



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM SISTEMAS AQUÁTICOS TROPICAIS**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ – UESC**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO SUL DA BAHIA – UFSB**



**GLACIANE CONCEIÇÃO MARQUES**

**Conectividade e Estrutura Genética de Populações de Peixes Marinhos  
no Oceano Atlântico Sul**

**Porto Seguro - BA**

**2025**

**GLACIANE CONCEIÇÃO MARQUES**

**Conectividade e Estrutura Genética de Populações de Peixes Marinhos  
no Oceano Atlântico Sul**

Dissertação submetida ao Programa de Pós-graduação em Sistemas Aquáticos Tropicais da Universidade Estadual de Santa Cruz e da Universidade Federal do Sul da Bahia, como requisito para a obtenção do título de Mestre em Sistema Aquáticos Tropicais.

**Linha de Pesquisa:** Manejo de Recursos Naturais, Diagnóstico e Remediação de Impactos Ambientais.

**Orientadora:** Dr<sup>a</sup> Fabiana C. Félix Hackradt

**Co-Orientadora:** Dr<sup>a</sup> Juliana Beltramin de Biasi

**Porto Seguro – Bahia**

**2025**

M357

Marques, Glaciane Conceição.  
Conectividade e estrutura genética de populações  
de peixes marinhos no Oceano Atlântico Sul /  
Glaciane Conceição Marques. – Porto Seguro: UF-  
SB; Ilhéus, BA: UESC, 2025.  
77f.: il., anexos.

Orientadora: Fabiana C. Félix Hackradt  
Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal  
do Sul da Bahia; Universidade Estadual de Santa  
Cruz. Programa de Pós-Graduação em Sistemas  
Aquáticos Tropicais – PPGSAT  
Inclui referências e apêndices.

1. Peixes marinhos. 2. Zonas biogeográficas. 3.  
Repetições de microssatélites. 4. Atlântico Sul, Ocea-  
no. I. Título.

CDD 597.177

"Existem muitas hipóteses na ciência que estão erradas, e isso é perfeitamente aceitável.  
Elas são a abertura para encontrar aquelas que estão certas."

Carl Sagan

*"Dedico esta Dissertação a minha mãe Marisa e a  
minha vó Valdelice que com amor, paciência e sabedoria,  
me ensinaram a importância da persistência e da paixão pelo conhecimento."*

## AGRADECIMENTOS

Enfim, chegou o momento mais aguardado pelos pós-graduandos: o momento de agradecer. Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus pelos ensinamentos de caridade e amor. Como sempre digo: "Que darei eu ao Senhor, por todos os benefícios que me tem feito?" (Salmo 116:12). Agradeço também à minha mãe, Marisa, que sempre esteve ao meu lado, me amando e cuidando de mim, ao meu irmão, Gabriel, e aos meus avós, Valdelice e Raimundo, assim como a todos os membros da minha família que estiveram ao meu lado mesmo distante geograficamente.

Agradeço imensamente à minha orientadora, Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Fabiana C. Félix Hackradt, pelo carinho, pela confiança e pelo apoio incondicional, mesmo nos momentos em que duvidei de minha capacidade. Sua orientação foi fundamental para que esta dissertação (artigos) chegasse à sua etapa final e por ser exemplo de profissional. Agradeço também ao Prof. Dr.<sup>o</sup> Carlos Hackradt pelos conhecimentos compartilhados e pela colaboração na dissertação.

Gostaria de expressar meus mais sinceros agradecimentos à minha Co-orientadora, Dr.<sup>a</sup> Juliana Di Biasi, que, independentemente das fases que atravessamos, esteve sempre ao meu lado. Não apenas como Co-orientadora, mas também como amiga, me oferecendo apoio emocional, abraços e uns puxões de orelha, sendo um espelho como profissional e de ser humano. Agradeço, ainda, por me ensinar os parâmetros e as etapas das análises genéticas de populações no laboratório.

Também sou grata ao Dr.<sup>o</sup> Germano Barrilli pelos ensinamentos na área da estatística e pela amizade sincera.

Agradeço aos meus amigos, que são minha segunda família e meu maior suporte emocional. Sejam eles distantes, morando a milhares de quilômetros, ou próximos, a poucos metros de mim, todos vocês fizeram desta jornada, chamada "mestrado", um caminho mais leve e alegre.

Agradeço ao Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha (Lecomar) pelo suporte financeiro e estrutural oferecido durante todas as etapas das análises genéticas. Sou grata por ter me apresentado há pessoas incríveis que tornaram meus dias mais felizes.

Agradeço ao PPGSAT pela estrutura e apoio, à coordenação, e especialmente aos professores Dr.<sup>o</sup> Luiz Weber e Dr.<sup>a</sup> Daniela Mariano. Agradeço também aos meus colegas, em especial à Rahmias, que sempre me ofereceu seu apoio, e me ajudava nas minhas loucuras acadêmicas, permitindo que eu o "perturbasse" ao longo desta caminhada.

Agradeço de coração a Associação de pescadores de Itapuã, principalmente ao Sr Davi, Sr Willians e o Presidente da Associação Sr Ari, pela ajuda nas coletas das amostras da região de Salvador- BA.

Agradeço à Agência de Fomento Fundação de Amparo da Bahia (FAPESB) pelo apoio financeiro durante o meu mestrado.

Por fim, agradeço à Universidade Estadual de Santa Cruz e à Universidade Federal do Sul da Bahia pela contribuição ao meu desenvolvimento acadêmico e profissional.

## Lista das Figuras

### Capítulo I

**Figura 1.** Gráficos de Distribuição das espécies em diferentes categorias ambientais e biológicas.....23

**Figura 2.** Gráfico do Modelo aditivo generalizado (GAM).....24

**Figura 3.** Gráfico dos coeficientes angulares das variáveis preditoras (BRM).....25

### Capítulo II

**Figura 1.** Mapa da Área de coleta dos exemplares do *Lutjanus jocu*.....55

**Figura 2.** Gráficos da Análise Bayesiana da estrutura populacional do *Lutjanus jocu*, Evanno e DAPC.....59

**Figura 3.** Gráfico com dados da rede de migração relativa direcional entre as localidades amostradas com base no  $G_{st}$  de Nei.....60

## Lista das Tabelas

### Capítulo I

**Tabela 1.** Atributos da história de vida das espécies de peixes encontradas na revisão bibliográfica.....21

**Tabela 2.** Dados dos Coeficientes angulares das variáveis ecológicas e evolutivas das espécies estudadas na estrutura genética (BRM).....25

### Capítulo II

**Tabela 1.** Dados dos descritores da diversidade genética de *L. jocu* .....58

**Tabela 2-** Análise de Variância Molecular (AMOVA).....59

**Tabela 3.** Valores do índice de fixação  $F_{ST}$  e índice  $D_{jost}$  .....60

## Sumário

1. Introdução Geral.....	10
2. Referências.....	12

### **Capítulo I – Por que a maioria das populações de peixes é geneticamente homogênea ao longo da costa sudoeste do Atlântico? O papel das características da história de vida na formação dos padrões genéticos**

1. Introdução.....	17
2. Metodologia.....	19
2.1. Revisão de Literatura.....	19
2.2. Análise de Dados.....	20
3. Resultados.....	22
4. Discussão.....	26
5. Conclusão.....	33
6. Referências.....	34
7. Apêndices.....	44

### **Capítulo II – Explorando a Diversidade Genética e a Conectividade Populacional de *Lutjanus jocu* (Bloch & Schneider, 1801) nos Estados da Bahia e Espírito Santo, Brasil: Uma Chave para Conservação.**

1. Introdução.....	61
2. Material e Métodos.....	63
2.1. Amostragem.....	63
2.2. Análises Genéticas.....	63
2.3. Extração de DNA.....	64
2.4. Amplificação e Sequenciamento.....	64
2.6. Análises de Dados.....	65
3. Resultados.....	65
4. Discussão.....	66
5. Conclusão.....	69
6. Referências.....	70
7. Apêndices.....	77



## Resumo

As províncias biogeográficas marinhas são formadas pela distribuição das espécies, que, por sua vez, é influenciada por uma série de fatores, como fatores ambientais, hidrológicos, geomorfológicos, biológicos e históricos. A dispersão dos organismos, especialmente na fase larval, é facilitada pelas correntes marítimas, o que determina o nível de conectividade entre as populações. Muitas espécies de peixes marinhos apresentam alta conectividade genética, o que foi inicialmente atribuído à ausência de barreiras físicas nos ambientes marinhos. No entanto, estudos envolvendo genética de populações recentes revelaram que as populações marinhas podem apresentar divergência genética e alta plasticidade em suas adaptações. Destacando a importância desta ferramenta para a conservação das espécies. É importante compreender os fatores que influenciam a estrutura e a diversidade genética, como: descontinuidade, quantidade de habitat, correntes marítimas, temperatura, latitude e as barreiras físico-químicas. Esses fatores podem impactar positivamente quanto negativamente a dispersão dos organismos, neste caso, pode agir diminuindo o tamanho efetivo das populações e intensificando processos como deriva genética e endogamia, o que prejudica a plasticidade fenotípica e o potencial evolutivo das espécies. A utilização de marcadores microssatélites tem se mostrado eficaz no estudo da conectividade e diversidade genética das populações, devido à sua capacidade de fornecer informações detalhadas sobre a variabilidade genética. Diversas espécies da família Lutjanidae têm sido estudadas nesse contexto, dada a sua importância ecológica e econômica. *Lutjanus jocu*, pertencente a esta família, possui um papel funcional importante nos ecossistemas de recifais coralíneos que em conjunto a sua importância pesqueira, é importante possuir compreensão de como as populações de *L. jocu* estão estruturadas ao longo da Bahia e Espírito Santo. Fornecendo informações importantes para a criação de estratégias de conservação e gestão sustentável, visando à preservação dos estoques populacionais por longo prazo.

**Palavras-chaves:** Barreiras biogeográficas, marcadores microssatélites, Peixes marinhos.

## **Abstract**

Marine biogeographic provinces are shaped by the distribution of species, which, in turn, is influenced by a variety of factors such as environmental, hydrological, geomorphological, biological, and historical factors. The dispersal of organisms, especially during the larval phase, is facilitated by ocean currents, which determine the level of connectivity between populations. Many marine fish species exhibit high genetic connectivity, which was initially attributed to the absence of physical barriers in marine environments. However, recent studies involving population genetics have revealed that marine populations can exhibit genetic divergence and high plasticity in their adaptations, highlighting the importance of this tool for species conservation. It is crucial to understand the factors that influence the structure and genetic diversity, such as: discontinuity, habitat availability, ocean currents, temperature, latitude, and physico-chemical barriers. These factors can impact organism dispersal both positively and negatively. In this case, they can reduce the effective population size and intensify processes such as genetic drift and inbreeding, which impair phenotypic plasticity and the evolutionary potential of species. The use of microsatellite markers has proven effective in studying population connectivity and genetic diversity due to their ability to provide detailed information on genetic variability. Several species from the Lutjanidae family have been studied in this context, given their ecological and economic importance. *Lutjanus jocu*, a member of this family, plays a crucial functional role in coral reef ecosystems, and due to its fishing importance, it is vital to understand how *L. jocu* populations are structured along the coasts of Bahia and Espírito Santo. This understanding provides essential information for developing conservation strategies and sustainable management practices aimed at preserving fish stocks in the long term.

**Keywords:** Biogeographic barriers, Microsatellite markers, Marine fish.

## 1. Introdução Geral

As províncias biogeográficas Marinhas são moldadas pela distribuição das espécies, caracterizando uma fauna distinta (Brigs, 2012). Entretanto a distribuição das espécies é influenciada por inúmeros fatores: Ambientais, hidrológicas, geomorfológicas, meteocanográficas, biológicas e históricas (Cowen et al., 2007, Palumbi, et al., 2014 Toonen, et al., 2016, Verba, et al. 2023<sup>a</sup>). Um dos fatores chaves na distribuição é a dispersão dos organismos principalmente na fase larval, facilitada pelas correntes marítimas, delimitando desta forma o nível de conectividade entre as populações (Luiz, Jr, et al., 2015). De fato, muitas espécies de peixes tendem a apresentar um alto grau de conectividade genética (Silva, 2015, Bezerra, et al., 2018, Verba, et al., 2023<sup>a</sup>), contudo mesmo que por muito tempo este padrão foi sustentado pela hipótese de ausência de barreiras físicas em ambientes marinhos, promovendo que as populações fossem altamente conectadas entre si, sendo homogêneas geneticamente, ou seja, panmíticas (Palumbi, 1994, Mar-Silva, et al., 2023).

Porém, estudos envolvendo genética de populações, vem mostrando que as populações marinhas também possuem divergência genética (*Sparissoma Axillares* i.e Verba, et al., 2023b), alta plasticidade em adaptações das espécies (Cruz, et al., 2021; Verba, et al., 2023a). Mostrando a importância da genética de população como ferramenta para conservação das populações de peixes marinho (SOUZA et al., 2019). Além, do conhecimento sobre a estrutura genética, é importante verificar os fatores que o influenciam como: descontinuidade, quantidade de habitat, correntes marítimas, temperatura, latitude, barreiras físicas-químicas (Floeter, et al., 2009), entre outros que podem impactar negativamente na dispersão dos organismos, diminuindo o tamanho efetivo das populações e intensificando processos que leva a perda de plasticidade fenotípica e conseqüentemente a diminuição do potencial evolutivo das espécies e resiliência como: deriva genética, endogamia. (Piñeros, et al., 2017; Cruz, et al., 2021, verba, et al., 2023a).

Estes estudos podem ser realizados aplicando marcadores microssatélites, que vem sendo altamente utilizados nos estudos de conectividade e diversidade genética, pela praticidade e eficácia em fornecer informações sobre a variabilidade genética (Selkoe e Tonnen, 2006, Bezerra, et al., 2018). São classificados como sequências curtas e altamente repetitivas de DNA, são altamente polimórficos e amplamente distribuídos pelo gemona,

porém não são codificante de proteínas (Muneer,2014).

Inúmeras espécies da família dos lutjanídeos vem sendo alvos de estudos envolvendo diversidade e conectividade genética: *Lutjanus chrysurus* (Silva, et al., 2015), *Lutjanus Synagris* (Lindeman, et al. 2016), *Lutjanus Annalis* ( Verba, et al.,2020), *Lutjanus purpureus* ( Gomes, et al.2012 ), *Lutjanus Jocu* ( Verba, et al., 2023<sup>a</sup>, Lutz, et al., 2024). Sendo umas das famílias com maiores níveis de exploração em escala mundial, com média anual de captura de 125.000 toneladas (Pauly et al., 2020). Devido à importância ecológica e para pesca se faz necessário compreender o impacto dos fatores ambientais e antrópicos sobre os estoques populacionais do *Lutjanus Jocu* no litoral brasileiro.

Neste cenário de relevância dos estudos sobre conectividade e diversidade das populações não somente do *Lutjanus Jocu*, ampliamos o estudo para inúmeras espécies de peixes marinhos no Atlântico Sul. Propomos a realização de um estudo baseado em uma revisão sistemática para responder a seguinte pergunta : i) qual a proporção de espécies marinhas do Atlântico Sul ocidental que apresentam estrutura genética populacional?; ii) qual a localização geográfica das discontinuidades genéticas encontradas?; e iii) como as características da história de vida das espécies de peixes marinhos contribuem para a conectividade populacional e a estrutura genética das populações no Oceano Atlântico Sul.

Posteriormente buscamos um estudo aplicado de genética de população para entender o padrão de conectividade e diversidade genética do *Lutjanus Jocu*, através dos marcadores microsatélites. E assim, tentar responder as seguintes perguntas: i) No Litoral brasileiro que possui um gradiente ambiental heterogêneo, as populações do *Lutjanus Jocu*, são homogêneas?, ii) Qual o nível de variabilidade genética dos estoques populacionais do *L. jocu* na Bahia e no Espírito Santo?,iii) Aplicação de marcadores microsatélites não específico para espécies são eficientes para estudos de genética de população? Dada sua relevância como espécies-chave nos ambientes recifais, como um mesopredador, faz-se necessários estudos complementares que visem elucidar seu papel como controladores da dinâmica populacional nos sistemas coralíneos ao mesmo tempo que o crescimento da pesca põe em ameaça o estoque populacional do *L. Jocu*. Aonde, se faz importante compreender como as populações se estruturam geneticamente, para obter informações para criação de ferramentas de manejo e estratégias eficazes e sustentáveis das populações ao longo prazo. Para tal, buscamos compreender como as espécies de peixes marinhos estão estruturadas no Oceano Atlântico Sul e os principais

fatores ambientais, biológicos e antrópicos que influenciam. Desta forma, estruturamos essa dissertação nas seguintes seções:

- 1- Por que a maioria das populações de peixes é geneticamente homogênea ao longo da costa sudoeste do Atlântico? O papel das características da história de vida na formação dos padrões genéticos
- 2- Explorando a Diversidade Genética e a Conectividade Populacional de *Lutjanus jocu* (Bloch & Schneider, 1801) nos Estados da Bahia e Espírito Santo, Brasil: Uma Chave para a Gestão da Conservação

## 2. Referências

Cowen, R. K.; Gawarkiewicz, G.; Pineda, J.; Thorrold, S. R.; Werner, F. E. Population connectivity in marine systems. *Oceanography*. **2007**,*20*, 14 – 21.

Cruz, v. P.; Adachi, a. M. C. L.; Oliveira, P. H.; Ribeiro, G. S.; Paim, f. G.; Souza, b. C.; Rodrigues, A. S. F.; Vianna, M.; Delpiani, S. M.; De Astarloa, J. M. D.; Rotundo, M. M.; Mendonça, F. F.; Oliveira, C.; Lessa, R. P.; Foresti, F. Genetic diversity in two threatened species of guitarfish (Elasmobranchii: Rhinobatidae) from the Brazilian and Argentinian coasts: An alert for conservation. *Neotropical Ichthyology*. **2021**,*19*. [10.1590/1982-0224-2021-0012].

Gomes, G.; Sampaio, I.; Schneider, H. (2012). Population Structure of *Lutjanus purpureus* (Lutjanidae-Perciformes) on the Brazilian coast: further existence evidence of a single species of red snapper in the western Atlantic. *Anais Acadadematica Brasileira Ciencias*.**2012**,*84*. [10.1590/S0001-37652012000400013].

Silva, R.; Veneza, I.; Sampaio, I.; Araripe, J.; Schneider, H.; Gomes, G. (2015). High Levels of Genetic Connectivity among Populations of Yellowtail Snapper, *Ocyurus chrysurus* (Lutjanidae – Perciformes), in the Western South Atlantic Revealed through Multilocus Analysis. *PLOS ONE*.**2015**,*10*.1-19. [10.1371/journal.pone.0122173].

Silva, R.; Sampaio, I.; Schneider, H., Gomes, G. (2016). Lack of spatial subdivision for the snapper *lutjanus purpureus* (lutjanidae-perciformes) from southwest Atlantic based on multi-locus analyses. *PLoS ONE*.**2016**,*11*. [10.1371/journal.pone.0161617].

Selkoe, K. A.; Toonen, R. J. (2006). Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*. **2006**, *9*, 615 – 29. [10.1111/j.1461-0248.2006.00889.x]

Lindeman, K.; Anderson, W.; Carpenter, K.E.; Claro, R.; Cowan, J.; Padovani-Ferreira, B.; Rocha L.A.; Sedberry, G.; Zapp-Sluis, M. (2016). *Lutjanus cyanopterus*. The IUCN Red List of Threatened Species. *Braz. J. Biol.* **2016**,*72*. [10.2305/IUCN.UK.2016-1RLTS.T12417A506633].

Luiz, O. J.; Madin, J. S.; Robertson, D. R.; Rocha, L. A.; Wirtz, P.; Floeter, S. R. (2012). Ecological traits influencing range expansion across large oceanic dispersal barriers: Insights from tropical Atlantic reef fishes. *Proceedings of the Royal Society of London B*, **2012**,279, 1033–1040. [10.1098/rspb.2011.1525].

Lutz, Í.; Martins, K.; Cardoso, B.; Miranda, A.; Costa, J. L.; Silva, I.; Evangelista-Gomes, G. Connectivity and high genetic diversity in populations of the dog snapper *Lutjanus jocu* (Lutjanidae: Perciformes) from the South Western Atlantic, recovered with multilocus analysis. *Environmental Biology of Fishes*. **2024**,107,1121–1135. [10.1007/s10641-024-01607-1].

Mar-Silva, A. F.; Diaz -Jaimes, P.; Doménguez- Mendonza, C.; Domínguez-Domínguez, O.; Valdiviezo- Riveira, J.; Espinoza -Herrera, E. (2023). Genomic assessment reveals signal of adaptive selection in populations of the Spotted rose snapper *Lutjanus guttatus* from the Tropical Eastern Pacific. *PeerJ*. **2023**, 11,150-162. [10.7717/peerj.15029].

Munner, A.P. M. (2014). Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies. *Genetics research international*.**2014**,1-11[ 10.1155/2014/691759].

Palumbi, S. R. (1994). Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Annual Review of Ecology and Systematics*.**1994**, 25, 547-572.

Palumbi, S. R.; Barshis, D. J.; Traylor-Knowles, N.; Bay, R. A. Mechanisms of reef coral resistance to future climate change. *Science*. **2014**,344,895-898. [10.1126/science.1251336].

# CAPÍTULO I

## **Por que a maioria das populações de peixes é geneticamente homogênea ao longo da costa sudoeste do Atlântico? O papel das características da história de vida na formação dos padrões genéticos**

Marques, G. C.<sup>a,b</sup>, De Biasi, J.B.<sup>b</sup>, Barrilli, G.H.C.<sup>b</sup>, Hackradt, C.W.<sup>b</sup>, Félix-Hackradt, F.C.<sup>b</sup>

<sup>a</sup> Programa de Pós-Graduação em Sistemas Aquáticos Tropicais, Universidade Estadual de Santa Cruz, - Rod. Jorge Amado, km 16 - Salobrinho, Ilhéus, BA. CEP: 45662-900, Brazil

<sup>b</sup> Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha, LECOMAR /Campus Sosígenes Costa/ Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, BR 367 km 10, CEP: 45810-000, Porto Seguro, Bahia.

Autora correspondente: gal.marques@hotmail.com

### **Resumo**

A estrutura genética de peixes marinhos é moldada por uma complexa interação entre fatores ecológicos, ambientais, evolutivos e antropogênicos, resultando em padrões biogeográficos distintos ao longo da costa brasileira. Esses fatores influenciam a distribuição das espécies, permitindo a formação de subprovíncias com características semelhantes, o que pode restringir o fluxo gênico levando-o a processos evolutivos como especiação alopátricas e /ou parapátricas. O Oceano Atlântico Sul-Oeste apresenta padrões únicos de estrutura genética, atribuídos à sua vasta extensão, diversidade de habitats e à história evolutiva das espécies. Para investigar os determinantes destes padrões, realizamos uma revisão bibliográfica sistemática seguindo o protocolo PRISMA, analisando 47 artigos que forneceram dados sobre a estrutura genética de 84 espécies de peixes, distribuídas entre as latitudes 0°59'17"N e 40°16'49"S. A análise revelou que a maioria das espécies apresenta uma forte homogeneização genética entre as populações das províncias caribenha e brasileira, assim como na região Norte e Nordeste do litoral brasileiro. No entanto, identificamos uma estrutura populacional entre o Caribe e a costa brasileira, com uma segunda interrupção no fluxo gênico na latitude 20° S, próxima ao Estado do Espírito Santo. A estrutura genética é fortemente influenciada por fatores como o uso de habitats estuarinos e recifais, além do tempo de especiação das espécies. Em contrapartida, o elevado fluxo gênico está associado à presença de ovos pelágicos e à interação com correntes costeiras (Corrente do Brasil), que favorecem a homogeneização do fluxo gênico e a conectividade entre populações em diferentes localidades. Ademais, os hábitos de vida bentopelágicos e o transporte de larvas através de detritos (rafting) ampliam a distância de dispersão na fase larval. Fatores oceanográficos, bióticos e abióticos exercem papéis significativos na resposta genética das espécies, influenciando suas estruturas genéticas e dinâmicas populacionais.



**Palavras Chaves:** Conectividade populacional, modelos generalizados, padrão de distribuição, peixes, Oceano Atlântico Sul.

### **Abstract**

The genetic structure of marine fish is shaped by a complex interaction of ecological, environmental, evolutionary, and anthropogenic factors, resulting in distinct biogeographical patterns along the Brazilian coastline. These factors influence species distribution, enabling the formation of subprovinces with similar characteristics, which can restrict gene flow, leading to evolutionary processes such as allopatric and/or parapatric speciation. The South-Western Atlantic Ocean exhibits unique genetic structure patterns, attributed to its vast expanse, diverse habitats, and the evolutionary history of species. To investigate the determinants of these patterns, we conducted a systematic literature review following the PRISMA protocol, analyzing 47 articles that provided data on the genetic structure of 84 fish species, distributed between latitudes 0°59'17"N and 40°16'49"S. The analysis revealed that most species exhibit strong genetic homogenization between populations in the Caribbean and Brazilian provinces, as well as in the Northern and Northeastern regions of the Brazilian coastline. However, we identified a population structure between the Caribbean and the Brazilian coast, with a second disruption in gene flow at latitude 20°S, near the state of Espírito Santo. Genetic structure is strongly influenced by factors such as the use of estuarine and reef habitats, as well as the species' speciation time. In contrast, high gene flow is associated with the presence of pelagic eggs and interaction with coastal currents (Brazil Current), which favor the homogenization of gene flow and connectivity between populations in different localities. Moreover, benthopelagic life habits and larval transport through debris (rafting) extend dispersal distances during the larval phase. Oceanographic, biotic, and abiotic factors play significant roles in shaping the genetic response of species, influencing their genetic structures and population dynamics.

**Keywords:** Population connectivity, generalized models, distribution patterns, fish, South Atlantic Ocean.

## 1. Introdução

A maioria dos peixes marinhos apresentam ciclos de vida bipartidos, apresentando uma fase inicial pelágica potencialmente dispersora, e uma fase bentônica, mais restrita ao habitat escolhido (Cowen, 2000; Galarza et al., 2009; Bernardi, 2011; Cowen e Sponaugle, 2009; Leis et al., 2024). É durante a dispersão larval que se dá a conexão entre as populações de peixes marinhos (Luiz jr et al., 2012; Félix-Hackradt et al., 2018; Lima et al., 2023), ainda que o movimento de jovens e adultos para áreas adjacentes possa contribuir ativamente com o processo (Cowen, 2000; Frisk et al., 2014).

A conectividade das populações de peixes marinhos é moldada pela interação de uma variedade de fatores biológicos e meteoceanográficos (Mar-Silva et al., 2023). Fatores relacionados à história de vida das espécies, como, por exemplo, tipo de ovo (Rocha, 2003), capacidade de movimentação (Luiz jr et al., 2012, 2015; Ferrera-Rodríguez, 2024), tipo de reprodução (Claro e Lindeman 2003; Verba et al., 2023a), duração do período larval (Pineda et al., 2007; Weersing e Toonen, 2009; Reginos et al., 2011; Nanninga e Manica, 2018; Gandra et al., 2020) entre outros, podem favorecer a troca de indivíduos entre habitats, potencializando a homogeneidade entre populações (Luiz-Jr et al., 2012; 2015; Félix-Hackradt et al., 2013b).

Por outro lado, fatores oceanográficos como correntes oceânicas (Campos et al., 1995; Oliveira et al., 2013; Félix-Hackradt et al. 2013a; Hernawan et al., 2021), vórtices e frentes costeiras (Garcés-Rodríguez et al., 2016; Shulzitski et al., 2016), fatores geológicos como a extensão da plataforma continental (Medeiros, 2011; Baggio et al., 2017), morfologia do fundo (Luiz- Jjr et al., 2009), descontinuidade de substrato disponível (Riginos e Nachman, 2001; Fraser et al., 2010; Riginos et al., 2011) e a distância geográfica (Riginos e Nachman, 2001; Riginos et al., 2011), por exemplo, podem limitar a dispersão larval, restringindo o fluxo gênico, e modelando a estrutura populacional das espécies de peixes. Como resultado da complexa interação dos compartimentos biológico-físico, podemos enquadrar as populações de peixes marinhos em um gradiente de conectividade entre totalmente abertas, com alta interconexão e pouca diferenciação genética, até aquelas consideradas fechadas, geograficamente isoladas e com alta variabilidade genética entre elas (Mora & Sale, 2002; Cunningham et al., 2009; Díaz-Jaimes et al., 2010; Ferrera-Rodríguez et al., 2024).

A costa brasileira se estende por mais de 8.000 km por onde fluem algumas correntes costeiras altamente determinantes nos padrões de conexão populacional. Uma delas é a Corrente do Brasil, que flui de norte para o sul, desde o paralelo 10°S até o 38°S, onde se encontra com a Corrente das Malvinas de origem patagônica, e se afasta da costa (Silveira et al., 2000). A Corrente do Brasil é uma das principais forças homogeneizadoras da diversidade genética das espécies marinhas, contribuindo para a panmixia das populações (Bezerra et al., 2018; Verba et al., 2023a; Veneza et al., 2023). No entanto, a presença de montes submarinos (Cadeia Vitória-Trindade) e cabos (São Roque e Santa Marta) que produzem alterações como bifurcações, giros e mudanças direcionais das principais correntes atuantes, restringem a conexão entre populações de diferentes espécies (e.g. peixes, crustáceos e moluscos) ao longo do litoral (Martins et al., 2022).

Outra importante barreira brasileira que influencia na conectividade genética populacional de distintas espécies marinhas (Bernardi, et al., 2008, Pinheiro, et al. 2024) é a pluma do Rio Amazonas-Orinoco (AOP) que se estende por 2.300 km mar adentro. Vinculada aos eventos de glaciação e degelo, essa barreira atuou para a especiação de diversas espécies de peixes originárias no Caribe, em espécies da fauna brasileira (Floeter et al., 2008), como as espécies do gênero *Scarus* e *Sparisoma* (Moura et al., 2001; Siqueira et al., 2019). Contudo, a mesma barreira parece ser permeável para outras espécies, como o peixe-leão invasor, *Pterois volitans*, que a partir de populações do Caribe, utilizou possivelmente os recifes mesofóticos na foz do Amazonas para ultrapassar a barreira AOP (Maggioni et al., 2023).

Para compreender melhor a descontinuidade genética dos organismos marinhos, é necessário considerar não apenas os fatores ecológicos e biológicos, mas também os processos evolutivos, como a seleção natural e a deriva genética, que desempenham papéis fundamentais na modelagem da diversidade genética (Palumbi, 1994). A seleção natural favorece características que aumentam a sobrevivência e a reprodução em ambientes específicos, enquanto a deriva genética, especialmente em populações pequenas, pode levar à perda de variabilidade genética (Hedgecock et al., 2007). A complexidade dessa dinâmica é intensificada pelas atividades antrópicas (Petrolo et al., 2021). A pesca predatória, por exemplo, atua na redução do tamanho efetivo populacional e na fragmentação de habitats (Verba et al 2023a), diminuindo a diversidade genética (Gandra et al., 2020) e impondo pressões significativas sobre as populações de peixes

marinhos, reduzindo seu poder adaptativo e conseqüentemente, sua resiliência (Pinsky e Palumbi, 2014, Gandra, et al., 2021).

Contudo, ainda são escassas informações sobre quais as variáveis ecológicas, filogenéticas, comportamentais, etc., são responsáveis pelas definições dos padrões de estrutura genética de peixes marinhos. Nesse contexto, buscamos testar as seguintes perguntas: i) qual a proporção de espécies marinhas do Atlântico Sul ocidental que apresentam estrutura genética populacional?; ii) qual a localização geográfica das discontinuidades genéticas encontradas?; e iii) como as características da história de vida das espécies de peixes marinhos contribuem para a conectividade populacional e a estrutura genética das populações no SWA? Para responder a esses questionamentos realizamos uma revisão sistemática dos padrões genéticos exibidos por espécies de peixes marinhos, e classificamos as mesmas segundo atributos da sua história de vida que tenham relação com a sua conectividade como características reprodutivas, habitat, mobilidade, categoria espacial, tempo de especiação entre outros. Testamos a hipótese que espécies com maior mobilidade horizontal e vertical, que ocupam habitats mais homogêneos e contínuos, com ovos pelágicos e longos estágios larvais, além de especiação recente, apresentam populações mais conectadas e geneticamente homogêneas ao longo da costa.

## **2. Metodologia**

### **2.1. Coleta de Dados**

A lista de artigos incluídos na revisão bibliográfica consistiu em estudos publicados no período entre 1980 a 2023, relacionados à conectividade genética populacional de peixes no Atlântico Sul (SWA). Os artigos foram coletados nos bancos de dados Web of Science (Institute of Scientific Information, Thomson Scientific), Springer-Verlag, Google Scholar e Scopus com as palavras-chave e combinações de comandos booleanos: “Genetic structure\*” OR “Genetic connectivity\*” OR “Genetic diversity\*” OR “Population connectivity\*” AND “Fish marine\*” AND “Molecular markers\*” AND “South atlantic\*” OR “Brazilian coast\*”.

Foram aplicados critérios de elegibilidade e exclusão utilizando o pacote “litsearch” no programa R (R Core Team, 2021). Esse processo resultou na exclusão de 5.252 artigos. Em seguida, um filtro manual foi realizado, levando à exclusão de mais 167 artigos que não atendiam aos critérios de elegibilidade. Esses critérios incluíam: (1)

Artigos com foco em espécies alvos (peixes), (2) Área de estudo que envolvesse o Oceano Atlântico Sul, (3) artigos que contivessem dados de estrutura genética ( $F_{ST}$  ou AMOVA), não foram incluídos artigos que somente possuíam análises bayesiana e que eram revisão bibliográfica. O processo seguiu as etapas de seleção automatizada e manual, conforme o protocolo estabelecido, garantindo a padronização, reprodutibilidade e confiabilidade do mesmo (Figure S1, Supplementary Material). A metodologia adotou as diretrizes do PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) para construção da revisão sistemática (Page et al., 2020).

O estudo focou na análise de artigos que abordavam os padrões de conectividade e estrutura genética de peixes marinhos, fundamentados em dados moleculares empíricos. A revisão abrangeu, além do litoral brasileiro, Golfo do México, Uruguai, Venezuela, Panamá e parte do Atlântico Norte (Estados Unidos). Para sintetizar a literatura, foi construído um banco de dados contendo informações como autor, ano de publicação, taxonomia das espécies de peixes analisadas, locais de estudo, dados de fixação genética par a par ( $F_{ST}$ ), valor da Análise de variância (AMOVA) e o tipo de marcador molecular. Em alguns casos, um único artigo forneceu dados de estrutura genética para várias espécies de peixes marinhos, sendo o mesmo utilizado para referenciar todas as espécies do artigo nesta revisão bibliográfica.

## **2.2. Análise de dados**

Os dados de estrutura genética de cada espécie identificada nos estudos foram transformados em uma matriz binária, incorporando os locais de amostragem mencionados nos artigos (Table S1, Supplementary material). A definição de quebra genética foi baseada nos padrões de  $F_{ST}$ , conforme descrito por Wright (1978), e na proporção da variação genética entre populações, conforme a AMOVA (Excoffier, Smouse e Quattro, 1992). Estas informações foram incluídas em uma matriz de dados genéticos. Para cada espécie, a ausência ou baixa estrutura genética foi indicada como “0” e a presença de diferenciação genética moderada a alta foi indicada como “1” para cada local amostrado (Table S1, Supplementary material). A somatória das diferentes contribuições de 0 e 1 para uma determinada localidade, lhe conferia um valor de frequência de quebra genética (ver Martins et al., 2022).

Adicionalmente, para cada uma das 89 localidades identificadas nos estudos, onde 59 se localizavam no litoral brasileiro, se obtiveram os valores de latitudes dos locais

onde os estudos foram realizados e obtido, por meio do programa de georreferenciamento GIS 3D. Um Modelo Aditivo Generalizado (GAM) foi utilizado por lidar com dados de distribuição gaussiana e suavizar a variável preditora para verificar a influência do intervalo latitudinal nas frequências de quebras genéticas das espécies de peixes estudadas. Previamente os dados de frequências de quebra foram normalizados e a latitude incluída como variável de suavização para melhor visualização. Esta análise foi realizada usando o pacote “mgcv” (Wood, 2017) no software R (R Core Team, 2021).

Uma matriz de dados secundários (Table S2) foi construída para investigar quais os fatores biológicos, ecológicos e filogenéticos que atuam como preditores das quebras genéticas nas populações de peixes marinhos do Oceano Atlântico Sul (SWA) e avaliar a influência relativa de cada variável na estrutura genética. Nessa matriz, foram inseridas as características bio-ecológicas de cada espécie que influenciasses na conectividade populacional como: especiação (tempo de divergência do ancestral comum), tipo de ovos, rafting, tipo de habitat, categoria espacial e mobilidade. Todas as variáveis exceto a especiação foram coletadas a partir de bancos de dados, como FishBase e Museu da Flórida, além da busca ativa por referências científicas especializadas (Table 1). Os dados de especiação foram obtidos para cada espécie na base de dados “Fish Tree of Life” (<https://fishtreeoflife.org/>). Quando a espécie não estava presente na base de dados, espécies congêneres brasileiras foram utilizadas como referência.

**Tabela 1.** Atributos da história de vida das espécies de peixes encontradas na revisão bibliográfica, as categorias internas de cada atributo, as referências e as hipóteses que fundamentam o uso destes atributos para a categorização genética.

<b>Fatores biológicos/ecológicos</b>	<b>Categorias das variáveis</b>	<b>Referência</b>	<b>Hipótese</b>
<b>Tipos de ovos</b>	Pelágico (1), Demersal (2).	Fish base Lucid Central-Key de identificação larval	Ovos pelágicos favorecem a dispersão e fluxo gênico.
<b>Rafting</b>	Sim ou Não.	Luiz - jr et al. (2015); Pinheiro et al. (2018)	A capacidade de aderir a flutuadores naturais aumenta a distância da dispersão oceânica, auxiliando na conectividade.

<b>Mobilidade</b>	Sedentário (1), Errante (2), Altamente móvel migratório (3)	Pinheiro et al. (2018)	Na fase adulta, a maior capacidade de movimento promove maior conectividade.
<b>Especiação</b>	Tempo em anos.	The Fish tree of life	Quanto maior o tempo evolutivo de uma espécie, maior a probabilidade de apresentar estrutura genética.
<b>Categoria espacial</b>	Pelágico (1), Bentopélagicos (2), Demersal (3).	Fish Base; Florida Museum	Quanto mais independente do substrato, maior a probabilidade de conectividade
<b>Habitat</b>	Recifal residente (1) Recifal associado (2), Marinho (3), Estuarino Residente (4), Estuarino associado (5).	Fish Base	Habitats mais isolados têm maior probabilidade de apresentarem restrições ao fluxo gênico.

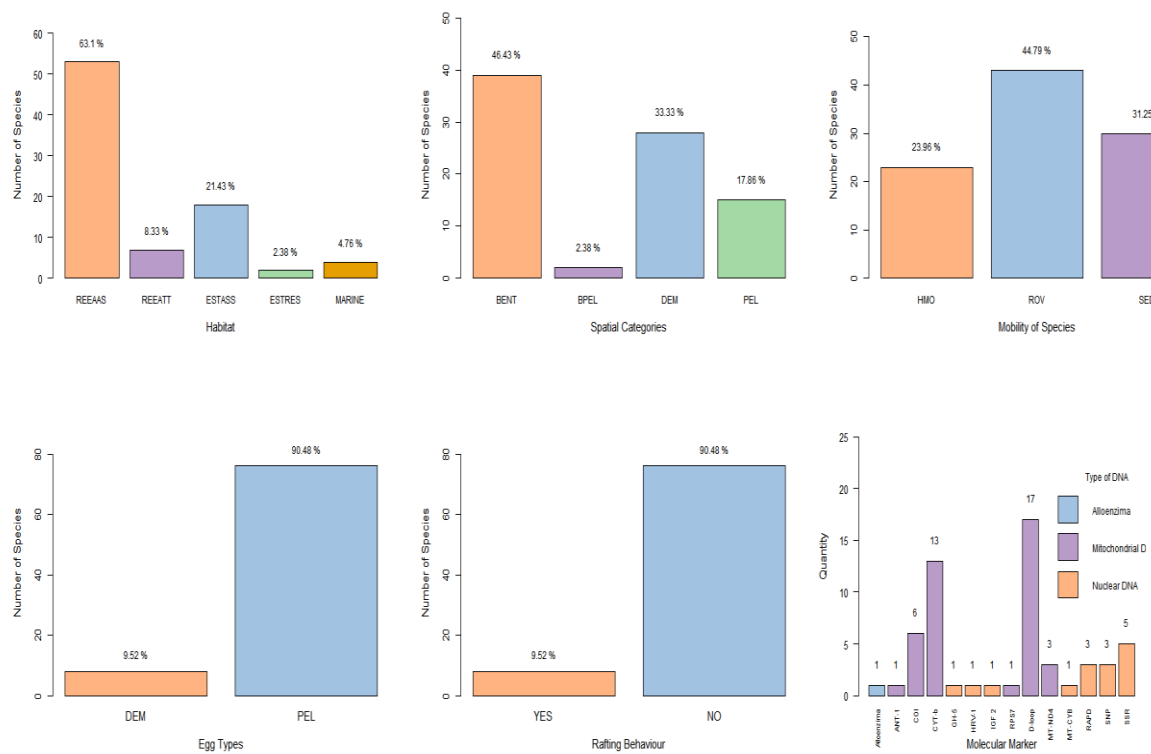
Por fim, um modelo de regressão não linear bayesiano (BRM) foi utilizado para avaliar a importância das variáveis selecionadas em explicar os padrões genéticos dos peixes marinhos. Para garantir a robustez das estimativas e a convergência do modelo, foram executadas quatro cadeias de Markov independentes, cada uma com 2000 iterações. Os dados foram processados utilizando o pacote “brms” (Bürkner, 2021), e os resultados foram visualizados em gráficos do tipo forest plot, gerados com o pacote “ggplot2” no R-Studio 4.4.0.

### 3. Resultados

A busca bibliográfica retornou um total de 5686 registros, que após a triagem resultaram na exclusão de 4087 e adicionais 167 artigos removidos manualmente, resultando ao final 47 artigos. A partir destes registros obtivemos dados moleculares para 84 espécies de peixes do Oceano Atlântico Ocidental, incluindo a costa dos Estados Unidos da América, Golfo do México, Caribe, Brasil até a Argentina. Nestes estudos foram utilizados 14 marcadores moleculares distintos para entender padrões de conectividade e de estrutura de populações de peixes. Destes, 64% (n=36)

corresponderam a marcadores mitocondriais, 35% (n=20) marcadores nucleares e 1% (n=1) aloenzimas.

As 84 espécies avaliadas, dados genéticos, abrangem dos Estados Unidos da América a Argentina, estas espécies são distribuídas em 33 famílias e 58 gêneros. Em relação ao habitat, a maioria das espécies são recifais (n=57, 67,86%), com hábitos bentônicos (n=38, 45,24%) e mobilidade sedentária (n=18, 21,43%). Aproximadamente 89,29% (n=75) possuem ovos pelágicos, e 90,48% (n=76) não apresentam capacidade de rafting (**Figura 1**).



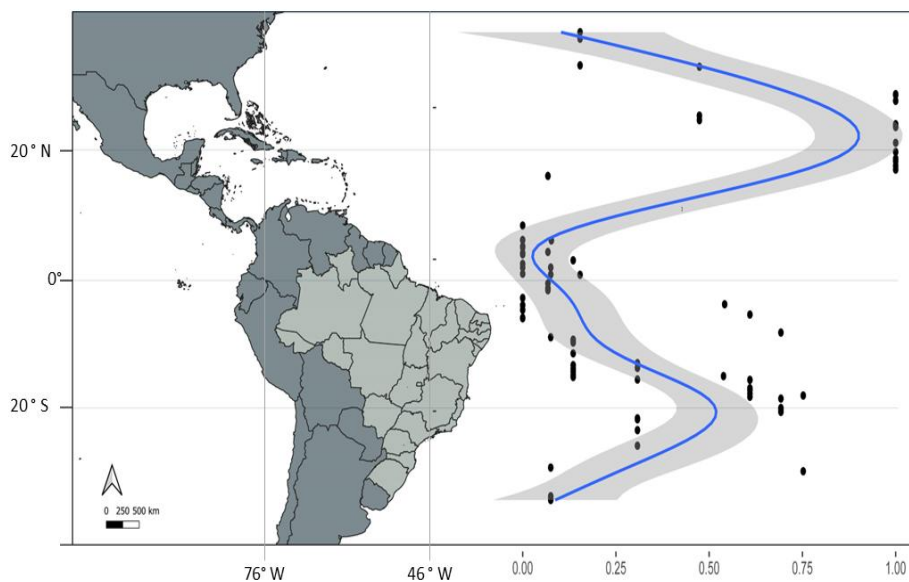
**Figura 1:** Distribuição das espécies em diferentes categorias ambientais e biológicas. Cada gráfico exibe a quantidade de espécies por categoria, com as barras coloridas representando os diferentes subgrupos dentro de cada categoria. Os valores percentuais relativos a cada barra são indicados acima das barras, proporcionando uma visualização clara da distribuição proporcional entre os grupos.

Dentre as 84 espécies avaliadas, cerca de 70% não exibiram estrutura genética ao longo da distribuição analisada nos estudos incluídos nesta revisão (Tab. SM1). Dessas, aproximadamente 56% apresentaram alta conectividade entre as costas do Caribe e do



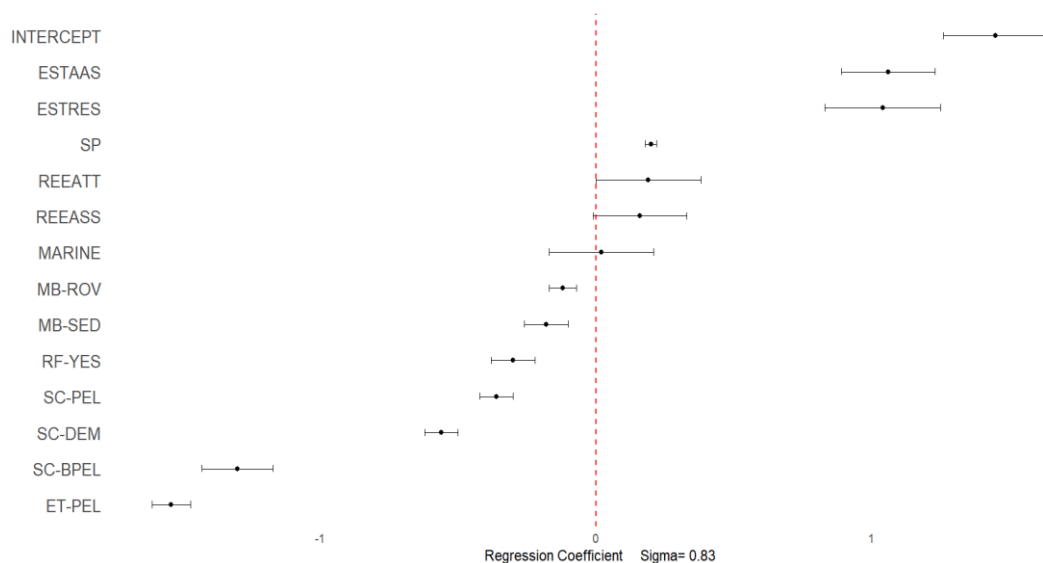
Brasil, 11% foram homogêneas ao longo da costa brasileira e 3% não mostraram diferenças populacionais entre a costa do Brasil e a Patagônia, totalizando 70% sem estrutura genética. Por outro lado, 12% das espécies apresentaram estrutura genética entre o Caribe e o Brasil, e um adicional de 5%, além da distinção da fauna caribenha, apresentaram diferenças populacionais ao longo da costa brasileira. Ainda, um total de 11% das espécies revelou estrutura populacional ao longo da sua distribuição nacional, dos quais 6% ao longo da costa brasileira e 5% entre a costa e as ilhas oceânicas. Por fim, em pelo menos 2% das espécies se observaram diferenças entre as populações da costa do Brasil e Patagônia.

A latitude desempenhou um papel significativo, explicando 69.6% da distribuição da estrutura nas populações de peixes marinhos, com frequência de rupturas genéticas variando entre 0% a 0.15% (Figure 2). Dessa forma, foram identificadas duas quebras genéticas significativas: uma na altura da região do Caribe (CB) 20°N, com uma frequência de ruptura de 0.15%, e uma segunda quebra genética próxima à latitude 20°S. Esta segunda quebra, no contexto do litoral brasileiro, ocorre na altura da costa do Espírito Santo, ao sul do Banco dos Abrolhos, com frequência de aproximadamente 0.09%.



**Figura 2.** Modelo aditivo generalizado (GAM) relacionando as frequências normalizadas das quebras genéticas populacionais (pontos pretos) das 84 espécies de peixes marinhos avaliadas em função do gradiente latitudinal ao longo do oceano Atlântico Sul. A linha azul mostra a relação ajustada entre a variável de resposta e a variável explicativa, e em cinza o intervalo de confiança.

A partir do modelo de regressão bayesiana não linear (BRM), identificou-se que o tempo de especiação e o tipo de habitat da espécie são os fatores preponderantes na estrutura genética das populações estudadas (Tabela 2). Espécies associadas ( $b = 1.04$ ) ou dependentes do estuário ( $b = 1.02$ ) e com maior tempo de especiação ( $b = 0.20$ ) apresentaram maior estrutura genética. Por outro lado, espécies que apresentam ovos pelágicos ( $b = -1.53$ ), hábito de vida bentopelágico ( $b = -1.29$ ), demersal ( $b = -0.55$ ) ou pelágico ( $b = -0.37$ ), assim como aquelas que se valem do comportamento de rafting ( $b = -0.31$ ), contribuem diretamente para a homogeneização do fluxo gênico, aumentando a conectividade entre as distintas localidades (Figure 3). Similarmente, o intercepto, que foi a variável que apresentou a maior explicabilidade ( $b=1.45$ ) no modelo, indica que outras variáveis que não foram incluídas também estão contribuindo para as diferenças populacionais nas espécies estudadas. Somente os efeitos fixos estão representados graficamente.



**Figura 3.** Coeficientes angulares ( $\pm$  intervalo de confiança) das variáveis ecológicas e evolutivas das espécies estudadas na estrutura genética das populações de peixes no Sudoeste do Atlântico. As variáveis que se encontram à direita do gráfico, e não se sobrepõem a linha vertical, contribuem significativamente para a estrutura genética; as que se encontram à esquerda contribuem significativamente para a homogeneização. Legend: Habitat categories - ESTASS= Estuarine associated, ESTRES= Estuarine resident, REEASS= Reef associated, REEATT= Reef attached, MARINE= Marine; Mobility categories - MB-ROV= Wandering, MB-SED= Sedentary; Spatial categories -

SC-PEL= Pelagic, SC-DEM= Demersal, SC-BPEL= Benthicpelagic; Egg types - ET-PEL= pelagic eggs; RF = Rafting behaviour; and SP= Speciation time.

**Tabela 2.** Coeficientes angulares ( $\pm$  intervalo de confiança) das variáveis ecológicas e evolutivas das espécies estudadas na estrutura genética das populações de peixes no Sudoeste do Atlântico.

Variable	Estimate	Standard Error (SE)
INTERCEPT	1.45	0.19
SP	0.20	0.02
TE -PEL	-1.54	0.07
RF -YES	-0.30	0.08
ESTASS	1.06	0.17
ESTRES	1.04	0.21
REEASS	0.16	0.17
REEATT	0.19	0.19
SC-BPEL	-1.30	0.13
SC-DEM	-0.56	0.06
SC-PEL	-0.36	0.06
MB-ROV	-0.12	0.05
MB-SED	-0.18	0.08

#### 4. Discussão

Os resultados destacam que para mais de 2/3 das espécies estudadas (~70%) há alta conectividade populacional ao longo do Atlântico Sudoeste. Para as espécies restantes, se observaram duas principais discontinuidades genéticas: uma entre Caribe e Brasil e, outra na altura do paralelo 20° S, entre as regiões nordeste e sudeste do Brasil. Estes resultados indicam uma alta panmíxia das espécies de peixes marinhos no Atlântico Sudoeste, enquanto a estrutura genética, parece a exceção à regra. Essa condição pode ser explicada por fatores ambientais que contribuem diretamente para o fluxo gênico detectado, *i.e.*: a extensa e contínua linha de costa (Lins-de-Barros, et al., 2005, 2020); a disponibilidade de habitats recifais (Leão, et al., 2016, Carneiro, et al., 2022); a existência de condições oceanográficas homogeneizadoras, como principalmente a corrente do Brasil (Bezerra et al., 2018; Mendonça et al., 2013; Floeter et al., 2001); a ausência de barreiras genéticas permanentes (Rocha-Olivares e Sandoval-Castillo, 2003; Hernández-Álvarez et al., 2020); eventos geológicos (Robertson et al., 2006; Rocha, 2003) e climáticos históricos (Verba et al., 2023a) que propiciaram a alta conexão entre as populações das espécies de peixes marinhos. Esses fatores agem como corredores para a

dispersão larval e/ou de indivíduos adultos, promovendo o fluxo gênico e, conseqüentemente, a ausência de estrutura genética das populações (Selkoe et al., 2016; Bellwood et al., 2002) fomentando a conectividade de variadas espécies entre as províncias do Brasil e do Caribe (Araújo et al. 2022, Gama-Maia et al. 2024) e entre o Brasil e a Patagônia.

Esta alta conexão entre as províncias do Caribe e Brasil, pode ser explicada por inúmeros fatores, entre eles climáticos históricos. Durante os períodos de elevação do nível do mar, a plataforma continental se expandia, criando ambientes mais contínuos que facilitaram a dispersão de espécies ao longo das costas brasileira e caribenha, promovendo a homogeneização populacional (Araújo et al., 2022; Rocha, 2003; Ludt e Rocha, 2015; Luiz et al., 2011). Nestas condições a foz do rio Amazonas-Orinoco, conhecida como barreira AOP, se tornava mais permeável, permitindo o fluxo dos indivíduos entre as províncias, e possibilitando a homogeneização genética entre as duas localidades (Rocha, 2003; Ludt e Rocha, 2015; Luiz et al., 2011). A permeabilidade dessa barreira depende das condições biológicas das espécies como a tolerância das larvas às águas de baixa salinidade e da habilidade dispersiva dos adultos, sendo esta última intimamente associada ao tamanho corporal, onde espécies de maiores tamanhos máximos têm maior facilidade de romper a barreira AOP (Luiz Jr et al., 2012; Araújo et al., 2022).

Similarmente, o grande fluxo gênico observado entre espécies do Brasil e Patagônia também se relacionada com eventos climáticos do passado onde durante os eventos de glaciação, que ocorreram há 250 mil anos atrás, durante o qual massas de águas geladas moveram-se em sentido norte, alterando a zona de convergência da corrente das Malvinas com a corrente do Brasil, deslocando-a da latitude de 38°S para 20°S. Essa alteração permitiu a expansão da distribuição de espécies restritas da província da Patagônia para a costa brasileira, como observado em *Cynoscion guatucupa* (Iriarte et al., 2011), e igualmente no sentido contrário.

Para além da influência dos fatores geo-oceanográficos, nossos resultados indicam que características biológicas da história de vida das espécies, *e.g.* desova com ovos pelágicos, o hábito de vida pelágico e o comportamento errante, contribuíram diretamente para a alta conectividade populacional. Isso ocorre porque a desova pelágica, principalmente aquelas nas quais as larvas permanecem muito tempo na coluna d'água

(Large PLD), favorecem a dispersão e colonização de ambientes distantes de sua origem (Leis et al. 2011), sendo influenciadas pelas condições meteoceanográficas locais como ventos e correntes (Lima et al. 2024), resultando em baixos níveis de diferenciação genética. No entanto, a grande capacidade natatória e sensorial durante a fase competente larval (Leis et al 2011) faz com que a relação entre a distância de dispersão (~IBD) e a estrutura genética seja fraca ( $R^2 = 0.33$ ) (Selkoe e Toonen 2011). Isso ressalta a influência de múltiplos fatores que determinam a estrutura genética e a importância de se avaliar como as características biológicas influenciam na conectividade populacional.

Complementarmente, espécies pelágicas não apresentam limitações físicas para a sua movimentação (p.ex. dependência de um substrato), permitindo assim uma maior amplitude na sua distribuição espacial. Um exemplo extremo é a espécie pelágica wahoo, *Acanthocybium solandri*, que possui um único estoque global (Theisen et al 2008). Adicionalmente, o modelo utilizado foi incapaz de identificar diferenças entre espécies com baixa mobilidade (sedentárias) e alta mobilidade (errantes), tendo selecionado ambas características como homogeneizadoras de populações de espécies com ambos comportamentos. Isso se deve, muito provavelmente, porque mesmo em espécies sedentárias, a liberação de propágulos e o tempo na coluna d'água são fatores mais relevantes. Reforçando a importância dos estágios iniciais do ciclo de vida dos peixes marinhos como um dos principais responsáveis pela conexão entre suas populações (Félix-Hackradt et al., 2013, 2018, Lima et al. 2023).

É importante contextualizar que espécies de peixes de grande porte, incluindo predadores de topo como tubarões, garoupas, atuns e vermelhos, conseguem mover-se por grandes distâncias, principalmente devido ao seu grande tamanho corpóreo (Luiz-Jr et al. 2012). Independente de se sua história de vida estar associada ou não aos ambientes recifais (Bryars et al., 2012; Nash et al., 2015). Para além do tamanho corporal e da capacidade de movimentação, a superação de grandes distâncias pode ser facilitada por outros fatores comportamentais. Um deles é o rafting, que se trata do comportamento de pós-larvas e juvenis em se deslocarem associadas a estruturas flutuantes, que melhoram suas chances de deslocamento (Luiz-Jr et al. 2011). Como exemplos de espécies com esse comportamento podemos citar *Apogon imberbis*, *Thalassophryne punctata*, *Caranx hippos*, *Caranx latus* (Luiz jr, 2015, Pinheiro, et al., 2018), amplamente distribuídas no Atlântico Sudoeste. Esta variável (rafting) também foi significativa no modelo que

elencou as principais características que favoreceram a conectividade populacional, reforçando nossos achados.

Do ponto de vista genético basta que haja migração de 1 indivíduo entre populações para promover a homogeneização genética (Stalkin, M. 1985). Isso culminaria no padrão observado entre as províncias do Caribe e do Brasil, onde observa-se uma alta conexão genética entre espécies como *Acanthurus bahianus*, *Elops saurus*, *Chloroscombrus chrysurus* e *Xyrichtys novacula* (Maia-Gama et al., 2023).

Por outro lado, embora o maior tempo de especiação tenha sido indicado como uma variável que favoreceu a estrutura populacional, sendo esta uma variável contínua, podemos concluir que o curto tempo de especiação contribuiu significativamente para a homogeneidade populacional. Tal resultado faz sentido, pois a recente diferenciação e colonização das espécies de peixes recifais do Atlântico sudoeste, na maioria de origem caribenha (Moura et al., 2001; Rocha et al., 2008; Pinheiro et al., 2018; Gama-Maia et al 2024), pode ajudar a explicar a grande proporcionalidade de espécies sem estrutura genética na costa brasileira. Dada a recente história evolutiva de *Scarus trispinosus*, que divergiu há 1 milhão de anos da sua espécie irmã caribenha *Scarus guacamaia* (Choat et al., 2012; Siqueira et al., 2019), e a ausência de fortes gradientes ecológicos na costa brasileira, resultou na grande homogeneidade genética observada em *S. trispinosus* (Bezerra et al., 2018). Padrões similares são observados para outras espécies de peixes recifais como: *Lutjanus chrysurus* (Vasconcellos et al., 2008, Silva et al., 2015), *Chaetodon striatus* e *Pomacanthus paru* (Affonso and Galetti, 2007). No entanto, ao comparamos sistemas oceanográficos distintos, e muito mais antigos, como o Mar Mediterrâneo, encontramos fortes divergências genéticas populacionais em pequenas escalas espaciais (Gonzalez-Wanguemert et al., 2006; Schunter et al., 2011; Félix-Hackradt et al. 2013; Carreras et al., 2017), resultado de gradientes ecológicos marcantes e habitats espécie-específicos, que permitem a especiação simpátrica (Félix-Hackradt et al., 2013). A ausência de fortes gradientes ecológicos na costa brasileira, torna a especiação simpátrica com alto fluxo gênico bastante improvável (Rocha et al., 2005), exceto caso envolva espécie estritamente associada a habitats exclusivos como, por exemplo, colônias de corais (Munday et al., 2004).

Todavia, para 15% das espécies estudadas se observou divergências populacionais entre as províncias do Caribe e do Brasil, sugerindo que a ruptura genética

e a homogeneização podem coexistir, dependendo das características biológicas e ecológicas das espécies (Tosetto et al., 2022; Joyeux et al., 2001). Este fato pode ser exemplificado através da análise da eficiência da barreira da foz do rio Amazonas-Orinoco (AOP) em moldar a trajetória evolutiva das populações de peixes marinhos. Durante os eventos de glaciação a barreira do AOP se tornava intransponível para a maioria das espécies de peixes marinhos, gerando espécies distintas em ambos lados da foz do rio, e elevados níveis de endemismo na costa brasileira. Contudo, quando o nível do mar retornava a subir e a pluma da foz do rio Amazonas se dissipava e se mantinha mais superficialmente na coluna d'água, a barreira AOP se tornava permeável, favorecendo a homogeneização populacional (Ludt & Rocha, 2015; Luiz et al., 2011; Araújo et al., 2022). A permeabilidade dessa barreira depende da tolerância das larvas às águas de baixa salinidade e da habilidade dispersiva dos adultos, que, em muitos casos, é relacionada ao tamanho corporal (Roy et al., 2002; Vermeij et al., 2008; Luiz Jr et al., 2012; Araújo et al., 2022). Contudo a permeabilidade seletiva da barreira AOP pode estar relacionada às preferências de habitats para as espécies do gênero *Acanthurus*, onde a AOP impede a dispersão de *A. bahianus* ( $d = 0.024$ ,  $\Phi_{ST} = 0.724$ ), limita a dispersão de *A. coeruleus* ( $\Phi_{ST} = 0.356$ ), não possuindo efeito sobre *A. chirurgus* (Rocha et al. 2002). Tais padrões decorrem da maior restrição de habitat em *A. bahianus*, que utiliza somente recifes de corais rasos; já *A. coeruleus* parece ocorrer também em fundos arenosos, enquanto *A. chirurgus* é a espécie mais generalista, observada também em fundos com esponjas. Similarmente, imagina-se que o extenso conjunto de recifes mesofóticos na foz do rio Amazonas (Moura et al. 2016) serviu como corredor de dispersão, e consequentemente rota de invasão, para indivíduos adultos do peixe-leão, *Pterois volitans*, a partir do Caribe (Maggioni et al. 2023).

Já na costa do Brasil, 11% das espécies apresentaram estrutura genética, sendo a Cadeia Vitória-Trindade (CVT), no paralelo 20° S, o local com maior descontinuidade. Esse processo ocorre pela existência de fortes mudanças na trajetória da corrente do Brasil nesta região, onde parte de seu fluxo gênico é forçado para alto mar, mas principalmente por questões históricas como períodos de glaciação máxima e nível do mar baixo (Martins et al. 2022). Adicionalmente, essa região marca o limite entre as zonas tropical e subtropical que associada a morfologia da plataforma (mais larga ao norte e estreita ao sul) contribuem para as diferenças populacionais observadas em vários organismos, entre eles crustáceos (*Excirolana braziliensis*: Hurtado et al., 2016), moluscos (*Crassostrea*

*spp.*: Lazoski et al., 2011). Nessa região também está o limite de distribuição dos habitats recifais biogênicos (Guimarães, 2002; Floeter et al., 2006; Mendonça - Neto et al., 2008; Pinheiro et al., 2018). É importante ressaltar que, para além do CVT, a bifurcação da Corrente Equatorial Sul ao chegar na costa brasileira na Corrente do Brasil e na Corrente Norte do Brasil, assim como a Confluência da Corrente das Malvinas com a Corrente do Brasil, são barreiras importantes na estrutura genética das populações de peixes marinhos (Martins et al. 2022).

Outra característica importante é o isolamento promovido pela insularidade. Sabe-se que ambientes insulares são mais propícios a apresentarem restrições ao fluxo gênico devido ao seu isolamento em contraste com os habitats costeiros mais contínuos encontrados (Miloslavich et al., 2010; Rocha, 2003). Observamos que aproximadamente 5% das espécies estudadas apresentaram descontinuidades genéticas entre as populações costeiras e insulares. O budião-verde, *Sparisoma axillare*, é uma destas espécies cujas populações isoladas em ilhas oceânicas, especialmente a ilha de Trindade, respondem com diferenciação populacional (Verba et al. 2023b). Porém esta explicação não fica restrita ao isolamento e, outros fatores oceanográficos como: a Corrente das Malvinas (que altera a temperatura das águas de quente para fria), a quebra da plataforma, a profundidade e as mudanças no nível do mar durante o Pleistoceno também desempenham papéis cruciais na diversidade gênica (Matano et al., 2010; Gandra et al., 2021; Hoarau et al., 2007). Essa característica reforça a ideia de que espécies com distintos traços biológicos respondem ao isolamento de forma distinta. Enquanto que a demografia e as características de dispersão moldam a distribuição espacial e a evolução das espécies (Pinheiro et al. 2017; Ochocki et al. 2020; Simon et al. 2021).

O isolamento parece realmente ser uma condição específica de estrutura genética para os peixes marinhos. Este padrão fica patente pois, para além do isolamento promovido pela distância geográfica da costa, espécies de peixes estuarinas, (principalmente os estuarinos residentes, mas os estuarinos dependentes também) apresentam maior estrutura genética de suas populações, enquanto espécies marinhas e recifais não respondem dessa forma. Estuários são ambientes transicionais entre o dulcícola e o marinho, como norma geral apresentam baixo dinamismo e são considerados ambientes berçário para muitas espécies de peixes (Nagelkerken et al., 2002; Whitfield et al., 2017, 2020). Por serem locais mais fechados, com influência marinha variada, as espécies estuarinas estão mais sujeitas a enfrentarem variações



ambientais que atuam selecionando alelos mais aptos às condições locais (De Biasi et al., 2023). Igualmente, espécies que dependem em maior grau do estuário, seja na fase adulta (e.g. *Micropogonias furnieri*, Avigliano, et al., 2021) ou na fase larval e juvenil (e.g. *Lutjanus jocu*, Menezes, et al., 2022, Silva, et al., 2023), possivelmente têm maior probabilidade de restrição de fluxo gênico, ocasionando sua estrutura populacional. O aporte larval diferencial aos distintos sistemas estuarinos, como resultado de eventos reprodutivos internos aos estuários, pode explicar a alta variação genética em espécies estuarino-dependentes (DeBiasi et al., 2023). Somada a limitada conexão entre os sistemas estuarinos devido aos complexos padrões oceanográficos e morfológicos, a possibilidade de que uma espécie responda a stress ambiental, de forma a se separar geneticamente em duas ou mais populações, ou em último caso em espécies distintas, dependerá da força deste stress e do tempo que a espécie estará exposta a ele (Rocha et al., 2002). Portanto, quanto maior o tempo evolutivo de uma espécie, maior a probabilidade de estrutura populacional é dado tempo suficiente, especiação.

## 5. Conclusões

A alta conexão genética identificada para a grande maioria (~70%) das espécies de peixes marinhos abordadas nesta revisão foi favorecida pela produção de ovos pelágicos e hábitos pelágicos na fase adulta que associados com a existência de correntes costeiras homogeneizantes (corrente do Brasil) favoreceram o intenso fluxo gênico. Adicionalmente, espécies errantes e sedentárias são aquelas que tradicionalmente têm maiores tamanhos corpóreos, que junto ao comportamento de rafting, contribuíram secundariamente para a panmixia.

Por outro lado, duas rupturas genéticas foram identificadas no Atlântico Sudoeste: uma entre as províncias do Caribe e Brasil, e outra no paralelo 20° S. Essas rupturas estão associadas a diversos fatores, como a barreira intermitente na foz do rio Amazonas-Orinoco, que limita a dispersão entre o Caribe e a província do Brasil, e fortes gradientes ambientais que marcam a zona de transição onde se situa a cadeia Vitória Trindade. Nela encontramos o limite de distribuição dos habitats recifais biogênicos, mudança na temperatura, e mudanças no curso das correntes costeiras, como a corrente do Brasil. Associadas a essas características oceanográficas, geológicas e históricas, observamos que traços biológicos, como a dependência do habitat estuarino e o maior tempo de especiação, contribuem para esse cenário.

## 6. Referências

Afzali, S.; Bourdages, H., Laporte, M.; Mérot, C., Normandeau, É.; Audet, C.; Bernatchez, L. (2020). Comparing environmental metabarcoding and trawling survey of demersal fish communities in the gulf of st. lawrence, canada. *Environmental Dna*.**2020** 3, 22-42. [doi.org/10.1002/edn3.1111].

Araújo G. S.; Rocha, L. A.; Lastrucci, N. S.; Luiz, O. J.; Didario, F.; Floerter, S. R. The Amazon-Orinoco Barrier as a driver of reef-fish speciation in the Western Atlantic through time. *Journal of Biogeography*. **2022**,*49*,1407–1419. [ 10.1111/jbi.14398].

Araújo G. S.; Vilasboa, A.; Britto, M. R.; Bernardi, G.; von der Heyden, S.; Levy, A.; Floeter, S. R. Phylogeny of the comb-tooth blenny genus *Scartella* (Blenniiformes: Blenniidae) reveals several cryptic lineages and a trans-Atlantic relationship. *Zoological Journal of the Linnean Society*. **2020**,*190*,54–64. [10.1093/zooli nnean/zlz142].

Avise, J.C.; Arnold, J.; Ball, R.M.; Bermingham, E.; Lamb, T.; Neigel, J.E.; Reeb, C.A. Saunders, N.C. (1987) Intraspecific phylogeography – the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*. **1987**,*18*, 489–522.

Avigliano, E.; Alves, N. M.; D’Atri,L.; Méndez,A.; Pisonero,P.; Volpedo,A. V.; Borstelmann,C. Population structure and ontogenetic habitat use of *Micropogonias furnieri* in the Southwestern Atlantic Ocean inferred by otolith chemistry. *Fisheries Research*. **2021**,*240*, 7820-7836. [10.1016/j.fishres.2021.105953].

Baggio R.A; Stoiev, S.B.; Spach, H.L.; Boeger, W.A. Opportunity and taxon pulse: the central influence of coastal geomorphology on genetic diversification and endemism of strict estuarine species. *J Biogeogr*.**2017**,*44*,1626–1639. [10.1111/jbi.12934].

Beheregaray, L.; Sunnucks, P., Briscoe, D. (2002). A rapid fish radiation associated with the last sea-level changes in southern brazil: the silversideodontesthes perugiaecomplex. *Proceedings of the Royal Society B Biological Sciences*. **2002**,*269*,65-73. [10.1098/rspb.2001.1838].

Bellwood, D.R.; Wainwright, P.C. The history and biogeography of fishes on coral reefs. *Coral Reef Fishes: Dynamics and Diversity in a Complex Ecosystem*. **2002**,*5*,32-46.

Bernard,i G.; Alva-Campbell, Y.R.; Gasparini, J.L.; Floeter, S.R. Molecular ecology, speciation, and evolution of the reef fish genus *Anisotremus*. *Mol Phylogenet Evol*. **2008**, *48*,929–935. [10.1016/j.ympev.2008.05.011].

Betancur-R, R.; Hines, A.; Acero, P.A; Ortí, G.; Wilbur, A.E.; Freshwater, D.W. Reconstructing the lionfish invasion: Insights into Greater Caribbean biogeography. *Journal of Biogeography*. **2011**,*38*,1281–1293. [10.1111/j.1365-2699.2011. 02496.x].

Bezerra, I.M.; Hostim-Silva, M.; Teixeira, J.L.S.; Hackradt, C.W.; Félix-Hackradt, F.C.; Schiavetti, A. Spatial and temporal patterns of spawning aggregations of fish from the Epinephelidae and Lutjanidae families: An analysis by the local ecological knowledge of

- fishermen in the Tropical Southwestern Atlantic. *Fish Res.* **2021**,239, 105937.[10.1016/j.fishres.2021.105937].
- Brandl, S. J.; Goatley, C. H.; Bellwood, D. R.; Tornabene, L. The hidden half: Ecology and evolution of cryptobenthic fishes on coral reefs. *Biological Reviews.* **2018**,93, 1846–1873. [10.1111/brv.12423].
- Briggs, J.C.; Bowen, B.W.A realignment of marine biogeographic provinces with particular reference to fish distributions. *J Biogeog.***2012**, 39,12–30. [10.1111/j.1365-2699.2011.02613.x].
- Bryars, S.; Rogers, P.; Huveneers, C.; Payne, N.; Smith, I.; McDonald, B. (2012). Small home range in southern Australia’s largest resident reef fish, the western blue groper (*Achoerodus gouldii*): implications for adequacy of no-take marine protected areas. *Marine and Freshwater Research.* **2012**, 63, 552-563. [10.1071/MF12016].
- Campos, E. D.; Miller, J. L.; Muller T. J.; Peterson R. G.Physical Oceanography of the Southwest Atlantic Ocean. *Oceanography.* **1995**,8,87-91. [10.4236/me.2015.62017].
- Carneiro, P.B.M.; Ximenes Neto, A.R.; Jucá-Queiroz, B. Interconnected marine habitats form a single continental-scale reef system in South America. *Sci Rep.***2022**, 12,1-19 [10.1038/s41598-022-21341-x].
- Carvalho-Filho, A.; Santos, S.; Sampaio, I. *Macrodon atricauda* (Günther, 1880) (Perciformes: Sciaenidae), a valid species from the southwestern Atlantic, with comments on its conservation. *Zootaxa.***2010**, 2519, 48-58. [10.5281/zenodo.196207].
- Carreras, C.; Ordóñez, V.; Zane, L.; Kruschel, C.; Nasto, I.; Macpherson, E.; Pascual, M. Population genomics of an endemic Mediterranean fish: differentiation by fine scale dispersal and adaptation. *Scientific Reports*, **2017**,7, 43417. [ 10.1038/srep43417].
- Claro, R.; Lindeman, K. (2003) Spawning aggregation sites of snapper and grouper species (Lutjanidae and Serranidae) on the Insular Shelf of Cuba. *Gulf Caribb.* **2003**,14,91–106. [10.18785/gcr.1402.07].
- Córdova-Alarcón, V.R.; Araneda, C.; Jilberto, F.; Magnolfi, P.; Toledo, M.I.; Lam, N. Genetic diversity and population structure of *Genypterus chilensis*, a commercial benthic marine species of the South Pacific. *Front Mar Sci.* **2019**, 12,748-759. [10.3389/fmars.2019.00748].
- Cortinhas, M.; Kersanach, R.; Proietti, M.; Dumont, L.; D’Incao, F.; Lacerda, A.; Prata, P.; Matoso, D.; Noleto, R.; Ramsdorf, W.; Boni, T.; Prioli, A.; Cestari, M. (2016). Genetic structuring among silverside fish (*Atherinella brasiliensis*) populations from different Brazilian regions. *Estuarine Coastal and Shelf Science.***2016**,178,148-157. [10.1016/J.ECSS.2016.06.007].
- Cowen, R.K.; Sponaugle, S. Larval dispersal and marine population connectivity, *Ann Rev Mar Sci.***2009**,1.443-456. [10.1146/annurev.marine.010908.163757].
- Cowen, R. K. Connectivity of Marine Populations: Open or Closed? *Science.***2000**, 287, 857–859. [10.1126/science.287.5454.857].

- Cowman P.F; Parravicini, V.; Kulbicki, M.; Floeter, S.R. The biogeography of tropical reef fishes: endemism and provinciality through time. *Biological Reviews*. **2017**, 92,2112-2130. [10.1111/brv.12323].
- Cowman, P.F.; Bellwood, D.R. Vicariance across major marine biogeographic barriers: temporal concordance and the relative intensity of hard versus soft barriers. *Proc R Soc Lond B: Biol Sci*.**2013**, 280,1541. [10.1098/rspb.2013.1541].
- Cunha, I.; Souza, A.; Dias, E.; Amorim, K.; Soares, R.; Costa, G.; García-Machado, E.; Galetti, P.; Molina, W. Genetic Multipartitions Based on D-Loop Sequences and Chromosomal Patterns in Brown Chromis, *Chromis multilineata* (Pomacentridae), in the Western Atlantic. *Bio Med Research International*, **2014**, 14. [10.1155/2014/254698].
- Cunningham, K.M.; Cunningham, C. M. F.; Spies, I.B. Hauser L. Genetic isolation by distance and localized fjord population structure in Pacific cod (*Gadus macrocephalus*): limited effective dispersal in the northeastern Pacific Ocean. *Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. **2009**,66,153-166. [10.1139/F08-199].
- Dawson, M. N. Phylogeography in coastal marine animals: A solution from California? *Journal of Biogeography*. **2001**, 28, 723–736. [10.1046/j.1365-2699.2001.00572.x].
- De Moura, R. L.; De Figueiredo, J. L.; Sazima, I. A new parrotfish (Scaridae) from Brazil, and revalidation of *Sparisoma amplum* (Ranzani, 1842), *Sparisoma frondosum* (Agassiz, 1831), *Sparisoma axillare* (Steindachner, 1878) and *Scarus trispinosus Valenciennes*, 1840. *Bulletin of Marine Science*.**2001**, 68, 505-524. [Bulletin of Marine Science].
- De Biasi, J.B.; Dias, R.M.; Santos, V.C.; Mantellato, A.M.; Farro, A.P.; Hostim-Silva, M.; Hackrad, C.W.; Félix-Hackrad, F.C. (2023) The effect of a mining dam failure on the genetic diversity and population resilience of marine fishes along the eastern Brazilian coast. *Regional Studies in Marine Science*. **2023**,68.[10.1016/j.rsma.2023.103239].
- Díaz-Jaimes P.; Uribe-Alcocer, M.; Rocha-Olivares, A.; García-de-León, F.J.; Nortmoon, P.; Durand, J. D. Global phylogeography of the dolphinfish *Coryphaena hippurus*: The influence of large effective population size and recent dispersal on the divergence of a marine pelagic cosmopolitan species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*.**2010**, 57, 1209–1218. [10.1016/j.ympev.2010.10.005].
- Domingos, F.; Assis, H.; Silva, M.; Damian, R.; Almeida, A.; Cestari, M.; Ribeiro, C. Anthropogenic impact evaluation of two Brazilian estuaries through biomarkers in fish. *Ecotoxicology and Environmental Contamination*. **2009**,4,21-30. [10.5132/jbse.2009.01.004].
- Escobar-Sierra, C.; Velásquez, V.; Menezes, R.; Rosa, R.; Loaiza-Santana, A. An updated reef fish checklist of the southernmost Caribbean reef system, with comments on the lionfish invasion. *Biota Colombiana*, **2021**, 22, 70-87. [10.21068/c2021.v22n02a04].
- Esmaili, Y.; Corte, G.; Checon, H.; Bilatto, C.; Lefcheck, J.; Amaral, A.; Turra, A. Revealing the drivers of taxonomic and functional diversity of nearshore fish assemblages: implications for conservation priorities. *Diversity and Distributions*. **2021**,28, 1597-1609. [10.1111/ddi.13453].

Félix-hackradt, F.C.; Hackradt, C.W.; Treviño-otón, J.; Segovia-viadero, M.; Pérez-ruzafa, A.; García-charton, J.A. Environmental determinants on fish post-larval distribution in coastal areas of south-western Mediterranean Sea. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*. **2013**,*129*, 59-72. [10.1016/j.ecss.2013.05.029].

Ferrera-Rodríguez, M. R.; Malpica-Cruz, L.; Munguía-Veja, A.; Beas-Luna, R.; Flores-Morales, A. L.; Abadía-Cardoso A. Revealing genetic patterns across ecoregions in the northeastern Pacific of California and Baja California. *Journal of Biogeography*.**2024**,*00*,1-14. [10.1111/jbi.14988].

Frisk, M. G.; Jordaan, A.; Miller, T. J. Moving beyond the current paradigm in marine population connectivity: are adults the missing link? *Fish and Fisheries*. **2014**, *15*, 242-254. [ 10.1111/faf.12014]

Fishbase. Search results. FishBase. Disponível em: <https://fishbase.se/search.php>. Acesso em: 09-22 agosto. 2024.

Floeter, S. R.; Halpern B. S.; Ferreira C. E. L. Effects of fishing and protection on Brazilian reef fishes. *Biological Conservation*. **2006**,*128*, 391-402. [10.1016/j.biocon.2005.10.005].

Floeter, S.R.; Guimarães, R.; Rocha, L.; Ferreira, C.; Rangel, C.; Gasparini, J. Geographic variation in reef-fish assemblages along the brazilian coast. *Global Ecology and Biogeography*. **2001**, *10*, 423-431. [10.1046/j.1466-822x.2001.00245.x].

Floeter, S.; Rocha, L.; Robertson, D.; Joyeux, J.; Smith-Vaniz, W.; Wirtz, P.; Bernardi, G. Atlantic reef fish biogeography and evolution. *Journal of Biogeography*. **2007**,*35*, 22-47. [10.1111/j.1365-2699.2007.01790.x].

Florida Museum of Natural History. Florida Museum of Natural History, University of Florida, disponível em: <https://www.floridamuseum.ufl.edu/>. Accessed 9- 22 Agosto. 2024.

Fraser, C. I.; Thiel, M.; Spencer, H. G.; Waters, J. M. Contemporary habitat discontinuity and historic glacial ice drive genetic divergence in chilean kelp. *BMC Evolutionary Biology*. **2010**,*10*, 203-213. [10.1186/1471-2148-10-203].

Francis, R.M. Pophelper: An R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular ecology resources*. **2017**,*17*, 27-32. [10.1111/1755-0998.12509].

Galarza, J.A.; Carreras-Carbonell, J.; Macpherson, E.; Pascual, M.; Severine, R.; Turner, G.F.; Rico, C. The influence of oceanographic fronts and early-life-history traits on connectivity among littoral fish species. *Proc. Natl. Acad. Sci. Unit*. **2009**, *106*, 1473–1478. [10.1073/pnas.0806804106].

Gama-Maia, D. J.; Calado, L. L.; de Araujo, B. J., de Mello, A.; Souza, G.; Torres, R. A.; Jacobina, U. P. Multispecies genetic approach reveals divergent connectivity patterns in marine fish from Western Atlantic. *Marine Biodiversity*. **2024**,*54*.1-10 [ doi.org/10.1007/s12526-023-01399-0]

- Gandra, M.; Assis, J.; Martins, M. R.; Abecasis, D. Reduced global genetic differentiation of exploited marine fish species. *Molecular Biology and Evolution*. **2021**,*38*, 1402–1412. [10.1093/molbev/msaa299].
- García, J.; Pelletier, D.; Carpentier, L.; Roman, W.; Bockel, T. Scale-dependency of the environmental influence on fish  $\beta$ -diversity: implications for ecoregionalization and conservation. *Journal of Biogeography*. **2018**,*45*, 1818-1832. [10.1111/jbi.13381].
- Gomes, V.; Nils, E.; Siegle, E.; Gomes, J.; Silva, A.; Ogston, A.; Nittrouer, C. Suspended-sediment distribution patterns in tide-dominated estuaries on the eastern amazon coast: geomorphic controls of turbidity-maxima formation. *Water*. **2021**,*13*,1-20. [10.3390/w13111568].
- González-Wangüemert, M.; Pérez-Ruzafa, Á.; García-Charton, J. A.; Marcos, C. Genetic differentiation and gene flow of two sparidae subspecies, *Diplodus sargus sargus* and *Diplodus sargus cadenati* in Atlantic and south-west Mediterranean populations. *Biological Journal of the Linnean Society*. **2006**,*89*,203-215. [10.21608/EJABF.2020.70235].
- Gysels, E.S.; Hellemans, B.; Pampoulie, C.; Volckaert, F.A.M. Phylogeography of the common goby, *Pomatoschistus microps*, with particular emphasis on the colonization of the Mediterranean and the North Sea. *Mol Ecol*. **2004**,*13*,403–417. [10.1046/j.1365-294X.2003.02087.x].
- Han, L.; Guo, X.; Gooneratne, R.; Lai, R.; Zeng, C.; Zhan, F.; Wang, W. The gut microbiome and degradation enzyme activity of wild freshwater fishes influenced by their trophic levels. *Scientific Reports*. **2016**, *6*, 1-12. [10.1038/srep24340].
- Harrison, H.B.; Williamson, D.H.; Evans, R.D.; Almany, G.R.; Thorrold, S.R.; Russ, G.R.; Feldheim, K.A.; Herwerden, L.V.; Planes, S.; Srinivasan, M. Larval export from marine reserves and the recruitment benefit for fish and fisheries. *Curr Biol*.**2012**, *22*,1023–1028. [10.1016/j.cub.2012.04.008].
- Hernández-Álvarez, C.; Bayona-Vásquez, N.; Domínguez-Domínguez, O.; Uribe, M. A.; Díaz-Jaimes, P. Phylogeography of the Pacific red snapper (*Lutjanus Peru*) and spotted rose snapper (*Lutjanus guttatus*) in the inshore Tropical Eastern Pacific. *Copeia*. **2020**,*108*,61–71. [10.1643/CG-18-157].
- Hernawan, U. E.; Lavery, P. S.; Kendrick, G. A.; van Dijk, K.; Ulumuddin, Y. I.; Triandiza, T., McMahan, K. M. Predictors of marine genetic structure in the indo-Australian archipelago. *Regional Studies in Marine Science*. **2021**, *47*,1-13 [10.1016/j.rsma.2021.101919].
- Hilario, A.; Metaxas, A.; Gaudron, S.M.; Howell, K.L.; Mercier, A.; Mestre, N.C.; Ross, R.E.; Thurnherr, A.M.; Young, C. Estimating dispersal distance in the deep sea: challenges and applications to marine reserves. *Front Mar Sci*.**2015**, *2*,1–14. [10.3389/fmars.2015.00006].
- Hoegh-Guldberg, B. J.F. The impact of climate change on the world's marine ecosystems. *Science*. **2010**,*32*,1523–1528. [10.1126/science.1189930].

- Iriarte, P. J.; Alonso, M. P.; Sabadin, D. E.; Arauz, P. A.; Iudica, C. M. (2011). Phylogeography of weakfish *Cynoscion guatucupa* (Perciformes: Sciaenidae) from the southwestern Atlantic. *Scientia Marina*. **2011**,**75**, 701-706. [10.3989/scimar.2011.75n4701].
- Jones, G., Srinivasan, M.; Almany, G. Population connectivity and conservation of marine biodiversity. *Oceanography*. **2007**,**20**,100–111. [10.5670/oceanog.2007.33].
- Jorge, P.; Mastrochirico-Filho, V.; Hata, M.; Mendes, N.; Ariede, R., Freitas, M., Hashimoto, D. Genetic characterization of the fish *piaractus brachypomus* by microsatellites derived from transcriptome sequencing. *Frontiers in Genetics*.**2018**,**9**. [10.3389/fgene.2018.00046].
- Joyeux, J.C.; Floeter, S.R.; Ferreira, C.E.L.; Gasparini J.L. Biogeography of tropical reef fishes: the South Atlantic puzzle. *J Biogeog*. **2001**, 28,831–841. [10.1046/j.1365-2699.2001.00602.x]
- Leão, Z. M. A. N. Kikuchi, R.; Ferreira, B.; Neves, E.; Sovierzoski, H.; Oliveira, M.; Maida, M.; Correia, M.; Johnsson, R. Brazilian coral reefs in a period of global change: A synthesis. *Braz. J. Oceanogr*. **2016**, *64*, 97–116, [10.1590/S1679-875920160916064sp2 ].
- Leite, F.; Bottcher, C.; Lewinsohn, I.; Siqueira, S.; Mansur, K.; Longo, P.;Vieira, E. Asymmetric effects of changes in the habitat-forming algae sargassum on different associated mobile faunas along são paulo coast, brazil. *Marine Ecology*. **2021**,**42**. [10.1111/maec.12649].
- Leis, J.M. The pelagic stage of reef fishes: The larval biology of coral reef fishes. The ecology of fishes on coral reefs. San Diego. *Academic Press*. **1991**,**1**, 183–230. [10.1016/B978-0-08-092551-6.50013-1].
- Liedke, A.; Pinheiro, H.; Floeter, S.R.; Bernardi, G. Phylogeography of the banded butterflyfish, *Chaetodon striatus*, indicates high connectivity between biogeographic provinces and ecosystems in the western Atlantic. *Neotrop Ichthyol*.**2020**,**1**-17. [10.1590/1982-0224-2019-0054].
- Lima-filho, P.; Cioffi, M.; Bertollo, L.;Molina, W. Chromosomal and morphological divergences in Atlantic populations of the frillfin goby *Bathygobius soporator* (Gobiidae, Perciformes). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. **2012**, *434*, 63-70. [10.1016/J.JEMBE.2012.08.004].
- Lins-de-Barros, F.M.; Egler, F.; Benchimol,C.; Mattos,M.; Voivodic, M.; Marcelino, R.V. Dinâmica Territorial e Gestão Costeira no Brasil. Conference: ANPEGE.
- Lins-de-Barros, F. M., Milanés, C. Os limites espaciais da zona costeira para fins de gestão a partir de uma perspectiva integrada. *Gestão Ambiental e sustentabilidade em áreas costeiras e marinhas: conceitos e práticas*. 2020,**1**, 22-50.
- Liu, H.; Li, S.; Ugolini, A.; Momtazi, F.; Hou, Z. (2018). Tethyan closure drove tropical marine biodiversity: Vicariant diversification of intertidal crustaceans. *Journal of Biogeography*, **2018**,**45**, 941–951. [10.1111/jbi.13183].

Lucid Central - Larval Fish Identification Key (Atlantic). Disponível em :[https://keys.lucidcentral.org/keys/v4/larval\\_fish\\_id/atlantic.html](https://keys.lucidcentral.org/keys/v4/larval_fish_id/atlantic.html). Acesso: 14- 19 de Junho de 2024.

Ludt, W.B; Rocha, L.A. Shifting seas: The impacts of Pleistocene sea-level fluctuations on the evolution of tropical marine taxa. *J Biogeog.* **2015**, *42*, 25–38.[ 10.1111/jbi.12416].

Martins, N.; Macagnan, L.; Cassano, V.; Gurgel, C. Brazilian Marine Phylogeography: a literature synthesis and analysis of barriers. *Molecular Ecology.* **2022**,*31*, 5423-5439. [10.1111/mec.16684].

Lutz,Í. ; Martins, K.; Cardoso, B.; Miranda, A.; Costa, J. L.; Silva, I.; Evangelista-Gomes, G. Connectivity and high genetic diversity in populations of the dog snapper *Lutjanus jocu* (Lutjanidae: Perciformes) from the South Western Atlantic, recovered with multilocus analysis. *Environmental Biology of Fishes.***2024**,*10*, 1121-1135. [10.1007/s10641-024-01607-1].

Luiz O. J.; Allen, A.P.; Robertson, D.R.; Floeter SR, Kulbicki M, Vigliola L, Becheler, R.; Madin, J.S. Adult and larval traits as determinants of geographic range size among tropical reef fishes. *Proc National Acad Sci.* **2008**,*110*,16498–16502.

Luiz O.J.; Allen, A.P.; Robertson, D.R.; Floeter, S.R.; Madin, J.S. Seafarers or castaways: ecological traits associated with rafting dispersal in tropical reef fishes. *J Biogeogr.* **2015**, *42*, 2323–2333. [10.1111/jbi.12574].

Luiz, O. J.; Madin, J. S.; Robertson, D. R.; Rocha, L. A., Wirtz, P.;Floeter, S. R. Ecological traits influencing range expansion across large oceanic dispersal barriers: Insights from tropical Atlantic reef fishes. *Proceedings of the Royal Society of London B.* **2012**, *279*, 1033–1040. [10.1098/rspb.2011.1525].

Mai, A. C.; Mino, C. I.; Marins, L. F.; Monteiro-Neto, C.; Miranda, L.; Schwingel, P. R.; Vieira, J. P. (2014). Microsatellite variation and genetic structuring in *Mugil liza* (Teleostei: Mugilidae) populations from Argentina and Brazil. *Estuarine, Coastal and Shelf Science.* **2014**,*149*, 80-86. [10.1016/j.ecss.2014.07.013].

Mar-Silva, A. F.; Diaz -Jaimes , P.; Doménguez- Mendonza, C.; Domínguez-Domínguez, O.; Valdiviezo- Riveira, J.; Espinoza -Herrera, E. Genomic assessment reveals signal of adaptive selection in populations of the Spotted rose snapper *Lutjanus guttatus* from the Tropical Eastern Pacific. *PeerJ.* **2023**,*11*,150-162. [10.7717/peerj.15029].

Martins, N. T.; Macagnan, L. B.; Cassano, V.; Gurgel, Cazi, F.; Hou, Z. (2018). Tethyan closure drove tropical marine biodiversity: Vicariant diversification of intertidal crustaceans. *Journal of Biogeography.* **2018**, *45*, 941–951. [10.1111/jbi.13183].

Medeiros, P. R. Distribuição e uso de habitat por peixes recifais e sua relação com a complexidade ambiental no arquipélago Fernando de Noronha, Nordeste do Brasil. Tese (Doutorado em Zoologia) - Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa.2011.

Matano, R. P.; Palma, E. D.; Piola, A. R. The influence of the Brazil and Malvinas Currents on the Southwestern Atlantic Shelf circulation, *Ocean Sci.*2010,*6*, 983–995, [10.5194/os-6-983-2010, 2010].



- Mendonça, F.; Oliveira, C.; Gadig, O.; Foresti, F. Diversity and genetic population structure of the Brazilian sharpnose shark *Rhizoprionodon lalandii*. *Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosystems*. **2013**, *23*, 850-857. [10.1002/aqc.2342].
- Mendonça-Neto, J.P.; Monteiro -Neto C.; Moraes, L. E. Reef fish community structure on three islands of Itaipu, Southeast Brazil. *Neotropical Ichthyology*. **2008**, *6*, 267-274. [10.1590/S1679-62252008000200015].
- Menezes, R.; Giglio, V.J.; Albuquerque, C.Q.; Rosa R.S. A review of the dog snapper (*Lutjanus jocu*) along the Brazilian province: distributional records, ecology, fisheries and conservation. *Ocean Coast Managem.* **2022**, *125*, 1-11. [10.1016/j.ocecoaman.2022.106094].
- Meyer, A. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Mochachka, P.W. and Mommsen, T.P. Eds., *Biochemistry and molecular biology of fishes. Elsevier Press Amsterdam*. **1993**, 1-38.
- Miller, R.L.; Del Castillo, C.E.; McKee, B.A. Remote sensing of coastal aquatic environments. *Springer*. **2005**, 259-276. [10.1007/1-4020-3100-9\_11].
- Miloslavich, P.; Díaz, J.; Salas, E.; Barrientos, J.; Díaz, C.; Gobin, J.; Ortiz, M. Marine biodiversity in the Caribbean: regional estimates and distribution patterns. *Plos One*. **2010**, *5*, 1-25. [10.1371/journal.pone.0011916].
- Miloslavich, P.; Salas, E.; Díaz, J.; Hernández, C.; Bigatti, G.; Campos, L.; Martín, A. (2011). Marine biodiversity in the Atlantic and Pacific coasts of South America: knowledge and gaps. *Plos One*. **2011**, *6*, 1-43. [10.1371/journal.pone.0014631]
- Mora, C.; Sale, P. F. Are populations of coral reef fish open or closed? *Ecology & Evolution*. **2002**, *17*, 422-428. [10.1016/S0169-5347(02)02584-3]
- Mora, C.; Treml, E.A.; Roberts, J.; Crosby, K.; Roy, D.; Tittensor, D.P. High connectivity among habitats precludes the relationship between dispersal and range size in tropical reef fishes. *Ecogr.* **2012**, *35*, 89-96. [10.1111/j.1600-0587.2011.06874.x]
- Moura, R.L.; Amado-Filho, G.M.; Moraes, F.C.; Brasileiro, P.S.; Salomon, P.S.; Mahiques, M.M.; Bastos, A.C.; Almeida, M.G.; Silva, J.M.; Jr, Araujo B.F. An extensive reef system at the Amazon River mouth. *SciAdv.* 2016, *2*, 1-11. [10.1126/sciadv.1501252].
- Nanninga, G.B.; Manica, A. Larval swimming capacities affect genetic differentiation and range size in demersal marine fishes. *Mar Ecol Prog Ser.* **2018**, *589*, 1-12. [10.3354/meps12515].
- Nagelkerken, I.; Roberts, C. V.; Van Der Velde, G.; Dorenbosch, M.; Van Riel, M.C.; De La Morinerie, E. C.; Nienhuis, P. H. How important are mangroves and seagrass beds for coral-reef fish? The nursery hypothesis tested on an island scale. *Marine ecology progress series*. **2002**, *244*, 299-305. [10.3354/meps244299].
- Nash, K. L.; Welsh, J. Q.; Graham, N. A.; Bellwood, D. R. Home-range allometry in coral reef fishes: comparison to other vertebrates, methodological issues and management implications. *Oecologia*. **2015**, *177*, 73-83. [10.1007/s00442-014-3152-y].

- Ochocki, B.M.; Saltz, J.B.; Miller, T.E.X. Demography-dispersal trait correlations modify the eco-evolutionary dynamics of range expansion. *Am Nat.* **2020**,*195*,231–246. [10.1086/706904].
- Page, M.J.; McKenzie, J.E.; Bossuyt, P.M.; Boutron, I.; Hoffmann, T.C.; Mulrow, C.D. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ.* **2020**, *71*, 372-380. [ 10.1136/bmj].
- Palumbi S.R. Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Annu Rev Ecol Evol Syst.* **1994**, *25*,547–572. [10.1146/annurev.es.25.110194.002555].
- Petrolo, E.; Boomer, J.; O’Hare, J.; Bilgmann, K.; Stow A. Stock structure and effective population size of the commercially exploited gummy shark *Mustelus antarcticus*. *Mar Ecol Prog Ser.* **2021**, *678*,109–124. [10.3354/meps13859].
- Pineda, J.; Hare, J.; Sponaugle, S. Larval transport and dispersal in the coastal ocean and consequences for population connectivity. *Oceanography.* **2007**, *20*, 22–39. [10.5670/oceanog.2007.27].
- Pinheiro, H.T.; Bernardi, G.; Simon, T.; Joyeux, J.C.; Macieira, R.M.; Gasparini, J.L.; Rocha, C.; Rocha, L.A. Island biogeography of marine organisms. *Nature.* **2017**,*549*, 82–85. [10.1038/nature23680].
- Pinheiro, H.T.; Rocha L.A.; Macieira, R.M.; Carvalho-Filho, A.; Bender M.G.; Di Dario F.; Ferreira, C.E.L.; Figueiredo-Filho, J.; Francini-Filho, R. South-western Atlantic reef fishes: zoogeographical patterns and ecological drivers reveal a secondary biodiversity centre in the Atlantic Ocean. *Divers Distrib.* **2018**, *24*,951–969. [10.1111/ddi.12729].
- Pinheiro, H.; Bender, M.; Longo, G.; Maxwell, M.; Rocha, L.; Floeter, S. R. Origins, Biogeography and Macroecology of the Southwestern Atlantic Reef Biodiversity. *Brazilian Coral Reefs.* **2024**, 59-80. [10.1007/978-3-031-59152-53].
- Pinsky, M.L.; Palumbi, S.R. Meta-analysis reveals lower genetic diversity in overfished populations. *Mol Ecol.* **2014**,*23*,29–39. [10.1111/mec.12509].
- R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. 2020. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.2020. acesso em junho de 2023.
- Riginos, C.; Douglas, K.E.; Jin, Y.K.; Shanahan, D.F.; Tremblay, E.A. Effects of population subdivision in marine environments: the contributions of biogeography, geographical distance and discontinuous habitat to genetic differentiation in a blennioid fish, *Axoclinus nigricaudus* of geography and life history traits on genetic differentiation in benthic marine fishes. *Ecography.* **2011**, *34*, 566-575. [10.1046/j.1365-294x.2001.01294.x].
- Robertson, D. R.; Karg, F.; Moura, R. L.; Victor, B. C.; Bernardi, G. Mechanisms of speciation and faunal enrichment in Atlantic parrotfishes. *Molecular Phylogenetics and Evolution.* **2006**,*40*, 795–807. [10.1016/j.ympev.2006.04.011]

Robinson, C.; Yakimishyn, J.; Dearden, P. (2011). Habitat heterogeneity in eelgrass fish assemblage diversity and turnover. *Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosystems*. **2011**, *21*, 625-635. [10.1002/aqc.1227].

Rocha, L. Patterns of distribution and processes of speciation in Brazilian reef fishes. *Journal of Biogeography*. **2003**, *30*, 1161-1171. [10.1046/j.1365-2699.2003.00900.x].

Rocha-Olivares, A.; Sandoval-Castillo, J.R. Diversidad mitocondrial y estructura genética en poblaciones alopátricas del huachinango del Pacífico *Lutjanus peru*. *Ciencias Marinas*. **2003**, *29*, 197-209.

Rocha, L. A.; Robertson, D. R.; Roman, J.; Bowen, B. W. Ecological speciation in tropical reef fishes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. **2005**, *272*, 573-579. [10.1098/rspb.2004.3005].

Rocha, L.; Bowen, B.W. Speciation in coral-reef fishes. *J Fish Biol*. **2008**, *72*, 1101-1121. [10.1111/j.1095-8649.2007.01770.x].

Rocha, L. A.; Rocha, C. R.; Robertson, D. R.; Bowen, B. W. Comparative phylogeography of Atlantic reef fishes indicates both origin and accumulation of diversity in the Caribbean. *BMC Evolutionary Biology*. **2008**, *8*, 1-16. [10.1186/1471-2148-8-157]

Santos, S.; Hrbek, T.; Farias, I.; Schneider, H.; Sampaio, I. (2006). Population genetic structuring of the king weakfish, *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae), in Atlantic coastal waters of South America: deep genetic divergence without morphological change. *Molecular Ecology*. **2006**, *15*, 4361-73. [10.1111/j.1365-294X.2006.03108.x].

Selkoe, K. A.; Toonen, R. J. Marine connectivity: a new look at pelagic larval duration and genetic metrics of dispersal. *Marine Ecology Progress Series*. **2011**, *436*, 291-305. [10.3354/meps09238].

Selkoe, K. A.; D'Aloia, C. C.; Crandall, E.; Iacchei, M.; Liggins, L.; Puritz, J.; Von Der Heyden, S.; Toonen, R. J. A decade of seascape genetics: Contributions to basic and applied marine connectivity. *Marine Ecology Progress Series*. **2016**, *554*, 1-19. [10.3354/meps11792].

Silva, W.; Marceniuk, A.; Sales, J.; Araripe, J. Early Pleistocene lineages of *Bagre bagre* (Linnaeus, 1766) (Siluriformes: Ariidae), from the Atlantic coast of South America, with insights into the demography and biogeography of the species. *Neotropical Ichthyology*. **2016**, *14*. [10.1590/1982-0224-20150184].

Silveira, I. C. A. D.; Schmidt, A. C. K.; Campos, E. J. D.; Godoi, S. S. D.; Ikeda, Y. A corrente do Brasil ao largo da costa leste brasileira. *Revista Brasileira de Oceanografia*. **2000**, *48*, 171-183.

Silva, R.; Veneza, I.; Sampaio, I.; Araripe, J.; Schneider, H.; Gomes, G. High Levels of Genetic Connectivity among Populations of Yellowtail Snapper, *Ocyurus chrysurus* (Lutjanidae – Perciformes), in the Western South Atlantic Revealed through Multilocus Analysis. *PLOS ONE*. **2015**, 1-19. [10.1371/journal.pone.0122173] 10, e0122173.

Simon, T.; Pinheiro H. T; Santos S, Macieira, R.M.; Ferreira Y.S.S.; Bernardi, G.; Rocha L.A.; Floeter S.R.; Ferreira, C.E.L. Joyeux, J. Comparative phylogeography of reef fishes indicates seamounts as stepping stones for dispersal and diversification. *Coral Reefs*. **2021**. [10.1007/s00338-021-02178-8].

Siqueira, A. C.; Bellwood, D. R.; Cowman, P. F. Historical biogeography of herbivorous coral reef fishes: The formation of an Atlantic fauna. *Journal of Biogeography*. **2019**, *46*, 1611–1624. [10.1111/jbi.1363].

Schunter, C.; Carreras-Carbonell, J.; Macpherson, E.; Tintoré, J. Vidal-Vijande, E., Pascual, A.; Pascual, M. Matching genetics with oceanography: directional gene flow in a Mediterranean fish species. *Molecular ecology*. **2011**, *20*, 5167-518. [10.1111/j.1365-294X.2011.05355.x].

Slatkin, M. Gene flow in natural populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*. **1958**, *16*, 393-430. [10.1146/annurev.es.16.110185.002141].

Taylor, M.S.; Hellberg, M.E. Comparative phylogeography in a genus of coral reef fishes: biogeographic and genetic concordance in the Caribbean. *Mol Ecol*. **2006**, *15*, 695–70. [10.1111/j.1365-294X.2006.02820.x].

The Fish tree of life. Disponível: <https://fishtreeoflife.org/>. Acesso: 24 julho. 2024.

Theise, T.C.; Bowen, B.W.; Lanier, W.; Baldin, J.D. High connectivity on a global scale in the pelagic wahoo, *Acanthocybium solandri* (tuna family Scombridae). *Molecular Ecology*. **2008**, *17*, 4233-4247. [10.1111/j.1365-294X.2008.03913.x].

Tosetto, E.; Bertrand, A.; Neumann-Leitão, S.; Júnior, M. The amazon river plume, a barrier to animal dispersal in the western tropical atlantic. *Scientific Reports*. **2022**, *12*, 1-12. [10.1038/s41598-021-04165-z].

Vasconcelos, R.; Henriques, S.; França, S.; Pasquaud, S.; Cardoso, I.; Laborde, M.; Cabral, H. Global patterns and predictors of fish species richness in estuaries. *Journal of Animal Ecology*. **2015**, *84*, 1331-1341. [10.1111/1365-2656.12372].

Veneza, I.; Silva, R.; Ferreira, C.; Mendonça, P.; Sampaio, I.; Evangelista-Gomes, G. Genetic connectivity and population expansion inferred from multilocus analysis in *Lutjanus alexandrei* (Lutjanidae–Perciformes), an endemic snapper from Northeastern Brazilian coast. *PeerJ*. **2023**, *11*, 1-20. [10.7717/peerj.15973].

Verba, J. T.; Stow, A.; Bein, B.; Pennino, M. G.; Lopes, P. F. M.; Ferreira, B. P.; Mortier, M.; Lima, Q. M. S.; Pereira, R. J. Low population genetic structure is consistent with high habitat connectivity in a commercially important fish species (*Lutjanus jocu*). *Marine Biology*. **2023a**, *170*, 1-15. [10.1007/s00227-022-04149-1].

Verba, T. J.; Ferreira, C. E.; Pennino, M. G.; Hagberg, L.; Lopes, P. F.; Padovani, F. B.; Stow, A. Genetic structure of the threatened Gray Parrotfish (*Sparisoma axillare*) in the Southwestern Atlantic. *Coral Reefs*. **2023b**, *42*, 105-117. [10.1007/s00338-022-02324-w].

Weersing K.; Toonen, R.J. Population genetics, larval dispersal, and connectivity in marine systems. *Mar Ecol Prog Ser*.**2009**, *393*,1–12. [10.3354/meps08287].

Williams, B.; Watson, J.; Beyer, H.; Klein, C.; Montgomery, J.; Runting, R.; Wenger, A. Global rarity of intact coastal regions. *Conservation Biology*.2022, *36*. [10.1111/cobi.13874].

Whitfield, A. K. The role of seagrass meadows, mangrove forests, salt marshes and reed beds as nursery areas and food sources for fishes in estuaries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*.**2017**, *27*, 75-110. [ 10.1007/s11160-016-9454-x]

Whitfield, A. K. Littoral **habitats as major nursery** areas for fish species in estuaries: a reinforcement of the reduced predation paradigm. *Marine Ecology Progress Series*. **2020**, *649*, 219-234. [10.3354/meps13459].

## Apêndices

**Tabela Suplementar -SM1-** Tabela com os dados de estrutura genéticas de 84 espécies levantadas nesta revisão sistemáticas onde nomes das espécies estão em código três primeiras letras do epíteto mais três primeiras letras do gênero e o local onde ocorreu o estudo genético , onde colocamos 0 para o local que não obtivemos dados empíricos para espécies , 1 para onde obtivemos dados porém sem apontar rupturas , 2 para o local onde foi encontrada uma ruptura genética e assim consecutivamente. Na tabela abaixo também os países estão em siglas sendo: EUA= Estados unidos das Américas, CAR= Caribe, VEM= Venezuela, AM= Amazonas, PA= Pará, MA= Maranhão, PI=Piauí, CE= Ceará, RGN= Rio Grande do Norte, ROCA= Atol das Rocas, SPSP= Arquipélago de São Pedro e São Paulo, PB= Paraíba, PE=Pernambuco, AFN= Arquipélago de Fernando de Noronha, AL= Alagoas, SE= Sergipe, BA=Bahia, ABR= Arquipélago de Abrolhos, ES= Espírito Santo, TRIN= Vitória de Trindade, RJ=Rio de Janeiro, SP= São Paulo, PR= Paraná, SC= Santa Catarina, RGS= Rio Grande do Sul, ARG= Argentina, URU= Uruguai.

ID	EUA	CAR	VEM	AM	PA	MA	PI	CE	RGN	ROCA	SPSP	PB	PE	AFN	AL	SE	BA	ABR	ES	TRIN	RJ	SP	PR	SC	RGS	ARG	URU
ABUSAX	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACAIAN	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACARUG	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACALEU	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ACHINE	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ANINIC	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ATHILI	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	2	2	3	3	3	0	0
BREAU	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
CARHIP	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CARLAT	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CENUND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
CEPLVA	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
CHAFAB	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
CHAATI	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ID	EUA	CAR	VEM	AM	PA	MA	PI	CE	RGN	ROCA	SPSP	PB	PE	AFN	AL	SE	BA	ABR	ES	TRIN	RJ	SP	PR	SC	RGS	ARG	URU	
CHLRYS	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
CHRULT	0	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
CITPIL	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
CONNOB	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
CORGRA	0	3	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	2	0	2	2	2	2	2	2	0	0
CORVEN	0	3	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	2	0	2	2	2	2	2	2	0	0
CYNGUA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	
DACVOL	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	0	0	0	0	0	
DIAAUT	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
DIARHO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
DORMEG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
ELOSAU	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ENTVOM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EPIASC	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EPIITA	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
EPIMAR	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	2	2	3	0	0	0
GNAMON	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HAEFLA	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HAEPAR	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HAEPLU	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HALBIT	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HALRAD	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HARCLU	3	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
HARHUM	3	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
HARJAG	3	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
HOLCIL	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HOLASC	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LABNUC	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LEPFLA	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

ID	EUA	CAR	VEM	AM	PA	MA	PI	CE	RGN	ROCA	SPSP	PB	PE	AFN	AL	SE	BA	ABR	ES	TRIN	RJ	SP	PR	SC	RGS	ARG	URU	
LUTLEX	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
LUTANN	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LUTCAM	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
LUTJOC	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LUTPUR	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
LUTSYN	0	2	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
MACANC	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0
MACATR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	2	0
MENAME	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	2	0	2	2	0	2	2	2	2	2
MICURN	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	3	0	0
MYRJAC	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
OCYCHR	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0
OPHATL	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
OPHSTE	0	2	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
OPSOGL	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
PELHAR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
POGCOU	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
POLVIR	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
POMPAR	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PSUMAC	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
PTEVOL	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
RHOAUR	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
RYPSP	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCATRI	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCOBRA	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
SCOCAV	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SCOPLU	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
SELVOM	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SPAAXI	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0



ID	EUA	CAR	VEM	AM	PA	MA	PI	CE	RGN	ROCA	SPSP	PB	PE	AFN	AL	SE	BA	ABR	ES	TRIN	RJ	SP	PR	SC	RGS	ARG	URU
SPARAD	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
STEFUS	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
STELEU	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
STESAN	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
STEVAR	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
THABIF	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
THUATL	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRACAR	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRAFAL	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TRIPAU	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
XYRNOV	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

**Tabela Suplementar -SM2**– Ecological and biological data of the species analyzed in the systematic review. dados de estrutura genéticas de 84 espécies levantadas nesta revisão sistemáticas onde nomes das espécies estão em código( ID) três primeiras letras do epíteto mais três primeiras letras do gênero e o local onde ocorreu o estudo genético, com dados de gênero, família, ordem, autor e ano de descrição da espécie além de dados como especiação (Milhares de anos), tipos de ovos = DEM= Demersal, PEL= Pélagico, Rafting= No e Yes, Habitat REEASS= Reef Associated, REEATT= Reef Attached, ESASS= Estuary Associated, ESTRES= Estuary Resident, MARINE= Marine, Spatial category= BENT= Benthic, BPEL= Benthicpelagic, DEM= Demersal, PEL= Pelagic, Mobility = HMO= Altamente movél, ROV= Errante, SED= Sedentário. IUCN= LC - Least Concern, EN - Endangered, EX - Extinct, CR - Critically Endangered, VU - Vulnerable, DD - Data Deficient, NE - Not Evaluated.

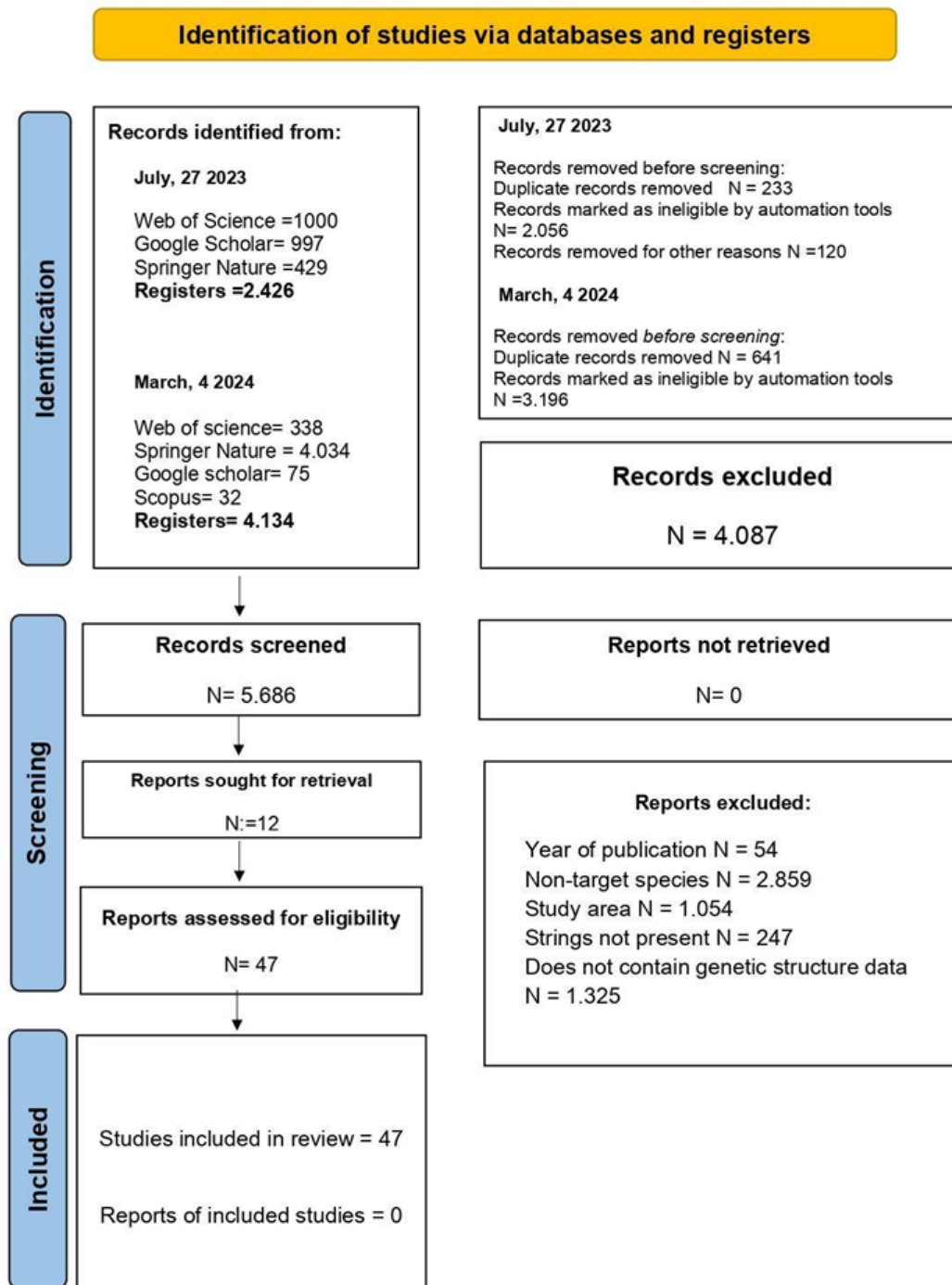
Species	ID	Genus	Family	Order	Author (year)	Speciation	Egg types	Rafting	Habitat	Spatial category	Mobility	iucn
<i>Abudefduf saxatilis</i>	ABUSAX	Abudefduf	Pomacentridae	Perciformes	Linnaeus.1758	2.599	DEM	YES	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Acanthurus bahianus</i>	ACABAH	Acanthurus	Acanthuridae	Perciformes	Castelnau. 1855	4.848	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Acanthurus chirurgus</i>	ACARUG	Acanthurus	Acanthuridae	Acanthuriformes	Bloch.1787	4.848	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Acanthurus coeruleus</i>	ACALEU	Acanthurus	Acanthuridae	Pleuronectiformes	Bloch & Schneider. 1801	10.426	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC

Species	ID	Genus	Family	Order	Author (year)	Speciation	Egg types	Rafting	Habitat	Spatial category	Mobility	iucn
<i>Achirus lineatus</i>	ACHINE	Achirus	Achiridae	Perciformes	Linnaeus. 1758	23.205	PEL	NO	ESTASS	DEM	SED	LC
<i>Anisotremus virginicus</i>	ANINIC	Anisotremus	Haemulidae	Dactylopteriformes	Linnaeus. 1758	2.187	PEL	NO	REEATT	BENT	ROV	LC
<i>Atherinella brasiliensis</i>	ATHBRA	Atherinella	Atherinopsidae	Perciformes	Quoy & Gaimard. 1825	56.071	PEL	NO	ESTASS	BENT	ROV	LC
<i>Brevoortia aurea</i>	BREAU	Brevoortia	Alosidae	Acanthuriformes	Spix & Agassiz. 1829	3.581	PEL	NO	ESTASS	PEL	HMO	LC
<i>Caranx hippos</i>	CARHIP	Caranx	Carangidae	Perciformes	Linnaeus.1766	0.927	PEL	YES	REEASS	PEL	HMO	LC
<i>Caranx latus</i>	CARLAT	Caranx	Carangidae	Carangiformes	Agassiz.1831	5.733	PEL	YES	REEASS	PEL	HMO	LC
<i>Centropomus undecimalis</i>	CENUND	Centropomus	Centropomidae	Perciformes	Bloch.1792	14.624	PEL	NO	ESTASS	DEM	HMO	LC
<i>Cephalopholis fulva</i>	CEPLVA	Cephalopholis	Epinephelidae	Gobiiformes	Linnaeus. 1758	26.596	PEL	NO	REEATT	BENT	ROV	LC
<i>Chaetodipterus faber</i>	CHAFAB	Chaetodipterus	Ephippidae	Gobiiformes	Broussonet.1782	69.201	PEL	NO	REEASS	PEL	HMO	LC
<i>Chaetodon striatus</i>	CHAATI	Chaetodon	Chaetodontidae	Gerreiformes	Linnaeus.1758	8.072	PEL	NO	REEATT	BENT	ROV	LC
<i>Chloroscombrus chrysurus</i>	CHLRYS	Chloroscombrus	Carangidae	Gerreiformes	Linnaeus. 1766	7.916	PEL	YES	ESTASS	BENT	HMO	LC
<i>Chromis multilineata</i>	CHRULT	Chromis	Pomacentridae	Blenniiformes	Guichenot.1853	15.608	DEM	YES	REEASS	PEL	ROV	LC
<i>Citharichthys spilopterus</i>	CITPIL	Citharichthys	Cyclosettidae	Labriformes	Günther. 1862	7.556	PEL	NO	ESTASS	DEM	ROV	LC
<i>Conodon nobilis</i>	CONNOB	Conodon	Haemulidae	Elopiformes	Linnaeus. 1758	21.608	PEL	NO	ESTASS	DEM	ROV	LC
<i>Coryphopterus glaucofraenum</i>	CORGRA	Coryphopterus	Gobiidae	Perciformes	Gill.1863	11.378	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Coryphopterus venezuelae</i>	CORVEN	Coryphopterus	Gobiidae	Perciformes	Cervigón.1966	11.378	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	VU
<i>Cynoscion guatucupa</i>	CYNGUA	Cynoscion	Sciaenidae	Perciformes	Cuvier.1830	3.448	PEL	NO	ESTRES	DEM	ROV	LC
<i>Dactylopterus volitans</i>	DACVOL	Dactylopterus	Dactylopteridae	Perciformes	Linnaeus.1758	40.178	PEL	NO	REEASS	DEM	ROV	LC
<i>Diapterus auratus</i>	DIAAUT	Diapterus	Gerreidae	Perciformes	Ranzani. 1842	19.256	PEL	NO	ESTASS	DEM	ROV	LC
<i>Diapterus rhombeus</i>	DIARHO	Diapterus	Gerreidae	Perciformes	Cuvier.1829	26.384	PEL	NO	ESTASS	DEM	ROV	LC
<i>Doratonotus megalepis</i>	DORMEG	Doratonotus	Labridae	Blenniiformes	Günther.1862		PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Elops saurus</i>	ELOSAU	Elops	Elopidae	Clupeiformes	McBride. Rocha. Ruiz - Carus & Bowen. 2010	5.042	PEL	NO	REEASS	BENT	HMO	DD

Species	ID	Genus	Family	Order	Author (year)	Speciation	Egg types	Rafting	Habitat	Spatial category	Mobility	iucn
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	ENTVOM	Entomacrodus	Blenniidae	Perciformes	Valenciennes.1836		PEL	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Epinephelus adscensionis</i>	EPIASC	Epinephelus	Epinephelidae	Perciformes	Osbeck. 1765	4.073	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Epinephelus itajara</i>	EPIITA	Epinephelus	Epinephelidae	Perciformes	Lichtenstein.1822	4.320	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	VU
<i>Epinephelus marginatus</i>	EPIMAR	Epinephelus	Epinephelidae	Labriformes	Lowe. 1834	9.940	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	VU
<i>Gnatholepis thompsoni</i>	GNAMON	Gnatholepis	Gobiidae	Clupeiformes	Jordan.1904	4.450	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Haemulon flavolineatum</i>	HAEFLA	Haemulon	Haemulidae	Acanthuriformes	Desmarest.1823	9.334	PEL	NO	REEASS	BENT	HMO	LC
<i>Haemulon parra</i>	HAEPAR	Haemulon	Haemulidae	Acanthuriformes	Desmarest.1823	0.484	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Haemulon plumieri</i>	HAEPLU	Haemulon	Haemulidae	Perciformes	Lacepède. 1801	15.356	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Halichoeres bivittatus</i>	HALBIT	Halichoeres	Labridae	Carangiformes	Bloch. 1791	12.016	PEL	NO	REEATT	BENT	ROV	LC
<i>Halichoeres radiatus</i>	HALRAD	Halichoeres	Labridae	Acanthuriformes	Linnaeus. 1758	3.394	PEL	NO	REEATT	BENT	HMO	LC
<i>Harengula clupeola</i>	HARCLU	Harengula	Dorosomatidae	Clupeiformes	Cuvier.1829	2.637	PEL	NO	ESTASS	BENT	HMO	LC
<i>Harengula humeralis</i>	HARHUM	Harengula	Dorosomatidae	Clupeiformes	Cuvier.1829	28.143	PEL	NO	ESTASS	BENT	HMO	LC
<i>Harengula jaguana</i>	HARJAG	Harengula	Dorosomatidae	Perciformes	Poey.1865	2.637	PEL	NO	ESTASS	BENT	HMO	LC
<i>Holacanthus ciliaris</i>	HOLCIL	Holacanthus	Pomacanthidae	Carangiformes	Lineu.1758	6.497	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Holocentrus ascensionis</i>	HOLASC	Holocentrus	Holocentridae	Holocentriformes	Osbeck.1765	1.192	PEL	NO	REEASS	BENT	SED	LC
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	LABNUC	Labrisomus	Labrisomidae	Scombriformes	Quoy&Gaimard.1824	12.462	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Lepidocybium flavobrunneum</i>	LEPFLA	Lepidocybium	Gempylidae	Carangiformes	Smith. 1843	49.883	PEL	NO	MARINE	BENTPEL	HMO	LC
<i>Lutjanus alexandrei</i>	LUTALE	Lutjanus	lutjanideae	perciformes	Moura & Lindeman. 2007		PEL	NO	REEASS	PEL	ROV	
<i>Lutjanus annalis</i>	LUTANN	Lutjanus	Lutjanidae	Perciformes	Cuvier. 1828	8.533	PEL	NO	REEASS	PEL	ROV	NT
<i>Lutjanus campechanus</i>	LUTCAM	Lutjanus	Lutjanidae	Perciformes	Poey.1860	0.487	PEL	NO	REEASS	PEL	ROV	VU
<i>Lutjanus Jocu</i>	LUTJOC	Lutjanus	Lutjanideae	Perciformes	Bloch & Schneider. 1801	2.968	PEL	NO	REEASS	PEL	ROV	DD
<i>Lutjanus purpureus</i>	LUTPUR	Lutjanus	Lutjanidae	Perciformes	Poey.1876	0.487	PEL	NO	REEASS	PEL	ROV	
<i>Lutjanus synagris</i>	LUTSYN	Lutjanus	Lutjanideae	Perciformes	Linnaeus. 1758	7.230	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	NT
<i>Macrodon ancylodon</i>	MACANC	Macrodon	Sciaenidae	Perciformes	Bloch & Schneider. 1801	0.200	PEL	NO	ESTASS	DEM	HMO	LC
<i>Macrodon atricauda</i>	MACATR	Macrodon	Sciaenidae	Perciformes	Günther. 1880	0.392	PEL	NO	ESTASS	DEM	HMO	LC
<i>Menticirrhus americanus</i>	MENAME	Menticirrhus	Sciaenidae	perciformes	Linnaeus.1758	11.956	PEL	NO	ESTASS	BENT	ROV	LC
<i>Micropogonias furnieri</i>	MICURN	Micropogonias	Sciaenidae	Perciformes	Desmarest.1823	25.886	PEL	NO	ESTRES	DEM	ROV	LC
<i>Myripristis jacobus</i>	MYRJAC	Myripristis	Holocentridae	Holocentriformes	Cuvier. 1829	2.893	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Ocyurus chrysurus</i>	OCYCHR	Ocyurus	Lutjanideae	Perciformes	Bloch. 1791	8.792	PEL	YES	REEASS	PEL	ROV	DD
<i>Ophioblennius atlanticus</i>	OPHATL	Ophioblennius	Blenniidae	Blenniiformes	Valenciennes.1836	0.252	PEL	NO	REEATT	DEM	SED	LC

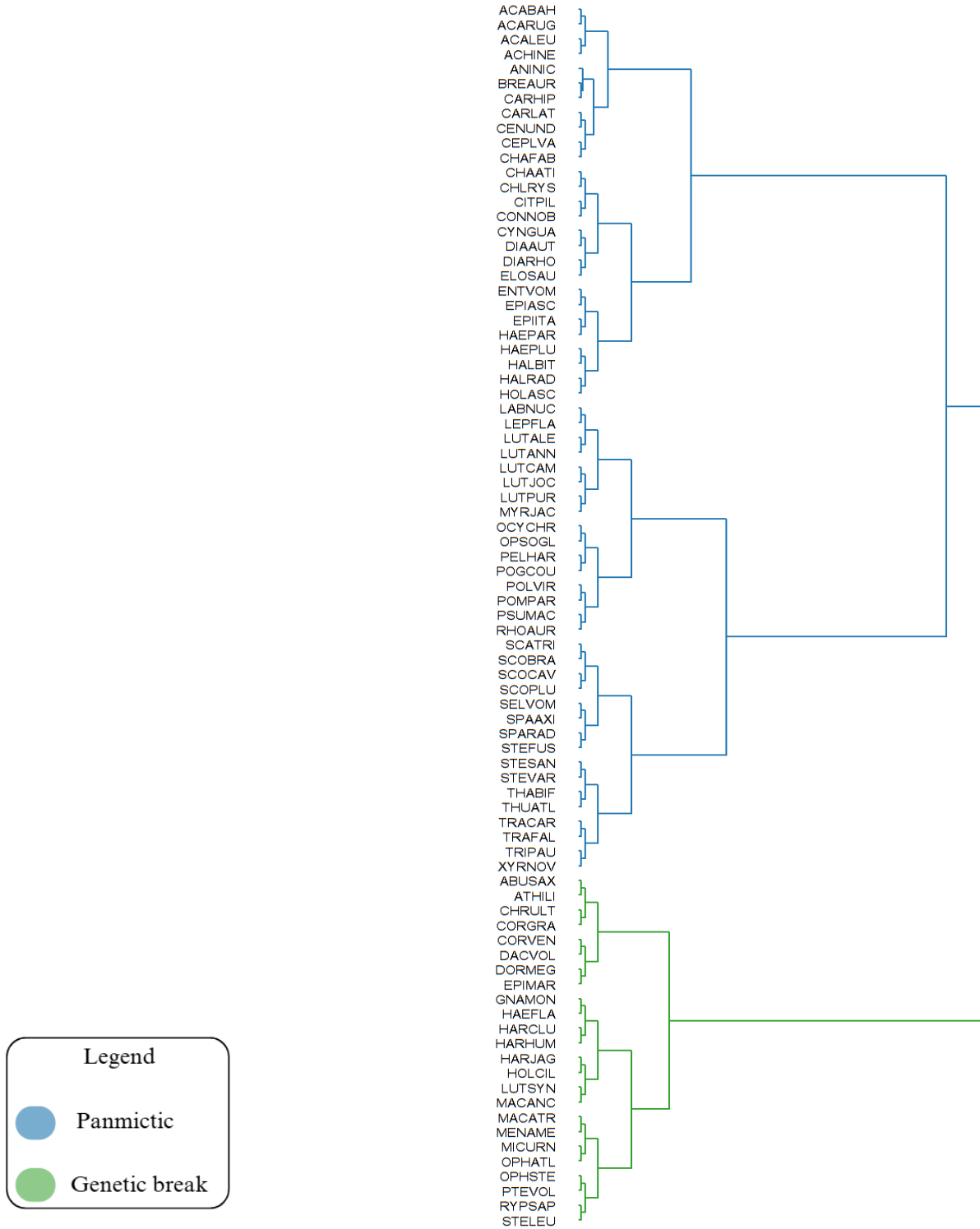
Species	ID	Genus	Family	Order	Author (year)	Speciation	Egg types	Rafting	Habitat	Spatial category	Mobility	iucn
<i>Ophioblennius steindachneri</i>	OPHSTE	Ophioblennius	Blenniidae	Blenniiformes	Jordan & Evermann. 1898	17.241	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Opisthonema oglinum</i>	OPSOGL	Opisthonema	Dorosomatidae	Clupeiformes	Lesueur. 1818	13.873	PEL	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Pellona harroweri</i>	PELHAR	Pellona	Pristigasteridae	Labriformes	Fowler. 1917)	40.304	PEL	NO	ESTASS	BENT	HMO	LC
<i>Pogonias courbina</i>	POGCOU	Pogonias	Sciaenidae	perciformes	Lacepede.1803		PEL	NO	ESTASS	DEM	HMO	LC
<i>Polydactylus virginicus</i>	POLVIR	Polydactylus	Polynemidae	Perciformes	Linnaeus. 1758	1.200	PEL	NO	ESTASS	DEM	SED	LC
<i>Pomacanthus paru</i>	POMPAR	Pomacanthus	Pomacanthidae	Acanthuriformes	Bloch. 1787	1.838	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Pseudupeneus maculatus</i>	PSUMAC	Pseudupeneus	Mullidae	Mulliformes	Bloch.1793	18.943	PEL	YES	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Pterois volitans</i>	PTEVOL	Pterois	Scorpaenidae	Perciformes	Linnaeus. 1758	0.856	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Rhomboplites aurorubens</i>	RHOAUR	Rhomboplites	Lutjanidae	Perciformes	Cuvier. 1829	8.364	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	VU
<i>Rypticus saponaceus</i>	RYPASP	Rypticus	Grammistidae	Perciformes	BlocheSchneider(1801)	3.563	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Scarus trispinosus</i>	SCATRI	Scarus	Scaridae	Perciformes	Valenciennes.1840	0.247	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	EM
<i>Scomberomorus brasiliensis</i>	SCOBRA	Scomberomorus	Scombridae	Perciformes	Collette.Russo&Zaval a-Camin.1978	3.141	PEL	NO	REEASS	PEL	HMO	LC
<i>Scomberomorus cavalla</i>	SCOCAV	Scomberomorus	Scombridae	perciformes	Cuvier.1829	20.771	PEL	NO	MARINE	PEL	HMO	LC
<i>Scorpaena plumieri</i>	SCOPLU	Scorpaena	Scorpaenidae	Scorpaeniformes	Bloch. 1789	15.350	PEL	NO	REEASS	DEM	SED	LC
<i>Selene vomer</i>	SELVOM	Selene	Carangidae	Perciformes	Linnaeus.1758	5.548	PEL	NO	ESTASS	DEM	HMO	LC
<i>Sparisoma axillare</i>	SPAAXI	Sparisoma	Scaridae	Atheriniformes	Steindachner.1878	4.4256	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	DD
<i>Sparisoma radians</i>	SPARAD	Sparisoma	Scaridae	Perciformes	Valenciennes.1840	19.638	PEL	NO	REEASS	BENT	ROV	LC
<i>Stegastes fuscus</i>	STEFUS	Stegastes	Pomacentridae	Perciformes	Cuvier.1830	1.234	PEL	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Stegastes leucostictus</i>	STELEU	Stegastes	Pomacentridae	Perciformes	Müller & Troschel. 1848	6.021	DEM	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Stegastes sanctipauli</i>	STESAN	Stegastes	Pomacentridae	Perciformes	Edwards.1987		PEL	NO	REEATT	DEM	SED	
<i>Stegastes variabilis</i>	STEVAR	Stegastes	Pomacentridae	Perciformes	Castelnau. 1855	6.021	PEL	NO	REEATT	DEM	SED	LC
<i>Thalassoma bifasciatum</i>	THABIF	Thalassoma	Labridae	Perciformes	Bloch.1791	7.644	PEL	NO	REEATT	BENT	ROV	LC
<i>Thunnus atlanticus</i>	THUATL	Thunnus	Scombridae	Pleuronectiformes	Lesson.1830	5.763	PEL	YES	MARINE	PEL	HMO	LC
<i>Trachinotus carolinus</i>	TRACAR	Trachinotus	Carangidae	perciformes	Linnaeus.1766	9.124	PEL	NO	ESTASS	BENTPEL	HMO	LC
<i>Trachinotus falcatus</i>	TRAFAL	Trachinotus	Carangidae	Clupeiformes	Linnaeus. 1758	16.627	PEL	NO	REEASS	PEL	HMO	LC
<i>Trinectes paulistanus</i>	TRIPAU	Trinectes	Achiridae	Carangiformes	MirandaRibeiro. 1915	16.992	PEL	NO	ESTASS	DEM	SED	LC
<i>Xyrichtys novacula</i>	XYRNOV	Xyrichtys	Labridae	Pleuronectiformes	Linnaeus. 1758	15.634	PEL	NO	REEASS	BENT	SED	LC

**Figura-S1.** The flowchart of the Prisma protocol showing the pre-selected articles and the steps for selecting eligible articles for the systematic review.

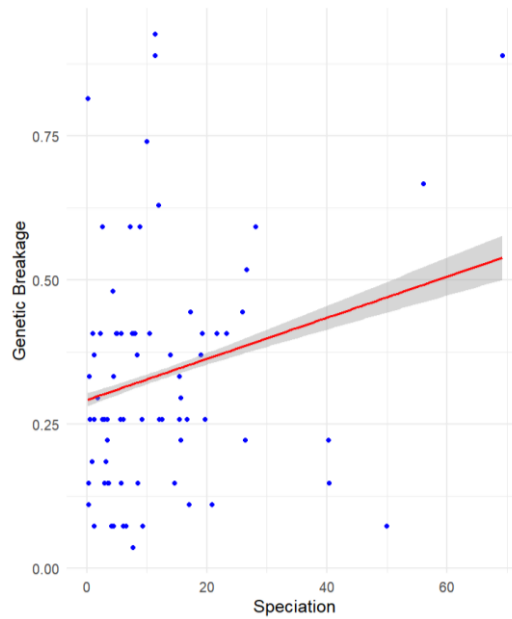


From: Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, Hoffmann TC, Mulrow CD, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ* 2021;372:n71. doi: 10.1136/bmj.n71

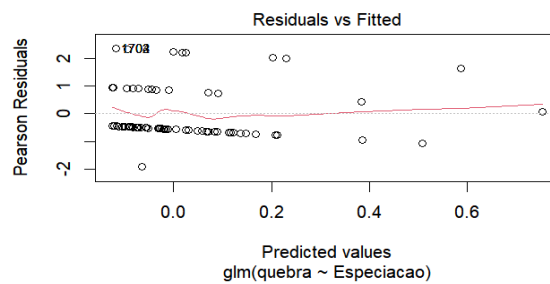
**Figura - S2.** A dendrogram was created for the grouping of species without genetic structure, presented in the larger branch on the right side (60 species), and the smaller branch on the left side represents the grouping of species that showed genetic divergence (24 species) along the South Atlantic Ocean.



**Figura- S3.** Análise de regressão linear entre especiação e quebra genética para todas as espécies estudadas.



	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )		
<b>Intercept</b> ***	0.2922	0.0057	50.50	<2e-16		
<b>Speciation</b> ***	0.0035	0.0003	10.66	<2e-16		
<b>Signif :</b>	<b>0</b> ‘***’	<b>0.001</b> ‘**’	<b>0.01</b> ‘*’	<b>0.05</b> ‘.’	<b>0.1</b> ‘ ’	<b>1</b>
<b>AIC: -842.02</b>	<b>R<sup>2</sup>: 0.0265</b>					

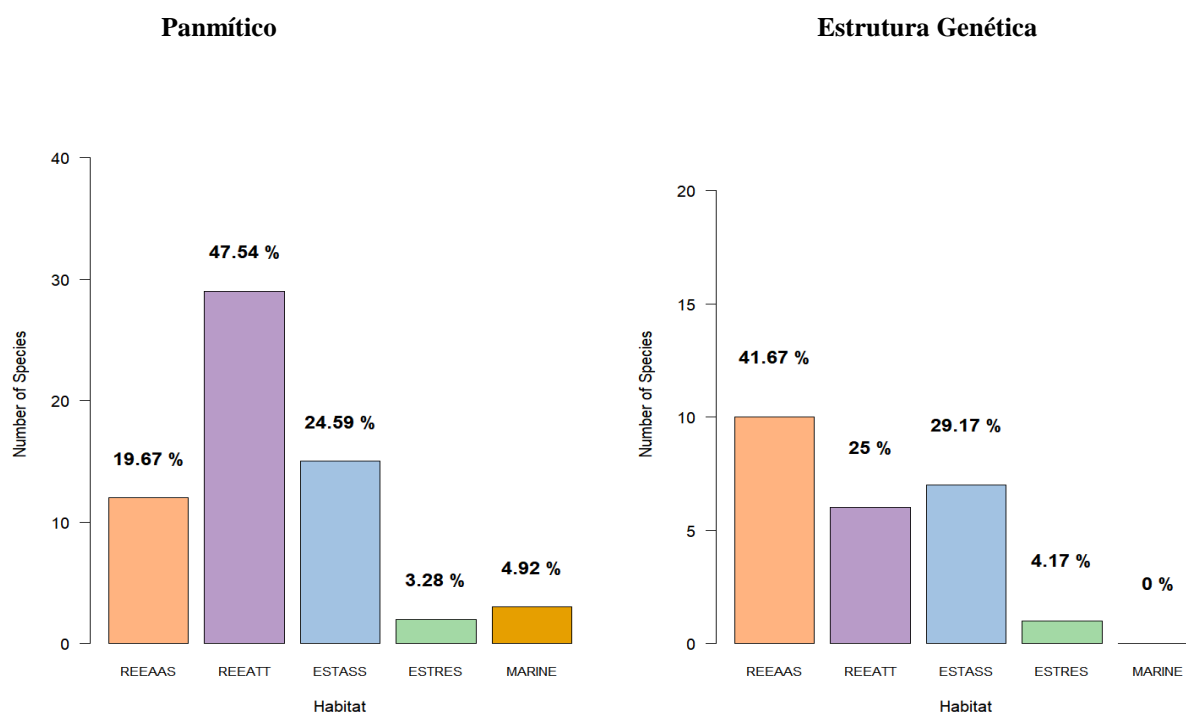


**Tabela Suplementar – SM3.** Resultado imputado da análise de Regressão aditiva (GAM), Correlacionando a frequência das quebras genéticas em relação aos locais estudados que abrangem o Oceano Atlântico Sul. Onde os dados de frequência de quebras foram normalizados. Os valores significativos estão com o \*, realizado no software R.

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
<b>Intercept</b>	0.051514	0.003232	15.94	<2e-16 ***
<b>Signif:</b>	0 '***'	0.001 '**'	0.01 '*'	0.05 '.' 0.1 ' ' 1
	edf	Ref.	df	F p-value
<b>Latitude</b>	7.354	8.311	20.95	<2e-16 ***
<b>Signif:</b>	0 '***'	0.001 '**'	0.01 '*'	0.05 '.' 0.1 ' ' 1

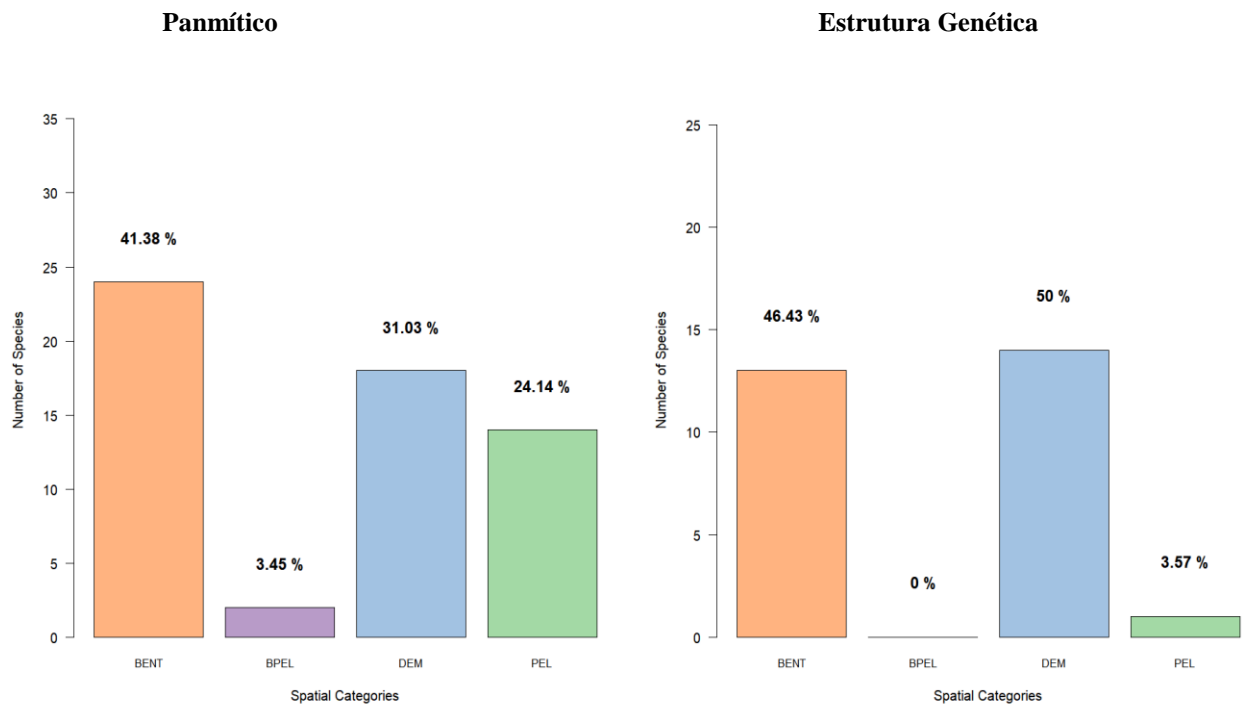
**R-sq = 0.66**

**Figura- S4.** Gráfico das espécies de peixe marinho em relação as variáveis ecológicas.

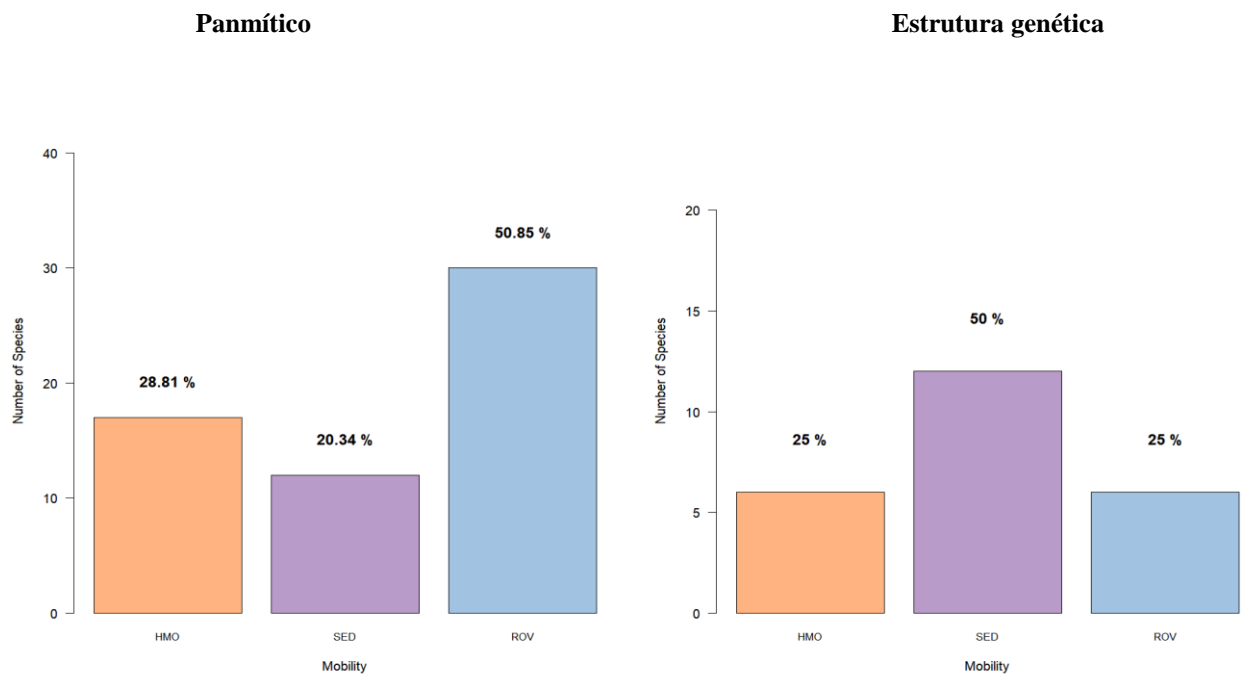


**Fig.S4.1.** Gráfico com a quantidade de espécies analisada nesta revisão sistemática no Atlântico Sul em relação ao habitat, onde: REEFASS= Recifal Associado, REEFATT= Recifal Residente, ESTUASS= Estuarino Associado, ESTUATT= Estuarino Residente, MARINE=- Marinho.

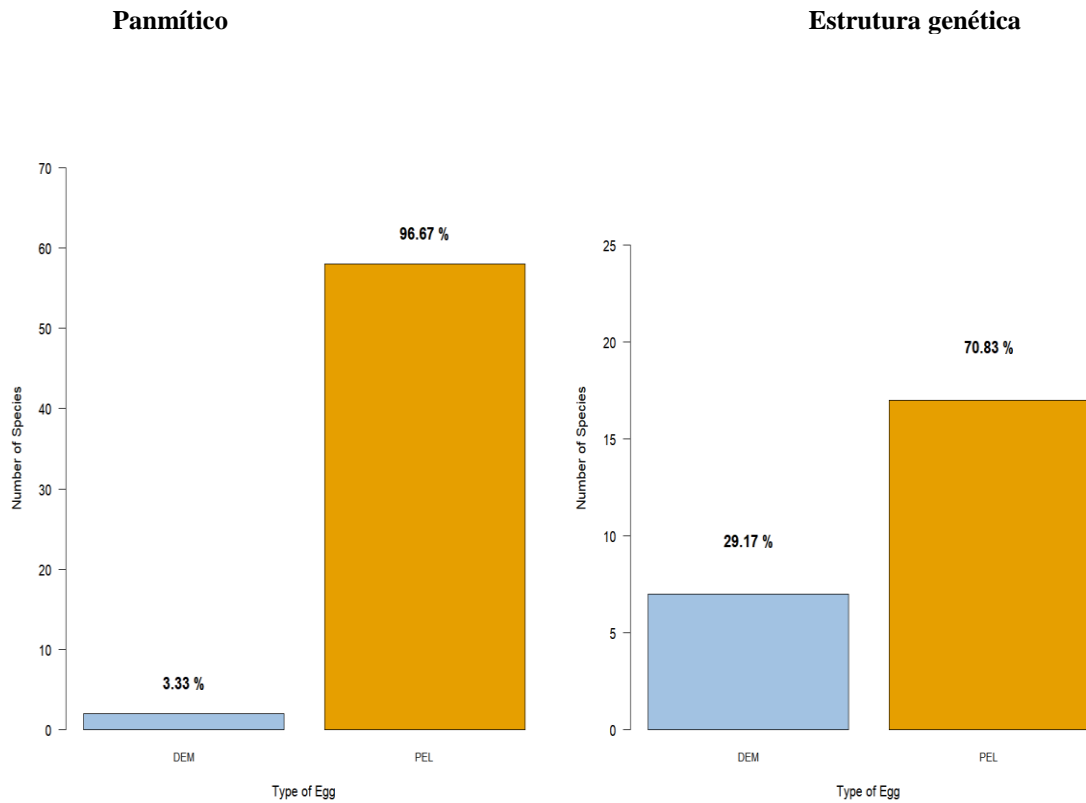




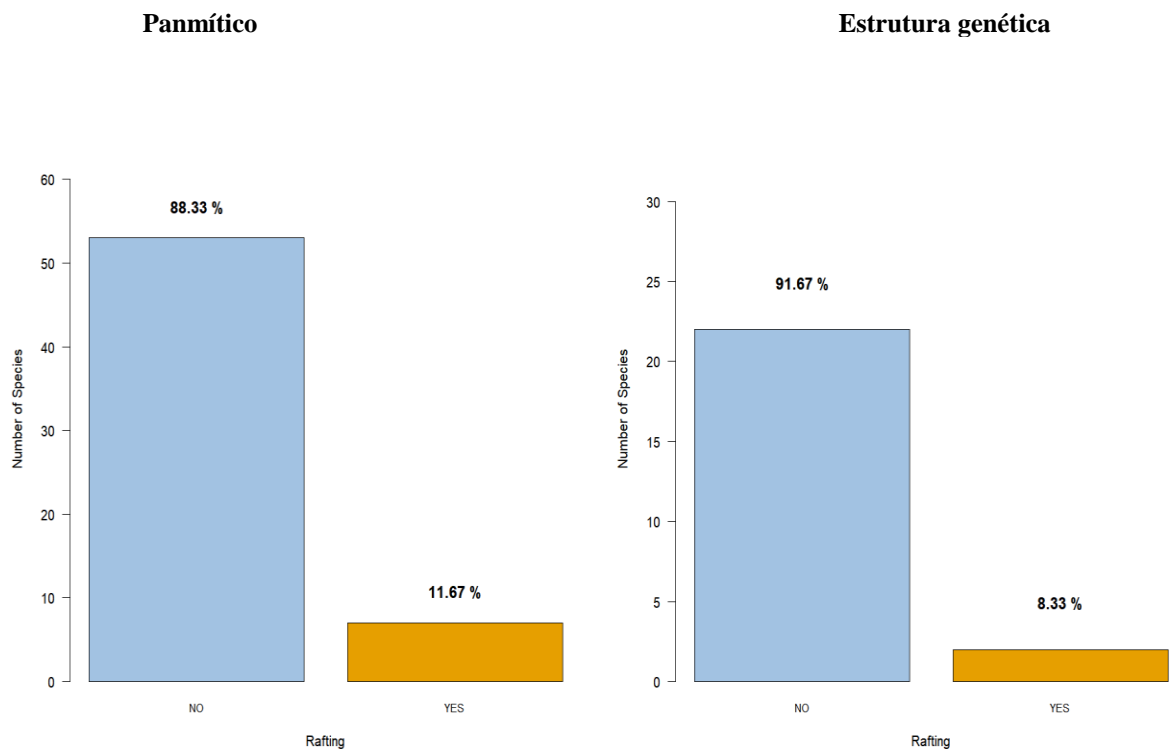
**Fig. S4.2.** Gráfico com a quantidade de espécies analisada nesta revisão sistemática no Atlântico Sul em relação a o Categoria espacial onde: BENT= Bentico, BENTEPEL= Bentopélagicos, DEM= Demersal, PEL= Pelágico



**Fig.S4.3.** Gráfico com a quantidade de espécies analisada nesta revisão sistemática no Atlântico Sul, em relação a mobilidade onde: HMO= Altamente migratório, ROV= Errante ou pouco migratório, SED= Sedentário.



**Fig.S4.4.** Gráfico com a quantidade de espécies analisada nesta revisão sistemática no Atlântico Sul, em relação ao tipo de ovos onde: DEM= Demersal, PEL= pelágico.



**Fig.S4.5.** Gráfico com a quantidade de espécies analisada nesta revisão sistemática no Atlântico Sul, em relação a realização de Rafting onde: Não e Sim.

# CAPÍTULO II

## **Explorando a Diversidade Genética e a Conectividade Populacional de *Lutjanus jocu* (Bloch & Schneider, 1801) nos Estados da Bahia e Espírito Santo, Brasil: Uma Chave para Conservação**

Marques, G. C.<sup>a,b</sup>, De Biasi, J.B.<sup>b</sup>, Hackradt, C.W.<sup>b</sup>, Félix- Hackradt, F.C.<sup>b</sup>

<sup>a</sup> Programa de Pós-Graduação em Sistemas Aquáticos Tropicais, Universidade Estadual de Santa Cruz, - Rod. Jorge Amado, km 16 - Salobrinho, Ilhéus, BA. CEP: 45662- 900, Brazil

<sup>b</sup> Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha, LECOMAR /Campus Sosígenes Costa/ Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, BR 367 km 10, CEP: 45810-000, Porto Seguro, Bahia.

Autora correspondente: gal.marques@hotmail.com

### **Resumo**

O ambiente marinho, caracterizado pela vastidão dos oceanos e mares, é um ecossistema complexo no qual a conectividade populacional e a diversidade genética desempenham papéis fundamentais na adaptação das espécies. Este estudo foi conduzido com *Lutjanus jocu* (Dentão), um predador de topo amplamente distribuído nas águas tropicais e subtropicais do Oceano Atlântico Ocidental, com o objetivo de analisar a diversidade genética e a estrutura populacional desta espécie nos estados da Bahia e Espírito Santo. Os resultados indicaram alta variabilidade genética nas populações estudadas, com a presença de um estoque populacional distinto no norte da Bahia. A população de *L. jocu* apresentou um excesso de heterozigosidade, baixa riqueza alélica e valores de *M-ratio* próximos aos níveis críticos, indicando um recente declínio populacional. Além disso, os baixos índices de endogamia e os altos valores de diversidade genética sugerem uma conectividade significativa e tamanhos efetivos populacionais consideráveis. Embora essas características possam refletir estabilidade populacional, fatores antropogênicos como perda de habitat, fragmentação e sobrepesca podem representar ameaças à sustentabilidade da espécie, especialmente ao longo da costa nordeste do Brasil.

**Palavras-chaves:** Peixes Recifais; Marcadores microsatélites; Genética da Conservação.

## **Abstract**

The marine environment, characterized by the vastness of oceans and seas, is a complex ecosystem in which population connectivity and genetic diversity play fundamental roles in species adaptation. This study was conducted with *Lutjanus jocu* (dog snapper), a top predator widely distributed in the tropical and subtropical waters of the Western Atlantic Ocean, with the aim of analyzing the genetic diversity and population structure of this species in the states of Bahia and Espírito Santo. The results indicated high genetic variability in the studied populations, with the presence of a distinct population stock in northern Bahia. The *L. jocu* population exhibited an excess of heterozygosity, low allelic richness, and *M-ratio* values close to critical levels, indicating a recent population decline. Additionally, the low inbreeding indices and high genetic diversity values suggest significant connectivity and considerable effective population sizes. Although these characteristics may reflect population stability, anthropogenic factors such as habitat loss, fragmentation, and overfishing may pose threats to the sustainability of the species, particularly along the northeastern coast of Brazil.

**Keywords:** Reef Fish; Microsatellite Markers; Conservation Genetics.

## 1. Introdução

Os ambientes marinhos representam uma das maiores fontes de biodiversidade do planeta, englobando ecossistemas diversos, como mares, estuários e recifes de corais (Irfan et al., 2019). Por muito tempo, a ausência de barreiras físicas foi usada como argumento para sugerir que as populações marinhas eram geneticamente homogêneas e panmíticas (Mar-Silva et al., 2023). No entanto, evidências mais recentes demonstram que, mesmo em ecossistemas livres de barreiras físicas, fatores ambientais, biológicos e históricos influenciam significativamente a conectividade genética entre populações de peixes marinhos.

Embora o fluxo gênico entre populações marinhas seja intenso devido à dispersão larval durante a fase planctônica, variáveis como o tamanho efetivo da população, o tempo de duração da fase larval pelágica e fatores ambientais funcionam como filtros, restringindo esse fluxo e gerando padrões de divergência genética (Torrado et al., 2020; Gama-Maia et al., 2023). Esses fatores, combinados com descontinuidades de habitats, profundidade e processos históricos de dispersão, têm papel fundamental na geração de estruturas genéticas entre populações (Cruz et al., 2021; Verba et al., 2023a). Além disso, ações humanas, como fragmentação de habitats, poluição, exploração pesqueira excessiva e introdução de espécies exóticas, podem acentuar as diferenças populacionais e contribuem para perda da diversidade genética e o aumento da vulnerabilidade das populações marinhas (Pinsky e Palumbi, 2014; Gandra et al., 2020).

Nesse cenário, *Lutjanus jocu*, pertencente à família Lutjanidae (Perciformes), destaca-se como uma espécie-chave para estudos genéticos e ecológicos. Os lutjanídeos incluem cerca de 113 espécies descritas e têm grande relevância pesqueira mundial, com capturas que podem alcançar até 125.000 toneladas anuais (Froese e Pauly, 2020; Pauly et al., 2020). No Brasil, aproximadamente 40% dos recursos pesqueiros são oriundos de espécies dessa família (Souza et al., 2019; Verba et al., 2023a). *Lutjanus jocu* apresenta ampla distribuição no Oceano Atlântico Sudoeste, estendendo-se desde Massachusetts até o Sudeste brasileiro, com maior densidade no Nordeste (Aschenbrenner et al., 2016; Menezes et al., 2022). É considerado um mesopredador importante para a dinâmica dos ecossistemas recifais e apresenta comportamento de agregação reprodutiva, o que o torna especialmente vulnerável à pesca (Monteiro et al., 2011; Bezerra et al., 2021).

Dados recentes mostram que *Lutjanus jocu* apresenta níveis elevados de diversidade genética e alta conectividade populacional ao longo da costa brasileira. Isso sugere que a espécie possui uma única unidade genética, impulsionada pela dispersão eficiente de suas larvas, especialmente devido às correntes equatoriais (Lutz et al., 2024; Verba et al., 2023a). Análises históricas sugerem ainda que mudanças ambientais e climáticas, como barreiras ecológicas durante o Pleistoceno, influenciaram a dinâmica populacional da espécie, levando a eventos de expansão e mudanças demográficas importantes (Verba, et al., 2023a).

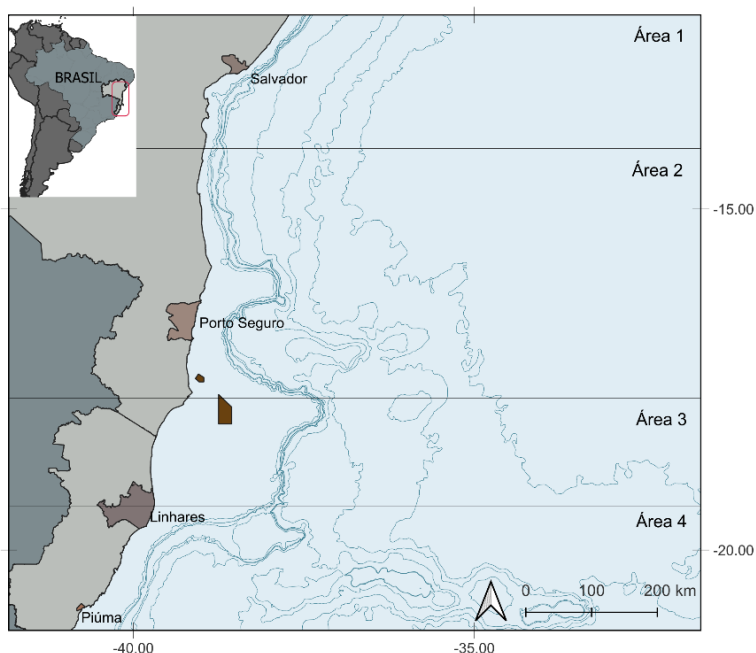
Apesar desses avanços, as informações sobre a estrutura genética atual de *L. jocu*, bem como sobre os fatores ecológicos e impactos antrópicos que afetam suas populações, ainda são limitadas, assim como o uso de diferentes marcadores moleculares na investigação desses fatores. Assim, investigar esses elementos é essencial para embasar estratégias de conservação e gestão sustentável. Neste contexto, transferimos marcadores moleculares microssatélites disponíveis na literatura para entender o padrão de conectividade e diversidade genética de *Lutjanus jocu*. Nosso objetivo foi responder às seguintes questões: i) São as populações de *Lutjanus jocu* homogêneas? ii) Qual o nível de variabilidade genética ao longo de 1200km de costa? iii) Os marcadores microssatélites são eficientes para estudos de genética da conservação? Este estudo contribui com dados complementares que podem auxiliar no manejo eficaz e na conservação de *L. jocu* na costa brasileira.

## **2. Material e Métodos**

### **2.1 Amostragem**

Amostras de *L. jocu* foram obtidas ao longo de 1200 km de costa, entre o litoral da Bahia e do Espírito Santo, são eles: Salvador (SSA), Porto Seguro (PS), Abrolhos (ABR) e Espírito Santo (ES), que representam áreas de pesca que se estendem desde Porto da Barra a Morro de São Paulo (SSA), entre o Royal Charlotte e a região norte de Abrolhos (PS), entre o sul do banco de Abrolhos até Linhares (ABR) e entre Linhares e Piúma, incluindo a cadeia Vitória-Trindade (ES) (Figura 1). Todas as amostras foram obtidas em desembarques pesqueiros ou diretamente com pescadores em cada uma das localidades. Para cada indivíduo, foi retirado um fragmento de nadadeira de 5x5 cm, acondicionado em frascos etiquetados e armazenados em álcool 70% durante o transporte até o laboratório de Ecologia e Conservação Marinha (LECOMAR) da UFSB. No

laboratório, todas as amostras foram armazenadas em freezer a  $-80^{\circ}\text{C}$  até a realização da extração do DNA, garantindo assim sua preservação integral.



**Figura 1.** Área de coleta dos exemplares do *Lutjanus jocu*: Área 1: Salvador (n=32), Área 2: Porto Seguro (n=37), Área 3: Abrolhos (n= 41), Área 4 Espírito Santo (n= 15).

## 2.2. Análises genéticas

### 2.2.1. Extração de DNA, Amplificação e Sequenciamento

A extração de DNA foi realizada a partir de kits de extração (PureLink™ *Genomic DNA Kit* - Invitrogen, ThermoFisher Scientific™) utilizando o protocolo fornecido pelo fabricante. Após a extração, a concentração de DNA foi quantificada no equipamento Qubit Fluorometric Quantitation (ThermoFisher Scientific™). A Amplificação foi realizada por transferência de primers entre as espécies *Lutjanus analis*, *L. synagrus* e *L. chrysurus*, utilizando 10 marcadores descritos por Shulzitski et al. (2009) e Renshaw et al. (2007) (Tabela suplementar S1). As reações foram realizadas utilizando o Type-it Microsatellite PCR Kit™ com ajustes no protocolo do fabricante, contendo 1,5  $\mu\text{l}$  de DNA, 3,25  $\mu\text{l}$  de Type-it, 0,75  $\mu\text{l}$  de primer Mix e 2  $\mu\text{l}$  de água ultrapura. Realizamos as amplificações seguindo o protocolo touchdown : Com o primeiro ciclo de  $95^{\circ}\text{C}$  por 5 min, 35 ciclos a  $95^{\circ}\text{C}$  por 1 min,  $53^{\circ}\text{C}$  a  $58^{\circ}\text{C}$  por 1 min,  $72^{\circ}\text{C}$  por 1 min e extensão final a  $72^{\circ}\text{C}$  por 10 min. Para a genotipagem, diluímos 1,5  $\mu\text{l}$  do produto da PCR em 0,2  $\mu\text{l}$  de



LIZ 600 + 8,3 µl de formamida. A genotipagem foi realizada no sequenciador automático SeqStudio (Thermo Fisher Scientific), utilizando o com GeneScan 600 LIZ Size Standard (Thermo Fisher Scientific), como padrão de tamanho.

### 2.3. Análises de dados

A identificação dos alelos foi realizada através do software Geneious 7.1.9.9 (Kearse et al., 2012). *Locus* e indivíduos com mais de 20% de dados ausentes foram excluídos da análise e o índice de polimorfismo foi avaliado pelo conteúdo informativo polimórfico (PIC), calculado através do “poppr”, no R. A diversidade genética foi determinada a partir de vários índices: número de alelos ( $A$ ), alelos privados ( $A_p$ ), riqueza alélica média ( $A_r$ ), heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_E$ ), e o equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) foi testado para cada *locus* através de 2.000 permutações de Monte Carlo. Os níveis de significância foram ajustados com a correção sequencial de Bonferroni (Rice, 1989). O desequilíbrio de ligação entre os *loci* foi investigado pelo teste geral de ligação e a significância foi testada baseada em 999 permutações. Todos os cálculos foram conduzidos utilizando os pacotes “diveRsity” (Keenan et al., 2013) e “poppr” (Kamvar et al., 2014) no software R.

Para avaliar a existência de estrutura genética total e por *locus*, foi calculado o índice  $D$  ( $D_{est}$ ) de Jost e a significância foi determinada por meio de 10.000 repetições de bootstrap usando o pacote “hierfstat” no R. Adicionalmente, o coeficiente de endogamia ( $F_{IS}$ ) e o índice de fixação ( $F_{ST}$ ) foi calculado para cada *locus* (Weir e Cockerham, 1984) através do pacote “hierfstat” e “adegenet” no R (Jombart T e Ahmed I.2011, Goudet, et al., 2022). Uma análise de agrupamento baseada em modelo Bayesiano foi executada no software STRUCTURE v2.3.4 (Prichard et al., 2000), com dez repetições para cada população inferida, cada uma com 1.000.000 passos MCMC e 100.000 iterações. O número de clusters populacionais ( $K$ ) ótimo foi baseado na taxa de mudança de segunda ordem  $LnP(D)$  e o índice AIC (Evanno et al., 2005) através do aplicativo web pophelper v2.3.1 (Francis, 2017). Complementarmente, usamos a análise discriminante dos componentes principais (DAPC) e o índice BIC para selecionar o número de componentes principais que explicam a variação dos dados genéticos através dos pacotes “adegenet”(Jombart, 2008, Jombart et al., 2010, Jombart e Ahmed, 2011), “factoextra” e “ade4” (Chessel et al., 2004). Finalmente, uma análise hierárquica de variância molecular (AMOVA) foi executada para testar a significância dos clusters

formados a partir do STRUCTURE e DAPC, utilizando 999 permutações no pacote “poppr” Kamvar et al., 2014).

Para testar a hipótese de Isolamento-por-Distância (IBD) utilizamos o teste de Mantel e 9999 permutações através do pacote "ade4" (Chessel et al., 2004). A extensão e direção do fluxo gênico foram estimadas usando os cálculos da taxa e direção relativa de migração, assumindo que os fluxos gênicos são bidirecionais e assimétricos, com base no  $G_{ST}$  de Nei e 1000 repetições bootstrap usando o pacote “DEMEtics” (Pritchard et al., 2000).

### 3. Resultados

#### 3.1. Variabilidade Genética

Doze *loci* foram analisados, dos quais dez se mostraram altamente polimórficos, sendo cruciais para a avaliação da variabilidade genética. A alta transferibilidade dos dez *loci* microssatélites utilizados neste estudo foi essencial para a análise da diversidade genética entre as populações de *Lutjanus jocu*. Esses *loci*, inicialmente desenvolvidos para espécies do mesmo gênero: *Lutjanus annalis* (Shuzitski et al., 2009), *Lutjanus Ocyurus* (Renshaw et al., 2007) e *Lutjanus synagris* (Renshaw et al., 2007), demonstraram eficácia na amplificação da região do DNA microssatélites desta espécie. Todos os *loci* foram incluídos nas análises com base nos valores de PIC (Tabela suplementar S2). O número de amostras analisadas (N) oscilou entre as localidades, com valores entre 15 (ES) e 41 (ABR).

Cerca de 50% dos *loci* estavam em equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), especialmente aqueles associados aos primers de *L. annalis* LA25 e LA39, *L. synagris* LSY13 e *L. chrysurus* OCH13 (Tabela Suplementar S2). No entanto, ao considerar as localidades, observou-se que todas as populações estavam em equilíbrio (HWE = 0). Nenhum dos *loci* mostrou evidência de desequilíbrio de ligação após a aplicação da correção de Bonferroni (Figura Suplementar S1 e Tabela Suplementar S4).

O número de alelos (A) por *loci* e localidade (Tabela suplementar S3) variou pouco, entre 2 e 7 por *loci*, e entre 36 (ES) e 41 (PS e ABR) por localidade (Tabela 1), seguindo o mesmo padrão da riqueza alélica que foi menor no ES (3.42) e maior em PS (3.83). Os índices de heterozigosidade, por outro lado, foram maiores em SSA ( $H_E=0.65$ ,  $H_O=0.64$ ) e menores em ABR ( $H_E=0.58$ ) e ES ( $H_O=0.59$ ). Mas PS foi a única localidade onde  $H_O < H_E$ . De maneira similar, o valor de FIS em PS foi positivo, enquanto as outras

localidades apresentaram valores negativos (excesso de heterozigotos); no entanto, todos os valores ficaram próximos de zero (-0,03 a 0,06), indicando um baixo nível de endogamia. Todas as localidades apresentaram valores de *M-ratio* acima de  $M_c = 0,68$ , não indicando uma redução populacional recente, de acordo com Garza & Williamson (2001, embora os valores estejam muito próximos do crítico. Vale ressaltar que, independentemente da localidade, OCH9 foi o locus com os menores índices de diversidade genética, e maiores valores de endogamia enquanto LA25 apresentou os menores valores de razão *M-ratio*. (Tabela suplementar S1).

(Tabela suplementar S1).

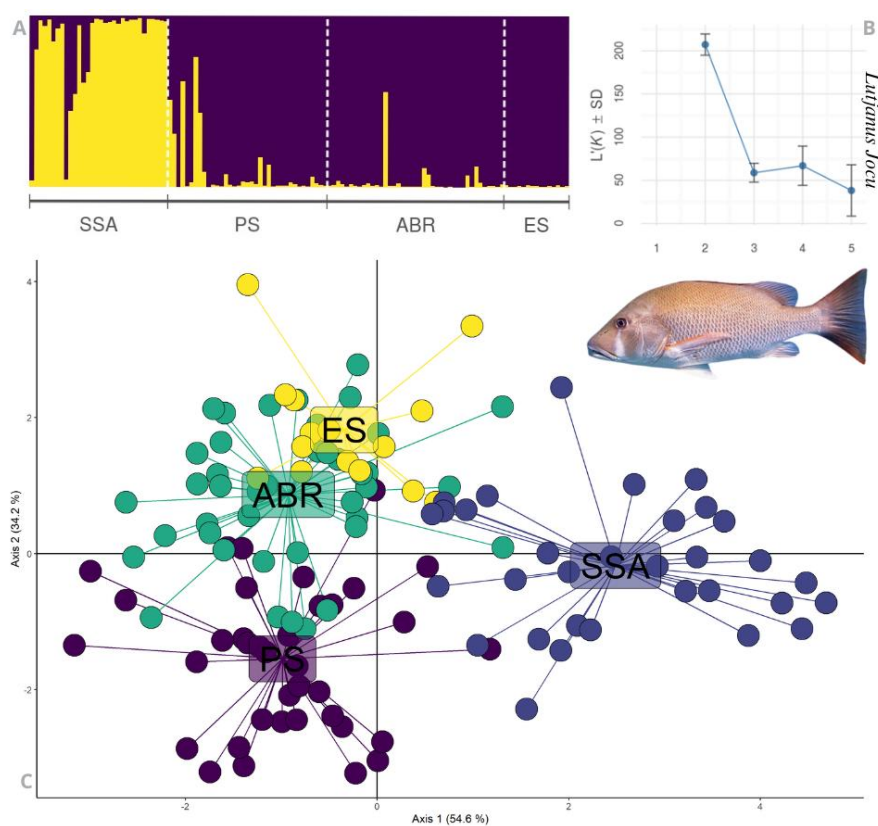
**Tabela 1.** Descritores da diversidade genética de *L. jocu* a partir de 10 locus Microsatélites, coletados em Salvador (SSA), Porto Seguro (PS), Abrolhos (ABR) e Espírito Santo (ES). Legenda: N = número de amostras, A = número de alelos, Ar = riqueza alélica, Ap = número de alelos privados,  $H_o$  = heterozigose observada,  $H_e$  = heterozigose esperada,  $F_{is}$  = coeficiente de endogamia, *M-ratio*= Efeito gargalo.

Localidades	SSA	PS	ABR	ES
<b>N</b>	30.3	35.1	40	14.6
<b>A</b>	38	41	41	36
<b>Ar</b>	3.66	3.83	3.73	3.42
<b>Ap</b>	0	1	1	1
<b><math>H_o</math></b>	0.65	0.59	0.62	0.60
<b><math>H_e</math></b>	0.64	0.63	0.61	0.58
<b><math>F_{is}</math></b>	-0.01	0.06	-0.02	-0.03
<b><i>M-ratio</i></b>	0.80	0.69	0.81	0.82

### 3.2. Estrutura Genética

A análise da estrutura genética de *L. jocu* realizada no programa STRUCTURE identificou a existência de dois estoques populacionais entre as populações dos estados da Bahia e do Espírito Santo, com indivíduos de SSA se diferenciando das outras localidades. A presença de indivíduos com genótipos distintos do predominante foi observada em todas as localidades, especialmente em SSA, onde a proporção de indivíduos foi maior (Figura 2). Da mesma forma, a análise discriminante dos componentes principais (DAPC) reforçou a estrutura genética presente em SSA em

comparação com as outras localidades, onde os 2 eixos discriminantes explicaram 88% da variação dos dados genéticos (Figura 2).



**Figura 2.** Análise Bayesiana da estrutura populacional do *Lutjanus jocu* indicando em (A) o resultado do structure, indicando a existência de dois pools gênicos, B) o resultado do Método de Evanno com o número de K= 2 como número provável de clusters genéticos, e (C) resultado do DAPC indicando a separação das amostras de SSA com base na variação genética. Legenda: Salvador (SSA), Porto Seguro (PS), Abrolhos (ABR) Espírito Santo (ES).

A Análise de Variância Molecular (AMOVA) revelou que há diferenciação genética significativa entre a localidade SSA e as demais (PS+ABR+ES), indicando que 21,62% da variação genética é explicada pela variabilidade genética entre os grupos. No entanto, a maior parte da variabilidade genética observada, 78,37%, ocorreu dentro das populações amostradas (Tabela 2).

**Tabela 2** - Análise de Variância Molecular (AMOVA), indicando a divisão da variância de acordo com as localidades analisadas. Todos os valores de sigma foram significativos (P<0,05).

	Df	Sum Sq	Mean Sq	Sigma	Porcentagem (%)
Entre os Grupos	1	43.31	43.03	0.85	21.62

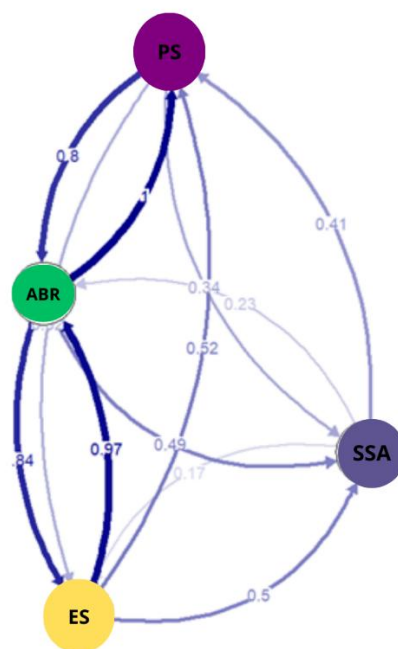
Dentro dos Grupos	123	376.73	3.06	3.06	78.37
Total	124	420.04	3.39	3.91	100

Os resultados dos índices de fixação  $F_{ST}$  e  $D$  Jost confirmaram a existência de diferenciação genética entre as subpopulações de *L. jocu* nas localidades amostradas. Valores significativos de  $F_{ST}$  e  $D$  jost foram observados entre as amostras de SSA e as outras localidades, assim como entre PS e ES, mas entre PS e ABR (somente para os valores de  $D$  jost) (Tabela 3).

**Tabela 3.** Valores do índice de fixação  $F_{ST}$  (diagonal inferior) e índice  $D$  Jost (diagonal superior) par a par indicando as diferenças genéticas entre as localidades amostradas. Valores significativos em negrito.

Salvador	Porto Seguro	Espírito Santo	Abrolhos	
<b>0.111</b>	0.059	0.029		<b>Abrolhos</b>
<b>0.103</b>	<b>0.092</b>		0.012	<b>Espírito Santo</b>
<b>0.112</b>		0.043	0.024	<b>Porto Seguro</b>
	<b>0.074</b>	<b>0.077</b>	<b>0.075</b>	<b>Salvador</b>

O resultado obtido a partir da rede de migração relativa, baseada no  $G_{ST}$  de Nei (Figura 3), revelou forte conectividade entre as localidades PS, ABR e ES e, fluxo gênico reduzido entre essas localidades e SSA, especialmente envolvendo ES ( $G_{ST} = 0,17$ ) e ABR ( $G_{ST} = 0,23$ ). O teste de Mantel, que correlaciona o índice  $F_{ST}$  com a distância geográfica (km), mostrou um coeficiente de correlação baixo e não significativo ( $r = 0,329$ ,  $p = 0,708$ ), não apoiando a hipótese de isolamento por distância para as populações de *L. jocu*.



**Figura 3** - Dados da rede de migração relativa direcional entre as localidades amostradas com base no  $G_{ST}$  de Nei. As setas indicam a direção e a espessura e as cores das linhas indicam a intensidade do fluxo gênico entre as subpopulações estudadas. Legenda: Salvador (SSA), Porto Seguro (PS), Abrolhos (ABR) Espírito Santo (ES).

#### 4. Discussão

Apesar de estudos recentes indicarem que *L. jocu* constitui uma única população altamente conectada, encontramos que, ao longo de 1200 km de costa, essa espécie de grande importância econômica para as populações tradicionais no Nordeste do Brasil apresentou dois clusters genéticos, sendo a população de Salvador distinta das outras localidades do sul (Porto Seguro, Abrolhos e Espírito Santo). Apesar da intensa atividade pesqueira, mantém alta diversidade genética e não apresentou sinais de recente declínio populacional, embora os valores do índice *M-ratio* estejam muito próximos do crítico e tenha sido observada baixa riqueza alélica. Nesse sentido, precauções devem ser tomadas no manejo pesqueiro desta espécie, embora sua população não pareça estar experimentando efeitos genéticos decorrentes da exploração ou outros impactos antropogênicos.

As populações de *Lutjanus jocu* entre a Bahia e o Espírito Santo apresentaram características sugerindo que estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg, o que pode estar relacionado ao excesso de heterozigidade observado. O excesso de heterozigotos está comumente relacionado a efeitos de gargalo populacional, onde a redução no tamanho

populacional leva à perda de alelos mais rapidamente do que a perda de heterozigosidade. Durante esse evento, muitos alelos podem ser perdidos sem uma redução imediata na heterozigosidade, o que pode levar a um “excesso de heterozigotos” temporário, como discutido por Luikart e Cornuet (1998). A baixa riqueza alélica encontrada (média de 3,6), juntamente com os valores negativos de  $F_{IS}$  na maioria das localidades, são consistentes com efeitos de redução populacional. De fato, encontramos valores de M-ratio muito próximos do crítico para todas as populações, o que pode justificar o excesso de heterozigotos e apoiar a ideia de que a população de *Lutjanus jocu* tem enfrentado uma redução no tamanho populacional, com efeitos consequentes sobre sua variabilidade genética.

Outras espécies congêneras amplamente utilizadas para fins comerciais também apresentam índices elevados de heterozigosidade, como observado em *Lutjanus analis* ( $h = 0.9926$ ,  $\pi = 3,7\%$ ) (Evangelista-Gomes et al., 2020), *Lutjanus alexandrei* ( $h = 0.999$ ,  $\pi = 3,9\%$ ) (Veneza et al., 2023), *Lutjanus chrysurus* ( $h = 0.963$ ,  $\pi = 1,7\%$ ) (Silva, et al., 2015), e também em *Lutjanus jocu* ( $h = 0.9984$ ,  $\pi = 2,6\%$ ) (Verba, et al., 2023a). A alta conectividade genética, possivelmente atribuída a uma combinação de fatores históricos e ecológicos, incluindo flutuações do nível do mar durante o Pleistoceno e continuidade de habitat, por exemplo, pode ter facilitado a expansão das populações costeiras, contribuindo para a manutenção da diversidade genética (Silva, et al., 2016, Verba, et al., 2023a e 2023b, Veneza, et al., 2023). Além disso, as correntes costeiras, como a Corrente do Brasil, favorecem a dispersão larval, atuando como um agente homogeneizador para as populações, sustentando a diversidade genética em espécies amplamente distribuídas no Atlântico Sul (Rocha, 2003, Luiz Jr, et al.2012).

No entanto, ao utilizar um marcador molecular distinto, nosso estudo revela uma estrutura populacional importante, distinguindo a população mais ao norte de *L. jocu* (SSA) das outras, em desacordo com estudos recentes que consideraram *L. jocu* como uma população panmítica ao longo da costa brasileira (Verba, et al., 2023a, Lutz, et al., 2024). Usando marcadores SNP, Verba et al. (2023) encontraram suporte nos resultados do STRUCTURE para  $k=1$  e  $k=2$  ao estudar *L. jocu* ao longo da costa brasileira. No entanto, devido à grande variância encontrada em  $k=2$ , concluíram que o resultado mais parcimonioso foi uma distribuição panmítica.

Ainda assim, nossa análise de variância molecular (AMOVA) revelou uma diferença estatisticamente significativa entre a localidade de Salvador e as demais, explicando 21,62% da variação observada. A diferenciação genética é sustentada por

valores elevados e significativos de  $F_{ST}$  e índices  $D$  Jost. No entanto, a estrutura genética observada não é explicada pela hipótese de isolamento por distância (IBD), indicando que outros fatores podem estar influenciando essa variação. A restrição do fluxo gênico entre os indivíduos de Salvador (SSA) e as outras localidades também foi evidenciada pela análise da rede de conectividade, que revelou um padrão complexo de fluxo gênico. Abrolhos e Espírito Santo foram as localidades mais conectadas, e uma restrição gradual do fluxo gênico foi observada ao se mover para o norte, com Porto Seguro mais conectado a ABR do que a ES e SSA, e SSA mais conectado a ABR e ES do que a PS. Esse padrão pode estar associado ao modelo step-in-stone, onde o fluxo gênico ocorre indiretamente através de populações intermediárias, em vez de conexões diretas (Evangelista-Gomes, et al., 2020), normalmente como resultado do movimento de adultos, mas também através de correntes costeiras que facilitam a conectividade larval de longa distância para o sul (Luiz Jr, et al., 2012, Pinheiro, et al., 2018). A conectividade do habitat desempenha um papel crucial nos padrões genéticos dos peixes de recife. Verba et al. (2023) também observaram que a região norte do estado da Bahia (~SSA) juntamente com o CE parece ter habitats menos adequados, exibindo altos níveis de  $F_{ST}$  par a par. Isso pode ser a explicação para o isolamento de SSA em relação às outras localidades. O banco de Abrolhos abrange uma vasta área rasa continental de 47.000 km<sup>2</sup> (Leão, et al., 2003), estendendo-se de Prado (Bahia) até Linhares (ES) (Mello, et al., 1975, Francini-Filho, et al., 2013), onde estão localizadas as formações de recifes de corais mais importantes do Atlântico Sul (Moura, 2003, Francini-Filho, et al., 2013)[43,44]. Embora *L. jocu* seja considerado uma espécie dependente de estuário, pode viver em ambientes marinhos durante todo o seu ciclo de vida (Menezes et al., 2022), utilizando os recifes de plataforma como seu habitat principal. A grande disponibilidade de habitat pode ter contribuído para a maior conectividade das amostras de ABR-ES, e em menor proporção com PS. Embora o Royal Charlotte seja a extensão norte do banco de Abrolhos, tem uma área muito menor, 7.000 km<sup>2</sup> e, proporcionalmente, com menor cobertura de recifes (Negrão, et al., 2021), contribuindo assim para uma menor disponibilidade de habitat. Além disso, o banco de Abrolhos é uma importante área de pesca (Negrão, et al., 2021, Previero e Gasalla, 2018) e também uma zona de reprodução de *L. jocu*, na qual agregações de desova têm sido relatadas por pescadores (Previero e Gasalla, 2020, Bezerra, et al., 2021), o que pode apoiar a mistura de indivíduos de ABR-ES em tais eventos reprodutivos.

## 5. Conclusão



Concluimos que as populações de *Lutjanus jocu* na Bahia e no Espírito Santo apresentam alta variabilidade genética, com a presença de um estoque populacional distinto no norte da Bahia, provavelmente mediado pela adequação do habitat. A espécie estudada mostrou um excesso de heterozigosidade, baixa riqueza alélica e valores do índice *M-ratio* próximos aos críticos nas localidades estudadas, evidenciando uma redução populacional recente. Além disso, a baixa taxa de endogamia e os altos valores de diversidade genética indicam alta conectividade e grandes tamanhos efetivos populacionais. Essas características podem refletir estabilidade populacional, mas fatores antropogênicos, como perda e fragmentação de habitat, bem como a sobrepesca, podem impor dificuldades à sustentabilidade do *L. jocu*, especialmente ao longo da costa Nordeste do Brasil. O isolamento das amostras de SSA deve ser considerado no desenvolvimento de estratégias mais eficazes de manejo e conservação para do Peixe Dentão, que desempenha um papel crucial na dinâmica populacional dos recifes brasileiros.

## Referências

- Aschenbrenner, A.; Hackradt, C. W.; Ferreira, B. P. Spatial variation in density and size structure indicate habitat selection throughout life stages of two southwestern Atlantic snappers. *Marine Environmental Research*. **2016**,*113*, 49–55. [10.1016/j.marenvres.2015.10.013].
- Bezerra, I.M.; Hostim-Silva, M.; Teixeira, J.L.S.; Hackradt, C.W.; Félix-Hackradt, F.C.; Schiavetti, A. Spatial and temporal patterns of spawning aggregations of fish from the Epinephelidae and Lutjanidae families: An analysis by the local ecological knowledge of fishermen in the Tropical Southwestern Atlantic. *Fish Res.* **2021**,*239*, 105937. [10.1016/j.fishres.2021.105937].
- Chessel, D.; Dufour, A.B.Thioulous . The ade4 package-I-One-table methods. *R News*. **2004**, *4*, 5-10.
- Cruz, V. P.; Adachi, A. M. C. L.; Oliveira, P. H.; Ribeiro, G. S.; Paim, F. G.; Souza, B. C.; Rodríguez, A. S. F.; Vianna, M.; Delpiani, S. M.; De Astarloa, J. M. D.; Rotundo, M. M.; Mendonça, F. F.; Oliveira, C.; Lessa, R. P.; Foresti, F. Genetic diversity in two threatened species of guitarfish (Elasmobranchii: Rhinobatidae) from the Brazilian and Argentinian coasts: An alert for conservation. *Neotropical Ichthyology*. **2021**, *19*. [https://doi.org/10.1590/1982-0224-2021-0012].
- Evangelista-Gomes, F. L.; Santana, C. S.; Costa, J. M.; Lessa, R. P. Genetic diversity and population structure of *Lutjanus analis* (Cuvier, 1828) from the Brazilian coast using mitochondrial DNA. *Journal of Fish Biology*, **2020**,*97*,1093-1105. [10.1111/jfb.14547].

Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, **2005**, *14*, 2611-2620.

Francis, R. M. Pophelper: An R package and web app to analyze and visualize population structure. *Molecular Ecology Resources*. **2017**, *17*, 27-32. [10.1111/1755-0998.12509].

Francini-Filho, R.B.; Coni, E.O.C.; Meirelles, P.M.; Amado-Filho, G.M.; Thompson, F.L.; Pereira-Filho, G.H.; Bastos, A.C.; Abrantes, D.P.; Ferreira, C.M.; Gibran, F.Z. Dynamics of coral reef benthic assemblages of the Abrolhos Bank, eastern Brazil: inferences on natural and anthropogenic drivers. *PLoS ONE*. **2013**, *8*, 1-12. [10.1371/journal.pone.0054260].

Froese, R.; Capuli, E.; Garilao, C.; Pauly, D. The SPECIES table. *Fish Base: concepts design and data sources*. Los Baños (Philippines), **2000**, 76–85.

Gama-Maia, D. J.; Calado, L. L.; Bitencourt, A. J.; Mello, P. R. A., Souza, G.; Torres, R. A. Jacobina, U. P. Multispecies genetic approach reveals divergent connectivity patterns in marine fish from Western Atlantic. *Marine Biodiversity*. **2024**, *54*, 2-10. [10.1007/s12526-023-01399-0].

Gandra, M.; Assis, J.; Martins, M. R.; Abecasis, D. Reduced global genetic differentiation of exploited marine fish species. *Molecular Biology and Evolution*. **2021**, *38*, 1402–1412. [10.1093/molbev/msaa299].

Garza, J.C.; Williamson, E. G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Mol Ecol*. **2001**, *10*, 305-318. [10.1046/j.1365-294x.2001.01190.x].

Goudet, J.; Raymond, M.; De Meeûs, T.; Rousset, F. Hierfstat: Estimating hierarchical F-statistics. *R package version*. **2022**, *0.5-7*.

Irfan, S.; Alatawi, A. Aquatic Ecosystem and Biodiversity: A Review. *Open Journal of Ecology*. **2019**, *9*, 1-13. [10.4236/oje.2019.91001].

Jombart, T. Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*. **2008**, *24*, 1403-1405. [10.1093/bioinformatics/btn129].

Jombart, T.; Devillard, S.; Balloux, F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics*. **2010**, *94*, 2-15. [10.1186/1471-2156-11-94].

Jombart, T.; Ahmed, I. Adegenet 1.3-1: New tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*. **2011**, *27*, 3070-3071. [10.1093/bioinformatics/btr521].

Jost, L. GST and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*. **2008**, *17*, 4015–4026. [10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x].

Kamvar, Z. N.; Tabima, J. F.; Grunwald, N. J. Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*. **2014**, [10.7717/peerj.281].

Kearse, M.; Moir, R.; Wilson, A.; Stones-Havas, S.; Cheung, M.C.; Sturrock, ; Buxton, S.; Cooper, A. C.; Markowitz, S.; Duran, C.; Thierer, T.; Ashton, B.; Meintjes, P.; Drummond, A. Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform

for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*. **2012**,28, 1647–1649, [10.1093/bioinformatics/bts199].

Keenan, K.; McGinnity, P.; Cross, T.F.; Crozier, W.W.; Prodöhl, P.A. diveRcity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods Ecol Evol* **2013**., 4,782-788. [10.1111/2041-210X.12067].

Leão, Z.M.A.N.; Kikuchi, R.K.P.; Testa, V. Corals and coral reefs of Brazil. *American Coral Reefs*,**2003**, 9–52.

Limborg, M. T., Helyar, S. J., De Bruyn, M., Taylor, M. I., Nielsen, E. E., Ogden, R. O. B., Bekkevold, D. Environmental selection on transcriptome-derived SNPs in a high gene flow marine fish, the Atlantic herring (*Clupea harengus*). *Molecular ecology*. **2012**, 21,3686-3703. [ 10.1111/j.1365-294X.2012.05639.x].

Luiz, O. J.; Madin, J. S.; Robertson, D. R.; Rocha, L. A.; Wirtz, P.; Floeter, S. R. Ecological traits influencing range expansion across large oceanic dispersal barriers: Insights from tropical Atlantic reef fishes. *Proceedings of the Royal Society of London B*. **2012**, 279, 1033–1040. [10.1098/rspb.2011.1525].

Luikart, G.; Allendorf, F.W.; Cornuet, J.M.; Sherwin, W.B. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *J Hered*. **1998**,89,238-247. [10.1093/jhered/89.3.238].

Lutz, Í.; Martins, K.; Cardoso, B.; Miranda, A.; Costa, J. L.; Silva, I.; Evangelista-Gomes, G. Connectivity and high genetic diversity in populations of the dog snapper *Lutjanus jocu* (Lutjanidae: Perciformes) from the South Western Atlantic, recovered with multilocus analysis. *Environmental Biology of Fishes*. **2024**, 107,1121–1135. [10.1007/s10641-024-01607-1].

Mar-Silva, A. F.; Diaz -Jaimes, P.; Doménguez- Mendonza, C.; Domínguez-Domínguez, O.; Valdiviezo- Riveira, J.; Espinoza -Herrera, E. Genomic assessment reveals signal of adaptive selection in populations of the Spotted rose snapper *Lutjanus guttatus* from the Tropical Eastern Pacific. *PeerJ*. **2023**,11,150-176. [10.7717/peerj.15029].

Medeiros, P. R. Distribuição e uso de habitat por peixes recifais e sua relação com a complexidade ambiental no arquipélago Fernando de Noronha, Nordeste do Brasil. Tese Doutorado em Zoologia. Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa.2011.

Mello, U. C.P. Summerhayes, J.P. Upper continental margin sedimentation off Brazil, Part IV: Salvador to Vitoria, Southeastern Brazil. *Contributions to Sedimentology*. **1975**,4,78–116.

Menezes, R.; Giglio, V.J.; Albuquerque, C.Q.; Rosa R.S. A review of the dog snapper (*Lutjanus jocu*) along the Brazilian province: distributional records, ecology, fisheries and conservation. *Ocean Coast Managem.* **2022**, 220,1-11. [10.1016/j.ocecoaman.2022.106094].

Moura, R.L.Brazilian reefs as priority areas for biodiversity conservation in the Atlantic Ocean. *Proceedings of the 9th International Coral Reef Symposium*.**2003**, 9, 917–920.

- Negrão, F.; Lacerda, C. H. F.; Melo, T. H.; Bianchini, A.; Calderon, E. N.; Castro, C. B.; Sumida, P. Y. G. The first biological survey of the Royal Charlotte Bank (SW Atlantic) reveals a large and diverse ecosystem complex. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*. **2021**, 255. [10.1016/j.ecss.2021.107363].
- Palumbi, S. R.; Barshis, D. J.; Traylor-Knowles, N.; Bay, R. A. Mechanisms of reef coral resistance to future climate change. *Science*. **2014**, *344*, 895-898. [10.1126/science.1251336].
- Pinheiro, H. T.; Rocha L.A.; Macieira, R.M.; Carvalho-Filho, A.; Anderson, A. B.; Bender, M.G.; Di Dario, F.; Ferreira, C. E. L.; Figueiredo-Filho, J.; Francini-Filho, R. South-western Atlantic reef fishes: zoogeographical patterns and ecological drivers reveal a secondary biodiversity centre in the Atlantic Ocean. *Divers Distrib*. **2018**, *24*, 951-965. [10.1111/ddi.12729].
- Previero, M.A.; Gasalla, R. Assessment of small-scale reef fisheries off the Abrolhos Bank: Snappers and groupers under a multidimensional evaluation Fish. *Manag. Ecol*. **2020**, *27*, 231-247. [10.1111/fme.12406].
- Previero, M.A.; Gasalla, R. Mapping fishing grounds, resource and fleet patterns to enhance management units in data-poor fisheries: The case of snappers and groupers in the Abrolhos Bank coral-reefs (South Atlantic). *Ocean & Coastal Management*. **2018**, *154*, 83-95. [10.1016/j.ocecoaman.2018.01.007].
- Pritchard, J.K.; Stephens, M., Rosenberg, N.A., Donnelly, P. Association mapping in structured populations. *Am J Hum Genet*. **2000**, *67*, 170-181. [10.1086/302959].
- Renshaw, M.A.; Karlsson, S.; Gold, J. R. Isolation and characterization of microsatellites in lane snapper (*Lutjanus synagris*), mutton snapper (*Lutjanus analis*), and yellowtail snapper (*Ocyurus chrysurus*). *Molecular Ecology*. **2007**, *7*, 1084-1087. [10.1111/j.1471-8286.2007.01785.x].
- Rocha, L. A. Patterns of distribution and processes of speciation in Brazilian reef fishes. *Journal of Biogeography*. **2003**, *30*, 1161-1171. [10.1046/j.1365-2699.2003.00900.x].
- Rice, W.R. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*. **1989**, *43*, 223-225. [10.1111/J.1558-5646.1989.Tb04220.X].
- Silva, R.; Veneza, I.; Sampaio, I.; Araripe, J.; Schneider, H.; Gomes, G. High Levels of Genetic Connectivity among Populations of Yellowtail Snapper, *Ocyurus chrysurus* (Lutjanidae – Perciformes), in the Western South Atlantic Revealed through Multilocus Analysis. *PLOS ONE*, **2015**, *10*, 1-19. [10.1371/journal.pone.0122173].
- Silva, R.; Sampaio, I.; Schneider, H.; Gomes, G. Lack of spatial subdivision for the snapper *Lutjanus purpureus* (Lutjanidae-Perciformes) from southwest Atlantic based on multi-locus analyses. *PLoS ONE*. **2016**, *11*, 1-17. [10.1371/journal.pone.0161617].

Shuzitski, K., McCartney, M. A., Burton, M. L. Population connectivity among Dry Tortugas, Florida, and Caribbean populations of mutton snapper (*Lutjanus annalis*), inferred from multiple microsatellite loci. *Fishery Bulletin*. 2009,107. 501-509.

Veneza, I., Silva, R., Ferreira, C., Mendonça, P., Sampaio, I., & Evangelista-Gomes, G. Genetic connectivity and population expansion inferred from multilocus analysis in *Lutjanus alexandrei* (Lutjanidae–Perciformes), an endemic snapper from Northeastern Brazilian coast. *PeerJ*, **2023**,11.1-17 [10.7717/peerj.15973].

Verba, J. T.; Stow, A.; Bein, B.; Pennino, M. G.; Lopes, P. F. M.; Ferreira, B. P.; Mortier, M.; Lima, Q. M. S.; Pereira, R. J. Low population genetic structure is consistent with high habitat connectivity in a commercially important fish species (*Lutjanus jocu*). *Marine Biology*. 2023a, 170,1-15. [10.1007/s00227-022-04149-1].

Verba, T. J.; Ferreira, C. E.; Pennino, M. G.; Hagberg, L.; Lopes, P. F.; Padovani, F. B.; Stow, A. Genetic structure of the threatened Gray Parrotfish (*Sparisoma axillare*) in the Southwestern Atlantic. *Coral Reefs*. **2023b**, 42, 105-117. [10.1007/s00338-022-02324-w].

Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*. **1984**, 38,1358-1370. [10.1111/j.1558-5646.1984.tb05657.x].

## Apêndices

**Tabela- S1.** Descrições dos *primers* que foram utilizados para amplificação dos fragmentos do DNA microssatélites em *Lutjanus jocu*.

<b>ID primer</b>	<b>Sequência do Dna 5' 3'</b>	<b>Unidade Repetitiva</b>	<b>Autor</b>
<b>LA25</b>	GGA GGA ACC TCC TGG AAT GT	(ATCT) <sub>19</sub>	Shulzitski et al. (2009)
<b>LA39</b>	TGC TGA GGA GCA TTT GCT TT	(TG) <sub>11</sub>	Shulzitski et al. (2009)
<b>LSY6</b>	GGAAAGAGAAGGACGGAGGA	(CA) <sub>18</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>LSY7</b>	GCTGTAATCAAATCCCTGTG	(CA) <sub>12</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>LSY8</b>	GCTGCTGCTTCACTGGA	(CA) <sub>17</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>LSY13</b>	GTCAGCGTTGCTCTATCAGTG	(CA) <sub>23</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>OCH6</b>	CCTCTGGCATAACATCTCACATC	(CA) <sub>20</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>OCH9</b>	GCTCGTTCCTCTTAACATCAAC	(CA) <sub>14</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>OCH10</b>	CTCAGACAGTGGTTTAACAGGATG	(GGA) <sub>11</sub>	Renshaw et al. (2007)
<b>OCH13</b>	CCTCATGCTTCAAACACACG	(CA) <sub>13</sub>	Renshaw et al. (2007)

**Tabela S2-** Valores do informático polimórficos (PIC) de cada locus.

<b>PIC- informativo polimórfico</b>	
<b>LA25</b>	0.764
<b>LA39</b>	0.666
<b>LSY6</b>	0.732
<b>LSY7</b>	0.538
<b>LSY8</b>	0.568
<b>LSY13</b>	0.684
<b>OCH6</b>	0.433
<b>OCH9</b>	0.352
<b>OCH10</b>	0.488
<b>OCH13</b>	0.730
<b>Mean</b>	0.596

**Tabela S3.** Descritores da diversidade genética de *L. jocu* a partir de 10 locus Microssatélites, coletados em Salvador, Porto Seguro, Abrolhos e Espírito Santo. Legenda: N = número de amostras, A = número de alelos, Ar = riqueza alélica, Ap = número de alelos privados, H<sub>O</sub> = heterozigose observada, H<sub>E</sub> = heterozigose esperada, F<sub>IS</sub> = coeficiente de endogamia e intervalos de confiança inferior (5%) e superior (95%), PIC= índice de polimorfismo, *M-ratio*= Efeito gargalo.

SSA	LA25	LA39	LSY6	LSY7	LSY8	LSY13	OCH6	OCH13	OCH9	OCH10	Overall
N	32	32	31	30	30	29	29	31	28	31	30.3
A	6	4	5	3	3	4	3	5	3	2	38
Ar	5.17	3.97	4.92	3	2.96	3.85	2.96	4.85	2.95	2	3.66
Ho	0.59	0.78	0.94	0.8	0.6	0.86	0.48	0.74	0.32	0.35	0.65
He	0.76	0.69	0.75	0.65	0.58	0.66	0.47	0.76	0.59	0.45	0.64
Ap	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
HWE	0	0	0.0004	0.0012	0.1777	0	0.2957	0	0.0018	0.247	0
Fis	<b>0.222</b>	<b>0.1356</b>	<b>0.2477</b>	<b>0.2276</b>	<b>0.0355</b>	0.3098	<b>0.0188</b>	<b>0.0213</b>	<b>0.4545</b>	<b>0.2079</b>	<b>-0.018</b>
Fis (5% IC)	-0.041	-0.299	0.3792	0.4882	0.3211	0.5959	0.2851	-0.21	0.177	-0.1496	-0.0959
Fis (95%IC)	0.4554	0.0354	0.0951	0.0266	0.2591	0.0706	0.2914	0.2362	0.7154	0.5526	0.0528
PIC	0.764	0.666	0.733	0.540	0.568	0.682	0.441	0.729	0.359	0.489	0.597
M-ratio	0,273	0,308	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,455	1,000	1,000	0,803

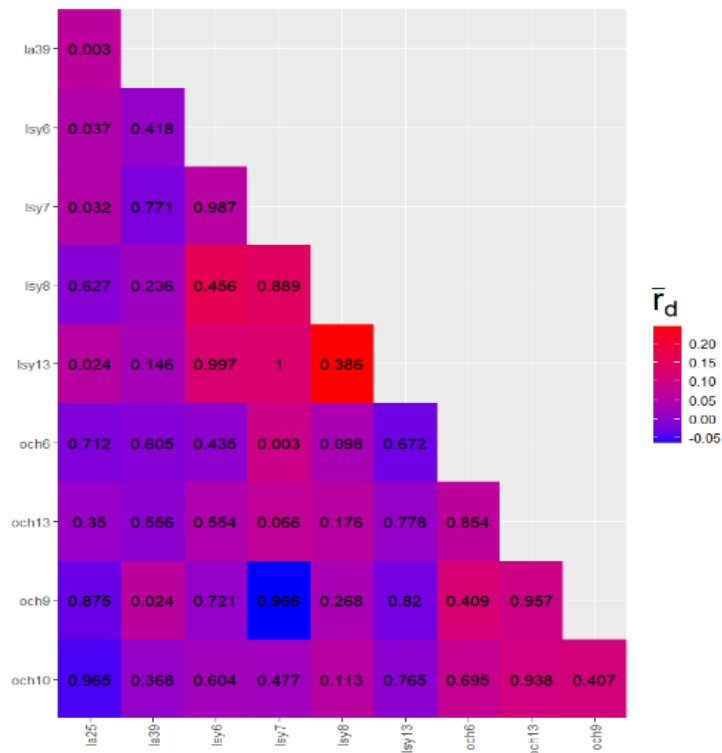
PS	LA25	LA39	LSY6	LSY7	LSY8	LSY13	OCH6	OCH13	OCH9	OCH10	Overall
N	37	37	35	35	35	35	35	34	34	34	35.1
A	6	4	5	3	3	4	2	7	3	4	41
Ar	5.75	3.99	4.9	2.94	3	4	2	5.27	2.86	3.57	3.83
Ho	0.78	0.57	0.66	0.77	0.57	0.74	0.29	0.62	0.26	0.62	0.59
He	0.78	0.73	0.75	0.54	0.65	0.74	0.35	0.71	0.41	0.65	0.63
Ap	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
HWE	0	0.0056	0	0.0063	0.0115	0	0.2617	0	0.007	0.9074	0
Fis	<b>-0.007</b>	<b>0.2211</b>	<b>0.1288</b>	<b>0.4243</b>	<b>0.1201</b>	<b>0.0083</b>	<b>0.1898</b>	<b>0.1298</b>	<b>0.3469</b>	<b>0.048</b>	<b>0.0675</b>
Fis (5% IC)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fis (95%IC)	0.2062	0.0097	0.0956	0.6147	0.1432	0.1872	0.1693	-0.103	0.0227	-0.1871	-0.0168
PIC	0.764	0.666	0.733	0.540	0.568	0.682	0.441	0.729	0.359	0.489	0.597
M-ratio	0,227	0,308	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,455	1,000	0,000	0,699

ABR	LA25	LA39	LSY6	LSY7	LSY8	LSY13	OCH6	OCH13	OCH9	OCH10	Overall
N	41	41	41	39	39	39	40	40	40	40	40
A	7	4	5	3	3	4	3	6	2	4	41
Ar	5.4	3.99	4.85	2.96	3	4	2.84	5.28	1.87	3.16	3.73
Ho	0.71	0.78	0.76	0.74	0.77	0.9	0.35	0.75	0.1	0.38	0.62
He	0.79	0.72	0.75	0.59	0.62	0.73	0.46	0.74	0.14	0.57	0.61
Ap	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
HWE	0	0	0.0927	0.0097	0.1234	0	0,0004	0	0.0773	0,0004	0
Fis	<b>0.102</b>	<b>0.0897</b>	<b>0.0039</b>	<b>-0.263</b>	<b>0.2467</b>	<b>0.2319</b>	<b>0.2407</b>	<b>-0.0131</b>	<b>0.2793</b>	<b>0.3396</b>	<b>-0.0213</b>
Fis (5% IC)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fis (95% IC)	0.0942	-0.271	-0.172	0.5082	0.4156	0.3734	0.0068	-0.1914	0.0523	0.0463	-0.0968
PIC	0.764	0.666	0.733	0.540	0.568	0.682	0.441	0.729	0.359	0.489	0.597
M-Ratio	0,318	0,308	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,545	1,000	1,000	0,817

ES	LA25	LA39	LSY6	LSY7	LSY8	LSY13	OCH6	OCH13	OCH9	OCH10	Overall
N	15	15	14	14	14	14	15	15	15	15	14.6
A	5	4	5	3	3	4	3	5	2	2	36
Ar	4.69	3.81	4.53	3	3	3.93	2.96	4.61	1.66	2	3.42

<b>Ho</b>	0.6	0.53	0.71	0.71	0.64	0.86	0.4	0.8	0.07	0.67	0.6
<b>He</b>	0.71	0.63	0.71	0.67	0.66	0.66	0.46	0.74	0.06	0.5	0.58
<b>Ap</b>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
<b>HWE</b>	0	0.0082	0.2421	0.8614	0.8779	0	0.0043	0.0045	0.8875	0.1884	0
<b>Fis</b>	0.1536	0.1579	0	0.0728	0.027	<b>0.3023</b>	0.1304	-0.0843	<b>0.0345</b>	-0.3393	-0.0334
<b>Fis (5% IC)</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>IC)</b>	0.2748	0.2961	0.3197	0.4021	0.3511	-0.69	0.1638	-0.3949	0.0902	-0.7345	-0.2067
<b>Fis (95%IC)</b>	0.5053	0.567	0.3451	0.3075	0.4225	-0.032	0.4006	0.1571	0.0136	0.1302	0.1137
<b>PIC</b>	0.764	0.666	0.733	0.540	0.568	0.682	0.441	0.729	0.359	0.489	0.597
<b>M- Ratio</b>	0,273	0,308	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,636	1,000	1,000	0,822

**Figura S1-** Gráfico com valores dos valores de desequilíbrio dos locus. Onde a alteração das cores revela a intensidade de ligação entre os locus, onde as cores vermelhas e Roxa revelam os maiores valores. ( $p > 0.05$ ).





**Tabela S4.** Os valores de desequilíbrio de ligação para os loci após a correção de Bonferroni mostraram que nenhum locus apresentou desequilíbrio de ligação entre os loci.

	P.rD_Bonferroni
la25:la39	0.180
la25:lsy6	1.000
la25:lsy7	1.000
la25:lsy8	1.000
la25:lsy13	0.945
la25:och6	1.000
la25:och13	1.000
la25:och9	1.000
la25:och10	1.000
la39:lsy6	1.000
la39:lsy7	1.000
la39:lsy8	1.000
la39:lsy13	1.000
la39:och6	1.000
la39:och13	1.000
la39:och9	0.990
la39:och10	1.000
lsy6:lsy7	1.000
lsy6:lsy8	1.000
lsy6:lsy13	1.000
lsy6:och6	1.000
lsy6:och13	1.000
lsy6:och9	1.000
lsy6:och10	1.000
lsy7:lsy8	1.000
lsy7:lsy13	1.000
lsy7:och6	0.135
lsy7:och13	1.000
lsy7:och9	1.000
lsy7:och10	1.000
lsy8:lsy13	1.000
lsy8:och6	1.000
lsy8:och13	1.000
lsy8:och9	1.000
lsy8:och10	1.000
lsy13:och6	1.000
lsy13:och13	1.000
lsy13:och9	1.000
lsy13:och10	1.000
och6:och13	1.000
och6:och9	1.000
och6:och10	1.000
och13:och9	1.000
och13:och10	1.000
och9:och10	1.000