

Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais
Programa de Pós-graduação em Biologia de Vertebrados

**Conservation genetics of two fish species from the Doce River basin:
molecular taxonomy, population connectivity and restoration
implications**

Aluna: Izabela Santos Mendes

Orientador: Prof. Dr. Daniel Cardoso de Carvalho

Belo Horizonte

2017

ABSTRACT

The Doce River basin (DRB) was recently impacted by mining tailings, resulting in one of the worst environmental disasters in Brazil. We investigated population connectivity, genetic diversity and demographic history of *Leporinus copelandii* and *Delturus carinotus* in the middle DRB in order to propose mitigation actions. DNA barcoding (COI) detected high intraspecific genetic distance for *L. copelandii*, suggesting the occurrence of a cryptic species in the Paraíba do Sul River basin. We obtained 177 DNA sequences of the mitochondrial control region for *L. copelandii* and *D. carinotus* from three tributaries and the main channel of Doce River. We identified low genetic diversity for *L. copelandii*, differently from *D. carinotus* and revealed a common pattern of genetic structure for both species, separating tributaries in the west and the east side of DRB. Bayesian Skyline Plot detected a population bottleneck for piau-vermelho in the Last Glacial Maximum. The lack of connectivity between tributaries from the west and east side of the DRB suggests that mining tailings might have little impact in the population connectivity for both species. Conservation of tributaries from both DRB sides would be needed to preserve species' genetic diversity and evolutionary potential.

Keywords: Restoration genetics; population genetics; Doce River; anthropogenic impacts; Mitochondrial DNA.

RESUMO

A bacia do Rio Doce (BRD) foi recentemente afetada por rejeitos de mineração, resultando um dos piores desastres ambientais no Brasil. Investigamos a conectividade populacional, a diversidade genética e a história demográfica de *Leporinus copelandii* e *Delturus carinotus* na região do médio BRD, a fim de propor ações de mitigação. A metodologia do DNA *barcoding* (COI) detectou alta distância genética intraespecífica para *L. copelandii*, sugerindo a ocorrência de uma espécie críptica na bacia do Rio Paraíba do Sul. Foram obtidas 177 sequências de DNA da região controle do DNA mitocondrial de *L. copelandii* e *D. carinotus* de três tributários e da calha principal do Rio Doce. Identificamos baixa diversidade genética para *L. copelandii*, diferentemente de *D. carinotus*. Foi revelado um padrão comum de estrutura genética para ambas as espécies, separando tributários dos lados oeste e leste da BRD. A análise de Bayesian Skyline Plot detectou um gargalo populacional para piau-vermelho no Último Máximo Glacial. A falta de conectividade entre os afluentes do lado oeste e leste da BRD sugere que os rejeitos de mineração podem ter pouco impacto na conectividade da população para ambas as espécies. A conservação dos afluentes de ambos os lados da BRD seria necessária para preservar a diversidade genética e o potencial evolutivo das espécies.

Palavras-chave: Restauração genética, genética de populações, bacia do Rio Doce, impactos antropogênicos, DNA mitocondrial.

.