

GENÔMICA DA CONSERVAÇÃO EM ROBALO¹

Andréia Wenzel², Miklos Maximiliano Bajay³

¹ Vinculado ao projeto “Diversidade genômica e estrutura genética de peixes teleósteos para o desenvolvimento de estratégias de conservação de recursos pesqueiros associados a pesca artesanal”

² Acadêmico (a) do Curso de Engenharia de Pesca – CERES – Bolsista PROBIC

³ Orientador, Departamento de Engenharia de Pesca e Ciências Biológicas – CERES – miklos.bajay@udesc.br

A pesca artesanal é considerada uma das atividades mais antigas da humanidade, caracterizada pelo uso dos recursos pesqueiros para consumo e venda em pequena escala (SILVA, 2014). Ela tem uma contribuição significativa para a produção pesqueira nacional nas águas costeiras e litorâneas, possuindo uma grande importância como atividade econômica e social para as comunidades (Mendonça, 2018).

A família Centropomidae é composta por espécies que possui grande importância na pesca esportiva e na pesca artesanal, sendo representada nas Américas pelo gênero *Centropomus*, com doze espécies, dos quais seis habitam o Oceano Pacífico e seis o Oceano Atlântico (apud Pinto, 2018; Rivas, 1986). No Brasil são registradas quatro espécies (*C. undecimalis*, *C. parallelus*, *C. ensiferus* e *C. pectinatus*) (Rodrigues, 2005), dentre as quais destacam as espécies *C. parallelus* e *C. undecimalis*, conhecidos popularmente como robalo peva e robalo flecha respectivamente.

Os robalos são caracterizados como peixes marinhos costeiros, vivem em habitats sombreadas por galhos, habitam os estuários, lagunas costeiras, algumas vezes penetrando a água doce em várias fases do seu ciclo de vida para alimentação e reprodução (Bittencourt, 2009; FONSECA, 2019). São predadores que ocupam altos níveis na cadeia trófica (Menezes e Figueiredo, 1980), possui hábito alimentar carnívoro (Bittencourt, 2009; Fonseca, 2019), a desova ocorre em áreas costeiras ou estuarinas, havendo uma grande dispersão larval (Gilmore et al., 1983).

A espécie *C. undecimalis* tem grande importância econômica como recurso pesqueiro da pesca artesanal, possui ampla distribuição geográfica, ocorrendo desde a Carolina do Norte (EUA) até Rio de Janeiro (Brasil) (Gilmore et al., 1983; Rivas, 1986), pode ser encontrado desde ambientes oligohalinos até ambientes hipersalinos (Nogueira, 2012), classificada como uma espécie carnívora/oportunista com preferência de peixes e crustáceos (Mendonça, 2004), é uma espécie hermafrodita potândrico, sendo observado a presença simultânea na gônada de lamelas ovígeras e tecido espermático (Taylor, 2000). Já a espécie *C. parallelus* é distribuído na costa atlântica das Américas, desde o litoral da Carolina do Norte (EUA) até o Rio Grande do Sul (Brasil) (Rivas, 1986), é um predador oportunista, está associado a ambientes de baixas salinidades, é o principal alvo para a pesca amadora (sem finalidade de comercialização) e é apontada como uma das espécies promissoras para o cultivo (Nogueira, 2012).

O conhecimento dos recursos pesqueiros associados às ferramentas de genética é essencial para o uso dos estoques pesqueiros de forma sustentável, sendo primordial para implementação de programas de manejo e preservação dos estoques (Hilsdorf, 2013).

Os marcadores moleculares possibilitam a geração de informações importantes para o estudo da biologia de conservação, na qual é uma ferramenta muito interessante para explicar contexto que envolvem a extinção de espécies, e para entender a estrutura genética de populações e a conectividade dos indivíduos (Fonseca, 2020).

Marcadores de polimorfismo de base única (SNP) tem sido utilizado em estudos de genética de conservação de espécies, consiste em mutações de base única, de cadeias de bases nitrogenadas (Adenina, Citosina, Timina e Guanina), ou seja, variações pontuais na cadeia de nucleotídeos (Rosa, 2009). Uma das ferramentas que vem sendo utilizada na conservação das espécies é a análise de componentes principais (PCA), é um método estatístico para explorar e dar sentido ao conjunto de dados com um grande número de medições, reduzindo as dimensões aos poucos na qual explicam os padrões principais. Pode ser usado para identificar ancestralidade entre populações, agrupamentos genéticos, também é útil para abordar problema de estratificação populacional (Zolet, 2017).

Dessa forma esse estudo teve por objetivo avaliar a diversidade genética de duas espécies de robalo (*C. undecimalis* e *C. parallelus*). As amostras da espécie *C. undecimalis* foram coletadas nos Estados de Alagoas, Paraíba, Pernambuco, Rio de Janeiro e Rio Grande do Norte, já a espécie de *C. parallelus* foram coletadas nos Estados do Rio de Janeiro e Santa Catarina. Usando a plataforma Illumia para realizar o sequenciamento, com base na genotipagem via GBS de 61 indivíduos da espécie *C. undecimalis* e 17 indivíduos da espécie *C. parallelus*, foram obtidos 1798 SNPs. O conjunto de dados foi importado para o software R (versão 3.4.4) através do pacote ADEGENET v. 2.1.3 (Jombart, 2008). A análise de componentes principais (PCA) foi realizada com o pacote ADE4 v.1.7-16 (Dray et al., 2007) e os plots foram gerados pelo pacote GGPlot2 v. 3.3.3 (Ginestet 2011). O pacote diveRsity (Keenan et al. 2013) foi usado para estimar riqueza alélica, heterozigosidades esperada e observada, F_{IS} e F_{ST} .

A PCA demonstrou que o primeiro componente principal explica 76,67% da variação total, que mostra a organização dos pools de alelos de cada espécie de forma distinta e sem conexão entre as duas espécies, enquanto o segundo componente explica 1,83%. O índice de fixação (F_{ST}) revelou que existe estruturação genética entre as espécies $F_{ST} = 0,2078$ (0,1992_0,2168). Priolli et al. (2016) trabalhando com (*C. undecimalis*) na costa sudeste do Brasil encontrou um valor de F_{ST} de 0,012 indicando que não houve diferenciação genética significativa evidente.

A análise de riqueza alélica mostrou pouca diferença entre as espécies *C. parallelus* e *C. undecimalis* ($Ar = 1,08$ e $Ar = 1,07$ respectivamente). Os valores de heterozigozidade esperada ($He = 0,03$ e $He = 0,02$ respectivamente) também foram semelhantes. As estimativas do coeficiente de endogamia (F_{IS}) demonstraram que nenhuma das espécies apresentam endogamia. De acordo com Wright (1965) a endogamia é a probabilidade de dois indivíduos apresentarem, num determinado locus, alelos que são cópia de um gene presente num ancestral, aumentando a frequência de homozigotos.

A partir dos resultados do presente estudo, observa-se uma baixa diversidade e nenhuma estruturação genética dentro de ambas as espécies de robalo. Essas informações são importantes para o desenvolvimento de planos de manejo dos estoques pesqueiros de robalo na costa brasileira.

Palavras-chave: Robalo. Pesca artesanal. Genômica.