GENÉTICA POPULACIONAL DO CAMARÃO-ROSA *FARFANTEPENAEUS PAULENSIS* (PÉREZ-FARFANTE, 1967): ALTA CONECTIVIDADE AO LONGO DA COSTA SUL-SUDESTE DO BRASIL

Teodoro, S.S.A.^{1,2,3,*}; da Silva Cortinhas, M.C.^{2,3}; Proietti, M.C.²; Costa, R.C.¹ & Dumont, L.F.C.³

¹ Universidade Estadual Paulista (UNESP), *Campus Bauru*,
Laboratório de Camarões Marinhos e de Água Doce (LABCAM).

² Universidade Federal do Rio Grande (FURG), *Campus Carreiros*,
Laboratório de Ecologia Molecular Marinha (LEMM).

³ Universidade Federal do Rio Grande (FURG), *Campus Carreiros*, Laboratório de Crustáceos Decápodes (LCD).

*Autor correspondente: sarahteodoro@gmail.com

O camarão-rosa *Farfantepenaeus paulensis* é um dos mais importantes recursos pesqueiros da costa sul-sudeste do Brasil. A zona de pesca da espécie inclui dois estoques reprodutivos principais, localizados nas costas de Santa Catarina e São Paulo. O ciclo de vida inclui o estágio reprodutivo em áreas oceânicas e o recrutamento juvenil em áreas estuarinas, de modo que os juvenis acabam capturados pela pesca artesanal nos estuários e, os adultos, pela pesca industrial em regiões oceânicas. O crescimento irrestrito da frota industrial, juntamente com o aumento da pesca artesanal em áreas estuarinas e a baixa efetividade da legislação pesqueira, levaram ao colapso da pesca do camarão-rosa no final da década de 1990. O conhecimento da genética de populações de espécies exploradas é uma importante base para o manejo pesqueiro, já que unidades genéticas podem ter características particulares e geralmente requerem estratégias de manejo específicas. Assim, nosso objetivo foi avaliar a genética populacional de *F. paulensis* ao longo de sua distribuição no Atlântico Sul Ocidental, do Rio de Janeiro ao Rio Grande do Sul, para verificar se os diferentes estoques pesqueiros também representam estoques genéticos diferentes. Com base na análise da região controle do mtDNA, detectamos alta conectividade e ausência de estrutura genética ao longo do litoral sul-sudeste do Brasil. As análises de *Fst*, AMOVA e rede de haplótipos indicaram ausência de diferenças genéticas significativas entre as regiões amostradas, bem como a existência de haplótipos compartilhados entre mais de uma região. A análise de distribuição *mismatch* revelou distribuições unimodais para todas as regiões amostradas, com um padrão de expansão demográfica recente, corroborado pelos testes de neutralidade *Tajima's D* e *Fu's Fs*. As taxas de migração estimadas indicaram intenso fluxo gênico, com alto número de migrantes entre as regiões. Todos os resultados obtidos são consistentes com uma população panmítica, com alta diversidade haplotípica e intenso fluxo gênico. Este cenário é resultado de uma interação complexa de diversos fatores, desde a alta dispersão larval influenciada por correntes até o efeito de uma expansão demográfica recente após o gargalo genético causado pela sobrepesca. O conhecimento sobre a diversidade e estrutura genética de *F. paulensis* obtidos será parte fundamental dos subsídios científicos necessários para o manejo adequado do camarão-rosa.

Palavras-chave: diversidade e estrutura genética, região controle do mtDNA (D-loop), demografia populacional, manejo pesqueiro; Atlântico Sul Ocidental.