

EROSÃO GENÉTICA DO PEIXE BENTÔNICO *Delturus carinotus* APÓS O DESASTRE DA BARRAGEM DO FUNDÃO NO RIO DOCE

Carolina Grando¹
Livia Cristina Machado Silva²
Igor Henrique Alves Nascimento³
Tiago Casarim Pessali⁴
Gilberto Nepomuceno Salvador⁵
Rafael Pereira Leitão⁶
Daniel Cardoso Carvalho⁷

RESUMO

Em 2015, o rompimento da barragem de rejeitos de Fundão (Mariana, MG) liberou toneladas de rejeitos de mineração no Rio Doce, resultando em um dos desastres ambientais mais graves do mundo. No entanto, a extensão dos impactos do desastre sobre a diversidade genética e a estrutura das populações de peixes na bacia do Rio Doce permanece incerta. Este estudo teve como objetivo avaliar a diversidade e a estrutura genética do peixe bentônico *Delturus carinotus* comparando dados pré-desastre (2011) e pós-desastre (2023) de dois locais: o canal do Rio Doce (DC), diretamente afetado pela lama, e o Rio José Pedro (JP), um tributário não afetado pela lama e assim utilizado como grupo controle. Um total de 80 sequências de DNA mitocondrial da região controle (D-loop), 64 de COI e 72 de 12S de *D. carinotus* foram concatenadas e analisadas, usando 29 peixes coletados no período pré-desastre e 51 peixes no pós-desastre. Observamos uma diminuição nas diversidades nucleotídica e haplotípica e no número de haplótipos no período pós-desastre em comparação ao período pré-desastre para calha e grupo controle. As comparações de F_{ST} par-a-par entre populações pré e pós-desastre foi significativo apenas para o grupo controle ($F_{ST} = 0,17047$, $p = 0,00586 \pm 0,0026$). As análises de distribuição de *mismatch* revelaram um pico de alta frequência de diferenças par-a-par iguais a zero no período pós-desastre para ambos os locais, e uma mudança contrastante no padrão demográfico para o grupo controle, de uma distribuição multimodal no pré-desastre para uma distribuição unimodal no pós-desastre. A redução observada na variabilidade genética temporal nos locais afetados e também no local utilizado como controle, não afetado pela lama, é crítica para a conservação de populações de peixes

¹ Pós-doutoranda da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais – PUC MG, carolinagrando@gmail.com

² Graduanda em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais – PUC MG, liviacsilvamachado2@gmail.com

³ Doutorando da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais – PUC MG, igor.alvs02@gmail.com

⁴ Pesquisador da Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, tcpessali@hotmail.com

⁵ Pós-doutorando da Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, curimata_gilbert@hotmail.com

⁶ Professor da Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, ecorafa@gmail.com

⁷ Professor orientador da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais – PUC MG, carvalholgc@gmail.com



afetadas por desastres ambientais, pois a baixa diversidade genética para recolonizar a bacia do rio Doce, severamente impactada, pode comprometer o potencial adaptativo de longo prazo e resiliência evolutiva desta espécie.

Palavras-chave: Bacia do rio Doce, Diversidade genética temporal, Genética da conservação, Genética da ictiofauna, Marcadores mitocondriais.