

# RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)  
autor(a), o texto completo desta tese  
será disponibilizado somente a partir  
de 23/02/2020.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”**

**INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS – CAMPUS DE BOTUCATU**

**PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS, A/C ZOOLOGIA**

**DOUTORADO**

**“Estrutura genética populacional do camarão  
rosa *Farfantepenaeus paulensis* (Pérez-Farfante, 1967) nas  
costas sul e sudeste brasileira”**

**Sarah de Souza Alves Teodoro**

Orientador: Prof. Dr. Rogério Caetano da Costa

Co-orientador: Prof. Dr. Luiz Felipe Cestari Dumont

**Botucatu**

**2018**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”**

**INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS – CAMPUS DE BOTUCATU**

**PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS, A/C ZOOLOGIA**

**DOUTORADO**

**“Estrutura genética populacional do camarão  
rosa *Farfantepenaeus paulensis* (Pérez-Farfante, 1967) nas  
costas sul e sudeste brasileira”**

**Sarah de Souza Alves Teodoro**

Orientador: Prof. Dr. Rogério Caetano da Costa

Co-orientador: Prof. Dr. Luiz Felipe Cestari Dumont

Tese apresentada ao curso de pós-graduação do Instituto de Biociências da Universidade Estadual Paulista – UNESP – Campus de Botucatu, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Ciências Biológicas – Área de Concentração: Zoologia

**Botucatu**

**2018**

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

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSANGELA APARECIDA LOBO-CRB 8/7500

Teodoro, Sarah de Souza Alves.

Estrutura genética populacional do camarão rosa  
*Farfantepenaeus paulensis* (Pérez-Farfante, 1967) nas costas  
sul e sudeste brasileira / Sarah de Souza Alves Teodoro. -  
Botucatu, 2018

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio  
de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de Botucatu  
Orientador: Rogério Caetano da Costa  
Coorientador: Luiz Felipe Cestari Dumont  
Capes: 20204000

1. Variação genética. 2. DNA Mitocondrial. 3. Análise  
demográfica. 4. Genética de populações. 5. Camarão rosa.

Palavras-chave: Região Controle do mtDNA; análises demográficas;  
diversidade genética; estrutura genética; monitoramento genético.

**Dedico essa tese a todas as mulheres  
que ajudaram a torná-la possível.**

***O mar dos meus olhos***

Há mulheres que trazem o mar nos olhos  
Não pela cor  
Mas pela vastidão da alma

E trazem a poesia nos dedos e nos sorrisos  
Ficam para além do tempo  
Como se a maré nunca as levasse  
Da praia onde foram felizes

Há mulheres que trazem o mar nos olhos  
pela grandeza da imensidão da alma  
pelo infinito modo como abarcam as coisas e os homens...  
Há mulheres que são maré em noites de tardes...  
e calma

***Sophia de Mello Breyner Andresen***  
*(Porto, 6/11/1919 – Lisboa, 2/7/2004)*

Ao CNPQ (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), pela Bolsa Produtividade PQ2 (#304784/2011-7) e pela bolsa de doutorado-sanduíche no país – SWP (CNPq # 312448/2015-5).

À CAPES (Comissão de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior) pela bolsa de estudos concedida para a realização desta tese.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelos recursos financeiros concedidos para o projeto Temático BIOTA (Proc. 2010/50188-8) "Crustáceos Decápodes: multidisciplinaridade na caracterização da biodiversidade marinha do Estado de São Paulo (taxonomia, espermiotaxonomia, biologia molecular e dinâmica populacional)", cujo suporte financeiro possibilitou parte das análises realizadas nesse projeto.

Agradeço ao Prof. Dr. Rogério Caetano da Costa por todo o tempo de convivência e aprendizado; por orientar toda a minha carreira científica, desde meu primeiro ano de graduação. Obrigada pela confiança em se aventurar nas moleculares, pelas condições oferecidas para a realização desta tese e por todas as sugestões. Assim fica o compromisso de retribuir tudo o que fez e continua fazendo por mim.

Ao Prof. Dr. Luiz Felipe Cestari Dumont, por aceitar me co-orientar e por todo o aprendizado adquirido nesses dois anos. Obrigada pela paciência, confiança e incentivo, pelas condições oferecidas para a realização desta tese e por todas as contribuições científicas. Fica também o compromisso de retribuir tudo o que fez e continua fazendo por mim.

Ao ministério do Meio Ambiente - IBAMA - (Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais e Renováveis) por conceder a licença para coletar o material biológico nas áreas estudadas.

Ao curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas; ao Departamento de Zoologia; Instituto de Biociências de Botucatu (IBB – UNESP); e Instituto de

Oceanografia Biológica - FURG, pelas facilidades oferecidas durante a realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Fernando Luís Mantelatto, curador da Coleção de Crustáceos do Departamento de Biologia da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo (CCDB/FFCLRP/USP); e ao Prof. Dr. Marcos Tavares, curador da Coleção de Crustáceos do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (USP), pelo empréstimo de exemplares utilizados nesse trabalho.

Aos pescadores que auxiliaram na coleta dos espécimes utilizados nesse trabalho, não apenas por realizarem com muita competência e profissionalismo o trabalho amostral, mas também pela amizade e inúmeros ensinamentos sobre a vida no mar.

À minha mentora na execução desse trabalho, Dra. Maria Cristina Flores (Cris), por toda a paciência, ajuda e incentivo, sempre pensando junto comigo soluções para todos os muitos problemas encontrados ao longo desse caminho. Suas sugestões e abraços foram essenciais para a execução e amadurecimento dessa tese. Agradeço por me ajudar desde o começo, inclusive a enfrentar o frio de Rio Grande! Serei eternamente grata a toda ajuda e a tudo que você fez por mim.

Ao todos os amigos do Laboratório de Crustáceos Decápodes e Laboratório de Ecologia Molecular Marinha. Obrigada por me acolherem tão bem e com tanto amor. Pela paciência com minhas saredas, pela amizade, pelos cafezinhos e almoços, sempre tão felizes. Obrigada pelos valiosos conselhos científicos e discussões sobre os resultados deste trabalho. Vocês foram essenciais nessa jornada!

Aos companheiros de “cebolatório”, o famoso LABCAM, cuja ajuda de sempre também vai muito além do científico: João (Nelito), Daphine, Gabriel (Woody), Thiago (Chuck Norris), Ana Paula, Regis (Tesouro), Abner, Sabrina, Julia, Josiane, Emerson, (Cotia), Dalila, Lizandra, Ícaro, Natalia, Fernanda e Isabela, pela amizade, convivência e a ajuda científica.



Ao amigo Dr. Marcos Rodrigues, pelas contribuições científicas e chimarrões, e por ter compartilhado as amostras provenientes do Rio Grande do Sul utilizados nesse estudo. Sua ajuda e contribuições acerca dos camarões-rosa foram muito valiosas para a execução deste trabalho.

Aos amigos Lucas e Luciana, pela confecção das figuras apresentadas nessa tese. Ao Will, por ter auxiliado na obtenção dos exemplares do Rio de Janeiro utilizados nesse estudo.

Ao pessoal de Botucatu, que sempre me abrigou de forma tão amiga durante o período de disciplinas e atividades da pós-graduação, Mari, Dino, Milena; a todo o pessoal do NEBECC, sempre nos acolhendo com um bom cafezinho. Ao pessoal de São Vicente que também me acolheu em disciplinas, Pri e Marcelo, sempre rendendo momentos divertidos.

Aos meus amigos Elzos, família que escolhi, que me acompanha, incentiva e me dá força pra vida. A todos os amigos que me acolherem e me ajudaram a levantar quando caí nos buracos da vida, me dando apoio para seguir em frente.

A todos da minha família, que sempre me apoiaram e se orgulham de mim de uma maneira essencial para continuar trilhando meu caminho.

Ao Coelho, meu namorado, por sempre me apoiar e me incentivar, por ser tão companheiro em uma fase tão intensa e difícil como essa. E à sua família, que me acolheu como filha, confortando meu coração e me apoiando sempre.

E por fim, aos meus pais, Cleusa e Bira, e irmãs, Bárbara e Marina, por estarem sempre ao meu lado e acreditarem no meu sonho de cientista. Vocês fazem parte disso e o nosso amor me dá força!

Obrigada a todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização dessa tese.

---

Lista de Figuras .....	9
Lista de Tabelas .....	11
<b>RESUMO .....</b>	<b>13</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>14</b>
<b>INTRODUÇÃO GERAL .....</b>	<b>15</b>
<b>OBJETIVO GERAL .....</b>	<b>21</b>
Objetivos específicos .....	21
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>22</b>

**CAPÍTULO 1: “Estudo da estrutura populacional e do fluxo gênico de *F. paulensis* na costa sul-sudeste do Brasil, inferidos a partir da região controle do mtDNA”**

1.1 INTRODUÇÃO .....	30
1.2 OBJETIVOS .....	33
1.3 MATERIAL E MÉTODOS .....	34
1.3.1 Amostragem .....	34
1.3.2 Análises Moleculares .....	35
1.4 RESULTADOS .....	40
1.4.1 Identificação dos espécimes .....	40
1.4.2 mtDNA: diversidade e estruturação genética .....	41
1.5 DISCUSSÃO .....	49
1.5.1 Identificação de espécies exploradas .....	49
1.5.2 mtDNA: Estudo populacional de <i>F. paulensis</i> .....	50
1.6 REFERÊNCIAS .....	62

---

**CAPÍTULO 2: “Contribuição da Região Controle do mtDNA (D-loop) no monitoramento genético de *F. paulensis* (Pérez-Farfante, 1967)”**

2.1 INTRODUÇÃO .....	74
2.2 OBJETIVOS .....	78
2.3 MATERIAL E MÉTODOS .....	79
2.3.1 Amostragem .....	79
2.3.2 Análises moleculares .....	80
2.4 RESULTADOS .....	85
2.5 DISCUSSÃO .....	91
2.5.1 Preservação de exemplares para fins científicos .....	91
2.5.2 Análise do mtDNA: passado e presente .....	93
2.6 REFERÊNCIAS .....	101
<b>3. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>112</b>

- 
- Figura 1.1.** *Farfantepenaeus paulensis*. Localidades amostradas na costa sul-sudeste do Brasil. GUA = Baía de Guanabara - RJ; UBA = Ubatuba - SP; SAN = Santos - SP; ITA = Itajaí - SC; LAG= Laguna - SC; LPX= Lagoa do Peixe - RS; LPA = Lagoa dos Patos – RS. ....34
- Figura 1.2.** *Farfantepenaeus paulensis*. Rede de haplótipos construída pelo método *Median-Joining*, indicando a distribuição dos haplótipos (N=99) dos 109 indivíduos provenientes das localidades amostradas. O tamanho do círculo é proporcional à frequência do haplótipo. Os pequenos círculos pretos representam os vetores médios. Os traços pretos representam passos mutacionais. RJ: Rio de Janeiro; SP: São Paulo; SC: Santa Catarina; RS: Rio Grande do Sul. ....43
- Figura 1.3.** *Farfantepenaeus paulensis*. Taxas de migração estimadas para as populações amostradas, dadas pelo número efetivo de migrantes. As flechas indicam apenas a direção das migrações, não a localização exata das rotas migratórias. RJ: Rio de Janeiro; SP: São Paulo; SC: Santa Catarina; RS: Rio Grande do Sul. ....46
- Figura 1.4.** *Farfantepenaeus paulensis*. Distribuições *pairwise mismatch* baseadas na região controle do mtDNA, com modelo simulado de expansão recente; resultados dos testes de Tajima's D e Fu's Fs e respectivos p-valores para cada região amostrada.....48
- Figura 2.1.** *Farfantepenaeus paulensis*. Procedência das amostras utilizadas, ambas na costa do Rio Grande do Sul, Brasil. TRA: Tramandaí, "passado" (1990); LPA: Lagoa dos Patos, "presente" (2012). ....79
- Figura 2.2.** *Farfantepenaeus paulensis*. Rede de haplótipos construída pelo método *Median-Joining*, indicando a distribuição dos haplótipos dos 42 indivíduos coletados no passado (1990; N=15; círculo branco) e presente (2012; N=27; círculo cinza). O tamanho do círculo é proporcional à frequência do haplótipo. Os pequenos círculos

---

pretos representam os vetores médios. Os traços pretos representam passos mutacionais. ....88

**Figura 2.3** *Farfantepenaeus paulensis*. Distribuições *pairwise mismatch* baseadas na região controle do mtDNA, com modelo simulado de expansão recente; resultados dos testes de Tajima's D e Fu's Fs e respectivos p-valores para cada época amostrada na costa do Rio Grande do Sul (RS), Brasil. ....90

- 
- Tabela 1.1.** Espécimes identificados como *Farfantepenaeus paulensis* amostrados para o presente estudo. CC<sub>min</sub>= comprimento mínimo da carapaça (mm); CC<sub>máx</sub>= comprimento máximo da carapaça (mm); RJ: Rio de Janeiro; SP: São Paulo; SC: Santa Catarina; RS: Rio Grande do Sul. ....40
- Tabela 1.2.** *Farfantepenaeus paulensis*. Valores de *Fst* (abaixo da diagonal, em cinza) e respectivos p-valores (acima da diagonal, em branco) encontrados para a região controle do mtDNA (D-loop) em cada localidade amostrada. ....41
- Tabela 1.3.** *Farfantepenaeus paulensis*. Diversidade genética da região controle do mtDNA (D-loop) nas 4 localidades amostradas ao longo de sua distribuição na costa sul-sudeste do Brasil. RJ = Rio de Janeiro; SP = São Paulo; SC = Santa Catarina; RS = Rio Grande do Sul; N = número de indivíduos utilizados nas análises; H = número de haplótipos encontrados; S = número de sítios polimórficos; h = diversidade haplotípica;  $\pi$  = diversidade nucleotídica; C = citosina; T: timina; A: adenina; G: guanina. ....42
- Tabela 1.4.** *Farfantepenaeus paulensis*. Resultados da análise de variância molecular (AMOVA), considerando os 4 estados amostrados (Rio de Janeiro, São Paulo, Santa Catarina e Rio Grande do Sul). ....44
- Tabela 1.5.** *Farfantepenaeus paulensis*. Valores de *Fst* através da distância pareada encontrados para a região controle do mtDNA (D-loop) entre as localidades amostradas. RJ = Rio de Janeiro; SP = São Paulo; SC = Santa Catarina; RS = Rio Grande do Sul. ....45
- Tabela 1.6.** *Farfantepenaeus paulensis*. Parâmetros para o modelo de expansão recente; testes *goodness-of-fit* das populações amostradas, baseados nos dados da região controle do mtDNA.  $\tau$  = tempo em anos desde a possível expansão

populacional mais recente; SSD = soma dos desvios quadrados; índice Raggedness; p-valores correspondentes. ....47

**Tabela 2.1.** *Farfantepenaeus paulensis*. Relação da quantidade de espécimes analisados na costa do Rio Grande do Sul (RS), Brasil.  $N_{seq}$ = N° de indivíduos cuja região controle do mtDNA (D-loop) foi sequenciada com sucesso;  $N_{ext}$ : N° de indivíduos cujo DNA foi extraído. ....85

**Tabela 2.2.** *Farfantepenaeus paulensis*. Tabela 2.2 *Farfantepenaeus paulensis*. Valores de *Fst* através da distância pareada (abaixo da diagonal, em branco) e p-valor (acima da diagonal, em cinza) encontrados para a Região Controle do mtDNA (D-loop) em cada época amostrada. PASSADO = 1990; PRESENTE = 2012. ....85

**Tabela 2.3.** *Farfantepenaeus paulensis*. Resultados da análise de variância molecular (AMOVA) encontrados para a região controle do mtDNA (D-loop), considerando passado (1990) e presente (2012) na costa do Rio Grande do Sul (RS), Brasil. ....86

**Tabela 2.4.** *Farfantepenaeus paulensis*. Diversidade genética da região controle do mtDNA (D-loop) nas duas épocas amostradas na costa sul do Rio Grande do Sul (RS), Brasil. N = número de indivíduos utilizados nas análises; H = número de haplótipos encontrados; S = número de sítios polimórficos; h = diversidade haplotípica;  $\pi$  = diversidade nucleotídica; C = citosina; T: timina; A: adenina; G: guanina. PASSADO = 1990; PRESENTE = 2012. ....86

**Tabela 2.5** *Farfantepenaeus paulensis*. Parâmetros para o modelo de expansão recente; testes *goodness-of-fit* das épocas amostradas, baseados nos dados da região controle do mtDNA.  $\tau$  = tempo em anos desde a possível expansão populacional mais recente; SSD = soma dos desvios quadrados; índice Raggedness; p-valores correspondentes. PASSADO = 1990; PRESENTE = 2012 .....89

O camarão-rosa *Farfantepenaeus paulensis* é um dos mais importantes recursos pesqueiros da costa sul-sudeste do Brasil. Os principais fundos de pesca da espécie incluem dois estoques reprodutivos principais, localizados nas costas dos estados de Santa Catarina e São Paulo. A espécie apresenta ciclo de vida do tipo II, com uma fase reprodutiva no ambiente marinho e recrutamento juvenil em áreas estuarinas e baías. O conhecimento sobre o fluxo gênico entre estoques é a base de todo o ordenamento pesqueiro, uma vez que unidades genéticas podem apresentar características particulares e, normalmente, necessitam de estratégias específicas de manejo. Porém, há poucas informações que podem servir de subsídio para verificar se os diferentes estoques pesqueiros de *F. paulensis* também representam estoques genéticos distintos. O crescimento desordenado da frota industrial, o incremento da pesca artesanal nas áreas de criadouro, somado à pequena eficácia da legislação pesqueira, associados à ineficiência da fiscalização, levaram a um cenário de colapso da pescaria do camarão rosa no fim dos anos 90. Um melhor entendimento da estruturação genética das populações de *F. paulensis* é necessário, não somente pelo seu alto valor comercial e ecológico, mas também para permitir a implementação de medidas de manejo mais efetivas. Assim, o presente trabalho buscou avaliar a estruturação genética das populações do camarão rosa *F. paulensis* ao longo de sua distribuição no Atlântico Sul Ocidental, utilizando como marcador molecular a Região Controle do DNA mitocondrial (D-loop) (Capítulo 1). Adicionalmente, pretendeu-se comparar as diversidades genéticas da população de *F. paulensis* na costa do Rio Grande do Sul, antes (1990) e depois (2012) do colapso pesqueiro (Capítulo 2). Foi detectada uma alta conectividade e ausência de estruturação genética entre as quatro populações (RJ, SP, SC e RS) de *F. paulensis* analisadas. Não houve diferenças significativas entre as localidades amostradas, o que foi reforçado pelas análises de *Fst* e AMOVA. As estimativas para as taxas de migração encontradas indicaram alto fluxo gênico entre os estados, assim como a existência de haplótipos compartilhados entre mais de uma região. Todos os resultados são consistentes com uma população panmítica de *F. paulensis*, com alta diversidade haplotípica e intenso fluxo gênico. Esse cenário resulta de uma interação complexa de diversos fatores, que vão da história natural evolutiva da espécie ao efeito de um gargalo genético causado pela sobrepesca. A região controle do DNA mitocondrial (D-loop) mostrou-se uma ferramenta útil no auxílio ao monitoramento genético de peneídeos explorados pela pesca. A alta variabilidade do mtDNA permitiu detectar diferenças genéticas significativas entre as populações de *F. paulensis* amostradas na costa do Rio Grande do Sul em uma diferença temporal de apenas 22 anos de diferença. Adicionalmente, também discutiu-se a importância da correta identificação e da preservação dos indivíduos utilizados em análises genéticas. O conhecimento obtido sobre a diversidade e a estrutura genética de *F. paulensis*, assim como a influência da pesca na população, será fundamental como parte dos subsídios científicos necessários para a tomada de decisões sobre um manejo adequado para o camarão-rosa.

**Palavras-chave:** diversidade genética; Região Controle do mtDNA; estrutura genética; análises demográficas; monitoramento genético.



The pink shrimp *Farfantepenaeus paulensis* is one of the most important fishing resources on the south-southeast coast of Brazil. The fishing zone of the species includes two main reproductive stocks, located on the coasts of Santa Catarina and São Paulo states. The species exhibits the type II life cycle, with an offshore reproductive stage and a juvenile recruitment in bays and estuarine areas. Knowledge on the amount of gene flow between stocks is the basis of all fisheries management, since genetic units may have particular characteristics and usually require specific management strategies. However, there is little information to verify whether *F. paulensis*'s different fish stocks also represent different genetic stocks. The unrestricted growth of the industrial fleet, the increase in artisanal fishing in breeding areas, coupled with the low effectiveness of fisheries legislation and the inefficiency of inspection, led to a collapse of the pink shrimp fishery in the late 1990s. A better understanding of the genetic structuring of the populations of *F. paulensis* is necessary, not only for its high commercial and ecological value, but also to allow the implementation of more effective management measures. Thus, the present work aimed to assess the genetic structuring of the populations of the pink shrimp *F. paulensis* throughout its distribution in the Western South Atlantic, using as molecular marker the Control Region (D-loop) of the mitochondrial DNA (Chapter 1). In addition, the genetic diversity of the population from Rio Grande do Sul was compared before (1990) and after (2012) the fishing collapse (Chapter 2). High connectivity and absence of genetic structuring were detected between the four populations (RJ, SP, SC and RS) of *F. paulensis* analyzed. There were no significant differences between the sampled localities, which was evidenced by  $F_{st}$  and AMOVA analyzes. Estimates for the migration rates indicated high gene flow among the localities, as well as the existence of shared haplotypes among more than one region. All the results are consistent with a panmitic population of *F. paulensis*, with high haplotypic diversity and intense gene flow. This scenario results from a complex interaction of several factors, ranging from the natural evolutionary history of the species to the effect of a genetic bottleneck caused by overfishing. The control region (D-loop) of the mtDNA has proved to be a useful tool in the genetic monitoring of shrimp exploited by fishing. The high variability of mtDNA allowed detecting significant genetic differences between the populations of *F. paulensis* from Rio Grande do Sul in a time difference of only 22 years. Additionally, the importance of correct discrimination and preservation of the individuals used in genetic analysis was also discussed. The knowledge on the diversity and genetic structure of *F. paulensis*, as well as the influence of fishing on the population, will be fundamental part of the scientific basis necessary to a proper management of shrimp.

**Keywords:** genetic diversity; MtDNA Control Region; genetic structure; demographic analysis; genetic monitoring.

## INTRODUÇÃO GERAL

O camarão rosa *Farfantepenaeus paulensis* (Pérez-Farfante, 1967) (Crustacea, Decapoda) representa um dos recursos pesqueiros mais explorados nas regiões sul e sudeste brasileiras (BRASIL, 2011). No Atlântico Sul Ocidental, a espécie distribui-se desde o estado da Bahia (Brasil) até as águas costeiras de Buenos Aires (Argentina), sendo facilmente encontrada até 80m de profundidade (D'INCAO, 1995; COSTA et al., 2003). Indivíduos dessa espécie, assim como indivíduos de *F. brasiliensis* (Latreille, 1917), são conhecidos conjuntamente como “camarão rosa”, sem diferenciação morfológica entre as espécies em avaliações de estoques pesqueiros a partir de desembarques em entrepostos de portos (BRISSON, 1981; CHAGAS-SOARES et al., 1995). A pesca industrial de camarão-rosa (*F. brasiliensis* e *F. paulensis*) ocorre sobre dois estratos populacionais, com juvenis e pré-adultos sendo capturados em áreas estuarinas e lagunares (pesca artesanal) e adultos capturados em águas oceânicas (pesca industrial) (D'INCAO et al., 2002).

*Farfantepenaeus paulensis* possui um ciclo de vida do tipo II (D'INCAO, 1991; COSTA et al. 2008), que inclui uma desova na região interna da plataforma continental (50 m) e uma deriva das larvas, que realizam metamorfose enquanto se deslocam em direção a regiões costeiras, como estuários e baías. Nesses ambientes passam por uma fase de crescimento juvenil, finalmente retornando ao oceano para recrutar ao estoque adulto (DALL, 1990). A espécie é capturado predominantemente em águas frias mais próximas à costa; na região sul do Brasil, esta é a espécie dominante de camarão rosa, sendo a única presente na Lagoa dos Patos (maior laguna da América do Sul, localizada no estado do Rio Grande do Sul) (PAIVA, 1997).

Considerando que as estatísticas pesqueiras oficiais são obtidas sem a separação taxonômica das duas espécies (*F. brasiliensis* e *F. paulensis*), não se tem

conhecimento do volume total de *F. paulensis* pescado no país. Esta imprecisão de dados espécie-específicos dificulta avaliações sobre o grau de ameaça dessa espécie pela sobre-explotação. No Livro Vermelho dos Crustáceos do Brasil (PINHEIRO e BOOS, 2016), por exemplo, a espécie *F. paulensis* é categorizada como “dados insuficientes” no capítulo que avalia o estado de conservação dos camarões peneídeos (BOOS et al., 2016).

No final da década de 90 houve o colapso da pesca de camarão rosa no Brasil, com a captura total mais baixa (2008 toneladas) ocorrendo no ano de 1998 (D'INCAO et al., 2002). Com o colapso do estoque, para que a indústria pesqueira continuasse a se sustentar economicamente, a frota passou de mono para multiespecífica, explorando outras espécies de camarões (D'INCAO, 2002). Adicionalmente, ocorreram mudanças na legislação do defeso: a partir de 1996, o limite da abrangência foi alterado, cobrindo da costa do Espírito Santo à Foz do Arroio Chuí, no Rio Grande do Sul; a partir de 2002, passou a valer para todos os peneídeos explorados, não somente o camarão rosa (FRANCO et al., 2009).

A alta taxa de exploração - como, por exemplo, esse colapso pesqueiro - pode exacerbar a magnitude das flutuações das populações naturais e então reduzir o tamanho efetivo da população (KOLJONES, 2001). Quanto menor o tamanho de uma população e quanto mais tempo ela permanecer pequena, maior será sua perda de variabilidade genética (LEBERG, 1992). Uma população que não está em equilíbrio, provavelmente, será mais sensível às mudanças ambientais, parasitas e doenças ou a fortes pressões do esforço pesqueiro (ATARHOUCHE et al., 2006).

Recentemente, foi documentada, para o Estuário da Lagoa dos Patos, uma redução significativa dos tamanhos máximos encontrados para *F. paulensis*, o que foi atribuído à pesca excessiva (NOLETTO et al., 2017). A pesca remove seletivamente haplótipos específicos (como por exemplo, maior crescimento), alterando a diversidade genética e a capacidade de recuperação da mesma (STENSETH &

DUNLOP, 2009). Portanto, ferramentas moleculares se tornam fundamentais para o entendimento sobre o fluxo gênico entre indivíduos que pertencem a diferentes fundos de pesca, assim como para o monitoramento temporal das possíveis variações que determinados grupos possam sofrer ao longo de sua história evolutiva. Nesse contexto, é fundamental que se discuta os diferentes conceitos de estoque.

O conceito de estoque vem evoluindo juntamente com a ferramentas utilizadas para delinearlos. O conceito mais purista de estoque se relaciona com o conceito de população, que se baseia no fato de representar uma unidade fechada e autossustentável (BEGG e WALDMAN, 1999), de forma que a reposição da biomassa se dá através de processos intrínsecos àquele grupo. Nesse caso, não há exportação ou importação de indivíduos ou haplótipos, caracterizando uma unidade populacional, ou estoque unitário. No entanto, o conceito de estoque utilizado mais amplamente na ciência pesqueira remete a uma definição muito mais ampla, que se relaciona com o sistema de pesca e a área de pesca onde um determinado recurso é explorado, desconsiderando o fluxo gênico do conceito. Nesse caso, o conceito de estoque descreve uma unidade exploratória, que pode, inclusive, conter mais de um espécie (BEGG e WALDMAN, 1999), como por exemplo o estoque de scianídeos do sudeste do Brasil.

Estoque unitários ou populações depletadas podem, eventualmente, recuperar os grandes tamanhos populacionais do passado; mas esse efeito demográfico não é necessariamente acompanhado pela diversidade genética original (ATARHOUCHE et al., 2006). Assim, o entendimento das mudanças genéticas e das respostas evolutivas de populações exploradas é crucial para medidas de manejo que objetivam a exploração sustentável de recursos biológicos naturais (WALSH et al., 2006; ALLENDORF et al., 2008).

Devido à sua importância econômica, muitos trabalhos têm sido realizados com camarões-rosa, cuja biologia, ecologia e dinâmica populacional já foram bem

---

descritas, inclusive para as áreas avaliadas no presente estudo (D'INCAO, 1991; D'INCAO, 1995; COSTA e FRANZOZO, 1999; COSTA et al., 2000; ALVES-COSTA & COSTA, 2004; LOPES, 2008; COSTA et al., 2008; FREITAS Jr et al., 2011; LOPES, 2012; TEODORO et al., 2016; MÜLLER, 2016; COSTA et al., 2016; SALVATI, 2017). Estudos moleculares com *F. paulensis* abordaram principalmente sua filogenia, taxonomia e a descrição de marcadores moleculares para a espécie (D'INCAO et al., 1998; MAGGIONI et al., 2001; MAGGIONI e ROGERS, 2002; GUSMÃO e SOLÉ-CAVA, 2002). No entanto, estudos abordando aspectos moleculares das populações de *F. paulensis* e como seus estoques se estruturam geneticamente ao longo de sua distribuição na costa brasileira ainda são escassos.

A maioria dos dados genéticos produzidos até o momento sobre as populações desta espécie são provenientes de literatura cinza, principalmente teses não publicadas (DELEVEDOVE, 1996; PRETO, 2009; MARQUES, 2015), com apenas dois trabalhos publicados em periódicos científicos sobre o tema (GUSMÃO et al., 2005; TEODORO et al., 2015). Os resultados desses estudos variaram de nenhuma estruturação genética (DELEVEDOVE, 1996; MARQUES, 2015; TEODORO et al., 2015) a duas (GUSMÃO et al., 2005) ou quatro populações entre o sul e o sudeste (PRETO, 2009).

O estudo realizado por DELEVEDOVE (1996), utilizando aloenzimas em populações do Rio Grande do Sul e Santa Catarina, mostrou que não havia diferenças genéticas significativas entre as duas regiões. Analisando populações de Santos (SP), Rio de Janeiro (RJ) e Lagoa dos Patos (RS) também com aloenzimas, GUSMÃO et al. (2005) sugeriram a existência de duas populações de *F. paulensis*, divididas entre o sul e o sudeste do país. O uso das aloenzimas, no entanto, pode não ter detectado a variabilidade genética real dessas populações pois, múltiplos fatores podem afetar a estabilidade temporal das frequências alélicas e a estrutura genética de uma espécie pode mudar significativamente ao longo do tempo (BARCIA et al., 2005).

Adicionalmente, O uso de aloenzimas como indicador de fluxo gênico pode resultar em interpretações equivocadas, uma vez que as enzimas podem sofrer pressões seletivas não aleatórias e acabarem refletindo o efeito do ambiente e não propriamente do fluxo gênico. PRETO (2009), utilizando marcadores microssatélites, detectou a possível ocorrência de quatro populações de *F. paulensis* entre os estados do Rio Grande do Sul e o sul do estado de São Paulo. Provavelmente o baixo número amostral utilizado pode ter influenciado esse resultado.

TEODORO et al. (2015), analisando a variação genética de *F. paulensis* no sul e sudeste do Brasil, utilizando o marcador Citocromo Oxidase I (COI), detectaram ausência de estruturação genética entre as populações das localidades amostradas. Esses resultados geraram questionamentos acerca da influência da pesca na estruturação das populações de *F. paulensis*. A homogeneidade genética encontrada pode ter sido consequência de um efeito gargalo na população (TEODORO et al., 2015), causado pelo intenso esforço pesqueiro ocorrido ao longo das décadas que resultou no colapso pesqueiro observado no fim dos anos 90 (D'INCAO et al., 2002). A inclusão de amostras provenientes de mais localidades e de diferentes períodos de tempo, cobrindo a distribuição da espécie durante gerações, bem como o uso de um marcador específico para análises populacionais, tornou-se essencial para o entendimento da variação genética de *F. paulensis* ao longo de sua distribuição e de uma escala de tempo.

A região controle (D-loop) tem se mostrado eficiente para o monitoramento genético de populações (DUMONT et al., 2009), inclusive para detecção de gargalos genéticos (FAUVELOT et al., 2003; ATARHOUCHE et al., 2006). Este marcador é uma ferramenta útil para análises populacionais sobre escalas de tempo microevolutivas, que muitas vezes mostram um ritmo excepcionalmente rápido de substituição de nucleotídeos e um alto nível de polimorfismo intraespecífico (McMILLAN e PALUMBI, 1995; DUMONT et al., 2009). A região controle tem se mostrado eficiente em elucidar

a filogeografia e a estrutura populacional de camarões peneídeos (McMILLEN-JACKSON e BERT, 2003; 2004; TZENG et al., 2004; TZENG, 2007; DUMONT et al., 2009; CAO e LI, 2016) e outros organismos marinhos (XIAO et al., 2009; VON DER HEYDEN et al., 2010; CHENG et al., 2012; GUO et al., 2012).

A análise genética de amostras coletadas ao longo do tempo (“monitoramento genético”) é uma das maneiras mais eficientes para detectar mudanças genéticas causadas pela exploração pesqueira (ALLENDORF et al., 2008). O monitoramento genético é importante não apenas por ser um “retrato genético” da população em um determinado período, mas também um monitoramento dos parâmetros genéticos da população ao longo do tempo (SCHWARTZ et al., 2007). Dessa forma, a possibilidade de comparar os graus de diversidade genética dos estoques de *F. paulensis* durante os anos de 1990 e 2012 se mostrou promissora para detectar as possíveis mudanças genéticas causadas pelo intenso esforço pesqueiro que resultou no colapso da pesca ocorrido no final da década de 90.

Em um contexto onde a população de camarão rosa enfrentou uma redução de 87% em menos de 40 anos (NETO e DORNELLES, 1996), propôs-se uma continuidade do monitoramento genético de *F. paulensis*. Um melhor entendimento da estruturação genética das populações desse camarão é necessário, não somente pelo seu alto valor comercial e ecológico, mas também para permitir a implementação de medidas de manejo mais efetivas. Assim, o presente trabalho buscou avaliar a estruturação genética das populações do camarão rosa *F. paulensis* ao longo de sua distribuição no Atlântico Sul Ocidental, utilizando como marcador molecular a região controle do DNA mitocondrial (D-loop) (Capítulo 1). Adicionalmente, pretendeu-se identificar e comparar os estoques populacionais na costa do Rio Grande do Sul antes (1990) e depois (2012) do colapso pesqueiro (Capítulo 2).

FAO. 2016. **El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2016**. Contribución a la seguridad alimentaria y la nutrición para todos. Roma. 224 pp.

FAO. 2017. **Fishery and Aquaculture Statistics**. Yearbook. Roma. 80p.

FAUVELOT, C., BERNARDI, G., & PLANES, S. Reductions in the mitochondrial DNA diversity of coral reef fish provide evidence of population bottlenecks resulting from Holocene sea-level change. **Evolution**, v. 57, n. 7, p. 1571-1583, 2003.

FRANK, K.T., PETRIE, B., CHOI, J.S., LEGGETT, W.C. Trophic cascades in a formerly cod-dominated ecosystem. **Science**, V. 308, p. 1621–1623, 2005.

FU, Y. X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. **Genetics**, v. 147, p. 915-925, 1997.

GARCÍA-RODRÍGUEZ, F. J.; PEREZ-ENRIQUEZ, R. Lack of genetic differentiation of blue spiny lobster *Panulirus inflatus* along the Pacific coast of Mexico inferred from mtDNA sequences. **Marine Ecology Progress Series**, v. 361, p. 203-212, 2008.

GRAHAM, C.H.; FERRIER, S.; HUETTMAN, F.; MORITZ, C.; PETERSON, A.T. New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. **Trends in Ecology and Evolution**, v.19, p. 497–503, 2004.

GUO, E.; LIU, Y.; CUI, Z.; LI, X.; CHENG, Y.; WU, X. Genetic variation and population structure of swimming crab (*Portunus trituberculatus*) inferred from mitochondrial control region. **Molecular Biology Reports**, v. 39, n. 2, p. 1453-1463, 2012.

GUSMÃO, J.; SOLÉ-CAVA, A. M. Um sistema de diagnóstico molecular para a identificação de espécies comerciais de camarões marinhos brasileiros. **CIVA**, v. 1, p. 754-64, 2002.



GUSMÃO, J., LAZOSKI, C., & SOLÉ-CAVA, A. M. Population genetic structure of Brazilian shrimp species (*Farfantepenaeus* sp., *F. brasiliensis*, *F. paulensis* and *Litopenaeus schmitti*: Decapoda: Penaeidae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n.1, p. 165-171, 2005.

HAILER, F.; HELANDER, B.; FOLKESTAD, A. O.; GANUSEVICH, S. A.; GARSTAD, S.; HAUFF, P.; KOREN, C.; NYGARD, T.; VOLKE, V.; VILÀ, C.; ELLEGREN, H. Bottlenecked but long-lived: high genetic diversity retained in white-tailed eagles upon recovery from population decline. **Biology letters**, v. 2, n.2, p. 316-319, 2006.

HAIMOVICI, M.; CARDOSO, L. G. Long-term changes in the fisheries in the Patos Lagoon estuary and adjacent coastal waters in Southern Brazil. **Marine Biology Research**, v. 13, n.1, p. 135-150, 2017.

HARPENDING, H.C.; SHERRY, S.T.; ROGERS, A.R.; STONEKING, M. The genetic structure of ancient human populations. **Current Anthropology**, v. 34, p. 483–496, 1993.

HARPENDING, H. C. Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. **Human Biology**, v. 66, p. 591-60, 1994.

HARTLEY, J. L.; BOWEN, H. PEG precipitation for selective removal of small DNA fragments. **Focus**, v. 25, p. 18, 1996.

HAUSER, L.; ADCOCK, G.J.; SMITH, P.J.; RAMIREZ, J.H.B.; CARVALHO, G.R. Loss of microsatellite diversity and low effective population size in an overexploited population of New Zealand snapper (*Pagrus auratus*). **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 99, p. 11742–11747, 2002.

HUTCHINGS, J. A. Life history consequences of overexploitation to population recovery in Northwest Atlantic cod (*Gadus morhua*). **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 62, n.4, p. 824-832, 2005.

IBAMA. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis. **Boletim Estatístico da Aquicultura e Pesca no Brasil** – ano 2011. Brasil, 2011, 60p.

JACKSON, J.B., KIRBY, M.X., BERGER, W.H., BJORN DAL, K.A., BOTS FORD, L.W., BOURQUE, B.J., BRADBURY, R.H., COOKE, R., ERLANDSON, J., ESTES, J.A., HUGHES, T.P., KIDWELL, S., LANGE, C.B., LENIHAN, H.S., PANDOLW, J.M., PETERSON, C.H., STENECK, R.S., TEGNER, M.J., WARNER, R.R. Historical overfishing and the recent collapse of coastal ecosystems. **Science**, v. 293, p. 629–637, 2001.

KALIKOSKI, D.C.; VASCONCELLOS, M. Fishers knowledge role in the management of artisanal fisheries in the estuary of Patos lagoon, southern Brazil. In: HAGGAN, N.; BRIGNALL, C.; WOOD, L. (Eds.). Putting fishers' knowledge to work. **Fisheries Centre Research Report**, v. 11, n. 1, p. 445-455, 2003.

KIMURA, M.; CROW, J. F. The number of alleles that can be maintained in a finite population. **Genetics**, v. 49, n.4, p. 725, 1964.

KIMURA, M., A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of molecular evolution**, v. 16, n. 2, p. 111-120, 1980.

LAW, R. Fishing, selection, and phenotypic evolution. **ICES Journal of Marine Sciences**, v. 57, p.659–668, 2000.

LEITE JR, N. O.; PETRERE JR, M. Stock assessment and fishery management of the pink shrimp *Farfantepenaeus brasiliensis* Latreille, 1970 and *F. paulensis* Pérez-Farfante, 1967 in southeastern Brazil (23 to 28 S). **Brazilian Journal of Biology**, v. 66, n. 1B, p. 263-277, 2006.

LUIKART, G.; SHERWIN, W. B.; STEELE, B. M.; ALLENDORF, F. W. Usefulness of molecular markers for detecting population bottlenecks via monitoring genetic change. **Molecular Ecology**, v. 7, n.8, p. 963-974, 1998.

MASNER, L. Effect of low temperature on preservation and quality of insect specimens stored in alcohol. **Insect Collect News**, v. 9, p. 14-15, 1994.

McMILLAN, W. O.; PALUMBI, S. R. Concordant evolutionary patterns among Indo-West Pacific butterflyfishes. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 260, n. 1358, p. 229-236, 1995.

MCMILLAN, W. O.; PALUMBI, S. R. Concordant evolutionary patterns among Indo-West Pacific butterflyfishes. **Proceedings of the Royal Society of London: Biological Sciences**, v. 260, n. 1358, p. 229-236, 1995.

MCMILLEN-JACKSON, A. L.; BERT, T. M. Disparate patterns of population genetic structure and population history in two sympatric penaeid shrimp species (*Farfantepenaeus aztecus* and *Litopenaeus setiferus*) in the eastern United States. **Molecular Ecology**, v. 12, n.11, p. 2895-2905, 2003.

MERTZ, G.; MYERS, R. A. A simplified formulation for fish production. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 55, n. 2, p. 478-484, 1998.

MYERS, R. A.; HUTCHINGS, J. A.; BARROWMAN, N. J. Hypotheses for the decline of cod in the North Atlantic. **Marine Ecology Progress Series**, p. 293-308, 1996.

NEI, M.; MARUYAMA, T.; CHAKRABORTY, R. The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution**, v. 29, n. 1, p. 1-10, 1975.

NETO, J.D.; DORNELLES, L.D.C. **Diagnóstico da pesca marítima do Brasil**. Coleção Meio Ambiente (Séries – Estudos). IBAMA, Brasília, 165p. 1996.

NOGUCHI, M., FURUYA, J. S., TAKEUCHI, T., & HIROHASHI, S. (1997). Modified formalin and methanol fixation methods for molecular biological and morphological analyses. *Pathology international*, 47(10), 685-691.

NOLETO-FILHO, E. M.; PUCCIARELLI, P.; DUMONT, L. F. C. Spatial and temporal variation in juvenile size distribution of the pink shrimp (*Penaeus paulensis*) in the Patos Lagoon Estuary, Brazil. **Marine Biology Research**, v. 13, n. 1, p. 62-73, 2017.

OLSEN, E. M.; HEINO, M.; LILLY, G. R.; MORGAN, M. J.; BRATTEY, J.; ERNANDE, B.; DIECKMANN, U. Maturation trends indicative of rapid evolution preceded the collapse of northern cod. **Nature**, v. 428, n. 6986, p. 932-935, 2004.

PALUMBI, S. R.; BENZIE, J. Large mitochondrial DNA differences between morphologically similar penaeid shrimp. **Molecular Marine Biology and Biotechnology**, v. 1, n.1, p. 27-34, 1991.

PALUMBI, S. R. Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. **Ecological applications**, v. 13, n.1, p. S146-S158, 2003.

PINHEIRO, M. BOOS, H. **Livro Vermelho dos Crustáceos do Brasil: Avaliação 2010-2014**. Porto Alegre, RS: Sociedade Brasileira de Carcinologia – SBC. 466p. 2016.

POST, R. J.; FLOOK, P. K.; MILLEST, A. L. Methods for the preservation of insects for DNA studies. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 21, n. 1, p. 85-92, 1993.

PRATA, P.F.S. **Ocorrência do neuropigmento Lipofuscina e estrutura populacional do camarão vermelho *Pleoticus muelleri* (Decapoda:solenoceridae) no Atlântico Sul Ocidental**. 2017. Tese de doutorado. Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande. 104p.

PRENDINI, L., HANNER, R., & DESALLE, R. Obtaining, storing and archiving specimens and tissue samples for use in molecular studies. In: **Techniques in molecular systematics and evolution**, Birkhäuser Base, p. 176-248, 2002.

ROGERS, A. R.; HARPENDING, H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. **Molecular Biology and Evolution**, v. 9, p. 552-569, 1992.

ROZAS, J.; R. ROZAS. DnaSP version 3.0: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. **Bioinformatics**, v. 15, n. 2, p. 174-175, 1999.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual**. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2<sup>a</sup> edição, 1546p, 1989.

SCHNEIDER S.; EXCOFFIER, L. 1999. Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA. **Genetics**, v. 152, p. 1079-1089. 1999.

SCHWARTZ, M. K.; LUIKART, G.; WAPLES, R. S. Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. **Trends in ecology & evolution**, v. 22, n.1, p. 25-33, 2007.

SHAFFER, H.B.; FISHER, R.N.; DAVIDSON, C. The role of natural history collections in documenting species declines. **Trends in ecology & evolution**, v.13, p. 27–30, 1998.

SLATKIN, M. Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. **Evolution**, v. 47, p. 264–279, 1993.

SOULÉ, M.E.; KOHM, K.A. **Research Priorities for Conservation Biology**. Island Press, Washington, DC, 1989.

STENSETH, N. C.; ROUYER, T. Ecology: Destabilized fish stocks. **Nature**, v. 452, n. 7189, p. 825-826, 2008.

STENSETH, N. C.; E. S. DUNLOP. Unnatural selection. **Nature**, v. 457, p. 803–804, 2009.

SUAREZ, A.V.; TSUTSUI, N.D. The value of museum collections for research and society. **BioScience**, v. 54, p.66–74, 2004.

TAJIMA, F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics**, v.123, p. 585-595, 1989.

TAYLOR, W. R. Preservation practices: water in tissues, specimen volume, and alcohol concentration. **Curation Newsletter**, v. 2, p. 1-3, 1981.

TEODORO, S.S.A.; TEROSSI, M.; COSTA, R.C.; MANTELATTO, F.L. Genetic homogeneity in the comercial pink shrimp *Farfantepenaeus paulensis* revealed by COI barcoding gene. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 166, p.124-130, 2015.

THOMPSON, J.D.; HIGGING, D.G; GIBSON, T.J. CLUSTALW: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucleic Acids Research**, v. 22, p. 4673-4680, 1994.

TIN, M. M.-Y., ECONOMO, E. P., & MIKHEYEV, A. S. Sequencing Degraded DNA from Non-Destructively Sampled Museum Specimens for RAD-Tagging and Low-Coverage Shotgun Phylogenetics. **PLoS ONE**, v. 9, n.5, e96793, 2014.

TZENG, T. D.; YEH, S. Y.; HUI, C. F. Population genetic structure of the kuruma prawn (*Penaeus japonicus*) in East Asia inferred from mitochondrial DNA sequences. **ICES Journal of Marine Science**, v. 61, n. 6, p. 913-920, 2004.

TZENG, T. D. Population structure of the sword prawn (*Parapenaeopsis hardwickii*) (Decapoda: Penaeidae) in the East China Sea and waters adjacent to

Taiwan inferred from the mitochondrial control region. **Zoological Studies**, v. 46, n. 5, p. 561-568, 2007.

WALSH, M. R.; MUNCH, S.B.; CHIBA, S.; CONOVER, D.O. Maladaptive changes in multiple traits caused by fishing: impediments to population recovery. **Ecology letters**, v. 9, n. 2, p.142-148, 2006.

WINSOR, L. Collection, handling, fixation, histological and storage procedures for taxonomic studies of terrestrial flatworms (Tricladida: Terricola). **Pedobiologia**, v. 42, p. 405-411, 1998.

XIAO, Y.; ZHANG, Y. GAO, T.; YANAGIMOTO, T.; YABE, M.; SAKURAI, Y. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the small yellow croaker *Larimichthys polyactis*. **Environmental biology of fishes**, v. 85, n. 4, p. 303-314, 2009.

---

### 3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente estudo detectou uma alta conectividade e ausência de estruturação genética entre as populações de *F. paulensis* amostradas na costa sul-sudeste do Brasil. Esse cenário resulta de uma interação complexa de diversos fatores, que une a história natural evolutiva da espécie ao efeito de um gargalo genético causado pela sobrepesca. Foi possível detectar um efeito da pesca na diversidade genética do camarão rosa estudado, e a região controle do mtDNA foi uma ferramenta útil para detectar mudanças genéticas recentes ocorridas na população. O colapso pesqueiro ocorrido no fim dos anos 90 produziu mudanças significativas na população de *F. paulensis* e, considerando a alta conectividade encontrada entre as regiões amostradas, é provável que a população de *F. paulensis* em toda sua distribuição tenha sofrido as consequências da sobrepesca.

A pesca do camarão rosa na costa sul-sudeste do Brasil é o típico caso onde uma alta exploração, combinada com um manejo pesqueiro ineficiente, resultou em um sério esgotamento dos estoques. Os dados indicaram que a população se encontra em expansão demográfica, após uma redução no seu tamanho causado pela sobrepesca. Esse processo de recuperação provavelmente só foi possível devido a características intrínsecas de *F. paulensis*, combinadas com a mudança na pescaria industrial de mono para multiespecífica, bem como alterações na política do defeso e aumento na fiscalização. Essas medidas, ainda que insuficientes, também podem ter colaborado para o início da recuperação das populações. Os resultados obtidos alertam para a importância do monitoramento contínuo da espécie, pois a recuperação de uma população que é constantemente explorada é um processo que pode envolver diversos parâmetros, se recuperando a diferentes taxas e em diferentes níveis. Por isso o monitoramento genético de amostras coletadas ao longo do tempo e



conservadas corretamente torna-se uma ferramenta valiosa para o manejo de populações exploradas. O conhecimento obtido no presente estudo sobre a diversidade e a estrutura genética de *F. paulensis*, assim como a influência da pesca na população, será parte fundamental dos subsídios científicos necessários para a tomada de decisões sobre um manejo adequado para o camarão-rosa.