



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
CURSO DE ENGENHARIA DE PESCA**

JOEMILLE SILVA DOS SANTOS

**ESTUDO GENÉTICO EM POPULAÇÕES DE *Mugil curema*
(VALENCIENNES, 1836), EM ÁREAS DE PROTEÇÃO AMBIENTAL
UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES ISSR**

**CRUZ DAS ALMAS – BA
2019**

JOEMILLE SILVA DOS SANTOS

**ESTUDO GENÉTICO EM POPULAÇÕES DE *Mugil curema*
(VALENCIENNES, 1836), EM ÁREAS DE PROTEÇÃO AMBIENTAL
UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES ISSR**

Trabalho de Conclusão de Curso
submetido à Coordenação do Curso
de Graduação em Engenharia de
Pesca, da Universidade Federal do
Recôncavo da Bahia, como
requisito parcial para obtenção do
grau de Bacharel em Engenharia de
Pesca.

Orientadora: Dr^a.Soraia Barreto Aguiar Fonteles.

Co-orientador: Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira.

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
2019**

JOEMILLE SILVA DOS SANTOS

ESTUDO GENÉTICO EM POPULAÇÕES DE *Mugil curema*
(VALENCIENNES, 1836), EM ÁREAS DE PROTEÇÃO AMBIENTAL
UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES ISSR

Este Trabalho de conclusão de Curso foi submetido à Coordenação do Curso de Graduação em Engenharia de Pesca como Parte dos requisitos necessários à obtenção do Grau de Bacharel em Engenharia de Pesca, outorgado pela Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

Aprovado em: 15 de Fevereiro de 2019



Prof. Dr^a. Soraia Barreto Aguiar Fonteles
Orientadora
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia



Prof. Dr^a. Maria Vanderly Andréa
Membro 1
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia



Prof. Dr^a. Elaine Costa Cerqueira Pereira
Membro 2
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

DEDICATÓRIA

Confia ao Senhor tuas obras, e os teus desígnios serão estabelecidos. Provérbios 16:3.

Aos meus amores, minha querida mãe (Regina), minhas irmãs (Nilda, Tita, Sar, Ninha, Sui e Jhena), meus irmãos, minha madrinha (Raylda) e demais familiares por todo amor e proteção.

AGRADECIMENTOS

A Deus primeiramente, por ser meu refúgio, fortaleza e assim me ajuda a seguir em tudo que faço.

A minha querida orientadora Dr^a Soraia Barreto Aguiar Fonteles, que é uma das mulheres a quem tenho muita admiração e apreço, por sua inteligência, força e coragem. Muito obrigada pela confiança e suporte para desenvolver esta pesquisa.

Ao Dr. Marcelo Carneiro de Freitas (o Bunitaum) por ceder às amostras e assim contribuir para a realização deste trabalho.

A Mille, Marcelo e sua família por todo acolhimento, carinho e ajuda durante as coletas. A Nadira pela ajuda na identificação dos exemplares.

A ONG RARE pelo apoio durante as coletas.

Ao Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira pela colaboração nas análises estatísticas e co-orientação.

Ao “CARDUME” (Nane, Leydi e Vitória) do Laboratório de Genética de Organismos Aquáticos – LAGOA por cada momento de aprendizagem, união, descontração e risos. Em especial a Nane por sua disponibilidade em compartilhar conhecimento e Leydi pelo seu companheirismo, enfim por sua amizade e deste modo tornando as horas dentro e fora do laboratório mais agradáveis.

A PROPAE (Pró-Reitoria de Políticas Afirmativas e Assuntos Estudantis) pela assistência estudantil oferecida durante o curso.

Ao meu eu, minha Jhena (Jamille) que em todos os momentos que precisei e preciso está ao meu lado. TE AMO!

A Lu pela amizade e apoio durante o curso. As queridas, Cássia e a Dr^a. Mariana Cutolo de Araújo pelos ensinamentos compartilhados e momentos de alegria ao longo do curso. E todos que direta ou indiretamente contribuíram de alguma forma para a realização deste trabalho, muito obrigada!

Sumário

Lista de figuras	8
Lista de tabelas	9
Lista de siglas.....	10
Resumo.....	11
ABSTRACT	12
1 INTRODUÇÃO	13
2 REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 Classificação sistemática	15
2.2 Estudos biológicos na família mugilidae.....	16
2.3 A pesca e produção dos mugilídeos no Brasil	19
2.4 Área de estudo:	23
2.4-1 RESEX de Canavieiras – BA.....	23
2.4-2 Jaguaripe –BA.....	25
2.5 Estudos moleculares.....	26
2.6 Marcadores moleculares ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats)	27
2.6-1 Marcadores moleculares na Ictiologia.....	28
2.7 Estudos genéticos em Mugilídeos	29
3 ESTRUTURA GENÉTICA	30
3.1 Movimentos de dispersão.....	30
3.2 Influências das barreiras geográficas.....	32
4 ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	33
4.1 Análise da diversidade e estrutura populacional.....	33
4 OBJETIVOS	36
4.1 Objetivo Geral:.....	36

4.2 Objetivos Específicos.....	36
5 MATERIAIS E MÉTODOS.....	37
5.2 Quantificação do DNA.....	38
5.3 Amplificação do DNA ISSR-PCR.....	39
6.1 Estrutura populacional e diversidade genética das populações.....	43
7 DISCUSSÃO.....	46
8 CONCLUSÃO.....	53
9 REFERÊNCIAS.....	54

Lista de figuras

Figura 1: Distribuição geográfica de Mugilídeos no oceano Atlântico e Pacífico.....	15
Figura 2: Ciclo de vida típico de Mugilídeos estuarinos.....	18
Figura 3: Morfologia externa de <i>M. curema</i> . Exemplar com 27,5 cm comprimento total.	19
Figura 4: Produção nacional, por região e categorias (artesanal e industrial) de mugilídeos (t), entre 1980 e 2010.....	22
Figura 5: Localização da Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia indicada pela linha vermelha.	24
Figura 6: Posição geográfica dos locais de coleta em referência a capital Salvador-BA.	37
Figura 7: a) Dendrograma gerado pelo método UPGMA (Unweighted Pair Groupmethod, Arithmeticmean) da tainha baseado na distância genética de Nei (1972). b) Análise de Coordenadas Principais (PCoA) e análise estrutural de 2 populações de tainha oriundos de ambiente naturais.	45

Lista de tabelas

Tabela 1: Tipos de pescados capturados e suas respectivas quantidades diárias máximas, mínimas e média na Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia, 2010. ...	24
Tabela 2: Volume de pescados por unidade de medida na Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia, 2010.	25
Tabela 3: Primers utilizados na pesquisa com suas respectivas sequências e temperatura de anelamento para amplificação de DNA da espécie <i>M. curema</i>	39
Tabela 4: Iniciadores selecionados na análise de variabilidade genética entre as duas populações da espécie <i>M. curema</i> , suas características moleculares.	42
Tabela 5: Diversidade genética entre as populações de <i>M. curema</i> coletadas na RESEX de Canavieiras – BA e Jaguaripe - BA.....	43
Tabela 6: Estimativa de diversidade genética, diferenciação populacional (G_{ST}) e fluxo gênico (N_m) para as populações da espécie <i>M. curema</i>	43
Tabela 7: Mensuração da Identidade genética de Nei (1972) (diagonal superior) e distância genética (diagonal inferior) entre as populações de tainha.....	44
Tabela 8: Análise molecular de variância (AMOVA) dentro e entre as populações da espécie <i>M. curema</i>	44

Lista de siglas

AMOVA –Analyses of Molecular Variance –Análise de Variância Molecular

BA–Bahia

DNA –Deoxyribonucleic Acid –Ácido Desoxirribonucleico

DNTP –Desoxinucleotídeo Tri-fosfato

EDTA –Ácido etilenodiamino tetra-acético

FAO –Food And Agriculture Organizationofthe United Nations –Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura

ISSR –Inter Simple Sequence Repeat –Sequências Simples Entre Repetições

PCR –Polymerase Chain Reaction –Reação em Cadeia de Polimerase

RAPD –Random Amplified Polymorphic DNA –Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso

RFLP –Restriction Fragment Length Polymorphism –Polimorfismo no Comprimento dos Fragmentos de Restrição

σ –Desvio padrão

μL – Microlitros

Resumo

Mugil curema é popularmente conhecida como tainha e parati, são espécies eurialinas e euritéricas, que ocorrem em águas costeiras e estuarinas de todo o mundo. No nordeste brasileiro, esta espécie é uma das mais capturadas pela pesca artesanal. Os estudos genéticos são de grande importância para melhor compreensão das interações ambientais sobre a ecologia das espécies, pois viabilizam o manejo e conservação dos estoques. O presente trabalho teve como objetivo, caracterizar a diversidade genética de duas populações da espécie *M. curema* na RESEX de Canavieiras-BA e no estuário de Jaguaripe-BA, por meio do marcador molecular ISSR. Foram amostradas em diversos pontos pesqueiros, um total de 60 indivíduos em Canavieiras e 30 indivíduos em Jaguaripe. Uma alíquota da nadadeira caudal foi submetida ao protocolo de solução salina para extração de DNA, depois as amostras foram quantificadas em gel de agarose e submetidas à amplificação com oito *primers*; (GA)8C; (AG)8C; (GA)8T; (AG)8YC; (GA)8YT; (GA)8YG; (GGAT)4; (AAGC)4. Os resultados a partir da análise dos padrões de bandas foram transformados em matriz numérica binária com presença/ausência de banda. Foi gerado um total de 137 fragmentos, sendo 117 polimórficos (85,5%). A média do Índice de Conteúdo Polimórfico (PIC) foi 0,86 e mostrou-se efetivo por possuir em todos os *primers* valor superior a 0,5. Para os parâmetros de diversidade genética, a percentagem de bandas polimórficas foi de 85,40%, o Índice de Shannon variou entre as populações de Canavieiras 0,3506($\sigma \pm 0.2187$) e Jaguaripe 0,4984($\sigma \pm 0.2109$). Entre as populações, a média da identidade genética de Nei (H) foi 0,7832 e a média da diversidade genética 0,2444, o número de migrante por geração foi 1,7. A AMOVA forneceu uma estimativa que grande parte da variabilidade genética está concentrada dentro das populações (53,14%), com índice F_{ST} de 0.46857 indicando uma forte estruturação genética. Estes resultados moleculares evidenciam que estes organismos partilham poucos alelos em comum, indicando baixo fluxo gênico entre as populações evidenciando uma variabilidade genética intrapopulacional. Assim para o aumento da variabilidade genética desta espécie recomenda-se redução da exploração nesses estuários, para um desenvolvimento mais sustentável da pesca até que os níveis de variabilidade genética sejam considerados satisfatórios.

Palavras-chave: Tainha, variabilidade genética, pesca artesanal.

ABSTRACT

Mugil curema is popularly known as mullet and parati are eurythermal and eurythermal species that occur in coastal and estuarine waters around the world. In northeast Brazil, this issue is one of the most captured by artisanal fishing. Genetic studies are of great importance for a better understanding of the environmental interactions on the ecology of the species, since they enable the management and conservation of the stocks. The present work aimed to characterize a genetic sample of two species of the species. Curative in the RESEX of Canavieiras-BA and in the estuary of Jaguaripe-BA, through molecular marker ISSR. They were sampled over a period of 60 years in Canavieiras and 30 years in Jaguaripe. An aliquot of the caudal fin was submitted to the saline protocol for DNA extraction, after being quantified in agarose gel and submitted to amplification with primers; (GA) 8C; (AG) 8C; (GA) 8T; (AG) 8YC; (GA) 8YT; (GA) 8YG; (GGAT) 4; (AAGC) 4. The results of the band pattern analysis were transformed into binary numerical matrix with band presence / absence. A total of 137 fragments were generated, being 117 polymorphic (85.5%). The mean of the Polymorphic Index (PIC) was 0.86 and proved to be effective in having all primers higher than 0.5. Parameter of genetic order, the percentage of polymorphic bands was 85.40%, the Shannon Index varied between the variables of Canavieiras $0.3506(\sigma \pm 0.2187)$ and Jaguaripe $0.4898(\sigma \pm 0.2109)$. Among the populations, the number of migrants per generation was equal to 0.7832 and the number of the race family was 0.244, 1.70. The AMOVA provided a variable percentage of the genetic variability is concentrated within the populations (53.14%), with F_{ST} index of 0.46857. between populations showing intra-population genetic variability. In order to increase the variation of the capacity to reduce the weight, for a greater development of the fish up to the levels of variability, the temperature and the results are satisfactory.

Key words: Tainha, genetic variability, artisanal fishing.

1 INTRODUÇÃO

O uso dos recursos pesqueiros desde os primórdios da humanidade, a partir do extrativismo, é responsável por importante fonte de proteína animal para a alimentação (DIAS NETO, 2010). A captura de mugilídeos é realizada em todo o litoral brasileiro pela pesca de subsistência, artesanal e industrial (NETO e DIAS, 2015).

Na RESEX (Reserva Extrativista) de Canavieiras-BA e no município de Jaguaripe-BA, a tainha é uma das espécies mais apreciadas pela população ribeirinha. *Mugil curema* é raramente relatada em estatísticas pesqueiras, porque geralmente ocorre nos desembarques de pesca de pequena escala (MENDONÇA e BONFANTE, 2011).

A produção de tainha vem crescendo na área da pesca e aquicultura, obtendo um saldo mais significativo a partir do ano 2000 com pico de produção em 2007, no ano de 2013 a produção mundial de Mugilídeos foi de 698,293 toneladas (COSTA, 2017), onde é possível observar claramente que a pesca contribuiu com maior quantidade de tainhas do que a aquicultura (CROSETTI, 2016). O mesmo autor relata que em 2013 o Brasil foi o quinto país que mais capturou tainhas, ficando atrás da China, Indonésia, Índia e Egito.

As análises de dados genéticos são de grande importância para a elaboração de estratégias na delimitação de populações e manejo de conservação de espécies marinhas (DIAS JÚNIOR, 2012). A falta da diversidade genética pode levar ao aumento de endogamia e redução da adaptação dos indivíduos e populações (LOPES *et al*, 2009 apud MARQUES, 2015).

Assim, a baixa variabilidade genética em estoques pesqueiros é um sério agravante para as populações naturais, por ocasionar a diminuição da resistência às doenças e da capacidade de adaptação a diferentes mudanças ambientais, logo, a variabilidade genética é fundamental, visto que é o meio pela qual uma determinada espécie reage e também se adapta a mudanças ambientais (RASHID *et al.*, 2012; MARQUES, 2015). A variabilidade genética, portanto, é essencial para a manutenção do potencial evolutivo de qualquer espécie ou população.

O uso de marcadores moleculares na ictiogenética tornou-se bastante relevante na caracterização da diversidade populacional de peixes nativos e cativos, com considerável aplicação em estudos de variabilidade genética e descrição da distribuição entre e dentro das populações, auxiliando na identificação de espécies, no entendimento da filogeografia, aspectos evolutivos, manejo e reprodução (NOVAES, 2015). Deste modo, a utilização desta ferramenta de caracterização e reconhecimento de estoques pesqueiros, tem se mostrado eficiente (LOPERA-BARRERO *et al.*, 2015).

A partir de pesquisas que tenham o intuito de analisar a diversidade genética em ambiente natural é possível elaborar estratégias de monitoramento, manejo e conservação genética de populações de importância para o setor pesqueiro. Neste contexto, este trabalho buscou caracterizar a diversidade genética de populações de *Mugil curema* capturadas na RESEX de Canavieiras–BA e no município de Jaguaripe-BA, por meio de marcador ISSR.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Os peixes da família Mugilidae possuem ampla distribuição, há registro de sua ocorrência em águas tropicais e subtropicais de todo o mundo, principalmente na região costeira estuarina (MENEZES, 1983; NELSON, 2006; FAO, 2002 apud NASCIMENTO *et al.* 2016; WHITFIELD *et al.*, 2012; HERBST, 2013; FISHBASE, 2018).

No Brasil, são popularmente denominados de tainha no Norte e Nordeste e de parati no Sudeste e Sul. *Mugil curema*, Valenciennes, 1836 talvez seja a espécie de mugílídeo mais comum do litoral brasileiro (MENEZES, 1983), e são encontrados em ambos os lados do Atlântico e também no Pacífico leste. No Atlântico Ocidental, estende-se da Nova Inglaterra, Estados Unidos, até o Sul do Brasil (MENEZES, 1983) (Figura 1).

Figura 1: Distribuição geográfica de Mugílídeos no oceano Atlântico e Pacífico.



Fonte: Castro, M.G. *et al.*, 2015.

2.1 Classificação sistemática

A taxonomia desta família tem sido exaustivamente discutida e considerada problemática (MENEZES *et al.*, 2010 apud FERNANDEZ, 2011), isto devido à

considerável uniformidade dos caracteres morfológicos externos (RAMIREZ, 2011). *Mugil curema* possui a seguinte classificação taxonômica pelo Sistema Integrado de Informação Taxonômica (ITIS): Reino: Animália

Filo: Chordata

Subfilo: Vertebrata

Classe: Teleostei

Ordem: Mugiliformes

Família: Mugilidae

Gênero: *Mugil*

Espécie: *Mugil curema*, Cuvier and Valenciennes, 1836.

Há pelo menos sete espécies de mugilídeos na costa do Brasil, dentre estas, apenas três têm sido mais exploradas comercialmente ou em projetos de cultivo: *Mugil liza*, *M. platanus* e *M. Curema* (MENEZES, 1983). Este autor explica, que as duas primeiras espécies por atingirem um tamanho maior que *M. curema*, são mais procuradas, alcançam um preço maior de mercado, são mais utilizadas em piscicultura e nas práticas aquícolas.

2.2 Estudos biológicos na família mugilidae

Devido sua importância econômica, vários estudos foram realizados com espécies de mugilídeos, desde a identificação feita por Menezes (1983) e Menezes *et al.*, (2015), variação morfométrica Díaz-Murillo *et al.*, (2017) alimentação Silva-Neto (2012), crescimento Quiñonez-Velázquez *et al.*, (2011), caracterização da pesca Torres *et al.*, (2007) e biologia Correia (2017), Araújo e Silva., (2013), produção Nascimento *et al.*, (2016), dinâmica populacional Fernandez (2011), parâmetros hematológicos Cícero (2015), reprodução Otsubo (2010), e genética Gondolo (2012), porém ainda parece necessário que mais estudos sejam realizados sobre a taxonomia (NEMATZADEH *et al.*, 2013), dinâmica e estrutura das populações de tainhas no Brasil (LEMOS *et al.*, 2014), que juntos corroboram para melhor manejo e preservação da espécie (MAI *et al.*, 2014).

Cervigón *et al.*, (1992) apud Araujo; Silva (2013), relatam que no Brasil, são encontradas ao longo de toda a costa em águas relativamente rasas, formando cardumes, cerca de 15 a 80 indivíduos em média, próximos a superfície. Depois de alcançarem mobilidade suficiente para nadar ativamente em busca de alimento, os indivíduos pequenos (MIRANDA e CARNEIRO, 2007), jovens e adultos (SILVA-NETO, 2012), são encontrados em grande abundância nas lagoas estuarinas, penetrando rios e lagoas costeiras adjacentes, onde passam grande parte do seu ciclo de vida, (MENEZES e FIGUEIREDO, 1985; SOUZA, 2010), sendo estes locais ricos em nutrientes favoráveis ao seu crescimento e ganho de peso (FAO, 2002 apud NASCIMENTO, 2016).

As tainhas permanecem por certo tempo nos estuários (MENEZES, 1983), que são ecossistemas com elevada taxa de produtividade biológica, ligados entre si pelo fluxo e refluxo da água, regulados pelo ciclo hidrológico do rio e do ciclo de marés, ou seja, ambientes de transição entre o mar e o rio (ODUM, 2001).

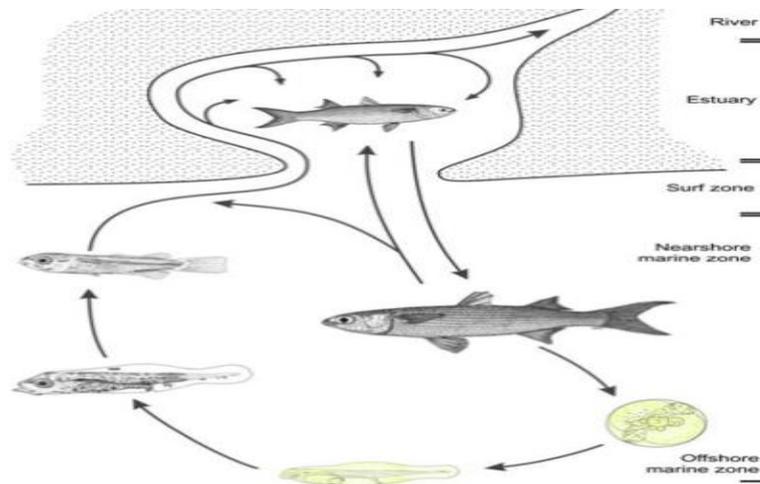
O estímulo para a saída das tainhas (migração reprodutiva) e a entrada de recrutas nos estuários (recrutamento juvenil), é uma combinação de fatores meteorológicos e oceanográficos, de mesoescala (frentes frias) e globais (El Niño), que influenciam a direção dos ventos, as taxas de precipitação, salinidade (BARCELLINI, 2015) e por suas características eurialina e euritérmica (MENEZES *et al.*, 2015; NETO e DIAS, 2015; LEMOS *et al.*, 2014; LEMOS *et al.*, 2015).

Esses estímulos funcionam como gatilhos que são controlados por inúmeros fatores endócrinos ao longo do eixo Hipotálamo-Hipófise-Gônadas (RIBEIRO e MOREIRA, 2012). As larvas de peixes podem habitar, desde a plataforma continental até lagoas costeiras, baías e estuários (COSTA *et al.*, 2012) deste modo, as tainhas podem ser subpopulações de adultos que trocam migrantes por meio da fase larval pelágica (DURAND *et al.*, 2012).

Isto ocorre quando atingem maturidade sexual por volta de cinco anos de idade (MENEZES, 1983; SOUZA *et al.*, 2017), quando são considerados adultos e classificados como oceânicos ou catádromos, efetuando migrações genéticas dos rios ou estuários em direção ao mar para reprodução e desova em águas mais quentes (HERBST e HANAZAKI, 2013), com salinidade de 32 a 35 (NASH e

SHEHADEH, 1980). Esses indivíduos vivem aproximadamente 9 anos (GARBIN *et al.*, 2012). Na figura 2, observamos o ciclo de vida dos mugilídeos

Figura 2: Ciclo de vida típico de Mugilídeos estuarinos.



Fonte: Whitfield *et al.*, (2012).

A desova de *M. curema* é identificada por Castello *et al.*, (2012) como desova total, ovíparas, o que envolve a liberação de gametas na água, com fertilização e desenvolvimento externos (GONZALEZ CASTRO e MINOS, 2016), utilizando a zona de arrebentação para a fase de pré-recrutamento aos estuários (CASTELLO *et al.*, 2012). Os machos alcançam comprimento de primeira maturação de 21 cm em dois anos de idade e as fêmeas 22,5 cm em três anos (PINHEIRO, 1997).

Após desovarem, elas retornam aos locais de origem até a próxima migração (SOUZA *et al.*, 2017). Porém, Herbst (2013) as mesmas podem ficar próximas ao local da desova ou retornam para os locais onde as “mães” saíram, influenciadas por correntes contrárias às migratórias que transportam ovos e larvas, repovoando os habitats (NUNES *et al.*, 2011). Após dois meses de estágio larval, elas buscam adentrar os estuários e lagoas (BRASIL, 2015a), mas, são estuarinos quando ingressam na forma de pré-juvenis (BLABER, 1987) influenciados por correntes marinhas (VIEIRA, 1991).

Miranda e Carneiro, (2007) ao analisarem o desembarque da tainha no litoral de São Paulo, observaram a presença de fêmeas maduras de tainha, isso mostra que a pesca atua durante o período de reprodução da espécie, o que pode acarretar uma diminuição da abundância desta espécie e prejuízos para futuras pescarias.

Esta migração, muitas vezes ocorre em grandes cardumes e estende-se pelos meses de setembro a novembro e os reprodutores podem chegar até ao limite da plataforma continental, uma vez por ano (LEMOS *et al.*, 2014), que na nossa costa atinge uma profundidade de cerca de 200 metros (BRITO, 2010).

Uma das principais características do comportamento alimentar dos mugilídeos é a sua capacidade de adaptação a alimentos de diversas origens, ou à vários níveis tróficos (ODUM, 1970), diferenciando seus hábitos alimentares de acordo com a fase de seu ciclo de vida, sendo considerados detritívoros, iliófagos, herbívoros, fitófagos, zooplanctófagos, onívoros e bentívoros (DEUS, 2007) planctófago, quando jovens, e iliófago (principalmente de matéria vegetal retirada do lodo ou areia) na fase adulta (CERQUEIRA, 2017).

Apresenta como morfologia externa (Figura 3) características como, corpo coberto por escamas, coloração do corpo prateado, mais escuro na parte superior, nadadeiras amareladas, a segunda dorsal tem a ponta enegrecida e a caudal e a peitoral apresentam pigmentação escura esparsa, a peitoral tem uma mancha mais escura na sua base, mais evidente no lado interno da nadadeira. Alcançam no máximo aproximadamente 45 cm de comprimento, sendo, entretanto comuns tamanhos em torno de 30 cm (MENEZES, 1983).

Figura 3: Morfologia externa de *M. curema*. Exemplar com 27,5 cm comprimento total.



Fonte: Freitas, M.C. 2017

2.3 A pesca e produção dos mugilídeos no Brasil

Os Mugilídeos possuem características biológicas que são consideradas com grande potencialidade para a aquicultura (GODINHO *et al.*, 1988), além de

suportarem bem a condições de confinamento, alimentação artificial, variações de salinidade e temperatura (MESEDA e SAMIRA, 2006) viabilizando seu cultivo em água salobra, doce ou salgada (ANTUNES e ALMEIDA DIAS, 1994; CROSETTI, 2016).

A tainha possui carne saborosa e suas ovas são exportadas para países como Taiwan, França, Grécia, Itália e Espanha aos quais tem recebido um grande destaque (BRASIL, 2012), conhecidas como caviar brasileiro (FERREIRA, 2006).

Na Itália, as ovas podem ser salgadas e desidratadas, utilizando-as tanto como aperitivo ou ingrediente de massas, risotos, saladas e outros pratos mais elaborados (UMPIERRES, 2014). Logo, nas regiões onde ocorrem, são explorados comercialmente, constituindo um elemento importante da alimentação humana (MENEZES, 1983), sendo umas das espécies mais exploradas em toda costa brasileira pela pesca artesanal (PAIVA, 1997).

Com grande importância social e econômica, a pesca de pequena escala gera um número significativo de empregos nas comunidade costeiras, (IBAMA, 2008b). Para a pesca artesanal, o sucesso da safra da tainha é fortemente dependente das condições ambientais, pois, condições adversas podem afetar a disponibilidade do recurso em função de mudanças no padrão migratório, uma vez que a tainha depende de condições ótimas para realizar esta migração (MIRANDA e CARNEIRO, 2007).

No nordeste do Brasil, *M. curema* é a espécie mais abundante entre os mugilídeos, representando 96% das capturas de todas as tainhas da região (CASTRO *et al.*, 2015). Em 2011, a produção pesqueira marinha de peixes foi de 482.335,7 toneladas, representando um aumento de 3,6% em relação a 2010, quando foram produzidas 465.454,7 toneladas, tornando-se a principal fonte de produção de pescado do Brasil.

O Nordeste, neste mesmo ano, continuou registrando a maior produção de pescado do país, com 454.216,9 toneladas, respondendo por 31,7% do total produzido nacionalmente, no qual, a maior parcela (186, 012 toneladas; 41%) refere-se à produção de pescado por meio da pesca extrativa marinha. A Bahia teve participação de 59,293 toneladas, sendo a maior produtora do Nordeste (32,58%) e

a quarta maior do país (10,70%), onde uma das espécies mais capturadas entre o período de 2009 a 2011 foi a tainha (Saúna; Curimã; Cacetão; Tainhota) (BRASIL, 2013).

No Estado da Bahia, a pesca é majoritariamente artesanal e/ou de subsistência, explorando ambientes próximos à costa, pois as embarcações e aparelhagens são feitas através de técnicas relativamente simples e sua produção tem como finalidade a obtenção de alimento, sendo total ou parcialmente destinada ao mercado (BAHIA PESCA, 2009). Os mugilídeos são recursos tradicionalmente explorados pela pesca costeira e pode ser um fator de influência sobre as dinâmicas de desenvolvimento dessa população (BARCELLINI, 2015), sua captura é ao longo da área de ocorrência por diversas modalidades de pesca.

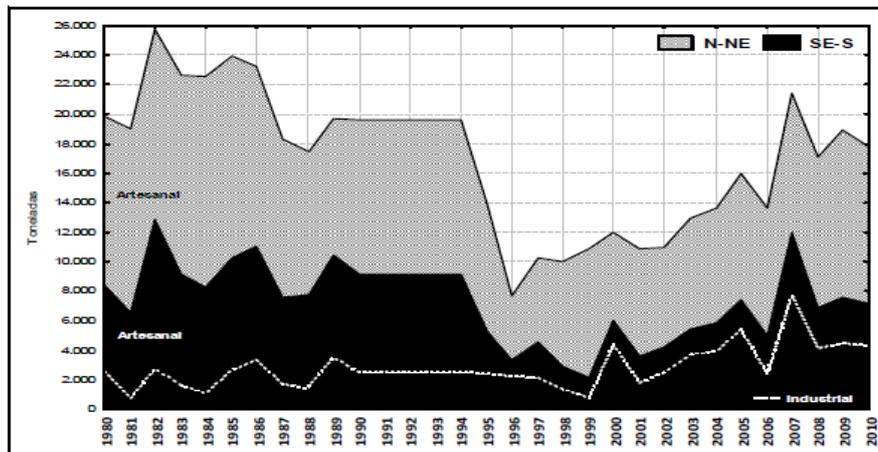
Os apetrechos mais utilizados na pesca de *M. curema* são: rede de cerco, rede de espera e a tarrafa, cujas malhas são de diferentes tamanhos adequadas às áreas de atuação (TORRES SILVA, 2007).

O poder da pesca industrial é expressivo e tanto quanto os pescadores artesanais, eles capturam a tainha em locais e épocas de desova, o que traz sérios riscos à manutenção deste recurso (MIRANDA e CARNEIRO, 2007), e deste modo, intensificar o grau de vulnerabilidade dos estoques da espécie (HERBST, 2013), podendo, ser explorada de forma indevida e acarretar prejuízo para pescarias futuras (PAIVA, 1997; SECKENDORFF, 2007).

A captura da tainha atinge principalmente os indivíduos antes da idade reprodutiva (NASCIMENTO *et al.*, 2016), ou seja, ainda não atingiram a maturação sexual dificultando que a variabilidade genética apresentada pela espécie passe para sua prole (SILVA, 2017). Segundo Seckendorff e Azevedo (2007), não existem dados precisos sobre locais de desova no litoral brasileiro, contudo Fernandez (2011) relata que possivelmente são regiões mais afastadas da costa.

O extinto Ministério da Pesca e Aquicultura (BRASIL, 2015) mostra a produção nacional de várias espécies, entre elas os mugilídeos. Entretanto, têm registros de estatísticas apenas nos estados do Pará, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná e Santa Catarina. A Figura 5 apresenta o histórico da produção nacional de mugilídeos entre 1980 e 2010, por região no Brasil.

Figura 4: Produção nacional, por região e categorias (artesanal e industrial) de mugilídeos (t), entre 1980 e 2010.



Fonte: Boletins Estatísticos Nacional de Pesca (IBGE, IBAMA e MPA).

A produção nacional de mugilídeos destaca dois momentos: o primeiro entre 1980 e 1994, quando o patamar médio anual foi de 20.850t, sendo que as regiões N-NE, contribuíram com 56% do total, enquanto que as regiões SE-S, com 44% (BRASIL, 2015).

O final deste período caracterizou-se por declínio acentuado, atingindo a produção mínima de 7.465 t em 1996. No segundo momento, entre 1995 e 2010, o patamar médio da produção de mugilídeos declinou para cerca de 13.650 t, com a participação de 60% as regiões N-NE e 40% da região SE-S. O incremento verificado na produção nacional, a partir de 1997, apesar das flutuações interanuais, se intensificou após o ano 2000, com recorde em 2007, quando foram atingidas 21.412t (BRASIL, 2015).

Em todo o litoral brasileiro, os pescadores artesanais foram historicamente os principais beneficiários desta pescaria, cujas capturas representaram, no período, 83% do total, enquanto que o segmento industrial foi responsável por 17% da produção nacional, tendo atuado quase que exclusivamente na região SE-S, enquanto que no N-NE, os registros foram insignificantes (<1%), e apenas na década de 1980. Esses dados comprovam a importância da pesca de mugilídeos em todo o litoral brasileiro (BRASIL, 2015).

Com relação ao cultivo da espécie, o mesmo é realizado em mono ou policultivo em diversos países como Itália, Israel, Taiwan, Egito, China, Cuba e

Colômbia (GODINHO *et al.*, 1988). Em 2005 o Egito se destacou como maior produtor de tainha cultivada com uma produção de 156 400 toneladas. Quanto ao tipo de sistema, no mundo todo os mugilídeos são cultivados habitualmente em sistemas de cultivos extensivos e semi-intensivos (SALEH, 2008).

As tainhas foram uma das principais espécies criadas extensivamente em viveiros de maré nos municípios de Recife e Olinda, Pernambuco (VON IHERING, 1932). Nomura (1980) fez o policultivo de *M. curema* com outras espécies no intuito de determinar o tipo de cultura mais adequado para as espécies de importância comercial. Porém, no que se refere ao cultivo de peixes marinhos, ainda se encontra pouco difundida no país, limitando-se as instituições de pesquisa (CAVALLI *et al.*, 2009). Talvez sejam, os peixes pioneiros da piscicultura brasileira, pois desde a ocupação Holandesa em 1630 já eram cultivados em cativeiro (CASTRO, 1994).

2.4 Área de estudo:

2.4-1 RESEX de Canavieiras – BA.

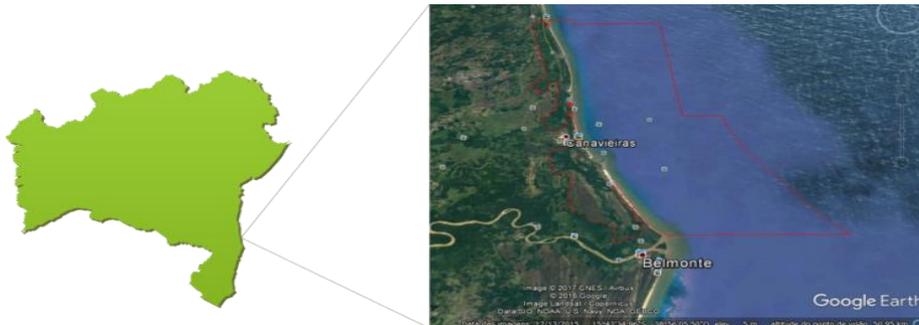
O litoral do Estado da Bahia abrange uma extensão de 1.188 km, correspondendo a 14,5% do litoral brasileiro com 347 comunidades pesqueiras, distribuídas em 44 municípios agrupados em cinco regiões pesqueiras: Litoral Norte, Baía de Todos os Santos/Recôncavo, Baixo Sul, Litoral Sul e Extremo Sul (IBAMA, 2008b).

A Reserva Extrativista de Canavieiras (RESEX) localiza-se no sul da Bahia (Figura 5) nos municípios de Canavieiras, Belmonte e Una, sendo que dos 100 mil hectares da área, 83% correspondem à parte oceânica, 12% são restingas e manguezais, o restante (menos de 5%) constitui áreas de terra firme. Tem como objetivo proteger os meios de vida e a cultura da população extrativista residente na área de sua abrangência e assegurar o uso sustentável dos recursos naturais da unidade (CAVALCANTE *et al.*, 2013).

É uma unidade de conservação federal gerida pelo Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – ICMBio (Figura 5), órgão vinculado ao Ministério do Meio Ambiente. Tendo como principal atividade das comunidades da RESEX de

Canavieiras a pesca artesanal, seja a de estuário ou marinha. São vários os tipos de pescados e mariscos extraídos e comercializados pelas comunidades locais do município, especialmente os peixes de água doce e estuários, sendo o robalo (gênero *Centropomus*) o mais apreciado, além da tainha (*Mugil spp.*) e o canguá (*Stellifer spp*) (CAVALCANTE *et al.*, 2013).

Figura 5: Localização da Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia indicada pela linha vermelha.



Fonte: Google

Dos cinco municípios abrangidos pelo litoral, o município de Canavieiras destacou-se com uma produção de 990,1 toneladas de pescado em 2006 a partir e de 17 comunidades pesqueiras (IBAMA, 2008a). Estudando a análise socioeconômica desta RESEX, Cavalcante (2011) entrevistou pescadores no intuito de identificar o volume máximo de pescado e mariscos nas áreas da RESEX realizada pelas comunidades locais (Tabela 1). Pode-se observar que os pescados e catados representam o maior volume de todas as capturas realizadas. Nas comunidades são capturados além dos peixes, mariscos, crustáceos e camarões.

Tabela 1: Tipos de pescados capturados e suas respectivas quantidades diárias máximas, mínimas e média na Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia, 2010.

Espécie	Unidade	Máximo	Mínimo	Média
Peixes e catados	Quilos	11.839	2.693	7.266
Caranguejo, siri e guaiamu	Corde	919	360	639,5
Camarão seco	Litros	69	14,5	41,75
Lambretas	Dúzia	215	81	148

Fonte: Cavalcante,(2011).

No mesmo estudo, Cavalcante, 2011 constatou que o volume de todos os produtos pesqueiros (robalo, dourado, tainha, bagre, canguá e os catados de aratu, siri, ostra, sururu) atingem semanalmente, aproximadamente, 25 mil quilos, podendo chegar a 1,2 milhão de quilos no ano (Tabela 2). Verificou-se também que a maior CPUE (Captura por unidade de esforço), foi obtida por pescadores que capturam peixes de rio e estuário, especificamente através da técnica que emprega a rede e a tarrafa, esses pescadores residem na sede do município de Canavieiras. A CPUE obtida consiste em aproximadamente, 19.000 kg/mês de peixes do tipo tainha, robalo, carapeba e outros.

Tabela 2: Volume de pescados por unidade de medida na Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia, 2010.

Unidade	Semanal	Mensal	Trimestral	Semestral	Anual
Quilo	24.268	97.074	291.222	582.444	1.164.888
Cordas	2.398	9.592	28.776	57.552	115.104
Dúzia	615	2.460	7.380	14.760	29.520
Litro	185	740	2.220	4.440	8.880

Fonte: Cavalcante, 2011.

Diversos autores apresentam *M. curema* como a espécie com grande participação na produção da costa do Norte e Nordeste (NÓBREGA, 2009), mostrando a importância desta espécie para o setor pesqueiro.

2.4-2 Jaguaripe –BA

No litoral do Baixo Sul da Bahia, a pesca artesanal, é um dos principais meios de vida de aproximadamente 100 comunidades e bairros pesqueiros, sendo estes situados em 9 de seus municípios litorâneos: Jaguaripe, Valença, Cairu, Taperoá, Ituberá, Nilo Peçanha, Igrapiúna, Camamu e Maráu (ANELLO *et al*, 2015).

O município de Jaguaripe abrange uma área de 891 Km² (BRASIL, 2009), localiza-se às margens do rio Jaguaripe, assim como no estuário, este, é utilizado pela população para pesca como meio de complementação de renda ou

subsistência através de barco a vela ou motorizado. No ano de 2006, Jaguaripe foi um dos municípios mais produtivos da BTS, com produção anual de pescado em torno de 900 toneladas e gera uma renda de aproximadamente 3,8 milhões (IBAMA, 2008b).

A Foz do rio Jaguaripe-Ba, faz parte do Plano de Ação Nacional para Conservação das Espécies Ameaçadas e de Importância Socioeconômica do Ecossistema Manguezal - PAN Manguezal. O PAN Manguezal tem como objetivo conservar os manguezais brasileiros, reduzindo a degradação e protegendo as espécies focais do PAN, preservando suas áreas e usos tradicionais, a partir da integração entre as diferentes instâncias do poder público e da sociedade, incorporando os saberes acadêmicos e tradicionais (ICMBio, 2015).

2.5 Estudos moleculares

As informações genéticas contidas nos genes e outras regiões reguladoras do DNA é o que aproxima e diferencia todas as espécies do planeta terra (HILSDORF, 2013). O DNA corresponde à matéria prima para qualquer conhecimento genético. Os estudos de polimorfismos de DNA são importantes visto que, podem estar associados a características de interesse econômico viabilizando vários tipos de pesquisas com dados genômicos ou genômicos múltiplos para o estudo de questões biológicas, particularmente aquelas relacionadas com a evolução dos peixes, assim, estudos moleculares forneceram muitas informações sobre a sistemática de peixes a níveis taxonômicos (CHEN e MAYDAEN, 2010).

Independente do tipo de estudo molecular, as preparações de DNA devem produzir amostras puras e suficientes para não inibir os tratamentos enzimáticos ou causar interferências nos padrões de migração em gel de eletroforese (ROMANO e MIRANDA, 1999). Neste sentido, Garcia e colaboradores, (2010) afirmam que para uma eficaz amplificação de sequências, é necessária quantidade e boa qualidade de DNA amostral. Após a extração do DNA é preciso quantificá-lo e depois avaliar sua pureza e integridade.

A extração é considerada boa quando aparece apenas uma banda íntegra, pois rastros podem indicar degradação do DNA ou excesso de proteína (PARPINELLI e RIBEIRO, 2009). Assim, Valentim *et al.* (2003), propõem a

quantificação do DNA através de comparação entre a intensidade das bandas visualizadas no gel de agarose das amostras extraídas, com aquela observada nos padrões de DNA lambda, que apresentam as concentrações de 5, 10 e 20 ng/mL.

2.6 Marcadores moleculares ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeats*)

Marcadores moleculares podem ser definidos como todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de segmento específico do DNA (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998). Na década de 60, foram desenvolvidos os primeiros marcadores moleculares, as isoenzimas que são baseados em diversas formas de uma enzima presente em uma espécie, mas estas apresentavam como fator limitante o baixo nível de polimorfismo (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998).

Nas últimas décadas os avanços tecnológicos na área da biologia molecular têm possibilitado o desenvolvimento de metodologias para avaliação do DNA, no qual diversos marcadores foram desenvolvidos para evidenciar e explorar a variação contida na molécula de DNA (EMBRAPA, 2012; FALEIRO, 2007; FINGER e KLANK, 2010 apud HILSDORF, 2013;) de forma eficiente, rápida, cada vez menos dispendiosa e com nível de detalhamento relevante para discutir questões importantes sobre a conservação e o manejo genético de diversas espécies de peixes alvos ou não da pesca (HILDORSF *et al.*, 2006).

ISSR's são marcadores dominantes e em uma única reação têm a vantagem de verificar *loci* múltiplos (GOULÃO e OLIVEIRA, 2001). A cada amplificação via PCR é usado um único iniciador (*primer*) com repetições em tandem de di-, tri-, tetra- e penta-nucleotídeos presentes no genoma (GUPTA *et al.*, 1994; ROUX, 2007; DOMINGOS *et al.*, 2014). Quando comparado a outro marcador dominante, como o RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), o ISSR produz bandas mais confiáveis e reprodutíveis, devido a temperatura de anelamento e acesso a maior quantidade de sequências (YANG *et al.*, 2011).

A partir deste método é possível obter resultados altamente reprodutíveis que gera abundante polimorfismo em muitos sistemas (LIU e WENDEL, 2001). Neste sentido, Liu e Cordes (2004) afirmam que, os marcadores moleculares têm se mostrado eficientes na determinação da diversidade genética de populações

naturais, por sua ampla aplicabilidade nos estudos genéticos (ALMEIDA, 2006; ABDUL-MUNEER, 2014).

Estes marcadores não necessitam do conhecimento prévio do genoma, por isso se baseiam nas informações dos microssatélites. A amplificação ocorre por PCR, que permite distinção rápida entre indivíduos próximos, devido ao elevado grau de polimorfismo, reprodutibilidade e baixo custo (ZIETKIEWICZ, 1994; BORBA, 2005 E BLANK *et al.*, 2004, KUMAR e GURUSUBRAMANIAN, 2011; CHIU *et al.*, 2014), permitindo seleção de *primers* específicos (e CAIXETA, 2006 apud COSTA, 2010) ancorados em sequências de microssatélites, geralmente com 16 a 25pb (pares de base) de comprimento construído a partir de uma sequência de microssatélite (DOMINGOS *et al.*, 2014; GASQUES *et al.*, 2013).

2.6-1 Marcadores moleculares na Ictiologia

Para a ictiologia, os marcadores moleculares representam uma importante ferramenta para estudos da diversidade e evolução genética de peixes (BIGNOTTO *et al.*, 2009). Mostram-se eficientes na determinação da diversidade genética de populações naturais e estocadas (LOPERA BARRERO *et al.*, 2008, BENEVIDES *et al.*, 2014). Sendo o uso mais freqüente de marcadores moleculares em pesquisas de variabilidade genética, e estudos de filogenia de peixes, entretanto ainda há escassez da utilização de marcadores para o melhoramento genético (GASQUES *et al.*, 2013; CHIU *et al.*, 2014; HANIFFA *et al.*, 2014).

Marcadores microssatélites além de fornecerem informações essenciais para a formulação de estratégias de conservação para o manejo da pesca e da aquicultura, são os mais utilizados em estudos moleculares (ABDUL-MUNEER, 2014). Em estudos sobre a conservação de espécies nativas migratórias, Lopera-Barrero *et al.*(2014) e Ribeiro *et al.*(2015) conseguiram resultados efetivos por meio da utilização deste tipo de marcador.

Identificação de juvenis de mugilídeos foram realizadas por Trape *et al.* (2009), utilizando marcadores microssatélites. Abd El-kader *et al.* (2017), ao estudarem a região do DNA mitocondrial 16S rRNA em duas espécies de tainha *M. cephalus* e *L. Ramada* cultivada no Egito e outras espécies de Mugilídeos,

verificaram que é uma ferramenta molecular eficaz para identificação de espécies do gênero.

Turan *et al.* (2011) pesquisando a morfologia de nove Mugilídeos no Mar Mediterrâneo, sugere um estudo do status atual dos mugilídeos com investigações mais abrangentes usando marcadores genéticos e morfológicos. Neste sentido, observa-se que o monitoramento genético utilizando marcadores moleculares é fundamental para compreender a diversidade e a estrutura genética de populações naturais (LOPERA-BARRERO *et al.*, 2016).

2.7 Estudos genéticos em Mugilídeos

Pesquisas genéticas na aquicultura em Mugilídeos são bastante limitadas, isto porque a produção de tainha em escala comercial é ainda largamente baseada em espécies selvagens, a desova induzida não é realizada a nível de comercialização e programas de reprodução nunca foram iniciados (ROSSI *et al.*, 2016). Os mugilídeos são objetos de estudo tanto na costa brasileira quanto em costas estrangeiras, com diferentes propósitos e segmentos, por meio de distintos marcadores moleculares.

Para estudos de Mugilídeos em costas estrangeiras como exemplos, Papatotiropoulos *et al.* (2001 e 2002) na Grécia, Abd El-kader *et al.*, (2017), no Egito analisaram o grau de polimorfismo de espécies desta família usando aloenzima e análise de RFLP de segmentos de mtDNA, para examinar a estrutura genética e relações filogenéticas destas populações. Deste modo, ambos contribuíram para a diferenciação, filogenia e taxonomia das tainhas.

A partir de pesquisas realizadas no Golfo do México (LEGRANDE e FITZMONS, 1976), Venezuela, na costa do Pacífico no Panamá (NIRCHIO *et al.* 2003) e no Brasil (NIRCHIO *et al.*, 2005), baseados em diferenças cariotípicas e aloenzimáticas, há existência de três subgrupos interligados, ou seja, podem coexistir em águas da América, três espécies geneticamente diferentes de *M. curema* (HERAS *et al.*, 2009).

Relações filogenéticas dentro dos Mugilídeos foram investigadas por Durand *et al.* (2012) com base na análise das variações da sequência de DNA de três locos mitocondriais (16S, COI e cyt b) e utilizando amostragem taxonômica representativa,

a fim de fornecer a primeira visão abrangente sobre a sistemática da família. Estes autores relataram, que os Mugilídeos oferecem uma ampla gama de composições genéticas para uma família marinha litorânea, variando de espécies que são geneticamente homogêneas na escala do Indo-Pacífico.

Mai *et al.* (2014), analisaram a estrutura genética de populações de uma espécie de Mugilídeo do Brasil e Argentina, onde os resultados indicaram diferenciação entre tainhas. A falta de congruência nos resultados morfológicos das espécies de tainha sugere exame do status atual das espécies de *Mugil* com investigações mais abrangentes usando marcadores genéticos e morfológicos moleculares juntos (TURAN *et al.*, 2011).

Assim, a maioria dos estudos genéticos realizados nesta família, está focada em questões filogeográficas e filogenéticas, por consequência do baixo nível de variabilidade morfológica e taxonomia não resolvida obtida usando caracteres morfo-anatômicos (ROSSI *et al.*, 2016).

3 ESTRUTURA GENÉTICA

A estrutura genética é determinada pela constituição dos genes e demografia das populações resultantes da ação e das interações de uma série de mecanismos evolutivos e ecológicos, ou seja, a partição da variabilidade genética entre e dentro de populações de uma determinada espécie, é o resultado direto da interação entre as forças evolutivas (seleção, deriva, mutação e migração), logo, os níveis de diversidade genética intra e interpopulacional de uma espécie dependem de qual dessas forças evolutivas influenciam predominante no contexto ecológico (TURCHETTO-Zolet, *et al.*, 2013; VIEIRA *et al.*, 2012). Deste modo, populações naturais podem apresentar diferenças na distribuição da variação genética e tornar-se subdividas ou geneticamente homogêneas (FRANKHAM *et al.*, 2002 apud SILVA, 2017; GRANT *et al.*, 2011; DE CROOS e PÁLSSON, 2012).

3.1 Movimentos de dispersão

A conservação de uma espécie ocorre por meio de estudos biológicos e ciclo de vida que incluem movimentos de dispersão, comportamento reprodutivo e

processos históricos aliados a fatores ambientais, que são os maiores responsáveis para manter a diversidade genética nas populações (BATISTA, 2010).

Como componente da diversidade genética, a riqueza alélica identifica, principalmente, o número de alelos diferentes segregando em uma população. Indivíduos portadores de alelos exclusivos possuem uma importância singular por atuarem na manutenção dos níveis de heterozigosidade, quando através de fluxo gênico estes alelos são disseminados para outras subpopulações (MELO, 2012).

No ambiente aquático, a diversidade genética encontrada, mostra-se por muitas vezes, de modo complexo e de difícil entendimento (GALARZA *et al.*, 2009; NEPOMUCENO, 2017). Em peixes que estabelecem populações naturais, em especial no ambiente marinho, a variabilidade e estrutura genética são influenciadas pelo fluxo gênico, dispersão larval e fixação dos genes em determinada população (ORICCHIO, 2013), levada principalmente pela conectividade entre populações das diferentes bacias oceânicas associadas à ausência de barreiras oceanográficas (NEPOMUCENO, 2017).

Como efeito da variação genética, o fluxo gênico ligado aos movimentos de dispersão se destaca, pois ocorre por meio de movimentação ativa dos organismos (BENEVIDES, 2011). Com isto, a distribuição de uma determinada espécie está ligada à estrutura espacial das populações conectadas pela troca de larvas entre as populações, tornando-se para essas comunidades um parâmetro central da estruturação (ORICCHIO, 2013).

A migração torna-se um fator importante para a reprodução, pois os genes são movimentados de uma população para outra, que geralmente afeta em proporções maiores as pequenas populações. Logo, a variabilidade genética se comportará de forma proporcional quando submetida ao fluxo gênico, ou seja, quanto maior o número de migrantes entre os grupos, maior a integração entre eles (GOMIDE, 2008).

Espécies marinhas podem ter forte estruturação populacional genética, mesmo em escalas muito pequenas, causada possivelmente por barreiras oceanográficas, assim, a conectividade genética é importante para as populações se recuperarem de impactos antropogênicos ou naturais (PASCUAL *et al.*, 2017).

De acordo com Allendorf *et al.* (2008), explorar um grupo de indivíduos que é uma mistura de várias subpopulações pode suprimir uma ou mais subpopulações, assim, extrair populações selvagens pode causar perturbação na subdivisão entre populações dentro de uma espécie e conseqüentemente reduzir a produtividade geral. Além disso, a redução do tamanho ou densidade de subpopulações pode diminuir o número de migrantes entre subpopulações e causar aumento deriva genética e perda de variação genética.

A taxa de fluxo gênico também pode aumentar em certas subpopulações e causar perda de adaptações locais, assim, estoques com baixa variabilidade genética ou a diminuição desta ao longo de gerações podem gerar futuramente problemas de endogamia (LOPERA-BARRERO *et al.* 2010), redução do tamanho da população e a sua extinção, fatalmente afetará as interações das comunidades a cerca de outras espécies.

Contudo, quando as espécies-alvo exercem um papel fundamental na rede alimentar, o efeito é simultâneo, causando mudanças na quantidade e qualidade de alimento, entre outras dinâmicas tróficas (ALLENDORF *et al.*, 2008). Espécies com amplos estoques ou com grande conectividade genética entre elas estão menos susceptíveis à extinção (VIANNA, 2013).

3.2 Influências das barreiras geográficas

A distribuição da diversidade genética em ambientes aquáticos é gerada e mantida, principalmente, por barreiras à dispersão (GALARZA *et al.*, 2009). Peixes marinhos se mostram eficientes na produção de um grande número de ovos e larvas com capacidade de dispersão por meio dos oceanos (ALVES, 2018). Neste ambiente, há indícios de divergência genética entre as populações de peixes através de barreiras oceanográficas para a dispersão e adaptação genética local (WILLIAMS *et al.*, 2008).

Para Marshall (2010), uma série de fatores pode comprometer a conectividade entre as populações, os mais evidentes são as barreiras físicas à dispersão de larvas que limitam a troca de indivíduos entre as populações.

Galarza *et al.* (2009), ao estudar a influência de correntes oceânicas na conectividade de peixes, concluíram que essas correntes representam grandes barreiras ao fluxo gênico e têm forte influência na estrutura genética da população de algumas espécies de peixes. Entretanto, barreiras biológicas (alta taxa de mortalidade de larvas durante a dispersão por predação ou inanição, processos de adaptação local e plasticidade fenotípica que atuam melhorando a aptidão dos organismos sob certas condições ambientais) alteram a conectividade entre as populações marinhas (MARSHALL, 2010).

Para gerenciamento sustentável de populações é preciso saber o que constitui a população colhida e como é seu delineamento genético. Se a população colhida faz parte de uma área geográfica mais ampla ligada pela migração, então qualquer efeito da colheita seletiva pode afetar uma área geográfica maior do que o previsto (ALLENDORF *et al.*, 2008).

Nesse ponto de vista, a aplicação de princípios e métodos genéticos para a biologia e gestão da pesca (genética pesqueira) pode auxiliar na compreensão de mecanismos que moldam a abundância e a distribuição das espécies exploradas, bem como a identificação de fatores que sustentam a dinâmica e a capacidade de resistência em tais espécies (OVENDER *et al.*, 2013; CABALLERO *et al.*, 2010 apud ASSIS, 2015).

4 ANÁLISE ESTATÍSTICA

4.1 Análise da diversidade e estrutura populacional

Segundo McMANUS *et al.* (2011), o Índice de Shannon analisa a proximidade genética entre indivíduos, quanto menor seu valor menor a diversidade populacional. O uso deste índice em marcador dominante possibilita contornar o problema da não detecção dos genótipos heterozigotos, pois o mesmo não se baseia na heterozigosidade da população e, sim, na frequência fenotípica da banda na população (MOURA, 2003). Os valores do coeficiente de diversidade de Shannon-Weaver (H') são classificados como baixo ($H' < 0,50$), médio ou intermediário ($H' = 0,50-0,75$) e alto ($H' \geq 0,75$) (JAMAGO, 2003). A estatística H de Nei (1972) refere-se à medida de diversidade de Nei (H), nela o autor baseou-se no

conceito de heterozigosidade gênica/alélica para quantificar a diversidade genética entre e dentro das unidades experimentais, podendo ser aplicado a qualquer tipo de organismo, desde que a frequência gênica possa ser determinada (SÁNCHEZ, 2008).

Hiltsdorf (2013) afirma que o parâmetro de variabilidade inter-especifica (G_{ST}) pode ser definido como a razão da diversidade gênica interpopulacional (D_{ST}) pela diversidade gênica total (H_T) e que há relação entre o número de migrantes e o índice F_{ST} , porém são inversamente proporcionais, ou seja, quanto maior o número de migrantes menor F_{ST} .

O índice de fixação F_{ST} , mede o déficit de heterozigotos devido à sub-estruturação das populações (TURCHETTO-ZOLET *et al.*, 2017), ou seja, avalia o nível de diferenciação genética entre as populações. A medida de divergência gerada pelo F_{ST} é sempre positiva e varia de 0 (ausência de diferenciação genética as populações estão panmixia) a um máximo de 1 (completo isolamento das populações, indicando a fixação de alelos diferentes nas populações), este índice pode ser entendido pela correlação entre gametas dentro de populações que se unem para formar zigotos relativos aos gametas retirados ao acaso das subpopulações como um todo (HILSDORF, 2013). Esses métodos indiretos (F_{ST} , G_{ST}) estimam o grau de diferenciação genética entre subpopulações baseado na hipótese que as mesmas atingiram o equilíbrio e compartilham os mesmos alelos nas mesmas frequências (SORIA *et al.*, 2012).

O PIC (Índice de Conteúdo Polimórfico) ou diversidade genética do loco, é uma estimativa utilizada para analisar o poder discriminatório do *locus* (SILVA *et al.*, 2016) e considera não apenas o número de alelos identificados, mas também a frequência relativa desses alelos (MACHADO *et al.*, 2016). Deste modo, esse valor está relacionado com o número de alelos, que, por sua vez, está diretamente associado à divergência genética e ao número de genótipos em estudo (MALONE *et al.*, 2007). PIC com valores superiores a 0,5 são considerados muito informativos, ente 0,25 e 0,50 mediamente informativos e valores inferiores a 0,25 pouco informativos BOTSTEIN *et al.*, (1980).

O valor do PIC varia de "0", para perfis monomórficos, até "1", para perfis altamente polimórficos, porém, se houver mais de dois alelos por loco e estes

encontrar-se em heterozigose, o valor de PIC supera a unidade (1,0) (MALONE *et al.*, 2007). Baseado nisso, o cálculo é feito a partir do número de alelos detectados pelo marcador para um determinado loco e a frequência relativa de cada alelo nas amostras analisadas (MALONE *et al.*, 2007).

4 OBJETIVOS

4.1 Objetivo Geral: Caracterizar a diversidade genética de duas populações da espécie *M. curema* na RESEX de Canavieiras e no estuário de Jaguaripe – BA, por meio do marcador molecular ISSR.

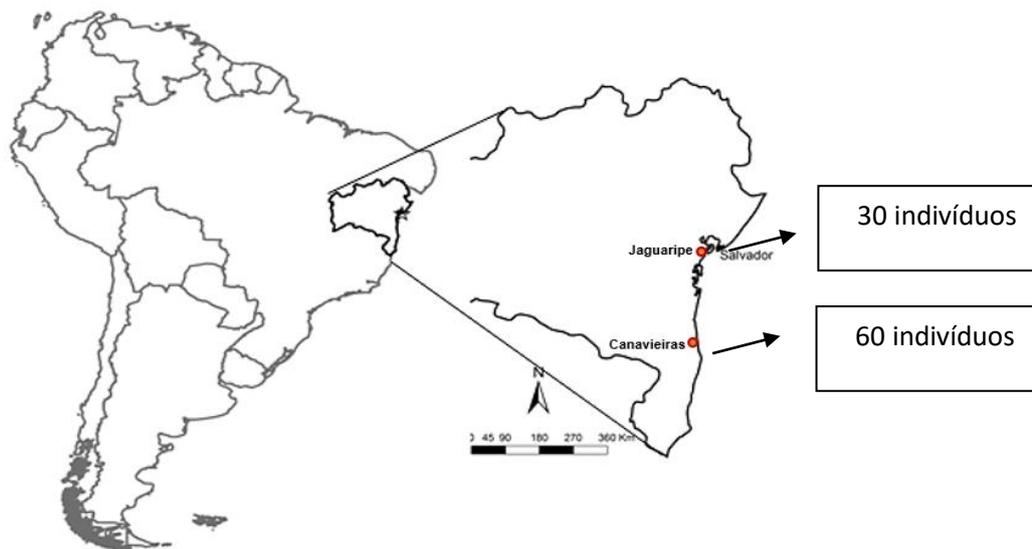
4.2 Objetivos Específicos

- Caracterizar a diversidade genética entre e dentro das populações de *M. curema*.
- Estimar parâmetros genéticos populacionais das populações de *M. curema*.
- Fornecer informações para que medidas sejam tomadas para a conservação dos estoques na sua área de ocorrência.

5 MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi realizado nos municípios de Canavieiras e Jaguaripe, localizados respectivamente no sul e baixo-sul do Estado da Bahia (Figura 6). Foram coletadas 60 amostras da nadadeira caudal de *M. curema* em 11 pontos pesqueiros em Canavieiras e 30 amostras em Jaguaripe em 5 pontos pesqueiros no período de 2017/2018. As amostras foram estocadas em tubos tipo eppendorfs com as respectivas identificações. Essas nadadeiras foram mantidas em álcool etílico absoluto (99,7%) e os espécimes foram conservados em gelo para posterior identificação a partir da chave de classificação. O material biológico coletado foi conduzido ao Laboratório de Genética de Organismos Aquáticos (LAGOA) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, campus de Cruz das Almas-BA.

Figura 6: Posição geográfica dos locais de coleta em referência a capital Salvador-BA.



Fonte: OLIVEIRA, 2019

5.1 Extração de DNA genômico

O DNA foi extraído segundo o protocolo de solução salina descrito por Aljanabi e Martinez (1997) com algumas adaptações e detalhado a seguir:

Inicialmente foi realizada a maceração do tecido e deixado em estufa a 37°C

para retirar o excesso de álcool da fixação e então, 400µl de tampão salino, NaCl 0,4M: Tris – HCL 10mM (pH=8,0) e EDTA 0,2 mM (pH=8,0), foram adicionados. Em seguida, adicionou-se 40µl de SDS (20%) e 8µl de Proteinase K (20 mg/ml), vertendo-se cuidadosamente o tubo para homogeneizar a solução. Os tubos foram colocados em banho-maria a 55-65°C e permaneceram por aproximadamente 2 horas. Durante sua permanência em banho-maria os tubos foram levemente agitados a cada 30min. Posteriormente, 300µl de NaCl 6M foram adicionados às amostras, sendo estas agitadas no vortex por 30 segundos em velocidade máxima e posteriormente, centrifugadas por 30 minutos a 10.000 rpm. Após a centrifugação, duas fases se formaram uma inferior contendo restos de tecido e uma superior onde estava o DNA e também restos protéicos digeridos. O sobrenadante foi transferido para um novo tubo com auxílio de uma micropipeta com bastante cuidado para que a interface não fosse aspirada. Aos novos tubos contendo o sobrenadante, foi adicionado volume igual de isopropanol, misturando as soluções através de movimentos suaves. A quantidade de isopropanol adicionada foi mais próxima possível da quantidade de sobrenadante existente no tubo, pois é nesta etapa que irá ocorrer precipitação do DNA. Para otimizar a precipitação, as amostras foram incubadas *overnight* à -20°C e posteriormente centrifugadas por 20 minutos a 10.000 rpm. Após a centrifugação foi visualizado um pequeno pellet formado no fundo do tubo. O sobrenadante foi descartado com cuidado para que o pellet não se descolasse do tubo ocorrendo perda. Em seguida, 300µl de etanol 70% gelado foi adicionado aos tubos e as amostras centrifugadas por mais 5 minutos a 10.000 rpm. O etanol 70% foi descartado e o material deixado para secar a *overnight*. Após a secagem, um volume de 100µl de TE foi adicionado ao tubo para ressuspender o DNA e após isso o material foi estocado em freezer à -20° C.

5.2 Quantificação do DNA

Após extração, o DNA foi submetido ao gel de agarose contendo 200 ml de tampão TBE 1X, 2g de agarose e 3,0 µL de Brometo de Etídio, e coradas com Azul de Bromofenol para que se tornem visíveis, refletindo parte da luz branca na faixa do azul marinho. Então, as amostras foram levadas a corridas eletroforéticas que duraram cerca de 40 minutos na cuba de eletroforese (DIGEL- Locus biotecnologia) com voltagem 100 V por 40 minutos usando tampão TBE 1X.

Para análise de integridade e quantificação, os géis foram visualizados sob luz ultravioleta, fotografado em sistema de fotodocumentação por meio de um Transluminador UV L.PIX Loccus Biotecnologia – Molecular Imaging acoplado a um computador contendo o Software específico para o equipamento, indicando se há presença ou não de DNA.

5.3 Amplificação do DNA ISSR-PCR

As amplificações de PCR foram conduzidas em termociclador *Veriti (Applied Biosystems)* e consistiram numa etapa inicial de desnaturação do DNA a 94°C por 4 minutos; seguido por 35 ciclos, cada um apresentando 40 segundos de desnaturação a 94°C; 30 segundos para o pareamento do iniciador a temperatura específica °C de cada *primer*; 2 minutos de extensão do fragmento do DNA a 72°C; seguido de uma extensão final por 7 minutos; e 4°C ∞.

Foram testados um total de dezenove *primers* ISSR's nas amostras de DNA da espécie *M.curema*, onde 8 foram selecionados para desenvolvimento deste trabalho por apresentarem boa amplificação (Tabela 3).

Tabela 3: *Primers* utilizados na pesquisa com suas respectivas sequências e temperatura de anelamento para amplificação de DNA da espécie *M. curema*.

Nome dos <i>primers</i>	Sequência 5' – 3'	Temperatura de anelamento (°C)
ISSR 1	(GA)8C	50,4°
ISSR 2	(AG)8C	54°
ISSR 3	(GA)8T	50,4°
ISSR 6	(AG)8YC	52,8°
ISSR 8	(GA)8YT	52,8°
ISSR 10	(GA)8YG	54°
ISSR 20	(GGAT)4	53°
ISSR 21	(AAGC)4	53°

A mistura de reação em cadeia de polimerase foi realizada com reagentes nas seguintes proporções: 3µL DNA diluído em água ultra pura, 2,5 µL de tampão (10x), 2,5 µL MgCl₂ (50mM), 5 µL dNTPs (100mM), 2,5 µL de *primer* (50µM) e 0,2

μ L TaqDna Polimerase e água ultrapura Milli-Q (14,25). O *primer 2* amplificou com alguns ajustes no volume de $MgCl_2$ aumentando para $3\mu L$ e diminuindo o volume de água para $13,75\mu L$.

Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose a 2%, submetido por 2,5 horas a 100 volts contendo solução tampão TBE diluído 10x e o gel corado com $2\mu L$ brometo de etídeo. Os poços foram preenchidos com $16\mu L$ da reação, acrescido de $3\mu L$ de corante azul de bromofenol. Além do material resultante do processo de PCR, foi adicionado ao gel o marcador DNA Ladder 100 bp como padrão molecular para auxiliar a estabelecer o tamanho das bandas. Em seguida os géis foram fotodocumentados em transluminador sob luz ultravioleta do sistema de fotodocumentação L-PIX Loccus Biotecnologia.

O tamanho dos fragmentos foi estimado por comparação com o padrão DNA Ladder de 100 pb. Os resultados adquiridos a partir da visualização das bandas de DNA nos géis foram transformados em matrizes numéricas binárias com presença (1) e ausência de banda (0), para os fragmentos amplificados, incluindo as bandas de intensidade média e fracas. Para avaliação de polimorfismos, um loco para ser considerado polimórfico deve apresentar a frequência do alelo mais comum inferior a 0,95 (FALCONER e MACKAY,1996).

Os principais parâmetros para a análise da variabilidade genética para cada população foram determinados pela: percentagem de bandas polimórficas (PBP), índice de Shannon (I), diversidade de Nei (H), diferenciação populacional (G_{ST}), fluxo gênico (Nm = número de migrantes), Índice de Conteúdo Polimórfico (PIC) e testes de atribuição foram calculados com o programa POPGENE versão 1.32 (YEH *et al.*, 1997).

O poder discriminatório dos iniciadores foi avaliado por meio dos seguintes parâmetros: Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) foi calculado pela fórmula

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^n p_{ij}^2$$
, para verificar a eficiência de *primers* utilizados. O MI (Índice de marcador) mede a eficiência global de uma técnica de marcadores moleculares, foi obtido pela multiplicação do PIC médio com a relação Multiplexa Efetiva (POWELL *et al.*, 1996). A razão multiplex efetiva (EMR) é o produto do número de locus

polimórficos por iniciador (n) e a fração de fragmentos polimórficos (β) (OLIVEIRA, 2018). O MI é uma medida eficiente de marcadores moleculares, obtido pela multiplicação do PIC médio com a relação multiplexa efetiva (POWELL *et al.*, 1996).

A partir da matriz de dissimilaridade foi feita a análise de coordenadas principais (PCoA), que consiste num método que permite visualizar a estrutura da distribuição dos dados, neste caso os indivíduos avaliados, com base em suas diferenças e semelhanças genéticas, atribuindo para cada item, uma localização em um espaço dimensional, como um gráfico. Os principais eixos correspondem as principais coordenadas que podem ser usadas para exibir os indivíduos no gráfico. Desta forma, cada eixo pode ser interpretado em termos de porcentagem da variabilidade total que está sendo representada no determinado espaço.

A matriz de distância genética em pares entre indivíduos foi obtida pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard e o agrupamento UPGMA (Unweighted PairGroup Method Using na ArithmeticAverage) através do programa Darwin 6.06 (PERRIER e JACQUEMOUD-COLLET, 2006). Na análise de variância molecular (AMOVA) o nível de diversidade genética (F_{ST}) para estimativa de estruturação genética foi feito com o programa GeneAlex específico para genética de populações (EXCOFFIER *et al.*, 1992).

6. RESULTADOS

Os oito iniciadores geraram um número total de 137 fragmentos de bandas, sendo 117 polimórficos (85,5%) (Tabela 4), com tamanho de pares de base variando entre 100 pb e 2072 pb, onde a maior amplitude alélica ou tamanho dos fragmentos foi identificada para o locus ISSR 1 (210 – 2072 pb) e a menor, para o ISSR 21 (100 – 1100 pb). O número total de *loci* variou de acordo com os iniciadores, sendo o maior número de *loci* produzidos pelo ISSR 10 e o menor pelo ISSR 2. Para os *loci* avaliados, o PIC variou de 0,72 para o ISSR 6 à 0,94 para o ISSR 3, com média de 0,86 (Tabela 8). Assim, foi possível observar valores do PIC acima de 0,5 conforme a Tabela 4.

Tabela 4: Iniciadores selecionados na análise de variabilidade genética entre as duas populações da espécie *M. curema*, suas características moleculares.

<i>Primer</i>	Sequência 5' - 3'	Ta	NLP	NLM	TF (pb)	P(%)	PIC	EMR	MI
ISSR 1	(GA)8C	50,4°	16	-	210 a 2072	100	0,89	2,8	2,5
ISSR 2	(AG)8C	54°	15	1	500 a 1000	93,6	0,80	2,8	2,8
ISSR 3	(GA)8T	50,4°	11	6	300 a 800	64,7	0,94	3,2	3,0
ISSR 6	(AG)8YC	52,8°	17	-	300 a 2000	100	0,72	3,2	2,3
ISSR 8	(GA)8YT	52,8°	15	2	300 a 2100	88,2	0,92	3,2	3,0
ISSR10	(GA)8YG	54°	19	-	400 a 1700	100	0,80	4,0	3,2
ISSR 20	(GGAT)4	53°	9	4	350 a 1300	69,2	0,92	1,9	1,7
ISSR 21	(AAGC)4	53°	15	7	100 a 1100	68,2	0,86	5,3	5,3
Total	-	-	117	20	-	85,5	0,86	-	-

Ta:temperatura de anelamento; NLP:N° de *loci* polimórficos; NLM:N° de *loci* monomórficos; TF:Tamanhos dos fragmentos; P(%) percentual de bandas polimórficas; PIC:Conteúdo de Polimorfismo; EMR: Razão Multiplex Efetiva; MI:Índice do marcador.

6.1 Estrutura populacional e diversidade genética das populações

Os resultados mostraram que a média para comparação da identidade genética de Nei (1972) foi de 0,7788 e a média para comparação da distância genética foi de 0,2501. Quando analisado os dados para o índice de Shannon (I), número de alelos observados, e o número efetivo de alelos observou-se uma variação da diversidade genotípica entre as populações, assim como na média de diversidade genética de Nei (H), conforme a Tabela 5.

Tabela 5: Diversidade genética entre as populações de *M. curema* coletadas na RESEX de Canavieiras – BA e Jaguaripe - BA.

Local	Na	Ne	H	I	NLP	PLP %
Canavieiras	1,9888 ($\sigma \pm 0,1060$)	1,3513 ($\sigma \pm 0,3412$)	0,2187 ($\sigma \pm 0,1677$)	0,3506 ($\sigma \pm 0,2187$)	88	98,88
Jaguaripe	1,9663 ($\sigma \pm 0,1815$)	1,5839 ($\sigma \pm 0,3296$)	0,3360 ($\sigma \pm 0,1612$)	0,4984 ($\sigma \pm 0,2109$)	86	96,63

*Na=número de alelos observados; *Ne=número efetivo de alelos; *H=diversidade genética de Nei (1972); *I=índice de informação de Shannon; NLP=número de loci polimórficos; PLP=percentual de loci polimórficos

A média da diversidade genética total (H_T) para as populações foi 0,3582 ($\sigma \pm 0,0189$) e a média de diversidade esperada 0,2774 ($\sigma \pm 0,0150$). A diferenciação genética estimada pela média G_{ST} resultou em 0,2257 e o número de migrantes nas populações indicado pelo fluxo gênico, resultou em $N_m=1,7148$ (Tabela 6).

Tabela 6: Estimativa de diversidade genética, diferenciação populacional (G_{ST}) e fluxo gênico (N_m) para as populações da espécie *M. curema*.

	H_T	H_s	G_{ST}	N_m
População total	0,3582 ($\sigma \pm 0,0189$)	0,2774 ($\sigma \pm 0,0150$)	0,2257	1,7148

HT = diversidade total; HS = diversidade esperada; * G_{ST} = diferenciação populacional; * N_m = estimativa do fluxo gênico.

As medidas para a comparação de identidade genética de Nei (1972) e distância genética, apresentaram como resultados 0,7832 (diagonal superior) e 0,2444 (diagonal inferior) respectivamente (Tabela 7).

Tabela 7: Mensuração da Identidade genética de Nei (1972) (diagonal superior) e distância genética (diagonal inferior) entre as populações de tainha.

Populações	Canavieiras	Jaguaripe
Canavieiras	****	0,7832
Jaguaripe	0,2444	****

Segundo a AMOVA e o índice de fixação (F_{ST}), verificou-se diferenciação significativa entre as populações (Tabela 8). A análise de variância molecular forneceu uma estimativa que grande parte da variabilidade genética está concentrada dentro das populações (53,14%), com menor porcentagem entre eles (46,86%), gerando um índice F_{ST} de 0,46857 indicando uma forte estrutura genética entre as duas populações.

Tabela 8: Análise molecular de variância (AMOVA) dentro e entre as populações da espécie *M. curema*.

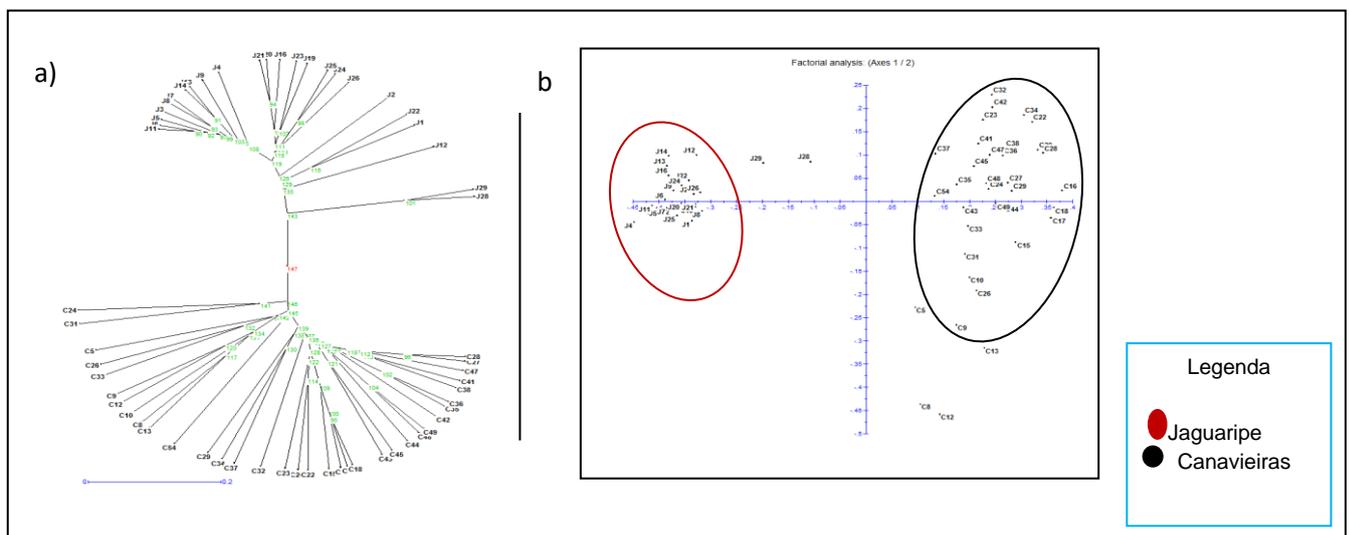
Fonte de Variação	GL	SQ	CV	PV	MS	EV	%
Entre populações	1	273,972	6,66046 Va	46,86%.	404,961	9,742	39%
Dentro das populações	88	664,750	7,55398 Vb	53,14%	15,285	15,285	61%
phiPT = 0,389, P > 0,001							
F _{ST} : 0,46857							

Grau de Liberdade (GL); Soma de quadrados (SQ); Coeficiente de variação (CV); porcentagem de variação (PV%); Média de quadrados observados (MS); Estimativa de variação (EV), phiPT: proporção de variância genética total entre indivíduos dentro das populações.

Baseado em 1.023 permutações.

O dendrograma e a análise de coordenadas principais (PCoA)(Figura 7 'a' e 'b'), foram usados para descrever espacialmente as similaridades genéticas entre os

Figura 7: a) Dendrograma gerado pelo método UPGMA (Unweighted Pair Groupmethod, Arithmeticmean) da tainha baseado na distância genética de Nei (1972). b) Análise de Coordenadas Principais (PCoA) e análise estrutural de 2 populações de tainha oriundos de ambiente naturais. indivíduos amostrados nas localidades estudadas.



Na Figura 7a é possível observar formação de dois grupos evidenciando a diferença entre as populações. Fato também comprovado pela análise de coordenadas principais (Figura 7b).

7 DISCUSSÃO

Estudos genéticos em peixes são importantes em diversas situações, principalmente em relação aos processos reprodutivos, no qual tem papel fundamental na conservação de populações selvagens onde pode ser avaliado o impacto determinado por mudanças no ambiente sobre as populações naturais (ALLENDORF, 2017).

A análise de estruturação populacional pode estimar o fluxo gênico e dispersão de uma espécie, além de fornecer dados sobre a diferenciação genética de populações ao longo da distribuição geográfica do organismo (TURCHETTO-ZOLET *et al.*, 2017). Segundo Abdel-Kader *et al.* (2017), é impossível determinar medidas de administração adequadas na falta de uma estimativa clara da estrutura do estoque, assim, a análise da genética populacional associado à análise de dinâmica pesqueira é de grande importância para estudos relacionados ao gerenciamento pesqueiro.

Os marcadores moleculares ISSR mostraram-se úteis para esta análise, pois foi possível observar alta porcentagem de polimorfismo evidenciando uma variabilidade genética intra-populacional (53,14%) (Tabela 8), ou seja, dentro das populações. O IBAMA (2008) informa que há um considerado aumento na exploração de exemplares maiores de Mugilídeos e conseqüentemente modificando perfis biológico-populacionais nos últimos anos. Assim a pesca nestes locais, possivelmente, já está afetando a variabilidade genética da tainha, pois desde a década de 80 a sobrepesca vem afetando este recurso (MENDONÇA e BONFANTE, 2011) e conseqüentemente diminuindo a variabilidade genética. Deste modo, essas populações merecem uma atenção especial por meio de medidas efetivas de manejo e gestão pesqueira, como a redução da exploração nestes estuários com o objetivo de aumentar os níveis de variabilidade genética que de acordo com os valores do índice de Shannon encontrados foram considerados baixos (Tabela 5).

Utilizou-se 8 *primers* e foram obtido 117 bandas polimórficas (Tabela 4) nos 90 indivíduos estudados. Gondolo (2012) ao estudar a mesma espécie em grande parte do litoral do Nordeste, utilizando 7 marcadores ISSR em 240 indivíduos, obteve 92 bandas polimórficas, das quais apenas dois *loci* foram verificados exclusivamente nas demais espécies de *Mugil*. Este autor observou um bom estado de conservação

genética em termos globais, observando um alto grau de estruturação genética. Resultado semelhante também foi obtido por Saedi *et al.* (2014) com o mugilídeo *Liza aurata*, por meio de marcadores mitocondriais, relataram elevados índices de diversidade genética.

A utilização dos marcadores ISSR neste estudo foi considerada satisfatória. O índice de informação polimórfica (PIC) mostrou-se efetivo por possuir em todos os *primers* analisados valor superior a 0,5 conforme tabela 4. Deste modo, os *loci* foram considerados muito informativos comprovando a eficiência dos *primers* neste estudo.

Na análise de diversidade genética, as populações apresentaram percentuais de *loci* polimórficos (P) e número de alelos (Na) semelhantes. Em Canavieiras-BA a percentagem de locus polimórficos (PLP) foi 98,88% e número de alelos (NA=1,9888) e Jaguaripe (PLP=96,63 e Na=1,9663) (Tabela 5) tendo maior resultado obtido em Canavieiras. Diferentes resultados foram descrito por Xu *et al.* (2010), que observaram valores de número de alelos por locu, variando de 2 a 11 em populações naturais para *M. cephalus* no Mar da China Oriental. A partir dos resultados podemos supor que por partilharem poucos alelos em comum, possivelmente trata-se da existência de metapopulações de *M. curema*. O distanciamento entre as populações seria possivelmente, resultante do isolamento reprodutivo. O isolamento entre essas populações não seria total, por ser uma espécie migradora. Portanto, podemos inferir que possivelmente há uma barreira eficiente que impede homogeneização genética das populações nestes locais.

O índice de Shannon (I) variou entre as populações, onde o maior valor foi para a população de Jaguaripe (0,498) e menor em Canavieiras (0,351) (Tabela 5). Este índice pode variar de 0 a 1, no qual a menor diversidade genética é representada por valores mais próximos de zero.

As taxas de variabilidade genética, calculadas pelo índice de Shannon (I) junto com a porcentagem de *locus* polimórficos (PLP%) confirmam a forte estruturação e baixa variabilidade genética entre as populações. Isto pode ser explicado pela distância geográfica entre as áreas estudadas. Albieri *et al.* (2010) ao estudarem populações de *M. curema* do Rio de Janeiro/RJ e da Venezuela sugerem que a estruturação genética encontrada seja por causa da distância geográfica entre estas áreas.

A diversidade genética ou heterozigosidade é a medida mais utilizada e mais importante para estimar a variabilidade genética por ser menos sensível às variações no tamanho da amostra, isto quando comparada a outras medidas, como a percentagem de locos polimórficos e o número médio de alelos por locos (AFONSO, 2018). A diversidade genética total (HT), pelo índice de Nei (1973), atingiu uma média estimada de 0,3582 (Tabela 6), o que demonstra elevada heterozigosidade nas populações estudadas. A proporção da diversidade genética entre as populações (G_{ST}) foi de 0,2257, indicando que a variabilidade entre e dentro das populações contribuiu com 22,57% e 77,43% da diferenciação total, isto ocorre porque, os exemplares possivelmente não compartilham áreas comuns de reprodução por conta de alguns fatores (sedimentação despejada pelo rio, variação de salinidade, temperatura, etc.) que poderiam levar a separação destas populações e configurá-las como metapopulações. Para Gondolo, (2012) as populações observadas de *M. curema* são metapopulações que interagem umas com as outras. Ramirez, (2011) ao estudar a Filogeografia de duas espécies de tainha, *Mugil liza* e *M. platanus*, relatou que possivelmente há um complexo de populações de *M. curema*.

Em relação ao valor G_{ST} (parâmetro de diferenciação populacional) foi de 0,2257 (Tabela 6), confirmando os resultados da AMOVA. Porém Gondolo (2012) obteve G_{ST} de 0,3848, sendo este valor significativamente superior ao encontrado neste estudo. O autor observou que entre os seis estuários há diferenciação genética muito alta entre os indivíduos, que pode ser explicado pela sua maior sua área de observação ou alguma possibilidade evolutiva de isolamento que talvez seja por influência de corrente marítima, exploração excessiva de exemplares maiores ou outros fatores que influenciaram a diferenciação desses peixes.

O número de migrantes (Nm) foi de 1,7148 (Tabela 6), valor baixo considerando que para um fluxo gênico contrapor os efeitos de deriva genética, este valor precisa ser maior do que quatro migrantes (SLATKIN, 1987). Há uma correlação entre a variação genética e a distância geográfica (mesmo sendo pouca) com o fluxo gênico detectado entre os locais estudados, pois apresentam um fluxo gênico limitado pela distância entre os locais de amostragem devido a alguns possíveis obstáculos ambientais naturais, por isso, elas não compartilham altos

níveis de diversidade genética. Sendo a restrição geográfica maior do que por sua capacidade de dispersão.

Em Gondolo (2012), o número de migrantes estudados para outras espécies do gênero foi 0,7993, consideravelmente menor que o encontrado nesta pesquisa. No entanto, tratando-se apenas da espécie *M. curema* o mesmo autor obteve valor máximo de 2,78 e o valor mínimo de 0,53. Outros valores refletindo altos níveis de fluxo gênico foram observados para outras espécies de mugilídeos por Ghaneh *et al.* (2011) 5,05, Ghodsi *et al.* (2011) 5,1 apud SAEDI, 2014 e Saedi *et al.* (2014) (3,470).

Níveis elevados de diversidade genética são frequentemente observados em peixes migratórios com grandes populações, porque em grandes populações, altas taxas de migração minimizam os efeitos da deriva genética (SANTOS *et al.*, 2007). Pesquisas observaram espécies crípticas de Mugilídeos (TRAN *et al.*, 2016; KRUECK *et al.*, 2013; SHEN *et al.*, 2011; DURAN *et al.*, 2012), ou seja, se reproduzem isoladamente entre si e por isso há grande semelhança quanto sua morfologia externa, caracterizando-a como uma única população.

O resultado da análise da distância genética entre as populações foi de 0,2444 (Tabela 7), inferior ao encontrado em Gondolo, (2012) onde as distâncias genéticas variaram de 0,65 até 0,86 nos estuários estudados. Uma média de diversidade genética de 19,5% em algumas espécies de mugilídeos foi relatado por Ramirez, (2011).

A redução do nível do mar no Pleistoceno, impactou tanto a conectividade marinha quanto a temperatura da superfície do mar (TRAN, 2016). Sistemas oceanográficos dinâmicos também podem restringir profundamente a conectividade entre grupos, a heterogeneidade genética geralmente aumenta em zonas marinhas com frentes oceanográficas previsíveis (SHEN *et al.*, 2011). Porém, enquanto alguns indivíduos migram grandes distâncias geográficas, outros parecem residir o ano todo nos estuários (CHANG e TZENG, 2000 apud Kang-Ning) e isso pode ser um fator de influência para a separação desta espécie ao longo da costa baiana.

Para Knutsen *et al.*, (2011) um fator em comum na maior parte dos estudos genéticos de organismos aquáticos, são os baixos níveis de diferenciação entre as

populações. Porém em ambiente natural, principalmente em peixes migratórios, espera-se que seja maior por conta da dispersão larval.

Neste estudo, apesar da capacidade migratória a distribuição destes organismos pode ser explicada pela possibilidade de algum barramento natural (diferentes correntes marítimas, massas de água, diferença de salinidade, temperatura ou a própria distância geográfica) que funcionam como uma barreira física eficiente (construções antrópicas ou até mesmo poluição/lixo levado pelas correntes).

O ϕ_{PT} é uma medida que comprova o número de populações do agrupamento, com valor obtido de 0,389 (Tabela 8). Para a análise de estruturação populacional, os valores de F_{ST} que se encontram entre 0 e 0,05 configuram baixa estruturação genética, entre 0,05 e 0,15, estruturação moderada, entre 0,15 e 0,25, estruturação alta e acima de 0,25, forte estruturação genética. A AMOVA considera a distribuição da variabilidade genética nas populações originais e neste estudo demonstrou que esta se encontra maior dentro das populações do que entre eles. Isto evidencia uma diferenciação alta entre as populações (F_{ST} 0,46857) e dentro das populações de (Canavieiras F_{ST} 0,46943 e Jaguaripe F_{ST} 0,46685) conforme Tabela 8. Assim os nossos resultados apresentaram baixo fluxo gênico e alta diferenciação genética. Um valor semelhante foi encontrando por Magdy *et al.* (2016) utilizando marcadores co-dominantes em *M. cephalus*, no Egito.

Deste modo, nossos resultados estão de acordo com os observados por Gondolo (2012) que obteve 0,68 e Saedi *et al.*, (2014) de F_{ST} 0,70 e 0,69 em duas de 3 populações de Mugilídeos indicando também uma forte estruturação genética com $F_{ST} > 0,25$. Segundo este autor, isso pode ocorrer em consequência de processos evolutivos e conclui que as populações de *M. curema* encontram-se em um franco processo de diversificação, sugerindo um possível complexo de espécies sob a denominação *M. curema*. Também foi observado por Shen *et al.*, (2011) uma significativa diferenciação (F_{ST} 0,973, $P < 0,001$) entre três linhagens de *M. cephalus* utilizando marcadores co-dominantes. Porém, baixos valores (0,054 e 0,180) foram relatados por Mai *et al.*, (2014) ao estudar a variação e a distribuição genética de *M. liza*, a partir de marcadores mitocondriais.

Dias Neto e Dias (2015), abordam indícios de estruturação genética de populações de *M. liza*, com características biológicas distintas ao longo de sua área de ocorrência no Brasil. Estes mesmos autores relatam que as distâncias genéticas estimadas (F_{ST}) demonstram que existe maior fluxo genético entre as populações que habitam o sul do Brasil e a Argentina, enquanto a população localizada no extremo norte da distribuição da espécie (Rio de Janeiro) foi significativamente diferente das demais.

Uma significativa estruturação genética foi observada por Gao *et al.*, (2014) em três populações de *Liza haematocheilus*, uma espécie de Mugilideo, na China e águas costeiras japonesas. Porém, Shen *et al.*, (2011) usando locos microssatélites, descreveu uma ausência de estrutura genética dentro de *Mugil spp.*, que eles atribuíram adispersão larval de longa distância pelas correntes do Noroeste do Pacífico.

No dendrograma (figura 8a) e o gráfico PCoA (figura 8b), mostram a formação e a distância genética de dois grupos, nos quais demonstraram que a maior parte da variabilidade genética ocorre dentro das populações (53,14%). Deste modo, pode-se observar que isoladamente essas populações apresentam boas características de conservação genética. Isso significa que se houver necessidade para montar um estoque fundador de reprodutores, os mesmos poderão ser escolhidos em ambas as cidades.

Isto porque, ações antrópicas, como a pesca que pode remover indivíduos com certas características fenotípicas como o tamanho, ou a sobrepesca que trará mudanças genéticas nas populações exploradas se caso as características favorecidas tiverem uma base genética hereditária, com isto, provavelmente a frequência de fenótipos desejáveis e a produtividade pesqueira reduzirão (ALLENDORF *et al.*, 2008).

Esses resultados mostram que possivelmente a pesca artesanal com a captura de indivíduos que ainda não atingiram maturidade sexual, está restringindo à transmissão da variabilidade genética apresentada pela espécie para sua prole. Assim na RESEX de Canavieiras-BA e o Município de Jaguaripe-BA é recomendado ações de redução da pesca, instituição do tamanho mínimo de captura junto a uma intensificação na fiscalização, como também a promoção de trabalhos de

conscientização ambiental evitando sobre-explorações a fim de conservar a variabilidade genética existente em cada local, sendo esta uma prática essencial para manter o potencial evolutivo das espécies.

8 CONCLUSÃO

A técnica ISSR foi eficiente para análise da variabilidade genética da referida espécie, no qual apresentaram alto nível de polimorfismo e forte estruturação genética.

Há baixo fluxo gênico entre as populações ainda que as mesmas possuam uma forte estruturação genética.

Para o aumento da variabilidade genética desta espécie, recomenda-se redução da exploração nesses estuários, assim como uma conscientização ambiental para as comunidades pesqueiras, para um desenvolvimento sustentável da pesca até que os níveis de variabilidade genética sejam considerados satisfatórios.

9 REFERÊNCIAS

- ABD EL-KADER, H.A.M.; ABOELHASSAN M.D.; KARIMA, F.M. (2017). Genetic divergence in *Mugil cephalus* e *Liza ramada* based on PCR–RFLP analysis of mtDNAs egments. *Int. J. Pharm. Sci. Rev. Res.*, 43(2), March - April 2017; Article No. 23, Pages: 124-130.
- ABDUL-MUNEER, P.M. (2014). Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies. *Genet. Res. Int.*, v.2014, p.1-11, 2014.
- ALLENDORF, F.W. (2017). Genetics and the conservation of natural populations: allozymes to genomes. *Molecular Ecology*, 26(2), 420-430.
- ALLENDORF, F.W.; ENGLAND, P.R.; LUIKART, G.; RITCHIE, P.A.; RYMAN, N. (2008). Genetic effects of harvest on wild animal populations. *Trends in Ecology e Evolution*. v.23, n.6, p. 327-337, 2008.
- ALJANABI, S.M. E ICIAR MARTINEZ,I. (1997). (Universal and rapid salt-extraction of high qualitygenomic DNA for PCR-based techniques CENARGEN-EMBRAPA, SAIN-Parque Rural, W5 Norte. C.P. 02372, CEP 70849-970 Brasília, DF, Braziland. **Norwegian Institute of Fisheries and Aquaculture**, PO Box 2511, Tromso, Norway Received July 29, 1997.
- ALMEIDA, C.M.A. (2006). Diversidade genética em populações de *Aechmea fulges* Brong. (Bromeliaceae) na Mata Atlântica de Pernambuco. Recife: UFRPE. 55p Tese (Livre Docência).
- ANELLO, L.F.S.; PEREIRA, M.O.R.; WALTER, T.; SILVA, E.P. (2015). Educação Ambiental e Participação Popular Na Gestão da Cadeia Produtiva da Pesca Artesanal: Uma Experiência no Litoral da Bahia, Brasil. *Revista Brasileira de Ciências Ambientais*. Setembro de 2015Nº 37. DOI: 10.5327/Z2176-947820152614.
- ANTUNES, S.A. e; ALMEIDA DIAS, E.R. (1994). *Phagicola longa* (Trematoda: Heterophyidae) em mugilídeos estocados resfriados e seu consumo cru em São Paulo. *Higiene Alimentar*, v.8, p.41-42, 1994.
- ARAÚJO, A.R.e ; SILVA, F.D. (2013). Aspecto da pesca e biologia da tainha, *Mugil curema* (OSTEICHTHYES: MUGILIDAE), no estuário do rio vaza barris, Sergipe, Brasil. *LABOMAR Arq. Ciên. Mar*, Fortaleza, 2013, 46(1): 29 – 38.
- BAHIA PESCA. (2009). **Pesca e Aquicultura na Bahia..** Disponível em: <http://www.bahiapesca.ba.gov.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=14>. Acessado em 16 de Abril de 2018.
- BARCELLINI, V.C.; GOMES, C.C.; ROCHA, V.; ZANIN, G.; CAMPOS, P.L.; CAMBESES, D.; MASUTTI, M. (2015). Avaliação sazonal de peso, comprimento e maturação de *Mugil curema*, no estuário de Santos, SP.
- BATISTA, J.S. (2010). Caracterização genética da dourada -

Brachyplatystomarusseauxii, Castelnau, 1855 (Siluriformes: Pimelodidae) na Amazônia por meio de marcadores moleculares mitocondriais e microssatélites: subsídios para conservação e manejo. 2010. 148 f. Tese (Genética, conservação e Biologia Evolutiva) – Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus – Amazonas.

BENEVIDES, E. A. (2011). Diversidade genética, conectividade populacional e a conservação do Mero (*Epinephelus itajara*; Perciformes: Epinephelidae) na Costa Atlântica da América do Sul. 2011. 93 f. Dissertação (Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife – Pernambuco.

BENEVIDES, E.A.; VALLINOTO, M.N.S.; FETTER FILHO, A.F.H.; SOUZA, J.R.B. de; SILVA-OLIVEIRA, G.; FREITAS, M.O.; FERREIRA, B.P.; HOSTIM - SILVA, M.; BERTONCINI, A.A.; BLANCHARD, F.; TORRES, R. A. (2014). When physical oceanography meets population genetics: the case study of the genetic/evolutionary discontinuity in the endangered goliath grouper (*Epinephelus itajara*; Perciformes: Epinephelidae) with comments on the conservation of the Species. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 56, p. 255-266.

BIGNOTTO, T.S., PRIOLI, A.J, PRIOLI, SMAP., MANIGLIA, TC., BONI, TA. , LUCIO, LC., GOMES, V.N., PRIOLI, R.A. , OLIVEIRA, AV. , JULIO-JUNIOR, H.F. AND PRIOLI, LM. (2009). Genetic divergence between *Pseudoplatystomacorruscans* and *Pseudoplatystomareticulatum* (Siluriformes: Pimelodidae) in the Paraná River Basin. **Braz. J. Biol.**, 69(2, Supl.): 681-689.

BLABER, S.J.M. (1987). Factors affecting recruitment and survival of mugilids in estuaries and coastal waters of Southeastern Africa. **Amer. Fish Soc. Symp.**,v. 1, p.507-518, 1987. IN: CORREIA, T.B.S. Uma abordagem eórica e prática da Biologia Pesqueira da Tainha (*Mugil curema*, VALENCIENNES,1836) capturadas no município de Canavieiras e Maragogipe – BAHIA, 2017.

BLANK, A. F.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SANTOS NETO, A. L.; ALVES, P. B.; ARRIGONI-BLANK, M. F.; SILVA-MANN, R.; MENDONÇA, M. C. (2004). Caracterização morfológica e agrônômica de acessos de manjerição e alfavaca. **Horticultura Brasileira** 22: 113-116

BORBA, R. DA S.; GARCIA, M. S.; KOVALLESKI, A.; OLIVEIRA, A. C.; ZIMMER, P. D.; BRANCO, J. S. C.; MALONE, G. (2005). Dissimilaridade genética de linhagens de *Trichogramma* Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) através de marcadores moleculares ISSR. **Neotropical Entomology**34: 565-569.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (2010). **Marcadores Moleculares**– Viçosa, MG, 374p. 2006. IN: COSTA, J. C. Utilização de Marcadores ISSR na Caracterização de Cultivares. Recife – PE, 2010.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, v.32, n.2, p.314-331.

BRASIL. Ministério do Planejamento, Orçamento e Gestão. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: www.ibge.gov.br/home/

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. (2012). **Boletim Estatístico da Pesca e Aquicultura do Brasil - 2010**, Brasília, 2012.

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. (2013). **Boletim Estatístico da Pesca e Aquicultura 2011**. Brasília, 2013. 60p.

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. (2015). **Plano de gestão para o uso sustentável da tainha, *Mugil Liza Valenciennes*, 1836, no sudeste e sul do Brasil**.

BRITO, H. (2010). **Diversidade Animal III: Família mugilidae**. Universidade Federal do Pará. Bragança, PA.

CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S.T.; ÁVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. (2015). Management of genetic diversity on subdivided populations in conservation programmes. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v.11, p. 409 – 419, 2010. IN: ASSIS, A.L.E.M. Diversidade e estrutura genética em populações naturais de *Cabralea canjerana* (Vell.) Martius no Espírito Santo / Arícia Leone Evangelista Monteiro de Assis. 76 f.:il. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias. 2015.

CASTELLO, J.P.; VIEIRA, J.; LEMOS, V.; MORAES, L.; GARBIN, A.T.; SCHWINGEL, P.R. (2012). **Síntese, controversia e o que sabemos de novo sobre a tainha (*Mugil liza*)**. Res. Ap. Oral: II Simpósio Iberoamericano de Ecología Reproductiva, Reclutamiento y Pesquerías - Mar Del Plata, Argentina: p. 73.

CASTRO, J. M. (1994). Extração de cistos de metacercárias de *Phagicola* Faust, 1920 (Trematoda: Heterophyidae) dos tecidos de tainha *Mugil Linnaeus*, 1758 (Pisces: Mugilidae) mediante emprego das técnicas de digestão enzimática e homogeneização. Dissertação (Curso de Pós-graduação em Medicina Veterinária e Zootecnia), Universidade de São Paulo, 1994.

CASTRO, M.G.; VIEIRA, J.P.; ALBIERI, R.J.; MENDONÇA, E.; VILLWOCK DE MIRANDA, L.; FADRE, N.N.; BRICK PERES, M.; PADOVANI-FERREIRA, B.; DA SILVA, F.M.S.; RODRIGUES, A.M.T. e CHAO, L. (2015). *Mugil curema*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2015*: e.T190168A1943129. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2015-2.RLTS.T190168A1943129.en>

CAVALCANTE, L.A.A.(2011). arte da pesca: análise socioeconômica da Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia. **Informe Gepec**, Toledo, v. 17, n. 2, p. 81-99, jul./dez. 2013. Ilhéus, BA: UESC, 2011.

CAVALCANTE, A. L.; Pires, M.M.; STRENZEL, G.M.R.; FERRAZ, M.I.F. (2013) A arte da pesca: análise socioeconômica da Reserva Extrativista de Canavieiras, Bahia. **Informe Gepec**, Toledo, v. 17, n. 2, p. 81-99, jul./dez. 2013.

CAVALLI, R.O.(2009). HAMILTON, S. Piscicultura marinha no Brasil com ênfase na produção do beijupirá. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.6, p.64-69.

CERQUEIRA, V.R.; CARVALHO, C.V.A.; SANCHES, E.G.; PASSINI, G.; BALOI, M.; RODRIGUES, R.V.(2017). Manejo de reprodutores e controle da reprodução de peixes marinhos da costa brasileira. *Rev. Bras. Reprod. Anim.*, Belo Horizonte, v.41,

n.1, p.94-102, jan./mar. 2017. Disponível em www.cbra.org.br

CERVIGÓN, F.; CIPRIANI, R. W.; FISCHER, L.; GARIBALDI, M.; HENDRICKX, A.J.; LEMUS, R.; MÁRQUEZ, J.M.; POUTIERS, G. e RODRIGUEZ, B. Fichas FAO de identificación de especies para los fines de la pesca. Guía de campo de las especies comerciales marinas y de aguas salobres de la costa septentrional de Sur América. FAO, Roma, 513 p., 1992. IN: ARAÚJO, A. R. ; SILVA, F. D. Aspecto da pesca e biologia da tainha, *Mugil curema* (OSTEICHTHYES: MUGILIDAE), no estuário do rio vaza barris, Sergipe, Brasil. **LABOMAR Arg. Ciên. Mar**, Fortaleza, 2013, 46(1): 29 – 38.

CHANG, C.W.; TZENG W.N. (2011). Species composition and seasonal occurrence of mullets (Pisces, Mugilidae) in the Tanshui estuary northwest Taiwan. *J Fish Soc Taiwan* 2000, 27:253-262. IN: Kang-Ning Shen, Brian Wade Jamandre, Chih-Chieh Hsu, Wann-Nian Tzeng and Jean-Dominique Durand2 Plio-Pleistocene sea level and temperature fluctuations in the northwestern Pacific promoted speciation in the globally-distributed flathead mullet *Mugil cephalus*. *BMC Evolutionary Biology* 2011, 11:83 <http://www.biomedcentral.com/1471-2148/11/83>

CHEN, W.-J.; MAYDEN, R.L. (2010). A phylogenomic perspective on the new era of ichthyology. **BioScience** 60, 421-432., Volume 60, Issue 6, 1 June 2010, Pages 421–432, <https://doi.org/10.1525/bio.2010.60.6.6>

CHIU, T-S.; KUO, C-W.; LIN, H-C.; HUANG, D-S.; WU, P-L. (2014). Genetic diversity of ivory Shell (*Babylonia areolata*). IN: Taiwan and identification of species using DNA-based assays. **FoodControl**, n. 30, p. 1-9.

CÍCERO, L.H. (2015). Avaliação das alterações da série vermelha do sangue de *Mugil curema* (Mugiliformes: Mugilidae) em distintas condições ambientais. 43p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Santa Cecília, Programa de Pós-Graduação em Sustentabilidade de Ecossistemas Costeiros e Marinhos (ECOMAR), Santos, SP.

CORREIA, T.B.S. (2017). Uma abordagem teórica e prática da biologia pesqueira da tainha (*Mugil curema*, VALENCIENNES, 1836) capturadas no município de Canavieiras e Maragogipe – BAHIA.

COSTA, D.L. (2017). Diferenças morfofisiológicas do trato Gastrointestinal de tainhas *Mugil liza* provenientes de criação e do ambiente. Dissertação de mestrado. FURG. RIO GRANDE, RS.

COSTA, M. D. P.; SCHWINGEL, P. R.; SOUZA-CONCEIÇÃO, J. M. e SPACH, H. L. (2012). Distribuição espaço-temporal de larvas de sciaenidae em um estuário subtropical (Santa Catarina, Brasil). **Braz. J. aquat. sci. technol.**, 2012, 16(2): 51-59.

CROSETTI, D. e S. BLABER (EDS) (2016). *Biology, Ecology and Culture of Grey Mulletts (Mugilidae)*. CRC Press, pp. 324–348.

DE CROOS, MDST. e PÁLSSON, S.(2012). Population biology and genetic diversity of two adjacent shrimp (*Parapenaeopsis scromandelica*) populations exploited under different fishing pressures in the coastal waters of Sri Lanka. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, 92(04), 819-829. 2012.

DEUS, A.A.L.; ROCHA, D.F.; RIBAS, D.T.; NOVELLI, R. (2007). Estudo do conteúdo estomacal da tainha *Mugil curema* VALENCIENNES, 1836 (PISCES; MUGILIDAE) na lagoa do Açú, Norte do Estado do Rio de Janeiro. IN: VIII Congresso de Ecologia do Brasil, 23 a 28 de Setembro de 2007, Caxambu – MG. **Anais...**

DIAS JÚNIOR, E.A. (2012). Estrutura genética populacional de *Lutjanus analis* – cioba e *Lutjanus jocu* – dentão (Lutjanidae) ao longo do litoral brasileiro. 2012. 91f. Tese (Doutorado em Biotecnologia). Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Natal.

DIAS NETO, J. (2010). Gestão do uso dos recursos pesqueiros marinhos no Brasil. Brasília: Ibama. 242 p.: il.; 22 cm.

DÍAZ-MURILLO, B.P.; RUIZ-CAMPOS, G.; PILLER, K.R.; CALEB D. MCMAHAN, C.D.; GARCÍA-DE-LEÓN, F.J. AND CAMARENA-ROSALES, F. (2017). **Assessing population-level morphometric variation of the Mountain Mullet *Agonostomus monticola* (Teleostei: Mugilidae) across its Middle American distribution.** Neotropical Ichthyology, 15(4): e170036, 2017. DOI: 10.1590/1982-0224-20170036 Copyright © 2017 Sociedade Brasileira de Ictiologia.

DOMINGOS, T.J.; MORAES, L.N.; MORESCO, R.M.; MARGARIDO, V P.; VENERE, P. C. (2014). Genetic and morphological diversity of *Moenkhausia oligolepis* (Characiformes: Characidae) populations in the tributaries of the Araguaia River, Brazil: implications for taxonomy and conservation. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 7979-7991.

DURAND J. -D.; SHEN K. -N.; CHEN W.-J.; JAMANDRE B.W.; BLEL H.; DIOP K.; NIRCHIO M.; GARCÍA DE LEÓN F.J.; WHITFIELD A.K.; CHANG C.-W.; BORSA P. (2012). – Systematics of the grey mullets (Teleostei :Mugiliformes : Mugilidae): Molecular phylogenetic evidence challenges two centuries of morphology -based EMBRAPA. Ciclo de Palestras sobre Uso de Marcadores Moleculares na Pesquisa Agropecuária (1 : 2012 : Aracaju, SE).

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA- EMBRAPA. (2012). **CARTILHA GENÉTICA na piscicultura: importância da variabilidade genética, marcação e coleta para análise de DNA.** Brasília- DF, p. 32.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. (1996). **Introduction to quantitative genetics.** 4.ed. Edinburgh :LongmanGroupLimited, p. 464.

FALEIRO, D. G. (2007). **Marcadores genético-moleculares aplicados a programa de conservação e uso de recursos genéticos.** Embrapa Cerrado, p.102. PLANALTINA.

FAO. (2016). **Species Identification Guide for Fishery Purposes and American Society of Ichthyologists and Herpetologists Special Publication.** Rome, v.3, 601-1374 p. 2002. IN: NASCIMENTO, M. S.; CARDOSO, C. A., FERNANDES, S. P.; PEREIRA, L. G., SILVA, B.B. Desembarque e modelo preditivo de produção de tainhas (*Mugilidae*) em um polo pesqueiro do nordeste amazônico. *Biota Amazônia*,

Macapá, v. 6, n. 2, p. 80-85, 2. Disponível em DOI: <http://dx.doi.org/10.18561/2179-5746/biotaamazonia.v6n2p80-85>

FERNANDEZ, W. S. (2011). Dinâmica populacional, análise das concentrações de metais e utilização de biomarcadores em *Mugil curema*, Valenciennes, 1836 do estuário de Santos e do sistema costeiro Cananéia – Iguape, São Paulo, Brasil. Tese de Doutorado, São Paulo.

FERREIRA, F.A. (2006) Desenvolvimento do produto tipo caviar a base de ovas de tainha (*Mugil platanus*). 2006, 77f. Dissertação (Mestrado em Engenharia e Ciências de Alimentos). Fundação Universidade Federal do Rio Grande, Departamento Química, Brasil, 2006.

FERREIRA, ME.; GRATTAPAGLIA, D. (1998). Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 2 ed. Brasília: Embrapa-Cenargen, 200p.

FINGER, A. e KLANK, C. (2013). Molecular methods: blessing or curse? In Habel, J. C.; Assman, T.(eds), relict species: Phylogeography and conservation biology, Springer-Verlag. Berlin, 2010 apud HILSDORF, A. W. S. Marcadores moleculares e a caracterização dos recursos genéticos de peixes: desenvolvimento sustentável da aquicultura e da pesca de espécies nativas de água doce no Brasil. Tese: livre docência Universidade de São Paulo, Pirassununga.

FISHBASE. (2018). <http://www.fishbase.org> Acesso em 11 de jan.2018.

FRANKHAM, R.; BALLOU J.D.; BRISCOE, D.A. (2017). **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge: Cambridge University Press. 1ed., 2002. 617p. IN: SILVA, L.L. Caracterização genética da espécie *Lutjanus jocu* por meio de marcador ISSR, provenientes da RESEX de Canavieiras, Bahia.

GALARZA, J.A.; CARRERAS-CARBONELL, J.; MACPHERSON, E.; PASCUAL, M.; ROQUES, S.; TURNER, G.F AND RICO, C. (2009). The influence of oceanographic fronts and early-life-history traits on connectivity among littoral fish species. **PNAS** February 3, 2009. vol.106 no.5 1473–1478. www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0806804106.

GARBIN, T.; CASTELLO, J.P.; VIEIRA, J.P.; LEMOS, V.; SCHWINGEL, P.R. (2012). Interrogante sobre o ciclo de vida da tainha (*Mugil liza*) no estuário da Lagoa dos Patos, RS – Brasil. In: SIMPOSIO IBEROAMERICANO DE ECOLOGÍA REPRODUCTIVA, RECLUTAMIENTO Y PESQUERÍAS, 2., 19 al 22 nov. 2012. Hotel Costa Galana, Mar delPlara, Argentina. 119 p. Libro de Resúmenes.

GARCIA, V. H., TAVARES, R. A., NUNES, M. D., ALMEIDA, D. B., e MOREIRA, H. L. M. (2010). Comparação de protocolos de extração de DNA em diferentes tecidos de peixe-rei para a análise de marcadores moleculares. XIX CIC-XII ENPOS-II Mostra Científica 2010, 3–6.

GASQUES, L.S.; BELONI, K.P.; OLIVEIRA, J.R. de. (2013) Os marcadores moleculares em peixes e suas aplicações em publicações da base de dados do scielo. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR**, Umuarama, v. 16, n. 1, p. 47-50. DOI: <https://doi.org/10.25110/arqvet.v16i1.2013.4483>

GHANEH, R. (2011). Study of genetic diversity of *Liza saliensin* the southern coasts of the Caspian Sea by mtDNA method. Thesis report submitted to the Office of Graduate Studies of Islamic Azad University, Science and Research Branch, in partial fulfillment of the requirements for the Master degree. (in Persian). IN: SAEIDI, Z.; REZVANI GILKOLAEI, S.; SOLTANI, M. AND LALOEI, F. Population genetic studies of *Liza aurata* using D-Loop sequencing in the southeast and southwest coasts of the Caspian Sea, 2014.

GHODSI, Z., SHABANI, A. AND SHABANI POUR, B. (2011). Study of genetic diversity of *Liza aurata* in the coasts of the Golestan Province by microsatellite method. *Taxonomic and Biosystematics Journal*, 3(6), 35-49. IN: SAEIDI, Z.; REZVANI GILKOLAEI, S.; SOLTANI, M. AND LALOEI, F. Population genetic studies of *Liza aurata* using D-Loop sequencing in the southeast and southwest coasts of the Caspian Sea, 2014.

GODINHO *et al.* (1988). Revisão e discussão de trabalhos sobre as espécies do gênero Mugil (Teleostei, Periciformes, Mugilidade) da costa brasileira (lat. 3°S – 33°S). *Boletim do Instituto da Pesca*, 15 (1), p.67-80.

GOMIDE, J. M. (2008). Estimativa dos parâmetros genéticos de caracteres morfométricos em guppy (*Poeciliareticulata*). 49 f. Dissertação (Genética) – Universidade Católica de Goiás, Goiânia – Goiás.

GONDOLO, G.F. (2012). Conectividade genética e morfológica de *Mugil curema VALENCIENNES, 1836 (TELEOSTEI: MUGILIDAE)* ao longo da região costeira de Pernambuco e em estuários adjacentes do nordeste oriental do Brasil. Tese de doutorado. Pós-graduação em Biologia Animal, Departamento de Zoologia, CCB-UFPE. Recife/PE.

GONZÁLEZ-CASTRO, M., MINOS, G. (2016) Sexuality and Reproduction of Mugilidae, In: *Biology, Ecology and Culture of Grey Mullet (Mugilidae)*. pp. 227–263 .

GOULÃO, L.; OLIVEIRA, C. M. (2001). Molecular characterisation of cultivars of apple (*Malus x domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. **Euphytica** 122: 81-89.

GRANT, W.S.; MERKOURIS S.E.; KRUSE G.H.; SEEB L.W. (2011). Low allozyme heterozygosity in North Pacific and Bering Sea populations of red king crab (*Paralithodes camtschaticus*): adaptive specialization, population bottleneck, or metapopulation structure?. **ICES Journal of Marine Science: Journal du Conseil**, 68(3), 499-506.

GUPTA, M.; CHYI, Y.S.; ROMERO-SEVERSON, J.; OWEN, J.L. (1994). Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 998-1006.

HANIFFA, M.A.; ABYA, J.S.; MILTON, J. RAMESH, K.; BHAT. A.A.; CHELLIAH, A. (2014). Morphometric, meristic and ISSR marker systems for species identification and evolutionary analysis in five Indian Channids. **Biomechanical Systematics and Ecology**, v, 55, p. 131-136.

- HERAS, S., ROLDÁN, M.I., CASTRO, M.G. (2009). Molecular phylogeny of Mugilidae fishes revised. **Rev Fish Biol Fisheries** 19:217–231.
- HERBST, D.F. (2013). Conhecimento ecológico local dos pescadores do litoral de santa Catarina sobre a tainha *Mugil liza* VALENCIENNES 1836 (OSTEICHTHYES, MUGILIDAE). Florianópolis – SC.
- HERBST, D.F. E HANAZAK, N. (2014). Local ecological knowledge of fishers about the life cycle and temporal patterns in the migration of mullet (*Mugil liza*) in Southern Brazil. Neotropical Ichthyology, 2014 Copyright © 2014 Sociedade Brasileira de Ictiologia. DOI: 10.1590/1982-0224-20130156
- HILSDORF, A.W.S. (2013) Marcadores moleculares e caracterização dos recursos genéticos de peixes: desenvolvimento sustentável da aqüicultura e da pesca de espécies nativas de água doce no Brasil. Tese (Livre docência), 159 f. Pirassununga.
- IBAMA. (2008a) **Estatística da pesca 2006 Brasil: grandes regiões e unidades da federação**. Brasília, 174p.
- ICMBio. (2015). Plano de Ação Nacional para Conservação das Espécies Ameaçadas e de Importância Socioeconômica do Ecossistema Manguezal - PAN Manguezal
http://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/legislacao/Portaria/2015/p_icmbio_09_2015_aprova_pan_manguezais.pdf
- JAMAGO, J.M. (2003). Morpho-agronomic and molecular diversity of the Philippine mungbean (*Vigna radiata* L.) germplasm, **Philippine Journal of Crop Science** University of the Philippines Los Banos, The Philippines, p.174, 2003.
- KNUTSEN, H.; OLSEN, E. M.; JORDE, P. E.; ESPELAND, S. H.; ANDRÉ, C.; STENSETH, N. C. (2011). Are low but statistically significant levels of genetic differentiation in marine fishes 'biologically meaningful'? A case study of coastal Atlantic cod. **Molecular Ecology**, v. 20, p. 768-783, 2011.
- KUMAR, N. S., GURUSUBRAMANIAN, G. (2011). Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and its applications. **Science vision**, v 11 n. 3 p. 116-124. MIPOGRASS.
- LEGRANDE, W.H., FITZSIMONS, J.M. (1976). Karyology of the mullets *Mugil curema* and *Mugil cephalus* perciformes: mugilidae. From louisiana. *Copeia* 1976: 388-391.
- LEMOS, V.M., VARELA JR., A.S., SCHWINGEL, P.R., MUELBERT, J.H., VIEIRA, J.P. (2014). Migration and reproductive biology of *Mugil liza* (Teleostei: Mugilidae) in southBrazil. **J. Fish Biol.** <http://dx.doi.org/10.1111/jfb.12452>.
- LEMOS, V.M.; TROCA, D.F.A.; CASTELLO, J.P.; VIEIRA, J.P. (2015). Tracking the southern Brazilian schools of *Mugil liza* during reproductive migration using VMS of purse seiners. Paper presented in the 5th Brazilian Congress of Marine Biology, 17-21 May 2015, Porto de Galinhas, Brazil.
- LIU, B.; WENDEL, J. F. **Intersimple sequence repeat (ISSR) polymorphisms as a genetic marker system in cotton**. *Molecular Ecology Notes*, p.205-208. 2001.

LIU, Z.J.; CORDES, J.F. (2004). DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 238, n. 1-4, p. 1-37.

LOPERA BARRERO, N.M.; RIBEIRO, P.R.; VARGAS, L.; POVH, J.A.; GOMES, P.C.; MANGOLIN, C.A.; BOSO, K.M.O.; GUALDA, T. (2008). Caracterização genética de estoques de *Prochilodus lineatus* (Valenciennes, 1836) (Characiformes: Prochilodontidae), utilizados em programas de repovoamento: importância para a conservação da ictiofauna e do ecossistema. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 24, n. 4, p. 86-93, Oct./Dec.

LOPERA-BARRERO, N. M.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ M. P.; FORNARI D. C.; RESENDE, K.; POVEDA-PARRA, A. G; BRACCINI, G; SOUZA, F. P; FURLAN, P. J.; POVH, J. A.; RIBEIRO, R.P. (2015). Genetic variability of broodstocks of Tambaqui (Teleostei – Characidae) from the northeast region of Brazil. *Semina: Ciências Agrárias*. 36: 4013-402.

LOPES, T. S; STREIT J. D. P; RIBEIRO, R. P.; POVH, J. A.; LOPERA-BARRERO, N. M.; VARGAS, L.; PINTO FILHO, C.; QUEIROZ, J. R. (2009). Diversidade genética de estoques de reprodutores de *Colossoma macropum*. Belo Horizonte, **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, vol.61. IN: MARQUES, A.K. Variabilidade genética de *Piaractus mesopotamicus* (Holmberg, 1887) (Ostariophysi: Characiformes: Characidae) de um programa de repovoamento do rio Paraná. Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Paraná. Palotina, 2015.

MACHADO, E.L.; SILVA, S.A.; FERNANDES, L.S.; BRASILEIRO, H.S. (2016). Variabilidade genética e homozigose em uma população F4 de mamoneira por meio de marcadores microssatélites. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - Cruzdas Almas (BA), Brasil. *Bragantia*, Campinas, v. 75, n. 3, p.307-313.

MAI A, C.G.; MIÑO, C.I.; MARINS, L.F.F.; MONTEIRO-NETO, C.;MIRANDA, L.; SCHWINGEL, P.R.; LEMOS, V.M.; GONZALEZ-CASTRO, M.; CASTELLO, J.P.; VIEIRA, J.P. (2014). Microsatellite variation and genetic structuring in *Mugiliza* (Teleostei:Mugilidae) populations from Argentina and Brazil. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**.

MALONE, G.; ZIMMER, P.D.; CASTRO, M.A.S.; ARIAS, L.N.; GERI EDUARDO MENEGHELLO, G.E.; PESKE, S.T. (2007). Caracterização bioquímica e molecular de acessos de arroz vermelho coletados no Estado do Rio Grande Do Sul. Goiânia-GO, Brasil – www.agro.ufg.br/pat *Pesq Agropec Trop* 37(2): 77-85, jun. 2007.

MARQUES, A.K. (2015). Variabilidade genética de *Piaractus mesopotamicus* (Holmberg, 1887) (Ostariophysi: Characiformes: Characidae) de um programa de repovoamento do rio Paraná. Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Paraná. Palotina, 2015.

MARSHALL, D.J., MONRO, K., BODE, M., KEOUGH, SWEARER, S. (2010). Phenotype– environment mismatches reduce connectivity in the sea. **Ecology Letters**. v. 13, p. 128-140, 2010.

McMANUS, C; PAIVA, S.; CORRÊA, P. S.; SEIXAS, L.; MELO, C.B. (2011). Estatística para descrever genética de populações. Publicado on-line em : www.animal.unb.br.

MELO, A. T. O. (2012). **Fluxo gênico e estrutura genética espacial de *Cabralea canjerana* (Vell.) Mart. (Meliaceae) em fragmentos florestais de Mata Atlântica.** Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás ; Goiânia, 2012.

MENDONÇA, J.T. E BONFANTE, T.M. (2011). Assessment and management of white mullet *Mugil curema* (Valencienne, 1836) (Mugilidae) fisheries of the south coast of São Paulo state, Brazil. **Braz. J. Biol.**, 2011, vol. 71, no. 3, p. 663-672.

MENEZES, N. A.(1983). Guia prático para conhecimento e identificação das tainhas e partís (PISCES, MUGILIDAE) do litoral brasileiro. **Revta bras. Zoo1.**, S. Paulo 2(1): 1-12 15.xii.1983.

MENEZES, N. A.; FIGUEIREDO. J. L. (1985). **Manual de peixes marinhos dosudeste do Brasil. V. Teleostei (4).** São Paulo, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, 105p. 1985.

MENEZES, N.; NIRCHIO, M.; OLIVEIRA, C. *et al.* (2015). Taxonomic review of the species of *Mugil* (Teleostei: Perciformes: Mugilidae) from the Atlantic South Caribbean and South America, with integration of morphological, cytogenetic and molecular data. **ZOOTAXA.** v. 3918, n. 1, p. 001-038, 2015.

MENEZES, N.A.; OLIVEIRA, C.; NIRCHIO, M. (2011). An old taxonomic dilemma: the identity of the western South Atlantic lebranche mullet (teleostei: Perciformes: Mugilidae). **Zootaxa**, v. 2519, p.59-68. 2010. IN: FERNANDEZ, W.S. Dinâmica populacional, análise das concentrações de metais e utilização de biomarcadores em *Mugil curema* Valenciennes, 1836 do estuário de Santos e do sistema costeiro de Cananéia-Iguape-São Paulo, Brasil. Tese de doutorado em oceanografia biológica. 2011.

MESEDA, M.E. e SAMIRA, S.A. (2010). Spawning induction in the Mediterranean grey mullet *Mugil cephalus* and larval developmental stages, *African Journal of Biotechnology*, 5(19): 1836-1845. IN: OTSUBO, R.I. Inseminação artificial da tainha *Mugil liza* com a utilização de sêmem fresco e crioconservado. Dissertação de (mestrado) apresentada ao Programa de Pós – graduação em Aquicultura e Pesca do Instituto da Pesca. São Paulo, 2010.

MIRANDA, L.V. e CARNEIRO, M.H. (2003). A pesca da tainha *Mugil platanus* (Perciformes: Mugilidae) Desembarcada no Estado de São Paulo Subsídio ao Ordenamento. **Série Relatórios Técnicos, Instituto de Pesca**, São Paulo. 2007. Vol. 30: pp. 1-13.

MOURA, E.F. (2003). Divergência genética entre acessos de jaborandi (*Pilocarpus microphyllus*). 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2003.

NASCIMENTO, M. S.; CARDOSO, C. A., FERNANDES, S. P.; PEREIRA, L. G., SILVA, B.B. (2016). Desembarque e modelo preditivo de produção de tainhas (Mugilidae) em um polo pesqueiro do nordeste amazônico. **Biota Amazônia**,

Macapá, v. 6, n. 2, p. 80-85. Disponível em DOI: <http://dx.doi.org/10.18561/2179-5746/biotaamazonia.v6n2p80-85>

NASH, C.E. e SHEHADEH, Z.H. (1980). Review of Breeding and Propagation Techniques for Grey Mullet, *Mugil cephalus*. Manila: International Center for Living Aquatic Resources Management.

NELSON, J.S. (2006). **Fishes of the world**. John Wiley and Sons, Inc. New York. 4th edition. 601pg.

NEMATZADEH, M.; GILLKOLAEI, S.R.; KHALES, M.K.; LALOEI, F.(2013). Molecular Phylogeny of Mulletts (Teleosti: Mugilidae) in Iran Based on Mitochondrial DNA. **Biochem Genet**, 2013. DOI 10.1007/s10528-012-9566-5

NEPOMUCENO, A.R. Diversidade genética de populações naturais e de cultivo do Bijupirá (*Rachycentron canadum*) no Brasil. Dissertação Mestrado, 89 p – Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília, Departamento de Biologia Animal. 2017

NIRCHIO, M., CERVIGÓN, F., PORTO, J.I.R., PÉREZ, J.E., GÓMEZ, J.A., VILLALAZ, J. (2003). Karyotype supporting *Mugil curema* valenciennes, 1836 and *Mugil gaimardianus* desmarest, 1831 (mugilidae: teleostei) as two valid nominal species. **Sci. Mar.** 67, 113–115.

NIRCHIO, M., CIPRIANO, R., CESTARI, M., FENOCCHIO, A. (2005). Cytogenetical and morphological features reveal significant differences among Venezuelan and Brazilian samples of *Mugil curema* (Teleostei: Mugilidae). **Neotrop. Ichthyol.** 3, 99–102.

NÓBREGA, M.F.; LESSA, R.; SANTANA, F.M. (2009). **Peixes Marinhos da Região Nordeste do Brasil**. Fortaleza: **Ed. Martins e Cordeiro**, v. 6, 2009. (Programa Revizee- Score Nordeste).

NOMURA, H. (1980). Considerações sobre a criação de peixes estuarinos em viveiros. **Bolm Inst. oceanogr.** S. Paulo, 29 (2),1980.

NOVAES, L.F. (2015). Estrutura genética de populações da espécie *Rachycentron canadum*, por meio de marcadores ISSR. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, 69f.; Il. Cruz das Almas-BA, 2015.

NUNES, D. M.; HARTZ, S. M. E SILVANO, R. A. M. (2011) Fishing Strategies and Niche Partitioning Among Coastal Fishers in Southern Brazil. **Human Ecology**. 2011. Vol. 39: pp. 535–545.

ODUM, E. P. (2001) **Fundamentos de ecologia**. 6° ed. 2001.

ORICCHIO, F.T. (2013). **Como são formadas as barreiras ecológicas no ambiente marinho?** Apostila para disciplina: Fundamentos teóricos em ecologia e evolução. Diadema: Universidade Federal de São Paulo. p. 13-19, 2013.

OTSUBO, R.I. (2010). Inseminação artificial da tainha *Mugil Liza* com a utilização de sêmem fresco e crioconservado. Tese de Mestrado em Aquicultura e Pesca. São Paulo, 2010.

- PAIVA, M.P. (1997). **Recursos pesqueiros estuarinos e marinhos do Brasil**. Edições UFC, Fortaleza-CE, p. 286, 1997.
- PAPASOTIROPOULOS, V., KLOSSA-KILIA, E., KILIAS, G., and ALAHOTIS, S. (2001). Genetic divergence and phylogenetic relationships in grey Mulletts (Teleostei: Mugilidae) using allozyme data. **Biochem. Genet.** 39(5/6):155. 2001.
- PAPASOTIROPOULOS, V., KLOSSA-KILIA, E., KILIAS, G. and ALAHOTIS, S. (2002) Genetic Divergence and Phylogenetic Relationships in Grey Mulletts (Teleostei: Mugilidae) Based on PCR-RFLP Analysis of mt DNA Segments. *Biochemical Genetics*, Vol. 40, Nos. 3/4, April 2002.
- PARPINELLI, R.S. e RIBEIRO, R.P. Estudo comparativo de protocolos de extração de DNA em diferentes tecidos de Tilápia do Nilo (*OREOCHROMIS NILOTICUS*). *Gl. Sci. Technol.*, v. 02, n. 01, p. 22-33, jan/abr. 2009.
- PASCUAL, M. RIVES, B. SCHUNTER, C. MACPHERSON, E. (2017). Impact of life history traits on gene flow: A multispecies systematic review across oceanographic barriers in the Mediterranean Sea. **PLoS ONE** 12(5): e0176419. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0176419>.
- PERRIER, X. e JACQUEMOUD-COLLET, J.P. (2006). DARwin software <http://darwin.cirad.fr/>
- PINHEIRO, M.S.S. (1997). Aspectos da biologia *Mugil curema* Valenciennes in Cuvier e Valenciennes, 1836 (Osteichthyes, Perciformes), nos estuários da ilha do Maranhão – Brasil. Dissertação (Mestrado) – Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo. 1997 112p. IN: PINHEIRO, MSS; GOITEIN, R. Estrutura de uma população e aspectos biológicos de *Mugil curema* Valenciennes, 1836 (PISCES, MUGILIDAE), em um Manguezal da Raposa, Brasil. **Rev. Ciênc. Saúde**, São Luís, v.16 n.2, p. 58-65, jul-dez, 2014.
- POWELL W., MORGANTE M., ANDRÉ C., HANAFEY M., J. VOGEL, TINGEY S., RAFALSKI A. (1996). A comparação de marcadores RFLP, RAPD, AFLP e SSR (microssatélites) para análise de germoplasma. *Molecular Procriar.* 2 : 225–238
- QUIÑONEZ-VELÁZQUEZ, C. e LÓPEZ-OLMOS, J.R. (2011). Juvenile growth of white mullet *Mugil curema* (Teleostei: Mugilidae) in a coastal lagoon southwest of the Gulf of California .*Lat. Am. J. Aquat. Res.*, 39(1): 25-32. DOI: 10.3856/vol39-issue1-fulltext-3.
- RAMIREZ, Z.R.S. (2011). Filogeografia das espécies de tainha, *Mugil Liza* e *M. platanus* (Teleostei: Mugiliformes). Tese de mestrado. Universidade Estadual Paulista.
- RASHID, J.; FAOZIA, M. T.; MOSTAFA A. H., Md.; SAMSUL, A. (2012). Genetic variation in endangered butter catfish, *Ompok bimaculatus* (bloch) populations revealed by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) fingerprinting. *International Journal of Biosciences* 2: 85-93.

RIBEIRO, C.S. e MOREIRA, R.G. Fatores ambientais e reprodução dos peixes. **Revista da Biologia** (2012) 8: 58-61. Departamento de Fisiologia, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo.

RIBEIRO, R.P.; LOPERA-BARRERO, N.M.; SANTOS, S.C.A. *et al.* (2015). Genetic diversity of pacu for restocking programs in the Tietê and Grande rivers, Brazil. *Semin. Cienc. Agrar.*, v.35, p.3807-3826.

ROMANO, E. e MIRANDA, A.C.B. (1999). **Extração de DNA de plantas**. Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento.

ROSSI, A.R. e CROSETTID.and LIVI, S. (2016). Genetics of Mugilidae. Biology, Ecology and Culture of Grey Mullet (Mugilidae. 2016 by Taylor e Francis Group, LLC.

ROUX, O.; GEVREY, M.; ARVANITAKIS, L.; GERS, C.; BORDAT, D.; LEGAL, L. (2007). ISSR-PCR: Tool for discrimination and genetic structure analysis of *Plutellaxylostella* populations native to different geographical areas. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 43, p. 240-250.

SAEIDI, S.; GILKOLAEI, R.; SOLTANI, M..and LALOEI, F. (2014). Population genetic studies of *Liza aurata* using D-Loop sequencing in the southeast and southwest coasts of the Caspian. Iranian **Journal of Fisheries Sciences**13(1).

SALEH, M. 2008. Capture-based aquaculture of mullets in Egypt. In A. Lovatelli and P.F. Holthus (eds). Capture-based aquaculture. Global overview. FAO Fisheries Technical Paper. No. 508. Rome, FAO. pp. 109–126.

SÁNCHEZ, C. F. B. (2008). Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética. 2008. 95 f. Dissertação (Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – Minas Gerais.

SANTOS, M.C.F.; RUFFINO, M.L. and FARIAS, I.P. (2007) High levels of genetic variability and panmixia of the tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1816) in the main channel of the Amazon River. **J FishBiol** 71:33-44.

SECKENDORFF, R. W.Von e AZEVEDO, V. G. (2007). Abordagem histórica da pesca da Tainha *Mugil platanus* e do Parati *Mugil curema* (PERCIFORMES: MUGILIDAE) no Litoral Norte do Estado de São Paulo. Série Relatórios Técnicos, São Paulo, n. 28: 1-8.

SILVA, B.M.; ROSSI, A.A.B.; DARDENGO, J.F.E.; ARAUJO, V.A.A.C.; ROSSI, F.S.; OLIVEIRA, L.O.; CLARINDO, W.R. (2016). Diversidade genética estimada com entre sequências simples repetidas em cultivos comerciais de Cupuaçuzeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.46, n.1, p.108-113, jan.

SILVA-NETO, A.G. (2012). Alimentação da tainha *Mugil curema* (Periciformes: Mugilidae) e caracterização do estuário do Rio do Paraíba do Norte. Tese de Mestrado em Ecologia e conservação.

SORIA, G.; MUNGUÍA-VEJA, A.; MARINONE, S.G.; MORENO-BÁEZM.; MARTÍNEZ-TOVAR, I.; CUDNEY-BUENO, R.(2012). Linking bio-oceanography and population genetics to assess larval connectivity. MARINE ECOLOGY PROGRESS SERIES **Mar EcolProg Ser**. Vol. 463: 159–175 doi: 10.3354/meps09866

- SOUZA, W.F. (2011). Estudo da fauna parasitária da tainha, *Mugil curema* Valenciennes, 1836 (mugiliformes, mugilidae), da região de Valença, estado da Bahia.
- TRAN, T.T.V.; PHAN, L.K. e DURAND, J.D. (2016): Diversity and distribution of cryptic species within the *Mugil cephalus* species complex in Vietnam, Mitochondrial DNA Part A. MITOCHONDRIAL DNA <http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1143467>.
- TRAPE, S., H. BLEL, J. PANFI LI and J.D. DURAND. 2009. Identification of tropical Eastern Atlantic Mugilidae species by PCR-RFLP analysis of mitochondrial 16S rRNA gene fragments. **Biochem. Syst. Ecol.** 37: 512–518
- TURAN, C; GÜRLEK, M.; ERGÜDEN, D.; YAĞLIOĞLU, D.; ÖZTÜRK, B. (2011). Systematic Status of Nine Mullet Species (Mugilidae) in the Mediterranean Sea. **Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences** 11: 315-321 DOI: 10.4194/trjfas.2011.0216
- TURCHETTO-ZOLET, A.C.; SEGATTO, A.L.A.; TURCHETTO, C.; PALMA-SILVA, C.; FREITA, L.B. (2013). **Guia prático para estudos filogeográficos**. 1 ed. Ribeirão Preto: SBG, Ribeirão Preto – SP, 105 P.
- TURCHETTO-ZOLET, A.C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C.M. E PASSAIA, G. (2017). Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. 181 p.– Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.
- UMPIERRES, F. (2014). 1º anuário brasileiro da pesca e aquicultura.
- VALENTIM, M.; VARGAS, L.; MOREIRA, H.L.M. (2003). Comparação de protocolos para extração do DNA de *Lernaeasp.* (Copepoda: Cyclopoida). **Acta Scientiarum**, Maringá, v.25, n.2, p.219-222.
- VIANNA, L.A. (2013). Estrutura genética e demográfica do caranguejo-uçá (*Ucidescordatus*) na costa do Brasil. Vitória, ES. Janeiro.
- VIEIRA, F.A.; FAJARDO, C.G.; CARVALHO, D.; REIS, C.A.F.; MARCOS, A.S. (2016). Fine-scale genetic dynamics of a dominant neotropical tree in the threatened Brazilian Atlantic Rainforest. *Tree Genetics e Genomes*, v. 8, p. 1191-1201, 2012. IN: FAJARDO, C.V.; VIEIRA, F.A.; MOLINA, W.F.; Conservação genética de populações naturais: uma revisão para Orchidaceae. *Biota Amazônia* ISSN 2179-5746, Macapá, v. 6, n. 3, p. 108-118, 2016 Disponível em <http://periodicos.unifap.br/index.php/biota>.
- VIEIRA, J.P. (1991). Juvenil e mullets (Pisces: Mugilidae) in the estuary of Lagoa dos VON IHERING, R. Criação de peixes em viveiros no Recife. **Boletim da Secretaria de Agricultura, Indústria e Viação - Recife, PE**, v.35, p.35-40, 1932.
- WILLIAMS, L. M.; OLEKSIK, M. F. 2008. Signatures of selection in natural populations adapted to chronic pollution. DOI:[10.1186/1471-2148-8-282](https://doi.org/10.1186/1471-2148-8-282)
- XU, T.J.; SUN, D.-Q.; SHI, G. AND WANG, R.X. (2010). Development and characterization of polymorphic microsatellite markers in the gray mullet (*Mugil cephalus*). Key Laboratory for Marine Living Resources and Molecular Engineering, College of Marine Science, Zhejiang Ocean University, P.R. China, 2010. DOI 10.4238/vol9-3gmr909

YANG, Q.; GAO, T.; MIAO, Z. (2011). Differentiation between populations of Japanese grenadier anchovy (*Coilia nasus*) in Northwestern Pacific based on ISSR markers: Implications for biogeography. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 39, p. 286-296, 2011.

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A. e LABUDA, D. (1994) **Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)- anchored poly.** 1994.