

Philopatry in loggerhead turtles *Caretta caretta*: beyond the gender paradigm

Marcel Clusa, Carlos Carreras, Luis Cardona, Andreas Demetropoulos, Dimitris Margaritoulis, ALan F. Rees, Abdulmaula A. Hamza, Mona Khalil, Yaniv Levy, Oguz Turkozan, Alex Aguilar, Marta Pascual*

*Corresponding author: martapascual@ub.edu

Marine Ecology Progress Series 588: 201–213 (2018)

Supplement 2

Table S1. Geographic distances (Km) between nesting grounds. Pairwise coastal distance values below the diagonal and Euclidean distance values above the diagonal. Location acronyms are as in Fig. 1.

	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
LIB		1590	1630	1500	1200	780	790	810
ISR	2180		110	340	710	1050	1200	1420
LEB	2340	160		260	660	1000	1190	1400
CYP	3350	1170	1010		420	800	950	1200
WTU	3890	1710	1550	660		430	560	760
CRE	4560	2380	2220	1437	670		200	430
LAK	8970	6790	6630	5740	5080	390		220
ZAK	9400	7220	7060	6170	5510	820	430	

Table S2. Allele frequencies, number of chromosomes (N), number of alleles (Na), heterozygote proportion (Ho) and expected heterozygosity (He) per locus in each location. Population acronyms are as in Fig. 1.

Cc2	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		27	17	18	21	17	18	17	13
Na		4	4	4	4	3	4	3	5
	224	0.000	0.000	0.056	0.095	0.088	0.028	0.000	0.038
	226	0.130	0.118	0.000	0.000	0.000	0.167	0.147	0.077
	228	0.074	0.059	0.083	0.143	0.147	0.083	0.000	0.038
	230	0.093	0.059	0.167	0.071	0.000	0.000	0.176	0.077
	232	0.704	0.765	0.694	0.690	0.765	0.722	0.676	0.769
Ho		0.407	0.353	0.500	0.381	0.412	0.444	0.529	0.462
He		0.474	0.394	0.480	0.489	0.386	0.443	0.490	0.393

Cc7	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		24	16	18	18	16	18	18	13
Na		11	11	11	11	7	8	11	6
	168	0.021	0.063	0.056	0.139	0.000	0.278	0.083	0.077
	172	0.146	0.281	0.139	0.194	0.188	0.111	0.056	0.192
	174	0.292	0.125	0.250	0.194	0.250	0.139	0.250	0.269
	176	0.000	0.000	0.000	0.028	0.031	0.000	0.000	0.000
	178	0.063	0.031	0.028	0.028	0.063	0.000	0.028	0.000
	184	0.083	0.063	0.056	0.083	0.250	0.056	0.194	0.269
	186	0.083	0.000	0.056	0.056	0.000	0.000	0.028	0.038
	188	0.042	0.188	0.083	0.083	0.000	0.083	0.083	0.000
	190	0.021	0.031	0.056	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000
	192	0.042	0.031	0.028	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000
	194	0.125	0.125	0.028	0.083	0.031	0.028	0.028	0.000
	198	0.083	0.031	0.222	0.083	0.188	0.278	0.194	0.154
	200	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	202	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.028	0.000
Ho		0.875	0.938	0.833	1.000	0.750	0.722	0.833	0.769
He		0.849	0.842	0.847	0.872	0.799	0.802	0.841	0.787

Cc10	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		24	13	18	20	17	15	17	9
Na		5	5	6	5	4	4	4	5
	412	0.000	0.000	0.028	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000
	416	0.229	0.154	0.083	0.200	0.088	0.333	0.235	0.333
	422	0.104	0.115	0.167	0.225	0.147	0.133	0.059	0.167
	428	0.521	0.462	0.472	0.450	0.588	0.500	0.618	0.389
	430	0.021	0.115	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056
	432	0.125	0.154	0.222	0.100	0.176	0.033	0.088	0.056
Ho		0.708	0.769	0.722	0.700	0.235	0.600	0.412	0.667
He		0.649	0.713	0.691	0.696	0.593	0.620	0.552	0.704

Cc13	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		25	16	16	21	17	14	16	11
Na		8	7	7	7	5	9	6	6
	401	0.080	0.094	0.031	0.024	0.000	0.036	0.000	0.000
	403	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000
	405	0.060	0.031	0.063	0.024	0.088	0.036	0.031	0.091
	407	0.220	0.188	0.219	0.310	0.294	0.179	0.250	0.273
	409	0.340	0.188	0.281	0.095	0.000	0.143	0.063	0.045
	411	0.140	0.063	0.156	0.190	0.265	0.321	0.469	0.364
	413	0.080	0.406	0.125	0.214	0.147	0.143	0.125	0.136
	415	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000
	417	0.060	0.031	0.125	0.143	0.206	0.071	0.063	0.091
	419	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Ho		0.760	0.813	0.563	0.810	0.647	0.929	0.750	0.818
He		0.796	0.750	0.813	0.791	0.772	0.814	0.693	0.756

Cc16	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		25	18	18	20	17	14	15	7
Na		5	6	4	4	5	5	5	4
	340	0.140	0.000	0.139	0.025	0.029	0.071	0.133	0.214
	342	0.100	0.194	0.194	0.000	0.147	0.286	0.200	0.143
	344	0.480	0.278	0.528	0.700	0.500	0.357	0.367	0.429
	346	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	348	0.200	0.278	0.139	0.200	0.147	0.071	0.100	0.000
	350	0.080	0.167	0.000	0.075	0.176	0.214	0.200	0.214
	352	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Ho		0.760	0.722	0.611	0.350	0.765	0.643	0.933	0.714
He		0.694	0.776	0.645	0.464	0.675	0.735	0.758	0.704

Cc17	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		22	17	17	18	14	15	10	7
Na		7	9	5	4	3	3	3	3
	319	0.136	0.206	0.088	0.167	0.036	0.067	0.050	0.071
	321	0.227	0.118	0.235	0.222	0.393	0.267	0.250	0.286
	323	0.455	0.382	0.588	0.583	0.571	0.667	0.700	0.643
	325	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	331	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	333	0.068	0.059	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000
	337	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	341	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	345	0.068	0.029	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	347	0.000	0.088	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	349	0.000	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Ho		0.545	0.647	0.471	0.444	0.429	0.400	0.400	0.429
He		0.713	0.780	0.587	0.582	0.518	0.480	0.445	0.500

Cc22	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		27	18	19	20	17	17	18	11
Na		7	7	6	7	5	4	5	5
	221	0.019	0.028	0.000	0.050	0.000	0.000	0.028	0.000
	223	0.111	0.417	0.158	0.125	0.147	0.147	0.250	0.136
	227	0.111	0.139	0.184	0.175	0.059	0.294	0.167	0.364
	229	0.556	0.306	0.526	0.325	0.618	0.500	0.528	0.409
	231	0.019	0.028	0.053	0.025	0.059	0.000	0.000	0.045
	233	0.093	0.028	0.026	0.275	0.118	0.059	0.000	0.045
	235	0.093	0.056	0.053	0.025	0.000	0.000	0.028	0.000
Ho		0.667	0.667	0.737	0.750	0.706	0.647	0.667	1.000
He		0.649	0.708	0.658	0.769	0.576	0.638	0.630	0.678

Cc25	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		25	9	17	19	17	16	16	9
Na		6	5	6	5	5	4	6	5
	323	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	325	0.080	0.111	0.029	0.105	0.029	0.125	0.031	0.111
	327	0.320	0.222	0.353	0.421	0.382	0.188	0.250	0.222
	329	0.020	0.333	0.059	0.079	0.029	0.063	0.063	0.111
	331	0.520	0.278	0.324	0.368	0.441	0.625	0.563	0.444
	333	0.000	0.000	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	335	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	337	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.000
	341	0.040	0.000	0.176	0.026	0.118	0.000	0.063	0.111
Ho		0.480	0.333	0.412	0.368	0.647	0.250	0.438	0.444
He		0.618	0.747	0.732	0.669	0.644	0.555	0.611	0.716

Cc28	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		27	18	19	21	17	18	18	12
Na		4	3	5	5	5	5	4	5
	190	0.333	0.361	0.342	0.381	0.294	0.111	0.139	0.083
	192	0.222	0.250	0.289	0.143	0.265	0.361	0.333	0.250
	194	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.083
	196	0.000	0.000	0.000	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000
	208	0.093	0.000	0.079	0.119	0.088	0.167	0.139	0.250
	210	0.352	0.389	0.263	0.333	0.324	0.333	0.389	0.333
	212	0.000	0.000	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000
	214	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Ho		0.556	0.722	0.737	0.762	0.706	0.722	0.889	0.667
He		0.707	0.656	0.723	0.709	0.730	0.718	0.699	0.750

Cc30	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		27	17	17	19	16	17	16	11
Na		7	5	5	7	5	4	5	3
	161	0.130	0.176	0.029	0.079	0.000	0.000	0.031	0.000
	165	0.074	0.029	0.000	0.000	0.063	0.000	0.031	0.000
	169	0.000	0.000	0.000	0.053	0.000	0.000	0.000	0.000
	171	0.204	0.294	0.353	0.263	0.313	0.382	0.188	0.318
	173	0.037	0.000	0.000	0.026	0.125	0.059	0.000	0.045
	175	0.259	0.265	0.118	0.263	0.250	0.118	0.094	0.000
	179	0.000	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000
	181	0.278	0.235	0.471	0.289	0.250	0.441	0.656	0.636
	183	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	185	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Ho		0.741	0.529	0.588	0.632	0.813	0.706	0.500	0.273
He		0.790	0.756	0.638	0.767	0.758	0.642	0.523	0.492

Cc117	Allele	LIB	ISR	LEB	CYP	WTU	CRE	LAK	ZAK
N		27	19	19	18	13	18	17	13
Na		8	7	7	9	7	8	6	6
	228	0.093	0.000	0.000	0.028	0.077	0.111	0.000	0.115
	230	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	232	0.463	0.395	0.395	0.361	0.500	0.444	0.441	0.500
	234	0.130	0.105	0.053	0.111	0.077	0.083	0.029	0.077
	236	0.056	0.026	0.053	0.056	0.038	0.028	0.059	0.115
	238	0.130	0.211	0.211	0.167	0.077	0.111	0.235	0.038
	240	0.019	0.000	0.000	0.000	0.038	0.028	0.000	0.000
	244	0.074	0.211	0.237	0.167	0.192	0.139	0.206	0.154
	246	0.037	0.000	0.026	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000
	248	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000
	250	0.000	0.026	0.026	0.028	0.000	0.056	0.029	0.000
Ho		0.778	0.789	0.789	0.833	0.615	0.778	0.647	0.538
He		0.733	0.742	0.737	0.793	0.692	0.747	0.702	0.692

Table S3. Probability (P) of detecting a bottleneck in *Caretta caretta* localities with a Wilcoxon sign-rank test under the two-phase mutation model. Locations acronyms are as in Fig. 1. Mean number of chromosomes per nesting ground (N), mean number of alleles (Na) and expected heterozygosity (He).

Location	N	Na	He	P
LIB	51.3	6.6	0.674	0.300
ISR	32.1	6.3	0.705	0.262
LEB	34.1	6.2	0.689	0.281
CYP	39.5	6.2	0.686	0.032
TUR	31.3	4.7	0.640	0.047
CRE	32.9	5.3	0.643	0.138
LAK	32.1	5.1	0.616	0.360
ZAK	21.5	4.6	0.629	0.213

Table S4. F_{ST} values between rookeries analysed in Carreras et al. (2007) and in this study with different number of microsatellite loci and similar number of sampled individuals. Location acronyms are as in Fig. 1.

F_{ST} values	7 loci (Carreras <i>et al.</i> 2007)	14 loci (this study)
LAK-CRE	-0.002	-0.002
LAK-WTU	0.004	0.014
LAK-ISR	0.015	0.039
CRE-WTU	0.011	0.011
CRE-ISR	0.007	0.026
WTU-ISR	0.015	0.028

In bold significant values after FDR correction for a threshold of $\alpha = 0.05$

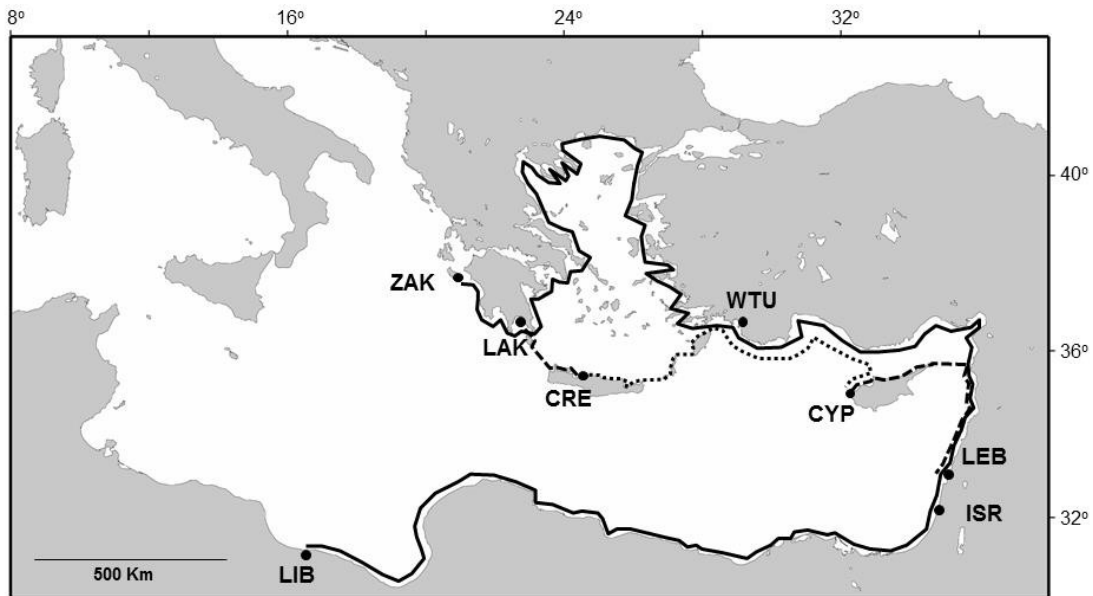


Fig. S1. Coastal distances estimated between sampled nesting grounds. Pairwise distances between all nesting grounds present at mainland were estimated using the continuous line following the coastline. For nesting grounds located in islands (dotted lines) distances were estimated following the main currents and the dispersal behaviour of adults. Distances in-between islands and between islands and the mainland were estimated from the closest point possible.

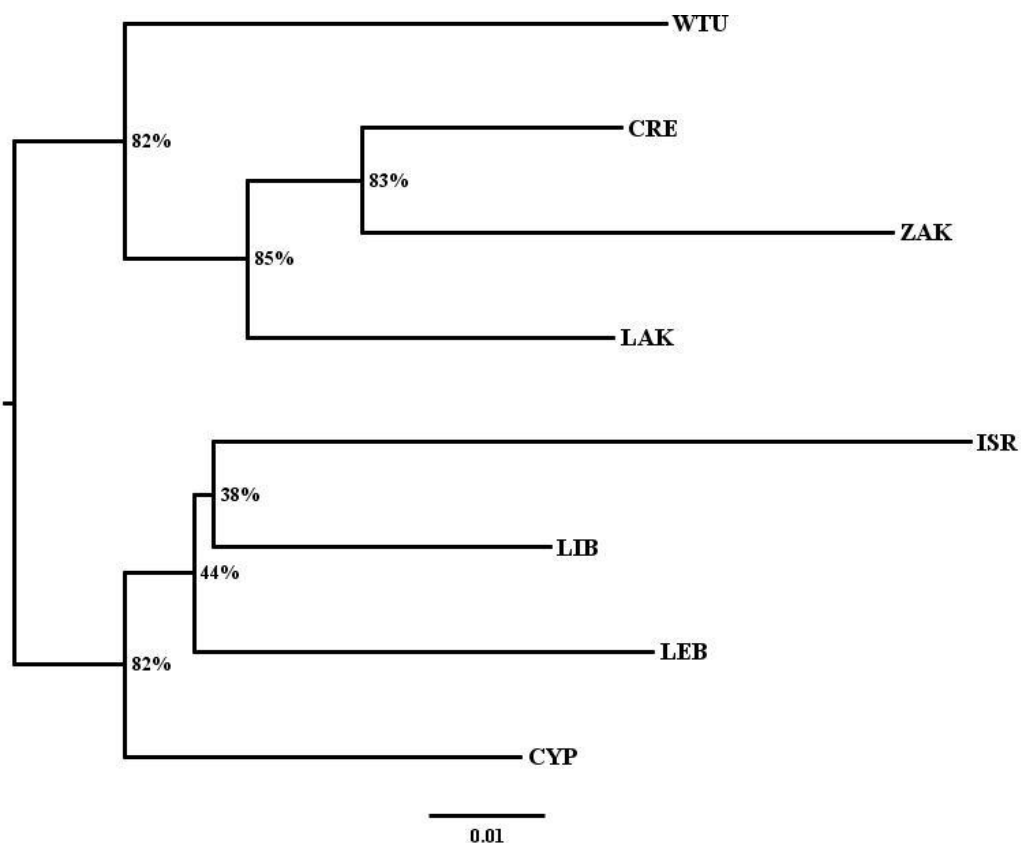


Fig. S2. Neighbour-joining tree representing the evolutionary relationships among populations based on DA distance. Node bootstrap values assessed with 1000 replicates. Location acronyms are as in Fig. 1.

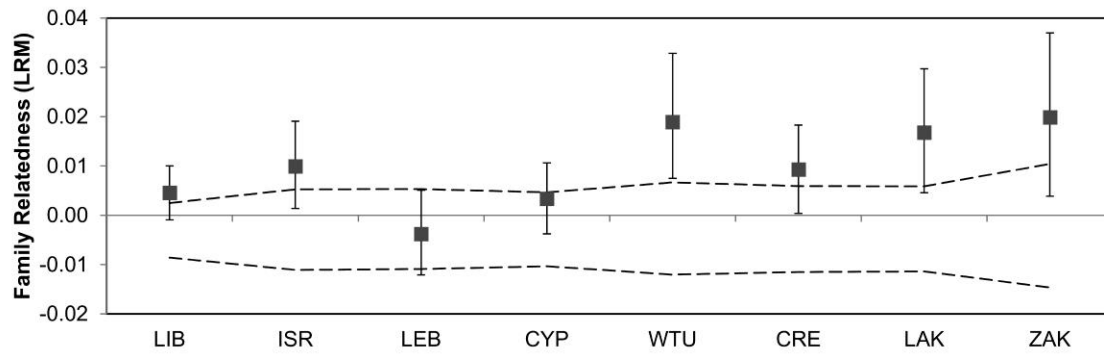


Fig. S3. Pairwise relatedness within each sampled nesting area for the loggerhead turtle in the Mediterranean Sea. Location acronyms are as in Fig. 1.