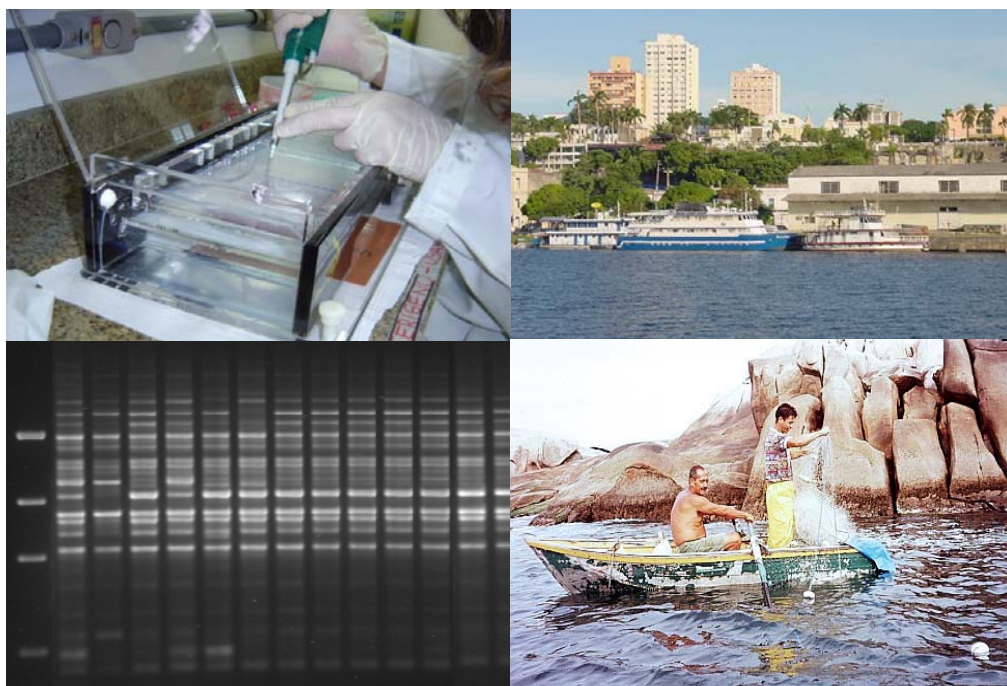


Genética e Conservação de Estoque Pesqueiro de Águas Continentais no Brasil: Situação Atual e Perspectivas



República Federativa do Brasil

Luiz Inácio Lula da Silva
Presidente

Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento

Roberto Rodrigues
Ministro

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa

Conselho de Administração

Luis Carlos Guedes Pinto
Presidente

Silvio Crestana
Vice-Presidente

Alexandre Kalil Pires

Hélio Tollini

Ernesto Paternaiani

Cláudia Assunção dos Santos Viegas

Membros

Diretoria-Executiva da Embrapa

Silvio Crestana
Diretor-Presidente

Tatiana Deane de Abreu Sá

José Geraldo Eugênio de França

Kepler Euclides Filho

Diretores-Executivos

Embrapa Pantanal

José Aníbal Comastri Filho
Chefe-Geral

Odilza Soares Coelho Velazquez
Chefe-Adjunto de Administração

Thierry Ribeiro Tomich
Chefe-Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento

Jorge Antônio Ferreira de Lara
Chefe-Adjunto de Comunicação e Negócios



ISSN 1517-1981

Maio, 2006

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro de Pesquisa Agropecuária do Pantanal
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Documentos 82

Genética e Conservação de Estoque Pesqueiros de Águas Continentais no Brasil: Situação Atual e Perspectivas.

*Alexandre Wagner Silva Hilsdorf
Emiko Kawakami de Resende
Débora Karla Silvestre Marques*

Corumbá, MS
2006

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:
Embrapa Pantanal
Rua 21 de Setembro, 1880, CEP 79320-900, Corumbá, MS
Caixa Postal 109
Fone: (67) 3233-2430
Fax: (67) 3233-1011
Home page: www.cpap.embrapa.br
Email: sac@cpap.embrapa.br

Comitê de Publicações:

Presidente: *Thierry Ribeiro Tomich*
Secretário-Executivo: *Suzana Maria de Salis*
Membros: *Débora Fernandes Calheiros*
Marçal Henrique Amici Jorge
Jorge Antonio Ferreira de Lara
Secretária: *Regina Célia Rachel dos Santos*
Supervisor editorial: *Suzana Maria de Salis*
Revisora de texto: *Mirane Santos da Costa*
Normalização bibliográfica: *Suzana Maria de Salis*
Tratamento de ilustrações: *Regina Célia R. dos Santos*
Foto(s) da capa: *Débora Karla Silvestre Marques e Alessandro Archidiacono*
Editoração eletrônica: *Regina Célia R. dos Santos*

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Hilsdorf, Alexandre Wagner Silva, Marques, Débora Karla Silvestre, Resende, Emiko Kawakami de

Genética e Conservação de Estoques Pesqueiros de Águas Continentais no Brasil: Situação Atual e Perspectivas. / Alexandre Wagner Silva Hilsdorf, Débora Karla Silvestre Marques, Emiko Kawakami de Resende – Corumbá: Embrapa Pantanal, 2006.

43p.; 16 cm. (Documentos / Embrapa Pantanal, ISSN 1517-1973; 82)

1. Pesca 2. Conservação genética 3. Marcadores Moleculares I. Hilsdorf, Alexandre Wagner Silva, Marques, Débora Karla Silvestre, Resende, Emiko Kawakami de. II. Embrapa Pantanal. III. Título. IV. Série

CDD: 591.7

© Embrapa 2006

Autores

Prof. Dr. Alexandre Wagner Silva Hilsdorf

Universidade de Mogi das Cruzes
Núcleo de Ciências Ambientais
Laboratório de Genética de Peixes e Aqüicultura
Av. Dr. Cândido Xavier de Almeida Souza, 200
CEP 08780-911, Mogi das Cruzes, SP
Telefone (11) 4798-7106
wagner@umc.br

Dra. Emiko Kawakami de Resende

Embrapa Pantanal
Rua 21 de Setembro, 1880, Caixa Postal 109,
CEP 79.320-900, Corumbá, MS
Telefone (67) 3233-2430
emiko@cpap.embrapa.br

Dra. Débora Karla Silvestre Marques

Embrapa Pantanal
Rua 21 de Setembro, 1880, Caixa Postal 109
CEP 79320-900, Corumbá, MS
Telefone (67) 3233-2430
marques@cpap.embrapa.br

Apresentação

Uma das características mais marcantes do Pantanal é a abundância de fauna dependente de recursos aquáticos, particularmente de peixes. Enormes grupos de aves ictiófagas como biguás, cabeças-secas, garças e tuiuiús podem ser observados ao longo dos corpos d'água, particularmente na seca, quando eles se concentram para usufruir a abundância dos peixes nesses ambientes.

Até a presente data, foram identificadas 263 espécies de peixes no Pantanal, do qual, cerca de 10 a 15 espécies tem utilização econômica. Sobre estas espécies, uma tem sido realizados estudos bio-ecológicos, bem como estatísticas ao longo dos 20 anos de existência do grupo de pesquisa de recursos pesqueiros da Embrapa Pantanal, os quais têm embasado as políticas públicas para o uso sustentável desses recursos.

Esta publicação procura traçar um pouco do panorama da pesca em águas continentais do Brasil, o impacto do uso e da degradação ambiental sobre esses recursos e a possibilidade do uso de instrumentos de genética, como uma nova abordagem para o manejo de estoques pesqueiros, abordando a situação atual e perspectivas do uso dessas técnicas no Brasil e particularmente para o Pantanal.

José Aníbal Comastri Filho
Chefe-Geral da Embrapa Pantanal

Sumário

| | |
|---|----|
| Genética e Conservação de Estoques Pesqueiros de Águas Continentais no Brasil | 09 |
| A Pesca em Águas Continentais no Brasil | 09 |
| Impactos Sobre os Estoques de Pesca de Água Doce | 12 |
| Populações x Estoques | 15 |
| A Genética e a Pesca | 18 |
| Metodologias moleculares aplicadas ao manejo genético da pesca | 20 |
| Aplicação da genética no manejo dos estoques | 23 |
| Identificação de espécies e indivíduos | 24 |
| Avaliação de estoques e estruturação genética de peixes de água doce | 25 |
| Estudos genéticos populacionais de peixes importantes para pesca continental no Brasil: situação atual e perspectivas | 28 |
| Considerações Finais | 34 |
| Referências Bibliográficas | 35 |

Genética e Conservação de Estoques Pesqueiros de Águas Continentais no Brasil: Situação Atual e Perspectivas.

*Alexandre Wagner Silva Hilsdorf
Emiko Kawakami de Resende
Débora Karla Silvestre Marques*

A pesca em águas continentais no Brasil

A pesca como uma atividade extrativista ainda hoje é praticada em diversos países. Historicamente, diversas populações ao redor do mundo dependem da pesca em diferentes níveis, seja como fonte de emprego na indústria pesqueira ou mesmo praticando-a como forma de subsistência. O extrativismo pode ser considerado uma lente pela qual se pode observar a estreita relação entre o homem e os recursos hídricos. Esta relação tem sido de certa forma realizada em meio a incertezas visto que variáveis ambientais, incluindo as alterações causadas pelas atividades antrópicas, são determinantes para sustentabilidade em longo prazo da pesca.

Segundo Smith (1999), a pesca pode ser classificada em cinco categorias: tradicional de subsistência, recreacional, artesanal, industrial e captura em estoques introduzidos por programas de repovoamento. A pesca industrial, isto é, baseada em frotas de capturas modernas e tecnologia de ponta, é praticada em sua maioria em águas marinhas, cujos estoques suportam este nível de exploração extrativista. Os recursos pesqueiros em águas continentais são geralmente explorados por comunidades que vivem ao longo de rios, lagos e reservatórios. Em muitos casos, tais comunidades fazem da pesca sua única fonte de renda, sendo o pescado a base de sua alimentação. Segundo a FAO (2004), o pescado provê a mais de 2,6 bilhões de pessoas, pelo menos vinte por cento de seu consumo médio *per capita* em proteína animal.

Estimativas da FAO (2004) mostram que o pescado proveniente da captura atingiu um volume, em 2003, de 90,3 milhões de toneladas, sendo 81,3 de águas marinhas e 9 de águas continentais. De 1998 a 2003, a média da produção global de pescado, incluindo aquela proveniente da aquicultura, foi de 128,7 milhões de

toneladas, já a do pescado advindo da pesca continental foi de 8,6 milhões de toneladas, o que representa 6,5% deste total. Na estatística da pesca continental, o Brasil aparece em décimo lugar com 2,5% da produção mundial de captura de pescado de água doce com 218 mil toneladas (Figura 1).

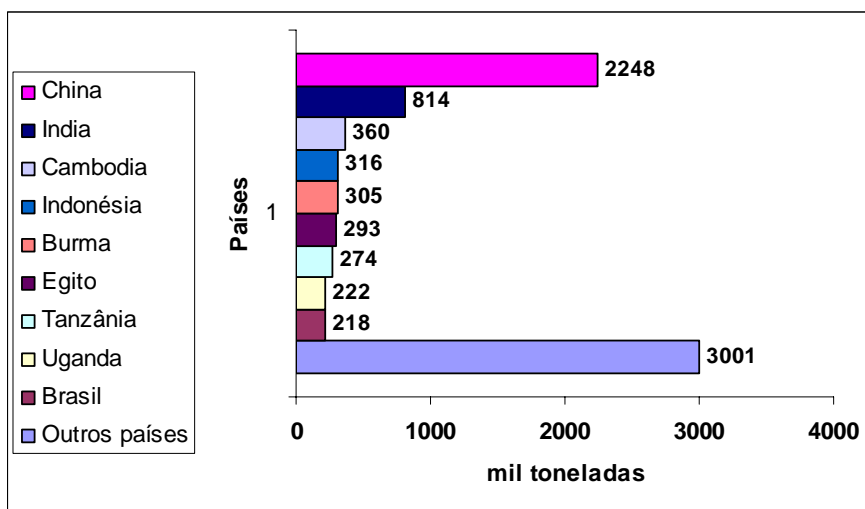


Figura 1. Volume de captura de pescado de águas continentais por país.
Fonte: FAO (2004).

A pesca extrativista no Brasil é ainda dominada pela pesca marinha, mas, apesar das estatísticas de produção pesqueira ainda serem alvos de controvérsia, uma análise temporal da contribuição do peixe proveniente da pesca continental mostra sua importância no cenário nacional. Dados estatísticos do IBGE e IBAMA no período de 1960 a 2003 mostram que, enquanto na pesca marinha, se observou uma queda do volume capturado a partir de 1985, o total de pescado advindo de águas continentais continuou a crescer. Em 2003, a produção estimada de pescado total no Brasil foi de 712.143,50 toneladas, sendo 68% (484.592,50t) de águas marinhas e 32% (227.551t) de águas continentais. Em relação à pesca continental propriamente dita, no período de 1993 a 2003 pode-se constatar uma flutuação com aumentos e quedas do volume capturado (Tabela 1).

Tabela 1. Produção por ambiente e total (em toneladas) e participação relativa (%) da pesca extrativa de águas marinhas e águas continentais no período de 1993 a 2003 (em 1.000 toneladas).

| Ano | Águas Marinhas | | Águas Continentais | | Total |
|------|----------------|------|--------------------|------|---------|
| | Total | % | Total | % | |
| 1993 | 471.737 | 69,8 | 204.019 | 30,2 | 675.756 |
| 1994 | 494.006 | 70,8 | 203.571 | 29,2 | 697.577 |
| 1995 | 413.700 | 68,2 | 193.000 | 31,8 | 606.700 |
| 1996 | 422.173 | 66,7 | 210.277 | 33,2 | 632.450 |
| 1997 | 465.714 | 72,2 | 178.871 | 27,8 | 644.585 |
| 1998 | 432.599 | 71,2 | 174.190 | 28,8 | 606.789 |
| 1999 | 418.470 | 69,3 | 185.471 | 30,7 | 603.941 |
| 2000 | 467.687 | 70,1 | 199.159 | 29,9 | 666.846 |
| 2001 | 509.946 | 69,8 | 220.431 | 30,2 | 730.377 |
| 2002 | 515.866 | 68,3 | 239.415 | 31,7 | 755.281 |
| 2003 | 484.592 | 68,0 | 227.551 | 32,0 | 712.143 |

Fonte: SEAP (2005).

Pode-se dizer que a pesca de água doce é uma atividade tradicional no Brasil. Em muitas regiões é a única fonte de proteína disponível às populações ribeirinhas e nas grandes cidades, a pesca em represas também se tornou uma fonte de renda e sustento para populações carentes. Nesse contexto, tem havido um aumento do número de atividades relacionadas à pesca. Por exemplo, no Pantanal, além da pesca profissional artesanal, a pesca esportiva tem se transformado em uma das principais atividades de captura dos estoques de peixes de água doce. Esta atividade está ligada a outras, como a catação de iscas vivas (que também é pesca profissional artesanal); a de piloteiro, que é aquele indivíduo que atua como guia para os pescadores amadores; e a de donos de “pesqueiros” que são pequenas pousadas, por assim dizer, que servem de bases para os pescadores.

De acordo com Petrere Jr. (1995), a pesca continental no Brasil é praticada de forma intensiva na Bacia Amazônica, nos açudes nordestinos, na Bacia do rio São Francisco, em rios da Bacia do Leste, como o rio Paraíba do Sul, na Bacia do Paraná e na Bacia do Alto Paraguai. A pesca de água doce tem sido baseada em cerca de 70 espécies de peixes distribuídas nas seguintes ordens: *Engraulidae*, *Clupeidae*, *Osteoglossidae*, *Characidae*, *Erythrinidae*, *Cynodontidae*, *Prochilodontidae*, *Curimatidae*, *Anostomidae*, *Hemiodontidae*, *Pimelodidae*,

Doradidae, Ageneiosidae, Hypophthalmidae, Loricariidae, Callichthyidae, Atherinidae, Sciaenidae e Cichlidae que são comercializados em praticamente todas as bacias hidrográficas no Brasil (Lowe-McConnell, 1984).

Impactos sobre os estoques de pesca de água doce

A perda da biodiversidade em ambientes aquáticos está entre os mais sérios problemas enfrentados pelos países ao redor do mundo (Moyle e Leidy, 1992). Mais da metade (51,1%) de todos os vertebrados vivos são peixes, cerca de 24.618 espécies; destes, 9.966 espécies (40,5%) habitam ambientes de água doce (Nelson, 1994). Em ecossistemas de água doce neotropical são estimados 6.000 espécies de peixes (Vari e Malabara, 1998 e Reis et al., 2003).

Contudo, apesar desta diversidade de espécies de peixes e da sua grande importância econômica para o homem, ainda pouco se conhece sobre suas características biológicas, ecológicas e genéticas. A "IUCN – The World Conservation Union" avaliou que das 28.500 espécies de peixes listadas, apenas 6% das espécies tem sido avaliadas na *IUCN Red List* sendo 631 destas exclusivamente de água doce (Froese e Pauly, 2005). Apesar dos dados da IUCN originarem de algumas áreas geográficas do planeta, como, por exemplo, do leste da África onde 27% de peixes de água doce estão sob ameaça ou da América do Norte onde 20% também estão ameaçados, há sérios indicativos que a ictiofauna de água doce no mundo está ameaçada ou em perigo de extinção (Baillie et al., 2004).

No Brasil, que é detentor da mais rica ictiofauna da região Neotropical, a "Lista das Espécies Ameaçadas" produzida pelo Ministério do Meio Ambiente relaciona 135 espécies de peixes de água doce em estado de vulnerabilidade ou em risco de extinção (Brasil, 2004).

A depauperação da biodiversidade compromete o funcionamento dos ecossistemas como um todo, e a conservação de tais ecossistemas é vital para vários setores econômicos em muitos países (Ehrlich e Ehrlich, 1992). De acordo com Allan e Flecker (1993), diversos têm sido os fatores identificados como causadores do declínio da diversidade de peixes nos vários ecossistemas aquáticos do planeta. Fatores como introdução de espécies exóticas, industrialização, urbanização, destruição de florestas e matas ciliares, poluição por agrotóxicos e garimpos, barramento de rios para geração de energia elétrica têm levado os recursos pesqueiros ao colapso pela destruição e fragmentação dos ambientes aquáticos. Em estudo realizado nos EUA, Miller et al. (1989) concluíram que a alteração física aos ecossistemas ripários foi a causa mais comum de impacto sobre a ictiofauna (73%), seguida da introdução de espécies (68%), alteração química do ambiente (38%), hibridização (38%) e sobre-pesca (15%).

Vários são os exemplos da diminuição drástica ou mesmo desaparecimento de espécies de peixes comercialmente importantes em diferentes bacias hidrográficas no Brasil. Na bacia amazônica, os grandes bagres como a piramutaba (*Brachyplatystoma vaillantii*) e a piraíba (*Brachyplatystoma filamentosum*) são espécies de alto valor comercial e alvos de uma captura considerada industrial, devido à tecnologia e esforço de pesca empregada nos rios da região para a pesca destas espécies. Na década de 1970, o volume anual de captura da piramutaba atingiu 28.000 t, tendo o desembarque sido reduzido para cerca de 10.000 t nos anos 1990 (Barthem e Goulding, 1997).

A piraíba, um dos grandes bagres amazônicos cuja carne é muito apreciada, responde por cerca de 35% da pesca na Amazônia colombiana; no Brasil, sua carne não é apreciada devido a questões culturais (Santos e Jegu, 2004). Apesar disto, os estoques de piraíba têm mostrado sinais de declínio, provavelmente, devido à sobre pesca (Petrere et al., 2004)

“O rio Paraíba e seus afluentes são considerados um dos mais piscosos do Estado de São Paulo”. Esta afirmação está descrita em trabalho publicado por Machado e Abreu (1952), que destaca o importante núcleo de pescadores profissionais “Colônia Z-11 - Emílio Varoli”, com sede em Pindamonhangaba e que na década de 50, entre profissionais e amadores, abrigava 745 pescadores.

Dados de 1951 (Figura 2) mostram que a produção pesqueira do Vale do Paraíba atingia 373.141 kg. Grande parte desta produção, 78%, era proveniente de peixes considerados de segunda, que na sua maioria são adaptados a ambientes lênticos. Espécies como a piabanha (*Brycon insignis*) e o surubim do Paraíba (*Steindachneridion parahybae*) eram espécies registradas como comercialmente importantes no início da década de 50, com uma pesca de 24.000 e 1.100 kg, respectivamente (Machado e Abreu, 1952). Atualmente, populações selvagens destas espécies não são mais registradas no trecho paulista da bacia do Paraíba do Sul.

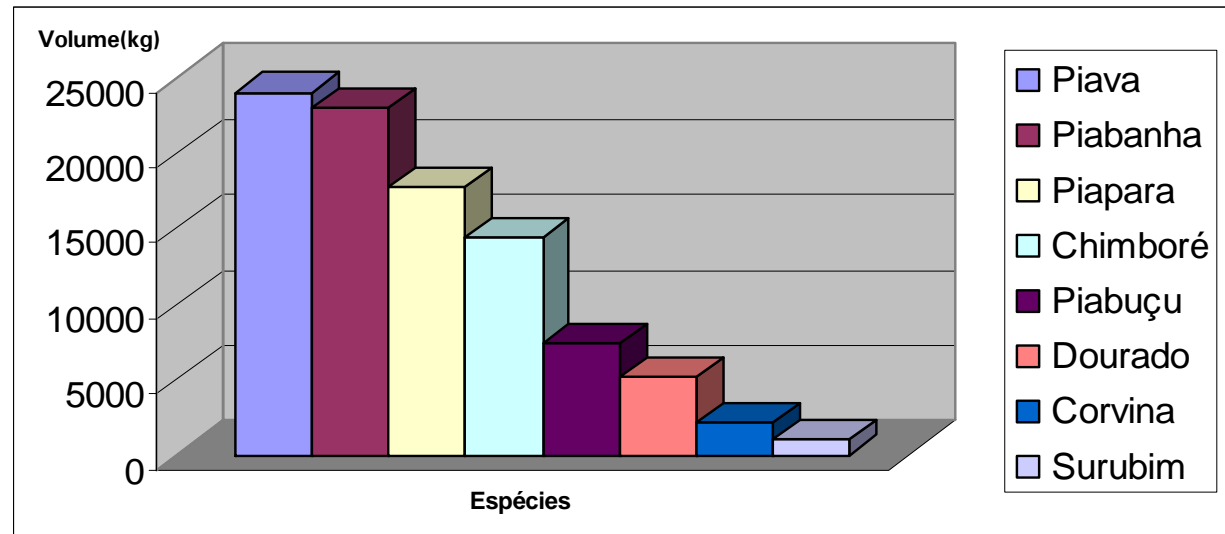


Figura 2. Volume capturado (kg) de oito espécies de valor comercial na bacia hidrográfica do Paraíba do Sul em 1950.
Fonte: Machado e Abreu (1952).

Outra região, importante para a pesca continental, compreende a bacia hidrográfica do Alto Paraguai, onde se localiza o Pantanal. É uma extensa planície aluvial de 140 mil km², cuja bacia de drenagem se estende desde a fronteira do Brasil com o Paraguai até os limites da Bacia Amazônica. Os rios que drenam a bacia do Pantanal abrigam 263 espécies identificadas de peixes (Britski et al., 1999). Nesta região, a pesca é a segunda atividade de importância econômica, correspondendo à principal fonte de renda de milhares de famílias e, mais recentemente, de empresas ligadas ao turismo pesqueiro. Assim, além de sua importância ecológica, os recursos pesqueiros são fundamentais para a pesca de subsistência, amadora ou esportiva e profissional artesanal (Catella, 2003).

Nas análises dos levantamentos realizados pelo sistema de Controle da Pesca de Mato Grosso do Sul SCPESCA/MS de 1996 a 2002 (Albuquerque et al., 2003), pode ser constatado que a variação do volume de peixes capturados não está somente relacionada à exploração dos estoques, mas sim é fortemente influenciada pelas novas políticas de uso dos recursos pesqueiros estabelecida pelo governo estadual do Mato Grosso do Sul que, segundo os autores, tem priorizado a pesca esportiva. Em adição, ameaças como a introdução de espécies de outras bacias, tal como, o tucunaré (*Cichla* sp.) na década de 80 (Nascimento et al., 2001) e processos de degradação ambiental associados à erosão e assoreamento da planície (Resende e Santos, 2002) podem a longo prazo provocar desequilíbrios nos estoques de espécies nativas e importantes para pesca profissional e esportiva (amadora) do Pantanal Mato-grossense.

Populações x Estoques

A conservação de um determinado recurso biológico aquático requer o conhecimento de variáveis fisiológicas, comportamentais e ecológicas, que são importantes na determinação de como uma dada população sobrevive e se reproduz em diferentes ambientes (Danzmann et al., 1991). O entendimento da estrutura genética populacional de uma dada espécie é um passo importante neste processo, pois permite conhecer as diferenças genéticas geradas por processos vicariantes e suas relações com as diferenças adaptativas das populações (Avice, 1994).

O conceito de populações locais, subpopulações, estoques ou demes (Dizon et al., 1992) pode diferir em relação ao grau de homogeneidade genética, importância quanto ao isolamento reprodutivo e ao potencial para a exploração (Gulland, 1969; Smith et al., 1990). No caso de recursos pesqueiros, o conceito de população local se complica ainda mais por fatores políticos, econômicos e sociais.

De acordo com Carvalho e Hauser (1994) a conceituação de estoques abrange uma ampla gama de definições dependendo de quem os define e para que propósito. Por exemplo, em termos práticos, para aqueles que manejam estoques pesqueiros para fins comerciais, o estoque pode ser considerado como um grupo de peixes explorados em uma área específica ou por um método de captura específico. Aspectos políticos e sócio-culturais também podem influenciar na definição de um estoque, pois a pesca comercial nem sempre leva em consideração os benefícios de sua preservação em longo prazo, devido à pressão pela ampliação de cotas por novos recursos e locais de captura (Figura 3). Pode-se dizer que estoque pesqueiro corresponde a um grupo de peixes da mesma espécie, os quais habitam uma mesma área e que estão dentro da faixa etária (ou de tamanho) permitida para serem pescados. Portanto, a exploração indiscriminada de um estoque pesqueiro pode estar comprometendo várias populações de uma mesma espécie.

Uma abrangente definição de populações locais foi proposta por Ihssen et al., (1981), que a descreveram como “um grupo intraespecífico de indivíduos que se reproduz ao acaso com integridade espacial e temporal”. Esta definição geralmente não é aplicada pela frota pesqueira, pois para esta as diferenças genéticas e fenotípicas entre as populações não são levadas em consideração. Assim, neste caso, as populações abrangem apenas os indivíduos cuja abundância depende das taxas de recrutamento e mortalidade. Já o conceito populacional, dentro de um ponto de vista genético, atribui a tal unidade biológica um alto grau de integridade que leva em consideração o isolamento reprodutivo, diferenciação genética de outras populações, especialização ecológica e adaptação local (Begg et al., 1999; Thorpe et al., 2000).

Desta forma, o conceito de população descrito por Ihssen et al. (1981) pode ser interpretado de acordo com o manejo a ser implementado, aqui especificamente, sobre um recurso biológico aquático. Por um lado, temos uma estratégia em curto prazo, cuja preocupação básica é a manutenção do recurso, evitando sua redução pelo excesso de captura; por outro, temos uma estratégia de conservação em longo prazo, que leva em consideração a diversidade genética dentro e entre populações.

Os fatores que determinam o isolamento genético de uma determinada população dependem de forças evolutivas, como seleção natural, fluxo gênico, deriva genética, mutações e o tempo viável para que estes processos ocorram (Chakraborty e Leimar, 1987). No caso de peixes, a estrutura genética dentro e entre populações é influenciada principalmente pelo fluxo gênico e tamanho populacional efetivo (Gyllensten, 1985).

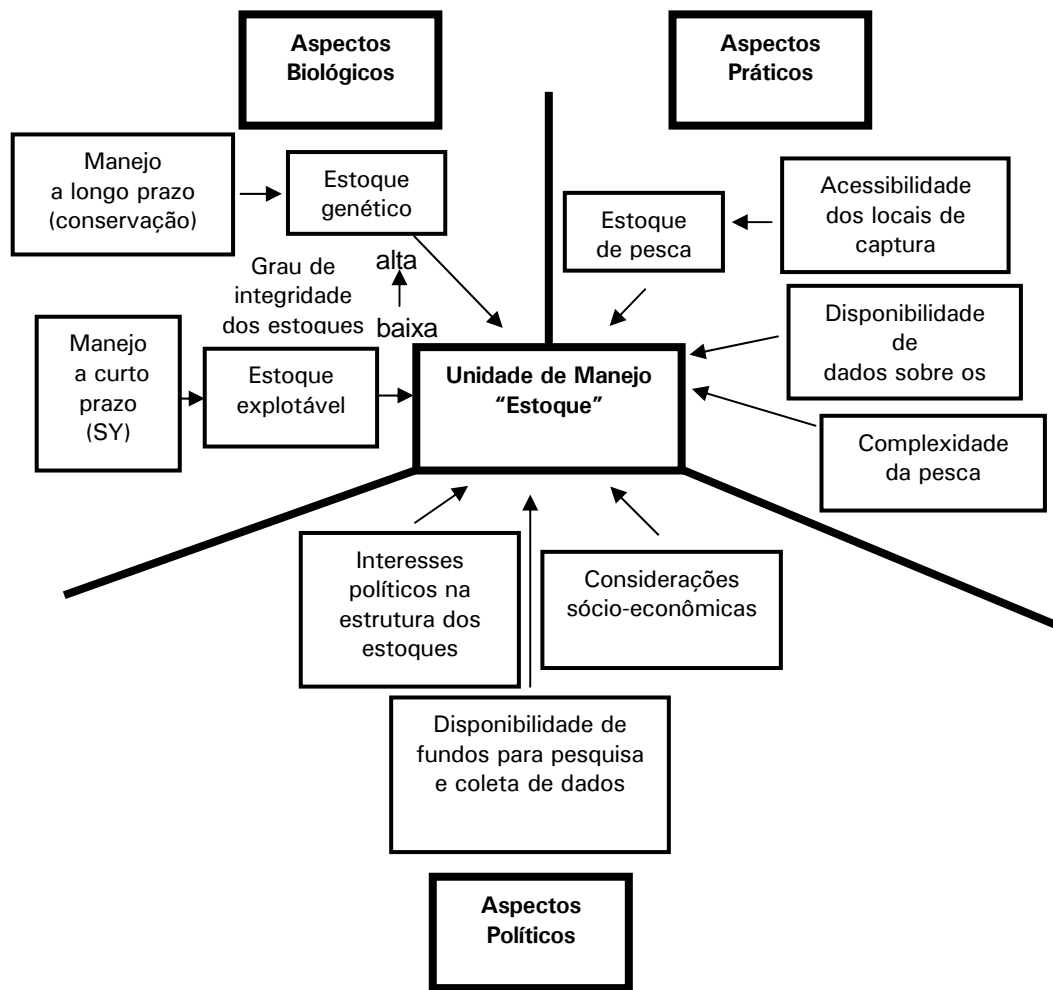


Figura 3. Representação dos fatores que afetam o conceito de "Estoque".
 Fonte: Carvalho e Hauser (1994).

A genética e a pesca

A extinção de espécies de peixes ou mesmo, a diminuição das populações exploráveis de peixes de valor comercial em águas continentais, têm sido causadas principalmente pela degradação e/ou fragmentação dos ecossistemas ripários (Beverton, 1992; Agostinho et al., 1994). Aliados a isto, os esforços de captura sobre várias espécies de peixes vêm aumentando gradativamente, tornando a exploração dos estoques comercialmente inviável e, conseqüentemente, sua recuperação biologicamente difícil.

A diversidade dos recursos genéticos aquáticos que pode ser entendida pelo conjunto da diversidade de espécies e pela própria diversidade genética dentro e entre espécies é um componente importante da biodiversidade como um todo.

De maneira geral, as preocupações e ações referentes aos impactos sobre a biodiversidade nos ecossistemas aquáticos estão muito mais relacionadas à percepção do desaparecimento de uma dada espécie do que à diminuição da diversidade genética da espécie. A depauperação da variabilidade genética dentro e entre populações pode ser um componente decisivo para a sobrevivência de uma espécie a médio e longo prazo. A habilidade de uma espécie de se adaptar às constantes modificações do meio ambiente depende em grande parte do nível de diversidade genética encontrada na mesma (Solé-Cava, 2001).

A pesca em si pode afetar a composição ou mesmo a variabilidade de uma espécie dependendo de diversos fatores. A atividade pesqueira pode atuar tanto sobre uma espécie alvo, como também sobre outras espécies ditas acompanhantes. Assim, para as espécies de valor comercial e por que não dizer de outras removidas como subproduto da captura, a pesca é um dos fatores principais de mortalidade de animais adultos, muitas vezes comprometendo o recrutamento dos estoques.

A percepção de que a sobre-pesca, de alguma forma vem afetando a disponibilidade dos estoques de peixes, tem sido um consenso entre os cientistas pesqueiros. Esta realidade, verificada nas estatísticas pesqueiras, parece estar relacionada à seletividade das redes de captura que retiram os animais maiores. Conover e Munch (2002) constataram que a retirada constante de animais maiores ao longo do tempo afeta a composição genética do estoque, eliminando os genes relacionados ao crescimento rápido e diminuindo o tamanho médio dos indivíduos remanescentes. Esta observação sugere que este fenômeno pode estar ocorrendo com alguns estoques de peixes de interesse comercial, como nos estoques do bacalhau do atlântico (*Gadus morhua*) que, devido à pesca predatória durante os últimos séculos, vem mostrando a diminuição do tamanho das fêmeas

e a idade de primeira maturação, isto é, a pressão da pesca levou a uma mudança na composição genética dos estoques favorecendo os genótipos que expressam tempo de maturação mais precoce (Olsen et al., 2004). Este fenômeno pode ter outros reflexos, uma vez que caso a antecipação da primeira reprodução em determinada espécie não seja percebida, a continuidade da sua exploração nos moldes tradicionais levará a uma redução do número de indivíduos das populações que, em adição às características biológicas e comportamentais, terá como consequência a redução da capacidade de restauração destas. O que será ressaltado pela necessidade de manutenção da produção pesqueira nos níveis desejados, pela captura de um maior número de indivíduos menores. Assim, a pesca torna-se uma atividade insustentável.

Para evitar estes processos, lança-se mão de diversas técnicas de manejo. As mais utilizadas em águas continentais são: 1) adoção do tamanho mínimo de captura, com base no tamanho de primeira maturação gonadal, a partir do qual se supõe que cerca de 50% dos indivíduos daquela espécie já se reproduziram pelo menos uma vez; 2) definição do período de defeso, que é a proibição da pesca durante o período de reprodução de uma espécie ou de um conjunto de espécies; 3) proibição do uso de determinados petrechos de pesca, os quais muitas vezes são pouco seletivos e exploram as populações além dos limites dos estoques pesqueiros; 4) cotas de pesca; e 5) repovoamentos de rios ou lagos, onde já são sentidos os danos causados pelas modificações ambientais ou atividades antrópicas indiscriminadas.

Apesar da ampla adoção destas medidas, a importância dos aspectos da genética no manejo de estoques capturados pela pesca comercial raramente está na pauta de discussões dos programas de manejo dos estoques pesqueiros. Contudo, diversos aspectos da genética aplicada ao manejo pesqueiro são importantes para a conservação e manutenção de sua exploração de maneira sustentada. Frente a este cenário, a aplicação de metodologias genético-moleculares torna-se fundamental para o reconhecimento e caracterização genética de estoques, podendo, com isto, evidenciar populações-chaves para conservação, identificar espécies crípticas, avaliar a contribuição de diferentes populações para um determinado estoque sob captura (*Mixed-stock Analysis*), entender a ação das mudanças ambientais sobre a variabilidade genética de uma espécie, entre outros (Ryman e Utter, 1987).

Metodologias moleculares aplicadas ao manejo genético da pesca

Os avanços tecnológicos observados nas últimas décadas, na área da biologia molecular, têm possibilitado o desenvolvimento de metodologias para avaliação do DNA de forma eficiente, rápida e cada vez menos dispendiosa. Os sistemas de detecção das diferenças nas seqüências de DNA por meio de seqüenciamento automático do DNA e de outras técnicas mais simples têm possibilitado a geração de dados importantes sobre a origem e o grau de variação genética nos seres vivos. Este nível de detalhamento tem sido relevante para discutir questões importantes sobre a conservação e o manejo genético de diversas espécies de peixes alvos ou não da pesca.

Desta forma, diversos marcadores genéticos têm sido desenvolvidos com base na sua herança e padrão de evolução (Park e Moran, 1994). Um marco no aprimoramento e na universalização do uso de marcadores moleculares foi sem dúvida o desenvolvimento da técnica da reação em cadeia da polimerase "Polymerase Chain Reaction"- PCR (Saiki et al., 1988). O seqüenciamento automático do DNA veio como consequência da técnica da PCR, tornando a publicação de seqüências do DNA uma atividade rotineira. Isto pode ser constatado pela quantidade de seqüências disponibilizadas no GeneBank (*National Center for Biotechnology Information* - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) que de certa forma tem facilitado o uso da técnica da PCR em diversos táxons.

Estudos genéticos em populações de peixes têm sido realizados utilizando-se marcadores bioquímicos e moleculares tais como: aloenzimas/isoenzimas, RAPD ("Randomly Amplified Polymorphic DNA" - polimorfismo de DNA amplificado ao acaso), SPAR ("Single Primer Amplification Reaction" - reação de amplificação com *primer* único), RFLP ("Restriction Fragment Length Polymorphism" - polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição), AFLP ("Amplified Fragment Length Polymorphism" - polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados), VNTR ("Variable Number Of Tandem Repeats" - número variável de repetições em tandem - minissatélites) e STR ("Short Tandem Repeats - repetições curtas em tandem") (Marques, 2002).

Por diversas questões operacionais, econômicas ou em nível de informações genéticas geradas, a maioria das pesquisas aplica estes marcadores no genoma nuclear. Porém, o nível de polimorfismo e conseqüentemente, de informação gerada, bem como o custo operacional também depende das características de cada marcador.

As características de herança genética do DNA mitocondrial (DNAmt) tais como: herança materna, genoma haplóide, ausência de recombinação, sensível aos efeitos da deriva genética e alta taxa evolutiva fizeram deste genoma uma

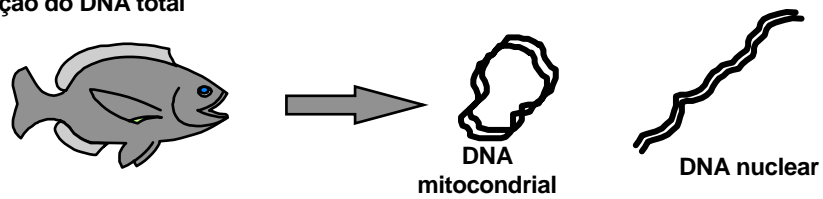
excelente fonte de informações genéticas para estudos voltados à taxonomia e conservação de diversos organismos. Em estudos populacionais com DNAmt o marcador que tem sido mais utilizado é o RFLP (Figura 4). Este, aplicado sobre o genoma integral da mitocôndria, pela técnica de hibridização por sondas marcadas "Southern-blotting" (Southern, 1975), ou mesmo com o desenvolvimento de iniciadores universais (Kocher et al., 1989; Palumbi et al., 1991 e Meyer, 1994), possibilitam a amplificação de segmentos específicos de trechos do DNA seguido de corte por enzimas de restrição de uma ampla variedade de espécies.

Um detalhamento do uso dos marcadores moleculares, suas aplicações em estudos genéticos e os protocolos laboratoriais utilizados estão amplamente discutidos e podem ser encontrados em Ferreira e Grattapaglia (1998) e Matioli (2001). As vantagens e desvantagens do uso dos marcadores moleculares em estudos genéticos têm sido amplamente discutidas, bem como, sua contribuição para questões que envolvem a conservação e manejo de estoques pesqueiros (Allendorf et al., 1987; Ward e Gewe, 1994; Carvalho e Pitcher, 1994; Jamieson, 1999 e Liu e Cordes, 2004).

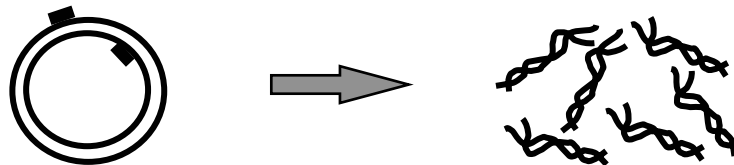
Silva e Russo (2000), em levantamento bibliográfico, evidenciaram 1.291 artigos que utilizaram marcadores moleculares para abordar as seguintes questões: (1) análise da variação genética e identificação de indivíduos, (2) análise da variação genética dentro de populações, (3) análise da variação genética entre populações e (4) análise da variação genética acima do nível de espécie. O que pode ser constatado foi que a grande maioria dos artigos utilizou a técnica do RFLP (44%), seguida do RAPD (14%), do VNTR (5%) e STR (8%). O seqüenciamento foi utilizado por 18%, principalmente para questões de sistemática molecular. No período levantado, a maioria dos artigos (54%) utilizou o DNA mitocondrial como fonte de variação genética para os estudos.

Um resumo das características dos marcadores moleculares usados em análises genéticas está apresentado na Tabela 2.

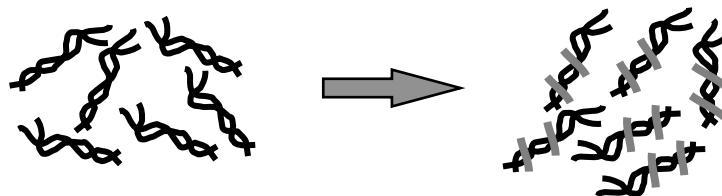
a. Extração do DNA total



b. Amplificação por PCR de regiões específicas do DNAm



c. Digestão com enzimas de restrição do produto da amplificação



d. Separação por eletroforese em gel de agarose dos fragmentos de DNA para análise dos tamanhos gerados pelas enzimas de restrição.

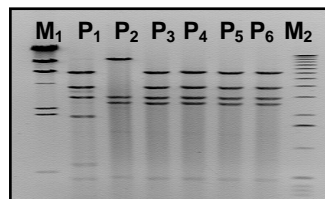


Figura 4. Exemplo do uso do PCR aliado a técnica do RFLP para avaliação genética de estoques.

Tabela 2. Tipos de marcadores moleculares, suas características e aplicação na avaliação genética de estoques de peixes.

| Tipo de Marcador | Modo de Herança | Informação prévia necessária? | Nível de polimorfismo | Custo de operação | Número de alelos por loco | Utilização em avaliações genético populacional em estoques de peixes |
|---------------------------------|-----------------|-------------------------------|-----------------------|-------------------|-----------------------------------|--|
| Aloenzimas/Isoenzimas | codominante | sim | baixo | baixo | 2 –6 | alto |
| RAPD | dominante | não | intermediário | baixo | indeterminado | alto |
| SPAR | dominante | não | intermediário | baixo | indeterminado | baixo |
| RFLP (PCR ou Southern-blotting) | variável | sim | intermediário | médio | multialélico ou vários haplótipos | alto |
| AFLP | dominante | não | alto | médio | 2 | baixo |
| SSR- Microssatélites | codominante | sim | alto | médio | multialélico | alto |
| VNTR-Minissatélites | codominante | sim | alto | alto | multialélico | baixo |

Aplicação da genética no manejo dos estoques

Identificação de espécies e indivíduos

Uma das questões importantes para o manejo de estoques está relacionada à identificação correta da espécie que está sendo capturada. A relevância disto reside no fato de que registros de desembarque para estimativa de biomassa e cotas de captura podem ser sub ou superestimados, em razão da existência de espécies crípticas, isto é, espécies diferentes que por semelhanças fenotípicas são incluídas sob um mesmo táxon, muitas vezes a análise genética destas espécies pode levar a considerá-las como estoques de uma mesma espécie. A correta identificação de uma determinada espécie torna-se importante frente à comercialização de produtos processados, tais como, filé, enlatado, salgado, entre outros, onde é difícil a identificação pelas autoridades se o produto comercializado advém de espécies em períodos de defeso.

Para a conservação dos estoques, a correta identificação das espécies torna as práticas de manejo adotadas mais acuradas, uma vez que as diferentes espécies apresentam características biológicas diferentes.

Os marcadores moleculares têm se mostrado eficientes aliados na distinção de espécies diferentes exploradas como sendo de uma mesma espécie, ou na identificação da origem de produtos processados. Ward (2000) descreveu uma série de exemplos de metodologias que vão desde variação genética produzida por aloenzimas até a geração de polimorfismo do DNA nuclear e/ou mitocondrial com o uso de PCR.

A descoberta de espécie crípticas, antes consideradas como parte de uma espécie taxonomicamente definida torna-se importante quando são alvos de uso comercial pelo homem. Em ambientes marinhos, casos deste tipo têm sido evidenciados com o auxílio de marcadores moleculares. Solé-Cava e Levy (1987), evidenciaram, por eletroforese de proteínas, que a pesca de estoques de cação anjo (*Squatina argentina*) no sul do Brasil, anteriormente tida como uma espécie única, na verdade eram compostos por três espécies diferentes. Gusmão et al. (2000), sugeriram, por marcadores moleculares, que populações de um camarão (*Penaeus subtilis*), comercialmente importante para pesca na costa brasileira, são compostas de pelo menos duas espécies diferentes. Santos et al. (2003) sugeriram, por meio de comparações de seqüências do DNA mitocondrial, que as populações de *Macrodon ancylodon* (pescada-gó), um peixe de importância econômica para pesca costeira no Brasil, possam ser, na verdade, duas espécies que estão sendo exploradas como um recurso único.

Assim, o não reconhecimento de possíveis espécies crípticas em estoques comercialmente importantes e alvo de um determinado esforço de pesca pode levar ao desaparecimento da espécie mais frágil. Uma revisão de outros casos de espécies crípticas evidenciadas por análises moleculares está elegantemente apresentada por Solé-Cava (2001).

Avaliação de estoques e estruturação genética de peixes de água doce

O horizonte em longo prazo, para o uso sustentável dos recursos ictiológicos de água doce, depende da conservação e manutenção de sua variabilidade genética. Neste particular, um dos pontos fundamentais é a capacidade de se identificar e caracterizar geneticamente uma população e/ou "estoque". Isto é importante, por exemplo, para a implantação de políticas de cotas de pesca e com isso, a definição das unidades biológicas de acordo com o "conceito genético de estoque", isto é, como uma unidade reprodutivamente isolada que é geneticamente diferente de outros estoques (Oveden, 1990). A importância deste conceito reside no fato de que o conhecimento da estrutura genética das populações de uma determinada espécie de peixe de interesse econômico para pesca, objetiva além da conservação da espécie, a maximização de uma captura sustentável, o que em última instância, pode evitar o colapso de uma pesca comercial ou esportiva economicamente sustentável.

Utter (1991) concebeu e desenvolveu a aplicação prática do princípio da estruturação genética dos estoques por meio do GSA (*Genetic Stock Assessment* – Avaliação Genética de Estoques). Os esforços internacionais para caracterização dos estoques de peixes comercialmente importantes são representados pelo crescente número de estudos genéticos nesta área que, de certa forma, acompanham o desenvolvimento de metodologias moleculares de investigação da variabilidade genética das populações. Bancos de dados têm sido implementados como um repositório de informações que forneçam informações a cientistas pesqueiros e autoridades para tomadas de decisões (Imsiridou et al., 2003)

A principal questão no GSA é se duas amostras de peixes compõem uma única população panmítica ou são provenientes de duas populações geneticamente distintas. Dependendo do resultado, os programas de manejo a serem implementados deverão levar em consideração se tais estoques deverão ser manejados separadamente como duas unidades biológicas distintas ou se podem ser consideradas como uma única população. Estoques de peixes explorados pela pesca em um determinado local são muitas vezes uma mistura de estoques geneticamente diferentes que se encontram em suas rotas de migração. Em alguns casos, podemos ter também a introdução de indivíduos advindos de

programas de repovoamento para o incremento de populações em declínio por ações antrópicas.

O grau de diferenciação genética em organismos aquáticos depende de vários fatores que levam as populações à homogeneidade ou heterogeneidade. O estudo do fluxo gênico entre as populações, por exemplo, esclarece em última instância, o quanto as populações podem estar em conexão genética ou isoladas ao longo de suas histórias. A avaliação da estrutura genética de uma espécie distribuída em uma ou várias bacias hidrográficas, determina a intensidade com que o fluxo gênico entre suas populações vem ocorrendo. Se a troca de genes entre estas tem sido limitada e uma determinada população que esteja sob pesca predatória, a possibilidade de sua recuperação genética pela migração é pequena e a chance de colapso da pesca em determinada região geográfica pode ocorrer. O isolamento geográfico presente pode não significar uma total heterogeneidade entre populações, pois as frequências gênicas entre elas podem ainda estar representadas por episódios de fluxos gênicos ocorridos em um passado recente. Assim, apesar de estarem isoladas geograficamente, diferentes populações podem não apresentar divergências genéticas estatisticamente significativas.

Outra questão importante para a manutenção da variabilidade genética dentro e entre populações se refere ao tamanho efetivo da população (N_e). Wright (1931), desenvolveu o conceito do N_e que está relacionado ao número efetivo de indivíduos que contribuem para formação da próxima geração. Assim, populações que estiveram submetidas a um efeito de diminuição drástica do tamanho populacional podem entrar em um processo de deriva genética e consequentemente de endogamia que se traduz a uma redução da heterozigose (Avice, 1994).

Em muitos *loci*, as frequências alélicas diferem de uma população para outra, de modo que a variação que surge dentro das populações se transforma em variação entre populações (Futuyma, 1992). A forma de medir o grau de estruturação genética de uma determinada espécie, isto é, o grau de separação genética entre populações ou o nível de fluxo gênico entre as populações, pode ser estimada pelos índices estatísticos: F_{st} (Wright, 1978), que é a probabilidade de que dois genes tomados ao acaso em duas populações diferentes sejam idênticos por origem (Futuyma, 1992), cuja medida avalia o quanto das diferenças entre as frequências gênicas é devida à dificuldade de fluxo gênico entre as localidades; e pelo G_{st} , chamado "coeficiente de diferenciação genética" (Nei, 1973) que estima a perda da diferença entre as populações com base na perda da heterozigosidade destas em relação a heterozigosidade total. Os valores gerados pelas duas estimativas são geralmente muito próximos (Neigel, 1997). AMOVA (Excoffier e Smouse, 1994) – Análise Molecular de Variância – é outra estimativa que tem se tornado usual em análises de estruturação populacional. A AMOVA também gera um componente de variância entre populações ϕ_{st} , que juntamente com o F_{st} e o

G_{st} são interpretados de forma semelhante. Para qualquer valor diferente da hipótese nula de panmixia estimativas de F_{st} , G_{st} e ϕ_{st} entre 0 e 0,050 indicam baixa estruturação genética; entre 0,050 e 0,150, moderada estruturação genética; acima de 0,150, alta estruturação genética (Wright, 1978; Hartl e Clark, 1997).

Ao contrário dos ecossistemas marinhos, cujos habitantes apresentam alto grau de dispersão (Waples, 1998), os ecossistemas de água doce com suas formações geológicas são muito mais propícios a criarem barreiras que diminuem ou mesmo impedem o fluxo gênico entre populações de uma mesma espécie. Este evento associado ao efeito fundador e seguido de processos de deriva genética evidencia a importância da estruturação de uma dada espécie em populações geneticamente diferentes como parte importante nos processos evolutivos.

Em subpopulações separadas geograficamente as frequências gênicas podem flutuar ao acaso até que um alelo se fixe e a variação genética no *locus*, seja perdida, a menos que restaurada por mutação ou imigração, resultando num processo chamado “deriva genética”, que acontece em qualquer população finita e que é mais rápido em populações de pequeno tamanho (Futuyma, 1992).

Em peixes de água doce, a fragmentação das espécies em populações isoladas foi consequência do último grande processo de glaciação no Pleistoceno, no hemisfério norte (Seeb e Gunderson, 1988). No hemisfério sul, os processos de fragmentação de espécies em populações ocorreram durante os ciclos glaciais que geraram períodos de seca e com isto, zonas de refúgios nas quais as espécies estabeleciam-se, isoladas umas das outras (Vanzolini e Williams, 1970; Vuilleumier, 1971; Renno et al., 1990).

Além dos processos naturais de estruturação genética, seguem-se as ações antrópicas, tais como, barragens, que isolam quase que permanentemente determinadas populações de peixes (Hanfling et al., 2004; Yamamoto et al., 2004).

O nível de estruturação genética entre populações de peixes pode ser evidenciado claramente em estudo conduzido por Ward e Grewe (1994) que examinaram as estimativas de G_{st} para peixes conforme o seu habitat. A análise compreendeu um total de 113 espécies de peixes – 57 marinhas, 49 de água doce e 7 de peixes anádromos que se reproduzem em água doce e vivem em águas marinhas. As estimativas de G_{st} para peixes de água doce foram de $0,222 \pm 0,031$, para os peixes anádromos de $0,108 \pm 0,044$ e para os peixes que habitam águas marinhas $0,062 \pm 0,016$. Pode-se constatar que a estimativa de G_{st} para peixes de água doce está acima de 0,050 indicando uma alta estruturação genética para estes organismos quando comparado com peixes anádromos e marinhos.

Estudos genéticos populacionais de peixes importantes para pesca continental no Brasil: situação atual e perspectivas.

Estudos genéticos em peixes de água doce têm sido conduzidos por diversos grupos de pesquisa no Brasil elucidando vários aspectos da caracterização cromossômica, processos de hibridização, conservação genética, sistemática molecular (Toledo-Filho et al., 1978; Carvalho et al., 2002; Oliveira et al., 2002; Wasko et al., 2004b).

As dificuldades de tais estudos muitas vezes barram na extensão de área com que algumas populações de peixes de água doce ocorrem no Brasil. Estudos genéticos populacionais que possam resultar em dados estatisticamente confiáveis para serem aplicados em programas de conservação e manejo pesqueiro devem ser realizados com amostragens que representem a ocorrência da espécie em uma ou mais bacias. Muitas vezes, estas amostragens devem representar a ocorrência das populações ao longo de um período e de acordo com dados biológicos da espécie, tais como, padrões de migração, processos reprodutivos, ciclo de alimentação e dispersão das fases de alevinos e juvenis entre outros. Outro aspecto importante está relacionado ao número amostral por população que deve ser tomado, para análise por marcadores moleculares. Uma análise acurada deve levar em conta o número de indivíduos que devem ser avaliados por população. Este número também depende do tipo de marcador com que se está trabalhando.

No caso do DNA mitocondrial, o tamanho amostral em cada ponto de coleta deve ser dimensionado de modo a se obter a distribuição dos haplótipos mitocondriais com 95% de confiança, isto é, de que pelo menos 1 indivíduo de cada haplótipo presente na área de coleta seja detectado com um P maior ou igual a 5%. Assim, para se conhecer o tamanho amostral mínimo pode ser utilizada a expressão de Schwager et al. (1990), em que $(1-P)^n$ é a probabilidade de não se observar um haplótipo em uma amostragem ao acaso de n indivíduos, conforme o exemplo a seguir:

$$n = \ln(1-\beta) / \ln(1-P)$$

onde: β é a probabilidade de se observar o haplótipo desejado.

P é a probabilidade de não se observar o haplótipo desejado.

$$n = \ln(1-0,95) / \ln(1-0,05) = 58,4 \sim 60 \text{ indivíduos.}$$

Desta forma, para estudos genéticos populacionais com o uso do DNA mitocondrial para um nível de 95% de confiança, é aconselhável um tamanho amostral de no mínimo de 60 indivíduos por localidade para que, assim, se possa

observar com uma probabilidade de 95% que pelo menos um indivíduo amostrado contenha um haplótipo da população.

No caso de marcadores nucleares co-dominantes, o tamanho amostral dependerá do número de alelos médios por *locus*. Aloenzimas geralmente apresentam de 1 a 6 alelos por *locus*. Assim, com um tamanho amostral de 30 a 50 indivíduos por população, é provável amostrar todos os alelos e variação total dos alelos amostrados. A questão do número de alelos e do tamanho amostral mínimo necessário é de fundamental importância para se detectar a significância da heterogeneidade genética entre populações.

Para marcadores multi-alélicos, tais como, minissatélites (VNTR) e microsatélites (STR), Ferguson e Danzmann (1998) realizaram uma simulação testando os efeitos do número de alelos e do tamanho amostral para: (1) detectar a diferenciação entre duas populações que não diferem em suas frequências alélicas (erro tipo I) e (2) falhar em detectar a diferenciação entre duas populações que diferem em suas frequências alélicas (erro tipo II). No primeiro caso, tanto o tamanho amostral como o número de alelos não afetou a probabilidade da ocorrência do erro tipo I. Porém, no segundo caso, as simulações mostraram que para a redução da probabilidade do erro tipo II ocorrer, o tamanho amostral não deve ser menor do que 50 indivíduos por população.

Na bacia amazônica, algumas espécies de importância para a pesca continental têm sido objeto de estudos genético-populacionais. Lovejoy e Araújo (2000) avaliaram as populações de *Potamorhaphis guianensis*, peixes de distribuição alopátrica na bacia amazônica, com objetivo de se analisar a biogeografia desta espécie. Também conhecido como “peixe agulha”, a espécie em questão é parte das espécies alvos para o comércio de peixes ornamentais. Os autores analisaram quatro populações de rios da bacia amazônica e dois rios da Venezuela. A análise genética foi conduzida com um número baixo de indivíduos por população e baseada no seqüenciamento de um trecho do Citocromo b mitocondrial. As estimativas de divergência nucleotídica analisadas sugeriram uma diferenciação genética de indivíduos dentro da mesma drenagem. A limitada dispersão da espécie e as barreiras presentes e passadas provavelmente exerceram papel importante na estruturação genética da espécie. Esta hipótese se reveste de importância frente à captura e ao comércio predatório de espécie de peixes ornamentais na bacia Amazônica.

O matrinchã - *Brycon cephalus* - é um outro importante recurso pesqueiro na região Amazônica. Trinta indivíduos de uma população selvagem do rio Amazonas foram avaliados em comparação com estoques de cativeiro. A técnica do RAPD, como esperado, mostrou um nível de dissimilaridade genética maior na população selvagem (Wasko et al., 2004a). Este resultado demonstra a necessidade de uma avaliação genética mais ampla das populações selvagens de *B. cephalus* nos

diversos locais de ocorrência desta espécie para uma melhor compreensão da diversidade genética intra e inter-populacional desta espécie na bacia Amazônica.

Um peixe de muita relevância na pesca comercial da bacia Amazônica é o pirarucu (*Arapaima gigas*) que tem sido reportado como comercialmente extinto em regiões próximas a grandes centros urbanos (Goulding, 1980). Hrbek et al. (2005) conduziram um trabalho importante avaliando populações dessa espécie, amostradas em regiões extremas e centrais da bacia Amazônica. Oito localidades foram avaliadas com um número amostral de 139 animais, variando de 13 a 33 por região. A análise foi conduzida comparando-se as seqüências descontínuas de um segmento do gene *NADH1* (1204 bp) e de outro do gene *ATPase* (1143 pb). A análise de estruturação genética populacional mostrou um valor médio de $F_{st} = 0,410$. Os autores sugerem que a diferenciação genética das populações de pirarucu não está correlacionada com as distâncias geográficas entre as localidades, mas sim como resultado da sobre pesca ocorrida, principalmente na segunda metade do século passado que levou a diminuição dos estoques e como consequência, a processos de deriva genética, determinando a diferenciação entre populações. Assim, baseado nos resultados deste estudo, os autores propõem a criação de reservas onde as populações possam se recuperar e servir como fonte de emigrantes para colonizar regiões em que outrora havia a presença do pirarucu.

Estudos sobre estruturação genética de peixes têm também sido conduzidos na bacia do rio Paraná. Em levantamento da pesca profissional na bacia do Paraná, de 1994 a 2000, foram registrados peixes de 18 famílias diferentes (Vermulm Jr. et al., 2002), demonstrando a importância desta bacia para a pesca na região, além do que, o rio Paraná, é atualmente um importante gerador de energia elétrica pelas diversas barragens ali construídas.

Revaldaves et al. (1997) avaliaram a variabilidade do Curimbatá (*Prochilodus lineatus*) de três localidades da bacia do Paraná. Um total de 163 indivíduos foi analisado por meio de isoenzimas que resultaram em um baixo nível de diferenciação genética entre as populações amostradas, $F_{st} = 0,018$. Estes resultados mostraram que, pelo menos para as localidades avaliadas, não foi evidenciada uma diferenciação populacional, constituindo-se de uma população única com intensa troca gênica. Em outro estudo com *Prochilodus lineatus*, utilizando-se a divergência genética da região controle do DNA mitocondrial, foi observado um compartilhamento de haplótipos de localidades separadas por uma distância de 2.600 km, sugerindo altos níveis de fluxo gênico entre as populações (Sivasundar et al., 2001).

Outra espécie importante para pesca e amplamente distribuída na bacia do rio Paraná, é o pintado ou surubim (*Pseudoplatystoma corruscans*). Sekine et al. (2002) avaliaram se as populações de pintado eram geneticamente separadas a jusante e montante quando da existência dos saltos de Sete Quedas. Após a formação do reservatório de Itaipu a barreira natural representada por Sete Quedas

foi deslocada 150 km a jusante. Doze indivíduos de cada uma das três localidades amostradas foram analisados por RAPD. Os valores de F_{st} variaram de 0,030 a 0,112, sendo significativos para as populações a jusante e a montante do reservatório de Itaipu (0,112). Isto sugere que os saltos de Sete Quedas formavam uma barreira de isolamento gênico anteriormente à construção do reservatório.

Almeida et al. (2003) avaliaram a possível diferenciação genética do mandi amarelo (*Pimelodus maculatus*) nos rios Tietê e Paranapanema. Amostras de 10 indivíduos foram coletadas de cada uma de três regiões do alto, médio e baixo Tietê e Paranapanema e analisadas por meio do RAPD. As análises mostraram que, apesar do rio Tietê possuir várias barragens para geração de energia elétrica, as populações avaliadas apresentaram-se geneticamente homogêneas, com G_{st} variando de 0,072 a 0,103 e a identidade genética de Nei (1978) entre 0,954 e 0,972. Já com as amostras do rio Paranapanema, foi evidenciado um nível de diferenciação genética de moderada a alta entre as amostras das três localidades. O G_{st} variou entre 0,101 e 0,210 e a identidade genética de Nei (1978) entre 0,877 e 0,954.

No rio Paranapanema, populações de *Astyanax altiparanae* (lambari) foram avaliadas por Leuzzi et al. (2004) quanto a sua diferenciação genética, em quatro pontos do reservatório de Capivara e entre indivíduos deste reservatório com amostras dos reservatórios de Rosana e Jurumirim com o uso da técnica do RAPD. Doze indivíduos de cada uma das populações amostradas dentro do reservatório apresentaram moderada estruturação genética com valores do teste θP , que é um valor similar ao F_{st} , variando de 0,090 a 0,139. A análise de 16 lambaris de cada um dos três reservatórios amostrados revelou uma alta diferenciação genética entre as populações do alto, médio e baixo Paranapanema com valores do teste de θP variando de 0,089 a 0,291.

O rio São Francisco compõe outra importante bacia hidrográfica cujo conjunto de rios, riachos e córregos cobrem 7,4% do território brasileiro (Paiva, 1983). Dois importantes trabalhos nesse rio, na área do reservatório de Três Marias, mostram a influência das interferências antrópicas na diferenciação genética em populações de peixes. Wasko e Galetti Jr. (2002) estudaram duas populações da espécie *Brycon lundii* (matrinchá do São Francisco), coletadas em uma região sem histórico de repovoamento. A primeira população foi amostrada logo a jusante da barragem de Três Marias, em uma área com pobres condições ambientais, a segunda população, amostrada no rio São Francisco em uma região 20 km antes da confluência com o rio Abaeté. Ambas as amostragens compreenderam 11 indivíduos. Apesar dos autores alertarem para o baixo número amostral tomado para as análises, os resultados sugeriram uma diferenciação genética entre as regiões avaliadas. Uma região de DNA gerada pelo RAPD de 1.200 pares de bases verificada em poucos indivíduos da região da confluência dos rios Abaeté e São Francisco e em todos da região logo abaixo da represa indica um modelo de

estruturação genética sendo que os animais próximos à represa compõem uma população única e os animais da confluência compostos de duas populações com comportamentos migratórios distintos no período reprodutivo.

Outro trabalho realizado por Hatanaka e Galetti Jr. (2003), também no rio São Francisco, apresentou resultados semelhantes àqueles com *Brycon lundii*. Foram avaliadas três populações de curimbatá (*Prochilodus marginatus*), também a jusante da barragem de Três Marias. A primeira, com 19 indivíduos, foi coletada logo abaixo da barragem; a segunda, com 20 indivíduos a 10 km da barragem e a terceira, com 17 indivíduos, na região de confluência do rio Abaeté e São Francisco. A técnica do RAPD também foi utilizada para verificar o nível de similaridade genética entre as regiões amostradas. Os resultados detectaram uma diferença significativa entre as populações localizadas próximas ao reservatório e as populações residentes na região da confluência. Os autores propõem três possíveis hipóteses para esta diferença. A hipótese de estruturação genética foi a mais aceita, pois a população da confluência dos rios Abaeté e São Francisco deve ser composta por diferentes unidades reprodutivas sendo que, possivelmente, a maioria dos indivíduos dessa população deve migrar para locais com melhores condições ambientais para se reproduzir.

Uma bacia hidrográfica historicamente impactada pela ação de um processo de ocupação urbana e industrial é a bacia do rio Paraíba do Sul (Hilsdorf e Petrere, 2002). Essa bacia espalha-se por três estados (São Paulo, Rio de Janeiro e Minas Gerais) e é considerada isolada das demais que compõem a chamada bacia do Leste. Hilsdorf et al. (2002), utilizando a técnica do RFLP no DNA mitocondrial e Barroso et al. (2005), com marcadores microssatélites, estudaram a variabilidade intra e interpopulacional da espécie *Brycon opalinus* (Pirapitinga do Sul), em rios da bacia do Paraíba do Sul. Os resultados gerados pela diversidade do DNAmít apresentaram um F_{st} de 0,295, o qual representa um alto nível de estruturação entre as populações amostradas. A distribuição dos haplótipos mitocondriais mostrou haplótipos exclusivos em diferentes localidades que estão geograficamente separadas. Estes haplótipos podem ser marcadores úteis para se monitorar programas de repovoamento. A avaliação das populações mantidas em cativeiro apresentou também haplótipos exclusivos, podendo estes, serem remanescentes de uma população formadora do estoque reprodutor da Estação de Hidrobiologia e Piscicultura da CESP de Paraibuna hoje extinta. Outro estudo conduzido por Barroso et al. (2005) com as mesmas populações de Pirapitinga do Sul, porém, utilizando-se marcadores microssatélites evidenciou também um esperado índice médio do F_{st} de 0,043, com diferenças significativas entre todas as populações amostradas. Os índices de heterozigosidades variaram de 0,230 a 1, com uma alta variabilidade alélica ($H = 85,6\%$). No estoque, mantido na piscicultura da CESP em Paraibuna, podem ser observados 4 alelos únicos não encontrados nas outras populações. Este resultado corrobora a hipótese proposta por Hilsdorf et al. (2002) que sugere a presença de alelos na população fundadora

do estoque reprodutor da Estação de Aquicultura de Paraibuna, remanescentes de uma população selvagem atualmente extinta. A heterozigosidade encontrada com microssatélites nesta população foi de $H_e = 0,789$ e a diversidade haplotípica com DNAmít foi de $h = 0,753$. Estes resultados, aliados ao alto número de alelos, demonstram a manutenção de um manejo genético adequado para manutenção da variabilidade genética no estoque reprodutor usado nos programas de repovoamento.

Outra espécie importante, cuja ocorrência está restrita à bacia do Paraíba do sul e bacias adjacentes, é a piabanha (*Brycon insignis*). Esta espécie, como relatado previamente, foi um recurso pesqueiro importante na região, cuja presença já não tem sido detectada nos rios paulista do Paraíba do Sul. Matsumoto (2005) avaliou cinco populações selvagens e uma de cativeiro da piabanha, composta em média por 45 indivíduos por população, por meio de marcadores microssatélites. Os valores de F_{st} variaram de 0,019 a 0,174 com um valor médio de 0,074, o que indica moderada estruturação genética entre as populações. A análise mostrou que as populações da região fluminense do Paraíba do Sul compõem uma meta população e que a população do rio Itabapoana foi formada possivelmente por introdução acidental ou não. A população isolada da bacia do rio São João (bacia litorânea) está bastante diferenciada geneticamente apresentando os maiores índices de F_{st} em relação às outras localidades, podendo ser esta, uma população, um banco genético da espécie que deve ser protegido. A população mantida pela Estação de Hidrobiologia e Piscicultura da CESP de Paraibuna apresentou uma alta diversidade gênica $h = 0,74$, contudo, com uma baixa diversidade alélica. Em face da situação de extrema vulnerabilidade das populações de piabanha, o presente trabalho permite planejar estratégias de conservação e formação de bancos de reprodutores em programas de repovoamento.

Apesar de ser uma das bacias mais importantes em termos da pesca esportiva e comercial, poucos têm sido os estudos sobre o padrão de estruturação genética de populações de peixes na bacia do Alto Paraguai.

Em 1998, Calcagnotto avaliou os bancos genéticos de pacu proveniente de estoques cultivados e selvagens pela técnica do RFLP do DNA mitocondrial. A autora sugere uma não diferenciação genética entre as populações avaliadas e também que tais resultados deverão ser corroborados ou não com uma análise mais ampla com microssatélites (Calcagnotto et al., 2001) e RFLP-PCR.

Sanches (2002) avaliou populações de piraputanga - *Brycon microlepis* – atualmente *Brycon hilarii* (Lima, 2003) - na sub-bacia do Miranda com a técnica do RAPD. Foram analisadas populações de quatro localidades amostradas em dois períodos: reprodutivo e não reprodutivo. As localidades amostradas diferenciavam-se pela oferta de alimento fornecido por moradores locais devido ao aspecto turístico da região. Os resultados, gerados com os marcadores RAPD, indicaram diferenciações genéticas quando as amostras foram analisadas quanto à localidade

e época de coleta. Apesar de a espécie ser caracterizada como intensa migradora, as avaliações preliminares neste trabalho sugerem a ocorrência de populações estruturadas, sendo que as populações do rio Miranda e Formoso – Ilha do Padre, representam uma sobreposição de unidades reprodutivas devido a maior disponibilidade de alimentos introduzidos por proprietários rurais nestas regiões.

Considerações Finais

A recente lista de peixes, em situação de vulnerabilidade ou mesmo ameaçados de extinção, lançada pelo IBAMA, nos remete a uma reflexão sobre o estado de conservação de muitas espécies, muitas das quais importantes para pesca esportiva ou de subsistência. Apesar dos muitos avanços nas discussões sobre as medidas de proteção e recuperação da ictiofauna em ambientes aquáticos atingidos por inevitáveis modificações antrópicas, o estado atual do conhecimento sobre as possíveis diferenciações genéticas populacionais de espécies de peixes nas diversas bacias hidrográficas brasileiras, ainda está longe de gerar um quadro mais real que sirva de base para programas de monitoramento genético. As contínuas intervenções do homem sobre os ambientes aquáticos continentais tornam cada vez mais urgentes a necessidade de se investigar a situação presente da distribuição genética das populações de peixes, dentro e entre bacias, bem como as possíveis relações entre destruição ambiental e perda de variabilidade genética e subdivisão de estoques. Medidas de proteção, como criação de reservas ambientais para que populações ameaçadas possam se reproduzir e colonizar outras áreas, ou mesmo programas de repovoamento em regiões em que a espécie tenha desaparecido, devem ser precedidas de estudos que incorporem dados de diferenciação genética entre as populações e possibilitem o monitoramento temporal das medidas.

Os avanços tecnológicos da biologia molecular vêm, aos poucos, tornando acessível as análises para um maior número de laboratórios de pesquisa nas várias universidades e institutos de pesquisas próximos às diversas bacias hidrográficas no Brasil. Frente à imensa diversidade de peixes presentes nas bacias hidrográficas brasileiras, a quantidade de informações disponíveis sobre a estruturação genética de populações está aquém da necessária para servir de base para o estabelecimento de políticas de proteção a esses recursos genéticos. Faz-se necessário uma união de esforços no sentido de gerar informações genéticas confiáveis que sirvam de base para futuros monitoramentos genéticos das populações.

A ictiofauna de água doce no Brasil apresenta um papel fundamental, tanto em termos ecológicos como em sua contribuição para o conjunto da biodiversidade de diversos ecossistemas e também pela sua importante contribuição para a

economia e alimentação de diversas populações ribeirinhas e urbanas. Desta forma, estabelecer programas de conservação de espécies e também de populações de peixes de forma a garantir sua sobrevivência em longo prazo não somente é uma questão de importância ecológica, mas também uma estratégia de desenvolvimento econômico.

Referências Bibliográficas

- AGOSTINHO, A. A.; JULIO JR, H. F.; PETRERE JR, M. Itaipu reservoir (Brazil): impacts of the impoundment on the fish fauna and fisheries. In: COWX, I. G. (ed.). **Rehabilitation of freshwater fisheries**. Osney Mead, Oxford: Fishing News Books, 1994. p. 171-184.
- ALBUQUERQUE, S. P.; CAMPOS, F. L. de R.; CATELLA, A. C. **Sistema de Controle da Pesca de Mato Grosso do Sul SCPECA/MS – 9**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2002. 57p. (Embrapa Pantanal. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 47).
- ALLAN, J.D.; FLECKER, A.S. Biodiversity conservation in running waters: Identifying the major factors that threaten destruction of riverine species and ecosystems. **BioScience**, v.43, p. 32-43, 1993.
- ALLENDORF, F.W.; RYMAN, N.; UTTER, F. Genetics and fisheries management: past, present, and future. In: RYMAN, N.; UTTER, F. (eds.). **Population Genetics and Fisheries Management**. Seattle: University of Washington Press, 1987, p. 1-20.
- ALMEIDA, F.S.; SODRÉ, L.M.K.; CONTEL, E.P.B. Population structure analysis of *Pimelodus maculatus* (Pisces, Siluriformes) from the Tietê and Paranapanema Rivers (Brazil). **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, p. 301-305, 2003.
- AVISE, J.C. **Molecular markers, natural history e evolution**. New York: Chapman e Hall, Inc., 1994. 511p.
- BAILLIE, J.E.M.; HILTON-TAYLOR, C.; STUART, S.N. (eds.). **2004 IUCN Red List of Threatened Species. A Global Species Assessment**. Gland, Switzerland and Cambridge: IUCN, 2004. 191p.
- BARROSO, R.M.; HILSDORF, A.W.S.; MOREIRA, H.L.M.; CABELLO, P.H.; TRAUB-CSEKO, Y.W. Genetic diversity of wild and cultured populations of *Brycon opalinus* (Cuvier, 1819) (Characiforme, Characidae, Bryconia) using microsatellites. **Aquaculture**, v.247, p. 51-65, 2005.
- BARTHEM, R.; GOULDING, M. **The catfish connection: ecology, migration and conservation of Amazonian predators**. Columbia University Press, 1997. 144 p.

BEGG, G.A.; FRIEDLAND, K.D.; PEARCE, J.B. Stock identification and its role in stock assessment and fisheries management: an overview. **Fisheries Research**, v.43, p. 1-8, 1999.

BEVERTON, R.J.H. Fish resources; threats and protection. **Netherlands Journal of Zoology**, v. 42, p. 139-175, 1992.

BRASIL. **Instrução normativa no. 05**, de 21 de maio de 2004. Brasília: Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Ministério do Meio Ambiente, 2004. p.136-142.

BRITSKI, H.A.; SILIMON, K.Z.S.; LOPES, B.S. **Peixes do Pantanal: manual de identificação**. Brasília: Embrapa-SPI; Corumbá: Embrapa – CPAP, 1999. 184p.

CALCAGNOTTO, D. **Caracterização de bancos genéticos selvagens de pacu (*Piaractus mesopotamicus*) e do tambaqui (*Colossoma macropomum*) através da análise de DNA mitocondrial**. 1998. 131 p. Tese (Doutorado)-USP, Instituto de Biociências, São Paulo, 1998.

CALCAGNOTTO, D.; RUSSELLO, M.; DESALLE, R. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Piaractus mesopotamicus* and their applicability in other Serrasalminae fish. **Molecular Ecology Notes**, v.1, p. 245-247, 2001.

CARVALHO, G.R.; HAUSER, L. Molecular Genetics and the stock concept in fisheries. In: CARVALHO, G.R.; PITCHER, T.J. (eds.). **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v.4, p.326-350, 1994.

CARVALHO, G.R.; PITCHER, T.J. (eds.). **Molecular Genetics in Fisheries**, New York, Chapman & Hall, 1994. 399p.

CARVALHO, M.L.; OLIVEIRA, C.; NAVARRETE, M.C.; FROELICH, O.; FORESTI, F. Nuclear DNA content determination in Characiformes fish (Teleostei, Ostariophysi) from the Neotropical region. **Genetics and Molecular Biology** v.25, p.49-55, 2002.

CATELLA, A.C. **A Pesca no Pantanal Sul: Situação Atual e Perspectivas**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2003. 43p. (Embrapa Pantanal. Documentos,48). Disponível em: <<http://www.cpap.embrapa.br/publicacoes/online/DOC48>> .

CHAKRABORTY, R.; LEIMAR, O. Genetic variation within a subdivided population. In: **Population Genetics and Fishery Management**. Seattle: University of Washington Press, 1987. p. 89-120.

CONOVER, D.O.; MUNCH, S.B. Sustaining fisheries yields over evolutionary time scales. **Science**, v.297, p. 94-96, 2002.

DANZMANN, R.G.; IHSEN, P.E.; HERBERT, P.D.N. Genetic discrimination of wild and hatchery populations of brook char, *Salvelinus fontinalis* (Mitchill), in Ontario using mitochondrial DNA analysis. **Journal of Fish Biology**, v. 39 (A), p. 69-77, 1991.

DIZON, A.E.; LOCKYER, C.; PERRIN, W.F.; DEMASTER, D.P.; SISSON, J. Rethinking the stock concept: a phylogeographic approach. **Conservation Biology**, v. 6, p. 24-36, 1992.

EHRlich, P.; EHRlich, A. The value of biodiversity. **Ambio**, v. 21, p. 219-226, 1992.

EXCOFFIER, L. E; SMOUSE, P.E. Using allele frequencies and geography subdivision to reconstruct gene tree within a species: molecular variance parsimony. **Genetics**, v. 136, p. 343-359, 1994.

FAO. **State of World Fisheries and Aquaculture** – SOFIA. Roma:FAO Fisheries Department, 2004. p.153.

FERGUSON, M.M.; DANZMANN, R.G. Role of genetic markers in fisheries and aquaculture: useful tools or stamp collecting? **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 55, p. 1553-1563, 1998.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 ed. Brasília: Embrapa-Cernagen, 1998. 220p.

FROESE, R.; D. PAULY. (Eds.). **FishBase**. World Wide Web Electronic Publication. Disponível em: <<http://www.fishbase.org>>. Acesso em: 11 nov. 2005.

FUTUYMA, D.J. **Biologia Evolutiva**. 2 ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética/CNPq, 1992. 646p.

GOULDING, M. **Fishes and the Forest**. Los Angeles: University of California Press, 1980.

GULLAND, J.A. Manual of methods of fish stock assessment. Part I. Fish Population Analysis. **FAO Manual of Fishery Science**, v. 4, p. 154, 1969.

GUSMÃO, J.; LAZOSKI C.; SOLE-CAVA, A.M. A new species of *Penaeus* (Crustacea: Penaeidae) revealed by allozyme and cytochrome oxidase I analyses. **Marine Biology**, v. 137, p. 435-446, 2000.

GYLLENSTEN, U.B. The genetic structure of fish: differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous, and freshwater species. **Journal of Fish Biology**, v. 26, p. 691-699, 1985.

- HÄNFLING, B.; DURKA, W.; BRANDL, R. Impact of habitat fragmentation on genetic population structure of roach, *Rutilus rutilus*, in a riparian ecosystem. **Conservation Genetics**, v. 5, p. 247-257, 2004.
- HARTL, D.L.; CLARK, A.G. **Principles of Population Genetics**. 3 ed. Sunderland: Sinauer Associates, 1997.
- HATANAKA, T.; GALETTI JR, P.M. RAPD markers indicate the occurrence of structured populations in a migratory freshwater fish species. **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, p. 19-25, 2003.
- HILSDORF, A.W.S.; ESPIN, A.M.A.; KRIEGER M.H.; KRIEGER, J.E. Mitochondrial DNA diversity in wild and captivity population of *Brycon opalinus* (Cuvier, 1819) (Characiforme, Characidae, Bryconinae) in the Paraíba do Sul Basin, Brazil. **Aquaculture**, v. 214, p. 81-91, 2002.
- HILSDORF, A.W.S.; PETRERE JR., M. Peixes da bacia do rio Paraíba do Sul: Aspectos de sua diversidade e conservação. **Ciência Hoje**, v. 30, p. 62-65, 2002.
- HRBEK, T.; FARIAS, I.P.; CROSSA, M.; SAMPAIO, I.; PORTO, J.I.R.; MEYER, A. Population genetic analysis of *Arapaima gigas*, one of the largest freshwater fishes of the Amazon basin: implications for its conservation. **Animal Conservation**, v. 8, p. 1-12, 2005.
- IHSSEN, P.E.; BOOJE, H.E.; CASSELMAN, J.M.; MCGLADE, J.M.; PAYNE, N.R.; UTTER, F.M. Stock identification: materials and methods. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 38, p. 1838-1855, 1981.
- IMSIRIDOU, A.; HARDY, H.; MAUDLING, N.; AMOUTZIAS, G.; ZALDÍVAR-COMENGES, J. M. Web database of molecular genetic data from fish stocks. **Journal of Heredity**, v. 94, p. 265-270, 2003.
- JAMIESON, A. The necessity of applying genetic markers in fish stock management. In: VAL, L.A.; ALMEIDA-VAL, V. M. F. (eds.). **Biology of Tropical Fishes**. Manaus: CAPES/CNPq, INPA, 1999. p. 293-302.
- KOCHER, T.D.; THOMAS, W.R.; MEYER, A.; EDWARDS, S.V.; PÄÄBO, S.; VILLABANCA, F.X.; WILSON, A. C. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 86, p. 6196-6200, 1989.
- LEUZZI, M.S.P.; ALMEIDA, S.A.; ORSI, M.L.; SODRÉ, L.M.K. Analysis by RAPD of the genetic structure of *Astyanax altiparanae* (Pisces, Characiformes) in reservoirs on the Paranapanema River, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 27, p. 355-362, 2004.

- LIMA, F.C.T. Subfamily Bryconinae. In: REIS, E.E.; KULLANDER, S.O.; FERRARIS, C.J. (eds.). **Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America**, Porto Alegre: Edipucrs, 2003. p. 174-181.
- LIU, Z.J.; CORDES, J.F. DNA markers technologies and their applications in aquaculture genetics. **Aquaculture**, v. 238, p. 1-37, 2004.
- LOVEJOY, N.R.; ARAÚJO, L.G. Molecular systematics, biogeography and population structure of Neotropical freshwater needlefishes of the genus *Potamorhaphis*. **Molecular Ecology**, v. 9, p. 259-268, 2000.
- LOWE-McCONNELL, R.H. In: The status of studies on South American freshwater food fishes. In: ZARET, T.M. (ed.). **Evolutionary Ecology of Neotropical Freshwater Fishes**. Boston: The Hague, 1984. p.139-156.
- MACHADO, C.E.; ABREU, H.C.F. Notas preliminares sobre a caça e a pesca no estado de São Paulo - I, A Pesca no Vale do Paraíba. **Boletim de Industria Animal**, v. 13, p.145-160, 1952.
- MATIOLI, S.R. (ed.). **Biologia Molecular e Evolução**. Ribeirão Preto; São Paulo: Ed. Holos, 2001. 202 p.
- MARQUES, D.K.S. **Aplicação da Biologia Molecular em Programas de Conservação de Recursos Pesqueiros**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2002. 22 p. (Embrapa Pantanal. Documentos, 36).
- MATSUMOTO, C. K. **Análise da Variabilidade Genética da Piabanha (*Brycon Insignis*) e Implicações para sua Conservação e Manejo Sustentado**. 2005. 131p. Dissertação (Mestrado)-Universidade de Mogi das Cruzes. Mogi das Cruzes, 2005.
- MEYER, A. DNA technology and phylogeny of fish. In: BEAUMONT, A.R. (ed.). **Genetics and Evolution of Aquatic Organisms**. New York: Chapman and Hall, 1994. p.219-249,
- MILLER, R. R.; WILLIAMS, J.D.; WILLIAMS, J.E. Extinctions of North American fishes during the past century. **Fisheries**, v. 14, p. 22-38, 1989.
- MOYLE, P.B.; LEIDY, R.A. Loss of biodiversity in aquatic ecosystems: evidence from fish faunas. In: FIELDER, P.L., JAIN, S.K. (eds.). **Conservation Biology: The Theory and Practice of Nature Conservation, Preservation, and Management**, New York: Chapman and Hall, 1992. p.127-169,
- NASCIMENTO, F.L.; CATELLA, A.C.; MORAES, A.S. **Distribuição Espacial do Tucunaré, *Cichla* sp. (Pisces, Cichlidae), Peixe Amazônico Introduzido no Pantanal, Brasil**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2001. 15p. (Embrapa Pantanal. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 24).

- NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 70, p. 3321-3323, 1973.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, p. 583-590, 1978.
- NEI, M. DNA polymorphism within and between populations. In: **Molecular Evolutionary Genetics**. Columbia University Press. p. 254-286, 1987.
- NEIGEL, J.E. A comparison of alternatives strategies for estimating gene flow from genetic markers. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 28, 1997. p.105-128.
- NELSON, J.S. **Fishes of the world**, 3 ed. New York: Wiley, 1994. 600 p.
- OLIVEIRA, C.; WRIGHT, J. M.; FORESTI, F. Chromosome structure in fishes. In: OBE, G.; SOBTI, R.C.; ATHWAL, R.S. (eds.). **Some Aspects of Chromosome Structure and Functions**, Boston: Kluwer Academic Publishers, p. 103-108, 2002.
- OLSEN, E.M.; HEINO, M.; LILLY, G.R.; MORGAN, M.J.; BRATTEY, J.; ERNANDE, B.; DIECKMANN, U. Maturation trends indicative of rapid evolution preceded the collapse o northern cod. **Nature**, v.428, p. 932-935, 2004.
- OVENDEN, J.R. Mitochondrial DNA and marine stock assessment: a review. **Australian Journal of Marine and Freshwater Research**, v. 41, p. 835-853,1990.
- PAIVA, M.P. **Peixes e Pescas de Águas Interiores Do Brasil**. Brasília: Editerra,1983.
- PALUMBI, S.; MARTIN, A.; ROMANO, W.O.; STICE, L.; GRABOWSKI, G. **The Simple Fool's Guide to PCR**, version 2.0. Honolulu: University of Hawaii, 1991.
- PARK, L.K.; MORAN, P. Developments in molecular genetic techniques in fisheries. In: CARVALHO, G.R.; PICHER, T.J. (eds.). **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v.4, p.272-299, 1994.
- PETRERE JR, M. A pesca de água doce no Brasil. **Ciência Hoje**, v. 19, n.110, p. 28-33,1995.
- PETRERE JR., M.; BARTHEM, R.B.; CÓRDOBA, E.A.; GÓMEZ, B.C. Review of the large catfish fisheries in the upper Amazon and the stock depletion of piraiíba (*Brachyplatystoma filamentosum* Lichtenstein). In: HART, P.J.B.; PICHER, T.J. (eds.). **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v. 14, p. 403-414, 2004.
- REIS, R.E.; KULLANDER, S.O.; FERRARIS, C.J. Introduction. In: REIS, R.E.; KULLANDER, S.O.; FERRARIS, C.J. (eds.). **Checklist Of The Freshwater Fishes of South and Central América**. 2003. p.1-3.

- RENNO, J. F.; BERREBI, P.; BOUJARD, T.; GUYOMARD, R. Intraspecific genetic differentiation of *Leporinus friderici* (Anostomidae, Pisces) in French Guiana and Brazil: a genetic approach of the refuge theory. **Journal Fish Biology**, v.36, p.85-95, 1990.
- RESENDE, E. K.; SANTOS, D.C. **Diagnóstico da Pesca e Aspectos Da Biologia Reprodutiva do Rio Taquari, Mato Grosso Do Sul, Brasil**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2001. 21p. (Embrapa Pantanal. Documentos, 15). Disponível em: <<http://www.cpap.embrapa.br/publicacoes/online/DOC15>>.
- REVALDAVES, E.; RENESTO, E.; MACHADO, M.F.P.S. Genetic variability of *Prochilodus lineatus* (Characiformes, Prochilodontidae) in the upper Paraná River. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 20, p. 381-388, 1997.
- RYMAN, N.; UTTER, F. **Population Genetics and Fishery Management**. Seattle: Univ. Washington Press, 1987.
- SAIKI, R.K.; GELFAND, D.H.; STROFFEL, S.; SCHARF, S.J.; HIGUCHI, R.; HORN, G.T.; MULLIS, K.B.; ERLICH, H.A. Primer-directed enzyme amplification of DNA with thermostable DNA polymerase. **Science**, v. 239, p. 487-491, 1988.
- SANCHES, A. **Análise de RAPD em *Brycon Microlepis* (Characidae): Um Estudo Populacional e suas Implicações na Conservação da Espécie**. 2002. 97p. Dissertação (Mestrado)-Universidade Federal de São Carlos. São Carlos, 2002.
- SANTOS, G.M.; JEGU, M. Piraíba, o peixe gigante. **Ciência Hoje**, v. 34, p. 69-71, 2004.
- SANTOS, S.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I. Genetic differentiation of *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae, Perciformes) populations in Atlantic coastal waters of South America as revealed by mtDNA analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.26, p. 151-161, 2003.
- SCHWAGER, S. J; MUTCHLER, M. A.; FEDERER, W. T.; SCULLY, B. T. The effect of linkage on sample size determination for multiple trait selection. **Tech. Rep. no. BU-1031-MA**, Ithcai: Biometrics Unit. Cornelle University, 1990.
- SEAP. **Secretaria Especial de Aqüicultura e Pesca**. Disponível em: <<http://www.presidencia.gov.br/seap/>>. Acesso em 11 out. 2005.
- SEEB, L.W.; GUNDERSON, D.R. Genetic variation and population structure of Pacific Ocean perch (*Sebastes alutus*). **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 45, p.78-88, 1988.
- SEKINE, E.S.; PRIOLI, A.J.; PRIOLI, S.M.A.P.; JÚLIO JR., H. F. Genetic differentiation among populations of *Pseudoplatystoma corruscan* (Agassiz, 1829) (Osteichthyes, Pymelodidae) isolated by the Guaíra falls in the Paraná River. **Acta Scientiarum**, v.24, p. 507-512, 2002.

SILVA, E.P.; RUSSO, C.A.M. Techniques and statistical data analysis in molecular population genetics. **Hydrobiologia**, v. 420, p. 119-135, 2000.

SIVASUNDAR, A.; BERMINGHAM, E.; ORTÍ, G. Population structure and biogeography of migratory freshwater fishes (*Prochilodus*: Characiformes) in major South American Rivers. **Molecular Ecology**, v. 10, p. 407-417, 2001.

SMITH, P.J. Genetic resources and fisheries: policy aspects. In: PULLIN, R.S.V.; BARTLEY, D.M.; KOOIMAN, J. (eds.). **Towards Policies For Conservation and Sustainable Use of Aquatic Genetic Resources**, ICLARM Conf. Proc. 59, 1999. p. 43-62.

SMITH, P.J.; JAMIESON, A.; BIRLEY, A.J. Electrophoretic studies and stock concept in Marine Teleosts. **Journal du Conseil Permanent International Pour L'Exploration de la Mer**, v. 47, p. 231-245, 1990.

SOLÉ-CAVA, A.M.; LEVY, J.A. Biochemical evidence for a third species of angel shark (*Squatina*) of the East cost of South America. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 15, p. 135-144, 1987.

SOLÉ-CAVA, A.M. Biodiversidade molecular e genética da conservação. In: MATIOLI, S.R. (ed.). **Biologia Molecular e Evolução**, Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001. p.172-192.

SOUTHERN, E. M. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by electrophoresis. **Journal of Molecular Biology**, v. 98, p. 503-517, 1975.

THORPE, J.P.; SOLÉ-CAVA, A.M.; WATTS, C. Exploited marine invertebrates: genetics and fisheries, **Hydrobiologia**, v. 420, p. 165-184, 2000.

TOLEDO FILHO, S.A.; FORESTI, F.; RIBEIRO, A.F. Ictiogenética: Aspectos básicos e aplicados. **Ciência e Cultura**, v.30, p. 320-327, 1978.

UTTER, F. Biochemical genetics and fishery management: an historical perspective. **Journal of Fish Biology**, v. 39A, p. 1-20, 1991.

VANZOLINI, P.E.; WILLIAMS, E.E. South American Anoles: geographic differentiation and evolution of *Anolis chrysolepis* species groups (Sauria, Iguanidae). **Arquivos de Zoologia do Estado de São Paulo**, v. 19, p. 1-129, 1970.

VARI, R.P.; MALABARA, L.R. Neotropical Ichthyology: An overview. In: MALABARA, L.; REIS, R.E.; VARI, R.P.; DE LUCENA, C.A.S. DE LUCENA, Z.M.S. (eds.). **Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes**. Porto Alegre: Museu de Ciências e Tecnologia, 1998. p. 1-11.

- VERMULM JR., H.; GIAMAS, M.T.D.; CAMPOS, E.C.; CAMARA, J.J.C.; BARBIERI, G. Levantamento da pesca profissional continental, no Estado de São Paulo, de 1994 a 2000. Dados preliminares, I. Bacia do Rio Paraná. **Séries Relatórios Técnicos**, São Paulo, v. 8, p. 1-11, 2002.
- VUILLEUMIER, B.S. Pleistocene changes in the fauna and flora of South America. **Science**, v. 173, p. 771-779, 1971.
- WAPLES, R.S. Separating the wheat from the chaff: Patterns of genetic differentiation in high gene flow species. **The Journal of Heredity**, v. 89, p. 438-450, 1998.
- WARD, R.D.; GREWE, P.M. Appraisal of molecular genetic techniques in fisheries. In: CARVALHO, G.R.; PITCHER, T.J. (eds.). **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v. 4, p.300-325, 1994.
- WARD, R.D. Genetics in fisheries management. **Hydrobiologia**, v. 420, p. 91-201, 2000.
- WARD, R.D.; WOODWARK, M.; SKIBINSKI, D.O.F. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. **Journal of Fish Biology**, v. 44, p.213-232, 1994.
- WASKO, A. P.; GALETTI JR; P. M. RAPD analysis in the Neotropical fish *Brycon lundii*: genetic diversity and its implications for the conservation of the species. **Hydrobiologia**, v. 474, p. 131-137, 2002.
- WASKO, A.P.; MARTINS, C.; OLIVEIRA, C.; FORESTI, F. Genetic conservation of Brazilian fishes - Present state and perspectives. **ARBS – Annual Review of Biomedical Sciences**, v. 6, p. 79-90, 2004a.
- WASKO, A. P.; MARTINS, C.; OLIVEIRA, C.; SENHORINI, J. A.; FORESTI, F. Genetic monitoring of the Amazonian fish “matrincha” (*Brycon cephalus*) using RAPD markers: insights into supportive breeding and conservation programmes. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 20, p. 48-52, 2004b.
- WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v.16, p. 97-159, 1931.
- WRIGHT, S. Evolution and genetics of populations. In: **The Theory of Gene Frequencies**. London: University of Chicago Press.1978, 511p.
- YAMAMOTO, S.; MORITA, K.; KOIZUMI, I.; MAEKAWA, K. Genetic differentiation of White-Spotted Charr (*Salvelinus leucomaenis*) populations after habitat fragmentation: spatial-temporal changes in gene frequencies. **Conservation Genetics**, v.5, p.529-538, 2004.



**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro de Pesquisa Agropecuária do Pantanal**

Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento

Rua 21 de setembro, 1880 - Caixa Postal 109

CEP 79320-900 - Corumbá-MS

Fone (067)3233-2430 Fax (067) 3233-1011

<http://www.cpap.embrapa.br>

email: sac@cpap.embrapa.br

**Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento**

