**ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA E DA ESTRUTURA POPULACIONAL DO TUBARÃO-GALHA-PRETA (*CARCHARHINUS LIMBATUS*) (MÜLLER & HENLE, 1839) NO LITORAL PARANAENSE A PARTIR DE UMA PORÇÃO DA REGIÃO CONTROLE (CR) DO DNA MITOCONDRIAL**

**Analysis of the genetic variability and population structure of the Blacktip Shark (*Carcharhinus limbatus*) (Müller & Henle, 1839) off the Paraná coast based on a control region portion of the mitochondrial DNA**

Eduardo Rufino de Senna Gastal¹, João Bráullio de Luna Sales², Natascha Wosnick¹

¹ Programa de Pós-Graduação em Zoologia. Universidade Federal do Paraná.

² Programa de Ecologia Aquática e Pesca. Universidade Federal do Pará.

[gastaldudu@gmail.com](about:blank)

O tubarão-galha-preta (*Carcharhinus limbatus*) é uma espécie de distribuição global, sendo encontrado em zonas costeiras tropicais e subtropicais. No Brasil, a espécie é encontrada ao longo de todo o litoral. Atualmente, encontra-se classificado como “Quase Ameaçado” na Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) e no Livro Vermelho do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio). Entretanto, estas avaliações foram realizadas em 2009 e 2012, respectivamente, e indícios recentes de declínios populacionais podem mover a espécie para categorias de maior risco em um futuro próximo. Análises prévias genéticas indicam que a espécie está dividida em subpopulações ao longo do Oceano Atlântico. Tal divisão implica em medidas de manejo regionalizadas, considerando o isolamento dos estoques e as particularidades da pesca em cada região. Na América do Sul, até o momento, apenas populações da região Norte do Brasil foram analisadas, com evidências de isolamento genético em relação a outras populações já estudadas no Atlântico, indicando uma necessidade de manejo adaptado. Até o presente, dados genéticos não estão disponíveis para as populações do Sul do país, impondo um desafio extra para o ordenamento pesqueiro na região. O litoral do Paraná abriga um dos maiores berçários da espécie, sendo possivelmente responsável pela manutenção das populações de todo o Sudoeste do Atlântico Sul. Um fator agravante para o manejo na região são as elevadas taxas de captura pelas frotas artesanais datando mais de 60 anos. Diante deste cenário, espera-se encontrar baixa variabilidade genética e reduzido potencial de recuperação populacional, uma vez que a sobreexplotação pesqueira pode tornar a espécie suscetível à endogamia. Além disso, dada a intensa atividade pesqueira nesta área de berçário, espera-se observar os efeitos da Evolução Induzida pela Pesca (Fisheries Induced Evolution – FIE) na população estudada. Análises moleculares serão realizadas a partir de tecido muscular utilizando uma porção da região controle CR. Será realizada a Análise de Variância Molecular (AMOVA) para verificar a existência de populações estruturadas e o grau de variabilidade genética dentro da população. As reconstruções filogenéticas serão realizadas com base em duas metodologias distintas: Máxima Verossimilhança (ML) e Inferência Bayesiana (IB). Os resultados obtidos serão utilizados para propor medidas de gestão pesqueira na região, visando direcionar ações que possam reduzir os impactos da captura comercial neste importante polo para a manutenção das populações do Atlântico Sul.

**Palavras-chave:** Zoologia; Elasmobrânquios; Genética; Pesca; Fisheries Induced Evolution;