of heterozygotes; the pairwise FST ranged from 0.0365 (Rio de Janeiro x São Paulo) to 0.0157 (Pernambuco x São Paulo), demonstrating the absence of population structuring. The STRUCTURE and DAPC analyzes indicated that the individuals belong to a genetic grouping that are distributed in the same proportions among the localities and that they are related; and a high gene flow was detected between individuals, calculated by estimating the number of migrants. The effective population size (Ne) was low. In this first study to evaluate the genetic diversity and population structure of the species *S. albicaudus*, the results obtained show evidence of the occurrence of panmixia for the analyzed localities. Therefore, the information obtained is considered essential for the knowledge of the stock of this species, in addition to emphasizing the need for studies for proper management and conservation.

Sumário

1	INTRODUÇÃO	1
1.1	Informações gerais sobre os Elasmobrânquios	1
1.2	Família Squalidae, gênero <i>Squalus</i>	1
1.3	<i>Squalus albicaudus</i>	3
1.4	Genética molecular na conservação	4
1.5	Marcador molecular SNPs (Polimorfismo de Nucleotídeo Único).....	4
2	OBJETIVOS	5
3	MATERIAL E MÉTODOS	6
	Obtenção das amostras	6
4	MÉTODOS	7
4.1	Obtenção de DNA	7
4.2	Elaboração das biblioteca de SNPs	7
4.3	Análises dos SNPs.....	9
4.4	Diversidade genética	10
4.5	Estrutura populacional.....	10
4.6	Tamanho efetivo populacional e número efetivo de migrantes	11
5	RESULTADOS	11
5.1	SNPs.....	11
5.2	Diversidade genética	12
5.3	Estruturação populacional.....	13
5.4	Número efetivo populacional e número de migrantes	14
6	Discussão.....	15
	Diversidade genética e conectividade	16
7	REFERÊNCIAS.....	19
	APÊNDICE 1	28
	APÊNDICE 2	29
	APÊNDICE 3	30
	APÊNDICE 4	31
	APÊNDICE 5	33
	Produção bibliográfica e científica, desenvolvida durante o mestrado	34

A diversidade genética encontrada em *S. albicaudus* e a ausência de estruturação entre os grupos amostrados, com as evidências da existência de uma população panmítica, bem como suas características k estrategista dos elasmobrânquios e o N_e baixo, é preocupante tendo em vista que os valores de N_e nos indicam um potencial evolutivo limitado de longo prazo, então, será necessário uma ação eficaz de manejo e conservação de *S. albicaudus*. Além disso, a alta conectividade genética entre as localidades demonstraram que essas características podem estarem atribuídas ao alto potencial de dispersão e as estratégias de vida relacionada ao seu processo de reprodução.

7 REFERÊNCIAS

- Allendorf FW, Hohenlohe PA & Luikart G. (2010). Genomics and the future of conservation genetics. *Nature reviews genetics*, 11(10), 697-709.
- Allendorf, FW, England PR, Luikart G, Ritchie PA & Ryman N. (2008). Genetic effects of harvest on wild animal populations. *Trends in Ecology & Evolution*, 23(6), 327-337.
- Andrade, FR, Afonso, AS, Hazin, F H, Mendonça, FF & Torres, RA. (2021). Population genetics reveals global and regional history of the apex predator *Galeocerdo cuvier* (Carcharhiniformes) with comments on mitigating shark attacks in north-eastern brazil. *Marine Ecology*, 42(2), e12640.
- Andrews, KR, Good, JM, Miller, MR, Luikart, G & Hohenlohe, PA. (2016). Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, 17(2), 81-92.
- Andrews, S. (2010). FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. Available from: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc> (March 18, 2021).
- Baird NA, Etter PD, Atwood TS, Currey MC, Shiver AL, Lewis ZA, et al. (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLoS One* 3: e3376.
- Baranes A (2003). Sharks from the Amirantes Islands, Seychelles, with a description of two new species of squaloids from the deep sea. *Israel Journal of Zoology*, 49, 33–65.
- Benavides MT, Feldheim KA, Duffy CA, Wintner S, Braccini JM, Boomer J, ... & Chapman, DD. (2011). Phylogeography of the copper shark (*Carcharhinus brachyurus*) in the southern hemisphere: implications for the conservation of a coastal apex predator. *Marine and Freshwater Research*, 62(7), 861-869.

- Benestan, LM, Ferchaud, AL, Hohenlohe, PA, Garner, BA, Naylor, GJ, Baums, IB ... & Luikart, G. (2016). Conservation genomics of natural and managed populations: building a conceptual and practical framework.
- Bernard, AM, Finnegan, KA, Pavinski Bitar, P, Stanhope, MJ & Shivji, MS. (2021). Genomic assessment of global population structure in a highly migratory and habitat versatile apex predator, the tiger shark (*Galeocerdo cuvier*). *Journal of Heredity*, 112(6), 497-507.
- Bigelow HB & Schroeder WC (1957). A study of the sharks of the suborder Squaloidea. *Bulletin of the Museum of Comparative Zoology at Harvard College in Cambridge*, 117 (1), 1–150.
- Bolger AM, Lohse M & Usadel B. (2014) Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30, 2114–2120.
- Camhi, M. (1998). Sharks and their relatives: ecology and conservation (No. 20). IUCN.
- Campos, M, Conn, JE, Alonso, DP, Vinetz, JM, Emerson, KJ & Ribolla, PEM. (2017). Microgeographical structure in the major Neotropical malaria vector *Anopheles darlingi* using microsatellites and SNP markers. *Parasites & Vectors* 10, 76.
- Catchen JM, Amores A, Hohenlohe P, Cresko W & Postlethwait JH. (2011). Stacks: building and genotyping loci de novo from short-read sequences. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 1(3), 171-182.
- Chapman DD, Prodohl PA, Gelsleichter J, Manire CA & Shivji MS. (2004). Predominance of genetic monogamy by females in a hammerhead shark, *Sphyrna tiburo*: implications for shark conservation. *Mol Ecol*. 13:1965–1974.
- Compagno LJ, Dando M & Fowler S. (2005). *Sharks of the World – Princeton Field Guides*. Harper Collins Publishers Ltd., London, 368 pp.
- Compagno, LJ. (1990). Alternative life-history styles of cartilaginous fishes in time and space. *Environmental Biology of Fishes*, 28, 33-75.
- Cortés E. (2000). Life history patterns and correlations in sharks. *Reviews in Fisheries Science*, v. 8, n. 4, p. 299-344.
- Crawford, DL & Oleksiak, MF. (2016). Ecological population genomics in the marine environment. *Briefings in functional genomics*, 15(5), 342-351.
- Cruz VP, Adachi AM, Oliveira P H, Ribeiro GS, Paim FG, Souza BC ... & Foresti F. (2021). Genetic diversity in two threatened species of guitarfish (Elasmobranchii:

- Rhinobatidae) from the Brazilian and Argentinian coasts: an alert for conservation. *Neotropical Ichthyology*, 19.
- Cruz VP, Vera M, Pardo BG, Taggart J, Martinez P, Oliveira C & Foresti F. (2016). Identification and validation of single nucleotide polymorphisms as tools to detect hybridization and population structure in freshwater stingrays. *Molecular Ecology Resources*.
- Daly-Engel TS, Grubbs RD, Holland KN, Toonen R J & Bowen BW. (2006). Assessment of multiple paternity in single litters from three species of Carcharhinidae sharks in Hawaii. *Environmental Biology of Fishes*, 76(2), 419-424.
- Dimens, PV, Willis, S, Grubbs, RD & Portnoy, DS. (2019). A genomic assessment of movement and gene flow around the South Florida vicariance zone in the migratory coastal blacknose shark, *Carcharhinus acronotus*. *Marine Biology*, 166(7), 1-11.
- Di Battista JD, Saenz AP, Piatek MJ, Wang X, Aranda M & Berumen ML. (2017)a. Using a butterflyfish genome as a general tool for RADSeq studies in specialized reef fish. *Molecular Ecology Resources*. 17(6), 1330-1341.
- Do, Chi *et al.* (2014). NeEstimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular ecology resources*, v. 14, n. 1, p. 209-214.
- Domingues RR, Hilsdorf AWS & Gadig OBF (2018). The importance of considering genetic diversity in shark and ray conservation policies. *Conservation Genetics*, 19(3), 501-525.
- Driller M, Vilaca ST, Arantes LS, Carrasco-Valenzuela T, Heeger F, Chevallier D, ... & Mazzoni CJ. (2020). Optimization of ddRAD-like data leads to high quality sets of reduced representation single copy orthologs (R2SCOs) in a sea turtle multi-species analysis. *bioRxiv*.
- Dudgeon, CL, Blower, DC, Broderick, D, Giles, JL, Holmes, BJ, Kashiwagi, T, ... & Ovenden, JR. (2012). A review of the application of molecular genetics for fisheries management and conservation of sharks and rays. *Journal of fish biology*, 80(5), 1789-1843.
- Dulvy NK, Fowler SL, Musick JA, Cavahagh RD, Kyne PM, Harrison LR, Carlson JK, Davidson LNK, Fordham SV, Francis MP, Pollock CM, Simpfendorfer CA, Burgess GH, Carpenter KE, Compagno LJV, Ebert DA, Gibson C, Heupel MR, Livingstone SR, Sanciangco JC, Stevens JD, Valenti S & White WT. (2014). Extinction risk and

- conservation of the world's sharks and rays. *Elife*, (3) e00590.
- Dulvy, NK, Pacoureau, N, Rigby, CL, Pollom, RA, Jabado, RW, Ebert, DA, ... & Simpfendorfer, CA. (2021). Overfishing drives over one-third of all sharks and rays toward a global extinction crisis. *Current Biology*, 31(21), 4773-4787.
- Ebert DA, Fowler S & Compagno L. (2013). *Sharks of the World*. Wild Nature Press, Plymouth.
- Ebert DA, White WT, Goldmann KJ, Compagno LJV, Daly-Engel TS & Ward RD (2010). Resurrection and redescription of *Squalus suckleyi* (Girard, 1854) from the North Pacific, with comments on the *Squalus acanthias* subgroup (Squaliformes: Squalidae). *Zootaxa*, 2612, 22–40
- 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.
- Ewels P, Magnusson M, Lundin S & Käller M. (2016). MultiQC: Summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics* 32, 3047–3048.
- Excoffier L & Lischer HE. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.
- Ferretti, F, Worm, B, Britten, GL, Heithaus, MR & Lotze, HK (2010). Patterns and ecosystem consequences of shark declines in the ocean. *Ecology Letters*, 13: 1055–1071
- Food and Agriculture Organization (FAO) (2018). El estado mundial de la pesca y la acuicultura. Cumplir los objetivos de desarrollo sostenible. Roma: FAO. pp 250.
- Frankham, R, Bradshaw, CJ & Brook, BW. (2014). Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170, 56-63.
- Fricke, R, Eschmeyer, WN & R van der Laan (eds) 2021. Eschmeyer's Catalog of Fishes: Genera, Species, References. (<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/ishcatmain.asp>). Electronic version accessed 2021.
- Fuentes-Pardo, AP & Ruzzante, DE. (2017). Whole-genome sequencing approaches for conservation biology: Advantages, limitations and practical recommendations. *Molecular ecology*, 26(20), 5369-5406.

- Funk WC, McKay JK, Hohenlohe PA & Allendorf FW. (2012). Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends in Ecology & Evolution*, 27 (9), 489-96.
- Green, ME, Appleyard, SA, White, W, Tracey, S, Devloo-Delva, F & Ovenden, JR. (2019). Novel multimarker comparisons address the genetic population structure of silvertip sharks (*Carcharhinus albimarginatus*). *Marine and Freshwater Research*, 70(7), 1007-1019.
- Grubbs RD, Carlson JK, Romine JG, Curtis TH, McElroyWD, McCandless CT, Cotton CF & Musick JA. (2016). Critical assessment and ramifications of a purported marine trophic cascade. *Scientific Reports*, (6) 20970.
- Hajibabaei M, Singer GA, Hebert PD, Hickey DA. (2007). DNA barcode: How it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*, 23(4), 167-172.
- Hare MP, Nunney L, Schwartz MK, Ruzzante DE, Burford M, Waples RS, ...& Palstra F. (2011). Understanding and estimating effective population size for practical application in marine species management. *Conservation Biology*, 25(3), 438-449.
- Hazin FH, Fischer AF, Broadhurst MK, Veras D, Oliveira PG & Burgess GH. (2006). Notes on the reproduction of *Squalus megalops* off northeastern Brazil. *Fisheries Research*, 79(3), 251-257.
- Hendricks, Sarah *et al.* (2018). Recent advances in conservation and population genomics data analysis. *Evolutionary Applications*, v. 11, n. 8, p. 1197-1211.
- Hoekert WEJ, Neufeglise H, Schouten AD & Menken SBJ. (2002). Multiple paternity and female-biased mutation at a microsatellite locus in the olive ridley sea turtle (*Lepidochelys olivacea*). *Heredity*, 89(2), 107-113.
- Hohenlohe, PA, Funk, WC & Rajora, OP. (2021). Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*, 30(1), 62-82.
- IUCN 2021. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2021-1. <https://www.iucnredlist.org>.
- Johri, S, Doane, MP, Allen, L & Dinsdale, EA. (2019). Taking advantage of the genomics revolution for monitoring and conservation of Chondrichthyans populations. *Diversity*, 11(4), 49.
- Jombart T & Ahmed I. (2011). Adegnet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*, 27(21), 3070-3071.
- Jombart, T, Devillard, S & Balloux F. (2010). Discriminant analysis of principal

- components: A new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics*, 11(1), 94.
- Jones LM, Driggers III WB, Hoffmayer ER, Hannan KM & Mathers AN. (2013). Reproductive biology of the Cuban dogfish in the Northern Gulf of Mexico. *Marine and Coastal Fisheries*, 5(1), 152-158.
- Junge C, Donnellan SC, Huvaneers C, Bradshaw CJ, Simon A, Drew M, ... & Gillanders BM. (2019). Comparative population genomics confirms little population structure in two commercially targeted carcharhinid sharks. *Marine Biology*, 166(2), 16.
- Keenan K, McGinnity P, Cross TF, Crozier WW & Prodöhl PA. (2013). Diversity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in ecology and evolution*, 4(8), 782-788.
- Kelley, DR, Snoek, J & Rinn, JL. (2016). Basset: learning the regulatory code of the accessible genome with deep convolutional neural networks. *Genome research*, 26(7), 990-999.
- Kopelman NM, Mayzel J, Jakobsson M, Rosenberg NA & Mayrose I. (2015). Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources* 15: 1179-1191.
- Kraft, Derek W. *et al* (2020). Genomics versus mtDNA for resolving stock structure in the silky shark (*Carcharhinus falciformis*). *PeerJ*, v. 8, p. e10186.
- Kumar, G & Kocour, M. (2017). Applications of next-generation sequencing in fisheries research: A review. *Fisheries Research*, 186, 11-22.
- Lamarca F, Vianna M & Vilasboas A. (2020). The first reproductive parameters and evidence of multiple paternity in one new spiny dogfish species, *Squalus albicaudus* (Squaliformes, Squalidae). *Journal of Fish Biology*, 97(4), 1268-1272.
- Last PR, White WT & Pogonoski JJ. (2007). Descriptions of new dogfishes of the genus *Squalus* (Squaloidea: Squalidae). *CSIRO Marine and Atmospheric Research Paper*, 14, 130 pp.
- Li Yu-Long & Liu Jin-Xian. (2018). StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular ecology resources*, v. 18, n. 1, p. 176-177.
- Liu SYV, Joung SJ, Yu CJ, Hsu HH Tsai WP & Liu KM. (2018). Genetic diversity and connectivity of the megamouth shark (*Megachasma pelagios*). *PeerJ*, 6, e4432.
- Mamoozadeh, NR, Graves, JE & McDowell, JR. (2020). Genome-wide SNPs resolve

- spatiotemporal patterns of connectivity within striped marlin (*Kajikia audax*), a broadly distributed and highly migratory pelagic species. *Evolutionary applications*, 13(4), 677-698.
- Manuzzi A, Jiménez-Mena B, Henriques R, Holmes BJ, Pepperell J, Edson J, ... & Nielsen EE. (2021). Retrospective genomics suggests the disappearance of a tiger shark (*Galeocerdo Cuvier*) Population of South-Eastern Australia.
- Momigliano P, Harcourt R, Robbins WD, Jaiteh V, Mahardika GN, Sembiring A & Stow A. (2017). Genetic structure and signatures of selection in grey reef sharks (*Carcharhinus amblyrhynchos*). *Heredity*, 119(3), 142-153.
- Morin PA, Martien KK & Taylor BL. (2009). Assessing statistical power of SNPs for population structure and conservation studies. *Molecular Ecology Resources*, 9(1), 66-73.
- Myers, RA, Baum, JK, Shepherd, TD, Powers, SP & Peterson, CH. (2007). Cascading effects of the loss of apex predatory sharks from a coastal ocean. *Science*, 315: 1846–1850.
- Nelson, JS, Grande, TC. & Wilson, MV. (2016). *Fishes of the World*. John Wiley & Sons.
- Newcomer SD, Zeh JA & Zeh DW. (1999). Genetic benefits enhance the reproductive success of polyandrous females. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(18), 10236-10241.
- Oleksiak, Marjorie F. (2016). *Marine genomics: insights and challenges*.
- Ovenden, Jennifer R. *et al* (2018). Genetics and genomics for fundamental and applied research on elasmobranchs. *Shark research: Emerging technologies and applications for the field and laboratory*, p. 235-54.
- Pacoureau N, Rigby CL, Kyne PM, Sherley RB, Winker H, Carlson JK ... & Dulvy NK. (2021). Half a century of global decline in oceanic sharks and rays. *Nature*, 589(7843), 567-571.
- Pazmiño DA, Maes GE, Green ME, Simpfendorfer CA, Hoyos-Padilla EM, Duffy CJ, ... & Van Herwerden L. (2018). Strong trans-Pacific break and local conservation units in the Galapagos shark (*Carcharhinus galapagensis*) revealed by genome-wide cytonuclear markers. *Heredity*, 120(5), 407-421.
- Pearce, J, Fraser, MW, Sequeira, AM & Kaur, P. (2021). State of Shark and Ray Genomics in an Era of Extinction. *Frontiers in Marine Science*, 8, 744986.

- Peterson, BK, Weber, JN, Kay, EH, Fisher, HS & Hoekstra, HE. (2012). Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS one*, 7(5), e37135.
- Pfleger MO, Grubbs RD, Cotton CF & Daly-Engel TS. (2018). *Squalus clarkae* sp. nov., a new dogfish shark from the Northwest Atlantic and Gulf of Mexico, with comments on the *Squalus mitsukurii* species complex. *Zootaxa*, 4444(2), 101-119.
- Pollom R, Rincon G & Herman K. (2020). *Squalus albicaudus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2020: e.T129495269A129495382.
- Postaire, BD, Feldheim, KA, Clementi, GM, Quinlan, J, van Zinnicq Bergmann, MPM, Brooks, EJ ... & Chapman, D. D. (2021). Small localized breeding populations in a widely distributed coastal shark species. *Conservation Genetics*, 1-11.
- Primmer CR. (2009). From conservation genetics to conservation genomics. *Annals of the New York Academy of Sciences*, (1162) 357-68.
- Pritchard JK, Stephens M & Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959.
- Puechmaille SJ. (2016). The program structure does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. *Molecular ecology resources*, 16(3), 608-627.
- Rincon, G, Mazzoleni, RC, Palmeira, ARO & Lessa, RPT. (2017). Deep-water sharks, rays, and chimaeras of Brazil. In: Rodrigues-Filho, L.F. and De Luna Sales, J.B. (eds), *Chondrichthyes: Multidisciplinary Approach*, pp. 83–112. IntechOpen, London, UK.
- Rossetto, M, Yap, JYS, Lemmon, J, Bain, D, Bragg, J, Hogbin, P ... & Wilson, TC. (2021). A conservation genomics workflow to guide practical management actions. *Global Ecology and Conservation*, 26, e01492.
- Rousset F. (2008). Genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources*, 8(1), 103-106.
- Sabadin, DE, Lucifora, LO, Barbini, SA, Figueroa, DE & Kittlein, M. (2020). Towards regionalization of the chondrichthyan fauna of the Southwest Atlantic: a spatial framework for conservation planning. *ICES Journal of Marine Science*, 77(5), 1893-1905.
- Shepherd TD & Myers RA. (2005). Direct and indirect fishery effects on small coastal elasmobranchs in the northern Gulf of Mexico. *Ecology letters*, 8(10), 1095-1104.
- Sundqvist L, Keenan K, Zackrisson M, Prodöhl P & Kleinhans D. (2016). Directional

- genetic differentiation and relative migration. *Ecology and evolution*, 6(11), 3461-3475.
- Veríssimo A, Zaera-Perez D, Leslie R, Iglésias SP, Séret B, Grigoriou, P ... & Hernández S. (2017). Molecular diversity and distribution of eastern Atlantic and Mediterranean dogfishes *Squalus* highlight taxonomic issues in the genus. *Zoologica Scripta*, 46(4), 414- 428.
- Viana ST, de Carvalho MR & Gomes UL. (2016). Taxonomy and morphology of species of the genus *Squalus* Linnaeus, 1758 from the Southwestern Atlantic Ocean (Chondrichthyes: Squaliformes: Squalidae). *Zootaxa*, 4133, 1–89.
- Vignaud TM, Maynard JA, Leblois R, Meekan MG, Vázquez-Juárez R, Ramírez-Macías D ... & Planes S (2014). Genetic structure of populations of whale sharks among ocean basins and evidence for their historic rise and recent decline. *Molecular ecology*, 23(10), 2590-2601.
- Waples, RS & Do, CHI. (2010). Linkage disequilibrium estimates of contemporary N_e using highly variable genetic markers: a largely untapped resource for applied conservation and evolution. *Evolutionary applications*, 3(3), 244-262.
- Waples, RS. (2016). Making sense of genetic estimates of effective population size.
- Weigmann S. (2016) Annotated checklist of the living sharks, batoids and chimaeras (Chondrichthyes) of the world, with focus on biogeographical diversity. *J Fish Biol* 88:837–1037.
- White WT & Iglésias SP. (2011). *Squalus formosus*, a new species of spurdog shark (Squaliformes: Squalidae) from the Western North Pacific Ocean. *Journal of Fish Biology*, pp. 1-15.
- Zeh JA & Zeh DW. (1997). The evolution of polyandry II: Post–copulatory defenses against genetic incompatibility. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 264(1378), 69-75.
- Zhang HW, Yin SW, Zhang LJ, Hou XY, Wang YY. (2015). Development and validation of single nucleotide polymorphism markers in *Odontobutis potamophila* from transcriptomic sequencing. *Genetics and Molecular Research*, 14 (1), 2080-2085.

APÊNDICE 1

Tabela. Sumário do sequenciamento *ddRAD* e processamento das filtragens das *reads* em indivíduos da espécie *Squalus albicaudus* das localidades Pernambuco, Rio de Janeiro e São Paulo.

Vouchers	Localidade	Raw data	Q20	Digestão <i>in silico</i>	%
100355	PE	1.242.053	1.237.622	*1.176.658	95%
100356	PE	2.006.439	1.993.560	1.028.208	51%
100336	PE	1.010.388	1.004.609	902.671	89%
100337	PE	969.158	962.274	860.154	89%
100338	PE	788.342	784.025	726.406	92%
100350	PE	1.165.363	1.143.825	855.955	73%
100351	PE	2.307.040	2.300.457	*1.280.595	56%
100352	PE	1.535.453	1.520.674	1.038.731	68%
100353	PE	1.657.569	1.637.048	1.041.918	63%
100354	PE	1.707.531	1.682.046	1.172.896	69%
100340	PE	1.548.720	1.548.720	1.036.009	67%
100339	PE	1.011.833	1.004.049	923.755	91%
100358	PE	1.306.547	1.300.659	894.268	68%
100349	PE	942.206	933.236	821.021	87%
89912	RJ	305683	292683	260644	85%
89914	RJ	759.479	754.405	719.310	95%
89915	RJ	1.159.086	1.151.077	*1.082.387	93%
89916	RJ	943.839	929.441	746.569	79%
104187	SP	2.635.595	2.595.521	*1.407.947	53%
104188	SP	2.696.970	2.632.154	*1.623.506	60%
104189	SP	1.428.049	1.396.095	775.995	54%
104190	SP	1.450.698	1.429.946	866.574	60%
104191	SP	1.281.242	1.268.132	1.112.014	87%
104192	SP	942.539	939.093	860.456	91%
104193	SP	1.197.674	1.186.028	856.752	72%
104194	SP	1.193.337	1.183.267	881.094	74%
104195	SP	1.125.552	1.113.678	756.609	67%
104196	SP	1.168.810	1.157.902	803.785	69%
104197	SP	958.066	936.082	769.329	80%
104198	SP	1.304.754	1.283.972	829.896	64%
104199	SP	874.759	864.614	761.362	87%
Total reads		41.401.332	40.945.165	29.612.986	

Raw date: número de *reads* obtidas após o sequenciamento; **Q20:** *Phred Quality* < 20, *reads* com qualidade abaixo de Q20 foram removidas; **Digestão *in silico*:** remoção de *reads* que apresentam regiões de sítios enzimáticos; **%:** porcentagem de aproveitamento das *reads* filtradas em relação ao Raw Date e **(*)** indivíduos que foram selecionados de acordo com o número de *reads*, para a montagem do catálogo (*de novo*).

APÊNDICE 2

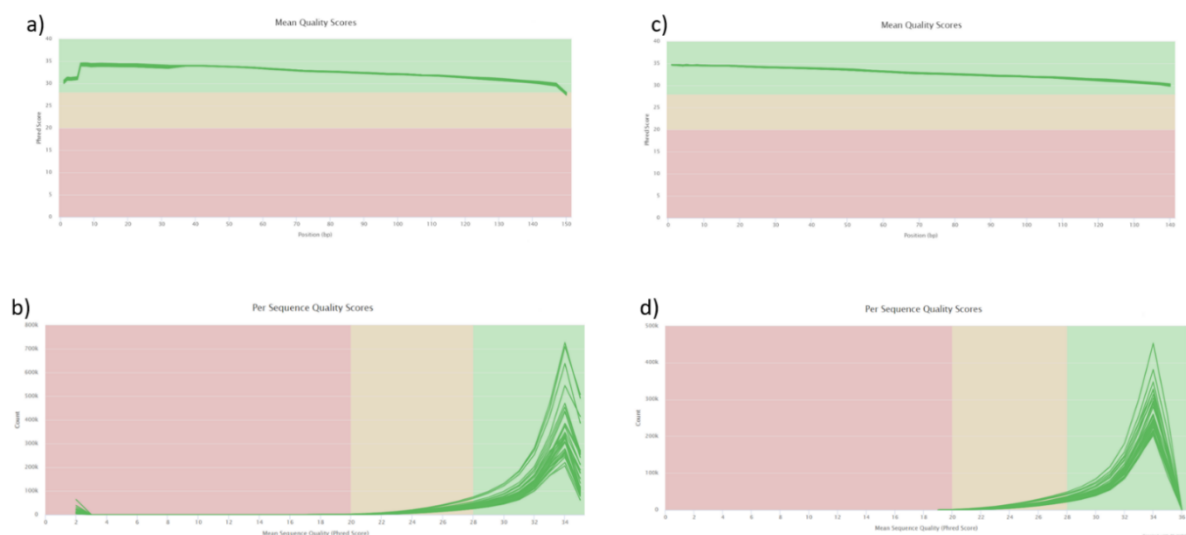


Figura 3. Gráficos das sequências obtidas no sequenciamento NGS, que foram verificadas no MULTIQC (**a-d**). Para **a-b** antes das filtrações, **c-d** após as filtrações. Mean Quality Scores (Qualidade das sequências por base) (**a-c**) e (**b-d**) Per Sequence Quality Scores (Frequência de qualidade média das *reads*).

APÊNDICE 3

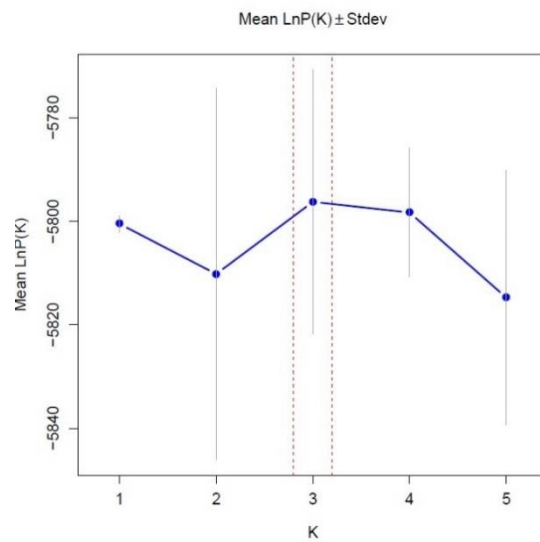


Figura. Estimativa do método de Evano, que demonstrou a maior probabilidade de clusters de $k=3$ ($(\ln(P) D) -26085 \pm 0.07344$).

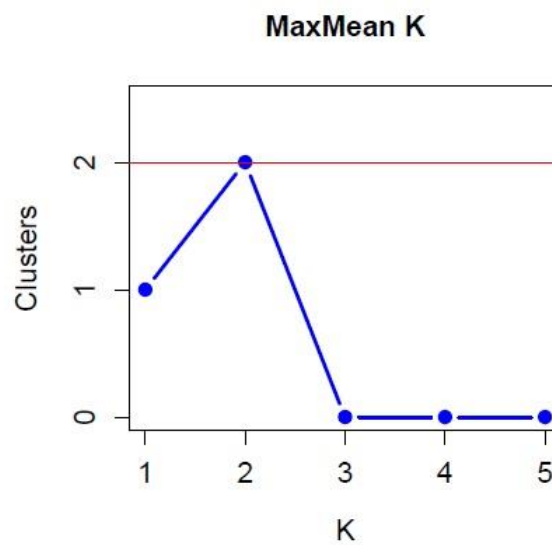


Figura. Estimativa do método de Puchmaille, demonstrando a maior probabilidade de clusters de $k=3$.

APÊNDICE 4

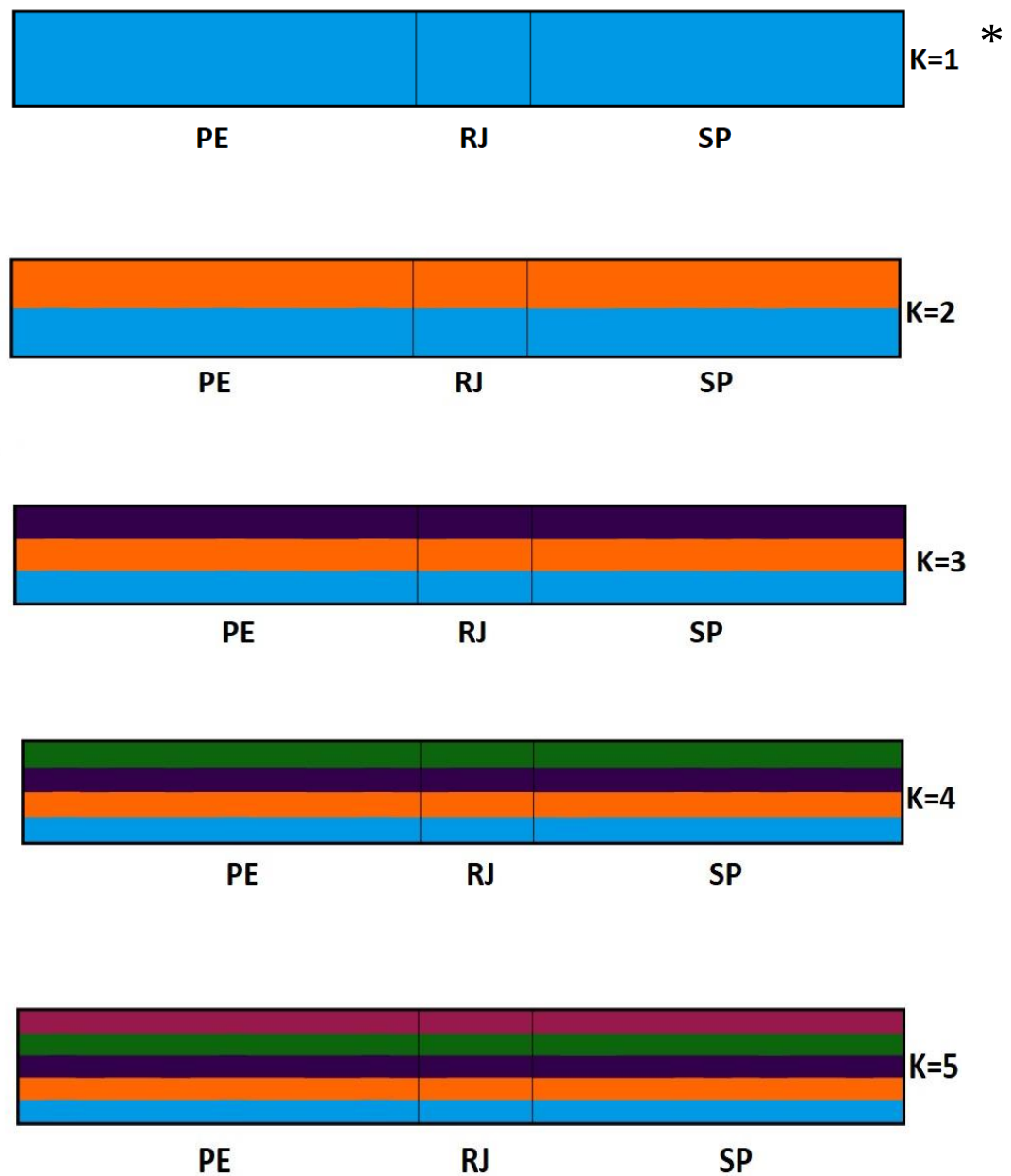


Figura. Resultado do STRUCTURE visualizados pelo programa CLUMPACK. Os gráficos representam os teste de agrupamentos de K (1-5), sendo as localidades PE (Pernambuco), RJ (Rio de Janeiro) e SP (São Paulo); *O melhor valor de K=1.

APÊNDICE 5

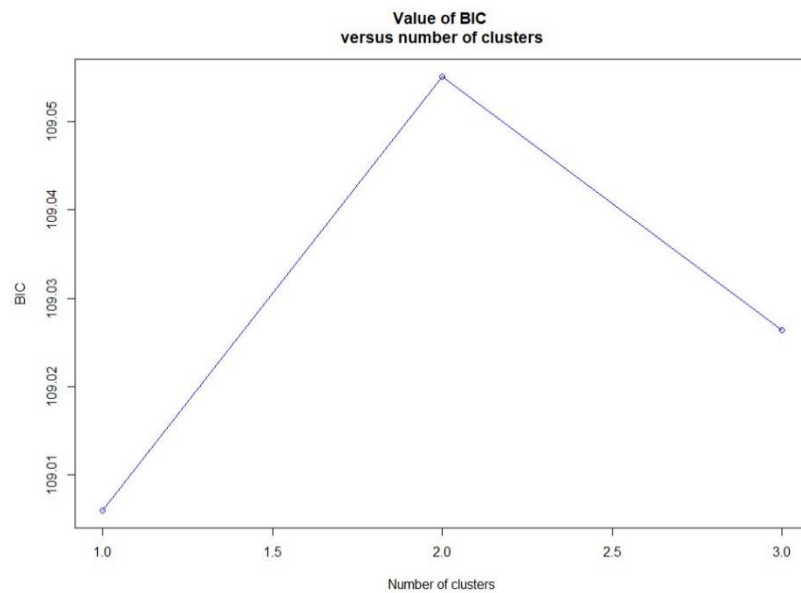


Figura. Número ideal de cluster $k = 1$ identificado utilizando o *Bayesian Information Criterion* (BIC), para a Análise de DAPC.

APÊNDICE 6

Tabela. Taxas de migração relativa por divMigrate com base nos Número de Migrantes (Nm), entre as localidades do estudo em *Squalus albicaudus*. PE (Pernambuco); SP (São Paulo); RJ (Rio de Janeiro).

	PE	SP	RJ
PE		0.830	0.330
SP	1.000		0.363
RJ	0.772	0.441	