

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E RECURSOS NATURAIS**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO**

**ANÁLISE GENÉTICA E MORFOMÉTRICA DA ESTRUTURA POPULACIONAL**  
**DO CAMARÃO BRANCO *Litopenaeus schmitti* (DECAPODA, CRUSTACEA) NA**  
**COSTA DO RIO GRANDE DO NORTE, BRASIL:**  
**UMA ABORDAGEM EM FINA ESCALA.**

**ELOIZE LUVESUTO**

**- SÃO CARLOS, SP -**

**2006**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E RECURSOS NATURAIS**

**ANÁLISE GENÉTICA E MORFOMÉTRICA DA ESTRUTURA POPULACIONAL**  
**DO CAMARÃO BRANCO *Litopenaeus schmitti* (DECAPODA, CRUSTACEA) NA**  
**COSTA DO RIO GRANDE DO NORTE, BRASIL:**  
**UMA ABORDAGEM EM FINA ESCALA.**

**Mestranda: Eloize Luvesuto**

**Orientador: Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior**

**Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais da Universidade Federal de São Carlos, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ecologia e Recursos Naturais, área de concentração: Ecologia e Recursos Naturais.**

**- SÃO CARLOS, SP -**

**2006**

**Ficha catalográfica elaborada pelo DePT da  
Biblioteca Comunitária da UFSCar**

L976ag

Luvesuto, Eloize.

Análise genética e morfométrica da estrutura populacional do camarão branco *Litopenaeus schmitti* (Decapoda, Crustacea) na costa do Rio Grande do Norte, Brasil: uma abordagem em fina escala / Eloize Luvesuto. -- São Carlos : UFSCar, 2006.

75 p.

Dissertação (Mestrado) -- Universidade Federal de São Carlos, 2006.

1. Genética de populações. 2. Microssatélites. 3. Estrutura populacional. 4. Morfometria. 5. *Litopenaeus schmitti*. I. Título.

CDD: 575.15 (20<sup>a</sup>)

**Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior**

**(Orientador)**

**Dedico esta dissertação aos meus pais Vera e José Carlos, pela sabedoria do amor, dedicação e paciência.**

“Aprender é a única coisa de que a mente nunca se cansa, nunca tem medo e nunca se arrepende”.

**(Leonardo da Vinci)**

"Quando um homem não encontra a si mesmo, não encontra a nada”.

**(Goethe)**

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de São Carlos;

Ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais;

À Capes pela concessão da bolsa de estudo;

Ao CNPq pelo apoio financeiro durante o desenvolvimento do trabalho;

Ao Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior, por abrir as portas da pesquisa e pelos ensinamentos de dedicação e persistência;

Ao Prof. Dr. César Martins e à Profa. Dra. Nelsy Verani por terem aceitado contribuir para o meu trabalho;

Ao Prof. Dr. Flavio Henrique Silva por ter disponibilizado o seqüenciador automático para as análises microssatélites;

À três pessoas que foram primordiais para o desenvolvimento deste trabalho, sem as quais muitas etapas não seriam possíveis: Allysson, Mercival e Terumi.

Ao Allysson que ajudou na escolha dos locais de amostragem, no tema do projeto, nas coletas, nas análises morfológicas, nas discussões e em mais uma infinidade de coisas. Além disso, deixou o que há de mais importante, uma amizade verdadeira e seu exemplo de caráter e de pesquisador. Muito obrigada por tudo.

Ao Mercival que sempre me auxiliou nas análises estatísticas dos dados genéticos, na genotipagem dos alelos e nas discussões sobre microssatélites. Obrigada pelos ensinamentos, pela amizade e pelas boas risadas.

À Terumi, por ter sempre me auxiliado nos procedimentos de laboratório, na genotipagem dos alelos e pelos anos de amizade e carinho.

Aos amigos do laboratório de Biodiversidade Molecular e Citogenética: Artur; Carol Dal Ri; Daniel Gaúcho; Débora; Eli; Fefê; Fernando “Pupis”; Felipe; Júlia; Lelê; Michele; Priscila (Priscítica); Thaís; Karina; Renatinha; Thiago Ervilha e Wellington.

À Ana Karina (Fófi) por ter me ensinado muito do pouco que sei sobre as técnicas de laboratório. Você é uma pessoa muito especial.

Ao Marc, por ser meu grande amigo, de laboratório e de ideais. Obrigada pela ajuda na coleta, por ter “descoberto” o tampão salino, pelas risadas e por todo o carinho.

À Patrícia (Pat) por ser a pessoa que me inicializou no trabalho com camarões, me ensinou como pesquisar e me co-orientou na Iniciação Científica. Seus ensinamentos de redação foram essenciais na etapa final deste trabalho.

Ao Vitinho, nosso amigo especial que foi seguir outros caminhos lá no Mato Grosso e deixou muitas saudades.

Aos meus pais, José Carlos e Vera, pela dedicação, caráter e amor. Sem vocês nada disso teria sido possível. Vocês são o sentimento mais importante e vital que tenho, meu exemplo de perfeição e amor. Amo vocês.

Às minhas Tias Tite, Neide e Irene (*in memoriam*) por ter sempre participado das minhas conquistas e por serem minhas segundas-mães. À Mariana (Marga), minha prima-irmã, por ter me ajudado na digitação da dissertação e por se tornar minha companheira.

Ao Junior, pela dedicação, amor, amizade, paciência e lealdade ao longo de todos esses anos.

Às minhas amigas de república: Ana Lúcia, Wendy, Aline, Natália e Roberta. Vocês foram minha família aqui em São Carlos e muito importantes na minha formação como pessoa.

A essa força maior que nos move em direção do bem e nos ajuda em todos os momentos.



## LISTA DE FIGURAS

**Figura 1:** Mapa da distribuição geográfica do camarão branco *Litopenaeus schmitti* (Modificado de Martinelli, 2005) e um exemplar da espécie.

**Figura 2:** Localização das correntes que influenciam a costa do Rio Grande do Norte. As correntes de superfície estão indicadas pelas linhas contínuas e as abaixo da superfície pelas linhas tracejadas. NBC, Corrente Norte do Brasil, SEC, Corrente Sul Equatorial, NEBUC, Subcorrente Norte do Brasil, SEUC, Subcorrente Sul Equatorial, EUC, Subcorrente Equatorial, NEUC, Subcorrente Norte Equatorial. Modificado de Goes *et al.* (2005).

**Figura 3:** Análise de agrupamento das estações pluviométricas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Modificado de Freire *et al.* (1999).

**Figura 4:** Mapa do Rio Grande do Norte com destaque para os pontos de coleta (Diogo Lopes (DL), Touros (T) e Baía Formosa (BF)).

**Figura 5:** A rede de arrasto de praia foi a metodologia de coleta empregada no presente estudo.

**Figura 6:** Órgãos sexuais dos camarões. O reconhecimento do sexo foi feito através do tético apresentado pelas fêmeas e do pestasma presente nos machos.

**Figura 7:** Desenho esquemático da vista lateral de um camarão peneídeo ilustrando as regiões corporais medidas para a análise morfométrica (Modificado de Pérez-Farfante & Kensley, 1997).

**Figura 8:** Valores de  $\ln P(X|K)$  obtidos ao longo da cadeia de Markov *vs* o número de interações.

**Figura 9:** Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 10:** Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 11:** Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 12:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 13:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 14:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 15:** Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos machos *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 16:** Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e comprimento total (CT) das populações de indivíduos machos de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 17:** Regressão o comprimento do abdômen (CA) e comprimento do cefalotórax das populações de indivíduos machos de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 18:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 19:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 20:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 21:** Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 22:** Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento total das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 23:** Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 24:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 25:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 26:** Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

**Figura 27:** Gráfico representativo da análise discriminante para a população total de *L. schmitti* dos locais amostrados.

**Figura 28:** Gráfico representativo da análise discriminante para as fêmeas de *L. schmitti* das populações amostradas.

**Figura 29:** Gráfico representativo da análise discriminante para os machos de *L. schmitti* das populações amostradas.

**Figura 30:** Mapa ilustrativo do estado do Rio Grande do Norte com destaque para os pontos de coleta: Diogo Lopes, Touros e Baía Formosa. Os números nas flechas correspondem ao número de migrantes entre as populações.

## LISTA DE TABELAS

**Tabela 1:** Seqüências dos *primers*, unidades repetitivas dos locos e número de alelos para os 6 locos de microssatélites utilizados nas análises populacionais de *Litopenaeus schmitti*.

**Tabela 2:** Probabilidade de P(K/X) para cada um dos possíveis números de populações de *L. schmitti* amostradas na costa do Rio Grande do Norte. Estes valores foram obtidos sem a utilização de informações sobre os locais de origem dos indivíduos.

**Tabela 3:** Valores de  $F_{ST}$  entre as populações de *L. schmitti*. Os valores de significância se encontram entre parênteses e são considerados significativamente diferentes de zero aqueles aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

**Tabela 4:** Heterozigose observada e esperada e coeficiente de endocruzamento para as 3 populações amostradas. Todos os valores obtidos para o  $F_{IS}$  foram significativos.

**Tabela 5:** Probabilidade de cada indivíduo detectado como imigrante pertencer a cada uma das populações amostradas, baseando-se nos procedimentos implementados no software Structure 2.1. Local de coleta (LC), probabilidade do indivíduo pertencer ao local onde ele foi coletado P(c), probabilidade do indivíduo pertencer à outra população P(o), sendo Pop1=Diogo Lopes, Pop2=Baía Formosa, Pop3=Touros. Os indivíduos em itálico são os prováveis híbridos.

**Tabela 6:** Valores de  $F_{ST}$  entre as populações de *L. schmitti*. Os valores de significância se encontram entre parênteses. As letras NS (não significativo) e S (significativo) indicam a condição da significância após correção de Bonferroni.

**Tabela 7:** Coeficiente de endocruzamento ( $F_{IS}$ ) obtidos para os machos e fêmeas das três populações amostradas na costa do Rio Grande do Norte. Todos os valores médios de  $F_{IS}$  foram elevados e estatisticamente significativos.

**Tabela 8:** Medidas máximas, mínimas e médias registradas para o comprimento total (CT), comprimento do cefalotórax (CC), comprimento do abdômen (CA) e peso P).

**Tabela 9:** Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da população total de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

**Tabela 10:** Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da população de indivíduos machos de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

**Tabela 11:** Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da população dos indivíduos fêmeas de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

**Tabela 12:** Valores de  $p$  associados à estatística F de Fisher para o teste da análise discriminante.

**Tabela 13:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsch3** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

**Tabela 14:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsch1** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

**Tabela 15:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsc099** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

**Tabela 16:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsc005** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

**Tabela 17:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Pse036** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

**Tabela 18:** Frequências dos alelos obtidas para o loco **Pse028** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

## RESUMO

As populações naturais do camarão branco *Litopenaeus schmitti* estão sendo ameaçadas pela pesca intensiva, pela destruição de habitat e pela introdução de espécies exóticas de cultivo. Esta espécie apresenta características relacionadas à sua distribuição e ao seu ciclo de vida que podem levar à estruturação em escala fina de suas populações. Os resultados obtidos no presente trabalho a partir de análises biométricas e de marcadores microssatélites indicaram a existência de estruturação genética e morfológica entre três populações amostradas na costa do Rio Grande do Norte. Essa estruturação foi mais pronunciada para as fêmeas e entre as populações de Diogo Lopes x Touros e Diogo Lopes x Baía Formosa. Os fatores atribuídos a essa diferenciação parecem estar relacionados ao habitat, ao ciclo de vida e às correntes oceânicas. Todas as populações se encontraram fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg, devido provavelmente ao significativo déficit de heterozigotos ( $F_{IS}=0,212$ ,  $p<0,05$ ). Os testes de *assignmet* indicaram um maior aporte de migrantes na direção Baía Formosa – Diogo Lopes, um provável resultado da influência da Corrente Norte do Brasil e da Subcorrente Norte do Brasil. Quando se comparou a riqueza alélica e o número de alelos privados, foi verificado que Diogo Lopes e Touros apresentaram valores similares e significativamente superiores aos de Baía Formosa, dados condizentes com a situação dos estuários que influenciam cada uma dessas populações. O teste de Mantel não apontou isolamento pela distância, indicando que a estrutura populacional encontrada se deve às diferenças gênicas e genotípicas. Os resultados obtidos no presente trabalho mostraram pela primeira vez que as populações de camarões da costa brasileira podem ser genética e morfometricamente distintas mesmo entre curtas distâncias geográficas, reforçando o papel particular dos estuários na manutenção dessa diversidade genética.

## ABSTRACT

The natural populations of the white shrimp *Litopenaeus schmitti* are being threatened by intensive fishing, habitat destruction and introduction of exotic culture species. This species presents characteristics related to its distribution and life cycle that may lead to the fine-scale structuring of its populations. The results obtained in the present work by biometric and microsatellite analysis indicated the existence of genetic and morphological structure between three populations sampled off the coast of the State of Rio Grande do Norte. This structuring was more pronounced for females than males, observing the significant differentiation between Diogo Lopes x Touros and Diogo Lopes x Baía Formosa. The factors responsible for this differentiation seem to be related to the habitat and life cycle of the shrimp and the ocean currents. No population was in the Hardy-Weinberg equilibrium, probably due to the significant heterozygote deficit ( $F_{IS}=0,212$ ,  $p<0,05$ ). The assignment tests indicated a larger inflow of migrants in the Baía Formosa – Diogo Lopes direction, a probable result of the Brazilian Northern Current and the Brazilian North Undercurrent. When the allelic richness and number of private alleles were compared, it was seen that Diogo Lopes and Touros presented similar and significantly larger values than those of Baía Formosa, corroborating the situation of the estuaries that influences each of these populations. The Mantel test did not show isolation by distance, indicating that the populational structure found is due to genetic and genotypic differences. The results obtained in the present work show for the first time that Brazilian shrimp populations may be genetically distinct even with small geographic distances, reinforcing the particular role of estuaries in the maintenance of this genetic diversity.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO.....</b>	<b>1</b>
1.1. DIVERSIDADE GENÉTICA: DEFINIÇÃO E IMPORTÂNCIA.....	1
1.2. IMPLICAÇÕES AMBIENTAIS DA PESCA E SEU MANEJO.....	2
1.3. ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA EM CAMARÕES PENEÍDEOS.....	5
1.4. MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	7
1.5. ANÁLISE MORFOMÉTRICA.....	8
1.6. CICLO DE VIDA DE <i>LITOPENAEUS SCHMITTI</i> .....	9
1.7. CARACTERÍSTICAS FÍSICAS, SOCIAIS E ECONÔMICAS DO RIO GRANDE DO NORTE.....	13
1.7.1. CORRENTES OCEÂNICAS.....	14
1.7.2. DADOS PLUVIOMÉTRICOS.....	15
<b>2. JUSTIFICATIVA.....</b>	<b>16</b>
<b>3. OBJETIVOS.....</b>	<b>17</b>
<b>4. MATERIAIS E MÉTODOS.....</b>	<b>17</b>
4.1. MATERIAIS.....	17
4.2. METODOLOGIAS.....	20
4.2.1. ANÁLISE GENÉTICA.....	20
4.2.2. ANÁLISES ESTATÍSTICAS DOS DADOS MOLECULARES.....	21
<b>5. RESULTADOS.....</b>	<b>23</b>
5.1. DIFERENCIAÇÃO GENÉTICA EM FINA ESCALA DO CAMARÃO BRANCO <i>LITOPENAEUS SCHMITTI</i> (CRUSTACEA, DECAPODA) NA COSTA NORDESTE DO BRASIL UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	23
5.2. ANÁLISE MORFOMÉTRICA DE TRÊS POPULAÇÕES DE <i>LITOPENAEUS SCHMITTI</i> DA COSTA DO RIO GRANDE DO NORTE.....	28
<b>6. DISCUSSÃO.....</b>	<b>44</b>
<b>7. CONCLUSÕES.....</b>	<b>51</b>
<b>8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>52</b>
<b>9. ANEXOS.....</b>	<b>70</b>



# 1. INTRODUÇÃO

## 1.1. Diversidade Genética: Definição e Importância

A palavra biodiversidade pode assumir diversos significados, dependendo da escala biológica na qual é aplicada. A diversidade biológica pode abordar tanto a variação em níveis de organização amplos como ecossistemas, comunidades e espécies, como uma fina escala, ou seja, a variação genética presente dentro das espécies ou populações (Solbrig, 1991; Thorne-Miller e Catena, 1991; Norse, 1993).

A diversidade existente hoje é o resultado de efeitos combinados de especiação e extinção, ou seja, os padrões atuais são resultados de eventos passados e o seu estudo pode fornecer informações importantes sobre a história da espécie e detalhes da sua estrutura populacional atual. A variação surge através da mutação e recombinação, mas diferentes processos como deriva genética, seleção, migração e *bottleneck* determinam a sua dinâmica dentro das populações (Hartl & Clark, 1989; Weir, 1990; Avise, 1994).

Cada espécie consiste de uma ou mais populações de indivíduos, sendo que dentro de cada população é mais provável que os indivíduos cruzem uns com os outros do que com os de outras populações. Devido ao fato das populações terem um *pool* genético limitado e serem influenciadas por diferentes fatores ambientais, elas tendem a divergir geneticamente devido à mutação, seleção natural e deriva genética. Então, algumas populações apresentam alelos que estão ausentes em outras, sendo que algumas dessas diferenças genéticas são adaptações que possibilitam os organismos se reproduzirem com mais sucesso sob condições específicas de determinado ambiente (Grosberg & Cunningham, 2001).

A diversidade genética não está apenas presente entre as populações, mas também dentro delas. Esta diversidade dentro das populações é a matéria-prima da evolução: populações com maior diversidade genética provavelmente possuem indivíduos capazes de suportar mudanças ambientais e passar adiante seus genes (Slatkin, 1987). A manutenção da diversidade genética influencia o potencial ecológico e evolutivo de uma espécie. Além disso, a sua capacidade de resposta a novas condições ambientais e a distúrbios causados pelo homem depende da variação disponível.

A intensa pressão antrópica sobre o meio ambiente nos últimos anos, como a fragmentação do habitat, a perda de conexões entre as áreas florestadas, a intensa pressão de pesca e a ameaça de

extinção de comunidades e ecossistemas está levando à perda ou diminuição da diversidade biológica nas populações (Hughes *et al.*, 1997; Templeton *et al.*, 2001).

A certeza de mudanças ambientais aceleradas torna a conservação da diversidade genética um objetivo muito importante, tanto dentro como entre populações, mesmo em espécies amplamente distribuídas. A extinção de uma população resulta em perda de diversidade genética para esta espécie e em uma redução na diversidade biológica total para a região, afetando não apenas o homem no sentido de manter um ambiente equilibrado e funcional, mas influenciando também a existência de toda uma cadeia de espécies e funções ambientais (Franklin, 1980; Soulé, 1980; Allendorf & Leary, 1986; Lande & Barrowclough, 1987; Bouzat *et al.*, 1998).

## **1.2. Implicações Ambientais da Pesca e seu Manejo**

A atividade de pesca atual excede a produção sustentável na maior parte das áreas tradicionais de pesca, especialmente em regiões costeiras e na plataforma continental. Isso ocorre principalmente devido ao fato de muitas nações costeiras estarem potencializando seus esforços para aumentar o suprimento de alimento, exportar pescado e para diversificar suas economias (Gulland & Rothschild, 1984).

A pesca nacional parece seguir uma tendência mundial de declínio das capturas e produtividade levando a uma diminuição da oferta de frutos do mar. Acredita-se hoje que os oceanos perderam cerca de 90% dos maiores peixes ao longo dos últimos 50 anos (IBAMA, 2002). Análises considerando informações mais recentes indicam que acima de 80 % dos principais estoques estão em nível de exploração plena, em grau de exploração acima do seu nível de sustentabilidade ou já se encontram em fase de esgotamento ou recuperação, devido ao esforço de pesca aplicado nos mesmos (Dias-Neto & Dornelles, 1996).

A grave situação da pesca extrativista marinha é o resultado do comprometimento da renovação dos estoques e/ou da sobrepesca dos principais recursos pesqueiros nacionais, como por exemplo, o camarão rosa do Sudeste-Sul e a sardinha, cujos problemas já eram alertados por Silva (1972) e Diegues (1983) na década de 70.

As populações naturais de muitas espécies de camarões peneídeos da costa da América do Sul estão sofrendo uma forte pressão devido à pesca intensiva e à introdução de espécies exóticas para o cultivo. Dentre estas espécies, o camarão branco *Litopenaeus schmitti* é o único pertencente ao gênero *Litopenaeus* que ocorre em águas brasileiras e, portanto, pode ser o primeiro a sofrer as

conseqüências da rápida expansão da cultura de *L. vannamei* devido às suas semelhanças morfológicas e ecológicas (Paquote *et al.* 1998; Souza 2001 *apud* Maggioni *et al.* 2003). Outra espécie de camarão que está fortemente ameaçada pela sobrepesca é o camarão-rosa da costa Norte e Nordeste do Brasil (*Farfantepenaeus subtilis* e *Farfantepenaeus brasiliensis*), responsável pela principal pescaria desta região. Sua pesca apresentou uma tendência de crescimento até 1987, a partir de quando foi observado um forte declínio, principalmente em 1999 (Dias-Neto & Dornelles, 1996).

Na Venezuela, as indústrias e agências governamentais reguladoras estão preocupadas com os possíveis danos que podem resultar de uma sobre-exploração dos estoques do camarão branco *L. schmitti*, principal espécie comercial de animal marinho explorada neste país.

Os recursos camaroneiros da costa nordeste do Brasil, principal produto pesqueiro de exportação, correspondendo a 57,2% do total exportado em 2003, não se encontram em situação muito diferenciada, pois muitos estão ameaçados quanto à produtividade e saúde genética de suas populações (IBAMA, 2004 e 2005).

A exploração pesqueira destes estoques se iniciou na década de 60, sendo que a partir daí, o número de embarcações rapidamente cresceu, tendo um acentuado declínio apenas após 1977 devido às jurisdições implementadas pelos países da costa (Villegas & Dragovich, 1984). Além da pesca motorizada, as populações de camarões também são afetadas pela pesca artesanal que muitas vezes captura formas juvenis pelo fato de atuarem em áreas estuarinas, afetando o recrutamento para as áreas oceânicas (Gusmão *et al.*, 2005).

A produção de camarão apresentou neste último período um crescimento vertiginoso, não só em termos de quantidade, como também em divisas geradas (IBAMA, 2004), sendo a maior parte proveniente da aqüicultura da região nordeste.

A carcinicultura, se bem planejada, pode ser uma alternativa bastante eficiente para diminuir os impactos da intensa atividade pesqueira, uma vez que pode apresentar uma alta produção em áreas relativamente pequenas. Na América, o cultivo de camarões tem se desenvolvido baseado principalmente em *L. vannamei* e *L. stylirostris*, espécies em avançado processo de domesticação (Wyban *et al.*, 1993; Bedier *et al.*, 1998). No entanto, o cultivo de espécies exóticas oferece riscos ecológicos e de doenças caso ocorram escapes para o ambiente natural devido a inundações (Browdy *et al.*, 1991).

*L. setiferus* e *L. schmitti* são duas espécies já cultivadas em alguns países, e embora ainda se encontrem em processo de domesticação, elas já têm sido consideradas como alternativas para a cultura de camarão na área do Atlântico (Sandifer *et al.*, 1993; Ramos *et al.*, 1995).

O camarão branco *Litopenaeus schmitti* é uma das espécies comerciais economicamente mais relevantes em Cuba, particularmente por sua introdução na aquicultura há mais de 15 anos (Espinosa *et al.*, 2001). Além disso, a indústria de cultivo desta espécie é a maior entre as ilhas Caribenhas, que atingiu 2000 t de camarão de cultivo em 1977 e continua em rápida expansão (FAO, 1998). Dessa forma, *L. schmitti*, uma das três principais espécies de maior valor comercial no Nordeste do Brasil (Santos, 2000), se apresenta como uma ótima alternativa para a cultura de camarão no país.

Um importante passo para alavancar e respaldar o processo de cultivo é a implementação de programas genéticos que visem a caracterização da estrutura genética das populações relacionada com sua distribuição geográfica; informações básicas para o manejo das populações cultivadas (Benzie, 2000).

Apesar das vantagens e dos recentes avanços nas metodologias de cultivo, é necessário ressaltar que este tipo de atividade gera uma série de impactos negativos a todo o ecossistema estuarino, como destruição de áreas de manguezais para a construção de viveiros de cultivo, eutrofização dos estuários devido ao descarte da água durante a despesca, contaminação com antibióticos e outros produtos utilizados no controle de predadores das larvas de camarões, escapes acidentais de organismos exóticos, transmissão de doenças às espécies nativas, ente outros (Silva, 2004). Além disso, os animais de cultivo, por serem mais bem alimentados e maiores que os selvagens, podem competir pelo nicho e diferir das frequências gênicas dos estoques locais (Benzie, 2000). Estes problemas podem diminuir a produtividade da atividade no futuro e causar impactos muitas vezes irreversíveis no ambiente.

Um objetivo racional no manejo da pesca é assegurar sua utilização de forma contínua, levando em consideração as características biológicas dos recursos e as condições sócio-econômicas prevalentes nos países. Dessa forma, todo planejamento pesqueiro deve objetivar a diminuição na pressão de pesca, a reversão da destruição de habitats, a redução no despejo de esgotos e incentivos aos avanços na maricultura, para que este tipo de atividade possa suprir uma parte da demanda por organismos marinhos como salmão, truta, camarões, ostras e algas (Norse, 1993).

Alguns países como o Brasil, a Guiana Francesa e o Suriname estão procurando limitar os esforços de pesca através de cotas de capturas ou embarcações (Boerema, 1980). O controle da exploração pesqueira, principalmente daquela baseada nas espécies mais susceptíveis a efeitos ambientais e pesqueiros, ou seja, as espécies do tipo 3 (onde está incluída *L. schmitti*), irá se tornar imensamente necessário tanto para a conservação como por razões econômicas (Penn, 1984).

Além disso, para que haja um manejo efetivo deste recurso será necessário que os estoques de camarões sejam considerados através de toda a sua distribuição, pois as populações, assim como a pesca, se estendem ao longo da costa de vários países. É importante lembrar que os estoques camaroneiros não estão confinados nas águas judiciais de um país em particular, sendo altamente possível que os berçários situados em um país estejam suprindo as áreas oceânicas de outros países. Há uma necessidade então de se adotar um esquema de planejamento que contenha medidas comuns a vários países da costa, para que assim as diretrizes do manejo sejam implementadas e monitoradas ao longo de toda a área onde o recurso é explorado (Villegas & Dragovich, 1984).

### **1.3. Estruturação Genética em Camarões Peneídeos**

As espécies marinhas são geralmente vistas como consistindo de populações amplamente distribuídas que não estão estruturadas geneticamente. Essa visão está fundamentada no fato dos ambientes marinhos permitirem a existência de uma fase planctônica em aproximadamente 70% das espécies, associada a altas fecundidades, alta capacidade dispersiva e migratória. Em termos gerais, é tido que as espécies marinhas com longas fases larvais dispersam mais, têm um maior fluxo gênico, maior dispersão geográfica, menores níveis de diferenciação genética entre as populações e maior nível de variação dentro das populações (Palumbi, 2003; Largier, 2003; Hastings & Botsford, 2003).

Entretanto várias exceções a essa regra têm sido identificadas (Burton, 1983; Reeb & Avise, 1990; Watts *et al.*, 1990; Neigel, 1997 *apud* Grosberg & Cunningham). Um amplo número de tipos de isolamento reprodutivo como diferenças no tempo de reprodução, reconhecimento para o acasalamento e tolerância ambiental podem interferir nas características das populações marinhas. Além disso, os ecossistemas marinhos podem apresentar zonações complexas que não são barreiras físicas, mas que influenciam a migração como temperatura, salinidade, luz, abundância trófica, correntes e locais ideais para o desenvolvimento (Palumbi, 1994).

Dessa forma, é sugerido que a estruturação genética no ambiente marinho ocorra primariamente devido a limitações ecológicas e geográficas como capacidade de dispersão e adaptação local (Hedgecock, 1986; Palumbi, 1994). O habitat de espécies marinhas, especialmente daquelas que vivem próximas à costa, é raramente contínuo. As variações estruturais e qualitativas do ambiente impõem uma distribuição espacial heterogênea, cuja extensão é acentuada pela ação antrópica (Palumbi, 1994).

Uma grande parte dos estudos de estruturação genética em camarões peneídeos suporta a hipótese de que as populações são panmíticas (Richardson, 1982; Forbes *et al.*, 1999; Ball & Chapman 2003), não existindo diferenciação mesmo entre aquelas separadas por milhares de quilômetros. Em um estudo com populações de *Penaeus aztecus*, *Litopenaeus setiferus* e *Penaeus duodarum* do Golfo do México realizado por Lester (1979), não foi encontrada diferenciação genética entre elas, concluindo-se que o fluxo gênico via dispersão larval ou via movimentos dos adultos é responsável pela continuidade genética através dessa região. A diferenciação genética dessas populações parece estar diretamente relacionada à capacidade de dispersão das espécies, uma vez que as barreiras físicas para a migração no ambiente marinho são raras.

Entretanto, nos últimos anos, muitos trabalhos têm apontado para diferentes níveis de estruturação populacional em escalas geográficas amplas (Mulley & Latter, 1981a,b; Benzie *et al.*, 1992; Brooker *et al.*, 1999). No Brasil, estudos como os de Voloch & Solé-Cava (2005), Gusmão *et al.* (2005) e Maggioni *et al.* (2003), ao longo de grandes extensões da costa brasileira, identificaram apenas baixas, mas significativas, estruturações entre populações de *L. schmitti*, *Farfantepenaeus sp.*, *F. brasiliensis*, *F. paulensis*.

Níveis similares de estruturação genética populacional têm sido observados para várias espécies, como por exemplo, populações australianas de *Penaeus monodon* (Benzie *et al.*, 1992) e de *Melicertus latisulcatus* (Mulley & Latter, 1981); populações de *M. kerathurus* do Mediterrâneo (Mattoccia *et al.*, 1987); populações cubanas de *F. notialis* (Espinosa *et al.*, 1996; García-Machado *et al.*, 2001); e populações californianas de *L. stylirostris* (Aubert & Lightner, 1999).

Entretanto poucos trabalhos em peneídeos têm sido feitos considerando estruturação populacional em escalas geográficas pequenas. O estudo em fina escala permite verificar a existência de populações localmente diferenciadas, auxiliando a elaboração de planos de manejo regionais.

García-Machado *et al.* (2001) estudando populações cubanas de *Farfantepenaeus notialis* do Golfo de Ana María encontraram uma forte estruturação populacional entre elas. Da mesma forma, Espinosa *et al.* (1996) demonstraram diferenças genéticas significativas entre as populações desta espécie isoladas por não mais que 15 km no Golfo de Batabanó, em Cuba, sugerindo que o fluxo gênico nesta espécie pode ser limitado mesmo em pequenas escalas geográficas. Aubert & Lightner (2000) ao estudar populações de *Penaeus stylirostris* no Golfo da Califórnia (México) abordando apenas uma pequena porção da distribuição geográfica desta espécie, verificou a existência de diferentes estoques.

Essa tendência tem sido verificada tanto para marcadores aloenzimáticos como para os baseados em DNA, onde pouca variação genética foi encontrada através de longas distâncias (milhares de quilômetros) para muitas espécies, mas relativamente maiores mudanças nas frequências gênicas ou genotípicas através de pequenas distâncias (centenas de quilômetros) (Benzie, 2000).

A existência de estoques diferenciados ao longo da costa torna necessária a elaboração de planos de manejo específicos para cada estoque, para que assim, a pesca se torne sustentável e a produtividade seja mantida ao longo dos anos.

#### **1.4. Marcadores Microsatélites**

Uma forma de se avaliar a variabilidade genética existente em uma população é através da aplicação de marcadores moleculares. Os marcadores genéticos podem ser uma ferramenta extremamente útil e informativa para os ecólogos e geneticistas da conservação definirem a escala geográfica e a área apropriada para o monitoramento e manejo das populações (Feral, 2002). Estas ferramentas podem fornecer informações sobre estrutura populacional, níveis de fluxo gênico, relações filogenéticas, biogeografia da espécie e análise de parentesco. Há diferentes tipos de marcadores disponíveis, sendo os microsatélites um dos mais aplicados nos últimos anos para análise populacional devido ao seu alto polimorfismo, codominância, abundância no genoma, fácil identificação e aplicação (Goldstein & Schlötterer, 1999). Tais características, associadas ao grande avanço na área das análises estatísticas específicas para este tipo de marcador, fazem dos microsatélites uma ferramenta imprescindível para estudos de genética populacional (Cornuet & Luikart, 1996; Wilson & Balding, 1998; Pritchard *et al.*, 2000). Além disso, a análise com locos microsatélites pode revelar estruturação populacional em microescala, não explicitada por outros marcadores (Bentzen, *et al.* 1996; Wirth & Bernatchez, 2001).

Esses marcadores consistem de repetições simples de pequenas unidades do genoma, de um a seis pares de bases, organizadas em *tandem* e encontradas em todos os organismos eucariotos analisados até o momento (Bachtrog, *et al.*, 2000; Kruglyak, *et al.*, 2000). A maioria dos *loci* ocorre em regiões não codificadoras de proteínas, e, portanto, provavelmente muitos deles não sofrem seleção (Kruglyak *et al.*, 2000).

O grau de variação de um *locus* de microsatélite depende de sua taxa de mutação. Enquanto o DNA de cópia única evolui principalmente através da acumulação de substituições de bases, o

mecanismo predominante na evolução dos microssatélites é o deslizamento (*slippage*) da DNA polimerase, que ocorre durante a síntese do DNA. Neste processo, as duas fitas podem ocasionalmente se separar e voltar a se realinhar em posição incorreta, resultando em alças não pareadas. Muitas destas alças são corrigidas pelos mecanismos de reparo da célula, e apenas uma pequena fração, que não sofre reparo, resulta em ganho ou perda de uma ou mais unidades repetitivas (Bachtrog *et al.*, 2000; Harr *et al.*, 2000; Kruglyak *et al.*, 2000).

A análise da variação do número de unidades repetitivas presentes em cada loco microssatélite é a base dos estudos que utilizam esses marcadores.

### **1.5. Análise Morfométrica**

A identificação dos estoques é um campo multidisciplinar da pesca que envolve a genética, a biometria e o estudo dos ciclos de vida (Ihssen *et al.*, 1981; Templeman, 1982; Kumpf *et al.*, 1987; ICES, 1996; Pawson & Jennings, 1996; Begg *et al.*, 1999 *apud* Cadrin 2000).

Estudos morfométricos associados à estudos de estruturação genético-populacional são extremamente importantes para a avaliação e manejo dos estoques pesqueiros (Brown *et al.*, 1987; Carvalho & Hauser, 1994). Waldman *et al.* (1997), em uma revisão dos métodos de identificação de estoques de robalo listrado (*Morone saxatilis*, Moronidae), concluíram que as abordagens morfométricas são mais informativas quando associadas à estudos baseados em DNA nuclear ou mitocondrial.

A variação na morfometria e as diferentes taxas ontogenéticas podem ser usadas para discriminar os estoques fenotipicamente, definindo-os como grupos que apresentam taxas de crescimento, de mortalidade e de reprodução semelhantes (Cadrin, 2000). Essas diferenças nas características morfológicas dentro de uma espécie são resultantes da interação de efeitos ambientais, da seleção e da genética na ontogenia do indivíduo.

As técnicas de análise morfométrica evoluíram ao longo dos anos, passando de análises univariadas, cujo principal problema era a ineficiência em discriminar grupos (King, 1985), para dimensões bivariadas e, evoluindo dessas, para abordagens multivariadas e mais recentemente para o desenvolvimento de métodos geométricos. A análise multivariada é mais apropriada quando o principal objetivo é identificar as diferenças entre os estoques, pois embora os padrões de variação morfométrica possam ser estudados utilizando dimensões bivariadas, a forma do corpo é



multidimensional e a variação geográfica é um fenômeno multivariado (Gould & Johnston, 1972; Thorpe, 1976 *apud* Cadrin 2000). Dessa forma, é mais provável que os métodos de análise simultânea, que utilizam uma matriz de características representativas da população, detectem diferenças entre os grupos (Cadrin 2000).

Esses métodos foram introduzidos por Royce (1957) para a identificação de estoques pesqueiros, apresentando um maior avanço e popularização do uso após o desenvolvimento de computadores, digitalizadores e outros equipamentos eletrônicos.

O poder da análise discriminante em detectar as diferenças entre os grupos se baseia na razão entre o número de observações (n) e o número de variáveis (p), sendo que a estabilidade e o poder aumentam conforme aumenta a razão n:p. O tamanho amostral dentro de cada estoque hipotético deve ser maior que o número de variáveis medidas e, geralmente, maior que 50 para estimar uma covariância confiável (Tabachnick & Fidell, 1989).

Além das informações referentes à estrutura da população, as diferenças morfométricas podem prever uma provável resposta do estoque à exploração (Garrod & Horwood, 1984) e indicar se os grupos experimentaram diferentes ambientes ou habitats durante um estágio crítico no desenvolvimento.

Em crustáceos decápodos, os estudos morfométricos têm sido amplamente utilizados em várias espécies (Jayachandran & Joseph, 1988; Chace & Bruce, 1993; Suzuki & Kusamura, 1997; Davidson & Marsden, 1987; Abello *et al.*, 1990) a fim de distinguir diferentes estoques, taxas de crescimento, dimorfismo sexual, etc.

Enfim, qualquer espécie que exibe mudanças nas variáveis morfológicas associadas a eventos de desenvolvimento que variam geograficamente podem ser candidatas à identificação morfométrica de seus estoques.

## **1.6. Ciclo de Vida de *Litopenaeus schmitti***

O camarão branco *Litopenaeus schmitti*, assim como várias outras espécies da família Penaeidae, possuem alta fecundidade, em torno de  $10^5$  ovos por fêmea, procriam em águas costeiras e apresentam estágio larval planctônico por uma semana ou mais, sendo facilmente disperso pelas correntes. Dentro de 24 horas, uma larva do tipo *nauplius* passa sucessivamente aos estados de *protozoa*, *mysis* e *pós-larva*, chegando a sua forma juvenil semelhante ao aspecto morfológico dos adultos em um tempo de 20 a 30 dias depois da desova (Dobkin, 1961; Pearson, 1939 *apud* Ewald,

1965;). As larvas planctônicas são levadas pelas correntes marítimas em direção à costa e aos estuários, quando chegam como pós-larvas. Isto ocorre em aproximadamente 3 semanas após a liberação dos ovos.

As pós-larvas chegam às suas áreas berçários por meio da migração vertical ativa durante as fases larvais pelágicas, associado ao transporte pelas correntes oceânicas. Os estágios larvais iniciais (*protozoa e mysis*) são mais comuns nas porções profundas da coluna da água (18 a 34 m), enquanto que os estágios pós-larvais são mais comuns na porção superior (2 m) (Dall *et al.*, 1990). Gamba & Rodríguez (1987) estudaram a atividade das pós-larvas de *L. schmitti* e verificaram que elas apresentam uma alternância de distribuição bentônica e planctônica, sendo que a atividade planctônica é noturna e ocorre durante a maré cheia.

As áreas estuarinas são zonas adequadas para a nutrição e desenvolvimento dos camarões (Gamba & Rodríguez, 1987), onde crescem de aproximadamente 10 mm a mais de 75 mm, durante aproximadamente 6 a 9 meses (Ewald, 1965; Neiva *et al.*, 1971). Os machos da espécie crescem em torno de 170 mm e as fêmeas comumente atingem um tamanho de 200 mm. Os maiores indivíduos devem ter em torno de 2 anos, uma vez que os camarões peneídeos possuem baixa longevidade (1,5 a 2 anos) (Rothlisberg *et al.*, 1985). Após esse período de crescimento, os camarões recém-adultos se direcionam para a entrada dos estuários e águas costeiras e iniciam uma migração para o mar aberto, onde se dispersam e se tornam adultos reprodutores com um ano de vida (Pérez-Farfante, 1970; Coelho e Santos, 1994, 1995; FAO, 2002).

Entre as espécies brasileiras, os períodos de reprodução, entrada das pós-larvas no estuário e emigração dos sub-adultos variam com a espécie e mesmo dentro das populações da mesma espécie em diferentes regiões geográficas (Gusmão, 2001 *apud* Gusmão *et al.*, 2005). Por exemplo, em Pernambuco, a espécie *L. schmitti* se reproduz durante o ano inteiro, porém com dois pulsos principais: outono/inverno e primavera/verão (Coelho & Santos, 1994). Por outro lado na região da Foz do Rio São Francisco, embora o camarão *L. schmitti* se reproduza de maneira contínua, o pulso mais importante de reprodução ocorre no inverno (Coelho & Santos, 1995).

Essas diferenças podem estar sendo ocasionadas pelo fato do ciclo de vida estar relacionado ao ritmo das marés, às diferentes condições de sobrevivência das larvas e pós-larvas em áreas estuarinas e às diferenças no tamanho do estoque reprodutor.

A mortalidade natural devido à fatores físicos e bióticos ocorre em todos os estádios larvais, enquanto que a mortalidade pela pesca se torna importante apenas quando os camarões atingem um tamanho maior que 50 mm. Outro fator que também pode afetar a sobrevivência das larvas nas diferentes épocas de reprodução é a pluviosidade, que reflete no grau de poluição fluvial, na

mudança da transparência da água e na abundância de alimentos. Em conclusão, conforme a época de migração para os estuários, as pós-larvas teriam à sua disposição condições ecológicas distintas, conduzindo a uma sobrevivência maior ou menor (Dall *et al.*, 1990).

A espécie *Litopenaeus schmitti*, popularmente conhecida como camarão branco ou “vila franca”, ocorre no Atlântico Ocidental desde as Antilhas até o Rio Grande do Sul (Figura 1), sendo os adultos encontrados em profundidades pequenas de até 47 metros (Pérez-Farfante, 1970; Silva, 1977).

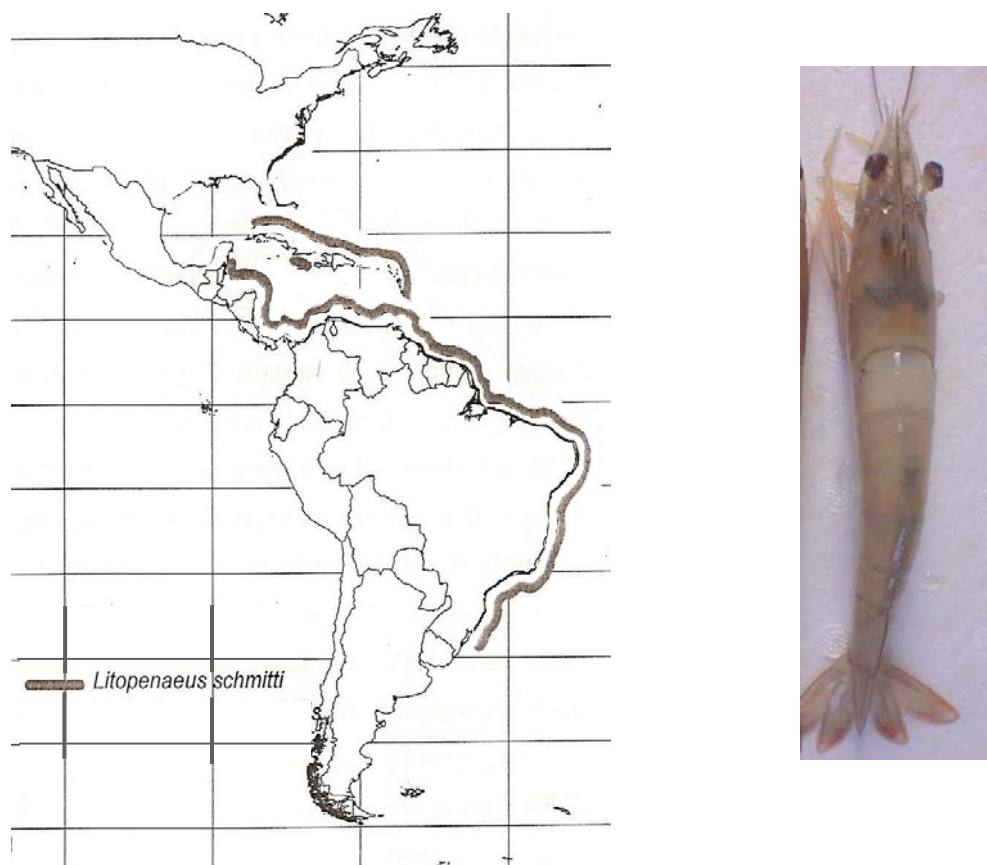


Figura 1: Mapa da distribuição geográfica do camarão branco *Litopenaeus schmitti* (Modificado de Martinelli, 2005) e um exemplar da espécie.

O camarão branco apresenta características relacionadas à sua distribuição e ao seu ciclo de vida que podem influenciar a estruturação em escala fina de suas populações, como a ocorrência do acasalamento e postura próximos à costa (entre 20 e 30 metros) (ciclo de vida do tipo 2, de acordo com Dall *et al.* (1990)) (Coelho & Santos, 1994) e a permanência dos adultos e pré-adultos nas proximidades de regiões estuarinas (Silva, 1977). Nesta espécie, a postura aparentemente é

realizada em águas marinhas de pequena profundidade e salinidade elevada (Ewald, 1965; Perez-Farfante, 1970; Coelho & Santos, 1994). A maior parte das fêmeas em postura tem 7 meses de idade, sendo a idade média da primeira maturação inferior a 6 meses; poucas se reproduzem novamente aos 10-12 meses de idade (Coelho & Santos, 1994).

Sua distribuição está associada a substratos macios e lamacentos com um conteúdo orgânico relativamente alto e alta turbidez da água, característico de áreas estuarinas (Dall *et al.*, 1990).

As concentrações comerciais de camarão branco são encontradas apenas em Trindade, Venezuela, Guiana e do Pará ao Maranhão (Brasil) (Villegas & Dragovich, 1984).

As diferenças de algumas espécies de camarão quanto à vulnerabilidade e nível de agregação têm sido utilizadas para classificar o potencial dos estoques sofrerem redução populacional pela pesca. Nesta classificação, as espécies *L. setiferus*, *L. merguensis*, *L. indicus*, *L. orientalis*, *L. occidentalis* (provável) e *L. schmitti* (provável) são consideradas altamente vulneráveis à captura devido ao fato desse grupo não ter desenvolvido o comportamento de cavar, serem ativos tanto durante o dia quanto a noite e se agregarem em áreas de habitat preferenciais (Racek, 1959; Caddy, 1979). Dados referentes à pesca das espécies deste grupo têm mostrado um declínio na produtividade em função da grande pressão de pesca (Penn, 1984).

A vulnerabilidade à captura também é influenciada pelo tempo em que os camarões passam se desenvolvendo nas áreas berçários. Alguns camarões, como os das espécies *F. subtilis* e *X. kroyeri*, passam mais tempo nos estuários antes de retornarem ao mar aberto, diferentemente de *L. schmitti*. Este fato pode representar uma garantia de sobrevivência, pois o atraso na migração para as maiores profundidades aumenta a possibilidade destes camarões atingirem maiores tamanhos (Martinelli, 2005).

O controle da exploração pesqueira, principalmente daquela baseada nas espécies mais vulneráveis à captura, é uma iniciativa essencial para a conservação dos estoques, uma vez que os esforços pesqueiros, impulsionados pela economia e respaldados pelos avanços tecnológicos, continuam a aumentar (Penn, 1984).

O conhecimento do ciclo de vida dos organismos é um fator muito importante para a proteção e para o manejo de muitas espécies, tanto em escala local como global, pois as áreas onde os indivíduos se reproduzem ou vivem podem não ser aquelas utilizadas durante seu crescimento e desenvolvimento. Dessa forma, há uma necessidade de se conservar diferentes locais para que o organismo possa sobreviver.

Em algumas espécies animais marinhas, os diversos estágios do ciclo de vida ocupam diferentes habitats, ou seja, os juvenis podem apresentar requerimentos ecológicos distintos do dos

adultos (Norse, 1993). Como exemplo, podemos citar os estuários que são as mais importantes áreas berçário para as espécies marinhas, extremamente vulneráveis a atividades antrópicas e possuem uma grande importância ecológica e econômica, necessitando dessa forma de uma alta prioridade para a conservação.

### **1.7. Características Físicas, Sociais e Econômicas do Rio Grande do Norte.**

O estado do Rio Grande do Norte apresenta intensa atividade pesqueira e um grande complexo de fazendas de carcinicultura, sendo responsável por grande parte da produção de camarão no país (IBAMA, 2005).

Existe atualmente no estado em torno de 1500 hectares de viveiros, com produtividade que varia de 1.000 a 1.500 kg/hectare/despesca. Os maiores pólos de produção estão localizados nas margens dos estuários e lagoas costeiras do litoral norte, onde se cultiva principalmente a espécie *Litopenaeus vannamei*, originária do Pacífico Americano e introduzida no Brasil na década de 80 (CEPENE).

O litoral do Rio Grande do Norte possui 399 km de extensão onde estão localizados 25 municípios costeiros e 83 comunidades pesqueiras. Apresenta uma vasta área de mangue e de regiões estuarinas que estão intensamente degradadas devido, principalmente, à retirada de áreas de manguezais para a construção de viveiros de carcinicultura e salinas, da especulação imobiliária, da poluição por despejos industriais e domésticos e da expansão expressiva da área cultivada.

As principais zonas estuarinas do Rio Grande do Norte se distribuem ao longo do Litoral Oriental (Curimataú/Cunhaú, Potengi, Ceará-Mirim, Nísia Floresta/Papeba/Guaraíra) e do Litoral Norte (Apodi/Mossoró, Açu e Guamaré/Galinhos). Estas regiões apresentam um tipo de vegetação muito importante, os manguezais, que funcionam como criadouro natural de várias espécies marinhas (camarões, caranguejos, mariscos, ostras e peixes), mantendo um ciclo produtivo entre o estuário e o mar. Além dos aspectos biológicos, os manguezais têm grande importância social e econômica para as comunidades costeiras, pois a fauna estuarina constitui um elemento biótico muito importante para as populações ribeirinhas, de grande valor protéico e de auxílio na renda familiar (IDEMA).

O estuário do rio Açu, com 1.239 hectares, e o complexo estuarino Guamaré/Galinhos com uma área de 1.100 hectares são as áreas mais extensas e desenvolvidas desse ecossistema. A situação atual dos manguezais norte-rio-grandenses oscila entre moderadamente a fortemente degradados.

No Litoral Leste, uma região densamente povoada, os manguezais sofrem constantes pressões devido à expansão urbana em Natal, à expansão da atividade de carcinicultura em Canguaretama, Baía Formosa, Tibau do Sul, Nísia Floresta e Extremoz e ao lançamento de esgotos *in natura* ao longo das maiores cidades. Sabe-se que com a destruição dos manguezais intensifica-se o assoreamento na costa e reduz, cada vez mais, quantitativa e qualitativa a produtividade pesqueira desse ecossistema frágil e das áreas oceânicas associadas a ele (IDEMA).

### 1.7.1 Correntes Oceânicas

A costa do estado do Rio Grande do Norte é influenciada pela Corrente Norte do Brasil (NBC) e pela Subcorrente Norte do Brasil (NBUC), sendo a primeira uma corrente de superfície e a segunda uma corrente de fundo, resultantes do encontro da corrente Sul Equatorial com a costa brasileira no nordeste de Pernambuco (Figura 2) (Aiken *et al.*, 2000; Góes *et al.*, 2005).

Essas correntes apresentam temperatura e salinidade altas e são caracterizadas pela baixa produtividade primária e secundária devido às suas condições oligotróficas. Assim, a região nordeste apresenta geralmente baixa produtividade de recursos pesqueiros, sendo consideradas áreas altamente produtivas somente aquelas próximas aos estuários (Passavante *et al.*, 1989).

A influência das correntes marítimas na dispersão larval do camarão branco pode contribuir para a diferenciação das populações ao longo da costa do estado.

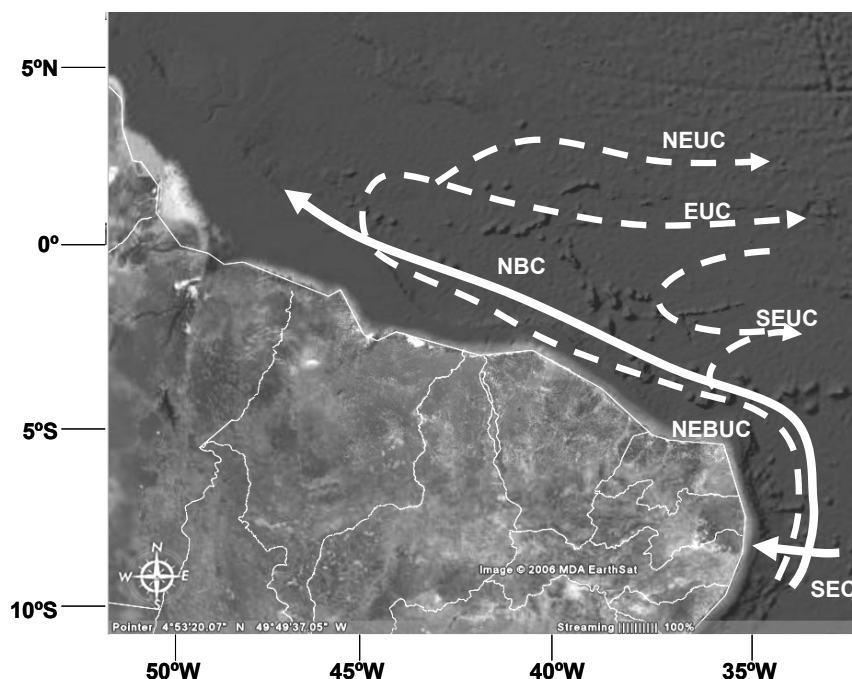


Figura 2: Localização das correntes que influenciam a costa do Rio Grande do Norte. As correntes de superfície estão indicadas pelas linhas contínuas e as abaixo da superfície pelas linhas tracejadas. NBC, Corrente Norte do Brasil, SEC, Corrente Sul Equatorial, NEBUC, Subcorrente Norte do Brasil, SEUC, Subcorrente Sul Equatorial, EUC, Subcorrente Equatorial, NEUC, Subcorrente Norte Equatorial. Modificado de Goes *et al.* (2005).

### 1.7.2. Dados pluviométricos

A pluviosidade é um fator físico que tem grande influência na distribuição e abundância dos camarões, sendo importante dessa forma considerar este aspecto nas regiões de coleta. Com o escoamento das chuvas ocorridas nas áreas litorâneas e no interior do continente, o solo é lavado e dele retirado material inorgânico e orgânico. Este material, rico em fosfato, nitrato, cálcio e sais de potássio, deságua na região costeira e, junto com outros elementos, irão renovar e enriquecer as camadas superiores das águas oceânicas para assim assegurar o crescimento de fitoplâncton, base da cadeia alimentar marinha, que serve como fonte de alimento para o plâncton, onde encontram-se as larvas de camarões (Ariza, 1977).

A área Leste do estado sofre ação dos ventos alísios o ano todo, favorecendo uma maior precipitação, principalmente nos primeiros meses do ano. Já na região Norte, onde os ventos alísios só ocorrem em um curto espaço de tempo durante o ano, a precipitação é menos freqüente (Freire *et al.*, 1999). Assim, na costa do Rio Grande do Norte ocorrem diferentes níveis pluviométricos. Baía Formosa, por exemplo, possui clima úmido com pluviosidade média acima de 1.200 mm anuais. Touros, com clima sub-úmido e pluviosidade média de 800 a 1.200 mm anuais, é caracterizado por chuvas distribuídas entre os meses de fevereiro a julho. Já Diogo Lopes apresenta clima semi-árido, com pluviosidade média de 400 a 600 mm anuais e se encontra em região salineira. As chuvas nessa região são distribuídas nos meses de janeiro a abril. São regiões sujeitas à seca e com maior influência dos ventos alísios secos do Nordeste, que incidem no Litoral Norte (IDEMA).

Pela análise de agrupamento das estações de coleta pluviométrica realizada por Freire *et al.* (1999), as cidades de Touros e Baía Formosa estão em um grupo distinto da cidade de Macau, região próxima à Diogo Lopes (Figura 3).

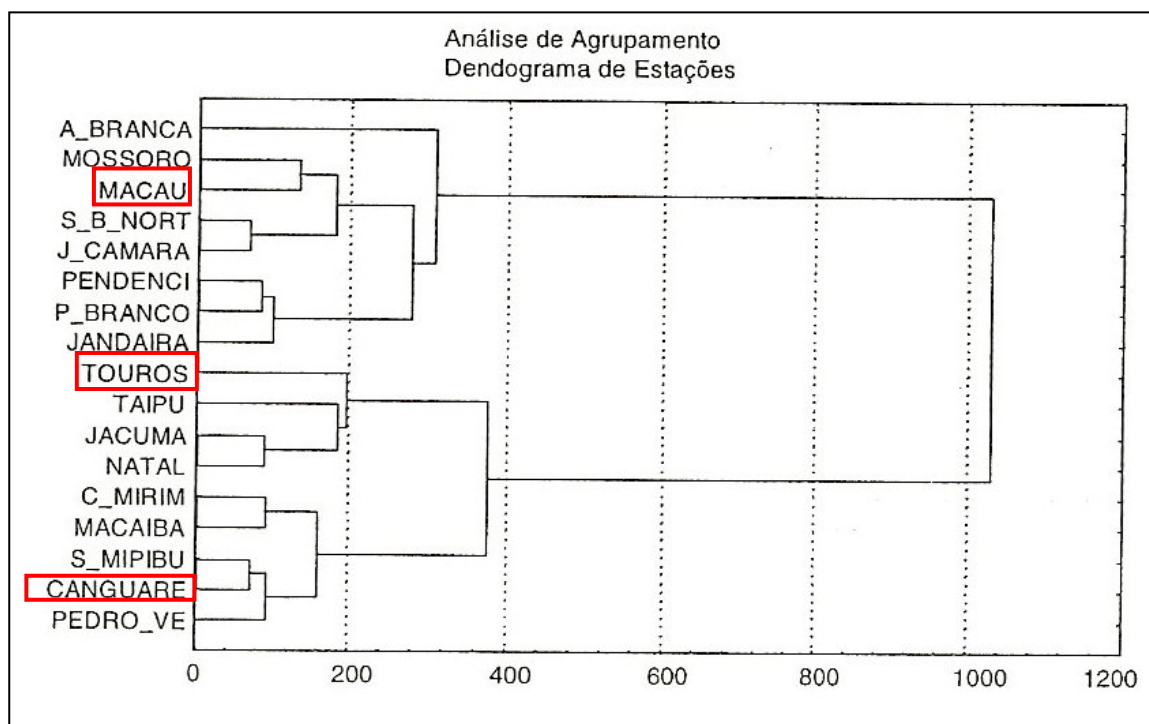


Figura 3: Análise de agrupamento das estações pluviométricas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Modificado de Freire *et al.* (1999).

## 2. JUSTIFICATIVA

O camarão branco *Litopenaeus schmitti* apresenta uma grande importância ecológica e sócio-econômica para a região nordeste e para o país. Entretanto, suas populações naturais estão sendo ameaçadas pela pesca intensiva, pela destruição de habitat e pela introdução de espécies exóticas de cultivo.

Esta espécie apresenta características relacionadas à sua distribuição e ao seu ciclo de vida que podem levar à estruturação em escala fina de suas populações. Dessa forma, estudos sobre a variabilidade e estruturação genética em fina escala dessas populações naturais tornam-se ferramentas essenciais ao manejo da pesca e à conservação da espécie.

Até o momento, nenhum estudo em fina escala para camarões peneídeos foi realizado no Brasil, país cujo litoral é caracterizado pela existência de diversas microrregiões e estuários que favorecem a manutenção de populações diferenciadas.

A detecção de populações geneticamente estruturadas pode auxiliar na elaboração de programas de manejo e na definição de áreas importantes para a conservação dos recursos



pesqueiros, de maneira a preservar uma maior variação genética possível dentro dos taxa (Smith *et al.*, 1997; Bermingham & Moritz, 1998; Moritz & Faith, 1998; Kark *et al.*, 1999).

### 3. OBJETIVOS

1) Avaliar, através de análises genéticas (marcadores microssatélites) e morfométricas, o nível de estruturação populacional de *Litopenaeus schmitti*, em uma pequena escala geográfica, ou seja, ao longo da costa do Rio Grande do Norte, Brasil;

2) Verificar a estruturação populacional considerando-se os sexos grupados e também separados;

3) Verificar a existência de correspondência entre a diferenciação genética e ontogenética das populações.

### 4. MATERIAIS E MÉTODOS

#### 4.1. Materiais

As coletas foram realizadas em três pontos ao longo da costa do estado do Rio Grande do Norte, Brasil: Baía Formosa (6° 22' 10" Sul / 35° 00' 28" Oeste), Touros (5° 11' 56" Sul / 35° 25' 2" Oeste) e Diogo Lopes (5° 04' 06" S / 36° 26' 50" Oeste) durante o mês de maio de 2004 (Figura 4). A menor e a maior distância entre essas localidades é de 120 e 260 km, respectivamente.

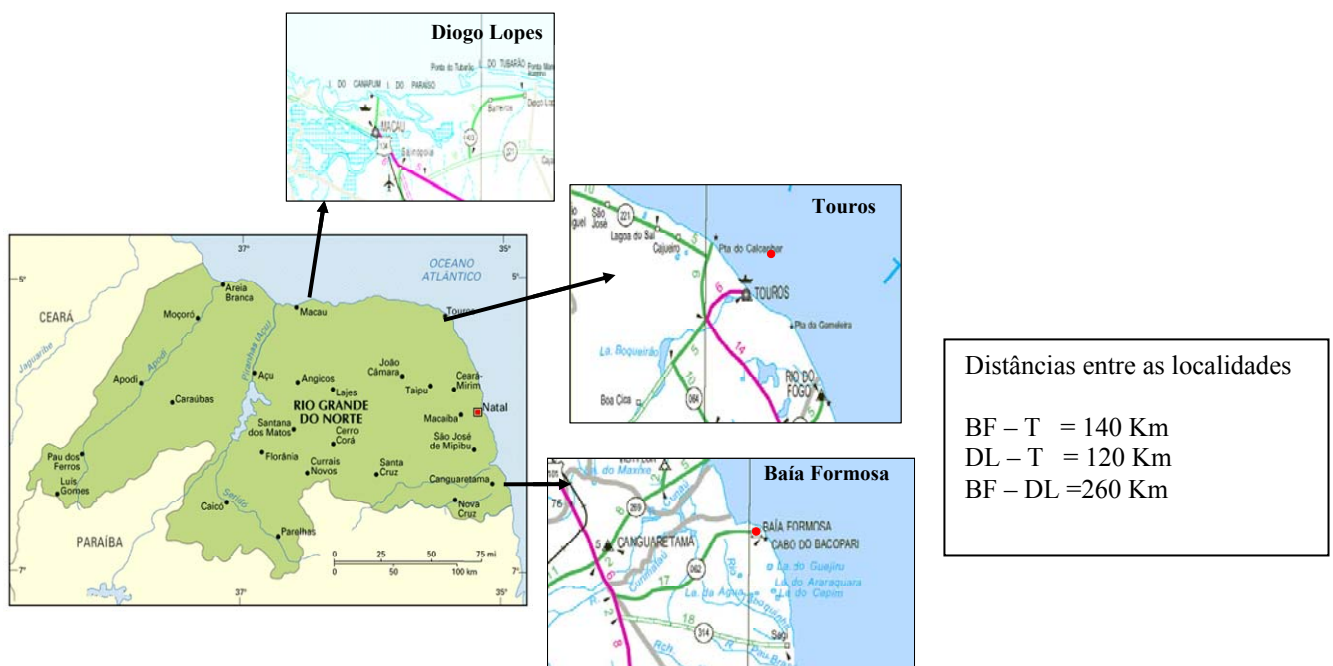


Figura 4: Mapa do Rio Grande do Norte com destaque para os pontos de coleta (Diogo Lopes (DL), Touros (T) e Baía Formosa (BF)).

As cidades de Touros e Diogo Lopes pertencem à Zona do Litoral Norte, enquanto que Baía Formosa pertence à Zona do Litoral Oriental. Estas zonas foram criadas levando-se em consideração aspectos físicos, econômicos e demográficos das regiões (IDEMA).

Em cada localidade foram coletados aproximadamente 50 indivíduos de *Litopenaeus schmitti* por meio de rede de arrasto de praia ou barco de pesca (Figura 5). Após a identificação do sexo, aproximadamente 4 pleópodos foram retirados e preservados em etanol P.A. a  $-20^{\circ}\text{C}$ .



Figura 5: A rede de arrasto de praia foi a metodologia de coleta empregada no presente estudo.

Para o reconhecimento do sexo foram considerados apenas caracteres morfológicos externos: presença de télícos nas fêmeas e de petasma nos machos (Figura 6).

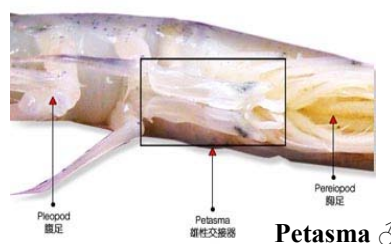


Figura 6: Órgãos sexuais dos camarões. O reconhecimento do sexo foi feito através do télíco apresentado pelas fêmeas e do petasma presente nos machos.

As medidas referentes aos caracteres morfológicos como comprimento total (CT), comprimento do cefalotórax (CC), comprimento do abdômen (CA) e peso (P) foram feitas

utilizando-se um paquímetro e balança de precisão. A variável CT foi medida a partir da extremidade posterior da cavidade orbital até a extremidade posterior do telson; CC da extremidade anterior da cavidade orbital até a extremidade posterior do cefalotórax e CA da extremidade anterior da primeira pleura abdominal a extremidade posterior do télson (Figura 7).

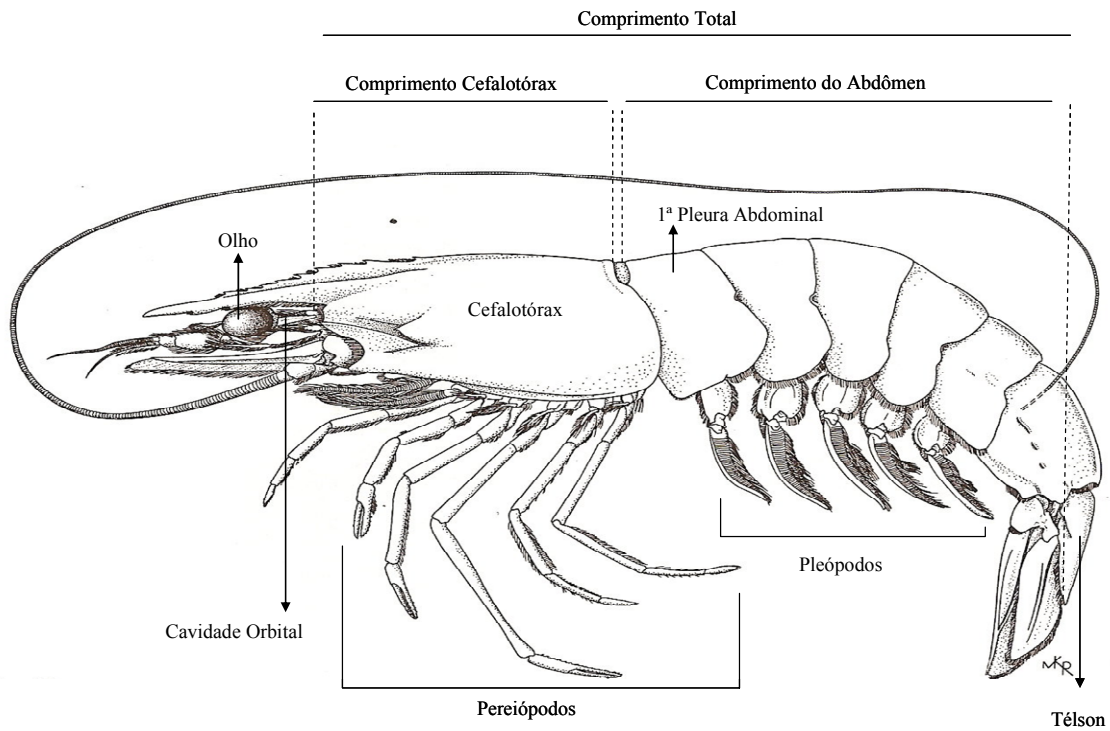


Figura 7: Desenho esquemático da vista lateral de um camarão peneídeo ilustrando as regiões corporais medidas para a análise morfométrica (Modificado de Pérez-Farfante & Kensley, 1997).

## 4.2. Metodologias

### 4.2.1. Análise Genética

A extração do DNA genômico foi feita de acordo com Aljanabi & Martinez (1997) e a sua quantificação realizada em gel de agarose 0,8% com o auxílio do *Low Mass Ladder* (Invitrogen).

A amplificação do DNA foi feita em termociclador MJ Research-PTC 100 utilizando-se 6 pares de *primers* microssatélites, sendo 4 específicos para a espécie em estudo (Espinosa *et al.*, 2001, Maggioni *et al.*, 2003) e 2 heterólogos (Ball *et al.*, 1998) (Tabela 1).

Tabela1: Seqüências dos *primers*, unidades repetitivas dos locos e número de alelos para os 6 locos de microssatélites utilizados nas análises populacionais de *Litopenaeus schmitti*.

Locos	Seqüências dos <i>primers</i>	Microssatélites	Número de alelos
Lsch1	5'- GGCTTCTATTGTGTGTCCTTCTC- 3' 5'- GAGGTGGTTACATATTTGCACGC-3'	(GT) <sub>n</sub>	12
Lsch3	5'-GTCTCACCCATTAACCAG-3' 5'-GTATATCAAGATGGCGACTTCC-3'	(CT) <sub>n</sub> TC(CT) <sub>n</sub> TC(CT) <sub>n</sub> T(CCT) <sub>n</sub> G(CCT)	18
Lsc005	5'-TGTTATTCCAGATTCCTTGCTC-3' 5'-GCAGTGAAACAGAAGCGAAG-3'	(GT) <sub>n</sub>	16
Lsc099	5'-AATACGTTGCAAAGGGGAGA-3' 5'-ACCGCGGCTGTAATCTGTAA-3'	(GA) <sub>n</sub> (GT) <sub>n</sub>	36
Pse028	5'- GATCCTTCTAGCTAAATGGG-3' 5'-GATCGAAGGTAAACTTTATTATC	(CA) <sub>n</sub>	26
Pse036	5'- GACTTTGTATTTTCATAAACGCTG-3' 5'-CGCTATATTTTCGCAGTAAGGCTAC-3'	(AC) <sub>30</sub>	20

Os *primers* heterólogos foram isolados da espécie *Litopenaeus setiferus* (Linnaeus, 1758), um peneídeo muito semelhante ao camarão branco *L. schmitti*, com distribuição na costa atlântica da América do Norte e no norte do Golfo do México. A identidade genética entre essas espécies estimada por Arena *et al.* (2003) a partir de uma análise do DNA mitocondrial 16S foi de 97%. Bray *et al.* (1990) reportaram sucesso na hibridização entre *L. setiferus* e *L. schmitti*, mostrando que estas espécies são geneticamente muito próximas.

Para as reações com os *primers* homólogos Lsch1, Lsch3, Lsc005, Lsc099 foi utilizado o MasterTaq® Kit da Eppendorf com as seguintes especificações (volume final de 10µl): 1x *Taq Master*, 1x *Taq Buffer*, 200 µM de cada dNTP, 5 pmol *unlabelled primer*, 5 pmol *fluoro-labelled primer*, 1 U *Taq* DNA Polimerase, 10-50 ng de DNA e água *milliQ*. Os ciclos de amplificação foram realizados de acordo com os autores que descreveram os *primers*.

As amplificações com os iniciadores heterólogos Pse036 e Pse028 foram realizadas de acordo com Schuelke (2000), que consiste em adicionar a um dos *primers* uma cauda com

seqüências M13 a qual um outro *primer* marcado com fluoróforo e complementar a esta seqüência M13 irá se anelar. As concentrações dos reagentes utilizados em uma reação de 10µl foram as seguintes: 1x *Taq Master*, 1x *Taq Buffer*, 200 µM de cada dNTP, 8 µmol do *primer reverse*, 8 µmol do *primer* M13 com fluoróforo, 2 µmol do *primer forward* com a cauda M13, 1 U *Taq DNA* Polimerase, 10-50 ng de DNA e água *milliQ*.

Foram utilizados ciclos de amplificação específicos para cada iniciador como descrito por Ball *et al.* (1998) com alteração da temperatura de *annealing* em menos 1°C seguido por 12 ciclos de incorporação do M13 a uma temperatura de *annealing* de 52° C.

A análise dos fragmentos foi realizada em seqüenciador ABI Prism 377 DNA *Sequencer* e a genotipagem dos alelos feita através dos *softwares* GeneScan 2.1 e Genotyper 2.1 (Applied Biosystems).

#### **4.2.2. Análises Estatísticas dos Dados Moleculares**

A heterozigose esperada (Levene, 1949), a diferenciação gênica e genotípica e as estimativas de  $F_{IS}$  (f) (Weir & Cockerham, 1984) foram calculadas utilizando-se o software Genepop 3.4 (Raymond & Rousset, 1995). Os valores do índice de fixação  $F_{ST}$  (Weir & Cockerham, 1984) e a significância para os valores do coeficiente de endocruzamento  $F_{IS}$  (f) foram estimados pelo programa FSTAT 2.9.3 (Goudet, 2001). As estimativas dos valores exatos de  $p$  para os testes de conformidade com as expectativas do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram calculadas utilizando-se o método de randomização da cadeia de Markov-Monte Carlo (Guo & Thompson, 1992).

O desequilíbrio de ligação genotípica foi testado a partir da criação de tabelas de contingência para todos os pares de locos em cada população e posterior aplicação do teste de probabilidade utilizando a cadeia de Markov. O número de randomizações utilizado foi suficiente, uma vez que gerou um erro padrão baixo, isto é, menor que 0,01. Para testar a hipótese nula da distribuição idêntica das freqüências alélicas e genotípicas através das populações, uma estimativa não viesada de significância do teste de probabilidade foi calculado como descrito por Raymond & Rousset (1995). As comparações par a par entre as populações, considerando-se a população como um todo e machos e fêmeas separadamente, com todos os locos, foram feitas utilizando o método de Fisher para os resultados de testes combinados.

O número de populações foi determinado utilizando-se o procedimento existente no software Structure 2.1 (Pritchard *et al.*, 2000). Este modelo, num primeiro momento, permite a determinação do número de populações genéticas (K) presentes num conjunto de dados (X) sem que sejam dadas informações prévias sobre as localidades de coleta dos indivíduos analisados, evitando assim o inconveniente de se considerar áreas de coleta como sendo populações, quando na

realidade podem não ser. Numa segunda etapa, após a determinação do número de populações, o modelo permite a incorporação das informações referentes aos locais de coleta, para que seja atribuída a cada indivíduo uma probabilidade de pertencer a cada uma das populações genéticas encontradas. Com isto, pode-se identificar o número de prováveis migrantes, assumindo-se que não haja sobreposição de gerações.

Quando a análise é consistente, o valor de  $P(K/X)$  mais provável deve ser próximo de 1, enquanto os demais devem tender a zero. No presente trabalho, cada valor de  $K$  foi recalculado por três vezes para se verificar a consistência dos valores de  $\ln P(X/K)$  e  $P(K/X)$  obtidos.

Posteriormente, calculou-se a probabilidade de cada indivíduo pertencer a cada uma das populações encontradas. O modelo adotado neste trabalho assume a possibilidade de ancestralidade múltipla, permitindo casos nos quais alguns indivíduos têm ancestrais fora da população onde foi capturado. Dessa forma, antes desta análise ser iniciada, utilizou-se o procedimento de Paetkau *et al.* (2004), aplicando-se o critério frequentista (Paetkau *et al.*, 1995) e o critério Bayesiano (Rannala & Mountain, 1997) implementado no software GENECLASS 2, para calcular as probabilidades dos indivíduos serem excluídos das populações onde foram amostrados, a fim de retirar da análise aqueles que não pertenciam a nenhuma das populações amostradas.

Indivíduos migrantes foram considerados como sendo aqueles com uma probabilidade maior de 0,9 de pertencer a uma população que não seja aquela em que foi amostrado (Cegelski *et al.*, 2003).

#### **4.2.3. Análise Morfológica**

Para os dados morfológicos foram construídas regressões para cada localidade (Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes) entre Comprimento Cefálico *vs* Comprimento Total, Comprimento do Abdômen *vs* Comprimento Total, Comprimento do Cefalotórax *vs* Comprimento do Abdômen, Comprimento do Cefalotórax *vs* Peso, Comprimento do Abdômen *vs* Peso e Comprimento Total *vs* Peso, tanto para a população como um todo, como também separando os machos e fêmeas; utilizando-se o software Microsoft Office Excel 2003.

A fim de se comparar cada localidade quanto aos camarões coletados foram realizados diferentes testes estatísticos utilizando-se o programa Statistica 6.0 (Statsoft, 2001). Os coeficientes de correlação obtidos entre cada par de variáveis acima descritas foram testados tanto para sexos agrupados como para separados. Para a rotina estatística ANCOVA (Análise de Covariância) os

dados das mensurações foram transformados por  $\log_{10}$ , sendo posteriormente testados os interceptos (A) e as inclinações de cada reta (B) entre as localidades.

Além do citado, para se comparar as populações quanto ao conjunto dos dados morfológicos foi utilizada uma análise multivariada discriminante (Manly, 1994). Para todas as rotinas estatísticas foi considerada uma significância de  $\alpha = 0,05$ .

## 5. RESULTADOS

### 5.1. Diferenciação Genética em Fina Escala do Camarão Branco *Litopenaeus schmitti* (Crustacea, Decapoda) na costa Nordeste do Brasil utilizando marcadores microssatélites.

O modelo implementado no software Structure 2.1 indicou a existência de três populações de *L. schmitti* na costa do estado do Rio Grande do Norte (Tabela 2). Valores estáveis de  $\ln P(X/K)$  e  $P(K/X)$  foram atingidos utilizando-se um número de 15.000 interações no período de *burn-in*, seguido de mais 50.000 interações (Figura 8).

Tabela 2: Probabilidade de  $P(K/X)$  para cada um dos possíveis números de populações de *OL. schmitti* amostradas na costa do Rio Grande do Norte. Estes valores foram obtidos sem a utilização de informações sobre os locais de origem dos indivíduos.

K	P (K/X)
1	1,21E-151
2	4,79E-26
3	1

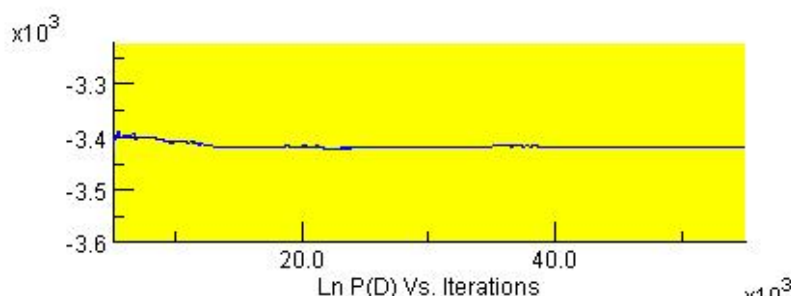


Figura 8: Valores de  $\ln P(X|K)$  obtidos ao longo da cadeia de Markov vs o número de interações.

Os resultados sugerem que as análises foram bastante consistentes e que o número de locos analisados foi suficiente, dado que o valor obtido para o modelo que considera a existência de três populações ( $K=3$ ) foi igual a um, e para os demais valores de  $K$ , obteve-se números que tenderam a zero. Além disso, ao se repetir a análise por três vezes, os valores de  $\ln P(X/K)$  e  $P(K/X)$  variaram apenas na quinta casa decimal.

Todos os locos microssatélites utilizados na análise apresentaram-se polimórficos, observando-se nas três populações um total de 128 alelos para o conjunto dos *primers*, sendo 18 para o loco Lsch3, 12 para o loco Lsch1, 36 para o loco lsc099, 16 para o lsc005, 20 para o Pse036 e 26 para o Pse028. Não foi verificado desequilíbrio de ligação entre as regiões do genoma estudadas.

O loco específico Lsch3 evidencia a existência de uma grande similaridade alélica entre Touros e Diogo Lopes, sendo que os poucos alelos que aparecem em Baía Formosa são aqueles mais freqüentes nestas duas outras localidades. Diogo Lopes e Touros são as populações que compartilham o maior número de alelos. Quando se comparou a riqueza alélica, foi verificado que Diogo Lopes e Touros apresentaram valores similares, ou seja, 98 e 92 alelos respectivamente, e significativamente maiores que de Baía Formosa (69 alelos). Além da riqueza, o número de alelos exclusivos, úteis como marcadores genéticos de população, encontrados em Baía Formosa foi bastante inferior ao das outras populações (Anexo).

A análise do teste exato indicou que as populações se encontram fora do Equilíbrio de Hardy-Weiberg, devido provavelmente ao significativo déficit de heterozigotos observado ( $p=0.0028$ ) (Tabela 4).

As estimativas para os valores de  $F_{ST}$  (Tabela 3) entre as localidades diferiram significativamente de zero e foram maiores entre Diogo Lopes e Baía Formosa. O teste de Mantel entre estas estimativas e a matriz de distâncias geográficas das localidades não indicaram a existência de uma correlação positiva entre distância e isolamento ( $p>0.83232$ ).

Tabela 3: Valores de  $F_{ST}$  entre as populações de *L. schmitti*. Os valores de significância se encontram entre parênteses e são considerados significativamente diferentes de zero aqueles aqueles menores que 0,05 ( $p<0,05$ ).

$F_{ST}$	Baía Formosa	Touros
Diogo Lopes	0,0477 (0,01667)	0,0319 (0,01667)
Baía Formosa	-	0,0116 (0,0333)



Tabela 4: Heterozigose observada e esperada e coeficiente de endocruzamento para as 3 populações amostradas. Todos os valores obtidos para o  $F_{IS}$  foram significativos.

Locos		Diogo Lopes	Touros	Baía Formosa
<b>Lsch3</b>	<i>Ho</i>	0,096	0,265	0,245
	<i>He</i>	0,696	0,687	0,545
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,863	0,617	0,553
<b>Lsch1</b>	<i>Ho</i>	0,596	0,775	0,653
	<i>He</i>	0,666	0,539	0,512
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,106	-0,443	-0,280
<b>Lsc099</b>	<i>Ho</i>	0,827	0,735	0,571
	<i>He</i>	0,880	0,932	0,811
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,061	0,213	0,298
<b>Lsc005</b>	<i>Ho</i>	0,538	0,531	0,633
	<i>He</i>	0,749	0,694	0,843
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,283	0,237	0,252
<b>Pse 036</b>	<i>Ho</i>	0,673	0,714	0,775
	<i>He</i>	0,821	0,807	0,914
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,181	0,116	0,153
<b>Pse 028</b>	<i>Ho</i>	0,481	0,653	0,714
	<i>He</i>	0,744	0,762	0,808
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,357	0,144	0,117
<b>Média</b>	<i>Ho</i>	0,535	0,612	0,598
	<i>He</i>	0,759	0,737	0,739
	<i>F<sub>is</sub></i>	0,308	0,147	0,182

De acordo com o *assignment test*, os indivíduos indicados como migrantes em Diogo Lopes são oriundos de Touros, dos 16 indivíduos indicados como migrantes em Touros 14 são provenientes de Baía Formosa e 2 de Diogo Lopes. Não foram encontrados migrantes na amostragem de Baía Formosa, ou seja, todos os indivíduos aí coletados parecem pertencer a essa localidade (Tabela 5). Touros apresenta características de uma região de intenso fluxo gênico, uma vez que outros 13 indivíduos indicados como não pertencentes a esta localidade, apresentaram valores medianos de probabilidade para Baía Formosa e Diogo Lopes. Em Diogo Lopes e Touros, 60% e 57% dos migrantes são formados por machos, respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5: Probabilidade de cada indivíduo detectado como imigrante pertencer a cada uma das populações amostradas, baseando-se nos procedimentos implementados no software Structure 2.1. Local de coleta (LC), probabilidade do indivíduo pertencer ao local onde ele foi coletado P(c), probabilidade do indivíduo pertencer à outra população P(o), sendo Pop1=Diogo Lopes, Pop2=Baía Formosa, Pop3=Touros. Os indivíduos em *itálico* são os prováveis híbridos.

LC	P(c)	P(o)	LC	P(c)	P(o)
♀DL106:	0.006	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.986	♂ <i>TO162:</i>	<i>0.004</i>	<i>Pop 1: 0.524   Pop 2: 0.335</i>
♂DL111:	0.000	Pop 2: 0.000   Pop 3: 1.000	♂ <i>TO163:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.246   Pop 2: 0.753</i>
♀DL112:	0.026	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.962	♂ <i>TO166 :</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.482   Pop 2: 0.518</i>
♂DL113:	0.002	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.984	♂ <i>TO167 :</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.003   Pop 2: 0.996</i>
♂DL114:	0.007	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.992	♂ <i>TO168:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.026   Pop 2: 0.973</i>
♀DL117:	0.001	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.985	♀ <i>TO170:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.072   Pop 2: 0.901</i>
♂DL118	<i>0.110</i>	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.867	♂ <i>TO171:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.338   Pop 2: 0.660</i>
♂DL187:	0.002	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.995	♂ <i>TO172:</i>	<i>0.002</i>	<i>Pop 1: 0.065   Pop 2: 0.890</i>
♀DL188:	0.074	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.900	♀ <i>TO173:</i>	<i>0.001</i>	<i>Pop 1: 0.085   Pop 2: 0.877</i>
♂DL189:	0.045	Pop 2: 0.000   Pop 3: 0.933	♂ <i>TO174:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.007   Pop 2: 0.993</i>
♀ <i>TO151:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.645   Pop 2: 0.346</i>	♀ <i>TO175:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.987   Pop 2: 0.013</i>
♀TO152:	0.002	Pop 1: 0.061   Pop 2: 0.931	♀ <i>TO176 :</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.897   Pop 2: 0.103</i>
♂ <i>TO153:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.177   Pop 2: 0.821</i>	♂ <i>TO177:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.004   Pop 2: 0.992</i>
♀TO154:	0.000	Pop 1: 0.007   Pop 2: 0.990	♀ <i>TO178:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.000   Pop 2: 0.998</i>
♂ <i>TO155:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.048   Pop 2: 0.948</i>	♂ <i>TO179:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.024   Pop 2: 0.976</i>
♀ <i>TO156:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.247   Pop 2: 0.752</i>	♀ <i>TO180:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.115   Pop 2: 0.877</i>
♂ <i>TO158:</i>	<i>0.001</i>	<i>Pop 1: 0.849   Pop 2: 0.128</i>	♂ <i>TO181:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.000   Pop 2: 1.000</i>
♂ <i>TO159:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.002   Pop 2: 0.998</i>	♂ <i>TO182:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.005   Pop 2: 0.995</i>
♀ <i>TO160:</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.193   Pop 2: 0.798</i>	♀ <i>TO184 :</i>	<i>0.000</i>	<i>Pop 1: 0.020   Pop 2: 0.977</i>

Quando a população foi separada por sexo, observou-se uma maior diferenciação entre as fêmeas que entre os machos ( $F_{ST} (\text{♀}) = 0,0385$  e  $F_{ST} (\text{♂}) = 0,0190$ ). Os valores obtidos a partir do cálculo do  $F_{ST}$  par a par para as populações foram maiores e estatisticamente significativos para as fêmeas, evidenciando as diferenças genéticas da população de Diogo Lopes em relação a Touros e Baía Formosa. Os machos apresentaram  $F_{ST}$  significativo apenas entre as populações de Baía Formosa e Diogo Lopes. Entretanto, após a correção de Bonferroni (Rice, 1989), apenas as fêmeas mantiveram os valores de significância do  $F_{ST}$ , enquanto que a diferença encontrada anteriormente

para os machos de Baía Formosa e Diogo Lopes perdeu sua significância, evidenciando a grande similaridade genética entre o grupo de machos das três populações (Tabela 6).

Tabela 6: Valores de  $F_{ST}$  entre as populações de *L. schmitti*. Os valores de significância se encontram entre parênteses. As letras NS (não significativo) e S (significativo) indicam a condição da significância após correção de Bonferroni.

<i>Populações</i>	$F_{ST}$ ( <i>Fêmeas</i> )	$F_{ST}$ ( <i>Machos</i> )
<b>Diogo Lopes x Baía Formosa</b>	0,0532 (0,016) S	0,0307 (0,033) NS
<b>Diogo Lopes x Touros</b>	0,0411 (0,016) S	0,0197 (0,200) NS
<b>Baía Formosa x Touros</b>	0,0186 (0,117) NS	0,008 (0,467) NS

Ambos os grupos de todas as populações apresentaram-se fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg, provavelmente devido ao acentuado déficit de heterozigotos ( $F_{IS}$  (♀)= 0,2271 ( $p < 0,05$ ) e  $F_{IS}$  (♂)=0,2331 ( $p < 0,05$ ). Os maiores valores de  $F_{IS}$  foram encontrados para os machos da população de Diogo Lopes (Tabela 7).

Tabela 7: Coeficiente de endocruzamento ( $F_{IS}$ ) obtidos para os machos e fêmeas das três populações amostradas na costa do Rio Grande do Norte. Todos os valores médios de  $F_{IS}$  foram elevados e estatisticamente significativos.

<b>Loco</b>	<b>Diogo Lopes</b>		<b>Baía Formosa</b>		<b>Touros</b>	
	<i>Machos</i>	<i>Fêmeas</i>	<i>Machos</i>	<i>Fêmeas</i>	<i>Machos</i>	<i>Fêmeas</i>
<b>Lsch3</b>	0.867	0.853	0.404	0.652	0.695	0.574
<b>Lsch1</b>	-0.125	0.243	- 0.300	-0.258	- 0.247	-0.572
<b>Lsc005</b>	0.081	0.206	0.336	0.238	0.142	0.250
<b>Lsc099</b>	0.457	0.049	0.251	0.286	0.216	0.247
<b>Pse036</b>	0.180	0.181	0.209	0.127	0.060	0.157
<b>Pse028</b>	0.372	0.353	0.071	0.146	0.128	0.154
<b>Todos</b>	0.315	0.288	0.175	0.203	0.170	0.174

O teste de diferenciação genotípica considerando-se apenas as fêmeas apontou que as três populações apresentaram frequências distintas em seus arranjos genotípicos, enquanto que para os machos, foi encontrada diferenciação significativa apenas entre Baía Formosa e Diogo Lopes. Por outro lado, o teste de diferenciação gênica foi igual para ambos os grupos, ou seja, tanto as populações de machos como as de fêmeas são diferentes quanto à frequência de seus alelos.

## 5.2. Análise morfométrica de três populações de *Litopenaeus schmitti* da costa do Rio Grande do Norte.

Para o estudo morfométrico foram utilizados 57 machos e 99 fêmeas provenientes das 3 localidades de coleta (sendo 33, 32 e 34 o número de fêmeas e 21, 18 e 18 o número de machos coletados em Diogo Lopes, Baía Formosa e Touros, respectivamente). Cada espécime foi avaliado por meio de quatro medidas corporais, comprimento total (CT), comprimento do cefalotórax (CC), comprimento do abdômen (CA) e peso (P).

Os valores máximos, mínimos e médios registrados para o comprimento total, comprimento do abdômen, comprimento do cefalotórax e peso estão representados na tabela 8. Os maiores valores das variáveis Peso e Comprimento Total foram observados em Touros, seguido de Baía Formosa e Diogo Lopes, respectivamente.

As fêmeas de todas as populações amostradas são aproximadamente 1,5 vezes maiores que os machos, fato característico dos camarões peneídeos. Os machos de *L. schmitti* tiveram um peso mínimo de 10,68 g e um peso máximo de 37,96 g; enquanto que o peso das fêmeas variou de 10,2 a 78,1 g.

Após a observação da tendência dos pontos empíricos amostrados, foi feito seu ajuste à função potência  $Y=a X^b$  (Hartnoll, 1974); onde “a” é o intercepto do eixo das ordenadas e “b” é a inclinação da reta. O grau de ajuste dos dados em cada função foi determinado pelo coeficiente de determinação ( $r^2$ ), que variou de 0,7038 a 0,9811 para a relação Comprimento do Abdômen vs Comprimento Total em machos e fêmeas, respectivamente.

As diferenças nos modelos de crescimento entre cada população foram obtidas através da análise de diferenciação entre os coeficientes de correlação e pelo método de ANCOVA, onde foram comparadas a inclinação e a elevação das linhas de regressão entre as localidades. As regressões foram consideradas diferentes quando o “a” ou o “b” do teste de ANCOVA apresentaram um valor significativo ( $p<0,05$ ).

A estrutura populacional do camarão branco variou em função do sexo e do ambiente. As análises tornam evidente uma maior diferenciação dos dados morfométricos de Baía Formosa em relação à Touros e Diogo Lopes (Tabelas 9 a 12 e Figuras de 9 a 26), excetuando-se apenas a relação Peso vs Comprimento do Cefalotórax para as fêmeas de Baía Formosa e Touros que apresentaram valores de  $p> 0,05$  para o teste de ANCOVA e do coeficiente de correlação (Tabela 11 e Figura 25). Em relação ao sexo, a análise discriminante evidenciou uma maior diferenciação entre as fêmeas de cada população, gerando valores de  $p<0,0001$  e agrupamentos graficamente melhor definidos (Tabela 12 e Figura 28).

Tabela 8: Medidas máximas, mínimas e médias registradas para o comprimento total (CT), comprimento do cefalotórax (CC), comprimento do abdômen (CA) e peso P).

Var	MD	População total			Machos			Fêmeas		
		BF	T	DL	BF	T	DL	BF	T	DL
CT (mm)	Máxima	167,9	170,6	160,5	134,2	143,9	131,4	167,9	170,6	160,5
	Mínima	110,2	131,1	106,9	110,2	131,1	106,9	134,1	156,5	146,6
	Média ± S	120,27 ± 16,62	129,81 ± 21,52	127,19 ± 13,85	109,39 ± 9,81	121,49 ± 13,85	117,43 ± 10,14	126,80 ± 16,54	134,22 ± 23,65	133,59 ± 12,19
CA (mm)	Máxima	96	126,4	112,5	96	99,2	95,6	84,6	126,4	112,5
	Mínima	69	52,5	68,6	69	75,2	68,6	75	52,5	83,5
	Média ± S	86,36 ± 10,69	93,89 ± 14,99	91,97 ± 9,23	80,02 ± 8,66	88,11 ± 9,04	86,3 ± 7,71	89,93 ± 10,15	96,95 ± 16,66	95,69 ± 8,28
CC (mm)	Máxima	48,4	53,8	44,8	35,8	37,7	34	48,4	53,8	44,8
	Mínima	24	18,3	23,7	24	25	23,7	26,7	18,3	27,6
	Média ± S	32,68 ± 5,92	34,59 ± 7,76	33,63 ± 4,72	28,29 ± 3,15	30,94 ± 3,87	29,83 ± 2,66	35,31 ± 5,64	36,52 ± 8,62	36,04 ± 4,12
P (g)	Máxima	63,01	78,01	63,73	33,69	37,96	31,51	63,01	78,01	63,73
	Mínima	12,17	10,2	11,03	12,17	10,68	11,03	14,76	10,2	19,63
	Média ± S	25,64 ± 11,65	31,99 ± 17,36	30,84 ± 11,04	17,79 ± 5,87	24,55 ± 8,75	22,83 ± 5,62	30,06 ± 11,82	35,93 ± 19,49	35,93 ± 10,64

- **POPULAÇÃO TOTAL**

- ***Comprimento do Cefalotórax X Comprimento Total***

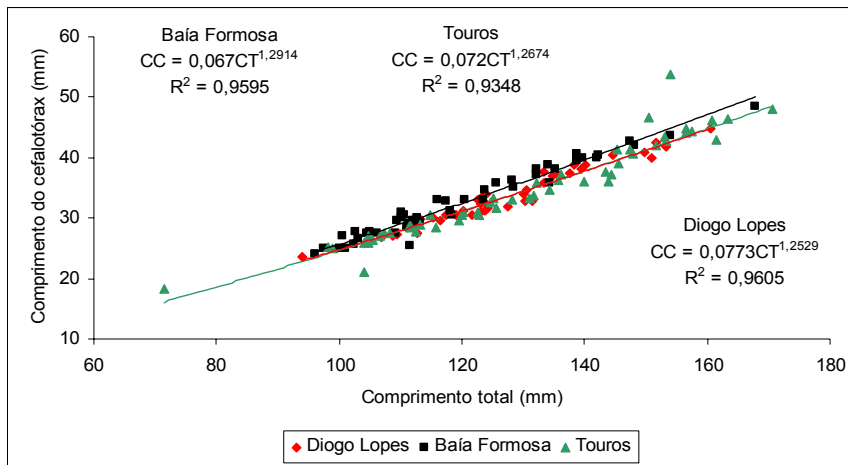


Figura 9: Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- ***Comprimento do Abdômen x Comprimento Total***

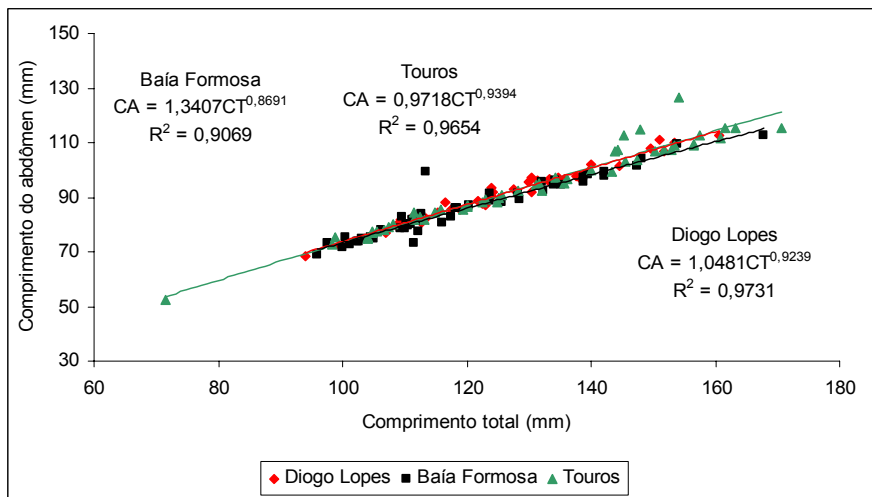


Figura 10: Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Comprimento do abdômen x Comprimento do Cefalotórax**

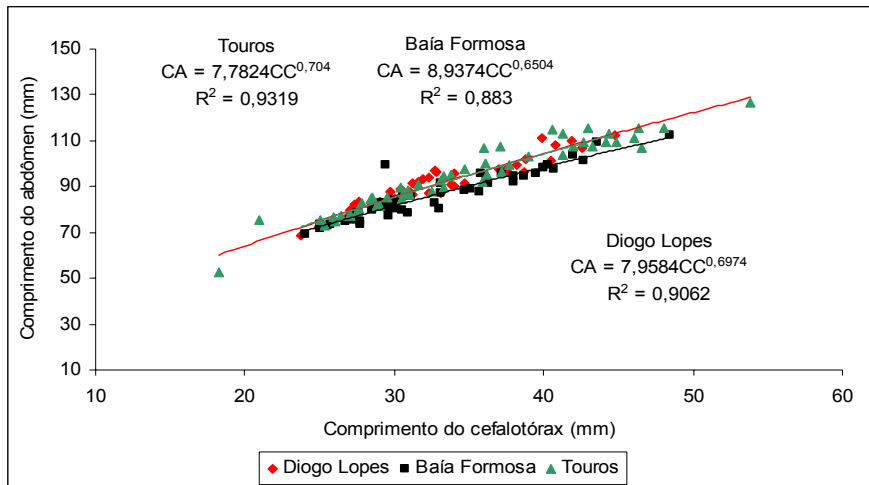


Figura 11: Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento Total**

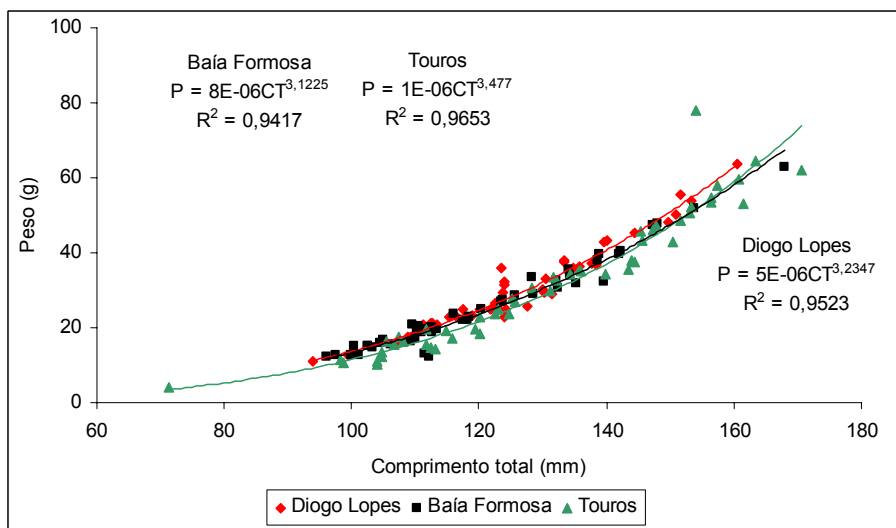


Figura 12: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- *Peso x Comprimento do Cefalotórax*

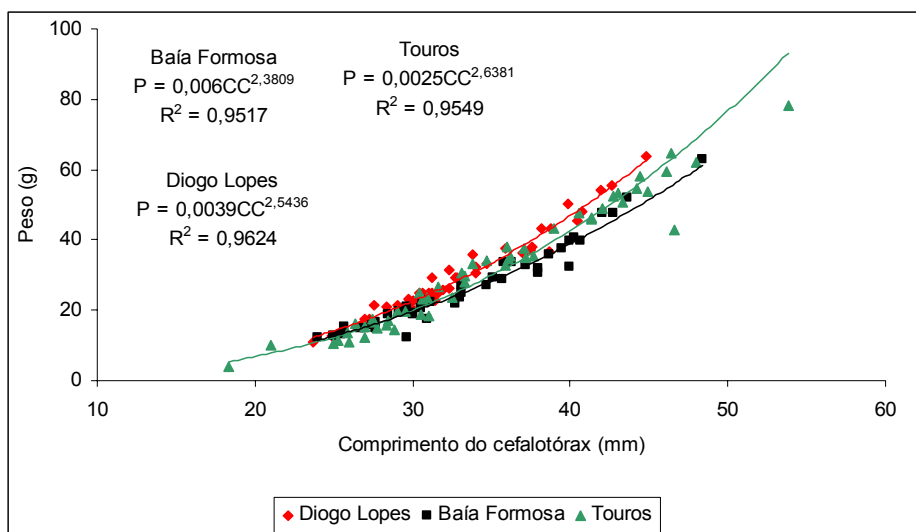


Figura 13: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- *Peso x Comprimento do Abdômen*

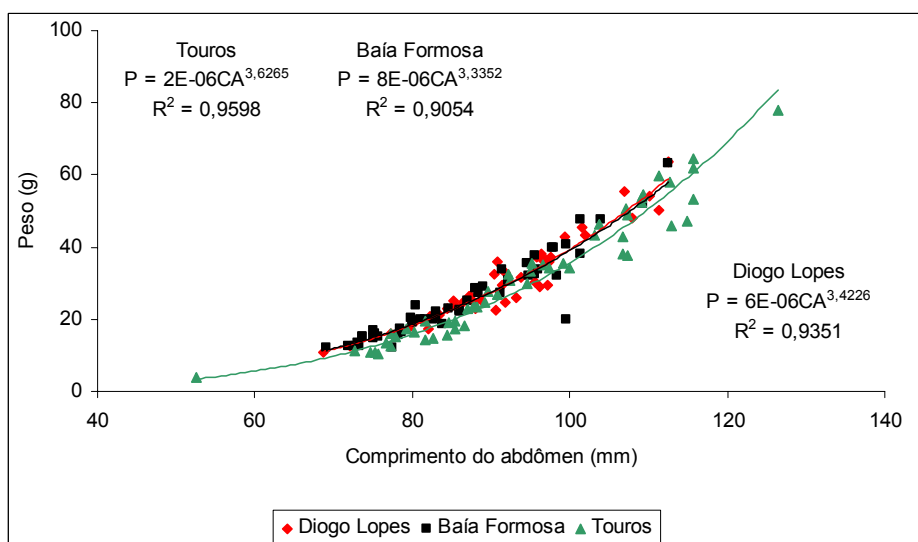


Figura 14: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações totais (machos e fêmeas) de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.



Tabela 9: Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da *população total* de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

Relação Biométrica	Localidades	r	ANCOVA (a)	ANCOVA (b)
CC x CT	Baía Formosa x Touros	0,1085	0	0,684098
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,5000	0	0,909588
	Touros x Diogo Lopes	0,1038	0,703641	0,640089
CA x CT	Baía Formosa x Touros	0,0057	0,101216	0,810859
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,009	0,049690	0,691127
	Touros x Diogo Lopes	0,0924	0,846874	0,408291
CA x CC	Baía Formosa x Touros	0,156	0,000004	0,819263
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,285	0,000002	0,784892
	Touros x Diogo Lopes	0,1823	0,704606	0,939274
P x CT	Baía Formosa x Touros	0,104	0,000878	0,015229
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,2886	0,040752	0,631078
	Touros x Diogo Lopes	0,3954	0,000000	0,054629
P X CC	Baía Formosa x Touros	0,458	0,112882	0,042455
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,4492	0,000000	0,536933
	Touros x Diogo Lopes	0,3624	0,000006	0,158454
P x CA	Baía Formosa x Touros	0,016	0,000007	0,088541
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,1484	0,871500	0,668195
	Touros x Diogo Lopes	0,1536	0,000001	0,208729

## MACHOS

- *Comprimento do Cefalotórax x Comprimento Total*

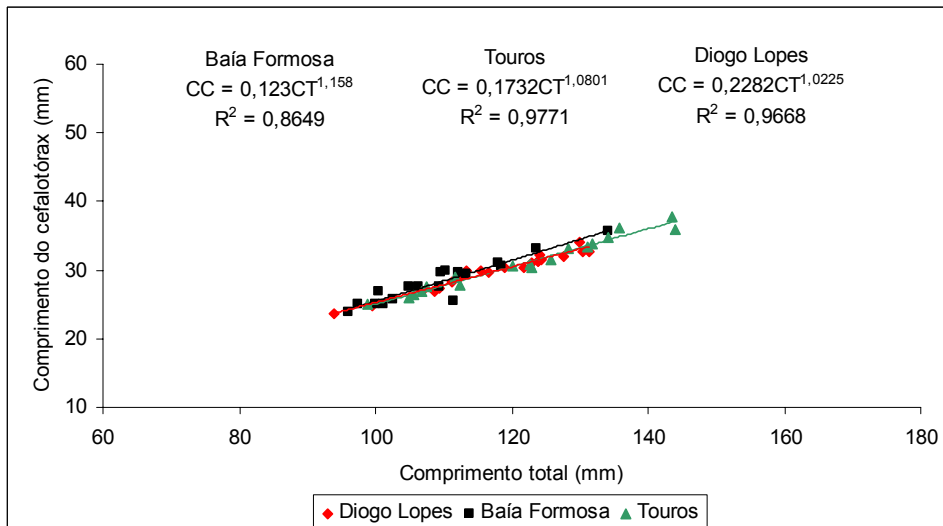


Figura 15: Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos machos *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- *Comprimento do abdômen x Comprimento Total*

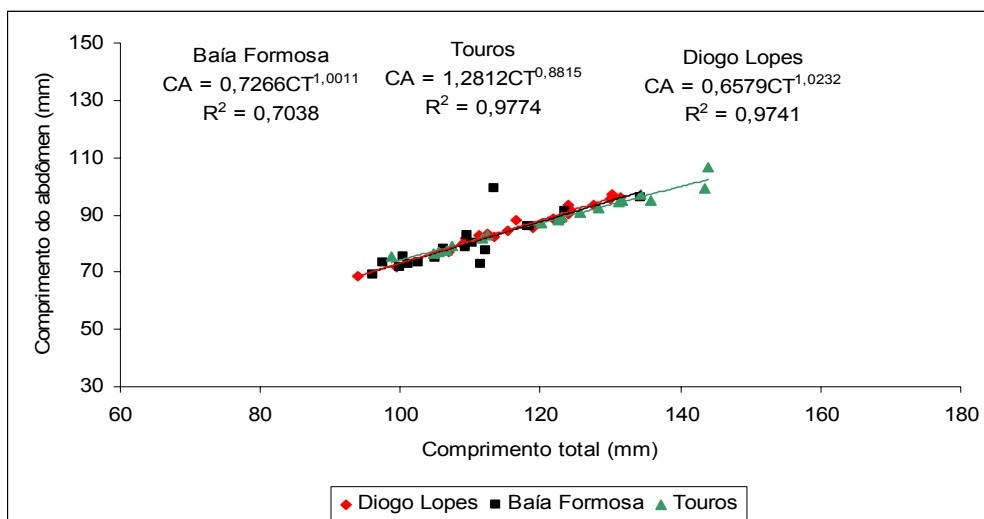


Figura 16: Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e comprimento total (CT) das populações de indivíduos machos de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Comprimento do abdômen x Comprimento do Cefalotórax**

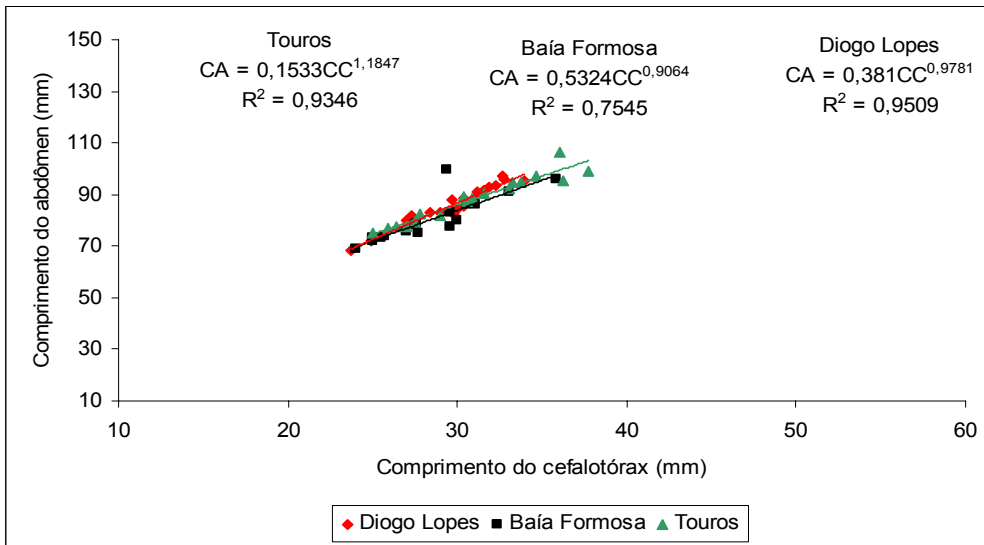


Figura 17: Regressão o comprimento do abdômen (CA) e comprimento do cefalotórax das populações de indivíduos machos de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento Total**

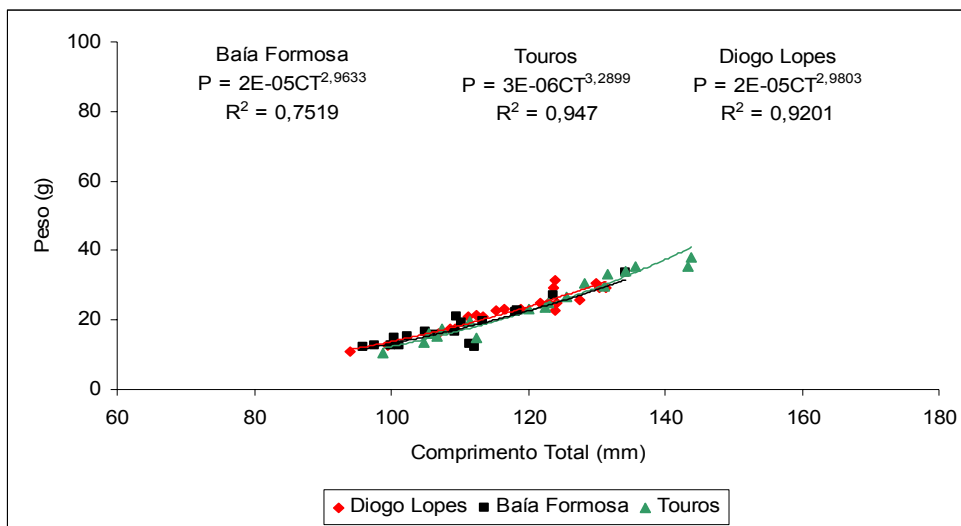


Figura 18: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento do Cefalotórax**

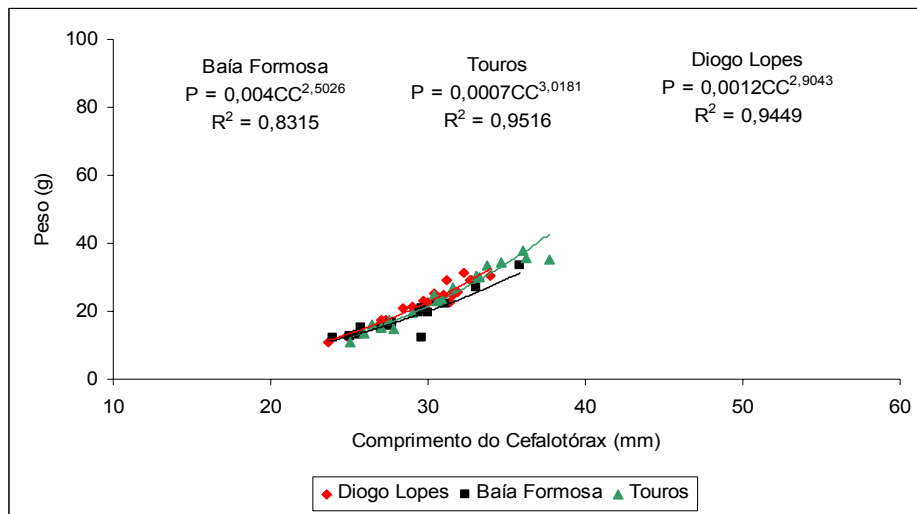


Figura 19: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento do Abdômen**

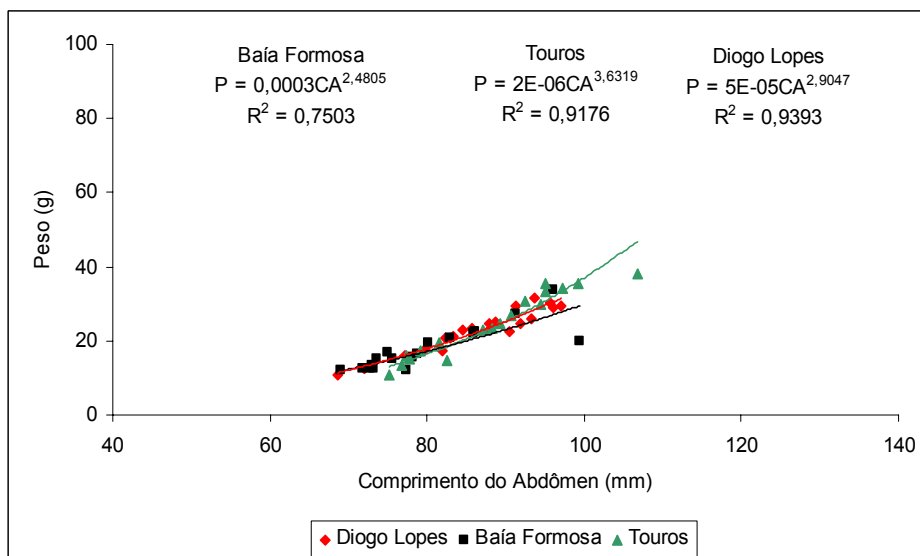


Figura 20: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

Tabela 10: Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da população de indivíduos machos de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

	Localidades	r	ANCOVA (a)	ANCOVA (b)
CC x CT	Baía Formosa x Touros	0	0,006401	0,066679
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0003	0,008736	0,028676
	Touros x Diogo Lopes	0,1005	0,863034	0,444387
CA x CT	Baía Formosa x Touros	0	0,337470	0,002456
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0	0,548855	0,041592
	Touros x Diogo Lopes	0,4056	0,061957	0,007988
CA x CC	Baía Formosa x Touros	0	0,000004	0,073131
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0	0,000002	0,582047
	Touros x Diogo Lopes	0,4056	0,704606	0,033575
P x CT	Baía Formosa x Touros	0,001	0,000878	0,457552
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0019	0,040752	0,988765
	Touros x Diogo Lopes	0,1601	0,000000	0,260479
P x CC	Baía Formosa x Touros	0,001	0,178915	0,130098
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0019	0,001463	0,263178
	Touros x Diogo Lopes	0,3225	0,022402	0,586009
P x CA	Baía Formosa x Touros	0,002	0,000007	0,015689
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,002	0,871500	0,297404
	Touros x Diogo Lopes	0,1969	0,000001	0,026152

## FÊMEAS

- *Comprimento do Cefalotórax x Comprimento Total*

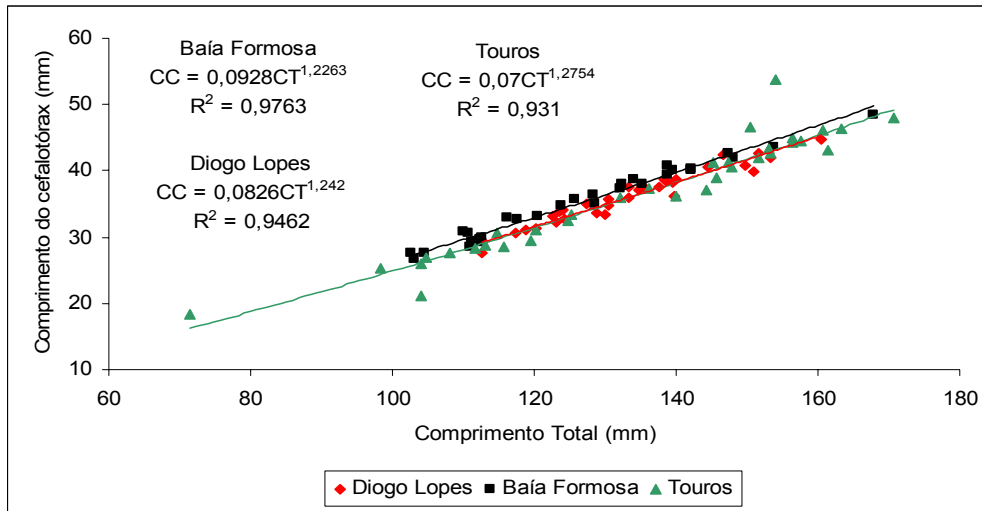


Figura 21: Regressão entre o comprimento do cefalotórax (CC) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- *Comprimento do abdômen x Comprimento Total*

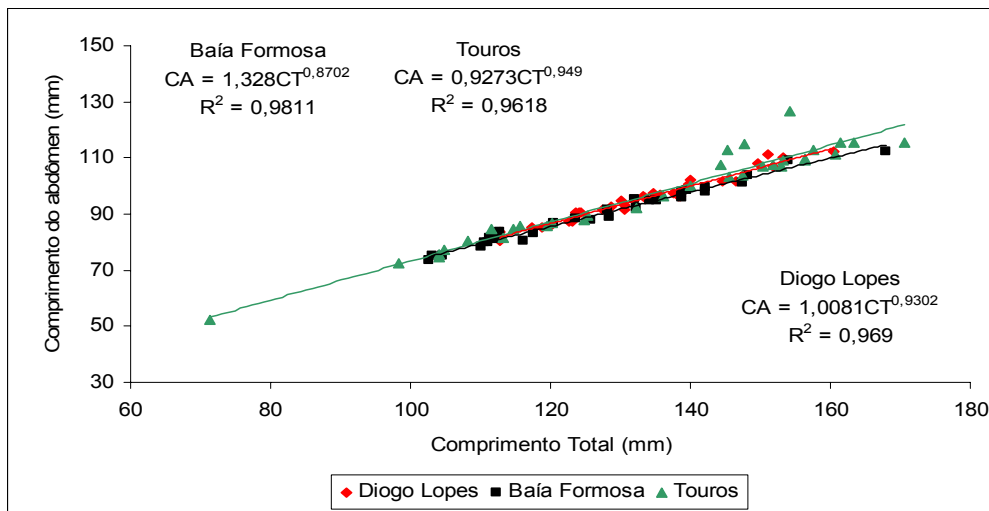


Figura 22: Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento total das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Comprimento do abdômen x Comprimento do Cefalotórax**

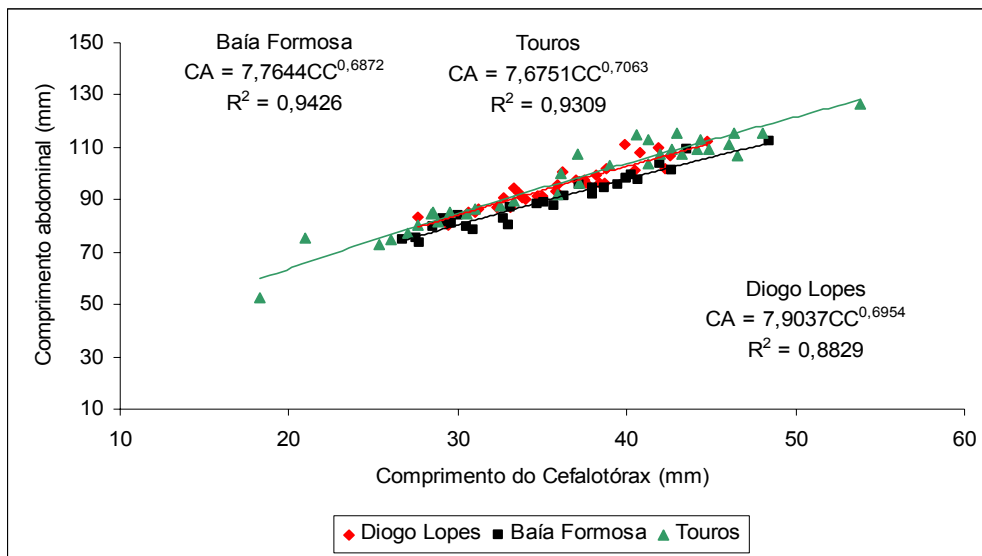


Figura 23: Regressão entre o comprimento do abdômen (CA) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento Total**

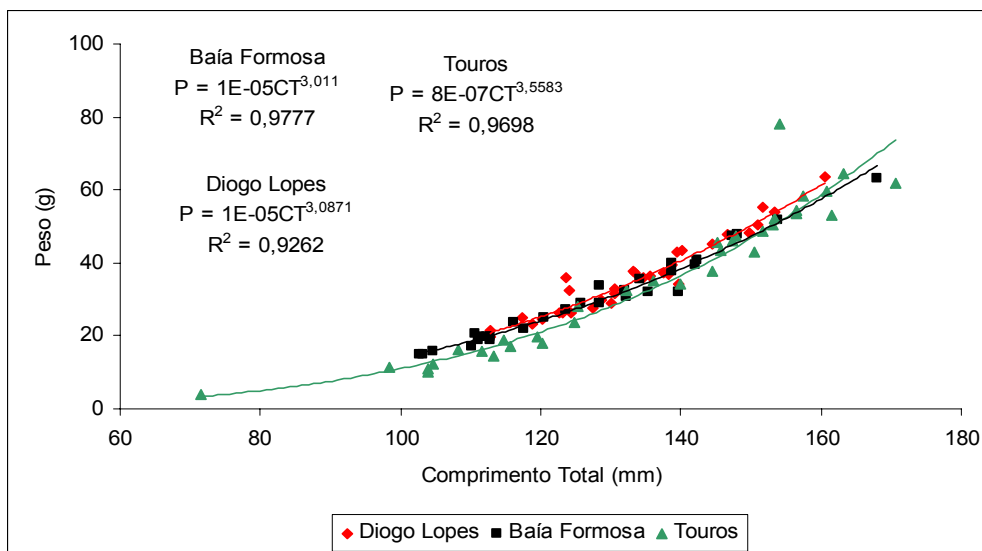


Figura 24: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento total (CT) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento do Cefalotórax**

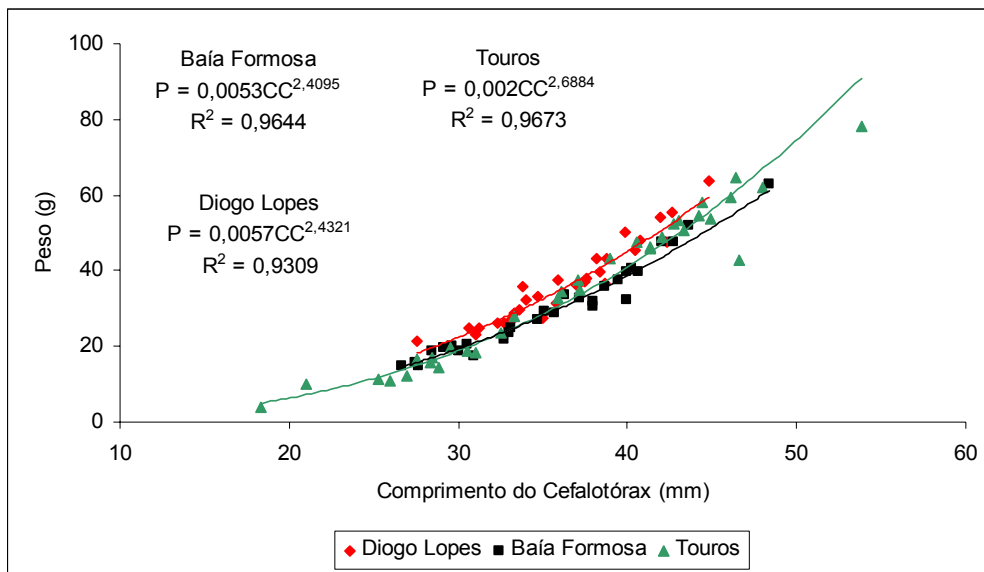


Figura 25: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do cefalotórax (CC) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.

- **Peso x Comprimento do Abdômen**

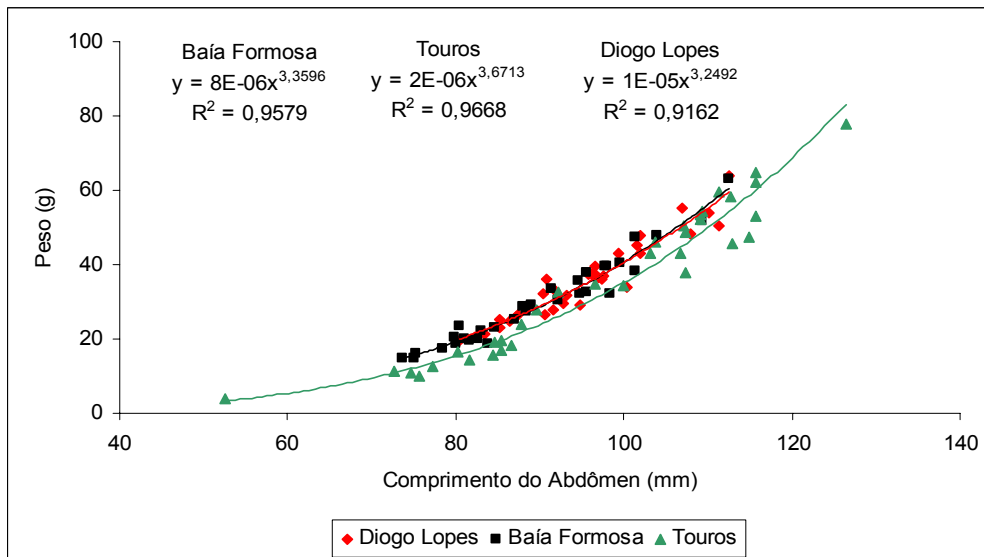


Figura 26: Regressão entre o Peso (P) e o comprimento do abdômen (CA) das populações de indivíduos fêmeas de *Litopenaeus schmitti* de Baía Formosa, Touros e Diogo Lopes.



Tabela 11: Valores de  $p$  para o teste de diferenciação entre os coeficientes de correlação e para a ANCOVA da população dos indivíduos fêmeas de *L. schmitti*. Valores significativos são aqueles menores que 0,05 ( $p < 0,05$ ).

	Localidades	r	ANCOVA (a)	ANCOVA (b)
CC x CT	Baía Formosa x Touros	0,0047	0,000676	0,162798
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0228	0,000000	0,283671
	Touros x Diogo Lopes	0,3481	0,898893	0,634161
CA x CT	Baía Formosa x Touros	0,0342	0,006867	0,063493
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,1225	0,000593	0,077126
	Touros x Diogo Lopes	0,4486	0,224348	0,700130
CA x CC	Baía Formosa x Touros	0,320	0,000003	0,727254
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0414	0,000000	0,403881
	Touros x Diogo Lopes	0,0854	0,321383	0,691846
P x CT	Baía Formosa x Touros	0,223	0,000314	0,001242
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0006	0,009234	0,706642
	Touros x Diogo Lopes	0,0073	0,000005	0,031981
P x CC	Baía Formosa x Touros	0,386	0,489392	0,062044
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0819	0,000000	0,896542
	Touros x Diogo Lopes	0,0111	0,000011	0,107606
P x CA	Baía Formosa x Touros	0,301	0,000000	0,084689
	Baía Formosa x Diogo Lopes	0,0287	0,913128	0,614081
	Touros x Diogo Lopes	0,0162	0,000000	0,074177

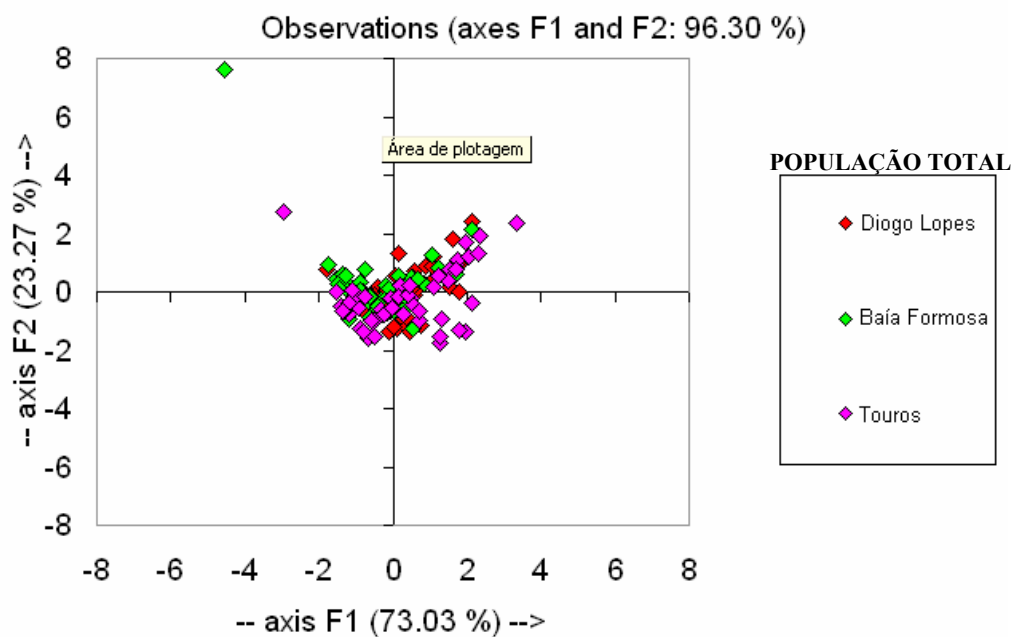


Figura 27: Gráfico representativo da análise discriminante para a população total de *L. schmitti* dos locais amostrados.

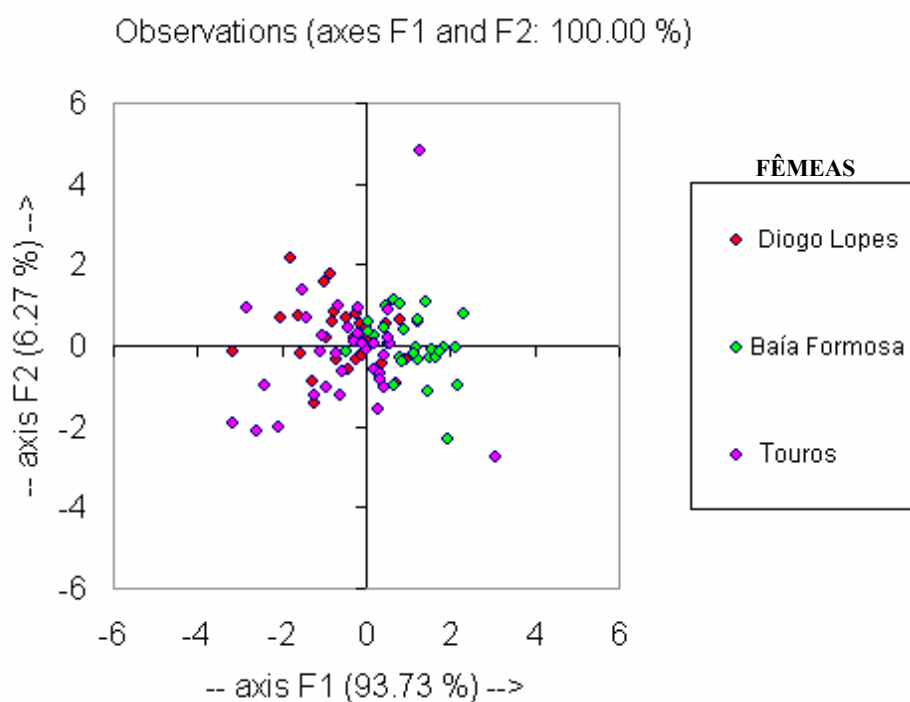


Figura 28: Gráfico representativo da análise discriminante para as fêmeas de *L. schmitti* das populações amostradas.

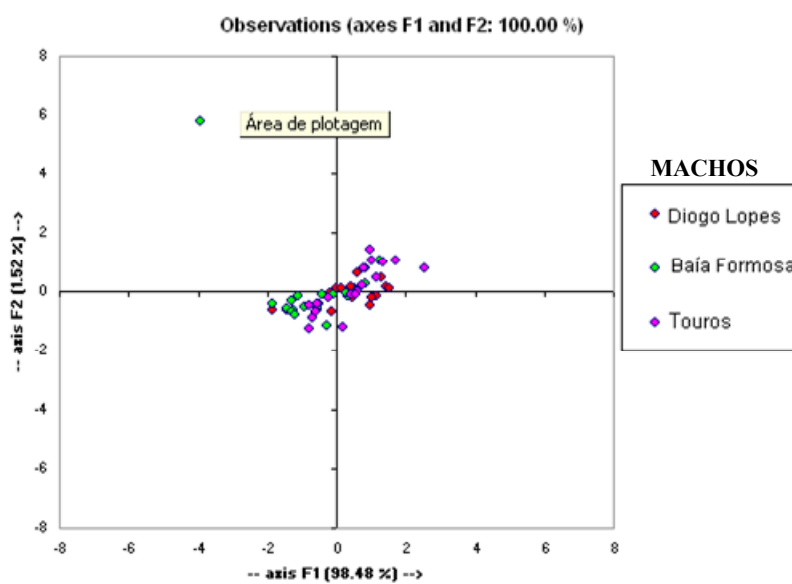


Figura 29: Gráfico representativo da análise discriminante para os machos de *L. schmitti* das populações amostradas.

Tabela 12: Valores de  $p$  associados à estatística  $F$  de Fisher para o teste da análise discriminante.

Localidades	População Total	Machos	Fêmeas
Baía Formosa x Touros	0,000747	0,014	< 0.0001
Baía Formosa x Diogo Lopes	0,011421	0,039	< 0.0001
Touros x Diogo Lopes	0,363418	0,894	0,391

## 6. DISCUSSÃO

Os resultados fornecidos pelo software Structure somados às estimativas do  $F_{ST}$  e aos dados morfométricos, indicaram haver estruturação significativa entre as três populações de *L. schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. De acordo com o teste de Mantel, essas diferenças não são conseqüências do isolamento por distância, mas determinadas por características biológicas ou ambientais.

Os fatores que influenciam a estruturação populacional podem ser intrínsecos (biológicos, ecológicos, fisiológicos ou comportamentais) ou extrínsecos (físicos, geológicos, ambientais) (Russo, 1994; Fullard, 2000; Kyle, 2000). McMillen-Jackson & Bert (2003) ao compararem a estrutura genética de duas espécies simpátricas de camarões peneídeos, observaram diferentes padrões de distribuição dos haplótipos, indicando que pequenas diferenças em fatores intrínsecos da espécie podem resultar em estruturação genética significativa.

Cada população está associada a um complexo estuarino característico, com dinâmicas de cheia e vazante específicas, épocas distintas de maior produtividade, variações na temperatura e salinidade e níveis de impactos diferentes.

Diogo Lopes é banhada pelo estuário do rio Açú e é uma área relativamente mais preservada devido a existência da Reserva de Desenvolvimento Sustentável Estadual Ponta do Tubarão (IDEMA). Esta reserva foi criada com o objetivo de preservação de recursos naturais e sustentabilidade da população tradicional (IDEMA). O fato desta área de coleta estar situada próxima à reserva e ter, portanto, a pesca regularizada e uma diminuição do impacto nos ecossistemas do entorno, pode ter levado esta população a apresentar uma maior riqueza e um maior número de alelos privados.

Por outro lado, Baía Formosa, associada ao estuário do Rio Curimataú, é circundada por um grande complexo de fazendas de carcinicultura, que muitas vezes causam um grande impacto no ambiente devido à retirada de áreas de mangues, introdução de espécies exóticas no ambiente natural e alteração das características físico-químicas da água. Além disso, há ainda os despejos industriais e domésticos e a intensa atividade pesqueira que, segundo o IDEMA, em 2002 registrou uma produção de camarão de 52,7 t, aproximadamente 33 vezes maior que a de Diogo Lopes (1,6t).

Esses resultados podem estar indicando uma efetiva perda de alelos dessa população devido provavelmente à intensa pressão de pesca existente nesta localidade e à competição por nicho com o

camarão branco exótico *Litopenaeus vannamei* proveniente dos escapes das fazendas de cultivo do entorno (Ferreira, comunicação pessoal).

Além disso, os dados morfométricos indicam que a população desta localidade é significativamente diferente das populações de Touros e Diogo Lopes. Este resultado pode ser explicado pelo fato da perda de alelos, do acentuado valor de endogamia e da possível diminuição dos estoques pesqueiros dessa localidade, estarem propiciando a ação da deriva genética e a conseqüente fixação de alelos.

Conseqüentemente, essa diminuição da diversidade genética pode reduzir as taxas de sobrevivência, de crescimento e de reprodução, ocasionar uma maior susceptibilidade a doenças e prejudicar tanto o tamanho quanto o crescimento dos indivíduos (Frankham, 1995; Lacy, 1997).

As diferenças significativas encontradas entre os valores da variável peso para as três populações de *Litopenaeus schmitti* também podem corroborar esses dados, pois os maiores valores foram encontrados para os indivíduos pertencentes às regiões de Touros e Diogo Lopes, áreas com um menor nível de impacto.

Sabe-se que, com a destruição dos manguezais, o assoreamento da costa é intensificado e a produtividade pesqueira desse ecossistema frágil reduzida quantitativa e qualitativamente (Silva 2004).

Touros apresentou um comportamento intermediário entre estas duas localidades. Esta região apresenta atividade pesqueira moderada (16,7 t em 2002), poucas fazendas de cultivo no entorno e níveis moderados de despejos industriais e domésticos. Os dados genéticos de riqueza e compartilhamento de alelos e o número de alelos exclusivos da população de *L. schmitti* desta localidade ficaram mais próximos dos de Diogo Lopes que dos de Baía Formosa.

Outro fator importante na manutenção das diferenças genéticas observadas seria a ação das diversas correntes marítimas nestas localidades. O maior aporte de migrantes detectados no sentido Baía Formosa – Diogo Lopes tornou clara a influência da Corrente Norte do Brasil e da Subcorrente Norte do Brasil na dispersão de *L. schmitti* (Figura 29). A diferença no número de migrantes de Baía Formosa em Touros (14) e de Touros em Diogo Lopes (9) pode ser devido ao giro de recirculação da Subcorrente Sul Equatorial em torno de 2,5°S e 37°W, que dificulta o fluxo de migrantes no sentido oeste. A presença de indivíduos de Diogo Lopes em Touros, uma migração contracorrente, pode ser explicada pela influência dos ventos sudeste predominantes nesta região (Instituto Nacional de Meteorologia) (Figura 30).

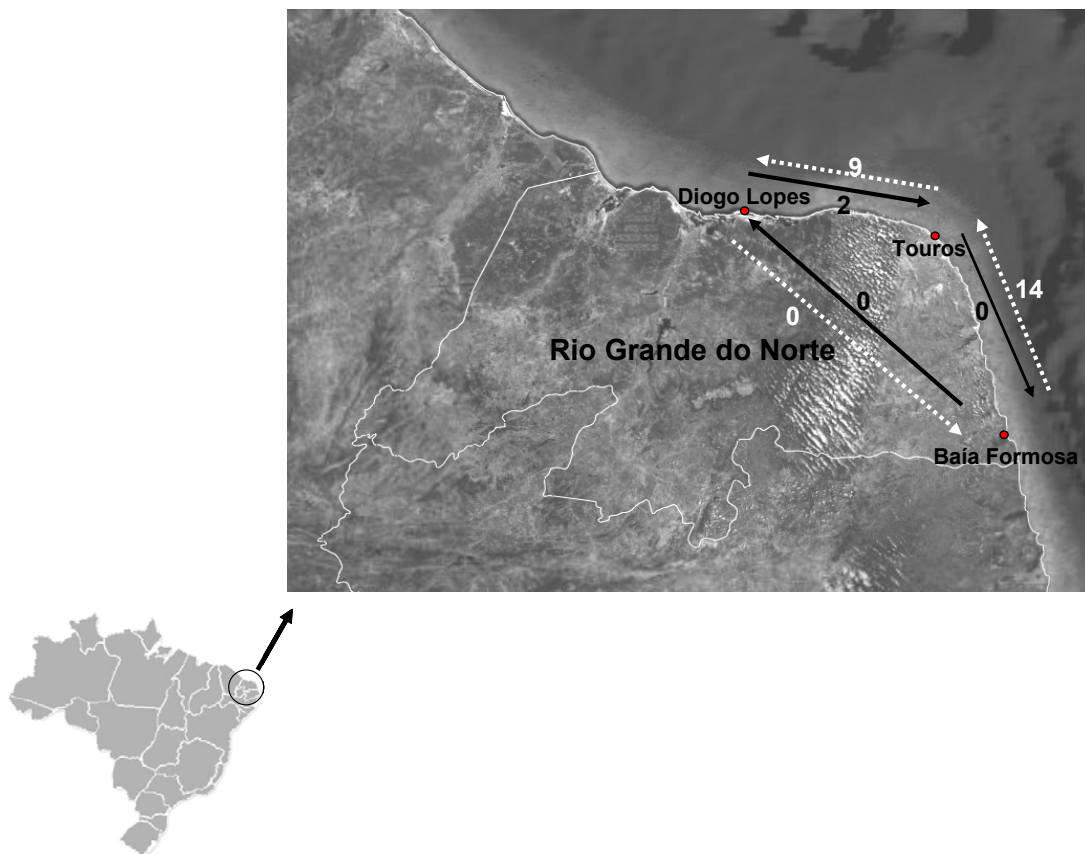


Figura 30: Mapa ilustrativo do estado do Rio Grande do Norte com destaque para os pontos de coleta: Diogo Lopes, Touros e Baía Formosa. Os números nas flechas correspondem ao número de migrantes entre as populações.

Mas, além dos fatores relacionados às características físicas do ambiente, há ainda aqueles referentes ao comportamento e ao ciclo de vida de *L. schmitti*. Esta espécie, de acordo com Dall *et al.* (1990), se caracteriza por apresentar pré-adultos e adultos que não migram necessariamente para o mar aberto como observado por Silva (1977) na Baía de Sepetiba, mas desovam na própria Baía e as pós-larvas migram para a região estuarina adjacente. O comportamento de agregação dos adultos em áreas de habitat preferenciais também pode levar a estruturação desta espécie. (Racek, 1959).

Mulley & Latter (1980) notaram uma correlação entre o ciclo de vida de algumas espécies de peneídeos e o nível de diferenciação genética entre suas populações. A maioria dos estudos em peneídeos sugere que a estruturação é resultado da combinação de fatores como o ciclo de vida, características ambientais, correntes oceânicas, biogeografia e fatores antrópicos (Benzie, 2000).

Os valores de heterozigose observados se situaram entre 0,535 e 0,612 e foram próximos aos de *L. setiferus* no México ( $H_o=0,531$ ), *F. aztecus* ( $H_o=0,573$ ) e *F. duodarum* ( $H_o=0,483$ ) (Ball *et al.*, 1998) e menores que os encontrados por Brooker *et al.* (1999) ( $H_o= 0,870$  a  $0,988$ ) e Xu *et al.* (2001) (0,749-0,791) em *Penaeus monodon*. Essa diferença pode estar refletindo os valores de  $F_{IS}$

observados para as três populações, os quais foram significativamente elevados, sendo o principal responsável pela ausência do equilíbrio de Hardy-Weinberg. O déficit de heterozigotos é comum em invertebrados marinhos (Hare *et al.*, 1996) e pode estar sendo intensificado pelos pequenos tamanhos populacionais efetivos característicos em organismos marinhos (Frankham, 1995).

Além disso, esses resultados podem estar associados a uma possível filopatria desses camarões, devido, principalmente, às características do ciclo de vida e comportamento da espécie *L. schmitti*.

Entretanto, a deficiência de heterozigotos também pode ser devido aos alelos nulos, a artefatos técnicos como numeração incorreta dos alelos devido ao *stuttering* em repetições dinucleotídicas e ausência dos alelos maiores devido à ineficiência de amplificação (Callen *et al.*, 1993 *apud* Ball *et al.*, 2003; O' Reilly *et al.*, 1996 *apud* O' Reilly *et al.*, 2000). Alelos nulos resultam de mutações na região de anelamento do *primer* de forma que este não consegue anelar em sua região complementar (Callen *et al.*, 1993). Se a incidência de alelos nulos é alta o suficiente, haveria uma probabilidade significativa de homozigotos nulos serem observados, o que não ocorreu no presente estudo. A não amplificação do fragmento estava provavelmente relacionada à degradação do tecido, degradação do DNA, falha ao acaso do PCR ou outros artefatos.

No Brasil, estudos abrangendo grandes distâncias da costa com outras espécies de camarões, também revelaram a existência de estruturação genética. Por exemplo, as populações de *Xiphopenaeus kroyeri* ao longo da costa sudeste do Brasil mostraram ser estruturadas ( $F_{st}=0,223$ ) devido principalmente à diferenciação entre a população de São Paulo e aquelas do Rio de Janeiro e Espírito Santo, possivelmente em função da variação da temperatura oceânica (Voloch & Sole-Cava, 2005). Gusmão *et al.* (2005) encontraram diferenciação entre as populações de *Farfantepenaeus sp.* de Recife e aquelas de Fortaleza e Ilhéus, enquanto que a espécie *F. paulensis* se diferenciou entre Lagoa dos Patos e duas localidades do Sudeste do Brasil.

Estudos realizados com a espécie *L. schmitti* apontam para diferentes níveis de estruturação populacional. Maggioni *et al.* (2003) encontraram uma estruturação baixa ( $F_{ST}=0,006$ ), mas significativa, na análise de oito pontos ao longo da costa brasileira, revelando uma discontinuidade em torno da barreira biogeográfica próxima a Cabo Frio. O número de alelos encontrados pelos autores para alguns dos mesmos locos utilizados neste trabalho, foram relativamente maiores para Pse028, Pse036 e Lsc005, devido provavelmente ao fato da área de amostragem ter sido mais ampla. Gusmão *et al.* (2005) em um estudo ao longo de 4000 km da costa brasileira sobre a estruturação das principais espécies de camarões explorados comercialmente, não encontraram heterogeneidade populacional para *L. schmitti*. Borrel *et al.* (2004) estudando as populações

cubanas de *L. schmitti* também observaram pouca diferenciação entre elas ( $F_{ST}=0,012$ ). Arena *et al.* (2003) através de análises isoenzimáticas e de seqüências 16S do DNA mitocondrial encontraram uma maior diferenciação dentro que entre as populações do México e de Cuba.

O valor médio de  $F_{ST}$  observado para as populações brasileiras de *L. schmitti* ( $F_{ST}=0,024$ , Gusmão *et al.* (2005) e 0,006, Maggioni *et al.* (2003)) está dentro da faixa reportada para as populações Cubanas da mesma espécie, utilizando alozimas ( $F_{ST}=0,021-0,038$ ; López *et al.* (2003)) e microssatélites ( $F_{ST}=0,005-0,060$ , Borrel *et al.*, 2004). Entretanto, o estudo em fina escala evidenciou uma estruturação bem definida entre as populações de *L. schmitti* amostradas na costa do Rio Grande do Norte, corroborando a hipótese de que a panmixia nem sempre é a regra para organismos marinhos, principalmente quando as populações estão associadas a diferentes habitats e influências antrópicas.

O alto percentual de indivíduos que foram corretamente destinados às suas populações de origem e o alto percentual deles que foram excluídos como possíveis membros de outras populações, confirmaram a existência de diferenciação genética entre os estoques.

A ausência de migrantes entre Diogo Lopes e Baía Formosa pode ser explicada pela relação entre o tempo de desenvolvimento larval e o tempo necessário para as larvas migrarem entre essas localidades. Durante as últimas etapas larvais, aproximadamente 3 semanas após a liberação dos ovos, o animal inicia uma migração em busca de zonas adequadas para a nutrição nas águas estuarinas. De acordo com Dall *et al.* (1990), em um período larval de 2 semanas, foi estimado um deslocamento de aproximadamente 70 – 100 km, suficiente para que a larva se desloque das áreas mais afastadas para as regiões estuarinas. Dessa forma, pode ser que, quando elas cheguem em Touros, já esteja no momento de entrar no estuário para continuar seu desenvolvimento.

O comportamento da região de Touros como uma área de miscigenação entre Baía Formosa e Diogo Lopes, pode estar proporcionando a formação de híbridos e conseqüentemente levando os indivíduos desta localidade a apresentarem os maiores valores para as variáveis peso e comprimento total do corpo.

A diferenciação entre elas também pode ser atribuída à deriva genética, cujo efeito pode estar sendo intensificado pelo reduzido tamanho populacional efetivo comum nos organismos marinhos. Então, é o balanço entre a deriva e o fluxo gênico que irá determinar a variação genética existente (Hartl, 1981).

Os resultados obtidos a partir da análise dos dados morfométricos corroboraram a estruturação das populações, apontando principalmente as diferenças existentes entre a população de Baía Formosa e aquelas de Touros e Diogo Lopes. A eficiência da análise discriminante na



diferenciação de populações também foi comprovada por Hontoria & Amat (1992a,b), que conseguiram classificar 25 populações de *Artemia* da América em quatro grupos. Seus resultados demonstraram que esta técnica pode separar grupos de populações que estão geograficamente próximas e compartilham ambientes similares.

Essa diferença na composição genética e nas características morfológicas dos estoques das localidades amostradas foi melhor evidenciada pelas fêmeas que pelos machos, diferentemente do encontrado por Camargo *et al.* (2003), que conseguiram uma melhor classificação para grupos geográficos de várias populações de *Artemia* da Costa Colombiana do Caribe utilizando medidas corporais de machos.

As fêmeas, então, se apresentaram tanto geneticamente como morfológicamente mais estruturadas que os machos. Uma possível explicação para este resultado é o fato delas permanecerem mais tempo próximas aos estuários, regiões ricas em nutrientes, por necessitarem de mais energia para a reprodução e desenvolvimento (UFPB, 1999 *apud* Santos, 2002). Dessa forma, as fêmeas ficariam associadas a uma determinada região estuarina, não se dispersando tanto para outras áreas. Corroborando esses dados, os testes de *assignment* indicaram que a maior parte dos indivíduos migrantes eram machos, apresentando um número de migrantes aproximadamente 1,5 vezes maior que as fêmeas.

Esses são os mesmos motivos que levam aos desvios na razão sexual encontrados nas amostras das três áreas de estudo, onde foram registrados 61,11%; 64%; 65,38% de fêmeas em Diogo Lopes, Baía Formosa e Touros, respectivamente. Essa característica é extensivamente relatada na literatura com respeito aos camarões peneídeos. Além disso, como destacado por Santos (2002), tal fato pode ser justificado também por tratar-se de camarões coletados em região estuarina, já que parece existir uma tendência crescente da ocupação de fêmeas nos estuários e águas rasas da plataforma continental, o que é corroborado por UFPB (1999) *apud* Santos (2002), que registrou 43,8% de fêmeas provenientes das amostras obtidas nas áreas mais afastadas da costa, ao largo do litoral norte da Paraíba, enquanto que houve uma frequência de 88,5% nos arrastos de beira de praia.

Os maiores valores para a variável peso observados em Touros e Baía Formosa podem estar associados à maior disponibilidade de nutrientes carregados pela chuva nos diferentes locais de coleta, uma vez que estas localidades apresentam altos índices pluviométricos. Dentre os valores do peso, as maiores medidas foram observadas para as fêmeas, característica comum na maioria das espécies animais e estabelecido para grupos como as aranhas, os insetos, os peixes, os anfíbios e os répteis. Este fato pode ser explicado pelo modelo de “vantagem na fecundação”, que assume que a

fecundidade aumenta proporcionalmente ao aumento do tamanho corporal da fêmea (Shine, 1988).

A presença de dimorfismo sexual em relação ao tamanho dos camarões marinhos, fato bastante reportado na literatura, tendo a fêmea tamanhos e pesos superiores aos machos, também pôde ser verificada para exemplares de diversas espécies de camarões marinhos coletados no estuário do rio Caeté, Bragança, Pará (Martinelli, 2005) e para o camarão de água doce *Macrobrachium nobilii* (Mariappan & Balasundaram, 2004).

O presente trabalho mostrou que as populações de camarões da costa brasileira podem ser genética e morfologicamente distintas mesmo entre distâncias geográficas pequenas, reforçando o importante papel dos estuários para a manutenção da diversidade genética.

Um manejo efetivo deste recurso deve considerar a distribuição regional dos camarões, pois suas populações podem ser diferenciadas mesmo a pequenas distâncias. A existência de populações diferenciadas dentro de uma espécie impõe a necessidade de um manejo de pesca específico para determinada área devido ao fato dos diferentes *pools* gênicos terem que ser tratados separadamente nas políticas de manejo, de acordo com suas características genéticas, populacionais e ambientais (Lester, 1979).

## 7. CONCLUSÕES

- a) A análise em fina escala de três populações de *Litopenaeus schmitti* da costa do Rio Grande do Norte, Brasil, evidenciou que as populações podem ser genética e morfologicamente distintas mesmo entre pequenas distâncias geográficas;
- b) Existe uma dispersão diferencial entre os sexos, ou seja, as fêmeas dispersam menos que os machos, possivelmente pelo fato delas permanecerem mais tempo próximas aos estuários para a reprodução e desenvolvimento;
- c) As fêmeas de *L. schmitti* são genética e morfologicamente mais estruturadas que os machos;
- d) É provável que exista uma relação entre a condição ambiental do estuário e os níveis de variabilidade genética (como riqueza e número de alelos exclusivos) nas populações de *L. schmitti*;
- e) As correntes oceânicas, as características dos estuários associados a cada população do camarão branco e o tipo de ciclo de vida apresentado por este organismo, parecem ser os principais fatores determinantes dos níveis de estruturação populacional;
- f) Touros se caracteriza como uma área de intenso fluxo gênico;
- g) Existe uma maior diferenciação da população de Baía Formosa em relação às de Touros e Diogo Lopes;
- h) A existência de populações diferenciadas ao longo da costa do Rio Grande do Norte torna necessária a elaboração e aplicação de um manejo de pesca regional, focado nas características específicas de cada estoque de *L. schmitti*, para que assim a pesca se torne sustentável e menos impactante.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abello, P.; Pertierra, J.P.; Reid, D.G. 1990. Sexual dimorphism, relative growth and handedness in *Liocarcinus depurator* and *Macropipus tuberculatus* (Brachyura: Portunidae). *Scientia Marina*, 54,195-202.
- Aiken, J.; Rees, N.; Hooker, S.; Holligan, P.; Bale, A.; Robins, D.; Moore, G.; Harris, R.; Pilgrim, D. 2000. Atlantic Meridional Transect (AMT) Programme the Atlantic Meridional Transect: overview and synthesis of data. *Prog. Oceanogr.*, 45, 257 -312.
- Aljanabi, S.M. & Martinez, I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Res.*, 25 (22), 4692-4693.
- Allendorf, F.W.; Leary, R.F. 1986. Heterozygosity and Fitness in Natural Populations of Animals. In: *Conservation Biology-The Science of Scarcity and Diversity* (Soulé, ME ed.). Sinauer associates, INC, Publishers Sunderland, Massachusetts, 57-76.
- Arena, L.; Montalvan, M.; Espinosa, G.; Gaxiola, G.; Sánchez, A.; Van Wormhoudt, A.; Hernández, D.; Díaz, R.; Rosas, C. 2003. Genetic relationship between *Litopenaeus setiferus* (L.) and *L. schmitti* (Burkenroad) determined by using 16S mitochondrial sequences and enzymatic analysis. *Aquaculture research*, 34, 981-990.
- Ariza, D. 1977. *Ecologia Objetiva*, 2ª Ed. Livraria Nobel SA, São Paulo, 127 – 132.
- Aubert, H. & Lightner, D.V. 2000. Identification of genetic populations of the Pacific blue shrimp *Penaeus stylirostris* of the Gulf of California, Mexico. *Marine Biology*, 137, 875-885.

- Avise, J.C. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman & Hall, New York.
- Bachtrog, D.; Agis, M.; Imhof, M.; Schlotterer, C. 2000. Microsatellite variability differs between dinucleotide repeat motifs - Evidence from *Drosophila melanogaster*. *Molecular Biology and Evolution*, 17, 1277-1285.
- Ball, A.O.; Leonard, S.; Chapman, R.W. 1998. Characterization of (GT)<sub>n</sub> from native white shrimp (*Penaeus setiferus*). *Molecular Ecology*, 7, 1251-1253.
- Ball, A.O.; Chapman, R.W. 2003. Population genetic analysis of white shrimp, *Litopenaeus setiferus*, using microsatellite genetic markers. *Molecular Ecology*, 12, 2319-2330.
- Bedier, E.; Cochard, J.C.; Le Moullac, G.; Patrois, J. 1998. Selective breeding and pathology in penaeid shrimp culture: the genetic approach to pathogen resistance. *Journal of the World Aquaculture Society*, 29, 46-51.
- Begg, G.; Friedland, K.D.; Pearce, J.B. 1999. Stock Identification – its role in stock assessment and fisheries management. *Fish. Res.*, 43, 1–8.
- Bentzen, P.; Taggart, C.T.; Ruzzante, D.E.; Cook, D. 1996. Microsatellite polymorphism and the population structure of Atlantic cod (*Gadus morhua*) in the northwest Atlantic. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53, 2706-2721.
- Benzie, J.A.H.; Frusher, S.; Ballment, E. 1992. Geographical variation in allozyme frequencies of *Penaeus monodon* (Crustacea:Decapoda) populations in Australia. *Aust. J. Mar. Freshwater Res.*, 43, 715-725.
- Benzie, J.A.H. 2000. Population genetic structure in penaeid prawns. *Aquaculture Research*, 31, 95-119.

- Bermingham, E. & Moritz, C. 1998. Comparative phylogeography: concepts and applications. *Molecular Ecology*, 7, 367-369.
- Boerema, L.K. 1980. Expected effects of possible regulatory measures in the shrimp fishery with special reference to fisheries of the Guianas and Northern Brazil. *In*: Gulland, J.A. & Rothschild, B.J. (eds.) *Penaeid shrimps: their biology and management*. Fishing News Books Ltd., 276 p.
- Borrel, Y.; Espinosa, G.; Romo, J.; Blanco, G.; Vázquez, E.; Sánchez, J.A. 2004. DNA microsatellite variability and genetic differentiation among natural populations of the Cuban white shrimp *Litopenaeus schmitti*. *Mar. Biol.*, 144, 327 – 333.
- Bouzat, J.L.; Cheng, H.H.; Lewin, H.A.; Westemeier, R.L.; Brawn, J.D.; Paige, A.K.N. 1998. Genetic Evaluation of a Demographic Bottleneck in the Greater Prairie Chicken. *Conservation Biology*, 12, 836-843.
- Bray, W.A.; Lawrence, A.L.; Lester, L.J.; Smith, L. 1990. Hybridization of *Penaeus setiferus* (Linnaeus, 1767) and *P. schmitti* (Bunkenroad, 1936) Decapoda. *Journal of Crustacean Biology* 10, 278-283.
- Brooker, A.L.; Benzie, J.A.H.; Blair, D.; Versini, J.J. 1999. Population structure of the giant tiger prawn *Penaeus monodon* in Australian waters, determined using microsatellite markers. *Mar. Biol.*, 136, 149-157.
- Browdy, C.L.; Stokes, A.D.; Hopkins, J.S.; Sandifer, P.A. 1991. Evaluation of intensive pond mono-and polyculture of *Penaeus setiferus* and *P. vannamei* in South Carolina. *Journal of the World Aquaculture Society*, 22, 16-26.
- Brown, B.E.; Darcy, G.H.; Overholtz, W. 1987. Stock assessment/stock identification: an interactive process. *In*: Proceedings of the Stock Identification Workshop. (Kumpf HE, Vaught RN, Grimes CB, Johnson AG & Nakamura, eds.) El. NOAA Tech. Mem., 199, 1–25.

- Burton, R.S. 1983. Protein polymorphisms and genetic differentiation of marine invertebrate populations. *Mar. Biol. Lett.* 4, 193-206.
- Caddy, J.F. 1979. Some considerations underlying definitions of catchability and fishing effort in shellfish fisheries, and their relevance for stock assessment purposes. In: Gulland, J.A. & Rothschild, B.J. (eds) *Penaeid shrimps – their biology and management*. Fishing News Books Ltda, England, 173-186.
- Cadrin, S.X. 2000. Advances in morphometric identification of fishery stocks. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 10, 91–112.
- Callen, D.F.; Thompson, A.D.; Shen, Y. 1993. Incidence and origin of ‘null alleles’ in the (AC)<sub>n</sub> microsatellite markers. *American Journal of Human Genetics*, 52, 922 – 927.
- Camargo, W.N.; Ely, J.S.; Sorgeloos, P. 2003. Morphometric characterization of thalassohaline *Artemia franciscana* populations from the Colombian Caribbean. *Journal of Biogeography*, 30, 697–702.
- Carvalho, G.R. & Hauser, L. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Rev. Fish. Bio. Fish.*, 4, 326–350.
- Cegelski, C.C.; Waits, L.P.; Anderson, N.J. 2003. Assessing population structure and gene flow in Montana wolverines (*Gulo gulo*) using assignment-based approaches. *Mol. Ecol.*, 12, 2907-2918.
- CEPENE. Disponível em: <http://www.ibama.gov.br/cepene>. Acessado em março de 2006.
- Chace, F.A.; Bruce, A.J. 1993. The caridean shrimps (Crustacea, Decapoda) of the Albatross Philippine Expedition, 1907-1910, Part 6: Superfamily Palaemonidae. *Smithsonian Contribution to Zoology*, 543, 1-152.

- Coelho, P.A.; Santos, M.C.F. 1994. Ciclo biológico de *Penaeus schmitti* (Burkenroad) em Pernambuco (Crustacea, Decapoda, Penaeidae). Bol. Tecn. Cient. CEPENE, Rio Formoso, 2 (1), 35-50.
- Coelho, P.A. & Santos, M.C. 1995. Época de reprodução dos camarões *Penaeus schmitti* Burkenroad, 1936 e *Penaeus subtilis* Pérez-Farfante, 1967 (Crustacea, Decapoda, Penaeidae), na região da foz do Rio São Francisco. Bol. Técn. Cient. CEPENE, Tamandaré, 3, 122 – 140.
- Cornuet, J.M.; Luikart, G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144, 2001-2014.
- Dall, W.; Hill, B.J.; Rothlisberg, P.C.; Sharples, D.J. 1990. The biology of Penaeidae. *Advances in Marine Biology*, Vol. 27, (Blaxter JHS, Southward AJ, eds.). Academic Press, London, 489 p.
- Davidson, F.A. 1935. The development of secondary sexual characters in the pink salmon (*Oncorhynchus gorbucha*). *J. Morphol.*, 57, 169–183.
- Dias-Neto, J.; Dornelles, L.C.C. 1996. Diagnóstico da pesca marítima do Brasil. Coleção Meio Ambiente. Série Estudos de Pesca, 20, IBAMA, Brasília, 165 p.
- Diegues, A.C.S. 1983. Pescadores, Camponeses e Trabalhadores do Mar. Ensaio 94, Ed. Ática, São Paulo, 287 p.
- Dobkin, S. 1961. Early development stages of pink shrimp, *Penaeus Duodarum*, from Florida waters. US Fish. and Wild, Serv. Fish. Bull., 190 (61), 321-349.
- Espinosa, G.; Diaz, F.R.; Paez, C.J.; Prats, H.R.M.; Labacena M.E. 1996. Biochemical-genetics analysis of the population of *Penaeus notialis* from La Ensenada de la Broa, Cuba. *Rev. Invest. Mar.*, 17, 37-43.



- Espinosa, G.; Pager, M.; Machado, E.; Borrel, Y.; Corona, N.; Robainas, A.; Deutsch, J. 2001. Microsatellites from the White Shrimp *Litopenaeus schmitti* (Crustacea, Decapoda). *Biotechnol. Apl.*, 18, 19-22.
- Ewald, J.J. 1967. Estudios sobre la biología del camarón blanco, *Penaeus schmitti* Burkenroad. *Acta Científica Venezolana*, Supl. 3, 190-200.
- FAO. 2002. The living marine resources of the western central Atlantic. Vol.1: Introduction, mollusks, crustaceans, hagfishes, sharks, batoid fishes and chimaeras. In: *Fao species identification guide for fishery purposes and American society of ichthyologists and herpetologists*. Special publication n° 5, (Carpenter KE, ed.), Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- Féral, J.P. 2002. How useful are the genetic markers in attempts to understand and manage marine biodiversity? *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 268, 121 – 145.
- Forbes, A.T.; Demetriades, N.T.; Benzie, J.A.H.; Ballment, E. 1999. Allozyme frequencies indicate little geographic variation amongst stocks of the giant tiger prawn, *Penaeus monodon*, in the south-east Indian Ocean. *S. Afr. J. Mar. Biol.*, 21, 271-277.
- Fullard, K.J.; Early, G.; Heide-Jørgensen, M.P.; Block, D.; Rosing-Asvid, A.; Amos, W. 2000 Population structure of long-finned pilot whales in the North Atlantic: a correlation with sea surface temperature? *Mol. Ecol*, 9, 949 -958.
- Frankham, R. 1995. Conservation Genetics. *Annual Review of Genetics*, 29, 305 – 327.
- Franklin, I.R. 1980. Evolutionary Changes in Small Populations. In: *Conservation Biology – An Evolutionary, Ecological Perspective*.

- Freire, F.A.M.; Oliveira, J.E.L.; Pinheiro, A.P.; Vieira, K.R.R. 1999. Relação da Pluviometria com a produção de lagostas (*Panulirus argus* e *Panulirus laevicauda*) no estado do Rio Grande do Norte. Anais do XI CONBEP e do I CONLAEP. Vol. 1, Recife, 518 – 523.
- Gamba, A.L.& Rodríguez, G. 1987. Migratory behavior of postlarval white, *Penaeus schmitti*, and river shrimps, *Macrobrachium olfersi* and *Macrobrachium acanthurus* in their zone of overlap in a tropical lagoon. Bulletin of Marine Science, 40(3), 454-463.
- García-Machado, E.; Robainas, A.; Espinosa, G.; Oliva, M.; Paez, J.; Verdecia, N.; Monnerot, M. 2001. Allozyme and mitochondrial DNA variation in Cuban populations of the shrimp *Farfantepenaeus notialis* (Crustacea: Decapoda). Mar. Biol., 138, 701-707.
- Garrod, J.D. & Horwood, J.W. 1984. Reproductive strategies and the response to exploitation. In: *Fish Reproduction* (Potts, GW & Wootton RJ, eds.). Academic Press, 367–384.
- Goes, M.; Molinari, R.; Silveira, I.; Wainer, I.; 2005. Retroreflections of the North Brazil Current during February 2002. Deep-Sea Res., I, 52, 647–667.
- Goldstein, D.B.; Schlotterer, C. 1999. *Microsatellites: Evolution and applications*. Oxford, Oxford University Press.
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test diversities and fixation indices (version 2.9.3). Disponível em: <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
- Gould, S. J.; Johnston, R.F. 1972. Geographic variation. Ann. Rev. Ecol. Syst. 3, 457–498.
- Grantham, B.A.; Eckert, G.; Shanks, A. 2003. Dispersal potential of marine invertebrates in diverse habitats. Ecological Applications, 13(1), Supplement, S108–S116.

- Grosberg, R.K. & Cunningham, C.W. 2001. Genetic structure in the sea: from populations to communities, 61-84. In: Marine Community Ecology (Bertness, MD, Gaines S, Hay, ME, eds.), Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Gulland, J.A. & Rothschild, B.J. 1984. Penaeid shrimps: their biology and management. Fishing News Books Ltd., 276 p.
- Guo, S.W.; Thompson, E.A. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics*, 48,361-372.
- Gusmão, J. 2001. Sistemática molecular e genética populacional de espécies brasileiras de camarão (*Penaeus*: Decapoda: Penaeidae). Tese de Doutorado, Universidade do Brasil, Rio de Janeiro.
- Gusmão, J.; Lazoski, C.; Solé-Cava, A.M. 2005. Population genetic structure of Brazilian shrimp species (*Farfantepenaeus* sp., *F. brasiliensis*, *F. paulensis* and *Litopenaeus schmitti*: Decapoda: Penaeidae). *Gen. Mol. Biol.*, 28, 1, 165-171.
- Harr, B.; Zangerl, B.; Schlotterer, C. 2000. Removal of microsatellite interruptions by DNA replication slippage: phylogenetic evidence from *Drosophila*. *Molecular Biology and Evolution*, 17, 1001-1009.
- Hare, M.P.; Karl, S.A.; Avise, J.C. 1996. Anonymous nuclear DNA markers in the American oyster and their implications for the heterozygote deficiency phenomenon in marine bivalves. *Mol. Biol. Evol.*, 13, 334-345.
- Hastings, A. & Botsford, L.W. 2003. Comparing Designs of Marine Reserves for Fisheries and for Biodiversity. *Ecological Applications*, 13(1) Supplement, 2003, S65–S70.
- Hartl, D.L. 1981. *A primer of Population Genetics*. Sinauer Associates, INC. Sunderland, Massachusetts, 191 p.

- Hartl, D.L.; Clark, A.G. 1989. Principles of population genetics. Sinauer, Sunderland, MA.
- Hartnoll, R.G. 1974. Variation in growth pattern between some secondary sexual characters in crabs (Decapoda, Brachyura). *Crustaceana* 27 (2), 131-136.
- Hedgecock, D. 1986. Is gene flow pelagic larval dispersal important in the adaptation and evolution of marine invertebrates? *Bull. Mar. Sci.*, 39, 550-564.
- Hontoria, F. & Amat, F. 1992(a). Morphological characterization of adult *Artemia* (Crustacea, Branchiopoda) from different geographical origin Mediterranean populations. *Journal of Plankton Research*, 14, 949–959.
- Hontoria, F. & Amat, F. 1992(b). Morphological characterization of adult *Artemia* (Crustacea, Branchiopoda) from different geographical origins American populations. *Journal of Plankton Research*, 14, 1461-1471.
- Hughes, J.B.; Daily, G.C.; Ehrlich, P.R. 1997. Population diversity: its extent and extinction. *Science*, 278, 689-694.
- IBAMA. 2002. Geo Brasil 2002. Perspectivas do meio ambiente no Brasil. Org. Thereza Christina Carvalho Santos e João Batista Drummond Câmara. Ed. IBAMA, Brasília, DF.
- IBAMA. 2004. Estatística da pesca 2002, Brasil, Grandes regiões e unidades da federação. Ministério do Meio Ambiente. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis, DIFAP/CEPENE, 129 p.
- IBAMA. 2005. Estatística da Pesca 2004 – Brasil. Grandes regiões e unidades da federação. Ministério do Meio Ambiente, Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis, Brasília, DF, 98 p.

- ICES (International Council for the Exploration of the Sea) (1996) Report of the study group on stock identification protocols for finfish and shellfish stocks. ICES C.M.M.
- IDEMA – Instituto de Desenvolvimento Econômico e Meio Ambiente do Rio Grande do Norte. Disponível em [http:// www.idema.rn.gov.br](http://www.idema.rn.gov.br). Acessado em março de 2006.
- Ihssen, P.E.; Bodre, H.F.; Casselman, J.M.; McGlade, J.M.; Payne, N.R.; Utter, F.M. 1981. Stock identification: materials and methods. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 38, 1838–1855.
- Jayachandran, K.V. 1998. The taxonomic status of *Macrobrachium birmanicum* (Schenkel) and *M. choprai* (Tiwari) with a note on closely related species. *Indian J. Fish.*, 45, (3), 345-348.
- Kark, S.; Alkon, P.U.; Safrieli, U.N.; Randi, E. 1999. Conservation priorities for Chukar partridge in Israel based on genetic diversity across an ecological gradient. *Conservation Biology*, 13, 542-552.
- King, D.P.F. 1985. Morphological and meristic differences between spawning aggregations of northeast Atlantic herring *Clupea harengus*. *L. J. Fish Biol.*, 26, 591–607.
- Kruglyak, S.; Durrett, R.; Schug, M.D.; Aquadro, C.F. 2000. Distribution and abundance of microsatellites in the yeast genome can be explained by a balance between slippage events and point mutations. *Molecular Biology and Evolution*, 17, 1210-1219.
- Kumpf, H.E.; Vaught, R.N.; Grimes, C.B.; Johnston, A.G.; Nakamura, E.L. 1987. Proceedings of the Stock Identification Workshop. NOAA Tech. Mem. NMFS-SEFC 199.
- Kyle, C.J.; Boulding, E.G. 2000. Comparative population genetic structure of marine gastropods (*Littorina spp.*) with and without pelagic larval dispersal. *Mar. Biol.*, 137, 835-845.

- Lacy, R.C. 1997. The importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. *Journal of Mammalogy*, 78, 320-335.
- Lande, R.; Barrowclough, G. 1987. Effective population size, genetic variation, and their use in population management. In: Soulé, M.E. (ed.) *Viable Populations for Conservation*, Cambridge University Press, 87-123.
- Largier, J.L. 2003. Considerations In Estimating Larval Dispersal Distances From Oceanographic Data. *Ecological Applications*, 13(1) Supplement, 2003, S71–S89.
- Lester, L.J. 1979. Population genetics of penaeid shrimp from the Gulf of Mexico. *J Hered*, 70, 175-180.
- Levene, H. 1949. On a matching problem arising in genetics. *Ann. Math. Stat.*, 20, 91-94
- López, G.E.; Díaz-Fernández, R.; Zuñiga, U.B.; Matos, J.; Ramos, J.R.; Pichs, Y.B. 2003. Análisis Poblacional del camarón blanco cubano (*Litopenaeus schmitti*) utilizando aloenzimas como marcadores genéticos. *Rev. Invest. Mar.*, 24(1), 11-16.
- Maggioni, R.; Rogers, A.D.; Maclean, N. 2003. Population Structure of *Litopenaeus schmitti* (Decapoda: Penaeidae) from the Brazilian coast identified using six polymorphic microsatellite loci. *Mol. Ecol.*, 12, 3213 – 3217.
- Manly, B.F.J. 1994. *Multivariate Statistical Methods, a primer*. Second Ed., Chapman & Hall, London, 215 p.
- Mariappan, P. & Balasundaram, C. 2004. Studies on the Morphometry of *Macrobrachium nobilii* (Decapoda, Palaemonidae). *Brazilian Archives Of Biology And Technology*, 47, (3), 441-449.
- Martinelli, J.M. 2005. Estrutura populacional dos camarões Penaeidae no estuário do rio Caeté, litoral Norte do Brasil. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Pará, 174 p.

- Mattoccia, M.; La Rosa, G.; De Matthaeis, E.; Cobolli Sbordoni, M.; Sbordoni, V. 1987. Patterns of genetic variation and differentiation in Mediterranean populations of *Penaeus kerathurus* (Crustacea: Decapoda). In: Tiews, K. (ed) Selection, Hybridisation and Genetic Engineering in Aquaculture. ICES, Copenhagen, pp 131-142.
- McMillen-Jackson, A.L.; Bert, T.M. 2003. Disparate patterns of population genetic structure and population history in two sympatric penaeid shrimp species (*Farfantepenaeus aztecus* and *Litopenaeus setiferus*) in the eastern United States. *Mol. Ecol.*, 12, 2895-2905.
- Moritz, C.; Faith, D.P.; 1998. Comparative phylogeography and identification of genetically divergent areas for conservation. *Molecular Ecology*, 7, 419-429.
- Mulley, J.C. & Latter, B.D.H. 1980. Genetic variation and evolutionary relationships within a group of thirteen species of penaeid prawns. *Evolution*, 34, 904-916.
- Mulley, J.C & Latter, B.D.H. 1981(a). Geographic differentiation of eastern Australian prawn populations. *Aust. J. Mar. Fresh. Res.*, 32, 889-895.
- Mulley, J.C. & Latter, B.D.H. 1981(b). Geographic differentiation of tropical Australian prawn populations. *Aust. J. Mar. Fresh. Res.*, 32, 895-906.
- Neigel, J.E. 1997. A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 28, 105-128.
- Neiva, G.S.; Moura, S.J.C. 1977. Sumário sobre a exploração de recursos marinhos do litoral brasileiro: situação atual e perspectivas. PDP, Série Documentos Opcionais, 27, 44p.
- Norse, E.A. 1993. *Global Marine Biological Diversity. A strategy for building conservation into decision making.* Island Press, Washington, DC.

- O' Reilly, P.T.; Hamilton, L.; McConnell, S.K.; Wright, J.M. 1996. Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of tetranucleotide and dinucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53, 2292-2298.
- O' Reilly, P.T.; Canino, M.F.; Bailey, K.M.; Bentzen, P. 2000. Isolation of twenty low stutter di- and tetranucleotide microsatellites for populations analyses of walleye Pollock and other gadoids. *Journal of Fish Biology*, 56, 1074-1086.
- Paetkau, D.; Calvert, W.; Stirling, L.; Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Mol. Ecol.*, 4, 347-354.
- Paetkau, D.; Slade, R.; Burdens, M.; Estoup, A. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol. Ecol.*, 13, 55-65.
- Palumbi, S.R. 1994. Genetic divergence, reproductive isolation and marine speciation. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 25, 547-572.
- Palumbi, S.R. 2003. Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. *Ecological Applications*, 13(1) Supplement, 2003, S146–S158.
- Paquette, P.; Chim, L.; Martin, J.L.M.; Lemos, E.; Stern, M.; Tosta, G. 1998. Intensive culture of shrimp *Penaeus vannamei* in floating cages: zootechnical, economic and environmental aspects. *Aquaculture*, 164, 151-166.
- Passavante, J.Z.O. 1989. Primary production of phytoplankton from Santa Cruz Channel (Brazil). *Trab. Oceanogr., Univ. Fed. PE*, 20, 155-172.



- Pawson, M.G. & Jennings, S. 1996. A critique of methods for stock identification in marine capture fisheries. *Fish. Res.*, 25, 203–217.
- Pearson, J.C. 1939. The early life histories of some American Penaeidae, chiefly the commercial shrimp, *Penaeus setiferus* (Linn.). *Bull. US Bur. Fisheries*, 30, 49, 1-73.
- Penn, J.W. 1984. The behavior and catchability of some commercially exploited penaeids and their relationship to stock and recruitment. In: Gulland, J.A. & Rothschild, B.J. (eds.) *Penaeid shrimps: their biology and management*. Fishing News Books Ltd., 276 p.
- Pérez-Farfante, I. 1970. Sinopsis de datos biológicos sobre el camarón blanco *Penaeus schmitti* Burkenroad, 1936. *FAO Fishery Reports*, 37 (4), 1417-1438.
- Pérez-Farfante, I. & Kensley, B. 1997. Peneoid and Sergestoid shrimps and prawns of the world. Keys and diagnosis for the families and genera. *Éditions du Muséum National d'Historie Naturalie*, Paris, 233 p.
- Pritchard, J.K.; Matthew, S.; Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.
- Ramos, L.; Espejo, M.; Samada, S.; Perez, L. 1995. Maturation and reproduction of pond-reared *Penaeus schmitti*. *Journal of the World Aquaculture Society*, 26, 183-184.
- Rannala, B.; Mountain, J.L. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A*, 94, 9197-9201.
- Racek, A.A. 1959 Prawn investigations in eastern Australia. In: Gulland, J.A. & Rothschild, B.J. (eds.) *Penaeid shrimps – their biology and management*, 173-186 . Fishing News Books Ltda, England.

- Raymond, M.; Rousset, F. 1995. Genepop (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenecism. *J. Hered.*, 86, 248 – 249.
- Reeb, C.A.; Avise, J.C. 1990. A genetic discontinuity in a continuously distributed species: Mitochondrial DNA in the American oyster, *Crassostrea virginica*. *Genetics* 124, 397-406.
- Rice, W.R. 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43, 223-225.
- Richardson, B.J. 1982. Geographical distribution of electroporetically detected protein variation in the Australian commercial fishes. III. Western king prawn, *Penaeus latisulcatus* Kishinouye. *Aust. J. Mar. Fresh. Res.*, 33, 933 – 937.
- Rothlisberg, P.C.; Jackson C.J.; Pendrey R.C. 1985. Distribution and abundance of early penaeid larvae in the Gulf of Carpentaria, Australia. In: Rothlisberg, P.C.; Hill, B.J.; Staples, D.J. (eds) *Second Australian National Prawn Seminar NPS2*. Cleveland, Australia, 23–30.
- Royce, W.F. 1957. Statistical comparison of morphological data. In: Marr, J.C. (ed.) *Contributions to the Study of Subpopulations of Fishes*. U.S. Fish and Wildlife Serv. Spec. Sci. Rep. Fisheries, 208, 7–28.
- Russo, C.A.M.; Solé-Cava, A.M.; Thorpe, J.P. 1994. Population structure and genetic variation in two tropical sea anemones (Cnidaria, Actinidae) with different reproductive strategies. *Mar. Biol.*, 119, 267-276.
- Sandifer, P.A.; Hopkins, S.J.; Stokes, A.D.; Browdy, C.L. 1993 Preliminary comparison of the native *Penaeus setiferus* and pacific *P. vannamei* white shrimp for the pond culture in South Carolina, USA. *Journal of the World Aquaculture Society* 24, 295 – 303.
- Santos, M.C.F. 2000. Biologia e Pesca de Camarões Marinhos ao largo de Maragogi (Alagoas, Brasil). *Bol. Técn. Cient. CEPENE*, 8 (1), 7 -38.

- Santos, M.C.F. 2002. Biologia populacional e manejo da pesca do camarão branco *Litopenaeus schmitti* (Burkenroad, 1936) (Crustácea: Decapoda: Penaeidae) no nordeste oriental do Brasil. Tese de doutorado, Universidade Federal de Pernambuco, 200 p.
- Schuelke, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nat. Biotechnol.*, 18, 233–234.
- Shine, R. 1988. The evolution of large body size in females: a critique of Darwin's "Fecundity advantage" model. *The American Naturalist*, 131(1), 124-131.
- Silva, M.R. 2004. Povos de terra e água: a comunidade pesqueira Canto do Mangue, Canguaretama (RN) – Brasil. Dissertação de mestrado, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 126 p.
- Silva, P.C.M. 1972. O problema da pesca no Brasil. In: Estudos do mar brasileiro. Rio de Janeiro, Renes, 7-44 p.
- Silva, O. 1977. Aspectos Bioecológicos e Pesqueiros de três espécies de camarões do gênero *Penaeus* nas costas do estado do Rio de Janeiro e Experimentos de Cultivo. Dissertação de mestrado, Pós-Graduação em Zoologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ.
- Slatkin, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, 236, 787 – 792.
- Smith, T.B.; Wayne, R.K.; Girman, D.J.; Bruford, M.W. 1997 A role for ecotones in generating rainforest biodiversity. *Science*, 276, 1855-1857.
- Solbrig, O.T. 1991. From genes to ecosystems: a research agenda for biodiversity. Report of a IUBS-SCOPE-UNESCO Workshop, Harvard Forest, Petersham, MA, 27 June – 1<sup>st</sup> July 1991, Cambridge, MA.

- Soulé, M.E. 1980. Thresholds for survival: maintaining the fitness and evolutionary potential. In: Soulé ME & Wilcox B (eds) Conservation Biology - An Evolutionary and Ecological Perspective, Sinauer Associates, INC Publishers, Sunderland, Massachusetts. 151-170.
- Souza, J. 2001. Desempenho da Pesca e da Aqüicultura. Síntese anual da agricultura de Santa Catarina Instituto CEPA/SC, 150-153.
- Suzuki, H. & Kusamura, T. 1997. Reexamination of the diagnostic characters of two freshwater palaemonid prawns, *Macrobrachium nipponense* (DeHaan, 1849) and *M. formosense* Bate, 1868 (Decapoda, Caridae) from Japan. *Crustaceana*, 70, 831-839.
- StatSoft Inc. 2001. STATISTICA (data analysis software system), version 6. [www.statsoft.com](http://www.statsoft.com).
- Tabachnick, B.G. & Fidell, L.S. 1989. *Using Multivariate Statistics*. Harper Row and Collins, 746 p.
- Templeman, W. 1982. Stock discrimination in marine fishes. NAFO SCR Doc., 82/IX/79.
- Templeton, A.R.; Robertson, R.J.; Brisson, J.; Strasburg, J. 2001. Disrupting evolutionary processes: the effect of habitat fragmentation on collared lizards in the Missouri Ozarks. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98, 5426-5432.
- Thorne-Miller, B.; Catena, J. 1991. *The living ocean. Understanding and Protecting Marine Biodiversity*. Island Press, Washington, DC.
- Thorpe, R.S. (1976) Biometric analysis of geographic variation and racial affinities. *Biol. Rev.* 51, 407-452.
- UFPB (Universidade Federal da Paraíba). 1999. Camarões marinhos comerciais do estado da Paraíba: subsídios para uma exploração racional, 80 p.

- Villegas, L.; Dragovich, A. 1994. The Guianas-Brazil shrimp fishery, its problems and management aspects. In: Gulland JA, Rothschild BJ (eds.) *Penaeid shrimps – their biology and management*, p. 60-70 . Fishing New Books Ltda, England.
- Voloch, C.M.; Sole-Cava, A.M. 2005. Genetic structure of the sea-bob shrimp (*Xiphopenaeus kroyeri* Heller, 1862; Decapoda, Penaeidae) along the Brazilian southeastern coast. *Genetics and Molecular Biology*, 28, 2, 254-257.
- Xu Z.; Primavera, J.H.; De La Pena, L.; Petit, P.; Belak, J.; Alcivar-Warren, A. 2001. Genetic diversity of wild and cultured black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in the Philippines using microsatellites. *Aquaculture*, 199, 13-40.
- Waldman, J.R.; Richards, R.A.; Schill, W.B.; Wirgin, I.; Fabrizio, M.C. 1997. An empirical comparison of stock identification techniques applied to striped bass. *Trans. Am. Fish. Soc.*, 126, 369–385.
- Weir, B.S. 1990. Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data. Sinauer, Sunderland, MA.
- Weir, B.S. & Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358-1370
- Wilson, I.J.; Balding, D.J. 1998 Genealogical inference from microsatellite data. *Genetics*, 150, 499-510.
- Wyban, J.; Swingle, J.S.; Sweeney, J.N.; Pruder, G.D. 1993. Specific pathogen free *Penaeus vannamei*. *Journal of the World Aquaculture Society*, 24, 39-45.
- Wirth, T.; Bernatchez, L. 2001 Genetic evidence against panmixia in the European eel. *Nature*, 409, 1037-1040.

## 9. ANEXOS

Tabela 13: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsch3** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

Alelos Lsch3	Diogo Lopes	Baía Formosa	Touros	Média
129	0.010	0.000	0.011	0.007
131	0.019	0.000	0.022	0.014
133	0.010	0.000	0.054	0.020
135	0.019	0.265	0.163	0.146
137	0.202	0.612	0.478	0.425
139	0.510	0.122	0.098	0.252
141	0.000	0.000	0.011	0.003
143	0.019	0.000	0.000	0.007
147	0.019	0.000	0.000	0.007
149	0.077	0.000	0.011	0.031
151	0.010	0.000	0.065	0.024
153	0.000	0.000	0.043	0.014
155	0.019	0.000	0.033	0.017
157	0.029	0.000	0.000	0.010
159	0.000	0.000	0.011	0.003
169	0.019	0.000	0.000	0.007
172	0.019	0.000	0.000	0.007
177	0.019	0.000	0.000	0.007
				<b>Total</b>
Nº alelos observados	15	3	12	18
N	52	49	46	147
<b>Alelos Exclusivos</b>	6	0	3	9

Tabela 14: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsch1** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

Alelos Lsch1	Diogo Lopes	Baía Formosa	Touros	Média
<b>132</b>	<b>0.019</b>	0.000	0.000	0.007
<b>135</b>	<b>0.019</b>	0.000	0.000	0.007
<b>137</b>	0.067	0.000	0.051	0.040
<b>139</b>	0.462	0.571	0.602	0.543
<b>141</b>	0.010	0.020	0.000	0.010
<b>179</b>	<b>0.038</b>	0.000	0.000	0.013
<b>181</b>	0.346	0.408	0.316	0.357
<b>183</b>	<b>0.019</b>	0.000	0.000	0.007
<b>211</b>	<b>0.010</b>	0.000	0.000	0.003
<b>241</b>	<b>0.010</b>	0.000	0.000	0.003
<b>249</b>	0.000	0.000	<b>0.020</b>	0.007
<b>253</b>	0.000	0.000	<b>0.010</b>	0.003
				<b>Total</b>
<b>Alelos observados</b>	10	3	5	12
<b>N</b>	52	49	49	150
<b>Alelos Exclusivos</b>	6	0	2	8

Tabela 15: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsc099** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

<b>Lsc099</b> Alelos	<b>Diogo Lopes</b>	<b>Baía Formosa</b>	<b>Touros</b>	<b>Média</b>
215	0.010	0.000	0.000	0.003
221	0.000	0.010	0.000	0.003
231	0.000	0.000	0.010	0.003
235	0.010	0.010	0.010	0.010
237	0.029	0.031	0.071	0.043
239	0.288	0.245	0.194	0.243
241	0.115	0.337	0.102	0.183
243	0.038	0.102	0.041	0.060
245	0.000	0.051	0.031	0.027
247	0.048	0.031	0.031	0.037
249	0.077	0.071	0.082	0.077
251	0.096	0.051	0.061	0.070
253	0.010	0.020	0.000	0.010
255	0.010	0.000	0.000	0.003
257	0.010	0.000	0.000	0.003
259	0.000	0.000	0.020	0.007
261	0.000	0.000	0.031	0.010
263	0.010	0.000	0.000	0.003
265	0.019	0.020	0.020	0.020
267	0.010	0.010	0.010	0.010
269	0.029	0.010	0.000	0.013
271	0.010	0.000	0.031	0.013
273	0.038	0.000	0.041	0.027
275	0.087	0.000	0.000	0.030
277	0.000	0.000	0.010	0.003
279	0.000	0.000	0.010	0.003
281	0.000	0.000	0.010	0.003
283	0.019	0.000	0.041	0.020
289	0.010	0.000	0.010	0.007
293	0.000	0.000	0.051	0.017
295	0.019	0.000	0.010	0.010
299	0.010	0.000	0.010	0.007
301	0.000	0.000	0.010	0.003
305	0.000	0.000	0.010	0.003
307	0.000	0.000	0.031	0.010



<b>311</b>	0.000	0.000	<b>0.010</b>	0.003
<b>N</b>	52	49	49	150
<b>Nº alelos observados</b>	23	14	28	36
<b>Alelos Exclusivos</b>	5	1	11	17

Tabela 16: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Lsc005** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

<b>Lsc 005 Alelos</b>	<b>Diogo Lopes</b>	<b>Baía Formosa</b>	<b>Touros</b>	<b>Média</b>
<b>105</b>	0.043	0.000	0.167	0.063
<b>107</b>	0.022	0.000	0.064	0.026
<b>109</b>	<b>0.043</b>	0.000	0.000	0.015
<b>111</b>	0.000	0.000	<b>0.013</b>	0.004
<b>123</b>	0.022	0.020	0.038	0.026
<b>125</b>	0.000	0.020	0.013	0.011
<b>127</b>	0.304	0.255	0.244	0.269
<b>129</b>	0.043	0.163	0.026	0.082
<b>131</b>	0.043	0.061	0.038	0.049
<b>133</b>	0.087	0.051	0.038	0.060
<b>135</b>	0.152	0.173	0.128	0.153
<b>137</b>	0.163	0.184	0.154	0.168
<b>139</b>	0.065	0.051	0.051	0.056
<b>141</b>	0.000	0.010	0.013	0.007
<b>143</b>	0.011	0.010	0.000	0.007
<b>147</b>	0.000	0.000	<b>0.013</b>	0.004
				Total
<b>N de alelos</b>	12	11	14	16
<b>N</b>	46	49	39	134
<b>Alelos Exclusivos</b>	1	0	2	3

Tabela 17: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Pse036** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

Alelos	Diogo Lopes	Baía Formosa	Touros	Média
<b>141</b>	<b>0.011</b>	0.000	0.000	0.004
<b>147</b>	0.000	0.000	<b>0.012</b>	0.004
<b>149</b>	<b>0.011</b>	0.000	0.000	0.004
<b>153</b>	0.011	0.010	0.012	0.011
<b>155</b>	0.011	0.020	0.000	0.011
<b>157</b>	0.011	0.031	0.058	0.032
<b>159</b>	0.021	0.010	0.105	0.043
<b>161</b>	0.074	0.041	0.047	0.054
<b>163</b>	0.064	0.061	0.035	0.054
<b>165</b>	0.011	0.041	0.047	0.032
<b>167</b>	0.064	0.082	0.035	0.061
<b>169</b>	0.043	0.163	0.093	0.101
<b>171</b>	0.128	0.153	0.151	0.144
<b>173</b>	0.138	0.082	0.151	0.122
<b>175</b>	0.181	0.092	0.081	0.119
<b>177</b>	0.043	0.102	0.070	0.072
<b>179</b>	0.117	0.051	0.047	0.072
<b>181</b>	0.021	0.031	0.035	0.029
<b>183</b>	0.032	0.020	0.000	0.018
<b>185</b>	0.011	0.010	0.023	0.014
				<b>Total</b>
Nº alelos	19	17	16	20
N	47	49	43	139
<b>Alelos Exclusivos</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>3</b>

Tabela 18: Frequências dos alelos obtidas para o loco **Pse028** nas três populações de *Litopenaeus schmitti* amostradas ao longo da costa do Rio Grande do Norte. Os números em destaque indicam alelo exclusivo da população.

Alelos Pse 028	Diogo Lopes	Baía Formosa	Touros	Média
154	0.000	0.012	0.000	0.004
157	0.012	0.000	0.000	0.004
195	0.024	0.000	0.000	0.008
197	0.000	0.012	0.000	0.004
199	0.000	0.000	0.012	0.004
201	0.000	0.012	0.000	0.004
203	0.000	0.012	0.024	0.012
205	0.012	0.081	0.073	0.056
207	0.071	0.058	0.061	0.063
209	0.024	0.047	0.012	0.028
211	0.012	0.012	0.000	0.008
213	0.048	0.035	0.024	0.036
215	0.119	0.047	0.085	0.083
217	0.048	0.081	0.183	0.103
219	0.095	0.093	0.049	0.079
221	0.048	0.058	0.110	0.071
223	0.179	0.047	0.037	0.087
225	0.071	0.209	0.159	0.147
227	0.107	0.058	0.073	0.079
229	0.036	0.070	0.012	0.040
231	0.048	0.023	0.049	0.040
233	0.024	0.000	0.000	0.008
235	0.012	0.000	0.000	0.004
237	0.000	0.012	0.024	0.012
237	0.012	0.012	0.000	0.008
241	0.000	0.012	0.012	0.008
				<b>Total</b>
Nº de alelos	19	21	17	26
N	42	43	41	126
<b>Alelos Exclusivos</b>	4	3	1	8