

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

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

RT- 43/ JUN 23

RA2022 PMBA/Fest

Vitória,

Junho de 2023

SUMÁRIO

1	HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL	4
2	METODOLOGIA	4
2.1	COLETA	4
2.1.1	Ictiofauna	4
2.1.2	Ictioplâncton.....	5
2.1.3	Macroinvertebrados bentônicos	6
2.2	ANÁLISE.....	7
2.2.1	Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	7
2.2.2	Ictiofauna Dulcícola: Genética	11
2.2.3	Ictioplâncton.....	12
2.2.4	Macroinvertebrados bentônicos	13
2.3	HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS.....	14
2.3.1	Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	14
2.3.2	Ictiofauna Dulcícola: Genética	14
2.3.3	Ictioplâncton.....	15
2.3.4	Macroinvertebrados bentônicos	15
3	RESULTADOS DOS INDICADORES	15
	INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA ECOLOGIA	17
3.1	RIQUEZA DE ESPÉCIES.....	17
3.2	PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	24
3.3	BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	26
3.4	DIVERSIDADE BETA.....	27
3.5	DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES.....	32
3.6	EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS	38
3.7	PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS	40

3.8	RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS NA CALHA DO RIO DOCE E NOS LAGOS	41
3.9	ESTÁGIO DE MATURAÇÃO.....	43
3.10	RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)	48
INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA GENÉTICA		49
3.11	DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES.....	49
3.12	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES	57
3.13	REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS.....	57
3.14	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES.....	59
3.15	DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE	131
3.16	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE	132
INDICADORES TEMA ICTIOPLÂNCTON		133
3.17	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE OVOS E LARVAS	133
3.18	DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS	136
3.19	INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS	141
3.20	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS	142
INDICADORES DO TEMA MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS		146
3.21	RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	146
3.22	ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	156
3.23	QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO	158
3.24	GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS	160
3.25	QUALIDADE DE ÁGUA	162
4	ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS	163
5	REFERÊNCIAS	163

1 HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL

O histórico de malha e frequência amostrais do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da Área Ambiental I (PMBA/Fest) abrange informações de suma importância para o balizamento do presente programa, uma vez que passou por modificações ao longo do tempo, visando melhor atender aos objetivos do PMBA/Fest. Estas alterações foram aprovadas pela Câmara Técnica da Biodiversidade (CTBio) por meio de: (1) ofício SEI nº 1/2020-CTBio/DIBIO/ICMBio, de outubro de 2019 (para o período de transição) e (2) Proposta Técnica de continuação do monitoramento, apresentada no primeiro semestre de 2022 visando o “Novo Ciclo do PMBA/Fest”.

As modificações implementadas se encontram nos seguintes Materiais Suplementares: 1) **MS - Malha e frequência amostrais**, onde as diferentes malhas e frequências amostrais são apresentadas nas abas “Ano 1”, “Transição”, “Novo Ciclo” e “Histórico Frequências” e 2) **MS – Mapas das malhas amostrais**, com a espacialização referente às malhas amostrais dos Ambientes. Como forma de esclarecer os períodos contemplados em cada uma delas, “Ano 1” se refere às estações amostrais coletadas entre setembro de 2018 e setembro de 2019, “Transição” às estações entre outubro de 2019 e julho de 2022 e “Novo Ciclo” referente às estações amostrais coletadas a partir de agosto de 2022.

2 METODOLOGIA

A metodologia apresentada contempla o escopo em vigência no momento de entrega deste relatório, ou seja, as amostragens e análises previstas para o Novo Ciclo do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática – PMBA submetidas à Fundação Renova através do FORMULÁRIO DE APRESENTAÇÃO DE PLANO DE TRABALHO em 31 de agosto de 2022. Após a descrição da metodologia implementada, será apresentado um breve descritivo sobre as modificações metodológicas (parâmetros, análise de parâmetros ou grupo de parâmetros, dentre outros) que ocorreram ao longo da evolução do PMBA/Fest a fim de determinar os indicadores.

2.1 COLETA

2.1.1 Ictiofauna

A coleta da ictiofauna foi realizada utilizando-se o esforço amostral de nove redes de espera, representando uma área de cobertura total de 90 m² com diferentes malhas de igual área (10 m²): malha 3 representando 15 mm entre nós opostos; malha 4, 20 mm; malha 5, 25 mm; 6, 30 mm; 7, 35 mm; 8, 40 mm; 10, 50 mm; 12, 60 mm e malha 14 representando 70 mm entre nós opostos. As redes foram colocadas às 16 hs e retiradas às 20 hs, totalizando quatro horas de exposição. Adicionalmente, 10 passadas com rede de arrasto (malha 5 mm entre nós opostos, altura de 2,5 m e comprimento de 10 m, representando uma área de cobertura total de 250 m²) e 46 lances de tarrafa (malhas 20 mm e 40 mm, altura de 2 m, representando uma área de cobertura total de 1300 m²) também foram realizados em cada ponto. Porém, em agosto o esforço de coleta das redes foi duplicado em cada ponto, mantendo

os esforços de arrasto e de tarrafa; a partir de agosto, as estatísticas são baseadas no conceito de coleta por unidade de esforço (CPUE), para manter as comparações das capturas ao longo da série temporal. Em todos os pontos foram aplicadas as mesmas metodologias e com o mesmo esforço amostral, sempre tentando maximizar as amostragens em todos os ambientes de cada ponto de coleta. Só no ponto 09, no córrego São Pedro Frio, as coletas foram realizadas com pesca elétrica (Smith-Root backpack electrofisher - LR-24 Electrofisher) num trecho de 150 m e com um esforço de 1 hora. Conforme definido em reunião realizada em julho de 2018, com representantes do PMBA/Fest, da Renova e do CT-BIO, a exposição das redes foi de aproximadamente 4 horas (16 às 20 horas), para garantir a qualidade e quantidade de peixes amostrados para análises genéticas e de conteúdo estomacal. Essa exposição pode ter reduzido a chance de coleta de peixes de hábitos noturnos. Por outro lado, nos lagos e reservatórios, a predação por piranhas aumenta com o tempo de exposição das redes. O menor tempo de exposição garantiu a qualidade dos resultados genéticos, de dieta e de determinação do estágio de maturação gonadal, evitando também a mortandade de espécimes.

Logo após a retirada dos peixes das redes, todos eles foram anestesiados com eugenol e fixados em solução de formalina 10% ou álcool etílico 100%, Exemplares maiores que 10 cm tiveram amostras de tecido retiradas ainda em campo, amostrando até 15 exemplares por cada espécie e ponto de amostragem. No laboratório os espécimes foram triados, identificados e submetidos a análises biométricas. O estômago e as gônadas dos espécimes foram retirados e armazenados em álcool etílico 70% para análises estomacais e de desenvolvimento gonadal. Todos os espécimes tiveram tecido muscular amostrado para estudos de cunho molecular e foram transferidos, em solução de álcool etílico 70%, para depósito na coleção ictiológica do Museu de Zoologia João Moojen, na Universidade Federal de Viçosa - UFV.

2.1.2 Ictioplâncton

O monitoramento de ictioplâncton dulcícola teve início no Ano 3 do PMBA/Fest e engloba o período de “Transição” e o “Novo Ciclo”, de 26 de dezembro de 2020 a 31 de agosto de 2022. A inclusão dos estudos do ictioplâncton visou atender as demandas do antigo Anexo 2, as quais não tinham sido contempladas integralmente em 2018, quando foram iniciadas as atividades do PMBA/Fest. Os estudos de ictioplâncton oferecem uma perspectiva fundamental na demografia das espécies e seus ciclos vitais e podem explicar as flutuações das populações de juvenis e adultos de cada espécie. As estações de amostragem para o monitoramento do ictioplâncton possuem uma distribuição específica por levar em consideração os locais de desova e à deriva dos organismos. Logo, foram selecionadas treze estações amostrais do Baixo Rio Doce, estado do Espírito Santo, sendo cinco delas localizadas no rio principal, que compreende a área diretamente afetada pelo rompimento da barragem: P1 (montante da UHE Mascarenhas), P2 (Colatina), P3 (Linhares), P4 (Foz) e P13 (Resplendor), e outras sete nos principais tributários do Baixo Rio Doce, considerados como pontos controle (área não afetada): P5 (Rio Guandu 1 – porção alta), P6 (Rio Guandu 2 – foz), P7 (Rio Santa Joana – foz), P8 (Rio Santa Maria do Rio Doce), P9 (Rio Pancas), P10 (Rio São José – Montante da Lagoa Juparanã), P11 (Rio São José – Jusante da Lagoa Juparanã) e P12 (Rio Manhuaçu).

O ictioplâncton foi amostrado quinzenalmente entre os meses de dezembro e março, que correspondem ao período chuvoso, e mensalmente entre abril e agosto, durante o período de estiagem. Dois turnos de amostragem foram empregados para minimizar os efeitos da variação nictemeral do ictioplâncton, um ao anoitecer (19h-20h) e o outro ao amanhecer (6h-07h). Durante as amostragens, foi utilizada uma rede de plâncton cônico-cilíndrica (malha de 0,5 mm, área da boca de 0,12 m²), equipada com fluxômetro General Oceanics™, o qual foi fixado na boca da rede, para medir o volume de água filtrada, permitindo a padronização do esforço de amostragem. Nas estações de amostragem localizadas na calha do Rio Doce (P1 a P4 e P13), foram realizadas três sequências de amostragens superficiais ao longo do perfil transversal, sendo uma no centro (ponto de maior profundidade aparente do leito do rio) e outras duas nas margens esquerda e direita, uma amostragem de fundo também foi realizada no centro do leito do rio em uma adaptação com a rede de plâncton montada em um trenó (NAKATANI et al., 2001). Nas demais estações (P5 a P12), por possuírem uma área de drenagem menor, as amostragens foram somente superficiais e realizadas na região central. Em cada amostragem, foram realizadas coletas com duração de 10 minutos. Em seguida, as amostras foram acondicionadas em potes plásticos e fixadas em solução de formaldeído 4%, tamponada com carbonato de cálcio. Para cada amostra foi coletada uma réplica, a qual foi fixada em álcool absoluto, sendo destinada para identificação molecular na Universidade Federal do Amazonas (UFAM). As variáveis ambientais foram medidas simultaneamente às coletas de ictioplâncton usando um turbidímetro portátil e sonda multiparâmetros, obtendo-se as variáveis, temperatura (°C), oxigênio dissolvido (mg/L), pH, turbidez (NTU) e condutividade elétrica (µS/cm).

2.1.3 Macroinvertebrados bentônicos

As amostragens de macroinvertebrados foram realizadas nos mesmos pontos da coleta de ictiofauna nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022. Os estudos das comunidades de macroinvertebrados bentônicos dulcícola foram incorporados ao a partir do Ano 2 do PMBA, com coletas trimestrais em sete pontos amostrais em trechos de rios e três lagos. Os estudos de macroinvertebrados têm como objetivo a avaliação dos efeitos dos impactos antrópicos ocorridos na bacia do Rio Doce na porção baixa da bacia no Espírito Santo (ES). Os impactos foram avaliados com base nas análises da estrutura, composição distribuição das assembleias bentônicas, estado ecológico e integridade de habitats físicos e avaliação da qualidade de água.

Em cada ponto amostral, foram coletadas no mínimo três amostras de sedimento, sempre tentando abranger o maior número de habitats possíveis. Para a coletas foram utilizados amostradores do tipo draga de Petersen (0,0682 m²) e Eckman (0,0225 m² de área) para os trechos do Rio Doce e lagos e coletor tipo Surber (0,09 m²) e rede D (Kick-net, 0,09 m² de área) no córrego São Pedro Frio (P09) e no ribeirão Palmas (P07). As amostras coletadas foram colocadas em sacos plásticos e foram fixadas em campo com solução de formalina a 4% e transportadas ao Laboratório de Biologia Molecular Beagle/UFV. No laboratório, as amostras foram lavadas sobre peneiras de 0,500 mm de malha, e triadas com auxílio de microscópio estereoscópico. Os macroinvertebrados bentônicos foram identificados ao menor nível taxonômico quando possível, utilizando-se diversos manuais de identificação (MERRITT; CUMMINS, 1996; COSTA et al., 2006; MUGNAI et al., 2010; HAMADA et al.,

2014). Com base nos dados da composição das comunidades, foram calculados a riqueza, densidade, composição em grupos tróficos funcionais (GTF) e a abundância relativa dos grupos mais representativos. Os exemplares foram identificados e etiquetados segundo as recomendações de França e Callisto (2007) e serão depositados em Coleção de Macroinvertebrados Bentônicos do Laboratório de Sistemática Molecular Beagle/UFV.

Junto com a coleta de macroinvertebrados, foi realizada uma classificação da integridade ambiental por meio de uma caracterização rápida de condições ecológicas de habitats dos ambientes lóticos. Para isso, foi aplicado o protocolo de caracterização habitats físicos de bacias hidrográficas proposto por Callisto et al. (2002). Este protocolo avalia um conjunto de parâmetros (total de 22 parâmetros) em categorias descritas tais como: tipo de fundo, cobertura vegetal no leito dos rios e outros, em que são atribuídos valores (pontos) para diferentes condições destes parâmetros. O valor final do protocolo (que varia de 0 à 100 pontos) é obtido a partir do somatório dos valores atribuídos a cada parâmetro independente, e as pontuações finais refletem o nível de preservação das condições ecológicas dos pontos amostrados, onde de 0 a 40 pontos representam trechos impactados; 41 a 60 pontos representam trechos alterados; acima de 61 pontos, trechos minimamente alterados e em condição natural ou prístina.

Para avaliar a qualidade das águas dos pontos de amostragem, foi utilizado o índice multimétrico bentônico de Ferreira et al. (2011). Este índice avalia a qualidade dos ambientes, de acordo com as pontuações atribuídas à métricas bióticas com base nas proporções de organismos sensíveis e tolerantes aos impactos. O índice é composto de seis métricas bióticas: Riqueza de famílias, % Oligochaeta, % Chironomidae + Oligochaeta (%CHOL), % Ephemeroptera, Plecoptera e Trichoptera (%EPT), % coletores-catadores e BMWP-CETEC - *Biological Monitoring Working Party*. Foram atribuídos escores (5, 3 e 1) a cada métrica para o estabelecimento dos limites das classes de qualidade de água, de acordo com a tabela abaixo. Os limites foram calculados pela agregação dos escores de cada métrica e determinados pelos valores mínimos e máximos no intervalo de 6 a 30. O valor da agregação das métricas foi dividido para o estabelecimento das classes de qualidade de água: 6-12 condição de qualidade de água ruim; 13-18 qualidade regular; 19-24 qualidade boa e 25-30 qualidade muito boa.

2.2 ANÁLISE

2.2.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

A tendência temporal na riqueza taxonômica (número de espécies por campanha) foi testada para dois ambientes (Rio Doce-calha e Lagos), usando modelos aditivos de efeito misto generalizado (GAMM) e ilustrado numa curva de tendência temporal suavizada pelo método LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smoother). Já a composição das comunidades foi ilustrada para três ambientes (Rio Doce, Lagos e Rio Manhuaçu) e compartilhamento de espécies ilustrado pelo diagrama de Venn. O Rio

Manhuaçu não foi incluído em análises de escala temporal, por ainda não haver repetições de amostragens para esta localidade.

Os indicadores riqueza (nativas e introduzidas), abundância (nativas e introduzidas) e biomassa (nativas e introduzidas) também foram analisados quanto à variação temporal ao longo do monitoramento. Os indicadores foram ilustrados graficamente através de boxplots que representam os pontos amostrados em cada campanha. Foram considerados valores totais das amostras na análise dos indicadores (os três petrechos utilizados para coleta) exceto para biomassa, que considera apenas rede de espera (R Core Team, 2021).

A dissimilaridade entre as comunidades amostradas (calha e lagos) foi testada para cada período sazonal e avaliada com o índice Jaccard por meio da avaliação de diversidade beta taxonômica. A metodologia utilizada foi uma análise de permutação de dispersões multivariadas da diversidade (betaPERMDISP), conforme proposta por Anderson et al, 2006. Este teste permite que a diversidade beta taxonômica (presença/ausência de espécies) seja medida para uma comunidade amostrada (calha e lagos) em determinado período sazonal (cheia e seca), onde a dissimilaridade entre as comunidades é baseada na distância média de cada amostra para o centróide (média geral da comunidade no período sazonal). Esta análise é ilustrada graficamente em um boxplot com pontos de dispersão.

Buscando detectar mudanças na comunidade na temporalidade do monitoramento, foi utilizado o índice de beta diversidade temporal da ictiofauna, com diferentes petrechos e em diferentes ambientes (Rio Doce-calha e Lagos). A beta diversidade temporal foi avaliada de acordo com o proposto por Legendre et al. (2019). Nessa abordagem a diversidade beta é comparada na escala temporal, ou seja, progressivamente entre as campanhas com partição entre a fração da diversidade beta devida ao ganho (Appearance) e a perda de espécies (Disappearance). Nesta mesma escala temporal, a comunidade amostrada foi analisada quanto à proporção de espécies nativas e não nativas ou introduzidas.

Todas as análises estatísticas foram realizadas no ambiente R considerando como valor de significância > 0.05 (R Core Team, 2021; Silva et al, 2022).

Ecologia Trófica

Os peixes capturados nos diferentes ambientes amostrados foram dissecados para retirada dos estômagos e o conteúdo estomacal foi avaliado com um microscópio estereoscópico e óptico. Os itens alimentares encontrados foram analisados até o menor nível taxonômico possível, com auxílio de chaves de identificação (MERRITT; CUMMINS, 1996; COSTA et al., 2006; MUGNAI et al., 2010). A quantificação dos itens alimentares foi feita pelo método volumétrico (HELLAWELL; ABEL, 1971; HYSLOP, 1980), utilizando uma proveta graduada onde o volume era medido por meio do deslocamento da coluna d'água para os itens maiores ou com auxílio de uma placa de vidro milimetrada, para os itens menores. Os recursos alimentares foram quantificados através do volume em porcentagem de cada item em relação ao total.

Os itens alimentares encontrados foram agrupados em 15 categorias alimentares:

- 1) Sedimentos: pedras, areia;
- 2) Detrito: matéria orgânica altamente particulada;
- 3) Matéria orgânica: matéria orgânica não particulada de origem animal e vegetal;
- 4) Matéria orgânica não identificada: material em estágio avançado de digestão;
- 5) Algas: algas filamentosas e diatomáceas;
- 6) Vegetal: origem terrestre e aquática;
- 7) Mollusca: Gastropoda e Bivalve;
- 8) Zooplâncton: Cladocera, Copepoda, Rotifera, Artemia, Tecamebas, Ostracoda e Conchostraca
- 9) Arachnida: aranha e ácaro
- 10) Crustacea: camarão e caranguejo
- 11) Insetos terrestres: taxa como Coleoptera, adulto de Diptera, Homoptera, Hymenoptera, Isoptera, Thysanoptera, Orthoptera e fragmentos não identificados;
- 12) Insetos aquáticos: taxa como Collembola, Lepidoptera, Megaloptera, Coleoptera, Trichoptera, Ephemeroptera, Odonata, Hemiptera, Pupa de Diptera, Chironomidae, Ceratopogonidae, Tipulidae, Tabanidae, Psocodidae, Empididae, Stratiomidae e fragmentos não identificados;
- 13) Outros invertebrados: Nematoda, Taenia, Hirundinea e Oligochaeta;
- 14) Peixe: peixe, escama e otólito, ou outras partes;
- 15) Vertebrados terrestres: lagarto, serpente, anfíbio

O Índice de Importância Alimentar (IAI - conforme consta no TR4) não foi utilizado como método de análise estomacal. A literatura aponta que o método volumétrico vem sendo bem empregado e que a conclusão geral utilizando volume (%V) é muito similar ao resultado obtido com o IAI (SILVEIRA et al., 2020; HAHN; DELARIVA, 2003). Além disso, IAI é mais utilizado em situações onde não há o emprego de análises estatísticas, uma vez que essas análises requerem transformações para adequação dos dados.

As guildas tróficas das espécies analisadas foram determinadas a partir dos valores do volume em porcentagem obtidos para as 15 categorias alimentares citadas acima. A determinação das guildas tróficas foi realizada de acordo com Dias et al. (2020), para detritívoros, herbívoros, invertívoros, onívoros, insetívoro e piscívoros; Hahn et al. (1998), para bentófagos, insetívoros aquáticos e insetívoros terrestre e Andrade et al. (2019), para carnívoros. Vale ressaltar que onívoros foram determinados pela proporção dos maiores itens consumidos. Para aquelas espécies com menos de sete estômagos avaliados, as guildas tróficas foram definidas através de dados de dieta da literatura (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980; SILVANO, 2001; FRIAS-TORRES, 2004; PEREIRA; RESENDE, 2006; SANTOS; ROCHA, 2007; MEDEIROS et al., 2017). Para o táxon ser incluso em uma guilda trófica, foi utilizado o valor acima 70% de consumo de um determinado item. Assim, se uma espécie consumiu mais de 70% de invertebrados, ela foi classificada como invertívoro.

O número de indivíduos de cada guilda trófica foi utilizado para determinar a variação da abundância das guildas tróficas entre os ambientes amostrados (calha do Rio Doce, Lagos, ribeirão, reservatório e Rio Manhuaçu) e as campanhas realizadas em determinados períodos do ano.

Biologia Reprodutiva

A proporção sexual foi calculada entre a frequência absoluta de fêmeas e machos coletados no Rio Doce e lagos. Indivíduos das espécies mais abundantes foram selecionados e tiveram suas gônadas retiradas, pesadas (g) e identificadas quanto ao sexo e ao estágio de desenvolvimento gonadal (VAZZOLLER, 1996). Foi realizado o cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50) e comprimento médio máximo de maturação (L100), o qual permitiu definir as espécies com maior recrutamento (VAZZOLLER, 1996) (Tabela 3), para fins de representação gráfica, foi considerado como ponto de corte, as espécies que apresentaram >190 recrutas na calha do Rio Doce e nos lagos.

Os estágios de maturação gonadal (EMG) nas espécies nativas e introduzidas mais abundantes foram classificadas (Quadro 1) e quantificadas de forma macroscópica e confirmadas microscopicamente em machos (M) e fêmeas (F) (4), conforme VAZZOLLER (1996): 1= repouso, 2= maturação, 3= maduro e 4= espermiados para machos e desovados para fêmeas. Logo após, foi determinado a distribuição das frequências relativas dos estágios de maturação gonadal entre os períodos chuvoso e seco. Também foram determinadas a relação gonadossomática (RGS) e a variação temporal no período chuvoso sendo esta, a estação reprodutiva escolhida por ser mais representativa para peixes neotropicais. A RGS é uma relação entre o peso da gônada e o peso do indivíduo e pode ser expressa por: $RGS1 = \frac{W_o}{W_t} \times 100$. Onde W_o = peso das gônadas; W_t = peso total (VAZZOLLER, 1996).

Para as avaliações dos estágios de desenvolvimento gonadal em nível microscópico, assim como as análises histopatológicas, foram seccionados fragmentos de ovários e testículos, os quais foram submetidos à série de desidratação utilizando etanol (70, 80, 90 e 100%). Logo após, embebidos em metacrilato (Historesin, Leica Microsystems, Nussloch, Germany). Secções semi-seriadas de 3 μ m foram obtidas em micrótomo rotativo (Leica RM2255) e as lâminas obtidas foram coradas com azul de toluidina com borato de sódio 1%. As lâminas foram fotografadas em fotomicroscópio óptico Olympus BX53, acoplado a câmera Olympus DP73 utilizando o software CellSens Imaging para evidencia possíveis alterações histopatológicas.

As variáveis de RGS por período de coleta (ano 1, ano 2, ano 3 e ano 4) foram testadas quanto à normalidade (Shapiro-Wilk) e submetido a uma análise de variância para testar diferenças significativas nos valores médios de RGS. O teste paramétrico de Duncan foi usado para comparar valores médios. Quando o pressuposto de normalidade não foi atendido, mesmo após as transformações apropriadas, os dados foram submetidos ao teste não paramétrico de Kruskal-Wallis. Um nível de significância de $p < 0,05$ foi empregado para todos os testes. Possíveis diferenças nas proporções de fêmeas e machos foram avaliadas pelo teste qui-quadrado (X^2 ; $p < 0,05$).

2.2.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética

Para as análises genéticas foram selecionadas sete espécies da ictiofauna dulcícola: *Astyanax lacustris*, *Deuterodon cf. intermedius*, *Geophagus aff. brasiliensis*, *Hoplias malabaricus*, *Knodus moenkhausii*, *Pachyurus adspersus* e *Poecilia vivipara*. O material coletado dos espécimes foi tecido muscular que foi preservado em microtubos de 1,5mL com álcool 95% e mantidos em freezer à -20°C até os procedimentos laboratoriais. A extração do DNA genômico seguiu o protocolo de CTAB 2% descrito por Doyle & Doyle (1991). Para cada amostra foram geradas sequências dos genes mitocondriais COI e Cytb e para os nucleares Glyt e Myh6, além de 10 loci de microssatélites cujos iniciadores foram desenvolvidos para aplicação específica neste projeto (RRDM, 2022). Cada amostra teve seus produtos de amplificação reunidos em um único “pool” para passarem por processo de purificação por PEG eliminando restos de reagentes e fragmentos menores. Esse procedimento reduz leituras indesejadas durante o sequenciamento. Posteriormente foi utilizado um conjunto de adaptadores que pudessem identificar cada uma das amostras. Esses adaptadores foram denominados A e P com pequenas alterações únicas possibilitando que suas combinações gerassem identificações únicas para cada amostra. Esses adaptadores foram ligados às extremidades das sequências via PCR.

Esse “pool” de sequências ligadas foi cortado no Pippin Prep para seleção de fragmentos de tamanho adequado. Para preparar as bibliotecas, porções equimolares desses “pools” foram misturadas para compor a biblioteca genômica. Para realizar o sequenciamento de Nova Geração (Next Generation Sequencing – NGS) ION TORRENT PGM, a biblioteca genômica foi aplicada no chip ION PGM 318 (Life Technologies), com capacidade de gerar aproximadamente 10 milhões de leituras, permitindo a análise a partir de uma ou poucas genotipagens por sequenciamento (Genotype-by-Sequencing – GBS). As sequências resultantes foram separadas por indivíduo para análises posteriores. As bibliotecas dos microssatélites foram sequenciadas na plataforma Illumina que tem uma maior capacidade de geração de leituras, o que permite uma quantidade e confiabilidade nos dados gerados.

Os loci de microssatélite obtidos foram avaliados pelos índices de diversidade genética: número de alelos, amplitude no tamanho dos alelos e heterozigosidade observada e esperada. O polimorfismo dos loci de microssatélites foi estimado, para cada população assim como o número médio de loci, amplitude média do tamanho dos alelos e a diversidade gênica.

Para os genes mitocondriais foram analisados os seguintes índices de diversidade genética: número de haplótipos, número de sítios polimórficos, diversidade haplotípica e nucleotídica e também as estatística D de Tajima e FS de Fu para verificar expansão populacional ou não nas espécies analisadas. Para avaliar a estrutura genética das populações de cada espécie foi aplicada Análise de Variância Molecular (AMOVA) no programa Arlequin v. 3.5 (EXCOFFIER; LISCHER, 2010). Dessa forma é possível determinar a distribuição da variabilidade genética em grupamentos hierárquicos e estimar os índices de endogamia (F_{IS} , F_{ST} e F_{IT}) (SEWALL WRIGHT, 1950). Foram calculados os índices de endogamia de subpopulações em relação ao total (F_{ST}) e a média individual de variação em relação a sua subpopulação (F_{IS}). Esses índices permitem reconhecer tanto a variação de alelos entre

populações quanto o nível de endocruzamento dentro de cada população. A estimativa desses índices auxilia na detecção da gravidade da perda de variabilidade genética. Os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram determinados no Arlequin v. 3.5.

Adicionalmente foi calculado o índice de Garza-Williamson (G-W) que representa uma relação média entre número alelos e seu tamanho numa amostra (GARZA; WILLIAMSON, 2001). Essa análise é utilizada para distinguir reduções recentes nos tamanhos populacionais e casos de populações mantidas em tamanhos reduzidas ao longo do tempo.

A última análise teve como objetivo avaliar variações de padrões espaciais e temporais das amostras além de identificar indivíduos geneticamente aparentados, para isso foram incluídas amostras dos anos 1, 2, 3 e 4 em uma análise de DAPC (PRITCHARD et al., 2000; JOMBART et al., 2010; GRÜNWALD; GOSS, 2011). Em conjunto foi utilizada a análise de discriminante (DA) para suprir a deficiência da PCA em diferenciar populações não pré-estabelecidas no início da análise (RRDM, 2018; RRDM, 2019; RRDM, 2020).

Para as análises de diversidade filogenética de comunidades de peixes do rio Doce foi selecionado uma sequência de cada espécie previamente identificada. Os cálculos foram realizados entre assembleias (por ano). Foi realizada uma reconstrução filogenética por meio da análise de Máxima Verossimilhança no programa RAxML v.8.0 (STAMATAKIS, 2014) utilizando o modelo de substituição GTR + I + G, selecionado via critério de informação de Akaike implementado no programa JmodelTest 2.1.10 (POSADA, 2008). A árvore filogenética obtida no RaxML preservou os comprimentos dos ramos e foi utilizada para o cálculo da diversidade filogenética. A diversidade filogenética (*Phylogenetic diversity*- PD) foi calculada de acordo com o modelo proposto por FAITH (1992). A diversidade filogenética é definida como o comprimento total do ramo medido pela árvore, incluindo todas as espécies da assembleia.

2.2.3 Ictioplâncton

No laboratório, os ovos e larvas de peixes foram separados do sedimento e quantificados em microscópio estereoscópico com aumento de 10x. Para a identificação das larvas, foi empregada a técnica de sequência regressiva de desenvolvimento, a qual utiliza a forma do corpo, presença de barbilhões, sequência de formação das nadadeiras, posição relativa da abertura anal em relação ao corpo, número de vértebras/miômeros e raios das nadadeiras (AHLSTROM & MOSER, 1976; NAKATANI et al., 2001). Em seguida, as larvas foram enquadradas em quatro estágios de desenvolvimento – larval vitelino (LV), pré-flexão (PF), flexão (F) e pós-flexão (FP) – considerando o grau de flexão da notocorda, o desenvolvimento da nadadeira caudal e demais elementos de suporte de acordo com AHLSTROM et al. (1976) modificado por NAKATANI et al. (2001). Sob o microscópio estereoscópico, o nível de integridade física das larvas foi analisado e as anomalias identificadas foram classificadas como: RCA (rompimento da cavidade abdominal), SAC (sedimento avermelhado aderido ao corpo), SCI (sedimento avermelhado em cavidades internas) e DC (deformidade na região da cabeça). As larvas que apresentavam injúrias naturais oriundas do processo de deriva foram

classificadas como danificadas e as que não apresentaram nenhum dano foram classificadas como normais (N).

A abundância de organismos capturados foi padronizada para um volume de 10 m³ de água filtrada de acordo com Tanaka (1973), modificado por Nakatani et al. (2001). Para verificar a distribuição espacial da ictiopâncton, a densidade de ovos e larvas resultantes de cada réplica coletada em diferentes turnos foram agrupadas por estação de amostragem e categorizados em áreas controle (tributários) e propágulo (Rio Doce) (superior, médio e inferior). Para a análise da distribuição temporal, as densidades resultantes de todos os turnos e estações de amostragem foram agrupadas por mês, período chuvoso e seco, e também variação interanual (Ano 3 e Ano 4). O teste de Kruskal-Wallis foi usado para avaliar a variação (variáveis independentes: estações e mês de amostragem) na densidade de ovos e larvas (variáveis dependentes). O teste de Mann-Whitney foi usado para detectar diferenças nas densidades de ovos e larvas entre dois grupos, como por exemplo, tributários e Rio Doce, período seco e chuvoso, Ano 3 e Ano 4.

O Escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) foi utilizado, com dissimilaridade de Bray-Curtis que além da presença e ausência, leva também em consideração a abundância por táxon. Portanto, foi avaliada a dissimilaridade da composição de espécies de larvas entre as estações de amostragem, verificando possíveis agrupamentos entre as estações de amostragem no Rio Doce (área do propágulo) e nos tributários (área de referência).

A integridade larval entre área do propágulo (Rio Doce) e área de referência (Tributários) foi verificada por meio de análise gráfica de proporcionalidade das larvas normais e com as categorias de anomalias identificadas (RCA, SAC, SCI e DC). Como até o momento não há registros significativos de anomalias nas larvas capturadas na área controle, com ocorrência somente na área do propágulo, é ainda, pouco relevante uma análise de variância para se atestar a significância dos resultados de densidade entre as áreas.

2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos

Uma análise de variância ANOVA-OneWay foi aplicada para avaliar as diferenças sazonais de chuva e seca na composição das comunidades de macroinvertebrados bentônicos ao longo de trechos lóticos e lagos no Baixo Rio Doce durante o PMBA/Fest. Quando necessários, os dados da composição da macrofauna bentônica foram $\log(x+1)$ transformados, para ponderar as discrepâncias e padronizar os dados. Em seguida foi aplicada a análise dos resíduos dos dados com o objetivo de verificar se a homogeneidade da variância e homocedasticidade dos dados atenderam os pressupostos da ANOVA. As análises foram realizadas em software livre na plataforma R-Studio (R CORE TEAM, 2019).

Diversidade beta e tendências temporais, foram calculadas com a finalidade de avaliar as variações na composição das espécies (riqueza taxonômica). As tendências temporais foram testadas usando modelos aditivos de efeitos mistos generalizados (GAMM, função `gamm4`) e a curva foi obtida pelo método de suavização LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smoot) (função `plotGAMM`). A diversidade beta foi calculada por meio da análise permutacional de dispersões multivariadas

(PERMIDISP e função “betadisper”), baseada na dissimilaridade média de cada unidade amostral ao centroide do grupo no espaço multivariado, utilizando uma matriz de distância.

2.3 HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS

2.3.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

Com as novas adaptações da frequência amostral, e questionamentos sobre o esforço amostral, a partir da campanha de agosto de 2022, passamos a utilizar 2 conjuntos de redes, totalizando 18 que seguiram a mesma metodologia explicada anteriormente. Ocorreu a substituição de dois pontos, incluindo a malha amostral, UHE Aimorés (289021, 7845175) e Rio Manhauçu (276162, 7843498), coordenadas UTM (SIRGAS 2000 Zona 24K). Na campanha de agosto, as condições de coleta foram inadequadas para a coleta com redes de espera, tais como: nível baixo do rio e local com vários trechos de leito rochoso. Assim, o esforço de coleta ficou reduzido a um pequeno trecho do rio com forte correnteza, diminuindo as chances de captura dos peixes.

2.3.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética

Inicialmente, 15 espécies foram selecionadas para as análises populacionais, porém esse número teve que ser reduzido, apenas sete tiveram um número amostral adequado para as análises populacionais. Devido a metodologia de coleta utilizada, nem sempre foi possível coletar 30 indivíduos de cada espécie por ponto e por campanha, sendo assim, as análises foram feitas com 30 indivíduos por ponto (quando esse tamanho amostral foi alcançado) por ano. Esse ajuste já precisou ser feito a partir do primeiro ano de monitoramento.

As análises envolveram a utilização de técnicas de DNA Barcode para identificação molecular das espécies identificadas morfológicamente. Este marcador é considerado uma boa ferramenta de apoio nas identificações de espécies, quando utilizado em conjunto com técnicas baseadas em morfologia. Na área de estudo, essa metodologia já identificou que a quantidade de linhagens morfológicas identificadas era subestimada. Atualmente, a técnica de DNA Barcode já atingiu seus objetivos dentro do monitoramento e não será mais utilizada, salvo quando novas espécies forem coletadas., novas linhagens forem identificadas ou para completar o número amostral de algumas espécies que ainda não possui o mínimo de 5 indivíduos.

A medida de Diversidade filogenética foi incluída a partir do Ano 2 para aprimorar a detecção de variações na composição da comunidade, considerando as parcelas de espécies nativas e exóticas presentes e suas influências umas sobre as outras.

2.3.3 Ictioplâncton

A inclusão dos estudos do ictioplâncton visou atender as demandas do antigo Anexo 2 do TR4. Apenas em dezembro de 2020, durante o Ano 3 do PMBA/Fest, formou-se equipe competente, com especialistas temáticos, para iniciar a realização de tal monitoramento. Vale destacar que toda esta tratativa se encontra alinhada entre as partes envolvidas no Acordo de Cooperação. Os resultados do monitoramento do ictioplâncton tem sido fundamentais no âmbito do PMBA/Fest, englobando parte do período de "Transição" e o "Novo Ciclo" através da variação temporal de ovos e larvas de peixes, análise de viabilidade das larvas, identificação dos ambientes mais relevantes para a migração e reprodução, comparando áreas controle (que são afluentes do Baixo Rio Doce) e a região afetada pela pluma de rejeito (calha do rio Doce). Além disso, o estudo tem complementado resultados do monitoramento da ictiofauna, estudos reprodutivos e relação da expansão das espécies introduzidas em relação às exóticas.

Nas amostragens de ictioplâncton foi adicionada uma coleta de fundo, de ovos e larvas em cada ponto da calha do Rio Doce (P1 a P4 e P13), na região central do leito do rio, a fim de verificar a possibilidade de registros de organismos com características demersais em deriva.

2.3.4 Macroinvertebrados bentônicos

No contexto do TR4, que propõe o PMBA, o monitoramento dos macroinvertebrados era parte componentes do Anexo 2 (Estudo e Monitoramento do Ambiente Dulcícola da Área Ambiental I). Este monitoramento, no Ano 1, não foi executado pelo PMBA/Fest. A partir do Ano 2 (Transição), seguindo as diretrizes do TR-4, os estudos de macroinvertebrados bentônicos foram incorporados no PMBA a partir de dezembro de 2019.

Não houve alterações em relação à frequência amostral das comunidades de macroinvertebrados bentônicos, as quais permanecem como campanhas trimestrais. Da mesma forma, a malha amostral segue a adotada na ecologia da equipe da ictiofauna dulcícola.

3 RESULTADOS DOS INDICADORES

Nesta seção são apresentados os resultados dos indicadores de qualidade ambiental e da biodiversidade aquática do Tema, os quais foram desenvolvidos pelo PMBA/Fest a partir de resultados alcançados ao longo do monitoramento (setembro/2018 – setembro/2022) na área ambiental I. É importante destacar que os indicadores aqui apresentados, têm como propósito apresentar de forma mais clara e objetiva os resultados, interpretação e conclusões do monitoramento ao longo do tempo, visando destacar informações de grande relevância para o acompanhamento espaço-temporal da qualidade ambiental e biodiversidade, podendo ser usados como ferramentas de gerenciamento pelos gestores ambientais. É também a partir destes indicadores, e outros resultados principais, que são identificados os impactos de relação direta ou indireta com o rompimento da Barragem de Fundão, em Mariana (MG).

É importante destacar que os indicadores do PMBA/Fest vêm se consolidando ao longo dos quatro anos de monitoramento e que sempre foram discutidos nos relatórios técnicos entregues até então. Entretanto, a partir do novo modelo de relatório solicitado via ofício SEI nº 85/2022-CTBio/DIBIO/ICMBio, proposto via ofício FR.2023.0214 (SEI13515133) e aprovado via ofício SEI nº4/2023-CTBio/DIBIO/ICMBio, a apresentação dos resultados se dará exclusivamente a partir da apresentação dos indicadores, acompanhados de legenda estendida com a explicação de sua variação espaço-temporal de forma mais direta e objetiva como se segue:

INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA ECOLOGIA

3.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES

Tabela 1: Lista de espécies coletas ao longo do monitoramento. (*) Espécies de habitats marinhos e estuarinos.

ORDEM Família Espécie	Origem
ACANTHURIFORMES	
Gerreidae	
<i>Eucinostomus argenteus</i> *	Nativa
<i>Eugerres brasiliensis</i> *	Nativa
Haemulidae	
<i>Pomadasys ramosus</i> *	Nativa
Sciaenidae	
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa
BELONIFORMES	
Hemiramphidae	
<i>Hyporhamphus roberti</i> *	Nativa
CARANGIFORMES	
Achiridae	
<i>Trinectes paulistanus</i> *	Nativa
Carangidae	
<i>Caranx bartholomaei</i> *	Nativa
<i>Caranx latus</i> *	Nativa
Centropomidae	
<i>Centropomus parallelus</i> *	Nativa
CHARACIFORMES	
Anostomidae	
<i>Hypomasticus copelandii</i>	Nativa
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	Nativa
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa

ORDEM Família Espécie	Origem
Bryconidae	
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida
Characidae	
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa
<i>Moenkhausia vittata</i>	Nativa
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa
<i>Oligosarcus argenteus</i>	Nativa
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa
Crenuchidae	
<i>Characidium cricareense</i>	Nativa
Erythrinidae	
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa
Prochilodontidae	
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida
<i>Prochilodus vimboides</i>	Nativa
Serrasalminidae	
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida

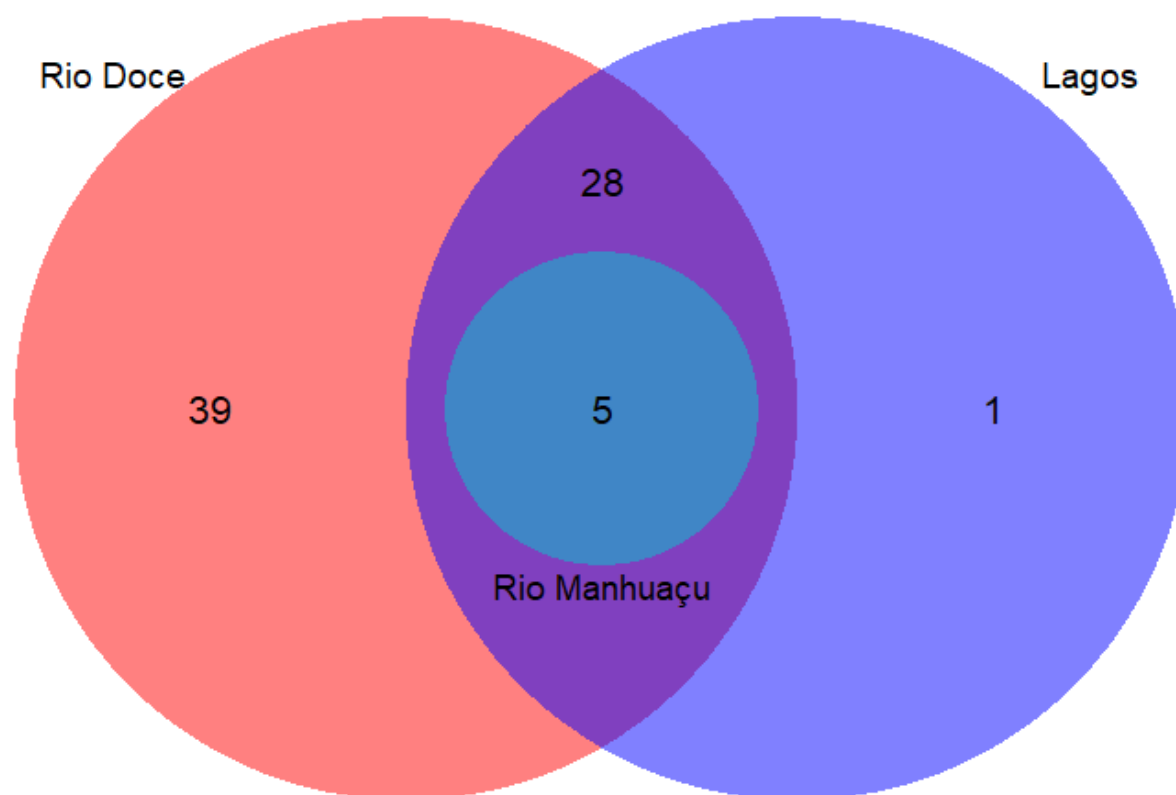
ORDEM Família Espécie	Origem
CICHLIFORMES	
Cichlidae	
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida
<i>Astronotus ocellatus</i>	Introduzida
<i>Australoheros ipatinguensis</i>	Nativa
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida
<i>Coptodon rendalli</i>	Introduzida
<i>Crenicichla lepidota</i>	Introduzida
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida
CLUPEIFORMES	
Engraulidae	
<i>Anchoviella cayennensis</i> *	Nativa
<i>Lycengraulis grossidens</i> *	Nativa
CYPRINODONTIFORMES	
Poeciliidae	
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa
ELOPIFORMES	
Elopidae	
<i>Elops saurus</i> *	Nativa
GOBIIFORMES	
Gobiidae	
<i>Awaous tajasica</i> *	Nativa
GYMNOTIFORMES	
Gymnotidae	
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	Introduzida

ORDEM Família Espécie	Origem
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida
MUGILIFORMES	
Mugilidae	
<i>Mugil curema</i> *	Nativa
SILURIFORMES	
Ariidae	
<i>Genidens genidens</i> *	Nativa
Auchenipteridae	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa
Callichthyidae	
<i>Corydoras aff. aeneus</i>	Nativa
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida
Clariidae	
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida
Heptapteridae	
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa
Loricariidae	
<i>Harttia cf. loricariformis</i>	Nativa
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa
<i>Hypostomus luetkeni</i>	Nativa
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	Nativa
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida
Pimelodidae	
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida
Pseudopimelodidae	

ORDEM Família Espécie	Origem
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	Introduzida
Trichomycteridae	
<i>Microcambeva jucuensis</i>	Nativa
<i>Trichomycterus</i> aff. <i>alternatus</i>	Nativa
<i>Trichomycterus</i> cf. <i>melanopygius</i>	Nativa
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa
SYNBRANCHIFORMES	
Synbranchidae	
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida
SYNGNATHIFORMES	
Syngnathidae	
<i>Microphis lineatus</i> *	Nativa

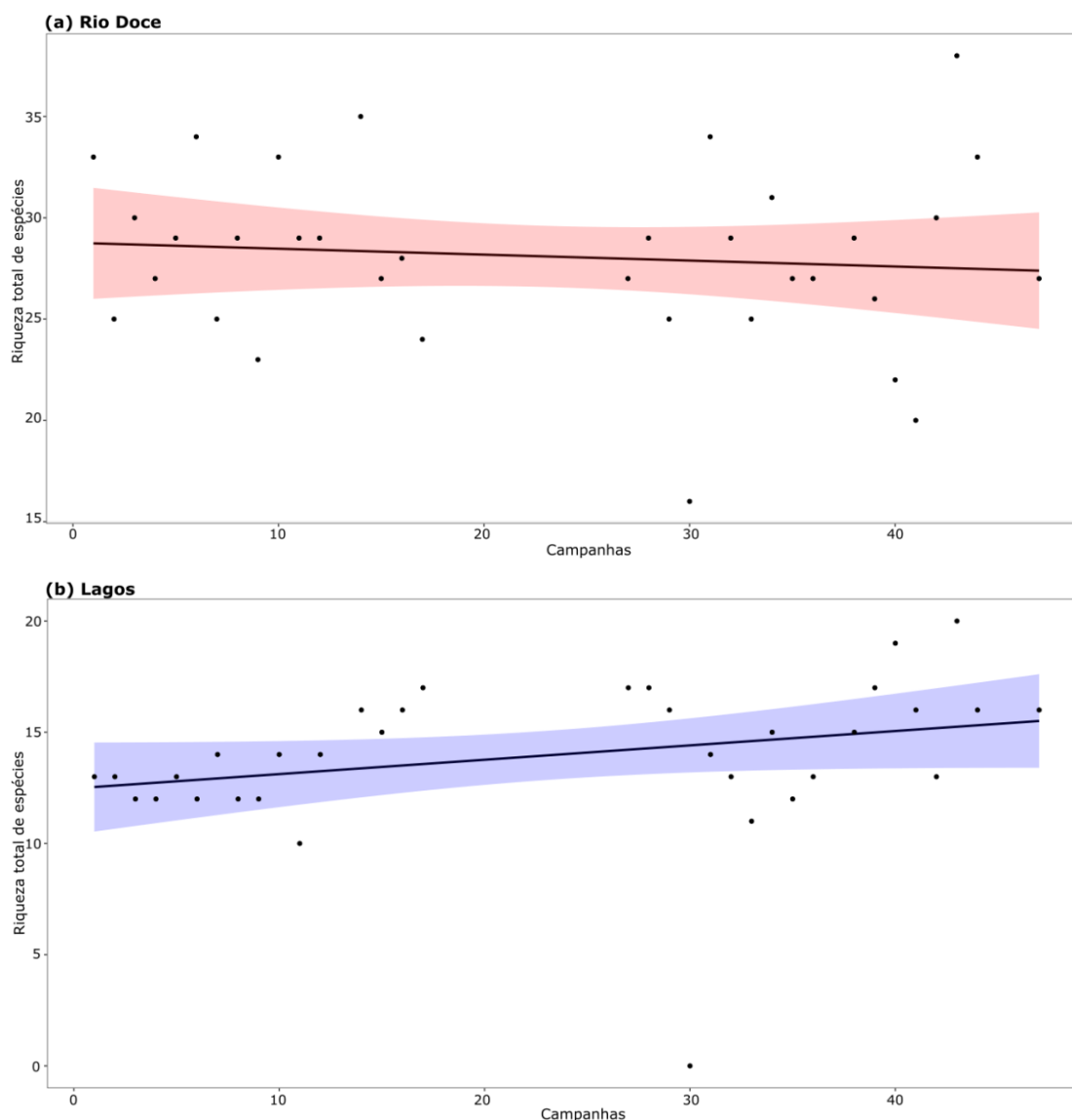
A riqueza taxonômica qualitativa é representada por 75 espécies de peixes, sendo desse montante 51 espécies nativas e 24 espécies introduzidas na bacia do Rio Doce. Além disso, 15 espécies de habitats marinhos ou estuarinos são encontradas no ambiente dulcícola, o que mostra a importância desse ambiente como berçário ou área de reprodução para essas espécies.

Figura 1: Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de espécies entre as comunidades em três ambientes: i) Rio Doce = em vermelho; ii) Lagos = em azul; iii) Rio Manhuaçu = em azul claro.



Conforme o diagrama é possível observar que os lagos possuem apenas uma espécie de ocorrência exclusiva, enquanto a calha do Rio Doce apresenta 39 espécies exclusivas. O Rio Manhuaçu foi incluso no diagrama, por ser considerado um tributário importante na adição de espécies na calha do Rio Doce, apesar de ainda apresentar poucos dados, partilha espécies com ambos os ambientes. Sendo assim, é possível observar que o ambiente mais dissimilar entre os três, é a calha do Rio Doce (Figura 1). Além disso, é importante salientar os lagos como um ambiente lântico relevante como reservatório e/ou refúgio de espécies, pois compartilham 28 espécies com o Rio Doce.

Figura 2: Flutuações temporais para riqueza taxonômica, a) calha do Rio Doce e b) lagos.



As flutuações temporais para riqueza taxonômica, demonstram a perda de espécies na calha do Rio Doce, em contrapartida nos lagos observa-se uma tendência ao aumento do número de espécies (Figura 2). A evidência do empobrecimento taxonômico da comunidade de peixes é preocupante acarretando em um possível aumento da vulnerabilidade e extinções locais de espécies, por vezes endêmicas na calha do Rio Doce, como é o caso da redução significativa da detecção do Crumatá *Prochilodus vimboides* e da Piabanha *Brycon dulcis*, sendo que essa última ainda não foi coletada ao longo do monitoramento e era reportada para a porção baixa do Rio Doce antes do Rompimento da Barragem de Fundão (LIMA, 2017). As espécies do gênero *Brycon* são conhecidas por serem intolerantes a distúrbios antrópicos, como destruição da mata ciliar, represamento e poluição da água (LIMA, 2017).

3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

Figura 3: Variação temporal da abundância das espécies nativas em a) e b), e introduzidas c) e d), nos ambientes da calha do Rio Doce e nos Lagos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.

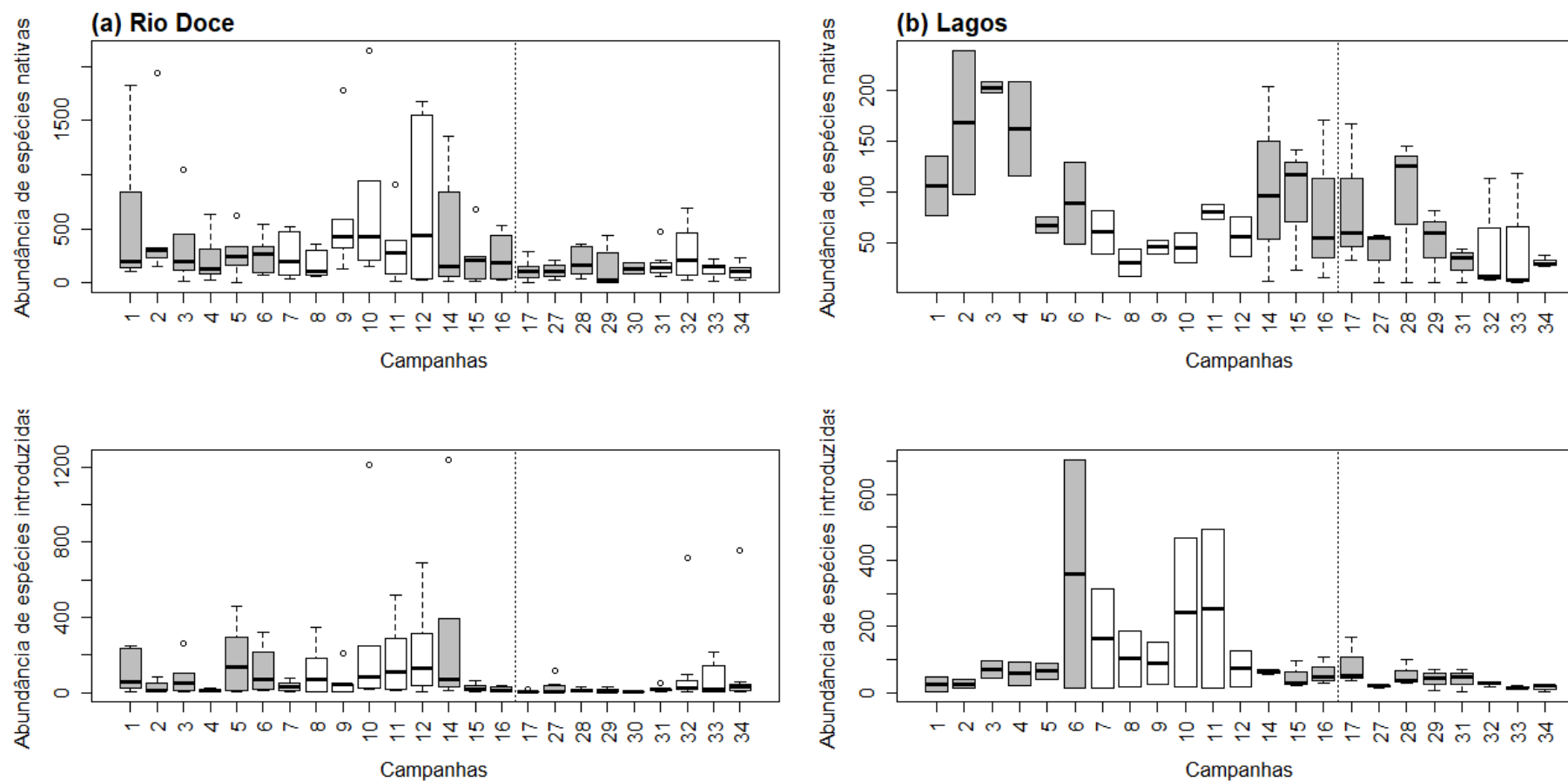
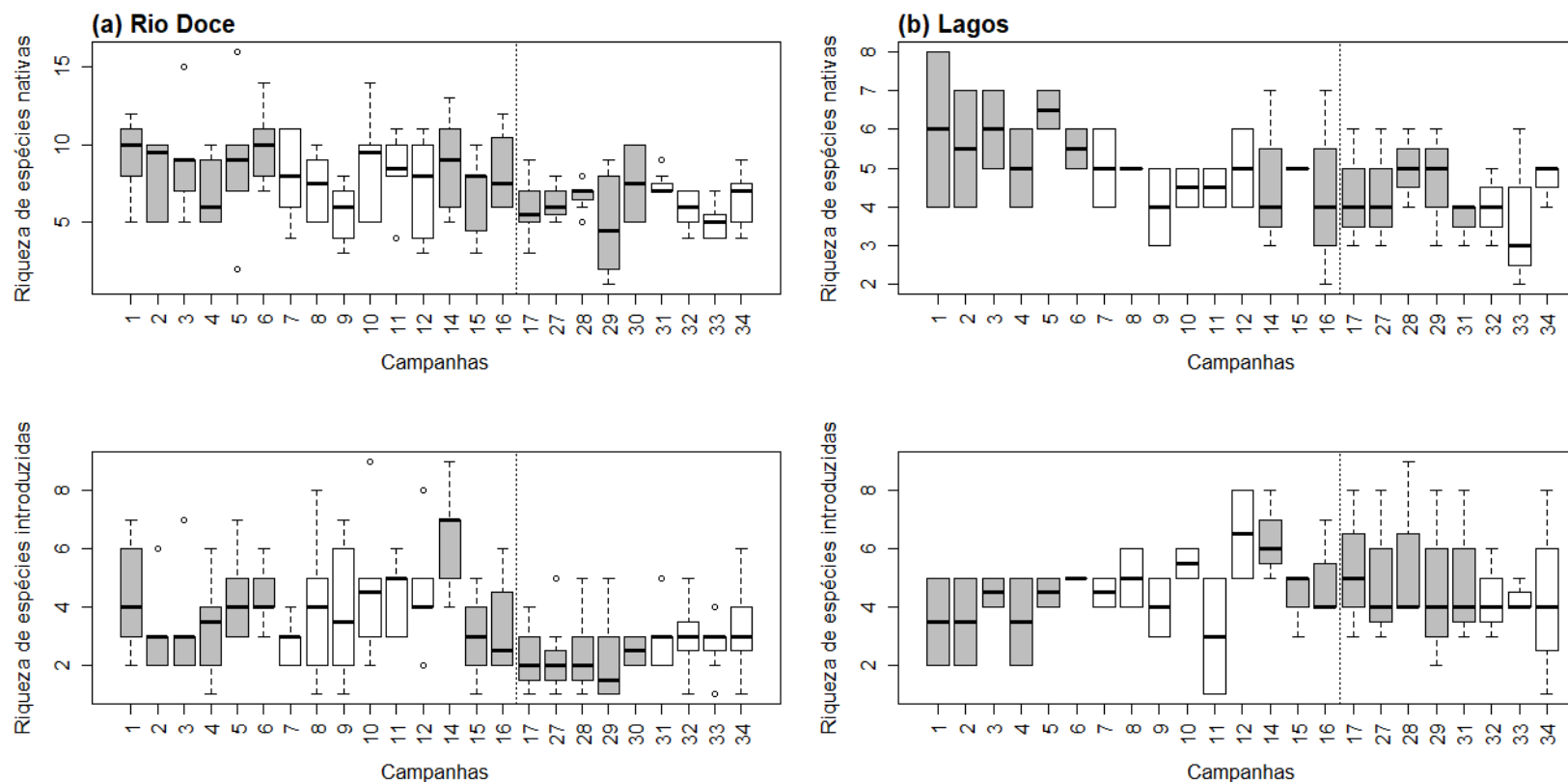


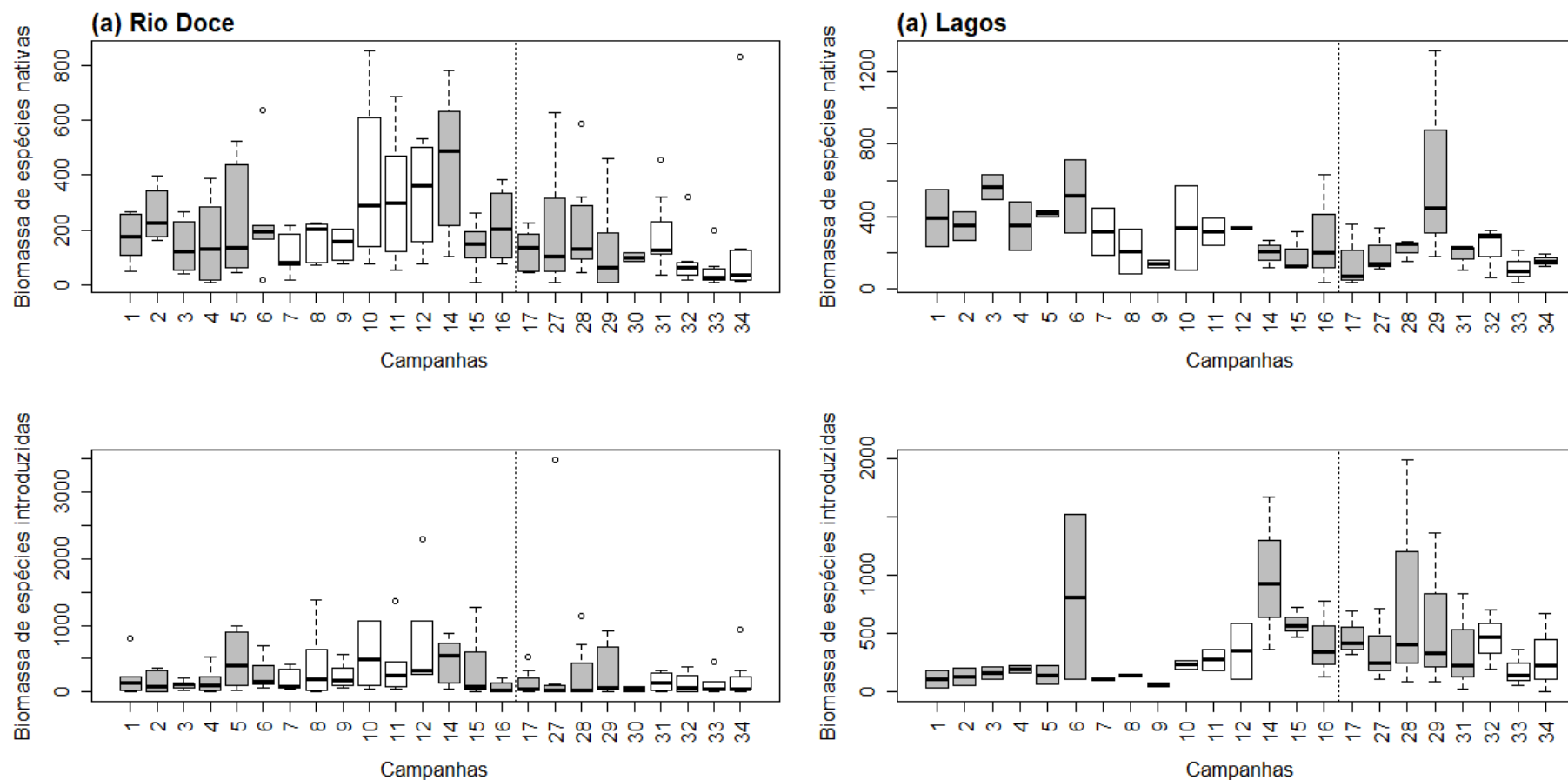
Figura 4: Variação temporal da riqueza de espécies nativas em a) e b), e introduzidas c) e d), nos ambientes da calha do Rio Doce e nos Lagos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



A variação temporal da abundância (Figura 3) e riqueza de espécies (Figura 4) nativas e introduzidas em dois ambientes Lagos e calha do Rio Doce, mostra uma tendência decrescente da riqueza e abundância das espécies, uma tendência especialmente evidente nas espécies nativas, provavelmente representando a vulnerabilidade da comunidade. Também se observa picos mais evidentes de abundância de espécies introduzidas nos períodos chuvosos (Figura 3).

3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

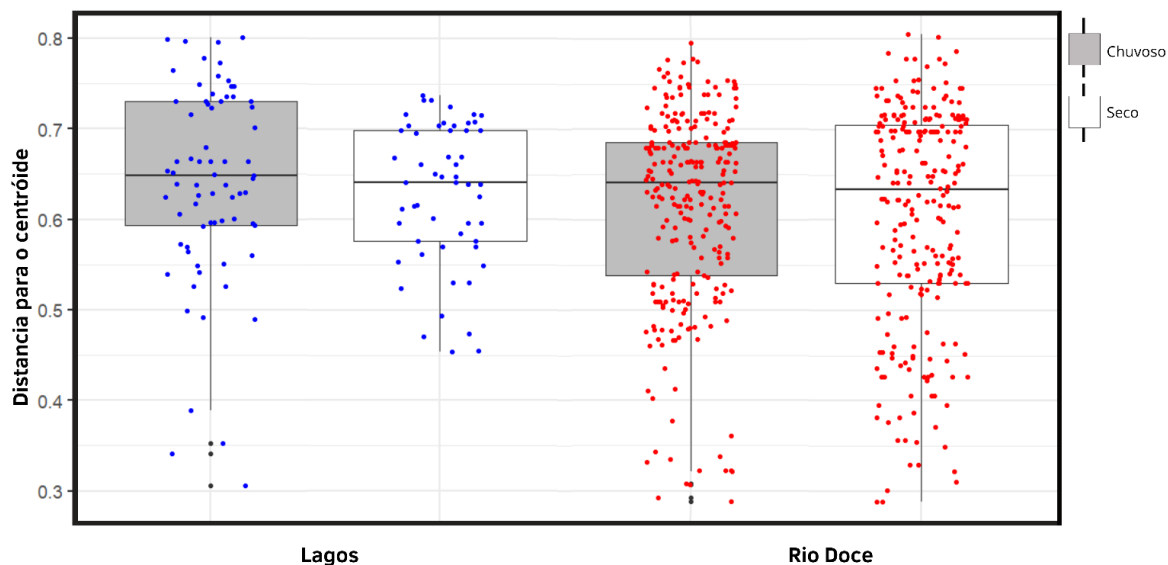
Figura 5: Variação temporal da biomassa das espécies nativas em a) e b), e introduzidas c) e d), nos ambientes da calha do Rio Doce e nos Lagos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



Observa-se uma tendência geral de decrescimento da biomassa na calha do Rio Doce, também são evidentes os picos de aumento da biomassa em espécies nativas e introduzidas durante os períodos chuvosos (Figura 5).

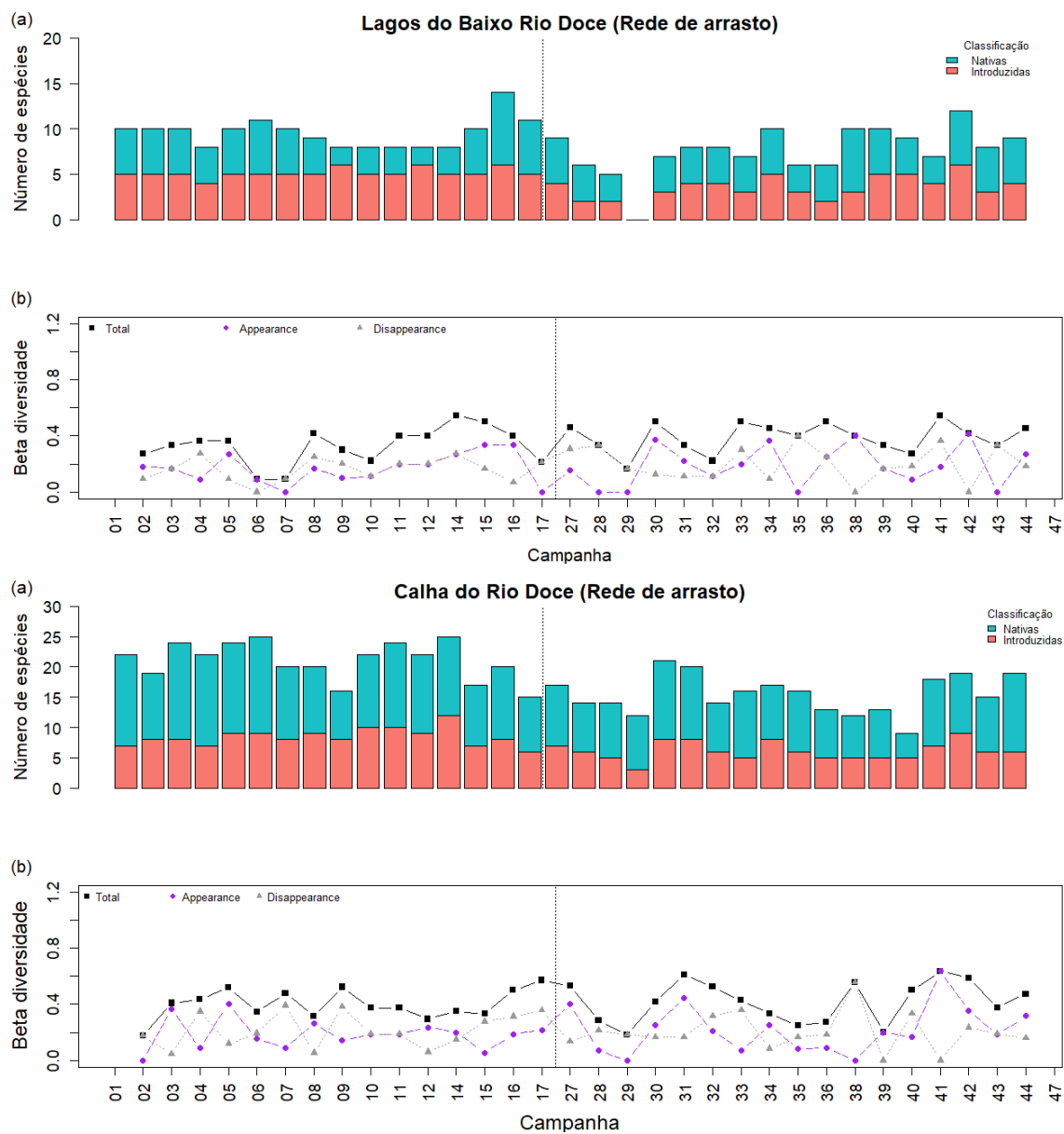
3.4 DIVERSIDADE BETA

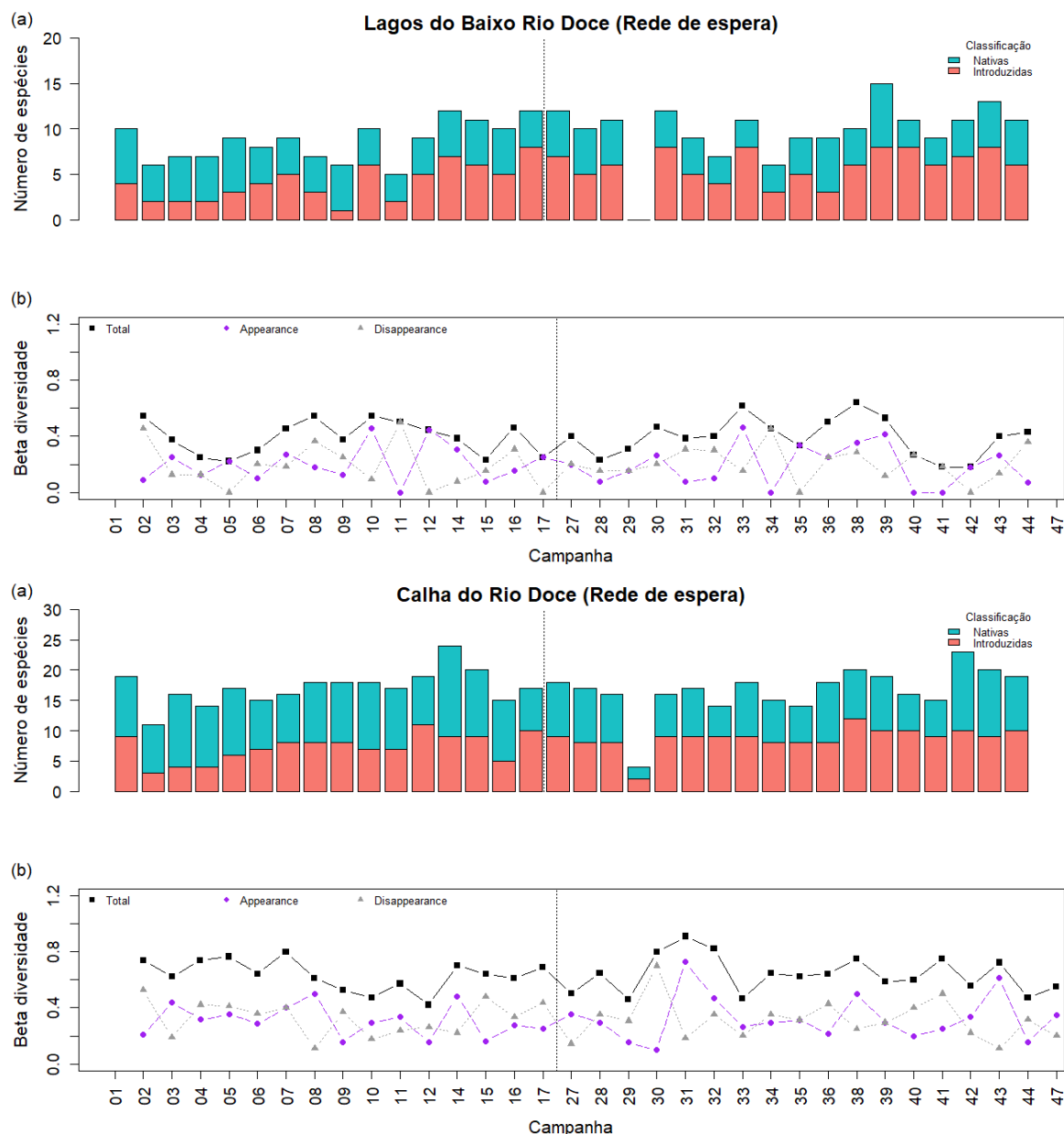
Figura 6: Diversidade beta taxonômica para Lagos e Rio Doce, representada pelos pontos em azul e vermelho, respectivamente. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.

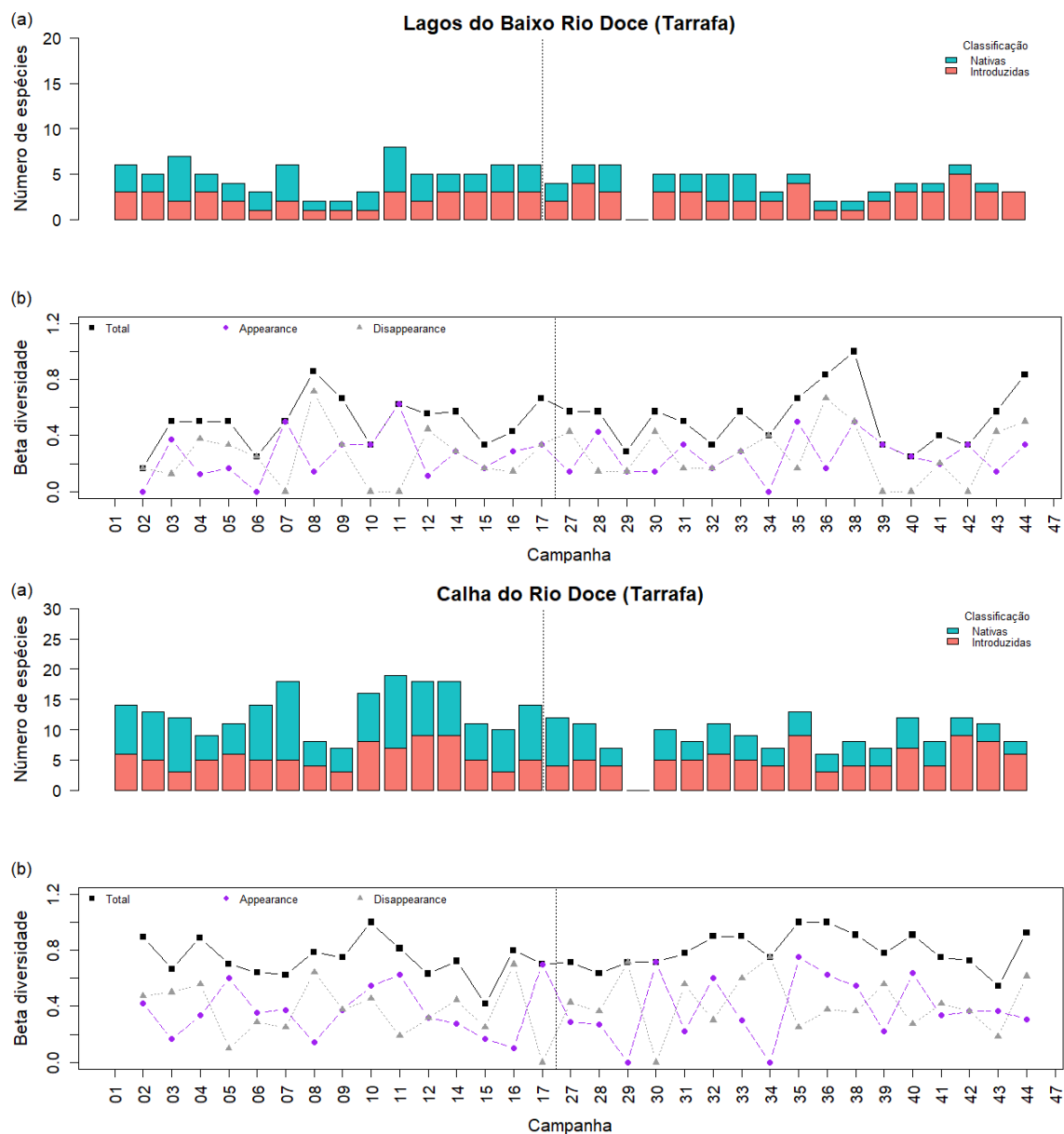


Nos dois períodos sazonais, chuvoso e seco, para os ambientes lênticos (lagos) e lóticos (calha do Rio Doce) nota-se que a média dos centríolos apresentou variação mínima na comparação entre os períodos sazonais, em ambos os ambientes analisados. Portanto, não foi possível evidenciar grandes alterações relacionadas ao ganho e perda de espécies nas comunidades em um período específico (Figura 6). Sendo assim, as populações se mostram mais homogêneas nos dois ambientes, o que as tornam mais suscetíveis a distúrbios sejam eles, ambientais ou antrópicos.

Figura 7: Evolução Temporal da Beta Diversidade para (a) Lagos e (b) Rio Doce, utilizando diferentes petrechos de coleta.







A evolução temporal da Beta Diversidade para os lagos e a calha do Rio Doce evidencia a proporção de espécies nativas e introduzidas, representadas em verde claro e coral, respectivamente. Nota-se que existe uma constante perda e também ganho de espécies para ambos os ambientes, mas as perdas são maiores do que os ganhos. Ainda é possível observar que na escala temporal quando há grandes taxas de incremento, com maior contribuição de espécies introduzidas, logo após ocorrem grandes perdas de espécies. No balanço geral, a diversidade taxonômica perdida é maior que a incrementada, e as espécies nativas que chegam, aparentemente apresentam dificuldades em se estabelecer (Figura 7).

3.5 DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES

Tabela 2: Valores das porcentagens de volume (%V) das categorias alimentares consumidas pelas espécies de peixes do baixo Rio Doce e o número de estômagos analisados por espécie (N).

Em negrito, as categorias com maior porcentagem de contribuição para cada espécie e em vermelho, as guildas tróficas que foram definidas a partir de literatura. Sed: sedimentos; Det: detritos;

MO: matéria orgânica; MND: material orgânica não identificada; Veg: vegetal; Moll: Mollusca; Zoo: zooplâncton; Crust: Crustacea; Arach: Arachnida; I.Terr: insetos terrestres; I.Aq: insetos aquáticos; O.Inv: outros invertebrados; VT: vertebrados terrestres; Inset: Insetívoro; Inset. Aquático: Insetívoro Aquático; Inset. Terrestre: Insetívoro Terrestre; Est. Vaz: estômago vazio.

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	157	Introduzida	0,25	6,61	10,03	16,68	3,39	8,70	1,00	0,43	0,00	0,00	5,79	11,67	0,00	35,41	0,03	Onívoro
<i>Anchoviella cayennensis</i>	1	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Est. Vaz.
<i>Astronotus ocellatus</i>	1	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	62,50	37,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Astyanax lacustris</i>	458	Nativa	0,27	0,00	0,08	0,14	1,40	11,40	0,08	0,22	0,11	0,10	79,07	6,86	0,00	0,28	0,00	Inset. Terrestre
<i>Awaous tajasica</i>	177	Nativa	7,70	6,23	7,37	2,71	11,74	1,64	1,23	19,40	0,01	0,06	0,16	37,65	0,00	4,10	0,00	Bentófago
<i>Caranx bartholomaei</i>	4	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100	0,00	Carnívoro
<i>Caranx latus</i>	4	Nativa	1,86	17,75	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	80,39	0,00	Carnívoro
<i>Centropomus parallelus</i>	31	Nativa	6,45	0,00	0,00	0,00	0,00	2,26	0,00	0,00	48,47	0,00	0,00	0,14	0,00	42,68	0,00	Carnívoro
<i>Characidium cricareense</i>	69	Nativa	5,76	0,00	0,44	0,00	0,00	0,64	0,00	0,23	0,00	0,99	0,00	89,95	0,00	2,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Cichla kelberi</i>	57	Introduzida	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	1,72	0,00	0,00	0,19	0,00	97,97	0,00	Piscívoro
<i>Cichla monoculus</i>	352	Introduzida	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,03	0,00	0,01	0,93	0,00	0,02	0,21	0,00	98,77	0,01	Piscívoro
<i>Clarias gariepinus</i>	3	Introduzida	43,53	0,00	0,00	0,00	0,11	33,73	0,87	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	21,76	0,00	Onívoro
<i>Coptodon rendalli</i>	73	Introduzida	1,63	10,32	68,63	0,00	9,81	5,51	0,99	0,02	0,00	0,01	0,35	0,29	0,00	2,43	0,00	Onívoro
<i>Corydoras aff. aeneus</i>	3	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69	92,31	0,00	0,00	0,00	Insetívoro
<i>Crenicichla lepidota</i>	183	Introduzida	0,03	0,07	0,10	0,03	0,01	0,65	2,25	0,91	11,66	3,41	1,43	53,10	0,00	26,34	0,00	Carnívoro

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Deuterodon cf. giton</i>	58	Nativa	0,13	1,89	4,94	0,00	18,01	8,30	0,00	0,72	0,14	2,34	54,53	7,90	0,00	1,10	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	112	Nativa	0,92	11,74	6,61	0,01	15,28	4,16	0,00	2,50	8,92	3,70	29,66	16,30	0,00	0,21	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. taeniatius</i>	139	Nativa	0,09	0,19	4,21	0,11	0,57	42,58	0,13	0,08	0,08	0,13	33,14	18,26	0,01	0,44	0,00	Onívoro
<i>Elops saurus</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	37,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	62,50	0,00	Carnívoro
<i>Eucinostomus cf. argenteus</i>	2	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	21,27	0,00	0,00	0,00	78,69	0,00	0,04	0,00	Carnívoro
<i>Eugerres brasiliensis</i>	4	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	81	0,00	0,00	0,00	0,00	18,85	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Genidens genidens</i>	17	Nativa	21,48	0,00	19,15	0,00	0,00	5,50	24,89	0,00	13,23	0,00	0,12	0,07	0,00	15,56	0,00	Carnívoro
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	409	Nativa	0,64	0,88	2,83	0,00	0,19	6,43	36,90	8,82	0,00	0,09	4,22	37,68	0,43	0,88	0,00	Invertívoro
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	2	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	8,57	0,00	0,00	0,00	91,43	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Gymnotus sylvius</i>	25	Introduzida	0,23	0,04	4,46	0,00	0,02	8,09	0,07	0,00	18,48	0,00	0,14	34,48	15,75	18,24	0,00	Carnívoro
<i>Hoplerethrinus unitaeniatius</i>	16	Nativa	0,00	0,00	0,20	0,00	0,00	56,43	0,00	0,00	0,00	0,88	2,02	0,02	0,00	40,45	0,00	Onívoro
<i>Hoplias intermedius</i>	27	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,15	0,00	0,00	0,00	0,00	99,74	0,00	Piscívoro
<i>Hoplias malabaricus</i>	112	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,03	0,00	0,40	0,00	0,00	6,14	0,18	0,00	0,00	0,00	93,26	0,00	Piscívoro
<i>Hoplosternum littorale</i>	202	Introduzida	1,37	1,65	2,06	1,97	0,11	2,55	4,53	32,24	0,53	0,06	13,73	24,98	10,68	3,55	0,00	Invertívoro
<i>Hyphessobrycon eques</i>	30	Introduzida	0,72	0,00	2,65	0,09	0,00	0,57	0,00	64,01	0,00	12,64	2,86	16,46	0,00	0,00	0,00	Invertívoro
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	1	Nativa	1,65	67,63	0,00	0,00	4,12	25,98	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,62	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Hyporhamphus roberti</i>	12	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21	100	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Hypostomus affinis</i>	24	Nativa	2,15	96,03	1,20	0,00	0,57	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00	Detritívoro

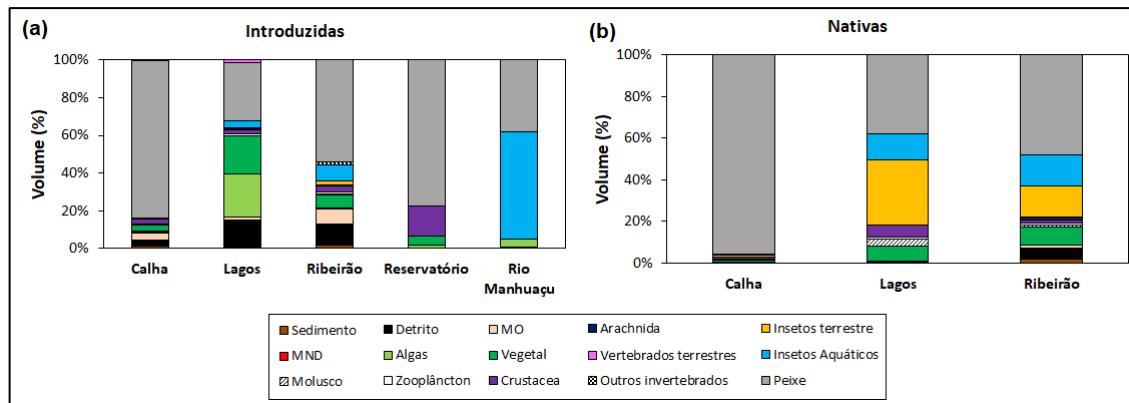
Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Hypostomus luetkeni</i>	3	Nativa	11,56	86,38	0,00	0,00	2,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Knodus moenkhausii</i>	203	Nativa	0,20	0,40	5,88	1,69	1,43	0,85	0,01	2,82	2,91	0,85	39,55	41,61	0,00	1,80	0,00	Insetívoro
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	8	Introduzida	0,05	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	99,94	0,00	Piscívoro
<i>Loricariichthys castaneus</i>	67	Nativa	3,34	19,67	54,05	0,21	0,01	5,58	0,00	0,27	0,00	0,00	0,00	16,65	0,21	0,00	0,00	Bentófago
<i>Lycengraulis grossidens</i>	65	Nativa	0,00	0,00	1,15	0,00	0,00	10,52	0,00	0,70	0,00	0,12	73,78	12,69	0,00	1,05	0,00	Inset. Terrestre
<i>Megaleporinus conirostris</i>	34	Nativa	0,28	0,00	0,49	0,00	0,38	62,44	9,03	0,00	0,00	0,00	0,00	25,86	0,05	1,48	0,00	Herbívoro
<i>Metynnis lippincottianus</i>	314	Introduzida	0,11	0,21	0,55	0,00	48,63	48,17	0,03	0,46	0,00	0,03	1,04	0,78	0,00	0,00	0,00	Herbívoro
<i>Microphis lineatus</i>	22	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,31	0,00	0,00	0,00	73,84	0,00	24,85	0,00	Inset. Aquático
<i>Moenkhausia vittata</i>	20	Nativa	0,52	0,26	0,10	0,00	0,00	52,61	0,00	0,00	0,00	2,18	16,17	27,95	0,00	0,21	0,00	Onívoro
<i>Mugil curema</i>	70	Nativa	44,78	53,89	0,21	0,00	1,11	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	26	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	35,99	0,00	20,67	7,96	0,00	35,39	0,00	Carnívoro
<i>Oligosarcus argenteus</i>	4	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100	0,00	Piscívoro
<i>Oreochromis niloticus</i>	181	Introduzida	5,77	79,31	3,09	0,00	9,14	0,61	0,00	0,17	0,00	0,00	0,92	0,70	0,00	0,30	0,00	Bentófago
<i>Pachyrurus adspersus</i>	340	Nativa	0,02	0,13	1,61	1,25	0,05	0,94	0,01	1,27	21,61	0,12	6,29	66,66	0,00	0,03	0,00	Inset. Aquático
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	5	Nativa	27,31	45,37	27,22	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Pimelodella lateristriga</i>	29	Nativa	1,25	0,00	12,47	5,46	0,00	5,14	0,00	0,00	0,16	0,00	10,13	58,26	0,00	7,13	0,00	Insetívoro
<i>Pimelodus maculatus</i>	159	Introduzida	0,38	0,02	3,69	7,04	0,02	23,83	1,66	0,01	16,34	0,01	2,64	2,85	0,00	41,53	0,00	Onívoro
<i>Poecilia reticulata</i>	47	Introduzida	0,17	31,14	4,61	1,90	0,58	0,00	0,00	1,55	0,00	0,01	0,56	59,32	0,17	0,00	0,00	Bentófago

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Poecilia vivipara</i>	255	Nativa	6,12	47,95	7,91	0,00	18,77	0,61	0,24	2,99	0,00	0,35	0,26	14,53	0,26	0,00	0,00	Bentófago
<i>Pomadasys ramosus</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Prochilodus argenteus</i>	14	Introduzida	19,42	35,78	44,50	0,00	0,18	0,12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus costatus</i>	66	Introduzida	5,46	82,66	8,69	0,00	2,99	0,02	0,04	0,09	0,00	0,01	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus vimboides</i>	4	Nativa	11,08	85,93	2,96	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	19	Nativa	0,63	0,00	1,26	0,00	6,29	33,95	0,00	1,57	0,00	0,63	0,38	51,14	0,00	4,15	0,00	Onívoro
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	28	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	8,02	0,00	0,02	0,10	0,15	62,44	9,99	0,00	19,25	0,00	Carnívoro
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	19	Introduzida	19,30	48,06	31,13	0,00	1,50	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Pygocentrus nattereri</i>	258	Introduzida	0,06	0,01	0,00	0,00	0,02	5,39	0,38	0,02	8,98	0,02	0,74	0,47	0,00	81,24	2,67	Piscívoro
<i>Rhamdia quelen</i>	28	Nativa	0,23	0,00	1,97	0,00	0,00	6,63	0,00	0,00	1,55	0,00	8,00	2,68	0,00	78,94	0,00	Piscívoro
<i>Salminus brasiliensis</i>	12	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,23	1,22	0,00	98,55	0,00	Piscívoro
<i>Serrapinnus heterodon</i>	70	Nativa	0,76	4,25	3,61	0,00	54,46	0,30	0,00	0,36	0,00	0,59	16,95	18,65	0,00	0,08	0,00	Onívoro
<i>Serrasalmus brandtii</i>	44	Introduzida	0,05	0,00	0,00	0,00	0,00	2,67	0,00	0,00	17,71	0,00	1,35	1,58	0,00	76,64	0,00	Piscívoro
<i>Synbranchus marmoratus</i>	4	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100	0,00	Carnívoro
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	43	Nativa	0,00	0,00	0,33	0,00	0,00	58,11	0,11	0,00	22,99	0,04	13,17	1,44	0,00	3,81	0,00	Onívoro
<i>Trichomycterus cf. alternatus</i>	1	Nativa	1,82	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,27	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	90,91	0,00	Inset. Aquático
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	58	Nativa	0,39	0,00	1,56	0,00	0,00	5,34	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	92,71	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Trinectes paulistanus</i>	8	Nativa	0,00	0,00	11,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	88,33	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
TOTAL	5.296																	

Ao longo do monitoramento da PMBA/Fest, foram analisados 5.296 estômagos pertencentes a 70 espécies, sendo 47 nativas e 23 introduzidas (Tabela 2). Deste total de estômagos coletados, 1.183 estavam vazios.

Figura 8: Valores das porcentagens de volume total (%V) das categorias alimentares consumidas pelas espécies introduzidas (a) e nativas (b) de peixes durante o monitoramento do PMBA do Rio Doce nos diferentes ambientes amostrados.



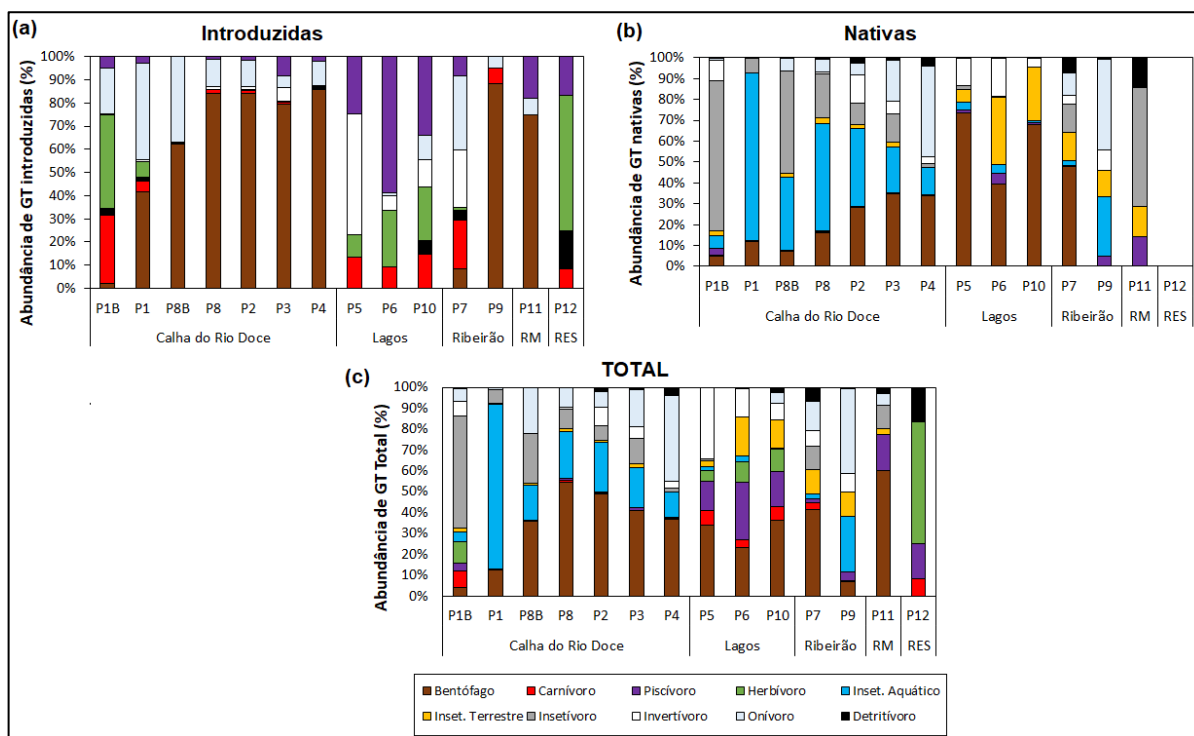
A categoria alimentar “peixe” foi a mais ingerida pelas espécies estudadas durante o monitoramento. Esse resultado é bem notável principalmente na calha do Rio Doce, onde foi observada a maior proporção para esse item alimentar (Figura 8). Esses resultados em rios, inclusive não impactados, são esperados, uma vez que há um aumento da complexidade das comunidades ao longo da calha e, à jusante, a presença de maior quantidade de presas (VANNOTE et al., 1980).

Além disso, é evidente que as espécies introduzidas apresentam uma dieta mais ampla de itens alimentares em relação às espécies nativas, em todos os ambientes avaliados (Figura 8). Por exemplo, na calha do Rio Doce as espécies introduzidas ingeriram maior volume dos seis principais itens (peixe, crustáceos, vegetal, matéria orgânica – MO, sedimento e detrito) enquanto que apenas três desses itens (peixe, crustáceos e vegetal) foram predominantes na dieta das espécies nativas (Figura 8). Esse menor espectro de itens alimentares consumidos por nativos, indica que impactos negativos nos alimentos utilizados por nativos podem levar a perturbações das suas populações, enquanto as espécies introduzidas, por terem um espectro maior de itens alimentares, podem tolerar ou ser mais adaptativas aos distúrbios ambientais (CÓRDOVA-TAPIA et al., 2015). A lama de rejeito atingiu toda a vida aquática da calha do Rio Doce (FERNANDES et al., 2016) e parte dos ambientes lacustres, o que pode ter afetado o espectro alimentar de peixes nativos e, portanto, pode ter contribuído para a elevada abundância das espécies introduzidas encontradas atualmente na região.

3.6 EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS

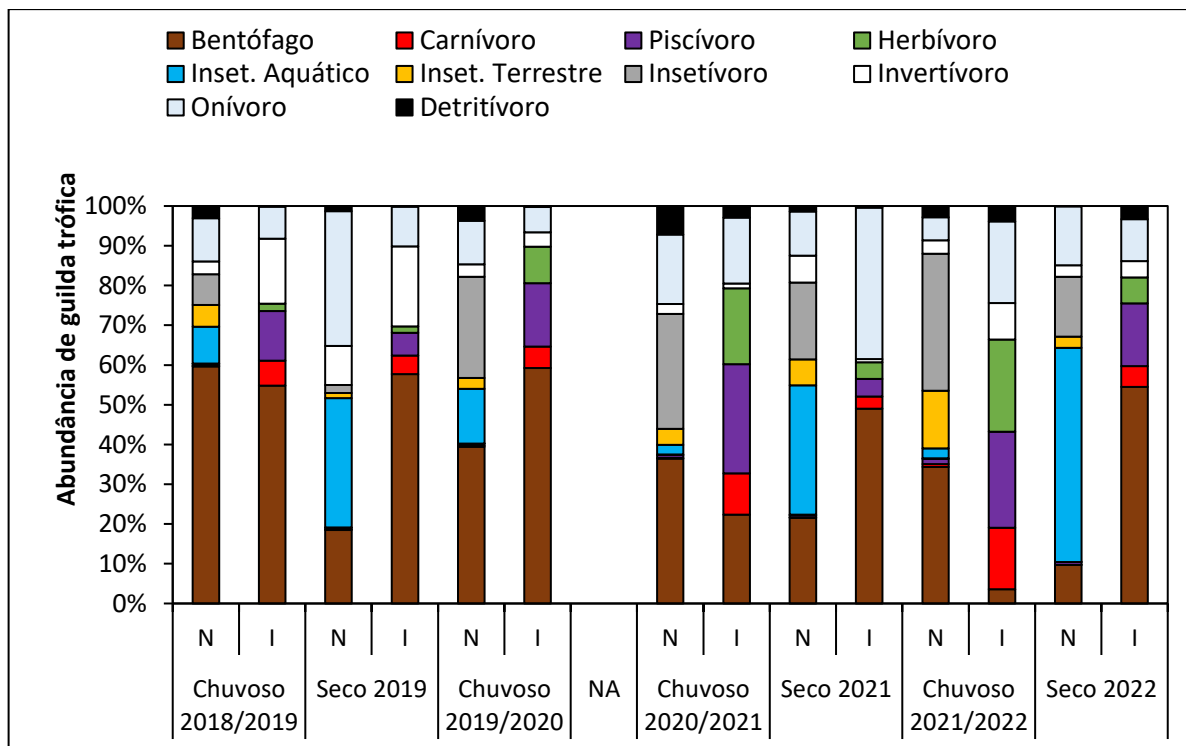
Figura 9: Evolução espacial da abundância total (c) de guildas tróficas das espécies nativas (a) e introduzidas (b) durante o monitoramento do PMBA do Rio Doce. Foram utilizados dados das campanhas realizadas entre outubro/2018 até agosto/2022.

GT = guilda trófica, RM = Rio Manhuaçu e RES = reservatório Aimorés.



Conforme evidenciado na variação espacial, os bentófagos foram dominantes em quase todos os ambientes analisados (Figura 9). Ao considerar os pontos de amostragem localizados somente na calha do Rio Doce, observa-se baixa abundância das guildas tróficas carnívoros e piscívoros nativos (Figura 9) enquanto nos outros ambientes (lagos, Ribeirão e Rio Manhuaçu/RM), a abundância de ambas as guildas é maior. Em ecossistemas afetados por rejeitos de minério, carnívoros, o que também inclui piscívoros, são os que apresentam maior quantidade de metais, provavelmente pelo processo de biomagnificação (PFEIFFER et al., 1993). Como a calha do Rio Doce foi a parte da bacia mais afetada pelos rejeitos de minério, inclusive por mercúrio, ferro, arsênio (FERNANDES et al., 2016; FERREIRA et al., 2020), provavelmente peixes de ambas as guildas dessa região estão potencialmente mais expostos aos efeitos desses elementos químicos. Porém, é preocupante que o topo-de-cadeia esteja majoritariamente representado por espécies introduzidas.

Figura 10: 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; Período chuvoso 2021/2022 = novembro/2021 a março/2022 e Período Seco 2022 = abril, maio e agosto/2022.



A Figura 10 mostra a evolução temporal das espécies nativas e introduzidas (i.e., não nativas) durante o monitoramento do PMBA. Em geral, os bentófagos (como, por exemplo, Peixe-flor *Awaous tajasica*, Tilápia *Oreochromis niloticus* e o Barrigudinho *Poecilia vivipara*) foram predominantes ao longo do monitoramento. No entanto, ao avaliar separadamente as guildas tróficas das espécies introduzidas e nativas dos predadores de topo de cadeia, nota-se, no monitoramento, um aumento na abundância de carnívoros e piscívoros introduzidos (como por exemplo, Tucunarés *Cichla monoculus* e Piranhas-vermelhas *Pygocentrus nattereri*) no Ano 3 (Chuvoso 2020/2021 e Seco 2021) e Ano 4 (Chuvoso 2021/2022 e Seco 2022) do monitoramento. Provavelmente, isso se deve ao fato de terem um espectro alimentar maior, além de outras características biológicas que favorecem suas atividades de reprodução e recrutamento.

Concluindo, as análises de ecologia trófica das assembleias de peixes mostraram menor espectro alimentar de itens alimentares consumidos por nativos nos ambientes amostrados. Esse resultado sugere que após o rompimento da barragem, a lama de rejeito que atingiu principalmente a calha do Rio Doce e ambientes lacustres adjacentes, pode ter afetado o espectro alimentar de peixes nativos e, portanto, colaborado para elevada abundância das espécies introduzidas na região.

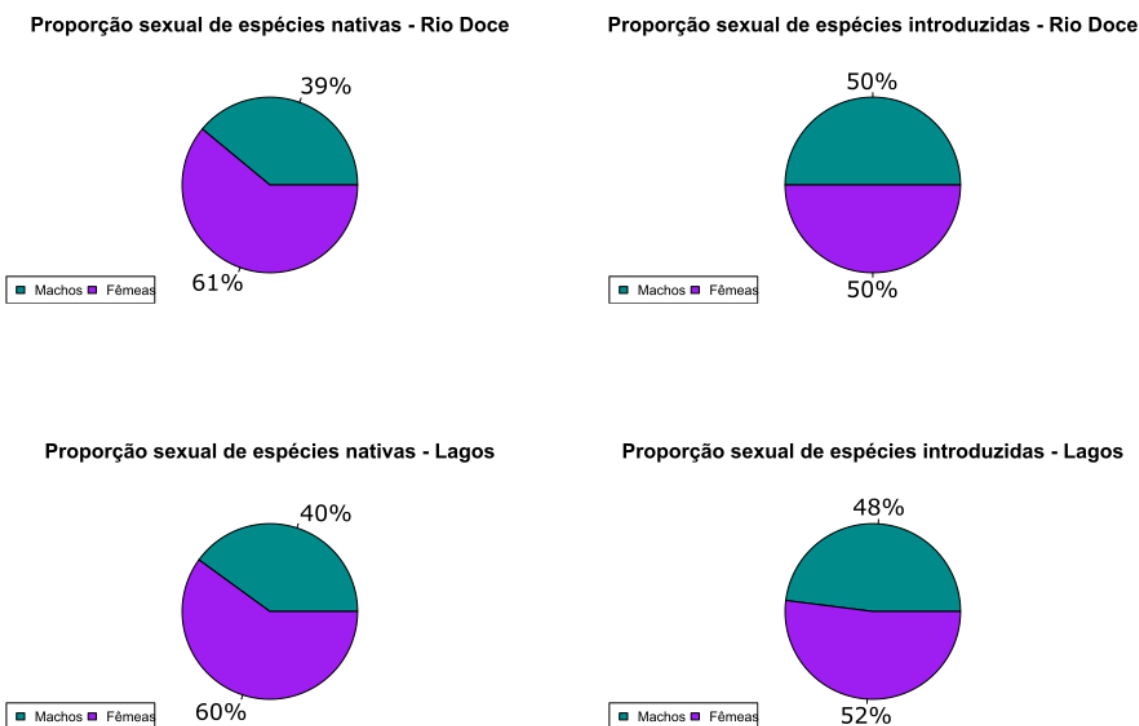
Em relação às guildas tróficas, observamos baixa abundância de carnívoros e piscívoros nativos na calha do Rio Doce. Os carnívoros e piscívoros são as guildas tróficas que apresentam maior quantidade de metais na cadeia trófica (biomagnificação). Portanto, os peixes carnívoros e piscívoros da calha do

Rio Doce provavelmente estão mais expostos aos efeitos de elementos químicos (arsênio, ferro, mercúrio) porque essa região foi a parte da bacia mais afetada pelos rejeitos de minério provenientes - ou disponibilizados - pelo rompimento da barragem.

Por fim, o aumento na abundância de carnívoros e piscívoros introduzidos ao longo do monitoramento pode ser explicada pelo espectro alimentar maior das espécies não nativas e também outras características biológicas que facilitam o processo de reprodução e recrutamento das espécies introduzidas.

3.7 PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS

Figura 11: Proporção sexual nas espécies nativas e introduzidas na calha principal do Rio Doce e nos lagos durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até agosto/2022.

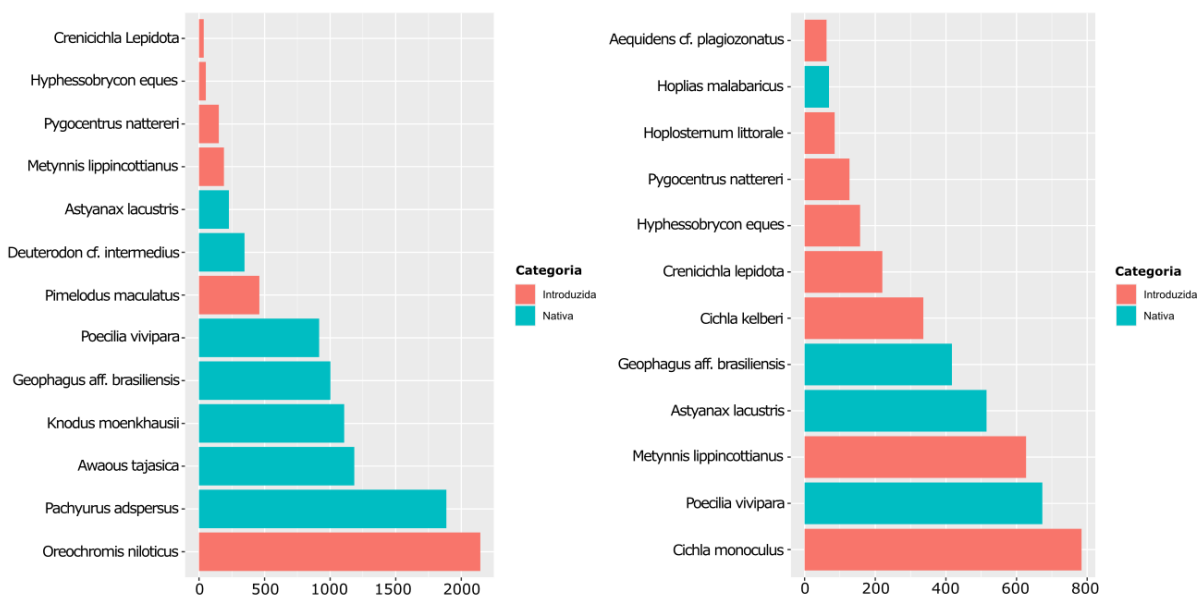


A proporção sexual de peixes nativos na calha do Rio Doce durante as campanhas mostrou predominância de fêmeas (61%) em relação aos machos (39%) com X^2 de 314,06 ($P < 0,001$) (Figura 11). Nas espécies introduzidas, essa proporção sexual não foi significativa com X^2 de 0,07 ($P > 0,783$). Nos lagos, a proporção sexual de espécies nativas mostrou predominância de fêmeas (60%) em relação aos machos (40%) com X^2 de 126,92 ($P < 0,001$). Nas espécies introduzidas, essa relação não foi significativa com X^2 de 2,513 ($P > 0,112$) (Figura 11). Em peixes neotropicais, a proporção sexual esperada é próxima de 1:1 (LOWE-MCCONNELL, 1987), sendo considerada uma população equilibrada que pode se tornar estável e adaptada as condições impostas ao meio (HAMILTON, 1967).

A interferência antrópica como seletividade de equipamentos de pesca, fatores biológicos como fêmeas em reprodução e variação na taxa de crescimento podem causar diferenças na proporção sexual de peixes (WOOTON, 1990). Além disso, áreas com maior disponibilidade de alimentos pode apresentar maiores proporções de fêmeas (NIKOLSKY, 1978). A maior proporção sexual de fêmeas sugere maior investimento e gasto energético para reprodução (GARCIA et al., 2019) como estratégia de sobrevivência no Baixo Rio Doce. Esses resultados mostram que as populações de peixes introduzidos estão mais equilibradas do que as espécies nativas no Baixo Rio Doce, sendo na proporção próxima de 1:1.

3.8 RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS NA CALHA DO RIO DOCE E NOS LAGOS

Figura 12: Espécies nativas e introduzidas com maior número de recrutamento na calha principal do Rio Doce e nos lagos durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até agosto/2022.



O cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50), permitiu definir as espécies com maior número de recrutamento (considerando o ponto de corte >190 recrutas) na calha do Rio Doce e nos lagos (Tabela 3). O recrutamento de peixes mostrou a hegemonia, nos lagos, das espécies introduzidas como os Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, o Jacundá *Crenicichla lepidota*, Mato-grosso *Hyphessobrycon eques*, o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* e, a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*. Na calha do Rio Doce, a Tilápia *Oreochromis niloticus* é a que apresenta maior grau de recrutamento, enquanto que o Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus* encontra-se na sétima posição (a condição de nativa ou introduzida do Lambari *Knodus moenkhausii* ainda continua indefinida e foi aqui considerada como nativa) (Figura 12). Esses resultados indicam que ambientes impactados por espécies introduzidas e fatores antrópicos podem comprometer o recrutamento de juvenis (ABDO et al., 2018; HAXTON et al., 2008), assim como afetar o crescimento somático (PASCHOALINI et al., 2019) e causar a redução na ictiofauna (PAUKERT & ROGERS 2004; PELICICE et al., 2017), acentuando o impacto na ictiofauna na região do Baixo Rio Doce.

Tabela 3: Valores de comprimento médio (mm) da primeira maturação (L50), comprimento médio máximo de maturação (L100) e RGS calculados para machos e fêmeas das espécies amostradas no ano de 2022 pelo PMBA/Fest.

Espécies	ORIGEM	2022					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Aequidenscf. plagiozonatus.</i>	Introduzida	52,70	68,50	1,8			
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa						
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa						
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa	37,78	49,43	1,53	30,93	40,68	0,35
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa	25,38	33,59	0,91	23,64	31,36	0,01
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	54,39	70,66	4,64	55,84	72,51	0,79
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	37,45	49,01	0,91	47,04	61,27	0,11
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa	155,32	199,63	0,19	135,13	173,83	0,18
<i>Characidium cricareense</i>	Nativa	25,38	33,59	0,52	73,86	95,54	0,15
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida				155,32	199,63	0,19
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	74,86	96,82	0,38	101,62	131,01	0,05
<i>Crenicichla lepidota</i>	Introduzida	65,88	85,34	2,28	90,53	116,84	0,06
<i>Genidens genidens</i>	Nativa						
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	71,39	92,38	1,15	88,19	113,85	0,08
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida	126,65	163,00	2,11	99,60	128,43	0,35
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa				110,59	142,47	0,5
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa				169,46	217,69	0,14
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	161,38	207,37	3,47	145,23	186,73	0,14
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	87,48	112,95	0,36	83,42	107,75	0,19
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida	15,86	21,42	2,68			
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa	135,13	173,83		161,38	207,37	
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	20,50	27,35	4,20	18,14	24,33	0,4
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	156,13	200,67	5,89	144,42	185,70	0,27
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	45,48	59,27	4,11	49,31	64,17	1,4
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa				161,38	207,37	1,58
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	86,41	111,57	4,24	72,58	93,90	3,68
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa	44,39	57,87	2,34			
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida				141,19	181,57	
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	129,08	166,09	0,98	78,56	101,55	0,58
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa						
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	122,09	157,17	4,64	116,15	149,58	0,59
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida	13,25	18,09		7,65	10,93	

Espécies	ORIGEM	2022					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa	13,20	18,02				
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida				232,05	297,67	0,14
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	199,74	256,39	0,10	197,72	253,81	0,33
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa				44,22	57,66	0,38
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	122,13	157,22	3,90	117,61	151,44	0,23
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	16,19	21,84		16,20	21,85	
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	74,44	96,27	6,03	79,33	102,52	5,58
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa	44,99	58,65	2,29	42,95	56,03	0,47

O cálculo do L50 permitiu definir as espécies com maior número de recrutas (considerando o ponto de corte >190 recrutas) dentro das campanhas, assim como RGS anual por espécies.

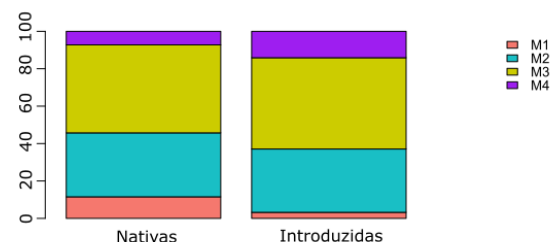
3.9 ESTÁGIO DE MATURAÇÃO

Figura 13: Frequência relativa de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nos períodos chuvoso e seco nas espécies nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce.

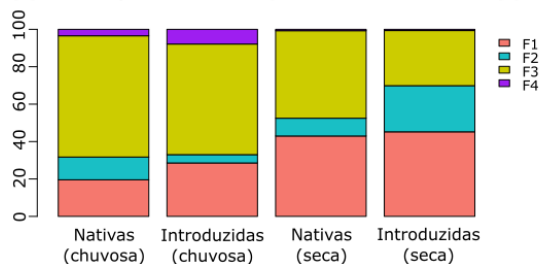
(a) Maturação de fêmeas (nativas e introduzidas)



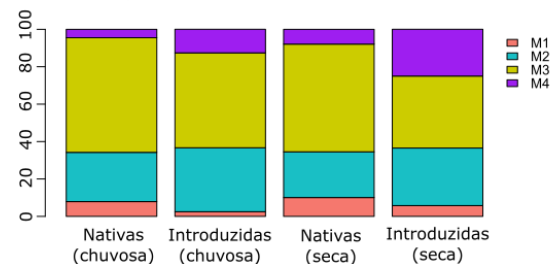
(b) Maturação de machos (nativas e introduzidas)



(c) Maturação de fêmeas (nativas e introduzidas) por período



(d) Maturação de machos (nativas e introduzidas) por período



Os estágios de maturação gonadal (EMG) (Figura 13) nas espécies nativas e introduzidas foram quantificados e classificados de forma macroscópica e confirmados microscopicamente em machos (M) e fêmeas (F), seguindo os seguintes critérios (VAZZOLER, 1996): 1= repouso, 2= maturação, 3= maduro e 4= espermiados para machos e desovados para fêmeas. Não foram observadas alterações patológicas que comprometessem o desenvolvimento gonadal, diferentemente ao observado em ambientes altamente contaminados por metais pesados em outros rios no Brasil (PASCHOALINI et. al.,

2019; SAVASSI et al., 2016, 2020). A frequência relativa dos EMG de peixes desovados e espermiados foram superiores nas espécies introduzidas, além de caracterizar uma maior reprodução no período chuvoso das fêmeas, conforme observado em outros peixes neotropicais. Foi observada maior frequência relativa de peixes nativos e introduzidos no EMG maduro no período chuvoso, enquanto o período seco mostrou o EMG em repouso. A atividade reprodutiva de peixes pode ser utilizada para determinar as etapas da maturação gonadal durante o ciclo de reprodução, pois o peso gonadal e RGS aumenta conforme as células germinativas se desenvolvem (LUBZENS et al., 2010). Vários trabalhos, com outras espécies, mostraram que na região neotropical, valores mais altos de temperatura, fotoperíodo e precipitação pluviométrica ocorrem no período chuvoso coincidindo com o pico de RGS das espécies (LOWE MCCONNEL, 1987; WEBER et al., 2013; NORMANDO et al., 2014). Esses resultados refletem melhor desenvolvimento gonadal nas espécies introduzidas em relação às espécies nativas, podendo representar o maior sucesso reprodutivo do primeiro grupo.

Quadro 1: Características macroscópicas e microscópicas dos estágios de maturação gonadal de machos e fêmeas, capturados na calha principal do Rio Doce e nos lagos durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até agosto/2023.

Estágios de ciclo reprodutivo	Machos (M)	Fêmeas (F)
Repouso (M1/F1)	Testículos esbranquiçados e reduzidos. Morfologicamente, apresentam túbulos seminíferos com células de Sertoli e espermatogônias, além de lume fechado.	Ovários translúcidos e com pouca vascularização. Morfologicamente, apresentam ovogônias, ovócitos perinucleolar inicial (O1), perinucleolar avançado (O2) e túnica albugínea espessa.
Em maturação (M2/F2)	Testículos com coloração branco-leitosa. Morfologicamente, apresentam cistos com células em diferentes fases da espermatogênese. No lume dos túbulos seminíferos começa ocorrer acúmulo de espermatozoides.	Os ovários possuem volume maior e coloração amarelada. Morfologicamente, observam-se O1, O2 e ovócitos pré-vitelogênicos (O3).
Maduro (M3/F3)	Testículos com volume maior e coloração branco-leitosa. Morfologicamente, o lume dos túbulos seminíferos apresenta grande quantidade de espermatozoides.	Os ovários estão maiores e têm coloração pardo-amarelada. Morfologicamente, apresentam ovócitos vitelogênicos (O4) ao lado de O1, O2 e O3.
Parcialmente ou totalmente espemiado/desovado (M4/F4)	Testículos com coloração branco-leitosa e translúcida. Microscopicamente, o lume dos túbulos seminíferos é amplo ou fechado com ausência ou pequena quantidade de espermatozoides.	Os ovários tornam-se flácidos e, ainda, evidenciam-se alguns ovócitos a olho nu. Na microscopia de luz, caracterizam-se pela presença de O1, O2, O3, O4 e folículos pós-ovulatórios ou totalmente desovados com presença de O1, O2, folículos pós-ovulatórios, e raros O4.

Os estágios de maturação gonadal (EMG) nas espécies nativas e introduzidas foram quantificados e classificados de forma macroscópica e confirmadas microscopicamente em machos (M) e fêmeas (F), seguindo os seguintes critérios (VAZZOLER, 1996): 1= repouso, 2= maturação, 3= maduro e 4= espermiados para machos e desovados para fêmeas (Quadro 1). As análises macroscópicas e microscópicas não evidenciaram alterações patológicas que comprometessem o desenvolvimento gonadal, diferentemente do observado em ambientes altamente contaminados por metais pesados em outros rios do Brasil (PASCHOALINI et. al., 2019; SAVASSI et al., 2016, 2020).

Tabela 4: Frequência absoluta de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no baixo Rio Doce.

Espécies	Origem	2022							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida	1		4	1				
<i>Anchoviella cayennensis</i>	Nativa			1					
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa	22	7	18		1	1	22	1
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa	28	6	3			5	6	2
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	28	9	58	1	12		37	2
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	17	6	20			1	44	
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa	5						4	
<i>Characidium cricareense</i>	Nativa	12						2	
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida	1						3	
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	9	3	3			14		
<i>Crenicichla lepidota</i>	Introduzida	1	5	12			6	2	6
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida								
<i>Eugerres brasiliensis</i>	Nativa			1					
<i>Genidens genidens</i>	Nativa								
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	5	9	10		2	5	24	
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida			2			1		
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa	6						1	
<i>Hyporhamphus roberti</i>	Nativa			1			1	2	1
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa	3						1	1
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa		1	8	1		1	5	8
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	52	2	1		3		3	
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida		3	4				1	
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa	3	5	5					
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	37	11	102	2	7	42	12	
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	4		16			3		2

<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	11	2	2			2	23	
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa	1						1	
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	44	31	69	9		16	20	9
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa								
<i>Mugil curema</i>	Nativa	1				1			
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa			16	1				1
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida	2						1	
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	3	1	8					
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa							3	
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	5		12		1		21	2
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida								
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa								
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida	1					2	2	
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	12		1		1	2	2	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa	1		2		2			
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida	3			1	1		10	5
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	46	6	13	1	1	5	16	7
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa	5		2				1	1
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida	1					1		
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	12					1		
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida	8	5	3			9	1	1
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida								
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	2		1	3	3	2	5	
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Nativa								
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa			2	3		2	4	

Os valores da frequência absoluta permitiram calcular a frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce (Tabela 4). A frequência absoluta quando transformada em frequência relativa dos EMG desovado e espermiado, mostrou vantagem no desenvolvimento gonadal nas espécies introduzidas quando comparadas com as espécies nativas (Tabela 4). Esses dados sugerem que o melhor desempenho reprodutivo das espécies introduzidas pode resultar no declínio das espécies nativas.

3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)

Tabela 5 : Valores de relação gonadossomática (RGS) de fêmeas no período chuvoso entre os Anos 1, 2, 3 e 4 nas espécies nativas e introduzidas no baixo Rio Doce. Valores são expressos como média \pm desvio padrão. Letras diferentes indicam diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os anos, dentro da mesma espécie.

Espécie	Origem	RGS			
		Ano 1	Ano 2	Ano 3	Ano 4
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	5,65 \pm 3,05 A	8,02 \pm 2,33 AB	10,82 \pm 1,74 B	6,37 \pm 3,09 A
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	4,53 \pm 3,80 A	4,44 \pm 4,09 A	4,69 \pm 4,10 A	2,04 \pm 1,85 B
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	2,63 \pm 1,73 A	4,46 \pm 1,51 A	3,86 \pm 2,00 A	5,17 \pm 2,69 A
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	1,25 \pm 0,48 A	1,09 \pm 0,66 A	2,09 \pm 0,61 A	2,07 \pm 0,41 A
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	0,94 \pm 0,34 A	0,73 \pm 0,63 A	0,50 \pm 0,26 A	1,06 \pm 0,85 A
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa	6,85 \pm 4,50 A	8,80 \pm 5,70 A	6,14 \pm 3,92 A	*
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	4,17 \pm 2,65 A	4,41 \pm 3,81 A	4,83 \pm 2,16 A	8,43 \pm 4,06 B
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	4,19 \pm 3,83 A	6,76 \pm 4,96 A	8,04 \pm 5,49 B	6,35 \pm 3,46 A
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	3,50 \pm 3,28 A	3,55 \pm 4,42 A	6,19 \pm 2,61 B	6,26 \pm 3,55 B
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida	2,73 \pm 2,56 A	4,02 \pm 3,02 A	2,30 \pm 2,16 A	*
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	*	6,10 \pm 3,76 A	*	11,31 \pm 1,99 B

A relação gonadossomática (RGS) nas espécies introduzidas como no Mandi-amarelo *P. maculatus*, Pacu-CD *M. lippincottianus*, Piranha-vermelha *P. nattereri* e Tamboatá *Hoplosternum littorale* foram superiores no Ano 4 e Ano 3 em relação aos anos anteriores ($p < 0,05$) no período chuvoso, enquanto nas espécies nativas como o Peixe-flor *Awaous tajasica* ($p < 0,05$), a Corvina *Pachyurus adspersus*, e os lambaris *Deuterodon cf. intermedius* e *Astyanax lacustris* registraram valores inferiores no Ano 3 e Ano 4 em todo o Baixo Rio Doce (calha do Rio Doce e Lagos) (Tabela 5). O período chuvoso caracteriza-se por apresentar melhores condições reprodutivas, além dos fatores abióticos como altas temperaturas, pluviosidade e fotoperíodos mais longos, favorecendo as fêmeas nativas e introduzidas (NORMANDO et al., 2009; WEBER et al., 2013). Os valores de RGS em fêmeas influenciam mais no peso dos ovários em relação aos testículos, devido ao maior acúmulo e transferência de gorduras, além de refletir na qualidade ambiental com maior número e diâmetro de ovócitos vitelogênicos. Foi

registrado valores inferiores da RGS nos peixes nativos, podendo ser espécies menos tolerantes aos distúrbios ambientais devido à regularização do fluxo causado pela presença de barragens, possíveis contaminações por metais pesados, e o impacto da passagem do rejeito de lama. Essas observações são típicas de ambientes impactados que pode alterar as mudanças comportamentais na atividade reprodutiva dos peixes, assim como observado em outros estudos sob influências antrópicas (ARANTES et al., 2010; SAVASSI et al., 2016, 2020). As espécies introduzidas mostram melhor sucesso reprodutivo em ambientes impactados (BEATTY et al., 2012) quando comparados com as espécies nativas; as espécies introduzidas também causam impactos em ambientes inalterados, no Alto Rio Doce (FRAGOSO-MOURA et al., 2016).

INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA GENÉTICA

3.11 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. 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 (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±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 (0,52)	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
4	P1B	18	5,89 (2,85)	9,83 (4,73)	0,471 (0,232)
4	P2	3	2,00 (0,00)	5,75 (4,00)	0,391 (0,257)
4	P3	11	4,50 (3,12)	8,50 (3,50)	0,341 (0,247)
4	P4	15	4,53 (2,56)	9,38 (4,92)	0,428 (0,248)
4	P5	20	5,17 (3,33)	10,90 (4,32)	0,400 (0,205)
4	P6	32	5,86 (3,10)	12,00 (4,23)	0,436 (0,237)
4	P7	29	5,66 (2,95)	11,70 (4,47)	0,398 (0,187)
4	P8B	22	4,96 (2,83)	10,33 (4,69)	0,422 (0,198)
4	P9	17	4,72 (2,56)	9,32 (4,28)	0,405 (0,175)
4	P10	30	5,08 (2,90)	12,50 (6,19)	0,407 (0,267)

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (ano). Os índices não puderam ser calculados para locais sem representantes das espécies ou com baixa quantidade de indivíduos (Tabela 6) de forma geral, o número de alelos na espécie de Lambari *Astyanax lacustris* variou de 2,0 até um máximo de 7,33, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 4. O Ano 2 mostrou menor quantidade de amostras devido ao viés de coleta de dados ocorrido nesse ano. A amplitude de variação no tamanho dos alelos (de 8,25 até 21,16) de forma geral, mostrou para o Ano 1, alelos maiores, seguido pelo Ano 3, Ano 2 e por fim, pelo o Ano 4. As maiores variações na diversidade gênica foram observadas no ano 3 enquanto que a menor foi observada no ano 4 e mesmo considerando essas amplitudes a diversidade gênica de *Astyanax lacustris* não apresenta grandes discrepâncias ou divergências acentuadas entre suas subpopulações

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Deuterodon cf. intermedius* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Deuterodon cf. 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
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	4	3,97 (1,33)	17,20 (11,95)	0,650 (0,365)
4	P3	31	9,12 (5,51)	22,27 (14,14)	0,526 (0,362)
4	P4	34	8,95 (4,54)	21,67 (16,60)	0,610 (0,331)
4	P5	0	NA	NA	NA
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	4	4,47 (1,74)	19,25 (12,25)	0,690 (0,345)
4	P8B	16	8,66 (3,51)	22,23 (14,60)	0,580 (0,321)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	0	NA	NA	NA

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (ano), não foi possível obter esses valores em locais sem representantes das espécies ou com baixa quantidade de indivíduos. De forma geral o número de alelos variou de 3,28 até um máximo de 11,25, sendo que a maior variação no número de alelos entre os pontos foi observada no Ano 1, sendo mais discreta nos anos subsequentes. O Ano 2 mostrou-se próximo ao do ano 3, porém com maior discrepância entre os pontos que o Ano 3. O tamanho dos alelos teve maior variação no Ano 1 porém esses números são semelhantes aos dos Anos subsequentes. Na diversidade gênica observam-se altos níveis em todos os anos, porém com variação sutilmente maior no Ano 1 e menores índices no Ano 4. Esses padrões apontam para uma potencial redução desses índices entre os anos o que poderá resultar em homogeneização entre as populações.

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Geophagus aff. 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
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	34	4,70 (2,30)	6,90 (3,16)	0,440 (0,294)
4	P4	3	2,70 (1,25)	4,10 (2,25)	0,389 (0,219)
4	P5	20	4,60 (1,75)	6,80 (2,46)	0,387 (0,231)
4	P6	33	5,60 (2,00)	9,20 (2,86)	0,417 (0,276)
4	P7	30	4,80 (1,80)	7,80 (2,26)	0,424 (0,216)
4	P8B	7	3,60 (1,52)	6,10 (3,46)	0,487 (0,129)
4	P9	20	4,90 (2,15)	7,20 (3,15)	0,437 (0,218)

<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
4	P10	8	2,90 (1,27)	5,00 (2,69)	0,469 (0,370)

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

Os índices foram calculados para a espécie *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3 e 4) Tabela 8. De forma geral, o número de alelos variou de 2,0 até um máximo de 6,6, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 2. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior nos Anos 2 e 3. A diversidade gênica, no geral não variou muito ao longo dos anos, porém entre os pontos de coleta foi observada uma amplitude maior na variação, sobretudo no Ano 2, onde o ponto 7 apresentou diversidade de 0,700. Essa variação da diversidade entre pontos de coleta pode estar refletindo a presença de linhagens genéticas distintas dentro desse táxon, o que já foi observado nas análises de Barcode.

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<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
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	0	NA	NA	NA
4	P4	0	NA	NA	NA

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
4	P5	11	2,95 (1,08)	3,90 (2,24)	0,381 (0,326)
4	P6	11	3,00 (1,00)	4,10 (2,13)	0,403 (0,296)
4	P7	0	NA	NA	NA
4	P8B	0	NA	NA	NA
4	P9	1	NA	NA	NA
4	P10	2	2,00 (0,00)	3,10 (1,91)	0,434 (0,346)

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

Na espécie *Hoplias malabaricus*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3 e 4) (Tabela 9). De forma geral, o número de alelos variou pouco, de 2,0 a 3,7, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 1. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior no Ano 1, porém os Anos 2 e 3 tiveram muitos pontos com falhas amostrais. A diversidade gênica, no geral não variou muito ao longo dos anos, porém entre os pontos de coleta foi observada uma amplitude maior na variação, sobretudo no Ano 1, onde o ponto 8 apresentou diversidade de 0,672. Essa variação da diversidade entre pontos de coleta pode estar refletindo a presença de linhagens genéticas distintas dentro de *H. malabaricus*, o que já foi também observado nas análises de DNA Barcode. Os Anos 3 e 4 apresentaram os valores mais baixos de diversidade gênica para essa espécie, no entanto, nesses anos houveram falhas amostrais em vários pontos de coleta.

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±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

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
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)
4	P1B	30	4,92 (1,12)	4,84 (1,37)	0,564 (0,289)
4	P2	31	5,24 (1,13)	4,97 (1,53)	0,494 (0,238)
4	P3	34	5,44 (1,61)	5,18 (2,17)	0,503 (0,251)
4	P4	17	4,67 (1,53)	5,23 (2,64)	0,454 (0,268)
4	P5	7	3,45 (1,37)	3,73 (1,75)	0,341 (0,210)
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	30	4,22 (1,14)	4,75 (1,35)	0,347 (0,217)
4	P8B	31	5,00 (1,96)	5,67 (2,07)	0,523 (0,235)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	1	NA	NA	NA

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3 e 4) (Tabela 10). De forma geral, o número de alelos variou pouco de 2,1 a 5,4, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 1. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior no Ano 1. A diversidade gênica, no geral não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém, no Ano 2 observam-se maiores valores de diversidade gênica. Esses valores se mantêm no Ano 3 e diminuem novamente no Ano 4. Foi observada uma amplitude maior na variação da diversidade gênica nos Anos 1 e 4, onde a menor diversidade observada foi de 0,327 e, a maior diversidade, 0,564. No geral, os índices não apresentaram grandes variações ao longo dos anos e pontos de coleta para o Lambari *K. moenkhausii*.

Tabela 11: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<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)

<i>Pachyurus adspersus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
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)
4	P1B	20	3,33 (1,35)	5,66 (3,58)	0,236 (0,194)
4	P2	35	5,33 (2,56)	5,96 (3,37)	0,331 (0,243)
4	P3	35	6,33 (3,18)	6,62 (3,98)	0,432 (0,257)
4	P4	32	5,00 (2,12)	5,27 (3,18)	0,381 (0,216)
4	P5	13	3,66 (1,73)	5,00 (2,74)	0,212 (0,253)
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	0	NA	NA	NA
4	P8B	35	5,00 (2,15)	5,66 (4,13)	0,431 (0,312)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	0	NA	NA	NA

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3 e 4) (Tabela 11). De forma geral, na espécie de Corvina *Pachyurus adspersus*, o número de alelos variou pouco de 3,3 a 6,3, sendo que a menor variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 1. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior no Ano 2. A diversidade gênica, no geral não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém observa-se um leve aumento da diversidade gênica do Ano 1 para o Ano2. No entanto, nos Anos 3 e 4 os valores de diversidade gênica voltam a diminuir para a Corvina *P. adspersus*.

Tabela 12: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<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

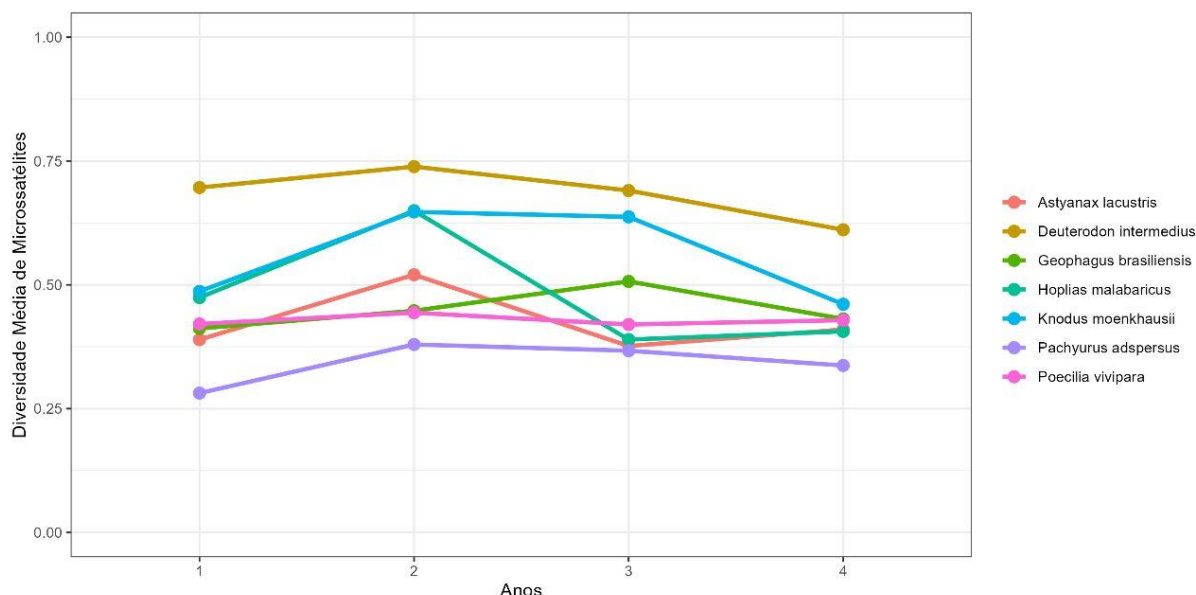
<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (\pm SD)*
3	P1	3	2,00 (0,00)	2,33 (2,31)	0,240 (0,203)
3	P2	5	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,466 (0,329)
3	P3	24	3,40 (1,14)	5,20 (3,19)	0,461 (0,320)
3	P4	30	5,00 (3,31)	6,00 (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
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	23	3,50 (1,81)	4,20 (3,92)	0,419 (0,231)
4	P4	31	3,40 (2,13)	5,20 (3,17)	0,421 (0,269)
4	P5	36	3,60 (1,51)	4,90 (3,27)	0,491 (0,299)
4	P6	34	2,90 (1,55)	4,00 (2,91)	0,415 (0,262)
4	P7	35	3,30 (2,17)	4,20 (3,34)	0,409 (0,264)
4	P8B	1	NA	NA	NA
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	32	3,70 (1,98)	4,30 (3,41)	0,417 (0,286)

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3 e 4) (Tabela 12). De forma geral, o número de alelos não variou muito (de 2,0 a 5,0), sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 3. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior no Ano 1. A diversidade gênica, no geral não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, sendo o maior valor observado no ponto 4 (0,594) no Ano 3, e o menor no ponto 5 (0,223) no Ano 2. Os índices de diversidade do Barrigudinho *P. vivipara* têm se mantido baixos ao longo de todo o período do monitoramento, sendo os melhores valores observados no Ano 2.

3.12 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES

Figura 14: Variação temporal na diversidade gênica das sete espécies analisadas no Baixo Rio Doce.



A diversidade gênica das sete espécies nativas analisadas no baixo Rio Doce aumentou do Ano 1 para o Ano 2, com exceção de *Geophagus aff. brasiliensis* e *Poecilia vivipara* que se mantiveram estáveis. Do Ano 2 para o Ano 3 somente *Hoplias malabaricus* apresentou queda acentuada da diversidade gênica, enquanto *G. aff. brasiliensis* apresentou um aumento mais expressivo desse índice. Para as demais espécies, a variação da diversidade gênica do Ano 2 para o 3 foi discreta, sendo o mesmo padrão observado do Ano 3 para o Ano 4. As maiores variações foram observadas no Lambari *K. moenkhausii* com aumento da diversidade do Ano 1 para o Ano 2, estabilidade do Ano 2 para o Ano 3 e queda do Ano 3 para o 4, e na Traíra *H. malabaricus*, com queda acentuada desse índice do Ano 2 para o Ano 3 (Figura 14). Porém, vale ressaltar que essa espécie apresentou problemas de baixos tamanhos amostrais ao longo dos anos.

3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS

Tabela 13: Estruturação genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), que indica flutuação no tamanho efetivo populacional.

Espécie	Ano1			Ano2			Ano3			Ano4		
	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
<i>Astyanax lacustris</i>	0,030	0,690	0,475 (0,053)	0,002	0,613	0,292 (0,154)	-0,003	0,767	0,227 (0,086)	0,005	0,635	0,251 (0,116)

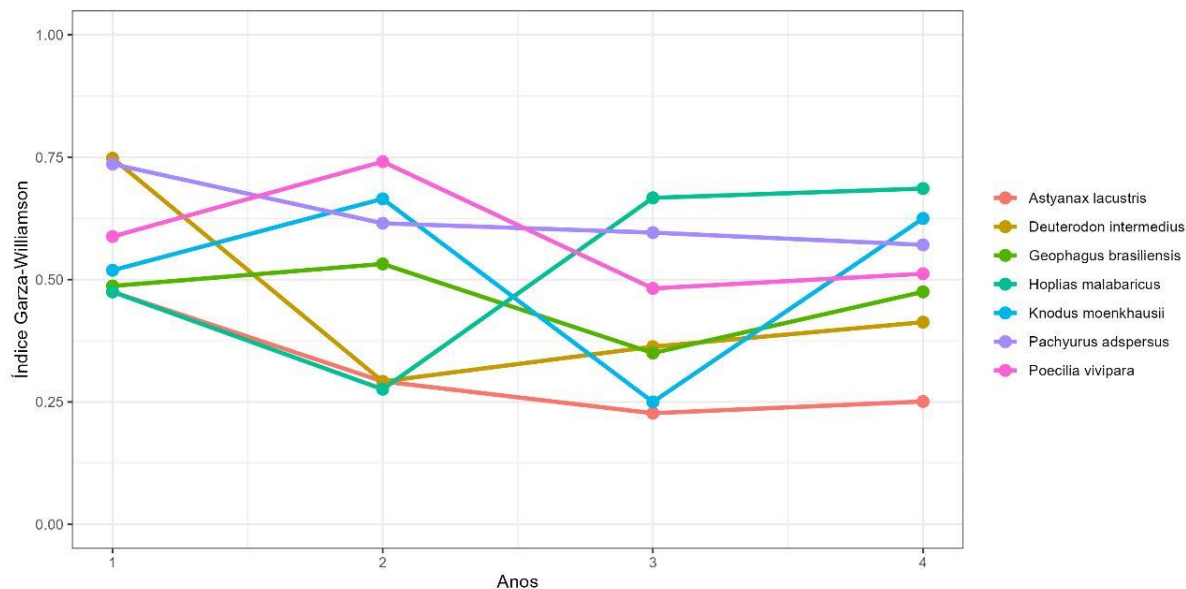
Espécie	Ano1			Ano2			Ano3			Ano4		
	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,007	0,802	0,315 (0,115)	0,016	0,759	0,292 (0,179)	0,006	0,777	0,363 (0,028)	0,007	0,742	0,413 (0,138)
<i>Geophagus brasiliensis</i>	0,016	0,576	0,487 (0,084)	0,008	0,553	0,532 (0,134)	0,037	0,725	0,350 (0,088)	0,016	0,572	0,475 (0,118)
<i>Hoplias malabaricus</i>	0,080	0,621	0,475 (0,088)	- 0,094	0,722	0,276 (0,146)	0,147	0,610	0,667 (0,179)	0,007	0,631	0,686 (0,138)
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,007	0,748	0,519 (0,133)	0,002	0,753	0,665 (0,060)	0,151	0,613	0,250 (0,100)	0,071	0,591	0,625 (0,073)
<i>Pachyurus adspersus</i>	0,065	0,250	0,736 (0,063)	0,052	0,267	0,615 (0,182)	0,010	0,272	0,596 (0,138)	0,040	0,268	0,571 (0,098)
<i>Poecilia vivipara</i>	0,094	0,436	0,588 (0,103)	0,098	0,218	0,741 (0,189)	0,140	0,324	0,482 (0,138)	0,083	0,237	0,512 (0,103)

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

Os índices populacionais mostraram baixa estruturação genética (FST), exceto na Corvina *P. adspersus* e no Barrigudinho *P. vivipara* que mostraram significância nos anos 1 e 2 com tendência de redução nos anos seguintes para *P. adspersus*. No entanto, para *P. vivipara* a estruturação populacional se mantém nos anos 3 e 4. Isso demonstra que a maioria das espécies não possui diferenciação acentuada entre suas subpopulações, embora uma tendência sutil possa ser verificada nas espécies citadas acima (Tabela 13). Os índices de endogamia (FIS) mostraram significância em todas as espécies e em todos os anos, o que pode explicar o início da diferenciação populacional. Os índices de Garza-Williamson (G-W) foram significativos para todas as espécies, indicando a ocorrência de gargalo populacional recente compartilhado, o que pode ser a causa da endogamia encontrada.

3.14 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES

Figura 15: Variação temporal nos valores de Garza-Williamson (redução populacional) das sete espécies de peixes nativas analisadas no baixo Rio Doce.



No geral, a redução das populações da ictiofauna analisada no baixo Rio Doce, não variou muito ao longo dos quatro anos de monitoramento, com os índices de G-W se mantendo constantes (Figura 15). Exceção foi para *Deuterodon cf. intermedius*, *Geophagus aff. brasiliensis* e *Knodus moenkhausii* que apresentaram maiores amplitudes de variação desse índice ao longo do monitoramento.

3.15 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIA DE DNA

Tabela 14: Parâmetros genéticos gerais de *Astyanax lacustris* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Astyanax lacustris</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	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)
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)
COI	3	P1B	4	4	17	1,0000 (0,1768)	0,013634 (0,009479)	0,43362 (0,742)	0,29431 (0,339)

Astyanax lacustris

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	3	P2	9	6	7	0,8889 (0,0910)	0.003134 (0.002159)	-0,61197 (0,291)	-1.90069 (0.061)
COI	3	P3	4	3	8	0,8333 (0,2224)	0,005877 (0,004395)	-0,44637 (0,491)	1,22531 (0,671)
COI	3	P4	6	5	4	0,9333 (0,1217)	0,002539 (0,001954)	0,14908 (0,592)	-2.34386 (0,018)
COI	3	P5	15	10	18	0,9429 (0,0403)	0,005857 (0,003459)	-1,01475 (0,155)	-2,79952 (0,066)
COI	3	P6	25	14	26	0,9367 (0,0285)	0,006319 (0,003588)	-1,29266 (0,088)	-4,02528 (0,045)
COI	3	P7	21	13	22	0.8905 (0.0604)	0.006045 (0.003481)	-1.13327 (0.120)	-4.23731 (0.026)
COI	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P9	7	5	18	0.9048 (0.1033)	0.008463 (0.005259)	-1.02394 (0.183)	0.64771 (0.577)
COI	3	P10	22	11	14	0.8571 (0.0637)	0.003670 (0.002277)	-1.15332 (0.117)	-4.14127 (0.016)
COI	4	P1B	8	3	14	0.7143 (0.1227)	0.010608 (0.006403)	0.97049 (0.850)	4.87420 (0.980)
COI	4	P2	1	1	NA	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	NA	NA
COI	4	P3	4	2	1	0.5000 (0.2652)	0.000825 (0.001023)	-0.61237 (0.385)	0.17185 (0.339)
COI	4	P4	11	7	20	0.8909 (0.0740)	0.008701 (0.005137)	-1.03215 (0.153)	-0.21473 (0.435)
COI	4	P5	13	7	18	0.7308 (0.1332)	0.005543 (0.003414)	-1.78603 (0.026)	-0.79781 (0.317)
COI	4	P6	23	13	23	0.9012 (0.0503)	0.007096 (0.004066)	-1.15504 (0.117)	-3.64788 (0.048)
COI	4	P7	24	12	23	0.8225 (0.0741)	0.006511 (0.003766)	-1.32733 (0.081)	-2.81662 (0.098)

Astyanax lacustris

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	4	P8B	16	10	19	0.9000 (0.0561)	0.008993 (0.005119)	-0.19303 (0.463)	-1.50897 (0.224)
COI	4	P9	9	7	19	0.9167 (0.0920)	0.016588 (0.009642)	0.84413 (0.826)	-0.13503 (0.417)
COI	4	P10	25	8	15	0.7833 (0.0592)	0.005154 (0.003215)	-1.33899 (0.088)	-0.97350 (0.314)
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)
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)
CYTB	3	P1B	4	4	54	1.0000 (0.1768)	0.028436 (0.018957)	0.19289	1.54907

Astyanax lacustris

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)
								(0.714)	(0.490)
CYTB	3	P2	12	9	35	0.9091 (0.0795)	0.007134 (0.004038)	-1.61058 (0.045)	-1.05837 (0.267)
CYTB	3	P3	4	2	16	0.5000 (0.2652)	0.007036 (0.004952)	-0.84903 (0.084)	5.09987 (0.980)
CYTB	3	P4	7	7	46	1.0000 (0.0764)	0.018044 (0.010477)	-0.29693 (0.404)	-0.63029 (0.223)
CYTB	3	P5	15	7	24	0.6571 (0.1384)	0.004745 (0.002717)	-1.11952 (0.131)	0.96298 (0.687)
CYTB	3	P6	25	13	41	0.9200 (0.0347)	0.005480 (0.003018)	-1.74795 (0.026)	-1.76675 (0.225)
CYTB	3	P7	23	13	45	0.8893 (0.0510)	0.007455 (0.004050)	-1.63385 (0.036)	-1.42516 (0.28160)
CYTB	3	P8B	2	2	4	1.0000 (0.5000)	0.003820 (0.004271)	0.00000 (1.00)	1.38629 (0.481)
CYTB	3	P9	8	7	21	0.9643 (0.0772)	0.011154 (0.006466)	1.96148 (0.993)	-0.25488 (0.364)
CYTB	3	P10	22	15	26	0.9437 (0.0359)	0.005747 (0.003195)	-0.77169 (0.236)	-4.79218 (0.024)
CYTB	4	P1B	8	7	30	0.9643 (0.0772)	0.010391 (0.006001)	0.16416 (0.585)	-0.12977 (0.381)
CYTB	4	P2	1	1	NA	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	NA	NA
CYTB	4	P3	4	4	9	1.0000 (0.1768)	0.004501 (0.003287)	0.52223 (0.741)	-0.48049 (0.204)
CYTB	4	P4	11	7	31	0.8727 (0.0891)	0.007127 (0.004042)	-1.05336 (0.150)	0.87020 (0.653)
CYTB	4	P5	14	9	14	0.9231 (0.0500)	0.004658 (0.002713)	0.42851 (0.696)	-1.48977 (0.214)
CYTB	4	P6	24	16	47	0.9457 (0.0313)	0.011396 (0.006012)	-0.73364 (0.251)	-2.13178 (0.198)

Astyanax lacustris

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	4	P7	25	14	35	0.9133 (0.0350)	0.006103 (0.003306)	-0.92217 (0.182)	-1.83473 (0.233)
CYTB	4	P8B	17	14	39	0.9779 (0.0267)	0.011343 (0.006016)	0.53207 (0.753)	-2.21382 (0.148)
CYTB	4	P9	10	7	39	0.9111 (0.0773)	0.014983 (0.008243)	1.20123 (0.920)	2.19973 (0.833)
CYTB	4	P10	25	15	27	0.9300 (0.0357)	0.004803 (0.002662)	-0.84964 (0.203)	-3.94725 (0.053)
Myh6	1	P1	15	2	1	NA	0.000133 (0.000313)	NA	NA
Myh6	1	P2	27	2	1	NA	0.000074 (0.000228)	NA	NA
Myh6	1	P3	43	7	12	NA	0.000871 (0.000874)	NA	NA
Myh6	1	P4	8	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P5	33	2	1	NA	0.000060 (0.000205)	NA	NA
Myh6	1	P6	31	3	10	NA	0.000641 (0.000730)	NA	NA
Myh6	1	P7	27	5	12	NA	0.001521 (0.001257)	NA	NA
Myh6	1	P8	29	3	2	NA	0.000203 (0.000386)	NA	NA
Myh6	2	P1	3	3	13	NA	0.013413 (0.008511)	NA	NA
Myh6	2	P2	0	NA	NA	NA	0.013413 (0.008511)	NA	NA
Myh6	2	P3	3	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P6	22	2	11	NA	0.000994 (0.000959)	NA	NA
Myh6	2	P7	12	7	1	NA	0.001055 (0.001032)	NA	NA
Myh6	2	P8	26	3	2	NA	0.000226 (0.000410)	NA	NA
Myh6	3	P1B	6	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P2	17	3	2	NA	0.000234 (0.000421)	NA	NA

Astyanax lacustris

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)
Myh6	3	P3	5	3	4	NA	0.001594 (0.001415)	NA	NA
Myh6	3	P4	10	4	3	NA	0.000596 (0.000724)	NA	NA
Myh6	3	P5	15	2	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	30	4	7	NA	0.000464 (0.000606)	NA	NA
Myh6	3	P7	30	2	1	NA	0.000066 (0.000215)	NA	NA
Myh6	3	P8B	4	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	15	4	3	NA	0.001197 (0.001091)	NA	NA
Myh6	3	P10	31	3	2	NA	0.000128 (0.000303)	NA	NA
Myh6	4	P1B	8	3	2	NA	0.000497 (0.000660)	NA	NA
Myh6	4	P2	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	8	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P4	11	2	3	NA	0.000542 (0.000682)	NA	NA
Myh6	4	P5	14	3	3	NA	0.000426 (0.000589)	NA	NA
Myh6	4	P6	24	8	6	NA	0.000577 (0.000691)	NA	NA
Myh6	4	P7	25	6	6	NA	0.000553 (0.000673)	NA	NA
Myh6	4	P8B	17	3	11	NA	0.001286 (0.001138)	NA	NA
Myh6	4	P9	11	5	4	NA	0.000724 (0.000809)	NA	NA
Myh6	4	P10	25	6	8	NA	0.000636 (0.000730)	NA	NA
Glyt	1	P1	13	15	9	NA	0.003070 (0.001892)	NA	NA
Glyt	1	P2	26	11	12	NA	0.001923 (0.001282)	NA	NA
Glyt	1	P3	40	31	33	NA	0.004172 (0.002378)	NA	NA
Glyt	1	P4	8	7	8	NA	0.002830 (0.001818)	NA	NA
Glyt	1	P5	32	12	11	NA	0.001911 (0.001272)	NA	NA
Glyt	1	P6	30	22	16	NA	0.003713 (0.002164)	NA	NA
Glyt	1	P7	28	23	14	NA	0.003997 (0.002306)	NA	NA

Astyanax lacustris

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)
Glyt	1	P8	29	21	15	NA	0.004115 (0.002362)	NA	NA
Glyt	2	P1	3	3	11	NA	0.005996 (0.003911)	NA	NA
Glyt	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P3	3	4	5	NA	0.002446 (0.001829)	NA	NA
Glyt	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P6	19	16	20	NA	0.003155 (0.001922)	NA	NA
Glyt	2	P7	8	9	23	NA	0.010533 (0.005741)	NA	NA
Glyt	2	P8	22	17	14	NA	0.003179 (0.001915)	NA	NA
Glyt	3	P1B	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	6	6	6	NA	0.001632 (0.001214)	NA	NA
Glyt	3	P3	5	5	4	NA	0.001893 (0.001383)	NA	NA
Glyt	3	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P6	9	8	8	NA	0.002052 (0.001400)	NA	NA
Glyt	3	P7	12	13	14	NA	0.002367 (0.001541)	NA	NA
Glyt	3	P8B	2	3	2	NA	0.001381 (0.001311)	NA	NA
Glyt	3	P9	7	7	4	NA	0.002003 (0.001398)	NA	NA
Glyt	3	P10	23	12	10	NA	0.001132 (0.000875)	NA	NA
Glyt	4	P1B	8	9	9	NA	0.003258 (0.002040)	NA	NA
Glyt	4	P2	1	2	5	NA	0.005924 (0.006490)	NA	NA
Glyt	4	P3	4	7	11	NA	0.004570 (0.002922)	NA	NA
Glyt	4	P4	11	10	11	NA	0.003411 (0.002079)	NA	NA
Glyt	4	P5	14	7	8	NA	0.001495 (0.001082)	NA	NA
Glyt	4	P6	25	23	32	NA	0.007231 (0.003963)	NA	NA

<i>Astyanax lacustris</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)
Glyt	4	P7	25	15	13	NA	0.002840 (0.001742)	NA	NA
Glyt	4	P8B	17	8	9	NA	0.001901 (0.001284)	NA	NA
Glyt	4	P9	11	12	18	NA	0.005940 (0.003393)	NA	NA
Glyt	4	P10	25	17	14	NA	0.003360 (0.001999)	NA	NA

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

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (anos 1, 2, 3 e 4), sendo semelhantes àqueles encontrados com os dados de microssatélites, porém, a diversidade foi maior nos genes mitocondriais, superando os marcadores microssatélites na espécie de Lambari *Astyanax lacustris* (Tabela 14). Considerando ambos os marcadores, foram observados uma flutuação no número de haplótipos, mostrando um decréscimo no Ano 2 e um aumento no Ano 3 e continuando no Ano 4. Essa variação no Ano 2 pode estar relacionada à deficiência da coleta nesse ano. Também se observa incremento na diversidade haplotípica a partir do Ano 3. O teste D de Tajima indica uma tendência sutil de expansão após recente contração populacional, uma tendência corroborada pela estatística FS de Fu. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de amostragem. Esses resultados eram esperados, uma vez que esses genes tem uma taxa de mutação mais lenta em comparação com os genes mitocondriais.

Tabela 15: Parâmetros genéticos gerais de *Deuterodon cf. intermedius* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

<i>Deuterodon cf. intermedius</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	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)

Deuterodon cf. intermedius

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	2	P8	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
COI	3	P2	24	15	30	0.9094 (0.0477)	0.009635 (0.005257)	-0.67728 (0.270)	-3.27427 (0.090)
COI	3	P3	24	12	29	0.8877 (0.0458)	0.010541 (0.005706)	-0.26917 (0.434)	-0.40660 (0.452)
COI	3	P4	32	16	30	0.8911 (0.0399)	0.008616 (0.004699)	-0.74621 (0.253)	-2.97781 (0.134)
COI	3	P7	22	15	25	0.9524 (0.0291)	0.011810 (0.006360)	0.67392 (0.795)	-2.92587 (0.106)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	2	2	3	1.0000 (0.5000)	0.005155 (0.005952)	0.00000 (1.000)	1.09861 (0.431)
COI	4	P3	13	8	18	0.9231(0.0500)	0.007723 (0.004570)	-0.96070 (0.173)	-1.01559 (0.279)
COI	4	P4	12	9	22	0.9394 (0.0577)	0.012700 (0.007196)	0.05687 (0.561)	-1.09103 (0.266)
COI	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	3	3	7	1.0000 (0.2722)	0.008018 (0.006701)	0.00000 (1.000)	0.30830 (0.381)

Deuterodon cf. 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)
COI	4	P8B	7	7	17	1.0000 (0.0764)	0.013289 (0.008159)	-0.06551 (0.476)	-2.29472 (0.059)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)
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

Deuterodon cf. 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	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)
CYTB	3	P2	28	20	66	0.9497 (0.0301)	0.010687 (0.005543)	-1.08200 (0.132)	-3.54463 (0.102)
CYTB	3	P3	27	16	68	0.9259 (0.0311)	0.011127 (0.005768)	-1.09701 (0.135)	-0.48207 (0.445)
CYTB	3	P4	34	16	59	0.8877 (0.0324)	0.009156 (0.004760)	-1.02523 (0.149)	-0.01922 (0.534)
CYTB	3	P7	30	17	46	0.8966 (0.0442)	0.010730 (0.005575)	-0.11018 (0.516)	-0.97448 (0.375)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	2	2	2	1.0000 (0.5000)	0.002053 (0.002515)	0.00000 (1.000)	0.69315 (0.374)

Deuterodon cf. 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	4	P3	14	6	26	0.7363 (0.1092)	0.005846 (0.003413)	-1.77894 (0.024)	1.37613 (0.760)
CYTB	4	P4	15	10	42	0.9238 (0.0530)	0.013625 (0.007285)	0.11267 (0.593)	0.79662 (0.644)
CYTB	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P7	3	3	6	1.0000 (0.2722)	0.003817 (0.003244)	0.00000 (1.000)	0.13353 (0.263)
CYTB	4	P8B	7	6	48	0.9524 (0.0955)	0.014109 (0.008226)	-1.05903 (0.176)	0.95538 (0.000)
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P1	4	3	2	NA	0.001352 (0.001303)	NA	NA
Myh6	1	P2	12	15	15	NA	0.007918 (0.004575)	NA	NA
Myh6	1	P3	30	37	16	NA	0.007686 (0.004343)	NA	NA
Myh6	1	P4	27	26	17	NA	0.007731 (0.004373)	NA	NA
Myh6	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Deuterodon cf. intermedius

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)
Myh6	1	P7	27	28	17	NA	0.007233 (0.004131)	NA	NA
Myh6	1	P8	18	24	15	NA	0.006476 (0.003797)	NA	NA
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	2	3	4	NA	0.004980 (0.004009)	NA	NA
Myh6	2	P3	30	26	17	NA	0.008606 (0.004790)	NA	NA
Myh6	2	P4	28	26	19	NA	0.007345 (0.004182)	NA	NA
Myh6	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P7	6	9	12	NA	0.008964 (0.005343)	NA	NA
Myh6	2	P8B	18	22	14	NA	0.008683 (0.004883)	NA	NA
Myh6	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P2	28	34	18	NA	0.008330 (0.004661)	NA	NA
Myh6	3	P3	30	24	14	NA	0.008094 (0.004541)	NA	NA
Myh6	3	P4	34	36	18	NA	0.007791 (0.004385)	NA	NA
Myh6	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Deuterodon cf. 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)
Myh6	3	P7	30	31	25	NA	0.007605 (0.004303)	NA	NA
Myh6	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P2	4	6	15	NA	0.012094 (0.007339)	NA	NA
Myh6	4	P3	26	25	22	NA	0.009192 (0.005433)	NA	NA
Myh6	4	P4	32	29	12	NA	0.006466 (0.004287)	NA	NA
Myh6	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P7	4	3	9	NA	0.004838 (0.003331)	NA	NA
Myh6	4	P8B	16	11	20	NA	0.005570 (0.003362)	NA	NA
Myh6	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P1	4	3	2	NA	0.001477 (0.001356)	NA	NA
Glyt	1	P2	12	15	16	NA	0.004781 (0.002967)	NA	NA

Deuterodon cf. 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)
Glyt	1	P3	30	25	21	NA	0.004459 (0.002732)	NA	NA
Glyt	1	P4	27	23	17	NA	0.004328 (0.002672)	NA	NA
Glyt	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P7	29	28	26	NA	0.005906 (0.003445)	NA	NA
Glyt	1	P8	18	13	13	NA	0.003768 (0.002417)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	2	3	4	NA	0.004073 (0.003364)	NA	NA
Glyt	2	P3	30	22	23	NA	0.004455 (0.002729)	NA	NA
Glyt	2	P4	29	22	21	NA	0.004519 (0.002763)	NA	NA
Glyt	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P7	6	8	12	NA	0.005696 (0.003592)	NA	NA
Glyt	2	P8B	23	23	23	NA	0.006280 (0.003652)	NA	NA
Glyt	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	28	23	22	NA	0.004290 (0.002651)	NA	NA

Deuterodon cf. 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)
Glyt	3	P3	30	23	21	NA	0.004914 (0.002956)	NA	NA
Glyt	3	P4	34	32	32	NA	0.005486 (0.003230)	NA	NA
Glyt	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P7	30	22	17	NA	0.004165 (0.002586)	NA	NA
Glyt	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P2	4	5	6	NA	0.004977 (0.003375)	NA	NA
Glyt	4	P3	24	19	15	NA	0.004705 (0.003030)	NA	NA
Glyt	4	P4	27	20	13	NA	0.003912 (0.002620)	NA	NA
Glyt	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P7	3	5	8	NA	0.006654 (0.004539)	NA	NA
Glyt	4	P8B	12	10	6	NA	0.003525 (0.002482)	NA	NA

Deuterodon cf. 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)
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4). O número de haplótipos obtidos mostrou um aumento gradual a partir do primeiro ano de monitoramento, a mesma situação também foi observada na quantidade de sítios polimórficos (Tabela 15). A diversidade haplotípica manteve-se em níveis elevados mesmo com redução na quantidade das amostras. As estatísticas D de Tajima e FS de Fu com valores negativos indicam uma tendência ao crescimento após uma redução populacional. *Deuterodon cf. intermedius* foi a espécie que apresentou os maiores índices de variabilidade genética com os genes nucleares (Myh6 e Glyt), mas também não foi observada variação ao longo dos pontos de coleta e do tempo de amostragem.

Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais de *Geophagus aff. brasiliensis* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

<i>Geophagus aff. brasiliensis</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	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)

Geophagus aff. brasiliensis

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	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
COI	3	P2	13	5	6	0.7051 (0.1220)	0.001782 (0.001372)	-1.44003 (0.074)	-1.34375 (0.109)
COI	3	P3	29	6	39	0.4754 (0.1110)	0.012107 (0.006446)	-0.71384 (0.254)	7.07079 (0.985)
COI	3	P4	7	5	41	0.8571 (0.1371)	0.027190 (0.015781)	0.43521 (0.688)	2.94450 (0.892)
COI	3	P5	30	2	3	0.1287 (0.0792)	0.000583 (0.000629)	-1.15311 (0.108)	1.15421 (0.587)
COI	3	P6	30	3	38	0.2460 (0.0978)	0.010508 (0.005654)	-1.00901 (0.162)	12.51635 (0.999)
COI	3	P7	25	10	42	0.8433 (0.0566)	0.016959 (0.008877)	0.03558 (0.584)	3.19012 (0.900)
COI	3	P9	10	3	4	0.6000 (0.1305)	0.002920 (0.002044)	1.41032 (0.925)	1.89868 (0.847)
COI	3	P10	22	11	42	0.8658 (0.0519)	0.025049 (0.012969)	1.42156 (0.948)	3.00050 (0.891)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	2	1	0	NA	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

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	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	15	2	1	0.1333 (0.1123)	0.000202 (0.000357)	-1.15945 (0.158)	-0.64899 (0.109)
COI	4	P6	24	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	29	7	40	0.7759 (0.0569)	0.024004 (0.012274)	2.05792 (0.989)	11.61934 (0.997)
COI	4	P8B	2	2	1	1.0000 (0.5000)	0.001996 (0.002823)	0.00000 (1.000)	0.00000 (0.247)
COI	4	P9	19	4	5	0.5906 (0.0882)	0.003243 (0.002106)	1.54301 (0.943)	1.90890 (0.853)
COI	4	P10	6	2	2	0.3333 (0.2152)	0.001010 (0.001027)	-1.13197 (0.150)	0.95213 (0.619)
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)
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

Geophagus aff. 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)
									(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
CYTB	3	P2	13	7	29	0.7949 (0.1091)	0.004905 (0.002807)	-1.53123 (0.057)	0.79248 (0.659)
CYTB	3	P3	28	15	95	0.8889 (0.0497)	0.022982 (0.011577)	0.12256 (0.613)	3.60922 (0.917)
CYTB	3	P4	7	7	88	1.0000 (0.0764)	0.031938 (0.018163)	0.59317 (0.759)	0.42314 (0.361)
CYTB	3	P5	30	11	47	0.7448 (0.0821)	0.006603 (0.003524)	-1.31899 (0.081)	1.41116 (0.742)
CYTB	3	P6	29	7	76	0.6453 (0.0942)	0.014838 (0.007561)	-0.42451 (0.373)	12.53678 (0.999)

Geophagus aff. brasiliensis

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	3	P7	21	12	88	0.8524 (0.0710)	0.024147 (0.012300)	0.46868 (0.733)	4.20595 (0.952)
CYTB	3	P9	10	7	41	0.9111 (0.0773)	0.010417 (0.005823)	-0.77614 (0.224)	1.33987 (0.720)
CYTB	3	P10	21	13	82	0.9333 (0.0350)	0.031513 (0.015964)	2.10381 (0.995)	4.17497 (0.949)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	34	8	91	0.7629 (0.0602)	0.032154 (0.015960)	2.15380 (0.990)	22.88892 (1.000)
CYTB	4	P4	3	3	72	1.0000 (0.2722)	0.043996 (0.033200)	0.00000 (1.000)	2.75880 (0.575)
CYTB	4	P5	18	11	39	0.8889 (0.0640)	0.011648 (0.006210)	-0.09822 (0.516)	0.43182 (0.580)
CYTB	4	P6	28	9	73	0.8228 (0.0502)	0.012309 (0.006377)	-1.29645 (0.082)	5.73266 (0.972)
CYTB	4	P7	27	13	89	0.8974 (0.0383)	0.030995 (0.015512)	2.02383 (0.990)	7.99134 (0.992)
CYTB	4	P8B	6	2	14	0.3333 (0.2152)	0.004607 (0.003033)	-1.46690 (0.018)	5.30432 (0.983)
CYTB	4	P9	20	8	29	0.7421 (0.0961)	0.007717 (0.004136)	0.50842 (0.737)	3.10735 (0.905)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	6	3	16	0.6000 (0.2152)	0.004456 (0.002890)	-1.47739	3.11818

Geophagus aff. 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)
								(0.014)	(0.928)
Myh6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P2	45	2	65	NA	0.027475 (0.013696)	NA	NA
Myh6	1	P3	27	2	71	NA	0.028192 (0.014145)	NA	NA
Myh6	1	P4	34	2	22	NA	0.009821 (0.005276)	NA	NA
Myh6	1	P5	10	4	22	NA	0.017447 (0.009847)	NA	NA
Myh6	1	P6	14	18	44	NA	0.027019 (0.013830)	NA	NA
Myh6	1	P7	6	11	44	NA	0.028824 (0.015199)	NA	NA
Myh6	1	P8	17	15	52	NA	0.024069 (0.012310)	NA	NA
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	1	2	29	NA	0.048986 (0.049824)	NA	NA
Myh6	2	P3	14	11	33	NA	0.022719 (0.011722)	NA	NA
Myh6	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P5	17	16	45	NA	0.017774 (0.009236)	NA	NA
Myh6	2	P6	24	25	60	NA	0.026656 (0.013435)	NA	NA
Myh6	2	P7	5	8	39	NA	0.022487 (0.012518)	NA	NA
Myh6	2	P8B	2	2	1	NA	0.001689 (0.002389)	NA	NA
Myh6	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P2	8	13	40	NA	0.029103 (0.015310)	NA	NA
Myh6	3	P3	15	22	59	NA	0.032885 (0.016664)	NA	NA
Myh6	3	P4	3	5	39	NA	0.033673 (0.020117)	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

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)
Myh6	3	P5	14	13	58	NA	0.029222 (0.014913)	NA	NA
Myh6	3	P6	13	14	62	NA	0.034389 (0.017506)	NA	NA
Myh6	3	P7	21	21	58	NA	0.031259 (0.015714)	NA	NA
Myh6	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	5	9	37	NA	0.021171 (0.011816)	NA	NA
Myh6	3	P10	11	15	52	NA	0.034186 (0.017527)	NA	NA
Myh6	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	1	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P5	4	4	11	NA	0.011523 (0.008207)	NA	NA
Myh6	4	P6	2	3	33	NA	0.046257 (0.031077)	NA	NA
Myh6	4	P7	5	5	15	NA	0.009743 (0.005760)	NA	NA
Myh6	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P9	2	3	15	NA	0.016582 (0.011518)	NA	NA
Myh6	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P2	59	22	27	NA	0.002905 (0.001761)	NA	NA
Glyt	1	P3	41	16	14	NA	0.001240 (0.000929)	NA	NA
Glyt	1	P4	55	13	11	NA	0.000723 (0.000645)	NA	NA
Glyt	1	P5	27	8	6	NA	0.000271 (0.000362)	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

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)
Glyt	1	P6	30	10	8	NA	0.000820 (0.000705)	NA	NA
Glyt	1	P7	26	14	10	NA	0.001336 (0.000987)	NA	NA
Glyt	1	P8	25	10	18	NA	0.005614 (0.003108)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	1	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P3	16	6	19	NA	0.004516 (0.002603)	NA	NA
Glyt	2	P4	1	2	3	NA	0.003632 (0.004194)	NA	NA
Glyt	2	P5	27	6	5	NA	0.000267 (0.000358)	NA	NA
Glyt	2	P6	29	8	7	NA	0.001014 (0.000812)	NA	NA
Glyt	2	P7	4	8	36	NA	0.018658 (0.010644)	NA	NA
Glyt	2	P8B	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	13	8	7	NA	0.001328 (0.001002)	NA	NA
Glyt	3	P3	28	11	10	NA	0.000832 (0.000725)	NA	NA
Glyt	3	P4	7	2	1	NA	0.000173 (0.000297)	NA	NA
Glyt	3	P5	30	7	16	NA	0.000685 (0.000628)	NA	NA
Glyt	3	P6	30	13	12	NA	0.000899 (0.000761)	NA	NA
Glyt	3	P7	29	17	22	NA	0.006949 (0.003750)	NA	NA
Glyt	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P9	10	4	3	NA	0.001115 (0.000897)	NA	NA
Glyt	3	P10	25	21	42	NA	0.011214 (0.005841)	NA	NA

Geophagus aff. 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)
Glyt	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P3	34	24	21	NA	0.001683 (0.001220)	NA	NA
Glyt	4	P4	3	3	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P5	10	7	2	NA	0.000289 (0.000418)	NA	NA
Glyt	4	P6	20	14	25	NA	0.002960 (0.001893)	NA	NA
Glyt	4	P7	8	9	9	NA	0.005175 (0.003104)	NA	NA
Glyt	4	P8B	6	7	2	NA	0.000873 (0.000837)	NA	NA
Glyt	4	P9	12	7	1	NA	0.000329 (0.000445)	NA	NA
Glyt	4	P10	4	7	11	NA	0.007091 (0.004398)	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando valor de $P < 0,05$.

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4) (Tabela 16)

O número de haplótipos e de sítios polimórficos de COI e CYTB mostraram valores elevados principalmente na comparação entre pontos de coleta, exibindo pouca variação anual. Essa variação mostra uma concordância com os índices de diversidade e as estatísticas D de Tajima e FS de Fu. A heterogeneidade observada entre esses pontos de coleta é indício da existência de mais de uma linhagem presente na amostragem, como apontado pelos resultados do DNA Barcoding. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma boa variabilidade genética para a espécie de Acará *Geophagus aff. brasiliensis*, sendo maior no gene Myh6, porém, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de amostragem.

Tabela 17: 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, 2, 3 e 4. 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 Haplótica (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)

Hoplias malabaricus

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	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P2	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P3	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P4	2	2	4	1.0000 (0.5000)	0.005731 (0.006407)	0.00000 (1.000)	1.38629 (0.475)
COI	3	P5	5	2	1	0.4000 (0.2373)	0.000573 (0.000729)	-0.81650 (0.301)	0.09021 (0.299)
COI	3	P6	13	2	2	0.1538 (0.1261)	0.000441 (0.000545)	-1.46801 (0.064)	0.36198 (0.343)
COI	3	P9	3	2	2	0.6667 (0.3143)	0.001910 (0.001963)	0.00000 (1.000)	1.06087 (0.602)
COI	3	P10	5	3	2	0.7000 (0.2184)	0.001146 (0.001141)	-0.97256 (0.101)	-0.82920 (0.085)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	11	5	3	0.7636 (0.1066)	0.001711 (0.001396)	-0.02028 (0.493)	-2.01815 (0.022)

Hoplias malabaricus

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	4	P6	11	3	2	0.7273 (0.0679)	0.001711 (0.001396)	1.50194 (0.948)	0.62345 (0.610)
COI	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P8	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
------	-----	--------------------	---------------	---------------	---------------------	------------------------------	---------------------------------	-----------------	--------------

Hoplias malabaricus

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	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
CYTB	3	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P3	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P4	2	2	9	1.0000 (0.5000)	0.008174 (0.008617)	0.00000 (1.000)	2.19722 (0.542)
CYTB	3	P5	5	5	45	1.0000 (0.1265)	0.018685 (0.011666)	0.00000 (0.552)	0.61055 (0.386)
CYTB	3	P6	6	6	52	1.0000 (0.0962)	0.021137 (0.012584)	-0.19906 (0.456)	0.13189 (0.318)

Hoplias malabaricus

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	3	P9	3	3	15	1.0000 (0.2722)	0.009551 (0.007534)	0.00000 (1.000)	1.13943 (0.471)
CYTB	3	P10	5	5	51	1.0000 (0.1265)	0.020242 (0.012609)	-0.33302 (0.468)	0.70269 (0.393)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P5	11	11	68	1.0388 (0.1841)	0.027977 (0.014973)	1.23401 (0.927)	-1.48522 (0.137)
CYTB	4	P6	10	10	62	1.0000 (0.0447)	0.031860 (0.017268)	1.27917 (0.934)	-1.20745 (0.158)
CYTB	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	2	2	35	1.0000 (0.5000)	0.030303 (0.030733)	0.00000 (1.000)	3.55535 (0.608)
Myh6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P2	3	2	1	NA	0.000537 (0.000707)	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
Myh6	1	P3	9	3	2	NA	0.001021 (0.000935)	NA	NA
Myh6	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P5	17	2	1	NA	0.000689 (0.000710)	NA	NA
Myh6	1	P6	34	3	2	NA	0.000941 (0.000850)	NA	NA
Myh6	1	P7	11	3	2	NA	0.001067 (0.000952)	NA	NA
Myh6	1	P8	9	5	11	NA	0.007172 (0.004149)	NA	NA
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P3	3	2	10	NA	0.008588 (0.005571)	NA	NA
Myh6	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P5	7	2	1	NA	0.000796 (0.000811)	NA	NA
Myh6	2	P6	6	2	1	NA	0.000488 (0.000611)	NA	NA
Myh6	2	P7	3	2	1	NA	0.000966 (0.001018)	NA	NA
Myh6	2	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P2	1	2	10	NA	0.016103 (0.016889)	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
Myh6	3	P3	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P4	2	3	10	NA	0.008052 (0.005900)	NA	NA
Myh6	3	P5	5	2	1	NA	0.000322 (0.000490)	NA	NA
Myh6	3	P6	13	3	2	NA	0.000248 (0.000398)	NA	NA
Myh6	3	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P8B	1	2	6	NA	0.009662 (0.010436)	NA	NA
Myh6	3	P9	3	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P10	5	2	1	NA	0.000322 (0.000490)	NA	NA
Myh6	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P5	11	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P6	11	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
Myh6	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P2	3	2	2	NA	0.001294 (0.001137)	NA	NA
Glyt	1	P3	10	7	10	NA	0.004388 (0.002593)	NA	NA
Glyt	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P5	17	6	6	NA	0.001276 (0.000966)	NA	NA
Glyt	1	P6	34	8	6	NA	0.001149 (0.000884)	NA	NA
Glyt	1	P7	12	8	14	NA	0.004212 (0.002482)	NA	NA
Glyt	1	P8	9	9	15	NA	0.008218 (0.004542)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P3	3	3	14	NA	0.008819 (0.005560)	NA	NA
Glyt	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P5	7	3	5	NA	0.002027 (0.001419)	NA	NA
Glyt	2	P6	6	3	3	NA	0.001379 (0.001081)	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
Glyt	2	P7	3	2	3	NA	0.001942 (0.001535)	NA	NA
Glyt	2	P8	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P10	2	3	12	NA	0.009506 (0.006701)	NA	NA
Glyt	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	1	2	11	NA	0.013350 (0.013943)	NA	NA
Glyt	3	P3	1	2	1	NA	0.001214 (0.001716)	NA	NA
Glyt	3	P4	2	2	13	NA	0.007888 (0.005641)	NA	NA
Glyt	3	P5	5	2	1	NA	0.000243 (0.000369)	NA	NA
Glyt	3	P6	13	6	4	NA	0.001262 (0.000967)	NA	NA
Glyt	3	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P8B	1	2	1	NA	0.001214 (0.001716)	NA	NA
Glyt	3	P9	3	3	3	NA	0.001214 (0.001085)	NA	NA
Glyt	3	P10	5	5	10	NA	0.004989 (0.003068)	NA	NA
Glyt	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

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)
Glyt	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P5	11	3	2	NA	0.000557 (0.000568)	NA	NA
Glyt	4	P6	11	3	2	NA	0.000557 (0.000568)	NA	NA
Glyt	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA

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

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4) (Tabela 17).

O número de haplótipos, de sítios polimórficos e a diversidade gênica da Traíra *H. malabaricus* foram maiores e mais constantes no gene CYTB, exibindo pouca variação anual e entre os pontos de coleta. Os resultados do gene COI mostram um padrão mais heterogêneo da diversidade de *H. malabaricus*, sobretudo no Ano 1 onde foram observados os valores mais baixos de diversidade genética dessa espécie. A heterogeneidade observada no COI pode estar indicando a existência de mais de uma linhagem presente na amostragem, como foi sugerido pelos resultados do DNA Barcoding. Os resultados negativos das estatísticas D de Tajima e FS de Fu são indicativos de expansão populacional após uma redução do tamanho efetivo. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma variabilidade genética boa para a espécie, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de amostragem. No entanto, esses resultados devem ser interpretados com cautela uma vez que essa espécie foi a mais deficiente na amostragem, com vários pontos de coleta sem captura da espécie ao longo dos anos de monitoramento.

Tabela 18: Parâmetros genéticos gerais de *Knodus moenkhausii* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

<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)
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)

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	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)
COI	3	P1B	29	5	4	0.6379 (0.0569)	0.001068 (0.000900)	-0.66127 (0.290)	-1.39390 (0.121)
COI	3	P2	30	2	1	0.5149 (0.0268)	0.000725 (0.000700)	1.62104 (0.974)	1.69953 (0.758)
COI	3	P3	26	5	4	0.5477 (0.1005)	0.000880 (0.000795)	-1.07967 (0.165)	-2.03863 (0.047)
COI	3	P4	24	3	2	0.4891 (0.0843)	0.000771 (0.000733)	0.04732 (0.611)	0.08921 (0.414)
COI	3	P7	29	4	2	0.4557 (0.1006)	0.000805 (0.000748)	0.25259 (0.665)	-0.93494 (0.217)
COI	3	P8B	30	4	3	0.5517 (0.0837)	0.001263 (0.001007)	0.43288 (0.718)	0.13785 (0.529)
COI	4	P1B	28	7	5	0.7116 (0.0757)	0.001944 (0.001432)	-0.22694 (0.454)	-2.27570 (0.057)
COI	4	P2	31	7	5	0.8215 (0.0349)	0.002845 (0.001970)	0.47426 (0.713)	-1.37001 (0.208)
COI	4	P3	34	6	5	0.6168 (0.0798)	0.001817 (0.001421)	-0.60904 (0.3)	-1.66850 (0.12)

Knodus moenkhausii

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)
								09)	5)
COI	4	P4	16	6	5	0.7333(0.1017)	0.002736 (0.001905)	0.29490 (0.656)	-0.18732 (0.443)
COI	4	P5	7	4	3	0.7143 (0.1809)	0.002197 (0.001765)	0.40249 (0.654)	-0.91387 (0.157)
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	36	6	4	0.6730 (0.0539)	0.001773 (0.001330)	0.28335 (0.649)	-1.19391 (0.233)
COI	4	P8B	45	9	6	0.7354 (0.0549)	0.002264 (0.001580)	-0.00464 (0.547)	-2.88644 (0.066)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	-0,87930

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)
								(0,137)	(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)
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	-1,20485

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)
								(0,005)	(0,265)
CYTB	3	P1B	30	9	7	0.7080 (0.0866)	0.002556 (0.001558)	1.51218 (0.934)	-1.09441 (0.310)
CYTB	3	P2	30	8	8	0.7011 (0.0845)	0.002116 (0.001337)	0.28904 (0.662)	-0.94559 (0.333)
CYTB	3	P3	29	10	8	0.8547 (0.0390)	0.003017 (0.001790)	1.67694 (0.960)	-1.35787 (0.273)
CYTB	3	P4	25	9	7	0.7567 (0.0825)	0.002519 (0.001566)	1.06667 (0.864)	-1.78565 (0.176)
CYTB	3	P7	29	7	7	0.4754 (0.1112)	0.001447 (0.000997)	-0.45146 (0.365)	-1.38915 (0.197)
CYTB	3	P8B	30	6	7	0.7655 (0.0379)	0.002413 (0.001487)	1.26232 (0.907)	1.13767 (0.740)
CYTB	4	P1B	29	14	11	0.8276 (0.0684)	0.002333 (0.001449)	-0.41970 (0.381)	-7.09386 (0.000)
CYTB	4	P2	31	12	12	0.8688 (0.0445)	0.002693 (0.001632)	-0.27086 (0.44590)	-3.52944 (0.04830)
CYTB	4	P3	33	11	12	0.8883 (0.0265)	0.002147 (0.001354)	-0.81786 (0.232)	-3.44178 (0.040)
CYTB	4	P4	17	11	10	0.9118 (0.0561)	.003213 (0.001987)	-0.09357 (0.499)	-5.02996 (0.004)
CYTB	4	P5	7	5	8	0.8571 (0.1371)	0.003281 (0.002181)	0.26266 (0.615)	0.92756 (0.681)

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	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P7	40	14	10	0.8705 (0.0360)	0.002270 (0.001402)	0.02640 (0.571)	-4.45480 (0.0205)
CYTB	4	P8B	51	27	16	0.9490 (0.0165)	0.003454 (0.001976)	0.04619 (0.588)	-11.91665 (0.000)
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P11	4	3	2	0.8333 (0.2224)	0.000957 (0.000948)	-0.70990 (0.279)	-0.88730 (0.095)
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P1	36	25	16	NA	0.006687 (0.003667)	NA	NA
Myh6	1	P2	25	18	14	NA	0.007211 (0.003944)	NA	NA
Myh6	1	P3	26	18	14	NA	0.007212 (0.003942)	NA	NA
Myh6	1	P4	32	28	18	NA	0.007701 (0.004163)	NA	NA
Myh6	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P6	4	6	11	NA	0.008176 (0.004982)	NA	NA
Myh6	1	P7	25	18	12	NA	0.006405 (0.003556)	NA	NA
Myh6	1	P8	30	10	6	NA	0.000970 (0.000828)	NA	NA

Knodus moenkhausii

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)
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	23	22	17	NA	0.009677 (0.005147)	NA	NA
Myh6	2	P3	32	23	18	NA	0.009010 (0.004794)	NA	NA
Myh6	2	P4	27	18	19	NA	0.007433 (0.004045)	NA	NA
Myh6	2	P5	28	13	18	NA	0.003095 (0.001926)	NA	NA
Myh6	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P7	18	6	4	NA	0.001182 (0.000956)	NA	NA
Myh6	2	P8B	24	7	4	NA	0.000950 (0.000821)	NA	NA
Myh6	3	P1B	23	8	8	NA	0.001122 (0.000918)	NA	NA
Myh6	3	P2	26	5	2	NA	0.000585 (0.000604)	NA	NA
Myh6	3	P3	17	6	2	NA	0.001038 (0.000878)	NA	NA
Myh6	3	P4	23	6	3	NA	0.000849 (0.000764)	NA	NA
Myh6	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P7	25	8	3	NA	0.000677 (0.000661)	NA	NA
Myh6	3	P8B	27	5	3	NA	0.000816 (0.000741)	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P1B	29	22	45	NA	0.010591 (0.005674)	NA	NA
Myh6	4	P2	23	9	2	NA	0.000404 (0.000693)	NA	NA
Myh6	4	P3	25	10	39	NA	0.005043 (0.002990)	NA	NA
Myh6	4	P4	13	9	2	NA	0.000542 (0.000655)	NA	NA
Myh6	4	P5	6	5	3	NA	0.001085 (0.000957)	NA	NA
Myh6	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P7	34	35	20	NA	0.010901 (0.005808)	NA	NA
Myh6	4	P8B	43	32	21	NA	0.009887 (0.005302)	NA	NA
Myh6	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	1	2	1	NA	0.001404 (0.001986)	NA	NA
Myh6	4	P11	4	4	3	NA	0.001555 (0.001287)	NA	NA
Glyt	1	P1	32	8	4	NA	0.000386 (0.000438)	NA	NA
Glyt	1	P2	20	6	3	NA	0.000344 (0.000413)	NA	NA
Glyt	1	P3	24	4	3	NA	0.000559 (0.000549)	NA	NA

Knodus moenkhausii

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)
Glyt	1	P4	34	9	4	NA	0.000578 (0.000559)	NA	NA
Glyt	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P6	4	5	4	NA	0.001900 (0.001427)	NA	NA
Glyt	1	P7	28	7	5	NA	0.000473 (0.000495)	NA	NA
Glyt	1	P8	30	10	4	NA	0.000619 (0.000584)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	23	7	3	NA	0.000715 (0.000645)	NA	NA
Glyt	2	P3	32	4	3	NA	0.000731 (0.000648)	NA	NA
Glyt	2	P4	27	6	5	NA	0.000817 (0.000699)	NA	NA
Glyt	2	P5	28	5	4	NA	0.000748 (0.000659)	NA	NA
Glyt	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P7	18	4	2	NA	0.000854 (0.000726)	NA	NA
Glyt	2	P8B	23	5	3	NA	0.000618 (0.000586)	NA	NA
Glyt	3	P1B	30	6	2	NA	0.000463 (0.000488)	NA	NA
Glyt	3	P2	30	6	5	NA	0.000646 (0.000600)	NA	NA
Glyt	3	P3	26	5	3	NA	0.000492 (0.000507)	NA	NA

Knodus moenkhausii

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)
Glyt	3	P4	24	3	3	NA	0.000497 (0.000511)	NA	NA
Glyt	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P7	29	7	5	NA	0.000808 (0.000693)	NA	NA
Glyt	3	P8B	30	4	3	NA	0.000726 (0.000646)	NA	NA
Glyt	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P1B	24	14	24	NA	0.003386 (0.002270)	NA	NA
Glyt	4	P2	5	4	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P3	20	15	12	NA	0.002320 (0.001949)	NA	NA
Glyt	4	P4	8	4	2	NA	0.000527 (0.000603)	NA	NA
Glyt	4	P5	6	2	1	NA	0.000358 (0.000448)	NA	NA
Glyt	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P7	37	11	3	NA	0.000278 (0.000429)	NA	NA
Glyt	4	P8B	49	13	3	NA	0.000295 (0.000516)	NA	NA
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	4	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando valor de $p < 0,05$.

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4) (Tabela 18). O número de haplótipos e sítios polimórficos mostram aumentos progressivos desde o início do monitoramento. Esse aumento é verificado pelos índices de diversidade haplotípica e nucleotídica. As estatísticas D de Tajima e FS de Fu também mostram que essa espécie passou por uma expansão populacional como verificado pela sua diversidade genética. Os resultados dos genes nucleares mostram uma boa variabilidade genética no gene Myh6 e para o Glyt, baixos níveis de diversidade para a espécie. Não houve variações significativas nos índices entre os pontos de coleta e nem ao longo dos anos de amostragem. A espécie de Lambari *Knodus moenkhausii* parece não ter tido sua variabilidade genética tão severamente afetada pela passagem do rejeito de minério pelo Rio Doce. Isso pode estar relacionado com seu grande tamanho populacional.

Tabela 19: Parâmetros genéticos gerais de *Pachyurus adspersus* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (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

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)
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
COI	3	P1B	35	2	1	0.1613 (0.0787)	0.000228 (0.000354)	0.000354 (0.265)	-0.09886 (0.220)
COI	3	P2	31	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P3	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P4	17	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA

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)
COI	3	P8B	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P1B	25	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	35	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	9	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P8B	35	2	1	0.0571 (0.0532)	0.000080 (0.000204)	-1.13552 (0.130)	-1.33911 (0.050)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	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	0,000545 (0,000524)	0,04015	0,10934

Pachyurus adspersus

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)
						(0,0699)		(0,638)	(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)
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

Pachyurus adspersus

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	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)
CYTB	3	P1B	35	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P3	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P4	15	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P8B	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P1B	23	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	33	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	4	P5	9	3	2	0.4167 (0.1907)	0.000758 (0.000839)	-1.36240 (0.096)	-1.08110 (0.044)
CYTB	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P8B	26	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P1	38	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P2	27	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P3	29	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P4	30	4	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P5	29	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P6	28	3	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P7	29	3	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	1	P8	30	5	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P1B	19	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	2	P2	20	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P3	19	2	1	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P5	7	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P6	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P7	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	2	P8B	17	3	1	NA	0.000089 (0.000223)	NA	NA
Myh6	3	P1B	33	4	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	3	P2	29	7	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	3	P3	18	8	18	NA	0.002679 (0.001800)	NA	NA
Myh6	3	P4	17	3	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	3	P5	5	3	2	NA	0.000605(0.000689)	NA	NA
Myh6	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P7	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	3	P8B	30	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P10	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	4	P1B	25	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	4	P2	35	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	4	P3	30	5	2	NA	0.000114 (0.000264)	NA	NA
Myh6	4	P4	32	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	4	P5	9	3	1	NA	0.000219 (0.000415)	NA	NA
Myh6	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P8B	35	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P1	38	3	1	NA	0.000030 (0.000111)	NA	NA
Glyt	1	P2	27	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	1	P3	29	3	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	1	P4	30	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	1	P5	29	3	1	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	1	P6	29	3	1	NA	0.000040 (0.000128)	NA	NA
Glyt	1	P7	29	3	1	NA	0.000040 (0.000128)	NA	NA

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)
Glyt	1	P8	29	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P1B	21	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P2	30	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P3	33	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P5	12	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P6	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P7	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	2	P8B	18	4	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	3	P1B	35	2	1	NA	0.000096 (0.000201)	NA	NA
Glyt	3	P2	30	3	1	NA	0.000039 (0.000125)	NA	NA
Glyt	3	P3	30	2	1	NA	0.000112 (0.000218)	NA	NA
Glyt	3	P4	16	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	3	P5	7	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P7	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	3	P8B	15	3	1	NA	0.000039 (0.000125)	NA	NA

Pachyurus adspersus

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)
Glyt	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P10	2	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P1B	25	6	1	NA	0.000056 (0.000168)	NA	NA
Glyt	4	P2	35	7	1	NA	0.000040 (0.000141)	NA	NA
Glyt	4	P3	29	5	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P4	32	4	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P5	10	4	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P8B	35	6	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4) (Tabela 19). O número de haplótipos obtido variou de 1 até no máximo 6, assim como o número de sítios polimórficos, indicando baixa variabilidade. As diversidades haplotípica e nucleotídica para o gene COI não puderam ser obtidas para a maioria dos pontos nos anos 2, 3 e 4 devido à baixa diversidade (todos os indivíduos com o mesmo haplótipo). Situação semelhante foi observada no Cytb para todos os pontos do Ano 3 e para alguns pontos do Ano 2. A estatística D de Tajima para COI do Ano 1 foi significativa indicando expansão populacional recente. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie, sem

variações entre os pontos de coleta e ao longo dos anos. Além disso, não foram obtidos indivíduos dessa espécie em pelo menos 6 pontos de coleta. É importante observar que a espécie de Corvina *Pachyurus adspersus* apresentou os menores índices de variabilidade genética dentre as espécies monitoradas, o que vem se mantendo ao longo dos anos. Isso pode ser indicativo de uma expansão dessas populações a partir de um número pequeno de indivíduos remanescentes.

Tabela 20: 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, 2, 3 e 4. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Poecilia vivipara</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (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)

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)
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	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
COI	3	P1B	3	2	6	0.6667 (0.3143)	0.005900 (0.005014)	0.00000 (1.000)	2.63906 (0.838)
COI	3	P2	5	3	4	0.8000 (0.1640)	0.002655 (0.002131)	-0.41017 (0.399)	0.46900 (0.528)
COI	3	P3	27	5	7	0.6125 (0.0880)	0.002786 (0.001828)	0.11677 (0.591)	0.98479 (0.729)
COI	3	P4	29	7	6	0.6724 (0.0854)	0.002216 (0.001530)	-0.04776 (0.518)	-1.41024 (0.196)
COI	3	P5	24	2	1	0.2283 (0.1021)	0.000337 (0.000455)	-0.24844 (0.299)	0.23007 (0.303)

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)
COI	3	P6	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P7	30	4	6	0.6736 (0.0495)	0.004154 (0.002509)	2.45239 (0.994)	3.85510 (0.941)
COI	3	P10	30	5	7	0.3609 (0.1093)	0.001049 (0.000903)	-1.76680 (0.015)	-1.53280 (0.107)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	23	5	7	0.3913 (0.1251)	0.001962 (0.001411)	-0.94767 (0.193)	-0.20464 (0.458)
COI	4	P4	31	7	8	0.5742 (0.0987)	0.002100 (0.001466)	-0.87150 (0.212)	-1.47630 (0.190)
COI	4	P5	36	3	4	0.1095 (0.0701)	0.000482 (0.000553)	-1.61912 (0.024)	-0.63829 (0.209)
COI	4	P6	31	8	5	0.8129 (0.0412)	0.003949 (0.002491)	2.09200 (0.984)	-0.87069 (0.352)
COI	4	P7	32	9	12	0.7198 (0.0735)	0.003791 (0.002323)	-0.44636 (0.367)	-1.09559 (0.312)
COI	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	31	6	6	0.4000 (0.1080)	0.001067 (0.000912)	-1.46881 (0.061)	-2.62169 (0.023)

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	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)
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)

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	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
CYTB	3	P1B	3	3	15	1.0000 (0.2722)	0.009242 (0.007290)	0.00000 (1.000)	1.13943 (0.472)
CYTB	3	P2	5	5	24	1.0000 (0.1265)	0.009649 (0.006194)	-0.33558 (0.465)	-0.21314 (0.270)
CYTB	3	P3	28	18	25	0.9497 (0.0254)	0.007627 (0.004058)	1.00935 (0.879)	-3.84948 (0.078)
CYTB	3	P4	30	21	31	0.9724 (0.0154)	0.007996 (0.004228)	0.37151 (0.703)	-6.18483 (0.019)
CYTB	3	P5	30	12	19	0.8828 (0.0313)	0.005036 (0.002776)	0.46466 (0.727)	-0.62479 (0.435)
CYTB	3	P6	2	2	9	1.0000 (0.5000)	0.007895 (0.008322)	0.00000 (1.000)	2.19722 (0.558)

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	3	P7	29	20	31	0.9409 (0.0343)	0.007870 (0.004171)	0.28332 (0.679)	-5.47609 (0.032)
CYTB	3	P10	30	19	32	0.9080 (0.0452)	0.005100 (0.002807)	-1.15278 (0.117)	-7.26134 (0.006)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	23	16	27	0.9447 (0.0341)	0.006815 (0.003714)	-2.25457 (0.442)	-4.55144 (0.037)
CYTB	4	P4	31	21	28	0.9656 (0.0174)	0.007161 (0.003838)	0.08870 (0.596)	-7.30199 (0.008)
CYTB	4	P5	36	16	24	0.8873 (0.0401)	0.004668 (0.002603)	-0.65832 (0.282)	-3.67831 (0.075)
CYTB	4	P6	31	15	22	0.9097 (0.0321)	0.005096 (0.002826)	-0.25767 (0.450)	-3.06737 (0.115)
CYTB	4	P7	33	25	26	0.9830 (0.0114)	0.007894 (0.004189)	0.81951 (0.834)	-11.48520 (0.000)
CYTB	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	31	23	22	0.9785 (0.0137)	0.005838 (0.003190)	0.21750 (0.655)	-12.68528 (0.000)
Myh6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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)
Myh6	1	P2	30	16	32	NA	0.006212 (0.003412)	NA	NA
Myh6	1	P3	30	13	35	NA	0.004426 (0.002545)	NA	NA
Myh6	1	P4	30	9	7	NA	0.001512 (0.001095)	NA	NA
Myh6	1	P5	30	2	19	NA	0.000818 (0.000720)	NA	NA
Myh6	1	P6	32	12	29	NA	0.004395 (0.002527)	NA	NA
Myh6	1	P7	34	13	9	NA	0.001299 (0.000981)	NA	NA
Myh6	1	P8	12	4	3	NA	0.000847 (0.000756)	NA	NA
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	30	11	26	NA	0.003715 (0.002197)	NA	NA
Myh6	2	P3	30	16	28	NA	0.004810 (0.002731)	NA	NA
Myh6	2	P4	30	17	27	NA	0.005056 (0.002851)	NA	NA

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)
Myh6	2	P5	30	3	19	NA	0.001359 (0.001015)	NA	NA
Myh6	2	P6	14	5	4	NA	0.001565 (0.001145)	NA	NA
Myh6	2	P7	28	11	31	NA	0.002951 (0.001824)	NA	NA
Myh6	2	P8	1	2	12	NA	0.015504 (0.016137)	NA	NA
Myh6	3	P1B	2	4	3	NA	0.002153 (0.001876)	NA	NA
Myh6	3	P2	5	6	5	NA	0.002268 (0.001622)	NA	NA
Myh6	3	P3	27	16	7	NA	0.002114 (0.001407)	NA	NA
Myh6	3	P4	30	11	9	NA	0.001840 (0.001264)	NA	NA
Myh6	3	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	2	2	3	NA	0.002584 (0.002168)	NA	NA
Myh6	3	P7	26	11	6	NA	0.001862 (0.001279)	NA	NA

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)
Myh6	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P10	27	8	6	NA	0.000516 (0.000541)	NA	NA
Myh6	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	23	11	6	NA	0.001694 (0.001195)	NA	NA
Myh6	4	P4	31	17	7	NA	0.001685 (0.001184)	NA	NA
Myh6	4	P5	36	6	3	NA	0.000380 (0.000449)	NA	NA
Myh6	4	P6	33	14	29	NA	0.003684 (0.002180)	NA	NA
Myh6	4	P7	35	19	7	NA	0.001862 (0.001273)	NA	NA
Myh6	4	P8B	1	2	1	NA	0.001261 (0.001783)	NA	NA
Myh6	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	30	8	4	NA	0.000378 (0.000449)	NA	NA

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)
Glyt	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P2	30	3	2	NA	0.000252 (0.000336)	NA	NA
Glyt	1	P3	30	5	4	NA	0.000671 (0.000604)	NA	NA
Glyt	1	P4	30	7	5	NA	0.000756 (0.000652)	NA	NA
Glyt	1	P5	30	3	2	NA	0.000405 (0.000442)	NA	NA
Glyt	1	P6	32	4	3	NA	0.000563 (0.000540)	NA	NA
Glyt	1	P7	34	7	5	NA	0.000801 (0.000676)	NA	NA
Glyt	1	P8	12	2	1	NA	0.000327 (0.000400)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	28	2	1	NA	0.000220 (0.000311)	NA	NA
Glyt	2	P3	29	4	3	NA	0.000291 (0.000364)	NA	NA

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)
Glyt	2	P4	30	5	4	NA	0.000682 (0.000610)	NA	NA
Glyt	2	P5	30	2	1	NA	0.000367 (0.000417)	NA	NA
Glyt	2	P6	14	3	2	NA	0.000305 (0.000381)	NA	NA
Glyt	2	P7	28	3	2	NA	0.000642 (0.000588)	NA	NA
Glyt	2	P8	1	2	2	NA	0.002257 (0.002765)	NA	NA
Glyt	3	P1B	3	3	1	NA	0.000647 (0.000711)	NA	NA
Glyt	3	P2	5	2	1	NA	0.000401 (0.000479)	NA	NA
Glyt	3	P3	28	4	2	NA	0.000386 (0.000434)	NA	NA
Glyt	3	P4	30	8	4	NA	0.000578 (0.000551)	NA	NA
Glyt	3	P5	30	2	1	NA	0.000344 (0.000401)	NA	NA

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)
Glyt	3	P6	2	2	1	NA	0.000564 (0.000700)	NA	NA
Glyt	3	P7	26	5	3	NA	0.000963 (0.000786)	NA	NA
Glyt	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P10	26	2	1	NA	0.000268 (0.000348)	NA	NA
Glyt	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P3	23	3	2	NA	0.000494 (0.000501)	NA	NA
Glyt	4	P4	31	5	3	NA	0.000614 (0.000570)	NA	NA
Glyt	4	P5	36	3	2	NA	0.000562 (0.000567)	NA	NA
Glyt	4	P6	32	3	2	NA	0.000251 (0.000344)	NA	NA
Glyt	4	P7	34	4	3	NA	0.000678 (0.000607)	NA	NA
Glyt	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA

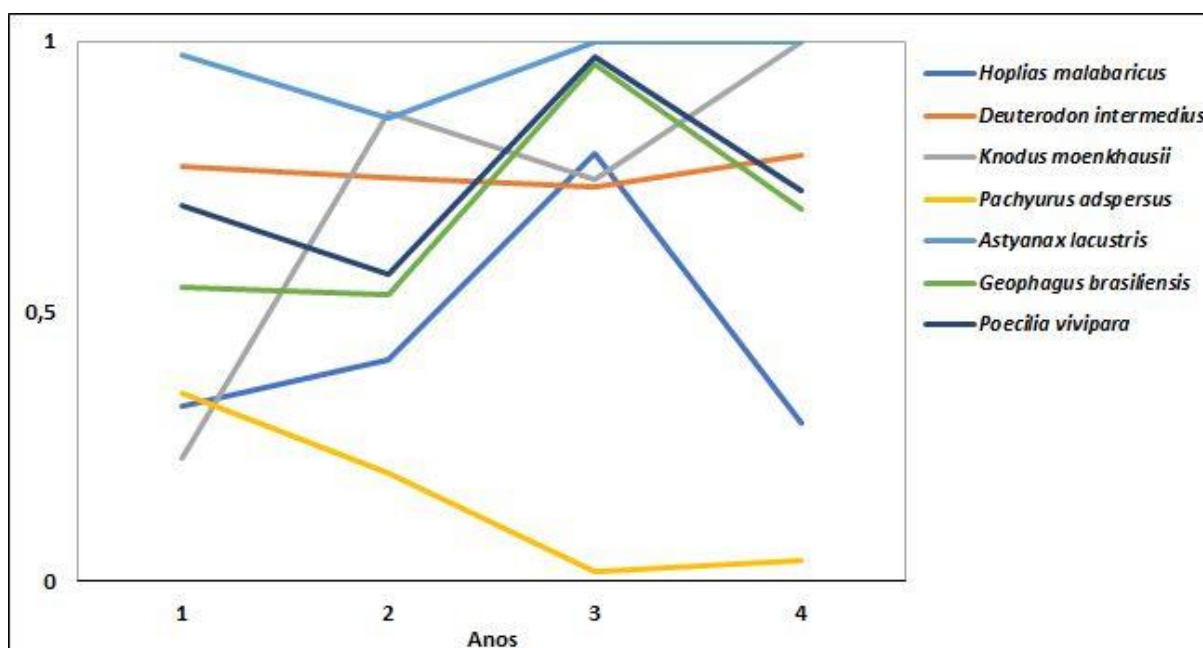
Poecilia vivipara

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)
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	31	5	3	NA	0.000460 (0.000477)	NA	NA

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

Os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Ano 1, 2, 3 e 4) (Tabela 20). O número de haplótipos, assim como o número de sítios polimórficos para essa espécie foram baixos para o gene COI, indicando baixa variabilidade genética no Barrigudinho *P. vivipara*, no entanto para o gene CYTB, esses valores foram mais altos. As diversidades haplotípica e nucleotídica também foram mais baixas no gene COI e mais altas no CYTB e, se mostraram heterogêneas entre os pontos de coleta ao longo dos anos, porém sem um padrão definido. A variabilidade genética de *P. vivipara* parece estar bem distribuída ao longo da área do Rio Doce monitorada. Valores negativos e significativos, sobretudo da estatística FS de Fu indicam expansão populacional recente para essa espécie, isso pode ser resultado de um tempo de geração mais curto, sendo possível observar ao longo dos 4 anos de monitoramento, uma melhora na variabilidade genética da espécie. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie, sem variações entre os pontos de coleta e ao longo dos anos. Esses resultados eram esperados, uma vez que esses genes tem uma taxa de evolução mais lenta. Tendência de mudanças temporais da diversidade genética das SETE espécies analisadas com dados de sequências de DNA

Figura 16: Variação da diversidade genética das sete espécies nativas analisadas ao longo dos 4 anos de monitoramento no Baixo Rio Doce.

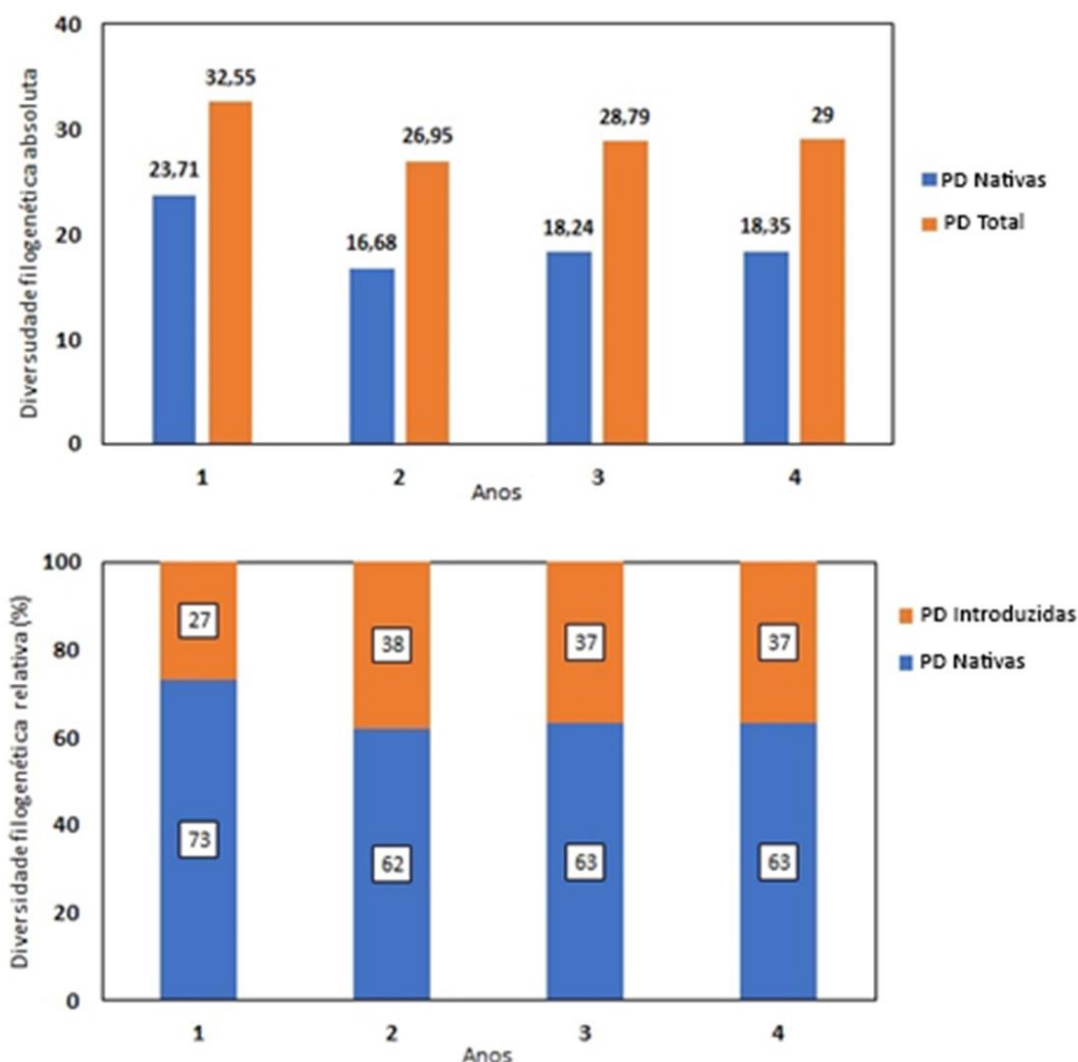


Variação da diversidade genética média de *A. lacustris*, *D. cf. intermedius*, *G. aff. brasiliensis*, *H. malabaricus*, *K. moenkhausii*, *P. adspersus* e *P. vivipara* ao longo dos quatro anos do monitoramento (Figura 16). No período entre o Ano 1 e o Ano 2 foi observado uma redução da diversidade genética em 5 das 7 espécies analisadas. Do Ano 2 para o Ano 3 a maioria das espécies melhoraram os índices de diversidade, no entanto, *K. moenkhausii*, *P. adspersus* e *D. cf. intermedius* apresentaram redução desses índices, com queda mais acentuada da diversidade em *K. moenkhausii* e *P. adspersus*, as quais se recuperaram no Ano 4. Do Ano 3 para o Ano 4, somente as três espécies anteriormente

mencionadas aumentaram seus índices de diversidade genética e *A. lacustris* manteve os mesmos índices do Ano 3. *Geophagus* aff. *brasiliensis*, *H. malabaricus* e *P. vivipara*, após apresentarem altos níveis de diversidade genética no Ano 3, mostraram uma queda vertiginosa nesses índices no Ano 4. No entanto, a exemplo do Ano 2 onde o período de coleta foi reduzido, no Ano 4 vários pontos de coleta não tiveram amostras para essas espécies, e essa ausência de dados interfere diretamente no cálculo correto da diversidade genética das espécies. Portanto, essa queda acentuada da diversidade nos Anos 2 e 4 deve estar diretamente relacionada as falhas na amostragem nesses dois anos.

3.15 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE

Figura 17: Comparação da diversidade filogenética (PD) total estimada para os anos 1, 2, 3 e 4. Barras azuis indicam a diversidade filogenética das espécies nativas enquanto que as barras alaranjadas mostram a diversidade filogenética de espécies nativas e introduzidas.

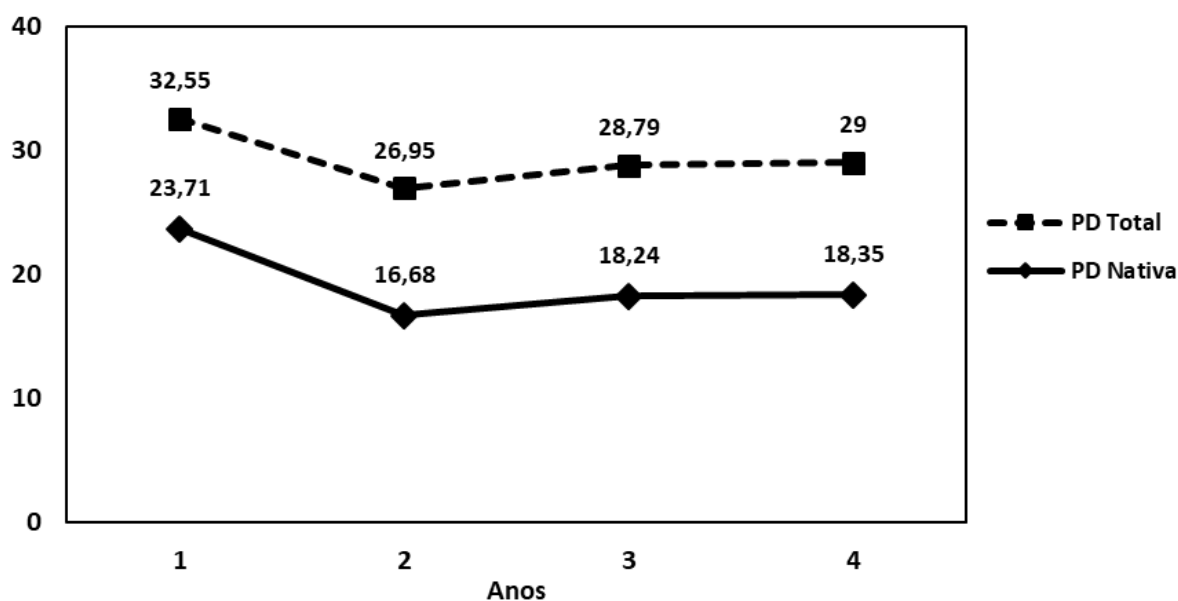


A comparação das estimativas anuais mostra redução da diversidade filogenética na ictiofauna, sobretudo entre os Anos 1 e 2, onde observa-se uma grande redução principalmente nas espécies nativas (Figura 17). Essa diminuição da diversidade filogenética na bacia do Rio Doce pode representar um problema para conservação das espécies nativas da região pelo aumento da competição com as

espécies introduzidas. Ainda assim, os conjuntos de dados de espécies nativas e da totalidade (espécies nativas + espécies introduzidas) mostram que ambos os conjuntos da ictiofauna estão sob efeito de fenômenos ocorridos naquela região. É possível observar uma redução nos índices absolutos da diversidade filogenética ao longo dos anos e de forma complementar, é possível perceber que essas alterações também afetam o aumento da representatividade das espécies introduzidas sobre as nativas. Essas alterações indicam impactos maiores sobre a diversidade filogenética de espécies nativas do que em espécies introduzidas apontando para uma substituição gradual dessas espécies. O aumento sutil observado nos Anos 3 e 4 pode ter relação com espécies inéditas coletadas nesses períodos.

3.16 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE

Figura 18: Mudanças temporais na diversidade filogenética da comunidade de peixes do baixo Rio Doce. As linhas tracejadas indicam as mudanças na totalidade de espécies enquanto que a linha contínua indica a tendência somente das espécies nativas.

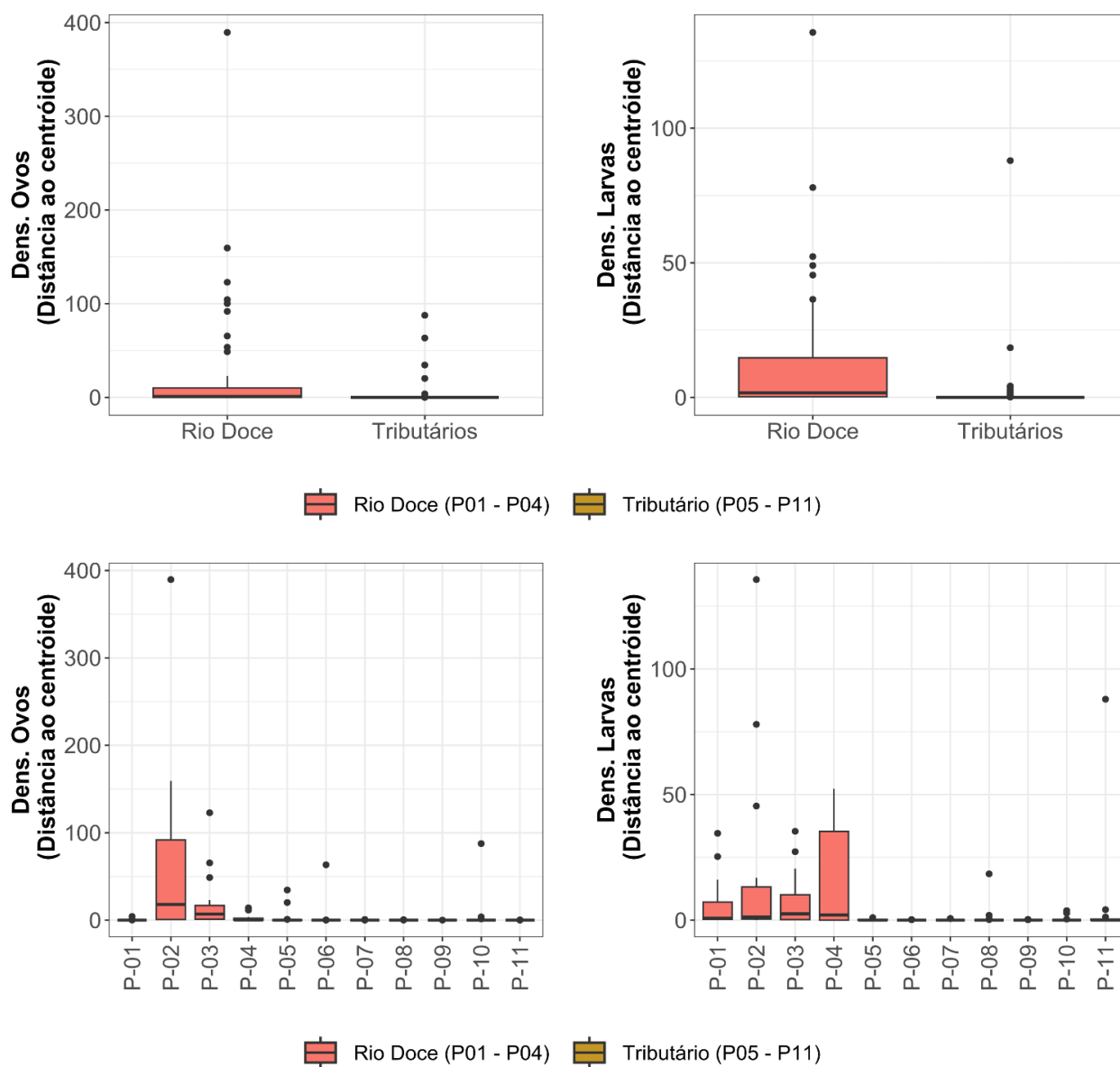


Na Figura 18 é possível acompanhar o decréscimo da diversidade filogenética dos peixes. Considerando tanto a totalidade das espécies quanto as espécies nativas é possível observar uma redução na diversidade filogenética, porém o impacto real sobre a fauna local deve-se ao decréscimo das espécies nativas, principalmente entre os Anos 1 e 2. Essa redução possivelmente indica perda de linhagens nativas na localidade monitorada e sua substituição pelas espécies introduzidas. Entre os Anos 3 e 4 observa-se uma variação muito menor indicando uma tendência à estabilização da curva, porém pequenas variações ainda podem ser registradas, caso novas espécies ou linhagens ocultas sejam detectadas.

INDICADORES TEMA ICTIOPLÂNCTON

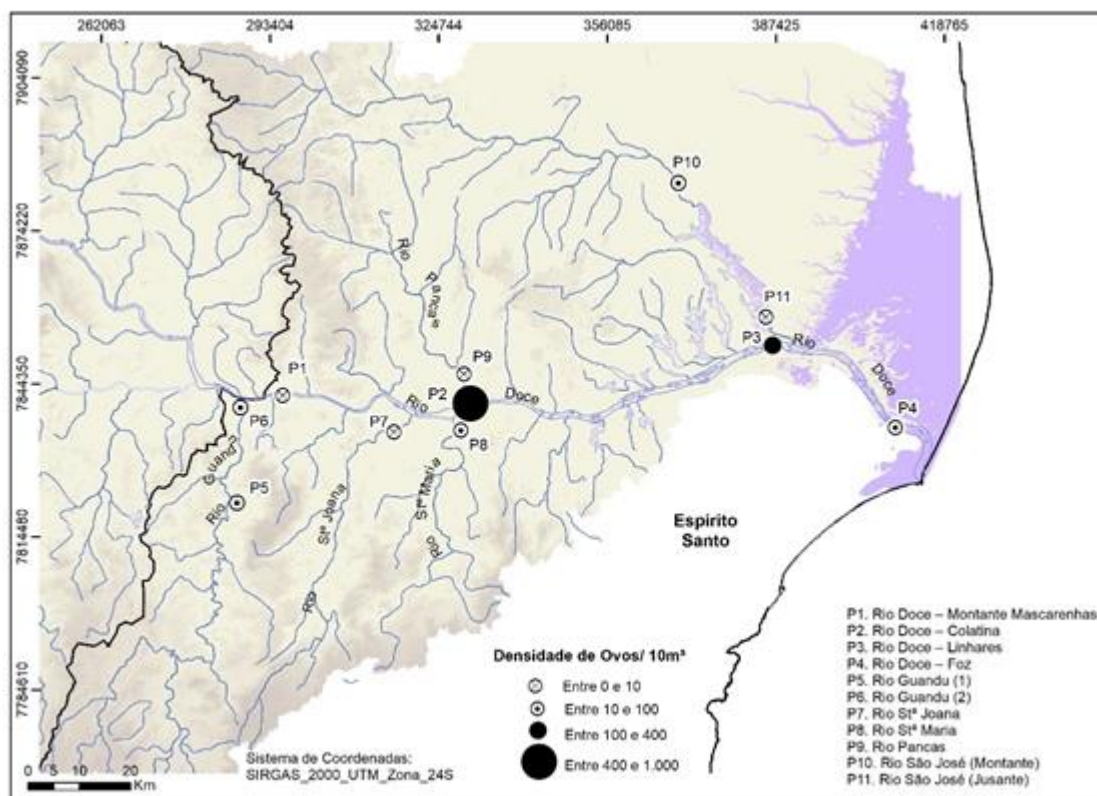
3.17 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE OVOS E LARVAS

Figura 19: Distribuição espacial de ovos e larvas de peixes.



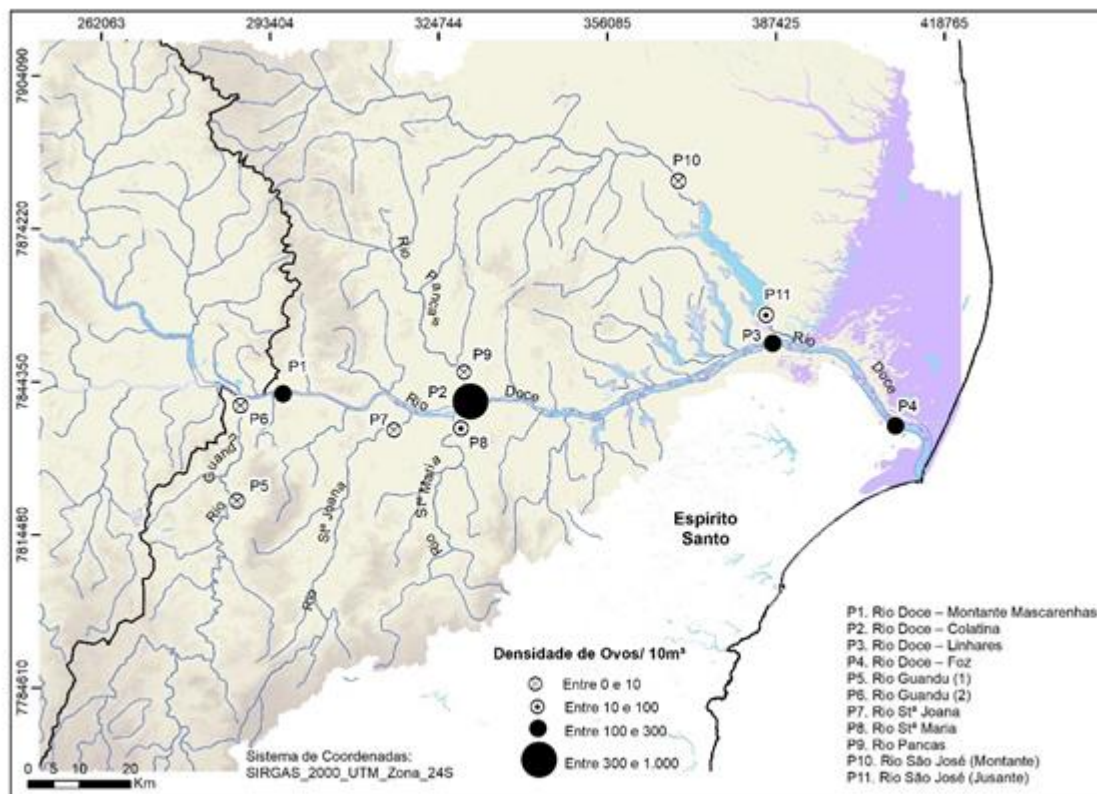
A variação espacial da densidade de larvas de peixes no Baixo Rio Doce durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest: a) Densidade de ovos e larvas entre as regiões do propágulo (estações de amostragem do Rio Doce) em vermelho, e referência (estações de amostragem nos tributários do Baixo Rio Doce) em amarelo; b) Densidade de ovos e larvas nas diferentes estações de amostragem ao longo da calha do Rio Doce (P1 até P4) e nos tributários principais (P5 até P11) (Figura 19).

Figura 20: Mapa de distribuição espacial de ovos de peixes.



A variação espacial da densidade de ovos de peixes nas 11 estações de amostragem no Baixo Rio Doce durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest. As maiores densidades ocorreram nas estações da calha do Rio Doce, sendo mais expressivo em P1 e P2, que corresponde aos locais em Colatina e Linhares. Nos tributários, o registro de ovos ocorreu em picos efêmeros, os quais foram mais expressivos na estação P10 – Rio São José à montante do Lago Juparanã. O Rio Guandu, em suas duas estações de amostragem (P5 e P6) também apresentou densidades de ovos acima de 10 indivíduos/ 10 m³ (Figura 20).

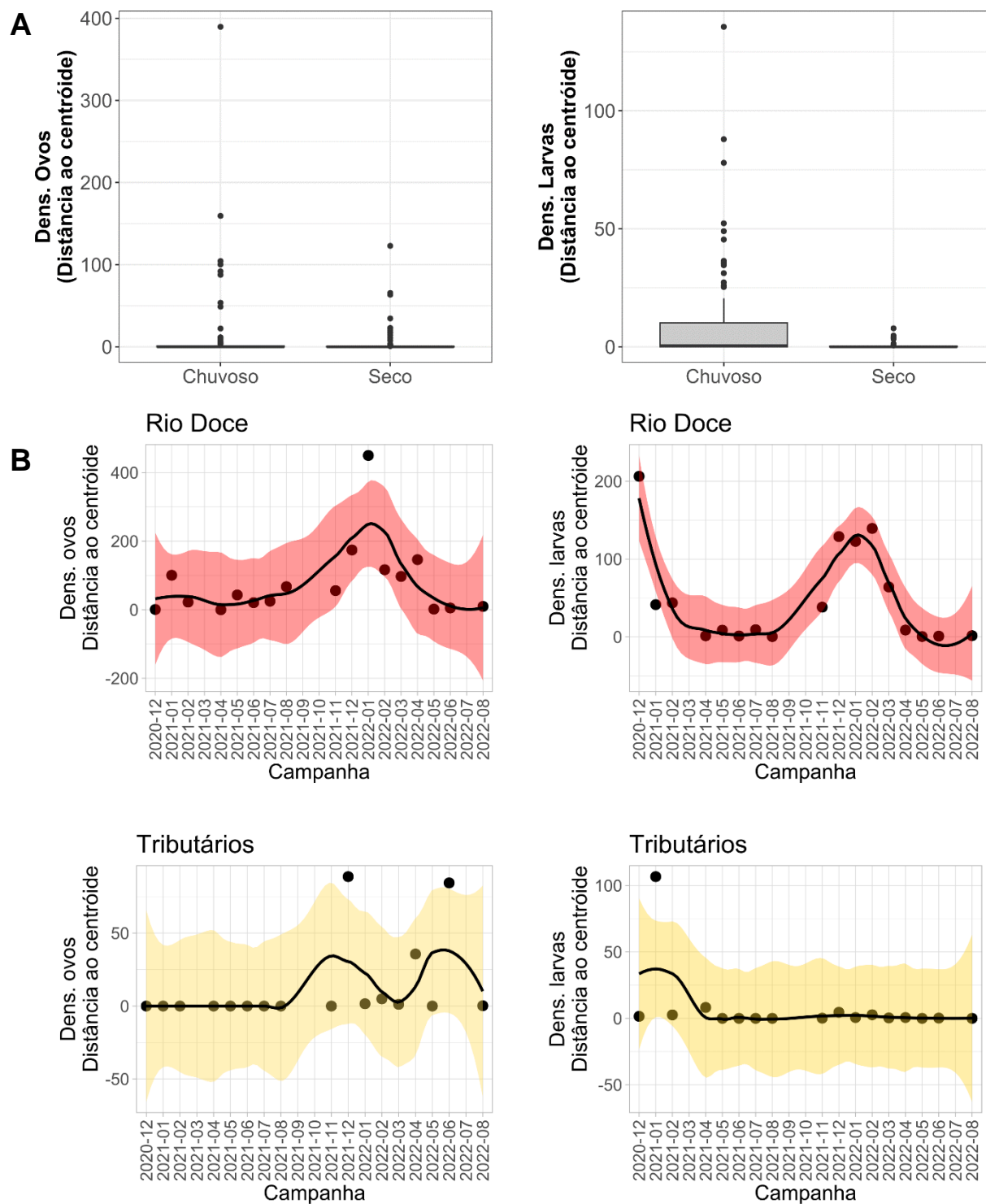
Figura 21: Mapa de distribuição espacial de larvas de peixes.



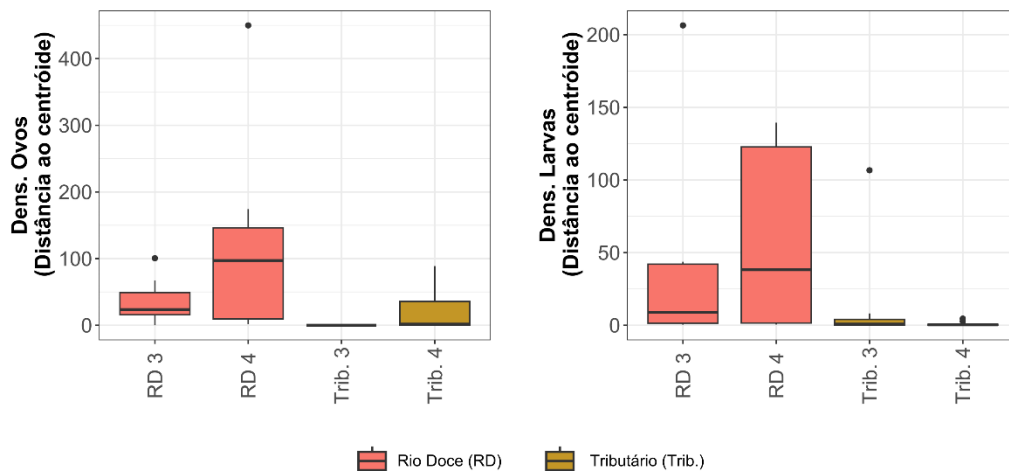
A variação espacial da densidade de larvas de peixes nas 11 estações de amostragem no Baixo Rio Doce durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest. As maiores densidades ocorreram nas estações da calha do Rio Doce, sendo mais expressivo em P2, que corresponde ao trecho em Colatina. Todas as estações de amostragem na calha do Rio Doce registraram mais de 100 larvas/10m³. Nos tributários, o registro de larvas ocorreu de maneira mais expressiva nas estações P10 – Rio São José a jusante do Lago Juparanã e em P8 no Rio Santa Maria (Figura 21).

3.18 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS

Figura 22: Distribuição temporal de ovos e larvas de peixes.

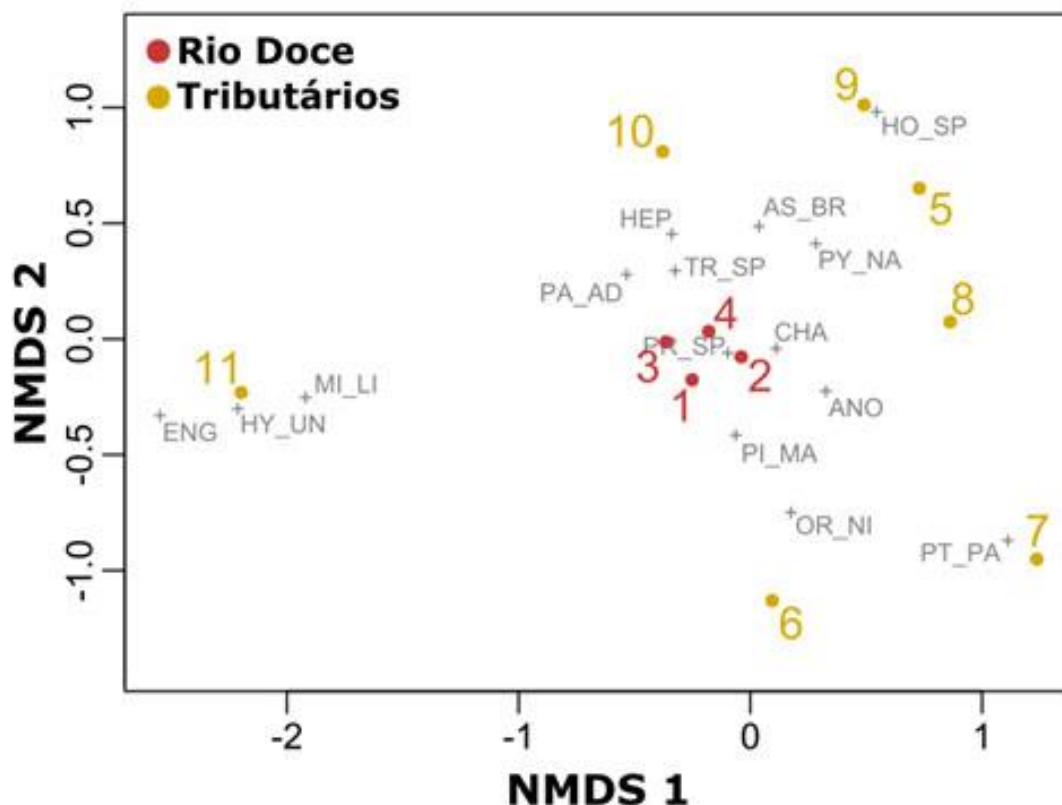


C



A variação temporal da densidade de ovos e larvas entre de peixes no Baixo Rio Doce durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest: a) Densidade de larvas e ovos de peixes entre as estações seca (branco) e chuvosa (cinza), b) Tendência temporal mensal nas densidades de ovos e larvas de peixes durante os Anos 3 e 4 do PMBA/ Fest, em vermelho as densidades registradas na região do propágulo (Rio Doce) e em amarelo nos tributários (controle); c) Densidade de ovos e larvas entre os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest, em vermelho as densidades registradas na região do propágulo (Rio Doce) e em amarelo nos tributários (Figura 22).

Figura 23: Ordenação da composição de espécies de larvas por estação de amostragem.



O

Escalonamento Multidimensional Não Métrico utiliza a matriz de distância de Bray-Curtis entre as larvas das espécies de peixes (considerando a densidade) para cada estação de amostragem Figura 23 .Os pontos 1, 2, 3 e 4 em vermelho representam as estações de amostragem no Rio Doce (área do propágulo) e demonstram que a composição se agrupa de forma dissimilar das demais estações em amarelo, que estão localizadas nos tributários (área referência). Esse agrupamento dos pontos do Rio Doce ocorre devido às maiores densidades registradas de larvas das espécies introduzidas, como o Mandi-amarelo (PI_MA) *Pimelodus maculatus* (193,8 larvas/10m³); da Piranha vermelha (PY_NA) *Pygocentrus nattereri* (48,4 larvas/10m³). As larvas da Curimba (PR_SP), *Prochilodus* spp (152 larvas/10m³) que possui uma espécie nativa e espécies invasoras pertencentes ao gênero, da família ANO, Anostomidae (29,1 larvas/10m³) cuja ocorrência da maioria das espécies no Baixo Rio Doce são nativas, também estiveram entre as mais abundantes nas estações do Rio Doce, contribuindo assim para a dissimilaridade. A estação de amostragem no Rio São José, a jusante do Lago Juparanã, se diferencia dos demais tributários pela alta densidade das larvas de origem marinha/estuarina (ENG) Engraulidae; (HY_UN), *Hyporhamphus unifasciatus* e (MI_LI) *Microphis lineatus*. As estações de amostragem ao longo da calha do Rio Doce (área de propágulo) possuem densidade de larvas e riqueza de táxons maior do que dos tributários, entretanto, é também a região de maior dispersão de larvas de espécies não nativas invasoras, favorecendo, portanto, o sucesso reprodutivo de tais espécies (Tabela 21).

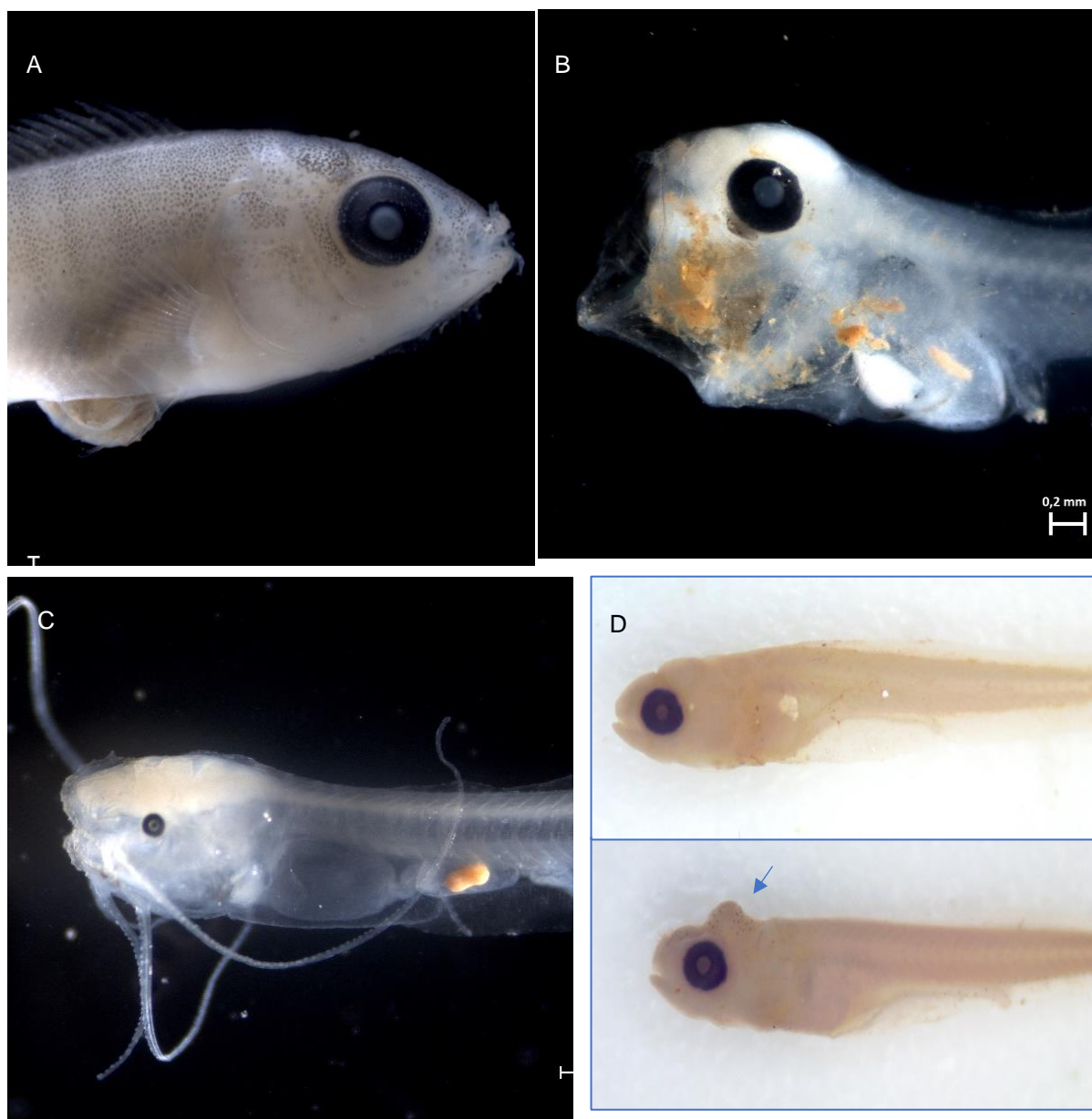
Tabela 21: Densidade de táxons encontrados por ponto de amostragem do Baixo Rio Doce, no Novo Ciclo do PMBA/FEST. Em negrito, as maiores densidades de cada táxon. Asterisco (*) indica as espécies introduzidas e bolinha (●) os grupos de origem marinha/estuarina. P1 = rio Doce (Baixo Guandu), P2= rio Doce (Colatina), P3= rio Doce (Linhares), P4= rio Doce (Regência), P5= Rio Guandu (Baixo Guandu), P6= rio Guandu (Penha), P7= rio Santa Joana (Colatina), P8= rio Santa Maria do Rio Doce (Colatina), P9= rio Pancas (Colatina), P10= rio São José 1 (Linhares), P11= rio São José 2 (Linhares), P12= rio Manhuaçu (Aimorés), P13= rio Doce (Resplendor).

Táxons	Densidade de larvas /10 m³												
ORDEM Família Espécie	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
BELONIFORMES													
Hemiramphidae													
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i> (Ranzani, 1841) ●	0,8	0,0	0,8	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	33,7	0,0	0,0
CHARACIFORMES													
Anostomidae	12,9	30,7	9,9	3,4	1,6	0,2	0,2	0,0	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0
Bryconidae													
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	0,4	3,5	4,0	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Characidae	0,5	1,2	0,4	0,7	0,0	0,0	0,0	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>Hyphessobrycon eques</i> (Steindachner, 1882)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0
Erythrinidae													
<i>Hoplias</i> spp.	0,0	0,1	0,0	0,3	0,5	0,0	0,0	0,3	0,0	0,1	0,1	0,0	3,4
Prochilodontidae													
<i>Prochilodus</i> spp.	2,1	118,5	14,1	16,8	0,0	0,0	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Serrassalmidae													
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858 *	1,6	42,7	2,7	1,3	0,0	0,0	0,0	18,6	0,1	2,1	0,0	0,0	0,0
CICHLIFORMES													
Cichlidae													
<i>Crenicichla lacustris</i> (Castelnau, 1855)	0,0	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758) *	1,2	1,8	1,1	1,1	0,1	0,2	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CLUPEIFORMES													
Engraulidae ●	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	30,6	0,0	0,0
PERCIFORMES													
Scianidae													

Táxons	Densidade de larvas /10 m ³												
ORDEM Família Espécie	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	12,4	10,3	8,0	4,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,6	0,0	0,0
SILURIFORMES		0,1											
Callichthyidae	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Heptapteridae	0,0	0,6	0,9	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0
Loricariidae	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0
<i>Harttia</i> spp.	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>Hypostomus</i> spp.	0,0	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnau, 1855) *	0,0	0,6	0,1	0,1	0,0	0,0	0,2	0,6	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Pimelodidae													
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803 *	69,1	26,8	68,7	209,2	0,0	0,2	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0
Trichomycteridae													
<i>Trichomycterus</i> spp.	0,3	0,5	0,5	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0
SYNBRANCHIFORMES													
Synbranchidae													
<i>Synbranchus marmoratus</i> Bloch, 1795	0,0	0,0	0,4	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SYNGNATHIFORMES													
Syngnathidae													
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856) •	0,3	1,0	5,8	2,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	29,5	0,0	0,0
Densidade total de larvas por ponto	101,5	238,8	117,7	244,8	2,3	0,6	0,7	20,8	0,7	6,7	94,6	0,0	3,4

3.19 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS

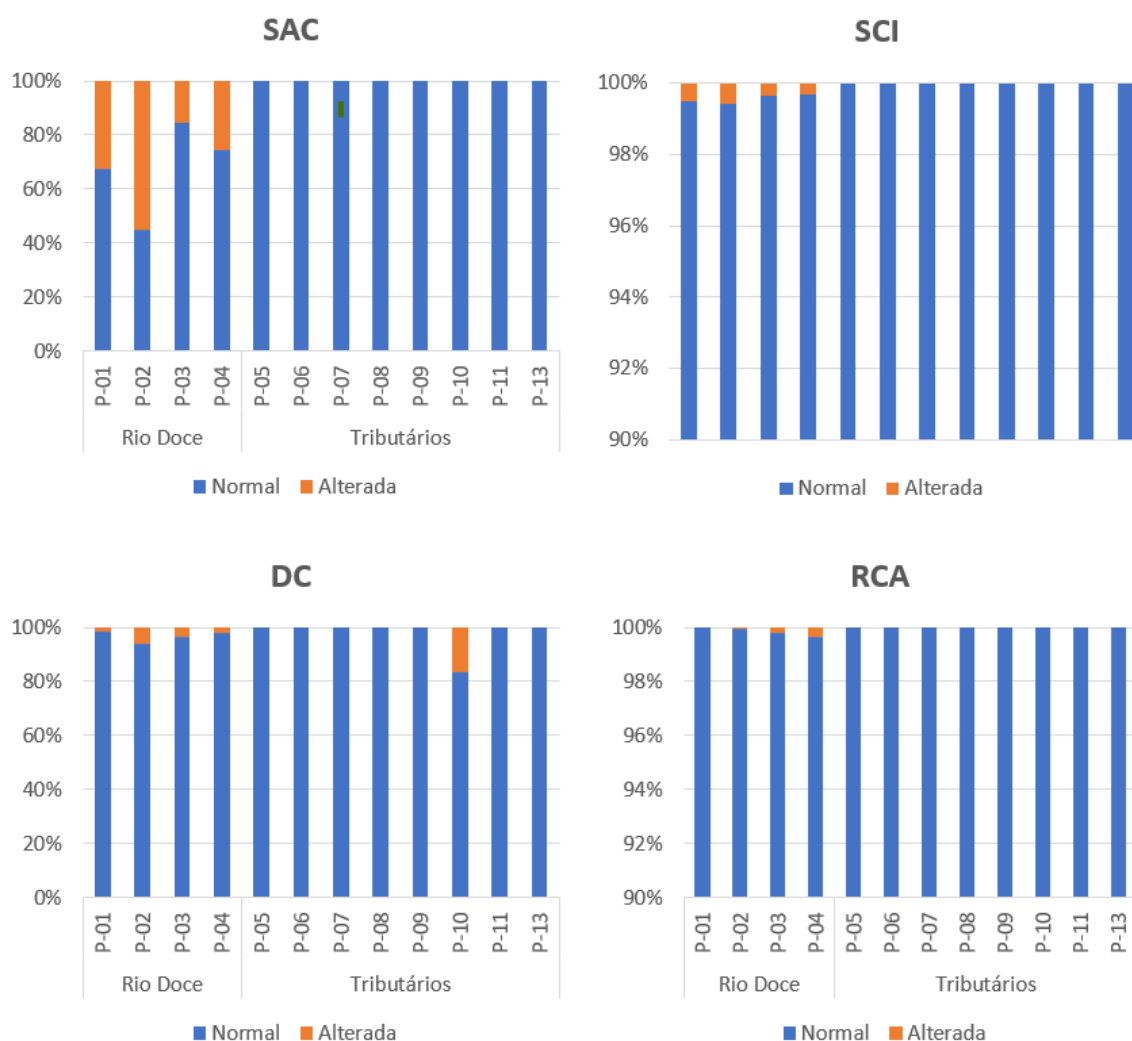
Figura 24: Alterações na viabilidade das larvas.



Durante os Anos 2 e 3 no do PMBA/Fest, foram registrados 4 tipos de alterações incomuns nas larvas, que são: (a) RCA rompimento da cavidade abdominal, com 0,1% da densidade total de larvas registradas; (b) SAC sedimento avermelhado aderido ao corpo com ocorrência de 30,3 % da densidade total; (c) SCI sedimento avermelhado em cavidades internas como boca e intestino, com 0,4% da densidade total (d) DC deformidade na região da cabeça com 2,9% da densidade total .

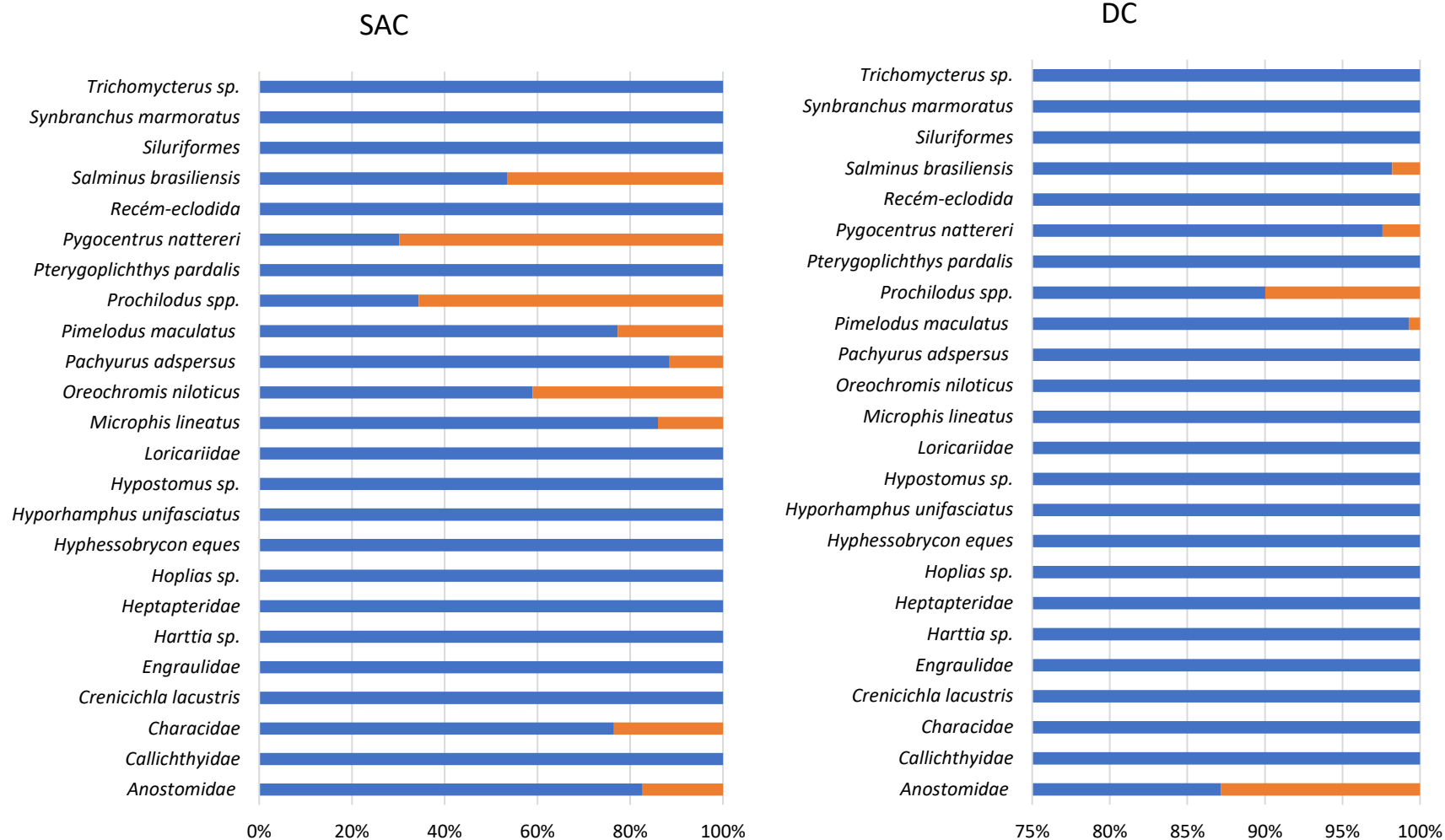
3.20 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS

Figura 25: Proporção e distribuição espacial das larvas com alterações incomuns. RCA= rompimento da cavidade abdominal, SA= sedimento avermelhado aderido ao corpo, SCI= sedimento avermelhado em cavidades internas e DC= deformidade na região da cabeça.

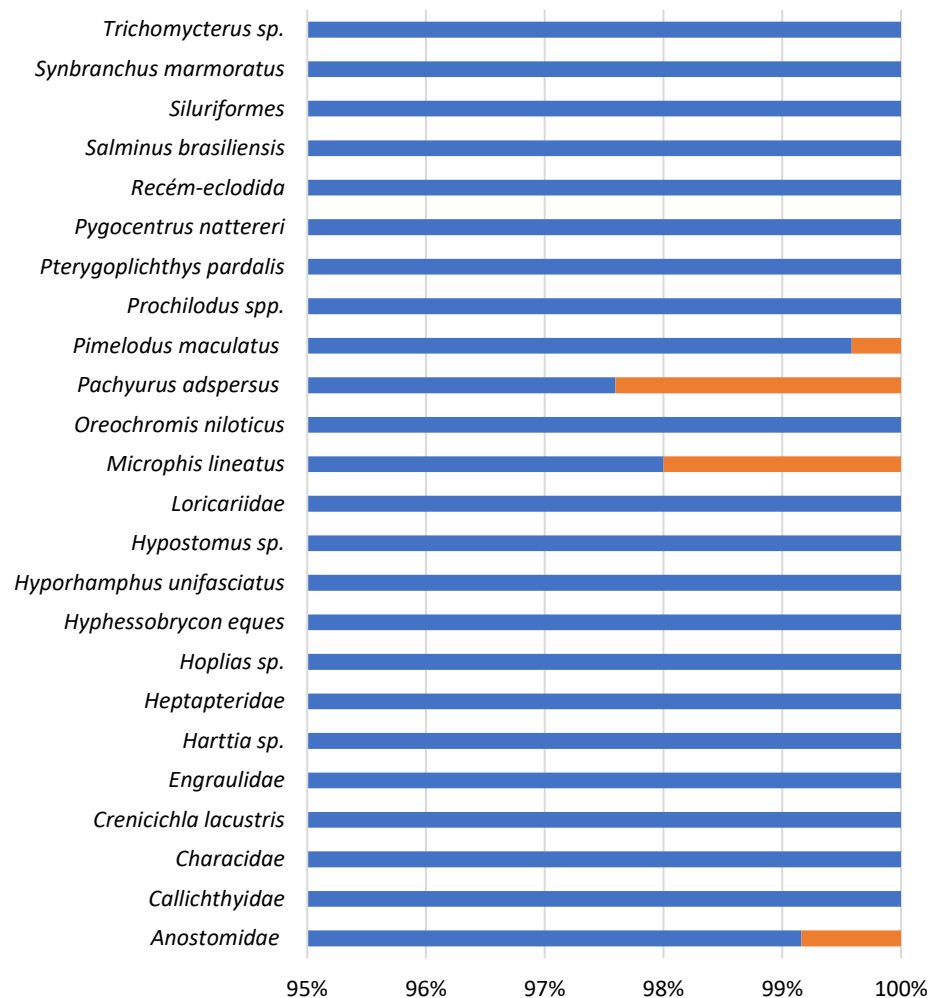


Na Figura 25 as proporções dos quatro tipos de alterações incomuns registrado nas larvas durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest em cada estação de amostragem (Figura 25). Todas as ocorrências foram restritas à calha do Rio Doce e para os 4 tipos exceto uma DC, com um único registro encontrado no ponto P10 (Rio São José a montante do Lago Juparanã), mas em baixa densidade 4 larvas da Piranha vermelha (*Pygocentrus nattereri*). A estação P2 em Colatina é a região do Rio Doce que mais apresentou densidades de deformidade DC e SAC nas larvas, possivelmente em proporção a alta densidade de larvas em deriva registrada nessa localidade. Com exceção da RCA, que não teve registro na estação P1, todas as demais ocorrências incomuns foram registradas nas 4 estações de amostragem ao longo do Rio Doce

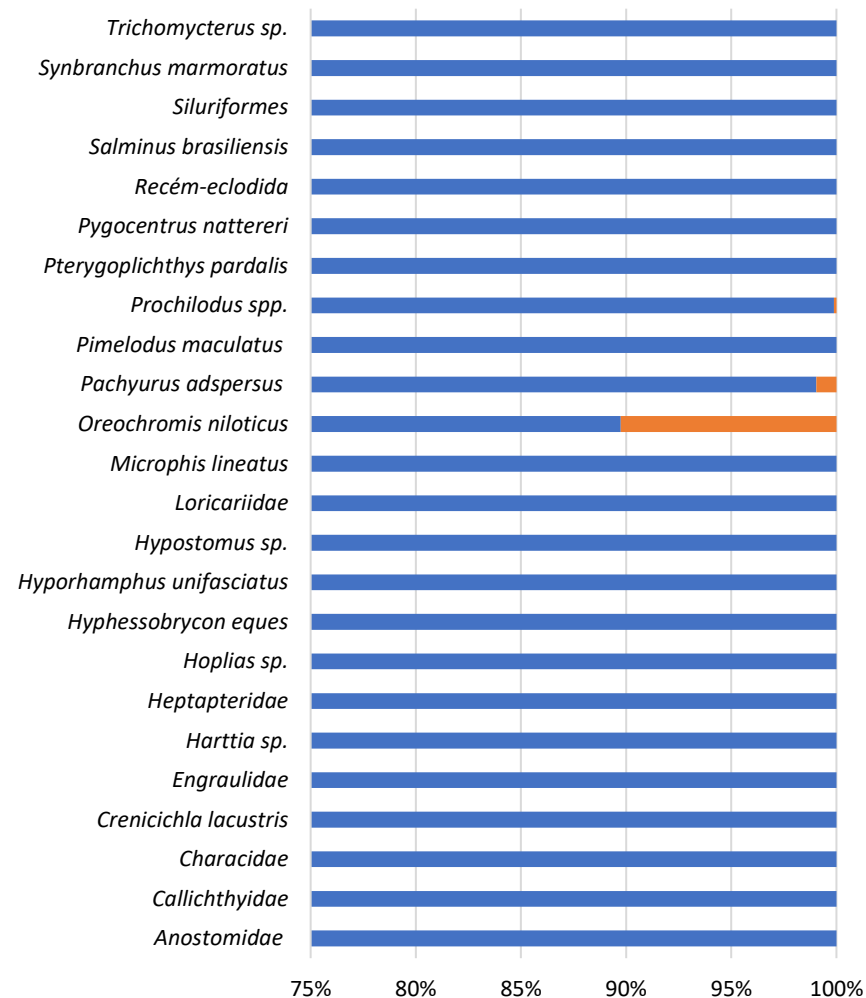
Figura 26: Proporção de larvas por taxons com alterações incomuns.



SCI



RCA



As proporções dos 4 tipos de alterações incomuns nas larvas registradas durante os Anos 3 e 4 do PMBA/Fest em cada estação de amostragem, que são: RCA rompimento da cavidade abdominal, SAC sedimento avermelhado aderido ao corpo, SCI sedimento avermelhado em cavidades internas como boca e intestino e DC deformidade na região da cabeça (Tabela 22, Figura 26). O gênero *Prochilodus* e a família Anostomidae são os táxons mais abundantemente acometidos, seguidos das espécies introduzidas na bacia, *Pimelodus maculatus*, *Pygocentrus nattereri* e *Salminus brasiliensis*.

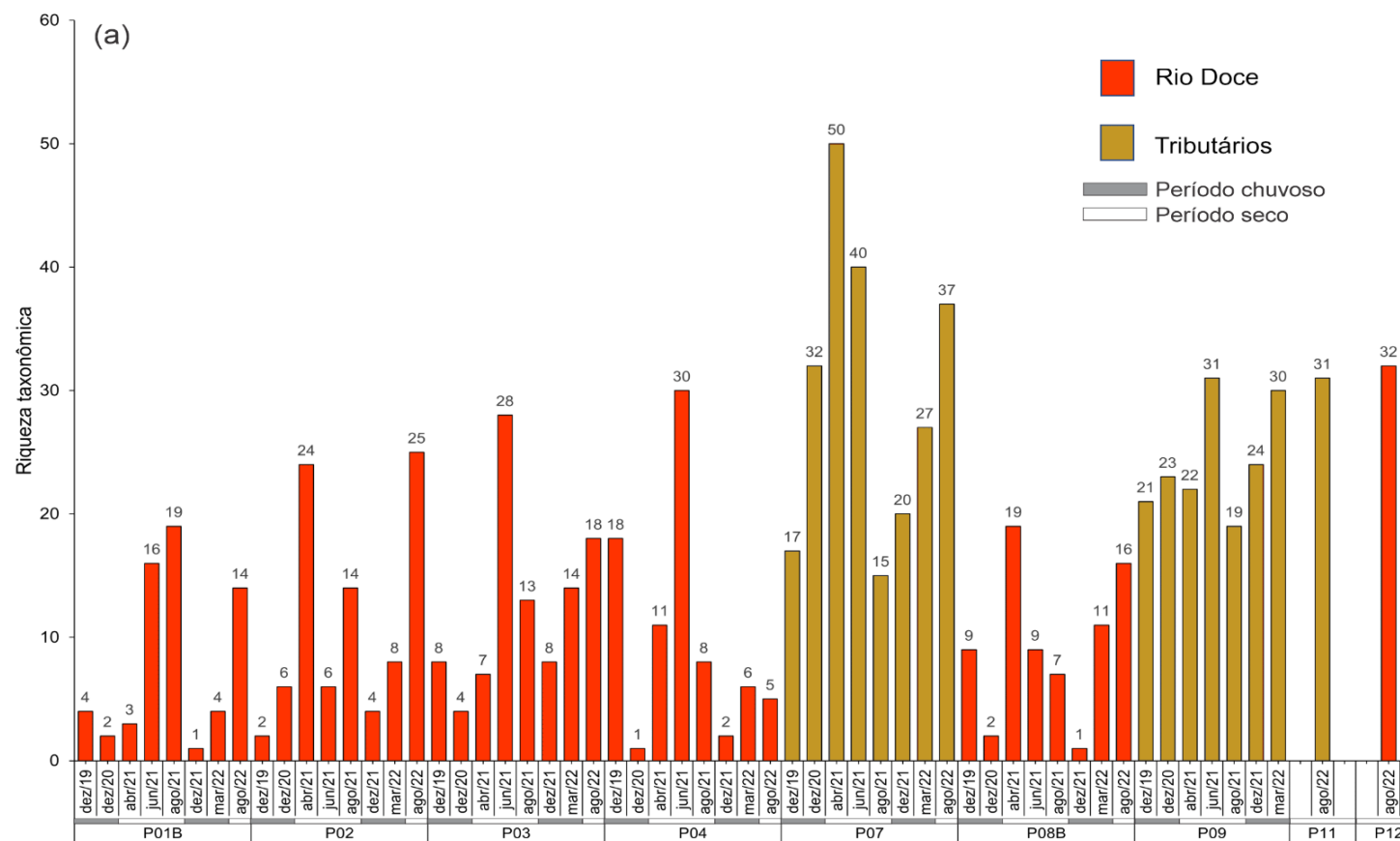
Tabela 22: Porcentagem da densidade de larvas e juvenis, do Baixo Rio Doce, registrados com algum tipo de anomalia no Novo Ciclo do PMBA/FEST. RCA= rompimento da cavidade abdominal, SAC= sedimento avermelhado aderido ao corpo, SCI= sedimento avermelhado em cavidades internas, DC= deformidade na região da cabeça.

Táxons	Anomalias			
ORDEM Família Espécie	SAC	DC	SCI	RCA
CHARACIFORMES				
Anostomidae	1,6%	0,8%	0,1%	0,0%
Bryconidae				
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	0,6%	0,0%	0,0%	0,0%
Characidae	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%
Prochilodontidae				
<i>Prochilodus</i> spp.	12,2%	1,5%	0,0%	0,0%
Serrassalmidae				
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858	4,9%	0,2%	0,0%	0,0%
CICHLIFORMES				
Cichlidae				
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758)	0,2%	0,0%	0,0%	0,1%
PERCIFORMES				
Scianidae				
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	0,5%	0,0%	0,1%	0,0%
SILURIFORMES				
Pimelodidae				
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803	10,1%	0,4%	0,3%	0,0%
Syngnathidae				
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856)	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%
% da densidade total	30,4%	2,9%	0,5%	0,1%

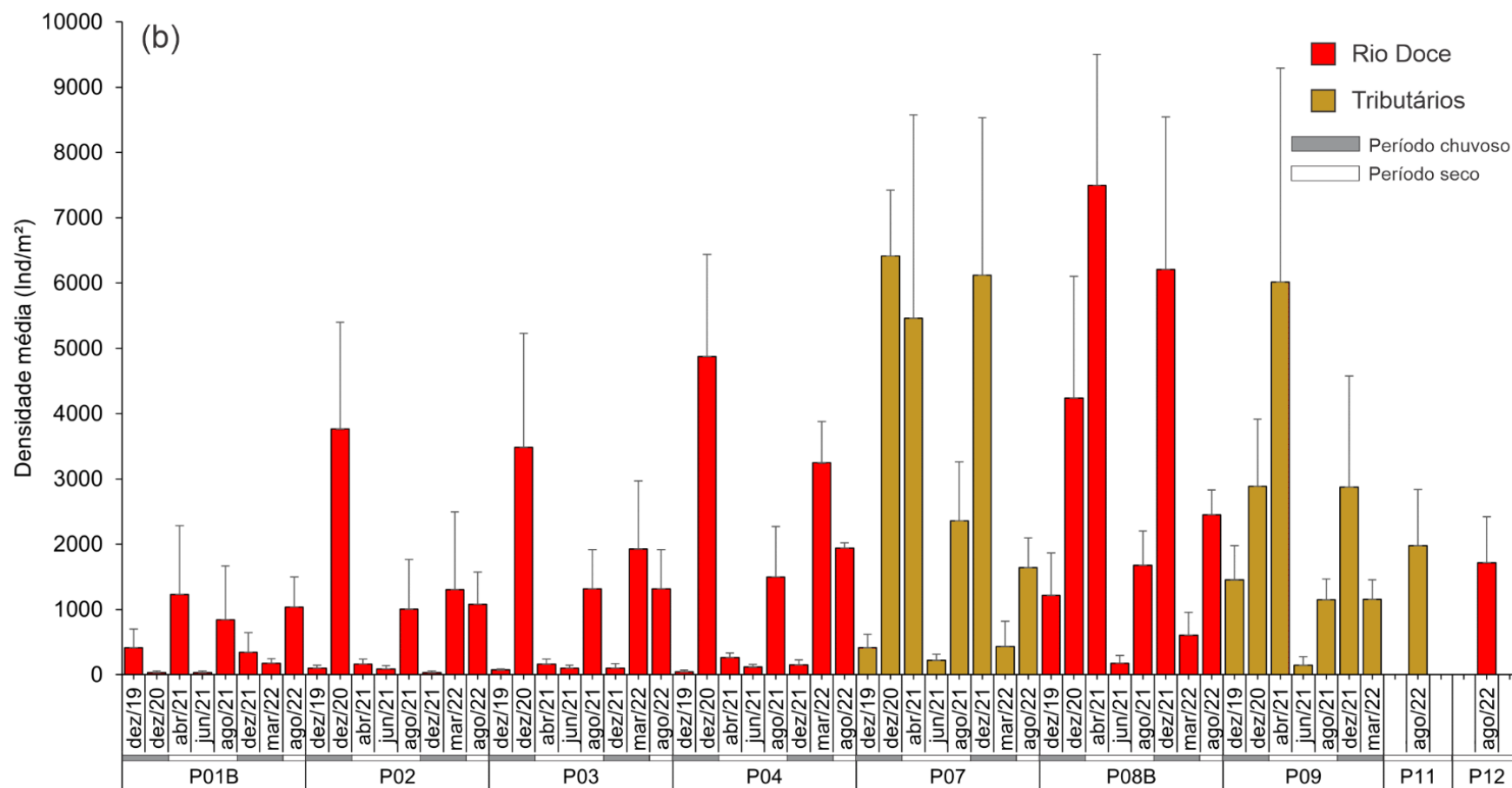
INDICADORES DO TEMA MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

3.21 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 27: Evolução temporal da riqueza taxonômica (a) e densidade média (Ind/m²) (b) de macroinvertebrados bentônicos dos ambientes Rio Doce e Tributários (Ribeirão das Palmas, Rio Manhuaçu e Córrego São Pedro Frio) amostrados no monitoramento do PMBA de dezembro de 2019 a agosto de 2022.



Continuação Figura 27:



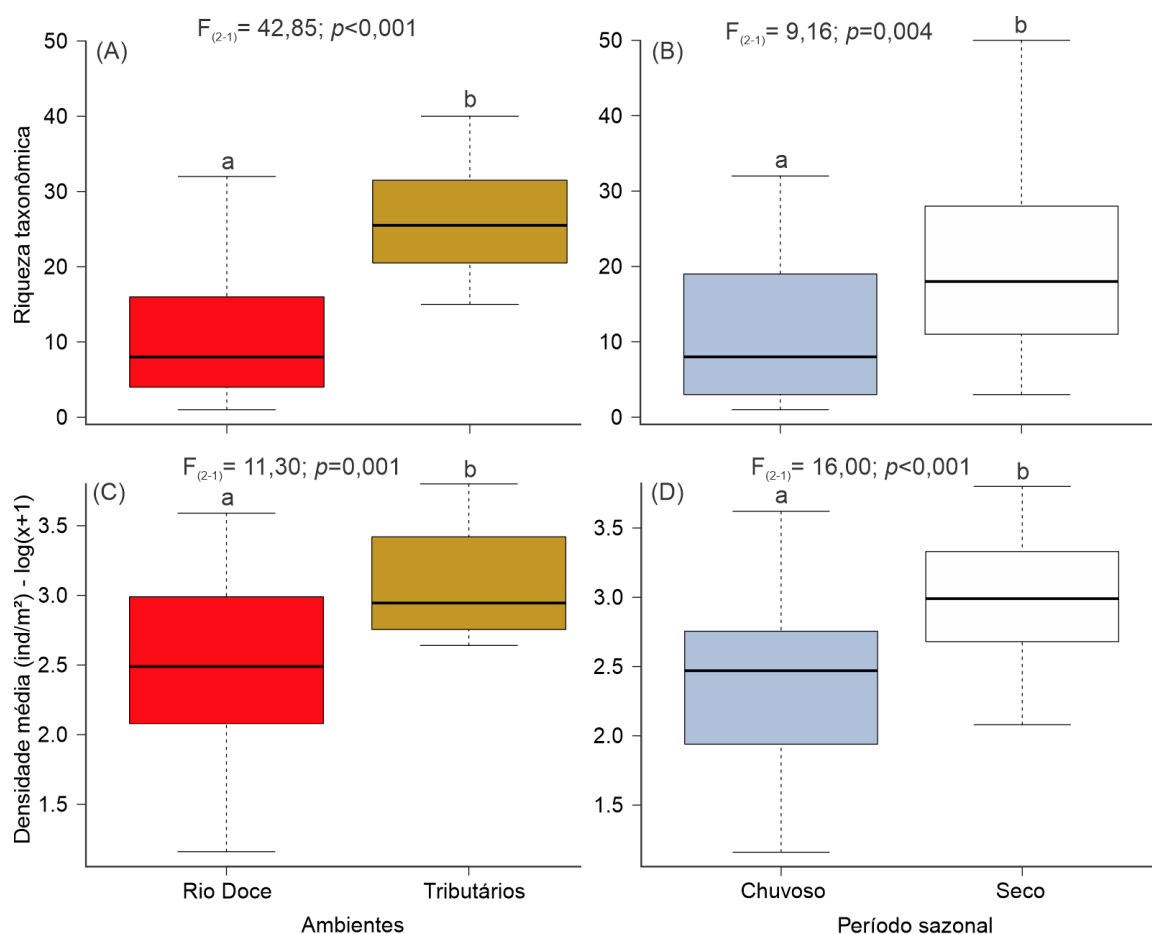
A Figura 27 apresenta a evolução temporal da riqueza taxonômica e densidade média (Ind./m²) ao longo do monitoramento do PMBA nos períodos chuvoso e seco das fases de transição (dez/19 a março/22) e Novo Ciclo (agosto/22). Durante o monitoramento até agosto de 2022, os dados mostram um gradiente de composição das comunidades na calha do Rio Doce dos pontos P01B, mais a montante, em direção ao ponto P04 próximo à foz, em que as menores riquezas foram encontradas nos pontos P01B e P02, principalmente no período chuvoso. Nos meses de dezembro de 2020 e março de 2022 foram observados aumentos significativos da riqueza e densidade em todos os pontos amostrais.

Nos tributários (Córrego São Pedro Frio, Ribeirão das Palmas e Rio Manhuaçu), a riqueza de macroinvertebrados também foi maior no período seco, com destaque também para os meses de dezembro de 2020 e março de 2022, enquanto no período chuvoso foi registrado aumento significativo da riqueza taxonômica. O mesmo padrão foi observado para as densidades, sendo as maiores nos ambientes tributários e aumento gradativo na calha do Rio Doce, partindo dos pontos mais a montante em direção à foz.

O Rio Manhuaçu incorporado na malha amostral no Novo Ciclo do PMBA, em substituição ao córrego São Pedro Frio, apresentou alta riqueza taxonômica se igualando aos padrões encontrados nos demais tributários do Rio Doce, sendo considerado um potencial ponto de referência para a bacia do Rio Doce, dada as suas características como largura, profundidade, volume de água, disponibilidade de habitats e estado de conservação comparado aos demais trechos da calha do Rio Doce.

A baixa riqueza e densidade no período chuvoso em relação ao período seco é esperada, uma vez que o regime de cheia caracteriza-se como um distúrbio natural que promove a deriva dos organismos e consequentemente o desaparecimento dos mesmos durante este período (FEIO et al., 2015) e as diferenças na composição em relação a distribuição espacial ao longo dos trechos amostrados corroboram com o estado de conservação e disponibilidade de habitats avaliados pelo protocolo de avaliação rápida das condições ecológicas proposto por Callisto et al. (2002).

Figura 28: Boxplot das diferenças na riqueza (A e B) e densidade (C e D) de macroinvertebrados entre os ambientes e período sazonal chuvoso e seco ($a \neq b$).



A Figura 28 apresenta as diferenças na estrutura e composição das comunidades de macroinvertebrados bentônicos, analisadas pelo teste estatístico ANOVA One-way, nos ambientes Rio Doce e tributários, e as diferenças entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022.

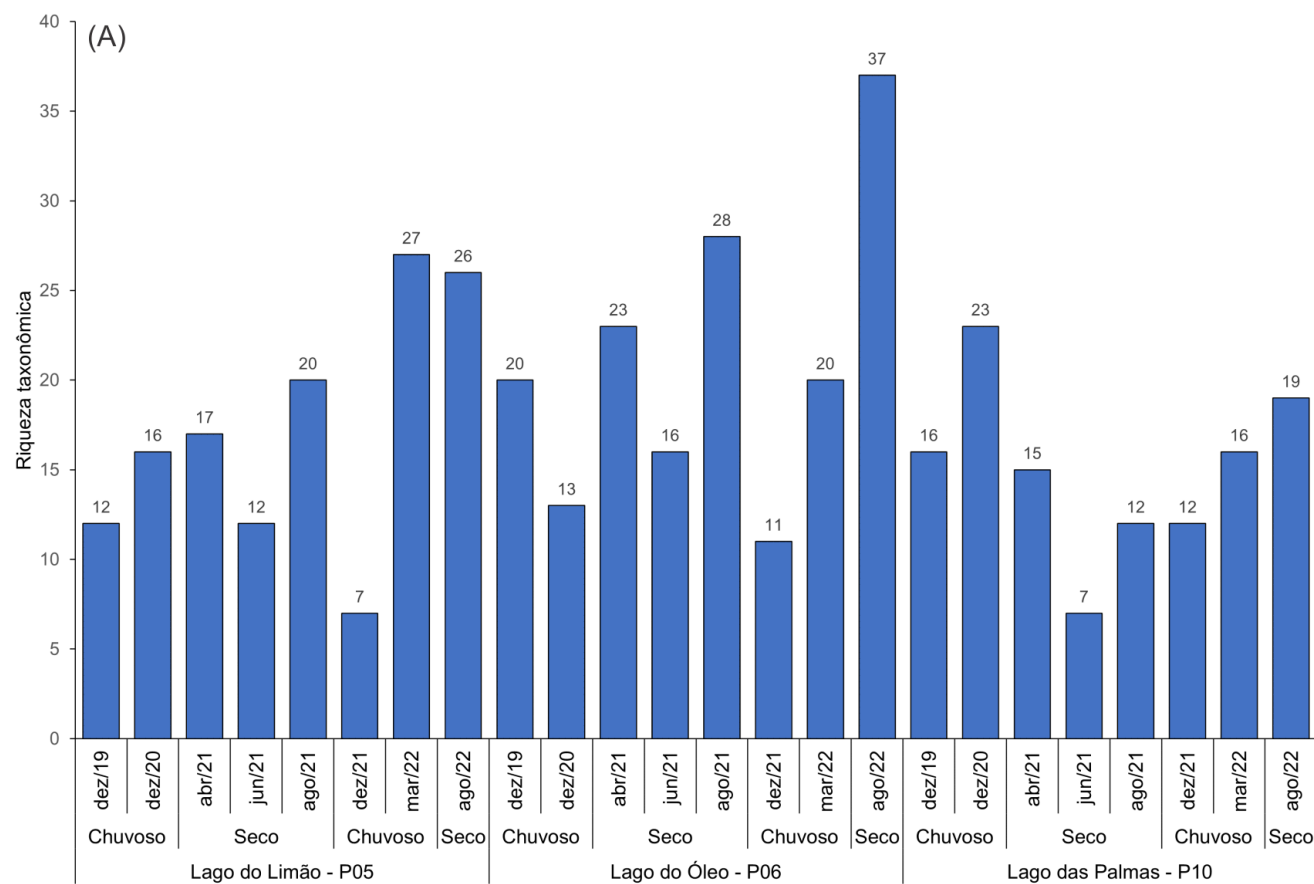
A riqueza taxonômica e a densidade média de indivíduos foram estatisticamente maiores nos tributários e no período sazonal seco ($p < 0,05$). As menores riquezas e abundâncias de macroinvertebrados no ambiente Rio Doce estão relacionadas a diversos impactos e distúrbios históricos, como o estado de conservação da bacia, a raridade ou ausência de habitats necessários à fixação dos organismos, assoreamento do leito com predominância de sedimentos finos, e aos efeitos do esgoto industrial e doméstico.

O histórico de degradação é de longa data e desde da década de 1990 estudos já apontavam sérios problemas de qualidade ambiental que afetam a estrutura e composição das comunidades bentônicas (MARQUES et al., 1999, LYRA; RIGO, 2019; CALLISTO et al., 2002). Somados aos diversos problemas ambientais na bacia do Doce, o evento do rompimento da barragem de Fundão em Mariana foi considerado um dos maiores desastres ambientais com impactos diretos devastadores nas

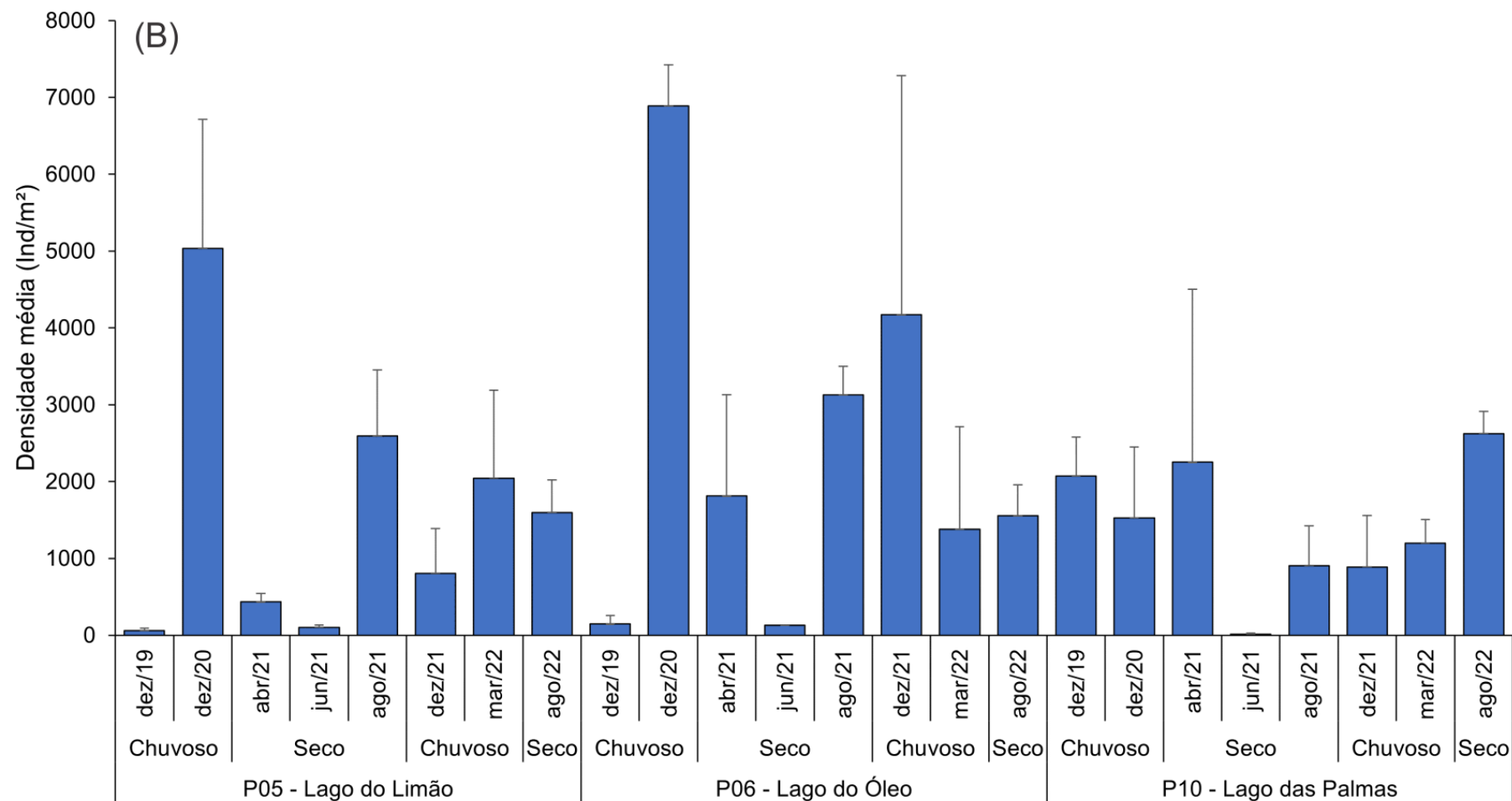
comunidades que sobrevivem nos sedimentos e indiretos sobre rios, áreas de proteção e reservas florestais (ALMEIDA et al., 2018, ESPINDOLA et al., 2019).

Passado mais de sete anos da passagem do rejeito, ainda se observa um cenário preocupante, apesar da melhora gradual da composição da biota do ponto de vista da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, e da qualidade de água observados ao longo do monitoramento do PMBA. Até o momento nota-se que principalmente nos trechos da calha do Rio Doce, nos pontos mais distantes da fez, como P01 e P02, a comunidade é composta por representantes da macrofauna tolerantes e resistentes como resultado da baixa qualidade dos habitats

Figura 29: Evolução temporal da riqueza taxonômica (a) e densidade (Ind/m² + Erro pad) (b) de macroinvertebrados bentônicos nos lagos do baixo Rio Doce em dezembro de 2019 a agosto de 2022.



Continuação Figura 29:

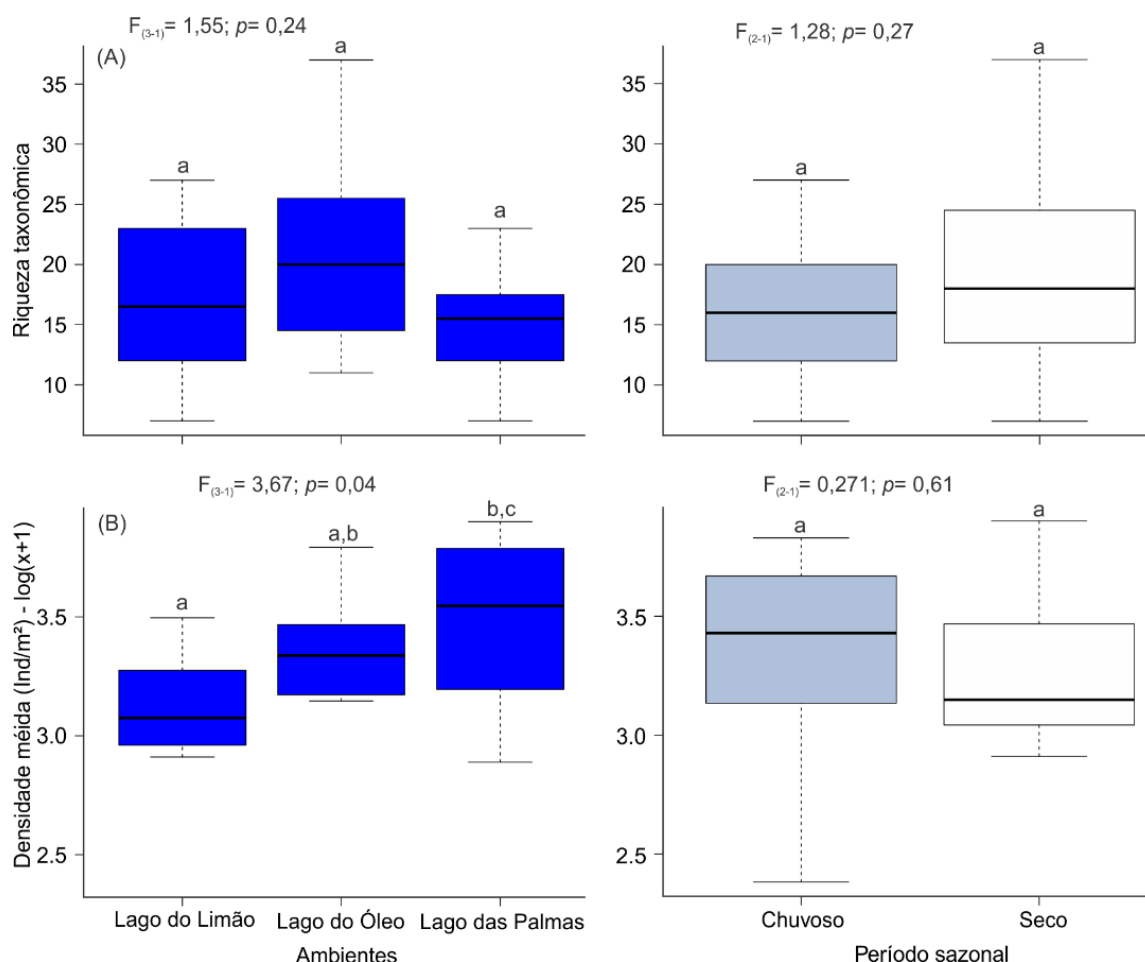


Ao longo do monitoramento do PMBA foi possível também acompanhar a evolução espaço temporal da riqueza e densidade das comunidades de macroinvertebrados bentônicos em lagos do Baixo Rio Doce. A longo do monitoramento dos lagos (Limão, Óleo e das Palmas) não foi possível estabelecer um padrão na distribuição dos macroinvertebrados nas 24 campanhas amostrais dadas as variações apresentadas da riqueza e densidade ao longo do tempo. Entretanto, alguns pontos chamam a atenção quanto à presença e abundância das assembleias, por exemplo o Lago do Limão que apresentou a maior riqueza no período chuvoso de março de 2022 e praticamente igual no período seco de agosto do mesmo ano. No Lago do Óleo, a maior riqueza foi encontrada no período seco em agosto de 2022 e no Lago das Palmas, no período chuvoso de dezembro de 2020.

Em relação à densidade, os meses de dezembro de 2020 e 2021 foram os que apresentaram os maiores valores nos lagos do Limão e do Óleo, em contraste com o mesmo período chuvoso em dezembro de 2019, que apresentou as menores densidades nestes lagos (Figura 29).

O Lago das Palmas foi o que apresentou uma distribuição mais equilibrada das densidades com exceção do mês de junho de 2021, quando foi registrada a menor densidade em relação aos demais lagos (Figura 29).

Figura 30: Boxplot das diferenças na riqueza e densidade (A e B) avaliadas pela análise de variância ANOVA dos macroinvertebrados entre os ambientes e períodos chuvoso e seco nos lagos do Baixo Rio Doce (Tukey-test a=b, b=c e a≠c).

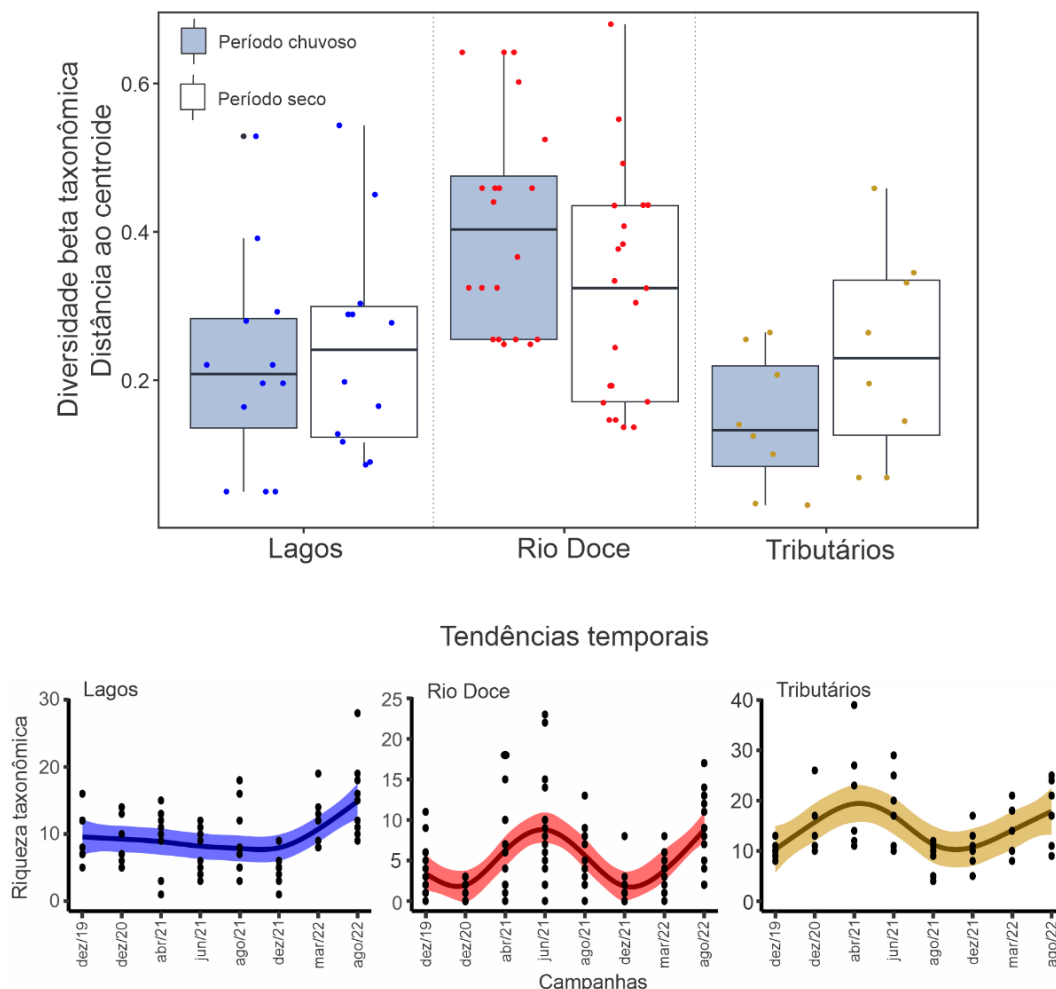


A análise estatística ANOVA indicou diferença significativa apenas para a densidade entre os lagos, não havendo diferenças entre os períodos sazonais chuvosos e secos para a riqueza e densidade (Figura 30). O Lago das Palmas foi estatisticamente maior em densidade de macroinvertebrados bentônicos do que o Lago do Limão e a diferença na composição das assembleias foi constatada nas identificações dos organismos.

As larvas da família Chironomidae predominaram em todos os lagos, com exceção do período seco de agosto de 2022 do Novo Ciclo do PMBA, que foi dominado pelo Gastropoda Hydrobiidae (dados na Figura 32 na seção de abundância relativa). O Lago das Palmas foi o que apresentou maior abundância de larvas coletoras-catadoras da família Chironomidae, indicando que este lago apresenta as piores condições de qualidade de água pela presença organismos tolerantes e resistentes. Em contraste, o Lago do Limão embora apresente também maior abundância de larvas de quironomídeos, também apresenta organismos sensíveis indicadores de água de boa qualidade como ninfas de Ephemeroptera, larva de Trichoptera e outros macroinvertebrados classificados dentro da abordagem de grupos tróficos funcionais como filtradores (por exemplo: quironomídeos).

A presenças de larvas de quironomídeos filtradoras, a exemplo dos gêneros *Tanytarsus* e *Caladomyia* no Lago do Limão e Lago do Óleo, também são indicativos de melhores condições da qualidade de água, conforme o estudo de Molozzi et al. (2011). O Lago do Óleo encontra-se numa situação intermediária devido á abundância de organismos tolerantes e resistentes, além dos sensíveis. Larvas de quironomídeos também foram as mais abundantes neste lago a exemplo do gênero *Goeldichironomus*, que é um grupo coletor-catador associado a ambientes ricos em matéria orgânica particulada fina.

Figura 31: Diversidade Beta e tendências temporais da distribuição da riqueza taxonômica de macroinvertebrados nos ambientes Lagos, Rio Doce e Rios.



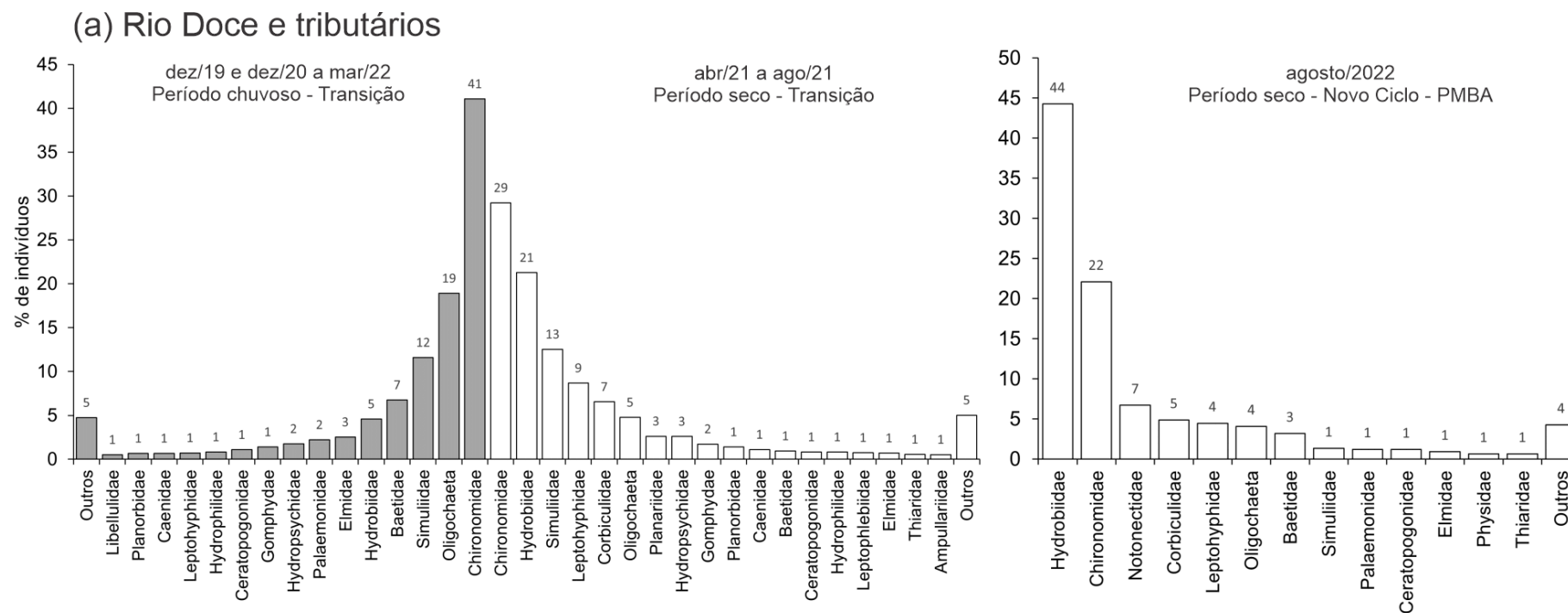
A Figura 31 apresenta a distribuição da diversidade beta e as tendências temporais nos ambientes Lagos, Rio Doce e Rios ao longo do monitoramento do PMBA. No ambiente Lagos não foi observado grandes mudanças no comportamento da diversidade beta entre o período chuvoso e seco, no entanto foi observado uma diminuição das espécies do período chuvoso de dezembro de 2019 até dezembro de 2021 e em seguida significativo ganho de espécies até agosto de 2022.

Para os pontos da calha do Rio Doce, o período chuvoso no geral apresentou maior diversidade beta, entretanto, o ganho de espécies foi registrado principalmente no período seco e o mesmo padrão das flutuações de ganho e perda de espécies foram observados nos tributários, com ganho mais acentuado no período seco.

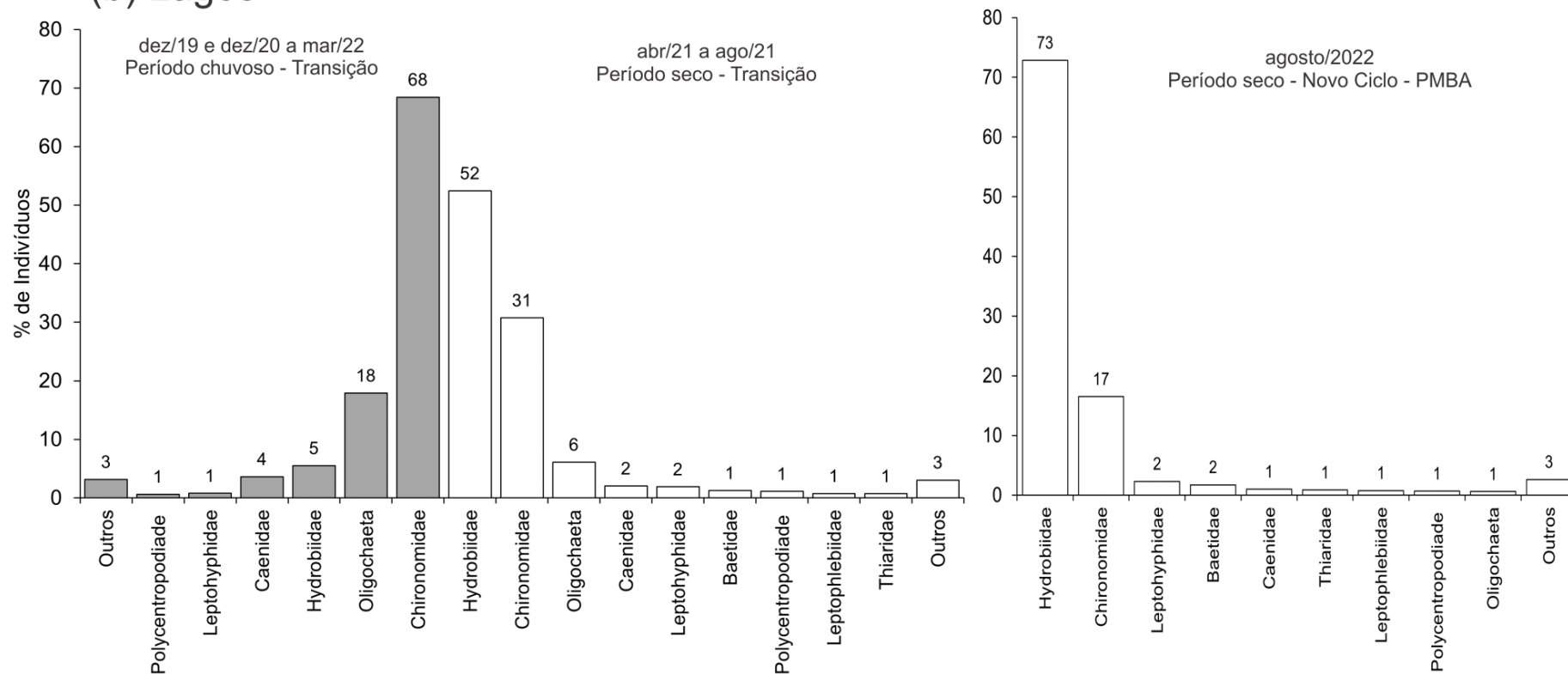
Estudos da diversidade beta são importantes em investigações espaço temporais na distribuição das espécies em abordagens de avaliação de impactos antrópicos e podendo ser útil em estudos de mudanças climáticas (LEGENDRE, 2019). A diversidade beta também é fundamental em estudos de partição da diversidade em escalas de amostras a escalas regionais como forma de identificar em qual escala é mais importante para concentrar esforços de conservação e recuperação (FERREIRA et al., 2017).

3.22 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 32: Abundância relativa de macroinvertebrados amostrados nos ambientes Rio Doce e rios (a) e lagos (b) nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022 no monitoramento do PMBA/Fest.



(b) Lagos

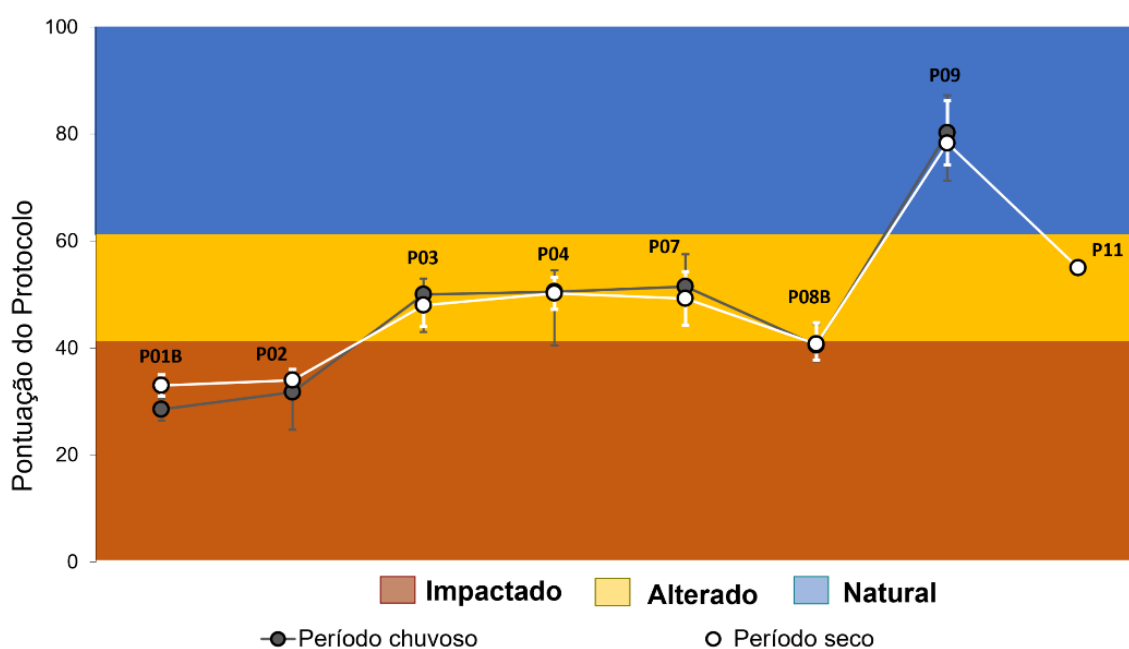


A Figura 32 (a e b) apresenta os dados de abundância relativa (% de indivíduos) das principais famílias e classe Oligochaeta amostrados nos ambientes Rio Doce, Tributários e Lagos do Baixo Rio Doce no período de transição do PMBA que inclui os meses de dezembro de 2019 e 2020 até o Novo Ciclo do PMBA que iniciou em agosto de 2022. Para a construção do gráfico foram considerados famílias que alcançaram 1% de indivíduos do total e os demais foram agrupados na categoria outros. As abundâncias foram avaliadas nos períodos sazonais chuvosos e secos em trechos de rios e lagos.

Nota-se pela figura e distribuição dos dados, a predominância de três principais grupos (Diptera Chironomidae, Gastropoda Hydrobiidae e Annelida Oligochaeta) tanto nos ambientes Rio Doce, Tributários e Lagos quanto nos períodos chuvoso e seco da transição e Novo Ciclo do PMBA. Estes grupos dentro da abordagem de bioindicadores de qualidade ambiental, são organismos tolerantes e resistentes a impactos antrópicos, e respondem de forma positiva aos estressores de acordo a intensidade e magnitude, ou seja, quanto maior o impacto maior será a abundância destes grupos (CORTES et al. 2008). No estudo de Ferreira et al. (2011) na Bacia do Rio das Velhas, a realização de uma análise de correlação entre métricas biológicas e fatores ambientais, mostrou uma correlação positiva entre a porcentagem de Oligochaeta e Chironomidade com a composição de sedimentos finos (silte e argila) e correlação negativa com os dados da aplicação do protocolo de avaliação rápida da qualidade de habitats, ou seja, quanto maior a qualidade do habitat, menor é a abundância destes grupos. Desta forma, os impactos ocorridos na Bacia do Rio Doce, como desmatamento, erosão, passagem do rejeito de minério, assoreamento e perda de habitats, refletem na predominância destes grupos tanto no período chuvoso quanto no período seco.

3.23 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO

Figura 33: Valores médios do protocolo de avaliação de habitat (Callisto et al. 2002) em trechos de rios no Baixo Rio Doce nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022.



A Figura 33 apresenta os valores médios das pontuações obtidas pelo protocolo de avaliação rápida de habitats e classificou os pontos de amostragens em impactado, alterado e natural. As barras nos pontos indicam a amplitude máxima e mínima das pontuações alcançadas durante o monitoramento do PMBA. No geral, não foi observado grandes variações na classificação dos pontos amostrais até o momento, dadas as pequenas variações de pontuação apontadas nas barras sobre os pontos. O protocolo revelou que os principais problemas nos status ecológicos se concentram principalmente nos dois pontos amostrais mais a montante (P01B e P02) que foram classificados em todas as campanhas como impactados. Os pontos P03, P04 (calha do Rio Doce) e P07 (ribeirão Palmas) tiveram suas pontuações semelhantes durante o monitoramento e foram classificados como alterados. O ponto P08B embora foi classificado como alterado, suas pontuações estiveram muito próximas da condição de impactado e que confere a este ponto condições da biota aquática de macroinvertebrados e condições ambientais equivalentes ao encontrado nos pontos impactados (P01B e P02).

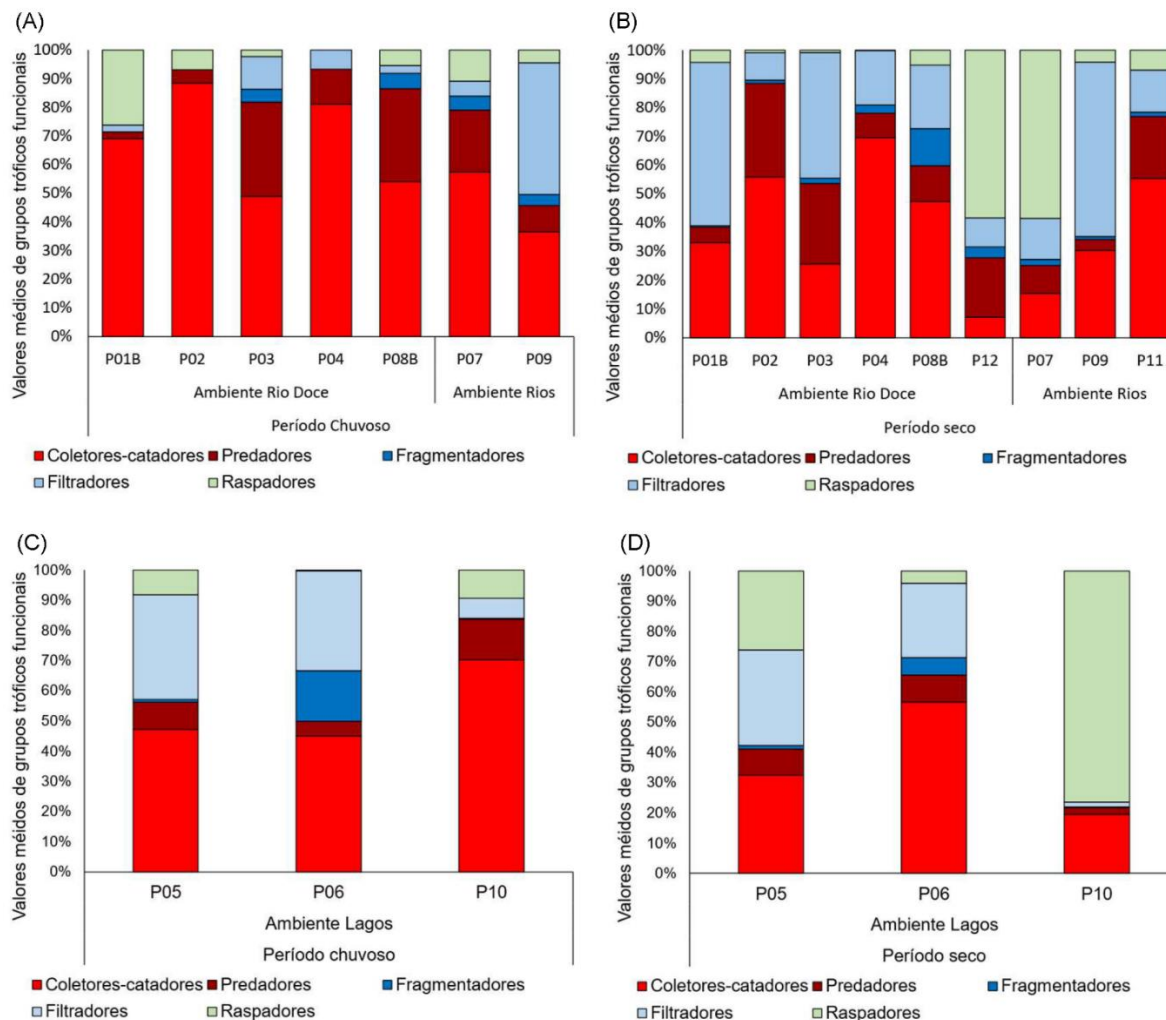
O córrego São Pedro Frio foi o único que apresentou características naturais. Trata-se de um riacho de cabeceira de baixa ordem com características bem preservadas em termos de disponibilidade de habitats como cascalho, folhiço, seixos e variedades de ambientes de corredeiras e poças e condições ecológicas do entorno que torna este córrego muito diferente dos demais ambientes avaliados no Baixo Rio Doce.

O Rio Manhuaçu, recentemente incorporado na amostral foi classificado como alterado e que ainda agrega características ambientais favoráveis ao estabelecimento de representantes da macrofauna bentônica refletida na amostragem de agosto de 2022.

No geral os dados de avaliação de habitat corroboram aqueles encontrados na avaliação da estrutura e composição espaço temporal das comunidades de macroinvertebrados bentônicos, apontando os principais problemas que conduzem a baixa diversidade taxonômica em consequência aos danos ambientais provocados pela pressão antrópica de décadas.

3.24 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS

Figura 34: Avaliação da composição de macroinvertebrados em grupo de alimentação funcional nos ambientes Lagos, Rio Doce e Tributários nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022.



A Figura 34 apresenta a distribuição dos macroinvertebrados em grupos tróficos funcionais (GTFs) nos ambientes Lagos, Rio Doce e tributários nos períodos sazonais chuvoso e seco entre dezembro de 2019 a agosto de 2022 no Novo Ciclo do PMBA.

Nos pontos amostrais na calha do Rio Doce no período chuvoso, o grupo composto por coletores-catadores foi predominante, com destaque para os pontos P02 e P04, que apresentaram mais de 80% das comunidades compostas por este grupo. O grupo Predadores foi mais presente nos pontos P03 e P08B (33 e 32%, respectivamente). No ponto P09 (córrego São Pedro Frio), o grupo predominante foi de filtradores (46%) composto principalmente por larvas da família Simuliidae característica de córregos de cabeceira em ambientes de corredeiras. Os raspadores foram mais presentes no ponto P01B (26%) e fragmentadores tiveram baixa representatividade em todos os pontos com o máximo de 5%.

No período seco, a distribuição dos grupos tróficos foi mais heterogênea nos pontos amostrais do Rio Doce e tributários, com predominância de coletores-catadores em três pontos amostrais P02, P04 e

P11 (56, 70 e 55%, respectivamente). Os predadores foram mais presentes nos pontos P02 e P03 (33 e 28%, respectivamente). A maior representatividade de fragmentadores ocorreu no ponto P08B (13%). Os filtradores foram mais presentes nos pontos P01B, P03 na calha do Rio Doce, e no tributário P09 no ambiente Rios (57, 44 e 61%, respectivamente), enquanto os raspadores tiveram maior ocorrência nos pontos P12, no ambiente Rio Doce, e tributário P07 (58 e 59%).

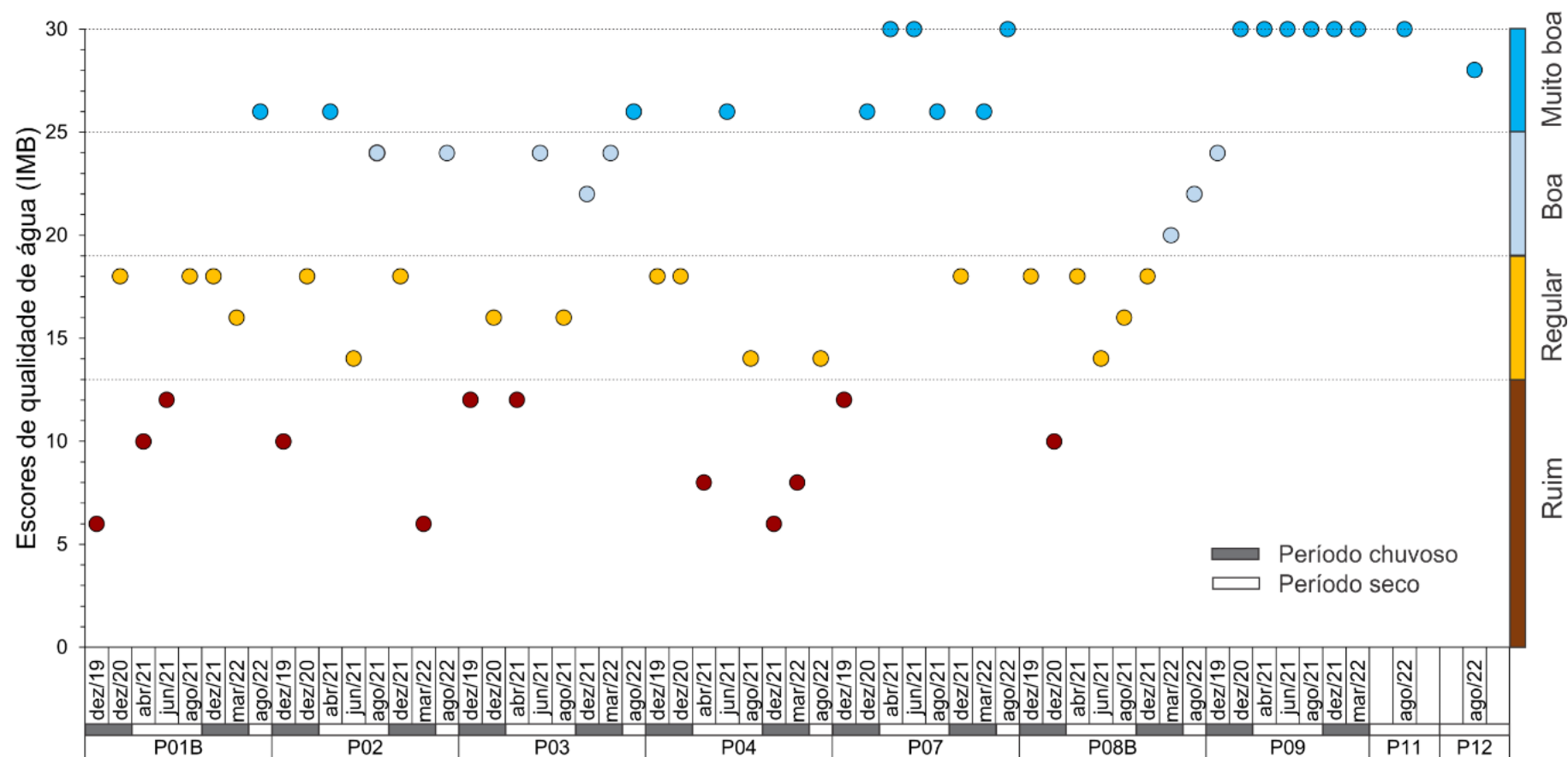
No ambiente Lagos, no período chuvoso, os coletores-catadores também foram mais abundantes e a maior proporção foi encontrada no Lago das Palmas com 70%. Nos lagos do Limão e do Óleo, as proporções de grupos tróficos foram mais equilibradas com maiores proporções de filtradores com 35% no Lago do Limão e 33% no Lago do Óleo. Fragmentadores foram mais presentes no Lago do Óleo (17%), enquanto que no Lago do Limão, os raspadores e predadores foram mais presentes (8 e 9%, respectivamente).

Durante o período seco, no Lago das Palmas, a situação se inverteu com a maior proporção de raspadores (76%). A maior proporção de coletores-catadores (57%) ocorreu no Lago do Óleo, enquanto no Lago do Limão as proporções foram mais equilibradas, com maiores proporções de filtradores e raspadores (32 e 26%, respectivamente).

A predominância de certos grupos tróficos funcionais, como os coletores-catadores pode ser um indicativo de desequilíbrio ambiental em que este grupo se beneficia se estabelecendo em altas proporções em relação aos demais grupos, considerando que os macroinvertebrados nesta classificação são associados a ambientes impactados, principalmente pela perda de habitat e qualidade físico-química da água.

3.25 QUALIDADE DE ÁGUA

Figura 35: Qualidade da água dos pontos amostrais obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022.



Na Figura 35 é apresentada a classificação da qualidade de água dos pontos amostrais obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB, Ferreira et al., 2011) com base na presença e abundância de macroinvertebrados bentônicos sensíveis, tolerantes e resistentes, durante o monitoramento do PMBA nos períodos chuvoso e seco na fase de transição e do Novo Ciclo. No geral o índice mostrou que os principais problemas de qualidade de água se concentram nos pontos amostrais da calha do Rio Doce mais a montante, como os pontos P01B e P02, e nos períodos chuvoso e seco de 2019 a junho de 2021. A melhora da qualidade da água foi observada ao longo do monitoramento, principalmente na amostragem de agosto de 2022 onde foi observado maior quantidade de trechos avaliados com água de muito boa qualidade incluindo os novos pontos de amostragens incorporados (P11-Rio Manhuaçu e P12 – Rio Doce/Aimorés).

4 ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS

Todas as atividades previstas foram realizadas.

5 REFERÊNCIAS

- ABDO, T. F.; MARCON L, BAZZOLI N. Downstream effects of a large reservoir on the reproductive activity of *Prochilodus hartii* (Pisces: Prochilodontidae). **Animal Reproduction Science**, v. 190, p. 102-107, 2018.
- AHLSTROM, E. H.; MOSER, H. G. Eggs and larvae of fishes and their role in systematic investigations and in fisheries. **Revue des Travaux de l'Institut des Pêches Maritimes**, v. 40, n. 3, p. 379-398, 1976.
- ALMEIDA, C. A. et al. Caracterização e avaliação do potencial de sorção dos rejeitos da mina de ferro após o desastre da barragem Samarco na bacia do rio Doce - Brasil. **Chemosphere**, v. 209, p. 411-420, 2018.
- ANDERSON, M. J. et al. Multivariate dispersion as a measure of beta diversity. **Ecology Letters**, v.9, n.6, p.683-693, 2006
- ANDRADE, M. C. et al. First account of plastic pollution impacting freshwater fishes in the Amazon: Ingestion of plastic debris by piranhas and other serrasalmids with diverse feeding habits. **Environmental Pollution**, v. 244, p. 766-773, 2019.
- ARANTES, F. P. et al. Profiles of sex steroids, fecundity, and spawning of the curimatã-pacu *Prochilodus argenteus* in the São Francisco River, downstream from the Três Marias Dam, Southeastern Brazil. **Animal Reproduction Science**, v. 118, n. 2-4, p. 330-336, 2010.
- ARAUJO-LIMA, et al. Transport of larval fish in the Amazon. **Journal of Fish Biology**, n. 53, p. 297-306, 1998.
- BEATTY, S.J. et al. The tropical South American cichlid, *Geophagus brasiliensis* in Mediterranean climatic south-western Australia. **Aquat. Invasions**, v. 8: p. 21-36, 2013.

BIALETZKI, A. et al. Drift of ichthyoplankton in two channels of the Paraná River, between Paraná and Mato Grosso do Sul States, Brazil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 42, n. 1, p. 53-60, 1999.

CALLISTO, M. et al. Aplicação de um protocolo de avaliação rápida da diversidade de habitats em atividades de ensino e pesquisa (MG-RJ). **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 14, n. 1, p. 91-98, 2002.

CASTRO, R. J. et al. Temporal distribution and composition of the ichthyoplankton from Leopoldo's Inlet on the Upper Paraná River floodplain (Brazil). **Journal of Zoology**, v. 256, n. 4, p. 437-443, 2002.

CÓRDOVA-TAPIA, F. et al. Trophic niche overlap between native and non-native fishes. **Hydrobiologia**, v. 746, p. 291-301, 2015.

CORTES, R. M. et al. Combining habitat and biological characterization: Ecological validation of the river habitat survey. **Limnetica**, v. 27, p. 39-56, 2008.

COSTA, C. et al. **Insetos imaturos. Metamorfose e Identificação**. Ribeirão Preto: Holos, 2006.

DIAS, R. M. et al. Fish trophic guild responses to damming: Variations in abundance and biomass. **River Research and Applications**, v. 36, n. 3, p. 430-440, 2020.

DOYLE, J. DNA Protocols for Plants. In: Hewitt, G.M., Johnston, A.W.B., Young, J.P.W. (eds) **Molecular Techniques in Taxonomy**. NATO ASI Series, Springer, Berlin, Heidelberg, v. 57, 1991.

ELLIS T, et al. **Fin erosion in farmed fish**. In: Branson E (ed) Fish welfare. Blackwell, Oxford, p. 121-149, 2008.

ESPINDOLA, H. S.; NODARI, E. S.; SANTOS, M. A. Rio Doce: Risks and Uncertainties of the Mariana Disaster (MG). **Revista Brasileira de História**, v. 39, p. 141-162, 2019.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 3, p. 564-567, 2010.

FEIO, M. J. et al. Defining and testing targets for the recovery of tropical streams based on macroinvertebrate communities and abiotic conditions. **River research and applications**, v. 31, n. 1, p. 70-84, 2015.

FERREIRA, F. F. et al. Impacts of the Samarco tailing dam collapse on metals and arsenic concentration in freshwater fish muscle from Doce River, southeastern Brazil. Integrated **Environmental Assessment and Management**, v. 16, n. 5, p. 622-630, 2020.

FERREIRA, W. R. et al. Development of a benthic multimetric index for biomonitoring of a neotropical watershed. **Brazilian Journal of Biology**, v. 71, p. 15-25, 2011.

FERREIRA, W. R. et al. Partitioning taxonomic diversity of aquatic insect assemblages and functional feeding groups in neotropical savanna headwater streams. **Ecological Indicators**, v. 72, p. 365-373, 2017.

FERNANDES, G. W. et al. Deep into the mud: ecological and socio-economic impacts of the dam breach in Mariana, Brazil. **Natureza & Conservação**, v. 14, n.2, p. 35-45, 2016.

FERNANDES, R. et al. Effects of the hydrological regime on the ichthyofauna of riverine environments of the Upper Paraná River floodplain. *Brazilian Journal of Biology*, v. 69, n. 2, p. 669-680, 2009.

FIGUEIREDO, J. L.; MENEZES, N. A. **Manual de Peixes Marinhos do Sudeste do Brasil**. II Teleostei. São Paulo: Museu de Zoologia da Universidade São Paulo, 1980.

FRAGOSO-MOURA, E. N. et al. Loss of biodiversity in a conservation unit of the Brazilian Atlantic Forest: the effect of introducing non-native fish species. **Brazilian Journal of Biology**, v. 76, p. 18-27, 2016.

FRANÇA, J. S.; CALLISTO, M. Coleção de macroinvertebrados bentônicos: ferramenta para o conhecimento da biodiversidade em ecossistemas aquáticos continentais. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 2, n. 1, p. 3-10, 2007.

FRIAS-TORRES, S. Notes on aquarium brood release and feeding of the opossum pipefish, *Microphis brachyurus lineatus*. **Gulf and Caribbean Research**, v. 16, n. 1, p. 73-75, 2004.

GARCIA, D. A. Z. et al. Características reprodutivas de peixes invasores no rio Paranapanema, bacia do alto rio Paraná, sul do Brasil. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 14, p. 511, 2019.

GARZA, J.C.; WILLIAMSON E.G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. **Molecular Ecology**, v. 10 p. 305-318, 2001.

GRÜNWARD, N. J.; GOSS, E. M. Evolution and population genetics of exotic and reemerging pathogens: traditional and novel tools and approaches. **Annual Review of Phytopathology**, v. 49, p. 249-267, 2011.

HAHN, N. S. Estrutura trófica da ictiofauna do reservatório de Itaipu (Paraná-Brasil) nos primeiros anos de sua formação. **Interciência**, v. 23, n. 5, 1998.

HAHN, N. S.; DELARIVA, L. R. Métodos para avaliação da alimentação natural de peixes: o que estamos usando? **Interciencia**, v. 28, n. 2, p 100-104, 2003.

HAMADA, N. et al. **Insetos aquáticos na Amazônia brasileira: taxonomia, biologia e ecologia**. Editora do INPA, Manaus. 2014.

HAMILTON, W.D. Extraordinary sex ratios. **Science**, v. 156, n. 3774, p. 477-488, 1967.

HAXTON, T. J; FINDLAY, C. S. Meta-analysis of the impacts of water management on aquatic communities. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 65, p. 437-447, 2008.

HELLAWELL, J. M.; ABEL, R. A rapid volumetric method for the analysis of the food of fishes. **Journal of fish Biology**, v. 3, n. 1, p. 29-37, 1971.

HERMES-SILVA, S. et al. Spatial and temporal distribution of ichthyoplankton in the upper Uruguay River, Brazil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, p. 52, v. 4, p. 933-944, 2009.

HYSLOP, E. J. Stomach contents analysis – a review of methods and their application. **Journal of Fish Biology**, v. 17, n. 4, p. 411-429, 1980.

JOMBART, T. et al. Adephylo: new tools for investigating the phylogenetic signal in biological traits. **Bioinformatics**, v. 26, n. 15, p. 1907-1909, 2010.

KORSØEN Ø, et al. Long-term submergence of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) during winter affects behaviour, growth and condition. **Aquaculture**, v. 296, p. 373-381, 2009.

LIMA, F. C. T. A revision of the cis-andean species of the genus *Brycon* Müller & Troschel (Characiformes: Characidae). **Zootaxa**, v. 4222, n. 1, p. 1–189-1–189, 2017.

LOPES, C. A. et al. Temporal distribution of ichthyoplankton in the Forquilha River upper Uruguay River—Brazil: Relationship with environmental factors. **Acta Scientiarum Biological Sciences**, v. 36, n. 1, 59-65, 2014.

LOWE-MCCONNELL, R. H. Respostas dos Peixes às Condições em Águas Tropicais. In: Lowe-McConnell RH. **Ecological Studies in Tropical**. Cambridge University Press, London, 1987.

LEGENDRE, P. A temporal beta-diversity index to identify sites that have changed in exceptional ways in space–time surveys. **Ecology and Evolution**, v. 9, n. 6, p. 3500-3514, 2019.

LUBZENS, E. et al. Oogenesis in teleosts: how eggs are formed. **General and Comparative Endocrinology**, v. 165, p. 367-89, 2010.

LYRA, B. U.; RIGO, D. Impacto do desmatamento no regime de descargas na Bacia do Rio Doce. **Revista Ambiente & Água**, v. 14, 2019.

MARQUES, M. M. G. S. M. et al. Distribution and abundance of Chironomidae (Diptera, Insecta) in an impacted watershed in south-east Brazil. **Revista Brasileira de Biologia**, v. 59, p. 553-561, 1999.

MEDEIROS, A. P. M. D. et al. Diet and trophic organization of the fish assemblage from the Mamanguape River Estuary, Brazil. **Latin American Journal of Aquatic Research**, v. 45, n. 5, p. 879-890, 2017.

MERRITT, R. M.; CUMMINS, K. W. **An introduction to the aquatic insects of North America**. Kendall Hunt, 1996.

MOLOZZI, J. et al. Diversity of physical habitat and its relationship with benthic macroinvertebrates in urban reservoirs in Minas Gerais. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 101, n. 3, p. 191-199, 2011.

MUGNAI, R. et al. Manual de identificação de macroinvertebrados aquáticos do Estado do Rio de Janeiro: para atividades técnicas, de ensino e treinamento em programas de avaliação da qualidade ecológica dos ecossistemas lóticos. Rio de Janeiro: **Technical Books**, 2010.

NAKATANI, K. et al. Ovos e larvas de peixes de água doce: Desenvolvimento e manual de identificação. Maringá, PR: **Eduem**, 2001.

NIKOLSKY, G. V. **The ecology of fishes**. Neptune City: TFH Publications; 1978.

NORMANDO, F. T. et al. Impact of the Três Marias dam on the reproduction of the forage fish *Astyanax bimaculatus* and *A. fasciatus* from the São Francisco River, downstream from the dam, southeastern Brazil. **Environmental Biology of Fishes**, v. 97, p. 309-319, 2014.

PASCHOALINI, A. L. et al. Heavy metals accumulation and endocrine disruption in *Prochilodus argenteus* from a polluted neotropical river. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 169, p. 539-550, 2019.

PAUKERT, C.; ROGERS, R. S. Factors affecting condition of flannelmouth suckers in the Colorado River, Grand Canyon, Arizona. North American **Journal of Fisheries Management**, v. 24, n. 2, p. 648-653, 2004.

PELICICE, F. M. et al. A. Neotropical freshwater fishes imperilled by unsustainable policies. **Fish and Fisheries**, v. 18, n. 6, p. 1119-1133, 2017.

PEREIRA, R. A. C.; RESENDE, E. K. Alimentação de *Gymnotus* cf. *carapo* (Pisces: Gymnotidae) e suas relações com a fauna associada às macrófitas aquáticas no Pantanal, Brasil. Corúmba: **Embrapa Pantanal-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, 2006.

PFEIFFER, W. C. et al. Environmental fate of mercury from gold mining in the Brazilian Amazon. **Environmental Reviews**, v. 1, n. 1, p. 26-37, 1993.

PRITCHARD, J. K. et al. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* v.155 p. 945-959, 2000.

R Core Team. R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2019. (URL <https://www.R-project.org/>.)

RRDM, Rede Rio Doce Mar. Relatório Anual – Anexo 7 Ictiofauna Dulcícola. RT-24, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. 232 pag. 2019.

RRDM, Rede Rio Doce Mar. Relatório Anual do PMBA/Fest-RRDM – Sumário Executivo. RT-36A, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. 16 pag. 2020.

RRDM, Rede Rio Doce Mar. Relatório Anual do PMBA/Fest-RRDM – Evolução espaço-temporal do Ambiente Dulcícola. RT-39B, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. p. 613, 2022.

ROSA, G. R. et al. 2018. Spatial and temporal distribution of ichthyoplankton during an unusual period of low flow in a tributary of the São Francisco River, Brazil. *River Research and Applications*, v. 34, n. 1, p. 69-82.

SANTOS, M. N.; ROCHA, G. R. A. **Dieta e hábitos alimentares de *Eucinostomus gula* (Quoy & Gaimard, 1824) em Itacaré, sul da Bahia**. Anais do VIII CEB. Caxambu-MG, 2007.

SAVASSI, L. A. et al. Heavy metal contamination in a highly consumed Brazilian fish: immunohistochemical and histopathological assessments. **Environ Monit Assess**, v.192, n. 8, p. 542, 2020.

SAVASSI, L. A. et al. Heavy metals and histopathological alterations in *Salminus franciscanus* (Lima & Britski, 2007) (Pisces: Characiformes) in the Paraopeba River, Minas Gerais, Brazil. **Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology**, v. 96, n. 4, p. 478-483, 2016.

SILVA, F. R. et al. **Análises Ecológicas no R. Ulysses Paulino de Albuquerque (editor)**. 1ª edição, Recife-PE: São Paulo: NUPEEA: Canal 6, P. 640, 2022.

SILVANO, R. A. Feeding habits and interspecific feeding associations of *Caranx latus* (Carangidae) in a subtropical reef. **Environmental Biology of Fishes**, v. 60, n. 4, p. 465-470, 2001.

SILVEIRA, E. L. et al. Reproductive dynamics, age and growth of *Astyanax aff. fasciatus* in a Neotropical basin. **Marine and Freshwater Research**, v. 71, p. 670–683, 2020.

SLOOFF, W. Skeletal anomalies in fish from polluted surface waters. **Aquat Toxicol**, v. 2, p. 157-173, 1992.

TANAKA, S. Stock assessment by means of ichthyoplankton surveys. **FAO Fisheries Technical Paper**, v. 122, p. 33-51, 1973.

VANNOTE, R. L. et al. The river continuum concept. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 37, n. 1, p. 130-137, 1980.

VAZZOLER, A. E. **Biologia da reprodução de peixes teleósteos: teoria e prática**. EDUEM, Maringá, p. 169, 1996. WEBER, A. A. et al. Downstream impacts of a dam and influence of a tributary on the reproductive success of *Leporinus reinhardtii* in São Francisco River. **Aquatic Biology**, v. 19, p. 195-200, 2013.

WOOTTON, R. J. **Ecology of teleost fishes**. **Fish and Fisheries**, Chapman and Hall, UK. pp. 404. 1990.

WRIGHT, S. Genetical Structure of Populations. **Nature**, v.166, p. 247-249, 1950.