

Supplementary data

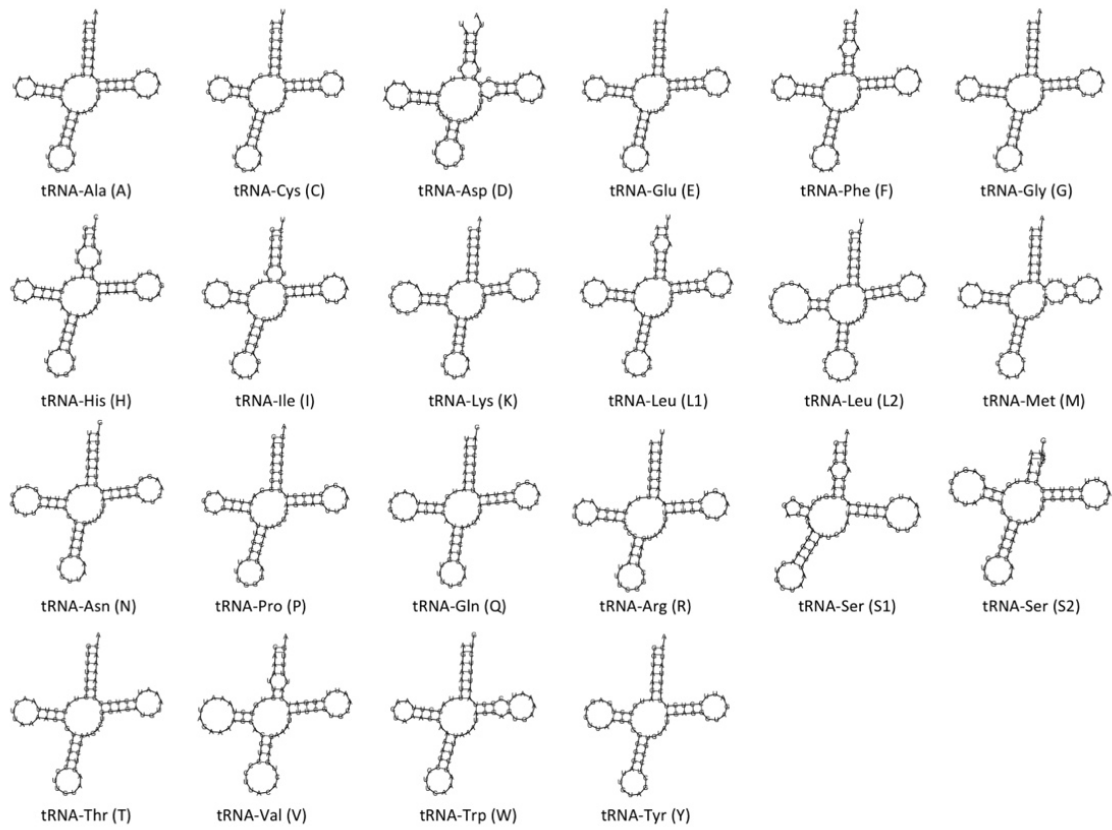


Figure S1 Putative secondary structure of the predicted 22 tRNAs based on the *S. stellaris* mitogenome sequence

<i>S. canicula</i>					<i>S. stellaris</i> vs. <i>S. canicula</i> changes									
Gene lenght	Codon			AA	nucleotide position				ts	tv	synon	nonsynon	n. AA change	% AA change
	Start	Stop	AA		1st	2nd	3rd	overall						
COI	1554	GTG	TAA	517	10	3	93	106	84	22	98	8	6	1.16
COII	699	ATG	AGA	232	8	4	41	53	36	17	42	11	11	4.74
COIII	786	ATG	TAA	261	2	1	26	29	22	7	27	2	2	0.77
cytB	1144	ATG	T	381	18	5	68	91	75	16	74	17	17	4.46
ATP6	684	ATG	TAA	227	7	0	28	35	28	7	31	4	4	1.76
ATP8	168	ATG	TAA	55	2	1	7	10	9	1	6	4	4	7.27
ND1	975	ATG	TAA	324	16	4	68	88	72	16	79	9	8	2.47
ND2	1047	ATG	TAA	348	12	1	59	72	63	9	67	5	5	1.44
ND3	351	ATG	TAA	116	2	0	13	15	10	5	12	3	3	2.59
ND4	1381	ATG	T	460	18	8	73	99	82	17	80	19	17	3.70
ND4L	297	ATG	TAA	98	3	1	14	18	17	1	17	1	1	1.02
ND5	1830	ATG	TAA	609	22	6	99	127	109	18	108	18	16	2.63
ND6	522	ATG	TAG	173	5	5	40	50	45	5	39	9	6	3.47

<i>S. torazame</i>					<i>S. stellaris</i> vs. <i>S. torazame</i> changes									
Gene lenght	Codon			AA	nucleotide position				ts	tv	synon	nonsynon	n. AA change	% AA change
	Start	Stop	AA		1st	2nd	3rd	overall						
COI	1554	GTG	TAA	517	26	1	162	189	143	46	180	9	7	1.35
COII	699	ATG	AGA	232	10	4	54	68	44	24	55	12	12	5.17
COIII	786	ATG	TAA	261	7	3	60	70	48	22	63	7	7	2.68
cytB	1146	ATG	TAG	381	40	10	123	173	125	48	130	43	35	9.19
ATP6	684	ATG	TAA	227	23	3	58	84	62	22	69	15	13	5.73
ATP8	168	ATG	TAA	55	8	2	14	24	20	4	16	8	6	10.91
ND1	975	ATG	TAA	324	18	2	106	126	87	39	111	15	13	4.01
ND2	1047	ATG	TAA	348	40	7	110	157	109	48	123	34	26	7.47
ND3	351	ATG	TAA	116	8	5	33	46	36	10	33	13	12	10.34
ND4	1381	ATG	T	460	38	16	136	190	141	49	142	48	41	8.91
ND4L	297	ATG	TAA	98	7	1	34	42	32	10	39	3	3	3.06
ND5	1830	ATG	TAA	609	45	14	190	249	188	61	196	52	41	6.73
ND6	522	ATG	TAA	173	12	12	67	91	63	28	66	24	18	10.40

<i>P. pantherinum</i>					<i>S. stellaris</i> vs. <i>P. pantherinum</i> changes									
Gene lenght	Codon			AA	nucleotide position				ts	tv	synon	nonsynon	n. AA change	% AA change
	Start	Stop	AA		1st	2nd	3rd	overall						
COI	1554	GTG	TAA	517	17	1	154	172	137	35	165	7	6	1.16
COII	699	ATG	AGA	232	10	4	53	67	48	19	55	12	12	5.17
COIII	786	ATG	TAA	261	4	2	54	60	49	11	57	3	3	1.15
cytB	1144	ATG	T	381	30	4	103	137	107	30	110	27	23	6.04
ATP6	684	ATG	TAA	227	19	2	49	70	56	14	60	10	8	3.52
ATP8	168	ATG	TAA	55	4	2	11	17	15	2	10	7	7	12.73
ND1	975	ATG	TAA	324	16	2	93	111	88	23	101	10	10	3.09
ND2	1047	ATG	TAA	348	28	9	92	129	108	21	105	24	21	6.03
ND3	351	ATG	TAA	116	4	1	25	30	28	2	26	4	4	3.45
ND4	1381	ATG	T	460	40	9	115	164	133	31	126	38	34	7.39
ND4L	297	ATG	TAA	98	3	4	28	35	28	7	29	6	5	5.10
ND5	1830	ATG	TAA	609	39	18	165	222	193	29	180	41	39	6.40
ND6	519	ATG	TAA	172	11	11	42	64	48	16	42	22	19	11.05

<i>C. umbratile</i>					<i>S. stellaris</i> vs. <i>C. umbratile</i> changes									
Gene lenght	Codon			AA	nucleotide position				ts	tv	synon	nonsynon	n. AA change	% AA change
	Start	Stop	AA		1st	2nd	3rd	overall						
COI	1554	GTG	TAA	517	23	1	147	171	135	36	164	7	6	1.16
COII	699	ATG	AGA	232	14	4	55	73	48	25	59	14	13	5.60
COIII	786	ATG	TAA	261	8	1	54	63	44	19	59	4	5	1.92
cytB	1146	ATG	TAG	381	29	8	129	166	124	42	136	30	27	7.09
ATP6	684	ATG	TAA	227	17	2	56	75	54	21	64	11	9	3.96
ATP8	168	ATG	TAA	55	8	2	14	24	19	5	16	8	5	9.09
ND1	975	ATG	TAA	324	21	2	95	118	88	30	105	13	11	3.40
ND2	1047	ATG	TAA	348	38	3	94	135	93	42	112	23	19	5.46
ND3	351	ATG	TAA	116	9	5	26	40	35	5	29	11	10	8.62
ND4	1381	ATG	T	460	48	12	128	188	146	42	139	49	42	9.13
ND4L	297	ATG	TAA	98	6	1	32	39	30	9	34	5	4	4.08
ND5	1830	ATG	TAA	609	40	14	185	239	183	56	192	46	37	6.08
ND6	522	ATG	TAA	173	16	11	58	85	63	22	56	27	23	13.29

<i>C. fasciatum</i>					<i>S. stellaris</i> vs. <i>C. fasciatum</i> changes									
Gene lenght	Codon			AA	nucleotide position				ts	tv	synon	nonsynon	n. AA change	% AA change
	Start	Stop	AA		1st	2nd	3rd	overall						
COI	1554	GTG	TAA	517	18	1	151	170	136	34	164	6	11	2.13
COII	699	ATG	AGA	232	14	4	60	78	55	23	65	13	13	5.60
COIII	786	ATG	TAA	261	8	2	59	69	52	17	66	3	3	1.15
cytB	1147	ATG	TAG	381	29	6	124	159	123	36	133	26	24	6.30
ATP6	684	ATG	TAA	227	21	1	61	83	60	23	73	10	8	3.52
ATP8	168	ATG	TAA	55	8	2	14	24	22	2	16	8	5	9.09
ND1	975	ATG	TAA	324	21	1	91	113	86	27	103	10	10	3.09
ND2	1047	ATG	TAA	348	39	10	104	153	110	43	119	34	30	8.62
ND3	351	ATG	TAA	116	9	5	25	39	34	5	28	11	11	9.48
ND4	1381	ATG	T	460	43	13	152	208	169	39	166	42	42	9.13
ND4L	297	ATG	TAA	98	5	1	35	41	32	9	37	4	4	4.08
ND5	1830	ATG	TAA	609	50	11	179	240	187	53	191	48	39	6.40
ND6	522	ATG	TAA	173	11	8	53	72	54	18	51	20	16	9.25

Table S1 Nucleotide substitutions and Amino acid changes in Scyliorhininae species versus *S. stellaris*

Carcharhinus_acronotus	0.0864	
Carcharhinus_amblyrhynchoides	0.0831 0.0888	
Carcharhinus_amblohenis	0.0790 0.0870 0.0850	
Carcharhinus_falciformis	0.0700 0.0795 0.0758 0.0696	
Carcharhinus_obscurus	0.0895 0.0804 0.0930 0.0901 0.0857	
Carcharhinus_melanopterus	0.0827 0.0879 0.0868 0.0812 0.0689 0.0961	
Carcharhinus_sorrah	0.1436 0.1448 0.1383 0.1421 0.1399 0.1462 0.1412	
Eusphyras_blochii	0.1513 0.1505 0.1492 0.1502 0.1442 0.1530 0.1570 0.1606	
Galeus_melastomus	0.2032 0.1979 0.2021 0.2011 0.2030 0.2033 0.2023 0.2098 0.2027	
Glyphis_gangeticus	0.1208 0.1170 0.1186 0.1177 0.1097 0.1225 0.1145 0.1516 0.1635 0.2131	
Halaehurus_buengeri	0.2201 0.2191 0.2149 0.2230 0.2230 0.2162 0.2185 0.2298 0.2337 0.2065 0.2343	
Hemigaleus_microstoma	0.1731 0.1680 0.1671 0.1723 0.1721 0.1717 0.1709 0.1747 0.1889 0.2248 0.1754 0.2352	
Lamiopsis_tephrodes	0.1172 0.1222 0.1154 0.1181 0.1143 0.1273 0.1170 0.1478 0.1647 0.2144 0.0911 0.2332 0.1774	
Loxodon_macrorhinus	0.1393 0.1436 0.1430 0.1430 0.1412 0.1443 0.1410 0.1522 0.1705 0.2033 0.1535 0.2267 0.1743 0.1472	
Mustelus_mustelus	0.1579 0.1556 0.1629 0.1542 0.1537 0.1586 0.1506 0.1616 0.1640 0.1841 0.1668 0.2186 0.1720 0.1659 0.1570	
Prionace_glaucia	0.0939 0.1010 0.1006 0.0778 0.0868 0.1044 0.0988 0.1507 0.1596 0.1985 0.1325 0.2223 0.1746 0.1324 0.1565 0.1635	
Proscyllium_haberei	0.1813 0.1764 0.1816 0.1815 0.1754 0.1793 0.1789 0.1894 0.1909 0.1787 0.1914 0.2136 0.2027 0.1904 0.1807 0.1655 0.1851	
Scoliodon_laticaudus	0.1764 0.1753 0.1755 0.1819 0.1770 0.1796 0.1746 0.1822 0.1834 0.2082 0.1849 0.2295 0.2052 0.1810 0.1596 0.1858 0.1827 0.1920	
Sphyrna_lewini	0.1393 0.1407 0.1426 0.1380 0.1396 0.1413 0.1416 0.1190 0.1705 0.2139 0.1455 0.2234 0.1733 0.1479 0.1513 0.1703 0.1491 0.1899 0.1862	
Triaenodon_obesus	0.0832 0.0965 0.0883 0.0897 0.0795 0.1002 0.0897 0.1511 0.1630 0.2085 0.1253 0.2302 0.1737 0.1266 0.1500 0.1629 0.1072 0.1843 0.1826 0.1459	
Poroderma_pantherinum	0.2197 0.2228 0.2251 0.2247 0.2208 0.2186 0.2180 0.2208 0.2276 0.2147 0.2245 0.2378 0.2335 0.2287 0.2156 0.2146 0.2224 0.2047 0.2237 0.2192 0.2211	
Scyliorhinus_torazame	0.2205 0.2257 0.2286 0.2281 0.2201 0.2268 0.2212 0.2268 0.2319 0.2170 0.2318 0.2412 0.2364 0.2255 0.2216 0.2153 0.2226 0.2072 0.2314 0.2301 0.2265 0.1270	
Scyliorhinus_stellaris	0.2372 0.2376 0.2414 0.2427 0.2397 0.2355 0.2374 0.2423 0.2468 0.2318 0.2452 0.2446 0.2540 0.2426 0.2355 0.2287 0.2347 0.2126 0.2423 0.2486 0.2396 0.1571 0.1484	
Cephaloscyllium_fasciatum	0.2282 0.2263 0.2266 0.2268 0.2247 0.2229 0.2246 0.2314 0.2389 0.2225 0.2312 0.2397 0.2433 0.2360 0.2320 0.2183 0.2253 0.2085 0.2378 0.2371 0.2290 0.1491 0.1432 0.1266 0.1439	
Cephaloscyllium_umbratile	0.2234 0.2191 0.2172 0.2253 0.2223 0.2195 0.2217 0.2224 0.2306 0.2179 0.2264 0.2399 0.2388 0.2240 0.2248 0.2225 0.2289 0.2052 0.2304 0.2342 0.2226 0.1500 0.1426 0.1348 0.1402 0.1119	
Isurus_oxynchusOutgroup	0.2602 0.2580 0.2632 0.2588 0.2608 0.2592 0.2642 0.2535 0.2706 0.2784 0.2526 0.2836 0.2636 0.2634 0.2589 0.2605 0.2653 0.2663 0.2770 0.2509 0.2552 0.2576 0.2672 0.2791 0.2676 0.2724 0.2736	

Table S2 Pairwise genetic distance among Carchariniformes species

Forward	5'-3'	Reverse	5'-3'
ARN16S1	CCTCGCCTGTTTACCAAAAACATCGCCTC	ARN12Sec4	GCGGTGGCTGGCAGAGTTTTACC
Scy16sec1	CCTAGGGATAACAGCGCAAT	Scy12Ssec2	TCTTTCCACTTCATTGCTACACCT
ScyND2sec1	CCCCAGGCCCCATTAATATAGCATC	ARN12S2	TGCACCTTCCAGTACACTTACCATGTTACGAC
ScyCOIsec1	TCCTGTCCTTGCGAGCCGGAA	ARN16S2	TAATAGCGGCTGCACCATTAGGATGTCCTG
ScyCOIsecF	CATAGTTGTACCCATAGAATCCCT	ScyND2sec2	CACCTGAAGTCCAAGCGTT
ScyFor1	AAACTATCAGCTTATTTATTCGACCAT	ScyCOIsec2	ACCTAAAAGTGAACCCGGCTGACC
ScyFor3	CTTTGAAGCTGCCGATGATACTGAC	ScyCOIsec2	TGCCATTAAAAATAAGATACGGGAG
ScyFor5	AATCAACAGAACGCCTAAATGCAG	ScyRew2	GCGATTAATTGTATAAGAAGGTGACCA
ScyFor7	CTTAACCTTCTTACACACGAGA	ScyRew4	TGAGCCTCATCAATAAATAGACACA
ScyFor11	GACCTCAAGACAACCCACGAGT	ScyRew6	TACAAGGGTATTTAACTAGGAAGGCAAT
ScyFor13	TTTCCAACCATTTAATTCCTCAACACC	ScyRew8	AATGGATCAGGTAACATAAAGGGCAAC
ScyCytb1	TTCTACCTTGAGGCCAATATCCTTC	ScyRew12	AATCCTTCTCCTTATTATGCGGCTT
ScyPro1	AATTCTGCCTAACTGCCCTCT	Scycytb2	ATGGTTGTTCTACTGGTTGTCCTCAA
ScyDloop3F	GGTACACCCAAATCTTTAGTGCAT	ScyDloop4R	ATGTATATATTAAGGTATGTGGGCTATGTCA
		ScyDloop2R	AAAATAATATATGTGCGCCCTCGTT

TableS3 Primers for *S. stellaris* mitogenome amplifications