

**Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática
da Área Ambiental I – Porção Capixaba do Rio Doce e
Região Marinha e Costeira Adjacente**

ADIMIS2 – Material Suplementar 2

**Ambiente Dulcícola – Tema Ictiofauna, Macroinvertebrados e
Ictioplâncton**

RT-42 / JAN 23

RSE2022 PMBA/Fest

Vitória,

Janeiro de 2023

Figura 1: Localização dos pontos de monitoramento da ictiofauna e macroinvertebrados bentônicos. Círculos vermelhos representa pontos de coleta na calha do Rio Doce, amarelos representam os córregos e azuis os lagos.

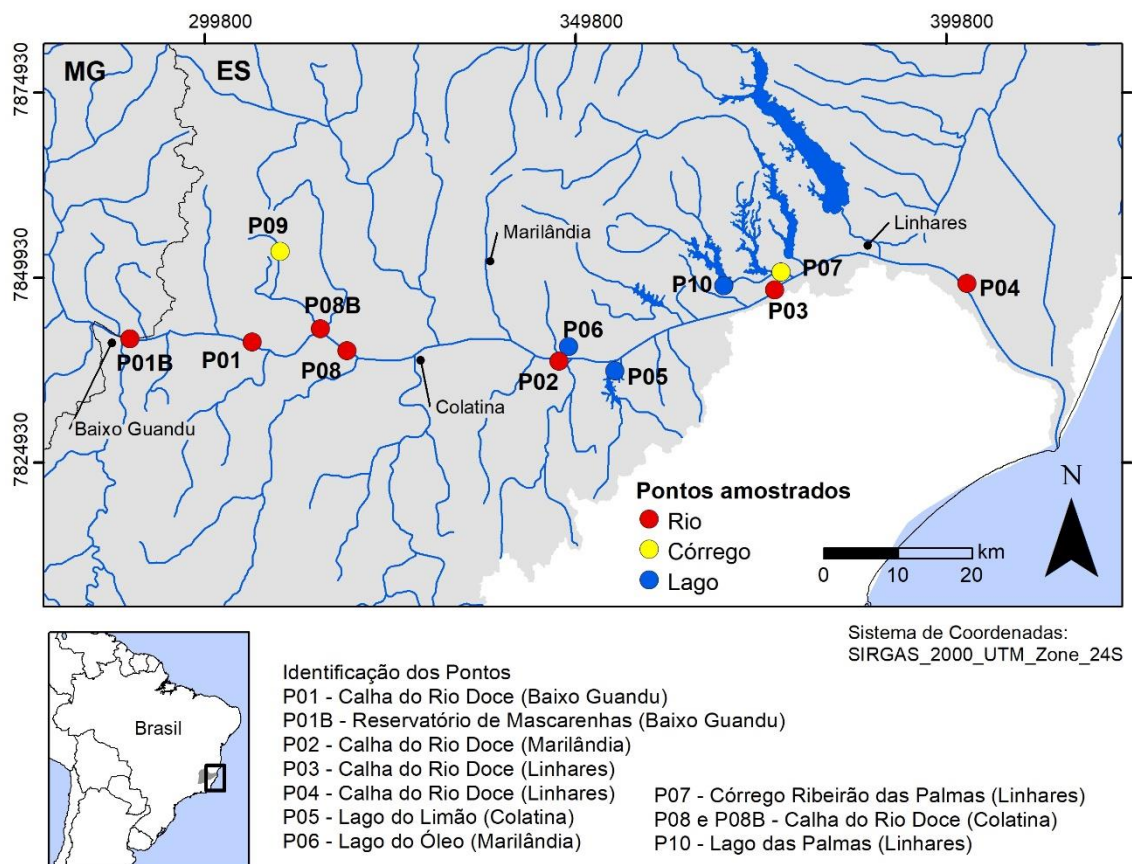


Figura 2: Resultados da aplicação do protocolo de avaliação de habitat nos trechos de rios (Callisto et al. 2002).

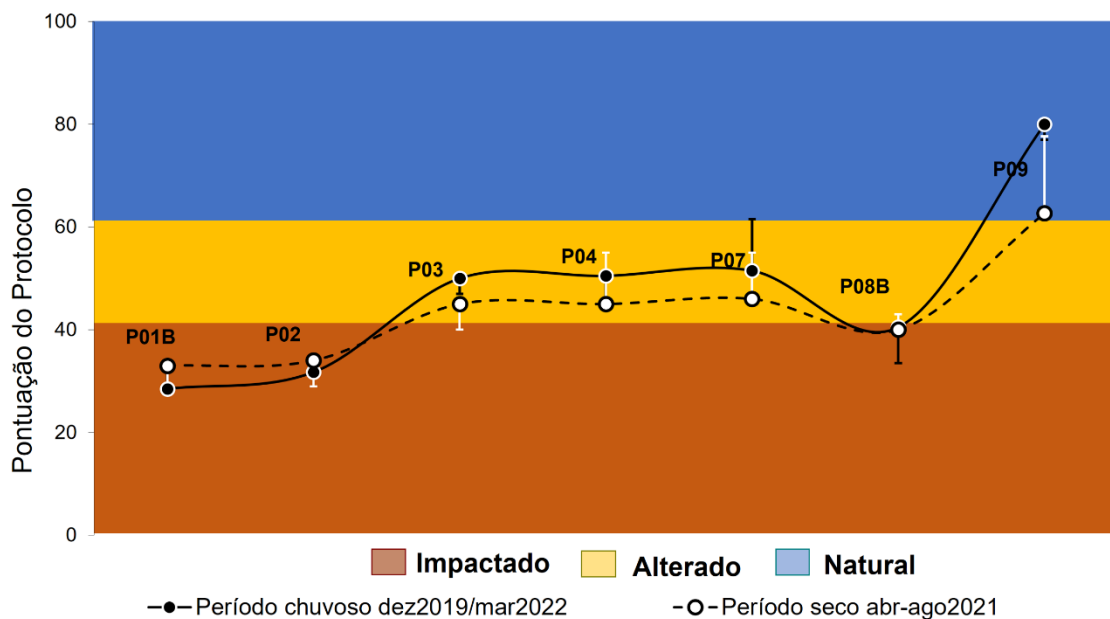


Figura 3: Abundância relativa das principais famílias de Macroinvertebrados Bentônicos, classe Oligochaeta e crustáceo Ostracoda dos ambientes lóticos e lênticos do baixo Rio Doce nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a março de 2022.

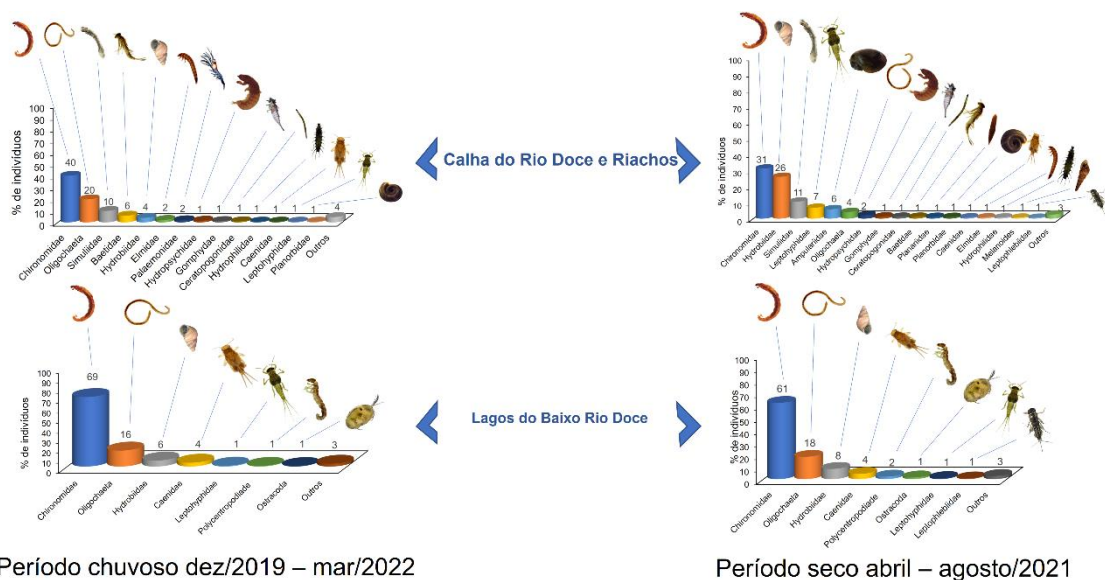


Figura 4: Abundância relativa dos grupos de Macroinvertebrados bentônicos mais representativos coletados nos trechos lóticos (Rio Guandu e calha do Rio Doce) e lênticos (lagos do baixo Rio Doce) nos períodos seco e chuvoso de maio a novembro de 2019. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPEMAR Ltda.

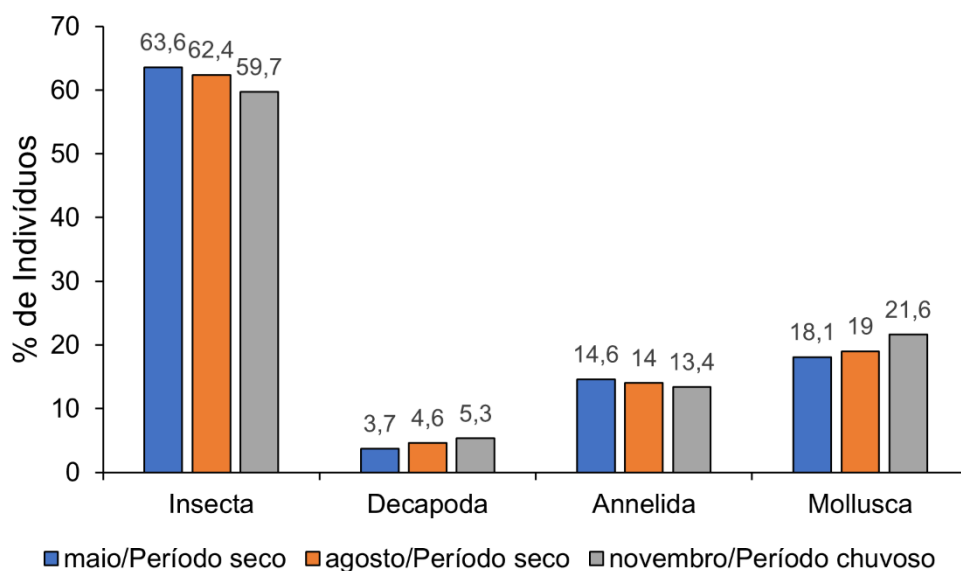


Figura 5: Abundância (Densidade Ind/m²) dos principais gêneros e famílias de Macroinvertebrados bentônicos mais representativos coletados nos trechos lóticos (Rio Guandu e calha do Rio Doce) e lênticos (lagos do baixo Rio Doce) nos períodos seco e chuvoso de maio a novembro de 2019. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPEMAR Ltda.

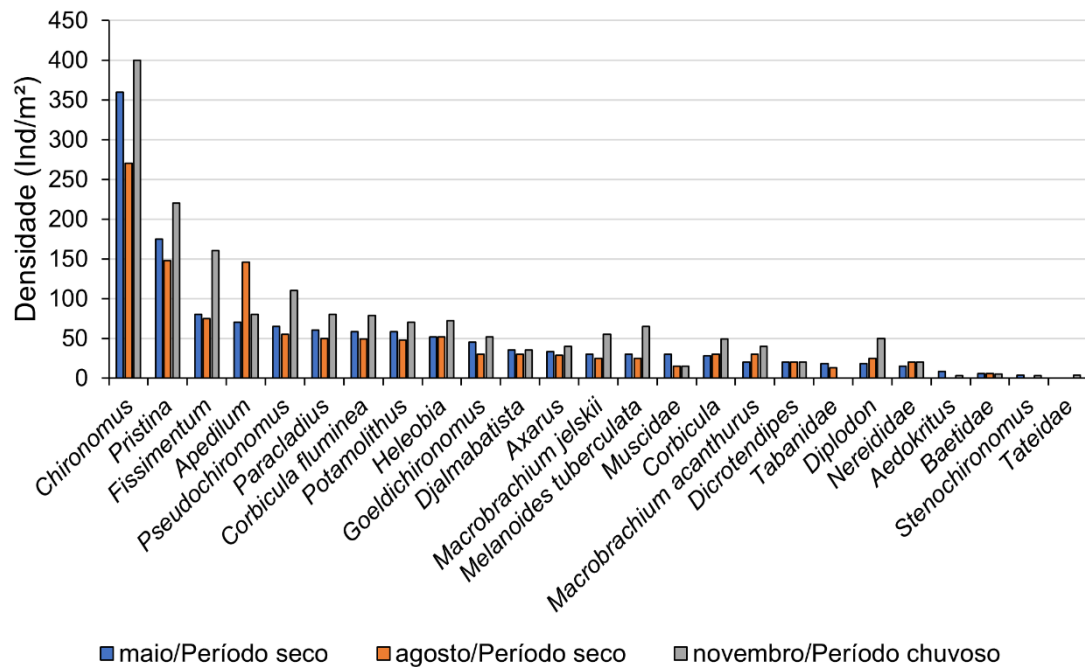


Figura 6: Riqueza e abundância (número de indivíduos) de Macroinvertebrados Bentônicos em trechos de rio (a e b) e lagos (c e d) no baixo Rio Doce. Letras sobre as caixas da figura (b e d) indicam diferenças pelo teste *t-student* nos pontos amostrais e entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a março de 2022.

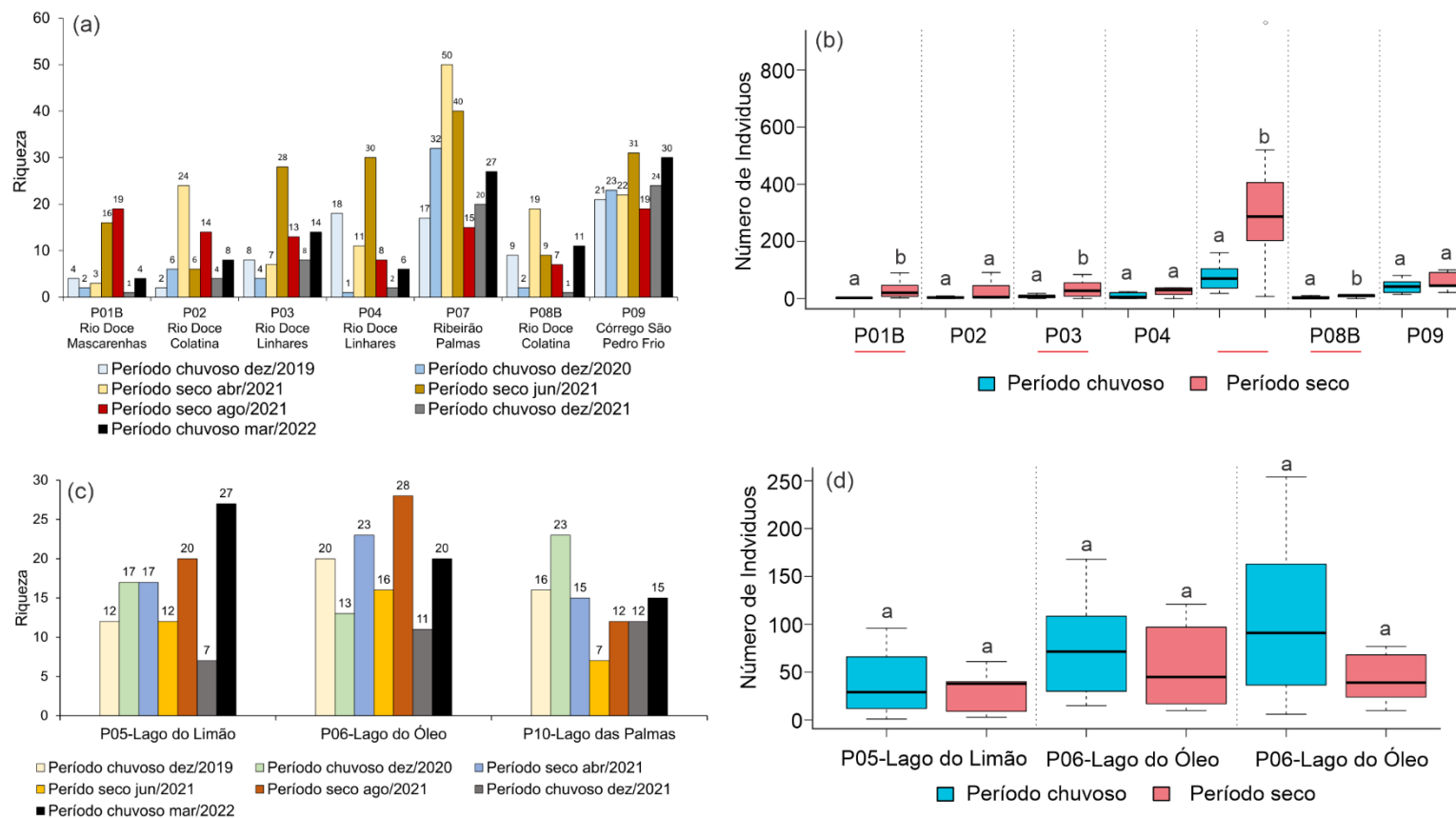


Figura 7: Riqueza taxonômica de Macroinvertebrados Bentônicos em ambientes lóticos (Rio Gurandu e calha do Rio Doce) e ambientes lênticos (lagos no baixo Rio Doce) nos períodos seco e chuvoso de maio a novembro de 2019. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPEMAR Ltda.

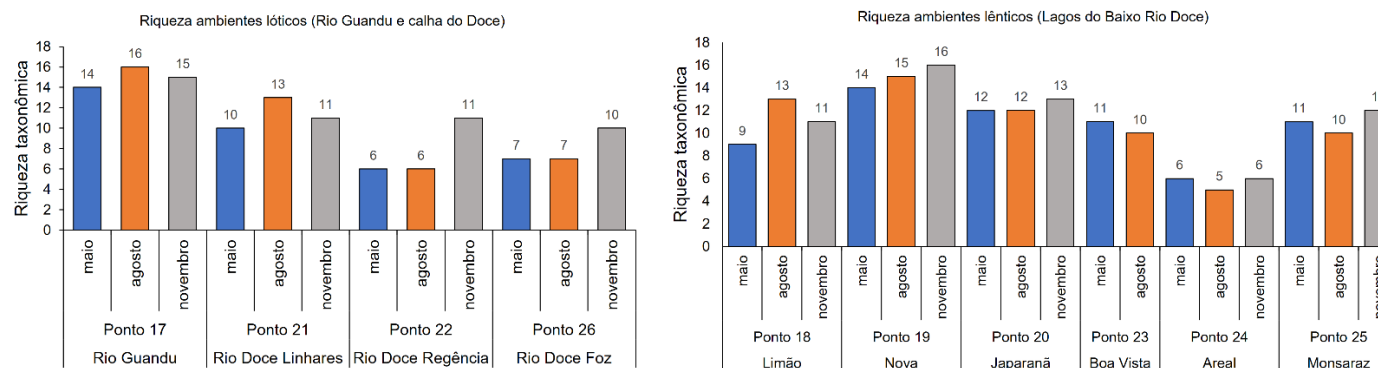


Figura 8: Densidade total de indivíduos de Macroinvertebrados Bentônicos em ambientes lóticos (Rio Gurandu e calha do Rio Doce) e ambientes lênticos (lagos no baixo Rio Doce) nos períodos seco e chuvoso de maio a novembro de 2019. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPEMAR Ltda.

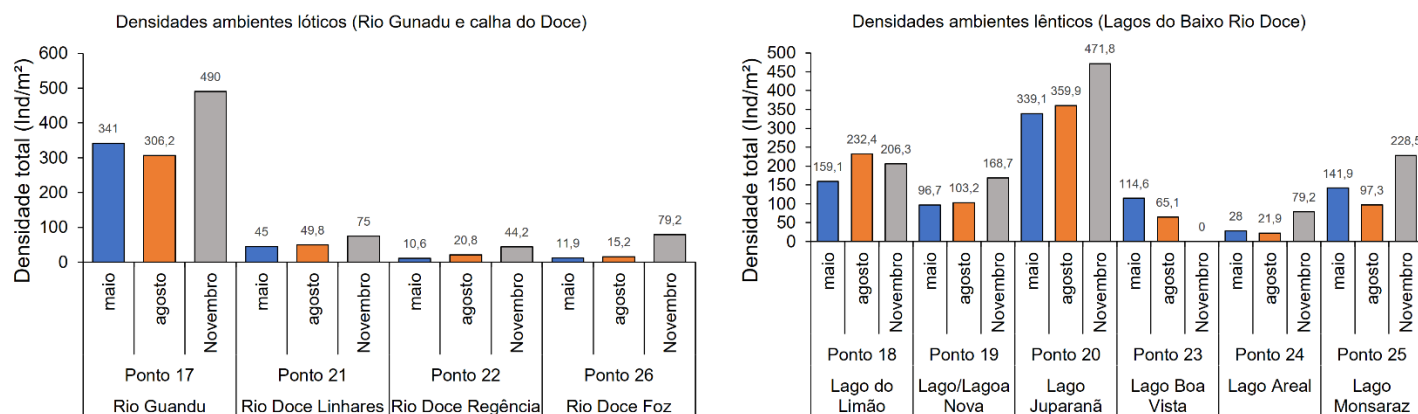


Figura 9: Gráfico NMDS da distribuição espacial da composição (abundâncias) de Macroinvertebrados Bentônicos dos ambientes lóticos (Rio Guandu e calha do Rio Doce) e ambientes lóticos (lagos do Baixo Rio Doce) coletados em três campanhas nos períodos seco e chuvoso de maio a novembro de 2019. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPEMAR Ltda.

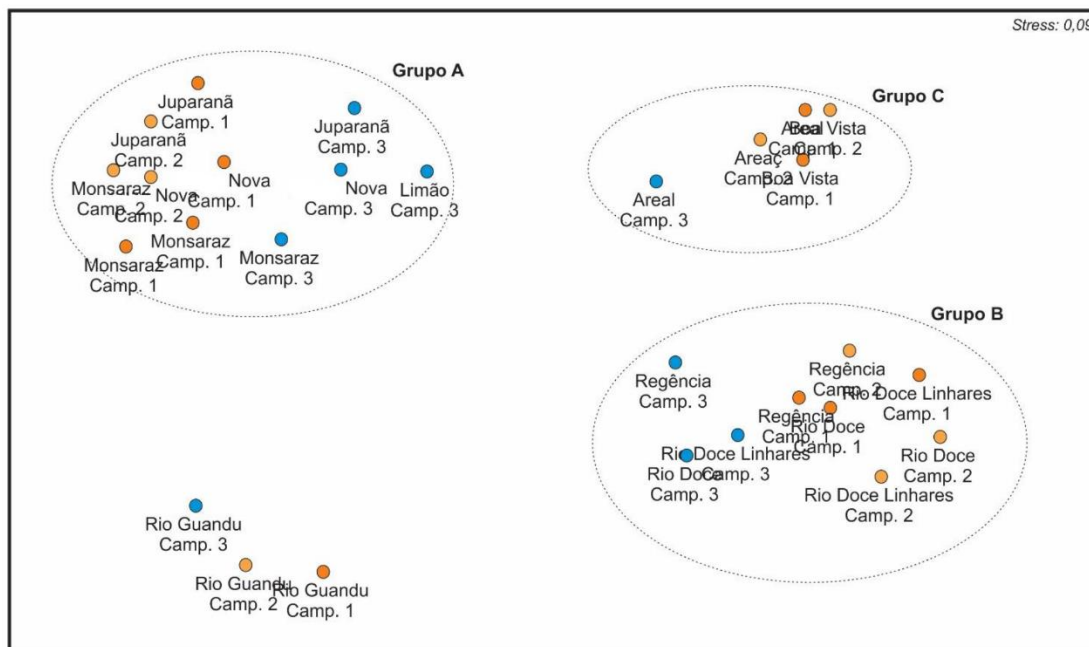


Figura 10: Distribuição em grupos tróficos funcionais (GTFs) de Macroinvertebrados Bentônicos em ambientes lóticos e lóticos (lagos) no baixo Rio Doce entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a março de 2022.

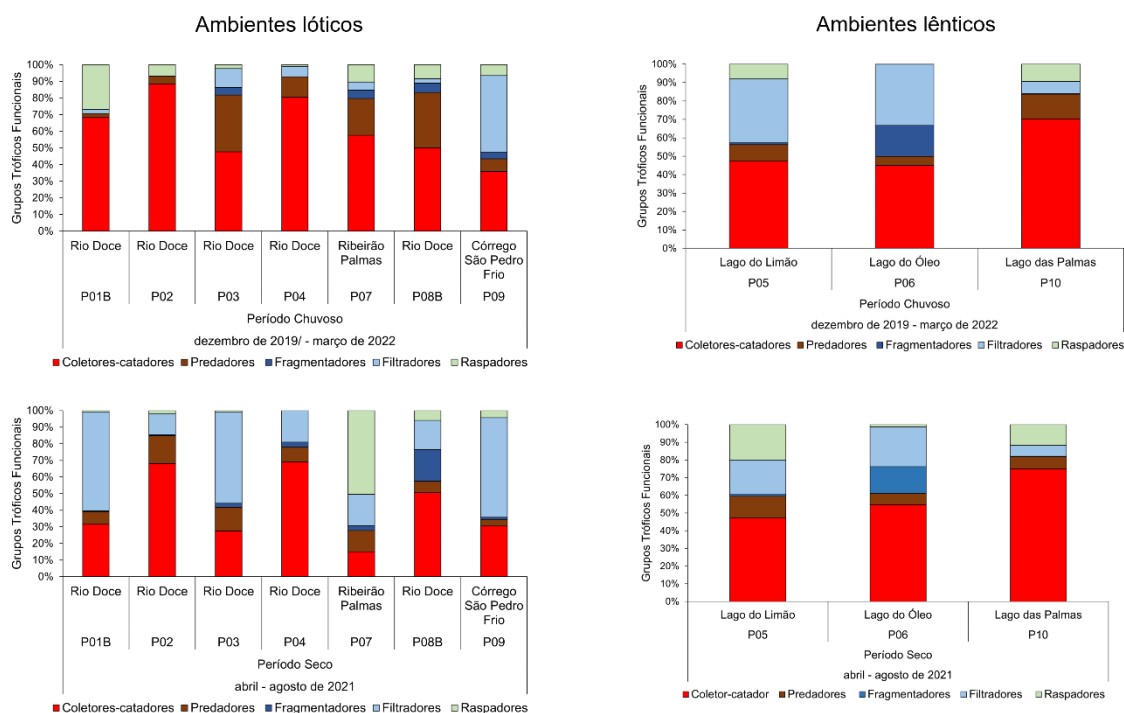


Figura 11: Distribuição em grupos tróficos funcionais (GTFs) de Macroinvertebrados Bentônicos em ambientes lóticos e lênticos (lagos) no baixo Rio Doce entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a março de 2022.

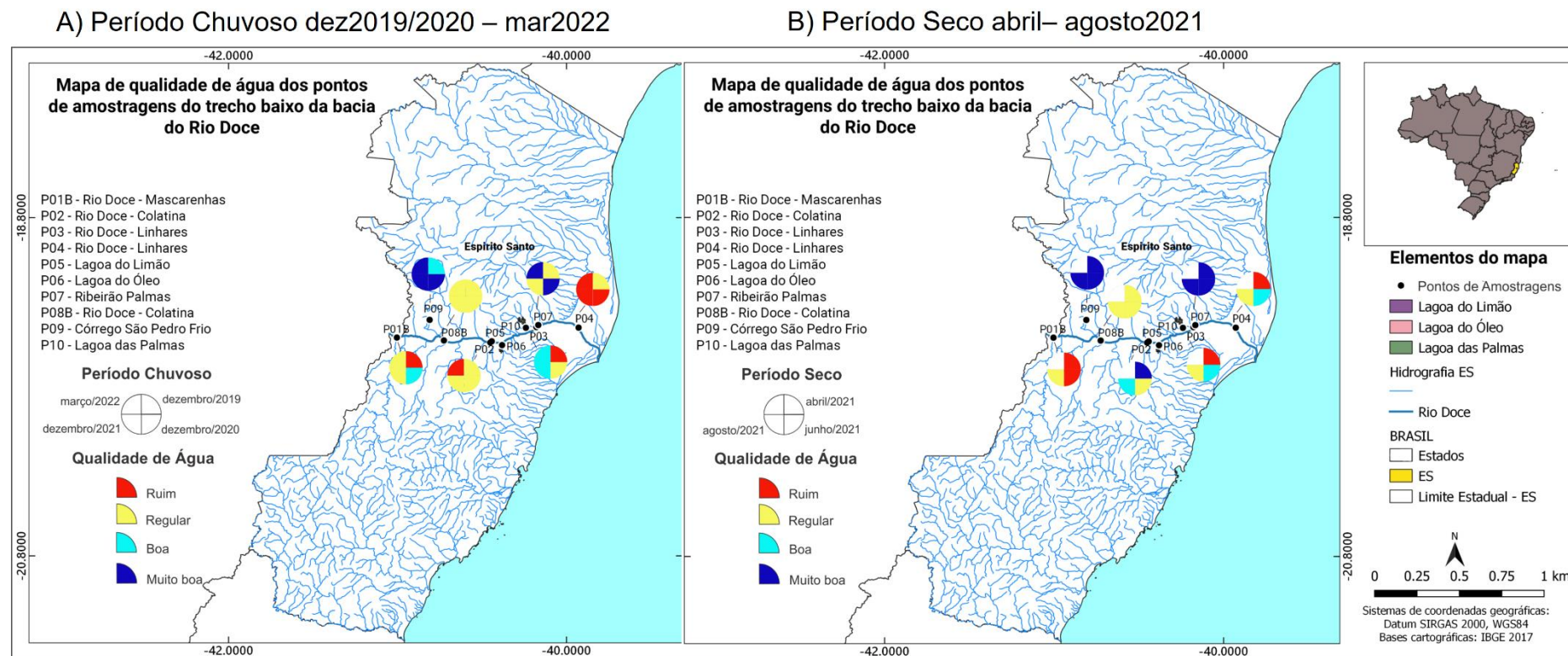


Figura 12: Diagrama mostrando a diversidade de ordens da ictiofauna do Baixo Rio Doce.

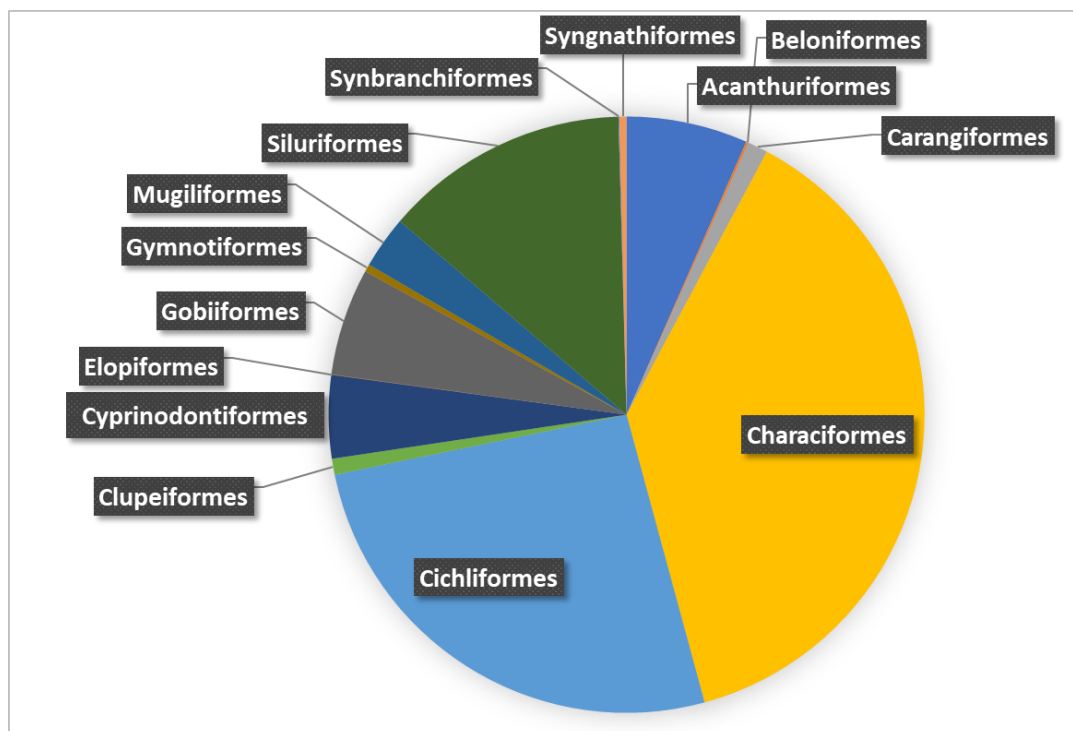


Figura 13: Boxplot da evolução temporal da riqueza total (c) de espécies (número de espécies), nativas (a) e introduzidas (b) amostradas. O traço preto representa a média. Período chuvoso e seco são representados por tons de laranja e verde respectivamente.

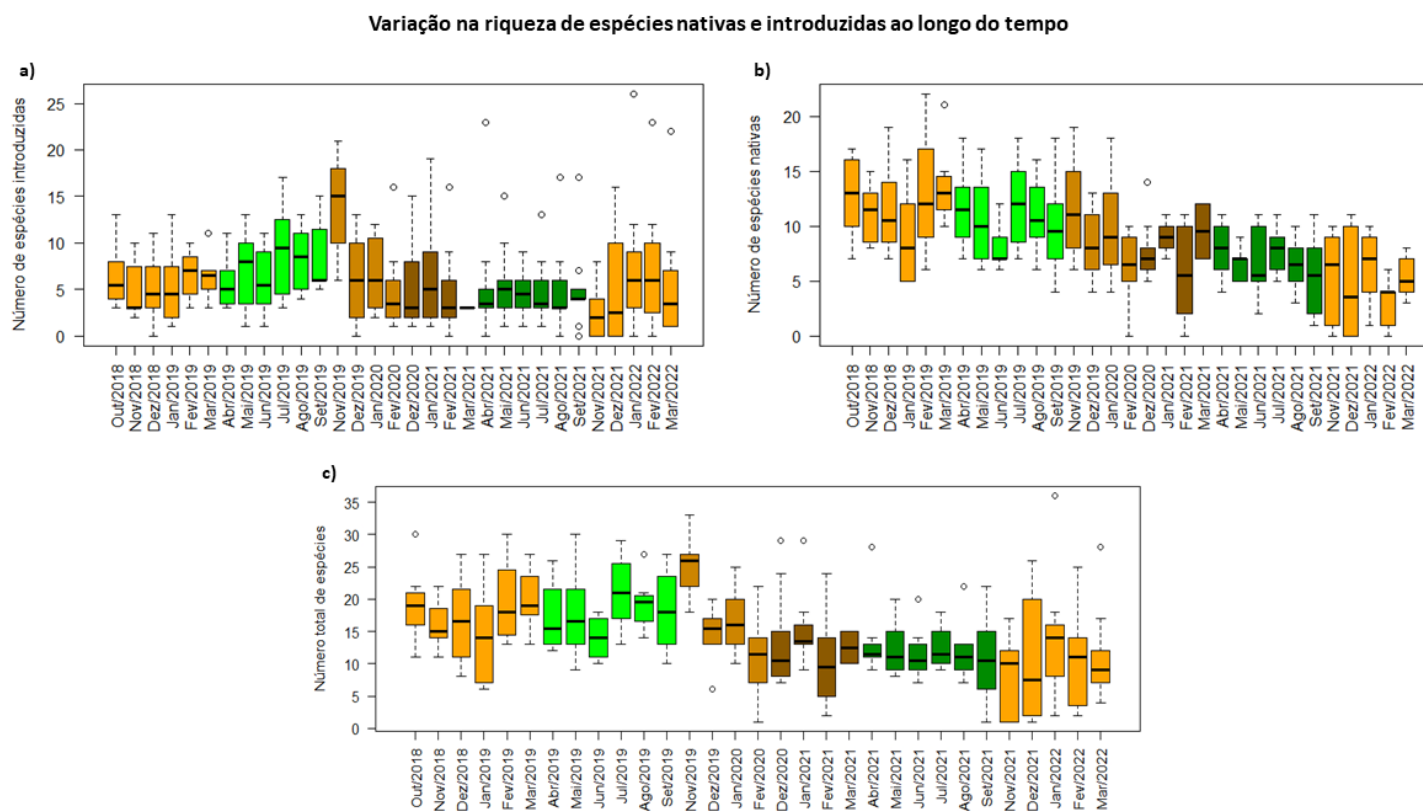


Figura 14: Boxplot da evolução temporal da abundância total (c) de espécies, nativas (a) e introduzidas (b) amostradas. O traço preto representa a média. Período chuvoso e seco são representados por tons de laranja e verde respectivamente.

Variação na abundância de espécies nativas e introduzidas ao longo do tempo

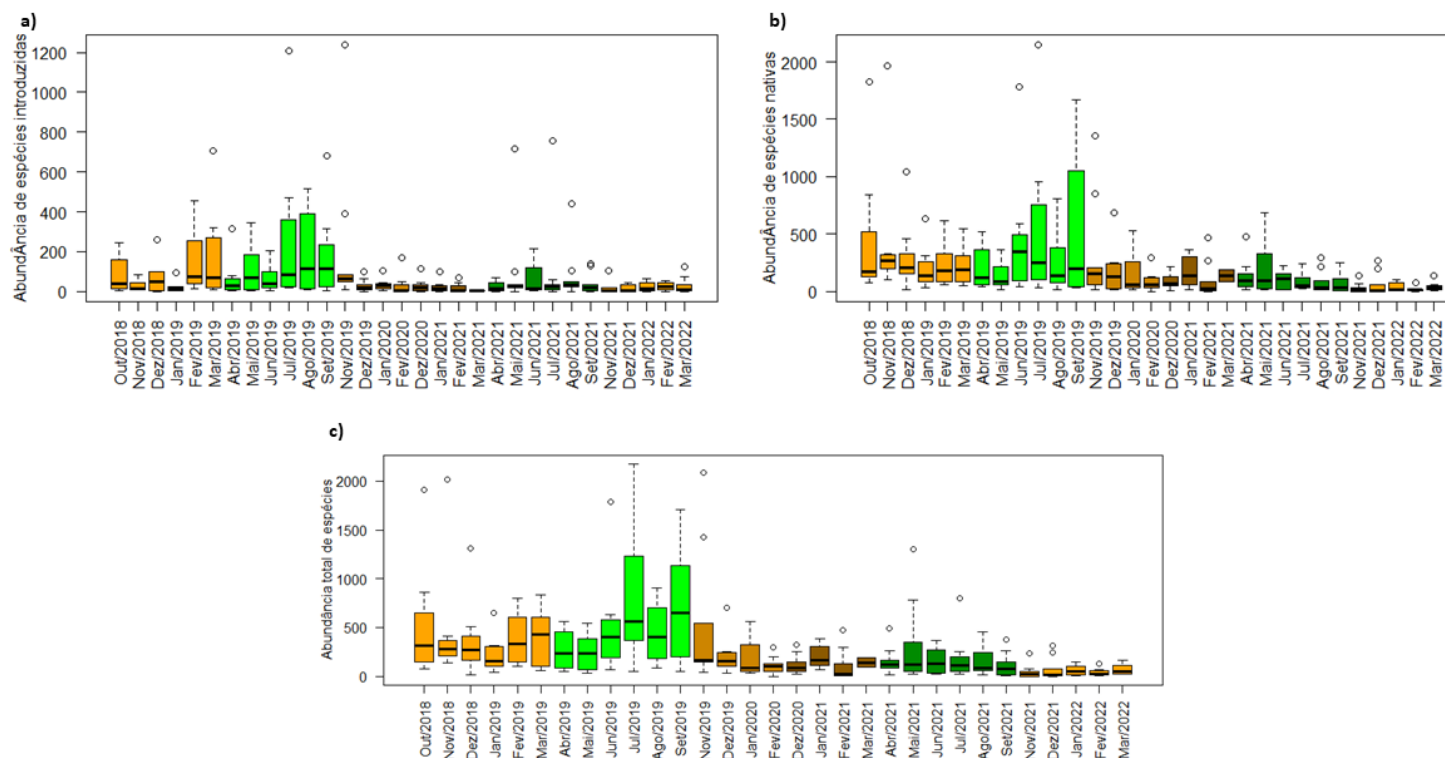


Figura 15: Boxplot da evolução temporal da biomassa (CPUE) total (c) das espécies nativas(a) e introduzidas(b) amostradas. O CPUE considera apenas as amostragens realizadas com rede de espera (captura por m² de rede). O traço preto representa a média. Período chuvoso e seco são representados por tons de laranja e verde respectivamente.

Variação na biomassa de espécies nativas e introduzidas ao longo do tempo

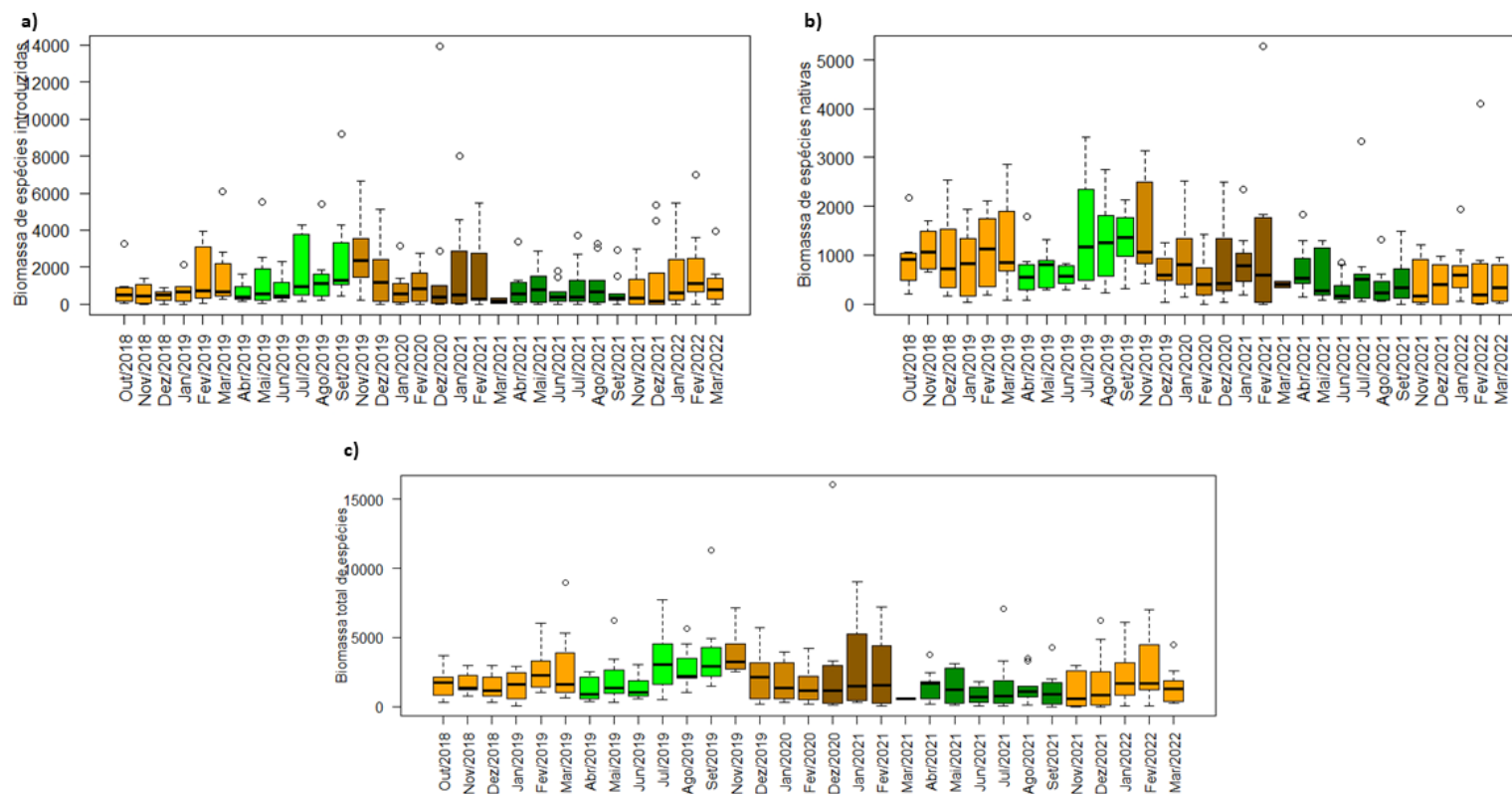


Figura 16: Proporção da riqueza (a) e biomassa (b) de ictiofauna nativa (azul) e introduzida (vermelho) ao longo dos pontos do monitoramento PMBA/Fest-RRDM. Proporção acumulada considerando todas as 31 campanhas realizadas entre outubro de 2018 e março de 2022. Riqueza representa o número total de espécies amostradas. Biomassa considera as amostragens realizadas com rede de espera padronizadas por CPUE (biomassa por m² de rede).

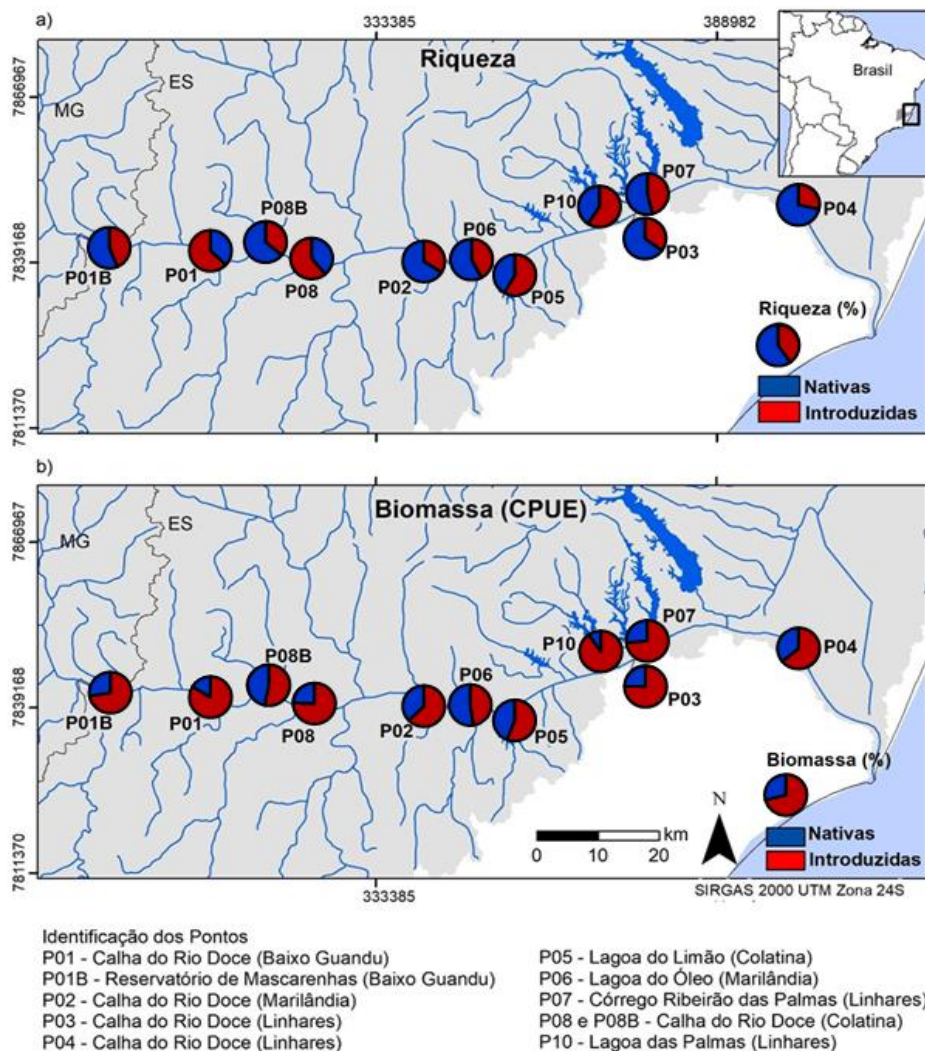


Figura 17: Comparações realizadas entre as campanhas realizadas pela UFV e CEPEMAR no período de maio, agosto e novembro de 2019. Nos gráficos os resultados de a) abundância total, b) riqueza total, c) e d) biomassa total obtidos pelo estudo da UFV, em laranja e da CEPEMAR, em verde. A linha tracejada delimita os períodos sazonais (maio e agosto = seca, novembro = chuvoso).

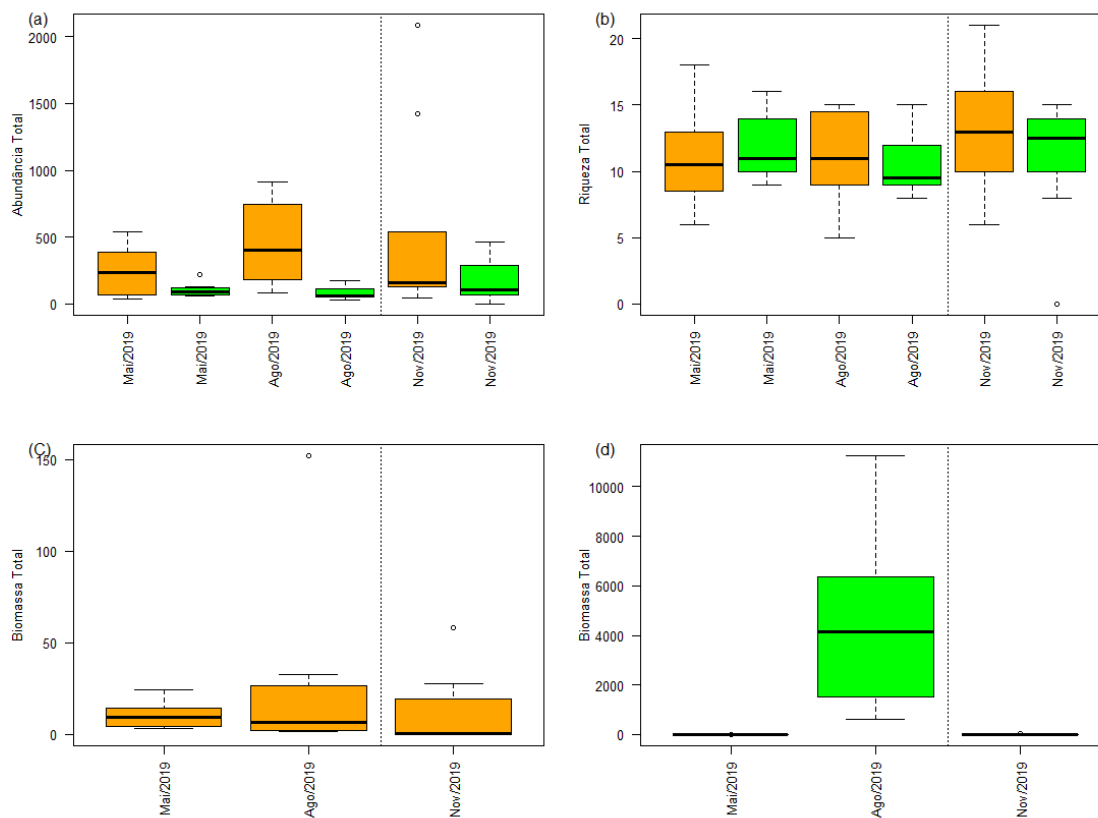
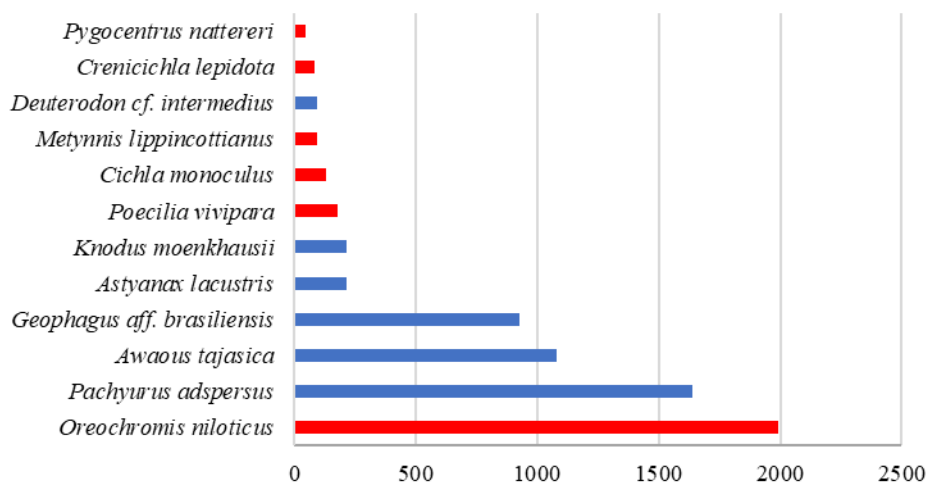


Figura 18: Espécies com maior número de recrutas nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na calha principal do Rio Doce e nos lagos durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até março/2022. Dentre as espécies com maior número de recrutas (> 190): *Cichla monoculus*, *Cichla kelberi*, *Metynnis lippincottianus*, *Crenicichla lepidota*, *Pygocentrus nattereri* e *Oreochromis niloticus* são introduzidas.

Recrutamento na calha principal



Recrutamento nos lagos

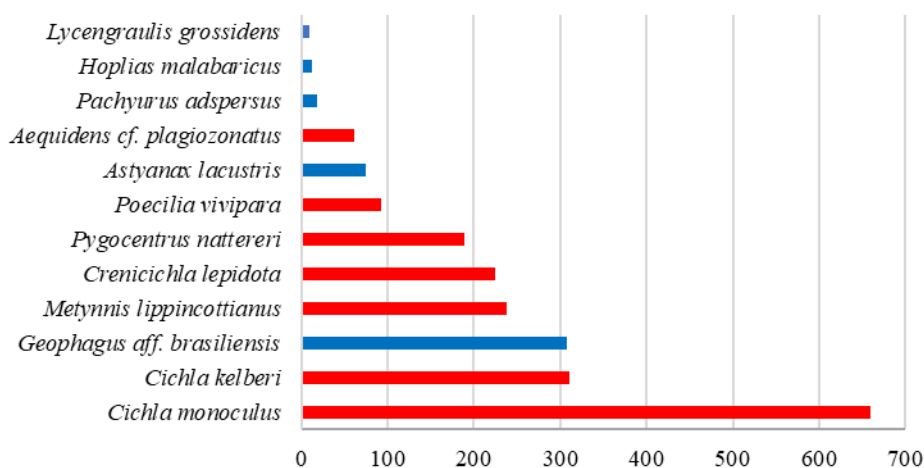


Figura 19: Relação gonadossomática (RGS) das espécies nativas(A-F) e introduzidas (G e H) na calha do Rio Doce. A – *Astyanax lacustris*; B- *Genidens genidens*; C- *Hoplias malabaricus*; D- *Megaleporinus conirostris*; E – *Pachyurus adspersus*; F – *Trachelyopterus striatulus*; G – *Cichla kelberi*; H- *Pygocentrus nattereri*. Vermelho – Fêmeas; Preto – Macho. As linhas representam os valores médios dos índices ao longo das campanhas realizadas entre outubro/2018 até março/2022.

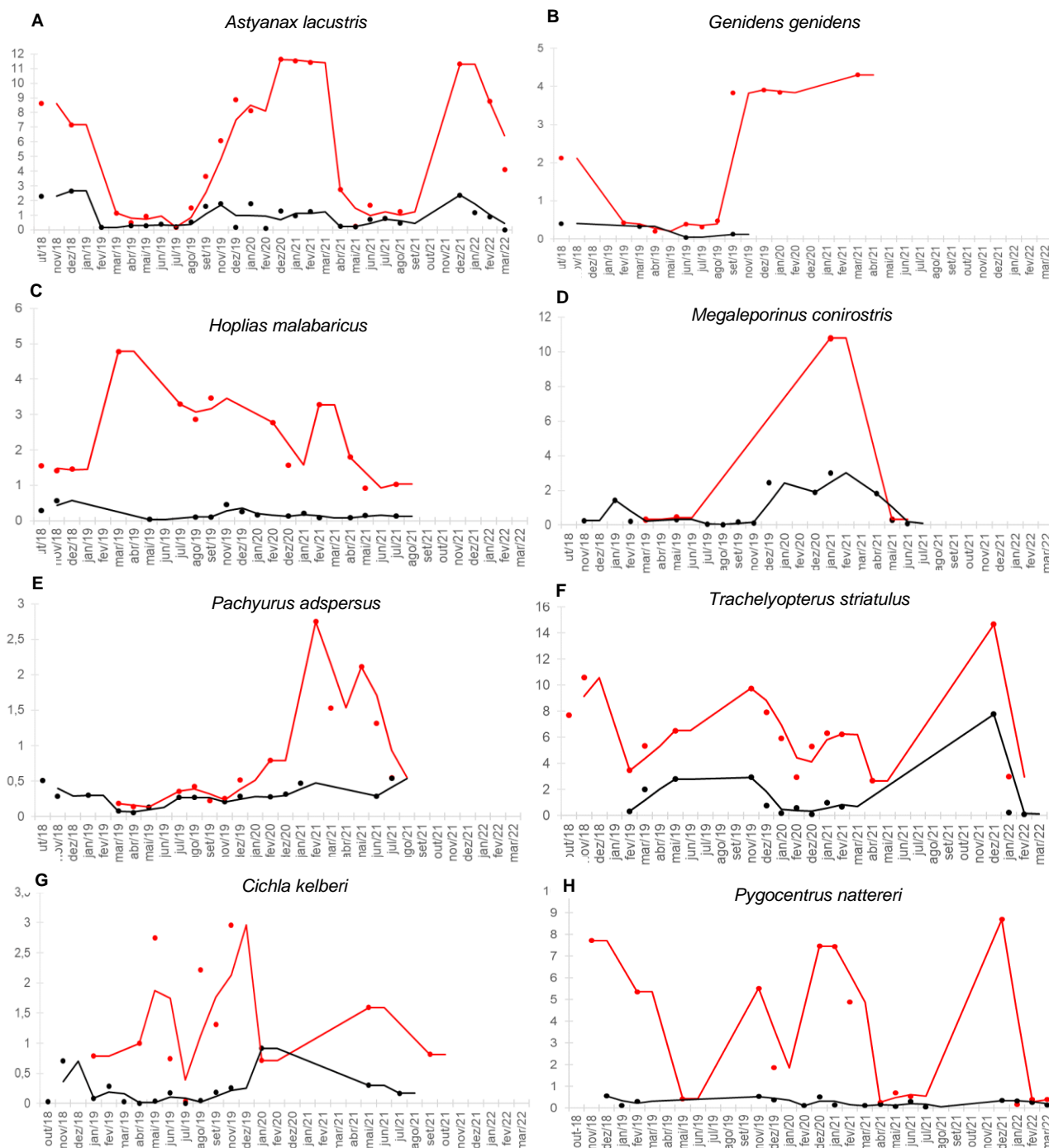


Figura 20: Relação gonadosomática (RGS) em diferentes espécies nos lagos. A – *Astyanax lacustris*; B- *Hoplias malabaricus*; C- *Pachyurus adspersus*; D – *Geophagus aff. brasiliensis*. Vermelho – Fêmeas; Preto – Macho. As linhas representam os valores médios dos índices ao longo das campanhas realizadas entre outubro/2018 até março/2022.

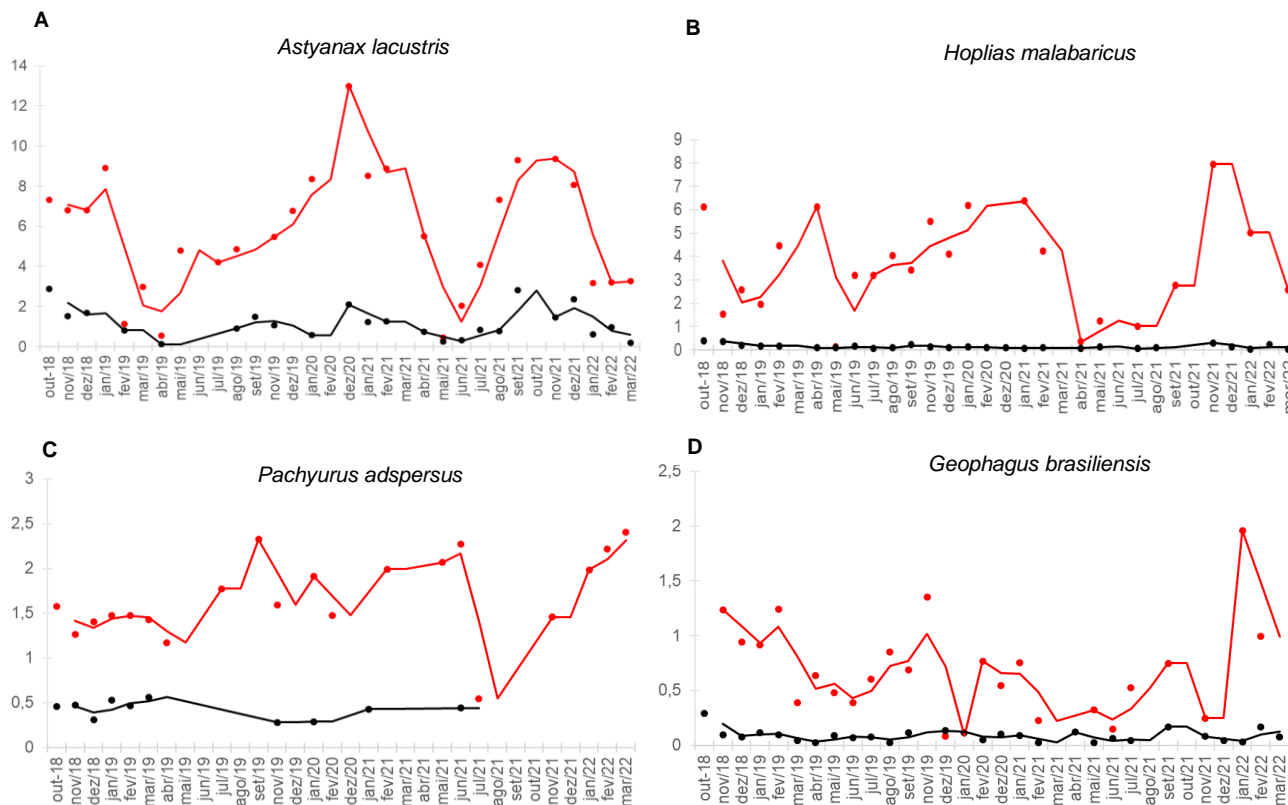


Figura 21: Número de indivíduos por categoria trófica ao longo das três campanhas amostrais em 2019. Os resultados são separados em áreas afetadas e indiretamente afetadas pelo rejeito da mineração. I = Imaturos, E = em maturação, M = maduros e D = desovados. Gráfico retirado do relatório de consultoria CEPEMAR Ltda.

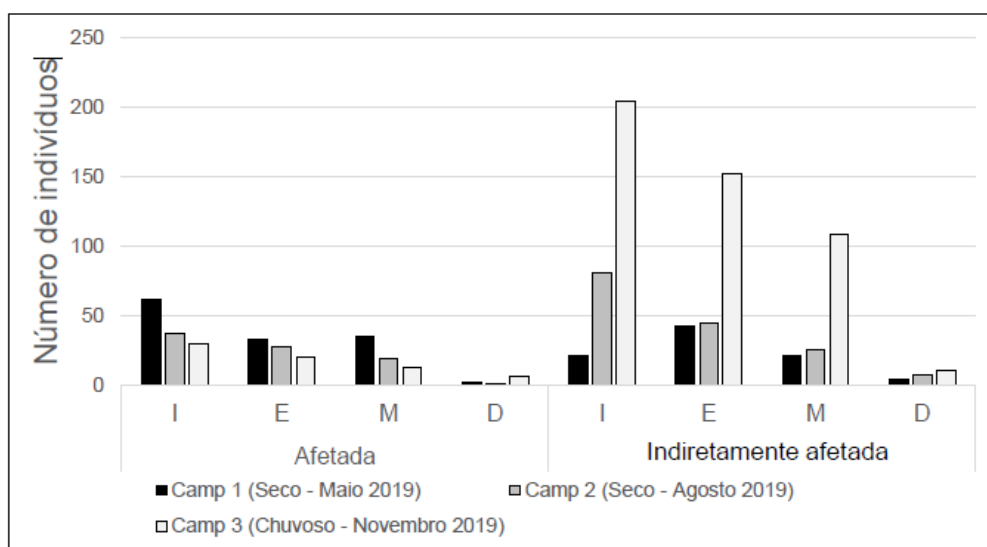


Figura 22: Percentual de indivíduos por categoria trófica ao longo das três campanhas amostrais em 2019. Os resultados são separados em áreas afetadas e indiretamente afetadas pelo rejeito da mineração. I = Imaturos, E = em maturação, M = maduros e D = desovados. Gráfico retirado do relatório de consultoria CEPEMAR Ltda.

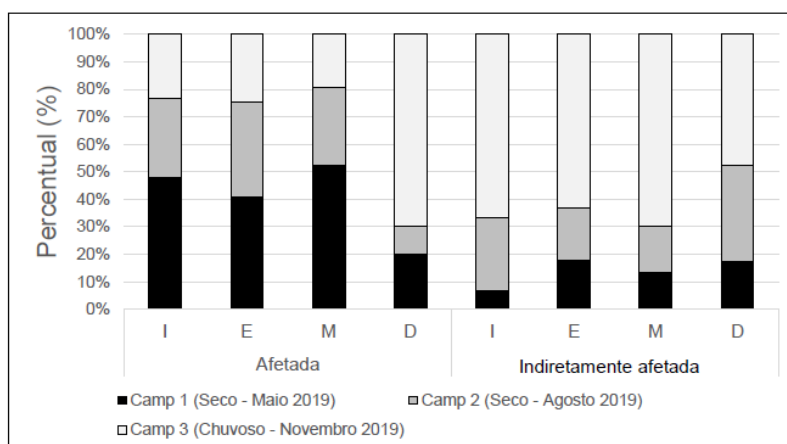


Figura 23: Relação gonadossomática ao longo das campanhas amostrais e áreas afetadas e indiretamente afetadas pelo rejeito da mineração. Barras acima das colunas indicam o desvio padrão na distribuição dos dados. A) *Astyanax lacustris*, B) *Bairdiella ronchus*, C) *Cichla kelberi*, D) *Hoplias malabaricus*, E) *Hoplosternum littorale*, F) *Pachyurus adspersus* e G) *Pimelodus maculatus*.

Gráficos do relatório de consultoria CEPEMAR Ltda.

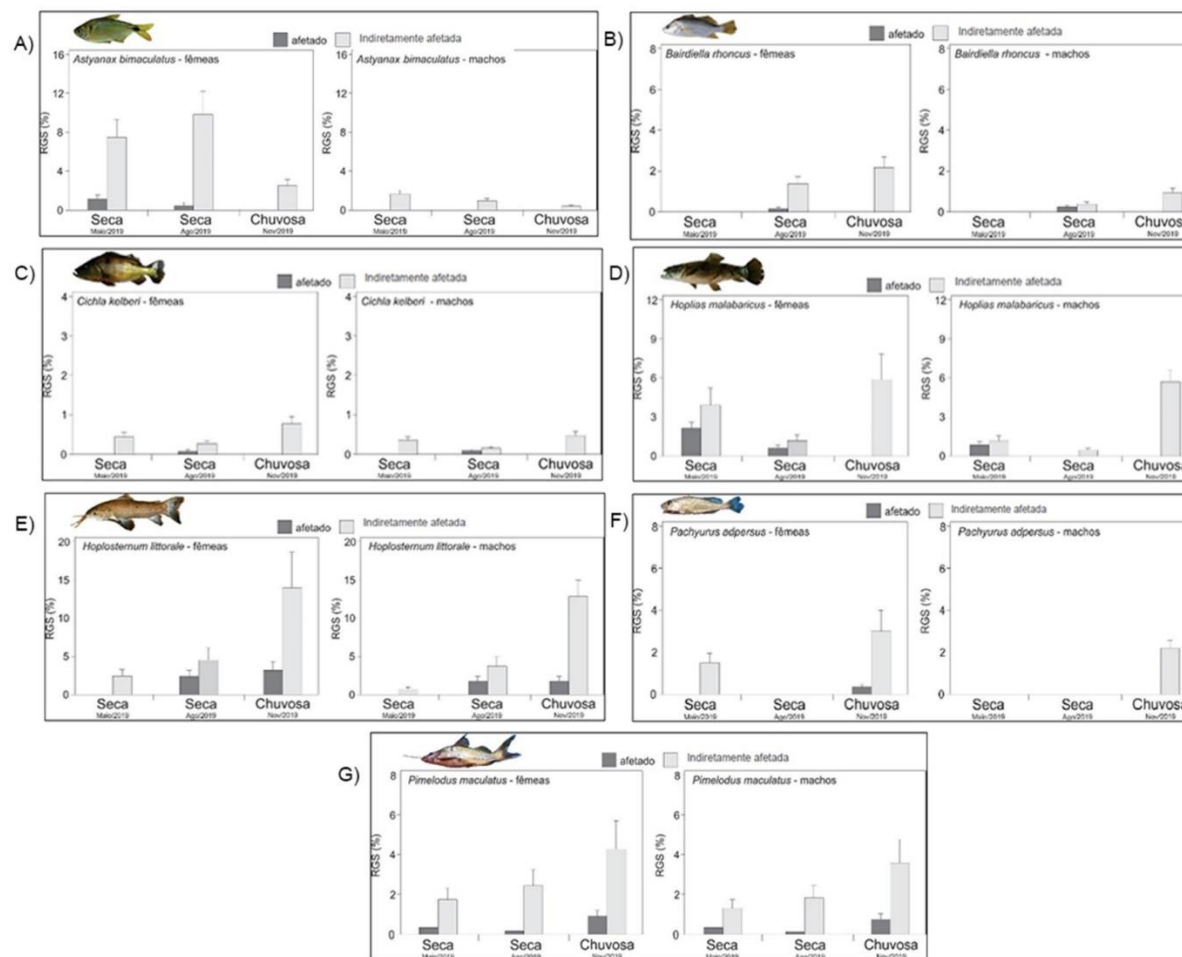


Figura 24: Riqueza (a) e biomassa (b) das espécies de peixes nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce por guilda trófica. Foram utilizados dados das campanhas realizadas entre outubro/2018 até março/2022.

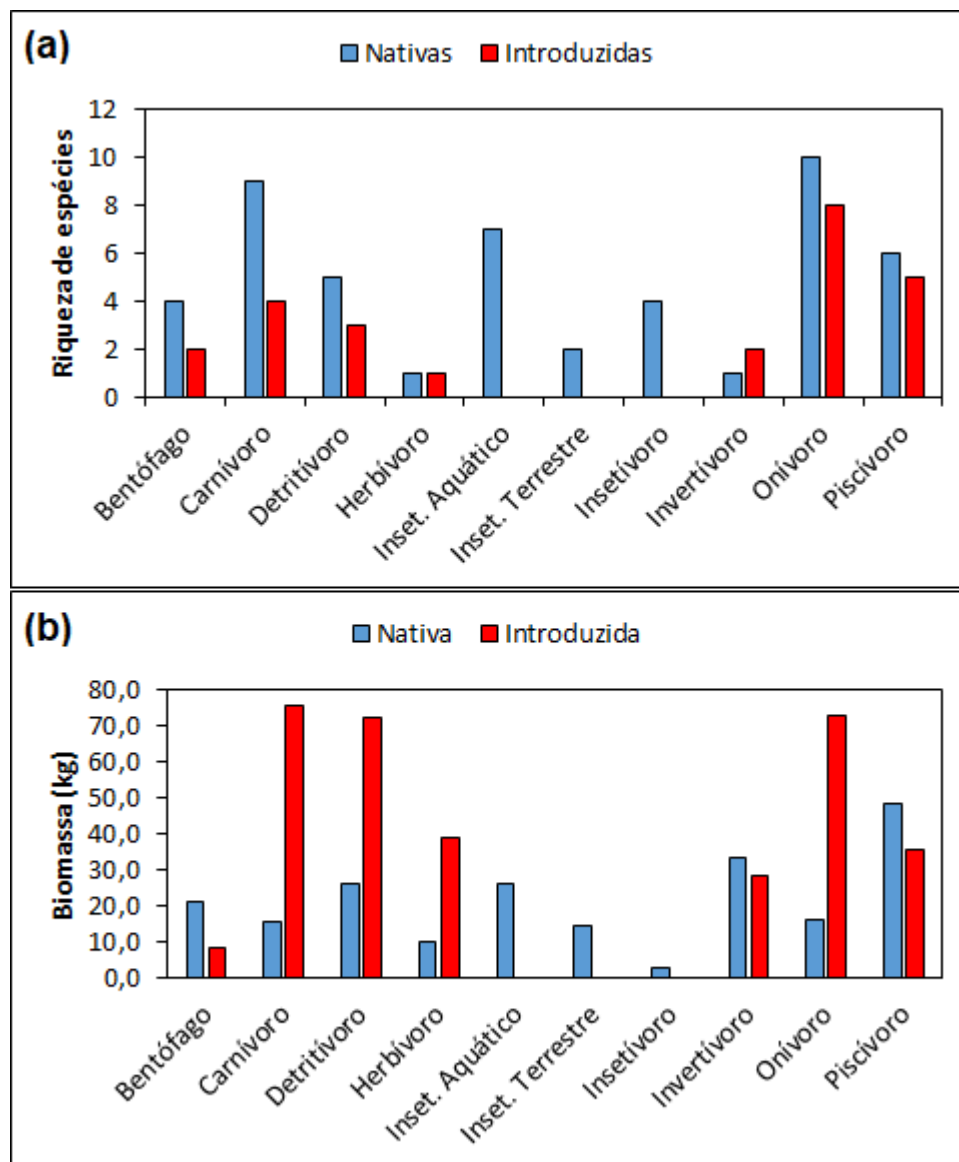
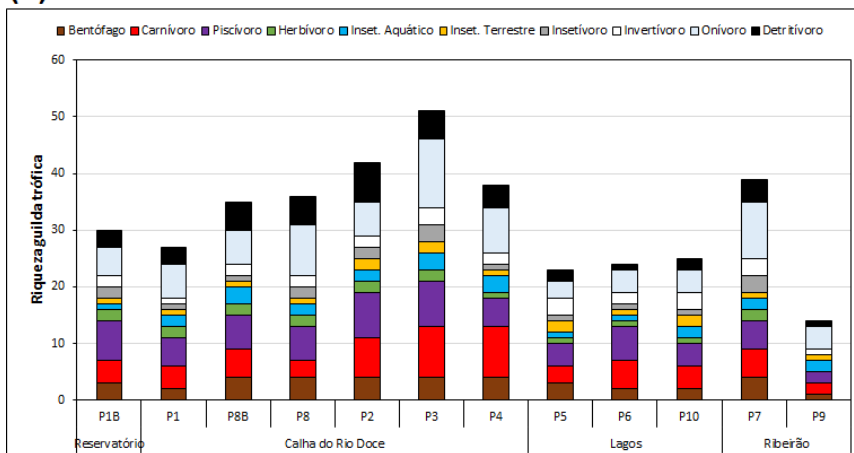


Figura 25: Evolução espacial da riqueza (a) e abundância (b) de guildas tróficas das espécies de peixes no Baixo Rio Doce.

Foram utilizados dados das campanhas realizadas entre outubro/2018 até março/2022.

(a)



(b)

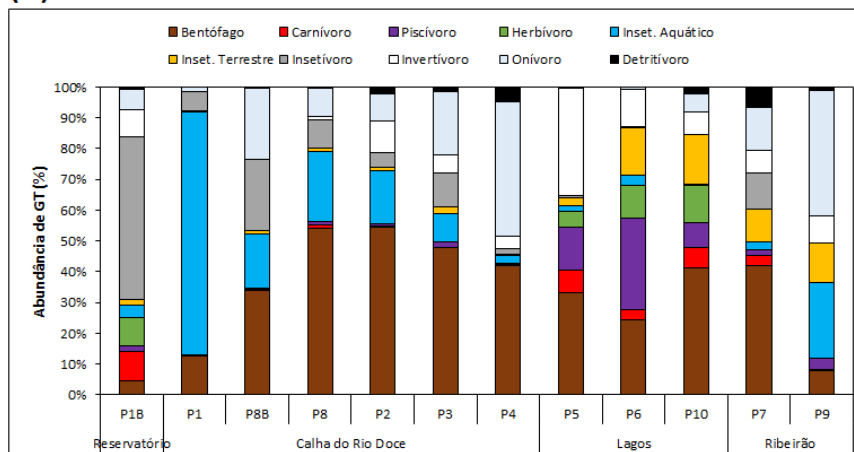


Figura 26: Evolução temporal da abundância de guildas tróficas (%) das assembleias de peixes nativos e introduzidos do Baixo Rio Doce. Legenda: N = espécies nativas, I = espécies introduzidas, NA = não houve amostragem. Período chuvoso 2018/2019 = outubro/2018 a março/2019; Período seco 2019 = abril/2019 a setembro/2019; Período chuvoso 2019/2020 = novembro/2019 a fevereiro/2020; Período chuvoso 2020/2021 = dezembro/2020 a março/2021; Período Seco 2021 = abril/2021 a setembro/2021 e Período chuvoso 2021/2022 = novembro/2021 a março/2022.

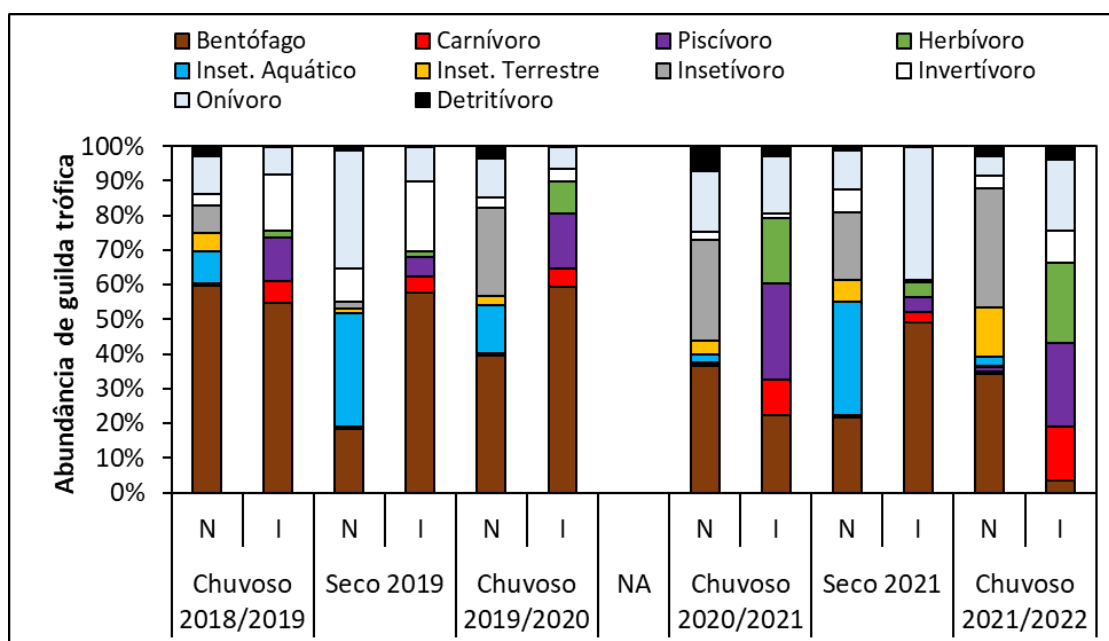


Tabela 1: Índice de importância alimentar (IAi) para as espécies de peixes mais abundantes amostradas durante as três campanhas (maio, agosto e novembro de 2019) em áreas afetadas (AF) e áreas indiretamente afetadas (AIF) pelo rejeito de mineração. IAi em negrito representa o item alimentar predominante em cada espécie de peixe. Dados coletados pela empresa de consultoria CEPENAR Ltda.

Espécie	Item alimentar	AIA	AF
<i>Genidens genidens</i>	Crustacea	1,58	2,58
	Invertebrado	0,25	4,27
	Insecta Aquático	-	2,58
	Insecta Terrestre	-	1,14
	Mollusca	2,31	2,74
<i>Astyanax bimaculatus</i>	Endoparasitas	1,14	1,25
	Arachnida	0,57	-
	Crustacea	1,24	0,94
	Invertebrado	5,28	2,15
	Insecta Aquático	14,52	4,56
	Insecta Terrestre	9,51	3,58
	Mollusca	5,21	1,51
<i>Baidiella ronchus</i>	Endoparasitas	0,28	1,14
	Crustacea	3,54	1,29
	Invertebrado	4,58	3,27
	Insecta Aquático	5,88	5,12
	Insecta Terrestre	3,33	3,15
	Mollusca	10,25	2,58
<i>Hoplias malabaricus</i>	Endoparasitas	1,22	1,98
	Arachnida	0,85	-
	Crustacea	10,85	2,74
	Invertebrado	4,52	3,85
	Insecta Aquático	3,32	3,14
	Insecta Terrestre	1,2	0,95
	Mollusca	0,58	0,04
	Vertebrado (peixe)	5,24	1,59
<i>Hoplosternum littorale</i>	Endoparasitas	1,45	2,18
	Crustacea	3,25	1,25
	Invertebrado	5,68	1,27
	Insecta Aquático	0,99	0,27
	Insecta Terrestre	0,15	-
	Mollusca	6,98	1,58
<i>Pimelodus maculatus</i>	Endoparasitas	1,85	2,54
	Arachnida	0,58	-
	Crustacea	6,85	4,58
	Invertebrado	10,58	4,21
	Insecta Aquático	8,58	2,87
	Insecta Terrestre	1,25	0,69
	Mollusca	9,58	3,25

Tabela 2: Índice de estrutura genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), indicando flutuação no tamanho efetivo populacional.

Espécie	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
	Ano1			Ano2			Ano3		
<i>Astyanax lacustris</i>	0,030	0,700	0,540 (0,102)	0,002	0,593	0,437 (0,083)	-0,003	0,708	0,651 (0,123)
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,007	0,867	0,727 (0,146)	0,016	0,817	0,666 (0,121)	0,006	0,779	0,643 (0,162)
<i>Geophagus brasiliensis</i>	0,016	0,576	0,573 (0,186)	0,008	0,553	0,671 (0,131)	0,037	0,725	0,684 (0,148)
<i>Hoplias malabaricus</i>	0,080	0,838	0,750 (0,047)	-0,094	0,758	0,687 (0,213)	0,147	0,540	0,646 (0,222)
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,007	0,748	0,839 (0,170)	0,002	0,753	0,914 (0,090)	0,151	0,613	0,855 (0,128)
<i>Pachyurus adspersus</i>	0,065	0,250	0,895 (0,107)	0,052	0,267	0,866 (0,115)	0,010	0,272	0,726 (0,129)
<i>Poecilia vivipara</i>	0,094	0,489	0,692 (0,319)	0,098	0,286	0,830 (0,235)	0,140	0,405	0,865 (0,186)

Tabela 3: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Astyanax lacustris</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
1	P1	13	4,83 (1,94)	14,83 (6,94)	0,536 (0,407)
1	P2	25	5,83 (1,94)	16,83 (7,75)	0,473 (0,326)
1	P3	29	6,50 (2,66)	21,16 (9,74)	0,531 (0,319)
1	P4	8	3,00 (1,09)	11,50 (6,95)	0,364 (0,261)
1	P5	29	5,66 (3,20)	18,16 (5,41)	0,289 (0,229)
1	P6	29	6,66 (2,33)	19,50 (6,97)	0,422 (0,299)
1	P7	28	7,33 (2,33)	19,66 (5,03)	0,245 (0,237)
1	P8	27	6,00 (2,00)	15,66 (5,16)	0,255 (0,243)
2	P1	2	2,50 (1,00)	8,25 (6,89)	0,722 (0,596)
2	P2	0	NA	NA	NA
2	P3	12	5,00 (2,55)	15,60 (8,47)	0,381 (0,285)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	1	NA	NA	NA
2	P6	19	5,50 (2,07)	16,16 (6,55)	0,481 (0,333)
2	P7	5	2,33 (0,516)	11,00 (13,66)	0,533 (0,433)
2	P8	21	5,50 (2,07)	17,33 (11,84)	0,485 (0,334)
3	P1	5	3,66 (1,03)	14,33 (8,50)	0,703 (0,483)
3	P2	17	4,83 (2,56)	14,17 (8,06)	0,114 (0,208)
3	P3	5	3,20 (1,30)	13,80 (9,09)	0,422 (0,304)
3	P4	10	4,20 (1,30)	15,00 (8,00)	0,294 (0,240)
3	P5	15	5,00 (1,87)	15,00 (6,28)	0,429 (0,307)
3	P6	30	6,20 (4,32)	17,40 (9,61)	0,187 (0,200)
3	P7	28	7,16 (3,86)	17,66 (12,42)	0,487 (0,311)
3	P8	2	NA	NA	NA

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 4: Índices de diversidade genética de *Deuterodon intermedius* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Deuterodon intermedius</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	4	3,28 (0,951)	16,57 (17,75)	0,702 (0,443)
1	P2	12	6,25 (2,71)	23,87 (18,88)	0,778 (0,451)
1	P3	30	9,37 (2,97)	26,75 (18,45)	0,676 (0,404)
1	P4	30	11,25 (3,80)	27,75 (16,64)	0,642 (0,410)
1	P5	0	NA	NA	NA
1	P6	0	NA	NA	NA
1	P7	26	10,0 (4,50)	26,87 (18,16)	0,662 (0,422)
1	P8	18	7,87 (2,64)	25,12 (18,68)	0,719 (0,454)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	1	NA	NA	NA
2	P3	25	9,87 (3,35)	23,50 (13,51)	0,716 (0,410)
2	P4	27	10,50 (4,59)	24,62 (16,91)	0,782 (0,481)
2	P5	0	NA	NA	NA
2	P6	0	NA	NA	NA
2	P7	5	3,75 (1,03)	17,00 (14,89)	0,680 (0,429)
2	P8	17	6,50 (3,81)	24,62 (16,37)	0,777 (0,484)
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	29	8,87 (4,70)	23,00 (18,33)	0,671 (0,401)
3	P3	30	9,75 (4,92)	24,12 (16,01)	0,697 (0,399)
3	P4	34	9,75 (5,44)	23,37 (17,64)	0,690 (0,433)
3	P5	0	NA	NA	NA
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	29	10,62 (4,06)	26,50 (15,65)	0,704 (0,442)
3	P8	0	NA	NA	NA

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 4.

Tabela 5: Índices de diversidade genética de *Geophagus brasiliensis* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Geophagus brasiliensis</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	27	4,20 (2,17)	7,20 (2,86)	0,488 (0,373)
1	P3	26	5,00 (1,58)	10,40 (3,78)	0,413 (0,295)
1	P4	28	6,00 (3,24)	10,40 (5,08)	0,543 (0,402)
1	P5	26	5,00 (1,87)	8,00 (3,31)	0,453 (0,294)
1	P6	29	4,25 (1,50)	7,00 (2,82)	0,247 (0,176)
1	P7	26	4,80 (1,92)	7,20 (2,95)	0,449 (0,353)
1	P8	15	4,50 (2,38)	9,00 (3,65)	0,291 (0,234)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	31	5,00 (2,00)	7,80 (2,58)	0,432 (0,437)
2	P3	29	6,40 (2,70)	10,80 (3,56)	0,518 (0,326)
2	P4	29	6,60 (2,40)	9,40 (3,57)	0,506 (0,342)
2	P5	28	5,00 (1,87)	8,60 (3,50)	0,481 (0,308)
2	P6	29	4,40 (1,82)	7,20 (3,11)	0,320 (0,245)
2	P7	2	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,700 (0,535)
2	P8	3	2,00 (0,00)	4,50 (0,70)	0,177 (0,195)
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	13	3,20 (0,84)	6,00 (1,41)	0,567 (0,381)
3	P3	28	5,40 (3,05)	10,40 (5,27)	0,544 (0,362)
3	P4	7	3,00 (1,41)	6,00 (3,74)	0,567 (0,395)
3	P5	30	4,80 (1,30)	8,00 (3,16)	0,494 (0,336)
3	P6	30	4,80 (2,38)	9,60 (6,19)	0,349 (0,261)
3	P7	22	5,00 (2,55)	7,80 (3,56)	0,521 (0,315)
3	P8	0	NA	NA	NA

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
1	P1	29	5,00 (1,85)	5,50 (2,39)	0,495 (0,315)
1	P2	27	4,11 (1,83)	4,33 (2,17)	0,528 (0,308)
1	P3	28	5,12 (2,16)	5,37 (2,87)	0,535 (0,335)
1	P4	29	4,33 (1,93)	5,11 (1,45)	0,465 (0,300)
1	P5	0	NA	NA	NA
1	P6	4	2,14 (0,38)	2,71 (1,38)	0,327 (0,235)
1	P7	25	4,12 (1,46)	4,75 (1,98)	0,531 (0,319)
1	P8	30	5,00 (2,00)	5,44 (2,55)	0,527 (0,316)
2	P1	14	3,66 (1,87)	4,22 (2,38)	0,742 (0,447)
2	P2	22	5,00 (2,06)	6,00 (2,64)	0,658 (0,383)
2	P3	30	5,44 (1,13)	5,44 (1,33)	0,612 (0,358)
2	P4	29	5,22 (0,97)	5,44 (1,33)	0,649 (0,376)
2	P5	28	4,89 (1,17)	5,33 (2,00)	0,618 (0,361)
2	P6	0	NA	NA	NA
2	P7	18	4,44 (1,59)	5,88 (2,97)	0,621 (0,356)
2	P8	20	4,55 (1,50)	5,11 (3,37)	0,631 (0,385)
3	P1	27	4,88 (1,96)	5,44 (2,74)	0,611 (0,395)
3	P2	30	5,44 (1,13)	5,89 (2,08)	0,694 (0,480)
3	P3	28	5,00 (1,65)	5,44 (1,94)	0,677 (0,471)
3	P4	25	4,44 (1,13)	5,44 (1,81)	0,584 (0,345)
3	P5	0	NA	NA	NA
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	29	4,55 (1,59)	5,22 (1,98)	0,653 (0,378)
3	P8	30	4,44 (1,42)	5,55 (2,40)	0,605 (0,354)

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Pachyurus adspersus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	26	5,33 (3,05)	5,66 (4,04)	0,200 (0,209)
1	P2	23	5,33 (3,05)	6,33 (5,13)	0,278 (0,224)
1	P3	25	5,00 (2,64)	6,66 (5,68)	0,155 (0,180)
1	P4	29	5,66 (3,21)	7,00 (4,35)	0,421 (0,431)
1	P5	24	5,66 (2,30)	7,33 (4,72)	0,184 (0,200)
1	P6	25	5,00 (3,00)	6,66 (5,03)	0,284 (0,227)
1	P7	24	5,00 (2,64)	6,33 (4,04)	0,598 (0,390)
1	P8	26	3,33 (1,15)	6,66 (4,16)	0,209 (0,215)
2	P1	25	5,00 (2,64)	5,66 (4,61)	0,545 (0,363)
2	P2	25	6,33 (3,78)	8,00 (5,56)	0,587 (0,426)
2	P3	29	6,33 (2,51)	8,00 (4,58)	0,469 (0,461)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	11	4,00 (1,73)	6,00 (4,00)	0,582 (0,435)
2	P6	1	NA	NA	NA
2	P7	1	NA	NA	NA
2	P8	11	3,33 (1,15)	6,66 (4,16)	0,311 (0,370)
3	P1	33	5,33 (2,88)	6,33 (4,04)	0,201 (0,209)
3	P2	29	5,00 (2,64)	7,66 (5,13)	0,235 (0,230)
3	P3	29	6,33 (3,78)	7,66 (5,13)	0,203 (0,211)
3	P4	30	4,66 (2,30)	7,00 (4,35)	0,373 (0,273)
3	P5	5	3,33 (1,15)	2,66 (0,57)	0,429 (0,331)
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	1	NA	NA	NA
3	P8	29	5,66 (3,21)	7,66 (5,13)	0,210 (0,215)

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	3	2,33 (0,81)	2,00 (1,55)	0,373 (0,285)
1	P3	7	2,85 (1,07)	3,28 (2,06)	0,523 (0,372)
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	16	3,57 (1,27)	4,71 (3,68)	0,419 (0,302)
1	P6	29	3,57 (1,27)	3,57 (2,44)	0,253 (0,209)
1	P7	6	3,00 (0,71)	4,00 (2,12)	0,606 (0,421)
1	P8	8	3,71 (1,49)	6,28 (1,89)	0,672 (0,422)
2	P1	1	NA	NA	NA
2	P2	0	NA	NA	NA
2	P3	4	2,66 (0,816)	4,16 (2,78)	0,690 (0,490)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	6	3,20 (1,30)	3,40 (2,60)	0,641 (0,440)
2	P6	6	2,75 (0,50)	3,25 (1,70)	0,646 (0,443)
2	P7	3	2,66 (0,58)	3,33 (0,58)	0,622 (0,475)
2	P8	0	NA	NA	NA
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	1	NA	NA	NA
3	P3	1	NA	NA	NA
3	P4	1	NA	NA	NA
3	P5	3	2,20 (0,45)	1,80 (0,84)	0,466 (0,381)
3	P6	11	2,80 (1,09)	3,00 (1,87)	0,313 (0,285)
3	P7	0	NA	NA	NA
3	P8	1	NA	NA	NA

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	0	NA	NA	NA
1	P3	0	NA	NA	NA
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	10	2,25 (0,50)	1,75 (0,96)	0,314 (0,231)
1	P6	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,499 (0,317)
1	P7	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,443 (0,310)
1	P8	26	3,60 (1,52)	5,80 (4,20)	0,428 (0,282)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	29	3,60 (1,52)	4,60 (3,20)	0,479 (0,307)
2	P3	29	3,20 (1,64)	5,00 (3,80)	0,540 (0,359)
2	P4	29	5,00 (3,24)	5,60 (4,16)	0,505 (0,320)
2	P5	30	3,00 (1,41)	2,25 (1,25)	0,223 (0,192)
2	P6	16	3,00 (1,22)	4,00 (3,39)	0,513 (0,314)
2	P7	31	3,80 (2,38)	5,20 (3,56)	0,403 (0,289)
2	P8	1	NA	NA	NA
3	P1	3	2,00 (0,00)	2,33 (2,31)	0,240 (0,203)
3	P2	5	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,466 (0,329)
3	P3	24	3,40 (1,14)	5,20 (3,19)	0,461 (0,320)
3	P4	30	5,00 (3,31)	6,00 (5,05)	0,594 (0,364)
3	P5	28	3,40 (2,07)	3,40 (2,51)	0,254 (0,210)
3	P6	2	2,00 (0,00)	3,75 (3,77)	0,433 (0,357)
3	P7	30	3,60 (1,51)	5,20 (3,27)	0,492 (0,299)
3	P8	0	NA	NA	NA

*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Tabela 10: Parâmetros genéticos gerais de *Astyanax lacustris* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Astyanax lacustris</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	NoIndivíduos	NoHaplótipos	SítiosPolimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	14	4	2	0,3956 (0,1588)	0,000577 (0,000633)	-0,95919 (0,2077)	-0,85452 (0,075)
COI	1	P2	27	6	21	0,5014 (0,1119)	0,002926 (0,001883)	-2,22153 (0,002)	0,32452 (0,600)
COI	1	P3	30	5	21	0,5563 (0,0863)	0,002811 (0,001818)	-2,19280 (0,002)	1,29512 (0,774)
COI	1	P4	8	3	2	0,4643 (0,2000)	0,000709 (0,000762)	-1,31009 (0,106)	-0,99899 (0,06)
COI	1	P5	30	6	7	0,4552 (0,1062)	0,001083 (0,000909)	-1,67839 (0,02)	-2,48943 (0,02)
COI	1	P6	30	8	29	0,5908 (0,0998)	0,004686 (0,002757)	-1,97758 (0,008)	0,40435 (0,700)
COI	1	P7	28	4	21	0,3730 (0,1065)	0,002552 (0,001690)	-2,36603 (0,001)	1,97621 (0,856)
COI	1	P8	28	5	5	0,3280 (0,1122)	0,000600 (0,000626)	-1,86266 (0,008)	-3,06013 (0,004)
COI	2	P1	4	3	5	0,8333 (0,2224)	0,004019 (0,003170)	0,37186 (0,731)	0,64603 (0,562)

Astyanax lacustris

Gene	Ano	Estações de Coleta	NoIndivíduos	NoHaplótipos	SítiosPolimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	16	2	1	0,4000 (0,1135)	0,000567 (0,000621)	0,64998 (0,830)	0,87172 (0,518)
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	5	3	2	0,8000 (0,1640)	0,001418 (0,001320)	0,24314 (0,717)	-0,47542 (0,194)
COI	2	P6	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000605 (0,000634)	-1,67904 (0,025)	-1,79546 (0,038)
COI	2	P7	9	3	21	0,5556 (0,1653)	0,007092 (0,004316)	-1,74022 (0,021)	4,46838 (0,975)
COI	2	P8	26	12	35	0,7538 (0,0900)	0,009082 (0,004952)	-1,13201 (0,124)	-0,52037 (0,433)
CYTB	1	P1	13	6	26	0,7179 (0,1279)	0,006996 (0,004050)	-1,52839 (0,055)	1,52552 (0,774)
CYTB	1	P2	27	9	14	0,6895 (0,0961)	0,002678 (0,001778)	-1,73148 (0,027)	-2,88999 (0,043)
CYTB	1	P3	29	10	44	0,5320 (0,1133)	0,004563 (0,002661)	-2,55074 (0,0001)	-0,93325 (0,355)
CYTB	1	P4	8	2	1	0,2500 (0,1802)	0,000323 (0,000458)	-1,05482 (0,215)	-0,18197 (0,204)
CYTB	1	P5	30	21	6	0,9609 (0,0218)	0,001246 (0,001007)	-1,23366 (0,101)	-2,11162 (0,068)

Astyanax lacustris

Gene	Ano	Estações de Coleta	NoIndivíduos	NoHaplótipos	SítiosPolimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P6	30	24	14	0,9770 (0,0172)	0,001900 (0,001318)	-1,94995 (0,010)	-3,47533 (0,017)
CYTB	1	P7	28	23	12	0,9788 (0,0183)	0,001858 (0,001299)	-1,76920 (0,019)	-6,48408 (0,0002)
CYTB	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	-2,11727 (0,004)	-0,81302 (0,372)
CYTB	2	P1	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,000880 (0,001244)	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	16	11	15	0,9083 (0,0633)	0,001841 (0,001215)	-2,10476 (0,004)	-7,29465 (0,0001)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000440 (0,000546)	-0,61237 (0,380)	0,17185 (0,337)
CYTB	2	P6	22	11	15	0,7143 (0,1080)	0,001273 (0,000898)	-2,33864 (0,0005)	-7,59503 (<0,0001)
CYTB	2	P7	5	4	33	0,9000 (0,1610)	0,011961 (0,007597)	-1,05954 (0,121)	2,11274 (0,780)
CYTB	2	P8	26	15	46	0,8800 (0,0577)	0,004894 (0,002706)	-2,05116 (0,007)	-3,63070 (0,068)

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 11: Parâmetros genéticos gerais de *Deuterodon intermedius* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Deuterodon intermedius</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	12	7	23	0,8333 (0,1002)	0,007988 (0,004718)	-1,61101 (0,044)	-0,09796 (0,465)
COI	1	P3	30	13	22	0,8184 (0,0614)	0,006075 (0,003516)	-1,18209 (0,116)	-3,11667 (0,085)
COI	1	P4	29	10	24	0,7438 (0,0759)	0,006841 (0,003900)	-1,14406 (0,127)	-0,34352 (0,466)
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	27	10	24	0,8291 (0,0562)	0,009462 (0,005207)	-0,28077 (0,437)	0,62689 (0,642)
COI	1	P8	18	9	23	0,8693 (0,0610)	0,009368 (0,005267)	-0,59020 (0,304)	-0,01279 (0,518)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	30	14	32	0,8759 (0,0495)	0,012843 (0,006844)	-0,12676 (0,500)	-0,53345 (0,437)
COI	2	P4	28	14	28	0,8439 (0,0650)	0,012107 (0,006501)	0,07789 (0,598)	-1,07718 (0,350)
COI	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	5	4	18	0,9000 (0,1610)	0,013839 (0,009034)	-0,20459 (0,485)	1,31990 (0,673)
COI	2	P8	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	11	6	35	0,7273 (0,1444)	0,012496 (0,007122)	-1,66973 (0,033)	1,86358 (0,812)

Deuterodon intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P3	29	10	29	0,6552 (0,0982)	0,006003 (0,003438)	-1,65721 (0,030)	-0,47027 (0,445)
CYTB	1	P4	27	10	39	0,6496 (0,1029)	0,009034 (0,004858)	-1,02730 (0,152)	1,59030 (0,773)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	26	8	43	0,8092 (0,0571)	0,014312 (0,007507)	-0,24269 (0,454)	5,40379 (0,968)
CYTB	1	P8	18	8	55	0,7516 (0,1031)	0,012975 (0,006878)	-0,97397 (0,168)	3,79307 (0,935)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	29	18	77	0,9532 (0,0211)	0,015298 (0,007792)	-0,43037 (0,373)	-0,06583 (0,514)
CYTB	2	P4	28	27	98	0,9974 (0,0104)	0,017430 (0,008847)	-0,80236 (0,220)	-10,67660 (0,001)
CYTB	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	5	5	29	1,0000 (0,1265)	0,010378 (0,006637)	-1,13302 (0,080)	-0,12265 (0,290)
CYTB	2	P8	18	17	77	0,9935 (0,0210)	0,016728 (0,008694)	-0,62798 (0,288)	-4,10053 (0,040)

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 12: Parâmetros genéticos gerais de *Geophagus brasiliensis* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Geophagus brasiliensis</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	28	2	1	0,0714 (0,0652)	0,000101 (0,000231)	-1,15142 (0,135)	-1,15451 (0,060)
COI	1	P3	26	6	40	0,5969 (0,0975)	0,009383 (0,005098)	-1,38424 (0,064)	5,17504 (0,965)
COI	1	P4	29	7	42	0,7808 (0,0582)	0,005441 (0,003133)	-2,37727 (0,0004)	1,70498 (0,803)
COI	1	P5	28	3	5	0,2619 (0,1022)	0,001043 (0,000887)	-1,18206 (0,120)	0,82655 (0,661)
COI	1	P6	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,133)	-1,21145 (0,054)
COI	1	P7	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,137)	-1,21145 (0,052)
COI	1	P8	21	3	37	0,4000 (0,1144)	0,019855 (0,010357)	1,44050 (0,950)	17,16043 (1,000)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	6	41	0,4138 (0,1109)	0,007758 (0,004272)	-1,73372 (0,020)	4,61381 (0,952)
COI	2	P3	29	4	40	0,6675 (0,0673)	0,011866 (0,006295)	-0,65347 (0,280)	11,53169 (0,999)
COI	2	P4	29	5	39	0,6527 (0,0783)	0,010723 (0,005735)	-0,87535 (0,197)	8,41194 (0,991)
COI	2	P5	28	4	4	0,3730 (0,1065)	0,001250 (0,001004)	-0,36729 (0,396)	0,03899 (0,482)
COI	2	P6	29	2	36	0,0690 (0,0632)	0,003512 (0,002173)	-2,68454 (<0,00001)	7,23953 (0,992)
COI	2	P7	21	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	29	4	15	0,2586 (0,1042)	0,001072 (0,000781)	-2,30691 (0,0005)	0,88475 (0,713)
CYTB	1	P3	27	9	96	0,6866 (0,0952)	0,014432 (0,007389)	-1,31801 (0,076)	7,65095 (0,990)
CYTB	1	P4	30	9	85	0,6713 (0,0916)	0,007276 (0,003882)	-2,43763 (0,0002)	4,19334 (0,938)

Geophagus brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P5	28	6	18	0,4365 (0,1129)	0,003052 (0,001799)	-0,98554 (0,170)	4,49413 (0,957)
CYTB	1	P6	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000464 (0,000509)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,562)
CYTB	1	P7	30	4	3	0,3034 (0,1041)	0,000280 (0,000326)	-1,36029 (0,064)	-2,24295 (0,021)
CYTB	1	P8	20	4	74	0,4895 (0,1167)	0,028654 (0,014612)	1,60830 (0,967)	21,65217 (1,000)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	10	95	0,6414 (0,0995)	0,012797 (0,006559)	-1,49432 (0,044)	6,20024 (0,972)
CYTB	2	P3	29	9	96	0,7857 (0,0602)	0,019421 (0,009808)	-0,36180 (0,410)	11,38231 (0,998)
CYTB	2	P4	29	8	90	0,7537 (0,0648)	0,015755 (0,008015)	-0,82857 (0,213)	11,01082 (0,997)
CYTB	2	P5	28	9	19	0,6296 (0,1022)	0,003365 (0,001941)	-0,75294 (0,251)	0,01062 (0,540)
CYTB	2	P6	29	3	84	0,3054 (0,1006)	0,005479 (0,002981)	-2,70687 (<0,00001)	11,27912 (0,998)
CYTB	2	P7	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 13: Parâmetros genéticos gerais de *Hoplias malabaricus* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	3	2	3	0,6667 (0,3143)	0,002825 (0,002663)	NA	NA
COI	1	P3	10	3	5	0,3778 (0,1813)	0,001412 (0,001170)	-1,74110 (0,015)	0,47727 (0,568)
COI	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	17	3	2	0,2279 (0,1295)	0,000332 (0,000452)	-1,50358 (0,055)	-1,68032 (0,013)
COI	1	P6	30	5	7	0,5655 (0,0736)	0,002425 (0,001626)	-0,13692 (0,490)	0,79829 (0,690)
COI	1	P7	11	5	6	0,6182 (0,1643)	0,001541 (0,001232)	-1,85059 (0,012)	-1,84413 (0,034)
COI	1	P8	8	5	14	0,7857 (0,1508)	0,006434 (0,004170)	-1,79124 (0,008)	1,34381 (0,760)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	5	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	8	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	11	2	3	0,3273 (0,1533)	0,001389 (0,001145)	-0,14180 (0,413)	2,26201 (0,840)
COI	2	P7	8	3	4	0,6786 (0,1220)	0,001819 (0,001445)	-0,72673 (0,290)	0,67071 (0,601)
COI	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P8	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	5	4	5	0,9000 (0,1610)	0,001753 (0,001376)	-1,12397 (0,066)	-1,01160 (0,115)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	8	5	7	0,8571 (0,1083)	0,002285 (0,001553)	-0,16319 (0,461)	-0,58060 (0,284)
CYTB	2	P6	11	5	11	0,7091 (0,1366)	0,002263 (0,001480)	-1,34484 (0,094)	0,20081 (0,530)
CYTB	2	P7	8	4	9	0,6429 (0,1841)	0,001972 (0,001378)	-1,72322 (0,015)	0,39513 (0,574)
CYTB	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 14: Parâmetros genéticos gerais de *Knodus moenkhausii* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Knodus moenkhausii</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	25	3	5	0,1567 (0,0957)	0,000658 (0,000663)	-1,85514 (0,010)	-0,19003 (0,343)
COI	1	P2	18	4	7	0,3137 (0,1376)	0,001911 (0,001632)	-2,09654 (0,004)	0,57109 (0,596)
COI	1	P3	20	3	2	0,1947 (0,1145)	0,000671 (0,000970)	-1,51284 (0,041)	-0,02545 (0,226)
COI	1	P4	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	30	3	4	0,1310 (0,0821)	0,000425 (0,000537)	-1,90117 (0,004)	-1,14218 (0,153)
COI	1	P8	26	6	8	0,3538 (0,1194)	0,001451 (0,001164)	-1,80126 (0,019)	-1,07915 (0,220)
COI	2	P1	7	2	2	0,2857 (0,1964)	0,000808 (0,000844)	-1,23716 (0,122)	0,85642 (0,600)
COI	2	P2	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000704 (0,000695)	-1,49719 (0,057)	-1,44517 (0,053)
COI	2	P3	32	5	11	0,3831 (0,1027)	0,001566 (0,001169)	-1,80933 (0,017)	-0,29113 (0,430)

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	2	P4	30	7	8	0,6897 (0,0806)	0,001850 (0,001322)	-1,07006 (0,152)	-1,80888 (0,126)
COI	2	P5	28	2	2	0,3889 (0,0841)	0,001100 (0,000920)	1,07399 (0,864)	2,59380 (0,876)
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	18	2	2	0,4248 (0,0993)	0,001202 (0,000998)	1,12564 (0,863)	2,42347 (0,860)
COI	2	P8	22	7	8	0,5411 (0,1253)	0,001586 (0,001198)	-1,48310 (0,060)	-2,91502 (0,013)
CYTB	1	P1	20	2	3	0,1000 (0,0880)	0,000367 (0,000445)	-1,72331 (0,020)	0,54390 (0,395)
CYTB	1	P2	8	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	12	3	6	0,3182 (0,1637)	0,3182 (0,1637)	-1,37073 (0,097)	1,19717 (0,766)
CYTB	1	P4	20	2	1	0,1000 (0,0880)	0,000178 (0,000353)	-1,16439 (0,137)	-0,87930 (0,080)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	9	2	4	0,2222 (0,1662)	0,001120 (0,000973)	-1,60974 (0,035)	1,84369 (0,779)
CYTB	1	P8	5	2	2	0,4000 (0,2373)	0,001695 (0,001688)	-0,97256 (0,103)	1,04042 (0,626)
CYTB	2	P1	5	3	10	0,7000 (0,2184)	0,003439 (0,002412)	-1,19267 (0,045)	1,87180 (0,817)

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	2	P2	23	13	36	0,8498 (0,0713)	0,005115 (0,002824)	-1,46677 (0,054)	-2,12929 (0,186)
CYTB	2	P3	32	17	56	0,8669 (0,0467)	0,004563 (0,002516)	-2,29262 (0,001)	-4,56451 (0,046)
CYTB	2	P4	28	17	50	0,8889 (0,0508)	0,005100 (0,002793)	-2,01469 (0,007)	-4,84698 (0,032)
CYTB	2	P5	27	15	30	0,8547 (0,0612)	0,003655 (0,002083)	-1,67225 (0,027)	-4,98515 (0,019)
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	18	6	7	0,6667 (0,1055)	0,002136 (0,001352)	0,74785 (0,793)	0,13638 (0,560)
CYTB	2	P8	17	9	29	0,8456 (0,0699)	0,003566 (0,002088)	-2,09976 (0,005)	-1,20485 (0,265)

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 15: Parâmetros genéticos gerais de *Pachyurus adspersus* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	-1,50906 (0,040)	-0,36471 (0,161)
COI	1	P2	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P3	30	2	3	0,0667 (0,0613)	0,000282 (0,000401)	-1,73178 (0,015)	0,13503 (0,265)
COI	1	P4	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000188 (0,000321)	-1,50738 (0,040)	-0,39563 (0,146)
COI	1	P7	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P8	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,135)	-1,21145 (0,054)
COI	2	P1	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	13	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	18	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,328)	-0,34603 (0,311)
CYTB	1	P2	28	3	2	0,5000 (0,0699)	0,000545 (0,000524)	0,04015 (0,638)	0,10934 (0,443)
CYTB	1	P3	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000385 (0,000422)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,564)
CYTB	1	P4	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,336)	-0,34603 (0,304)

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P5	28	4	3	0,3730 (0,1065)	0,000479 (0,000483)	-0,96715 (0,120)	-0,14255 (0,348)
CYTB	1	P6	29	2	1	0,0690 (0,0632)	0,000072 (0,000167)	-1,14923 (0,130)	-1,18346 (0,057)
CYTB	1	P7	30	6	6	0,5586 (0,0877)	0,000727 (0,000629)	-1,53686 (0,044)	-2,77674 (0,012)
CYTB	1	P8	29	5	3	0,5542 (0,0805)	0,000672 (0,000598)	-0,36888 (0,385)	-0,65854 (0,274)
CYTB	2	P1	21	2	1	0,3810 (0,1005)	0,000424 (0,000466)	0,65593 (0,841)	0,94374 (0,541)
CYTB	2	P2	30	3	2	0,4805 (0,0726)	0,000586 (0,000560)	0,08763 (0,627)	0,16514 (0,454)
CYTB	2	P3	33	5	5	0,4811 (0,0891)	0,000653 (0,000599)	-1,39415 (0,065)	-1,95001 (0,053)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	13	5	4	0,5385 (0,1611)	0,000827 (0,000734)	-1,43714 (0,090)	-2,53494 (0,004)
CYTB	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	18	2	1	0,1111 (0,0964)	0,000124 (0,000235)	-1,16467 (0,149)	-0,79427 (0,091)

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais de *Poecilia vivipara* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

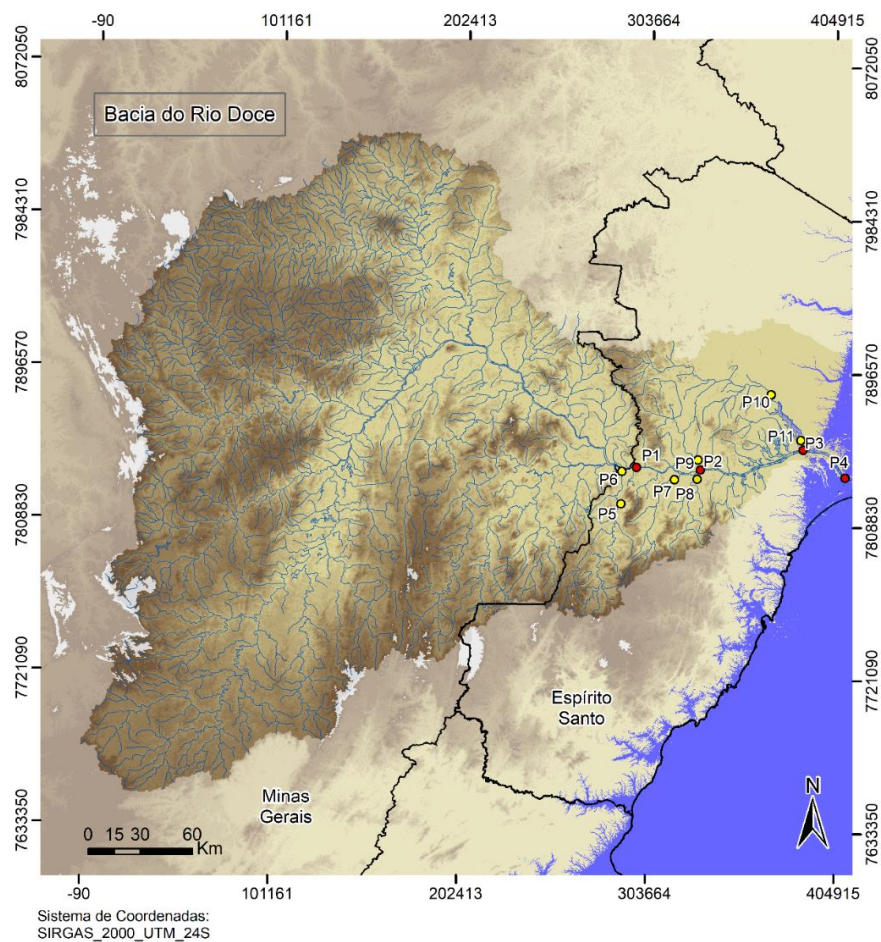
<i>Poecilia vivipara</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	30	4	7	0,6552 (0,0531)	0,004413 (0,002619)	2,26946 (0,990)	4,36278 (0,956)
COI	1	P3	30	5	8	0,6713 (0,0616)	0,003935 (0,002381)	1,15361 (0,880)	2,50915 (0,876)
COI	1	P4	30	7	10	0,5816 (0,0962)	0,003202 (0,002013)	-0,32312 (0,420)	-0,05431 (0,524)
COI	1	P5	30	3	4	0,2460 (0,0978)	0,000864 (0,000783)	-1,01258 (0,177)	0,47172 (0,552)
COI	1	P6	30	3	6	0,2966 (0,0989)	0,001120 (0,000929)	-1,35927 (0,074)	1,04537 (0,702)
COI	1	P7	30	4	4	0,3563 (0,1062)	0,001088 (0,000911)	-0,60921 (0,308)	-0,22225 (0,420)
COI	1	P8	12	5	3	0,5758 (0,1634)	0,001049 (0,000937)	-0,82879 (0,245)	0,10495 (0,420)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	4	8	0,4437 (0,0999)	0,002839 (0,001831)	-0,01875 (0,537)	2,45799 (0,884)
COI	2	P3	30	4	7	0,6598 (0,0502)	0,004429 (0,002628)	2,28099 (0,990)	4,37402 (0,960)
COI	2	P4	30	5	8	0,5356 (0,0970)	0,002754 (0,001788)	-0,10866 (0,501)	1,23932 (0,757)
COI	2	P5	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000189 (0,000322)	-1,50738 (0,036)	-0,39563 (0,156)
COI	2	P6	16	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	32	4	6	0,5343 (0,0870)	0,002564 (0,001687)	0,60833 (0,760)	2,19696 (0,872)
COI	2	P8	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	30	6	22	0,7333 (0,0527)	0,006892 (0,003687)	1,20202 (0,916)	6,69785 (0,980)
CYTB	1	P3	30	7	28	0,7195 (0,0648)	0,007571 (0,004019)	0,56758 (0,757)	5,88264 (0,967)

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P4	30	12	32	0,7356 (0,0804)	0,005938 (0,003219)	-0,75084 (0,245)	0,00825 (0,540)
CYTB	1	P5	30	4	19	0,2506 (0,1017)	0,002703 (0,001622)	-1,35411 (0,069)	4,03062 (0,952)
CYTB	1	P6	30	5	18	0,3586 (0,1078)	0,002884 (0,001712)	-1,08124 (0,139)	2,97845 (0,905)
CYTB	1	P7	30	7	17	0,6276 (0,0942)	0,003682 (0,002109)	-0,25046 (0,455)	1,91654 (0,812)
CYTB	1	P8	12	2	5	0,1667 (0,1343)	0,000771 (0,000663)	-1,83094 (0,017)	1,99917 (0,801)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	13	33	0,8253 (0,0621)	0,006138 (0,003301)	-0,58187 (0,314)	-0,30802 (0,477)
CYTB	2	P3	30	15	34	0,9034 (0,0333)	0,008377 (0,004398)	0,41086 (0,719)	-0,36076 (0,479)
CYTB	2	P4	30	11	34	0,7678 (0,0740)	0,005707 (0,003090)	-0,88213 (0,201)	0,74459 (0,660)
CYTB	2	P5	30	7	20	0,3655 (0,1124)	0,001383 (0,000943)	-2,39591 (0,0006)	-1,19886 (0,257)
CYTB	2	P6	16	5	8	0,4500 (0,1507)	0,000972 (0,000750)	-1,94783 (0,011)	-1,16591 (0,140)
CYTB	2	P7	32	12	22	0,7419 (0,0793)	0,005191 (0,002830)	0,28923 (0,664)	-0,08077 (0,523)
CYTB	2	P8	1	1	0	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$

Figura 27: Localização dos pontos de monitoramento de ictioplâncton. Círculos vermelhos representa pontos de coleta na calha do Rio Doce, amarelos representam os pontos de amostragem nos afluentes.



Identificação dos Pontos

- P1. Rio Doce – Montante Mascarenhas
- P2. Rio Doce – Colatina
- P3. Rio Doce – Linhares
- P4. Rio Doce – Foz
- P5. Rio Guandu (1)
- P6. Rio Guandu (2)
- P7. Rio Stª Joana
- P8. Rio Stª Maria
- P9. Rio Pancas
- P10. Rio São José (Montante)
- P11. Rio São José (Jusante)

- Rio Doce (área afetada)
- Afluentes (ponto controle)
- Rede hidrográfica



Figura 28: Evolução temporal da densidade média de ovos e larvas de peixes durante o período de chuva 2021/2021; período de seca 2021 e período de chuva 2021/2-22.

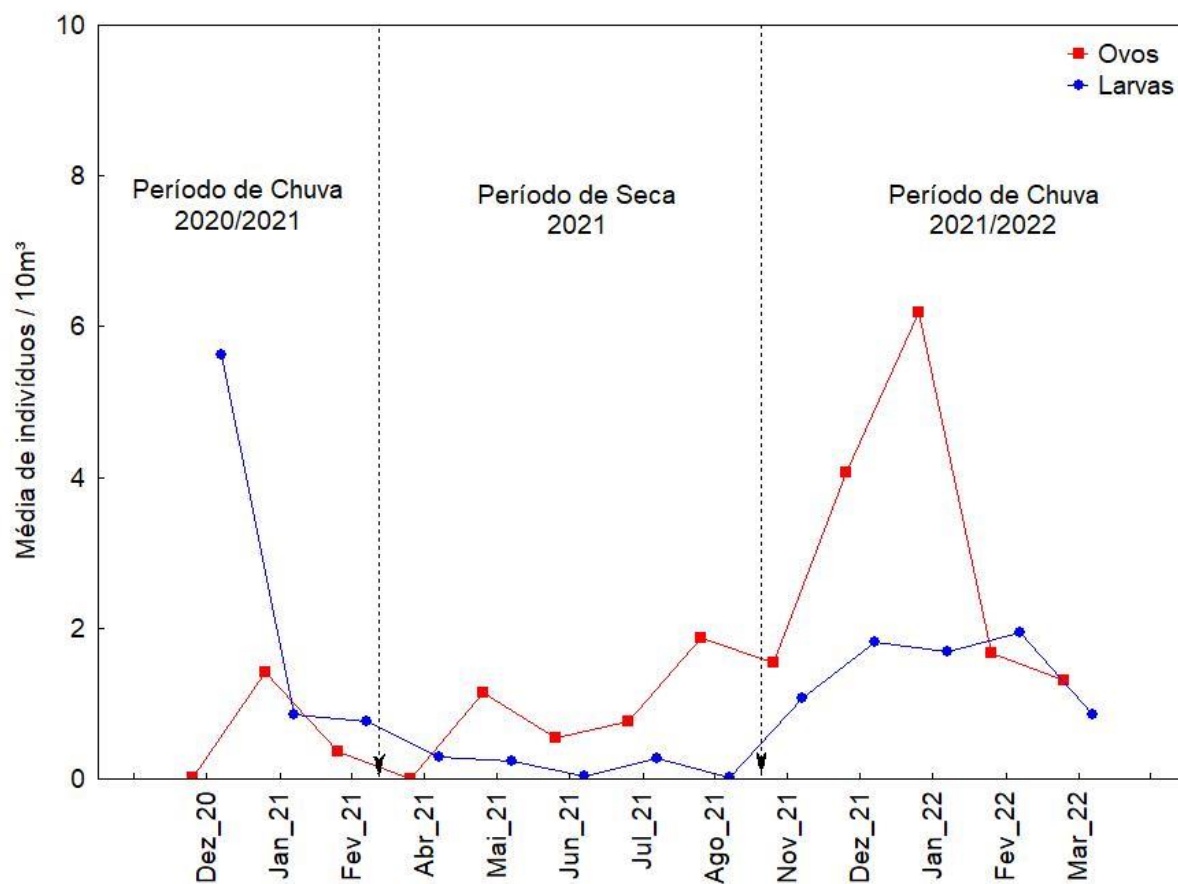


Figura 29: Densidade média de ovos de peixes nas 11 estações de amostragem ao longo do baixo rio Doce durante o período de dezembro de 2020 e março de 2021.

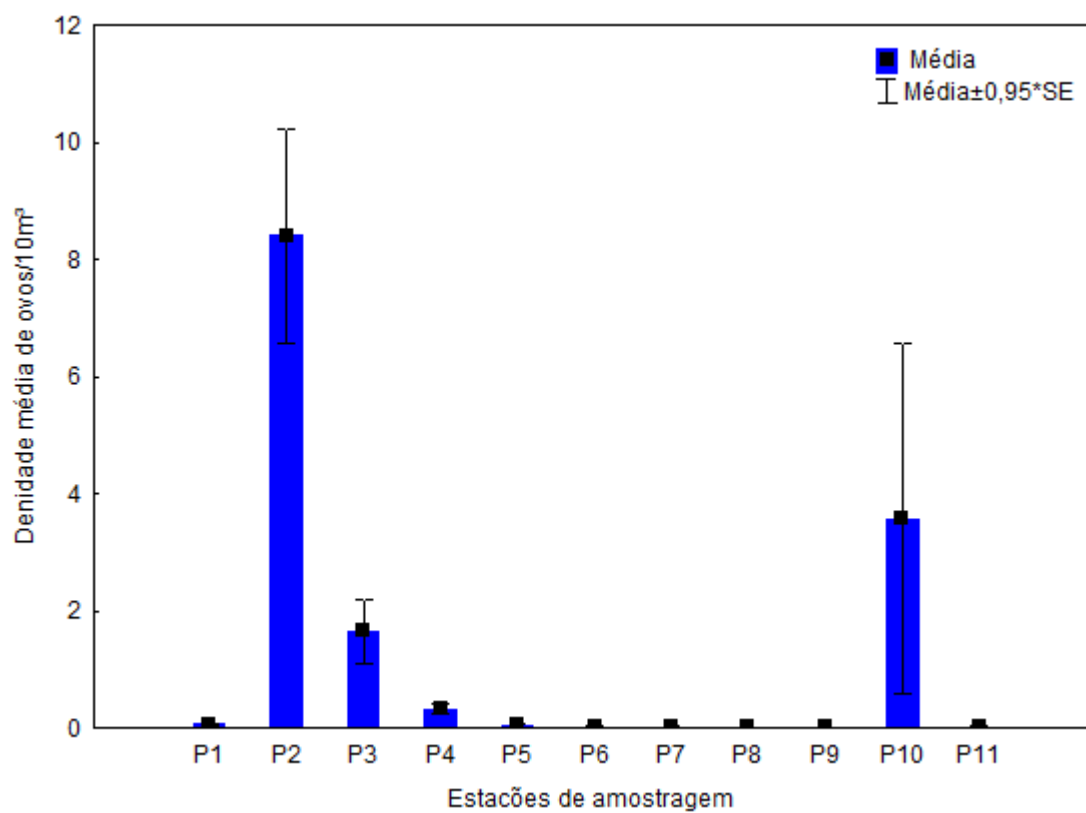


Figura 30: Densidade média de larvas de peixes nas 11 estações de amostragem ao longo do baixo rio Doce durante o período de dezembro de 2020 e março de 2021.

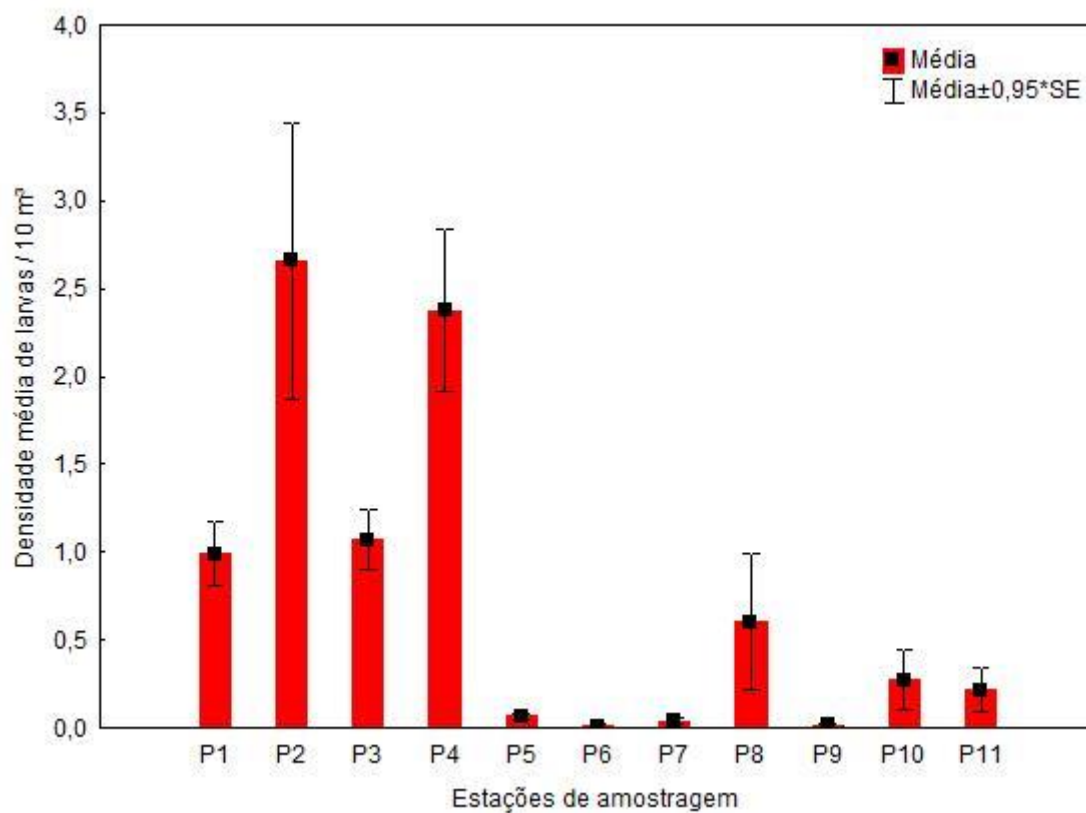


Figura 31: Densidades total de larvas identificadas e a origem (nativa ou introduzida), em relação a bacia do rio Doce.

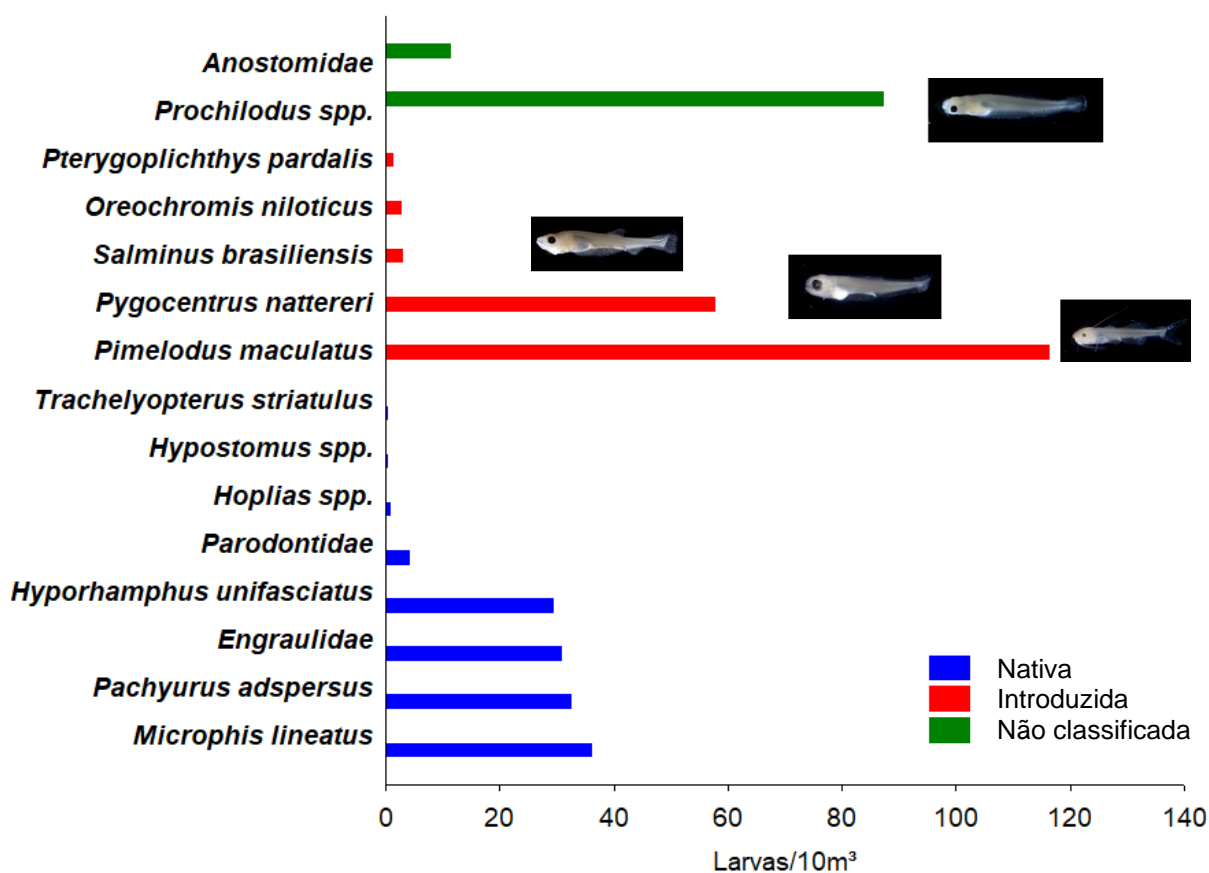


Figura 32: Larva de *Prochilodus* spp. em condição normal (foto superior) e apresentando deformidade na região superior da cabeça

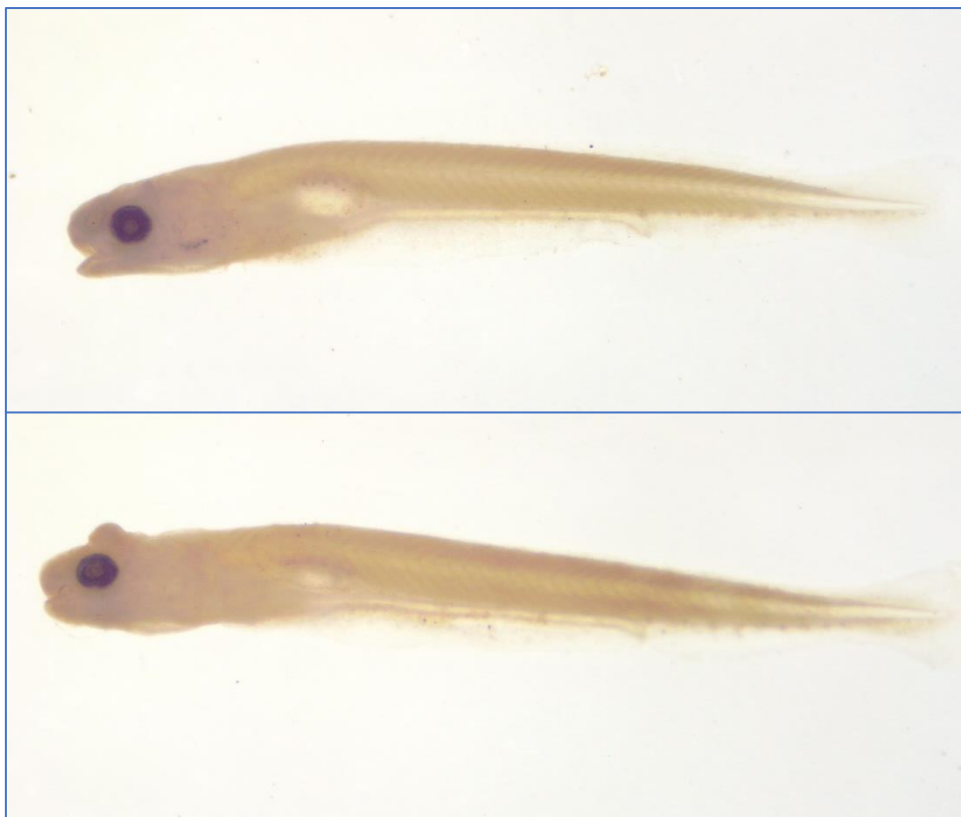


Figura 33: Larva de *Pygocentrus nattereri*. em condição normal (foto superior) e apresentando deformidade na região superior da cabeça.

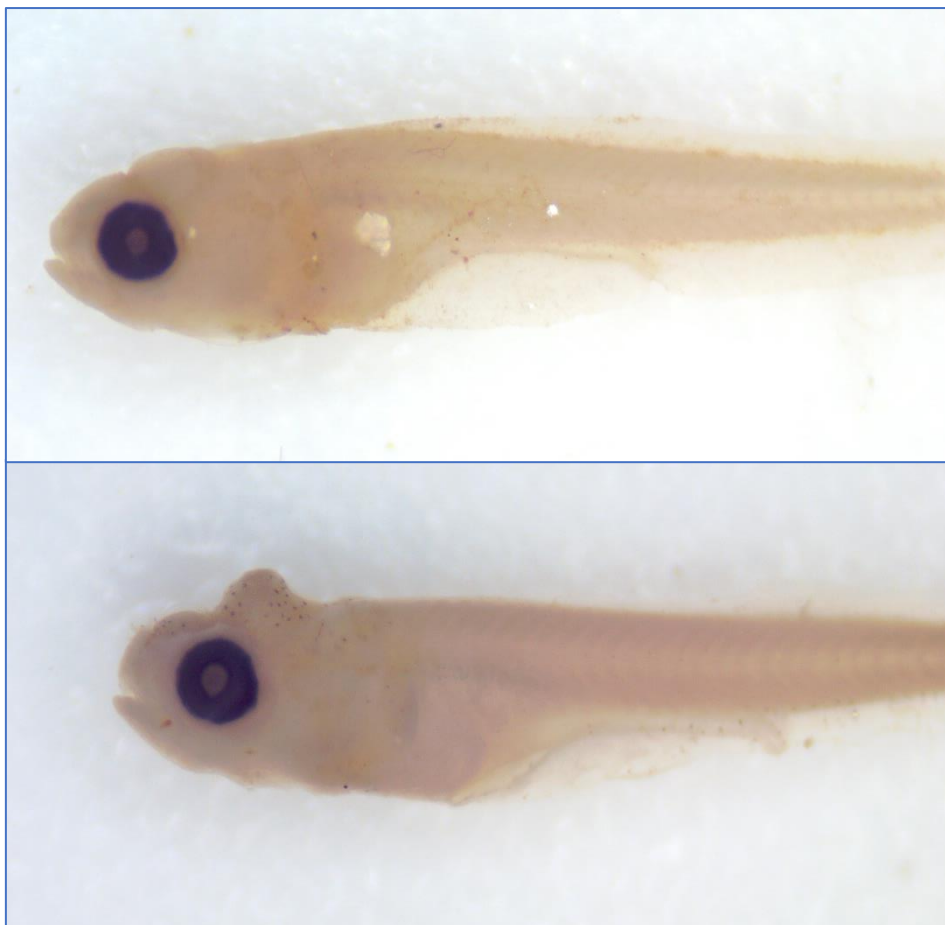


Figura 34: Densidade média e erro padrão (SE) de ovos de peixes / 10m³ de distribuídos em cada ponto de amostragem no âmbito do **ANEXO 2** realizado pela **CEPEMAR**.

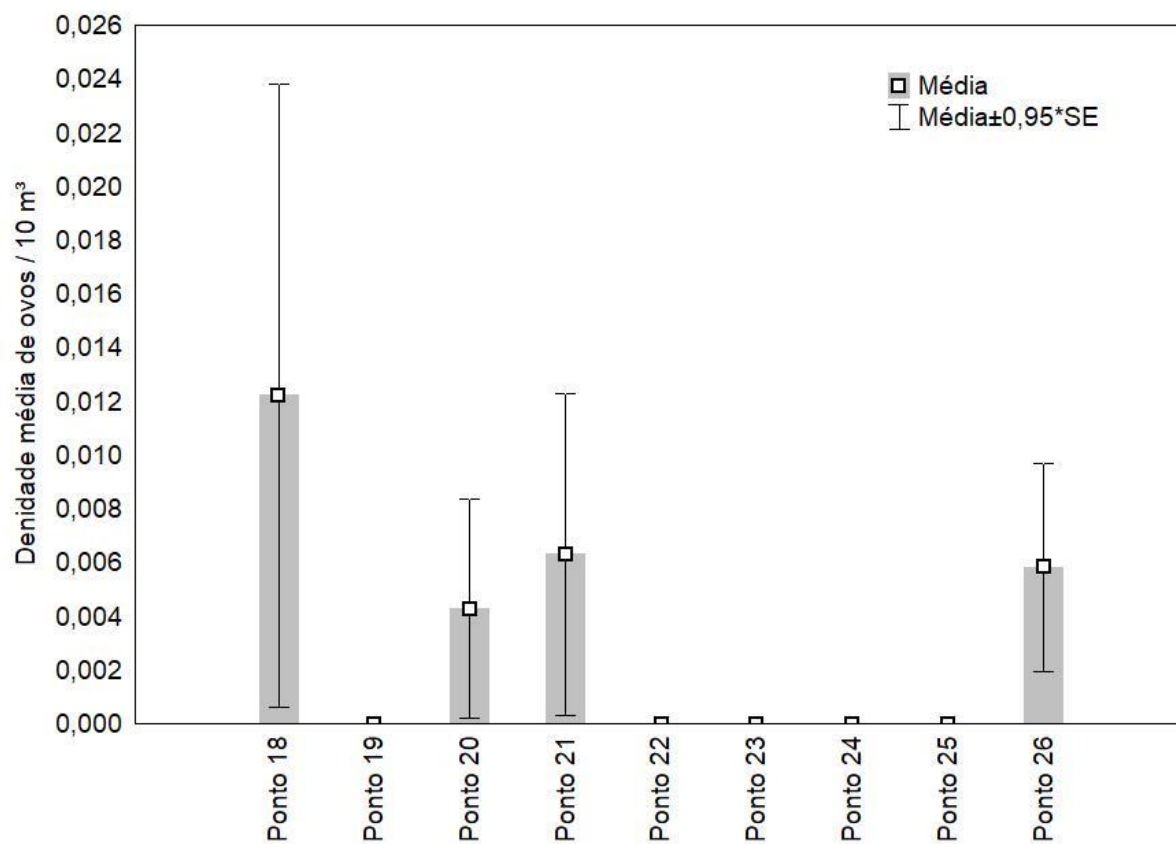


Figura 35: Densidade média e erro padrão (SE) das larvas de peixes / 10m³ de distribuídas em cada ponto de amostragem no âmbito do **ANEXO 2** realizado pela **CEPEMAR**.

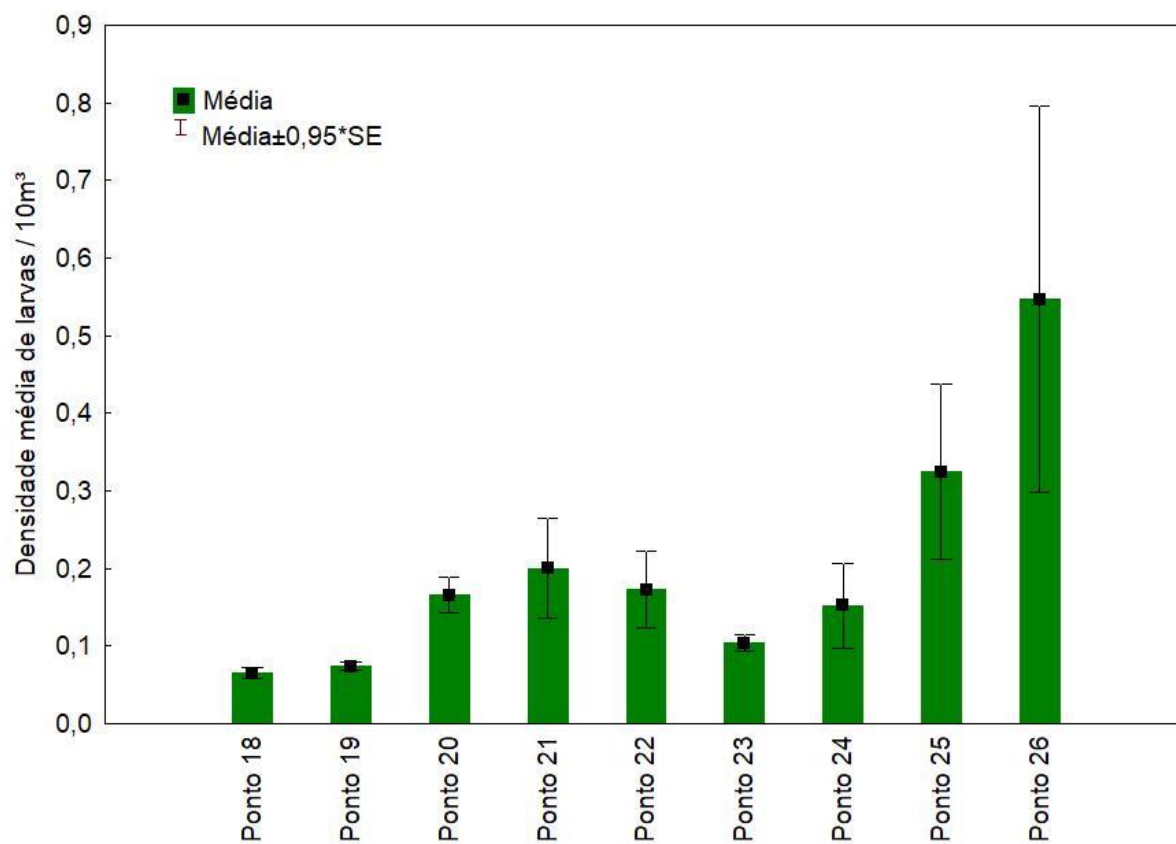


Figura 36: Densidade total de larvas / 10m³ de acordo com atribuição taxonômica, coletadas no âmbito do **ANEXO 2** realizado pela **CEPEMAR**.

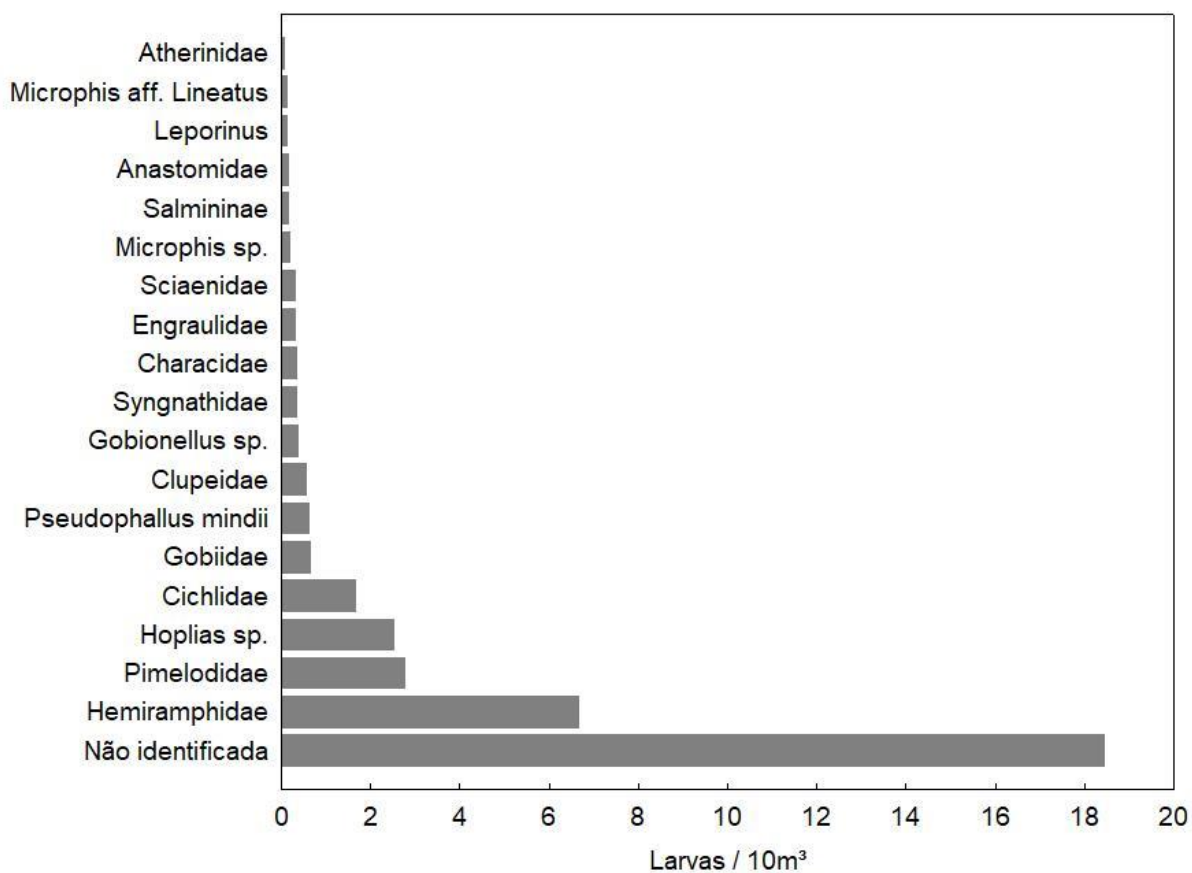


Figura 37: Variação temporal na densidade média de ovos e larvas de peixes, durante o período de maio e dezembro de 2019, no âmbito do **ANEXO 2** realizado pela **CEPEMAR**.

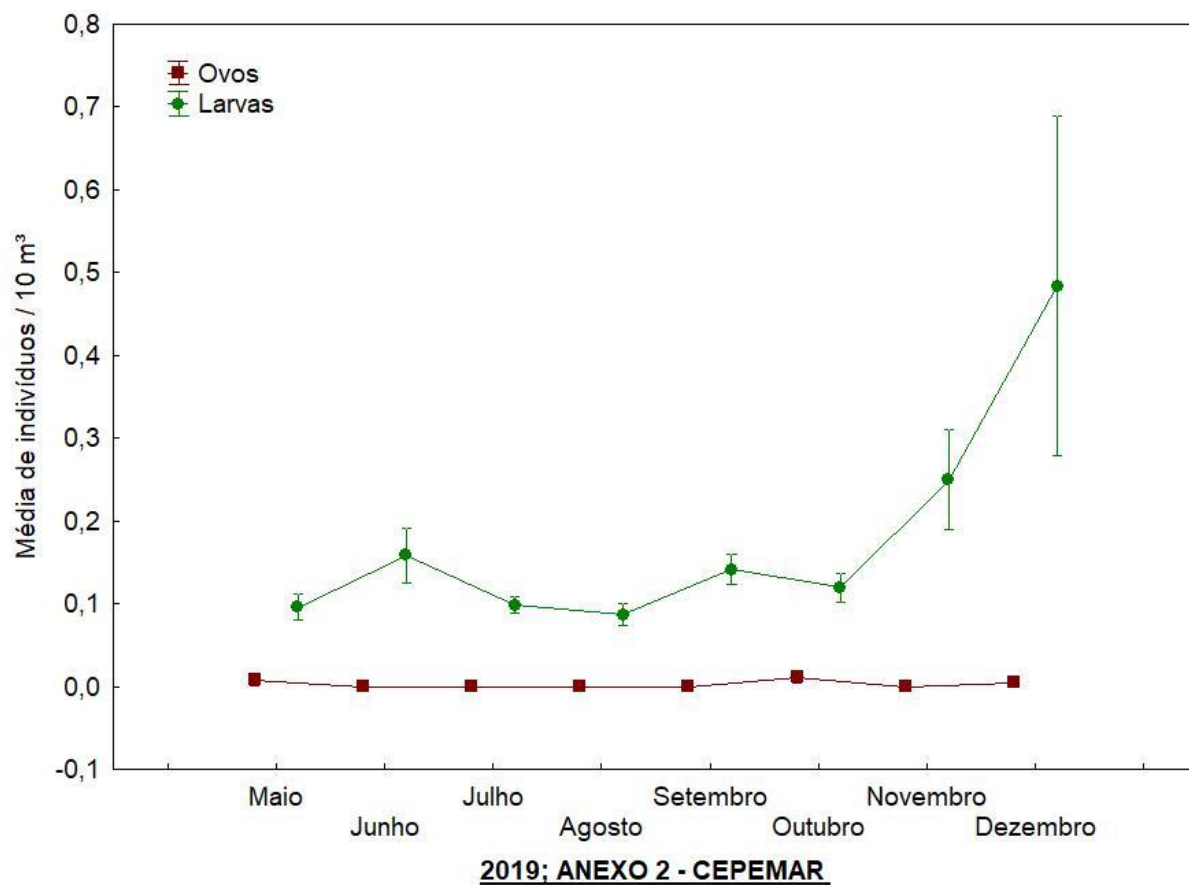
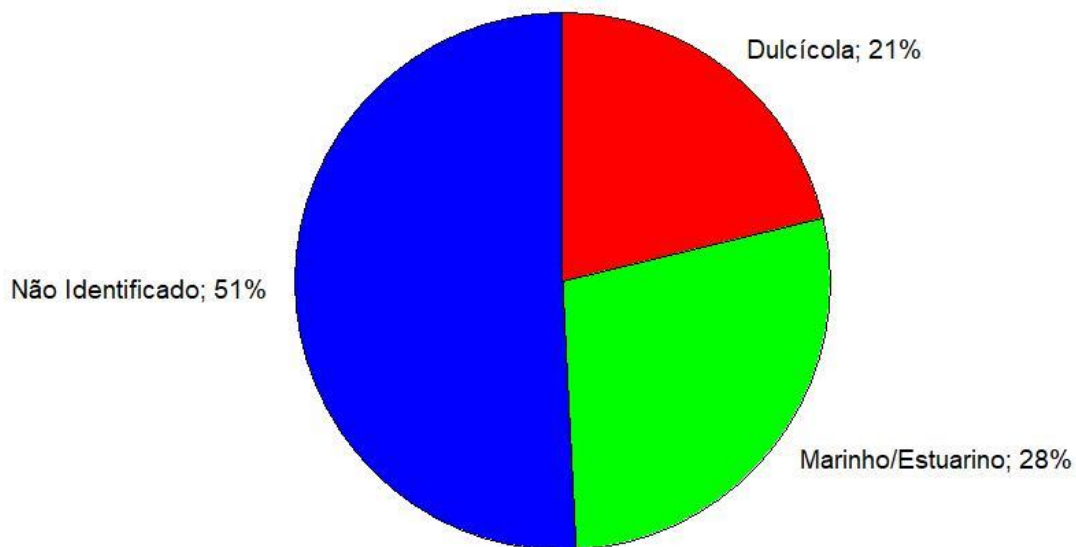


Figura 38: Proporção de larvas capturadas nas estações de amostragem do **ANEXO 2-CEPEMAR** quanto ao seu ambiente de origem: Larvas de táxons de origem de ambientes dulcícolas representaram 21% da densidade total; larvas de táxons de origem Marinho/Estuarino representaram 28% da densidade total; 51% das larvas capturadas não foram identificadas em nenhum nível taxonômico, e portanto, não foi possível atribuir a que ambiente o táxon pertence.



Densidade das larvas de peixes de ambiente Marinho/Estuarino e Dulcícola.