

**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- 44/ NOV 23**

**RSE2023 PMBA/Fest**

Vitória,

Novembro de 2023

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL .....</b>	<b>4</b>
<b>2</b>	<b>RESULTADOS DOS INDICADORES .....</b>	<b>4</b>
	<b>INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA ECOLOGIA .....</b>	<b>5</b>
2.1	RIQUEZA DE ESPÉCIES.....	5
2.2	PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS .....	13
2.3	BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS .....	16
2.4	DIVERSIDADE BETA.....	17
2.5	DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES.....	29
2.6	EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS .....	34
2.7	PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS .....	38
2.8	RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS NA CALHA DO RIO DOCE E NOS LAGOS .....	40
2.9	ESTÁGIO DE MATURAÇÃO.....	43
2.10	RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS) .....	51
	<b>INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA GENÉTICA .....</b>	<b>53</b>
2.11	DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES.....	53
2.12	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES .....	63
2.13	REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS.....	64
2.14	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES.....	65
2.15	DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE	138
2.16	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE .....	140
	<b>INDICADORES TEMA ICTIOPLÂNCTON .....</b>	<b>141</b>
2.17	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE OVOS E LARVAS .....	141

2.18	DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS .....	147
2.19	INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS .....	153
2.20	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS .....	157
<b>INDICADORES DO TEMA MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS .....</b>		<b>161</b>
2.21	RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS .....	161
2.22	ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS .....	173
2.23	QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO .....	175
2.24	GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS .....	177
2.25	QUALIDADE DE ÁGUA .....	179
<b>3</b>	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>180</b>

## 1 HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL

O histórico de malha e frequências 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 continuidade do monitoramento, apresentadas e aprovadas em 2022, visando o “Novo Ciclo do PMBA/Fest”.

As modificações implementadas se encontram nos seguintes Materiais Suplementares: 1) **MS – Malha e Frequência amostral**, 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 histórica 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, à exceção do grupo da Ecotoxicologia, que iniciou a amostragem referente ao Novo Ciclo em janeiro de 2023.

## 2 RESULTADOS DOS INDICADORES

Nesta seção serão apresentados os resultados dos indicadores de qualidade ambiental e da biodiversidade aquática do Tema, os quais foram desenvolvidos pelo PMBA/Fest e obtidos ao longo do monitoramento (setembro/2018 – janeiro/2023) na área ambiental I e na área de controle (Rio Manhuaçu), a partir de agosto de 2022. Vale ressaltar que, os indicadores aqui apresentados têm como propósito clarificar e sintetizar a historicidade dos resultados, interpretação e conclusões do monitoramento, promovendo o acompanhamento espaço-temporal da qualidade ambiental e biodiversidade, além de configurarem importantes ferramentas de suporte aos gestores ambientais. A partir destes indicadores, pode-se identificar os impactos com relação direta ou indireta ao rompimento da Barragem de Fundão, em Mariana (MG).

Os indicadores do PMBA/Fest vêm se consolidando ao longo do monitoramento e, seguindo a proposta estabelecida desde o Relatório Anual de 2022 (RA2022), a apresentação dos resultados será 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

### 2.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES

Tabela 1: Lista de espécies coletadas durante o monitoramento e origem histórica na bacia. (\*) Espécies de habitats marinhos e estuarinos.

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

ORDEM Família Espécie	Origem
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	Nativa
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa
<b>Bryconidae</b>	
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida
<b>Characidae</b>	
<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
<b>Crenuchidae</b>	
<i>Characidium cricareense</i>	Nativa
<b>Erythrinidae</b>	
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	Nativa
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa
<b>Prochilodontidae</b>	
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida
<i>Prochilodus vimboides</i>	Nativa
<b>Serrasalminidae</b>	
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida

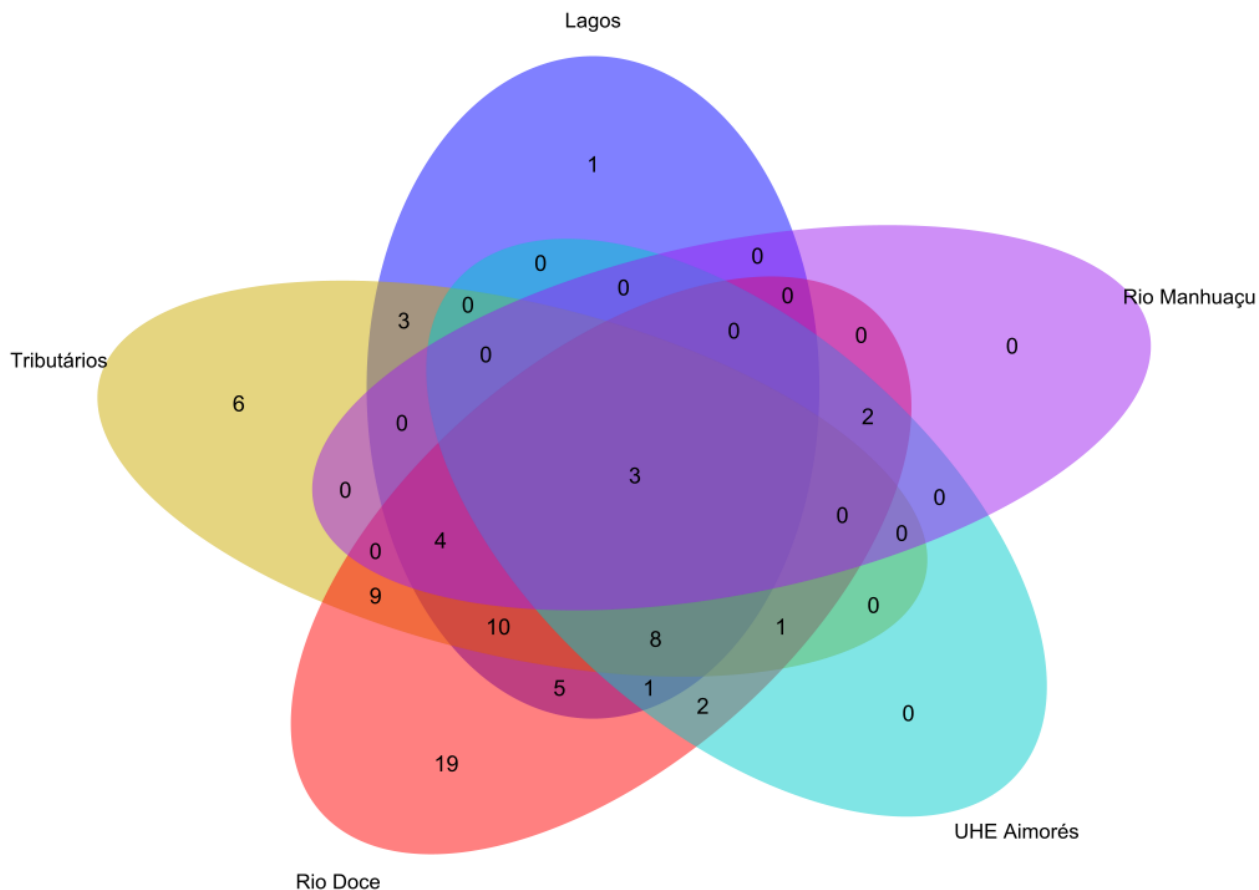
ORDEM Família Espécie	Origem
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida
<b>CICHLIFORMES</b>	
<b>Cichlidae</b>	
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida
<i>Astronotus ocellatus</i>	Introduzida
<i>Australoheros ipatinguensis</i>	Nativa
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida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

ORDEM Família Espécie	Origem
<b>Gymnotidae</b>	
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	Introduzida
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida
<b>MUGILIFORMES</b>	
<b>Mugilidae</b>	
<i>Mugil curema*</i>	Nativa
<b>SILURIFORMES</b>	
<b>Ariidae</b>	
<i>Genidens genidens*</i>	Nativa
<b>Auchenipteridae</b>	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa
<b>Callichthyidae</b>	
<i>Corydoras aff. aeneus</i>	Nativa
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida
<b>Clariidae</b>	
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida
<b>Heptapteridae</b>	
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa
<b>Loricariidae</b>	
<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
<b>Pimelodidae</b>	

ORDEM Família Espécie	Origem
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida
<b>Pseudopimelodidae</b>	
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	Introduzida
<b>Trichomycteridae</b>	
<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
<b>SYNBRANCHIFORMES</b>	
<b>Synbranchidae</b>	
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida
<b>SYNGNATHIFORMES</b>	
<b>Syngnathidae</b>	
<i>Microphis lineatus</i> *	Nativa

A riqueza taxonômica qualitativa é representada por 75 espécies de peixes, sendo desse montante 52 espécies nativas e 23 espécies introduzidas no Baixo Rio Doce (Tabela 2). Além disso, 16 espécies de habitats marinhos ou estuarinos são encontradas no ambiente dulcícola, o que demonstra a importância desse ambiente como berçário ou área de reprodução para essas espécies.

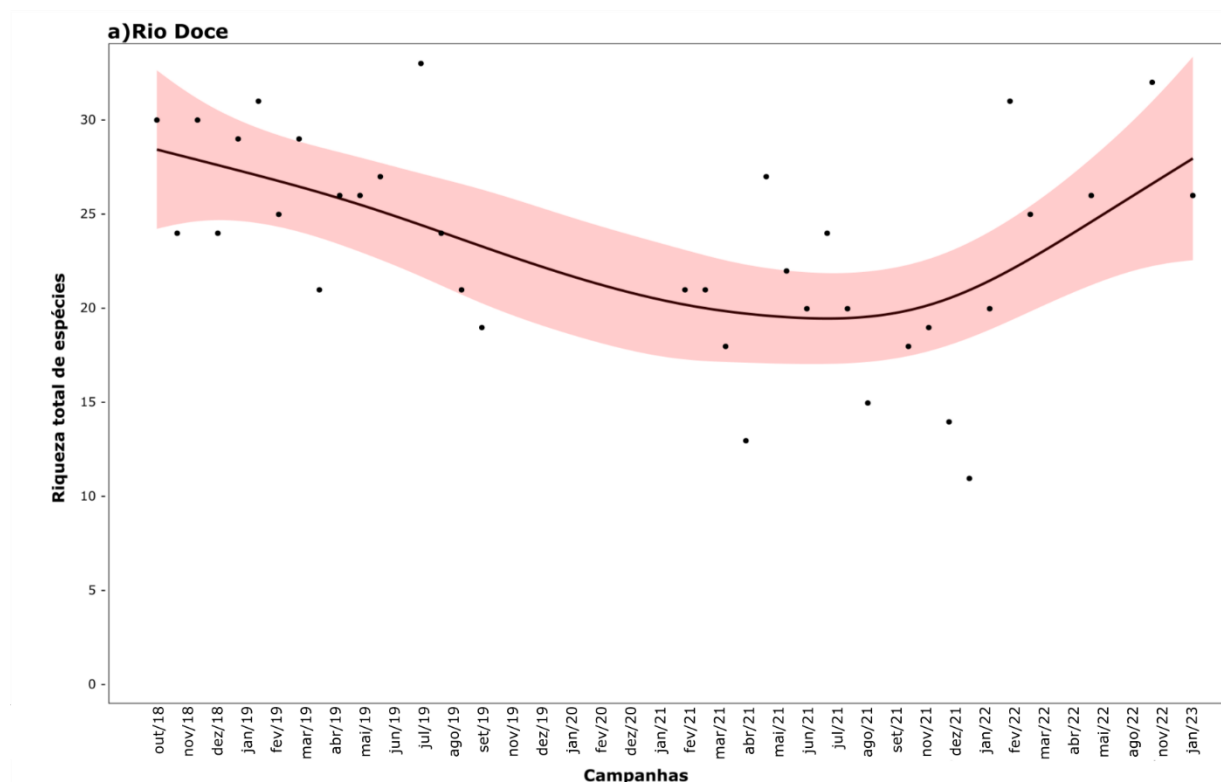
Figura 1: Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de espécies entre as comunidades em cinco ambientes: i) Rio Doce; ii) Lagos; iii) Rio Manhuaçu; iv) Tributários e v) Reservatório UHE Aimorés.

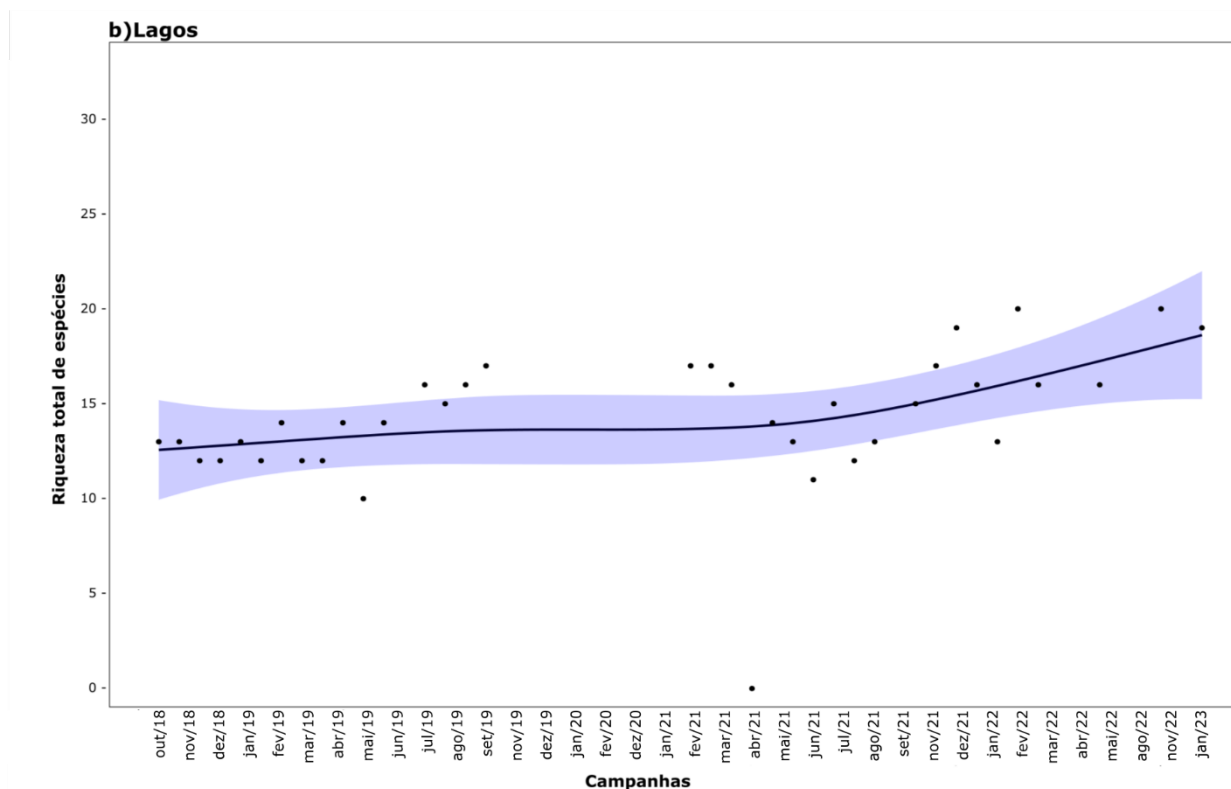


Conforme o diagrama (Figura 1) é possível observar que nos ambientes Lagos e Tributários (Córrego São Pedro Frio e Ribeirão Palmas), possuem uma e seis espécies de ocorrência exclusiva respectivamente, enquanto a calha do Rio Doce apresenta 19. O Rio Manhuaçu e o Reservatório da UHE Aimorés não apresentaram nenhuma espécie exclusiva, porém, compartilham espécies com os outros ambientes. Dessa maneira, é possível observar que o ambiente mais dissimilar e com maior riqueza de espécies, entre os quatro, é a calha do Rio Doce. Com base em nossos dados, fica evidente a importância dos tributários para a comunidade de peixes do Rio Doce, enquanto os lagos se mostram um reservatório e/ou refúgio de espécies, pois compartilham espécies com todos os outros ambientes, com exceção do Rio Manhuaçu. O Rio Manhuaçu é um tributário importante, sua fauna representa um acréscimo potencial de várias espécies de peixes à calha do Rio Doce, porém, como foi adicionado recentemente a malha amostral, sua representatividade nessa análise ainda é baixa, provavelmente devido as difíceis condições de coleta. De fato, o Rio Manhuaçu é refúgio para espécies endêmicas, sendo uma delas considerada criticamente em perigo (CR), o Surubim do Rio Doce (*Steindachneridion*

*doceanum*). A fauna de peixes do Rio Manhuaçu é composta por 71 espécies de peixes nativas, 11 ameaçadas de extinção e 28 espécies introduzidas, sendo que somente em seu médio curso do rio apresenta uma riqueza superior a 70 espécies (MARQUES et al., 2013). O Rio Manhuaçu deságua no Rio Doce, num trecho sujeito a poderosos efeitos determinados por duas usinas hidrelétricas. A foz encontra-se à jusante da Usina Eliezer Batista (UHE Aimorés) e à montante da Usina Marechal Mascarenhas de Moraes (UHE Mascarenhas). As barragens caracterizam-se por gerar grandes pressões antrópicas na ictiofauna dos rios (AGOSTINHO et al., 2016; WINEMILLER et al., 2016). Segundo Vannote et al. (1980), sob condições naturais, sistemas lóticos mostram gradientes contínuos de fatores químicos que resultam em um “contínuo de ajustes biológicos” benéficos ao ambiente. A interrupção deste contínuo pode ocorrer por ações antropogênicas, como a construção de reservatórios e descarga de resíduos (MALMQVIST e RUNDLE, 2002). A instalação de uma hidrelétrica modifica o curso do rio criando um ambiente lêntico artificial que determina a homogeneização do ecossistema fluvial e altera a qualidade da água, a diminuição da turbidez e do oxigênio dissolvido (DENDY e COOPER, 1984; AGOSTINHO et al., 2007a). Essas mudanças podem levar à redução da riqueza e mudanças na composição da ictiofauna, o que favorece espécies mais generalistas, onívoras, introduzidas, as quais se caracterizam por serem mais tolerantes às condições prevalentes em ambientes alterados e impactados, como observado durante o monitoramento do PMBA/Fest (AGOSTINHO et al., 2007a; SMITH et al., 2018; MUNIZ et al., 2021) Esta prevalência de espécies tolerantes também contribui para a diminuição gradual da abundância de espécies nativas (SALVADOR et al., 2022).

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





Com relação às flutuações temporais para riqueza taxonômica, observa-se uma tendência ao aumento do número de espécies, na calha do Rio Doce a partir de janeiro de 2022. A mesma tendência foi observada nos lagos, mas nesse ambiente a tendência começou a partir de março de 2021 (Figura 2).

Como discutido anteriormente, os sinais do empobrecimento taxonômico da comunidade de peixes são alarmantes, o que pode levar ao aumento da vulnerabilidade e extinções locais de espécies, por vezes endêmicas da calha do Rio Doce. Este é o caso específico da redução significativa da detecção do Grumatá *Prochilodus vimboides* (com apenas 4 espécimes coletados ao longo do monitoramento PMBA/Fest) e da Piabanha *Brycon dulcis*, sendo que essa última ainda não foi amostrada durante o monitoramento e era reportada para a porção baixa do Rio Doce antes do rompimento da Barragem de Fundão (LIMA, 2017). O sumiço das Piabanhas, espécies do gênero *Brycon*, é alarmante já que são boas indicadoras de alta qualidade do ambiente, sendo intolerantes a distúrbios antrópicos, como destruição da mata ciliar, represamento e poluição da água (LIMA, 2017). A tendência à diminuição das espécies na calha do Rio Doce já é observada há anos, mas tornou-se mais evidente nos últimos dois anos de monitoramento, que poderia ser explicada por um aporte dos tributários à calha do Rio Doce, logo após a passagem de rejeito de minério, mas que decresceu ao longo do monitoramento do PMBA/Fest possivelmente porque as espécies não conseguiram estabelecer populações viáveis a longo prazo. Outra hipótese é que não houve o processo de recolonização e que o atual declínio ocorre pelo recrudescimento de uma série de fatores, pelo menos parcialmente decorrentes da passagem do rejeito de minério da barragem de Fundão.



## 2.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

Figura 3: Variação temporal da abundância das espécies nativas (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.

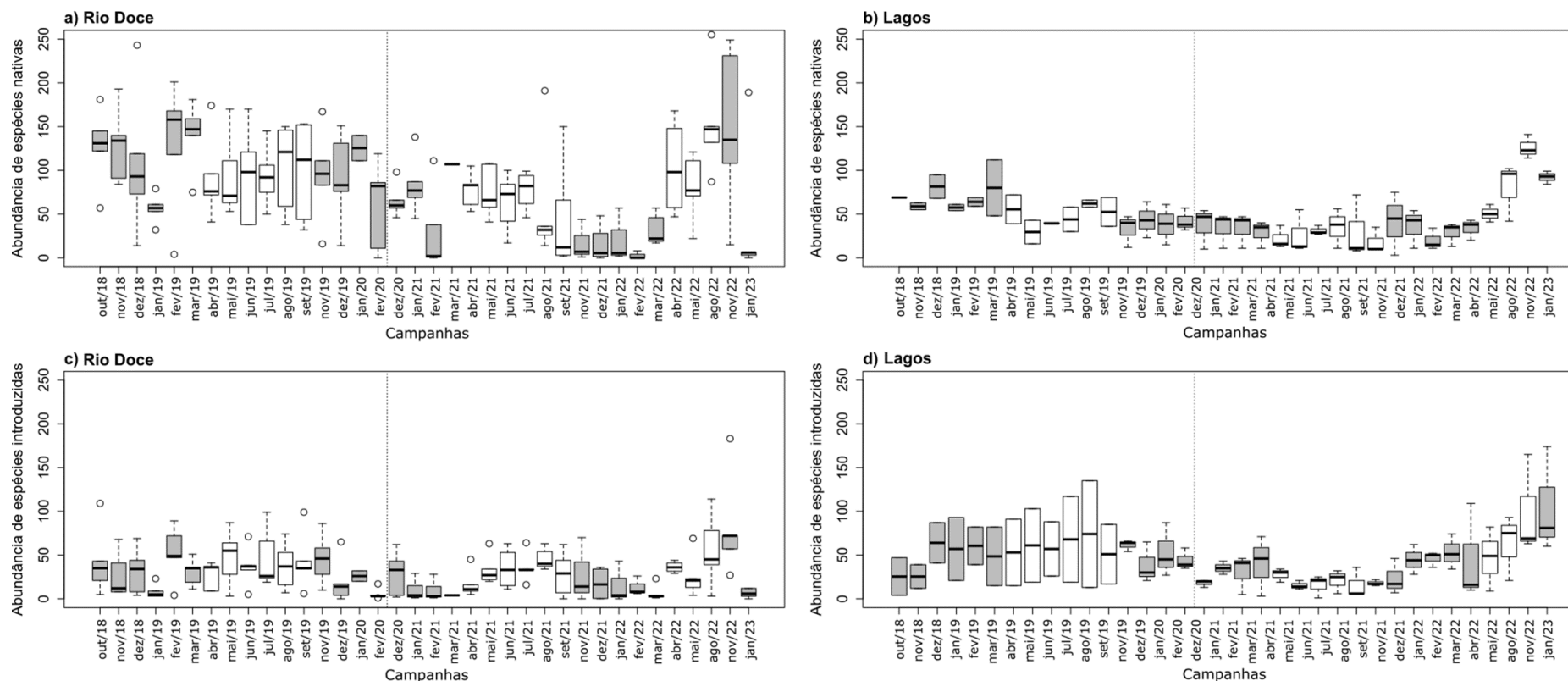
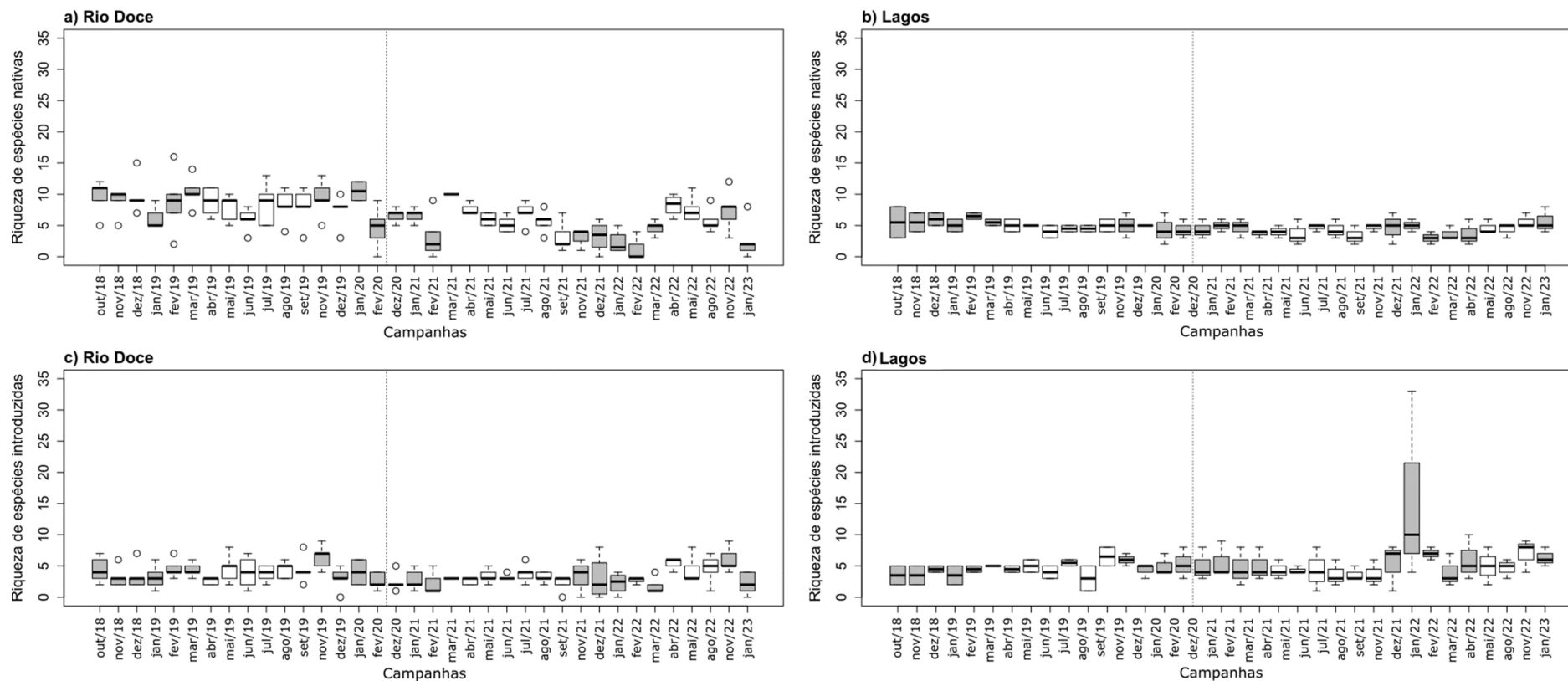


Figura 4: Variação temporal da riqueza de espécies nativas (a) e (b), e introduzidas (c) e (d), nos ambientes da calha do Rio Doce e nos Lagos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.

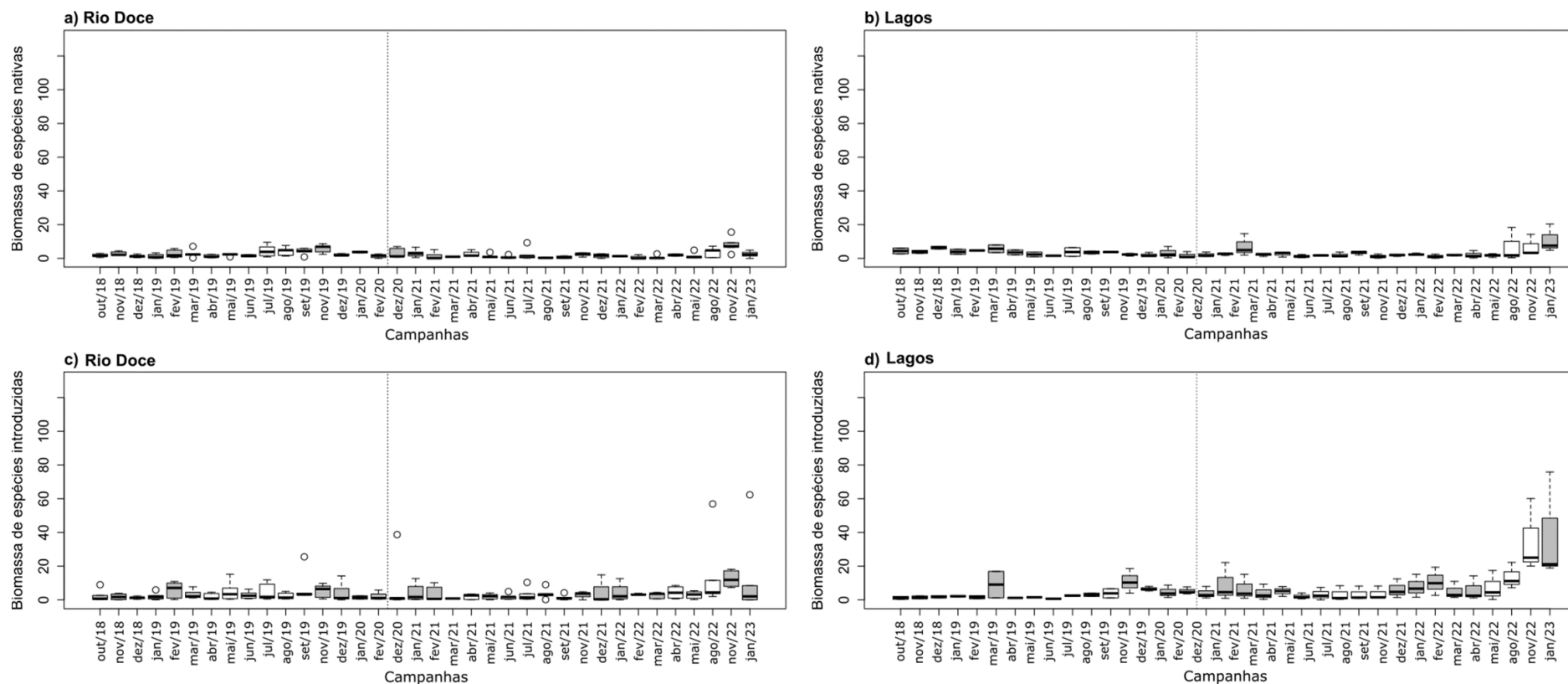


Observando a Figura 3, nota-se uma oscilação na abundância de espécies nativas e introduzidas ao longo dos meses de monitoramento, tanto nos ambientes de calha, quanto nos ambientes de lagos. A abundância das espécies nativas apresentou uma tendência de redução nos ambientes calha do Rio e lagos até atingir a campanha de fevereiro de 2022. A partir dessa campanha, houve um aumento na abundância das espécies nativas nos dois ambientes amostrados. Por outro lado, as espécies introduzidas não apresentaram uma tendência tão evidente na calha do Rio. Contudo, nos lagos a abundância das espécies introduzidas reduziu-se até a campanha de dezembro de 2021. Posteriormente, houve um aumento na abundância das espécies introduzidas até atingir altos valores as últimas campanhas do monitoramento (novembro de 2022 e janeiro de 2023).

A variação temporal na riqueza de espécies nativas e introduzidas nos ambientes lagos e calha do Rio Doce (Figura 4) apresenta, como traço comum, o declínio de todas as espécies, sendo esta queda mais evidente nas espécies nativas, em comparação com as espécies introduzidas. Comparando os ambientes entre si, a riqueza de espécies nativas na calha é maior nos lagos, porém com uma maior amplitude de variação ao longo do tempo, com picos de crescimento no período seco e de decréscimo no período chuvoso (provavelmente refletindo as condições diferenciadas de coleta entre as duas estações). Contudo, nas últimas campanhas (novembro de 2022 e janeiro de 2023), a riqueza de espécies nativas tem demonstrado uma tendência mais evidente de diminuição. Em contrapartida, nestes últimos períodos, a riqueza nos lagos apresentou uma taxa de variação mais estável em relação à calha, com uma leve tendência de crescimento. Porém, é importante ressaltar que a quantidade total de espécies nativas na calha do Rio Doce é superior à dos lagos.

## 2.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

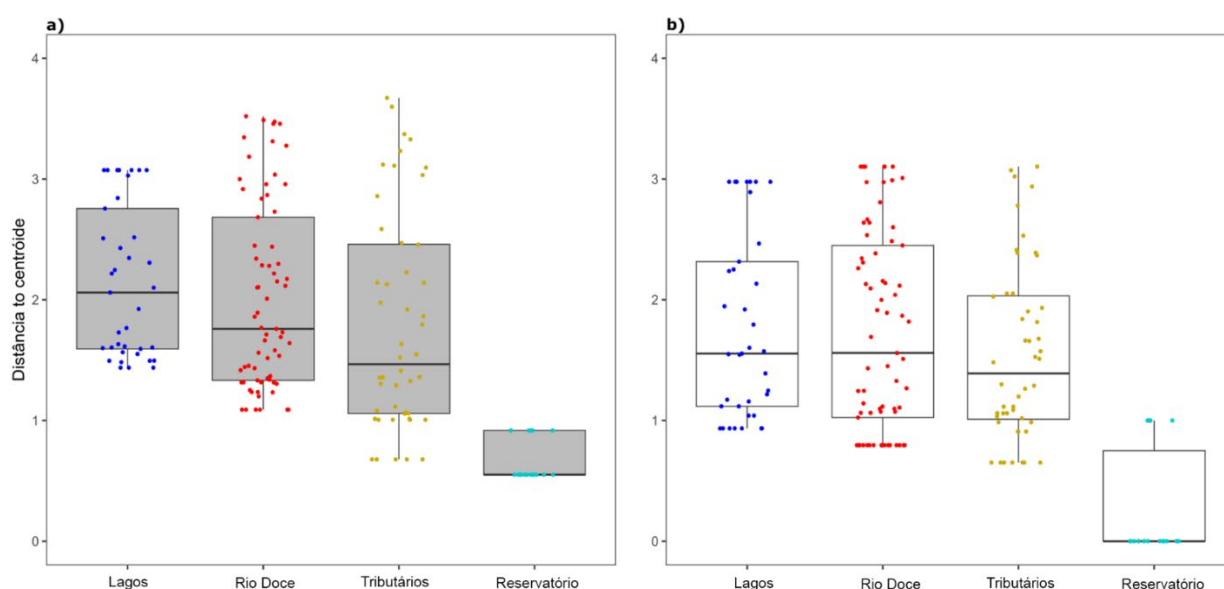
Figura 5: Variação temporal da biomassa das espécies nativas em a) e b), e introduzidas c) e d), nos ambientes da calha do Rio Doce e nos Lagos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



Dentre os indicadores observados, a relação proporcional da biomassa das espécies nativas com as espécies introduzidas tem sido a tendência mais evidente ao longo do tempo. Observa-se que na calha do Rio Doce, as espécies nativas apresentam um padrão estável ao longo dos anos, enquanto que a biomassa das nativas nos lagos mostrou uma tendência ao aumento a partir da campanha de dezembro de 2021. Em contraste, a biomassa das espécies introduzidas tem apresentado maior flutuação na calha do rio e uma forte tendência ao aumento nos lagos. A biomassa das espécies nativas possui uma tendência a estabilidade (Figura 5), apresentando pequenos picos de crescimento nos períodos secos na calha do Rio Doce e, para os Lagos, os picos se concentram nos períodos chuvosos. No entanto, é perceptível que nas últimas campanhas (novembro de 2022 e janeiro de 2023).que na calha do Rio Doce, a biomassa das espécies nativasapresentou uma leve tendência de aumento seguido de uma queda brusca na última campanha (janeiro de 2023). Em contraste, nos lagos, observa-se uma tendência de crescimento vertiginoso no mesmo período. Já a biomassa das espécies introduzidas, tanto na calha do Rio Doce quanto nos lagos, apresenta uma tendência ao equilíbrio, com alguns picos de aumento da biomassa durante os períodos chuvosos nos lagos. Contudo, observa-se uma taxa maior de crescimento da biomassa das espécies exóticas no ambiente de lagos, enquanto na calha do Rio Doce, o pico de crescimento é acompanhado de uma grande queda na última campanha (janeiro de 2023).

## 2.4 DIVERSIDADE BETA

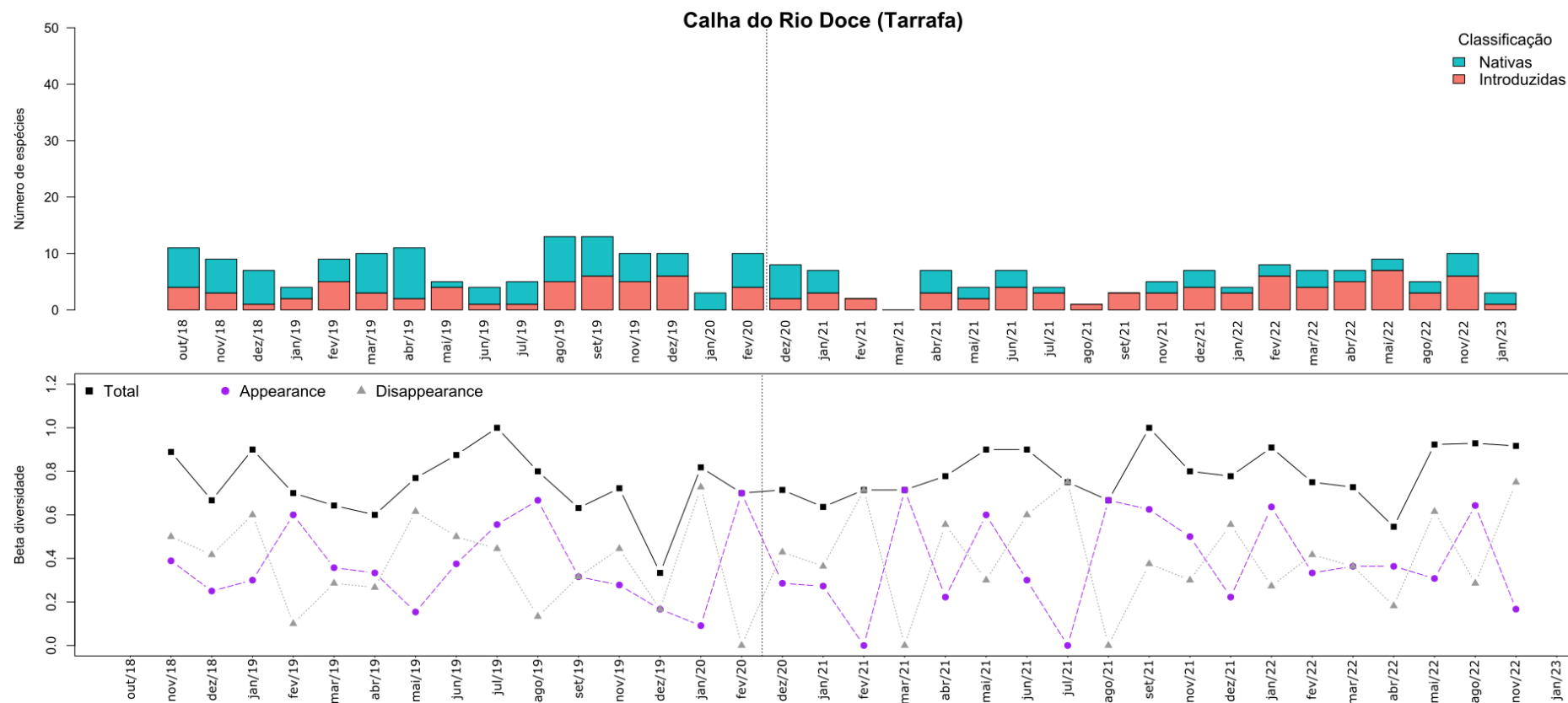
Figura 6: Diversidade beta taxonômica para Lagos (azul escuro), Rio Doce (vermelho), Tributários (amarelo) e Reservatório UHE Aimorés (azul claro).A cor cinza representa os períodos chuvosos (a), e corbranca, os períodos secos(b).

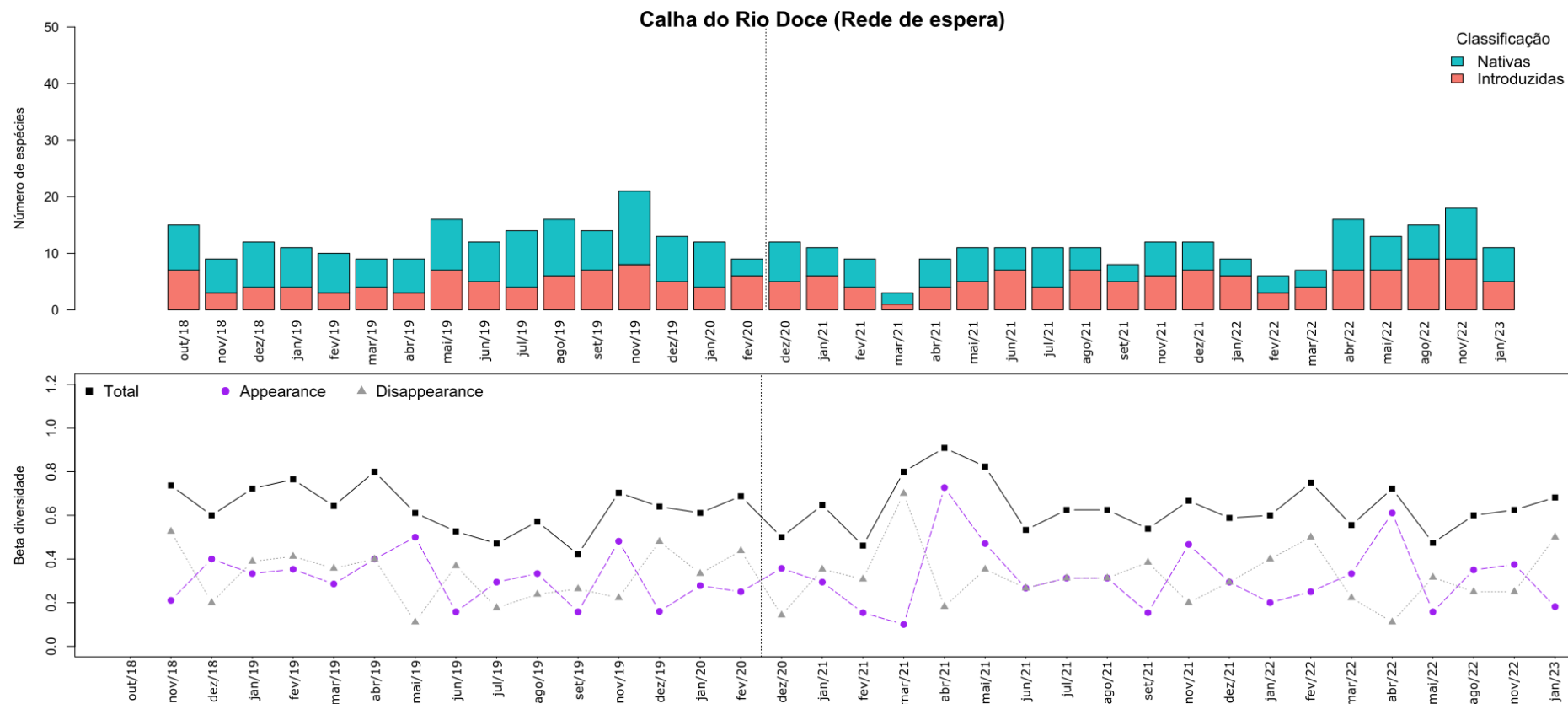


De acordo com a Figura 6, nota-se que para os ambientes lênticos (lagos), a média dos centríolos apresentou variação mínima na comparação entre os períodos sazonais, chuvoso e seco. Entretanto, para o ambiente lótico (calha do Rio Doce e tributários), a média dos centríolos apresentou variação na comparação entre os períodos sazonais, com um aumento da diversidade beta nos períodos seco e

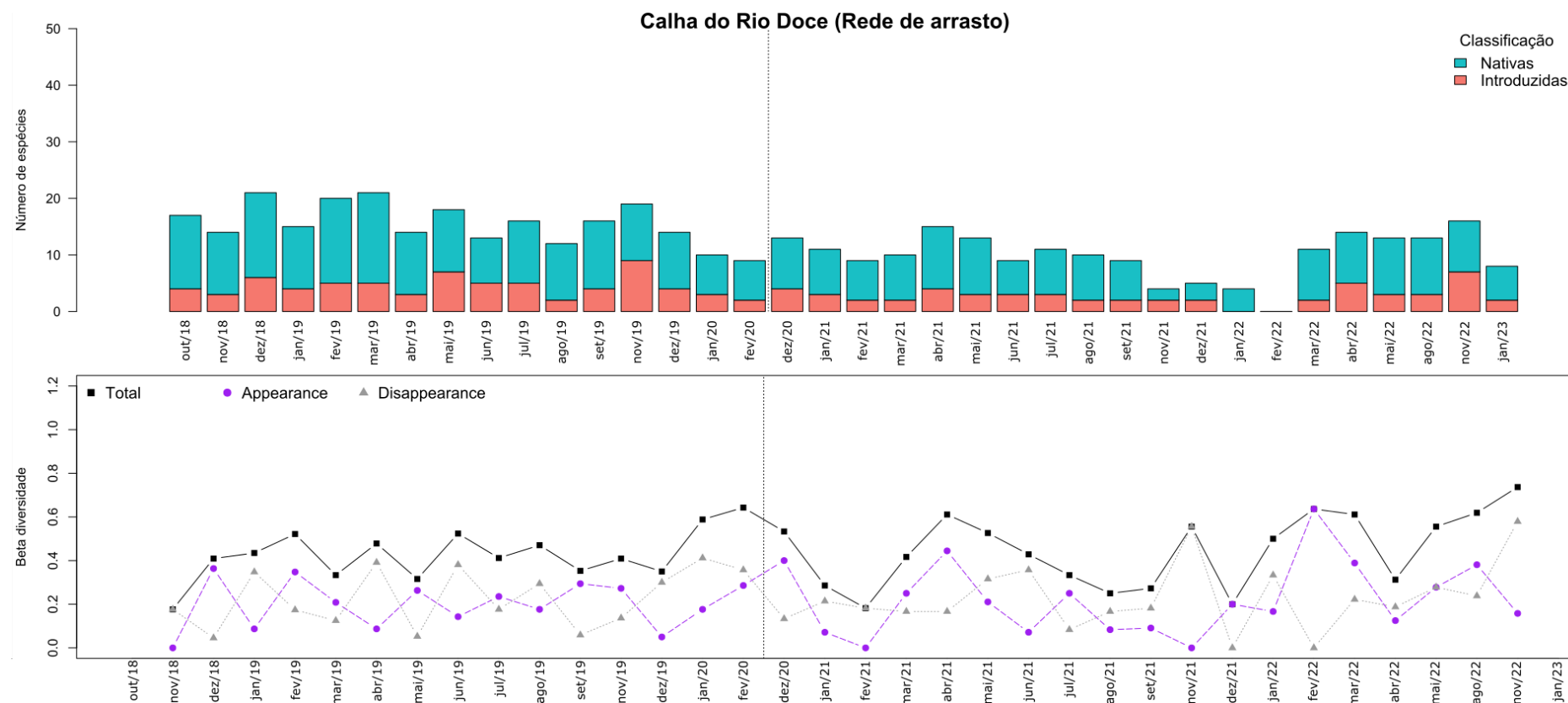
chuvoso, enquanto no ambiente do reservatório, as variações foram menores. Desse modo, as populações se mostram mais heterogêneas nos ambientes, com exceção do ambiente Reservatório, que podem ser explicadas pelo baixo tamanho amostral nas três campanhas realizadas no novo ciclo do PMBA/Fest em agosto de 2022, novembro de 2022 e janeiro de 2023.

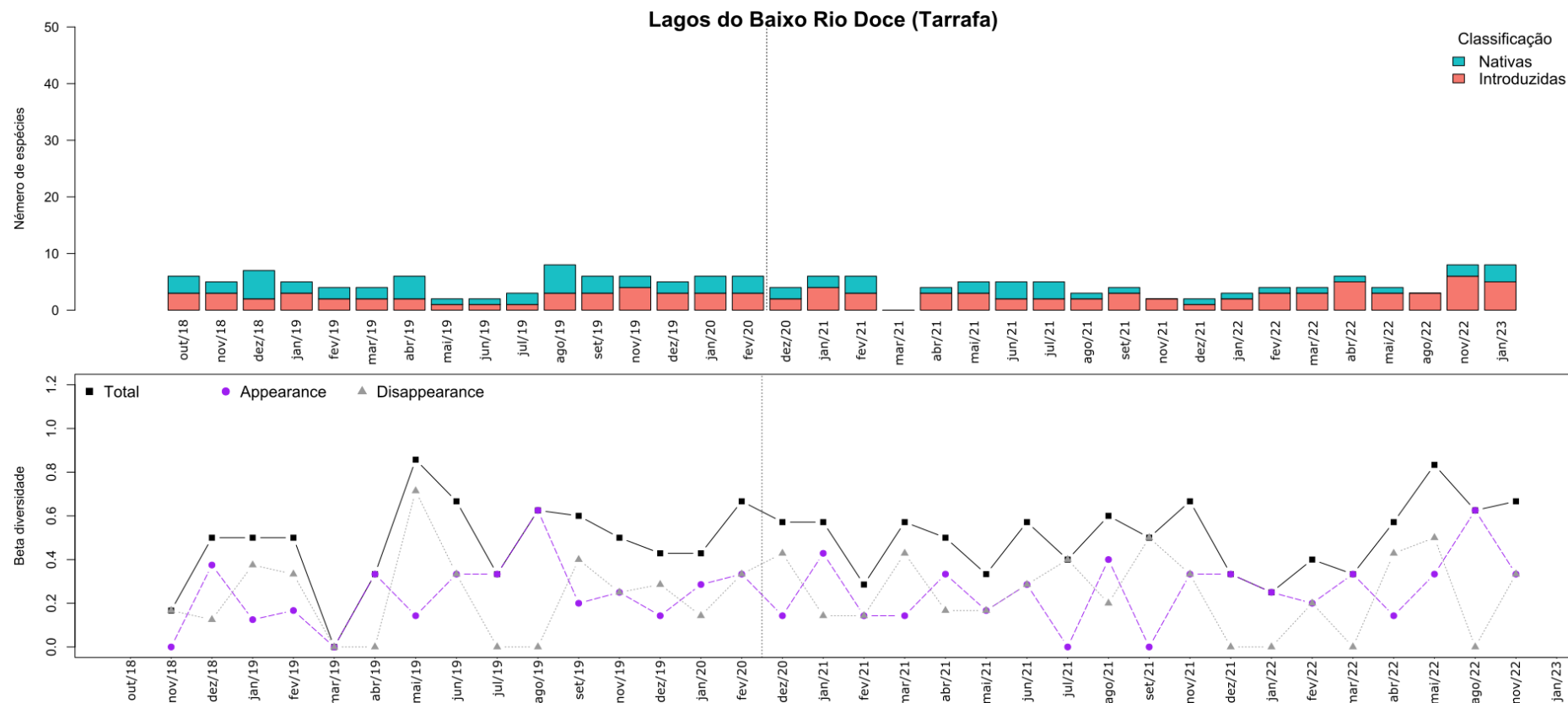
Figura 7: Evolução Temporal da Beta Diversidade em Lagos, Rio Doce e nos tributários, conforme diferentes petrechos de coleta.

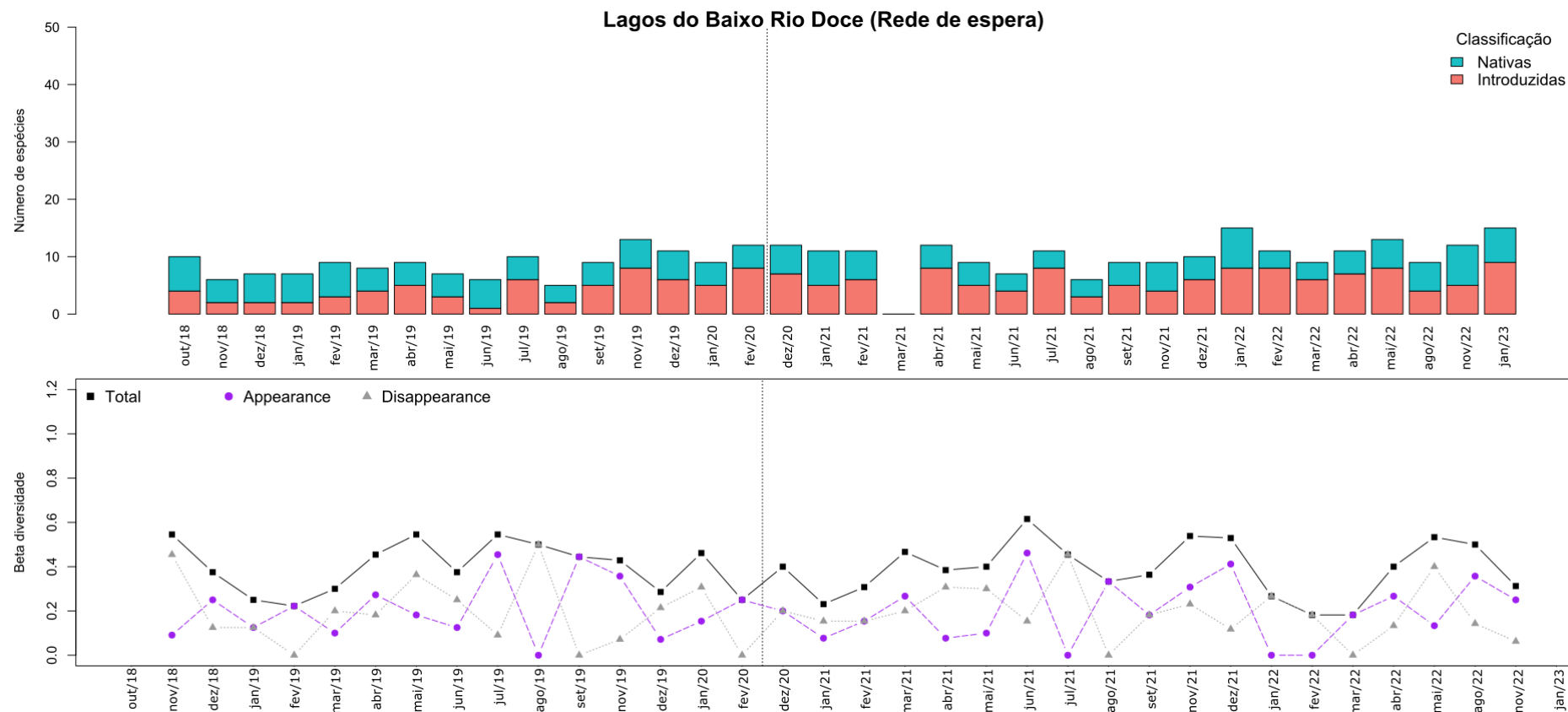


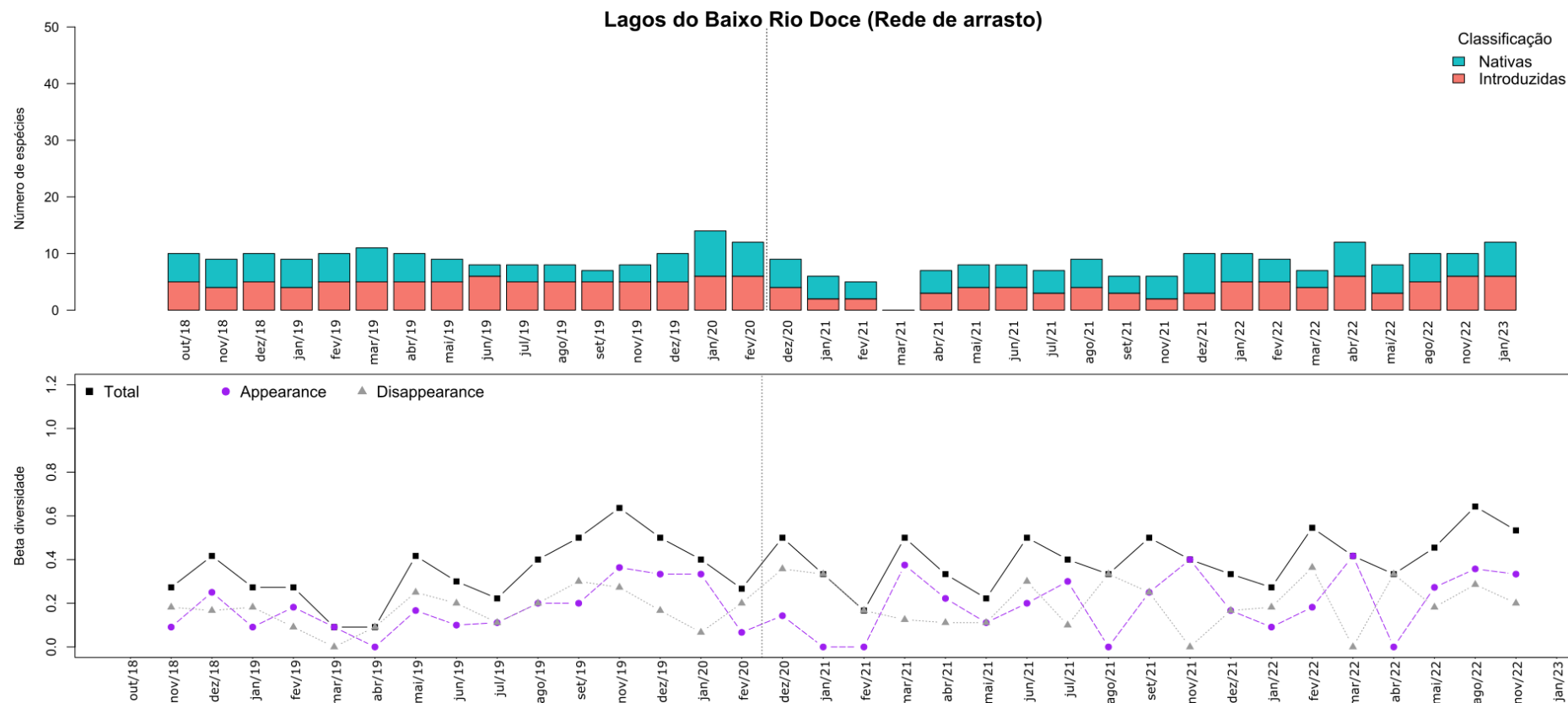


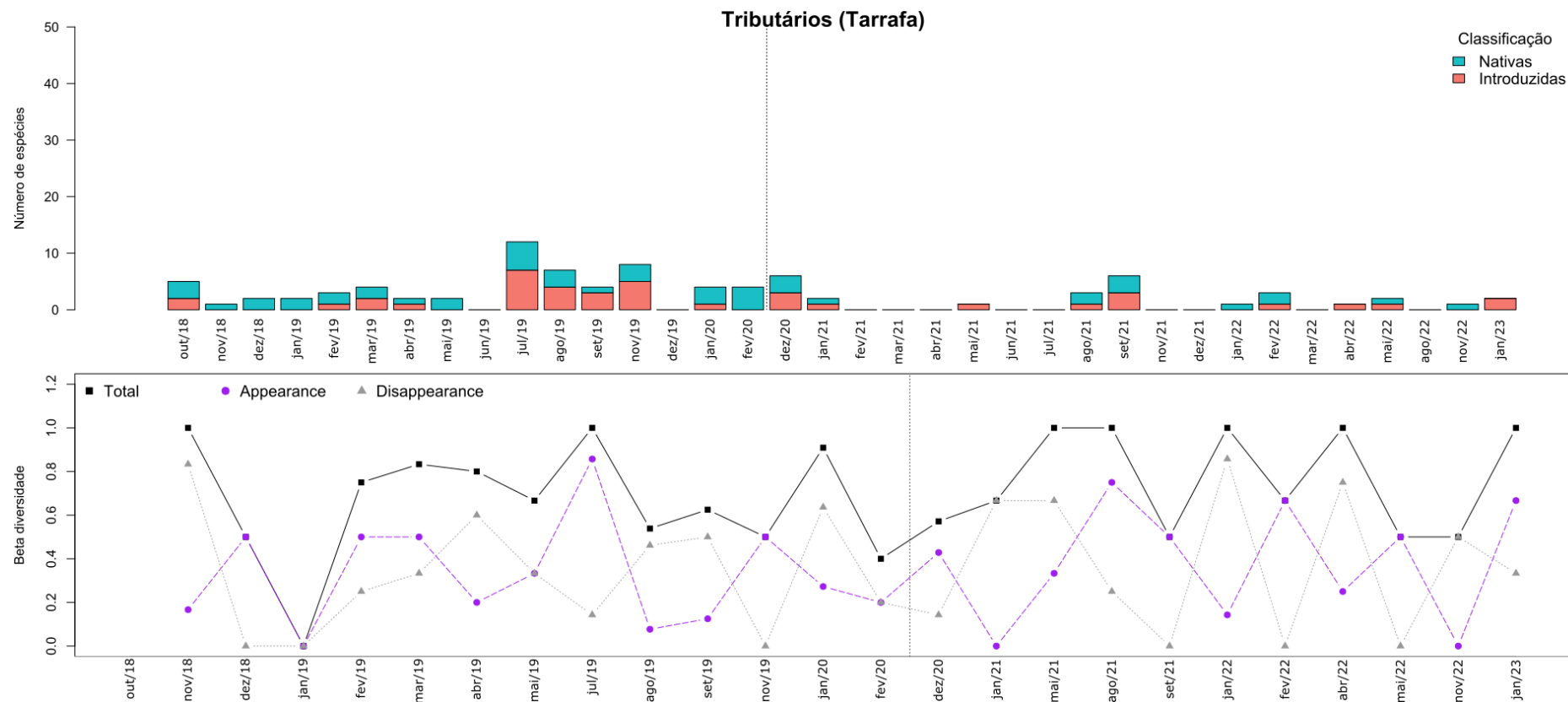


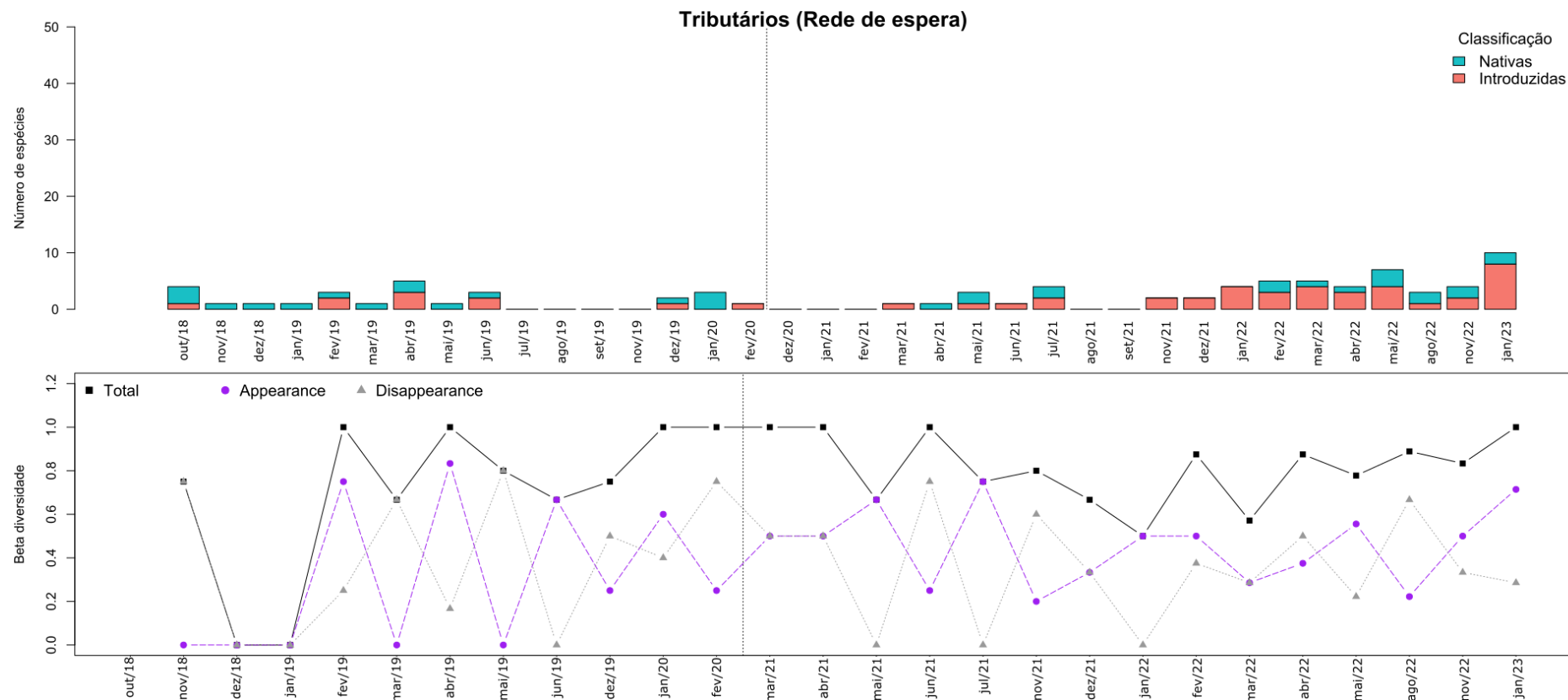


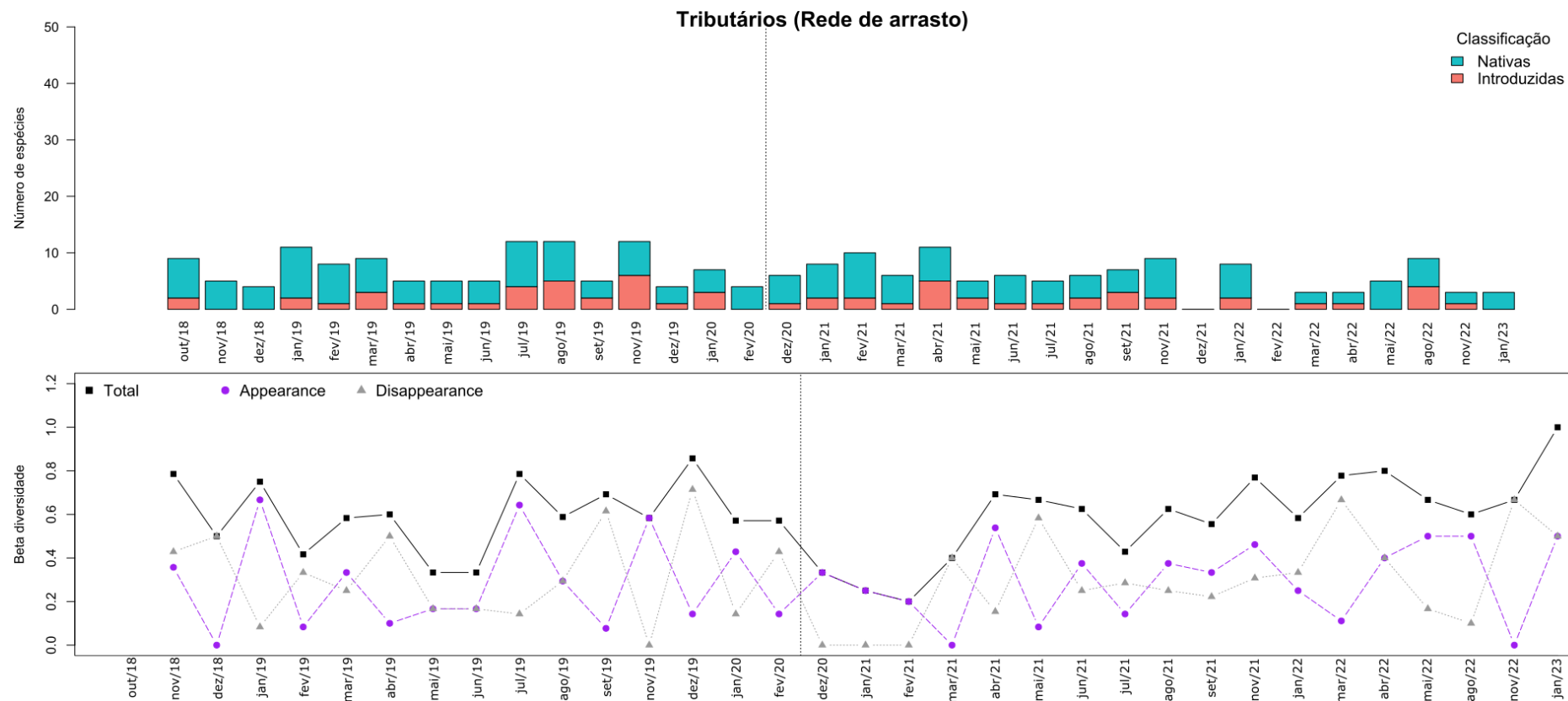












Na Figura 7, a evolução temporal da beta diversidade para os lagos e para a calha do Rio Doce evidencia a proporção de espécies nativas (em azul) e introduzidas (em vermelho). Ao longo das campanhas, nota-se uma oscilação de perda e ganho de espécies, tanto nativas, quanto introduzidas, mas as perdas são maiores do que os ganhos, como é possível observar nos resultados obtidos com o uso de redes de arrasto na calha do Rio Doce. Os dados obtidos com o uso de redes de espera na calha do rio, fica evidente que a contribuição das introduzidas apresentou um aumento constante a partir da campanha de fevereiro de 2022, chegando ao seu valor máximo na última campanha amostrada em janeiro de 2023. Também na calha do Rio Doce, a amostragem por tarrafa mostra uma tendência ao declínio das espécies nativas. No ambiente dos lagos, a metodologia da rede de arrasto mostrou uma condição aparentemente estável, com forte presença de espécies introduzidas, padrão semelhante ao obtido com o uso das redes de espera. Já os resultados obtidos com tarrafa nos lagos, indicam uma forte presença de espécies introduzidas, e, na campanha de janeiro de 2023, uma pequena recuperação das espécies nativas. Nos tributários, as espécies nativas aparecem de forma mais evidente na modalidade rede de arrasto, mas essa relação se inverte com a modalidade rede de espera, a qual mostra preponderância de espécies introduzidas, enquanto na modalidade tarrafa, não seja possível observar uma diferença expressiva entre as espécies nativas e introduzidas. Na escala temporal, foi possível observar que o aumento das espécies introduzidas é seguido pela perda de espécies nativas. Sendo assim, a componente de diversidade taxonômica perdida é maior que a incrementada.



## 2.5 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. plagiogonatus</i>	180	Introduzida	0,23	6,38	<b>9,10</b>	15,12	3,43	<b>8,10</b>	1,39	0,00	0,00	0,00	5,69	<b>18,42</b>	0,00	<b>32,11</b>	0,03	Onívoro
<i>Anchoviella cayennensis</i>	1	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		Est. Vaz.
<i>Astronotus ocellatus</i>	2	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>41,67</b>	<b>58,33</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Astyanax lacustris</i>	549	Nativa	0,23	0,00	0,06	0,41	1,43	9,86	0,07	0,25	0,10	0,11	<b>76,11</b>	11,14	0,00	0,23	0,00	Inset. Terrestre
<i>Awaous tajasica</i>	195	Nativa	<b>8,10</b>	<b>5,41</b>	<b>6,07</b>	2,20	9,58	1,33	2,13	<b>30,30</b>	0,01	0,14	0,13	<b>30,74</b>	0,00	3,86	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	<b>100</b>	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	<b>80,39</b>	0,00	Carnívoro
<i>Centropomus parallelus</i>	35	Nativa	5,52	0,00	0,00	0,00	0,00	1,93	0,00	0,00	<b>44,07</b>	0,00	0,00	0,12	0,00	<b>48,37</b>	0,00	Carnívoro
<i>Characidium cricareense</i>	69	Nativa	0,41	0,00	0,03	0,00	0,00	0,05	0,00	0,02	0,00	0,07	0,00	<b>99,29</b>	0,00	0,14	0,00	Inset. Aquático
<i>Cichla kelberi</i>	63	Introduzida	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	7,11	0,00	0,00	0,18	0,00	<b>92,60</b>	0,00	Piscívoro
<i>Cichla monoculus</i>	377	Introduzida	0,01	0,01	0,09	0,01	0,04	0,54	0,00	0,15	15,16	0,00	0,36	3,34	0,05	<b>80,08</b>	0,15	Piscívoro
<i>Citharichthys arenaceus</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	0,00	0,00	<b>100,00</b>	0,00	Carnívoro
<i>Clarias gariepinus</i>	5	Introduzida	<b>43,53</b>	0,00	0,00	0,00	0,11	<b>33,73</b>	0,87	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>21,76</b>	0,00	Onívoro
<i>Coptodon rendalli</i>	91	Introduzida	1,84	<b>11,26</b>	<b>65,38</b>	<b>0,00</b>	<b>8,91</b>	<b>6,67</b>	0,89	0,02	0,00	0,01	2,03	0,33	0,00	2,67	0,00	Onívoro
<i>Corydoras 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	<b>92,31</b>	0,00	0,00	0,00	Insetívoro
<i>Saxatilia lepidota</i>	195	Introduzida	0,02	0,05	0,07	0,12	0,01	0,44	1,52	0,66	7,88	2,30	4,29	<b>60,08</b>	0,00	<b>22,57</b>	0,00	Carnívoro
<i>Deuterodon cf. giton</i>	58	Nativa	0,13	1,89	4,94	0,00	<b>18,01</b>	8,30	0,00	0,72	0,14	2,34	<b>54,53</b>	7,90	0,00	1,10	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	125	Nativa	0,32	3,73	1,68	0,00	<b>3,93</b>	1,18	0,00	0,64	<b>2,27</b>	0,94	<b>39,83</b>	<b>45,43</b>	0,00	0,05	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	139	Nativa	0,02	0,04	0,88	0,02	0,12	<b>8,93</b>	0,03	0,02	0,02	0,03	<b>6,95</b>	<b>82,85</b>	0,00	0,09	0,00	Onívoro

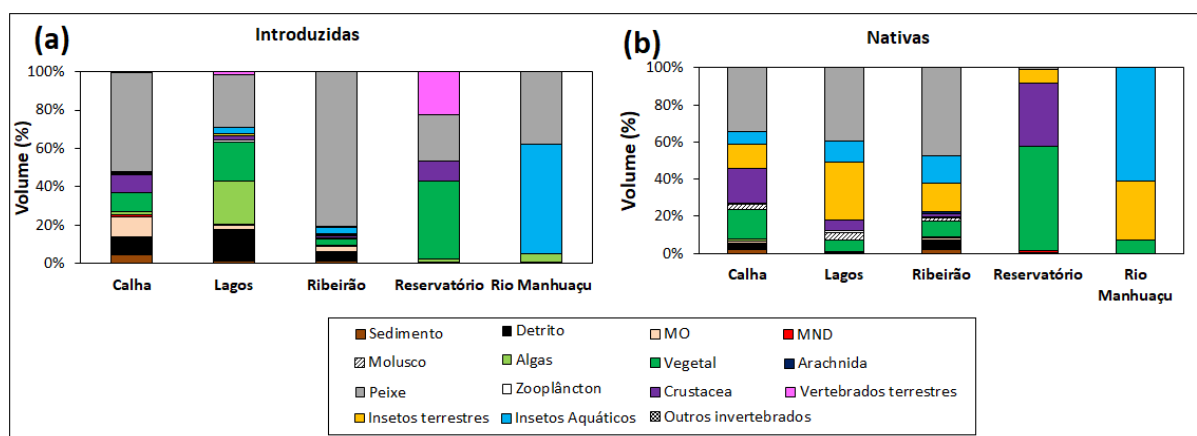
Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Elops saurus</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	37,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>62,50</b>	0,00	Carnívoro
<i>Eucinostomus cf. argenteus</i>	2	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>21,27</b>	0,00	0,00	0,00	<b>78,69</b>	0,00	0,04	0,00	Carnívoro
<i>Eugerres brasiliensis</i>	5	Nativa	5,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>79</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	15,78	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Genidens genidens</i>	17	Nativa	<b>21,48</b>	0,00	19,15	0,00	0,00	5,50	<b>24,89</b>	0,00	<b>13,23</b>	0,00	0,12	0,07	0,00	<b>15,56</b>	0,00	Carnívoro
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	446	Nativa	0,39	0,48	2,49	0,00	0,00	4,00	<b>25,75</b>	<b>4,84</b>	0,00	0,05	10,45	<b>50,83</b>	0,23	0,48	0,00	Invertívoro
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	2	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>48,49</b>	0,00	0,00	4,42	0,00	0,00	0,00	<b>47,10</b>	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Gymnotus sylvius</i>	29	Introduzida	0,20	0,04	3,84	0,00	0,00	9,78	0,06	0,00	<b>26,83</b>	0,00	0,34	<b>29,68</b>	13,55	<b>15,70</b>	0,00	Carnívoro
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	16	Nativa	0,00	0,00	0,20	0,00	0,03	<b>56,41</b>	0,00	0,00	0,00	0,88	2,02	0,02	0,00	<b>40,44</b>	0,00	Onívoro
<i>Hoplias intermedius</i>	26	Nativa	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	<b>36,71</b>	0,00	0,00	<b>51,42</b>	0,00	0,00	0,95	0,00	<b>10,89</b>	0,00	Piscívoro
<i>Hoplias malabaricus</i>	125	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,71	0,00	0,00	11,68	0,29	0,00	0,00	0,00	<b>87,28</b>	0,00	Piscívoro
<i>Hoplosternum littorale</i>	243	Introduzida	0,90	1,08	1,37	1,29	0,00	1,86	2,97	<b>31,49</b>	0,35	0,04	9,00	<b>40,32</b>	<b>7,01</b>	2,33	0,00	Invertívoro
<i>Hyphessobrycon eques</i>	31	Introduzida	0,65	0,00	2,40	0,08	7,93	0,52	0,00	<b>59,41</b>	0,00	<b>11,47</b>	2,60	<b>14,94</b>	0,00	0,00	0,00	Invertívoro
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	1	Nativa	1,72	<b>70,54</b>	0,00	0,00	0,00	<b>27,10</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,65	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Hyporhamphus roberti</i>	13	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	7,87	0,20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,20	<b>91,73</b>	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Hypostomus affinis</i>	30	Nativa	3,36	<b>95,22</b>	1,36	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Hypostomus luetkeni</i>	3	Nativa	9,40	<b>70,20</b>	0,00	0,00	20,41	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>	231	Nativa	0,17	1,10	4,17	1,34	0,06	2,30	0,02	1,35	1,39	0,42	<b>27,56</b>	<b>59,27</b>	0,00	0,86	0,00	Insetívoro
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	9	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	<b>99,94</b>	0,00	Piscívoro
<i>Loricariichthys castaneus</i>	72	Nativa	3,29	<b>21,98</b>	<b>52,31</b>	0,21	0,00	5,35	0,00	0,26	0,00	0,00	0,00	<b>16,40</b>	0,21	0,00	0,00	Bentófago
<i>Lycengraulis grossidens</i>	90	Nativa	0,00	0,00	0,76	0,00	0,00	6,95	0,00	1,08	7,30	0,08	<b>67,70</b>	9,15	0,00	6,99	0,00	Inset. Terrestre
<i>Megaleporinus conirostris</i>	34	Nativa	0,23	0,00	0,41	0,00	0,32	<b>52,33</b>	7,56	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>37,87</b>	0,04	1,24	0,00	Herbívoros
<i>Metynnis lippincottianus</i>	365	Introduzida	0,09	0,16	2,47	0,00	<b>43,94</b>	<b>51,13</b>	0,02	0,37	0,00	0,03	0,95	0,85	0,00	0,00	0,00	Herbívoros
<i>Microphis lineatus</i>	22	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>74,82</b>	0,00	25,18	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>Moenkhausia vittata</i>	20	Nativa	0,52	0,26	0,10	0,00	0,00	<b>52,61</b>	0,00	0,00	0,00	2,18	16,17	<b>27,95</b>	0,00	0,21	0,00	Onívoro
<i>Mugil curema</i>	77	Nativa	<b>44,29</b>	<b>53,97</b>	0,21	0,00	1,53	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>	43	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	4,12	0,00	0,00	<b>33,26</b>	0,00	19,11	<b>10,79</b>	0,00	<b>32,71</b>	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	<b>100</b>	0,00	Piscívoro
<i>Oreochromis niloticus</i>	198	Introduzida	<b>5,74</b>	<b>78,97</b>	3,32	0,00	<b>9,16</b>	0,62	0,01	0,25	0,00	0,01	0,93	0,11	0,58	0,30	0,00	Bentófago
<i>Pachyurus adspersus</i>	355	Nativa	0,02	0,10	1,29	1,00	0,04	0,86	0,01	1,04	36,21	0,09	5,51	<b>53,80</b>	0,00	0,03	0,00	Inset. Aquático
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	5	Nativa	<b>27,31</b>	<b>45,37</b>	<b>27,22</b>	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	<b>12,47</b>	5,46	0,00	5,14	0,00	0,00	0,16	0,00	<b>10,13</b>	<b>58,26</b>	0,00	7,13	0,00	Insetívoro
<i>Pimelodus maculatus</i>	167	Introduzida	0,35	0,02	3,46	7,69	0,01	<b>24,83</b>	1,55	0,01	<b>17,75</b>	0,01	2,52	2,84	0,00	<b>38,95</b>	0,00	Onívoro
<i>Poecilia reticulata</i>	47	Introduzida	0,17	<b>31,14</b>	4,61	1,90	0,58	0,00	0,00	1,55	0,00	0,01	0,56	<b>59,32</b>	0,17	0,00	0,00	Bentófago
<i>Poecilia vivipara</i>	276	Nativa	7,48	<b>44,57</b>	9,05	0,00	<b>18,69</b>	0,59	0,22	2,78	0,00	0,33	0,24	<b>15,82</b>	0,25	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	<b>100</b>	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Prochilodus argenteus</i>	15	Introduzida	<b>19,42</b>	<b>35,78</b>	<b>44,50</b>	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>	76	Introduzida	<b>5,51</b>	<b>85,96</b>	<b>6,23</b>	0,00	2,15	0,03	0,03	0,07	0,00	0,01	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus vimboides</i>	4	Nativa	11,08	<b>85,93</b>	<b>2,96</b>	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	<b>6,29</b>	<b>33,95</b>	0,00	1,57	0,00	0,63	0,38	<b>51,14</b>	0,00	<b>4,15</b>	0,00	Onívoro
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	32	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	9,25	0,00	0,02	0,09	0,15	<b>61,87</b>	9,77	0,00	<b>18,81</b>	0,00	Carnívoro
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	23	Introduzida	<b>16,21</b>	<b>55,84</b>	<b>26,67</b>	0,00	1,26	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>	321	Introduzida	0,05	0,11	0,00	5,29	0,01	5,43	0,29	0,02	7,69	0,01	0,68	0,35	0,00	<b>74,63</b>	5,44	Piscívoro
<i>Rhamdia quelen</i>	28	Nativa	0,13	0,00	1,11	0,00	0,00	3,74	0,00	0,00	0,88	0,00	4,52	<b>30,39</b>	0,00	<b>59,22</b>	0,00	Piscívoro
<i>Salminus brasiliensis</i>	15	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,18	0,96	0,00	<b>98,86</b>	0,00	Piscívoro
<i>Serrapinnus heterodon</i>	74	Nativa	0,73	4,09	3,48	0,00	<b>52,47</b>	0,29	0,00	0,34	0,00	0,57	<b>17,07</b>	<b>20,89</b>	0,00	0,07	0,00	Onívoro
<i>Serrasalmus brandtii</i>	68	Introduzida	0,04	0,00	0,00	4,26	0,00	2,11	0,00	0,00	<b>13,11</b>	0,00	1,73	1,20	0,00	<b>77,56</b>	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	<b>100</b>	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>Trachelyopterus striatulus</i>	64	Nativa	0,00	0,00	0,15	5,08	0,00	<b>51,31</b>	0,11	0,00	<b>30,44</b>	0,02	<b>10,12</b>	0,71	0,00	2,06	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	<b>90,91</b>	0,00	Inset. Aquático
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	2	Nativa	8,16	0,00	20,41	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>71</b>	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	58	Nativa	0,02	0,00	0,09	0,00	0,00	0,32	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	<b>99,57</b>	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	<b>88,33</b>	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest, foram analisados 5.943 estômagos pertencentes a 71 espécies, sendo 48 nativas e 23 introduzidas (Tabela 2). Deste total de estômagos coletados, 1.393 (23,4%) 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/Fest do Rio Doce nos diferentes ambientes amostrados. MND: material orgânica não identificada



A categoria alimentar “peixe” foi a mais ingerida pelas espécies estudadas durante o monitoramento nos ambientes Calha do Rio Doce, Lagos e Ribeirão (Tabela 3 e Figura 8). Esse resultado em rios e ribeirões são esperados, uma vez que há um aumento da complexidade das comunidades ao longo da calha e, à jusante, espera-se a presença de maior quantidade de presas (VANNOTE et al., 1980). Por outro lado, no ambiente reservatório (UHE Aimorés) e no Rio Manhuaçu, “vegetal” e “insetos aquáticos” foram os itens alimentares consumidos pelas espécies de peixes em maior proporção durante o monitoramento. O monitoramento no Rio Manhuaçu mostrou poucos dados e a maioria dos estômagos avaliados nessa localidade estavam vazios ou pertenciam a espécie nativa insetívora Lambari *Knodus moenkhausii* e aos indivíduos jovens da espécie introduzida piscívora Tucunaré *Cichla monoculus*. Por esse motivo, com base apenas no volume dos itens consumidos pelos indivíduos (várias espécies com estômago vazio), não foi possível fazer inferências com base na teoria do Rio Contínuo (VANNOTE et al., 1980). Vale destacar também que no reservatório, as espécies de peixes apresentaram uma dieta mais simplificada, sendo Vegetal e Crustacea, as preponderantes. Essa condição era esperada, já que nos reservatórios, onde a homogeneização do ambiente repercute na simplificação da base alimentar deste ambiente, as espécies generalistas (nativas e introduzidas) são favorecidas e as especialistas, desfavorecidas.

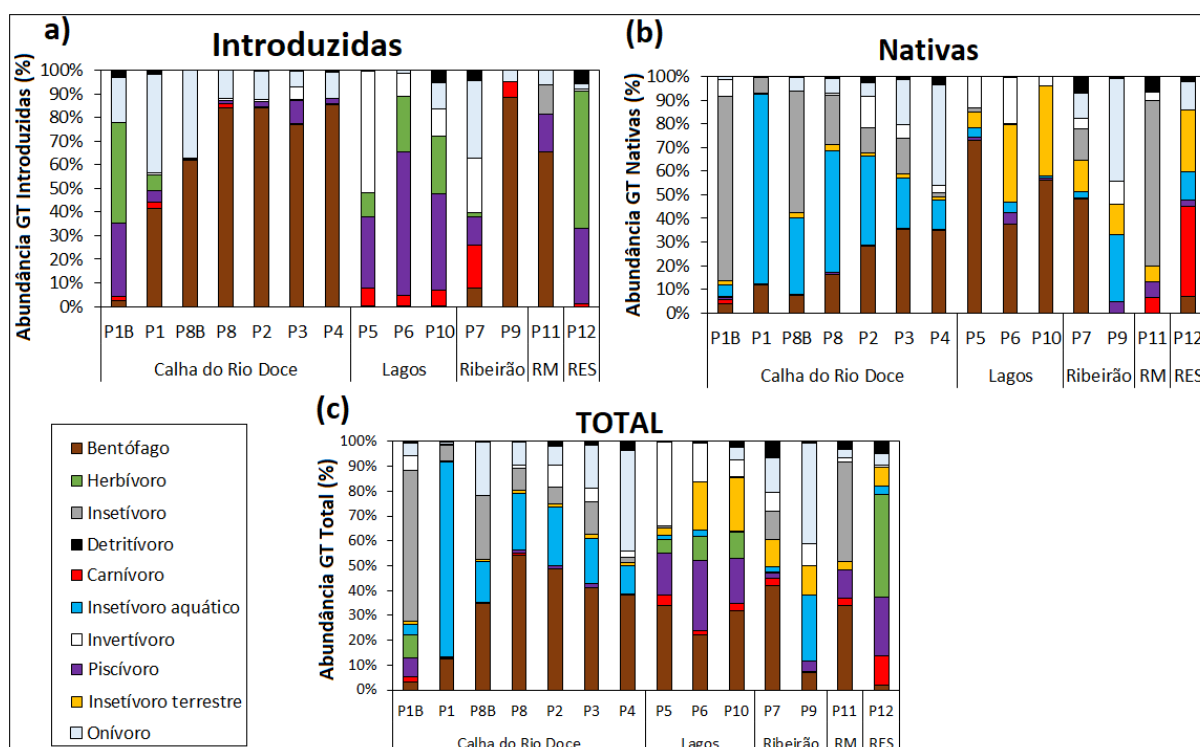
Além disso, as espécies introduzidas apresentaram uma dieta mais ampla de itens alimentares em relação às espécies nativas, nos ambientes de Lagos e Reservatório (Figura 8). Por exemplo, nos lagos, as espécies introduzidas ingeriram maior volume dos nove itens principais (peixe, algas, vegetal, detrito, insetos aquáticos, matéria orgânica – MO, crustáceos, vertebrados terrestres e sedimento) enquanto que apenas sete dos itens alimentares (peixe, insetos terrestres, insetos aquáticos, vegetais, crustáceos, moluscos e zooplâncton) foram predominantes na dieta das espécies nativas (Figura 8). Esse espectro mais restrito de itens alimentares consumidos pelas espécies nativas sugere que a

redução desses itens, pode levar a efeitos negativos das suas populações. Por outro lado, as espécies introduzidas, por terem um espectro maior de itens alimentares, podem tolerar ou se adaptar mais facilmente a habitats que sofreram distúrbios ambientais (CÓRDOVA-TAPIA et al., 2015).

Em contraste, nos ambientes de natureza lótica (Calha do Rio Doce e Ribeirão), as espécies nativas são mais expressivas e ingeriram maior diversidade de itens alimentares. Os ambientes lóticos podem representar uma maior saúde ecossistêmica, conferindo maior resiliência às espécies nativas. Contudo, como essa região foi afetada por rejeitos (FERNANDES et al., 2016), uma maior variabilidade de itens também pode expor as espécies a um maior grau de contaminação. Ou seja, a ampla variedade de itens também pode representar maiores vias de ingresso de metais na cadeia alimentar.

## 2.6 EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS

Figura 9: Evolução espacial da abundância total (c) de guildas tróficas das espécies introduzidas (a) e nativas (b) durante o monitoramento do PMBA/Fest do Rio Doce. Foram utilizados dados das campanhas realizadas entre outubro/2018 até janeiro/2023. 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 9c). O predomínio de bentófagos (i.e., animais que alimentam de organismos de fundo como, por exemplo, larvas de insetos e moluscos; e acabam ingerindo grande quantidade de sedimentos) talvez possa estar relacionada ao intenso assoreamento histórico na bacia, causado pelo padrão do uso do solo incluindo o desmatamento em amplas regiões da bacia. Nestas

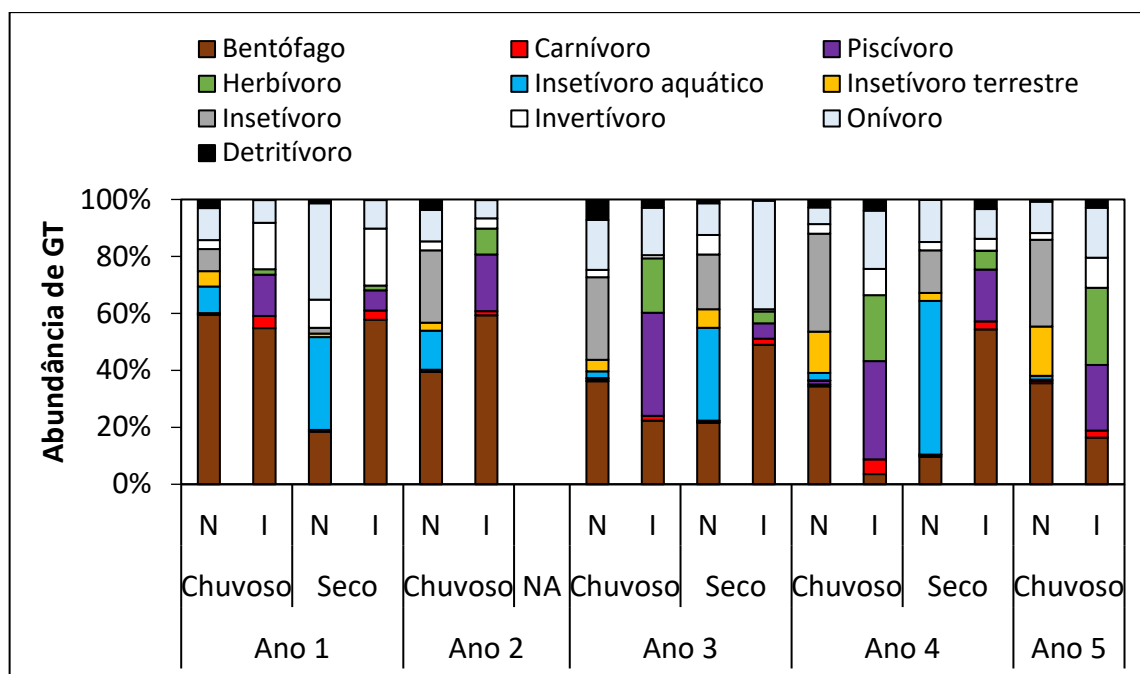


condições, as espécies de peixes bentófagos podem se sobressair devido à maior oferta de alimento disponível no ambiente. Além disso, é importante ressaltar que os peixes bentófagos são um importante elo para a possível circulação de metais na cadeia trófica. A guilda de peixes bentófagos inclui espécies que se alimentam de insetos aquáticos (Tabela 3) como, por exemplo, os Chironomidae, característicos deste ambiente (CALLISTO et al. 2002). Estas espécies estão, portanto, em contato direto com sedimento potencialmente contaminado (FERNANDES et al., 2016). Embora tenha sido observada uma redução da contaminação de metais do sedimento na bacia do Baixo Rio Doce (RRDM, 2022), a comunidade ainda pode estar exposta aos possíveis efeitos do rejeito de minério, conforme sugerido pelo aumento de bioindicadores apontado no relatório de ecotoxicologia, com o registro inédito de malformações em estágios larvais de peixes, registrados nos estudos do ictioplâncton (RRDM, 2022). No último semestre, observou-se um aumento da frequência dessas malformações (seção de ictioplâncton neste relatório). Estas alterações podem ser explicadas por características exclusivas de organismos bentônicos, que têm a capacidade de absorver metais pesados do ambiente, em função do maior contato com o sedimento (AMADO-FILHO et al. 2008). A maior abundância de espécies de peixes bentófagos que se alimentam de itens do sedimento possivelmente contaminado, permite a entrada de metais na cadeia trófica e sua biomagnificação para outros grupos (i.e., piscívoros e carnívoros) que se alimentam de peixes dessa guilda. O Relatório do Convênio Renova/UFV (2023), desenvolvido na bacia do Rio Doce, por exemplo, demonstra que as espécies Grumetá *Prochilodus vimboides* e o Cascudo-manteiga *Hypostomus affinis*, que se alimentam de itens presentes nos sedimentos, foram as espécies que apresentaram maiores concentrações de metais, principalmente de arsênio em ambientes afetados pelos rejeitos. Além disso, o Cascudo-manteiga também apresentou forte resposta biológica aos substratos, com danos histopatológicos em brânquias e fígado decorrentes da ingestão de itens dos sedimentos impactados pelos rejeitos da mineração. Portanto, a ingestão de metais pelas espécies de peixes que alimentam de itens de sedimentos (representados na guilda trófica bentófagos) requer elevada atenção uma vez que, essa guilda é formada por várias espécies tolerantes e abundantes na região com influência do rejeito de mineração.

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 9b) enquanto nos outros ambientes analisados (Lagos, Ribeirão, Rio Manhuaçu e Reservatório), a abundância de ambas as guildas é maior. Em ecossistemas afetados por rejeitos de minério, espera-se que as espécies de peixes de nível trófico mais alto (e.g., carnívoros e piscívoros), apresentem maior quantidade de metais em seus tecidos corporais, provavelmente pelo processo de biomagnificação (PFEIFFER et al., 1993; RRDM, 2022). Considerando que a calha do Rio Doce foi a parte da bacia mais afetada pelos rejeitos de minério, inclusive por mercúrio, ferro e arsênio (FERNANDES et al., 2016; FERREIRA et al., 2020), é provável que as espécies de peixes de ambas as guildas dessa região estejam potencialmente mais expostas aos efeitos desses elementos químicos. Além disso, os resultados do PMBA/Fest (RRDM, 2022) mostram que a calha do Rio Doce apresenta maior contaminação de metais oriundos dos rejeitos de mineração comparados aos outros ambientes analisados. Portanto, com base nesses resultados provavelmente os peixes carnívoros e piscívoros (predadores de topo) da calha do Rio Doce podem ser os mais afetados pelos rejeitos de minério, devido ao efeito de biomagnificação (ALI e KHAN, 2019).

Figura 10: Evolução temporal da abundância de guildas tróficas (GT) em porcentagem (%) das assembleias de peixes nativos e introduzidos do Baixo Rio Doce. Legenda: N = espécies nativas, I = espécies introduzidas, NA = não houve amostragem.

**Ano 1:** Chuvoso = outubro/2018 a março/2019 e Seco = abril/2019 a setembro/2019; **Ano 2:** Chuvoso = novembro/2019 a fevereiro/2020; **Ano 3:** Chuvoso = dezembro/2020 a março/2021 e Seco = abril/2021 a setembro/2021; **Ano 4:** Chuvoso = novembro/2021 a março/2022 e Seco = abril, maio e agosto/2022; **Ano 5:** Chuvoso = novembro/2022 e janeiro/2023.



A Figura 10 mostra a evolução temporal das espécies nativas e introduzidas (i.e., não nativas) durante o monitoramento do PMBA/Fest. 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, notou-se, ao longo do monitoramento, um aumento na abundância de carnívoros e piscívoros introduzidos (como por exemplo, Tucunarés *Cichla monoculus*, Jacundás *Saxatilia lepidota* e Piranhas-vermelhas *Pygocentrus nattereri*) nos Ano 2, Ano 3 (Período chuvoso) e Ano 4 (Período Chuvoso) do monitoramento. No Ano 5, houve uma ligeira redução na abundância dos carnívoros e piscívoros introduzidos comparados ao período chuvoso do Ano 4. O sucesso deste grupo pode ser explicado pelo fato de terem um espectro alimentar maior, além de outras características biológicas que favorecem suas atividades de reprodução e recrutamento.

Em conclusão, as análises de ecologia trófica das assembleias de peixes mostraram que as espécies nativas nos Lagos e no Reservatório da UHE Aimorés apresentaram menor espectro de consumo de itens alimentares. Esse resultado sugere que o 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 a elevada abundância das espécies introduzidas na região. No entanto, para a calha do Rio Doce e Ribeirão, as espécies nativas ingeriram maior diversidade de itens alimentares. Essa maior variabilidade de itens, por um lado, pode ser benéfica em termos de adaptabilidade, embora



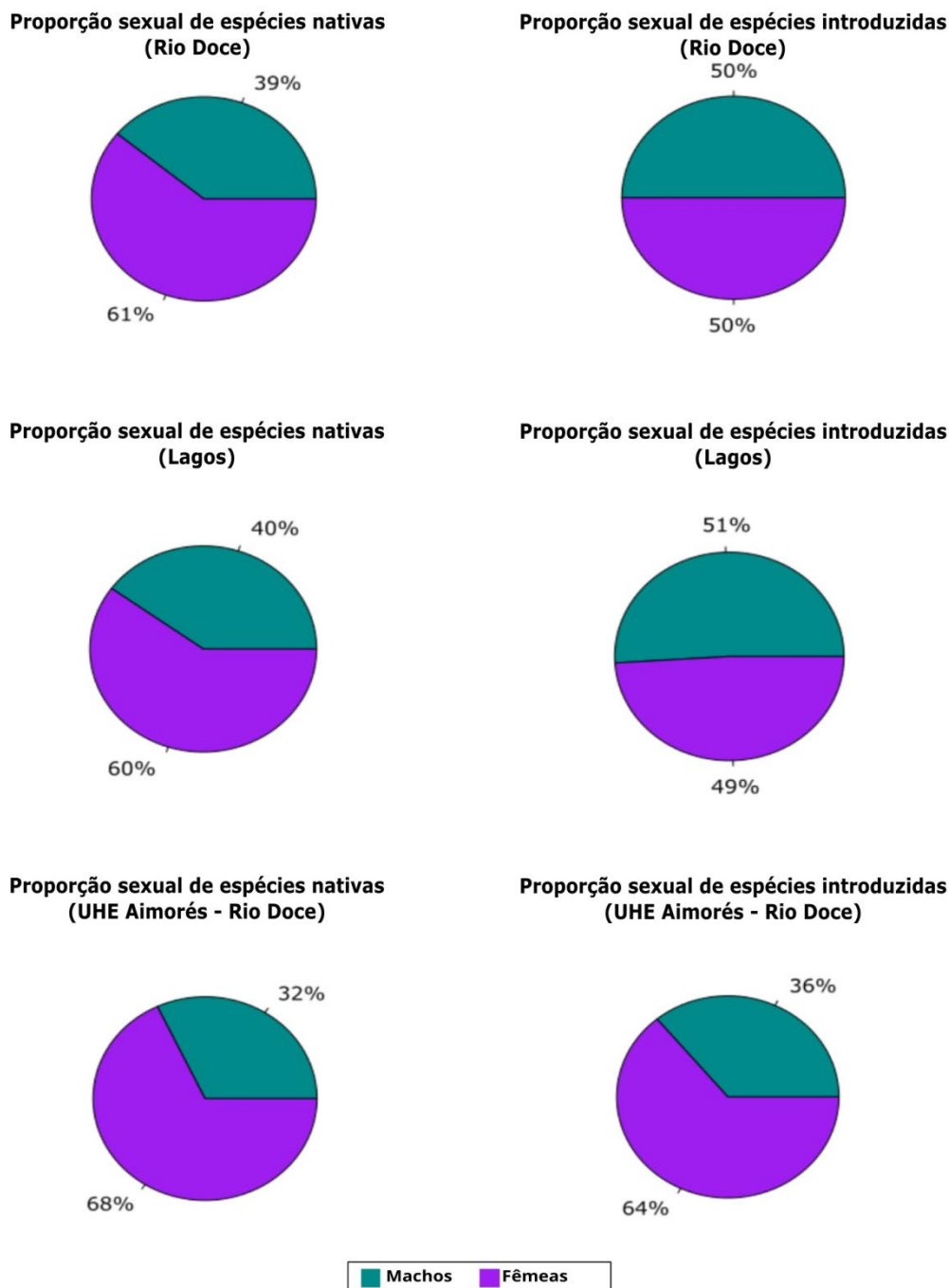
possa também expor as espécies a um maior grau de contaminação através destes mais variados itens, que integram os diferentes níveis tróficos na cadeia alimentar.

Em relação às guildas tróficas, observamos a dominância em abundância das espécies de peixes bentófagos em quase todos os ambientes analisados. Essa predominância é preocupante, uma vez que os peixes bentófagos são um importante elo para a propagação de metais dentro da cadeia trófica. Também 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) em função desta região ter sido a parte da bacia mais afetada pela pluma de 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 por outras características biológicas que facilitam o processo de reprodução e recrutamento das espécies introduzidas.

## 2.7 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 janeiro/2023.

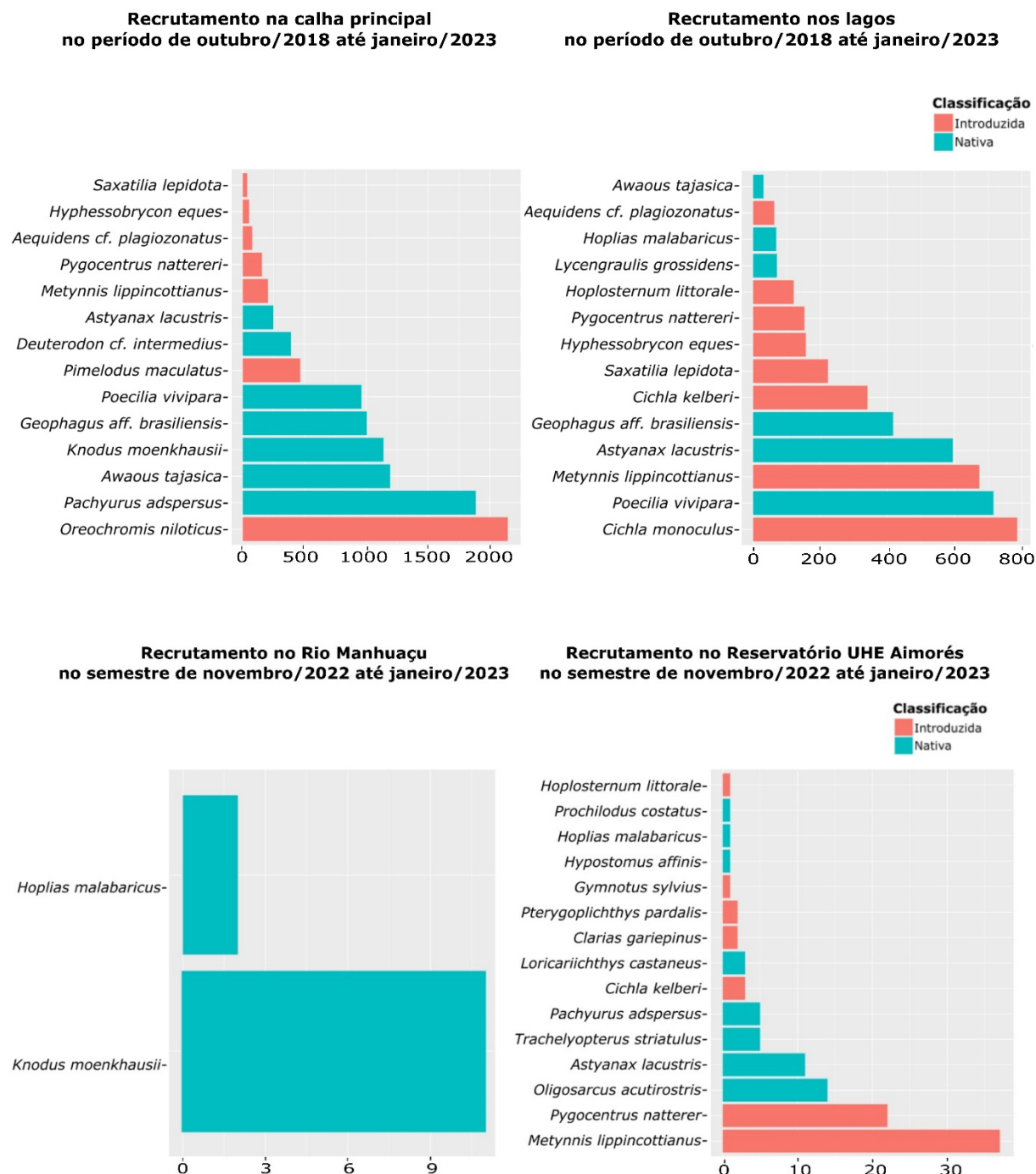


A proporção sexual de peixes nativos na calha do Rio Doce durante as campanhas de outubro de 2018 até janeiro de 2023 teve predominância de fêmeas (61%) em relação aos machos (39%) ( $\chi^2=317,52$ ,  $p < 0,001$ ). Nas espécies introduzidas, essa proporção sexual não foi significativa ( $\chi^2=0,034$ ,  $p > 0,9533$ ). Nos lagos, a proporção sexual de espécies nativas também mostrou predominância de fêmeas (60%)

em relação aos machos (40%), com  $\chi^2=127,16$ ,  $p < 0,001$ , enquanto nas espécies introduzidas, essa relação não foi significativa ( $\chi^2=0,157$ ,  $p < 0,691$ ) (Figura 11). No reservatório UHE Aimorés (Rio Doce), também foi observada a predominância de fêmeas nativas (68%) em relação aos machos nativos (32%) durante as campanhas de novembro de 2022 até janeiro de 2023 (período chuvoso), embora essas diferenças não tenham sido significativas ( $\chi^2=2,909$ ,  $p < 0,088$ ). Nas espécies introduzidas, essa relação foi significativa ( $\chi^2=6,3734$ ,  $p < 0,0115$ ) com maior proporção de fêmeas (64%) em relação aos machos (34%). Os resultados preliminares demonstraram que no Reservatório UHE Aimorés as populações nativas estão mais equilibradas que as introduzidas, porém são necessárias mais campanhas para aprimorar essa avaliação. No Rio Manhuaçu, a proporção sexual não foi incluída, pois as coletas no local foram insuficientes, sendo recomendadas mais campanhas e um ciclo anual para essa avaliação. Para peixes Neotropicais, a proporção sexual esperada é próxima de 1:1 (LOWE-MCCONNELL, 1987), considerando uma população equilibrada que pode se tornar estável e adaptada às condições impostas ao meio em que habitam (HAMILTON, 1967). A interferência antrópica, como a seletividade de equipamentos de pesca, fatores biológicos como (fêmeas em reprodução) e a variação na taxa de crescimento podem causar alterações nestas proporções (WOOTTON, 1990). Além disso, áreas com maior disponibilidade de alimentos podem apresentar maiores proporções de fêmeas (NIKOLSKY, 1978). A maior proporção sexual de fêmeas sugere um maior investimento e gasto energético para reprodução (COSTA et al., 2023; GARCIA et al., 2019) como estratégia de sobrevivência no Baixo Rio Doce, assim como no Reservatório UHE Aimorés. Esses resultados mostram que as populações de peixes introduzidos estão mais equilibradas do que as nativas na calha do Baixo Rio Doce, sendo a proporção próxima de 1:1. Porém, as fêmeas são mais abundantes considerando em ambos os grupos de peixes (nativos e introduzidos) no reservatório da UHE Aimorés.

## 2.8 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 no Baixo Rio Doce.



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, nos lagos, Reservatório UHE Aimorés e Rio Manhuaçu (Tabela 4). No ambiente lagos, dentre as espécies

introduzidas, predominaram os Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, o Jacundá *Saxatilia lepidota*, o Mato-Grosso *Hyphessobrycon eques*, o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* e, a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*. No mesmo ambiente lagos, a espécie nativa com maior recrutamento foi o Lambari *Astyanax lacustris*, e em posição mais distante, o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* e a Manjuba *Lycengraulis grossidens*. Na calha do Rio Doce, dentre as espécies introduzidas, a Tilápia *Oreochromis niloticus* é a espécie que apresenta maior grau de recrutamento, enquanto que o Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*, encontra-se na sétima posição. Na posição intermediária entre essas duas espécies, observa-se cinco espécies nativas com maior grau de recrutamento: a Curvina *Pachyurus adspersus*, o peixe-flor *Awaous tajasica*, o Lambari *Knodus moenkhausii*, o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* e o Barrigudinho *P. vivipara*. Embora apresente relativamente poucos dados, o padrão obtido no reservatório UHE Aimorés é interessante: no reservatório, as espécies com maior recrutamento foram a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* e o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*. Ainda nesse ambiente do reservatório, algumas espécies nativas que aparecem como mais abundantes em outros ambientes, apresentaram menor recrutamento relativo. Embora ainda não é possível estabelecer uma relação causal no declínio das espécies nativas, os impactos causados pela Piranha-vermelha são bem conhecidos na bacia (FRAGOSO-MOURA et al., 2016). Esses resultados corroboram os padrões gerais observados em outros locais. Os ambientes alterados e impactados por espécies introduzidas podem comprometer o recrutamento de juvenis (ABDO et al., 2018; HAXTON et al., 2008), afetar o crescimento somático (PASCHOALINI et al., 2019) e causar a redução nas populações (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 5 (novembro de 2022 e janeiro de 2023) pelo PMBA/Fest.

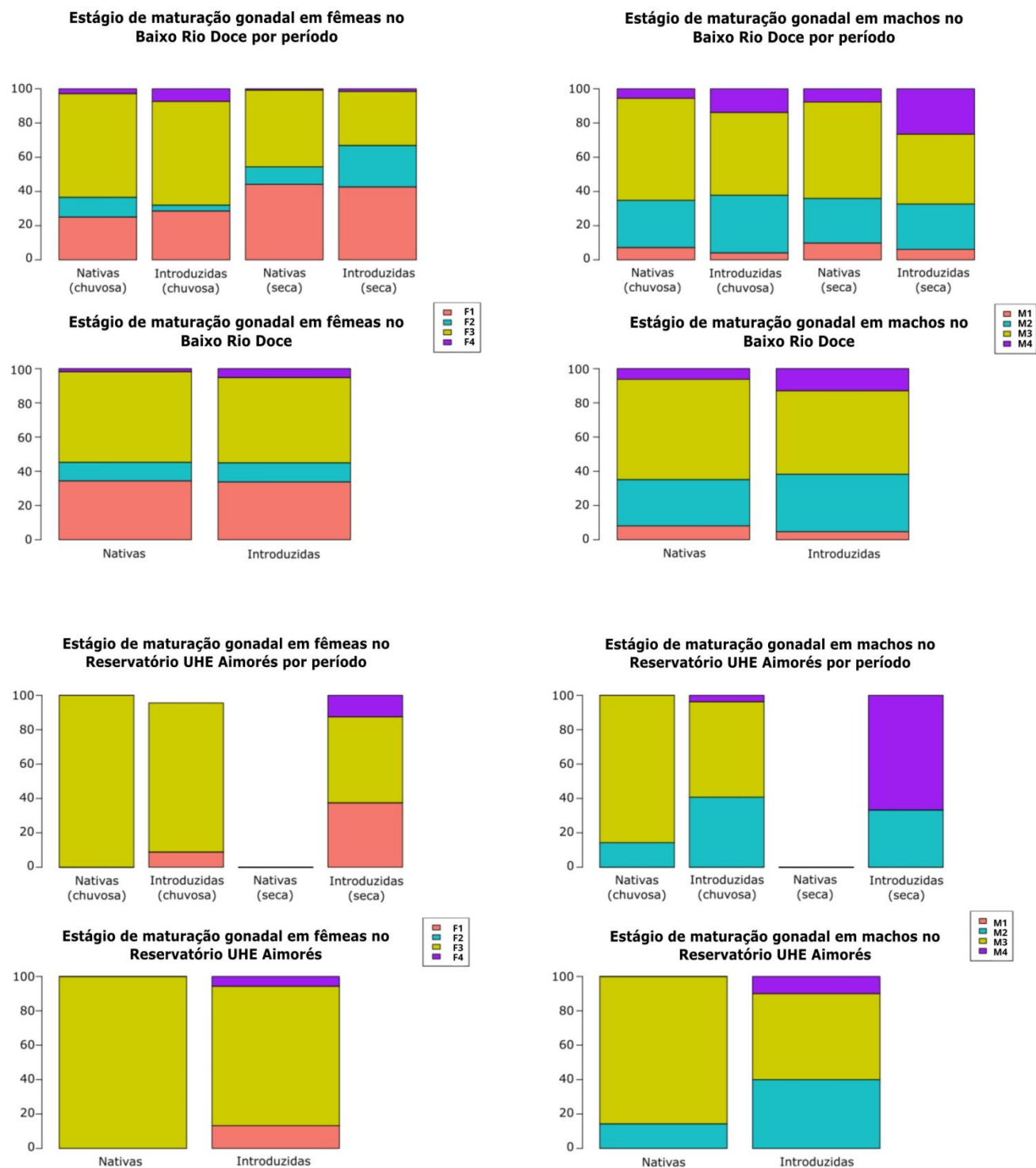
Espécies	ORIGEM	Ano 5 (parcial)					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Aequidenscf. plagiozonatus</i>	Introduzida	72,98	94,42	3,03	76,09	98,39	0,06
<i>Psalidodon</i> aff. <i>fasciatus</i>	Nativa						
<i>Deuterodon</i> cf. <i>giton</i>	Nativa						
<i>Deuterodon</i> cf. <i>taeniatus</i>	Nativa						
<i>Deuterodon</i> cf. <i>intermedius</i>	Nativa	27,08	35,75	5,15	26,13	34,55	0,62
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	49,24	64,07	10,4	44,04	57,43	1,42
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	31,18	41	4,78	48,49	63,12	0,49
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa				108,42	139,71	0,09
<i>Characidium cricarense</i>	Nativa						
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida				205,87	264,23	0,2

Espécies	ORIGEM	Ano 5 (parcial)					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida				112,96	145,5	0,07
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida	52,32	68,01	2,4	69,16	89,54	0,03
<i>Genidens genidens</i>	Nativa						
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	79,87	103,22	0,63	81,51	105,32	0,08
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida				104,74	135	0,06
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa						
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa						
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	145,22	186,73	2,54	145,43	186,99	0,09
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	80,62	104,17	2,74	97,46	125,69	0,18
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida						
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa	119,93	154,41	2,61			
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	21,8	29,01	4,13	20,11	26,86	1,36
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	145,22	186,73	2,5	121	155,77	0,04
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	42,25	55,14	3,24	76,01	99,05	1,13
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa						
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	81,53	105,34	5,55	64,34	83,38	0,2
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa						
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida						
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	147,23	189,3	1,5	87,85	113,42	0,61
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa						
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	117,75	151,63	4,04	102,53	132,17	0,1
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida						
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa	21,24	28,29		15,03	20,37	
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida				252,23	323,47	0,77
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	171,07	219,75	0,13	234,87	301,28	0,44
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa	56,4	73,23	17,88	45,09	58,78	0,63
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	159,33	204,75	5,2	106,74	137,55	0,41
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	18	24,16	3,43			
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	92,04	118,77	1,66	82,15	106,14	2,11
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa						

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.

## 2.9 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 e Reservatório UHE Aimorés.





Os estágios de maturação gonadal (EMG) (Figura 13) foram quantificados e classificados conforme a abordagem macroscópica, e posteriormente confirmados microscopicamente em machos (M) e fêmeas (F) nas espécies nativas e introduzidas, seguindo os seguintes critérios (VAZZOLER, 1996): 1= repouso, 2= maturação, 3= maduro e 4= espermiados para machos e desovados para fêmeas (Quadro 1). A frequência relativa de EMG de peixes desovados e espermiados foram superiores nas espécies introduzidas, o que caracteriza melhor condição reprodutiva no período chuvoso nas fêmeas no Baixo Rio Doce (Iagos e Rio Doce). No Reservatório UHE Aimorés, entre as campanhas de novembro de 2022 até janeiro de 2023, observou-se uma tendência semelhante ao observado na região do Baixo Rio Doce (Figura 13). No Rio Manhuaçu o EMG não foi incluído, sendo recomendadas mais campanhas para essa avaliação devido ao baixo tamanho amostral atual. 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 aumentam 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 um melhor desenvolvimento gonadal, e consequentemente uma melhor condição para reprodução nas espécies introduzidas em relação às espécies nativas. Desta forma, o aumento das populações de espécies introduzidas pode ser pelo menos parcialmente explicado pelo maior sucesso reprodutivo desse grupo.



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

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	2022-2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida	1	2	8	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	21	-	1	1	22	1
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa	28	6	42	-	-	5	9	2
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	37	9	124	1	12	-	40	2
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	17	8	22	-	-	1	44	1
<i>Coptodon rendalli</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa	5	-	-	-	-	1	5	-
<i>Characidium cricarens</i>	Nativa	12	-	-	-	-	-	2	-
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida	1	-	-	-	-	2	4	-
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	9	3	3	-	-	16	-	-
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida	1	5	13	-	-	8	2	6
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida	-	-	-	-	-	-	-	-

Espécies	Origem	2022-2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Eugerres brasiliensis</i>	Nativa	-	-	1	-	-	-	-	-
<i>Genidens genidens</i>	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	6	16	20	-	2	6	28	-
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida	-	-	2	-	-	1	-	-
<i>Hoplerthrinus 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	13	1	-	2	5	10
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	56	3	8	-	7	8	16	-
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida	-	3	4	-	-	-	1	-
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa	3	6	7	-	-	-	-	-
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	37	11	118	2	7	56	12	-
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	4	-	16	-	2	-	-	2
<i>Lophosilurus alexandri</i>	Introduzida	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	27	2	4	-	-	2	26	-
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa	1	-	-	-	-	-	1	-
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	47	31	94	13	-	40	20	15
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mugil curema</i>	Nativa	1	-	-	-	1	-	-	-
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa	-	-	17	1	-	-	-	1
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida	2	-	-	-	-	-	1	-
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	4	1	9	-	-	-	-	-
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa	-	-	-	-	-	-	3	-
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	8	-	13	2	1	-	21	3
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida	1	-	-	-	-	2	2	-
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	18	-	1	-	1	2	2	-
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa	1	-	4	-	2	-	-	-
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida	3	-	1	1	1	-	10	5
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	46	7	32	1	1	5	30	7
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa	5	-	2	-	-	-	1	1
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida	1	-	1	-	-	1	-	-
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	12	-	1	-	-	1	-	-
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida	12	6	4	-	-	10	1	1
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	8	1	6	3	3	3	5	-
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-

Espécies	Origem	2022-2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa	-	-	2	3	-	2	4	-

Tabela 5: Frequência absoluta de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Reservatório UHE Aimorés.

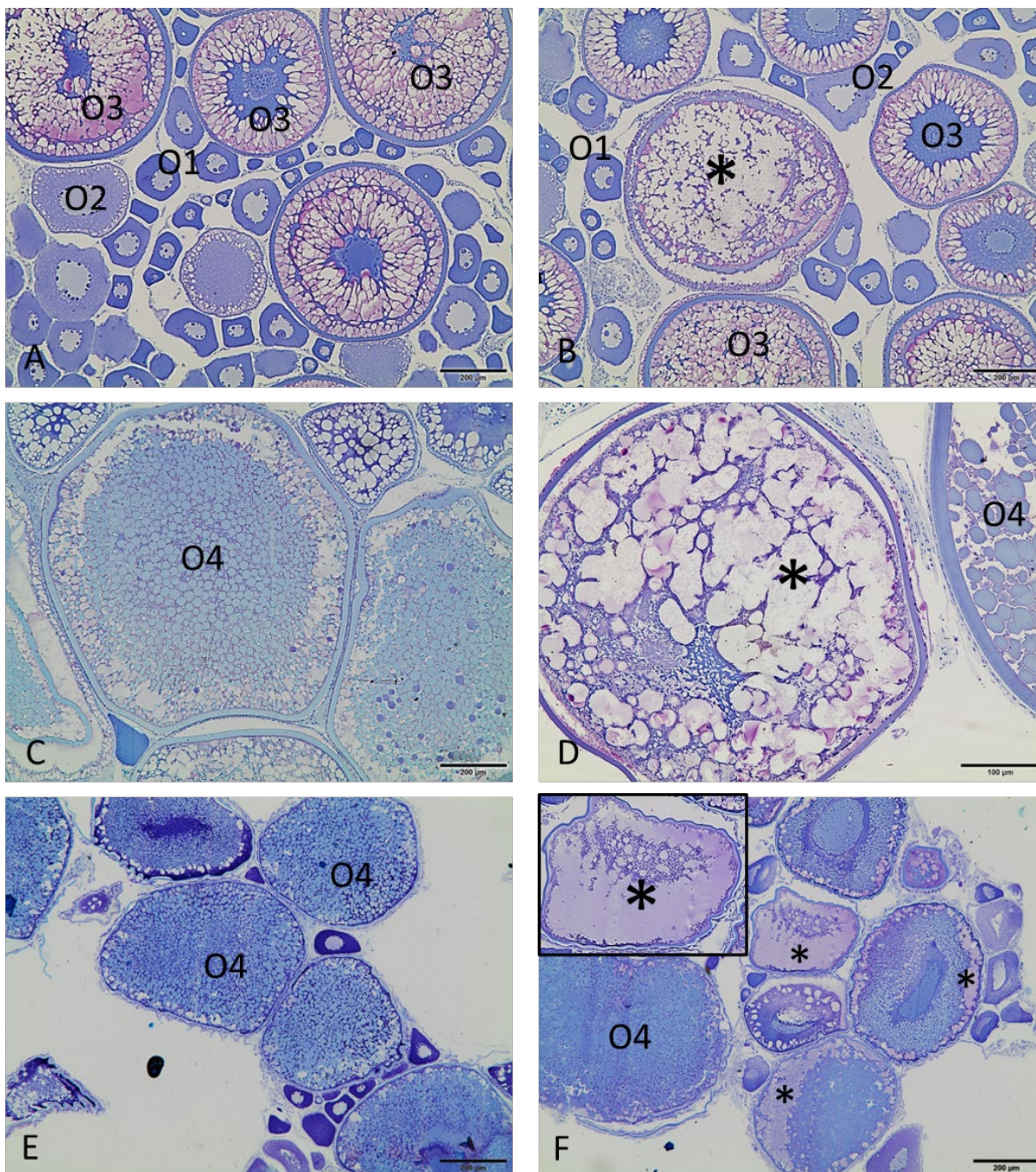
Espécies	Origem	2022-2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida								
<i>Anchoviella cayennensis</i>	Nativa								
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa								
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa			6				5	
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa								
<i>Coptodon rendalli</i>									
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa								
<i>Characidium cricarensense</i>	Nativa								
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida						2		
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	1							
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida								
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida			1					
<i>Eugerres brasiliensis</i>	Nativa								
<i>Genidens genidens</i>	Nativa								
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa								
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida				1				
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa								
<i>Hyporhamphus roberti</i>	Nativa								
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa								
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa			1					
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida							1	
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida								
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa			1					
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa								
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa			3					
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa								
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa								

Espécies	Origem	2022-2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	3		20	1		10	3	
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa								
<i>Mugil curema</i>	Nativa								
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa			9				3	
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida								
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa			4					
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa								
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida								
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida								
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa								
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida	1							
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	1						1	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa								
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida				1				1
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	1		14				8	1
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa								
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida								
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa								
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida								
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida								
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa						1	1	
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Nativa								
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa								

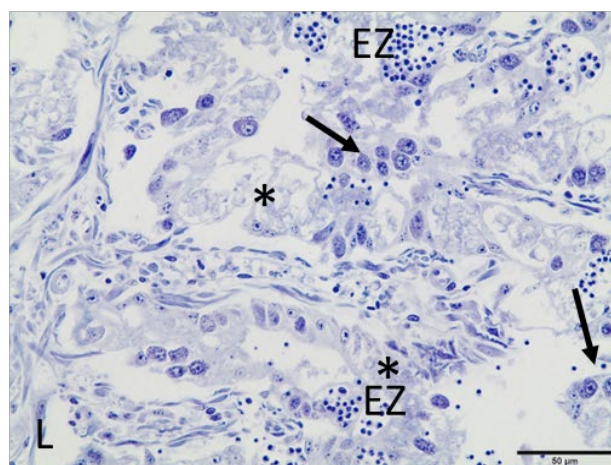
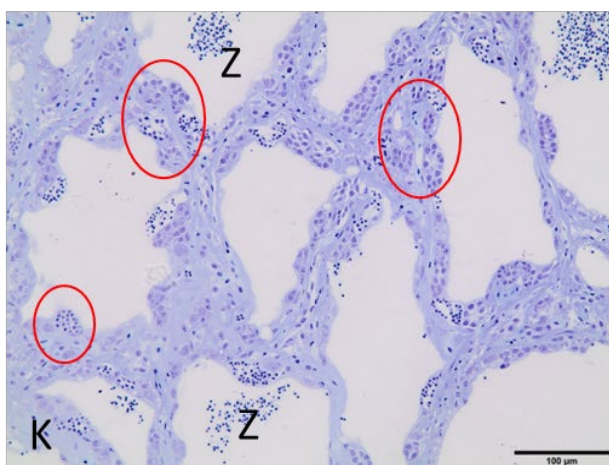
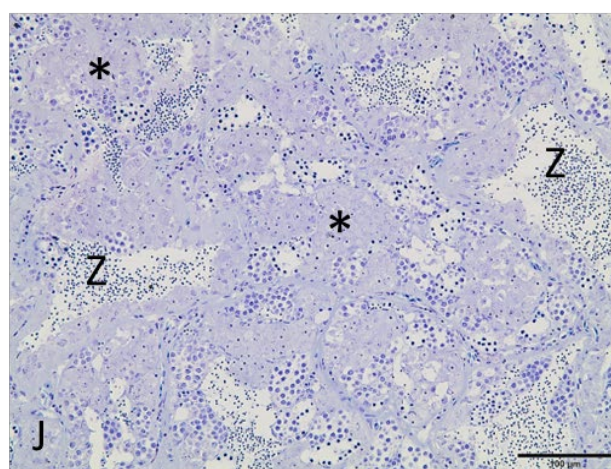
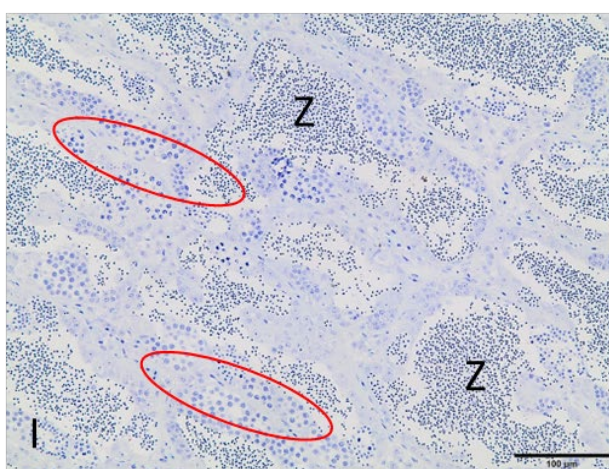
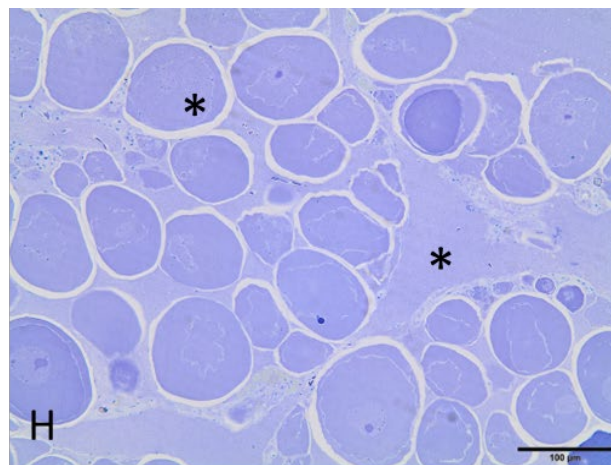
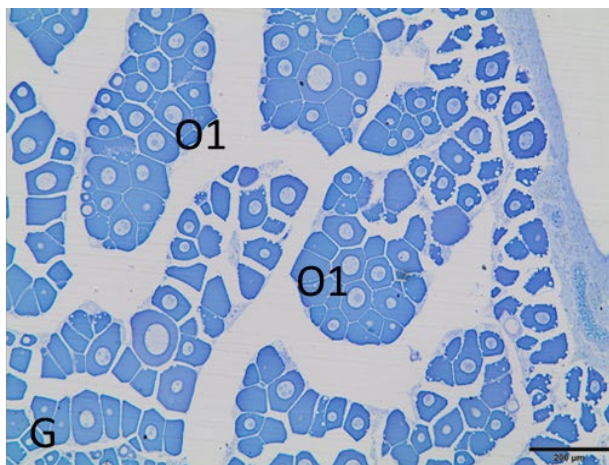
Os valores da frequência absoluta permitiram calcular a frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce (Tabela 5) e Reservatório UHE Aimorés (Tabela 6). A frequência absoluta quando transformada em frequência relativa dos EMG desovado e espermiado, mostrou uma melhor condição reprodutiva nas espécies introduzidas quando comparadas com as espécies nativas. Novamente, estes dados sugerem o melhor desempenho reprodutivo das espécies introduzidas em comparação com as espécies nativas.



Figura 14: Características microscópicas dos estágios de maturação gonadal não alterados e alterados (indicados com asteriscos) de fêmeas e machos das espécies do Baixo Rio Doce, Reservatório da UHE Aimorés e Rio Manhuaçu nas campanhas de novembro de 2022 até janeiro de 2023. A) Fêmea F2: não alterado, B) Fêmea F2: alterado, C) Fêmea F3: não alterado, D) Fêmea F3: alterado, E) Fêmea F3: não alterado, F) Fêmea F3: alterado, G) fêmea F1: não alterado, H) Fêmea F1: alterado, I) Macho M2: não alterado, J) Macho M2: não alterado, K) Macho M4: não alterado, L) Macho M4: alterado.







As características celulares dos estágios de maturação gonadal (F1, F2 e F3; M1, M2 e M4) não alterados e alterados de fêmeas e machos foram observadas nas espécies introduzidas, assim como nas espécies nativas do Baixo Rio Doce, Reservatório UHE Aimorés e Rio Manhuaçu. Nos ovários foram observados degeneração e atresias (asterisco) de ovócitos com a presença de líquido proteico intersticial interno e externo entre os diferentes ovócitos: ovócito primário inicial (O1), ovócito primário avançado (O2), ovócito secundário com alvéolos corticais (O3) e ovócito secundário vitelogênicos com

glóbulos de vitelo (O4), nas espécies de Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* (Figura 14: A, B, C e D), Lambari *Knodus moenkhausii* (Figura 14: E e F) e Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus* (Figura 14: G e H). As alterações celulares foram encontradas na espécie *Metynnis lippincottianus* do Reservatório UHE Aimorés, *Knodus moenkhausii* no Rio Mahuaçu e *Pimelodus maculatus* na calha do Rio Doce. Nos testículos houve a presença de células hipertrofiadas e de linfócitos (setas), desorganização e aumento da espessura do tecido conjuntivo entre os cistos (círculo vermelho = cisto não alterado; asterisco = cisto alterado) e espermatozoides (Z) dispersos fora do lúmen (EZ). Essas alterações histopatológicas nos testículos foram observadas nas espécies: Traíra *Hoplias malabaricus* (Figura 14: I e J) e Cascudo-abacaxi *Hypostomus affinis* (Figura 14K e L) coletados na calha do Rio Doce. As análises microscópicas evidenciam alterações celulares que podem comprometer o desenvolvimento do estágio de maturação gonadal (EMG) nas espécies analisadas, assim como registrado em ambientes altamente contaminados por metais pesados em outros rios do Brasil (PASCHOALINI et. al., 2019; SAVASSI et al., 2016, 2020). Os dados do presente estudo mostram que a ictiofauna do Baixo Rio Doce, no reservatório da UHE Aimorés e Rio Manhuaçu pode estar sendo afetada pela presença de poluentes na água, conforme sugerido pelas alterações encontradas nas gônadas. As alterações histopatológicas identificadas estão geralmente associadas à presença de metais pesados no ambiente (PASCHOALINI et. al., 2019; SAVASSI et al., 2016, 2020). Essas alterações não tinham sido detectadas em campanhas anteriores e podem provocar prejuízos em diversos processos fisiológicos essenciais em peixes, como causar diminuição da capacidade de estimulação estrogênica e da capacidade reprodutiva, podendo refletir em alterações significativas a longo prazo na composição e estrutura da comunidade de peixes do Baixo Rio Doce, além de consequentemente afetar a saúde humana e gerar prejuízos econômicos.

## 2.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)

Tabela 6: Valores de relação gonadossomática (RGS) de fêmeas no período chuvoso entre os Anos 1, 2, 3, 4 e no período de novembro de 2022 até janeiro de 2023 no Baixo Rio Doce e Reservatório da UHE Aimorés, 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	Ano 5 (parcial)	Reservatório
<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	10,16 $\pm$ 4,95 B	10,9 $\pm$ 2,30B
<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	4,07 $\pm$ 3,21 A	*
<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	3,92 $\pm$ 2,42 A	*



Espécie	Origem	RGS					
		Ano 1	Ano 2	Ano 3	Ano 4	Ano 5 (parcial)	Reservatório
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa	*	*	*	*	*	4,38 ± 1,87
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	1,25 ± 0,48 A	1,09 ± 0,66 A	2,09 ± 0,61 A	2,07 ± 0,41 A	*	1,72 ± 0,85 A
<i>Geophagus brasiliensis</i>	Nativa	0,94 ± 0,34 A	0,73 ± 0,63 A	0,50 ± 0,26 A	1,06 ± 0,85 A	0,90 ± 0,85 A	*
<i>Deuterodon intermedius</i>	Introduzida	6,85 ± 4,50 A	8,80 ± 5,70 A	6,14 ± 3,92 A	*	6,88 ± 5,85 A	*
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	4,17 ± 2,65 A	4,41 ± 3,81 A	4,83 ± 2,16 A	8,43 ± 4,06 B	7,91 ± 4,41 AB	*
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	4,19 ± 3,83 A	6,76 ± 4,96 B	8,04 ± 5,49 C	6,35 ± 3,46B	11,70 ± 1,78 C	3,12 ± 1,33 AD
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	3,50 ± 3,28 A	3,55 ± 4,42 A	6,19 ± 2,61 B	6,26 ± 3,55 B	8,24 ± 2,35 B	5,06 ± 2,31 AB
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida	2,73 ± 2,56 A	4,02 ± 3,02 A	2,30 ± 2,16 A	*	*	*
<i>Hoplosternum littorale</i>		*	6,10 ± 3,76 A	*	11,31 ± 1,99 B	6,50 ± 2,54 A	*

A relação gonadossomática (RGS) nas espécies introduzidas como na Piranha-vermelha *P. nattereri* e no Pacu-CD *M. lippincottianus* ( $p < 0,05$ ) apresentaram valores superiores nas campanhas do período chuvoso (Novembro/2022 e Janeiro/2023) no baixo Rio Doce (calha do Rio Doce e Lagos) em relação aos Anos 1,2,3,4 e Reservatório UHE Aimorés, caracterizando uma tendência de aumento deste índice ao longo do tempo. Nas espécies nativas, não houve variação deste índice, com exceção do Peixe-flor *Awaous tajasica* ( $p < 0,05$ ) e do Lambari-do-rabo-amarelo *Astyanax lacustris*; estas duas espécies apresentaram valores superiores nas campanhas do período chuvoso (semestre) no baixo Rio Doce e no Reservatório UHE Aimorés, em relação ao ano 4 (Tabela 7). O período chuvoso caracteriza-se por apresentar melhores condições reprodutivas, além dos fatores abióticos como altas temperaturas, pluviosidade e fotoperíodos mais longos, favorecendo tanto as fêmeas nativas quanto as introduzidas (NORMANDO et al., 2009; WEBER et al., 2013). As variações dos valores de RGS são mais evidentes nas fêmeas do que nos machos, devido ao maior acúmulo e transferência de gorduras e, do maior



número e diâmetro de ovócitos vitelogênicos, além de refletir na qualidade ambiental. Foram registradas oscilações dos valores de RGS em *Astyanax lacustris* e *Awaous tajasica* ao longo dos períodos, sugerindo que estas espécies são bons indicadores de respostas biológicas aos distúrbios ambientais. Essas observações são típicas de ambientes impactados, onde podem ocorrer mudanças comportamentais na atividade reprodutiva dos peixes, assim como observado em outros estudos que avaliaram o impacto de atividades antrópicas na reprodução de peixes (ARANTES et al., 2010; SAVASSI et al., 2016, 2020). De fato, a região do Baixo Rio Doce apresentou valores baixos de Índice de Integridade Biótica (Convênio Renova/UFV, 2023). Por outro lado, as espécies introduzidas, como a Piranha-vermelha *P. nattereri* e o Pacu-CDM *lippincottianus*, mostraram melhor condição reprodutiva devido à tendência de aumento de RGS, mesmo em ambientes impactados (BEATTY et al., 2013), quando comparados com as espécies nativas.

## INDICADORES TEMA ICTIOFAUNA GENÉTICA

### 2.11 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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)

<i>Astyanax lacustris</i>					
Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
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)
5	P1B	3	2,00 (0,00)	5,35 (3,74)	0,371 (0,216)
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	3	2,00 (0,00)	5,75 (4,00)	0,369 (0,221)
5	P4	18	5,68 (2,62)	9,72 (3,93)	0,422 (0,182)
5	P5	16	4,23 (2,15)	9,29 (4,79)	0,426 (0,261)
5	P6	19	4,83 (2,56)	11,17 (6,96)	0,414 (0,208)
5	P7	5	3,14 (1,03)	14,33 (8,50)	0,583 (0,283)
5	P8B	0	NA	NA	NA
5	P10	20	5,09 (3,02)	10,92 (4,43)	0,402 (0,205)
5	P11	1	NA	NA	NA
5	P12	11	4,54 (3,12)	9,53 (3,50)	0,441 (0,247)

\*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 8). 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 à deficiência na 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 e 5. As maiores variações na diversidade gênica entre pontos foram observadas no ano 3, enquanto que a menor foi observada no ano 4 e ano 5. Sendo assim, mesmo considerando essas amplitudes, a diversidade gênica de *Astyanax lacustris* não apresentou grandes discrepâncias ou divergências acentuadas entre suas subpopulações. Vale ressaltar, no entanto, que apenas duas coletas (Novembro de 2022 e janeiro de 2023) foram analisadas no Ano 5 e, portanto, esses índices podem mudar quando as análises incluírem toda a amostragem desse ano.

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Deuterodon cf. intermedius* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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

<i>Deuterodon cf. intermedius</i>					
Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
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
5	P1B	0	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	14	8,75 (5,24)	19,35 (13,64)	0,670 (0,413)
5	P4	23	9,82 (4,33)	22,50 (13,78)	0,654 (0,438)
5	P5	0	NA	NA	NA
5	P6	0	NA	NA	NA
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	4	3,79 (1,17)	19,90 (10,85)	0,625 (0,356)
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	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. A variação do Ano 2 mostrou-se mais próxima a do ano 3, porém com maior discrepância entre os pontos. O tamanho dos alelos teve maior variação no Ano 1, porém esses números são semelhantes aos dos anos subsequentes. Na diversidade gênica, observou-se altos níveis em todos os anos, mas com variação sutilmente maior no Ano 1 e menores índices no Ano 5. A comparação dos resultados desses índices ao longo dos anos mostra uma diminuição da diversidade do Ano 2 para o Ano 3 e uma estabilização nos anos subsequentes. No entanto, a presença ou captura dessa espécie de Lambari *Deuterodon cf. intermedius*, dificulta uma melhor comparação da diversidade entre os pontos (Tabela 9). Os resultados do Ano 5 devem mudar com a inclusão da amostragem total

dessa espécie nesse ano, uma vez que apenas duas coletas (Novembro de 2022 e janeiro de 2023) foram incluídas nessa análise parcial.

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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 ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ 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)
4	P10	8	2,90 (1,27)	5,00 (2,69)	0,469 (0,370)
5	P1B	0	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	2	2,00 (1,00)	3,90 (2,13)	0,392 (0,207)
5	P4	0	NA	NA	NA

<b><i>Geophagus aff. brasiliensis</i></b>					
<b>Ano</b>	<b>Estações de coleta</b>	<b>N</b>	<b>No médio de alelos (±SD)</b>	<b>Amplitude tamanho dos alelos</b>	<b>Diversidade gênica (±SD)*</b>
5	P5	8	3,30 (1,56)	5,20 (2,38)	0,473 (0,260)
5	P6	26	5,50 (1,95)	9,45 (4,27)	0,534 (0,321)
5	P7	15	4,10 (1,04)	6,10 (1,31)	0,576 (0,398)
5	P8B	1	NA	NA	NA
5	P10	7	3,90 (1,71)	5,90 (3,62)	0,458 (0,131)
5	P11	1	NA	NA	NA
5	P12	0	NA	NA	NA

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

Os índices de diversidade genética foram calculados para a espécie de Acará *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4 e coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 10). 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 anteriormente nas análises de Barcode e no Convênio Renova/UFV (2023).

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<b><i>Hoplias malabaricus</i></b>					
<b>Ano</b>	<b>Estações de coleta</b>	<b>N</b>	<b>No médio de alelos (±SD)</b>	<b>Amplitude tamanho dos alelos</b>	<b>Diversidade gênica (±SD)*</b>
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

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
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
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)
5	P1B	1	NA	NA	NA
5	P2	1	NA	NA	NA
5	P3	0	NA	NA	NA
5	P4	3	2,63 (0,48)	3,53 (0,57)	0,528 (0,465)
5	P5	1	NA	NA	NA
5	P6	4	2,78 (0,43)	3,80 (0,84)	0,454 (0,362)
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	0	NA	NA	NA
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	0	NA	NA	NA

\*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, 4 e coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 11). 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 e em padrões de variação de microssatélites (Convênio Renova/UFV, 2023). 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. No Ano 5 esse índice melhora, no entanto, também tivemos coleta insuficiente em vários pontos de amostragem. Além disso, apenas duas coletas (Novembro de 2022 e janeiro de 2023) desse último ano foram incluídas nas análises, portanto os resultados desse índice para o Ano 5 podem ser alterados quando analisada toda a amostragem.

Tabela 11: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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
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
5	P1B	0	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	0	NA	NA	NA
5	P4	2	2,00 (0,32)	1,91 (1,18)	0,287 (0,175)
5	P5	0	NA	NA	NA
5	P6	0	NA	NA	NA
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	0	NA	NA	NA
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	14	3,649 (1,77)	4,16 (2,17)	0,542 (0,377)
5	P12	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, 4 e coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 12). 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 e 5. No entanto, no Ano 5 foram amostrados apenas dois pontos de coleta, o que dificulta a comparação com os outros anos. 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*. Resultados do Ano 5 são parciais e estão sujeitos a mudanças com a análise de toda a amostragem.

Tabela 12: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

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



<i>Pachyurus adspersus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
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
5	P1B	3	3,33 (1,28)	2,33 (0,63)	0,432 (0,314)
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	0	NA	NA	NA
5	P4	15	4,00 (1,52)	5,33 (2,62)	0,328 (0,223)
5	P5	3	3,00 (1,57)	2,66 (0,69)	0,392 (0,283)
5	P6	2	2,00 (1,20)	2,00 (0,63)	0,395 (0,286)
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	3	3,33 (1,18)	2,00 (0,48)	0,423 (0,323)
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	5	4,33 (1,74)	5,66 (2,13)	0,382 (0,233)

\*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, 4 e coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 13). 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 Ano 2. No entanto, nos Anos 3 e 4 os valores de diversidade gênica voltam a diminuir para a Corvina *P. adspersus*, aumentando novamente no Ano 5. Como apenas duas coletas do Ano 5 (Novembro de 2022 e janeiro de 2023) foram incluídas nas análises, a tendência é de melhora desse índice com a análise de toda a amostragem desse ano.

Tabela 13: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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)

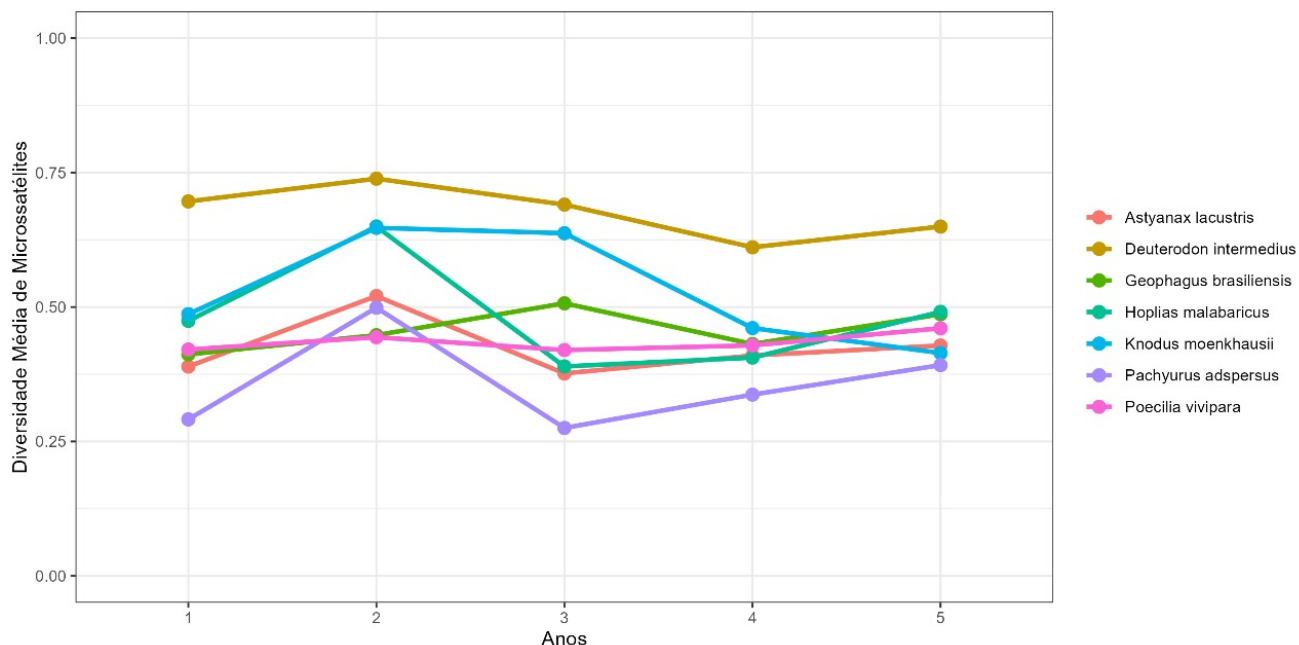
<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
2	P4	29	5,00 (3,24)	5,60 (4,16)	0,505 (0,320)
2	P5	30	3,00 (1,41)	2,25 (1,25)	0,223 (0,192)
2	P6	16	3,00 (1,22)	4,00 (3,39)	0,513 (0,314)
2	P7	31	3,80 (2,38)	5,20 (3,56)	0,403 (0,289)
2	P8	1	NA	NA	NA
3	P1	3	2,00 (0,00)	2,33 (2,31)	0,240 (0,203)
3	P2	5	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,466 (0,329)
3	P3	24	3,40 (1,14)	5,20 (3,19)	0,461 (0,320)
3	P4	30	5,00 (3,31)	6,00 (5,05)	0,594 (0,364)
3	P5	28	3,40 (2,07)	3,40 (2,51)	0,254 (0,210)
3	P6	2	2,00 (0,00)	3,75 (3,77)	0,433 (0,357)
3	P7	30	3,60 (1,51)	5,20 (3,27)	0,492 (0,299)
3	P8	0	NA	NA	NA
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)
5	P1B	0	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	15	3,40 (1,87)	4,90 (3,17)	0,483 (0,284)
5	P4	15	3,60 (1,23)	4,00 (3,34)	0,507 (0,305)
5	P5	25	3,60 (1,35)	4,90 (3,27)	0,491 (0,299)
5	P6	0	NA	NA	NA
5	P7	15	3,40 (1,24)	5,10 (3,07)	0,391 (0,301)
5	P8B	0	NA	NA	NA
5	P10	16	3,00 (1,34)	4,80 (2,79)	0,431 (0,280)
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	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, 4 e coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 14). 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 maiores valores observados no Ano 2.

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

Figura 15: 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 5, e na Traíra *H. malabaricus*, com queda acentuada desse índice do Ano 2 para o Ano 3, porém estabilizou do Ano 3 para o 4 e apresentou um leve aumento no Ano 5 (Figura 15). Porém, vale ressaltar que essa espécie apresentou problemas de baixos tamanhos amostrais ao longo dos anos. Os resultados do Ano 5 são parciais (apenas as coletas de novembro de 2022 e janeiro de 2023) e podem sofrer alterações com a inclusão de toda a amostragem nas próximas análises para o relatório final.

## 2.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS

Tabela 14: Estruturação genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), que indica flutuação no tamanho efetivo populacional.

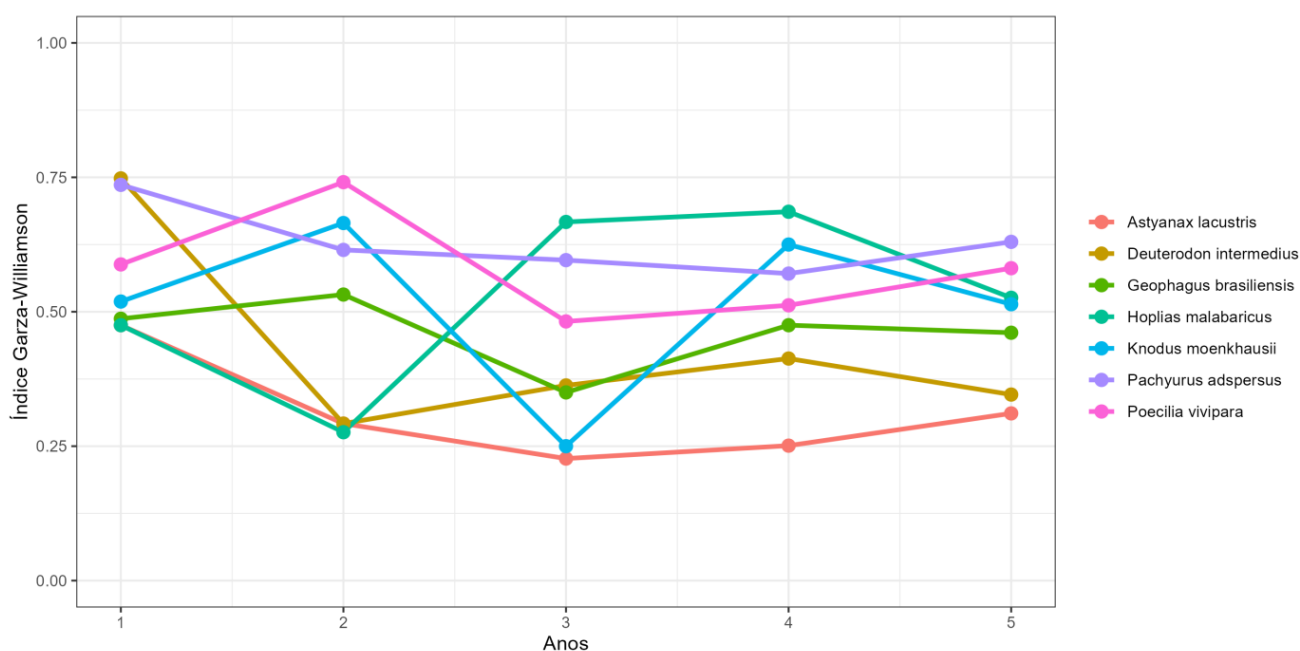
Espécie	Ano1			Ano2			Ano3			Ano4			Ano5		
	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
<i>Astyanax lacustris</i>	<b>0,030</b>	<b>0,690</b>	<b>0,475 (0,053)</b>	0,002	<b>0,613</b>	<b>0,292 (0,154)</b>	-0,003	<b>0,767</b>	<b>0,227 (0,086)</b>	0,005	<b>0,635</b>	<b>0,251 (0,116)</b>	0,009	<b>0,676</b>	<b>0,311 (0,102)</b>
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,007	<b>0,802</b>	<b>0,315 (0,115)</b>	0,016	<b>0,759</b>	<b>0,292 (0,179)</b>	0,006	<b>0,777</b>	<b>0,363 (0,028)</b>	0,007	<b>0,742</b>	<b>0,413 (0,138)</b>	0,009	<b>0,770</b>	<b>0,346 (0,115)</b>
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	0,016	<b>0,576</b>	<b>0,487 (0,084)</b>	0,008	<b>0,553</b>	<b>0,532 (0,134)</b>	0,037	<b>0,725</b>	<b>0,350 (0,088)</b>	0,016	<b>0,572</b>	<b>0,475 (0,118)</b>	0,019	<b>0,607</b>	<b>0,461 (0,106)</b>
<i>Hoplias malabaricus</i>	<b>0,080</b>	<b>0,621</b>	<b>0,475 (0,088)</b>	-0,094	<b>0,722</b>	<b>0,276 (0,146)</b>	0,147	<b>0,610</b>	<b>0,667 (0,179)</b>	0,007	<b>0,631</b>	<b>0,686 (0,138)</b>	0,035	<b>0,646</b>	<b>0,526 (0,138)</b>
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,007	<b>0,748</b>	<b>0,519 (0,133)</b>	0,002	<b>0,753</b>	<b>0,665 (0,060)</b>	0,151	<b>0,613</b>	<b>0,250 (0,100)</b>	0,071	<b>0,591</b>	<b>0,625 (0,073)</b>	0,058	<b>0,676</b>	<b>0,514 (0,092)</b>
<i>Pachyurus adspersus</i>	<b>0,065</b>	<b>0,250</b>	<b>0,736 (0,063)</b>	<b>0,052</b>	<b>0,267</b>	<b>0,615 (0,182)</b>	0,010	<b>0,272</b>	<b>0,596 (0,138)</b>	0,040	<b>0,268</b>	<b>0,571 (0,098)</b>	0,042	<b>0,264</b>	<b>0,630 (0,120)</b>
<i>Poecilia vivipara</i>	<b>0,094</b>	<b>0,436</b>	<b>0,588 (0,103)</b>	<b>0,098</b>	<b>0,218</b>	<b>0,741 (0,189)</b>	<b>0,140</b>	<b>0,324</b>	<b>0,482 (0,138)</b>	<b>0,083</b>	<b>0,237</b>	<b>0,512 (0,103)</b>	<b>0,104</b>	<b>0,304</b>	<b>0,581 (0,133)</b>

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

Os índices populacionais mostraram baixa estruturação genética ( $F_{ST}$ ), 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, 4 e 5. 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 15). Os índices de endogamia ( $F_{IS}$ ) 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.

## 2.14 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES

Figura 16: 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 cinco anos de monitoramento, com os índices de G-W se mantendo constantes (Figura 16). Exceção foi para *Deuterodon cf. intermedius*, *Hoplias malabaricus* e *Knodus moenkhausii* que apresentaram maiores amplitudes de variação desse índice ao longo do monitoramento. Todas as espécies apresentaram estabilidade na redução populacional do Ano 3 para o Ano 4 e desse para o Ano 5, com exceção de *K. moenkhausii* que aumentou essa redução no Ano 4 e diminuiu no Ano 5. No entanto, essa diminuição no Ano 5 deve ser confirmada nas próximas análises quando toda a amostragem desse ano for incluída.

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

Tabela 15: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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)	<b>-2,22153 (0,002)</b>	0,32452 (0,600)
COI	1	P3	30	5	21	0,5563 (0,0863)	0,002811 (0,001818)	<b>-2,19280 (0,002)</b>	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)	<b>-1,67839 (0,02)</b>	<b>-2,48943 (0,02)</b>
COI	1	P6	30	8	29	0,5908 (0,0998)	0,004686 (0,002757)	<b>-1,97758 (0,008)</b>	0,40435 (0,700)
COI	1	P7	28	4	21	0,3730 (0,1065)	0,002552 (0,001690)	<b>-2,36603 (0,001)</b>	1,97621 (0,856)
COI	1	P8	28	5	5	0,3280 (0,1122)	0,000600 (0,000626)	<b>-1,86266 (0,008)</b>	<b>-3,06013 (0,004)</b>
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)	<b>-1,67904 (0,025)</b>	-1,79546 (0,038)
COI	2	P7	9	3	21	0,5556 (0,1653)	0,007092 (0,004316)	<b>-1,74022 (0,021)</b>	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	0,29431

*Astyanax lacustris*

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)
								(0,742)	(0,339)
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)	<b>-2.34386 (0,018)</b>
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)	<b>-4.23731 (0.026)</b>
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)	<b>-4.14127 (0.016)</b>
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)	<b>-1.78603 (0.026)</b>	-0.79781 (0.317)
COI	4	P6	23	13	23	0.9012 (0.0503)	0.007096 (0.004066)	-1.15504 (0.117)	<b>-3.64788 (0.048)</b>



*Astyanax lacustris*

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	P7	24	12	23	0.8225 (0.0741)	0.006511 (0.003766)	-1.32733 (0.081)	-2.81662 (0.098)
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)
COI	5	P1B	3	3	25	1.0000 (0.2722)	0.023507 (0.018141)	0.00000 (1.000)	1.67558 (0.516)
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	3	3	24	1.0000 (0.2722)	0.026403 (0.020404)	0.00000 (1.000)	1.63315 (0.511)
COI	5	P4	18	15	37	0.9608 (0.0394)	0.013208 (0.007181)	-0.94040 (0.186)	-4.85838 (0.020)
COI	5	P5	16	13	20	0.9667 (0.0357)	0.006441 (0.003741)	-0.97482 (0.162)	-6.30505 (0.002)
COI	5	P6	19	11	28	0.8772 (0.0593)	0.010528 (0.005833)	-0.80385 (0.226)	-1.08090 (0.306)
COI	5	P7	5	5	14	1.0000 (0.1265)	0.009309 (0.006192)	-0.13015 (0.515)	-0.91837 (0.162)
COI	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P10	20	15	35	0.9632 (0.0282)	0.008158 (0.004550)	-1.63658 (0.034)	-5.63746 (0.008)
COI	5	P11	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P12	11	8	10	0.9273 (0.0665)	0.004770 (0.002983)	-0.04034 (0.525)	-2.60434 (0.045)
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)	<b>-1,73148 (0,027)</b>	-2,88999 (0,043)
CYTB	1	P3	29	10	44	0,5320 (0,1133)	0,004563 (0,002661)	<b>-2,55074 (0,0001)</b>	-0,93325 (0,355)



*Astyanax lacustris*

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	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)	<b>-1,94995 (0,010)</b>	<b>-3,47533 (0,017)</b>
CYTB	1	P7	28	23	12	0,9788 (0,0183)	0,001858 (0,001299)	<b>-1,76920 (0,019)</b>	<b>-6,48408 (0,0002)</b>
CYTB	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	<b>-2,11727 (0,004)</b>	-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)	<b>-2,10476 (0,004)</b>	<b>-7,29465 (0,0001)</b>
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)	<b>-2,33864 (0,0005)</b>	<b>-7,59503 (&lt;0,0001)</b>
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)	<b>-2,05116 (0,007)</b>	-3,63070 (0,068)
CYTB	3	P1B	4	4	54	1,0000 (0,1768)	0,028436 (0,018957)	0,19289 (0,714)	1,54907 (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)	<b>-0,63029 (0,223)</b>
CYTB	3	P5	15	7	24	0,6571 (0,1384)	0,004745 (0,002717)	-1,11952 (0,131)	0,96298 (0,687)

*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	3	P6	25	13	41	0.9200 (0.0347)	0.005480 (0.003018)	<b>-1.74795 (0.026)</b>	-1.76675 (0.225)
CYTB	3	P7	23	13	45	0.8893 (0.0510)	0.007455 (0.004050)	<b>-1.63385 (0.036)</b>	-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)	<b>-4.79218 (0.024)</b>
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)
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)

*Astyanax lacustris*

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	5	P1B	3	3	33	1.0000 (0.2722)	0.018771 (0.014368)	0.00000 (1.000)	1.96258 (0.531)
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	3	3	24	1.0000 (0.2722)	0.016000 (0.012365)	0.00000 (1.000)	1.63315 (0.513)
CYTB	5	P4	18	16	60	0.9869 (0.0229)	0.012266 (0.006450)	-0.74076 (0.244)	-3.70764 (0.058)
CYTB	5	P5	16	13	44	0.9667 (0.0357)	0.008153 (0.004426)	-1.21631 (0.105)	-2.81362 (0.095)
CYTB	5	P6	19	16	53	0.9766 (0.0267)	0.011074 (0.005885)	-1.10885 (0.131)	-4.11804 (0.047)
CYTB	5	P7	5	5	35	1.0000 (0.1265)	0.015183 (0.009573)	-0.26791 (0.494)	0.27082 (0.341)
CYTB	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	20	15	42	0.9684 (0.0254)	0.006417 (0.003493)	-1.45641 (0.061)	-4.13467 (0.040)
CYTB	5	P11	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	11	9	32	0.9636 (0.0510)	0.008036 (0.004512)	-0.64116 (0.265)	-1.02190 (0.258)
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

*Astyanax lacustris*

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	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
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

*Astyanax lacustris*

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	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
Myh6	5	P1B	3	3	3	NA	0.001912 (0.001710)	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	3	4	1	NA	0.001062 (0.001168)	NA	NA
Myh6	5	P4	18	12	27	NA	0.003545 (0.002312)	NA	NA
Myh6	5	P5	16	9	8	NA	0.001395 (0.001187)	NA	NA
Myh6	5	P6	19	12	19	NA	0.002553 (0.001821)	NA	NA
Myh6	5	P7	5	3	17	NA	0.011260 (0.006644)	NA	NA
Myh6	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P10	20	10	16	NA	0.002297 (0.001665)	NA	NA

*Astyanax lacustris*

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	5	P11	1	1	NA	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	5	P12	11	7	7	NA	0.002210 (0.001655)	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
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

*Astyanax lacustris*

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	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
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
Glyt	5	P1B	3	6	11	NA	0.004882 (0.003248)	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Astyanax lacustris</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)
Glyt	5	P3	3	3	27	NA	0.014248 (0.008669)	NA	NA
Glyt	5	P4	18	27	22	NA	0.004285 (0.002472)	NA	NA
Glyt	5	P5	16	24	38	NA	0.011065 (0.005789)	NA	NA
Glyt	5	P6	19	29	48	NA	0.009339 (0.004922)	NA	NA
Glyt	5	P7	5	9	6	NA	0.002775 (0.001855)	NA	NA
Glyt	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P10	20	29	28	NA	0.008427 (0.004472)	NA	NA
Glyt	5	P11	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P12	11	18	32	NA	0.011960 (0.006319)	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5), 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 16). Considerando ambos os marcadores, foi observada uma flutuação no número de haplótipos, mostrando um decréscimo no Ano 2 e um aumento no Ano 3, continuando no Ano 4 e se mantendo no Ano 5. 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 e se mantendo nos anos subsequentes. O teste D de Tajima indica uma tendência sutil de expansão após recente contração populacional, uma tendência corroborada pela estatística FS de Fu em todos os anos do monitoramento. Por ter um tempo de geração mais curto, foi possível observar uma melhora da variabilidade genética em *Astyanax lacustris* após a passagem do rejeito. Os resultados do gene nuclear *Myh6* mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de amostragem. Para o gene nuclear *Glyt*, os resultados mostram uma variabilidade genética maior, semelhante àquela observada para os genes mitocondriais a partir do Ano 3. Esses resultados eram esperados, uma vez que esses genes têm uma taxa de mutação mais lenta em comparação com os genes mitocondriais.



Tabela 16: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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 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	12	7	23	0,8333 (0,1002)	0,007988 (0,004718)	<b>-1,61101 (0,044)</b>	-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

*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	2	P7	5	4	18	0,9000 (0,1610)	0,013839 (0,009034)	-0,20459 (0,485)	1,31990 (0,673)
COI	2	P8	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
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

*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	P7	3	3	7	1.0000 (0.2722)	0.008018 (0.006701)	0.00000 (1.000)	0.30830 (0.381)
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
COI	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	14	5	16	0.7802 (0.0846)	0.006390 (0.003852)	-1.06493 (0.151)	1.75216 (0.822)
COI	5	P4	23	11	25	0.8775 (0.0487)	0.010529 (0.005795)	-0.35193 (0.402)	-0.41846 (0.450)
COI	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P8B	4	3	10	0.8333 (0.2224)	0.010571 (0.007747)	-0.83379 (0.111)	1.50590 (0.711)
COI	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	NA	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)
COI	5	P12	NA	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)	<b>-1,66973 (0,033)</b>	1,86358 (0,812)
CYTB	1	P3	29	10	29	0,6552 (0,0982)	0,006003 (0,003438)	<b>-1,65721 (0,030)</b>	-0,47027 (0,445)
CYTB	1	P4	27	10	39	0,6496 (0,1029)	0,009034 (0,004858)	-1,02730 (0,152)	1,59030 (0,773)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	26	8	43	0,8092 (0,0571)	0,014312 (0,007507)	-0,24269 (0,454)	5,40379 (0,968)
CYTB	1	P8	18	8	55	0,7516 (0,1031)	0,012975 (0,006878)	-0,97397 (0,168)	3,79307 (0,935)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	29	18	77	0,9532 (0,0211)	0,015298 (0,007792)	-0,43037 (0,373)	-0,06583 (0,514)
CYTB	2	P4	28	27	98	0,9974 (0,0104)	0,017430 (0,008847)	-0,80236 (0,220)	<b>-10,67660 (0,001)</b>
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	-4,10053

*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)
								(0,288)	(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)
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)	<b>0.95538 (0.000)</b>
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	NA	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)
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	13	9	45	0.9103 (0.0683)	0.007961 (0.004407)	-1.67736 (0.032)	-0.10809 (0.471)
CYTB	5	P4	21	17	64	0.9524 (0.0399)	0.013095 (0.006844)	-0.96600 (0.175)	-3.13321 (0.102)
CYTB	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P8B	3	3	5	1.0000 (0.2722)	0.002932 (0.002548)	0.00000 (1.000)	-0.07696 (0.227)
CYTB	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	NA	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
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

*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	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
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

*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	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
Myh6	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	15	24	32	NA	0.023420 (0.012373)	NA	NA
Myh6	5	P4	24	31	37	NA	0.017825 (0.009272)	NA	NA
Myh6	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	7	11	29	NA	0.018279 (0.010041)	NA	NA
Myh6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA



*Deuterodon cf. intermedius*

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	5	P12	NA	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
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
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P1B	NA	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)
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	15	18	21	NA	0.005343 (0.003202)	NA	NA
Glyt	5	P4	24	32	24	NA	0.006122 (0.003543)	NA	NA
Glyt	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P8B	7	10	12	NA	0.006282 (0.003827)	NA	NA
Glyt	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5). O número de haplótipos obtidos nas análises ao longo dos anos mostra uma diversidade haplotípica alta já a partir do primeiro ano do monitoramento, sendo a mesma situação observada na quantidade de sítios polimórficos (Tabela 17). Esses resultados mostram uma variabilidade genética de média a alta para essa espécie. 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. A exemplo de *A. lacustris*, essa espécie também tem um tempo de geração mais curto o que pode permitir uma recuperação mais rápida de sua variabilidade genética após redução causada pela passagem do rejeito de minério na calha do Rio Doce.

Tabela 17: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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 Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	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)	<b>-2,37727 (0,0004)</b>	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)	<b>-1,73372 (0,020)</b>	4,61381 (0,952)
COI	2	P3	29	4	40	0,6675 (0,0673)	0,011866 (0,006295)	-0,65347 (0,280)	11,53169 (0,999)
COI	2	P4	29	5	39	0,6527 (0,0783)	0,010723 (0,005735)	-0,87535 (0,197)	8,41194 (0,991)
COI	2	P5	28	4	4	0,3730 (0,1065)	0,001250 (0,001004)	-0,36729 (0,396)	0,03899 (0,482)
COI	2	P6	29	2	36	0,0690 (0,0632)	0,003512 (0,002173)	<b>-2,68454 (&lt;0,00001)</b>	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)

*Geophagus aff. brasiliensis*

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	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
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)
COI	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	2	2	37	1.0000 (0.5000)	0.055891 (0.056641)	0.00000 (1.000)	3.61092 (0.602)
COI	5	P4	NA	NA	NA	NA	NA	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)
COI	5	P5	8	3	4	0.6071 (0.1640)	0.003180 (0.002415)	-0.01975 (0.461)	1.01850 (0.725)
COI	5	P6	26	4	28	0.2215 (0.1063)	0.006154 (0.003884)	<b>-2.54044 (0.000)</b>	2.69577 (0.899)
COI	5	P7	15	3	4	0.4571 (0.1406)	0.002196 (0.001759)	-0.62465 (0.28680)	0.90677 (0.67720)
COI	5	P8B	1	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P10	7	2	37	0.2857 (0.1964)	0.015969 (0.009504)	<b>-1.72229 (0.001)</b>	9.24076 (0.999)
COI	5	P11	1	1	NA	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	29	4	15	0,2586 (0,1042)	0,001072 (0,000781)	<b>-2,30691 (0,0005)</b>	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)	<b>-2,43763 (0,0002)</b>	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)	<b>-2,24295 (0,021)</b>
CYTB	1	P8	20	4	74	0,4895 (0,1167)	0,028654 (0,014612)	1,60830 (0,967)	21,65217 (1,000)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	10	95	0,6414 (0,0995)	0,012797 (0,006559)	<b>-1,49432 (0,044)</b>	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)	<b>-2,70687</b>	11,27912

*Geophagus aff. brasiliensis*

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)
								(<0,00001)	(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)
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)	<b>-1.46690</b>	5.30432

*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)
								<b>(0.018)</b>	(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)	<b>-1.47739 (0.014)</b>	3.11818 (0.928)
CYTB	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	2	2	78	1.0000 (0.5000)	0.068844 (0.069284)	0.00000 (1.000)	4.35671 (0.619)
CYTB	5	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P5	6	5	17	0.9333 (0.1217)	0.007355 (0.004589)	0.73988 (0.767)	0.51524 (0.516)
CYTB	5	P6	25	24	86	0.9967 (0.0125)	0.011667 (0.006067)	-1.74516 (0.024)	-12.30940 (0.000)
CYTB	5	P7	14	11	70	0.9560 (0.0447)	0.014403 (0.007671)	-1.14535 (0.116)	-0.09557 (0.456)
CYTB	5	P8B	1	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P10	7	7	79	1.0000 (0.0764)	0.024209 (0.013873)	-0.87000 (0.229)	-0.03618 (0.295)
CYTB	5	P11	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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



*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)
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
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

*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	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	2	4	27	NA	0.029749 (0.020310)	NA	NA
Myh6	5	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P5	10	9	16	NA	0.029831 (0.016146)	NA	NA
Myh6	5	P6	26	17	20	NA	0.007405 (0.004669)	NA	NA
Myh6	5	P7	15	16	27	NA	0.032542 (0.017185)	NA	NA
Myh6	5	P8B	1	2	3	NA	0.006452 (0.007450)	NA	NA
Myh6	5	P10	7	5	16	NA	0.015053 (0.008875)	NA	NA
Myh6	5	P11	1	1	0	NA	0.002151 (0.003041)	NA	NA
Myh6	5	P12	NA	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
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

*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	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
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
Glyt	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	2	2	5	NA	0.003027 (0.002437)	NA	NA
Glyt	5	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P5	9	5	17	NA	0.006897 (0.003944)	NA	NA
Glyt	5	P6	25	13	8	NA	0.001889 (0.001272)	NA	NA

<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)
Glyt	5	P7	13	12	11	NA	0.002250 (0.001483)	NA	NA
Glyt	5	P8B	1	2	1	NA	0.001211 (0.001712)	NA	NA
Glyt	5	P10	7	4	7	NA	0.001716 (0.001251)	NA	NA
Glyt	5	P11	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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

Os haplótipos dos genes *COI* e *CYTB* mostram valores elevados a partir dos resultados do Ano 3 (Tabela 18). A comparação do número de haplótipos entre pontos de coleta mostrou pouca variação, porém com um número de haplótipos levemente mais alto nos pontos 3, 5 e 7. Houve pouca variação desse índice entre os anos do monitoramento. Essa variação mostra uma concordância com os índices de diversidade. A estatística D de Tajima apresentou valores negativos e significativos sugestivos de expansão populacional nos pontos 2 e 6. A heterogeneidade dos índices de diversidade observada entre os pontos de coleta é indicativo da existência de mais de uma linhagem presente na área de 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 período de amostragem.

Tabela 18: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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 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	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)	<b>-1.74110 (0.015)</b>	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)	<b>-1.68032 (0.013)</b>
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)	<b>-1.85059 (0.012)</b>	<b>-1.84413 (0.034)</b>
COI	1	P8	8	5	14	0.7857 (0.1508)	0.006434 (0.004170)	<b>-1.79124 (0.008)</b>	1.34381 (0.760)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	5	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	8	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	11	2	3	0.3273 (0.1533)	0.001389 (0.001145)	-0.14180 (0.413)	2.26201 (0.840)
COI	2	P7	8	3	4	0.6786 (0.1220)	0.001819 (0.001445)	-0.72673 (0.290)	0.67071 (0.601)
COI	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
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	0.09021

*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)
								(0.301)	(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)	<b>-2.01815 (0.022)</b>
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
COI	5	P1B	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P2	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P4	3	2	12	0.6667 (0.3143)	0.020000 (0.015986)	0.00000	3.78419

*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)
								(1.000)	(0.915)
COI	5	P5	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P6	4	3	2	0.8333 (0.2224)	0.001674 (0.001590)	0.59158 (0.815)	-0.65789 (0.165)
COI	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	NA	NA	NA	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)
CYTB	2	P1	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)
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)	<b>-1.72322 (0.015)</b>	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)
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

*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	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)
CYTB	5	P1B	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P2	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P4	2	2	6	1.0000 (0.5000)	0.005655 (0.006108)	0.00000 (1.000)	1.79176 (0.510)
CYTB	5	P5	1	1	0	1.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P6	4	3	25	0.8333 (0.2224)	0.015279 (0.010473)	-0.73266 (0.259)	3.02566 (0.870)
CYTB	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	NA	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)
CYTB	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P2	3	2	1	NA	0.000537 (0.000707)	NA	NA
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
Myh6	3	P3	1	1	0	NA	NA	NA	NA

*Hoplias malabaricus*

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	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
Myh6	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P1B	1	2	2	NA	0.003221 (0.003944)	NA	NA
Myh6	5	P2	1	2	4	NA	0.006441 (0.007202)	NA	NA
Myh6	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Hoplias malabaricus*

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	5	P4	3	5	13	NA	0.010950 (0.006942)	NA	NA
Myh6	5	P5	1	2	2	NA	0.003221 (0.003944)	NA	NA
Myh6	5	P6	4	3	3	NA	0.002243 (0.001745)	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P11	2	3	4	NA	0.004557 (0.003714)	NA	NA
Myh6	5	P12	NA	NA	NA	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

*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	P5	7	3	5	NA	0.002027 (0.001419)	NA	NA
Glyt	2	P6	6	3	3	NA	0.001379 (0.001081)	NA	NA
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
Glyt	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Hoplias malabaricus</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)
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
Glyt	5	P1B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P4	3	4	13	NA	0.009294 (0.005913)	NA	NA
Glyt	5	P5	1	2	1	NA	0.001422 (0.002012)	NA	NA
Glyt	5	P6	4	3	2	NA	0.000965 (0.000930)	NA	NA
Glyt	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P11	2	3	2	NA	0.001660 (0.001576)	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 19). 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, e também uma maior variação entre os pontos de coleta. Esse índice começa a mostrar valores mais altos a partir do Ano 2, os quais se mantêm nos anos subsequentes. 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 para o ponto 7 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 período 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 19: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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 Haplótipica (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)	<b>-1,85514 (0,010)</b>	-0,19003 (0,343)
COI	1	P2	18	4	7	0,3137 (0,1376)	0,001911 (0,001632)	<b>-2,09654 (0,004)</b>	0,57109 (0,596)
COI	1	P3	20	3	2	0,1947 (0,1145)	0,000671 (0,000970)	<b>-1,51284 (0,041)</b>	-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)	<b>-1,90117 (0,004)</b>	-1,14218 (0,153)
COI	1	P8	26	6	8	0,3538 (0,1194)	0,001451 (0,001164)	<b>-1,80126 (0,019)</b>	-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)	<b>-1,80933 (0,017)</b>	-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)
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	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)
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)	<b>-2,91502 (0,013)</b>
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)	<b>-2.27570 (0.057)</b>
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 (0.309)	-1.66850 (0.125)
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

*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	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P4	2	2	1	1.0000 (0.5000)	0.001938 (0.002741)	0.00000 (1.000)	0.00000 (0.252)
COI	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	14	5	4	0.5055 (0.1581)	0.001658 (0.001319)	-0.58885 (0.289)	-1.55148 (0.055)
COI	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	20	2	3	0,1000 (0,0880)	0,000367 (0,000445)	<b>-1,72331 (0,020)</b>	0,54390 (0,395)
CYTB	1	P2	8	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	12	3	6	0,3182 (0,1637)	0,3182 (0,1637)	-1,37073 (0,097)	1,19717 (0,766)
CYTB	1	P4	20	2	1	0,1000 (0,0880)	0,000178 (0,000353)	-1,16439 (0,137)	-0,87930 (0,080)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	9	2	4	0,2222 (0,1662)	0,001120 (0,000973)	<b>-1,60974 (0,035)</b>	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)	<b>-1,19267 (0,045)</b>	1,87180 (0,817)

*Knodus moenkhausii*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	2	P2	23	13	36	0,8498 (0,0713)	0,005115 (0,002824)	-1,46677 (0,054)	-2,12929 (0,186)
CYTB	2	P3	32	17	56	0,8669 (0,0467)	0,004563 (0,002516)	<b>-2,29262 (0,001)</b>	<b>-4,56451 (0,046)</b>
CYTB	2	P4	28	17	50	0,8889 (0,0508)	0,005100 (0,002793)	<b>-2,01469 (0,007)</b>	<b>-4,84698 (0,032)</b>
CYTB	2	P5	27	15	30	0,8547 (0,0612)	0,003655 (0,002083)	<b>-1,67225 (0,027)</b>	<b>-4,98515 (0,019)</b>
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)	<b>-2,09976 (0,005)</b>	-1,20485 (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)	<b>-7,09386 (0,000)</b>
CYTB	4	P2	31	12	12	0,8688 (0,0445)	0,002693 (0,001632)	-0,27086 (0,44590)	<b>-3,52944 (0,04830)</b>
CYTB	4	P3	33	11	12	0,8883 (0,0265)	0,002147 (0,001354)	-0,81786 (0,232)	<b>-3,44178 (0,040)</b>
CYTB	4	P4	17	11	10	0,9118 (0,0561)	.003213 (0,001987)	-0,09357 (0,499)	<b>-5,02996 (0,004)</b>
CYTB	4	P5	7	5	8	0,8571 (0,1371)	0,003281 (0,002181)	0,26266 (0,615)	0,92756 (0,681)
CYTB	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*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	P7	40	14	10	0.8705 (0.0360)	0.002270 (0.001402)	0.02640 (0.571)	<b>-4.45480 (0.0205)</b>
CYTB	4	P8B	51	27	16	0.9490 (0.0165)	0.003454 (0.001976)	0.04619 (0.588)	<b>-11.91665 (0.000)</b>
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
CYTB	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P4	2	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	14	5	6	0.7692 (0.0755)	0.001969 (0.001341)	0.00646 (0.537)	-0.06495 (0.481)
CYTB	5	P12	NA	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

*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)
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
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

*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)
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
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
Myh6	5	P1B	3	5	14	NA	0.011517 (0.007195)	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P4	2	4	18	NA	0.016386 (0.011276)	NA	NA
Myh6	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA



*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)
Myh6	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P11	15	23	25	NA	0.012137 (0.006417)	NA	NA
Myh6	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	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
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

*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)
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
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

*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)
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P4	2	3	2	NA	0.002571 (0.002547)	NA	NA
Glyt	5	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P11	19	10	6	NA	0.001455 (0.001060)	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	NA	NA	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 20). O número de haplótipos e sítios polimórficos mostram aumentos progressivos no gene COI a partir do Ano 4 para *K. moenkhausii*. Esse aumento é corroborado pelos índices de diversidade haplotípica e nucleotídica. Para o gene Cytb o aumento desses índices ocorre a partir do Ano 2. 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 e seu tempo de geração mais curto.

Tabela 20: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

<i>Pachyurus adspersus</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	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	<b>-1,50906 (0,040)</b>	-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)	<b>-1,73178 (0,015)</b>	0,13503 (0,265)
COI	1	P4	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000188 (0,000321)	<b>-1,50738 (0,040)</b>	-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

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
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)	<b>-1.33911 (0.050)</b>
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
COI	5	P1B	3	2	1	0.6667 (0.3143)	0.000939 (0.001171)	0.00000 (1.000)	0.20067 (0.392)
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	5	P4	15	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P5	3	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P6	2	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P8B	3	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
COI	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	5	2	1	0.4000 (0.2373)	0.000563 (0.000716)	-0.81650 (0.302)	0.09021 (0.291)
CYTB	1	P1	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,328)	-0,34603 (0,311)
CYTB	1	P2	28	3	2	0,5000 (0,0699)	0,000545 (0,000524)	0,04015 (0,638)	0,10934 (0,443)
CYTB	1	P3	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000385 (0,000422)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,564)
CYTB	1	P4	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,336)	-0,34603 (0,304)
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)	<b>-1,53686 (0,044)</b>	<b>-2,77674 (0,012)</b>
CYTB	1	P8	29	5	3	0,5542 (0,0805)	0,000672 (0,000598)	-0,36888 (0,385)	-0,65854 (0,274)



<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	2	P1	21	2	1	0,3810 (0,1005)	0,000424 (0,000466)	0,65593 (0,841)	0,94374 (0,541)
CYTB	2	P2	30	3	2	0,4805 (0,0726)	0,000586 (0,000560)	0,08763 (0,627)	0,16514 (0,454)
CYTB	2	P3	33	5	5	0,4811 (0,0891)	0,000653 (0,000599)	-1,39415 (0,065)	-1,95001 (0,053)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	13	5	4	0,5385 (0,1611)	0,000827 (0,000734)	-1,43714 (0,090)	<b>-2,53494 (0,004)</b>
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

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P5	9	3	2	0.4167 (0.1907)	0.000758 (0.000839)	-1.36240 (0.096)	<b>-1.08110 (0.044)</b>
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
CYTB	5	P1B	3	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P4	15	2	1	0.1333 (0.1123)	0.000172 (0.000304)	-1.15945 (0.148)	-0.64899 (0.110)
CYTB	5	P5	3	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P6	2	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA
CYTB	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P8B	3	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.000)	NA

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	5	1	0	0.0000 (0.0000)	0.000000 (0.000000)	0.00000 (1.00000)	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
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

*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)
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
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

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	5	P1B	3	2	2	NA	0.001091 (0.001109)	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P4	15	6	4	NA	0.001831 (0.001458)	NA	NA
Myh6	5	P5	3	2	2	NA	0.001091 (0.001109)	NA	NA
Myh6	5	P6	2	3	2	NA	0.001909 (0.001814)	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	3	2	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
Myh6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P12	5	3	2	NA	0.001455 (0.001249)	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
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

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
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

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
Glyt	5	P1B	4	4	2	NA	0.001257 (0.001211)	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P4	15	4	2	NA	0.001005 (0.000809)	NA	NA
Glyt	5	P5	3	2	1	NA	0.000617 (0.000678)	NA	NA
Glyt	5	P6	2	3	2	NA	0.001349 (0.001281)	NA	NA
Glyt	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P8B	3	4	2	NA	0.001233 (0.001083)	NA	NA
Glyt	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P12	5	4	2	NA	0.001156 (0.000958)	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 21). 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. Como a espécie tem um tempo de geração mais longo, a observação da recuperação de sua variabilidade genética exige mais tempo.



Tabela 21: 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, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). 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)
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)

*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)
COI	3	P5	24	2	1	0.2283 (0.1021)	0.000337 (0.000455)	-0.24844 (0.299)	0.23007 (0.303)
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)	<b>-1.76680 (0.015)</b>	-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)	<b>-2.62169 (0.023)</b>
COI	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	15	7	4	0.8476 (0.0648)	0.004513 (0.003158)	1.06301 (0.852)	<b>-2.51838 (0.029)</b>
COI	5	P4	15	5	6	0.8286 (0.0487)	0.006915 (0.004245)	2.53403 (0.999)	1.45342 (0.783)
COI	5	P5	25	5	4	0.6600 (0.0904)	0.002696 (0.001968)	0.46084 (0.711)	-0.27824 (0.435)
COI	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	15	6	7	0.8095 (0.0782)	0.005590 (0.003559)	0.70027 (0.778)	-0.15289 (0.464)
COI	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*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)
COI	5	P10	16	6	6	0.8000 (0.0681)	0.003261 (0.002321)	-0.58342 (0.311)	-1.47857 (0.127)
COI	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	30	6	22	0.7333 (0.0527)	0.006892 (0.003687)	1.20202 (0.916)	6.69785 (0.980)
CYTB	1	P3	30	7	28	0.7195 (0.0648)	0.007571 (0.004019)	0.56758 (0.757)	5.88264 (0.967)
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)	<b>-1.83094 (0.017)</b>	1.99917 (0.801)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	13	33	0.8253 (0.0621)	0.006138 (0.003301)	-0.58187 (0.314)	-0.30802 (0.477)
CYTB	2	P3	30	15	34	0.9034 (0.0333)	0.008377 (0.004398)	0.41086 (0.719)	-0.36076 (0.479)
CYTB	2	P4	30	11	34	0.7678 (0.0740)	0.005707 (0.003090)	-0.88213 (0.201)	0.74459 (0.660)
CYTB	2	P5	30	7	20	0.3655 (0.1124)	0.001383 (0.000943)	-2.39591 (0.0006)	-1.19886 (0.257)
CYTB	2	P6	16	5	8	0.4500 (0.1507)	0.000972 (0.000750)	<b>-1.94783 (0.011)</b>	-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)

*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	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)	<b>-6.18483 (0.019)</b>
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)
CYTB	3	P7	29	20	31	0.9409 (0.0343)	0.007870 (0.004171)	0.28332 (0.679)	<b>-5.47609 (0.032)</b>
CYTB	3	P10	30	19	32	0.9080 (0.0452)	0.005100 (0.002807)	-1.15278 (0.117)	<b>-7.26134 (0.006)</b>
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)	<b>-4.55144 (0.037)</b>
CYTB	4	P4	31	21	28	0.9656 (0.0174)	0.007161 (0.003838)	0.08870 (0.596)	<b>-7.30199 (0.008)</b>
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)	<b>-11.48520 (0.000)</b>
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)	<b>-12.68528 (0.000)</b>
CYTB	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	14	10	19	0.9451 (0.0451)	0.005706 (0.003246)	0.06365 (0.567)	-1.86732 (0.160)
CYTB	5	P4	15	13	28	0.9810 (0.0308)	0.008843 (0.004825)	0.38396 (0.697)	-3.53190 (0.051)

*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	5	P5	25	18	24	0.9667 (0.0223)	0.008366 (0.004481)	0.96421 (0.876)	<b>-5.15133 (0.028)</b>
CYTB	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P7	15	13	29	0.9810 (0.0308)	0.008906 (0.004856)	0.25803 (0.654)	-3.50352 (0.053)
CYTB	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	16	13	24	0.9750 (0.0295)	0.005378 (0.003046)	-0.85491 (0.205)	<b>-5.06197 (0.012)</b>
CYTB	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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
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

*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)
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
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
Myh6	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	15	9	15	NA	0.004328 (0.002785)	NA	NA
Myh6	5	P4	15	8	4	NA	0.001448 (0.001155)	NA	NA
Myh6	5	P5	25	6	4	NA	0.000605 (0.000644)	NA	NA
Myh6	5	P6	1	2	1	NA	0.001570 (0.002220)	NA	NA
Myh6	5	P7	15	12	8	NA	0.002606 (0.001754)	NA	NA
Myh6	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P10	16	8	4	NA	0.001023 (0.000913)	NA	NA
Myh6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*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)
Myh6	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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
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
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

*Poecilia vivipara*

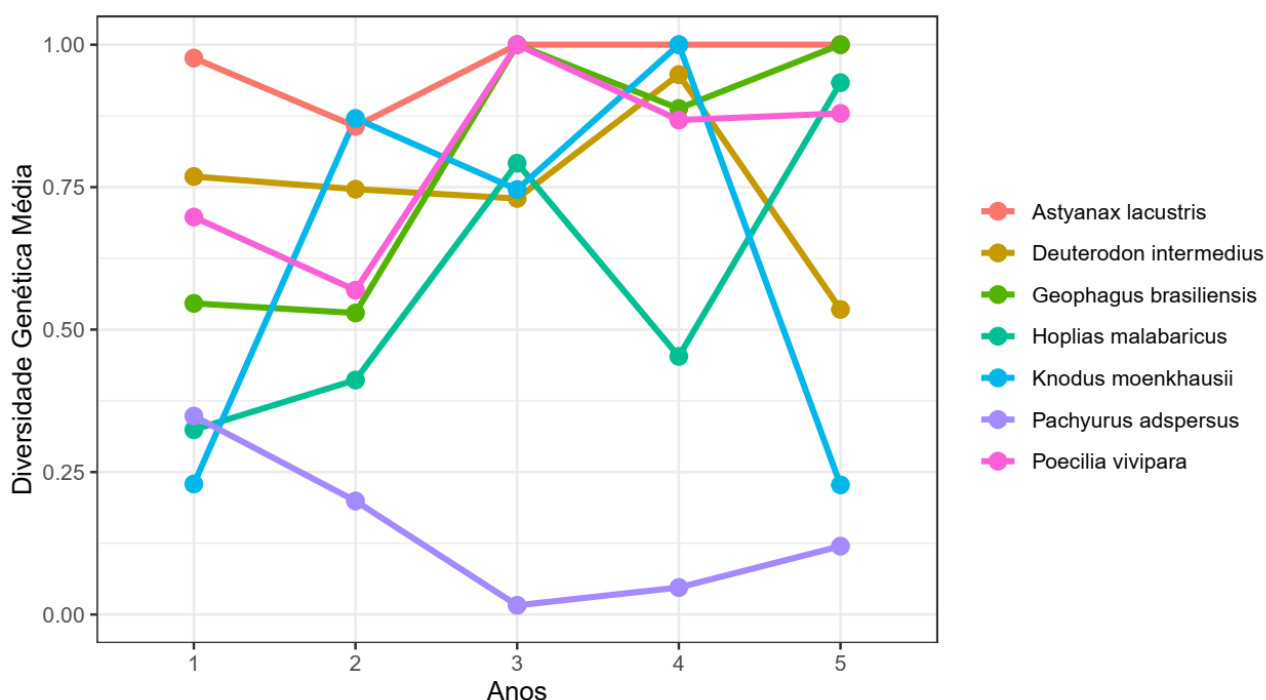
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P3	23	3	2	NA	0.000494 (0.000501)	NA	NA
Glyt	4	P4	31	5	3	NA	0.000614 (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
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	31	5	3	NA	0.000460 (0.000477)	NA	NA
Glyt	5	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	15	7	6	NA	0.001045 (0.000884)	NA	NA
Glyt	5	P4	15	8	3	NA	0.001406 (0.001018)	NA	NA
Glyt	5	P5	25	9	9	NA	0.001193 (0.000893)	NA	NA
Glyt	5	P6	1	2	2	NA	0.002257 (0.002765)	NA	NA
Glyt	5	P7	15	7	4	NA	0.001518 (0.001077)	NA	NA
Glyt	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P10	16	4	3	NA	0.001033 (0.000817)	NA	NA
Glyt	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	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, 4 e período de novembro de 2022 a janeiro de 2023 do Ano 5) (Tabela 22). 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.

Figura 17: Variação da diversidade genética das sete espécies nativas analisadas ao longo dos 5 anos de monitoramento no Baixo Rio Doce.

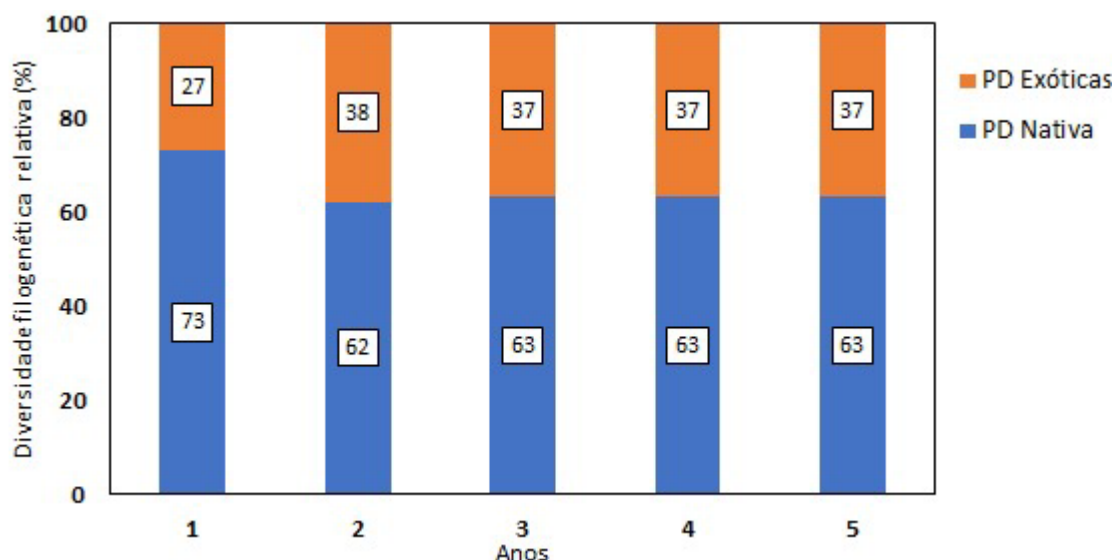


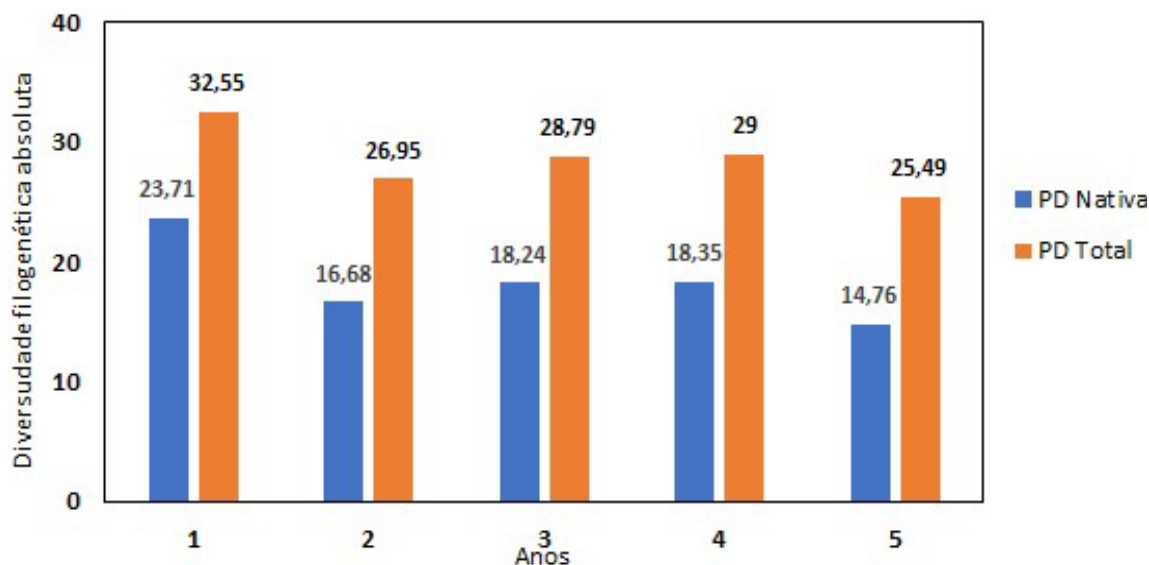
A variação da diversidade genética média (Figura 17) mostrou que no período entre o Ano 1 e o Ano 2 foi observado uma redução da diversidade genética em 5 das 7 espécies analisadas. Do Ano 2 para o Ano 3 a maioria das espécies aumentou os índices de diversidade, no entanto, *K. moenkhausii*, *P. adspersus* 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. Do Ano 4 para o Ano 5, *A. lacustris* e *P. vivipara* mantiveram os índices de diversidade. *Geophagus* aff. *brasiliensis*, *H. malabaricus* e *P. adspersus* aumentaram suas diversidades e *K. moenkhausii* e *Deuterodon* cf. *intermedius* apresentaram quedas vertiginosas de suas diversidades. No entanto, a exemplo do Ano 2 onde o período de coleta foi reduzido, no Ano 5 vários pontos de coleta não tiveram amostras para as duas últimas espécies, e essa ausência de dados interfere diretamente no cálculo correto da diversidade genética. Portanto, essa queda acentuada da diversidade nos Anos 2 e 5 deve estar diretamente relacionada as falhas na amostragem nesses dois anos. Além das falhas de coleta em alguns pontos no Ano 5 para *K. moenkhausii* e *D. cf. intermedius*, somente duas coletas desse ano (Novembro de 2022 e janeiro de 2023) foram incluídas nas análises. Assim, esses resultados podem melhorar com a inclusão de toda amostragem dessas espécies nas próximas análises.

## 2.15 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE

Figura 18: Comparação da diversidade filogenética (PD) absoluta e relativa estimadas para os anos 1, 2, 3, 4 e parcial Ano 5 (período de novembro de 2022 a janeiro de 2023). Barras azuis indicam a diversidade filogenética das espécies nativas enquanto que as barras alaranjadas mostram a diversidade filogenética de espécies nativas e introduzidas.

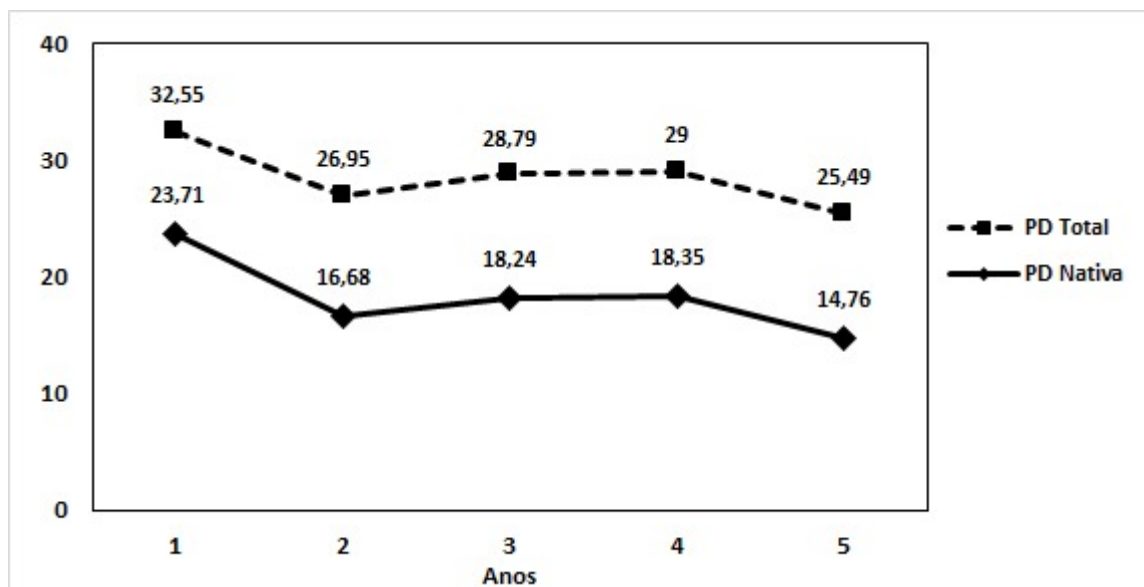




A comparação das estimativas anuais mostra redução da diversidade filogenética na ictiofauna, sobretudo entre os Anos 1 e 2, onde observa-se uma grande redução principalmente nas espécies nativas (Figura 18). Essa diminuição da diversidade filogenética na bacia do Rio Doce pode representar um problema 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 e, o aumento da perda da diversidade no Ano 5 pode ser por conta da inclusão de apenas duas coletas do Ano 5 (Coletas novembro de 2022 e janeiro de 2023) nas análises.

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

Figura 19: 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.

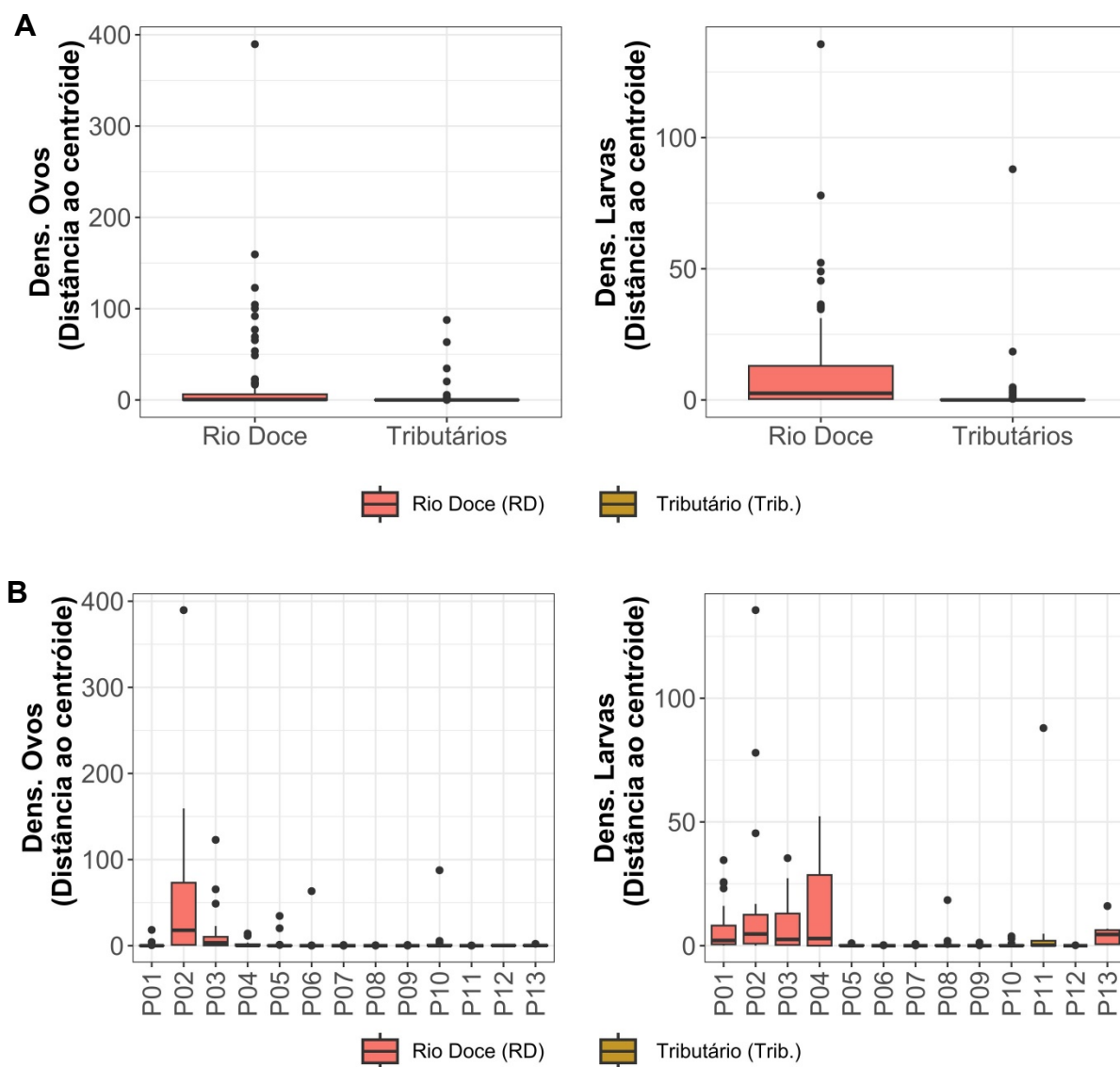


Na Figura 19 é possível acompanhar o decréscimo da diversidade filogenética dos peixes. Considerando tanto a totalidade das espécies quanto as espécies nativas é possível observar uma redução na diversidade filogenética, porém o impacto real sobre a fauna local deve-se ao decréscimo das espécies nativas, 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. No Ano 5, a perda da diversidade filogenética aumenta novamente, porém vale ressaltar que apenas duas coletas (novembro de 2022 e janeiro de 2023) desse ano foram incluídas nas análises então o resultado pode mudar com a inclusão das outras coletas nas próximas análises.

## INDICADORES TEMA ICTIOPLÂNCTON

### 2.17 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE OVOS E LARVAS

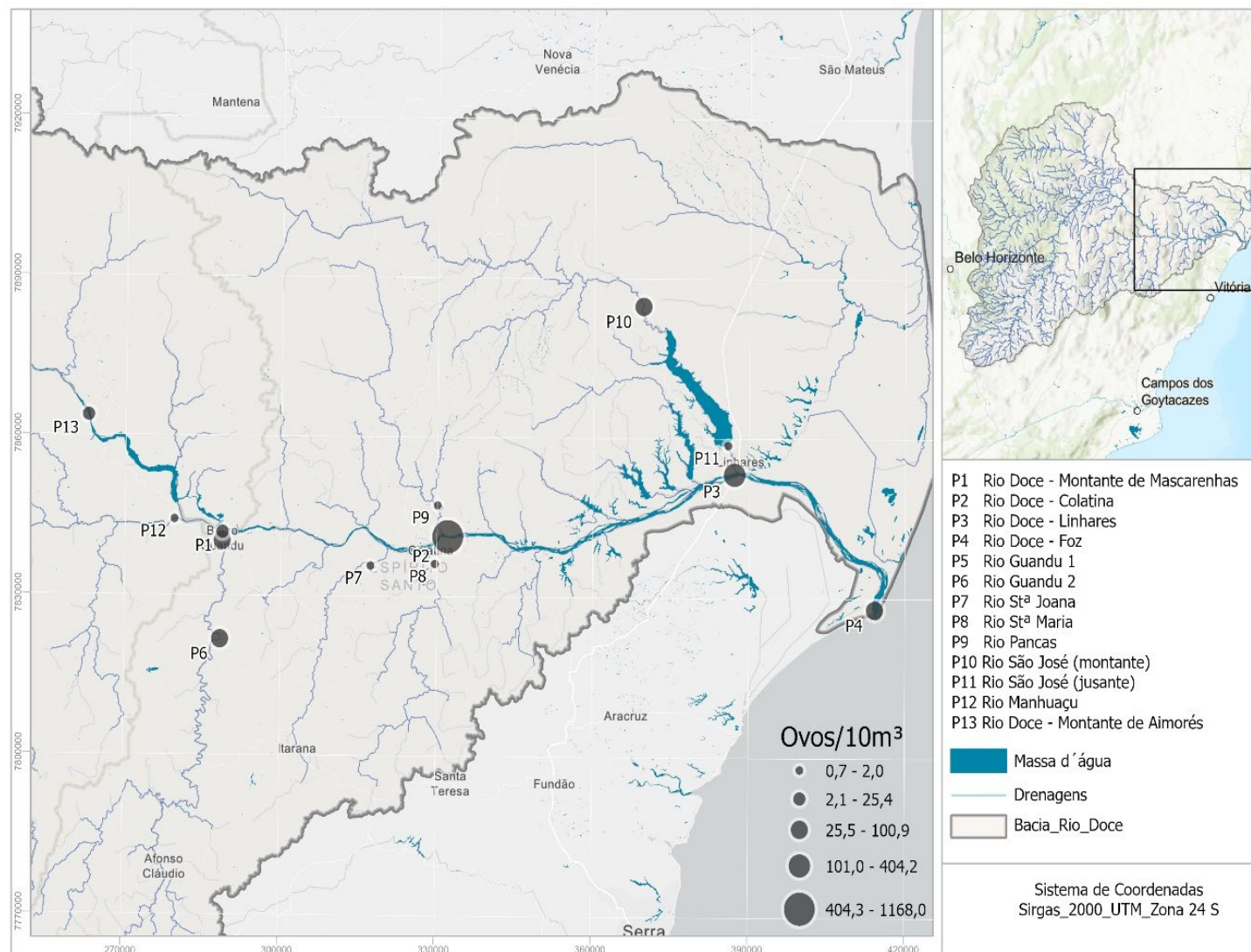
Figura 20: Distribuição espacial de ovos e larvas de peixes.



Na Figura 20 é possível verificar a variação espacial da densidade de larvas de peixes no Baixo Rio Doce durante os Anos 3 e 4 e período chuvoso do Ano 5 que corresponde ao intervalo entre outubro de 2022 e março de 2023 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 P13) e nos tributários principais (P5 até P12). De maneira geral o padrão se mantém em todos os anos do PMBA, as densidades tanto de ovos quanto de larvas se mantêm de forma mais expressiva na calha do Rio Doce, com variações entre os pontos. O P13 que é uma estação que foi inserida a partir de agosto de 2022, assim como as demais localidades na calha do Rio Doce tem se mostrando também como uma importante área de deriva de larvas. O que indica que tais larvas acabam entrando dentro do reservatório de Aimorés. No entanto, a presença de larvas à deriva não garante que o recrutamento seja bem sucedido, porque depende da disponibilidade de ambientes e condições adequadas para larvas crescerem e se desenvolverem nos trechos à jusante (REYNALTE-TATAJE et al., 2012). Em termos gerais, os reservatórios não constituem ambientes propícios para o desenvolvimento do ictioplâncton. O represamento de um corpo d'água pode alterar significativamente o fluxo de partículas e nutrientes e afetar a vida aquática a jusante, como em modelos fluviais (WARD, STANFORD, 1979; WARD, STANFORD, 1995). Mesmo em reservatórios de pequeno porte, observa-se uma limitação no deslocamento passivo de ovos e larvas produzidos por uma população (AGOSTINHO et al., 2007b; PELICICE et al., 2015). Essas restrições estão, em sua maioria, associadas à predação de ovos e larvas devido à transparência da água, à mortalidade durante a passagem por turbinas e vertedouros, ao deslocamento lento do ictioplâncton e até mesmo à deposição no leito do reservatório, onde as concentrações de oxigênio são baixas e as taxas de sedimentação são elevadas (AGOSTINHO et al., 2007a; AGOSTINHO et al., 2007b; PELICICE et al., 2015).



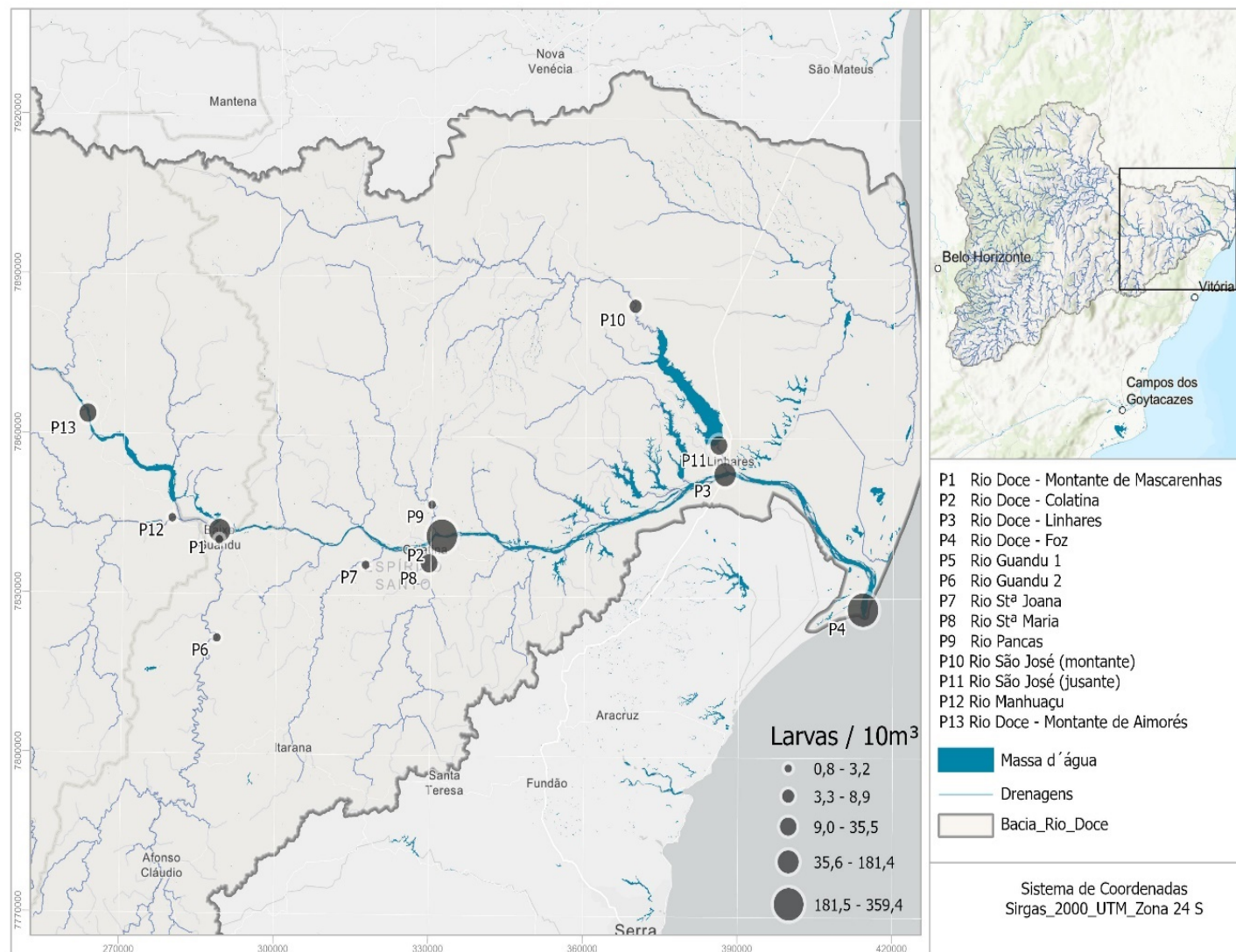
Figura 21: Mapa de distribuição espacial de ovos de peixes.



A variação espacial da densidade de ovos de peixes nas 13 estações de amostragem no Baixo Rio Doce durante os Anos 3, 4 e período chuvoso (outubro de 2022 a março de 2023) do ano 5 do PMBA/Fest. O padrão de desova mantém-se estável ao longo da série temporal. As desovas têm ocorrido de maneira preponderante na calha do Rio Doce. A presença de ovos e larvas em estágios iniciais logo após a eclosão indica uma proximidade dos locais de desova (BARZOTTO et al., 2015; GOGOLA et al., 2013). Os dados da série temporal têm demonstrado que no Rio Doce, as regiões de Colatina (P2) e Linhares (P3) são os locais mais relevantes para a desova das espécies de peixes do baixo Rio Doce. Nos afluentes, os registros têm ocorrido de maneira efêmera através de picos momentâneos, 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 m<sup>3</sup> (Figura 21).



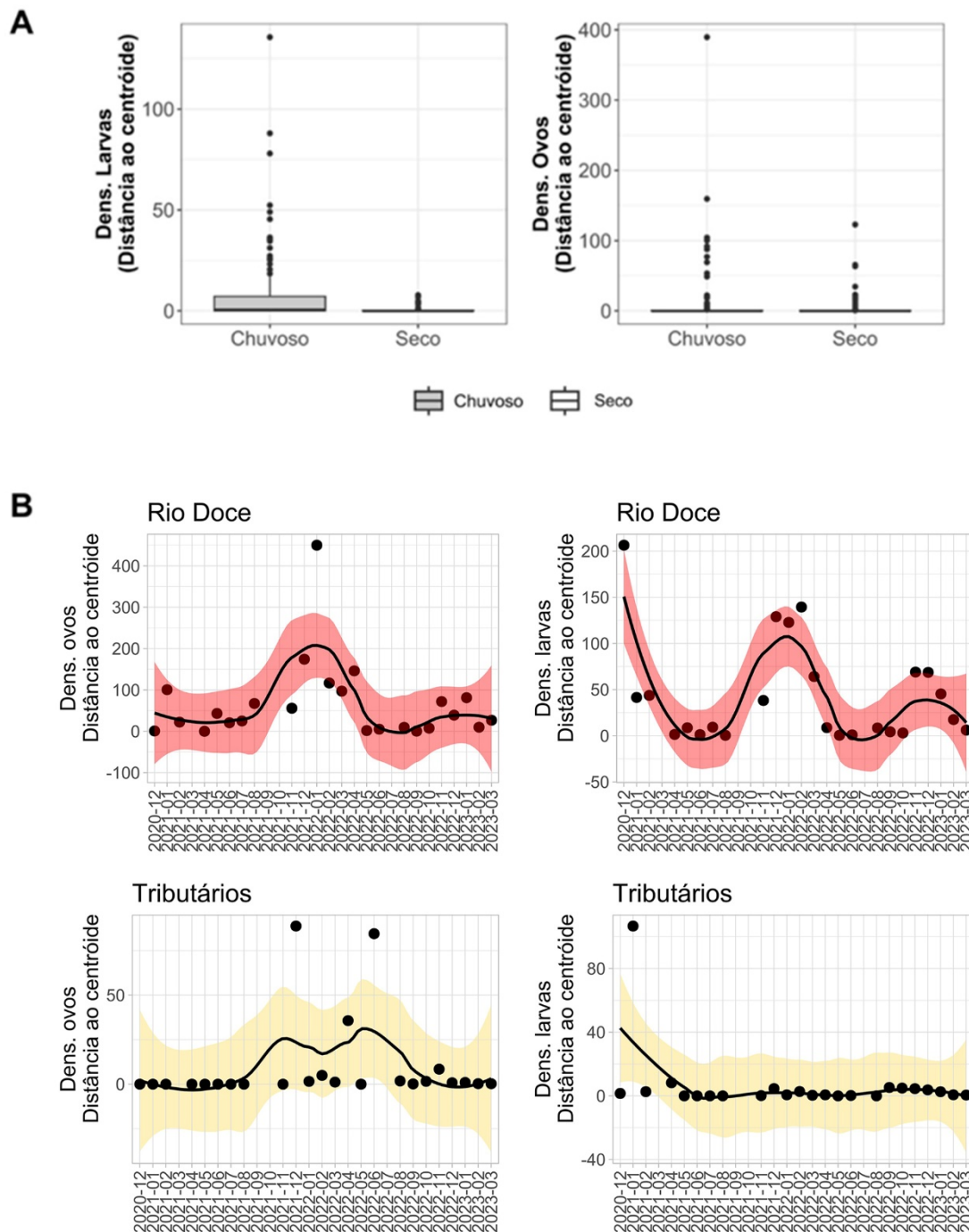
Figura 22: Mapa de distribuição espacial de larvas de peixes.

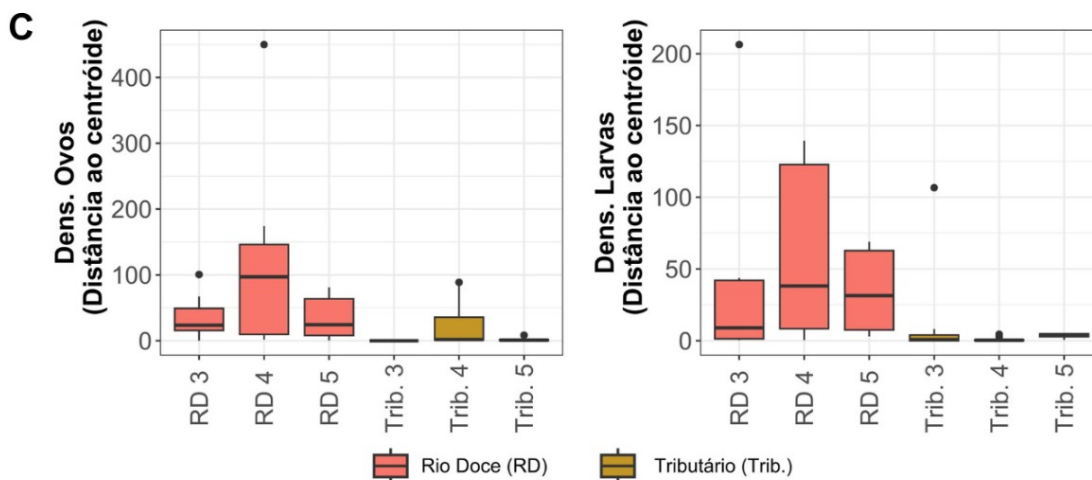


A variação espacial da densidade de larvas de peixes nas 13 estações de amostragem no Baixo Rio Doce durante os Anos 3, 4 e período chuvoso (outubro de 2022 a março de 2023) do Ano 5 do PMBA/Fest. As maiores densidades ocorreram nas estações da calha do Rio Doce, sendo mais expressivo em P4 na foz do Rio Doce. Mas, de forma geral, todas as estações de amostragem na calha do Rio Doce registraram mais de 100 larvas/10m<sup>3</sup>. Nos tributários, o registro de larvas ocorreu de maneira mais expressiva nas estações P11 – Rio São José a jusante do Lago Juparanã e em P8 no Rio Santa Maria, esse padrão tem se mantido ao longo da série temporal (Figura 22).

## 2.18 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS

Figura 23: Distribuição temporal de ovos e larvas de peixes.

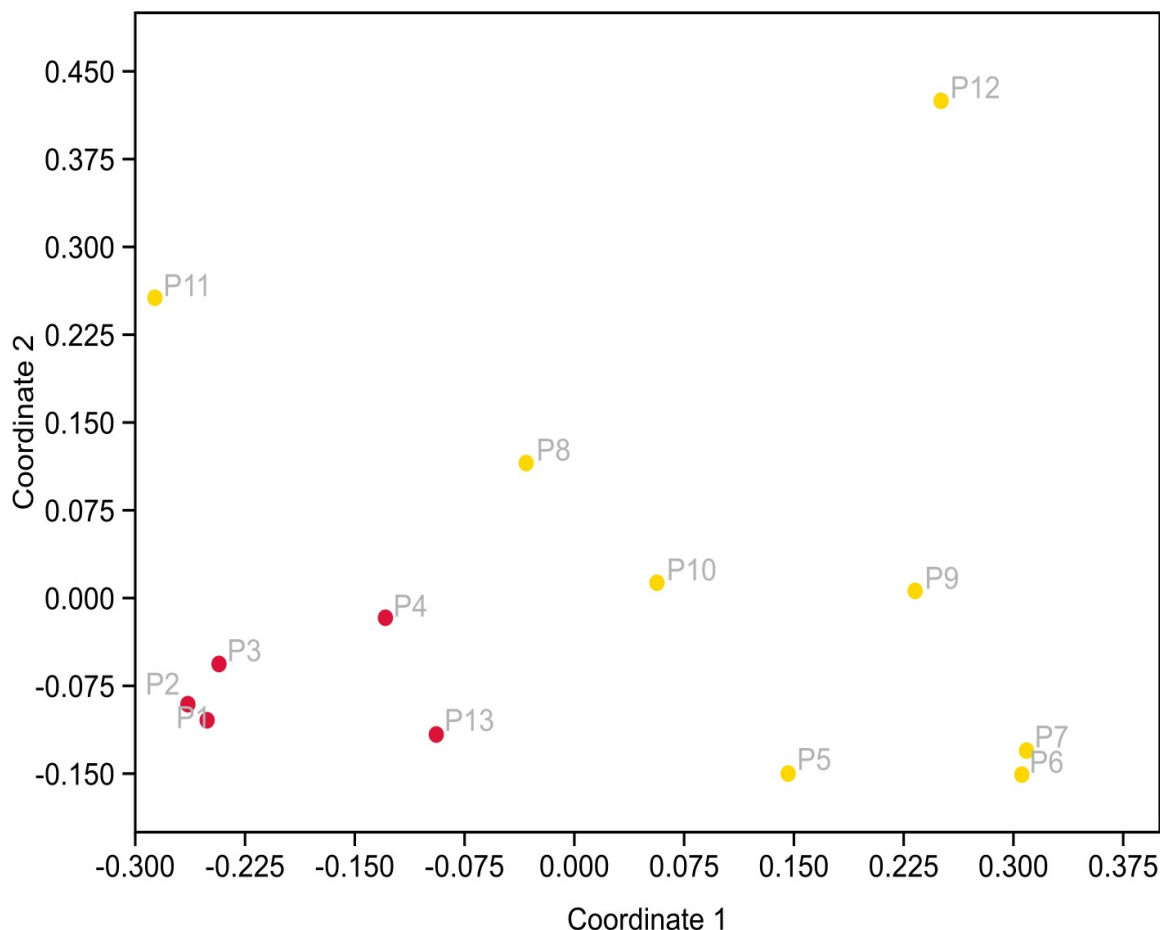




A variação temporal da densidade de ovos e larvas de peixes no Baixo Rio Doce durante os Anos 3, 4 e período chuvoso do Ano 5 (outubro de 2022 a março de 2023) do PMBA/Fest: a) Densidade de larvas e ovos de peixes entre as estações seca (branco) e chuvosa (cinza), b) Tendência temporal mensal nas densidades de ovos e larvas de peixes durante os Anos 3 e 4 do PMBA/ Fest e período chuvoso do Ano 5, 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 e período chuvoso do Ano 5, em vermelho as densidades registradas na região do propágulo (Rio Doce) e em amarelo nos tributários (Figura 24). Temporalmente, podemos verificar que as densidades de ovos e larvas estão amplamente relacionadas com o período chuvoso. Ciclos reprodutivos sazonais são um fenômeno comum na maioria dos peixes de água doce. Esses ciclos são resultado de adaptações evolutivas às condições ambientais que favorecem o sucesso reprodutivo (JIMÉNEZ-SEGURA; PALACIO; LEITE, 2010; SUZUKI et al., 2009; VAZZOLER, 1996) e estão intimamente ligados à disponibilidade de recursos para a prole (NIKOLSKI, 1978). Para muitas espécies de peixes de rios tropicais, o ciclo reprodutivo ocorre anualmente durante a estação chuvosa, geralmente marcada por temperaturas mais elevadas, especificamente entre outubro e janeiro, embora em algumas bacias possa estender-se até fevereiro ou março (VAZZOLER et al., 1997; BIALETZKI et al., 1999; CASTRO et al., 2002; HERMES-SILVA et al., 2009; AGOSTINHO et al., 2012; LOPES et al., 2014). Durante esse período, é comum observar altas densidades de ictioplâncton em deriva (ARAÚJO-LIMA; OLIVEIRA, 1998; ARAÚJO-LIMA et al., 2001; BIALETZKI et al., 2005; CORRÊA et al., 2011; REYNALTE-TATAJE et al., 2011).

O Ano 4 se destacou ao apresentar as mais altas densidades de ovos e larvas, o que pode ser atribuído à variação interanual influenciada pela flutuação da intensidade das cheias. Há uma clara relação entre a desova e o regime de fluxo, bem como a efemeridade desse fenômeno. Isso é particularmente relevante para espécies migratórias (AGOSTINHO; JÚLIO JUNIOR, 1999; BAZZOLI, 2003).

Figura 24: 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 24). Os pontos 1, 2, 3, 4 e 13 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 (áreas de referência). Esse agrupamento dos pontos do Rio Doce ocorre devido às maiores densidades registradas de larvas das espécies introduzidas, como o Mandi-amarelo, *Pimelodus maculatus* e a Piranha vermelha, *Pygocentrus nattereri*. As larvas da Curimba (PR\_SP), *Prochilodus* spp. que possui uma espécie nativa e espécies invasoras pertencentes ao mesmo gênero, da família Anostomidae 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 como Engraulidae; *Hyporhamphus unifasciatus* e *Microphis lineatus*. As estações de

amostragem ao longo da calha do Rio Doce (área de propágulo) possuem densidade de larvas e riqueza de táxons maiores do que dos tributários, entretanto, é também a região de maior dispersão de larvas de espécies não nativas invasoras, favorecendo, portanto, o sucesso reprodutivo destas espécies (Tabela 22).



Tabela 22: 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).

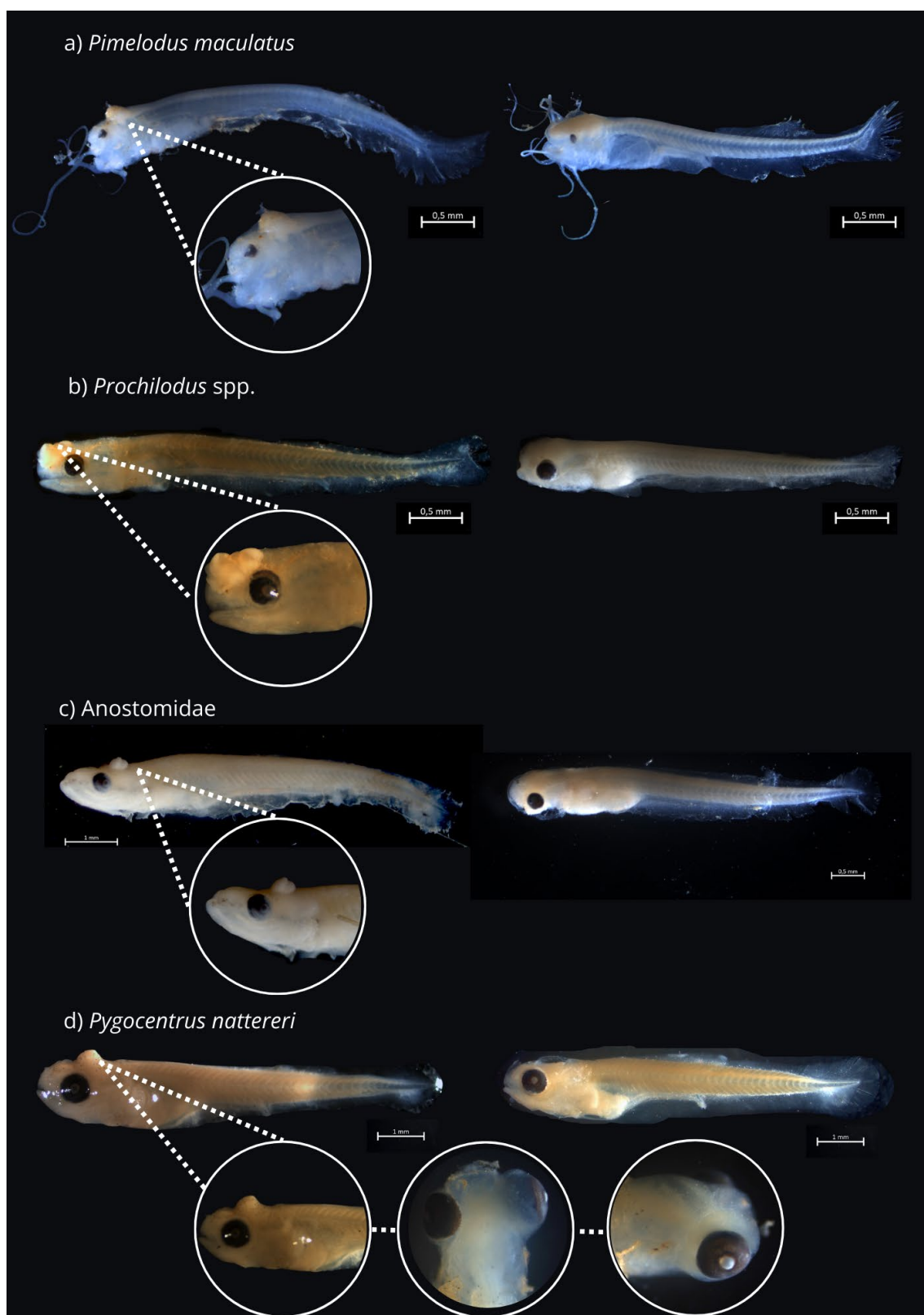
ORDEM   Família   Espécie	Densidade de larvas												
	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
BELONIFORMES													
<b>Hemiramphidae</b>													
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i> (Ranzani, 1841) ●	0,8		0,8	0,5							35,4		
CHARACIFORMES													
<b>Anostomidae</b>	<b>21,8</b>	<b>36,3</b>	<b>11,0</b>	<b>3,7</b>	<b>1,6</b>	<b>0,2</b>	<b>0,3</b>	<b>0,3</b>	<b>0,2</b>	<b>0,6</b>			<b>9,9</b>
<b>Bryconidae</b>													
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	9,1	4,0	4,0	3,4									
<b>Characidae</b>	1,6	1,2	0,6	0,8				0,5			0,2		0,3
<i>Hyphessobrycon eques</i> (Steindachner, 1882)											0,7		
<b>Erythrinidae</b>													
Hoplias spp.	0,2	0,1		0,3	0,5			0,3		0,1	0,1		3,4
<b>Prochilodontidae</b>													
Prochilodus spp.	<b>28,5</b>	<b>119,4</b>	<b>16,0</b>	<b>18,6</b>				<b>0,5</b>					<b>0,5</b>
<b>Serrassalmidae</b>													
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858 *	<b>2,6</b>	<b>43,5</b>	<b>6,5</b>	<b>1,9</b>				<b>19,1</b>	<b>0,1</b>	<b>2,1</b>	<b>2,4</b>	<b>0,1</b>	<b>0,9</b>
CICHLIFORMES													
<b>Cichlidae</b>													
<i>Crenicichla lacustris</i> (Castelnau, 1855)			0,2										
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758) *	2,1	1,8	1,3	1,2	0,1	0,2		0,5	0,1				0,5
CLUPEIFORMES													
<b>Engraulidae●</b>		0,2	0,1	0,1						0,1	40,6		
DANIFICADAS	3,5	0,8	4,0	6,2	0,1					0,5	0,2	0,1	0,2
GYMNOTIFORMES													

ORDEM   Família   Espécie	Densidade de larvas												
	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13
<b>Gymnotidae</b>													
<i>Gymnotus carapo</i> Linnaeus, 1758			0,1										
PERCIFORMES													
<b>Scianidae</b>													
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	19,6	11,7	8,4	5,1	0,2					3,8	1,4		
SILURIFORMES													
<b>Callichthyidae</b>							0,2						
<i>Hoplosternum litorale</i> (Hancock, 1828) *		1,0									0,1		
<b>Clariidae</b>													
<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell, 1822) *				0,1									
<b>Heptapteridae</b>		0,6	0,9	0,4	0,3				0,2	0,1			
<b>Loricariidae</b>				0,1						0,1			
<i>Harttia</i> sp.					0,1								
<i>Hypostomus</i> sp.		0,4											
<i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnau, 1855) *	0,4	0,9	0,1	0,1			0,2	0,8	0,2				
<b>Pimelodidae</b>													
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803 *	80,2	56,0	92,6	231,4		0,2	0,1		1,2	0,3	0,1		17,4
<b>Trichomycteridae</b>													
<i>Trichomycterus</i> sp.	0,3	0,5	0,5	0,3						0,1			0,1
SYNBRANCHIFORMES													
<b>Synbranchidae</b>													
<i>Synbranchus marmoratus</i> Bloch, 1795			0,4	0,2									
SYNGNATHIFORMES													
<b>Syngnathidae</b>													
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856) ●	0,3	1,2	6,9	4,0							29,6		
<b>Densidade total de larvas por ponto</b>	<b>171,0</b>	<b>279,7</b>	<b>154,4</b>	<b>278,5</b>	2,9	0,6	0,8	22,0	1,9	8,0	<b>113,7</b>	0,2	33,2



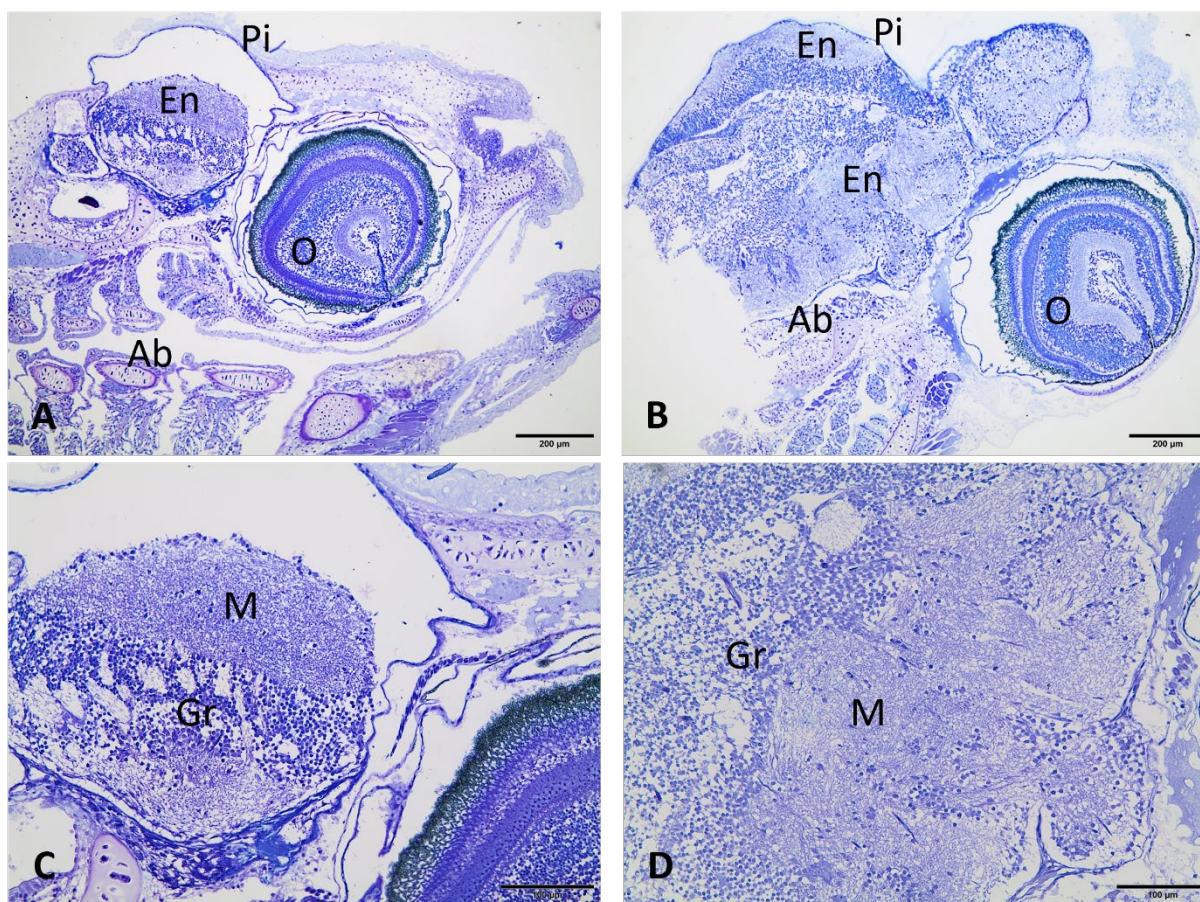
## 2.19 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS

Figura 25: Alterações na viabilidade das larvas.



Durante os anos 3, 4 e no período chuvoso (outubro de 2022 a março de 2023) do ano 5 do PMBA/Fest, foram identificados quatro tipos de alterações incomuns em larvas. Notavelmente, apenas a partir do ano 4 começaram a ser registradas larvas com deformidades na cabeça (DC), conforme ilustrado (Figura 25). Essa situação é motivo de preocupação, uma vez que deformidades representam anormalidades que podem resultar em um comprometimento funcional do peixe em estágio inicial de vida. Além disso, os impactos dessa condição na taxa de sobrevivência e suas consequências ecológicas ainda são desconhecidos.

Figura 26: Alterações na viabilidade das larvas. Secções histológicas de duas larvas da espécie de Piranha vermelha, *Pygocentrus nattereri* demonstrando que as alterações classificadas morfologicamente como deformidades na cabeça (DC), podem ser visualizadas também a partir de cortes histológicos. Siglas: (En) Encéfalo; Arco branquial (Ab); globo ocular (O); Pia-máter (Pi).



Secções histológicas de duas larvas da espécie Piranha Vermelha, *Pygocentrus nattereri*, na região cranial (cerebelo), coradas em Azul de Toluidina. Foram utilizadas duas larvas da mesma espécie com presença e ausência de malformações, em estágios de desenvolvimento similares. A Figura 26 A e C representam as secções de uma larva com condições morfológicas normais, onde é possível observar

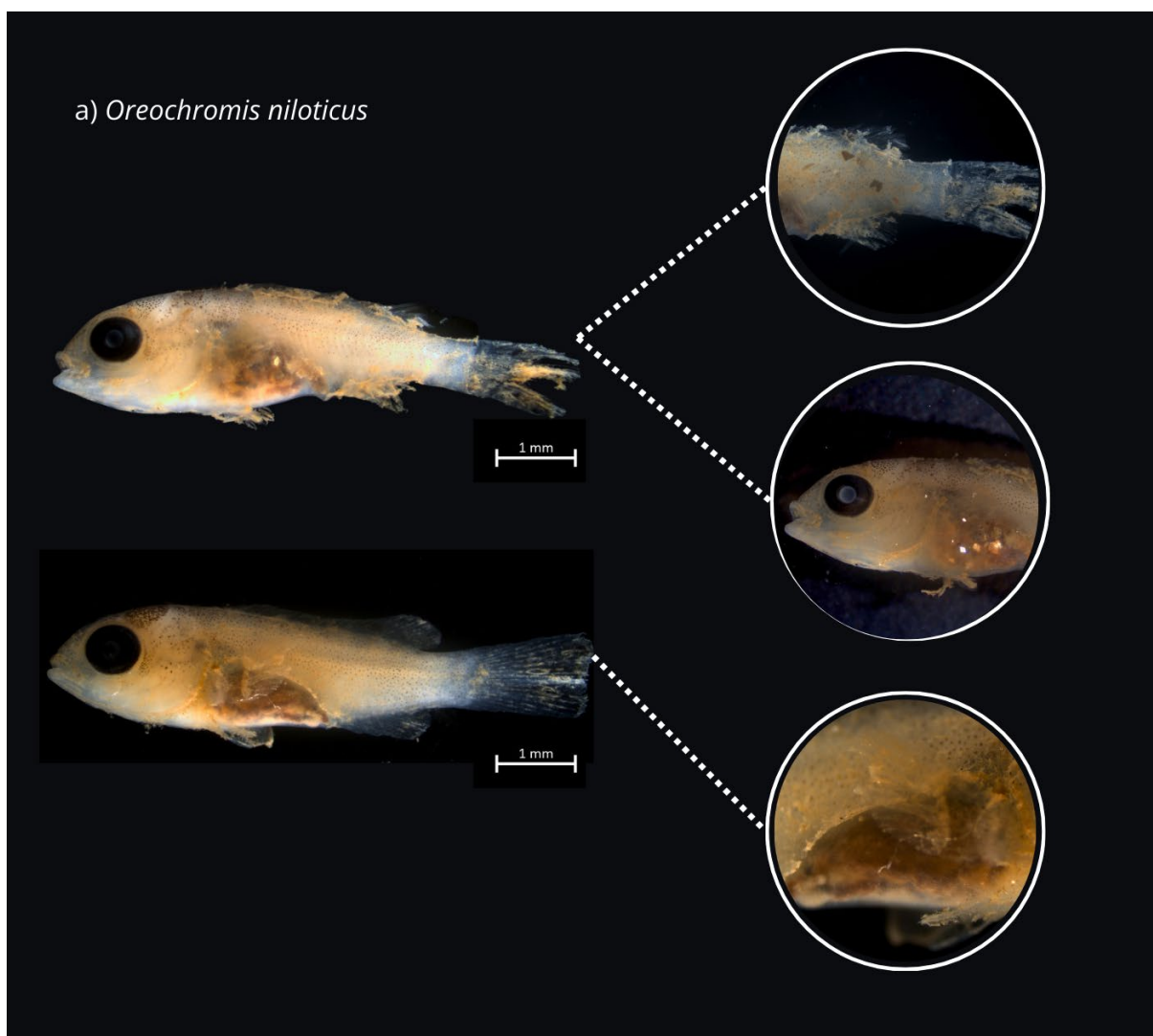


o encéfalo (EN) sem alterações na região do córtex, com as camadas granulosa (Gr) e molecular (M) claramente definidas (Figura 26, A e C).

Por outro lado, nas Figuras B e D, que representam secções de uma larva classificada com a condição de deformidade na cabeça (DC), é evidente a existência de encéfalo alterado na região do córtex, com a presença das camadas granulosa e molecular expandidas e com sinais aparentes de proliferação celular (Figura 26, B e D).

Assim, as deformidades observadas nas cabeças das larvas podem estar relacionadas ao aumento no tamanho do encéfalo devido à possível proliferação celular nessa região. Estudos estão sendo realizados para obter uma compreensão mais aprofundada dessa anomalia e identificar suas possíveis causas. Isso nos permitirá entender como essas deformidades podem afetar negativamente o desempenho funcional dos peixes em seus estágios iniciais de vida, influenciar a taxa de sobrevivência e ter consequências ecológicas significativas, bem como impactar a produtividade da pesca.

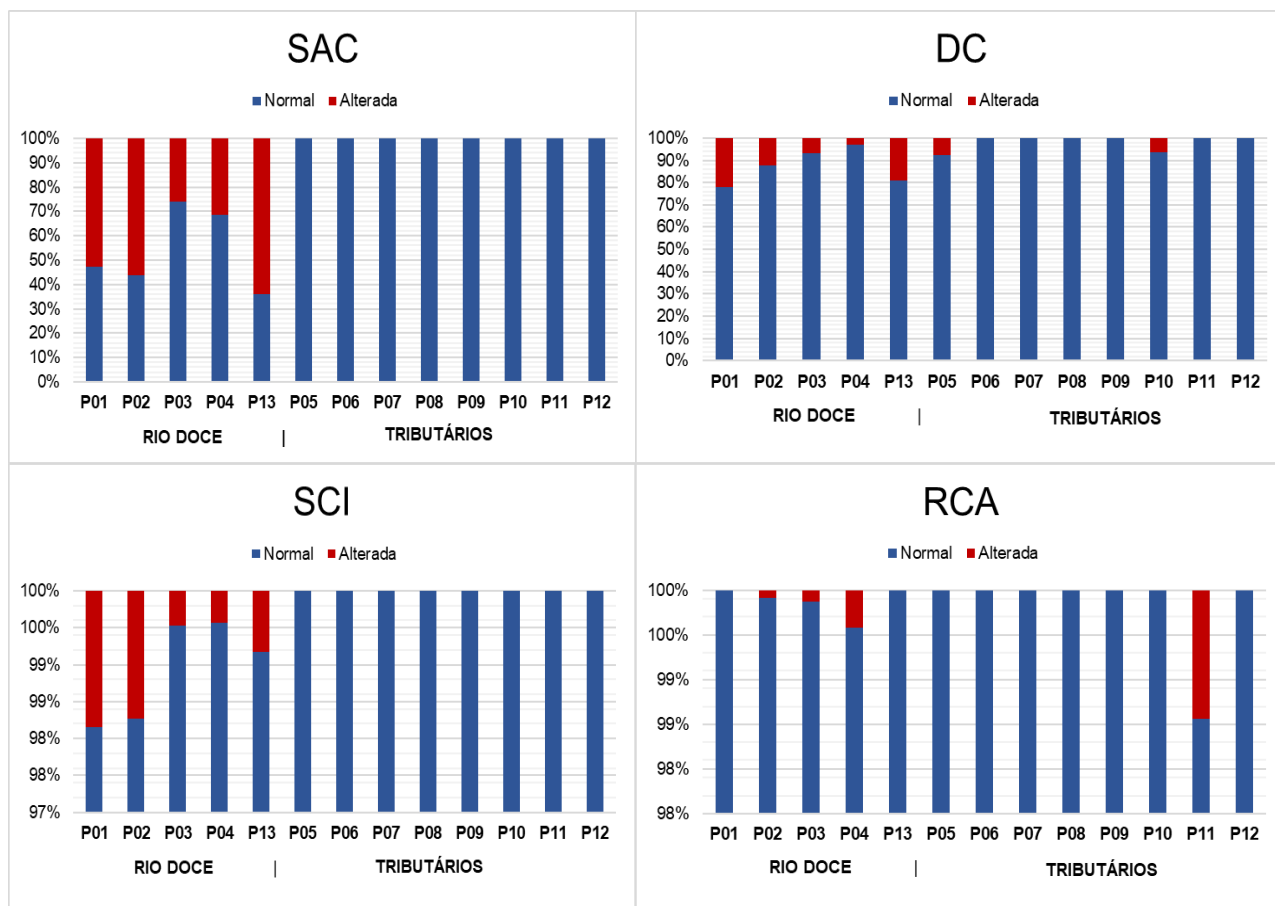
Figura 27: Alterações na viabilidade das larvas: Sedimento Aderido ao Corpo (SAC), Sedimento em Cavidades Internas (SCI) e Rompimento da cavidade abdominal (RCA).



Além das deformidades na cabeça, foram observadas outras anomalias ao longo do período de monitoramento do PMBA/Fest. A mais prevalente dentre essas anomalias é a presença de sedimentos aderidos ao corpo, que representa 35,8% de todas as larvas registradas entre dezembro de 2020 e março de 2023. Esses sedimentos frequentemente exibem uma coloração avermelhada ou até mesmo partículas brilhantes, como evidenciado na Figura 27. Essa ocorrência pode estar associada à suspensão de sedimentos que se depositam no leito do rio, geralmente relacionada a eventos de chuva e ao aumento do nível do rio. Presença de sedimentos em cavidades internas (SCI), como a boca e o trato digestório (conforme ilustrado na Figura 27), ocorre com baixa frequência, representando apenas 0,5% da densidade total de larvas registradas no período de dezembro de 2020 a março de 2023. Essa condição só pode ser identificada em circunstâncias específicas, nas quais as estruturas internas das larvas se tornam visíveis, e pode estar relacionada à eventual ingestão de partículas e sedimentos suspensos na água. O rompimento da cavidade abdominal (RCA) também é uma ocorrência menos comum (Figura 27), sendo registrada em apenas 0,2% da densidade total de larvas coletadas durante o mesmo período, de dezembro de 2020 a março de 2023.

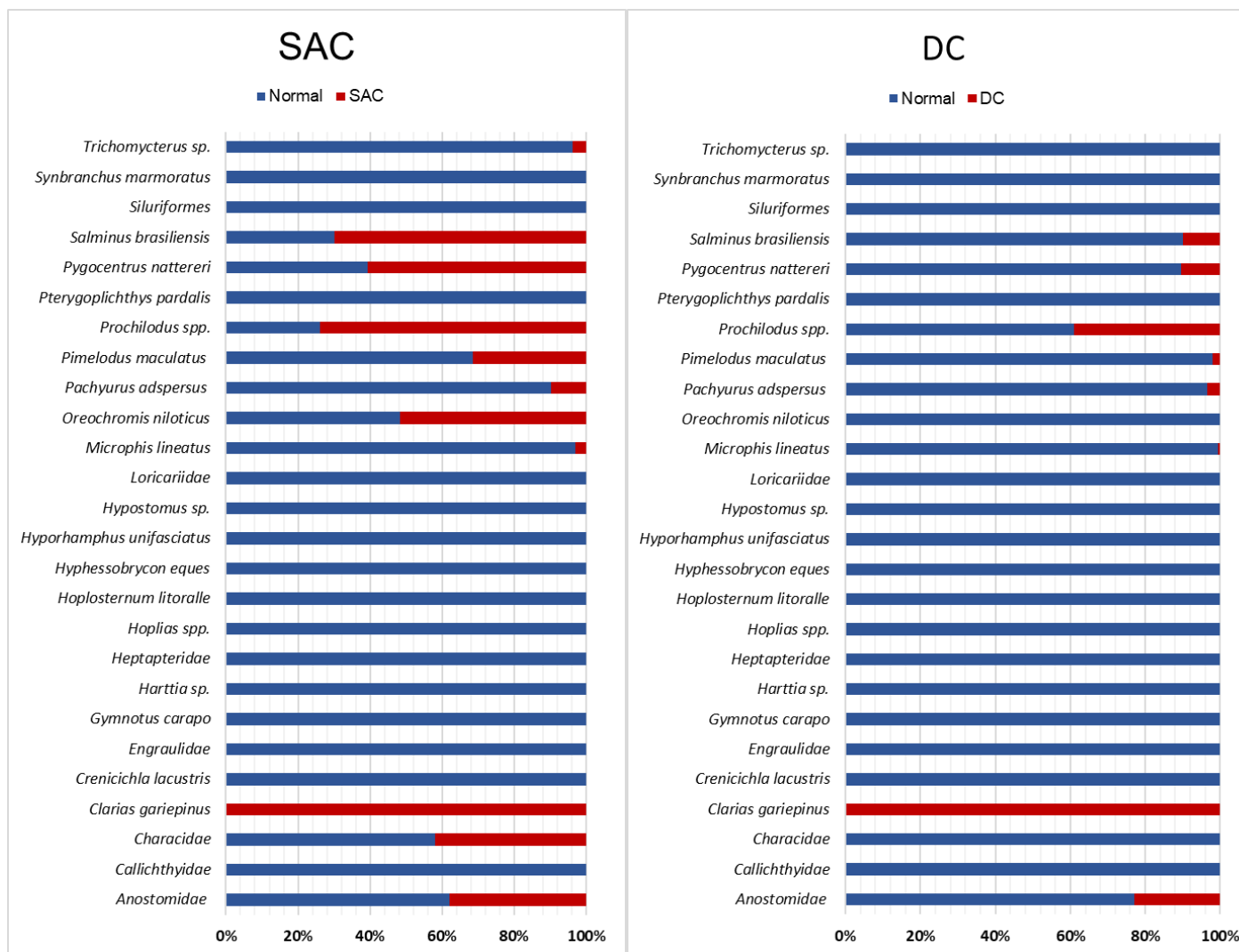
## 2.20 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS

Figura 28: 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 28 são apresentadas as proporções dos quatro tipos de alterações incomuns registradas nas larvas durante os anos 3 e 4, bem como durante o período chuvoso do ano 5, no contexto do PMBA/Fest, em cada estação de amostragem (conforme ilustrado na Figura 28). Todas essas ocorrências foram mais prevalentes na calha do Rio Doce, especificamente na região do propágulo. Os registros em tributários (pontos de controle) ocorreram com baixa densidade e de forma esporádica, não demonstrando um padrão específico. Como exemplo, as deformidades na cabeça (DC) foram registradas no afluentes apenas em duas ocasiões : uma vez no ponto P10 (Rio São José a montante do Lago Juparanã), com uma densidade de apenas 4 larvas da Piranha Vermelha (*Pygocentrus nattereri*), e outra vez na estação P5, no Rio Guandu, com uma única larva de *Anastomidae*. A estação P2 em Colatina, na região do Rio Doce, foi a que apresentou as maiores densidades de deformidades DC e de sedimentos aderidos ao corpo (SAC) nas larvas, possivelmente em decorrência da alta densidade de larvas à deriva registrada nesse local. Com exceção do rompimento da cavidade abdominal (RCA), que não foi registrado na estação P1, todas as outras anomalias incomuns foram observadas nas cinco estações de amostragem ao longo do Rio Doce.

Figura 29: Proporção de larvas por taxons com alterações morfológicas.



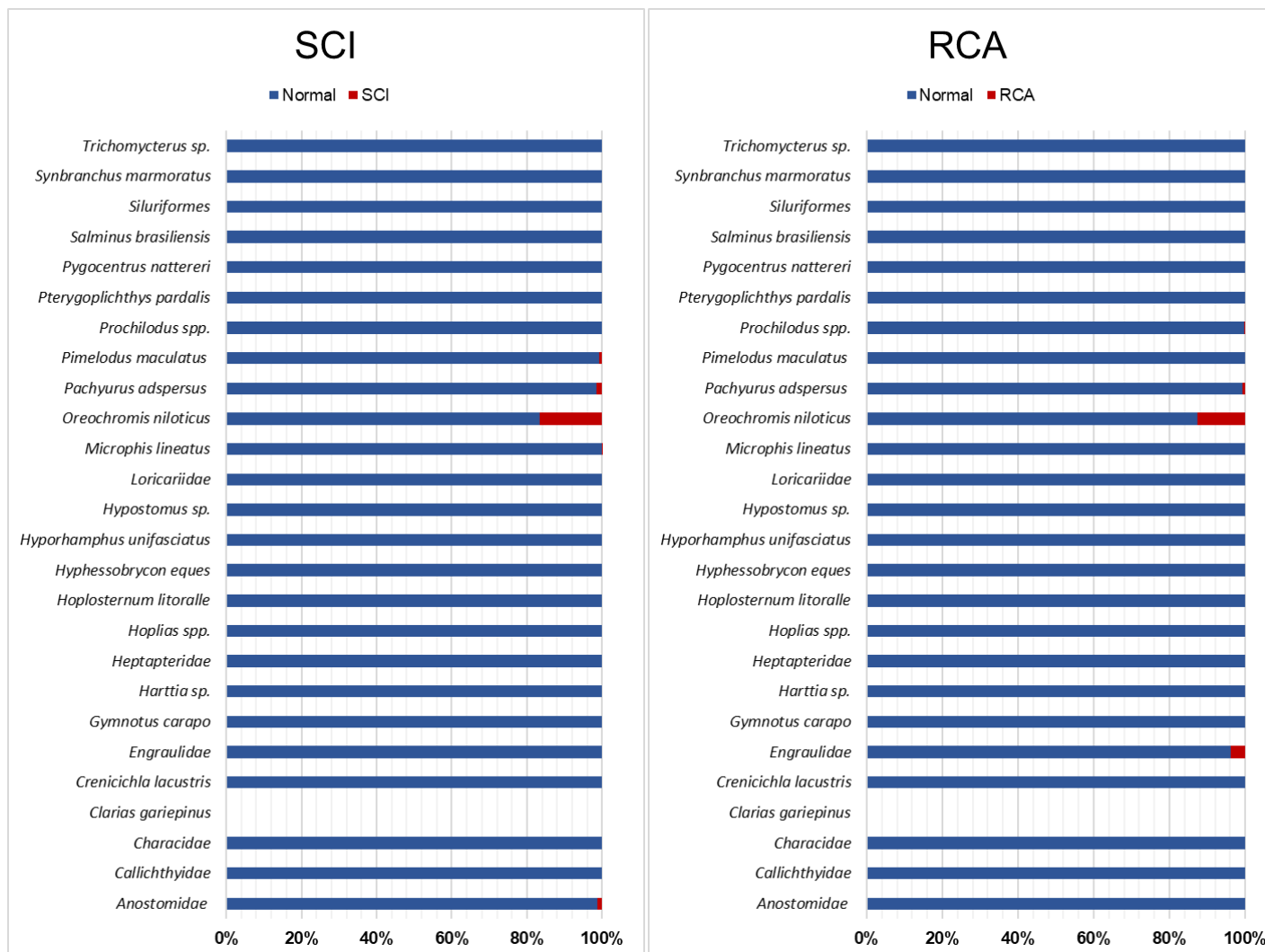


Tabela 23: Porcentagem da densidade de larvas e juvenis, do Baixo Rio Doce, registradas com algum tipo de anomalia durante os Anos 2, 3 e período chuvoso do Ano 5 do PMBA/Fest. SAC= sedimento avermelhado aderido ao corpo; DC= deformidade na região da cabeça; SCI= sedimento avermelhado em cavidades internas; RCA= rompimento da cavidade abdominal.

Táxons	Anomalias			
ORDEM   Família   Espécie	SAC	DC	SCI	RCA
CHARACIFORMES				
<b>Anostomidae</b>	2,7%	1,3%	0,1%	0,0%
<b>Bryconidae</b>				
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	1,3%	0,1%	0,0%	0,0%
<b>Characidae</b>	0,2%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>Prochilodontidae</b>				
<i>Prochilodus</i> spp.	12,2%	2,8%	0,0%	0,0%
<b>Serrassalmidae</b>				
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858	4,4%	0,3%	0,0%	0,0%
CLUPEIFORMES				
<b>Engraulidae</b>	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%
CICHLIFORMES				
<b>Cichlidae</b>				
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758)	0,4%	0,0%	0,1%	0,0%
PERCIFORMES				
<b>Scianidae</b>				
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	0,4%	0,1%	0,1%	0,0%
SILURIFORMES				
<b>Pimelodidae</b>				
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803	13,9%	0,6%	0,3%	0,0%
<b>Syngnathidae</b>				
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856)	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>% da densidade total</b>	35,8%	5,3%	0,5%	0,2%

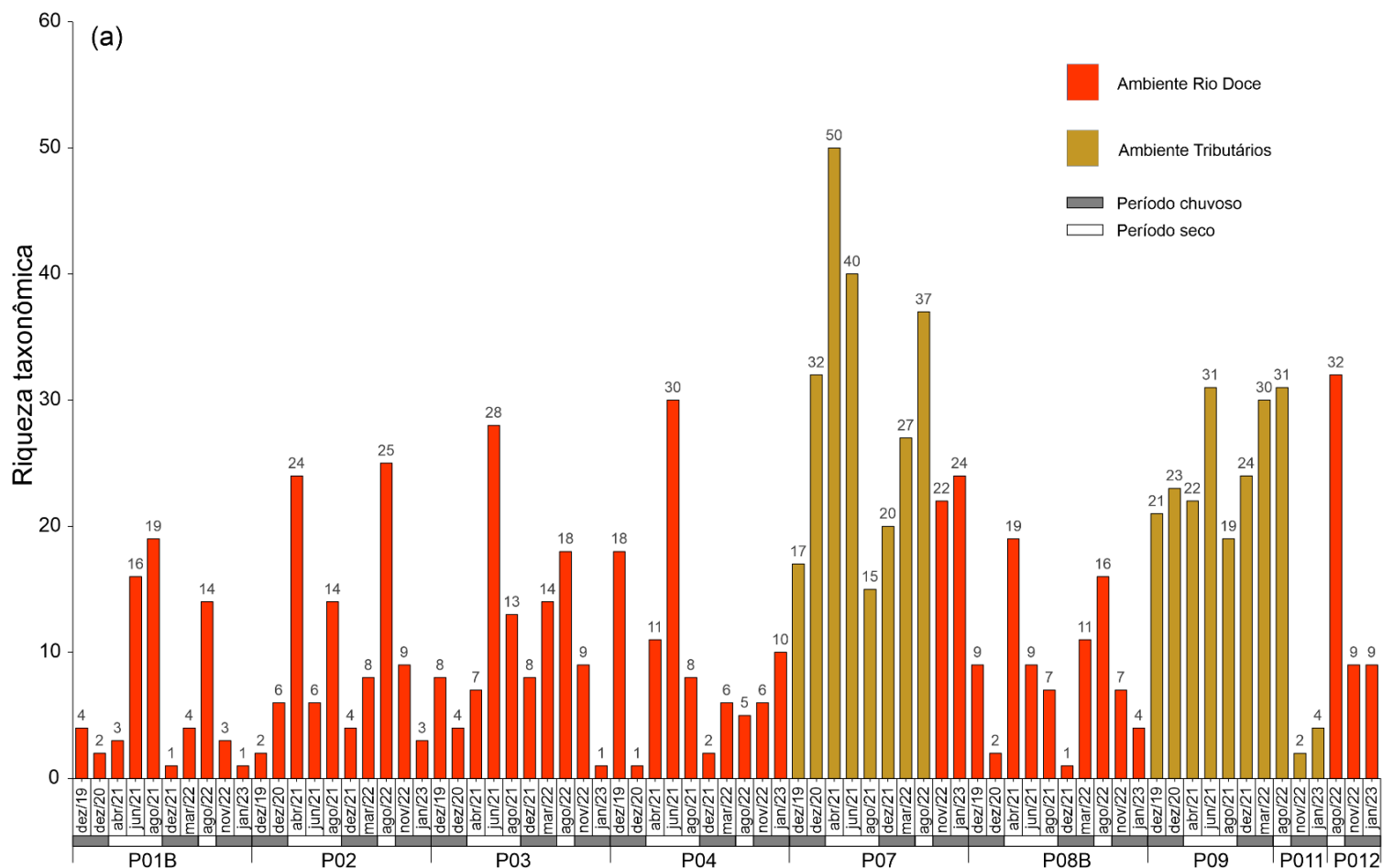
As proporções dos 4 tipos de alterações incomuns nas larvas registradas durante os Anos 3, 4 e 5 do PMBA/Fest em cada estação de amostragem, que são: RCA rompimento da cavidade abdominal, SAC sedimento avermelhado aderido ao corpo, SCI sedimento em cavidades internas como boca e intestino e DC deformidade na região da cabeça (Tabela 23, Figura 29). O gênero *Prochilodus* e a família Anostomidae são os táxons mais abundantemente acometidos, seguidos das espécies introduzidas na bacia, o Mandi *Pimelodus maculatus*, a Piranha-Vermelha *Pygocentrus nattereri* e o Dourado *Salminus brasiliensis*.



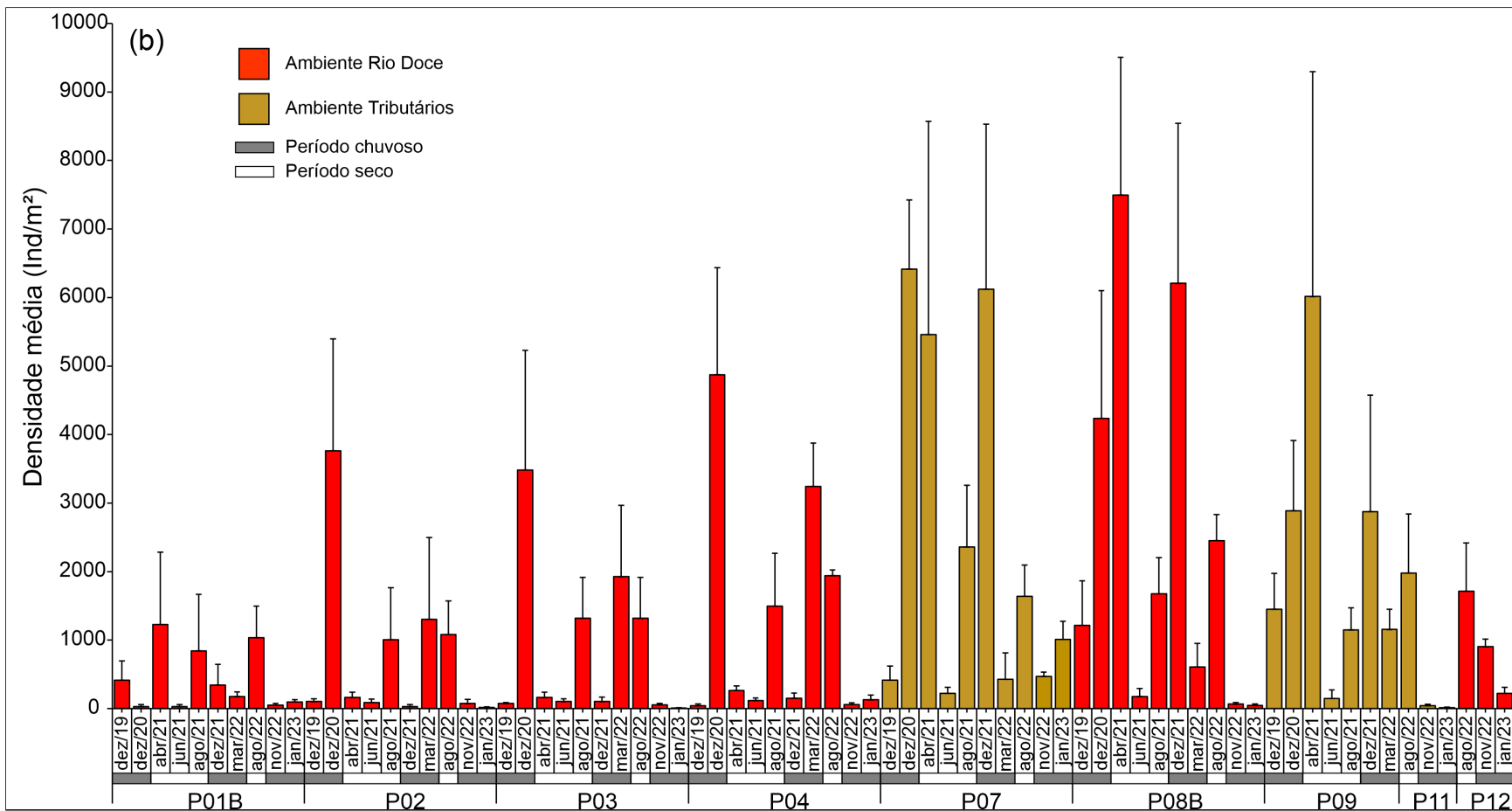
## INDICADORES DO TEMA MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

### 2.21 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 30: Evolução temporal da riqueza taxonômica (a) e densidade média (Ind/m<sup>2</sup>) (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 janeiro de 2023.



Continuação Figura 30:



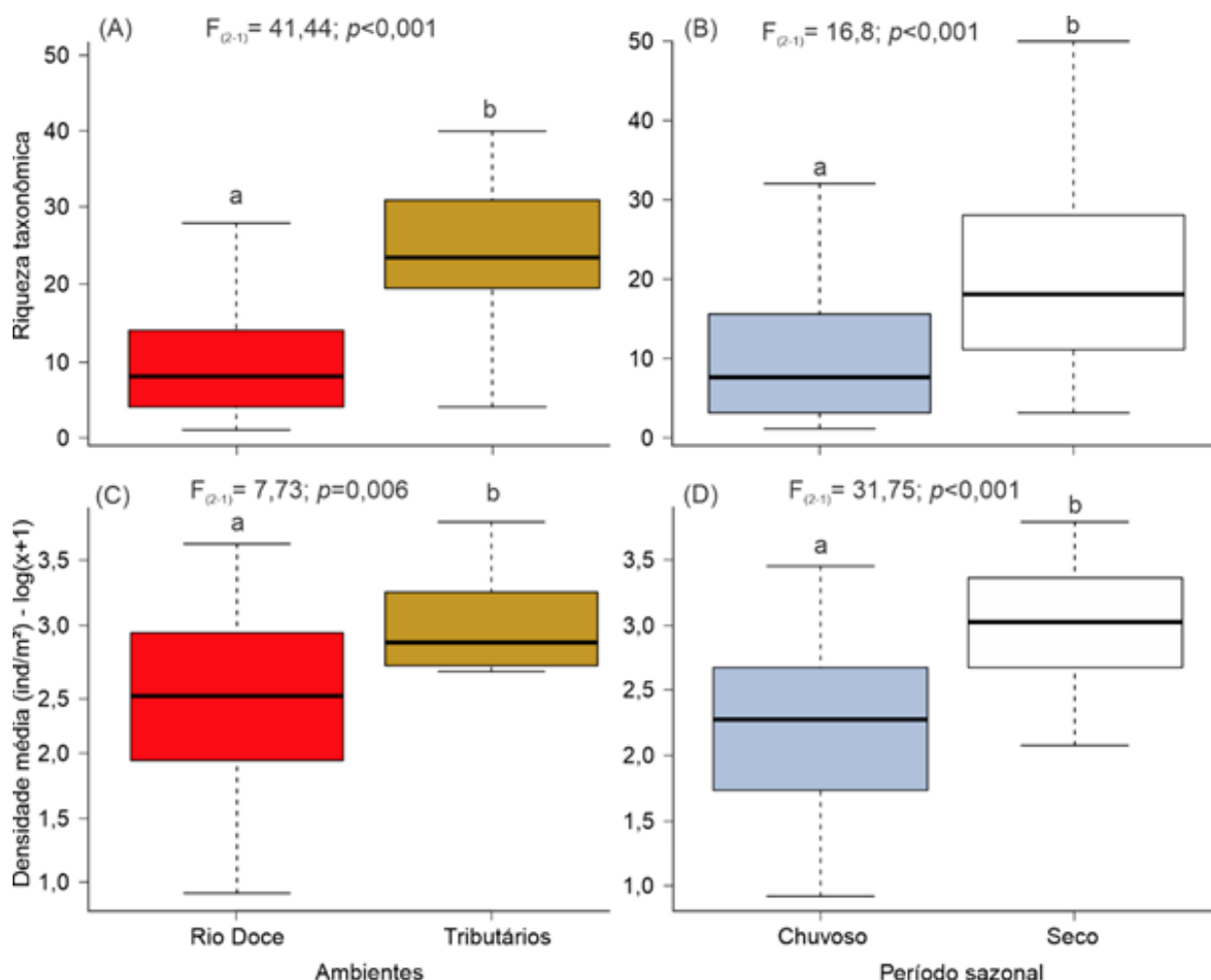
A Figura 30 apresenta a evolução temporal da riqueza taxonômica (a) e densidade média (Ind./m<sup>2</sup>) (b) durante do monitoramento do PMBA nos períodos chuvoso e seco das fases de transição (dezembro de 2019 a março de 2022) e no novo ciclo (agosto de 2022 a janeiro de 2023). Durante todo o período de monitoramento até janeiro de 2023, 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 em trechos da calha do Baixo Rio Doce, 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 e em seguida, foi observada uma queda gradativa da riqueza taxonômica até janeiro de 2023.

Nos tributários (Córrego São Pedro Frio/P09, Ribeirão das Palmas/P07 e Rio Manhuaçu/P11), a riqueza de macroinvertebrados também foi maior no período seco, com destaque também para os meses de dezembro de 2020 a agosto de 2023. No período chuvoso, foi observada uma diminuição gradativa da riqueza a partir de novembro de 2022 a janeiro de 2023. Vale destacar que o ponto P09 (Córrego São Pedro Frio) foi substituído pelo ponto P11 (Rio Manhuaçu) em agosto de 2022. O mesmo padrão foi observado para as densidades, que foram maiores nos ambientes tributários e aumentaram gradativamente na calha do Rio Doce, partindo dos pontos mais a montante em direção à foz. A única exceção a esse padrão ocorreu no ponto P08B, onde foram observadas as maiores densidades de macroinvertebrados para a calha do Rio Doce.

O Rio Manhuaçu incorporado na malha amostral no Novo Ciclo do PMBA, em substituição ao córrego São Pedro Frio, apresentou alta riqueza taxonômica em agosto de 2022, 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, entretanto, nos meses seguintes de novembro de 2022 e janeiro de 2023 foi observada a queda brusca na riqueza taxonômica em consequência do período chuvoso.

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



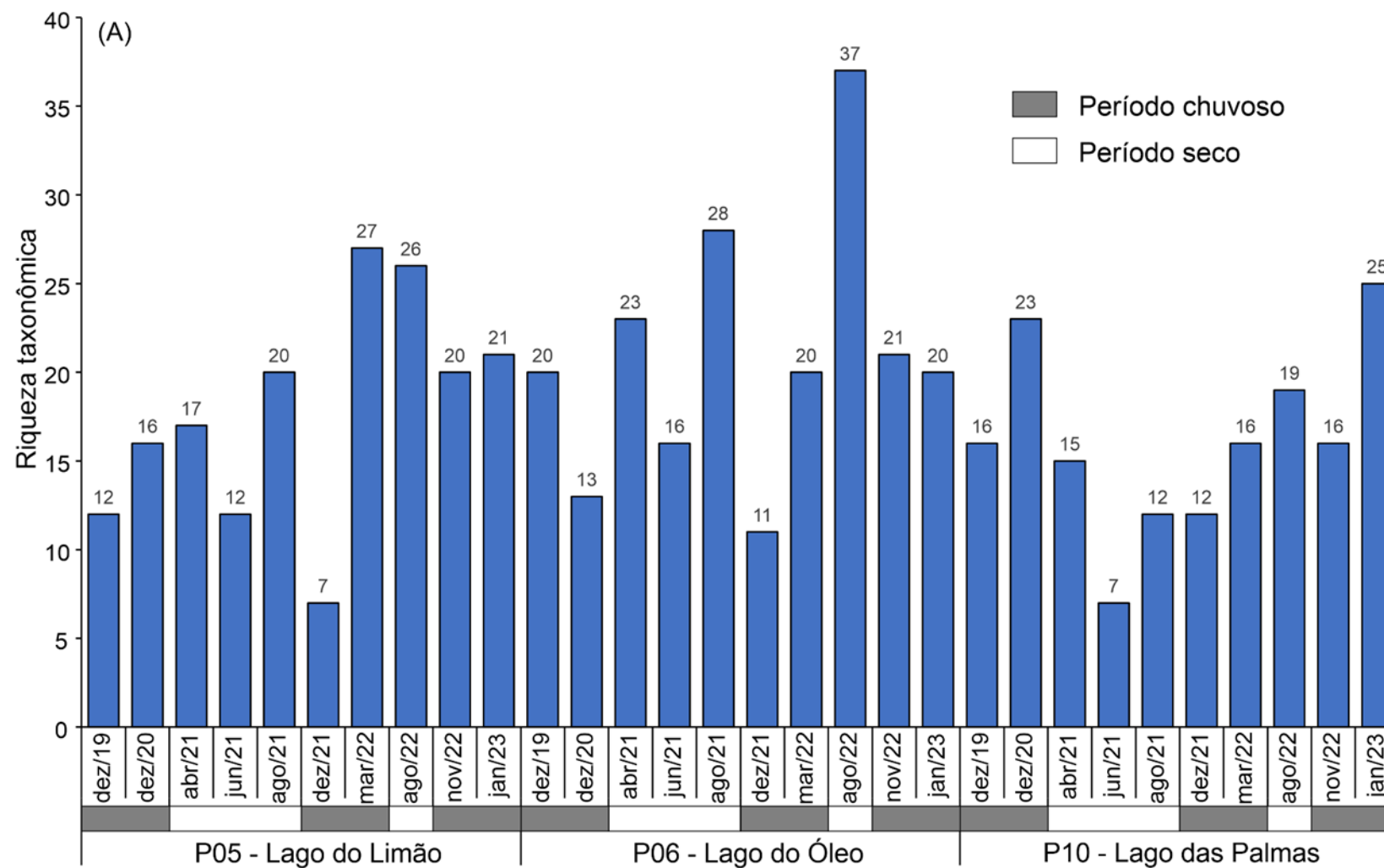
A Figura 31 apresenta as comparações da estrutura e composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, analisadas pelo teste estatístico one-way ANOVA, entre os ambientes Rio Doce e tributários, e as diferenças entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a agosto de 2022.

Os maiores valores de riqueza taxonômica e densidade média de indivíduos foram maiores nos tributários em relação ao Rio Doce, e maiores no período seco em relação ao chuvoso ( $p < 0,05$ ). Já os menores valores de riqueza e abundância de macroinvertebrados bentônicos no ambiente Rio Doce estão relacionadas a diversos impactos e distúrbios históricos, como o estado de conservação da bacia que sofre com intensas atividades antrópicas há décadas. Aliado a isto, a perda de habitats necessários à fixação dos organismos, o assoreamento do leito com predominância de sedimentos finos, e a contaminação por esgoto industrial e doméstico que são lançados diretamente na calha do rio sem tratamento prévio, também impactam estes valores.

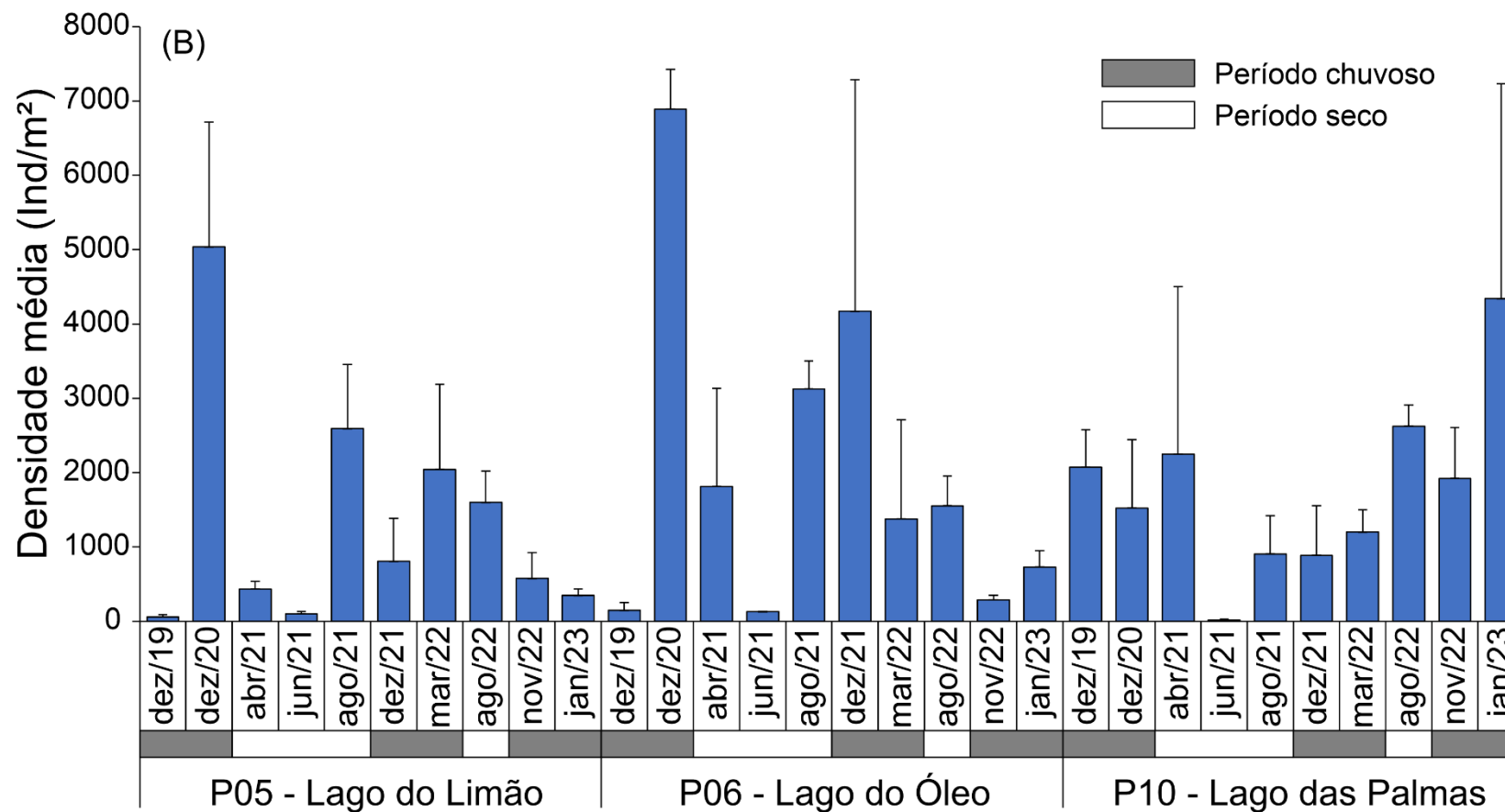
O histórico de degradação na bacia do Rio Doce é conhecido e reportado há décadas. Desde de 1990, estudos já apontavam sérios problemas de qualidade ambiental que afetavam a estrutura e composição das comunidades bentônicas na bacia (MARQUES et al., 1999, LYRA; RIGO, 2019; CALLISTO et al., 2002). Somados a eles, o evento do rompimento da barragem de Fundão em Mariana foi considerado um dos maiores desastres ambientais ocorridos no país, com impactos diretos e devastadores nas comunidades aquáticas que ocorrem nos sedimentos, e indiretos sobre rios, áreas de proteção em ambientes costeiros e reservas florestais (ALMEIDA et al., 2018, ESPINDOLA et al., 2019).

Passados quase 8 anos do rompimento da barragem, ainda se observa um cenário preocupante, apesar da melhora gradual da composição da biota tanto do ponto de vista da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, como também em relação à qualidade da água – ambos parâmetros avaliados ao longo do monitoramento do PMBA. É possível apontar que a comunidade da macrofauna atual apresenta organismos tolerantes e resistentes, principalmente nos trechos da calha do Rio Doce, em função da baixa qualidade ambiental local, principalmente nos trechos mais distantes da foz.

Figura 32: Evolução temporal da riqueza taxonômica (a) e densidade (Ind/m<sup>2</sup> + Erro pad) (b) de macroinvertebrados bentônicos nos lagos do baixo Rio Doce em dezembro de 2019 a janeiro de 2023.



Continuação Figura 30:



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 campanhas amostrais até o momento dadas as variações apresentadas da riqueza e densidade ao longo do tempo do monitoramento. Entretanto, alguns pontos chamam a atenção quanto à presença e abundância das assembleias. No Lago do Limão, por exemplo, foi observado um aumento gradativo da riqueza entre o período de dezembro de 2019 a janeiro de 2023, com um pico observado neste parâmetro no mês de março de 2022 (período chuvoso). No Lago do Óleo, a maior riqueza foi encontrada em agosto de 2022 (período seco) e no Lago das Palmas, em janeiro de 2023 (período chuvoso).

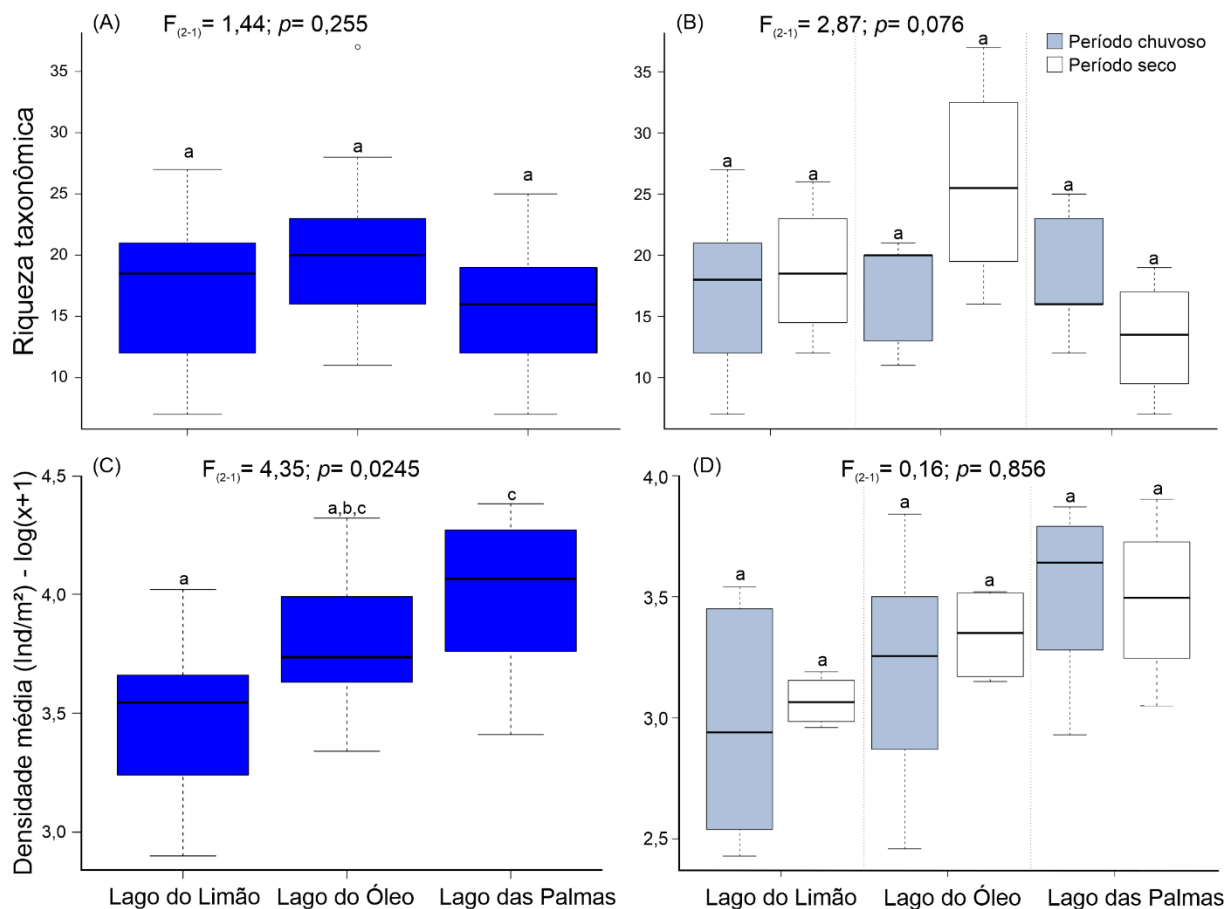
Em relação à densidade, os meses de dezembro de 2020 e de 2021 foram os que apresentaram os maiores valores nos lagos do Limão e do Óleo, em contraste com o que havia sido observado para mesmo período chuvoso (dezembro de 2019), quando foram observadas as menores densidades nestes lagos. (Figura 32B).

Na contramão da riqueza taxonômica, a densidade no lago do Limão foi diminuindo ao longo das campanhas de amostragens, enquanto que no lago das Palmas, a densidade aumentou acompanhando a riqueza taxonômica (Figura 31 A e B), dentre os lagos amostrados.

O Lago das Palmas foi o que apresentou uma distribuição mais equilibrada das densidades médias, com a maior densidade no mês de janeiro de 2023, e a menor em junho de 2021, quando, porém, com menores flutuações ao longo dos meses, foi registrada a menor densidade em relação aos demais lagos (Figura 32).



Figura 33: 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  $a\neq c$ ).



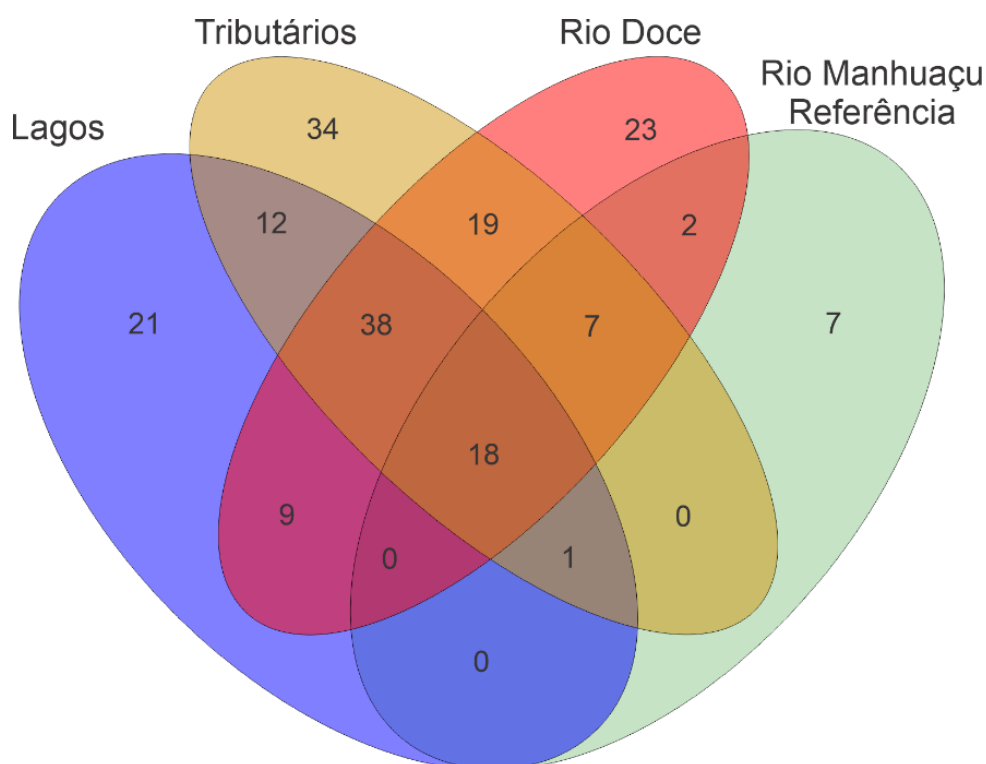
A análise estatística ANOVA indicou diferença significativa apenas para a densidade entre os lagos do Limão e das Palmas, não havendo diferenças entre os períodos chuvosos e secos para a riqueza e densidade (Figura 33). A densidade de macroinvertebrados no Lago das Palmas foi estatisticamente maior do que no Lago do Limão.

As larvas da família Chironomidae (Diptera) predominaram em todos os lagos, com exceção do período seco e chuvoso de agosto de 2022 a janeiro de 2023 do Novo Ciclo do PMBA, que foi dominado pelo Gastropoda Hydrobiidae (dados na Figura 36, 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 apresentou 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: alguns gêneros de 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 à abundância de organismos tolerantes e resistentes, além das 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.

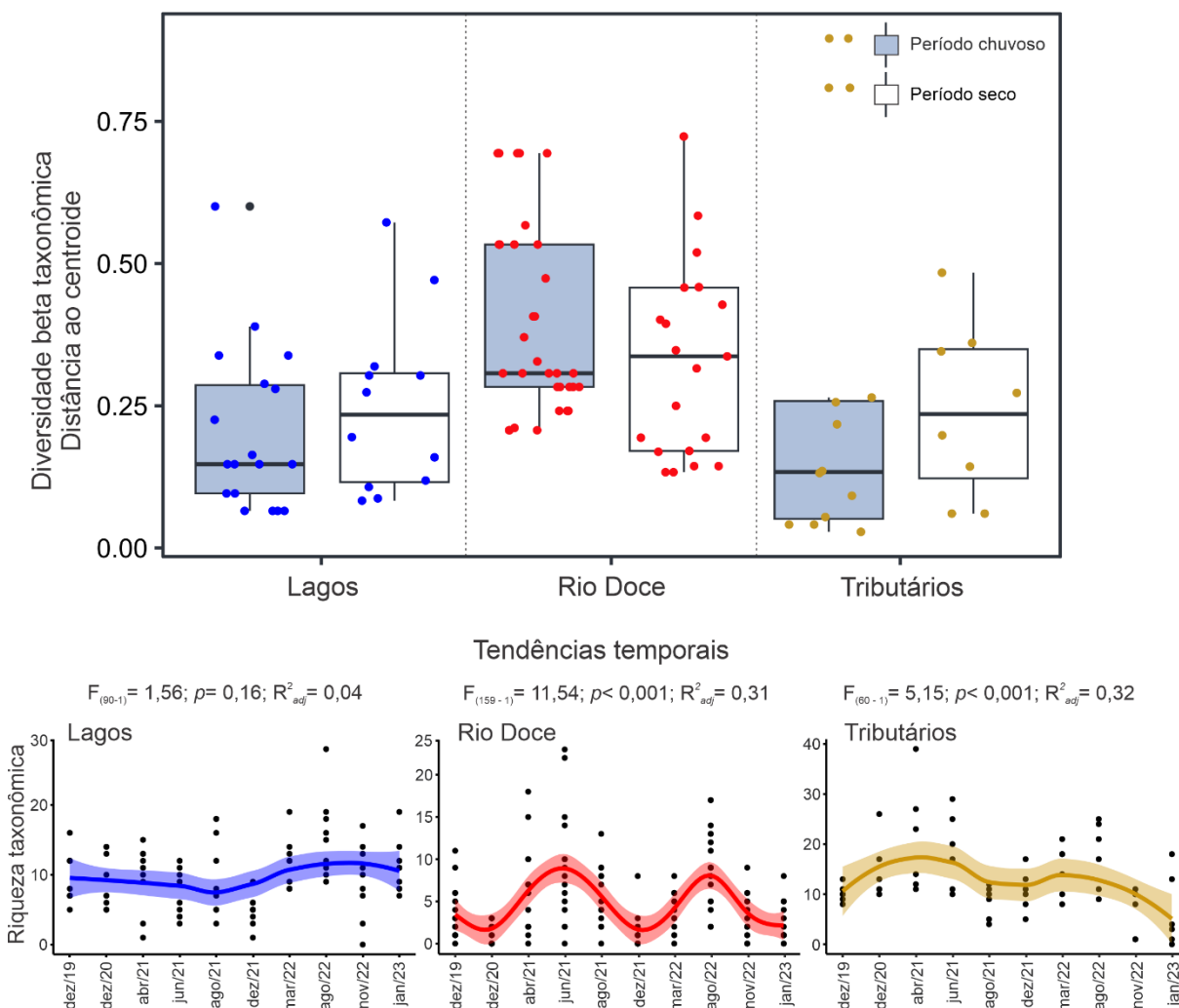
Figura 34: Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de táxons entre três ambientes: Lagos, Tributários e Rio Doce, de dezembro de 2019 a janeiro de 2023, durante o monitoramento PMBA/Fest. Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de táxons entre três ambientes: Lagos, Tributários e Rio Doce, de dezembro de 2019 a janeiro de 2023, durante o monitoramento PMBA/Fest.



Conforme o diagrama de Venn (Figura 34), dos 191 táxons registrados para os três ambientes no baixo Rio Doce, 85 são exclusivos destes ambientes, sendo que os lagos apresentaram 21 táxons exclusivos, tributários 34, Rio Doce 23 e Rio Manhuaçu 7 táxons exclusivos). Dezoito táxons são compartilhados entre todos os ambientes, e comparando-se os ambientes par a par, é possível observar que lagos vs tributários compartilham exclusivamente 12 táxons, Lagos vs. Rio Doce 9, Lagos vs Rio Manhuaçu não compartilham táxons exclusivos, Rio Doce vs. Tributários 19, Rio Doce vs. Rio Manhuaçu 2. Os lagos compartilham com os tributários e Rio Doce um total de 78 táxons evidenciando a importância dos lagos no fluxo de compartilhamento de táxons de macroinvertebrados bentônicos. O compartilhamento de táxons entre os lagos e a calha do Rio Doce muitas vezes é facilitado pela conectividade existente entre estes ambientes. O lago das Palmas, por exemplo, se conecta com o Rio Doce pelo Ribeirão das

Palmas, um forte contribuidor na recomposição da macrofauna bentônica para o Rio Doce, em função de sua composição de macroinvertebrados bentônicos.

Figura 35: Diversidade Beta e tendências temporais da distribuição da riqueza taxonômica de macroinvertebrados nos ambientes Lagos, Rio Doce e Rios.



A Figura 35 apresenta a distribuição da diversidade beta e as tendências temporais nos ambientes lagos, Rio Doce e tributários ao longo do monitoramento do PMBA/Fest. No ambiente lagos não foram observadas grandes mudanças no comportamento da diversidade beta entre os períodos chuvoso e seco, no entanto foi observada uma diminuição, embora não significativa, da riqueza taxonômica de espécies no período chuvoso de dezembro de 2019 até dezembro de 2021, e em seguida, um sutil ganho de espécies até janeiro de 2023.

Para os pontos da calha do Rio Doce, o período chuvoso, em geral, apresentou maior diversidade beta, entretanto, o ganho de espécies foi registrado principalmente no período seco e o mesmo padrão das

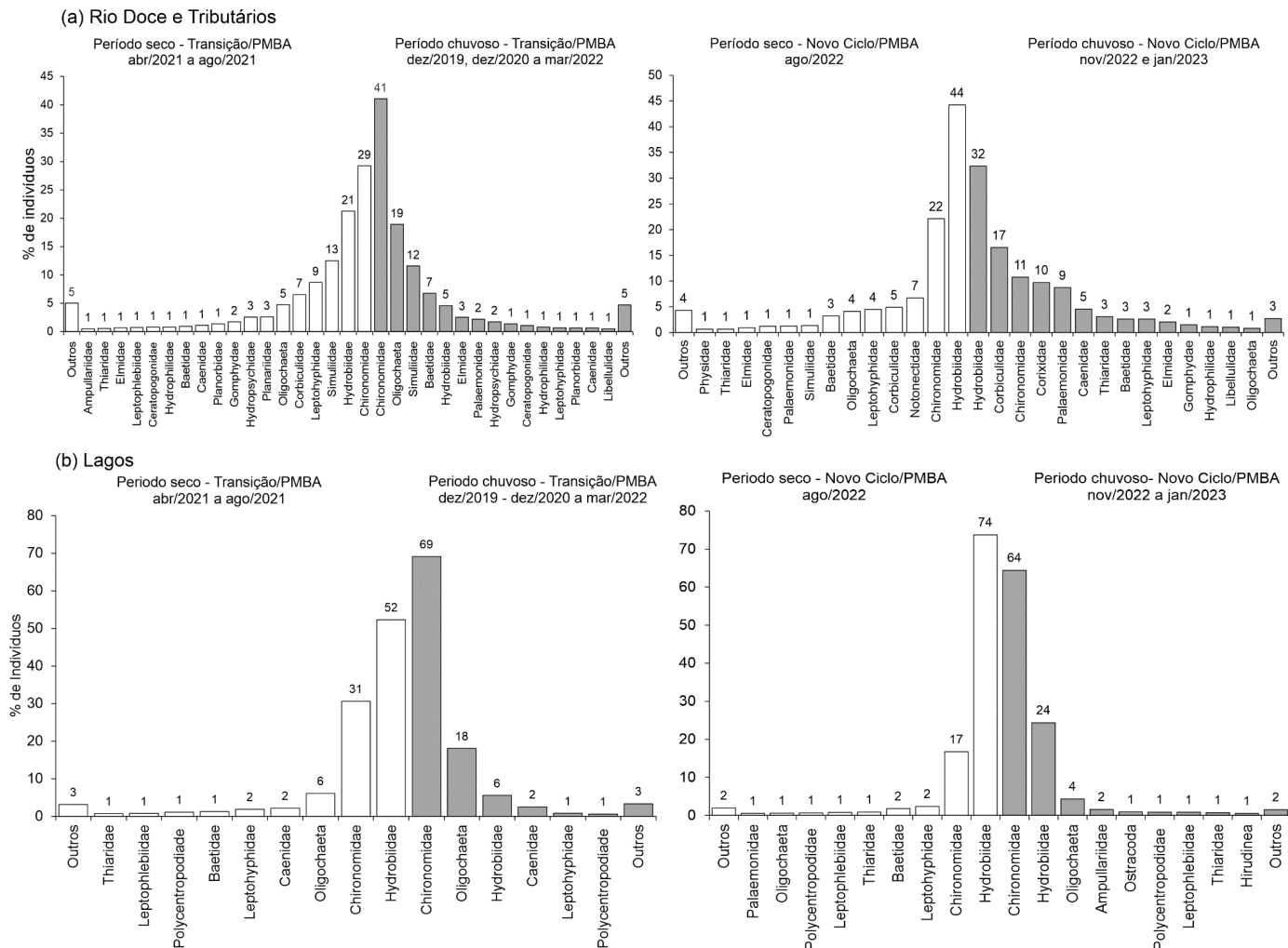
flutuações de ganho e perda de espécies foram observados nos tributários, com ganho mais acentuado no período seco.

Diferentemente do ambiente Lagos, a evolução da tendência temporal nos ambientes Rio Doce e Tributários mostra uma significativa diminuição da riqueza ao longo do tempo, mais acentuada nos tributários, que pode, em parte, estar relacionada com a substituição do Córrego São Pedro Frio (P09) pelo Rio Manhuaçu (P11). O córrego São Pedro Frio é um córrego de altitude de baixa ordem que apresenta excelente qualidade de água e rica comunidade de macroinvertebrados bentônicos.

Estudos da diversidade beta são importantes em investigações espaço-temporais da distribuição de espécies em abordagens de avaliação de impactos antrópicos, podendo também serem úteis em estudos de mudanças climáticas (LEGENDRE, 2019). Além disso, a avaliação deste parâmetro também é fundamental em estudos de partição da diversidade em escalas de amostras a escalas regionais, como forma de identificar a escala mais importante, e, portanto, onde devem-se concentrar esforços de conservação e recuperação (FERREIRA et al., 2017).

## 2.22 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 36: 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 janeiro de 2023 no monitoramento do PMBA/Fest.

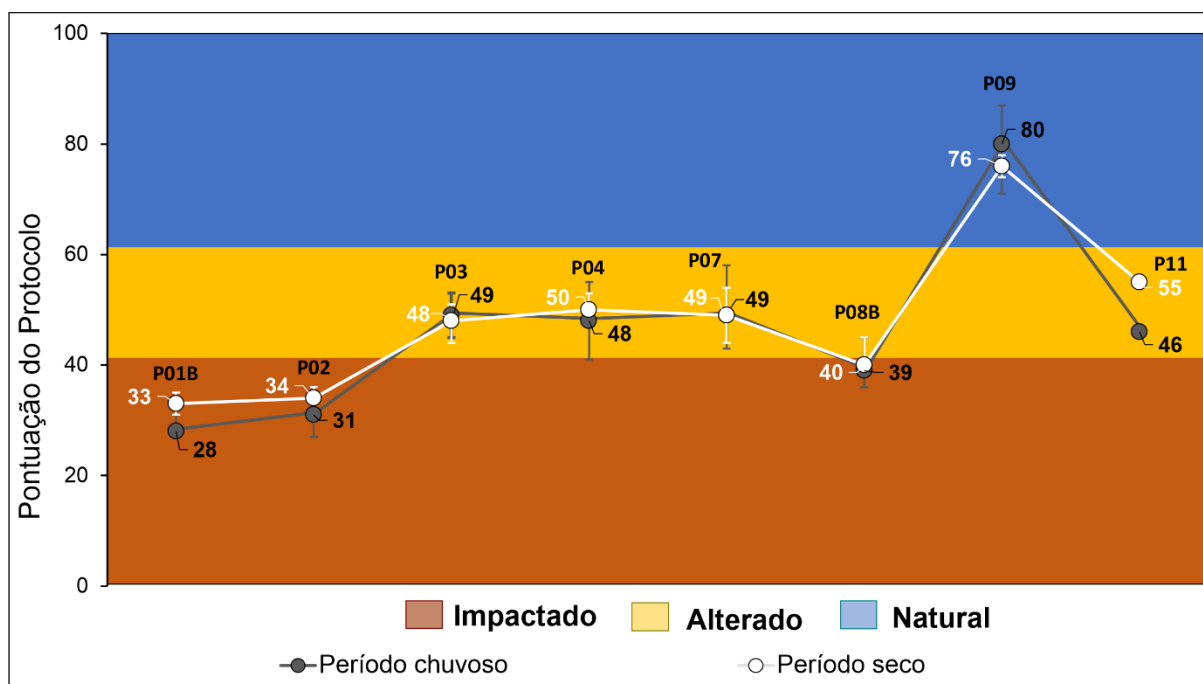


A Figura 36 (a e b) apresenta os dados de abundância relativa (% de indivíduos) das principais famílias e classe Oligochaeta amostrados nos ambientes Rio Doce, Tributários e Lagos do Baixo Rio Doce no período de transição do PMBA que inclui os meses de dezembro de 2019 e 2020 e o Novo Ciclo do PMBA que iniciou em agosto de 2022. Para a construção do gráfico foram considerados famílias e/ou grupos 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 e inclui dados de dezembro de 2019 a janeiro de 2023.

Pela figura e distribuição dos dados, nota-se 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. Os representantes da classe Bivalvia e da família Corbiculidae também foram bastante abundantes, principalmente no período chuvoso do Novo Ciclo do PMBA/Fest. Estes grupos dentro da abordagem de bioindicadores de qualidade ambiental, são organismos tolerantes e resistentes a impactos antrópicos, respondem de forma positiva aos estressores de acordo a intensidade e magnitude, ou seja, quanto maior o impacto sofrido, maior será a abundância destes grupos (CORTES et al. 2008). No estudo de Ferreira et al. (2011) na bacia do Rio das Velhas, a análise de correlação entre métricas biológicas e fatores ambientais, mostrou uma correlação positiva entre a porcentagem de Oligochaeta e Chironomidae com a composição de sedimentos finos (silte e argila) e uma 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, assoreamento, perda de habitats e passagem do rejeito de minério, refletem na predominância destes grupos tanto no período chuvoso quanto no período seco.

## 2.23 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO

Figura 37: Valores médios do protocolo de avaliação de habitat (Callisto et al. 2002) em trechos de rios no Baixo Rio Doce(calha e tributários) nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a janeiro de 2023.



A Figura 37 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 durante o monitoramento do PMBA/Fest de dezembro de 2019 a janeiro de 2023. As barras nos pontos indicam a amplitude máxima e mínima das pontuações alcançadas durante o monitoramento. No geral, não foram observadas grandes variações na classificação dos pontos amostrais durante este período, 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 do Rio Doce (P01B e P02) que foram classificados em todas as campanhas como impactados. Os pontos P03, P04 (calha do Rio Doce) e P07 (Ribeirão Palmas) receberam pontuações semelhantes durante o monitoramento e foram classificados como alterados. O ponto P08B embora tenha sido classificado como alterado, obteve pontuações muito próximas da condição de impactado, o que aproxima este ponto das condições ambientais da biota aquática de macroinvertebrados encontradas 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, ambientes variados de corredeiras e poças e condições ecológicas do entorno que tornam este córrego muito diferente dos demais ambientes avaliados no

Baixo Rio Doce. Contudo, este córrego foi substituído pelo Rio Manhuaçu (P11), no Novo Ciclo do PMBA/Fest.

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

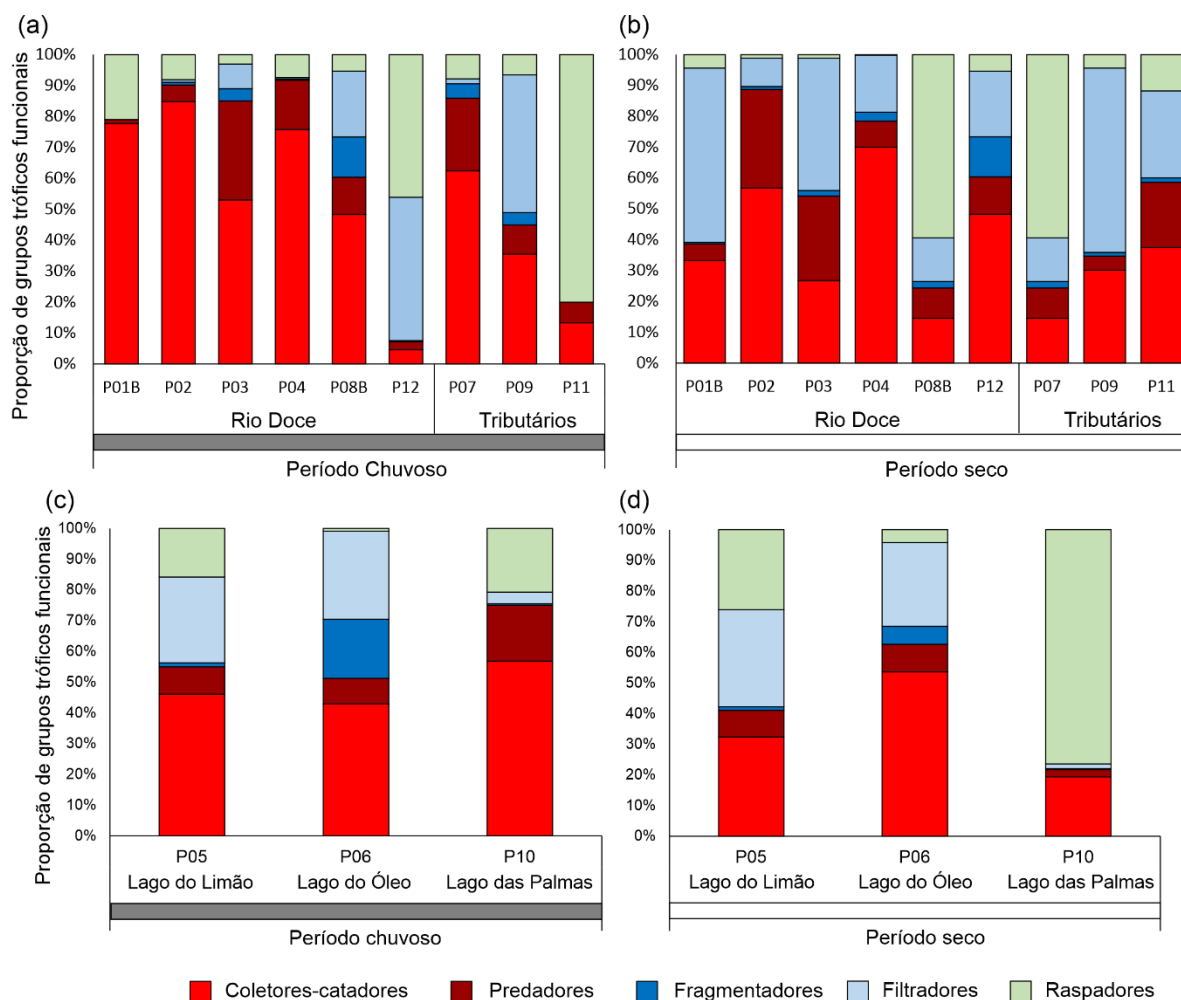
No geral, os dados de avaliação de habitat corroboram aqueles encontrados na avaliação da estrutura e composição espaço temporal da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, apontando os principais problemas que conduzem à baixa diversidade taxonômica decorrentes dos danos ambientais provocados pela pressão antrópica de décadas.

O protocolo de avaliação de habitat está sendo, até o momento, fundamental para apontar os principais impactos da qualidade ambiental nos pontos de amostragens, contribuindo para explicar a baixa riqueza e abundância taxonômica de macroinvertebrados bentônicos.



## 2.24 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS

Figura 38: 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 janeiro de 2023.



A Figura 38 apresenta a composição 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 janeiro de 2023 no Novo Ciclo do PMBA.

Nos pontos amostrais da calha do Rio Doce no período chuvoso, o grupo composto por coletores-catadores foi predominante, com destaque para os pontos P01B, P02 e P04, que apresentaram mais de 70% das comunidades compostas por este grupo. O grupo Predadores foi mais presente nos pontos P03 e P07 (32 e 23%, 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. No ponto P12 (no reservatório da UHE Aimorés), os filtradores também representaram 46% dos macroinvertebrados bentônicos, com predominância do grupo dos bivalves principalmente pela espécie *Corbicula fluminea*. Os raspadores foram mais

presentes no ponto P11 (80%) e P12 (46%) e os fragmentadores tiveram baixa representatividade na maioria dos pontos, que variou de 1 a 13%, com a maior proporção no ponto P08B na calha do Rio Doce.

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 P12 (57, 70 e 48%, respectivamente). Os predadores foram mais presentes nos pontos P02, P03 e P11 (32, 27 e 21%, respectivamente). A maior representatividade de fragmentadores ocorreu no ponto P12 (13%). Os filtradores foram mais presentes nos pontos P01 e P03 (calha do Rio Doce), e no tributário P09 (57, 43 e 60%, respectivamente), enquanto os raspadores tiveram maior ocorrência nos pontos P08B (57%) na calha do Rio Doce e no tributário P07 (59%).

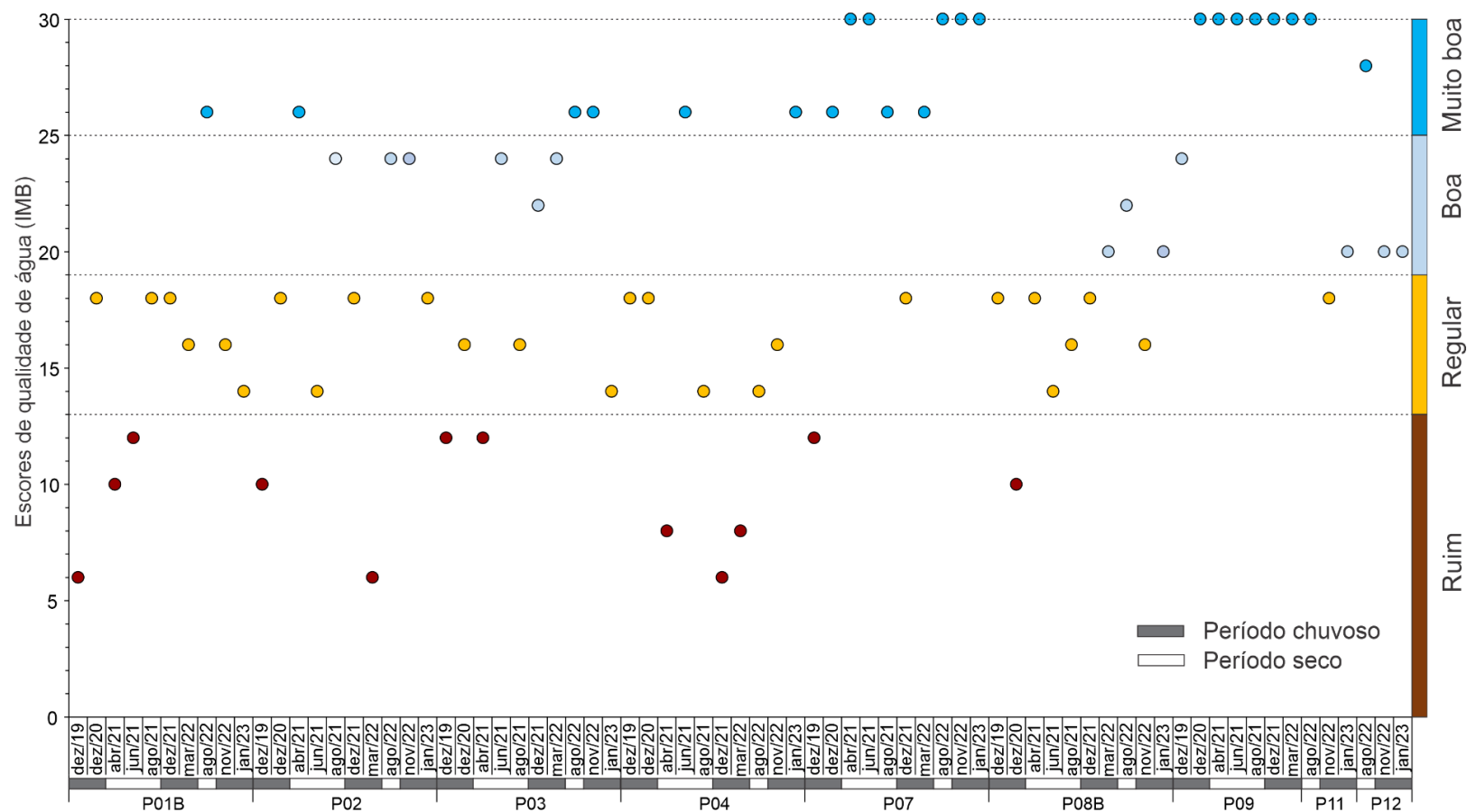
No ambiente Lagos, no período chuvoso, os coletores-catadores também foram mais abundantes, sendo a maior proporção encontrada no Lago das Palmas com 57%. Nos lagos do Limão e do Óleo, as proporções de grupos tróficos foram mais equilibradas, com maiores proporções de filtradores (28% no Lago do Limão e 29% no Lago do Óleo). Fragmentadores foram mais presentes no Lago do Óleo (19%), Raspadores no Lago do Limão e Lago das Palmas (16 e 21%) e predadores no Lago das Palmas (18%).

No período seco, no Lago das Palmas, a situação se inverteu com a maior proporção de raspadores (76%). A maior proporção de coletores-catadores (54%) ocorreu no Lago do Óleo, enquanto no Lago do Limão as proporções foram mais equilibradas, com igual proporção de coletores-catadores e filtradores (32%), seguido de raspadores (26%).

A predominância de certos grupos tróficos funcionais, como os coletores-catadores pode ser um indicativo de desequilíbrio ambiental, na qual um grupo se beneficia se estabelecendo em altas proporções em relação aos demais. Esta proporção de macroinvertebrados em uma mesma classificação está usualmente associada a ambientes impactados, principalmente pela perda de habitat e qualidade físico-química da água.

## 2.25 QUALIDADE DE ÁGUA

Figura 39: Qualidade da água dos pontos amostrais obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a janeiro de 2023.



Na Figura 39 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/Fest nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a janeiro 2023. Em geral, o índice mostrou que os principais problemas de qualidade de água se concentram nos pontos amostrais da calha do Rio Doce, especialmente nos pontos P01B, P02 e P04, principalmente no período chuvoso. A melhora da qualidade da água foi observada ao longo do monitoramento, principalmente nas amostragens nos períodos secos, onde foi observado maior quantidade de trechos avaliados com as classificações de água como sendo de boa e muito boa qualidade, incluindo os novos pontos de amostragens incorporados (P11-Rio Manhuaçu e P12 – Rio Doce/Aimorés).

### 3 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.
- AGOSTINHO, A. A. et al The high River Paraná Basin: limnological and ichthyological aspects. In: J.G. TUNDISI, C.E.M. BICUDO and T. MATSUMURA-TUNDISI, eds. **Limnology in Brazil**. Rio de Janeiro, ABC/SBL, p. 59-103, 1995.
- AGOSTINHO, A. A. et al. Dams and the fish fauna of the Neotropical region: impacts and management related to diversity and fisheries. **Brazilian Journal of Biology**, v. 68, p. 1119-1132, 2008.
- AGOSTINHO, A. A. et al. Fish assemblages in Neotropical reservoirs: Colonization patterns, impacts and management. **Fisheries Research**, v. 173, p. 26-36, 2016.
- AGOSTINHO, A. A. et al. Fish ladder of Lajeado Dam: Migrations on one-way routes? **Neotropical Ichthyology**, 5(2), 121–130, 2007.
- AGOSTINHO, A. A. et al. **Ecologia e manejo de recursos pesqueiros em reservatórios do Brasil**. Uem, 2007a.
- AGOSTINHO, A. A.; JÚLIO JÚNIOR, H. F. Peixes da bacia do alto rio Paraná. In R. H. Lowe-McConnell (Ed.), **Estudos ecológicos de comunidades peixes tropicais** (pp. 374–400). São Paulo, SP: Edusp, 1999.
- 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.
- ALI, H.; KHAN, E. Trophic transfer, bioaccumulation, and biomagnification of non-essential hazardous heavy metals and metalloids in food chains/webs—Concepts and implications for wildlife and human health. **Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal**, v. 25, n. 6, p. 1353-1376, 2019.

- 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.
- AMADO-FILHO, G. M. et al. Heavy metals in benthic organisms from Todos os Santos Bay, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 68, p. 95-100, 2008.
- 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.
- ARAÚJO-LIMA, C. A. R. M. et al. Diel variation of larval fish abundance in the Amazon and Rio Negro. **Brazilian Journal of Biology**, v. 61, p. 357-362, 2001.
- ARAUJO-LIMA, et al. Transport of larval fish in the Amazon. **Journal of Fish Biology**, n. 53, p. 297-306, 1998.
- BARZOTTO, E. et al. Larvae of migratory fish (Teleostei: Ostariophysi) in the lotic remnant of the Paraná River in Brazil. **Zoologia (Curitiba)**, v. 32, p. 270-280, 2015.
- BAZZOLI, N. Parâmetros reprodutivos de peixes de interesse comercial na região de Pirapora. **Águas, peixes e pescadores do São Francisco das Minas Gerais**, p. 291-306, 2003.
- 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.
- BIALETZKI, A. et al. Larval fish assemblage in the Baía River (Mato Grosso do Sul State, Brazil): temporal and spatial patterns. **Environmental Biology of Fishes**, v. 73, p. 37-47, 2005.
- 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.

Convênio Renova/UFV. **Estudo da ictiofauna da bacia do Rio Doce após o rompimento da barragem de rejeito da Samarco. Convênio Fundação Renova – Universidade Federal de Viçosa**, 2023.

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

CORRÊA, R. N. et al. Distribution and abundance of fish eggs and larvae in three tributaries of the Upper Uruguay River (Brazil). **Environmental Biology of Fishes**, v. 91, p. 51-61, 2011.

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.

COSTA, I. D.; NUNES, N. N. S.; ZALMON, I. R. Length-weight relationship, sex ratio, and diet of three fish species (Actinopterygii: Teleostei) in streams of the Pomba River basin, Paraíba do Sul river drainage, Southeastern Brazil. **Zoologia (Curitiba)**, v. 40, p. e22040, 2023.

DENDY, F. E.; COOPER, C. M. Sediment trap efficiency of a small reservoir [Storms accompanied by low/high sediment concentrations, Mississippi]. **Journal of Soil and Water Conservation**, 1984.

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.

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.

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.

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.
- 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.
- GOGOLA, T. M. et al. Spatial and temporal variations in fish larvae assemblages of I lha G rande N ational P ark, B razil. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 22, n. 1, p. 95-105, 2013.
- 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. et al. 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? **Interciência**, 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.; REYNALTE-TATAJE, D.; ZANIBONI-FILHO, E. Spatial and temporal distribution of ichthyoplankton in the upper Uruguay River, Brazil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 52, 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.

JIMÉNEZ-SEGURA, L. F.; PALACIO, J.; LEITE, R. River flooding and reproduction of migratory fish species in the Magdalena River basin, Colombia. **Ecology of freshwater fish**, v. 19, n. 2, p. 178-186, 2010.

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

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.

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.

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.

MALMQVIST, B.; RUNDLE, S. Threats to the running water ecosystems of the world. **Environmental conservation**, v. 29, n. 2, p. 134-153, 2002.

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.

MUNIZ, C. M. et al. Do river basins influence the composition of functional traits of fish assemblages in Neotropical reservoirs?. **Brazilian Journal of Biology**, v. 81, p. 765-775, 2021.

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.

PELICICE, F. M.; POMPEU, P. S.; AGOSTINHO, A. A. Large reservoirs as ecological barriers to downstream movements of Neotropical migratory fish. **Fish and Fisheries**, v. 16, n. 4, p. 697-715, 2015.

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/>).

REYNALTE-TATAJE, D. A. et al. Temporal distribution of ichthyoplankton in the Ivinhema River (Mato Grosso do Sul State/Brazil): influence of environmental variables. **Neotropical Ichthyology**, v. 9, p. 427-436, 2011.

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.

SALVADOR, G. N. et al. Influences of multiple anthropogenic disturbances coupled with a tailings dam rupture on spatiotemporal variation in fish assemblages of a tropical river. **Freshwater Biology**, v. 67, n. 10, p. 1708-1724, 2022.

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.

SMITH, W. S. et al. Changes in fish species composition in the middle and lower Tietê River (São Paulo, Brazil) throughout the centuries, emphasizing rheophilic and introduced species. **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 30, p. 310, 2018.

SUZUKI, H. I. et al. Inter-annual variations in the abundance of young-of-the-year of migratory fishes in the Upper Paraná River floodplain: relations with hydrographic attributes. **Brazilian Journal of Biology**, v. 69, p. 649-660, 2009.

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. A. M. et al. Primeira maturação gonadal, períodos e áreas de reprodução. **A planície de inundação do alto rio Paraná: aspectos físicos, biológicos e socioeconômicos**, p. 249-265, 1997.

VAZZOLER, A. E. **Biologia da reprodução de peixes teleósteos: teoria e prática**. EDUEM, Maringá, p. 169, 1996.

WARD, J. V.; STANFORD, J. A. Ecological factors controlling stream zoobenthos with emphasis on thermal modification of regulated streams. In: **The ecology of regulated streams**. Boston, MA: Springer US, p. 35-55, 1979.

WARD, J. V.; STANFORD, J. A. The serial discontinuity concept: extending the model to floodplain rivers. **Regulated rivers: research & management**, v. 10, n. 2-4, p. 159-168, 1995.

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.

WINEMILLER, K. O. et al. Balancing hydropower and biodiversity in the Amazon, Congo, and Mekong. **Science**, v. 351, n. 6269, p. 128-129, 2016.

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.