

**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- 46/ JUN 24

RA2023 PMBA/FEST

Vitória,

Junho de 2024

EQUIPE TÉCNICA

Equipe Ecologia de Peixes

Mariella Bontempo Duca de Freitas

Jorge Abdala Dergam dos Santos

Késsia Leite de Souza

Natália Martins Travenzoli

Victor Augusto de Queiroz Batista

Lucas Marcon

Paula Nunes Coelho

Priscilla Esclarski

Bruno Edésio dos Santos Melo

Vinicius Comastri Arruda

Cidimar Estevam de Assis

Lucas Caetano de Barros

Equipe Genética de Peixes

Tomas Hrbek

Valéria Nogueira Machado

Carlos Eduardo Faresin e Silva

Sandra Marcela Hernandez Rangel

Sarah Ventura

Érico Macedo Polo

Pedro Senna Taylor Bittencourt

Ingrid de Souza Nunes

Izeni Pires Farias

Equipe Macroinvertebrados Bentônicos

Wander Ribeiro Ferreira

Equipe Ictioplâncton

Gustavo Ribeiro Rosa

Andréa Bialezki

Mara Luiza de Almeida Santos

Guilherme Moreira Santos

SUMÁRIO

1	HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL	7
2	METODOLOGIA	7
2.1	COLETA	7
2.1.1	Ictiofauna	7
2.1.2	Ictioplâncton.....	8
2.1.3	Macroinvertebrados bentônicos	10
2.2	ANÁLISE.....	10
2.2.1	Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	10
2.2.2	Ictiofauna Dulcícola: Genética	15
2.2.3	Ictioplâncton.....	15
2.2.4	Macroinvertebrados bentônicos	17
2.3	HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS.....	18
2.3.1	Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	18
2.3.2	Ictiofauna Dulcícola: Genética	19
2.3.3	Ictioplâncton.....	20
2.3.4	Macroinvertebrados bentônicos	20
3	RESULTADOS DOS INDICADORES	21
	INDICADORES ICTIOFAUNA ECOLOGIA.....	22
3.1	RIQUEZA DE ESPÉCIES.....	22
3.2	PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	30
3.3	BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	37
3.4	DIVERSIDADE BETA.....	39
3.5	DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES.....	48
3.6	EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS	52
3.7	PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS	55

3.8 RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS NA CALHA DO RIO DOCE E NOS LAGOS	57
3.9 ESTÁGIO DE MATURAÇÃO.....	61
3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS).....	74
INDICADORES ICTIOFAUNA GENÉTICA	75
3.11 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES.....	75
3.12 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES	95
3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS	96
3.14 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES	97
3.15 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA	98
3.15 TENDÊNCIAS DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA.....	140
3.16 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE....	141
3.17 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE	143
INDICADORES ICTIOPLÂNCTON.....	144
3.18 DISTRIBUIÇÃO DE OVOS E LARVAS.....	144
3.19 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS.....	149
3.20 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS.....	151
3.21 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS.....	158
INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	163
3.22 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS.....	163
3.23 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	176
3.24 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO	180
3.25 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS	182

3.26	QUALIDADE DE ÁGUA.....	184
4	CONSIDERAÇÕES FINAIS SOBRE OS 5 ANOS DE MONITORAMENTO ACERCA DOS INDICADORES OBSERVADOS E O AMBIENTE MONITORADO	185
5	ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS	190
6	REFERÊNCIAS	191

1 HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL

A malha e frequência amostral do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da Área Ambiental I (PMBA/Fest) passou por modificações ao longo do tempo, visando seu aperfeiçoamento para atendimento 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 monitoradas 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 monitoradas 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 METODOLOGIA

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

2.1.1 Ictiofauna

A coleta da ictiofauna, nos 11 pontos propostos no Plano de Trabalho de 2022, foi realizada utilizando-se o esforço amostral de nove redes de espera, representando uma área de cobertura total de 90 m² com diferentes malhas de igual área (10 m²): malha 3 representando 15 mm entre nós opostos; malha 4, 20 mm; malha 5, 25 mm; 6, 30 mm; 7, 35 mm; 8, 40 mm; 10, 50 mm; 12, 60 mm e malha 14 representando 70 mm entre nós opostos. As redes foram instaladas às 16:00 h e retiradas às 20:00 h, totalizando no mínimo quatro horas de exposição. Adicionalmente, em cada ponto de coleta foram realizadas 10 passadas com rede de arrasto (malha 5 mm entre nós opostos, altura de 2,5 m e comprimento de 10 m, representando uma área de cobertura total de 250 m²) e 46 lances de tarrafa

(malhas 20 mm e 40 mm, altura de 2 m, representando uma área de cobertura total de 1300 m²). Entretanto, a partir de agosto de 2022, o esforço de coleta das redes de espera foi duplicado em cada ponto, totalizando uma cobertura de 180 m² e, mantendo os mesmos esforços para rede de arrasto e tarrafa. Para cada ponto amostrado, foi aplicada a mesma metodologia e o mesmo esforço amostral, sempre buscando maximizar as amostragens de peixes e atingir um número mínimo necessário para as análises populacionais de genética, em todos os ambientes amostrados. A exceção foi o ponto 09, no córrego São Pedro Frio, onde as coletas foram restritas à modalidade de pesca elétrica (utilizando o equipamento Smith-Root backpack electrofisher - LR-24 Electrofisher) em um trecho de 150 m e com duração de 1 hora. Conforme definido em reunião realizada em julho de 2018, com representantes do PMBA/Fest, da Renova e do CT-BIO, a exposição das redes foi de aproximadamente 4 horas, para garantir a qualidade e quantidade de peixes amostrados para análises genéticas e de conteúdo estomacal. Essa exposição pode ter reduzido a chance de coleta de peixes de hábitos noturnos. A exposição mais prolongada das redes nos lagos e reservatórios aumenta potencialmente a predação por piranhas. O menor tempo de exposição garantiu a qualidade dos resultados genéticos, de dieta e de determinação do estágio de maturação gonadal, evitando também a mortandade de espécimes.

Logo após a retirada dos peixes das redes, antes do processamento, os peixes foram eutanasiados em solução concentrada de Eugenol (INOUE et al., 2003), e fixados em solução de formalina 10% ou álcool etílico 100%. Exemplares maiores que 10 cm tiveram amostras de tecido retiradas ainda em campo, sendo amostrados até no mínimo 15 exemplares por cada espécie e ponto de amostragem, quando possível. No laboratório foi realizada a triagem dos espécimes, onde cada indivíduo foi identificado até o maior nível taxonômico possível e submetido a análises biométricas como pesagem (em gramas), comprimento padrão e total (em milímetros).

Os estômagos e as gônadas dos espécimes foram retirados e armazenados em álcool etílico 70% para análises de dieta e reprodução. Todos os espécimes tiveram tecido muscular amostrado para estudos moleculares, sendo transferidos para solução de álcool etílico 70% e depositados na Coleção Ictiológica do Museu de Zoologia João Moojen, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais.

2.1.2 Ictioplâncton

O monitoramento de ictioplâncton dulcícola teve início no Ano 3 do PMBA/Fest e engloba o período de “Transição” e o “Novo Ciclo”, de 26 de dezembro de 2020 a 31 de março de 2023. A inclusão dos estudos do ictioplâncton constam, portanto, no Plano de trabalho de 2022 para o tema Ictiofauna dulcícola, e visou atender as demandas do antigo Anexo 2, as quais não tinham sido contempladas integralmente em 2018, quando foram iniciadas as atividades do PMBA/Fest. Os estudos de ictioplâncton oferecem uma perspectiva fundamental na demografia das espécies e seus ciclos vitais e podem explicar as flutuações das populações de juvenis e adultos de cada espécie. As estações de amostragem para o monitoramento do ictioplâncton possuem uma distribuição específica por levar em consideração os locais de desova e à deriva dos organismos. Logo, foram selecionadas 13 estações amostrais do Baixo Rio Doce, estado do Espírito Santo, sendo cinco delas localizadas no rio principal, que compreende a área diretamente afetada pelo rompimento da barragem: P1 (montante da Usina

Hidrelétrica (UHE) de Mascarenhas), P2 (Colatina), P3 (Linhares), P4 (Foz) e P13 (Aimorés), e outras oito nos principais tributários do Baixo Rio Doce, considerados como pontos controle (área não afetada): P5 (Rio Guandu 1 – porção alta), P6 (Rio Guandu 2 – foz), P7 (Rio Santa Joana – foz), P8 (Rio Santa Maria do Rio Doce), P9 (Rio Pancas), P10 (Rio São José – Montante da Lagoa Juparanã), P11 (Rio São José – Jusante da Lagoa Juparanã) e P12 (Rio Manhuaçu). Os pontos amostrados estão de acordo com o estipulado no Plano de trabalho de 2022.

O ictioplâncton foi amostrado quinzenalmente entre os meses de novembro e março, que corresponde ao período chuvoso de alta atividade reprodutiva, e mensalmente entre abril e outubro, durante o período de estiagem para avaliar a reprodução das espécies não sazonais, conforme estipulado no plano de trabalho. Dois turnos de amostragem foram empregados para abranger diferentes horários de desova e deriva do ictioplâncton, um ao anoitecer (19:00 – 20:00 h) e o outro ao amanhecer (6:00 – 7:00 h). Durante as amostragens, foi utilizada uma rede de plâncton cônico-cilíndrica (malha de 0,5 mm, área da boca de 0,12 m²), equipada com fluxômetro General Oceanics™, o qual foi fixado na boca da rede, para medir o volume de água filtrada, permitindo a padronização do esforço de amostragem. Nas estações de amostragem localizadas na calha do Rio Doce (P1, P2, P3, P4 e P13), foram realizadas três sequências de amostragens superficiais ao longo do perfil transversal, sendo uma no centro (ponto de maior profundidade aparente do leito do rio) e outras duas nas margens esquerda e direita, uma amostragem de fundo também foi realizada no centro do leito do rio em uma adaptação com a rede de plâncton montada em um trenó (NAKATANI et al., 2001). Nas demais localidades (P5 a P12), por possuírem uma área de drenagem menor, as amostragens foram somente superficiais e realizadas na região central do rio. Durante cada amostragem, foram realizadas coletas com duração de 10 minutos. Em seguida, as amostras foram acondicionadas em potes plásticos e fixadas em solução de formaldeído 4%, tamponada com carbonato de cálcio.

Para a avaliação histopatológica foram seccionados fragmentos de larvas inteiras com aspecto normal e com deformidade na região da cabeça, os quais foram submetidos à série de desidratação utilizando etanol. Logo após a triagem, as larvas foram embebidas em metacrilato (Historesin, Leica Microsystems, Nussloch, Germany). Secções semi-seriadas de 3 µm foram obtidas em micrótomo rotativo (Leica RM2255) e os cortes foram coradas com azul de toluidina com borato de sódio 1%. Nas secções histológicas coradas com DAPI (imunofluorescência) e solução coloidal de prata foram identificados núcleos e regiões argentafins organizadoras de nucléolos (AgNORs) dos neurônios. Esta solução foi preparada com a mistura da solução A (5g de nitrato de prata em 10ml de água destilada) com a solução B (500mg de gelatina em 25 ml de água destilada com 0,25ml de ácido fórmico) na proporção de 2:1. A incubação foi feita em ambiente úmido e escuro a 37°C por 30 minutos. As lâminas foram fotografadas em fotomicroscópio óptico Olympus BX53, acoplado a câmera Olympus DP73 utilizando o software CellSens Imaging para evidenciar possíveis alterações histopatológicas comparando entre as larvas de aspecto normal e anormal.

Para avaliação morfométrica, pontos de interseção foram quantificados sobre núcleo de células neuronais e espaços entre os núcleos nos campos fotografados em objetiva de 100x, utilizando-se

gratícula com 441 pontos de interseção, com 70µm de lado e uma área de 4900µm², para o cálculo da proporção da constituição tecidual entre as larvas de aspecto normal e anormal.

2.1.3 Macroinvertebrados bentônicos

As amostragens de macroinvertebrados foram realizadas nos mesmos 11 pontos de coleta de amostras da ictiofauna nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a outubro de 2023. Os estudos das comunidades de macroinvertebrados bentônicos dulcícolas foram incorporados ao relatório a partir do Ano 2 do PMBA/Fest, com coletas trimestrais em cinco pontos amostrais na calha do Rio Doce, três lagos, três tributários e um ponto no Reservatório da UHE Aimorés. As análises de macroinvertebrados têm como objetivo a avaliação dos efeitos dos impactos antrópicos ocorridos na bacia do Rio Doce na porção baixa da bacia, no estado do Espírito Santo (ES). Os impactos foram avaliados com base nas análises da estrutura, composição e distribuição das assembleias bentônicas, estado ecológico e integridade de habitats físicos e avaliação da qualidade da água.

Em cada ponto amostral, foram coletadas no mínimo três amostras de sedimento, sempre tentando abranger o maior número de habitats possíveis. Para as coletas foram utilizados amostradores do tipo draga de Petersen (0,0682 m²) e Eckman (0,0225 m² de área) para os trechos do Rio Doce e lagos e coletor tipo Surber (0,09 m²) e rede em D (Kick-net, 0,09 m² de área) no córrego São Pedro Frio (P09) e no Ribeirão Palmas (P07). As amostras coletadas foram colocadas em sacos plásticos e fixadas em campo com solução de formalina a 4% e transportadas ao Laboratório de Sistemática Molecular (UFV). No laboratório, as amostras foram lavadas sobre peneiras de 0,5 mm de malha, e triadas com auxílio de microscópio estereoscópico. Os macroinvertebrados bentônicos foram identificados ao menor nível taxonômico quando possível, de acordo com diversos manuais de identificação (MERRITT; CUMMINS, 1996; COSTA et al., 2006; MUGNAI et al., 2010; HAMADA et al., 2014). Com base nos dados da composição das comunidades, foram calculados a riqueza, densidade, composição em grupos tróficos funcionais (GTF) e a abundância relativa dos grupos mais representativos. Os exemplares foram identificados e etiquetados segundo as recomendações de França e Callisto (2007) e serão depositados na Coleção de Macroinvertebrados Bentônicos do Laboratório de Sistemática Molecular Beagle, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais.

2.2 ANÁLISE

2.2.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

Para as análises ecológicas, os pontos de coletas foram divididos em 4 ambientes: calha do Rio Doce (P1B, P2, P3, P4, P8B), Lagos (P5, P6 e P10), Tributários (P7, P9 e P11) e Reservatório da UHE Aimorés (P12), conforme disposto no Plano de Trabalho de 2022. O reservatório da Usina Hidrelétrica Marechal Mascarenhas de Moraes (UHE Mascarenhas) (P1B) foi considerado nas análises dentro do ambiente de calha do Rio Doce, por considerarmos que suas características são mais parecidas com o ambiente de calha do Rio Doce. Apesar de ter sido descontinuado nas coletas, o P9 está incluso em nossas análises de evolução espaço-temporal.

A partir de agosto de 2022, as estatísticas aqui apresentadas foram baseadas no conceito de coleta por unidade de esforço (CPUE), para manter as comparações das capturas ao longo da série temporal, devido à mudança na frequência de amostragem. A tendência temporal na riqueza taxonômica (número de espécies por campanha) foi testada para os quatro ambientes (calha do Rio Doce, Lagos, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés), usando modelos aditivos de efeito misto generalizado (GAMM), ilustrados numa curva de tendência temporal suavizada pelo método LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smoother). Já a composição das comunidades foi ilustrada para cinco ambientes (Rio Doce, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés, Tributários e Rio Manhuaçu) e o compartilhamento de espécies foi ilustrado pelo diagrama de Venn. Os indicadores riqueza de espécies (nativas e introduzidas), abundância (nativas e introduzidas) e biomassa (nativas e introduzidas) também foram analisados quanto à variação temporal ao longo do monitoramento. Os indicadores foram ilustrados graficamente através de boxplots que representam os pontos amostrados em cada campanha. Foram considerados valores totais das amostras na análise dos indicadores (os três petrechos utilizados para coleta), exceto para biomassa, que considera apenas rede de espera (R CORE TEAM, 2021).

A dissimilaridade entre as comunidades amostradas (Calha, Lagos, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés) foi testada para cada período sazonal utilizando-se o índice Jaccard, através da avaliação da diversidade beta taxonômica. A metodologia utilizada foi uma análise de permutação de dispersões multivariadas da diversidade (betaPERMDISP), conforme proposta por Anderson et al. (2006). Este teste permite que a diversidade beta taxonômica (presença/ausência de espécies) seja medida para uma comunidade amostrada (calha do Rio Doce, Lagos, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés) em determinado período sazonal (chuvoso e seco), onde a dissimilaridade entre as comunidades é baseada na distância média de cada amostra para o centróide (média geral da comunidade no período sazonal). Esta análise foi ilustrada graficamente em um boxplot com pontos de dispersão.

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

Todas as análises estatísticas foram realizadas no ambiente R considerando como valor de significância $p < 0.05$ (R CORE TEAM, 2021; SILVA et al., 2022).

Ecologia Trófica

Os peixes capturados nos diferentes ambientes amostrados foram dissecados para retirada dos estômagos e o conteúdo estomacal foi avaliado com microscópio estereoscópico e óptico, conforme previsto no Plano de Trabalho de 2022. Os itens alimentares encontrados foram analisados até o menor nível taxonômico possível, com auxílio de chaves de identificação (MERRITT; CUMMINS, 1996; COSTA et al., 2006; MUGNAI et al., 2010). A quantificação dos itens alimentares foi feita pelo método

volumétrico (HELLAWELL; ABEL, 1971; HYSLOP, 1980), utilizando uma proveta graduada onde o volume era medido por meio do deslocamento da coluna d'água para os itens maiores ou com auxílio de uma placa de vidro milimetrada, para os itens menores. Os recursos alimentares foram quantificados através do volume em porcentagem de cada item em relação ao total.

Os itens alimentares encontrados foram agrupados em 15 categorias alimentares:

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

Diferentemente do proposto no Plano de Trabalho de 2022, o Índice de Importância Alimentar (IAI - conforme consta no TR4) não foi utilizado como método de análise estomacal, uma vez que a literatura aponta que o método volumétrico vem sendo bem empregado e que a conclusão geral utilizando volume (%V) é muito similar ao resultado obtido com o IAI (SILVEIRA et al., 2020; HAHN; DELARIVA, 2003). Além disso, o IAI é mais utilizado em situações onde não há o emprego de análises estatísticas, uma vez que essas análises requerem transformações para adequação dos dados.

As guildas tróficas das espécies analisadas foram determinadas a partir dos valores do volume em porcentagem obtidos para as 15 categorias alimentares citadas acima. A determinação das guildas tróficas foi realizada de acordo com Dias e colaboradores (2020) para detritívoros, herbívoros, invertívoros, onívoros, insetívoros e piscívoros; Hahn e colaboradores (1998) para bentófagos, insetívoros aquáticos e insetívoros terrestres, e Andrade e colaboradores (2019) para carnívoros. Vale ressaltar que os onívoros foram categorizados pela proporção dos itens mais consumidos. Para as

espécies com menos de sete indivíduos avaliados quanto ao conteúdo estomacal, as guildas tróficas foram definidas através de dados de dieta da literatura (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980; SILVANO, 2001; FRIAS-TORRES, 2004; PEREIRA; RESENDE, 2006; SANTOS; ROCHA, 2007; MEDEIROS et al., 2017). Para o táxon ser incluído em uma guilda trófica, foi utilizado como ponto de corte, o valor acima de 70% de consumo de um determinado item. Assim, se uma espécie consumiu mais de 70% de invertebrados, ela foi classificada como invertívoro.

O número de indivíduos de cada guilda trófica foi utilizado para determinar a variação da abundância das guildas tróficas entre os ambientes amostrados (calha do Rio Doce, Lagos, Ribeirão Palmas, Reservatório da UHE Aimorés e Rio Manhuaçu) durante as campanhas realizadas nos períodos chuvosos e secos, que compreendem o monitoramento do PMBA/Fest.

Biologia Reprodutiva

A proporção sexual entre indivíduos das espécies coletadas foi calculada a partir da frequência absoluta de fêmeas e machos coletados no Rio Doce, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés e Rio Manhuaçu. Conforme disposto no Plano de Trabalho de 2022, indivíduos das espécies mais abundantes foram selecionados e tiveram suas gônadas retiradas, pesadas e identificadas quanto ao sexo e ao estágio de desenvolvimento gonadal (VAZZOLLER, 1996). Foi realizado o cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50) e comprimento médio máximo de maturação (L100), o qual permitiu definir as espécies com maior recrutamento (VAZZOLLER, 1996) (Tabela 3). Para fins de representação gráfica, foram consideradas, como ponto de corte, espécies que apresentaram mais de 190 recrutas na calha do Rio Doce e nos lagos.

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

Quadro 1: Características macroscópicas e microscópicas dos estágios de maturação gonadal de machos e fêmeas.

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 lúmen 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 lúmen 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 lúmen 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, os lumens dos túbulos seminíferos são amplos ou fechados 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.

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

As variáveis de RGS por período de coleta (Ano 1, 2, 3,4 e 5) foram testadas quanto à normalidade (Shapiro-Wilk) e submetidas a uma análise de variância para testar diferenças significativas nos valores

médios de RGS. O teste paramétrico de Duncan foi usado para comparar estes valores médios. Quando o pressuposto de normalidade não foi atendido, mesmo após as transformações apropriadas, os dados foram submetidos ao teste não paramétrico de Kruskal-Wallis. Um nível de significância de $p < 0,05$ foi empregado para todos os testes. Possíveis diferenças nas proporções de fêmeas e machos foram avaliadas pelo teste qui-quadrado (X^2 ; $p < 0,05$).

2.2.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética

Para as análises genéticas foram selecionadas sete espécies da ictiofauna dulcícola, conforme o proposto no Plano de Trabalho de 2022 (Submeta 2.1): *Astyanax lacustris*, *Deuterodon cf. intermedius*, *Geophagus aff. brasiliensis*, *Hoplias malabaricus*, *Knodus moenkhausii*, *Pachyurus adspersus* e *Poecilia vivipara*. O material coletado dos espécimes foi tecido muscular que foi preservado em microtubos de 1,5mL com álcool 95% e mantidos em freezer à -20°C até os procedimentos laboratoriais. A extração do DNA genômico seguiu o protocolo de CTAB 2% descrito por Doyle (1991). Para cada amostra foram geradas sequências dos genes mitocondriais COI e Cytb e para os nucleares Glyt e Myh6, além de 10 loci de microssatélites cujos iniciadores foram desenvolvidos para aplicação específica neste projeto (RRDM, 2022). Cada amostra teve seus produtos de amplificação reunidos em um único “pool” para passarem por processo de purificação por PEG eliminando restos de reagentes e fragmentos menores. Esse procedimento reduz leituras indesejadas durante o sequenciamento. Posteriormente foi utilizado um conjunto de adaptadores que pudessem identificar cada uma das amostras. Esses adaptadores foram denominados A e P com pequenas alterações únicas possibilitando que suas combinações gerassem identificações únicas para cada amostra. Esses adaptadores foram ligados às extremidades dos fragmentos amplificados via PCR.

Esse “pool” de fragmentos ligados foi cortado no Pippin Prep para seleção de fragmentos de tamanho adequado. As bibliotecas genômicas foram preparadas juntando porções equimolares desses “pools” para a realização do sequenciamento de Nova Geração (Next Generation Sequencing – NGS) na plataforma ION TORRENT PGM. Essa biblioteca genômica foi então aplicada no chip ION PGM 318 (Life Technologies), com capacidade de gerar aproximadamente 10 milhões de leituras, permitindo uma melhor análise do sequenciamento. As sequências resultantes foram separadas por indivíduo para análises posteriores. As bibliotecas dos microssatélites foram sequenciadas na plataforma Illumina que tem uma maior capacidade de geração de leituras, o que permite uma maior quantidade e confiabilidade nos dados gerados.

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

2.2.3 Ictioplâncton

No laboratório, os ovos e larvas de peixes foram separados do sedimento e quantificados em microscópio estereoscópico com aumento de 10x. Para a identificação das larvas, foi empregada a

técnica de sequência regressiva de desenvolvimento, a qual utiliza a forma do corpo, presença de barbilhões, sequência de formação das nadadeiras, posição relativa da abertura anal em relação ao corpo, número de vértebras/miômeros e raios das nadadeiras (AHLSTROM; MOSER, 1976; NAKATANI et al., 2001). Em seguida, as larvas foram enquadradas em quatro estágios de desenvolvimento – larval vitelino (LV), pré-flexão (PF), flexão (F) e pós-flexão (FP) – considerando o grau de flexão da notocorda, o desenvolvimento da nadadeira caudal e demais elementos de suporte, de acordo com Ahlstrom e Moser (1976) modificado por Nakatani e colaboradores (2001).

Apesar de as análises de integridade física das larvas não estarem contempladas no Plano de Trabalho de 2022, a maior frequência de aparecimento de larvas com anomalias se mostrou de suma importância, como um possível impacto direto do rompimento da barragem.

O nível de integridade física das larvas foi analisado sob o microscópio estereoscópico, e as anomalias identificadas foram classificadas como: RCA (rompimento da cavidade abdominal), SAC (sedimento avermelhado aderido ao corpo), SCI (sedimento avermelhado em cavidades internas) e DC (deformidade na região da cabeça). As larvas que apresentavam injúrias naturais oriundas do processo de deriva foram classificadas como danificadas e as que não apresentaram nenhum dano foram classificadas como normais (N). A palavra “sedimento” foi usada aqui como termo genérico para partículas aderidas às larvas, não sendo suas composições o foco de nossas análises.

A abundância de organismos capturados foi padronizada para um volume de 10 m³ de água filtrada de acordo com Tanaka (1973), modificado por Nakatani e colaboradores (2001). Para verificar a distribuição espacial da ictioplâncton, a densidade de ovos e larvas resultantes de cada réplica coletada em diferentes turnos foram agrupadas por estação de amostragem e categorizados em áreas controle (tributários) e propágulo (Rio Doce) (superior, médio e inferior). Para a análise da distribuição temporal, as densidades resultantes de todos os turnos e estações de amostragem foram agrupadas por mês, período chuvoso e seco, e variação interanual (Ano 3, Ano 4 e Ano 5). O teste de Kruskal-Wallis foi usado para avaliar a variação (variáveis independentes: estações e mês de amostragem) na densidade de ovos e larvas (variáveis dependentes). O teste de Mann-Whitney foi usado para detectar diferenças nas densidades de ovos e larvas entre dois grupos, como por exemplo, Tributários e Rio Doce, período seco e chuvoso, Ano 3, Ano 4 e Ano 5.

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

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

relevante uma análise de variância para se atestar a significância dos resultados de densidade entre as áreas.

2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos

Para avaliar as diferenças sazonais das estações seca e chuvosa na composição das comunidades de macroinvertebrados bentônicos ao longo de trechos lóticos, lagos no Baixo Rio Doce e Reservatório da UHE Aimorés durante o PMBA/Fest, uma análise de variância (one-way ANOVA) foi aplicada. Quando necessários, os dados da composição da macrofauna bentônica foram transformados ($\log(x+1)$), para ponderar as discrepâncias e padronizar os dados. Em seguida foi aplicada a análise dos resíduos dos dados com o objetivo de verificar se a homogeneidade da variância e homocedasticidade dos dados atenderam os pressupostos da ANOVA. As análises foram realizadas em software livre na plataforma R-Studio (R CORE TEAM, 2021).

Foram calculadas também a diversidade beta e tendências temporais com a finalidade de avaliar as variações na composição das espécies (riqueza taxonômica). A diversidade beta foi calculada por meio da análise permutacional de dispersões multivariadas (PERMIDISP e função “betadisper”), baseada na dissimilaridade média de cada unidade amostral ao centroide do grupo no espaço multivariado, utilizando uma matriz de distância. As tendências temporais foram analisadas usando modelos aditivos de efeitos mistos generalizados (GAMM, função `gamm4`) e a curva foi obtida pelo método de suavização LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smooth) (função “`plotGAMM`”).

O protocolo de integridade ambiental avalia um total de vinte e dois parâmetros dispostos em categorias, tais como: tipo de fundo, cobertura vegetal no leito dos rios, e outros, em que são atribuídos valores (pontos) para as diferentes condições destes parâmetros. O valor final obtido, de acordo com o protocolo varia de 0 a 100 pontos, calculados a partir do somatório dos valores atribuídos a cada parâmetro independente. As pontuações finais refletem, portanto, o nível de preservação das condições ecológicas dos pontos amostrados, sendo que as pontuações entre 0 e 40 pontos representam trechos impactados, 41 a 60 pontos representam trechos alterados, e acima de 61 pontos estariam os trechos minimamente alterados ou em condições naturais ou prístinas.

Para avaliar a qualidade da água nos pontos de amostragem, foi utilizado o índice multimétrico bentônico de Ferreira e colaboradores (2011). Este índice avalia a qualidade dos ambientes, de acordo com as pontuações atribuídas às métricas bióticas, levando-se em consideração as proporções de organismos sensíveis e tolerantes aos impactos. O índice é composto por seis métricas bióticas: riqueza de famílias, % Oligochaeta, % Chironomidae + Oligochaeta (%CHOL), % Ephemeroptera, Plecoptera e Trichoptera (%EPT), % coletores-catadores e BMWP-CETEC - *Biological Monitoring Working Party*. Foram atribuídos scores (5, 3 e 1, detalhes em FERREIRA et al., 2011) a cada métrica para o estabelecimento dos limites das classes de qualidade de água, de acordo com a tabela abaixo (Tabela 1). Os limites foram calculados pela agregação dos escores de cada métrica e determinados pelos valores mínimos e máximos no intervalo de 6 a 30. O valor da agregação das métricas foi dividido

para o estabelecimento de classes de qualidade de água: 6-12 para condição de qualidade de água ruim; 13-18 para qualidade regular; 19-24 para qualidade boa e 25-30 para qualidade muito boa.

Tabela 1: Escores atribuídos a cada métrica analisada para o estabelecimento das classes de qualidade da água.

Métrica/Referência	Escore		
	5	3	1
Riqueza	≥9	8-6	≤5
% Oligochaeta	≤5	6-64	≥47≤97
% CHOL	≤73	74-86	≥87≤100
% EPT	≥6	5-3	≤2
% Coletor-catador	≤64	65-83	≥84≤99
BMWP-CETEC	≥36	35-18	≤17

2.3 HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS

2.3.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

Com as novas adaptações da frequência amostral, e questionamentos sobre o esforço amostral, a partir da campanha de agosto de 2022, passamos a utilizar dois conjuntos de redes de espera, totalizando 18, que seguiram a mesma metodologia explicada anteriormente. Além disso, dois pontos amostrais foram incluídos e um ponto foi excluído da malha amostral. Quando comparamos os pontos amostrais atuais com os que constam do Plano de trabalho de 2022, alguns pontos apresentam discordâncias quanto às coordenadas geográficas. A malha amostral atual é a mesma descrita na Nota Técnica e nas planilhas de dados brutos, e, a fim de alinharmos todas as informações quanto aos nossos pontos de coleta, em todos os documentos, apontamos as seguintes correções abaixo (coordenadas UTM (datum SIRGAS 2000), Zona 24K (Easting, Northing)):

- P04: por questões de impossibilidade de acesso ao rio pela propriedade anteriormente indicada no Plano de Trabalho 2022, o ponto foi deslocado para as seguintes coordenadas atuais corretas: P04 Calha Rio Doce/Linhares-ES (401503, 7850485);
- P09: apesar de descontinuado a partir de agosto de 2022, está incluso em nossas análises como um tributário, sendo as coordenadas atuais corretas: P09 Córrego São Pedro Frio/Colatina-ES (309975, 7853420);
- P10: coordenadas atuais corretas: P10 Lago das Palmas/Linhares-ES (369855, 7848788);
- P11**: incluído a partir de agosto de 2022, mas devido a uma troca de numeração com o P12, foi nomeado aqui de forma diferente da disposta no Plano de Trabalho de 2022. O nome do ponto e as coordenadas atuais corretas são: P11 Rio Manhuaçu/Aimorés-MG (276789, 7843587);
- P12**: também incluído a partir de agosto de 2022, mas devido à troca com o P11, foi nomeado aqui de forma diferente da disposta no Plano de Trabalho de 2022. O nome do ponto e as

coordenadas atuais corretas são: P12 Calha do rio Doce – Reservatório UHE Aimorés/Aimorés-MG (279749, 7853645).

Por fim, a malha amostral da ictiofauna dulcícola atualmente conta com 11 pontos amostrais (P01B, P02, P03, P04, P05, P06, P07, P08B, P10, P11 e P12), conforme proposto no Plano de Trabalho de 2022.

Além disso, tendo em vista as mudanças consideráveis que ocorrem devido ao regime de chuvas e as características físicas da calha do Rio Doce, em alguns meses e pontos de coletas, as condições de coleta foram inadequadas para o uso de redes de espera em função do baixo nível do rio que impede a colocação das redes de espera e/ou a presença de vários trechos de leito rochoso, ou ainda de rede de arrasto, como ocorre no Reservatório da UHE Aimorés (P12), onde a ausência de bancos de areia impossibilita a utilização desse petrecho.

**Em Nota Técnica em resposta às divergências entre o Plano de Trabalho e o RA2022, corrigimos as nomeações dos pontos, mas as coordenadas continuaram equivocadas. Logo, a nomeação e as coordenadas corretas são as grafadas acima.

2.3.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética

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

A análise de DNA *Barcode* foi utilizada para identificação molecular das espécies identificadas morfológicamente. O marcador COI (DNA *Barcode*) é considerado uma boa ferramenta de teste ou confirmação nas identificações de espécies, quando utilizado em conjunto com técnicas baseadas em morfologia. Na área de estudo, essa metodologia já identificou que a quantidade de linhagens morfológicas identificadas era subestimada. Atualmente, a técnica de DNA *Barcode* já atingiu seus objetivos dentro do monitoramento e não será mais utilizada, salvo quando novas espécies forem coletadas, novas linhagens forem identificadas ou para completar o número amostral de algumas espécies que ainda não possuem o mínimo de 5 indivíduos. Para complementar as análises de *Barcode* da parte inferior da bacia do rio Doce, no início do PMBA/Fest foram utilizadas amostras das porções média e alta do Rio Doce, provenientes da coleção de tecidos de peixes do Laboratório de Sistemática Molecular – Beagle (UFV).

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

A plataforma *IonTorrent PGM* foi descontinuada no final do ano 2020, com suporte continuando até 2024. A fabricação dos reagentes também foi descontinuada em meados de 2023. Assim, tivemos que migrar a geração dos dados dos microssatélites para a plataforma *Illumina*.

2.3.3 Ictioplâncton

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

Nas amostragens de ictioplâncton ocorreu a inclusão de dois pontos P12 (Rio Manhuaçu, Aimorés-MG) e P13 (calha do Rio Doce, no Reservatório da UHE Aimorés-MG), conforme previsto no Plano de Trabalho de 2022. Além disso, foi adicionada uma coleta de fundo, de ovos e larvas em cada ponto da calha do Rio Doce (P1 a P4 e P13), na região central do leito do rio, a fim de verificar a possibilidade de registros de organismos com características demersais em deriva.

2.3.4 Macroinvertebrados bentônicos

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

Não houve alterações em relação à frequência amostral das comunidades de macroinvertebrados bentônicos, que permanecem sendo monitorados com campanhas trimestrais.

As coletas de macroinvertebrados bentônicos seguem a mesma malha amostral da ictiofauna dulcícola. Portanto, também balizamos novamente aqui os pontos amostrais atuais com os que constam no Plano de trabalho de 2022, alguns pontos apresentam discordâncias quanto às coordenadas geográficas. A malha amostral atual é a mesma descrita na Nota Técnica e nas planilhas de dados brutos, e, a fim de alinharmos todas as informações quanto aos nossos pontos de coleta, em todos os documentos, apontamos as seguintes correções abaixo (coordenadas UTM (datum SIRGAS 2000), Zona 24K (Easting, Northing)):

- P04: por questões de impossibilidade de acesso ao rio pela propriedade anteriormente indicada no Plano de Trabalho 2022, o ponto foi deslocado para as seguintes coordenadas atuais corretas: P04 Calha Rio Doce/Linhares-ES (401503, 7850485);
- P09: apesar de descontinuado a partir de agosto de 2022, está incluso em nossas análises como um tributário, sendo as coordenadas atuais corretas: P09 Córrego São Pedro Frio/Colatina-ES (309975, 7853420);
- P10: coordenadas atuais corretas: P10 Lago das Palmas/Linhares-ES (369855, 7848788);
- P11**: incluído a partir de agosto de 2022, mas devido a uma troca de numeração com o P12, foi nomeado aqui de forma diferente da disposta no Plano de Trabalho de 2022. O nome do ponto e as coordenadas atuais corretas são: P11 Rio Manhuaçu/Aimorés-MG (276789, 7843587);
- P12**: também incluído a partir de agosto de 2022, mas devido à troca com o P11 foi nomeado aqui de forma diferente do Plano de Trabalho de 2022. O nome do ponto e as coordenadas atuais corretas são: P12 Calha do rio Doce – Reservatório UHE Aimorés/Aimorés-MG (279749, 7853645).

**Em Nota Técnica em resposta às divergências entre o Plano de Trabalho e o RA2022, corrigimos as nomeações dos pontos, mas as coordenadas continuaram equivocadas. Logo, a nomeação e as coordenadas corretas são as grafadas acima.

3 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 de todo monitoramento na área ambiental I. 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 ICTIOFAUNA ECOLOGIA

3.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES

Tabela 2: Lista de espécies coletadas durante o monitoramento e origem histórica na bacia. (*) Espécies de habitats marinhos e estuarinos.

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

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

ORDEM Família Espécie	Origem
<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
CLUPEIFORMES	
Engraulidae	
<i>Anchoviella cayennensis*</i>	Nativa
<i>Lycengraulis grossidens*</i>	Nativa
CYPRINODONTIFORMES	
Poeciliidae	
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa
ELOPIFORMES	
Elopidae	
<i>Elops saurus*</i>	Nativa
GOBIIFORMES	
Gobiidae	
<i>Awaous tajasica*</i>	Nativa
GYMNOTIFORMES	
Gymnotidae	
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	Introduzida
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida
MUGILIFORMES	
Mugilidae	
<i>Mugil curema*</i>	Nativa
SILURIFORMES	
Ariidae	
<i>Genidens genidens*</i>	Nativa
Auchenipteridae	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa

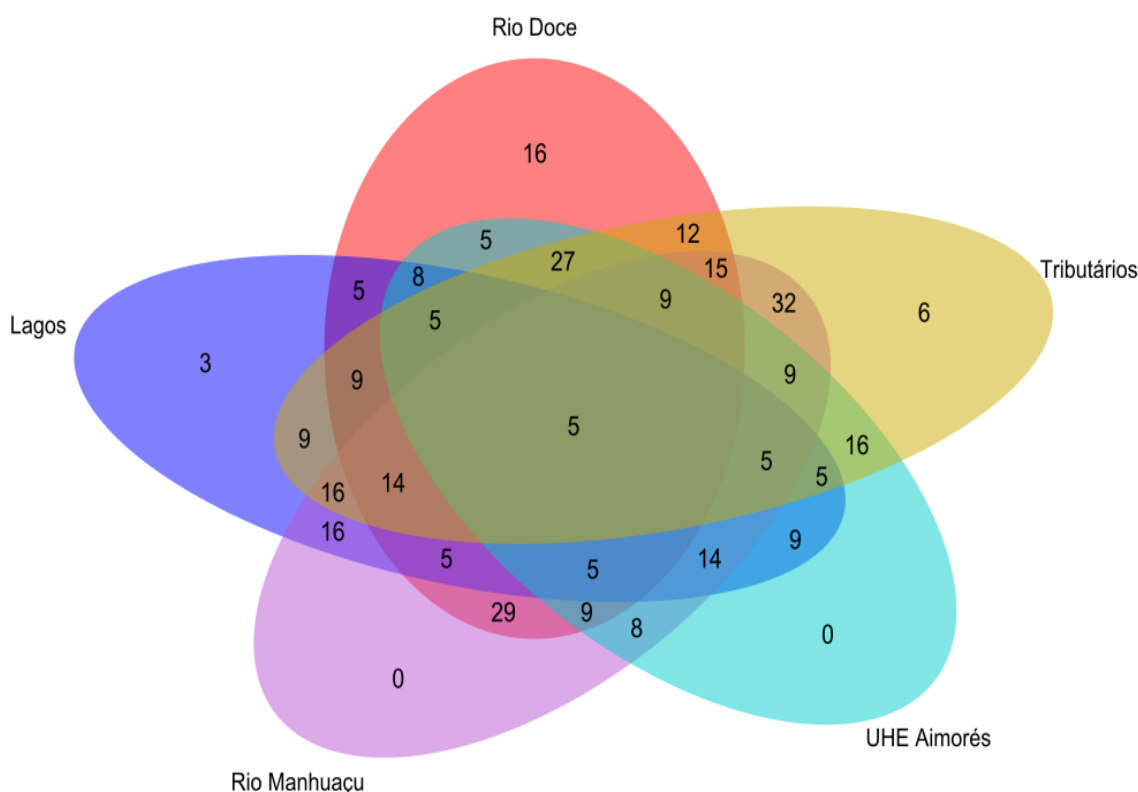
ORDEM Família Espécie	Origem
Callichthyidae	
<i>Corydoras aff. aeneus</i>	Nativa
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida
Clariidae	
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida
Heptapteridae	
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa
Loricariidae	
<i>Harttia cf. loricariformis</i>	Nativa
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa
<i>Hypostomus luetkeni</i>	Nativa
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	Nativa
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida
Pimelodidae	
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida
Pseudopimelodidae	
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	Introduzida
Trichomycteridae	
<i>Microcambeva jucensis</i>	Nativa
<i>Trichomycterus aff. alternatus</i>	Nativa
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Nativa
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa
SYNBRANCHIFORMES	
Synbranchidae	
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida
SYNGNATHIFORMES	
Syngnathidae	
<i>Microphis lineatus*</i>	Nativa

A riqueza taxonômica qualitativa é caracterizada por 77 espécies de peixes, sendo desse total 53 espécies nativas e 24 espécies introduzidas no Baixo Rio Doce (Tabela 2). Alves et al. (2021)

apontaram a existência de 94 espécies de peixes para o Baixo Rio Doce, mas vale ressaltar que no monitoramento da ictiofauna dulcícola do PMBA/Fest, não foi amostrada a região estuarina, o que justificaria essa diferença. Além disso, destacamos que apesar dos esforços nas descrições de espécies na última década, o conhecimento sobre a ictiofauna da bacia do Rio Doce ainda tem potencial de aumento com possíveis novas descrições de espécies (ALVES et al., 2021; REIS; DE PINNA, 2023). Infelizmente, ao longo do monitoramento foi possível observar o aumento no número de espécies introduzidas. A bacia do Rio Doce é conhecida por abrigar muitas espécies introduzidas (BUENO et al., 2021) e processos disruptivos podem ter aumentado a proliferação dessas espécies após o rompimento da barragem (SALVADOR et al., 2022). Além do rompimento da barragem, a bacia possui um histórico de degradação originados da poluição urbana, extração de minérios, a construção de barragens e diversas atividades agrícolas e industriais (VIEIRA, 2009).

Essa riqueza está distribuída em 14 ordens e 33 famílias, com destaque para as ordens Characiformes (26 espécies) e Siluriformes (20 espécies) com as maiores representatividades, sendo esse um padrão esperado para a região Neotropical (REIS et al., 2016). 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.

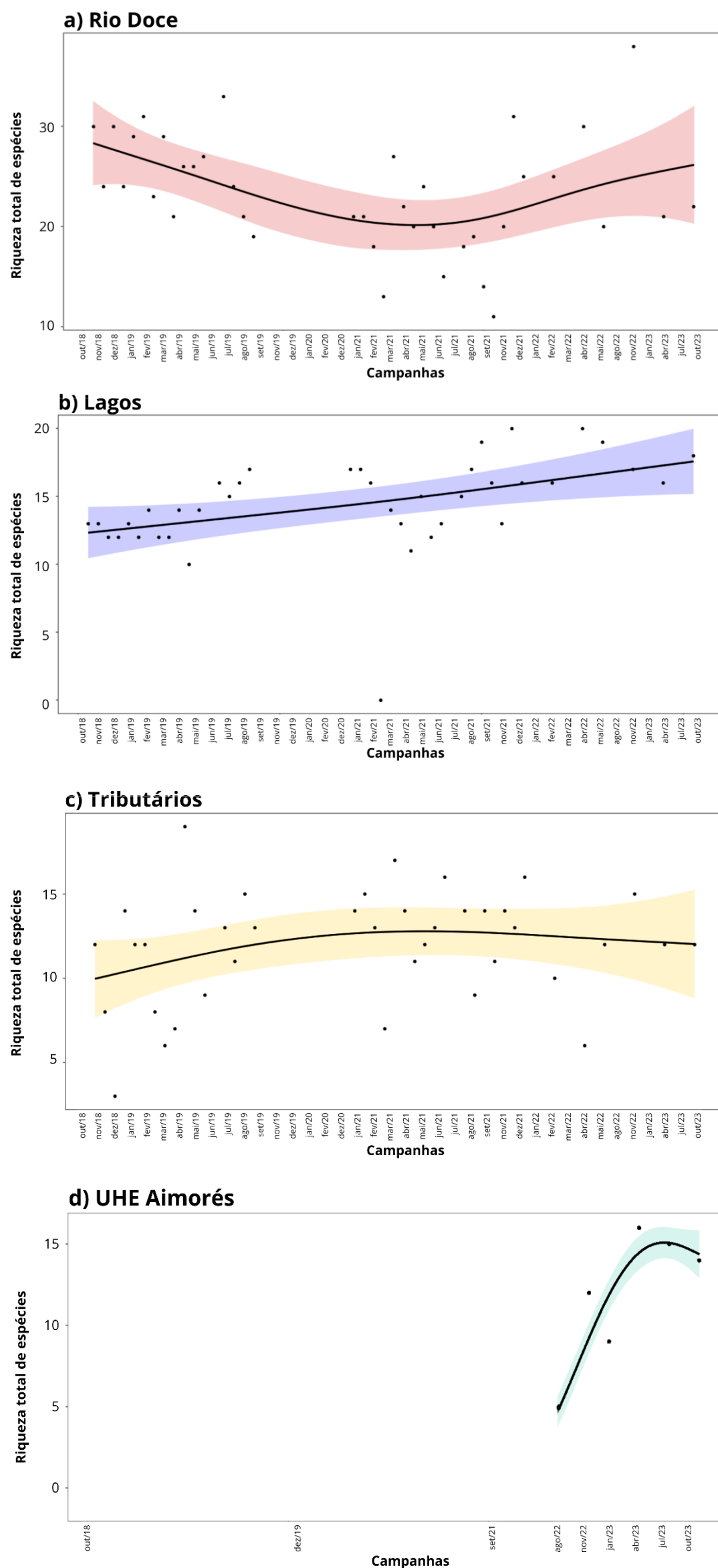
Figura 1: Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de espécies entre as comunidades em cinco ambientes: i) Rio Doce; ii) Tributários; iii) Reservatório da UHE Aimorés; iv) Rio Manhuaçu; v) Lagos.



Com base no diagrama (Figura 1) é possível observar que no ambiente calha do Rio Doce, apresenta 16 espécies de ocorrência exclusiva, enquanto os Tributários apresentam seis, e o ambiente Lagos, Relatório Anual 2023 – PMBA/Fest

quatro. Por outro lado, o Rio Manhuaçu e o Reservatório da UHE Aimorés continuam não apresentando nenhuma espécie exclusiva, porém, compartilham espécies com os outros ambientes, sendo cinco espécies comuns a todos os cinco pontos amostrais. Assim, fica evidente que dos cinco ambientes analisados, o que apresenta maior dissimilaridade e contém maior riqueza de espécies é a calha do Rio Doce. Com base em nosso banco de dados, é possível observar que a comunidade de peixes encontrada na calha do Rio Doce, apresenta alta conectividade e recebe grande aporte de peixes de seus tributários, sendo esta troca muito importante para a resiliência das comunidades de peixes desse ambiente. Já os lagos, mostram-se como verdadeiros reservatórios e/ou refúgio de espécies, pois, compartilham espécies com todos os outros ambientes. Dentre os tributários que deságuam no Rio Doce, o Rio Manhuaçu se destaca significativamente, sua fauna contribui para a adição potencial de diversas espécies de peixes à calha do Rio Doce, sendo refúgio para espécies de vida restrita e endêmicas de grande importância ecológica, como o Surubim do Rio Doce (*Steindachneridion doceanum*), Curimba (*Prochilodus vimboides*), dentre as mais de 71 espécies de peixes nativos, 11 ameaçadas de extinção e 28 espécies introduzidas (MARQUES; BELEI; SAMPAIO, 2013). O Rio Manhuaçu deságua no Rio Doce, em uma área entre duas grandes usinas hidrelétricas, à jusante da UHE Aimorés e à montante da UHE Mascarenhas, sendo este cenário propício para ocorrência de grande impacto sobre a fauna aquática (AGOSTINHO et al., 2016; WINEMILLER et al., 2016). Sistemas lóticos, sob condições naturais, evidenciam a importância do gradiente longitudinal do rio, não ocorrendo interferência, os fatores químicos são otimizados resultando em um “contínuo de ajustes biológicos” benéficos ao ambiente (VANNOTE et al., 1980). A interrupção deste fluxo contínuo pode ocorrer principalmente por ações antropogênicas, como a descarga de resíduos e construção de reservatórios (MALMQVIST; RUNDLE, 2002). Muda-se o curso de um rio de várias maneiras, porém, sem dúvida, a que causa maior impacto à biodiversidade local de peixes e a instalação de uma usina hidrelétrica, a qual, 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; COOPER, 1984; AGOSTINHO et al., 2007a). Tais mudanças causam a redução drástica na composição da ictiofauna local, favorecendo espécies introduzidas, generalistas e onívoras, as quais se caracterizam-se 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). O estabelecimento das espécies tolerantes aos impactos causados pelas hidrelétricas contribui significativamente para a diminuição gradual da abundância de espécies nativas (SALVADOR et al., 2022). Sabe-se hoje que a principal estratégia de conservação no caso dos peixes, consiste na criação e na manutenção de unidades de conservação, pois elas mantêm a integridade de porções do habitat contribuindo assim para o abrandamento do declínio populacional de determinadas espécies (ALVES, 2020). Deste modo, fica evidente a importância de se criar e desenvolver uma estrutura de conservação ampla e progressiva, não só para o Rio Doce, mas, para toda bacia, com o intuito de conservação da biota nativa característica do rio.

Figura 2: Flutuações temporais para riqueza taxonômica, a) calha do Rio Doce, b) Lagos, c) Tributários e d) Reservatório da UHE Aimorés.



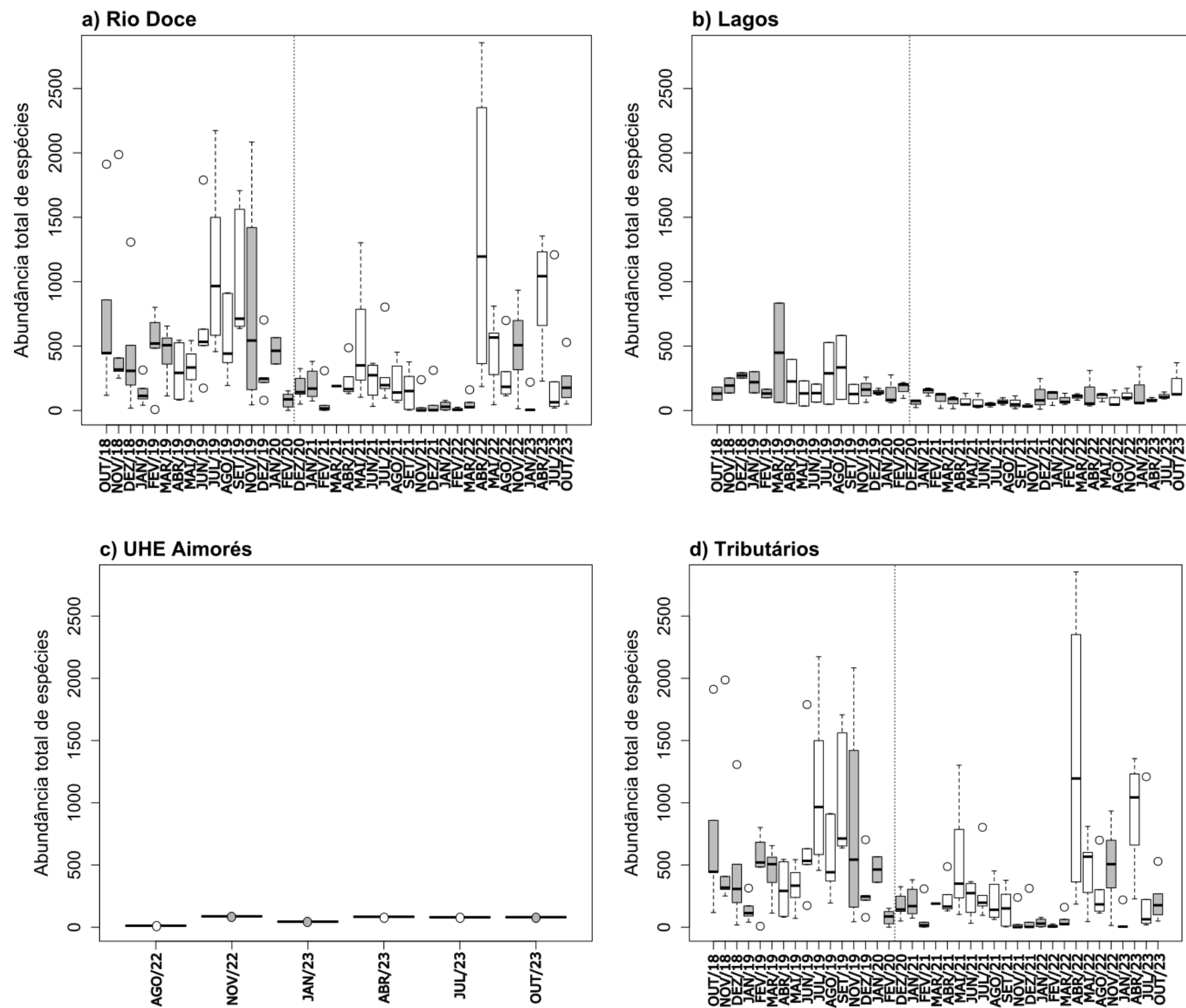
A Figura 2 apresenta as flutuações temporais para riqueza taxonômica da calha do Rio Doce, Lagos, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés. No ambiente de calha do Rio Doce, foi observado uma tendência de diminuição das espécies de 2018 até junho de 2021, seguido por um aumento das espécies a partir de agosto de 2021 (Figura 2a). Essa tendência de aumento das espécies também foi observada no ambiente dos Lagos durante todo o monitoramento do PMBA/Fest (Figura 2b). Já nos Tributários, pôde-se observar um aumento inicial das espécies no início do monitoramento em 2018, seguido de uma estabilidade da riqueza taxonômica a partir de dezembro de 2020 que se seguiu até os anos seguintes (Figura 2c). O Reservatório da UHE Aimorés, mostrou uma tendência de aumento das espécies, que pode ser justificado pelo pouco número de coletas realizadas neste ponto (Figura 2d) ou por condições mais favoráveis que ocorre à montante do reservatório.

O empobrecimento taxonômico da comunidade de peixes é alarmante, uma vez que espécies endêmicas e migradoras como o Grumatã *Prochilodus vimbooides* apresenta-se em baixas abundâncias com 4 exemplares coletados ao longo do monitoramento do PMBA/Fest, podendo ser um possível sinal de extinção local dessa espécie, uma vez que é encontrada em maior número nos trechos do Alto e Médio Rio Doce (CONVÊNIO RENOVA/UFV, 2023). Dessa forma, os tributários e as porções superiores da bacia podem ser uma fonte potencial para as espécies da calha do Baixo Rio Doce.

Deve ser destacada a ausência de coleta de algumas espécies de importância comercial e ambiental, como é o caso das espécies do gênero *Brycon*, as quais são consideradas bioindicadoras de qualidade de água e que eram encontradas no Baixo Rio Doce antes do rompimento. Estas espécies aparentemente não conseguiram restabelecer suas populações após o desastre (LIMA, 2017). Além disso, a riqueza de espécies pode ser impactada direta e negativamente por fatores externos à dinâmica própria da assembleia de peixes, sendo a presença de barragens, que muda a geoquímica do curso d'água, somada às atividades humanas a jusante, possíveis causas de oscilações nessa riqueza (CHENG et al., 2016). No caso específico do Rio Doce, além desses fatores, a contaminação severa do rio pela passagem de rejeito e a recuperação posterior dessa condição podem ser cruciais na flutuação desta riqueza.

3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

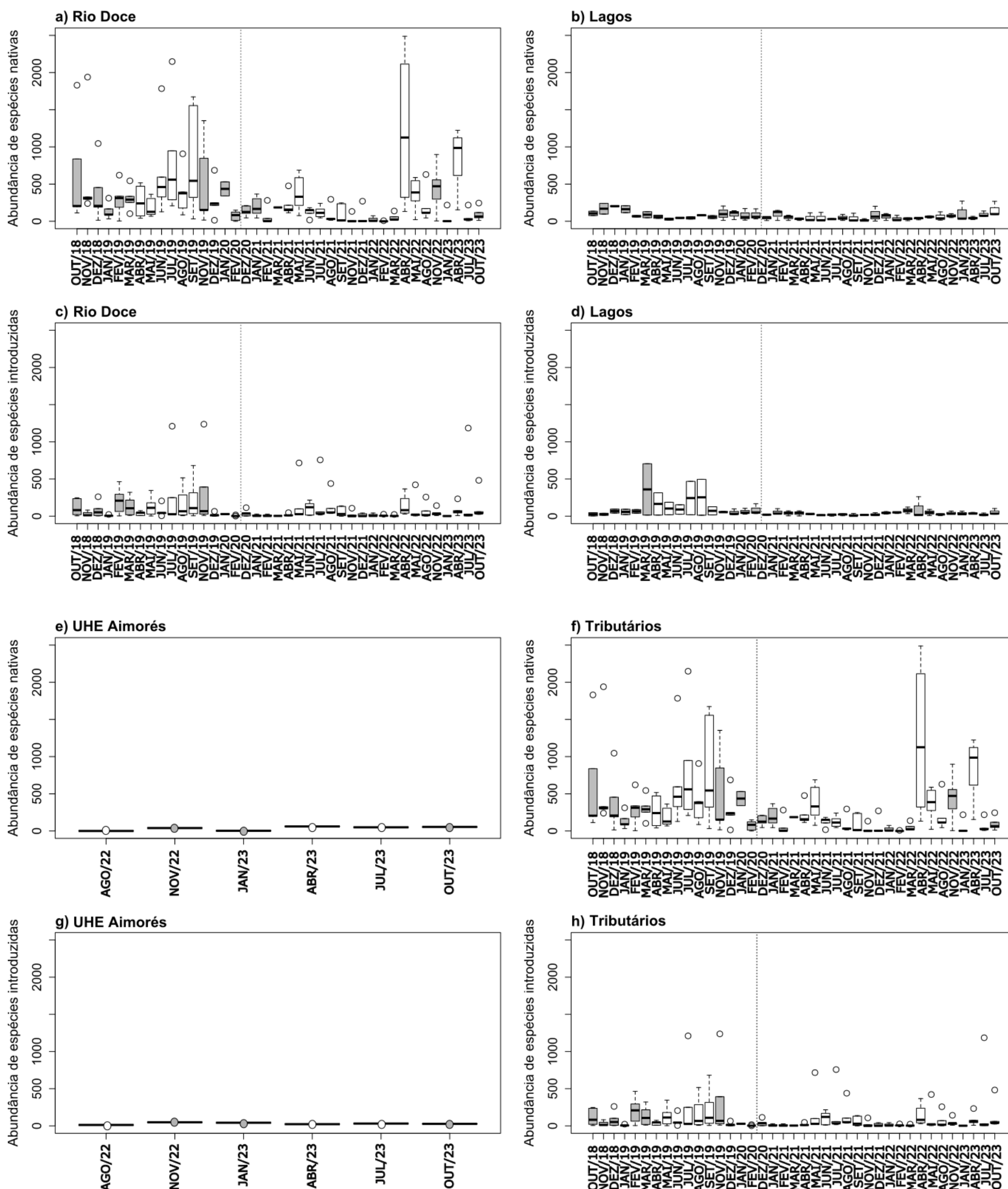
Figura 3: Variação temporal da abundância total de espécies na calha do Rio Doce (a), Lagos (b), Reservatório da UHE Aimorés (c) e Tributários (d). A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



A Figura 3 apresenta a abundância total das espécies, tanto nativas quanto introduzidas, nos quatro ambientes monitorados. É possível observar uma variação na abundância total de espécies na calha do Rio Doce (Figura 3a) entre outubro de 2018 a outubro de 2023, em relação às estações de seca e chuva. A abundância no número de espécies é consideravelmente maior nos períodos de seca, em relação aos de chuva no período amostrado com a única exceção, para o período chuvoso de novembro de 2019, em que houve uma grande abundância das espécies amostradas. Diferentemente do observado no ambiente dos Lagos (Figura 3b), em que a abundância total das espécies se manteve em uma escala mais estável, entre 0 a 500, com aumentos nos meses de março (período de chuva) e em julho e agosto (período de seca) de 2019. Já no Reservatório da UHE Aimorés (Figura 3c), não houve uma grande variação na abundância total das espécies em relação aos períodos de chuva e seca. E por fim, nos Tributários (Figura 3d), ocorre uma oscilação na abundância total das espécies semelhante à que ocorre na calha do Rio Doce, com picos de aumento da abundância nos períodos de seca e queda nas estações chuvosas.

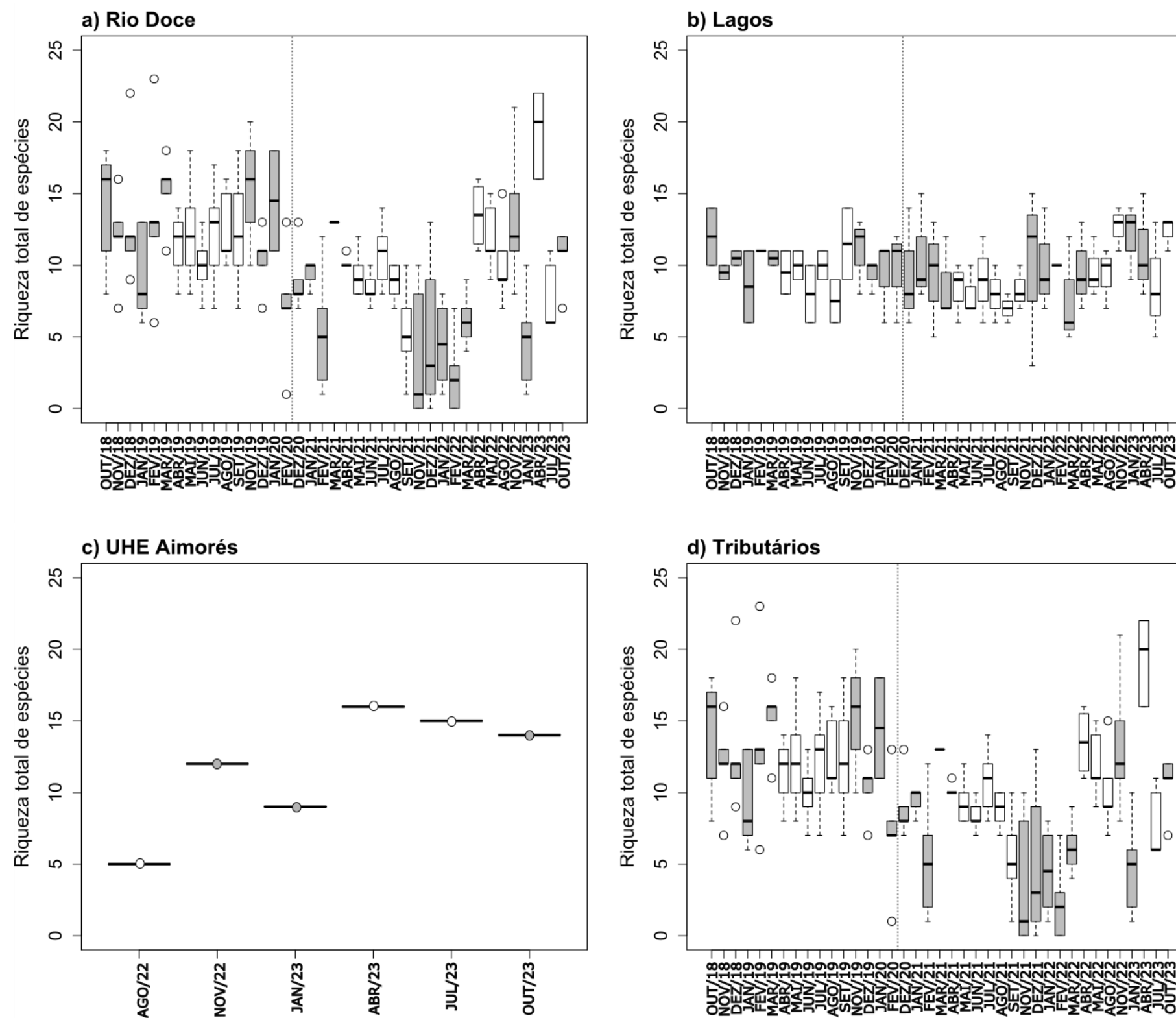
Variações na duração, época e magnitude das cheias afetam as espécies de peixes de maneira diferenciada, visto que suas exigências ecológicas e a cronologia dos processos vitais (reprodução, alimentação, crescimento, maturidade) são diferentes (BAILLY, 2006). Outro aspecto importante neste cenário é a qualidade da água, sendo um instrumento de avaliação direto para a ictiofauna (CETESB, 2008). Diversas ferramentas têm sido desenvolvidas para avaliação da qualidade da água, como o Índice de Qualidade da Água (IQA) e o mais atual, análises estatísticas multivariada (ROCHA et al., 2015; SILVA et al., 2017). Na bacia do Rio Doce esses aspectos podem ser influenciados pelos efeitos do rejeito de minério que ainda está presente no leito da calha, e que é mobilizado durante a estação chuvosa. Este processo pode, junto a outros efeitos antrópicos como as barragens, explicar a redução do número de espécies de peixes em nossas análises até o momento.

Figura 4: Variação temporal da abundância das espécies nativas (a), (b), (e), (f) e introduzidas (c), (d), (g), (h), nos ambientes da calha do Rio Doce, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés e Tributários. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



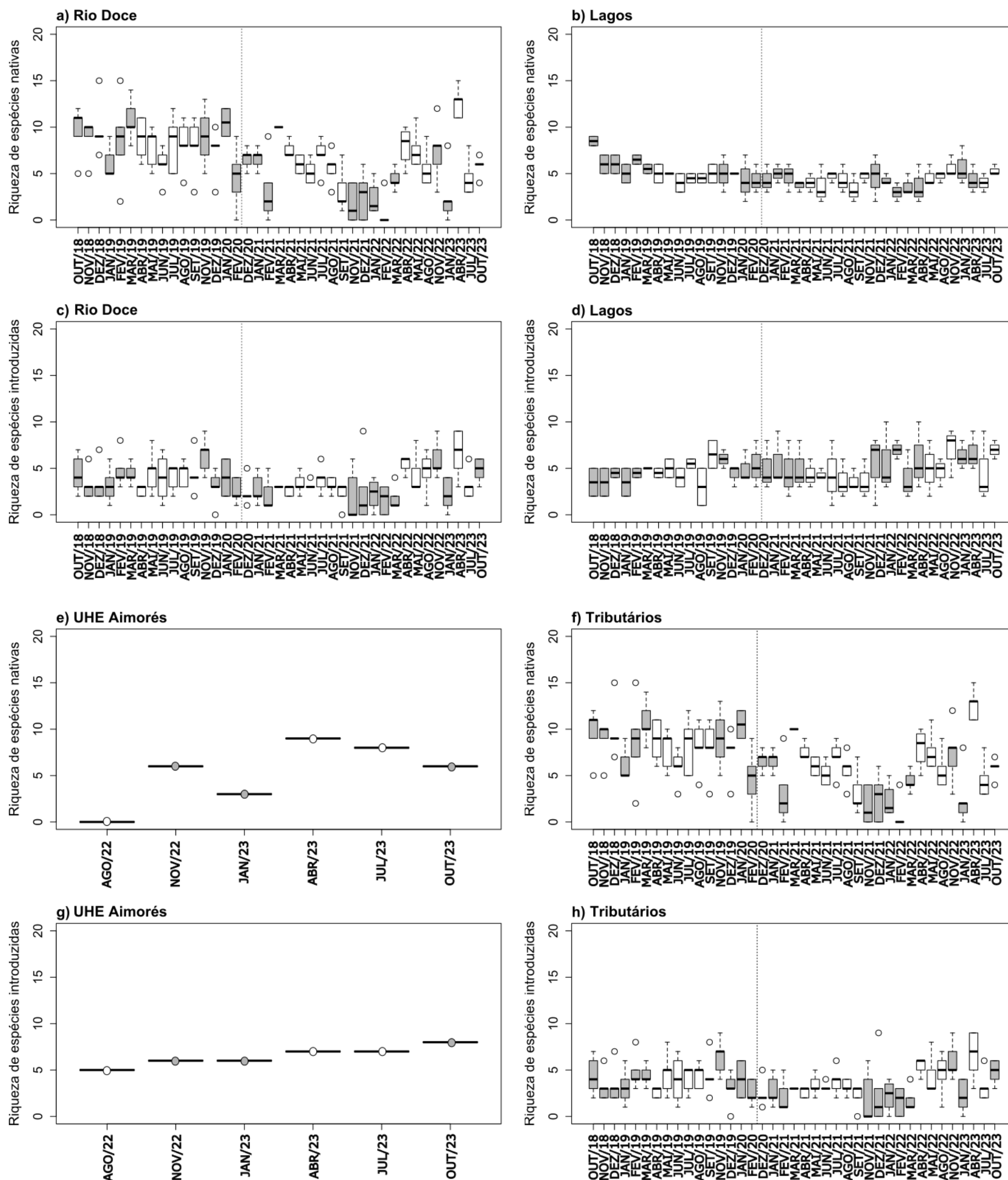
A Figura 4 apresenta uma variação na abundância de espécies nativas (a; b) e introduzidas (c; d) tanto nos ambientes de calha, quanto nos ambientes de lagos, ao longo do monitoramento. A abundância das espécies nativas apresentou uma tendência de redução a partir de fevereiro de 2020, com alguns picos de aumento entre março de 2022 a abril de 2023, seguida de uma diminuição. Já a abundância das espécies nativas nos Lagos apresentou uma redução a partir de julho de 2021 e foi seguida por uma estabilização no ambiente Lagos. Nos ambientes calha do Rio e Lagos até atingir a campanha de fevereiro de 2022. Por outro lado, as espécies introduzidas não apresentaram uma tendência tão evidente nem na calha do Rio e nos Lagos. De modo geral, observa-se um aumento da abundância das espécies introduzidas nos anos iniciais, seguida de uma redução e constância entre o período de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

Figura 5: Variação temporal da riqueza total de espécies na calha do Rio Doce (a), Lagos (b), Reservatório da UHE Aimorés (c) e Tributários (d). A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



A Figura 5 apresenta a variação temporal de riqueza de espécies nos períodos de chuva e seca nos ambientes de calha do Rio Doce (a), nos Lagos (b), no Reservatório da UHE Aimorés (c) e nos Tributários (d). Riqueza de espécies é um termo utilizado para definir o número de espécies presentes em uma determinada unidade geográfica (BEGON et al., 2006). Neste contexto, é possível observar uma diminuição geral da riqueza no ambiente de calha do Rio Doce a partir de fevereiro de 2020 com redução considerável no período chuvoso. Já entre os períodos de março de 2022 a janeiro de 2023 ocorreu um aumento da riqueza de espécies. Já no ambiente de Lagos, a riqueza de espécies se manteve entre outubro de 2108 até dezembro de 2020, tanto no período de seca quanto de chuva. A partir de janeiro de 2021 é possível observar períodos de aumento e diminuição (em ambas as estações) até outubro de 2023. No Reservatório da UHE Aimorés, as coletas iniciaram-se em agosto de 2022 apresentando um total de apenas 6 campanhas. Visto o número reduzido de campanhas e de riqueza de espécies coletadas, o valor médio representativo está em fase de aumento progressivo. É provável que, nesse ponto, com a continuidade das coletas, a riqueza se aproxime do total de riqueza de espécies dos Tributários. Nos Tributários é possível observar uma oscilação da riqueza de espécies semelhante ao ambiente de calha, uma fase inicial de maior riqueza e uma posterior diminuição.

Figura 6: Variação temporal da riqueza de espécies nativas (a), (b), (e), (f) e introduzidas (c), (d), (g), (h), nos ambientes da calha do Rio Doce, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés e Tributários. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



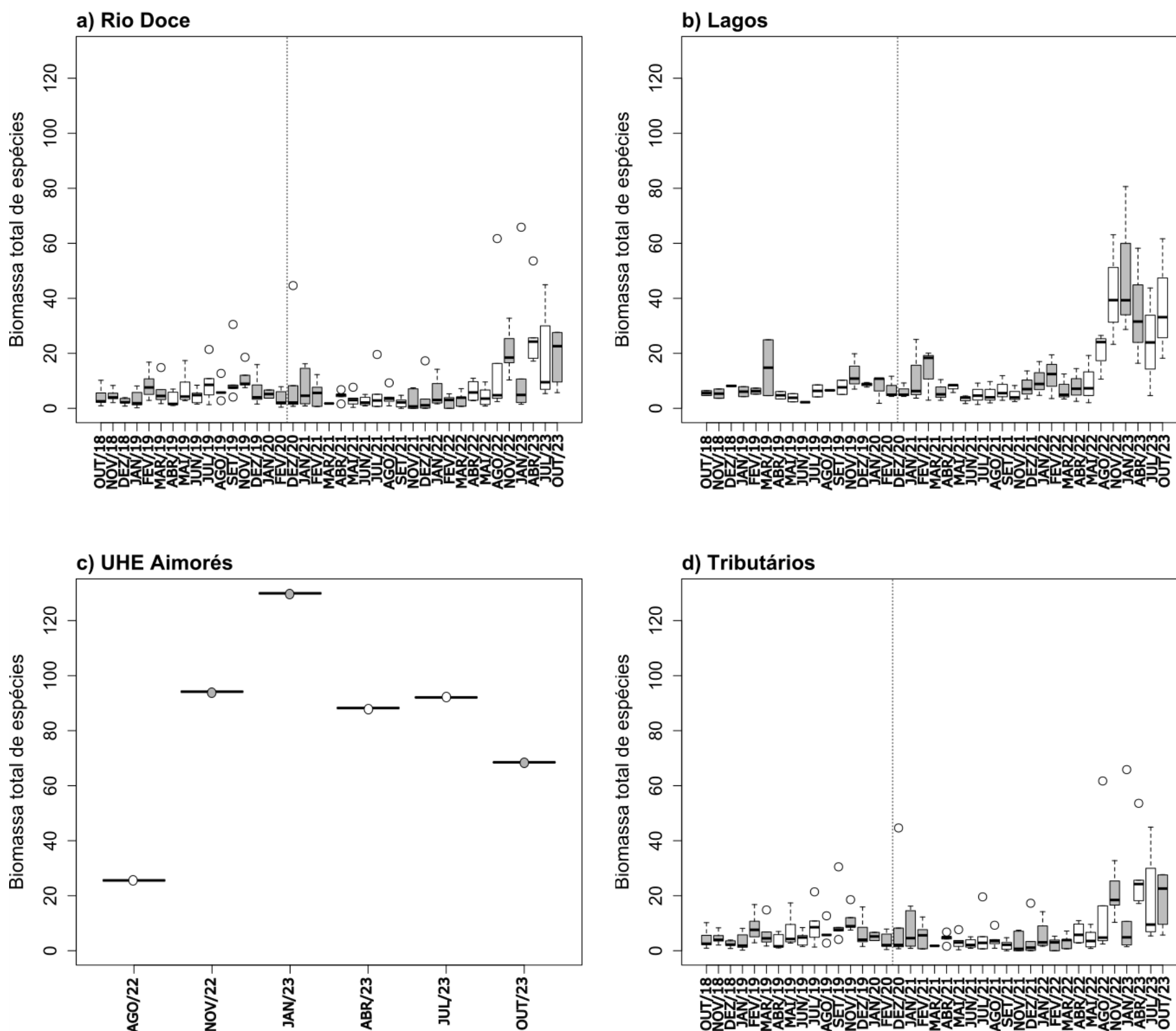
A Figura 6 apresenta a variação temporal na riqueza de espécies nativas (a; b) e introduzidas (c; d) nos ambientes lagos e calha do Rio Doce. Nos gráficos é possível observar uma diminuição na riqueza das espécies nativas e introduzidas, porém em ambos os ambientes a diminuição mais evidente ocorre nas 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 campanhas de novembro de 2022 e janeiro de 2023, a riqueza de espécies nativas têm 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, particularmente das espécies introduzidas. Porém, é importante ressaltar que a quantidade total de espécies nativas na calha do Rio Doce continua sendo superior à observada nos Lagos.

No ambiente Reservatório da UHE Aimorés, ainda que os dados sejam iniciais, é possível observar a riqueza das espécies nativas (Figura 6e) oscilando entre crescimento e decrescimento, mas com um ritmo de decrescimento entre abril e outubro de 2023. Para as espécies introduzidas (Figura 6g), observa-se um ritmo contínuo de crescimento da riqueza desde o início do monitoramento no ambiente. Por fim, nos Tributários, a riqueza das espécies nativas (Figura 6f) se manteve constante de outubro de 2018 a janeiro de 2020, seguindo de oscilações, com uma queda vertiginosa nos meses seguintes e depois um crescimento elevado, com mais oscilações. Porém, a taxa de decrescimento é maior que a de crescimento. Enquanto isso, a riqueza das espécies introduzidas no mesmo ambiente (Figura 6h) também oscila, mas em taxas menores em relação às espécies nativas, seguido de um crescimento a partir de abril de 2022. Isto é, a riqueza das espécies introduzidas manteve-se mais constante em relação às espécies nativas ao longo do tempo amostrado.

De modo geral, a riqueza das espécies nativas e introduzidas variou ao longo de todo o período de monitoramento, nos diferentes ambientes. Contudo, percebe-se que as variações da riqueza foram mais abruptas para as espécies nativas, e que as taxas de decrescimento da riqueza são superiores às taxas de crescimento. Ou seja, a riqueza das espécies nativas está decrescendo mais do que crescendo nos ambientes monitorados, enquanto as variações da riqueza das espécies introduzidas são mais constantes ou apresentam taxas de variação menores que as das espécies nativas. Isso nos mostra que a riqueza das espécies nativas está diminuindo, enquanto a das espécies introduzidas está sofrendo pouca alteração ou está crescendo de forma gradual. Nossos dados sugerem que as espécies introduzidas estão gradualmente ocupando e se adaptando melhor ao ambiente impactado do que as espécies nativas, causando alterações na riqueza e composição das espécies nativas e introduzidas e contribuindo para uma simplificação das comunidades ecológicas, um processo denominado “homogeneização biótica” (MCKINNEY; LOCKWOOD, 1999). Dessa forma, entre os prejuízos das espécies introduzidas sob as nativas estão as reduções na diversidade de espécies nativas, mudanças na estrutura da comunidade, alteração de habitat, competição, predação e parasitismo, mudanças nas cadeias alimentares, ciclagem de nutrientes e muitos serviços ecossistêmicos (SIMBERLOFF; REJMÁNEK, 2011).

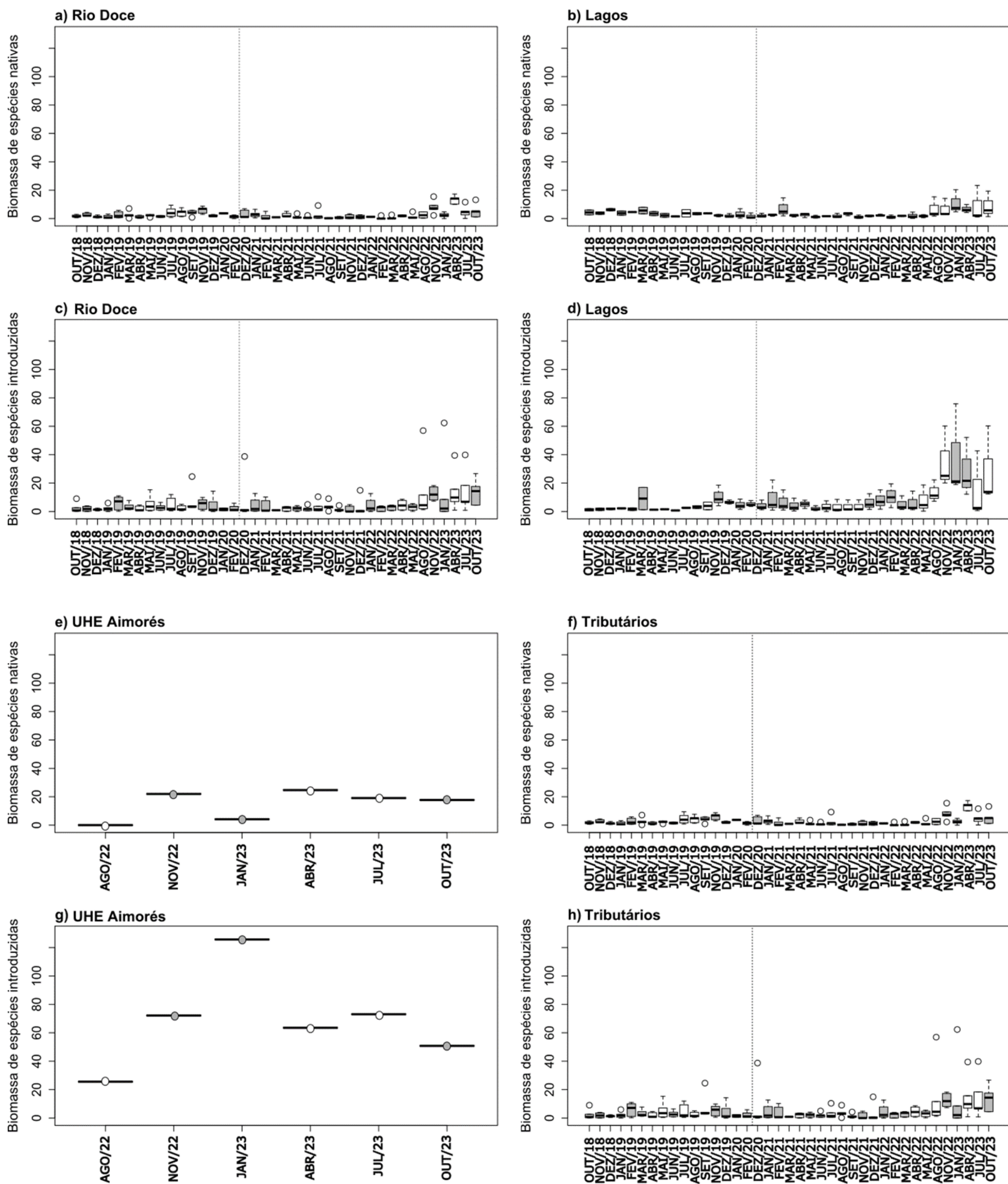
3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

Figura 7: Variação temporal da biomassa total de espécies na calha do Rio Doce (a), Lagos (b), Reservatório da UHE Aimorés (c) e Tributários (d). A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.



Na Figura 7, é possível observar a variação da biomassa total das espécies de peixes nativas e introduzidas ao longo do período temporal do monitoramento do PMBA/Fest. A variação da biomassa se comportou de forma semelhante tanto na Calha do Rio Doce (Figura 7a), quanto nos Tributários (Figura 7d), onde foi observado picos suaves de crescimento nos períodos secos, e de decréscimo da biomassa nos períodos de chuva. Foi também observado um elevado pico de crescimento a partir de novembro de 2022. Essa variação da biomassa de acordo com as estações já era esperada, conforme observado em outros estudos como Silvano e Begossi (2001) e Giacomini et al. (2011), este último realizado na bacia do Rio Doce. Os Lagos (Figura 7b), por outro lado, apresentaram picos de crescimento da biomassa nos períodos chuvosos e de decréscimo nos períodos secos, e com um grande aumento da biomassa a partir de agosto de 2022. Por último, há pouca informação para o Reservatório da UHE Aimorés (Figura 7c) para identificar uma tendência de crescimento ou de decréscimo da biomassa ao longo da variação temporal. Contudo, é possível perceber um maior aumento de biomassa no período chuvoso de janeiro de 2023.

Figura 8: Variação temporal da biomassa das espécies nativas (a), (b), (e), (f) e introduzidas (c), (d), (g), (h), nos ambientes da calha do Rio Doce, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés e Tributários. A cor branca representa os períodos secos e cinza, os períodos chuvosos.

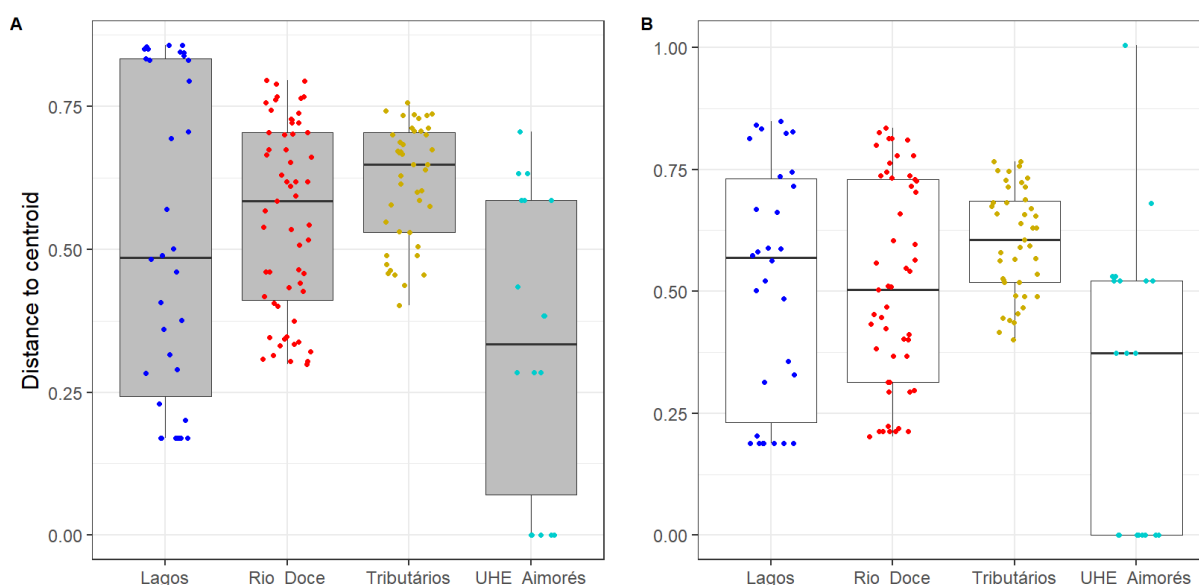


A Figura 8 mostra a variação da biomassa das espécies de peixes nativas e introduzidas ao longo de todo o monitoramento, considerando os quatro ambientes monitorados. Para o ambiente da Calha do Rio Doce, a biomassa das espécies nativas (Figura 8a) tende a uma estabilidade, com um leve pico de crescimento no período de julho a novembro de 2019, seguido de uma queda e estabilidade, e depois com dois picos maiores de crescimento em novembro de 2022 e abril de 2023, seguidos de queda e estabilidade. Já a biomassa das espécies introduzidas (Figura 8c) também tende a uma estabilidade, com picos de crescimento em novembro de 2022 e a partir de abril de 2023.

No ambiente dos Lagos, a variação da biomassa das espécies nativas (Figura 8b) apresenta oscilações sazonais de crescimento e decrescimento ao longo do período de monitoramento, com crescimento concentrado nas estações chuvosas e decrescimento da biomassa nas estações secas. O mesmo padrão de oscilação é observado para as espécies introduzidas (Figura 8d), porém com um crescimento abrupto da biomassa a partir de abril de 2023. Embora os dados para a UHE Aimorés ainda são poucos e não sendo possível determinar padrões de comportamento da biomassa, a biomassa das espécies nativas (Figura 8e) e introduzidas (Figura 8g) tendem ao equilíbrio, com um único pico de crescimento da biomassa para as espécies introduzidas em janeiro de 2023. E a variação da biomassa para as espécies introduzidas (Figura 8h) nos tributários, por sua vez, se comportam de forma semelhante a variação na Calha do Rio Doce para o mesmo grupo, em que há oscilações de crescimento e decrescimento da biomassa, com um pico de crescimento em novembro de 2022 e outro a partir de abril de 2023. No caso das espécies nativas, foi observada uma estabilidade na variação da biomassa ao longo do monitoramento.

3.4 DIVERSIDADE BETA

Figura 9: 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 cor branca, os períodos secos (b).



A Figura 9 mostra a diversidade beta, que é um componente de medida de diversidade, que informa sobre as diferenças entre a composição de espécies ao longo do tempo e espaço. Ao longo do monitoramento, foi possível observar que todos os ambientes tiveram diferenças na comparação entre os dois períodos sazonais (chuvoso e seco). As variações mais evidentes, ou seja, as maiores distâncias do centroide, se deram nos Lagos, onde é possível observar um aumento na diversidade beta no período chuvoso, em relação ao seco. No Reservatório da UHE Aimorés, em que apesar de no período chuvoso a diversidade se mostrar mais homogênea, no período seco ocorre uma redução notável. Porém, na calha do Rio Doce e nos Tributários, essas diferenças não são tão expressivas, apesar de ocorrer uma redução da diversidade beta no período chuvoso nos Tributários, e um ganho na calha do Rio Doce no período seco. Considerando estes padrões, podemos indicar que os ambientes lênticos como os Lagos e o Reservatório da UHE Aimorés são mais heterogêneos, enquanto os ambientes lóticos, são mais homogêneos. Essa heterogeneidade pode estar relacionada à chegada ou evasão de espécies em determinados períodos ou a fatores ambientais, que influenciam de forma significativa nos padrões da diversidade beta em rios tropicais (ZBINDEN; MATTHEWS, 2017; LÓPEZ-DELGADO et al., 2020). Já a homogeneidade pode ser interpretada de formas diferentes para ambientes alterados e não alterados. No caso da calha do Rio Doce, essa homogeneidade não é esperada, dado o desastre ocorrido, podendo evidenciar a existência de uma barreira de dispersão e colonização, enquanto que nos Tributários essa homogeneidade é esperada, por serem caracterizados por ambientes sem grandes alterações, e que tendem a permanecer estáveis, ou seja, os fatores ambientais não variaram consideravelmente entre os períodos para provocar dissimilaridade na composição de espécies.

Figura 10: Evolução Temporal da Beta Diversidade em na calha do Rio Doce (a), Lagos (b) e Tributários (c) utilizando o petrecho arrasto.

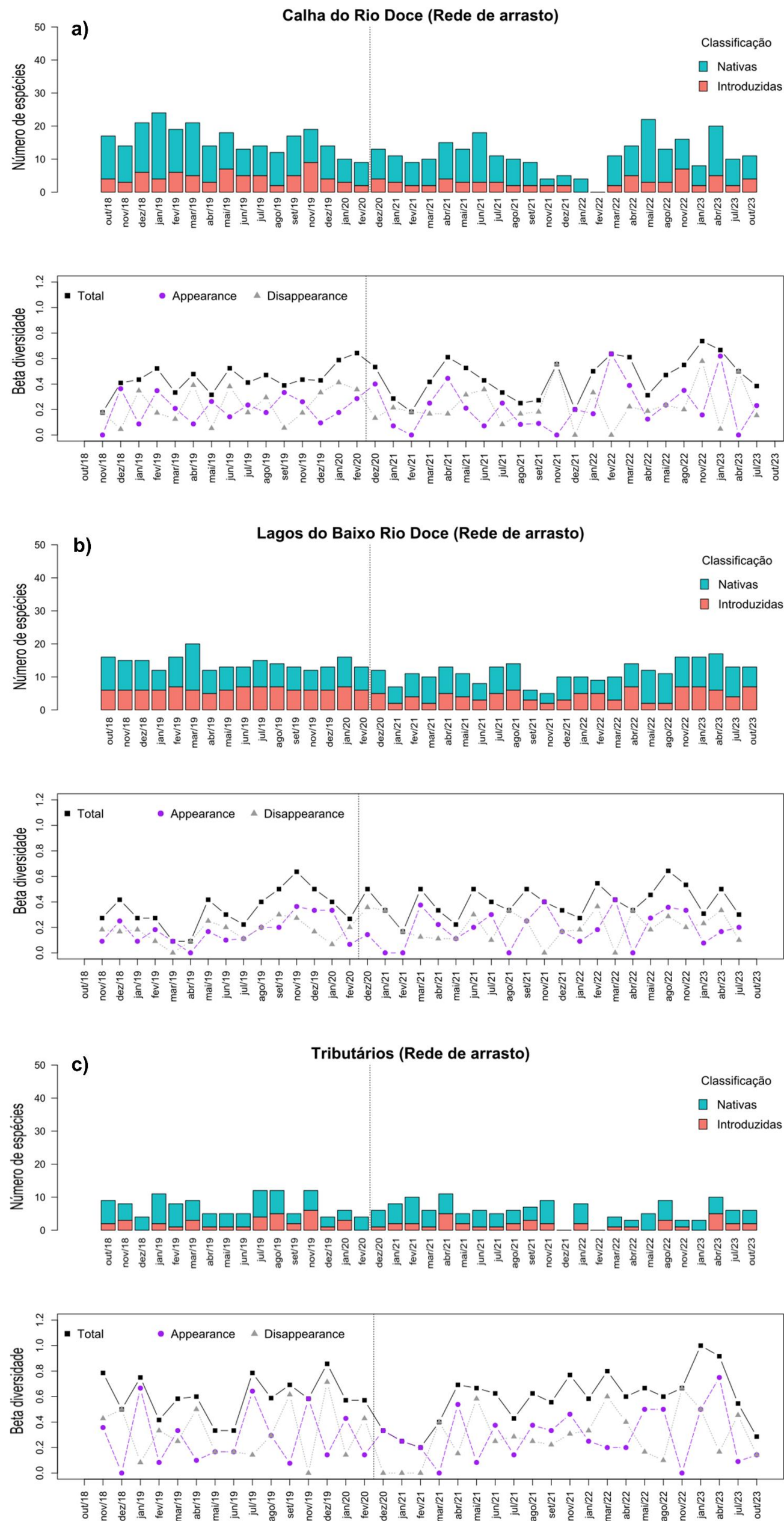
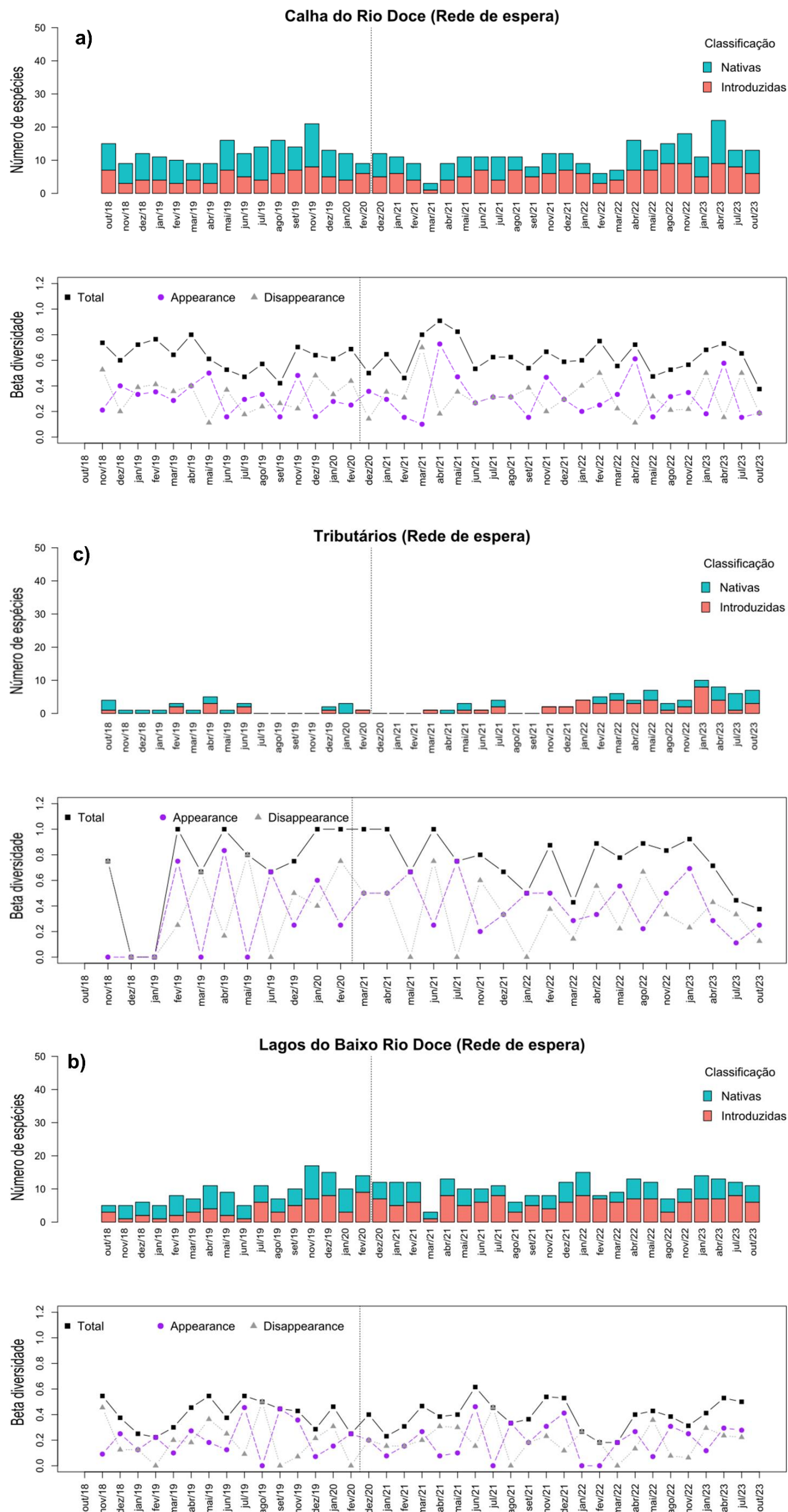


Figura 11: Evolução Temporal da Beta Diversidade em na calha do Rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c) e Reservatório da UHE Aimorés utilizando o petrecho rede de espera.



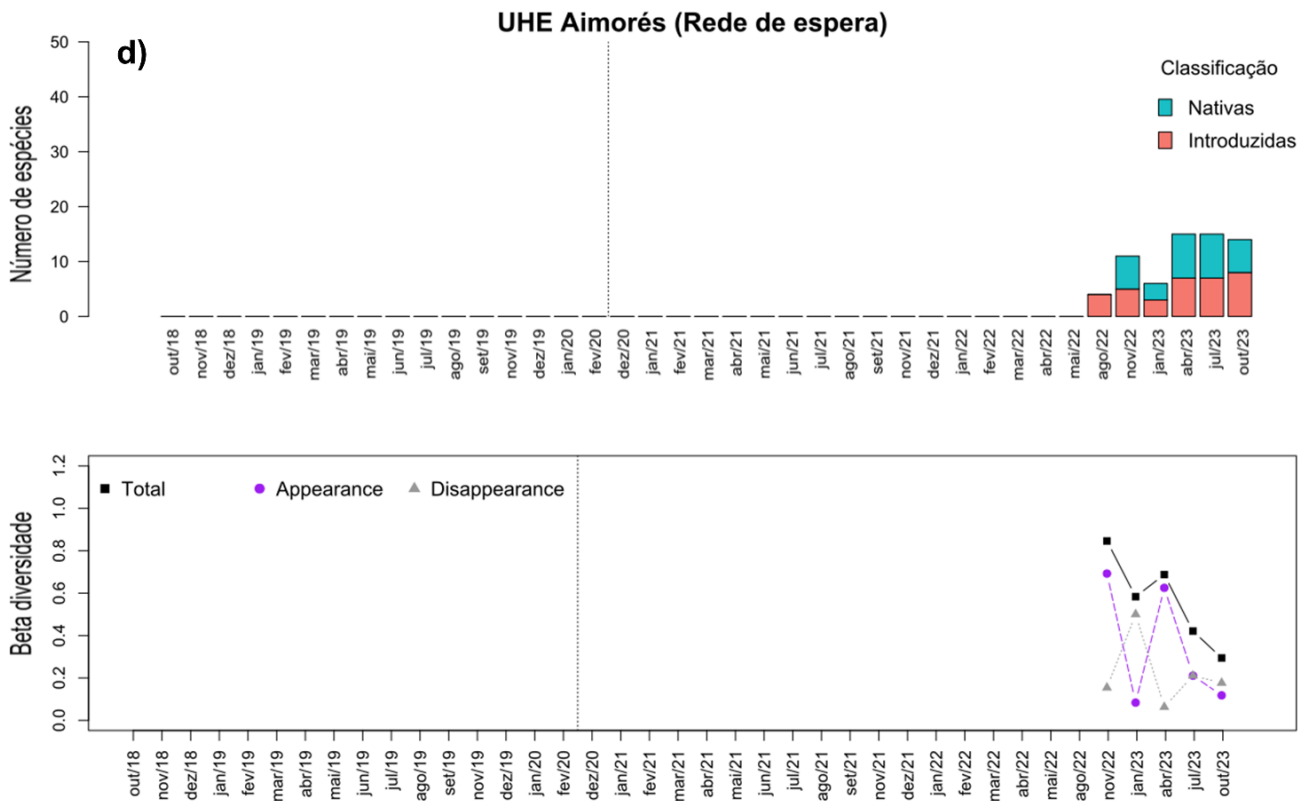
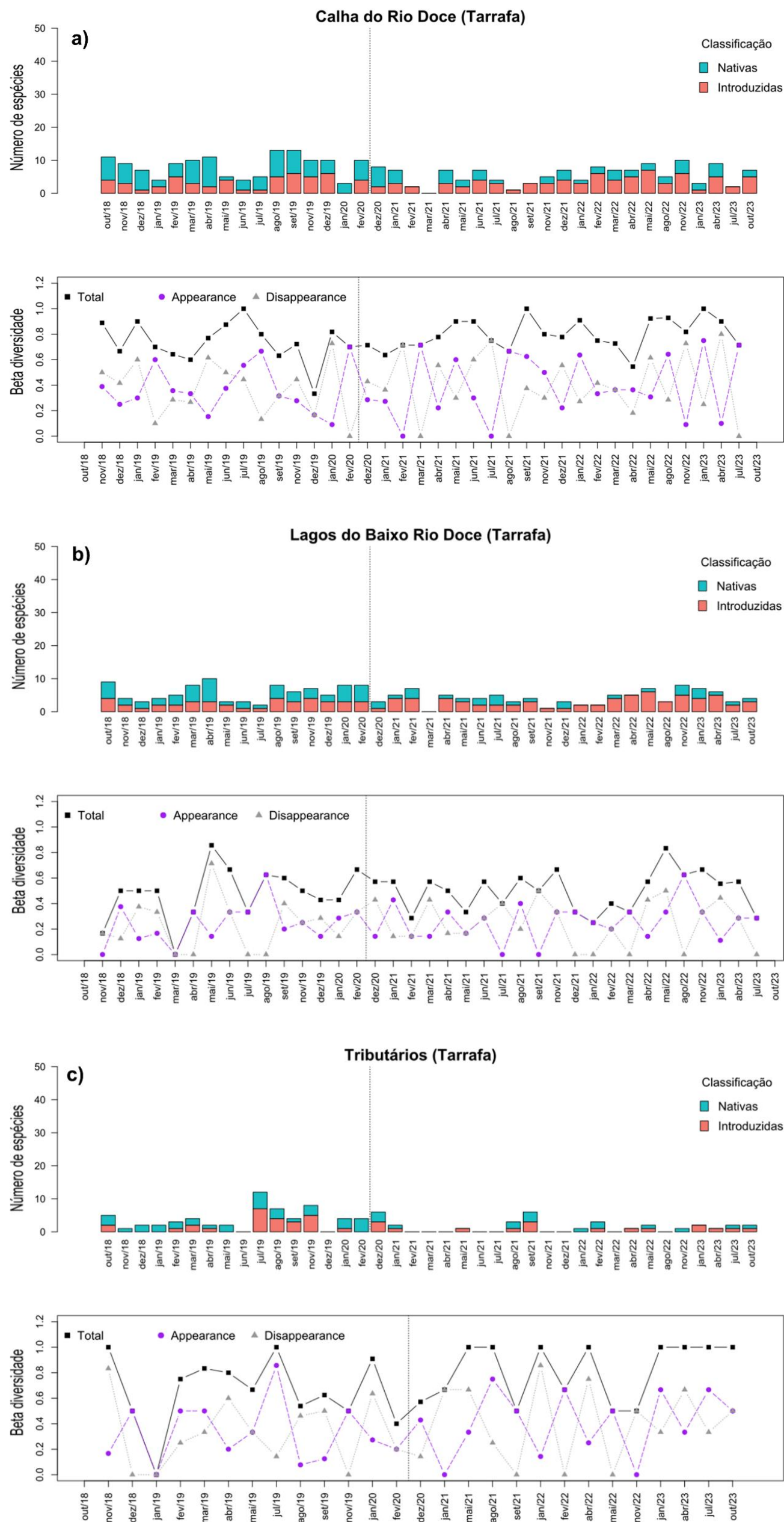
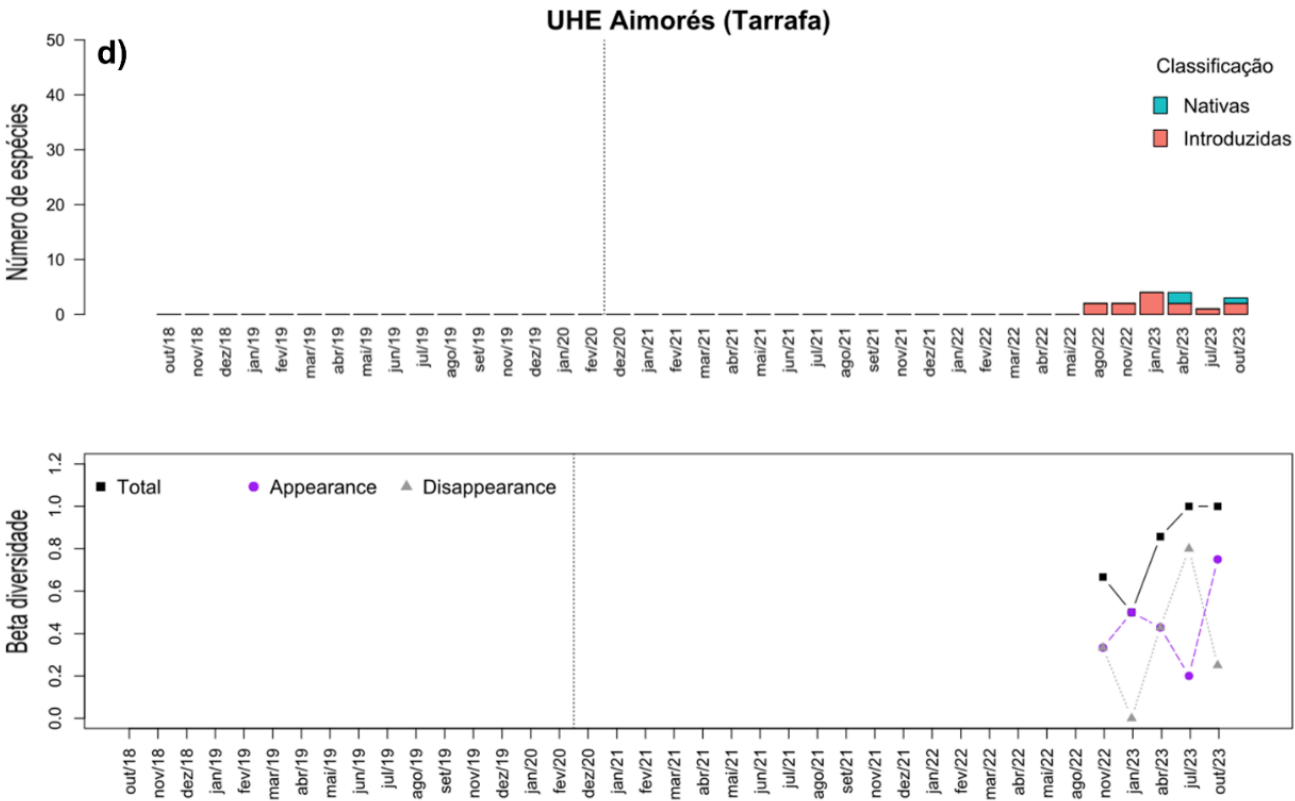


Figura 12: Evolução Temporal da Beta Diversidade em na calha do Rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c) e Reservatório da UHE Aimorés utilizando o petrecho tarrafa.





As Figura 10, Figura 11 e Figura 12 mostram a evolução temporal da beta diversidade das espécies de peixes nativas e introduzidas nos quatro ambientes amostrados (Lagos, Rio Doce, Tributários e Reservatório UHE Aimorés), para os diferentes petrechos de coleta, rede de arrasto (Figura 10a, b, c); rede de espera (Figura 11a, b, c e d) e tarrafa (Figura 12a, b, c e d), durante os cinco anos de monitoramento do PMBA/Fest. Nota-se que as análises para o ponto 11, no Reservatório da UHE Aimorés, só aparecem a partir de agosto de 2022, quando o ponto foi inserido nas amostragens do monitoramento. Entretanto, não há dados para este ponto no petrecho rede de arrasto, uma vez que a construção de barragens hidrelétricas cria reservatórios com alagamentos de áreas inadequadas para a formação de espriados, o qual impossibilita a realização da metodologia de arrasto.

Considerando o petrecho rede de arrasto, é possível perceber que o número de espécies nativas contribui mais para a beta diversidade que as espécies introduzidas, nos três ambientes monitorados. No entanto, no ambiente Lagos (Figura 10b), a proporção de espécies nativas e introduzidas tende ao equilíbrio, com uma contribuição levemente maior das espécies nativas. Já para o petrecho rede de espera, tanto para a calha do Rio Doce (Figura 11a) quanto para os Lagos (Figura 11b), a proporção das espécies nativas é sazonal, com uma contribuição maior das espécies nativas para a beta diversidade, porém, com uma tendência de aumento na proporção de espécies introduzidas sob as nativas, a partir de junho de 2021. Para os tributários (Figura 11c), a proporção de espécies introduzidas é significativamente maior numa escala temporal ao longo do monitoramento, como por exemplo, com praticamente 100% na participação da beta diversidade nos meses de novembro e dezembro de 2021 e janeiro de 2022, e maior em relação às espécies nativas de fevereiro de 2022 à abril de 2023, com exceção de agosto de 2022. Para o ponto do Reservatório da UHE Aimorés (Figura 11d), iniciado em agosto de 2022, também houve uma contribuição maior na beta diversidade das espécies introduzidas sob as nativas, mas ao longo do tempo a proporção entre as duas tende ao equilíbrio.

Para o petrecho Tarrafa, a contribuição das espécies nativas para a beta diversidade é maior nos primeiros meses de monitoramento do PMBA/Fest, porém é uma proporção que se inverte, uma vez que a taxa de espécies nativas decresce, enquanto das espécies introduzidas aumenta significativamente no ambiente de Calha do Rio Doce (Figura 12a) a partir de fevereiro de 2021; para os Lagos (Figura 12b) a partir de janeiro de 2021; e para os Tributários (Figura 12c) a partir de julho de 2019 (com algumas exceções, como fevereiro de 2020 e agosto de 2021). No ambiente UHE Aimorés (Figura 12d), a participação das espécies introduzidas na beta diversidade é predominante durante todo o período de monitoramento.

Considerando todos os quatro ambientes analisados e os petrechos de coleta rede de espera e tarrafa, percebe-se, de forma geral, uma predominância das espécies nativas nos primeiros meses do monitoramento. Contudo, numa evolução temporal, o número de espécies nativas decaiu, enquanto há um incremento no número de espécies introduzidas e, conseqüentemente, um aumento na participação da beta diversidade por espécies introduzidas diante das nativas. Todavia, para a rede de arrasto nos ambientes analisados, a participação na beta diversidade das espécies nativas é maior. Isso significa que ao longo da evolução temporal do monitoramento do PMBA/Fest, há uma tendência para um aumento maior do número de espécies de peixes introduzidas em relação às nativas.

A relação entre espécies nativas e introduzidas já tem sido objeto de vários estudos na bacia do Rio Doce. Conhecida por ser uma bacia que abriga muitas espécies de outras regiões, recentemente foi possível identificar 39 espécies introduzidas (BUENO et al., 2021). Esse fato é preocupante, pois os diversos processos disruptivos ocorridos após o rompimento da barragem podem ter influenciado a proliferação dessas espécies invasoras (SALVADOR et al., 2022). Os efeitos desse processo se relacionam certamente com o declínio constante das nativas, já que ocorre acompanhado pelo aumento progressivo das introduzidas. Espécies introduzidas podem causar alterações nos ecossistemas (BLACKBURN et al., 2014; JESCHKE et al., 2014; MENDOZA; KOLLEF, 2014) e, consequentemente, podem alterar processos ecológicos (KATSANEVAKIS et al., 2014; RICCIARDI et al., 2017), ameaçam a biodiversidade nativa (JESCHKE et al. 2014; RICCIARDI et al., 2017) e podem ocasionar problemas socioeconômicos e de saúde pública (RICCIARDI et al., 2017; LIMA JUNIOR et al., 2018). Atualmente, as espécies introduzidas são um dos maiores desafios ambientais: quando instaladas, se adaptam facilmente ao ambiente, competem por alimento e território, geralmente não possuem predadores naturais e se reproduzem a uma velocidade considerável, gerando perda significativa da biodiversidade local. Três espécies introduzidas se destacam na bacia do Rio Doce, sendo elas: os Tucunarés (*Cichla* spp.), as Piranhas (*Pygocentrus nattereri* e *Serrasalmus brandtii*), por serem altamente prolíficas. Por apresentarem uma ótima adaptação às condições lênticas, suas populações se expandiram rapidamente nos lagos do médio Rio Doce, passando rapidamente para calha, reservatórios de hidrelétricas e alguns tributários. O que é observado hoje em nossos dados, já tinha sido evidenciado por Godinho (1994) e Giacomini et al. (2011), ao estudarem lagoas do médio Rio Doce (Parque Estadual do Rio Doce - MG) submetidas à introdução do tucunaré e da piranha. Estes autores também indicaram que as lagoas contaminadas possuíam menor riqueza e menor abundância de espécies e de indivíduos de pequeno porte quando, comparadas a lagoas sem ocorrência desses peixes introduzidos. Esse processo de declínio populacional das espécies nativas visto por Godinho (1994) e Giacomini et al. (2011), também é claramente observável em toda calha do Rio Doce. Outro ponto importante, que afeta diretamente toda a fauna da bacia do Rio Doce, e que pode ter acelerado o sucesso do estabelecimento das espécies introduzidas, foi o desastre ambiental do rompimento da barragem de Fundão. Com influxo de rejeitos na ordem de 60 milhões de m³, a bacia do Rio Doce sofreu o maior acidente ambiental do país. O rejeito de minério percorreu e impactou toda a extensão do rio, chegando à sua foz 16 dias após o rompimento, ocasionando a morte de toneladas de peixes. As alterações ambientais abriram novas oportunidades para o estabelecimento e sucesso das espécies introduzidas, caracterizadas pela maior tolerância ecológica (com maior flexibilidade trófica) relativamente às espécies nativas.

3.5 DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES

Tabela 3: Valores das porcentagens de volume (%V) das categorias alimentares consumidas pelas espécies de peixes do baixo Rio Doce e o número de estômagos analisados por espécie (N). Em negrito, as categorias com maior porcentagem de contribuição para cada espécie e em vermelho, as guildas tróficas que foram definidas a partir de literatura. Sed: sedimentos; Det: detritos; MO: matéria orgânica; MND: material orgânica não identificada; Veg: vegetal; Moll: Mollusca; Zoo: zooplâncton; Crust: Crustacea; Arach: Arachnida; I.Terr: insetos terrestres; I.Aq: insetos aquáticos; O.Inv: outros invertebrados; VT: vertebrados terrestres; Inset: Insetívoro; Inset. Aquático: Insetívoro Aquático; Inset. Terrestre: Insetívoro Terrestre; Est. Vaz: estômago vazio.

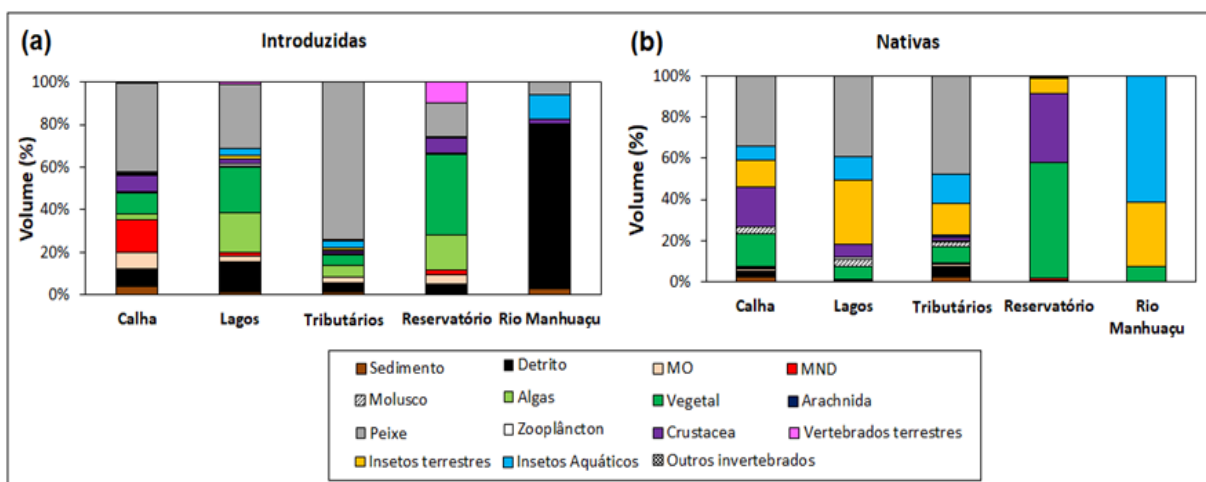
Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares															Guilda trófica
			Sed	Det	MO	MND	Algas	Veg	Moll	Zoo	Crust	Arach	I. Ter	I. Aq	O. Inv	Peixe	VT	
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	218	Introduzida	0,25	5,84	7,33	11,65	2,72	7,86	2,91	0,31	0,34	0,00	18,92	15,44	0,00	26,40	0,02	Onívoro
<i>Anchoviella cayennensis</i>	1	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Est. Vaz.
<i>Astronotus crassipinnis</i>	1	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	75,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Astronotus ocellatus</i>	2	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	41,67	58,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Astyanax lacustris</i>	702	Nativa	0,21	0,00	0,06	0,38	1,39	10,53	0,14	0,44	0,09	0,17	79,33	6,99	0,00	0,28	0,00	Inset. Terrestre
<i>Awaous tajasica</i>	269	Nativa	5,15	3,01	3,46	1,70	10,64	0,68	1,63	19,58	0,00	0,07	3,29	48,84	0,00	1,97	0,00	Bentófago
<i>Caranx bartholomaei</i>	4	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100,00	0,00	Carnívoro
<i>Caranx latus</i>	4	Nativa	1,86	17,75	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	80,39	0,00	Carnívoro
<i>Centropomus parallelus</i>	38	Nativa	3,97	0,00	0,00	0,00	0,00	1,39	0,00	0,00	31,74	0,00	0,00	0,08	0,00	62,81	0,00	Carnívoro
<i>Characidium cricareense</i>	69	Nativa	5,76	0,00	0,44	0,00	0,00	0,64	0,00	0,23	0,00	0,99	0,00	89,95	0,00	2,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Cichla kelberi</i>	70	Introduzida	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,09	6,89	0,00	0,00	0,16	0,00	92,85	0,00	Piscívoro
<i>Cichla monoculus</i>	468	Introduzida	0,01	0,01	0,07	0,01	0,03	0,42	0,00	0,67	13,88	0,00	0,32	3,07	0,04	81,34	0,12	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	100,00	0,00	Carnívoro
<i>Clarias gariepinus</i>	6	Introduzida	13,43	0,00	0,00	0,00	0,03	10,41	0,27	0,00	69,15	0,00	0,00	0,00	0,00	6,71	0,00	Onívoro
<i>Coptodon rendalli</i>	113	Introduzida	1,72	8,09	42,74	0,00	31,71	11,66	0,58	0,03	0,00	0,01	1,30	0,50	0,00	1,66	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	92,31	0,00	0,00	0,00	Insetívoro
<i>Deuterodon cf. giton</i>	58	Nativa	0,13	1,89	4,94	0,00	18,01	8,30	0,00	0,72	0,14	2,34	54,53	7,90	0,00	1,10	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	152	Nativa	0,50	5,56	2,39	0,01	6,28	2,11	0,00	0,94	8,25	1,32	64,02	8,54	0,00	0,07	0,00	Onívoro
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	139	Nativa	0,09	0,19	4,21	0,11	0,57	42,58	0,13	0,08	0,08	0,13	33,14	18,26	0,01	0,44	0,00	Onívoro
<i>Elops saurus</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	37,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	62,50	0,00	Carnívoro
<i>Eucinostomus cf. argenteus</i>	2	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	21,27	0,00	0,00	0,00	78,69	0,00	0,04	0,00	Carnívoro
<i>Eugerres brasilianus</i>	5	Nativa	5,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	79,15	0,00	0,00	0,00	0,00	15,78	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Genidens genidens</i>	18	Nativa	0,63	0,00	12,84	0,00	0,00	3,69	63,40	0,00	8,87	0,00	0,08	0,05	0,00	10,44	0,00	Carnívoro
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	527	Nativa	0,39	0,48	2,57	0,00	0,31	4,71	45,34	8,01	0,00	0,05	11,07	26,34	0,25	0,48	0,00	Invertívoro
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	2	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	8,57	0,00	0,00	0,00	91,43	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Gymnotus sylvius</i>	31	Introduzida	0,18	0,03	3,64	0,00	0,01	10,16	0,05	0,00	24,33	0,00	8,07	26,94	12,29	14,28	0,00	Carnívoro
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	16	Nativa	0,00	0,00	0,20	0,00	0,00	56,43	0,00	0,00	0,00	0,88	2,02	0,02	0,00	40,45	0,00	Onívoro

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>Hoplias intermedius</i>	35	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	5,22	0,00	0,00	7,32	0,00	0,00	0,14	0,00	87,32	0,00	Piscívoro
<i>Hoplias malabaricus</i>	150	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,61	0,00	0,00	10,03	0,25	0,00	0,08	0,00	88,99	0,00	Piscívoro
<i>Hoplosternum littorale</i>	260	Introduzida	1,09	1,31	1,67	1,57	0,09	2,25	3,61	43,01	0,42	0,05	10,93	22,51	8,51	2,98	0,00	Invertívoro
<i>Hyphessobrycon eques</i>	33	Introduzida	0,69	0,00	2,54	0,08	0,00	0,55	0,00	62,75	0,00	13,49	2,74	17,16	0,00	0,00	0,00	Invertívoro
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	1	Nativa	1,65	67,63	0,00	0,00	4,12	25,98	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,62	0,00	0,00	0,00	Onívoro
<i>Hyporhamphus roberti</i>	24	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	12,42	0,00	0,00	0,00	0,00	5,97	81,61	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Hypostomus affinis</i>	32	Nativa	3,39	93,96	1,48	0,00	0,92	0,20	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	11,56	86,38	0,00	0,00	2,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Knodus moenkhausii</i>	303	Nativa	0,20	1,32	4,87	1,54	3,65	2,95	0,02	2,20	3,68	0,65	42,42	35,52	0,00	0,99	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	99,94	0,00	Piscívoro
<i>Loricariichthys castaneus</i>	100	Nativa	3,58	18,26	29,62	0,41	0,41	3,10	0,10	8,90	0,00	0,00	10,32	25,19	0,10	0,00	0,00	Bentófago
<i>Lycengraulis grossidens</i>	102	Nativa	0,00	0,00	0,48	0,00	0,00	4,41	0,00	0,88	4,63	0,05	67,36	10,44	0,00	11,75	0,00	Inset. Terrestre
<i>Megaleporinus conirostris</i>	42	Nativa	0,19	0,00	0,34	0,00	0,97	46,21	33,23	0,00	0,00	0,00	0,00	18,00	0,03	1,02	0,00	Herbívoro
<i>Metynnis lippincottianus</i>	248	Introduzida	0,07	0,12	4,73	0,00	40,61	52,01	0,03	0,52	0,00	0,02	1,19	0,70	0,00	0,00	0,00	Herbívoro
<i>Microphis lineatus</i>	25	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	1,18	0,00	0,00	1,12	0,00	0,00	0,00	76,53	0,00	21,18	0,00	Inset. Aquático
<i>Moenkhausia vittata</i>	20	Nativa	0,52	0,26	0,10	0,00	0,00	52,61	0,00	0,00	0,00	2,18	16,17	27,95	0,00	0,21	0,00	Onívoro
<i>Mugil curema</i>	84	Nativa	22,15	77,25	0,07	0,00	0,53	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	85	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,05	0,00	0,00	23,20	0,00	30,83	19,72	0,00	23,20	0,00	Carnívoro
<i>Oligosarcus argenteus</i>	11	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	32,61	0,00	67,39	0,00	Carnívoro
<i>Oreochromis niloticus</i>	236	Introduzida	2,89	45,96	8,09	0,02	15,35	26,68	0,02	0,15	0,00	0,00	0,38	0,32	0,00	0,14	0,00	Bentófago
<i>Pachyurus adspersus</i>	435	Nativa	0,01	1,17	0,87	0,67	0,17	0,94	0,15	0,81	31,21	0,06	15,01	48,34	0,00	0,60	0,00	Inset. Aquático
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	5	Nativa	27,31	45,37	27,22	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Pimelodella lateristriga</i>	33	Nativa	0,85	0,00	8,50	3,72	0,00	3,51	5,31	0,00	0,11	0,00	6,90	66,25	0,00	4,85	0,00	Insetívoro
<i>Pimelodus maculatus</i>	229	Introduzida	0,37	0,02	2,82	7,41	0,02	31,30	2,63	1,65	14,73	0,01	3,35	3,92	0,00	31,78	0,00	Onívoro
<i>Poecilia reticulata</i>	47	Introduzida	0,17	31,14	4,61	1,90	0,58	0,00	0,00	1,55	0,00	0,01	0,56	59,32	0,17	0,00	0,00	Bentófago
<i>Poecilia vivipara</i>	314	Nativa	6,22	35,81	10,03	0,07	15,42	0,91	0,18	2,41	0,00	0,26	6,61	21,89	0,19	0,00	0,00	Bentófago
<i>Pomadasys ramosus</i>	1	Nativa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100,00	0,00	0,00	0,00	Carnívoro
<i>Prochilodus argenteus</i>	18	Introduzida	20,47	39,79	37,50	0,00	2,13	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus costatus</i>	84	Introduzida	5,18	87,05	5,60	0,00	2,03	0,03	0,03	0,06	0,00	0,01	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus lineatus</i>	1	Introduzida	2,12	97,33	0,00	0,00	0,00	0,47	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Prochilodus vimboides</i>	4	Nativa	11,08	85,93	2,96	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro

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>Psalidodon aff. fasciatus</i>	22	Nativa	0,40	0,00	0,81	0,00	6,48	21,86	0,00	1,01	0,00	0,40	12,39	53,98	0,00	2,67	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	61,87	9,77	0,00	18,81	0,00	Carnívoro
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	25	Introduzida	15,10	50,84	29,35	0,00	4,31	0,37	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	Detritívoro
<i>Pygocentrus nattereri</i>	389	Introduzida	0,04	0,07	0,01	23,83	0,01	5,39	0,68	0,01	5,66	0,01	0,80	0,29	0,00	59,38	3,83	Piscívoro
<i>Rhamdia quelen</i>	29	Nativa	0,23	0,00	1,91	1,26	0,00	8,18	0,00	0,00	1,51	0,00	7,76	2,60	0,00	76,56	0,00	Piscívoro
<i>Salminus brasiliensis</i>	16	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	26,53	0,00	0,11	0,57	0,00	72,78	0,00	Piscívoro
<i>Saxatilia lepidota</i>	241	Introduzida	0,02	0,05	0,07	0,11	0,10	0,43	2,04	0,65	10,03	2,27	4,56	54,46	0,00	25,20	0,00	Carnívoro
<i>Serrapinnus heterodon</i>	96	Nativa	0,38	5,32	1,80	0,00	64,54	0,15	0,00	0,55	0,00	0,44	9,01	17,77	0,00	0,04	0,00	Onívoro
<i>Serrasalmus brandtii</i>	93	Introduzida	0,02	0,00	0,00	5,46	0,00	1,89	0,04	0,00	8,21	0,00	5,33	1,27	0,00	77,78	0,00	Piscívoro
<i>Synbranchus marmoratus</i>	5	Introduzida	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100,00	0,00	Carnívoro
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	74	Nativa	0,00	0,00	0,10	0,09	0,00	39,65	0,08	0,00	42,43	0,01	15,57	0,49	0,00	1,42	0,00	Onívoro
<i>Trichomycterus alternatus</i>	1	Nativa	1,82	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,27	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	90,91	0,00	Inset. Aquático
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	2	Nativa	8,16	0,00	20,41	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	71,43	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	58	Nativa	0,39	0,00	1,56	0,00	0,00	5,34	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	92,71	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático
<i>Trinectes paulistanus</i>	8	Nativa	0,00	0,00	11,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	88,33	0,00	0,00	0,00	Inset. Aquático

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest, foram analisados 6.985 estômagos pertencentes a 73 espécies, sendo 48 nativas e 25 introduzidas (Tabela 3). Deste total de estômagos coletados, 1.713 (24,5%) estavam vazios.

Figura 13: 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.



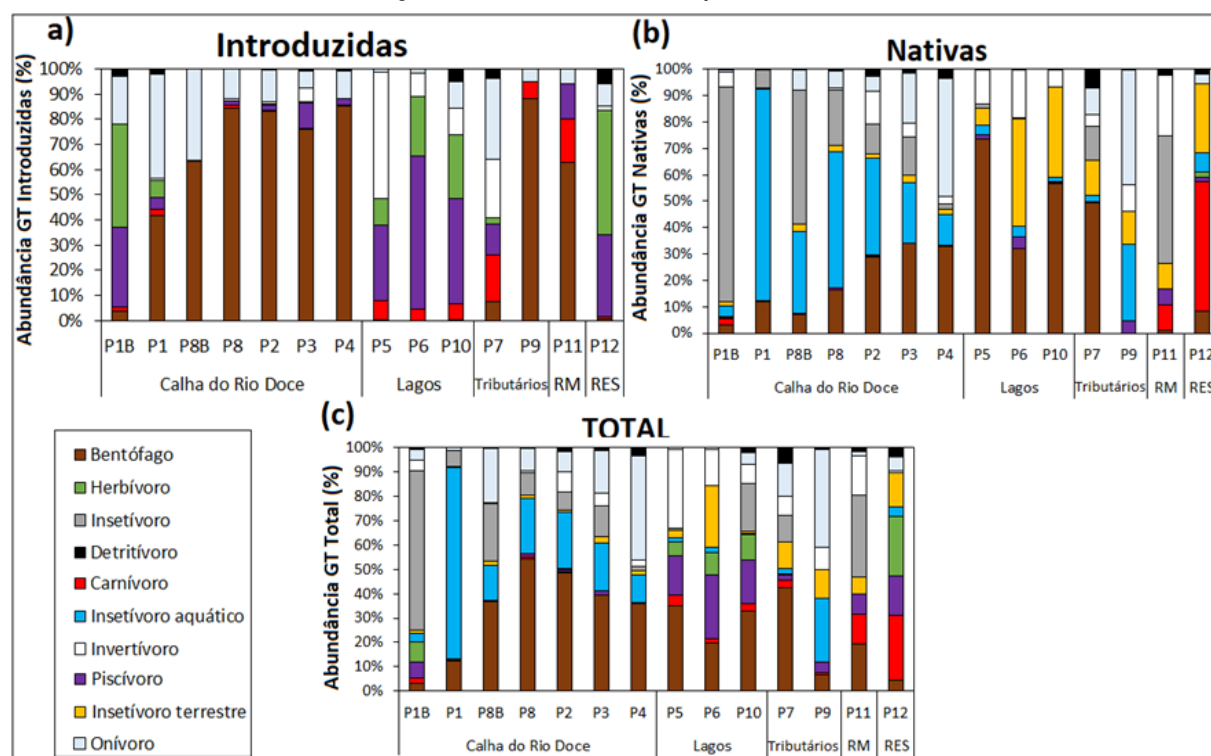
A categoria alimentar “peixe” foi a mais ingerida pelas espécies estudadas durante o monitoramento nos ambientes Calha do Rio Doce, Lagos e Tributários (Figura 13). Esse resultado em rios e ribeirões são esperados, uma vez que há um aumento da complexidade das comunidades ao longo da calha e, à jusante, a presença de maior quantidade de presas (VANNOTE et al., 1980). No ambiente Reservatório da UHE Aimorés, por outro lado, o item alimentar “vegetal” foi consumido pelas espécies de peixes em maior proporção, enquanto que no Rio Manhuaçu, “detrito” e “insetos aquáticos” foram os itens alimentares predominantes durante o monitoramento para este ambiente. Apesar de existirem poucos dados para o Rio Manhuaçu, a maioria dos estômagos avaliados nessa localidade estavam vazios ou pertenciam às espécies nativas Lambari *Knodus moenkhausii* e Acará *Geophagus aff. brasiliensis*, e às espécies introduzidas Tucunaré *Cichla monoculus* e a Tilápia *Oreochromis niloticus*. Vale destacar também que, no ambiente Reservatório, as espécies de peixes apresentaram uma dieta mais simplificada, uma vez que, a homogeneização do ambiente como consequência do represamento de um sistema lótico leva à simplificação da base alimentar deste ambiente, favorecendo, por conseguinte, as espécies com dietas generalistas (DELARIVA et al., 2013).

Além disso, nos ambientes de Lagos e Reservatório, as espécies introduzidas apresentaram uma dieta mais ampla de itens alimentares em relação às espécies nativas (Figura 13). Por exemplo, nos Lagos, as espécies introduzidas ingeriram maior volume dos nove principais itens (peixe, algas, vegetal, detrito, insetos aquáticos, matéria orgânica – MO, crustáceos, matéria orgânica não identificada – MND, vertebrados terrestres e zooplâncton), enquanto apenas sete dos itens alimentares (peixe, insetos terrestres, insetos aquáticos, vegetal, crustáceos, moluscos e zooplâncton), foram predominantes na dieta das espécies nativas (Figura 13). Esse menor espectro de itens alimentares consumidos pelas espécies nativas indica que impactos negativos nas fontes de alimento utilizados por estas espécies podem levar a perturbações das suas populações. Por outro lado, as espécies introduzidas, por terem um espectro maior de itens alimentares, podem tolerar ou se adaptar melhor aos distúrbios ambientais (CÓRDOVA-TAPIA et al., 2015), e isso também se aplica aos ambientes aqui estudados.

Em contraste, nos ambientes Calha do Rio Doce e Tributários, as espécies nativas tiveram um comportamento inverso, ou seja, ingeriram maior diversidade de itens alimentares. Essa maior variabilidade de itens, por um lado, pode ser benéfica em termos de adaptabilidade. Contudo, como essa região foi afetada por rejeitos de minério (FERNANDES et al., 2016), uma maior variabilidade de itens alimentares também pode expor as espécies a uma maior quantidade de itens derivados ou disponibilizados após o rompimento da barragem de Fundão. Ou seja, a ampla variedade de itens também pode reforçar o maior elo entre os contaminantes e a cadeia alimentar.

3.6 EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS

Figura 14: 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 outubro/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, com exceção do “RES” - Reservatório da UHE Aimorés e do “RM” - Rio Manhuaçu (Figura 14c). 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) possivelmente está relacionada ao assoreamento por erosão e outras fontes alóctones carregadas para dentro da calha do rio em consequência do desmatamento em diferentes regiões da bacia, além da entrada de sedimentos decorrente do rejeito. Nestas condições, as espécies de peixes bentófagos podem sobressair em detrimento da possível exclusão de outras espécies. Além disso, é importante ressaltar que os peixes bentófagos são um importante elo para a propagação de metais dentro da cadeia trófica. Essa guilda apresenta espécies que se alimentam de insetos aquáticos (Tabela 3) como, por exemplo, os da família Chironomidae; os quais, por sua vez, habitam o ambiente

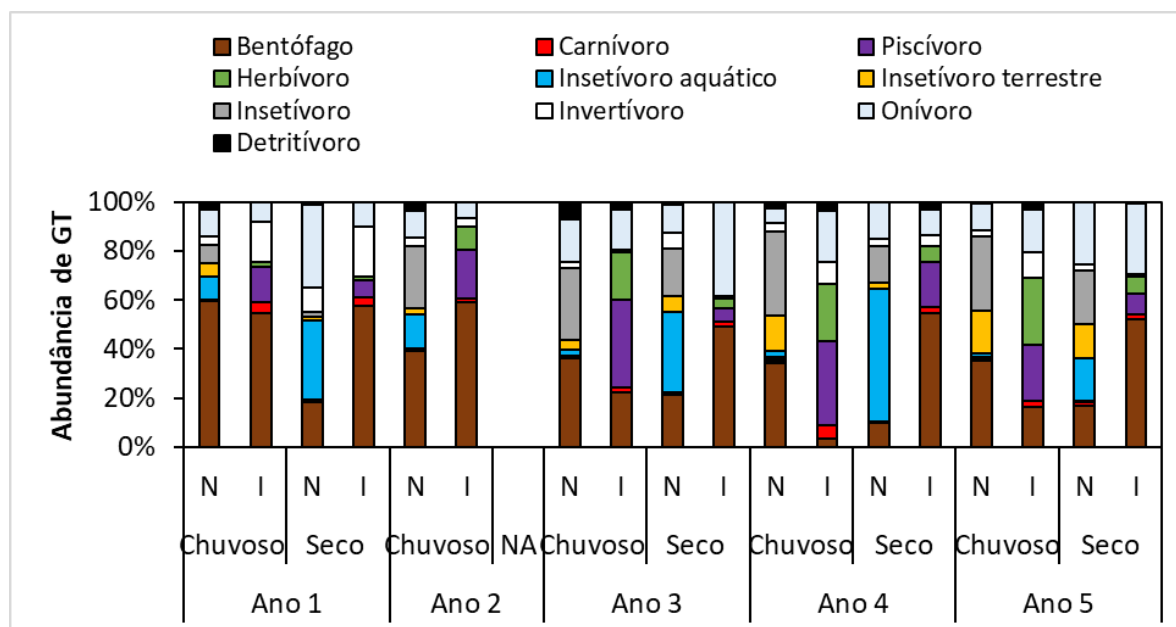
bentônico (CALLISTO et al., 2002) e, portanto, estão em contato direto com sedimento que provavelmente está contaminado (FERNANDES et al., 2016). Organismos bentônicos, em geral, têm a capacidade de absorver metais pesados do ambiente (AMADO-FILHO et al., 2008). A maior abundância de espécies de peixes bentófagos que se alimentam de itens presentes no sedimento possivelmente contaminado, permite a entrada destes metais na cadeia trófica e aumentando biomagnificação para outros grupos que se alimentam de peixes dessa guilda (i.e., piscívoros e carnívoros).

Com relação às espécies introduzidas, observa-se uma tendência de maior dominância da guilda trófica bentófago (pertencentes às espécies Tilápia *Oreochromis niloticus* e Barrigudinho *Poecilia reticulada*) nos ambientes lóticos como a Calha do Rio Doce, Tributários e Rio Manhuaçu (Figura 14a). Também foi observada, durante o monitoramento, uma dominância em abundância de espécies introduzidas carnívoras e piscívoras como Tucunarés *Cichla monoculus* e *C. kelberi*, Jacundás *Saxatilia lepidota* e Piranhas-vermelhas *Pygocentrus nattereri*, nos ambientes lênticos representados pelos Lagos e “RES” - Reservatório da UHE Aimorés.

Ao considerarmos as espécies nativas, encontramos baixa abundância das guildas tróficas carnívoros e piscívoros nos pontos de amostragem localizados somente na calha do Rio Doce (Figura 14b), enquanto que, nos outros ambientes (Lagos, Tributários e principalmente, no Rio Manhuaçu e no RES), a abundância de ambas as guildas é maior. Em ecossistemas afetados por rejeitos de minério, as espécies de peixes de nível trófico superiores na cadeia (e.g., carnívoros e piscívoros), são os que apresentam maior quantidade de metais pesados em seus tecidos corporais, provavelmente pelo processo de biomagnificação (PFEIFFER et al., 1993). Como a calha do Rio Doce foi a parte da bacia mais afetada pelos contaminantes presentes no rejeito de minério, inclusive por mercúrio, ferro e arsênio (FERNANDES et al., 2016; FERREIRA et al., 2020), provavelmente peixes de ambas as guildas dessa região estão potencialmente mais expostos aos efeitos desses elementos químicos. Além disso, os resultados do PMBA/Fest (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 resíduos da mineração devido ao efeito de biomagnificação (ALI; KHAN, 2019).

Figura 15: 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 e Seco: abril, julho e outubro/2023

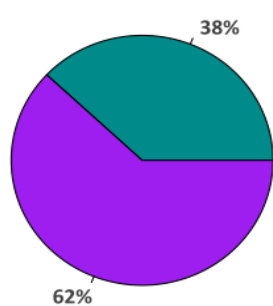


A Figura 15 mostra a evolução temporal das espécies nativas e introduzidas durante o monitoramento do PMBA/Fest. Em geral, os bentófagos (como, por exemplo, o Peixe-flor *Awaous tajasica*, a Tilápia *Oreochromis niloticus* e o Barrigudinho *Poecilia vivipara*) foram predominantes ao longo do monitoramento. No entanto, ao avaliar separadamente as guildas tróficas das espécies introduzidas e nativas dos predadores de topo de cadeia, nota-se, um aumento na abundância de carnívoros e piscívoros introduzidos (como, por exemplo, Tucunarés *Cichla monoculus*, Jacundás *Saxatilia lepidota* e Piranhas-vermelhas *Pygocentrus nattereri*), nos Anos 2 e 3 (Período chuvoso) e no Ano 4 (Período Chuvoso). No Ano 5, houve uma ligeira redução na abundância dos carnívoros e piscívoros introduzidos comparados ao período chuvoso do Ano 4. É importante destacar que, durante o período chuvoso, verificou-se uma tendência de aumento da abundância das espécies introduzidas no grupo dos predadores de topo de cadeia (guilda trófica piscívoros e carnívoros), enquanto no período seco ocorre o oposto, ou seja, a abundância é reduzida. Provavelmente, isso se deve ao fato de as espécies dessas guildas terem um espectro alimentar maior, além de outras características biológicas que favorecem suas atividades de reprodução e recrutamento que pode ser evidenciado pelo aumento de suas abundâncias no período chuvoso.

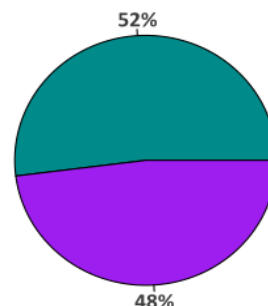
3.7 PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS

Figura 16: Proporção sexual nas espécies nativas e introduzidas durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até outubro/2023.

Proporção sexual de espécies nativas - Rio Doce

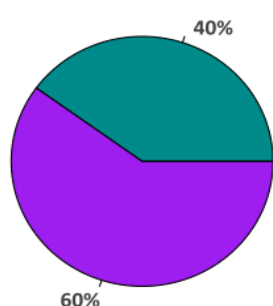


Proporção sexual de espécies introduzidas - Rio Doce

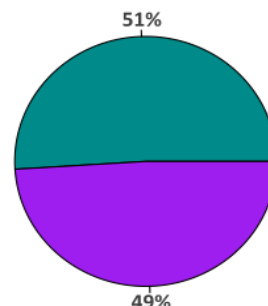


■ Machos ■ Fêmeas

Proporção sexual de espécies nativas - Lagos

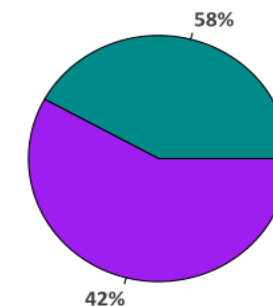


Proporção sexual de espécies introduzidas - Lagos

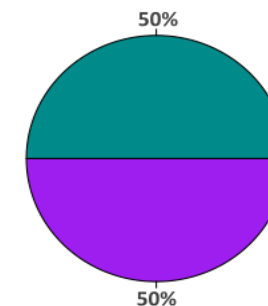


■ Machos ■ Fêmeas

Proporção sexual de espécies nativas - Rio Manhuaçu

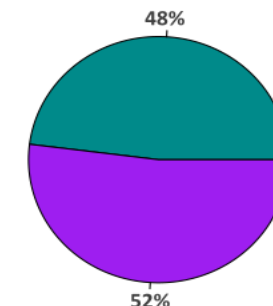


Proporção sexual de espécies introduzidas - Rio Manhuaçu

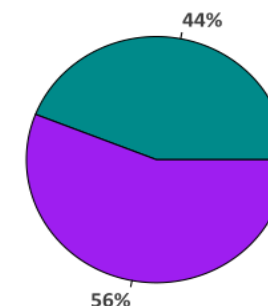


■ Machos ■ Fêmeas

Proporção sexual de espécies nativas - UHE Aimorés



Proporção sexual de espécies introduzidas - UHE Aimorés



■ Machos ■ Fêmeas

Durante as campanhas de outubro de 2018 até outubro de 2023 a proporção sexual de peixes nativos na calha do Rio Doce mostrou predominância de fêmeas (62%) em relação aos machos (38%) ($\chi^2=370,01$, $p < 0,001$) (Figura 16). Em relação as espécies introduzidas, a proporção sexual não foi significativa ($\chi^2=1,00$, $p > 0,316$), mesmo evidenciando leve predominância de machos (52%) em relação as fêmeas (48%). Nos Lagos, a proporção sexual de espécies nativas também mostrou diferenças ($\chi^2=135,47$, $p < 0,001$) com predominância de fêmeas (60%) em relação aos machos (40%). Nas espécies introduzidas, essa relação não foi significativa ($\chi^2=0,34$, $p < 0,55$), mostrando uma leve predominância de machos (51%) em relação as fêmeas (49%) (Figura 16). No Rio Manhuaçu, foi registrada a predominância de fêmeas nativas (58%) em relação aos machos (42%) com ausência de diferenças significativas ($\chi^2=1,33$, $p < 0,240$) durante as campanhas de agosto de 2022 a outubro de 2023. Nas espécies introduzidas, a proporção de fêmeas (50%) e machos (50%) também ficou semelhante ($\chi^2=1,000$, $p < 1,000$). No reservatório UHE Aimorés, foi observada a predominância de fêmeas nativas (52%) em relação aos machos nativos (48%), durante as campanhas de agosto de 2022 a outubro de 2023, sem diferenças significativas ($\chi^2=0,36$, $p < 0,540$). Nas espécies introduzidas, houve maior proporção de fêmeas (56%) em relação aos machos (44%), porém essa relação também não foi significativa ($\chi^2=1,99$, $p < 0,150$) (Figura 16). A proporção sexual esperada para peixes Neotropicais é próxima de 1:1 (LOWE-MCCONNELL, 1987), considerando uma população equilibrada que pode se tornar estável e adaptada às condições impostas pelo meio em que habitam (HAMILTON, 1967). A interferência antrópica, como a seletividade de equipamentos de pesca, construção de barragens, poluição, fatores biológicos como reprodução, taxa de crescimento e disponibilidade de alimentos pode causar alterações nestas proporções (NIKOLSKY, 1978; WOOTTON, 1990). No Rio Manhuaçu e no Reservatório da UHE Aimorés, a proporção sexual nas espécies nativas e introduzidas mostrou uma tendência de desequilíbrio, principalmente em relação à proporção de fêmeas no Reservatório da UHE Aimorés, que apresentou maior abundância deste gênero tanto em espécies nativas e introduzidas. Entretanto, ainda são necessárias mais campanhas nesses locais, pois a quantidade de coletas ainda é insuficiente para uma avaliação robusta desta tendência. A maior proporção sexual de fêmeas sugere um maior investimento energético para reprodução (GARCIA et al., 2019) como estratégia de sobrevivência e estabelecimento (COSTA et al., 2023) no Baixo Rio Doce, enquanto um ambiente com proporções equivalentes entre os sexos é considerado mais vantajoso para uma espécie em termos de reprodução, já que haveria em média uma fêmea disponível para acasalar com um macho, o que aumentaria a probabilidade de estabelecimento das espécies em um novo local (GÓMEZ-MÁRQUEZ et al. 2003). Nossos resultados mostram que as populações de peixes introduzidos estão mais equilibradas do que as nativas na calha do Baixo Rio Doce, com uma proporção próxima de 1:1.

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

Figura 17: Espécies nativas e introduzidas com maior número de recrutamento no Baixo Rio Doce.

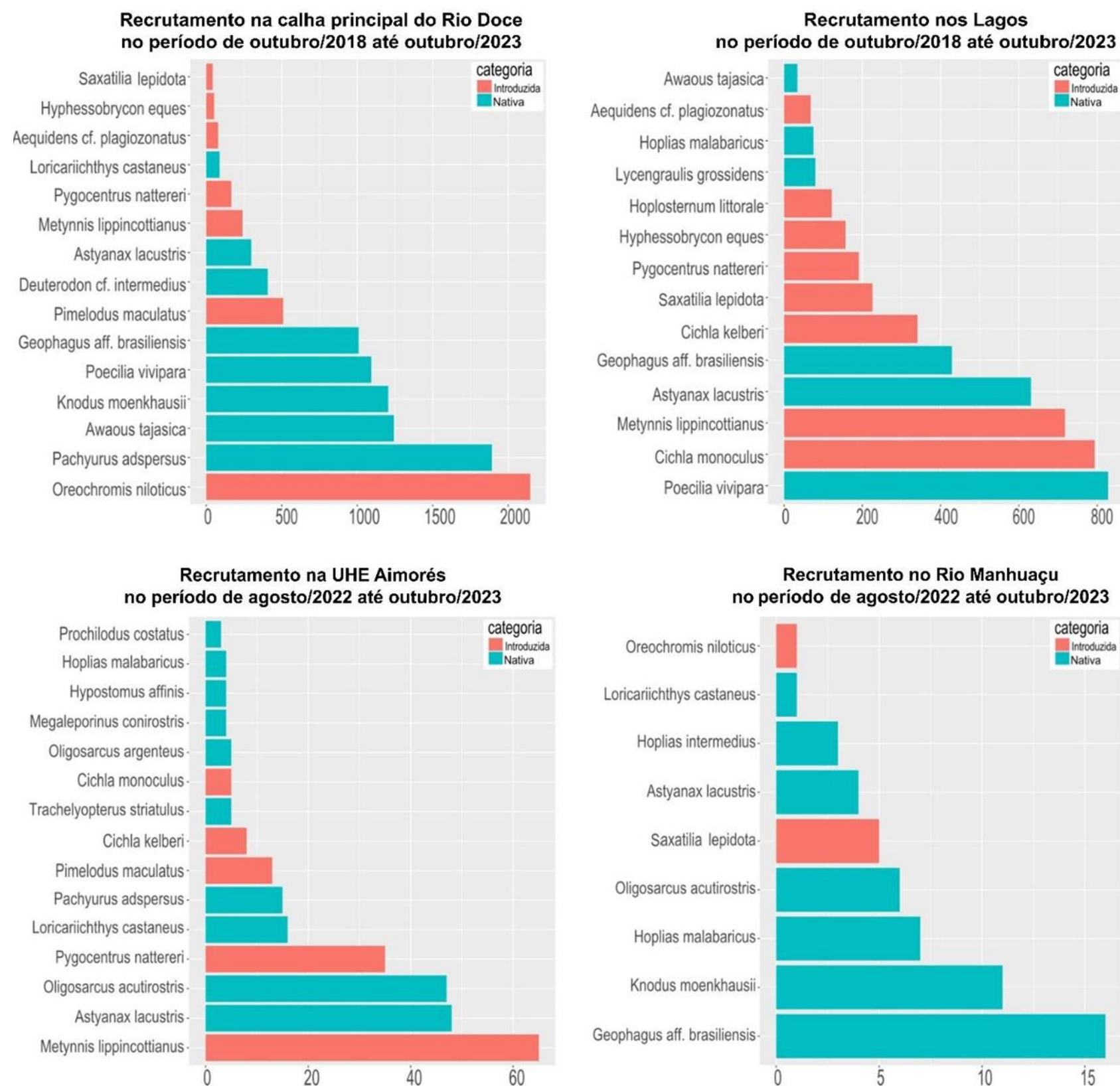


Tabela 4: Valores de comprimento médio (mm) da primeira maturação (L50), comprimento médio máximo de maturação (L100) e RGS calculados para machos e fêmeas das espécies amostradas no Ano 5 pelo PMBA/Fest (outubro de 2022 a outubro de 2023).

Espécies	Origem	Ano 5					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Aequidens plagiozonatus</i>	Introduzida	72,98	94,42	2,37	76,09	98,39	0,07
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa						
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa						
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa						
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa	27,08	35,75	4,92	26,13	34,55	0,56
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	57,60	74,76	7,68	44,04	57,43	1,35
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	39,76	51,97	4,54	79,26	102,44	0,22
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa				108,42	139,71	0,13
<i>Characidium cricareense</i>	Nativa						
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida	117,07	150,76	3,62	171,47	220,27	0,19
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	113,82	146,60	1,51	119,57	153,95	0,12
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida	270,4	346,69	5,14			
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida	56,12	72,86	0,89	72,90	94,30	0,06
<i>Genidens genidens</i>	Nativa						
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	79,87	103,22	0,66	96,80	124,85	0,09
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida	99,05	127,73	3,8	104,74	135,00	0,06
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	Nativa						
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa	199,74	256,39	1,54	183,18	235,23	0,12
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	145,22	186,73	4,96	177,53	228,01	0,10
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	80,62	104,17	2,13	97,46	125,69	0,14
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida						
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa	155,32	199,63	2,12	105,53	136,01	0,09
<i>Hyporhamphus roberti</i>	Nativa	49,74	64,71	1,53	51,36	66,79	0,48

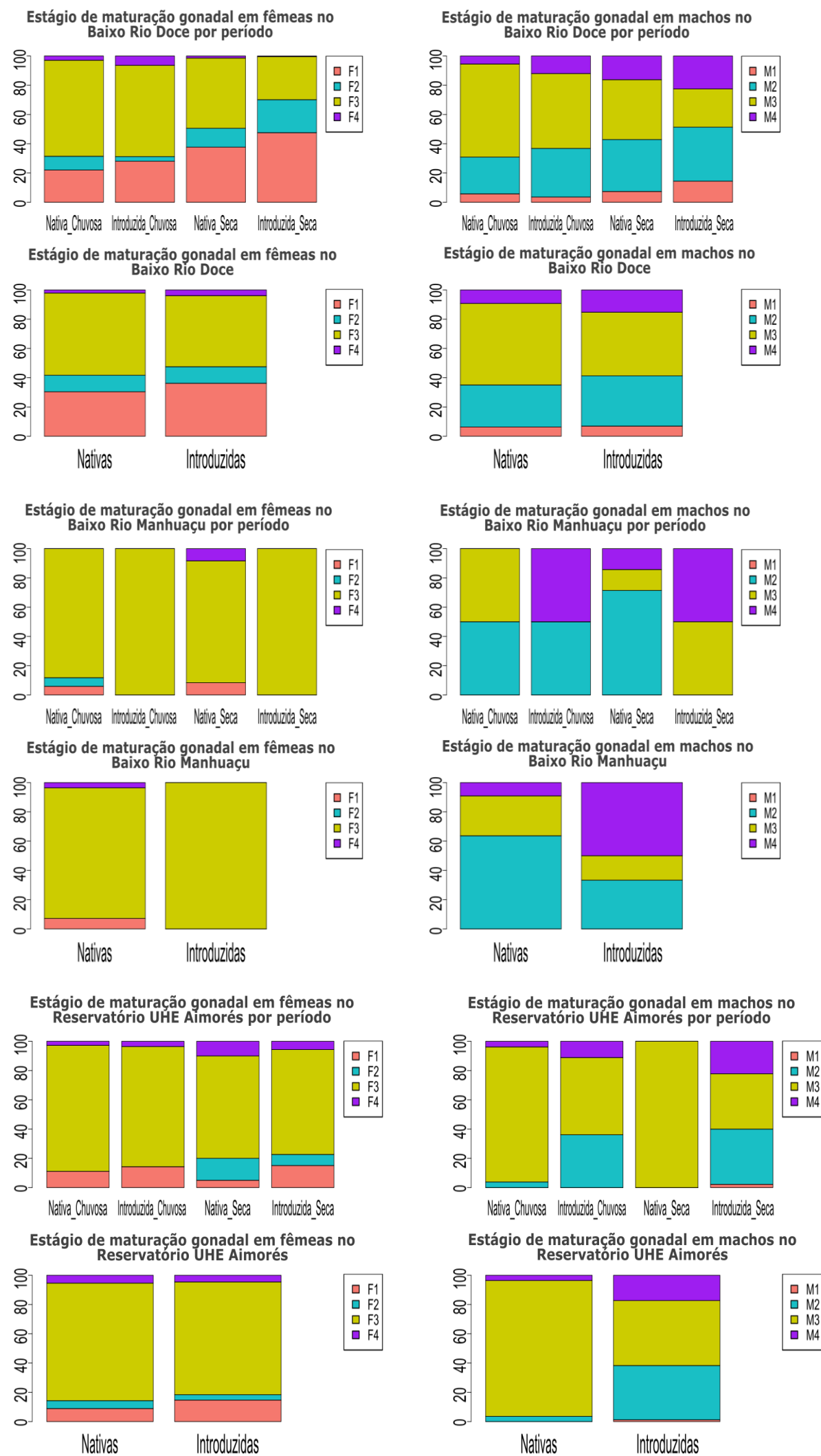
Espécies	Origem	Ano 5					
		Fêmea			Macho		
		L50	L100	RGS	L50	L100	RGS
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	22,51	29,92	4,57	20,12	26,86	1,05
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	165,42	212,53	2,96	141,19	181,57	0,18
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	69,83	90,39	3,47	76,61	99,05	1,32
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa				133,11	171,25	0,89
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	81,53	105,34	5,62	79,62	102,90	0,28
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa	41,03	53,58	2,5			
<i>Mugil curema</i>	Nativa				131,9	169,7	0,01
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa	73,79	95,44	5,03	69,57	90,06	2,99
<i>Oligosarcus argenteus</i>	Nativa				54,32	70,57	1,02
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida	100,77	129,93	0,20	125,44	161,45	0,01
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	147,23	189,30	1,52	116,86	150,48	0,61
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa						
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	156,53	201,18	1,31	121,00	155,77	0,29
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida						
<i>Poecilia vivipara</i>	Introduzida	21,24	28,29		16,85	22,68	
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida				252,24	323,47	0,48
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	171,07	219,76	0,10	234,87	301,28	0,09
<i>Prochilodus lineatus</i>	Nativa	256,67	329,15	3,14	103,49	133,4	0,02
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa	56,40	73,23	17,88	54,18	70,38	1,84
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	159,33	204,75	5,71	108,87	140,27	0,27
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	14,79	20,06	2,05	17,89	24,00	0,17
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida	97,3	125,49	1,48	92,76	119,69	0,15
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	91,94	118,64	2,02	86,68	111,91	1,91
<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.

As espécies com maiores abundâncias de recrutamento (> 190 recrutas) no Baixo Rio Doce foram amostradas considerando o comprimento médio da primeira maturação (L50) (Tabela 4). Na calha do Rio Doce, dentre as espécies introduzidas, a Tilápia *Oreochromis niloticus* é a espécie que apresentou maior recrutamento, enquanto que o Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*, encontra-se na sétima posição. Na calha, outras cinco espécies nativas com maior recrutamento foram Curvina *Pachyurus adspersus*, Peixe-flor *Awaous tajasica*, Lambari *Knodus moenkhausii*, Barrigudinho *Poecilia vivipara* e Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*. No ambiente Lagos, dentre as espécies introduzidas, predominaram os Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, o Jacundá *Saxatilia lepidota*, a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* e, o Mato-Grosso *Hyphessobrycon eques*. No mesmo ambiente Lagos, a espécie nativa com maior recrutamento foi o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, e com um recrutamento menor, o Lambari *Astyanax lacustris*, o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* e a Manjuba *Lycengraulis grossidens* (Figura 17). Embora apresente relativamente poucos espécimes (< 190 recrutas), as campanhas de agosto de 2022 a outubro de 2023 no Reservatório da UHE Aimorés mostram que as espécies introduzidas e nativas com maior recrutamento foram as espécies Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* e o Lambari *Astyanax lacustris*, enquanto no Rio Manhuaçu foram as espécies de Jacundá *Saxatilia lepidota* e o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, respectivamente (Figura 17). Portanto, algumas espécies nativas que apareceram como mais abundantes, apresentaram menor recrutamento relativo em outros ambientes, embora os impactos causados pela Piranha-vermelha, Pacu-CD e Tucunarés sejam severos e conhecidos na bacia, como a redução das populações nativas (PAUKERT; ROGERS, 2004; FRAGOSO-MOURA et al., 2016; PELICICE et al., 2017). Além disso, características reprodutivas como o tamanho dos ovócitos, período reprodutivo e cuidado parental podem beneficiar a colonização de diversas espécies introduzidas em vários ambientes (UETANABARO; WANG; ABE, 1993; MELO et al., 2011), incluindo as espécies Tilápia *Oreochromis niloticus*, Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* e o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, no Baixo Rio Doce. Por outro lado, os ambientes onde se registraram maior recrutamento de espécies introduzidas, como nos Lagos, podem comprometer o crescimento somático, reprodução e recrutamento de juvenis de espécies nativas (HAXTON et al., 2008; ABDO et al., 2018; PASCHOALINI et al., 2019), acentuando o impacto na ictiofauna na região do Baixo Rio Doce.

3.9 ESTÁGIO DE MATURAÇÃO

Figura 18: 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, Rio Manhuaçu e Reservatório UHE Aimorés.



Os estágios de maturação gonadal (EMG) (Figura 18) 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 propostos por VAZZOLER(1996): F1/M1= repouso, F2/M2= maturação, F3/M3= maduro e F4/M4= desovados para fêmeas (F4) e espermiados para machos (M4) (Quadro 1, Tabela 5, Tabela 6, Tabela 7). Os períodos de maior reprodução, tanto das fêmeas nativas quanto das introduzidas no Baixo Rio Doce (nos Lagos e na calha do Rio Doce), foram os períodos chuvosos, com maior frequência relativa de EMG em F3 e F4. Houve maior frequência relativa de EMG em F4 nas espécies introduzidas, do que nas espécies nativas. Nos machos, o período de maior de reprodução nas espécies nativas e introduzidas mostrou-se ser o período chuvoso com EMG em M3 e M4, com maior frequência de EMG em M4 nas espécies introduzidas. Nos períodos secos, a frequência relativa de EMG nas fêmeas nativas e introduzidas foi maior em F1 e F2, assim como nos machos em M1 e M2, quando comparados aos períodos chuvosos. Essas observações foram registradas ao longo do período de monitoramento de dezembro de 2021 a outubro de 2023, que evidenciou uma melhor condição reprodutiva (ovários e testículos maduros, desovados ou espermiados) nos períodos chuvosos nas espécies introduzidas em relação às nativas. No Rio Manhuaçu e no Reservatório da UHE Aimorés, entre as campanhas de agosto de 2022 a outubro de 2023, observou-se uma tendência semelhante a observada nos ambientes Lagos e Rio Doce, sendo a maior frequência relativa de EMG em F3 ou F4 e M3 ou M4, nos períodos chuvosos, e F1, F2 e M2, nos períodos secos. No Rio Manhuaçu, as espécies introduzidas mostraram maior frequência relativa de EMG em F3 e M4 do que as espécies nativas, caracterizando melhor condição reprodutiva das espécies introduzidas em relação às nativas. No Reservatório da UHE Aimorés, as fêmeas introduzidas e nativas mostraram semelhança na frequência relativa de EMG em F3 e F4, enquanto nos machos das espécies introduzidas houve maior frequência de EMG em M4 do que nas espécies nativas. Entretanto, ainda são recomendadas mais campanhas para essa avaliação mais sólida devido ao baixo tamanho amostral e ausência de alguns EMG nos períodos analisados. O desenvolvimento gonadal está intimamente relacionado com o peso gonadal e fatores hormonais que diferenciam as células germinativas imaturas em células maduras de fêmeas e machos (LUBZENS et al., 2010; DOS SANTOS et al., 2019). A importância de fatores abióticos como maior temperatura, fotoperíodo e pluviometria, além das condições físico-química adequadas de oxigênio e pH na água no período chuvoso favorecem o gatilho inicial da maturação final dos ovócitos e reprodução de peixes na região Neotropical (LOWE MCCONNEL, 1987; NASCIMENTO et al., 2020; DINIZ et al., 2023). Esses resultados corroboram o que se observa nas diferentes espécies nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce, onde os EMG de ovários e testículos alcançaram a maturação e se diferenciaram até a reprodução. No entanto, foi observada maior frequência relativa de EMG maduro, desovado e espermiado, nas espécies introduzidas em relação às espécies nativas. Desta forma, pode ocorrer o aumento das populações de espécies introduzidas no Baixo Rio Doce ao longo do tempo. Este desempenho diferenciado pode certamente afetar as populações das espécies nativas a longo prazo. Portanto, a continuidade do monitoramento associada com as políticas de recuperação e educação ambiental são essenciais a fim de amenizar o avanço descontrolado de peixes introduzidos, manter o equilíbrio e melhorar as condições para biodiversidade no Baixo Rio Doce.

Tabela 5: Frequência absoluta de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Baixo Rio Doce (dezembro de 2021 a outubro de 2023).

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida	3	2	9	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	38	6	46			5	9	2
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa	56	10	185	1	12	3	64	19
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa	26	12	32			11	49	2
<i>Coptodon rendalli</i>	Introduzida			2				1	1
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa	8					1	5	
<i>Characidium cricarense</i>	Nativa	12						2	
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida	1					2	5	1
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	16	3	4			19		
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida	1	5	16			10	5	6
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida							1	
<i>Eugerres brasiliensis</i>	Nativa			1					
<i>Genidens genidens</i>	Nativa		1						
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	6	22	29		2	8	34	
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida			3			1		
<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Nativa	6						1	
<i>Hyporhamphus roberti</i>	Nativa			1			3	10	1
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa	3	1	1				1	1
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	2	4	22	3		2	5	13

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<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	135	2	7	68	25	
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	5	10	16	2	2	4		3
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	Introduzida	1							
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa	27	4	9			3	29	
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa	1				1	2	1	
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	51	44	130	13		71	25	18
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa								
<i>Mugil curema</i>	Nativa	1				1			
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa			18	1				1
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida	2	1					1	
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	4	1	11			3		
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa							3	
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	27		14	2	1		32	10
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida								
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa								
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida	2					3	2	
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	19		1		1	3	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	54	12	41	1	14	5	41	8
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa	5		2			1	1	1
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida	1		1			1		

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa	14		5			4	6	
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida	12	7	6			10	4	6
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida								
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa	9	1	7	4	3	4	5	
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Nativa								
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa			2	3		2	4	

Tabela 6: Frequência absoluta de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Rio Manhuaçu (agosto de 2022 a outubro de 2023).

Espécies	Origem	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			3			1		
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa								
<i>Coptodon rendalli</i>	Introduzida								
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa								
<i>Characidium cricarens</i>	Nativa								
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida								
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida								
<i>Saxatilia lepidota</i>	Introduzida			1			2		
<i>Clarias gariepinus</i>	Introduzida								
<i>Eugerres brasiliensis</i>	Nativa								
<i>Genidens genidens</i>	Nativa								
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa		1	5	1		5	3	
<i>Gymnotus sylvius</i>	Introduzida								
<i>Hoplerhynchus unitaeniatus</i>	Nativa								
<i>Hyporhamphus roberti</i>	Nativa								
<i>Hoplias intermedius</i>	Nativa			1					1
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa								

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida								
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida								
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa								
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	1		16			11		
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	1							
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa								
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa								
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida								
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa								
<i>Mugil curema</i>	Nativa								
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa			2				1	3
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida			1					
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa								
<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								
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida								
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa								
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida								
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida								
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa								
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida								
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa								

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida								
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida								
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa								
<i>Trichomycterus</i> cf. <i>melanopygius</i>	Nativa								
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	Nativa								

Tabela 7: Frequência absoluta de estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nas espécies nativas e introduzidas no Reservatório UHE Aimorés (agosto de 2022 a outubro de 2023).

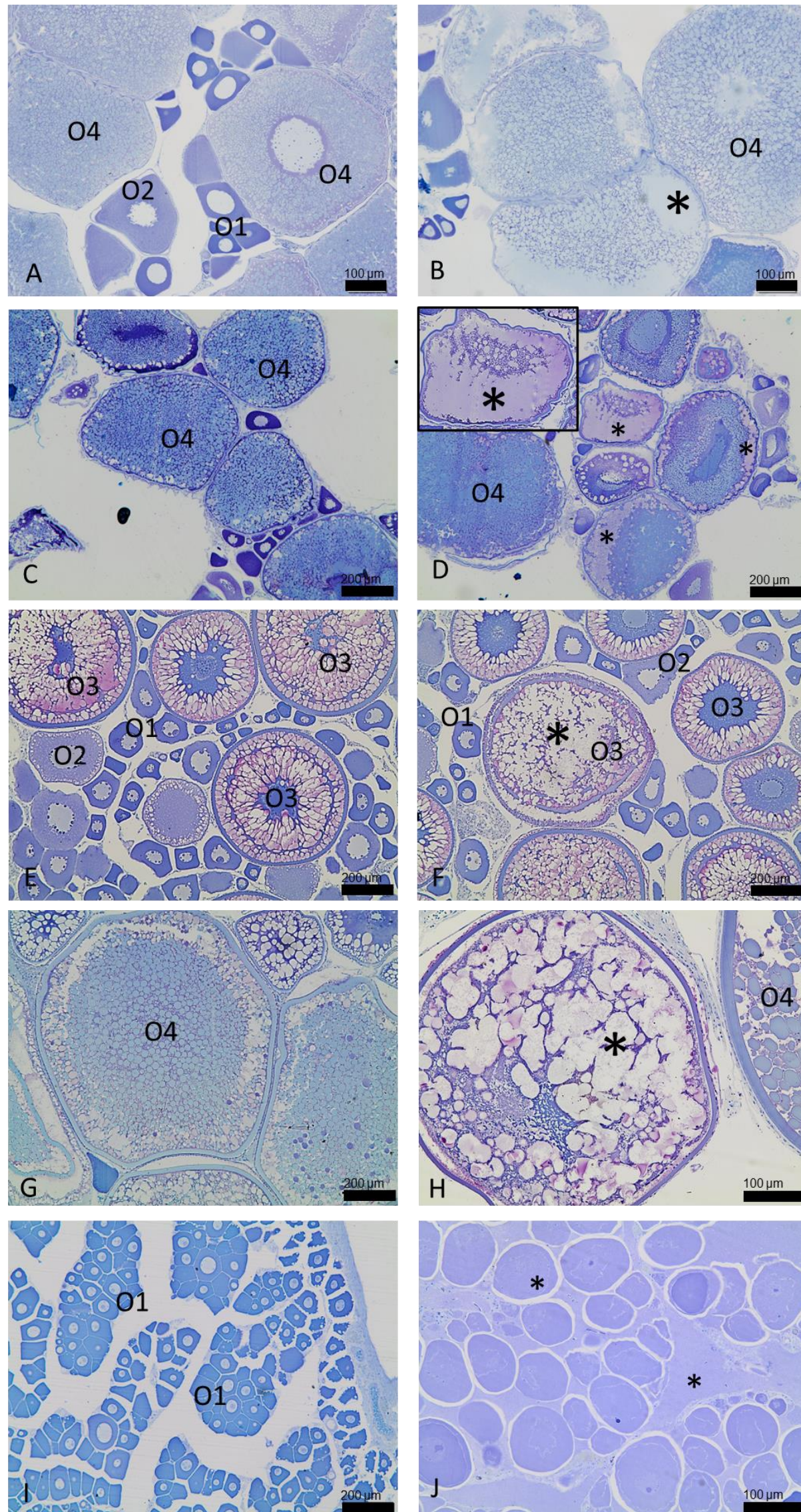
Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Introduzida								
<i>Anchoviella cayennensis</i>	Nativa								
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Nativa								
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Nativa								
<i>Astyanax lacustris</i>	Nativa			24				24	
<i>Awaous tajasica</i>	Nativa								
<i>Coptodon rendalli</i>	Introduzida								
<i>Centropomus parallelus</i>	Nativa								
<i>Characidium cricarens</i>	Nativa								
<i>Cichla kelberi</i>	Introduzida			2			5		
<i>Cichla monoculus</i>	Introduzida	2		1			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	1			1		1

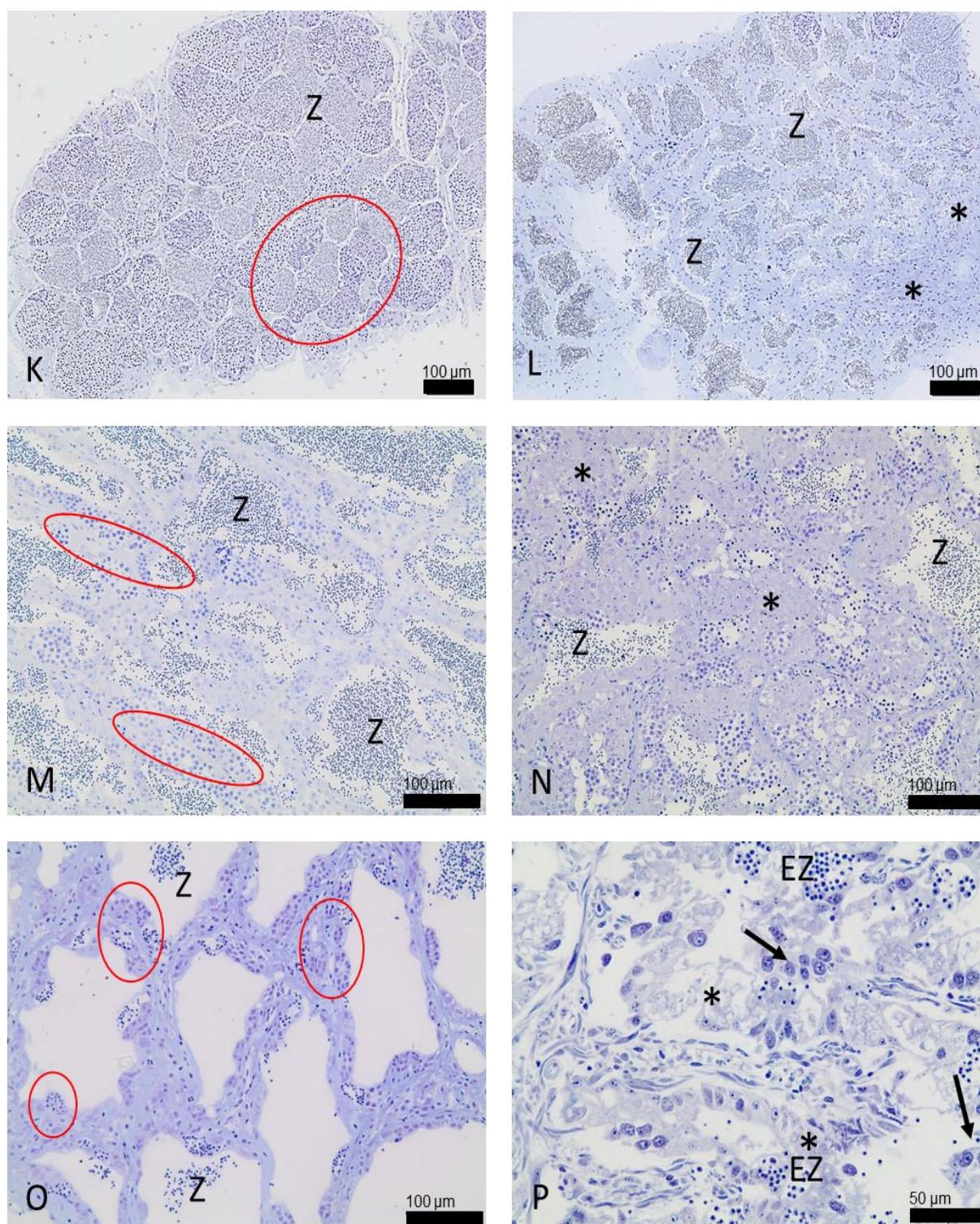
Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida							1	
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida								
<i>Hypostomus affinis</i>	Nativa			2	1				
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa								
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	5	3	5	1				
<i>Lycengraulis grossidens</i>	Nativa								
<i>Megaleporinus conirostris</i>	Nativa					1			
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	3	2	36	1		16	6	1
<i>Microphis lineatus</i>	Nativa								
<i>Mugil curema</i>	Nativa								
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	Nativa			26	4		3	8	3
<i>Oreochromis niloticus</i>	Introduzida						1	2	3
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa			12	1				
<i>Pimelodella lateristriga</i>	Nativa								
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	7					2	8	1
<i>Poecilia reticulata</i>	Introduzida								
<i>Poecilia vivipara</i>	Nativa								
<i>Prochilodus argenteus</i>	Introduzida	1							
<i>Prochilodus costatus</i>	Introduzida	2	1					1	
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Nativa								
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	Introduzida		1	1	1				1
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	1		16				8	2
<i>Rhamdia quelen</i>	Nativa								
<i>Salminus brasiliensis</i>	Introduzida								
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Nativa								

Espécies	Origem	2023							
		EMG FÊMEA				EMG MACHO			
		F1	F2	F3	F4	M1	M2	M3	M4
<i>Serrasalmus brandtii</i>	Introduzida								
<i>Synbranchus marmoratus</i>	Introduzida								
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	Nativa			1			1	2	
<i>Trichomycterus</i> cf. <i>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), Rio Manhuaçu (Tabela 6) e Reservatório da UHE Aimorés (Tabela 7). A frequência absoluta, quando transformada em frequência relativa dos EMG desovado e espermiado, demonstrou uma melhor condição reprodutiva nas espécies introduzidas quando comparadas com as espécies nativas no Baixo Rio Doce. Novamente, estes dados sugerem o melhor desempenho reprodutivo das espécies introduzidas em comparação com as espécies nativas.

Figura 19: 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. A) Fêmea F3: não alterado, B) Fêmea F3: alterado (*), C) Fêmea F3: não alterado, D) Fêmea F3: alterado (*), E) Fêmea F2: não alterado, F) Fêmea F2: alterado (*), G) Fêmea F3: não alterado, H) Fêmea F3: alterado (*), I) Fêmea F1: não alterado, J) Fêmea F1: alterado (*), K) Macho M3: não alterado, L) Macho M3: alterado (*), M) Macho M2: não alterado, N) Macho M2: alterado (*), O) Macho M4: não alterado, P) Macho M4: alterado (*).





Foram detalhadas as principais características morfológicas dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas (F) e machos (M) de gônadas em F1/M1= repouso, F2/M2= maturação, F3/M3= maduro e F4/M4= desovados para fêmeas e espermiados para machos, sendo consideradas não alterados e alterados. As características celulares foram observadas nas espécies introduzidas e nativas do Baixo Rio Doce, Reservatório da UHE Aimorés e Rio Manhuaçu. Nos ovários (Figura 19A-J) foram evidenciados processos de degeneração e atresias 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 inicial com alvéolos corticais (O3) e ovócito secundário avançado com glóbulos de vitelo (O4), nas espécies de Lambaris *Astyanax lacustris* (Figura 19A e B) e *Knodus moenkhausii* (Figura 19C e D), Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* (Figura 19E, F, G e H) e Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus* (Figura 17: I e J). As alterações histopatológicas nos ovários foram evidenciadas na espécie de Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* no Reservatório da UHE Aimorés, Lambari *Knodus moenkhausii* no Rio Manhuaçu, e Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus* e Lambaris *Astyanax lacustris* e *Knodus moenkhausii* na calha do Rio Doce. Estas alterações histopatológicas são tipicamente observadas em ambientes contaminados, e, mesmo tendo ocorrido somente em alguns espécimes, podem impactar negativamente a produção de ovos e consequentemente afetar o desempenho reprodutivo desses peixes. Nos testículos (Figura 19K-P), houve a presença de 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), além de células hipertrofiadas e de linfócitos (setas), caracterizando um processo inflamatório. Essas alterações histopatológicas nos testículos foram observadas nas espécies de Agulhinha *Hyphorhamphus roberti* (Figura 19K e L), Traíra *Hoplias malabaricus* (Figura 19M e N) e Cascudo-manteiga *Hypostomus affinis* (Figura 19O e P) coletados na calha do Rio Doce. É importante lembrar que o Cascudo-manteiga foi escolhido como organismo-modelo de poluição na bacia do Rio Doce em estudos anteriores (CONVÊNIO RENOVA/UFV, 2023). Este tipo de alteração histopatológica nos testículos, com perda dos padrões normais da organização celular, pode afetar os túbulos seminíferos, espermátides e os espermatozoides, podendo causar prejuízos à espermatogênese e infertilidade de machos, comprometendo as populações de peixes (DUTTA et al., 2006). Além disso, as alterações celulares observadas podem comprometer o desenvolvimento do estágio de maturação gonadal (EMG) nos espécimes analisados, conforme outras pesquisas em ambientes contaminados por metais pesados em rios do Brasil vêm demonstrando (PASCHOALINI et al., 2019; SAVASSI et al., 2016, 2020). Os dados do monitoramento do PMBA/Fest mostraram que a qualidade da água e sedimento do Baixo Rio Doce estão afetadas pela presença de metais pesados e pesticidas, assim como detectado no Alto Rio Doce, incluindo a presença de metais pesados como arsênio e mercúrio acima dos limites permitidos na água e músculo de peixes (FERREIRA et al., 2020). Metais pesados e metalóides podem provocar o aparecimento de alterações histopatológicas nas gônadas, além de desregulação nos processos fisiológicos essenciais de peixes. Essas alterações podem ser associadas à diminuição da secreção estrogênica para reprodução das fêmeas, podendo refletir em alterações significativas a longo prazo na composição e estrutura das comunidades de peixes do Baixo Rio Doce, e consequentemente afetar os serviços ecossistêmicos e gerar outros prejuízos econômicos.

3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)

Tabela 8: Valores de relação gonadossomática (RGS) de fêmeas no período chuvoso entre os Anos 1, 2, 3, 4 e 5 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	UHE Aimorés	Manhuaçu
<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	8,59 \pm 4,28 AB	11,53 \pm 3,04 B	–
<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	6,05 \pm 5,70 A	–	–
<i>Hoplias malabaricus</i>	Nativa	2,63 \pm 1,73 A	4,46 \pm 1,51 AB	3,86 \pm 2,00 AB	5,17 \pm 2,69 AB	6,20 \pm 2,98 BC	–	–
<i>Loricariichthys castaneus</i>	Nativa	–	3,27 \pm 1,04 A	5,62 \pm 2,43 B	6,10 \pm 1,15 B	7,11 \pm 0,93 B	0,54 \pm 0,44 C	–
<i>Pachyurus adspersus</i>	Nativa	1,25 \pm 0,48 A	1,09 \pm 0,66 A	2,09 \pm 0,61 A	2,07 \pm 0,41 A	1,52 \pm 0,64 A	1,38 \pm 0,82 A	–
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Nativa	0,94 \pm 0,34 A	0,73 \pm 0,63 A	0,50 \pm 0,26 A	1,06 \pm 0,85 A	0,60 \pm 0,56 A	–	–
<i>Knodus moenkhausii</i>	Nativa	4,89 \pm 3,96 A	4,44 \pm 3,09 A	3,85 \pm 2,51 A	3,58 \pm 2,16 A	4,27 \pm 1,70 A	–	3,71 \pm 2,72 A
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Introduzida	6,85 \pm 4,50 AB	8,80 \pm 5,70 A	6,14 \pm 3,92 B	–	5,60 \pm 5,58 B	–	–
<i>Pimelodus maculatus</i>	Introduzida	4,17 \pm 2,65 A	4,41 \pm 3,81 A	4,83 \pm 2,16 A	8,43 \pm 4,06 B	4,83 \pm 4,44 A	0,35 \pm 0,15 C	–
<i>Metynnis lippincottianus</i>	Introduzida	4,19 \pm 3,83 AE	6,76 \pm 4,96 ABC	8,04 \pm 5,49 BC	6,20 \pm 3,52 AC	11,49 \pm 1,97 D	3,05 \pm 2,50 E	–
<i>Pygocentrus nattereri</i>	Introduzida	3,50 \pm 3,28 A	3,55 \pm 4,42 A	6,19 \pm 2,61 B	6,26 \pm 3,55 B	6,15 \pm 2,69 B	5,54 \pm 2,76 AB	–
<i>Hyphessobrycon eques</i>	Introduzida	2,73 \pm 2,56 A	4,02 \pm 3,02 A	2,30 \pm 2,16 A	–	–	–	–
<i>Hoplosternum littorale</i>	Introduzida	–	6,10 \pm 3,76 A	–	11,31 \pm 1,99 B	6,50 \pm 2,58 A	–	–

A relação gonadossomática (RGS) nas espécies introduzidas apresentou valor superior no Pacu-CD *M. lippincottianus* ($p < 0,05$), enquanto que na Piranha-vermelha *P. nattereri* se manteve estável nas campanhas do período chuvoso do Ano 5 (outubro de 2022 a março de 2023) em relação aos Anos 1, 2, 3 e 4 (outubro de 2018 a setembro de 2022) no Baixo Rio Doce (calha do Rio Doce e Lagos), caracterizando uma tendência de aumento e estabilidade deste índice ao longo do tempo, exceto na espécie *Hoplosternum littorale* (Tabela 8). Nas espécies nativas, houve variação deste índice ($p < 0,05$), no Peixe-flor *Awaous tajasica*, na Traíra *Hoplias malabaricus* e no Cascudo *Loricariichthys castaneus* apresentaram valores superiores nas campanhas do período chuvoso no Ano 5 (outubro de 2022 a março de 2023) em relação aos anos anteriores no Baixo Rio Doce, enquanto no Lambari-do-rabo-amarelo *Astyanax lacustris* se manteve estável sem diferenças ($p > 0,05$) após setembro de 2020. Nas outras espécies nativas como na Curvina *Pachyurus adspersus*, no Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e no Lambari *Knodus moenkhausii* a RGS permaneceu estável ($p > 0,05$) em todos os períodos analisados (Tabela 8). No Rio Manhuaçu, a espécie de Lambari *K. moenkhausii* mostrou valor de RGS sem diferença significativa ($p > 0,05$) ao longo do monitoramento (Tabela 8). No Reservatório da UHE Aimorés, a espécie nativa *L. castaneus* e as espécies introduzidas *P. maculatus* e *M. lippincottianus* apresentaram valores inferiores ($p < 0,05$) quando comparado com as campanhas de outubro de 2018 a outubro de 2023, exceto na espécie introduzida de Piranha-vermelha *P. nattereri*, e nas nativas como Lambari *A. lacustris* e Curvina *Pachyurus adspersus* que se manteve estável ($p > 0,05$) (Tabela 8). Os períodos chuvosos favorecem melhores condições reprodutivas para diversas espécies de peixes nativas e introduzidas, pois os fatores abióticos como temperaturas, pluviosidade e fotoperíodos são mais elevados e longos nesse período do ano (NASCIMENTO et al., 2020; DINIZ et al., 2023). Os estudos reprodutivos são mais perceptíveis em fêmeas do que nos machos, devido ao maior acúmulo e transferência de gorduras nos ovários que aumenta o peso corporal (RORIZ LEMES et al., 2017), maior número e diâmetro de ovócitos secundários com glóbulos de vitelo (vitelogênicos), além do valor de RGS ser mais evidente em fêmeas do que nos machos, podendo refletir até na qualidade ambiental. As alterações de RGS observadas nas espécies nativas e introduzidas ao longo dos anos de monitoramento do PMBA/Fest calha do Rio Doce e no Reservatório da UHE Aimorés mostraram que os peixes estão sob influência de ambientes impactados por ações antrópicas como poluição, mineração e construção de barragens, assim como observado em outros estudos que avaliaram a reprodução de peixes em trechos impactados (ABDO et al., 2018; BEATTY et al., 2013; SAVASSI et al., 2016, 2020). De fato, a região do Baixo Rio Doce apresentou valores baixos de Índice de Integridade Biótica (CONVÊNIO RENOVAF/UFV, 2023), no entanto, as espécies introduzidas, como a Piranha-vermelha *P. nattereri* e o Pacu-CD *M. lippincottianus*, mostraram condição reprodutiva favorável com tendência de aumento e estabilidade de RGS no Baixo Rio Doce. Portanto, a proliferação e o recrutamento favorável de espécies introduzidas deve ser levada como um alerta, elevando as medidas de controle e políticas de recuperação ambiental, justamente a fim de amenizar o desequilíbrio das populações e melhorar a biodiversidade de espécies nativas no Baixo Rio Doce.

INDICADORES ICTIOFAUNA GENÉTICA

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

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. 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 (±SD)	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)

Astyanax lacustris

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
4	P2	3	2,00 (0,00)	5,75 (4,00)	0,391 (0,257)
4	P3	11	4,50 (3,12)	8,50 (3,50)	0,341 (0,247)
4	P4	15	4,53 (2,56)	9,38 (4,92)	0,428 (0,248)
4	P5	20	5,17 (3,33)	10,90 (4,32)	0,400 (0,205)
4	P6	32	5,86 (3,10)	12,00 (4,23)	0,436 (0,237)
4	P7	29	5,66 (2,95)	11,70 (4,47)	0,398 (0,187)
4	P8B	22	4,96 (2,83)	10,33 (4,69)	0,422 (0,198)
4	P9	17	4,72 (2,56)	9,32 (4,28)	0,405 (0,175)
4	P10	30	5,08 (2,90)	12,50 (6,19)	0,407 (0,267)
5	P1B	8	11,83 (1,60)	28,66 (14,19)	0,955 (0,540)
5	P2	11	11,16 (2,31)	64,33 (41,49)	0,886 (0,496)
5	P3	28	18,66 (4,45)	105,50 (49,83)	0,895 (0,486)
5	P4	31	20,33 (3,20)	105,83 (46,97)	0,910 (0,492)
5	P5	23	16,16 (3,18)	83,00 (51,59)	0,884 (0,482)
5	P6	33	21,16 (5,45)	52,83 (36,56)	0,903 (0,488)
5	P7	5	6,00 (1,54)	58,33 (61,06)	0,866 (0,518)
5	P8B	18	14,33 (4,22)	66,66 (42,15)	0,881 (0,484)
5	P10	30	18,83 (3,43)	69,00 (55,28)	0,882 (0,479)
5	P11	6	7,83 (2,48)	30,50 (20,28)	0,898 (0,524)
5	P12	29	21,83 (7,27)	86,66 (47,63)	0,913 (0,494)

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

Os índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris*, apresentados na Tabela 9, 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 9). De forma geral, o número de alelos na espécie de Lambari *Astyanax lacustris* variou de 2,0 até um máximo de 21,83, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). O Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) mostrou menor quantidade de amostras devido à deficiência na coleta de dados ocorrido nesse período. A amplitude de variação no

tamanho dos alelos (de 5,75 até 105,83) de forma geral, mostrou alelos maiores no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), seguido pelos Ano 1 (outubro de 2018 a setembro de 2019), Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021), Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) e por fim pelo Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022). As maiores variações na diversidade gênica entre pontos foram observadas no Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021), enquanto que a menor foi observada nos dois anos seguintes. Assim, mesmo considerando essas amplitudes, a diversidade gênica de *Astyanax lacustris* não apresentou grandes discrepâncias ou divergências acentuadas entre suas subpopulações. No entanto, quando comparamos a diversidade gênica entre os anos do monitoramento, observamos um aumento da diversidade gênica no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) em relação aos anos anteriores. A espécie *Astyanax lacustris* apresentou variação na diversidade gênica em todos os pontos de coleta ao longo dos anos, com exceção do ponto 1, onde essa espécie sempre apresentou diversidade gênica mais alta que nos demais pontos, e estável ao longo dos anos. Essa estabilidade na diversidade gênica pode estar relacionada ao tempo de geração dessa espécie, que é mais rápido quando comparado a espécies de maior porte, o que pode estar favorecendo a recomposição da sua diversidade.

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Deuterodon cf. intermedius* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. 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 (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	4	3,28 (0,95)	16,57 (17,75)	0,702 (0,443)
1	P2	12	6,25 (2,71)	23,87 (18,88)	0,778 (0,451)
1	P3	30	9,37 (2,97)	26,75 (18,45)	0,676 (0,404)
1	P4	30	11,25 (3,80)	27,75 (16,64)	0,642 (0,410)
1	P5	0	NA	NA	NA
1	P6	0	NA	NA	NA
1	P7	26	10,0 (4,50)	26,87 (18,16)	0,662 (0,422)
1	P8	18	7,87 (2,64)	25,12 (18,68)	0,719 (0,454)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	1	NA	NA	NA
2	P3	25	9,87 (3,35)	23,50 (13,51)	0,716 (0,410)
2	P4	27	10,50 (4,59)	24,62 (16,91)	0,782 (0,481)
2	P5	0	NA	NA	NA
2	P6	0	NA	NA	NA
2	P7	5	3,75 (1,03)	17,00 (14,89)	0,680 (0,429)
2	P8	17	6,50 (3,81)	24,62 (16,37)	0,777 (0,484)
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	29	8,87 (4,70)	23,00 (18,33)	0,671 (0,401)
3	P3	30	9,75 (4,92)	24,12 (16,01)	0,697 (0,399)
3	P4	34	9,75 (5,44)	23,37 (17,64)	0,690 (0,433)
3	P5	0	NA	NA	NA
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	29	10,62 (4,06)	26,50 (15,65)	0,704 (0,442)
3	P8	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	4	3,97 (1,33)	17,20 (11,95)	0,650 (0,365)
4	P3	31	9,12 (5,51)	22,27 (14,14)	0,526 (0,362)
4	P4	34	8,95 (4,54)	21,67 (16,60)	0,610 (0,331)

Deuterodon cf. intermedius

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
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	2	3,40 (0,54)	21,40 (10,35)	0,900 (0,667)
5	P2	13	12,80 (3,70)	90,00 (51,59)	0,872 (0,496)
5	P3	13	18,00 (3,80)	72,40 (52,18)	0,963 (0,541)
5	P4	5	7,20 (1,48)	65,60 (63,97)	0,915 (0,555)
5	P5	0	NA	NA	NA
5	P6	0	NA	NA	NA
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	7	9,20 (2,68)	45,60 (35,14)	0,912 (0,535)
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 de diversidade genética de *Deuterodon cf. intermedius* mostrados na Tabela 10 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 18,00, sendo que a maior variação no número de alelos entre os pontos foi observada no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), sendo mais discreta nos anos anteriores. A variação do Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) mostrou-se mais próxima a do ano 3 (outubro de 2020 a outubro de 2021), porém com maior discrepância entre os pontos. O tamanho dos alelos teve maior variação também no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), onde somente o ponto 1 apresentou menor variação no tamanho dos alelos e foi semelhante aos anos anteriores. Na diversidade gênica, observou-se moderados níveis em todos os anos, com aumento significativo desse índice no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). Os menores índices

de diversidade gênica em *Deuterodon cf. intermedius* foram observados no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) (pontos 3 e 8B) e os maiores no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) nos pontos 3 e 4. A comparação dos resultados desses índices ao longo dos anos mostra uma leve diminuição da diversidade no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) e uma melhora significativa no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). No entanto, a ausência de captura dessa espécie de Lambari nos pontos 5, 6 e 10 ao longo do monitoramento, assim como as falhas de captura nos pontos 1 e 2 em alguns anos do monitoramento, dificultam uma melhor comparação da diversidade entre os pontos (Tabela 10). *Deuterodon cf. intermedius*, assim como *Astyanax lacustris* tem um tempo de geração mais curto, por se tratarem de espécies de pequeno porte. Essa característica pode estar proporcionando uma melhor recuperação das populações após o rompimento da barragem de Fundão, uma vez que as populações, nos diversos pontos analisados, apresentaram índices de diversidade gênica satisfatórios e estáveis ao longo dos primeiros quatro anos do monitoramento, e um aumento desse índice no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023).

Tabela 11: Índices de diversidade genética de *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	27	4,20 (2,17)	7,20 (2,86)	0,488 (0,373)
1	P3	26	5,00 (1,58)	10,40 (3,78)	0,413 (0,295)
1	P4	28	6,00 (3,24)	10,40 (5,08)	0,543 (0,402)
1	P5	26	5,00 (1,87)	8,00 (3,31)	0,453 (0,294)
1	P6	29	4,25 (1,50)	7,00 (2,82)	0,247 (0,176)
1	P7	26	4,80 (1,92)	7,20 (2,95)	0,449 (0,353)
1	P8	15	4,50 (2,38)	9,00 (3,65)	0,291 (0,234)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	31	5,00 (2,00)	7,80 (2,58)	0,432 (0,437)
2	P3	29	6,40 (2,70)	10,80 (3,56)	0,518 (0,326)
2	P4	29	6,60 (2,40)	9,40 (3,57)	0,506 (0,342)
2	P5	28	5,00 (1,87)	8,60 (3,50)	0,481 (0,308)
2	P6	29	4,40 (1,82)	7,20 (3,11)	0,320 (0,245)
2	P7	2	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,700 (0,535)
2	P8	3	2,00 (0,00)	4,50 (0,70)	0,177 (0,195)
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	13	3,20 (0,84)	6,00 (1,41)	0,567 (0,381)
3	P3	28	5,40 (3,05)	10,40 (5,27)	0,544 (0,362)
3	P4	7	3,00 (1,41)	6,00 (3,74)	0,567 (0,395)
3	P5	30	4,80 (1,30)	8,00 (3,16)	0,494 (0,336)
3	P6	30	4,80 (2,38)	9,60 (6,19)	0,349 (0,261)
3	P7	22	5,00 (2,55)	7,80 (3,56)	0,521 (0,315)
3	P8	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
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	1	NA	NA	NA
5	P2	1	NA	NA	NA
5	P3	7	5,20 (2,58)	34,00 (50,05)	0,642 (0,385)
5	P4	2	3,33 (0,81)	23,66 (44,81)	0,888 (0,647)
5	P5	26	10,50 (4,23)	86,83 (56,45)	0,771 (0,426)
5	P6	34	7,66 (4,17)	67,33 (63,22)	0,679 (0,318)
5	P7	26	10,66 (4,88)	85,16 (58,29)	0,741 (0,412)
5	P8B	1	NA	NA	NA
5	P10	9	7,16 (2,78)	70,00 (62,28)	0,781 (0,448)
5	P11	18	9,66 (3,77)	56,00 (56,17)	0,696 (0,393)
5	P12	0	NA	NA	NA

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

Para a espécie de Acará *Geophagus aff. brasiliensis*, os índices de diversidade genética foram calculados em cada ponto de coleta e para cada período amostral (ano) (Tabela 11). De forma geral, o número de alelos não apresentou grandes variações, com 2,0 no ponto 8 no Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) até um máximo de 10,66 alelos no ponto 7 no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos ocorreu nesse ano. Vale ressaltar que o número de indivíduos analisados no ponto 8 no Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) foi

muito baixo (apenas três). A maior amplitude de variação no tamanho dos alelos aconteceu no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), seguido pelo Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020).

A diversidade gênica, em geral, não variou muito ao longo dos anos, porém entre os pontos de coleta foi observada uma amplitude maior na variação, especialmente no ponto 7 no Ano 2 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) (diversidade de 0,700). Essa variação da diversidade entre pontos de coleta nesse ano 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 12: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	3	2,33 (0,81)	2,00 (1,55)	0,373 (0,285)
1	P3	7	2,85 (1,07)	3,28 (2,06)	0,523 (0,372)
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	16	3,57 (1,27)	4,71 (3,68)	0,419 (0,302)
1	P6	29	3,57 (1,27)	3,57 (2,44)	0,253 (0,209)
1	P7	6	3,00 (0,71)	4,00 (2,12)	0,606 (0,421)
1	P8	8	3,71 (1,49)	6,28 (1,89)	0,672 (0,422)
2	P1	1	NA	NA	NA
2	P2	0	NA	NA	NA
2	P3	4	2,66 (0,81)	4,16 (2,78)	0,690 (0,490)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	6	3,20 (1,30)	3,40 (2,60)	0,641 (0,440)
2	P6	6	2,75 (0,50)	3,25 (1,70)	0,646 (0,443)
2	P7	3	2,66 (0,58)	3,33 (0,58)	0,622 (0,475)
2	P8	0	NA	NA	NA
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	1	NA	NA	NA
3	P3	1	NA	NA	NA
3	P4	1	NA	NA	NA
3	P5	3	2,20 (0,45)	1,80 (0,84)	0,466 (0,381)
3	P6	11	2,80 (1,09)	3,00 (1,87)	0,313 (0,285)
3	P7	0	NA	NA	NA
3	P8	1	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
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	2	2,66 (0,81)	2,16 (1,60)	0,777 (0,574)
5	P2	2	2,83 (0,40)	2,33 (1,03)	0,805 (0,592)
5	P3	2	2,83 (0,75)	2,66 (1,50)	0,805 (0,592)
5	P4	3	3,00 (0,63)	3,33 (1,50)	0,833 (0,610)
5	P5	5	4,00 (0,63)	21,00 (42,63)	0,785 (0,474)
5	P6	12	5,83 (0,75)	56,00 (54,09)	0,769 (0,436)
5	P7	2	2,83 (0,75)	2,16 (1,16)	0,805 (0,592)
5	P8B	0	NA	NA	NA
5	P10	1	NA	NA	NA
5	P11	2	2,00 (0,00)	1,50 (0,70)	0,194 (0,184)
5	P12	4	4,00 (1,67)	3,33 (2,06)	0,750 (0,470)

*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 todo período amostral (ano) (Tabela 12). De forma *geral*, o número de alelos variou pouco, de 2,00 a 5,83, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos ocorreu no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), que também apresentou maior variação na amplitude do tamanho dos alelos, porém os Anos 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) e 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021) 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 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), onde o ponto 4 apresentou diversidade de 0,833 enquanto o ponto 11 apresentou uma diversidade gênica de 0,194. Embora o Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) tenha sido o de melhor amostragem para *Hoplias malabaricus* em termos de cobertura dos pontos amostrais (apenas ponto 8B e 10 não tiveram amostras coletadas), o N amostral foi muito baixo em todos os pontos, com exceção do ponto 6 onde foram capturados 12 indivíduos. Essa baixa cobertura amostral impede uma análise mais acurada. A variação da diversidade observada 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 (outubro de 2020 a setembro de 2021) e 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) apresentaram os valores mais baixos de diversidade gênica para essa espécie, porém ocorreram falhas amostrais em vários pontos de coleta durante este período. No Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) esse índice melhora, porém também tivemos coleta insuficiente em vários pontos de amostragem neste ano.

Tabela 13: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. 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 (±SD)	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)

Knodus moenkhausii

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
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	10	6,14 (1,77)	38,85 (54,36)	0,794 (0,445)
5	P2	29	9,42 (2,50)	41,42 (54,89)	0,829 (0,446)
5	P3	15	8,71 (2,81)	41,14 (55,04)	0,858 (0,468)
5	P4	39	15,71 (11,29)	107,71 (45,85)	0,740 (0,401)
5	P5	0	NA	NA	NA
5	P6	0	NA	NA	NA
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	15	9,14 (2,26)	74,71 (59,64)	0,832 (0,455)
5	P10	3	4,66 (1,15)	33,66 (12,05)	0,380 (0,271)
5	P11	25	9,00 (3,00)	87,42 (52,25)	0,820 (0,443)
5	P12	0	NA	NA	NA

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

Em relação à diversidade genética de *Knodus moenkhausii*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (ano) (Tabela 13). O número de alelos variou bastante nessa espécie, de 2,1 a 15,71, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), com o ponto 10 com apenas 4,66 alelos, enquanto o ponto 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) apresentou 15,71 alelos. Além disso, a amplitude de variação no tamanho dos alelos também foi maior nesse ano. A diversidade gênica, em geral, não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém, nos Anos 1 (outubro de 2018 a setembro de 2019) e 4 observam-se os menores valores desse índice, que volta a subir no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). Foi observada uma amplitude maior na variação da diversidade gênica no Ano 1

(outubro de 2018 a outubro de 2019) e Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022), onde a menor diversidade observada foi de 0,327 e a maior diversidade foi 0,564. No geral, os índices também não apresentaram grandes variações ao longo dos pontos de coleta para o Lambari *K. moenkhausii*, que foi uma das espécies mais bem amostradas durante os cinco anos do monitoramento, e de forma geral, não apresentou grandes oscilações na sua diversidade genética.

Tabela 14: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

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

Pachyurus adspersus

Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos (\pm SD)	Diversidade gênica (\pm SD)*
3	P8	29	5,66 (3,21)	7,66 (5,13)	0,210 (0,215)
4	P1B	20	3,33 (1,35)	5,66 (3,58)	0,236 (0,194)
4	P2	35	5,33 (2,56)	5,96 (3,37)	0,331 (0,243)
4	P3	35	6,33 (3,18)	6,62 (3,98)	0,432 (0,257)
4	P4	32	5,00 (2,12)	5,27 (3,18)	0,381 (0,216)
4	P5	13	3,66 (1,73)	5,00 (2,74)	0,212 (0,253)
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	0	NA	NA	NA
4	P8B	35	5,00 (2,15)	5,66 (4,13)	0,431 (0,312)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	0	NA	NA	NA
5	P1B	16	4,42 (1,51)	32,57 (49,84)	0,630 (0,355)
5	P2	29	3,57 (1,27)	2,85 (1,46)	0,627 (0,348)
5	P3	30	3,71 (1,38)	3,00 (1,63)	0,619 (0,344)
5	P4	29	4,00 (1,15)	3,28 (1,38)	0,661 (0,365)
5	P5	3	3,28 (1,11)	2,71 (1,49)	0,761 (0,494)
5	P6	6	2,85 (0,69)	17,14 (39,19)	0,601 (0,361)
5	P7	0	NA	NA	NA
5	P8B	21	3,71 (1,11)	3,14 (1,57)	0,643 (0,359)
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	15	3,71 (1,11)	17,42 (38,63)	0,640 (0,361)

*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) (Tabela 14). 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 2 (outubro de 2019 a

setembro de 2020) e Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021). A maior amplitude de variação no tamanho dos alelos foi no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). A diversidade gênica, geral não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém observa-se que os Ano 1 (outubro de 2018 a setembro de 2019), Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021) e Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) são os anos com os menores índices de diversidade e o Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) onde foram observados os mais altos valores desse índice. A Corvina *P. adspersus* foi também uma das espécies mais bem amostradas durante o monitoramento. Com exceção dos pontos 6 e 7, onde o número de amostras não foi satisfatório ou não foi coletado, nos anos 2019 e 2023, o N amostral foi adequado para uma análise populacional. Desta forma, os índices de diversidade dessa espécie sempre se apresentaram baixos e sem muita variação ao longo dos pontos e dos anos do monitoramento. A diversidade genética dessa espécie tem se mantido estável durante os anos do monitoramento, embora em níveis relativamente baixos.

Tabela 15: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4 e 5. 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 (\pm SD)	Diversidade gênica (\pm SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	0	NA	NA	NA
1	P3	0	NA	NA	NA
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	10	2,25 (0,50)	1,75 (0,96)	0,314 (0,231)
1	P6	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,499 (0,317)
1	P7	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,443 (0,310)
1	P8	26	3,60 (1,52)	5,80 (4,20)	0,428 (0,282)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	29	3,60 (1,52)	4,60 (3,20)	0,479 (0,307)
2	P3	29	3,20 (1,64)	5,00 (3,80)	0,540 (0,359)
2	P4	29	5,00 (3,24)	5,60 (4,16)	0,505 (0,320)
2	P5	30	3,00 (1,41)	2,25 (1,25)	0,223 (0,192)
2	P6	16	3,00 (1,22)	4,00 (3,39)	0,513 (0,314)
2	P7	31	3,80 (2,38)	5,20 (3,56)	0,403 (0,289)
2	P8	1	NA	NA	NA
3	P1	3	2,00 (0,00)	2,33 (2,31)	0,240 (0,203)
3	P2	5	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,466 (0,329)
3	P3	24	3,40 (1,14)	5,20 (3,19)	0,461 (0,320)
3	P4	30	5,00 (3,31)	6,00 (5,05)	0,594 (0,364)
3	P5	28	3,40 (2,07)	3,40 (2,51)	0,254 (0,210)
3	P6	2	2,00 (0,00)	3,75 (3,77)	0,433 (0,357)
3	P7	30	3,60 (1,51)	5,20 (3,27)	0,492 (0,299)
3	P8	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA

Poecilia vivipara

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos (\pm SD)	Diversidade gênica (\pm SD)*
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	1	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	28	9,90 (5,95)	34,10 (47,02)	0,736 (0,388)
5	P4	30	11,90 (7,93)	45,40 (55,94)	0,742 (0,390)
5	P5	36	6,10 (3,78)	43,00 (57,03)	0,587 (0,314)
5	P6	1	NA	NA	NA
5	P7	30	9,70 (6,32)	43,80 (56,14)	0,670 (0,355)
5	P8B	2	2,80 (0,91)	18,70 (40,70)	0,750 (0,530)
5	P10	28	7,70 (6,00)	53,20 (57,53)	0,589 (0,316)
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	0	NA	NA	NA

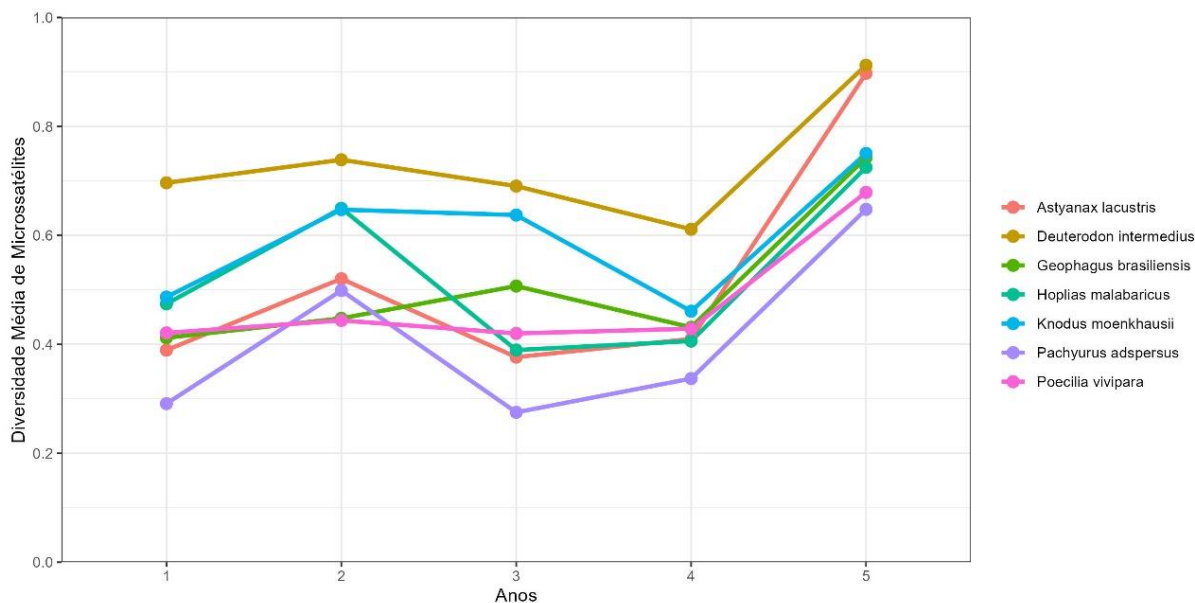
*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para a espécie *P. vivipara*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (ano) (Tabela 15). De forma geral, o número de alelos não variou muito (de 2,0 a 5,0) nos quatro primeiros anos do monitoramento, porém, no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) o número médio de alelos aumentou consideravelmente, sendo encontrados até 11,9 alelos na população de *P. vivipara* do ponto 4. A maior variação no número de alelos entre pontos também foi no Ano 5 (outubro de 2021 a setembro de 2022), com apenas 2,8 alelos no ponto 8B enquanto o ponto 4 apresentou 11,9 alelos. Durante o Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), também foi observada

a maior amplitude de variação no tamanho dos alelos, muito superior aos resultados obtidos para os anos anteriores. A diversidade gênica de *P. vivipara*, a exemplo da Corvina *P. adspersus*, não variou muito ao longo dos quatro primeiros anos do monitoramento. No entanto, no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) esse índice teve um leve aumento em alguns pontos amostrais. *Poecilia vivipara*, assim como *K. moenkhausii* e *A. lacustris* é uma espécie de pequeno porte, com tempo de geração curto. No entanto os índices de diversidade têm se mantido baixos ao longo de todo o período do monitoramento, sendo os maiores valores observados no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023).

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

Figura 20: 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 (Figura 20) aumentou do Ano 1 para o Ano 2 (outubro de 2018 a setembro de 2020), com exceção de *Geophagus aff. brasiliensis* e *Poecilia vivipara*, em que se mantiveram estáveis. Do Ano 2 para o Ano 3 (outubro de 2019 a setembro de 2021) somente *Hoplias malabaricus* apresentou queda acentuada da diversidade gênica, enquanto *Geophagus 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 (outubro de 2020 a setembro de 2022). As maiores variações foram observadas no Lambari *K. moenkhausii*, com aumento da diversidade do Ano 1 para o Ano 2 (outubro de 2018 a setembro de 2020), estabilidade do Ano 2 para o Ano 3 (outubro de 2019 a setembro de 2021) e queda do Ano 3 para o 4 (outubro de 2020 a setembro de 2022) e Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), 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 20). Porém, vale ressaltar que essa espécie apresentou problemas de baixos tamanhos amostrais ao longo dos anos. Do Ano 4 para o Ano 5, todas as espécies, em maior ou menor grau, apresentaram aumento nos índices de diversidade genética quando analisados os microsatélites.

3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS

Tabela 16: Estruturação genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), que indica flutuação no tamanho efetivo populacional.

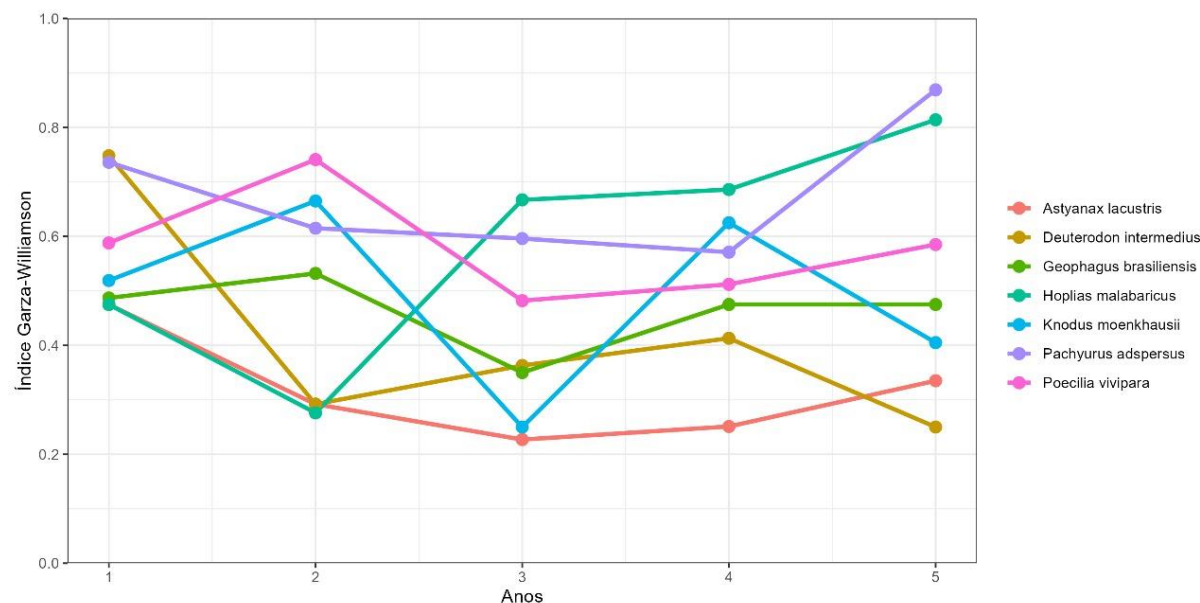
Espécie	Ano1			Ano2			Ano3			Ano4			Ano5		
	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
<i>Astyanax lacustris</i>	0,030	0,690	0,475 (0,053)	0,002	0,613	0,292 (0,154)	-0,003	0,767	0,227 (0,086)	0,005	0,635	0,251 (0,116)	0,005	0,024	0,335 (0,112)
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,007	0,802	0,315 (0,115)	0,016	0,759	0,292 (0,179)	0,006	0,777	0,363 (0,028)	0,007	0,742	0,413 (0,138)	0,017	0,134	0,250 (0,075)
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	0,016	0,576	0,487 (0,084)	0,008	0,553	0,532 (0,134)	0,037	0,725	0,350 (0,088)	0,016	0,572	0,475 (0,118)	0,083	-1,964	0,475 (0,210)
<i>Hoplias malabaricus</i>	0,080	0,621	0,475 (0,088)	-0,094	0,722	0,276 (0,146)	0,147	0,610	0,667 (0,179)	0,007	0,631	0,686 (0,138)	0,085	-0,283	0,814 (0,151)
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,007	0,748	0,519 (0,133)	0,002	0,753	0,665 (0,060)	0,151	0,613	0,250 (0,100)	0,071	0,591	0,625 (0,073)	0,079	0,084	0,405 (0,227)
<i>Pachyurus adspersus</i>	0,065	0,250	0,736 (0,063)	0,052	0,267	0,615 (0,182)	0,010	0,272	0,596 (0,138)	0,040	0,268	0,571 (0,098)	0,031	-0,501	0,869 (0,096)
<i>Poecilia vivipara</i>	0,094	0,436	0,588 (0,103)	0,098	0,218	0,741 (0,189)	0,140	0,324	0,482 (0,138)	0,083	0,237	0,512 (0,103)	0,076	-0,083	0,585 (0,101)

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

Os índices populacionais mostraram baixa estruturação genética (F_{ST}) das espécies analisadas (Tabela 16), exceto para as populações de Corvina *P. adspersus* e Barrigudinho *P. vivipara*, que mostraram significância nos Ano 1 (outubro de 2018 a setembro de 2019) e Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020), com tendência de redução nos anos seguintes para *P. adspersus*. No entanto, para *P. vivipara*, a estruturação populacional se mantém nos anos seguintes. 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 16). 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.

3.14 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES

Figura 21: Variação temporal nos valores de Garza-Williamson (redução populacional) das sete espécies de peixes nativas analisadas no baixo Rio Doce.



Para a maior parte das espécies analisadas, a redução das populações da ictiofauna do Baixo Rio Doce não variou muito, ou seja, não houve grande variação na amplitude dos índices G-W em relação ao longo dos cinco anos de monitoramento, com exceção do observado para as espécies *Deuterodon cf. intermedius*, *Hoplias malabaricus* e *Knodus moenkhausii*, que apresentaram maiores amplitudes de variação desse índice (Figura 21). Todas as espécies apresentaram estabilidade na redução populacional do Ano 3 para o Ano 4 (outubro de 2020 a setembro de 2022) e desse para o Ano 5 (outubro de 2021 a setembro de 2022), com exceção de *K. moenkhausii*, que aumentou essa redução no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) e diminuiu no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023).

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

Tabela 17: 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 5. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado.

<i>Astyanax lacustris</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	14	4	2	0,3956 (0,1588)	0,000577 (0,000633)	-0,95919 (0,2077)	-0,85452 (0,075)
COI	1	P2	27	6	21	0,5014 (0,1119)	0,002926 (0,001883)	-2,22153 (0,002)	0,32452 (0,600)
COI	1	P3	30	5	21	0,5563 (0,0863)	0,002811 (0,001818)	-2,19280 (0,002)	1,29512 (0,774)
COI	1	P4	8	3	2	0,4643 (0,2000)	0,000709 (0,000762)	-1,31009 (0,106)	-0,99899 (0,06)
COI	1	P5	30	6	7	0,4552 (0,1062)	0,001083 (0,000909)	-1,67839 (0,02)	-2,48943 (0,02)
COI	1	P6	30	8	29	0,5908 (0,0998)	0,004686 (0,002757)	-1,97758 (0,008)	0,40435 (0,700)
COI	1	P7	28	4	21	0,3730 (0,1065)	0,002552 (0,001690)	-2,36603 (0,001)	1,97621 (0,856)
COI	1	P8	28	5	5	0,3280 (0,1122)	0,000600 (0,000626)	-1,86266 (0,008)	-3,06013 (0,004)
COI	2	P1	4	3	5	0,8333 (0,2224)	0,004019 (0,003170)	0,37186 (0,731)	0,64603 (0,562)
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	16	2	1	0,4000 (0,1135)	0,000567 (0,000621)	0,64998 (0,830)	0,87172 (0,518)
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	5	3	2	0,8000 (0,1640)	0,001418 (0,001320)	0,24314 (0,717)	-0,47542 (0,194)
COI	2	P6	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000605 (0,000634)	-1,67904 (0,025)	-1,79546 (0,038)
COI	2	P7	9	3	21	0,5556 (0,1653)	0,007092 (0,004316)	-1,74022 (0,021)	4,46838 (0,975)
COI	2	P8	26	12	35	0,7538 (0,0900)	0,009082 (0,004952)	-1,13201 (0,124)	-0,52037 (0,433)
COI	3	P1B	4	4	17	1,0000 (0,1768)	0,013634 (0,009479)	0,43362 (0,742)	0,29431 (0,339)
COI	3	P2	9	6	7	0,8889 (0,0910)	0,003134 (0,002159)	-0,61197 (0,291)	-1,90069 (0,061)
COI	3	P3	4	3	8	0,8333 (0,2224)	0,005877 (0,004395)	-0,44637 (0,491)	1,22531 (0,671)
COI	3	P4	6	5	4	0,9333 (0,1217)	0,002539 (0,001954)	0,14908 (0,592)	-2,34386 (0,018)
COI	3	P5	15	10	18	0,9429 (0,0403)	0,005857 (0,003459)	-1,01475 (0,155)	-2,79952 (0,066)
COI	3	P6	25	14	26	0,9367 (0,0285)	0,006319 (0,003588)	-1,29266 (0,088)	-4,02528 (0,045)
COI	3	P7	21	13	22	0,8905 (0,0604)	0,006045 (0,003481)	-1,13327 (0,120)	-4,23731 (0,026)
COI	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P9	7	5	18	0,9048 (0,1033)	0,008463 (0,005259)	-1,02394 (0,183)	0,64771 (0,577)
COI	3	P10	22	11	14	0,8571 (0,0637)	0,003670 (0,002277)	-1,15332 (0,117)	-4,14127 (0,016)
COI	4	P1B	8	3	14	0,7143 (0,1227)	0,010608 (0,006403)	0,97049 (0,850)	4,87420 (0,980)

Astyanax lacustris

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	4	P2	1	1	NA	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	4	P3	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000825 (0,001023)	-0,61237 (0,385)	0,17185 (0,339)
COI	4	P4	11	7	20	0,8909 (0,0740)	0,008701 (0,005137)	-1,03215 (0,153)	-0,21473 (0,435)
COI	4	P5	13	7	18	0,7308 (0,1332)	0,005543 (0,003414)	-1,78603 (0,026)	-0,79781 (0,317)
COI	4	P6	23	13	23	0,9012 (0,0503)	0,007096 (0,004066)	-1,15504 (0,117)	-3,64788 (0,048)
COI	4	P7	24	12	23	0,8225 (0,0741)	0,006511 (0,003766)	-1,32733 (0,081)	-2,81662 (0,098)
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	4	4	25	1,0000 (0,1768)	0,021033 (0,014391)	-0,35488 (0,528)	0,65052 (0,400)
COI	5	P2	11	7	9	0,8909 (0,0740)	0,004415 (0,002852)	-0,42277 (0,356)	-1,89940 (0,095)
COI	5	P3	16	13	21	0,9667 (0,0357)	0,008100 (0,004663)	-0,89568 (0,193)	-5,87001 (0,005)
COI	5	P4	24	21	34	0,9783 (0,0236)	0,011722 (0,006351)	-0,82588 (0,219)	-12,05313 (0,000)
COI	5	P5	21	17	21	0,9762 (0,0230)	0,006656 (0,003847)	-1,07972 (0,145)	-11,16043 (0,000)
COI	5	P6	24	15	28	0,9203 (0,0402)	0,009500 (0,005253)	-0,87109 (0,200)	-4,00159 (0,048)
COI	5	P7	5	5	14	1,0000 (0,1265)	0,009322 (0,006201)	-0,13015 (0,530)	-0,91837 (0,160)
COI	5	P8B	10	10	26	1,0000 (0,0447)	0,011349 (0,006600)	-1,19462 (0,115)	-4,68028 (0,008)
COI	5	P10	27	21	34	0,9772 (0,0171)	0,008749 (0,004853)	-1,47538 (0,056)	-12,53653 (0,000)
COI	5	P11	3	2	3	0,6667 (0,3143)	0,003195 (0,003012)	0,00000 (1,000)	1,60944 (0,701)
COI	5	P12	27	15	12	0,9259 (0,0318)	0,004508 (0,002747)	-0,39957 (0,385)	-8,21243 (0,000)
CYTB	1	P1	13	6	26	0,7179 (0,1279)	0,006996 (0,004050)	-1,52839 (0,055)	1,52552 (0,774)
CYTB	1	P2	27	9	14	0,6895 (0,0961)	0,002678 (0,001778)	-1,73148 (0,027)	-2,88999 (0,043)
CYTB	1	P3	29	10	44	0,5320 (0,1133)	0,004563 (0,002661)	-2,55074 (0,0001)	-0,93325 (0,355)
CYTB	1	P4	8	2	1	0,2500 (0,1802)	0,000323 (0,000458)	-1,05482 (0,215)	-0,18197 (0,204)
CYTB	1	P5	30	21	6	0,9609 (0,0218)	0,001246 (0,001007)	-1,23366 (0,101)	-2,11162 (0,068)
CYTB	1	P6	30	24	14	0,9770 (0,0172)	0,001900 (0,001318)	-1,94995 (0,010)	-3,47533 (0,017)
CYTB	1	P7	28	23	12	0,9788 (0,0183)	0,001858 (0,001299)	-1,76920 (0,019)	-6,48408 (0,0002)
CYTB	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	-2,11727 (0,004)	-0,81302 (0,372)
CYTB	2	P1	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,000880 (0,001244)	NA	NA

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	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	16	11	15	0,9083 (0,0633)	0,001841 (0,001215)	-2,10476 (0,004)	-7,29465 (0,0001)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000440 (0,000546)	-0,61237 (0,380)	0,17185 (0,337)
CYTB	2	P6	22	11	15	0,7143 (0,1080)	0,001273 (0,000898)	-2,33864 (0,0005)	-7,59503 (<0,0001)
CYTB	2	P7	5	4	33	0,9000 (0,1610)	0,011961 (0,007597)	-1,05954 (0,121)	2,11274 (0,780)
CYTB	2	P8	26	15	46	0,8800 (0,0577)	0,004894 (0,002706)	-2,05116 (0,007)	-3,63070 (0,068)
CYTB	3	P1B	4	4	54	1,0000 (0,1768)	0,028436 (0,018957)	0,19289 (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)	-0,63029 (0,223)
CYTB	3	P5	15	7	24	0,6571 (0,1384)	0,004745 (0,002717)	-1,11952 (0,131)	0,96298 (0,687)
CYTB	3	P6	25	13	41	0,9200 (0,0347)	0,005480 (0,003018)	-1,74795 (0,026)	-1,76675 (0,225)
CYTB	3	P7	23	13	45	0,8893 (0,0510)	0,007455 (0,004050)	-1,63385 (0,036)	-1,42516 (0,28160)
CYTB	3	P8B	2	2	4	1,0000 (0,5000)	0,003820 (0,004271)	0,00000 (1,00)	1,38629 (0,481)
CYTB	3	P9	8	7	21	0,9643 (0,0772)	0,011154 (0,006466)	1,96148 (0,993)	-0,25488 (0,364)
CYTB	3	P10	22	15	26	0,9437 (0,0359)	0,005747 (0,003195)	-0,77169 (0,236)	-4,79218 (0,024)
CYTB	4	P1B	8	7	30	0,9643 (0,0772)	0,010391 (0,006001)	0,16416 (0,585)	-0,12977 (0,381)
CYTB	4	P2	1	1	NA	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
CYTB	4	P3	4	4	9	1,0000 (0,1768)	0,004501 (0,003287)	0,52223 (0,741)	-0,48049 (0,204)
CYTB	4	P4	11	7	31	0,8727 (0,0891)	0,007127 (0,004042)	-1,05336 (0,150)	0,87020 (0,653)
CYTB	4	P5	14	9	14	0,9231 (0,0500)	0,004658 (0,002713)	0,42851 (0,696)	-1,48977 (0,214)
CYTB	4	P6	24	16	47	0,9457 (0,0313)	0,011396 (0,006012)	-0,73364 (0,251)	-2,13178 (0,198)
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	1	60	0,9869 (0,0229)	0,012266 (0,006450)	-0,74076 (0,244)	-3,70764 (0,058)
CYTB	5	P5	16	1	44	0,9667 (0,0357)	0,008153 (0,004426)	-1,21631 (0,105)	-2,81362 (0,095)
CYTB	5	P6	19	1	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	1	42	0,9684 (0,0254)	0,006417 (0,003493)	-1,45641 (0,061)	-4,13467 (0,040)
CYTB	5	P11	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	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
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

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	P7	30	2	1	NA	0,000066 (0,000215)	NA	NA
Myh6	3	P8B	4	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	15	4	3	NA	0,001197 (0,001091)	NA	NA
Myh6	3	P10	31	3	2	NA	0,000128 (0,000303)	NA	NA
Myh6	4	P1B	8	3	2	NA	0,000497 (0,000660)	NA	NA
Myh6	4	P2	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	8	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P4	11	2	3	NA	0,000542 (0,000682)	NA	NA
Myh6	4	P5	14	3	3	NA	0,000426 (0,000589)	NA	NA
Myh6	4	P6	24	8	6	NA	0,000577 (0,000691)	NA	NA
Myh6	4	P7	25	6	6	NA	0,000553 (0,000673)	NA	NA
Myh6	4	P8B	17	3	11	NA	0,001286 (0,001138)	NA	NA
Myh6	4	P9	11	5	4	NA	0,000724 (0,000809)	NA	NA
Myh6	4	P10	25	6	8	NA	0,000636 (0,000730)	NA	NA
Myh6	5	P1B	5	2	1	NA	0,000398 (0,000606)	NA	NA
Myh6	5	P2	11	3	2	NA	0,000362 (0,000544)	NA	NA
Myh6	5	P3	18	4	3	NA	0,000626 (0,000729)	NA	NA
Myh6	5	P4	26	9	28	NA	0,002368 (0,001712)	NA	NA
Myh6	5	P5	22	7	6	NA	0,000933 (0,000922)	NA	NA
Myh6	5	P6	27	10	29	NA	0,002823 (0,001946)	NA	NA
Myh6	5	P7	5	3	17	NA	0,011731 (0,006922)	NA	NA
Myh6	5	P8B	12	2	2	NA	0,000332 (0,000516)	NA	NA
Myh6	5	P10	26	10	17	NA	0,001618 (0,001310)	NA	NA
Myh6	5	P11	4	2	5	NA	0,002490 (0,001993)	NA	NA
Myh6	5	P12	27	8	7	NA	0,001268 (0,001116)	NA	NA
Glyt	1	P1B	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	P1B	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

Astyanax lacustris

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	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P6	19	16	20	NA	0,003155 (0,001922)	NA	NA
Glyt	2	P7	8	9	23	NA	0,010533 (0,005741)	NA	NA
Glyt	2	P8	22	17	14	NA	0,003179 (0,001915)	NA	NA
Glyt	3	P1B	2	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	6	6	6	NA	0,001632 (0,001214)	NA	NA
Glyt	3	P3	5	5	4	NA	0,001893 (0,001383)	NA	NA
Glyt	3	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P6	9	8	8	NA	0,002052 (0,001400)	NA	NA
Glyt	3	P7	12	13	14	NA	0,002367 (0,001541)	NA	NA
Glyt	3	P8B	2	3	2	NA	0,001381 (0,001311)	NA	NA
Glyt	3	P9	7	7	4	NA	0,002003 (0,001398)	NA	NA
Glyt	3	P10	23	12	10	NA	0,001132 (0,000875)	NA	NA
Glyt	4	P1B	8	9	9	NA	0,003258 (0,002040)	NA	NA
Glyt	4	P2	1	2	5	NA	0,005924 (0,006490)	NA	NA
Glyt	4	P3	4	7	11	NA	0,004570 (0,002922)	NA	NA
Glyt	4	P4	11	10	11	NA	0,003411 (0,002079)	NA	NA
Glyt	4	P5	14	7	8	NA	0,001495 (0,001082)	NA	NA
Glyt	4	P6	25	23	32	NA	0,007231 (0,003963)	NA	NA
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	4	7	7	NA	0,003717 (0,002520)	NA	NA
Glyt	5	P2	11	16	11	NA	0,003744 (0,002314)	NA	NA
Glyt	5	P3	17	22	20	NA	0,007861 (0,004417)	NA	NA
Glyt	5	P4	25	30	19	NA	0,003736 (0,002248)	NA	NA
Glyt	5	P5	21	24	25	NA	0,007330 (0,004018)	NA	NA
Glyt	5	P6	25	32	34	NA	0,006264 (0,003485)	NA	NA
Glyt	5	P7	5	8	5	NA	0,002440 (0,001684)	NA	NA
Glyt	5	P8B	10	12	10	NA	0,003390 (0,002145)	NA	NA
Glyt	5	P10	28	32	19	NA	0,004922 (0,002953)	NA	NA
Glyt	5	P11	8	6	6	NA	0,003258 (0,002368)	NA	NA
Glyt	5	P12	27	26	25	NA	0,005872 (0,003289)	NA	NA

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

Para a espécie de Lambari *Astyanax lacustris* (Tabela 17), os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e por período amostral (ano), sendo semelhantes àqueles encontrados com os dados de microssatélites, porém, a diversidade foi maior nos genes mitocondriais, superando os marcadores microssatélites. Considerando ambos os marcadores, foi observada uma flutuação no número de haplótipos, que apresentou uma diminuição no Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) e um aumento no Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021), continuando no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) e se mantendo no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023). Essa variação no Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) pode estar relacionada à deficiência da coleta nesse ano. Também se observa incremento na diversidade haplotípica a partir do Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021), que se mantém 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 (outubro de 2020 a setembro de 2021). Esses resultados eram esperados, uma vez que esses genes têm uma taxa de mutação mais lenta em comparação com os genes mitocondriais.

Tabela 18: 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 5. 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)	-1,61101 (0,044)	-0,09796 (0,465)
COI	1	P3	30	13	22	0,8184 (0,0614)	0,006075 (0,003516)	-1,18209 (0,116)	-3,11667 (0,085)
COI	1	P4	29	10	24	0,7438 (0,0759)	0,006841 (0,003900)	-1,14406 (0,127)	-0,34352 (0,466)
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	27	10	24	0,8291 (0,0562)	0,009462 (0,005207)	-0,28077 (0,437)	0,62689 (0,642)
COI	1	P8	18	9	23	0,8693 (0,0610)	0,009368 (0,005267)	-0,59020 (0,304)	-0,01279 (0,518)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	30	14	32	0,8759 (0,0495)	0,012843 (0,006844)	-0,12676 (0,500)	-0,53345 (0,437)
COI	2	P4	28	14	28	0,8439 (0,0650)	0,012107 (0,006501)	0,07789 (0,598)	-1,07718 (0,350)
COI	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	5	4	18	0,9000 (0,1610)	0,013839 (0,009034)	-0,20459 (0,485)	1,31990 (0,673)
COI	2	P8	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
COI	3	P2	24	15	30	0,9094 (0,0477)	0,009635 (0,005257)	-0,67728 (0,270)	-3,27427 (0,090)
COI	3	P3	24	12	29	0,8877 (0,0458)	0,010541 (0,005706)	-0,26917 (0,434)	-0,40660 (0,452)
COI	3	P4	32	16	30	0,8911 (0,0399)	0,008616 (0,004699)	-0,74621 (0,253)	-2,97781 (0,134)
COI	3	P7	22	15	25	0,9524 (0,0291)	0,011810 (0,006360)	0,67392 (0,795)	-2,92587 (0,106)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,005155 (0,005952)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,431)
COI	4	P3	13	8	18	0,9231 (0,0500)	0,007723 (0,004570)	-0,96070 (0,173)	-1,01559 (0,279)
COI	4	P4	12	9	22	0,9394 (0,0577)	0,012700 (0,007196)	0,05687 (0,561)	-1,09103 (0,266)
COI	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	3	3	7	1,0000 (0,2722)	0,008018 (0,006701)	0,00000 (1,000)	0,30830 (0,381)
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	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,00000)	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	P2	9	7	8	0,9444 (0,0702)	0,004710 (0,003124)	-0,34120 (0,39410)	-2,82779 (0,023)
COI	5	P3	26	17	40	0,9415 (0,0295)	0,010859 (0,005928)	-1,50072 (0,04800)	-5,08536 (0,027)
COI	5	P4	26	16	25	0,9262 (0,0349)	0,009813 (0,005433)	-0,58985 (0,31110)	-4,80026 (0,027)
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	7	5	8	0,9048 (0,1033)	0,006229 (0,004108)	0,56910 (0,71680)	-0,33311 (0,344)
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	11	6	35	0,7273 (0,1444)	0,012496 (0,007122)	-1,66973 (0,033)	1,86358 (0,812)
CYTB	1	P3	29	10	29	0,6552 (0,0982)	0,006003 (0,003438)	-1,65721 (0,030)	-0,47027 (0,445)
CYTB	1	P4	27	10	39	0,6496 (0,1029)	0,009034 (0,004858)	-1,02730 (0,152)	1,59030 (0,773)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	26	8	43	0,8092 (0,0571)	0,014312 (0,007507)	-0,24269 (0,454)	5,40379 (0,968)
CYTB	1	P8	18	8	55	0,7516 (0,1031)	0,012975 (0,006878)	-0,97397 (0,168)	3,79307 (0,935)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	29	18	77	0,9532 (0,0211)	0,015298 (0,007792)	-0,43037 (0,373)	-0,06583 (0,514)
CYTB	2	P4	28	27	98	0,9974 (0,0104)	0,017430 (0,008847)	-0,80236 (0,220)	-10,67660 (0,001)
CYTB	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	5	5	29	1,0000 (0,1265)	0,010378 (0,006637)	-1,13302 (0,080)	-0,12265 (0,290)
CYTB	2	P8	18	17	77	0,9935 (0,0210)	0,016728 (0,008694)	-0,62798 (0,288)	-4,10053 (0,040)
CYTB	3	P2	28	20	66	0,9497 (0,0301)	0,010687 (0,005543)	-1,08200 (0,132)	-3,54463 (0,102)
CYTB	3	P3	27	16	68	0,9259 (0,0311)	0,011127 (0,005768)	-1,09701 (0,135)	-0,48207 (0,445)
CYTB	3	P4	34	16	59	0,8877 (0,0324)	0,009156 (0,004760)	-1,02523 (0,149)	-0,01922 (0,534)
CYTB	3	P7	30	17	46	0,8966 (0,0442)	0,010730 (0,005575)	-0,11018 (0,516)	-0,97448 (0,375)

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)
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)	0,95538 (0,000)
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,00000)	NA
CYTB	5	P2	13	13	12	1,0000 (0,0302)	0,003774 (0,002366)	-0,91537 (0,18880)	-12,92416 (0,000)
CYTB	5	P3	26	23	91	0,9815 (0,0205)	0,017986 (0,009226)	-1,23600 (0,08660)	-6,66519 (0,015)
CYTB	5	P4	29	24	65	0,9631 (0,0285)	0,014379 (0,007423)	-0,82695 (0,21280)	-7,57469 (0,010)
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	13	13	45	1,0000 (0,0302)	0,016340 (0,008796)	0,09831 (0,58790)	-4,18771 (0,023)
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
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

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	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
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	2	32	NA	0,023420 (0,012373)	NA	NA
Myh6	5	P4	24	3	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	14	1	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
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

Deuterodon cf. intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	1	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
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
Glyt	5	P2	1	2	1	NA	0,001618 (0,002288)	NA	NA
Glyt	5	P3	15	25	20	NA	0,004929 (0,002992)	NA	NA
Glyt	5	P4	23	35	29	NA	0,006494 (0,003713)	NA	NA
Glyt	5	P5	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	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P7	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P8B	9	15	14	NA	0,006189 (0,003717)	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 $p = 0,05$.

Para *Deuterodon cf. intermedius*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (anos). 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 18). 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 19: 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 5. 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)	-2,37727 (0,0004)	1,70498 (0,803)
COI	1	P5	28	3	5	0,2619 (0,1022)	0,001043 (0,000887)	-1,18206 (0,120)	0,82655 (0,661)
COI	1	P6	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,133)	-1,21145 (0,054)
COI	1	P7	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,137)	-1,21145 (0,052)
COI	1	P8	21	3	37	0,4000 (0,1144)	0,019855 (0,010357)	1,44050 (0,950)	17,16043 (1,000)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	6	41	0,4138 (0,1109)	0,007758 (0,004272)	-1,73372 (0,020)	4,61381 (0,952)
COI	2	P3	29	4	40	0,6675 (0,0673)	0,011866 (0,006295)	-0,65347 (0,280)	11,53169 (0,999)
COI	2	P4	29	5	39	0,6527 (0,0783)	0,010723 (0,005735)	-0,87535 (0,197)	8,41194 (0,991)
COI	2	P5	28	4	4	0,3730 (0,1065)	0,001250 (0,001004)	-0,36729 (0,396)	0,03899 (0,482)
COI	2	P6	29	2	36	0,0690 (0,0632)	0,003512 (0,002173)	-2,68454 (<0,00001)	7,23953 (0,992)
COI	2	P7	21	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P2	13	5	6	0,7051 (0,1220)	0,001782 (0,001372)	-1,44003 (0,074)	-1,34375 (0,109)
COI	3	P3	29	6	39	0,4754 (0,1110)	0,012107 (0,006446)	-0,71384 (0,254)	7,07079 (0,985)
COI	3	P4	7	5	41	0,8571 (0,1371)	0,027190 (0,015781)	0,43521 (0,688)	2,94450 (0,892)
COI	3	P5	30	2	3	0,1287 (0,0792)	0,000583 (0,000629)	-1,15311 (0,108)	1,15421 (0,587)
COI	3	P6	30	3	38	0,2460 (0,0978)	0,010508 (0,005654)	-1,00901 (0,162)	12,51635 (0,999)
COI	3	P7	25	10	42	0,8433 (0,0566)	0,016959 (0,008877)	0,03558 (0,584)	3,19012 (0,900)
COI	3	P9	10	3	4	0,6000 (0,1305)	0,002920 (0,002044)	1,41032 (0,925)	1,89868 (0,847)
COI	3	P10	22	11	42	0,8658 (0,0519)	0,025049 (0,012969)	1,42156 (0,948)	3,00050 (0,891)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	2	1	0	NA	NA	NA	NA
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)

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	4	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
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)	-2,54044 (0,000)	2,69577 (0,899)
COI	5	P7	15	3	4	0,4571 (0,1406)	0,002196 (0,001759)	-0,62465 (0,286)	0,90677 (0,677)
COI	5	P8B	3	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)	-1,72229 (0,001)	9,24076 (0,999)
COI	5	P11	1	1	0	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)	-2,30691 (0,0005)	0,88475 (0,713)
CYTB	1	P3	27	9	96	0,6866 (0,0952)	0,014432 (0,007389)	-1,31801 (0,076)	7,65095 (0,990)
CYTB	1	P4	30	9	85	0,6713 (0,0916)	0,007276 (0,003882)	-2,43763 (0,0002)	4,19334 (0,938)
CYTB	1	P5	28	6	18	0,4365 (0,1129)	0,003052 (0,001799)	-0,98554 (0,170)	4,49413 (0,957)
CYTB	1	P6	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000464 (0,000509)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,562)
CYTB	1	P7	30	4	3	0,3034 (0,1041)	0,000280 (0,000326)	-1,36029 (0,064)	-2,24295 (0,021)
CYTB	1	P8	20	4	74	0,4895 (0,1167)	0,028654 (0,014612)	1,60830 (0,967)	21,65217 (1,000)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	10	95	0,6414 (0,0995)	0,012797 (0,006559)	-1,49432 (0,044)	6,20024 (0,972)
CYTB	2	P3	29	9	96	0,7857 (0,0602)	0,019421 (0,009808)	-0,36180 (0,410)	11,38231 (0,998)
CYTB	2	P4	29	8	90	0,7537 (0,0648)	0,015755 (0,008015)	-0,82857 (0,213)	11,01082 (0,997)
CYTB	2	P5	28	9	19	0,6296 (0,1022)	0,003365 (0,001941)	-0,75294 (0,251)	0,01062 (0,540)
CYTB	2	P6	29	3	84	0,3054 (0,1006)	0,005479 (0,002981)	-2,70687 (<0,00001)	11,27912 (0,998)
CYTB	2	P7	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	13	7	29	0,7949 (0,1091)	0,004905 (0,002807)	-1,53123 (0,057)	0,79248 (0,659)
CYTB	3	P3	28	15	95	0,8889 (0,0497)	0,022982 (0,011577)	0,12256 (0,613)	3,60922 (0,917)
CYTB	3	P4	7	7	88	1,0000 (0,0764)	0,031938 (0,018163)	0,59317 (0,759)	0,42314 (0,361)

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)
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)	-1,46690 (0,018)	5,30432 (0,983)
CYTB	4	P9	20	8	29	0,7421 (0,0961)	0,007717 (0,004136)	0,50842 (0,737)	3,10735 (0,905)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	6	3	16	0,6000 (0,2152)	0,004456 (0,002890)	-1,47739 (0,014)	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	2	86	0,9967 (0,0125)	0,011667 (0,006067)	-1,74516 (0,024)	-12,30940 (0,000)
CYTB	5	P7	14	1	70	0,9560 (0,0447)	0,014403 (0,007671)	-1,14535 (0,116)	-0,09557 (0,456)
CYTB	5	P8B	3	3	2	1,0000 (0,2722)	0,001177 (0,001209)	0,00000 (1,000)	-1,21640 (0,067)
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

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Individuos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	1	P8	17	15	52	NA	0,024069 (0,012310)	NA	NA
Myh6	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P2	1	2	29	NA	0,048986 (0,049824)	NA	NA
Myh6	2	P3	14	11	33	NA	0,022719 (0,011722)	NA	NA
Myh6	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	2	P5	17	16	45	NA	0,017774 (0,009236)	NA	NA
Myh6	2	P6	24	25	60	NA	0,026656 (0,013435)	NA	NA
Myh6	2	P7	5	8	39	NA	0,022487 (0,012518)	NA	NA
Myh6	2	P8B	2	2	1	NA	0,001689 (0,002389)	NA	NA
Myh6	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P2	8	13	40	NA	0,029103 (0,015310)	NA	NA
Myh6	3	P3	15	22	59	NA	0,032885 (0,016664)	NA	NA
Myh6	3	P4	3	5	39	NA	0,033673 (0,020117)	NA	NA
Myh6	3	P5	14	13	58	NA	0,029222 (0,014913)	NA	NA
Myh6	3	P6	13	14	62	NA	0,034389 (0,017506)	NA	NA
Myh6	3	P7	21	21	58	NA	0,031259 (0,015714)	NA	NA
Myh6	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P9	5	9	37	NA	0,021171 (0,011816)	NA	NA
Myh6	3	P10	11	15	52	NA	0,034186 (0,017527)	NA	NA
Myh6	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P3	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Myh6	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P5	4	4	11	NA	0,011523 (0,008207)	NA	NA
Myh6	4	P6	2	3	33	NA	0,046257 (0,031077)	NA	NA
Myh6	4	P7	5	5	15	NA	0,009743 (0,005760)	NA	NA
Myh6	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	4	P9	2	3	15	NA	0,016582 (0,011518)	NA	NA
Myh6	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	1	20	NA	0,007405 (0,004669)	NA	NA
Myh6	5	P7	15	1	27	NA	0,032542 (0,017185)	NA	NA
Myh6	5	P8B	4	7	15	NA	0,023985 (0,014462)	NA	NA
Myh6	5	P10	7	5	16	NA	0,015053 (0,008875)	NA	NA
Myh6	5	P11	1	2	1	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

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Individuos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	1	P8	25	10	18	NA	0,005614 (0,003108)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	2	P3	16	6	19	NA	0,004516 (0,002603)	NA	NA
Glyt	2	P4	1	2	3	NA	0,003632 (0,004194)	NA	NA
Glyt	2	P5	27	6	5	NA	0,000267 (0,000358)	NA	NA
Glyt	2	P6	29	8	7	NA	0,001014 (0,000812)	NA	NA
Glyt	2	P7	4	8	36	NA	0,018658 (0,010644)	NA	NA
Glyt	2	P8B	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P2	13	8	7	NA	0,001328 (0,001002)	NA	NA
Glyt	3	P3	28	11	10	NA	0,000832 (0,000725)	NA	NA
Glyt	3	P4	7	2	1	NA	0,000173 (0,000297)	NA	NA
Glyt	3	P5	30	7	16	NA	0,000685 (0,000628)	NA	NA
Glyt	3	P6	30	13	12	NA	0,000899 (0,000761)	NA	NA
Glyt	3	P7	29	17	22	NA	0,006949 (0,003750)	NA	NA
Glyt	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P9	10	4	3	NA	0,001115 (0,000897)	NA	NA
Glyt	3	P10	25	21	42	NA	0,011214 (0,005841)	NA	NA
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	1	8	NA	0,001889 (0,001272)	NA	NA
Glyt	5	P7	13	1	11	NA	0,002250 (0,001483)	NA	NA
Glyt	5	P8B	3	3	4	NA	0,002260 (0,001726)	NA	NA
Glyt	5	P10	7	4	7	NA	0,001716 (0,001251)	NA	NA
Glyt	5	P11	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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

No caso da espécie Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, os haplótipos dos genes *COI* e *CYTB* mostram valores elevados a partir dos resultados do Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021) (Tabela 19). A comparação do número de haplótipos entre os 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 também 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 20: 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 5. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	3	2	3	0,6667 (0,3143)	0,002825 (0,002663)	NA	NA
COI	1	P3	10	3	5	0,3778 (0,1813)	0,001412 (0,001170)	-1,74110 (0,015)	0,47727 (0,568)
COI	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	17	3	2	0,2279 (0,1295)	0,000332 (0,000452)	-1,50358 (0,055)	-1,68032 (0,013)
COI	1	P6	30	5	7	0,5655 (0,0736)	0,002425 (0,001626)	-0,13692 (0,490)	0,79829 (0,690)
COI	1	P7	11	5	6	0,6182 (0,1643)	0,001541 (0,001232)	-1,85059 (0,012)	-1,84413 (0,034)
COI	1	P8	8	5	14	0,7857 (0,1508)	0,006434 (0,004170)	-1,79124 (0,008)	1,34381 (0,760)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	5	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	8	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	11	2	3	0,3273 (0,1533)	0,001389 (0,001145)	-0,14180 (0,413)	2,26201 (0,840)
COI	2	P7	8	3	4	0,6786 (0,1220)	0,001819 (0,001445)	-0,72673 (0,290)	0,67071 (0,601)
COI	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P2	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P3	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P4	2	2	4	1,0000 (0,5000)	0,005731 (0,006407)	0,00000 (1,000)	1,38629 (0,475)
COI	3	P5	5	2	1	0,4000 (0,2373)	0,000573 (0,000729)	-0,81650 (0,301)	0,09021 (0,299)
COI	3	P6	13	2	2	0,1538 (0,1261)	0,000441 (0,000545)	-1,46801 (0,064)	0,36198 (0,343)
COI	3	P9	3	2	2	0,6667 (0,3143)	0,001910 (0,001963)	0,00000 (1,000)	1,06087 (0,602)
COI	3	P10	5	3	2	0,7000 (0,2184)	0,001146 (0,001141)	-0,97256 (0,101)	-0,82920 (0,085)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	11	5	3	0,7636 (0,1066)	0,001711 (0,001396)	-0,02028 (0,493)	-2,01815 (0,022)
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

<i>Hoplias malabaricus</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	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,003356 (0,004110)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,376)
COI	5	P2	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,001647 (0,002330)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,252)
COI	5	P3	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,001629 (0,002303)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,245)
COI	5	P4	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	5	P5	5	4	5	0,9000 (0,1610)	0,003273 (0,002570)	-1,12397 (0,070)	-1,01160 (0,119)
COI	5	P6	11	4	3	0,7455 (0,0978)	0,001718 (0,001387)	0,10123 (0,623)	-0,62653 (0,225)
COI	5	P7	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P10	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	4	4	4	1,0000 (0,1768)	0,003257 (0,002732)	-0,78012 (0,193)	-1,87180 (0,027)
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
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	5	4	5	0,9000 (0,1610)	0,001753 (0,001376)	-1,12397 (0,066)	-1,01160 (0,115)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	8	5	7	0,8571 (0,1083)	0,002285 (0,001553)	-0,16319 (0,461)	-0,58060 (0,284)
CYTB	2	P6	11	5	11	0,7091 (0,1366)	0,002263 (0,001480)	-1,34484 (0,094)	0,20081 (0,530)
CYTB	2	P7	8	4	9	0,6429 (0,1841)	0,001972 (0,001378)	-1,72322 (0,015)	0,39513 (0,574)
CYTB	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P3	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P4	2	2	9	1,0000 (0,5000)	0,008174 (0,008617)	0,00000 (1,000)	2,19722 (0,542)

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

<i>Hoplias malabaricus</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)
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
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	2	4	3	NA	0,002415 (0,002155)	NA	NA
Myh6	5	P2	2	3	4	NA	0,003757 (0,003062)	NA	NA
Myh6	5	P3	2	3	2	NA	0,001879 (0,001784)	NA	NA
Myh6	5	P4	3	5	13	NA	0,011021 (0,006987)	NA	NA
Myh6	5	P5	5	5	4	NA	0,002254 (0,001702)	NA	NA
Myh6	5	P6	11	5	4	NA	0,001431 (0,001160)	NA	NA
Myh6	5	P7	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Myh6	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Myh6	5	P10	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Myh6	5	P11	2	3	4	NA	0,004593 (0,003743)	NA	NA
Myh6	5	P12	4	3	3	NA	0,001495 (0,001303)	NA	NA
Glyt	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P2	3	2	2	NA	0,001294 (0,001137)	NA	NA
Glyt	1	P3	10	7	10	NA	0,004388 (0,002593)	NA	NA
Glyt	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	1	P5	17	6	6	NA	0,001276 (0,000966)	NA	NA
Glyt	1	P6	34	8	6	NA	0,001149 (0,000884)	NA	NA
Glyt	1	P7	12	8	14	NA	0,004212 (0,002482)	NA	NA
Glyt	1	P8	9	9	15	NA	0,008218 (0,004542)	NA	NA
Glyt	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P3	3	3	14	NA	0,008819(0,005560)	NA	NA
Glyt	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P5	7	3	5	NA	0,002027 (0,001419)	NA	NA
Glyt	2	P6	6	3	3	NA	0,001379 (0,001081)	NA	NA
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
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

<i>Hoplias malabaricus</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)
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	2	2	2	NA	0,001214 (0,001202)	NA	NA
Glyt	5	P2	2	3	3	NA	0,002608 (0,002227)	NA	NA
Glyt	5	P3	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P4	3	4	13	NA	0,009294 (0,005913)	NA	NA
Glyt	5	P5	5	6	2	NA	0,000570 (0,000649)	NA	NA
Glyt	5	P6	11	7	4	NA	0,000831 (0,000775)	NA	NA
Glyt	5	P7	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P10	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P11	2	3	2	NA	0,001416 (0,001345)	NA	NA
Glyt	5	P12	4	4	3	NA	0,001560 (0,001239)	NA	NA

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

Também para a Traíra *Hoplias malabaricus*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (ano) (Tabela 20). O número de haplótipos, de sítios polimórficos e a diversidade gênica de *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 (outubro de 2018 a setembro de 2019), quando 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 (outubro de 2019 a setembro de 2021), 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 21: 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 5. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado.

<i>Knodus moenkhausii</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	25	3	5	0,1567 (0,0957)	0,000658 (0,000663)	-1,85514 (0,010)	-0,19003 (0,343)
COI	1	P2	18	4	7	0,3137 (0,1376)	0,001911 (0,001632)	-2,09654 (0,004)	0,57109 (0,596)
COI	1	P3	20	3	2	0,1947 (0,1145)	0,000671 (0,000970)	-1,51284 (0,041)	-0,02545 (0,226)
COI	1	P4	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	30	3	4	0,1310 (0,0821)	0,000425 (0,000537)	-1,90117 (0,004)	-1,14218 (0,153)
COI	1	P8	26	6	8	0,3538 (0,1194)	0,001451 (0,001164)	-1,80126 (0,019)	-1,07915 (0,220)
COI	2	P1	7	2	2	0,2857 (0,1964)	0,000808 (0,000844)	-1,23716 (0,122)	0,85642 (0,600)
COI	2	P2	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000704 (0,000695)	-1,49719 (0,057)	-1,44517 (0,053)
COI	2	P3	32	5	11	0,3831 (0,1027)	0,001566 (0,001169)	-1,80933 (0,017)	-0,29113 (0,430)
COI	2	P4	30	7	8	0,6897 (0,0806)	0,001850 (0,001322)	-1,07006 (0,152)	-1,80888 (0,126)
COI	2	P5	28	2	2	0,3889 (0,0841)	0,001100 (0,000920)	1,07399 (0,864)	2,59380 (0,876)
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	18	2	2	0,4248 (0,0993)	0,001202 (0,000998)	1,12564 (0,863)	2,42347 (0,860)
COI	2	P8	22	7	8	0,5411 (0,1253)	0,001586 (0,001198)	-1,48310 (0,060)	-2,91502 (0,013)
COI	3	P1B	29	5	4	0,6379 (0,0569)	0,001068 (0,000900)	-0,66127 (0,290)	-1,39390 (0,121)
COI	3	P2	30	2	1	0,5149 (0,0268)	0,000725 (0,000700)	1,62104 (0,974)	1,69953 (0,758)
COI	3	P3	26	5	4	0,5477 (0,1005)	0,000880 (0,000795)	-1,07967 (0,165)	-2,03863 (0,047)
COI	3	P4	24	3	2	0,4891 (0,0843)	0,000771 (0,000733)	0,04732 (0,611)	0,08921 (0,414)
COI	3	P7	29	4	2	0,4557 (0,1006)	0,000805 (0,000748)	0,25259 (0,665)	-0,93494 (0,217)
COI	3	P8B	30	4	3	0,5517 (0,0837)	0,001263 (0,001007)	0,43288 (0,718)	0,13785 (0,529)
COI	4	P1B	28	7	5	0,7116 (0,0757)	0,001944 (0,001432)	-0,22694 (0,454)	-2,27570 (0,057)
COI	4	P2	31	7	5	0,8215 (0,0349)	0,002845 (0,001970)	0,47426 (0,713)	-1,37001 (0,208)
COI	4	P3	34	6	5	0,6168 (0,0798)	0,001817 (0,001421)	-0,60904 (0,309)	-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
COI	5	P1B	10	3	2	0,3778 (0,1813)	0,000914 (0,000919)	-0,69098 (0,231)	-0,59381 (0,118)
COI	5	P2	27	5	4	0,4929 (0,1075)	0,001303 (0,001085)	-0,62590 (0,307)	-1,35840 (0,130)
COI	5	P3	12	5	6	0,5758 (0,1634)	0,002213 (0,001646)	-1,16715 (0,134)	-1,10502 (0,153)
COI	5	P4	24	8	7	0,6087 (0,1118)	0,002197 (0,001567)	-0,85402 (0,217)	-3,18560 (0,015)

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	13	5	6	0,6282 (0,1431)	0,002359 (0,001688)	-0,70546 (0,271)	-0,65673 (0,277)
COI	5	P10	3	2	1	0,6667 (0,3143)	0,001070 (0,001335)	0,00000 (1,000)	0,20067 (0,390)
COI	5	P11	24	7	7	0,6522 (0,1030)	0,001947 (0,001384)	-0,82382 (0,238)	-2,02248 (0,093)
COI	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	20	2	3	0,1000 (0,0880)	0,000367 (0,000445)	-1,72331 (0,020)	0,54390 (0,395)
CYTB	1	P2	8	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	12	3	6	0,3182 (0,1637)	0,3182 (0,1637)	-1,37073 (0,097)	1,19717 (0,766)
CYTB	1	P4	20	2	1	0,1000 (0,0880)	0,000178 (0,000353)	-1,16439 (0,137)	-0,87930 (0,080)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	9	2	4	0,2222 (0,1662)	0,001120 (0,000973)	-1,60974 (0,035)	1,84369 (0,779)
CYTB	1	P8	5	2	2	0,4000 (0,2373)	0,001695 (0,001688)	-0,97256 (0,103)	1,04042 (0,626)
CYTB	2	P1	5	3	10	0,7000 (0,2184)	0,003439 (0,002412)	-1,19267 (0,045)	1,87180 (0,817)
CYTB	2	P2	23	13	36	0,8498 (0,0713)	0,005115 (0,002824)	-1,46677 (0,054)	-2,12929 (0,186)
CYTB	2	P3	32	17	56	0,8669 (0,0467)	0,004563 (0,002516)	-2,29262 (0,001)	-4,56451 (0,046)
CYTB	2	P4	28	17	50	0,8889 (0,0508)	0,005100 (0,002793)	-2,01469 (0,007)	-4,84698 (0,032)
CYTB	2	P5	27	15	30	0,8547 (0,0612)	0,003655 (0,002083)	-1,67225 (0,027)	-4,98515 (0,019)
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	18	6	7	0,6667 (0,1055)	0,002136 (0,001352)	0,74785 (0,793)	0,13638 (0,560)
CYTB	2	P8	17	9	29	0,8456 (0,0699)	0,003566 (0,002088)	-2,09976 (0,005)	-1,20485 (0,265)
CYTB	3	P1B	30	9	7	0,7080 (0,0866)	0,002556 (0,001558)	1,51218 (0,934)	-1,09441 (0,310)
CYTB	3	P2	30	8	8	0,7011 (0,0845)	0,002116 (0,001337)	0,28904 (0,662)	-0,94559 (0,333)
CYTB	3	P3	29	10	8	0,8547 (0,0390)	0,003017 (0,001790)	1,67694 (0,960)	-1,35787 (0,273)
CYTB	3	P4	25	9	7	0,7567 (0,0825)	0,002519 (0,001566)	1,06667 (0,864)	-1,78565 (0,176)
CYTB	3	P7	29	7	7	0,4754 (0,1112)	0,001447 (0,000997)	-0,45146 (0,365)	-1,38915 (0,197)
CYTB	3	P8B	30	6	7	0,7655 (0,0379)	0,002413 (0,001487)	1,26232 (0,907)	1,13767 (0,740)
CYTB	4	P1B	29	14	11	0,8276 (0,0684)	0,002333 (0,001449)	-0,41970 (0,381)	-7,09386 (0,000)
CYTB	4	P2	31	12	12	0,8688 (0,0445)	0,002693 (0,001632)	-0,27086 (0,44590)	-3,52944 (0,04830)
CYTB	4	P3	33	11	12	0,8883 (0,0265)	0,002147 (0,001354)	-0,81786 (0,232)	-3,44178 (0,040)
CYTB	4	P4	17	11	10	0,9118 (0,0561)	,003213 (0,001987)	-0,09357 (0,499)	-5,02996 (0,004)
CYTB	4	P5	7	5	8	0,8571 (0,1371)	0,003281 (0,002181)	0,26266 (0,615)	0,92756 (0,681)
CYTB	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P7	40	14	10	0,8705 (0,0360)	0,002270 (0,001402)	0,02640 (0,571)	-4,45480 (0,0205)

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	P8B	51	27	16	0,9490 (0,0165)	0,003454 (0,001976)	0,04619 (0,588)	-11,91665 (0,000)
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P11	4	3	2	0,8333 (0,2224)	0,000957 (0,000948)	-0,70990 (0,279)	-0,88730 (0,095)
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	10	6	8	0,7778 (0,1374)	0,002636 (0,001792)	-0,92403 (0,200)	-1,55869 (0,105)
CYTB	5	P2	29	13	9	0,8695 (0,0448)	0,002977 (0,001858)	0,10623 (0,594)	-5,89572 (0,002)
CYTB	5	P3	15	9	8	0,8476 (0,0878)	0,002885 (0,001860)	-0,09034 (0,493)	-3,69666 (0,011)
CYTB	5	P4	25	12	11	0,9000 (0,0357)	0,004287 (0,002511)	0,75239 (0,806)	-3,10890 (0,073)
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	13	9	10	0,9359 (0,0507)	0,004423 (0,002689)	0,55068 (0,737)	-2,78814 (0,053)
CYTB	5	P10	3	3	2	1,0000 (0,2722)	0,001415 (0,001454)	0,00000 (1,000)	-1,21640 (0,065)
CYTB	5	P11	24	10	11	0,8659 (0,0422)	0,003709 (0,002221)	0,21244 (0,632)	-1,93601 (0,168)
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
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

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	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P7	25	8	3	NA	0,000677 (0,000661)	NA	NA
Myh6	3	P8B	27	5	3	NA	0,000816 (0,000741)	NA	NA
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	10	16	24	NA	0,010297 (0,005618)	NA	NA
Myh6	5	P2	29	32	26	NA	0,013471 (0,006951)	NA	NA
Myh6	5	P3	13	17	22	NA	0,013729 (0,007237)	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
Myh6	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	14	17	22	NA	0,009348 (0,005063)	NA	NA
Myh6	5	P10	3	5	26	NA	0,013483 (0,008333)	NA	NA
Myh6	5	P11	23	28	26	NA	0,012103 (0,006322)	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

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	P2	23	7	3	NA	0,000715 (0,000645)	NA	NA
Glyt	2	P3	32	4	3	NA	0,000731 (0,000648)	NA	NA
Glyt	2	P4	27	6	5	NA	0,000817 (0,000699)	NA	NA
Glyt	2	P5	28	5	4	NA	0,000748 (0,000659)	NA	NA
Glyt	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	2	P7	18	4	2	NA	0,000854 (0,000726)	NA	NA
Glyt	2	P8B	23	5	3	NA	0,000618 (0,000586)	NA	NA
Glyt	3	P1B	30	6	2	NA	0,000463 (0,000488)	NA	NA
Glyt	3	P2	30	6	5	NA	0,000646 (0,000600)	NA	NA
Glyt	3	P3	26	5	3	NA	0,000492 (0,000507)	NA	NA
Glyt	3	P4	24	3	3	NA	0,000497 (0,000511)	NA	NA
Glyt	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P7	29	7	5	NA	0,000808 (0,000693)	NA	NA
Glyt	3	P8B	30	4	3	NA	0,000726 (0,000646)	NA	NA
Glyt	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P1B	24	14	24	NA	0,003386 (0,002270)	NA	NA
Glyt	4	P2	5	4	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P3	20	15	12	NA	0,002320 (0,001949)	NA	NA
Glyt	4	P4	8	4	2	NA	0,000527 (0,000603)	NA	NA
Glyt	4	P5	6	2	1	NA	0,000358 (0,000448)	NA	NA
Glyt	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P7	37	11	3	NA	0,000278 (0,000429)	NA	NA
Glyt	4	P8B	49	13	3	NA	0,000295 (0,000516)	NA	NA
Glyt	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	4	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P1B	10	9	5	NA	0,001702 (0,001269)	NA	NA
Glyt	5	P2	28	16	9	NA	0,001595 (0,001171)	NA	NA
Glyt	5	P3	15	11	7	NA	0,001611 (0,001199)	NA	NA
Glyt	5	P4	25	17	10	NA	0,001668 (0,001287)	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	13	8	8	NA	0,001740 (0,001274)	NA	NA
Glyt	5	P10	3	4	6	NA	0,002834 (0,002059)	NA	NA
Glyt	5	P11	24	13	8	NA	0,001344 (0,000985)	NA	NA

<i>Knodus moenkhausii</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	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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

Em relação à espécie de Lambari *Knodus moenkhausii*, os resultados apresentados na Tabela 21 foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (ano). O número de haplótipos e sítios polimórficos mostram aumentos progressivos no gene COI a partir do Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) 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 (outubro de 2019 a setembro de 2020). 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 *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 22: 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 5. 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 Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	-1,50906 (0,040)	-0,36471 (0,161)
COI	1	P2	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P3	30	2	3	0,0667 (0,0613)	0,000282 (0,000401)	-1,73178 (0,015)	0,13503 (0,265)
COI	1	P4	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000188 (0,000321)	-1,50738 (0,040)	-0,39563 (0,146)
COI	1	P7	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P8	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,135)	-1,21145 (0,054)
COI	2	P1	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	13	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	18	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P1B	35	2	1	0,1613 (0,0787)	0,000228 (0,000354)	0,000354 (0,265)	-0,09886 (0,220)
COI	3	P2	31	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P3	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P4	17	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P8B	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	3	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P1B	25	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	35	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	9	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P8B	35	2	1	0,0571 (0,0532)	0,000080 (0,000204)	-1,13552 (0,130)	-1,33911 (0,050)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	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)
COI	5	P2	6	3	2	0,7333 (0,1552)	0,001486 (0,001357)	0,31063 (0,674)	-0,30414 (0,219)
COI	5	P3	4	3	2	0,8333 (0,2224)	0,001548 (0,001534)	-0,70990 (0,281)	-0,88730 (0,094)
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	3	2	0,7000 (0,2184)	0,001127 (0,001122)	-0,97256 (0,092)	-0,82920 (0,089)
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)	-1,53686 (0,044)	-2,77674 (0,012)
CYTB	1	P8	29	5	3	0,5542 (0,0805)	0,000672 (0,000598)	-0,36888 (0,385)	-0,65854 (0,274)
CYTB	2	P1	21	2	1	0,3810 (0,1005)	0,000424 (0,000466)	0,65593 (0,841)	0,94374 (0,541)
CYTB	2	P2	30	3	2	0,4805 (0,0726)	0,000586 (0,000560)	0,08763 (0,627)	0,16514 (0,454)
CYTB	2	P3	33	5	5	0,4811 (0,0891)	0,000653 (0,000599)	-1,39415 (0,065)	-1,95001 (0,053)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	13	5	4	0,5385 (0,1611)	0,000827 (0,000734)	-1,43714 (0,090)	-2,53494 (0,004)
CYTB	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	18	2	1	0,1111 (0,0964)	0,000124 (0,000235)	-1,16467 (0,149)	-0,79427 (0,091)
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

<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	3	P4	15	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P8B	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P1B	23	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	33	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P5	9	3	2	0,4167 (0,1907)	0,000758 (0,000839)	-1,36240 (0,096)	-1,08110 (0,044)
CYTB	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P8B	26	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	16	2	1	0,1250 (0,1064)	0,000188 (0,000341)	-1,16221 (0,158)	-0,70010 (0,102)
CYTB	5	P2	30	3	2	0,2460 (0,0978)	0,000381 (0,000489)	-1,02235 (0,174)	-1,20646 (0,145)
CYTB	5	P3	30	3	2	0,2483 (0,0997)	0,000388 (0,000494)	-1,00369 (0,189)	-1,17405 (0,145)
CYTB	5	P4	30	3	2	0,1310 (0,0821)	0,000205 (0,000351)	-1,50738 (0,038)	-2,35488 (0,005)
CYTB	5	P5	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P6	6	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	21	5	4	0,3524 (0,1314)	0,000603 (0,000612)	-1,65358 (0,030)	-3,12692 (0,001)
CYTB	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	15	5	3	0,4762 (0,1545)	0,000960 (0,000892)	-0,94808 (0,222)	-2,75981 (0,000)
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

<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	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
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
Myh6	5	P1B	16	4	2	NA	0,000205 (0,000360)	NA	NA
Myh6	5	P2	25	11	17	NA	0,001158 (0,000998)	NA	NA
Myh6	5	P3	29	7	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Myh6	5	P4	28	11	3	NA	0,000785 (0,000768)	NA	NA
Myh6	5	P5	3	4	15	NA	0,008170 (0,005337)	NA	NA
Myh6	5	P6	6	6	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Myh6	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P8B	20	7	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)
Myh6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P12	14	7	21	NA	0,002954 (0,001956)	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
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
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

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P1B	16	14	2	NA	0,000763 (0,000722)	NA	NA
Glyt	5	P2	22	21	2	NA	0,000770 (0,000720)	NA	NA
Glyt	5	P3	26	15	2	NA	0,000629 (0,000631)	NA	NA
Glyt	5	P4	27	11	2	NA	0,000900 (0,000791)	NA	NA
Glyt	5	P5	3	3	15	NA	0,005780 (0,003776)	NA	NA
Glyt	5	P6	6	8	2	NA	0,000812 (0,000792)	NA	NA
Glyt	5	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P8B	18	16	2	NA	0,000857 (0,000774)	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	12	12	2	NA	0,000875 (0,000796)	NA	NA

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

Para a Corvina *Pachyurus adspersus*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e por período amostral (ano) (Tabela 22). 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 Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020), Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021) e Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) devido à baixa diversidade (todos os indivíduos com o mesmo haplótipo). Situação semelhante foi observada no Cytb para todos os pontos do Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021) e para alguns pontos do Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020). A estatística D de Tajima para COI do Ano 1 (outubro de 2018 a setembro de 2019) 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 *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 23: 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 5. 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)
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)	-1,76680 (0,015)	-1,53280 (0,107)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	23	5	7	0,3913 (0,1251)	0,001962 (0,001411)	-0,94767 (0,193)	-0,20464 (0,458)
COI	4	P4	31	7	8	0,5742 (0,0987)	0,002100 (0,001466)	-0,87150 (0,212)	-1,47630 (0,190)
COI	4	P5	36	3	4	0,1095 (0,0701)	0,000482 (0,000553)	-1,61912 (0,024)	-0,63829 (0,209)
COI	4	P6	31	8	5	0,8129 (0,0412)	0,003949 (0,002491)	2,09200 (0,984)	-0,87069 (0,352)
COI	4	P7	32	9	12	0,7198 (0,0735)	0,003791 (0,002323)	-0,44636 (0,367)	-1,09559 (0,312)
COI	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	31	6	6	0,4000 (0,1080)	0,001067 (0,000912)	-1,46881 (0,061)	-2,62169 (0,023)

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P3	30	10	8	0,8782 (0,0353)	0,006274 (0,003798)	1,14323 (0,884)	-1,75605 (0,197)
COI	5	P4	30	9	9	0,8575 (0,0328)	0,006986 (0,004121)	1,33578 (0,918)	-0,40411 (0,460)
COI	5	P5	36	5	5	0,6429 (0,0709)	0,002632 (0,001904)	0,03905 (0,564)	0,10976 (0,539)
COI	5	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	29	11	9	0,8596 (0,0404)	0,006634 (0,003972)	0,94771 (0,850)	-2,41969 (0,126)
COI	5	P8B	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,006224 (0,007187)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,442)
COI	5	P10	28	8	7	0,7751 (0,0530)	0,002907 (0,002065)	-0,74657 (0,255)	-2,86253 (0,033)
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)	-1,83094 (0,017)	1,99917 (0,801)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	13	33	0,8253 (0,0621)	0,006138 (0,003301)	-0,58187 (0,314)	-0,30802 (0,477)
CYTB	2	P3	30	15	34	0,9034 (0,0333)	0,008377 (0,004398)	0,41086 (0,719)	-0,36076 (0,479)
CYTB	2	P4	30	11	34	0,7678 (0,0740)	0,005707 (0,003090)	-0,88213 (0,201)	0,74459 (0,660)
CYTB	2	P5	30	7	20	0,3655 (0,1124)	0,001383 (0,000943)	-2,39591 (0,0006)	-1,19886 (0,257)
CYTB	2	P6	16	5	8	0,4500 (0,1507)	0,000972 (0,000750)	-1,94783 (0,011)	-1,16591 (0,140)
CYTB	2	P7	32	12	22	0,7419 (0,0793)	0,005191 (0,002830)	0,28923 (0,664)	-0,08077 (0,523)
CYTB	2	P8	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	3	3	15	1,0000 (0,2722)	0,009242 (0,007290)	0,00000 (1,000)	1,13943 (0,472)
CYTB	3	P2	5	5	24	1,0000 (0,1265)	0,009649 (0,006194)	-0,33558 (0,465)	-0,21314 (0,270)
CYTB	3	P3	28	18	25	0,9497 (0,0254)	0,007627 (0,004058)	1,00935 (0,879)	-3,84948 (0,078)
CYTB	3	P4	30	21	31	0,9724 (0,0154)	0,007996 (0,004228)	0,37151 (0,703)	-6,18483 (0,019)
CYTB	3	P5	30	12	19	0,8828 (0,0313)	0,005036 (0,002776)	0,46466 (0,727)	-0,62479 (0,435)

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	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)	-5,47609 (0,032)
CYTB	3	P10	30	19	32	0,9080 (0,0452)	0,005100 (0,002807)	-1,15278 (0,117)	-7,26134 (0,006)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	23	16	27	0,9447 (0,0341)	0,006815 (0,003714)	-2,25457 (0,442)	-4,55144 (0,037)
CYTB	4	P4	31	21	28	0,9656 (0,0174)	0,007161 (0,003838)	0,08870 (0,596)	-7,30199 (0,008)
CYTB	4	P5	36	16	24	0,8873 (0,0401)	0,004668 (0,002603)	-0,65832 (0,282)	-3,67831 (0,075)
CYTB	4	P6	31	15	22	0,9097 (0,0321)	0,005096 (0,002826)	-0,25767 (0,450)	-3,06737 (0,115)
CYTB	4	P7	33	25	26	0,9830 (0,0114)	0,007894 (0,004189)	0,81951 (0,834)	-11,48520 (0,000)
CYTB	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P10	31	23	22	0,9785 (0,0137)	0,005838 (0,003190)	0,21750 (0,655)	-12,68528 (0,000)
CYTB	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	30	20	35	0,9103 (0,0456)	0,008223 (0,004344)	-0,03526 (0,546)	-4,88871 (0,048)
CYTB	5	P4	30	24	35	0,9770 (0,0172)	0,009375 (0,004908)	0,47137 (0,739)	-9,26312 (0,003)
CYTB	5	P5	36	20	25	0,9476 (0,0204)	0,006707 (0,003614)	0,22673 (0,657)	-5,41792 (0,037)
CYTB	5	P6	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P7	29	25	35	0,9877 (0,0133)	0,009074 (0,004766)	0,30228 (0,677)	-12,33795 (0,000)
CYTB	5	P8B	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,001679 (0,002057)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,368)
CYTB	5	P10	28	22	29	0,9815 (0,0147)	0,005476 (0,003024)	-0,96786 (0,166)	-13,52954 (0,000)
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

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	2	P6	14	5	4	NA	0,001565 (0,001145)	NA	NA
Myh6	2	P7	28	11	31	NA	0,002951 (0,001824)	NA	NA
Myh6	2	P8	1	2	12	NA	0,015504 (0,016137)	NA	NA
Myh6	3	P1B	2	4	3	NA	0,002153 (0,001876)	NA	NA
Myh6	3	P2	5	6	5	NA	0,002268 (0,001622)	NA	NA
Myh6	3	P3	27	16	7	NA	0,002114 (0,001407)	NA	NA
Myh6	3	P4	30	11	9	NA	0,001840 (0,001264)	NA	NA
Myh6	3	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
Myh6	3	P6	2	2	3	NA	0,002584 (0,002168)	NA	NA
Myh6	3	P7	26	11	6	NA	0,001862 (0,001279)	NA	NA
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	1	2	3	NA	0,003881 (0,004481)	NA	NA
Myh6	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Myh6	5	P3	29	18	14	NA	0,003053 (0,001950)	NA	NA
Myh6	5	P4	30	23	9	NA	0,001908 (0,001382)	NA	NA
Myh6	5	P5	36	17	8	NA	0,000845 (0,000788)	NA	NA
Myh6	5	P6	1	2	3	NA	0,003881 (0,004481)	NA	NA
Myh6	5	P7	28	19	10	NA	0,002707 (0,001777)	NA	NA
Myh6	5	P8B	2	3	5	NA	0,003450 (0,002747)	NA	NA
Myh6	5	P10	27	13	6	NA	0,001203 (0,000994)	NA	NA
Myh6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	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	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

Poecilia vivipara

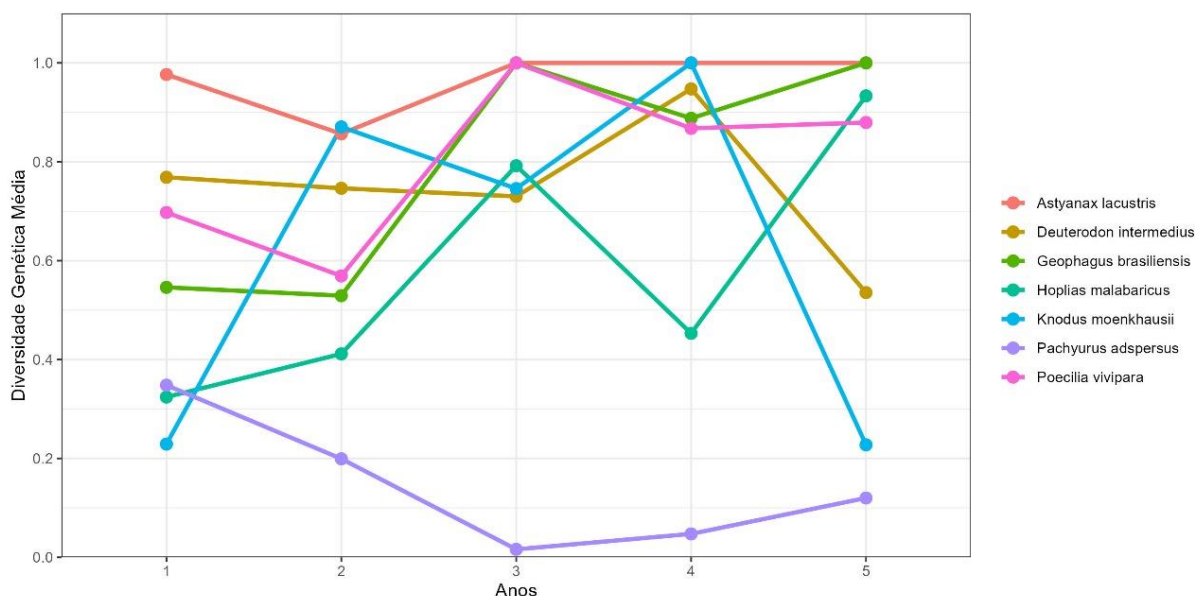
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
Glyt	2	P6	14	3	2	NA	0,000305 (0,000381)	NA	NA
Glyt	2	P7	28	3	2	NA	0,000642 (0,000588)	NA	NA
Glyt	2	P8	1	2	2	NA	0,002257 (0,002765)	NA	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
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	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Glyt	5	P3	30	8	6	NA	0,000909 (0,000793)	NA	NA
Glyt	5	P4	30	12	5	NA	0,001279 (0,000935)	NA	NA
Glyt	5	P5	36	10	9	NA	0,001084 (0,000829)	NA	NA
Glyt	5	P6	1	2	2	NA	0,002257 (0,002765)	NA	NA
Glyt	5	P7	29	9	5	NA	0,001200 (0,000894)	NA	NA
Glyt	5	P8B	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
Glyt	5	P10	28	5	3	NA	0,000864 (0,000713)	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 $p = 0,05$.

Poecilia vivipara, os resultados também foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (ano) (Tabela 23). O número de haplótipos para essa espécie, assim como o número de sítios polimórficos, 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, 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 cinco 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 têm uma taxa de evolução mais lenta.

3.15 TENDÊNCIAS DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA

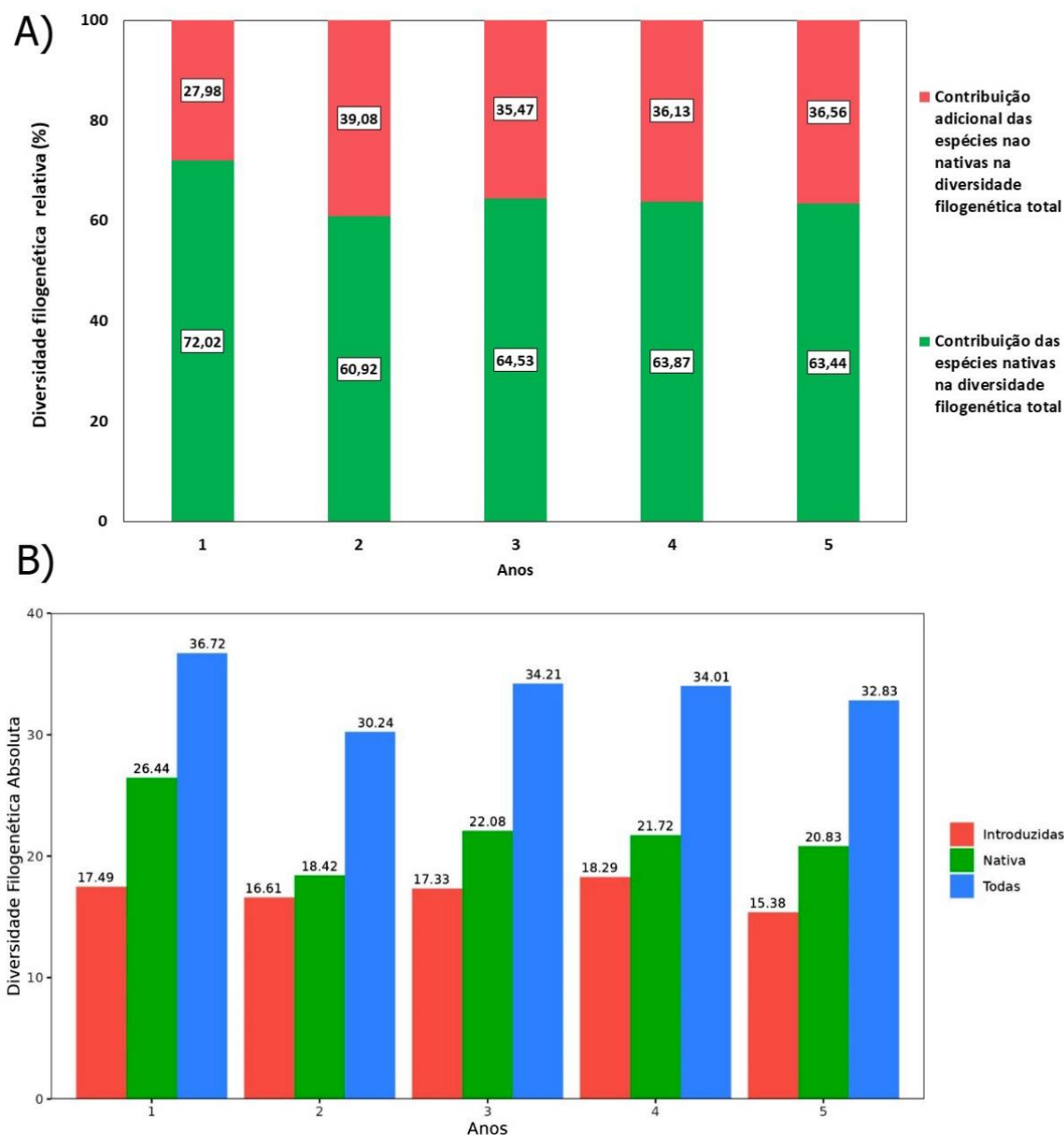
Figura 22: Variação da diversidade genética das sete espécies nativas analisadas ao longo dos cinco anos de monitoramento no Baixo Rio Doce.



A variação da diversidade genética média (Figura 22) mostrou que, no período entre o Ano 1 e o Ano 2 (outubro de 2018 a setembro de 2020), foi observada uma redução da diversidade genética em 5 das 7 espécies analisadas. Do Ano 2 para o Ano 3 (outubro de 2019 a setembro de 2021), houve um aumento dos índices de diversidade na maioria das espécies. No entanto, em *K. moenkhausii*, *P. adspersus* e *D. cf. intermedius* houve redução desses índices, com queda mais acentuada da diversidade em *K. moenkhausii* e *P. adspersus*, as quais se recuperaram no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022). Do Ano 3 para o Ano 4 (outubro de 2020 a setembro de 2022), somente as três espécies anteriormente mencionadas aumentaram seus índices de diversidade genética, e *A. lacustris* manteve os mesmos índices. *Geophagus aff. brasiliensis*, *H. malabaricus* e *P. vivipara*, após apresentarem altos níveis de diversidade genética no Ano 3 (outubro de 2020 a setembro de 2021), mostraram uma queda vertiginosa nesses índices no Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022). Do Ano 4 para o Ano 5 (outubro de 2021 a outubro de 2023), *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 acentuadas de suas diversidades. No entanto, a exemplo do Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020), quando o período de coleta foi reduzido, no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) vários pontos de coleta não tiveram amostras para as duas últimas espécies, e essa ausência de dados interferiu diretamente no cálculo correto da diversidade genética. Portanto, essa queda acentuada da diversidade nos Ano 2 (outubro de 2019 a setembro de 2020) e Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) pode estar diretamente relacionada às falhas na amostragem nesses dois anos.

3.16 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE

Figura 23: Comparação da diversidade filogenética (PD) absoluta e relativa estimadas para os anos de monitoramento do PMBA/Fest. Barras verdes indicam a diversidade filogenética das espécies nativas enquanto que as barras vermelhas mostram a diversidade filogenética de espécies introduzidas (exóticas). Barras azuis mostram a diversidade filogenética (PD) total, incluindo espécies nativas e exóticas.

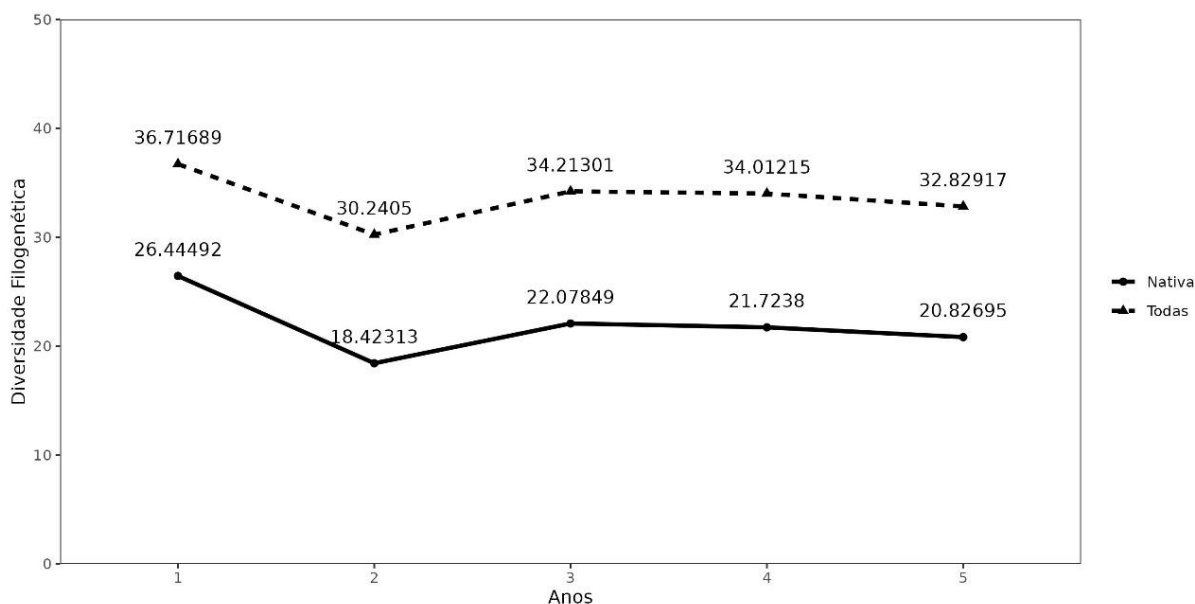


A diversidade filogenética reflete a história evolutiva de todas as espécies amostradas na área de estudo. A contribuição aditiva das espécies nativas e exóticas na diversidade filogenética total é mostrada na Figura 23A e as diversidades filogenéticas absolutas (das espécies introduzidas, nativas e total) são mostradas na Figura 23B. A diversidade filogenética relativa mostra que a ictiofauna amostrada total é composta por duas subcategorias: ictiofauna nativa e introduzida (ou exótica) e quanto dessa diversidade é composta por cada uma delas. É possível observar que, ao longo dos 5 anos, a ictiofauna apresenta uma tendência de queda nesse índice, sendo que as espécies nativas sofreram redução de

21,22% enquanto que a diversidade filogenética total sofreu redução de 10,60%, demonstrando a perda em ritmo mais acelerado da diversidade nativa. Porém essa diversidade é composta por espécies nativas e introduzidas (ou exóticas) e é possível observar que essa redução na diversidade filogenética total é explicada pela perda de espécies nativas, enquanto que as espécies introduzidas possuem amplitude de variação menor ao longo dos anos, o que impede o declínio desse índice nas mesmas proporções. Essa situação pode significar um aumento na representatividade das espécies introduzidas por competição ecológica ou ocupação de nichos deixados pelas espécies nativas em declínio. Essa análise demonstra a importância de considerar a decomposição da diversidade filogenética em índices de espécies nativas e introduzidas, eliminando erros interpretativos causados pela presença de espécies introduzidas. Portanto, esses resultados revelam que a ictiofauna nativa local está sofrendo pressões tanto de fenômenos físicos quanto biológicos sobre sua diversidade filogenética e todas essas variáveis são fatores fundamentais para ações de manejo e recuperação dos ambientes afetados.

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

Figura 24: 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 24 é possível acompanhar o decréscimo da diversidade filogenética dos peixes do rio Doce analisado nesse estudo. Considerando tanto a totalidade das espécies quanto somente 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 (outubro de 2018 a setembro de 2020). Essa redução possivelmente indica perda de linhagens nativas na localidade monitorada, e sua substituição pelas espécies introduzidas. Entre os Ano 3 e 4 (outubro de 2020 a setembro de 2022), observa-se uma variação muito menor, indicando uma tendência à estabilização da curva. No Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023), a diversidade filogenética diminui novamente, porém em um decréscimo mais suave que no Ano 2 outubro de 2019 a setembro de 2020).

INDICADORES ICTIOPLÂNCTON

3.18 DISTRIBUIÇÃO DE OVOS E LARVAS

Figura 25: Densidade de ovos por 10 m³ em cada estação de amostragem (A), densidade de larvas por 10 m³ em cada estação de amostragem (B), densidade de ovos por 10 m³ em cada classe de ambiente, Rio Doce e seus Tributários (C), densidade de larvas por classe de ambiente, Rio Doce e seus Tributários (D). P1 = Rio Doce (Montante de Mascarenhas), 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).

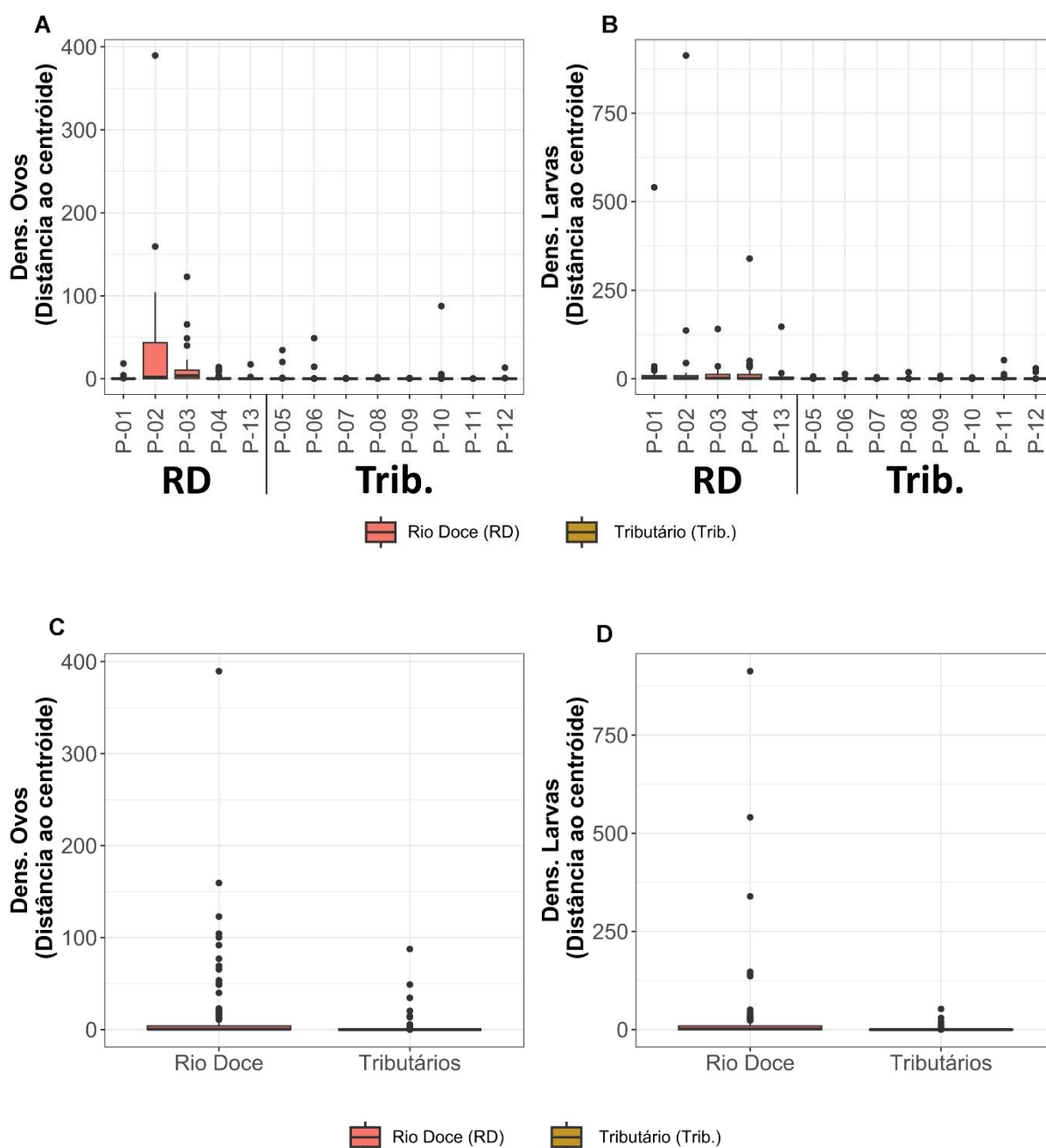
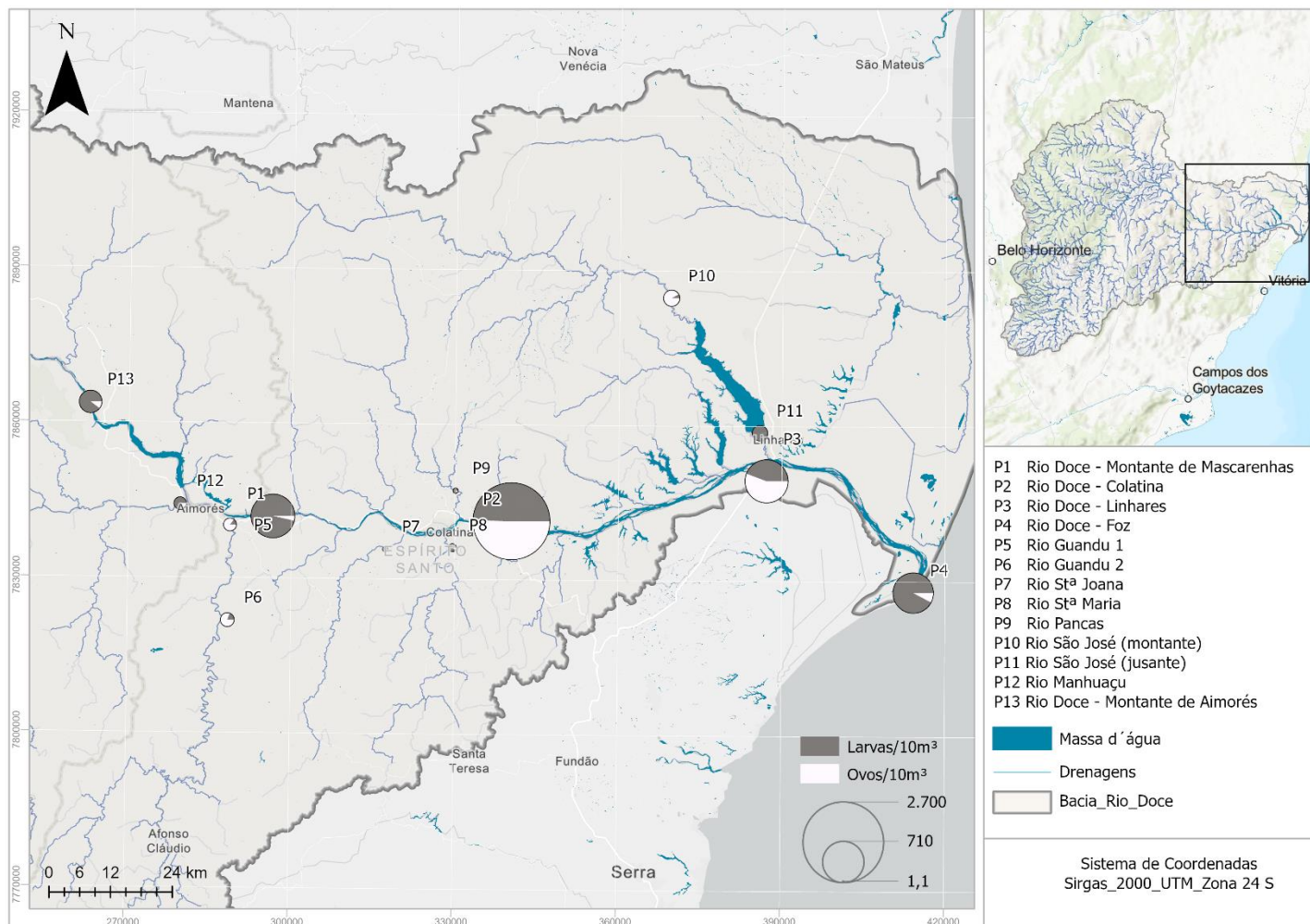


Figura 26: Mapa de distribuição espacial de ovos e larvas de peixes. O tamanho de cada símbolo (representado por um gráfico de pizza) reflete a soma das densidades do ictioplâncton (ovos e larvas) por 10 m³, com intervalos variando entre 1,1 e 2.700 organismos por 10 m³. As cores em tons de cinza de cada símbolo (gráfico de pizza) representam proporcionalmente a densidade de larvas por 10 m³, enquanto o branco indica a densidade proporcional de ovos por 10 m³.



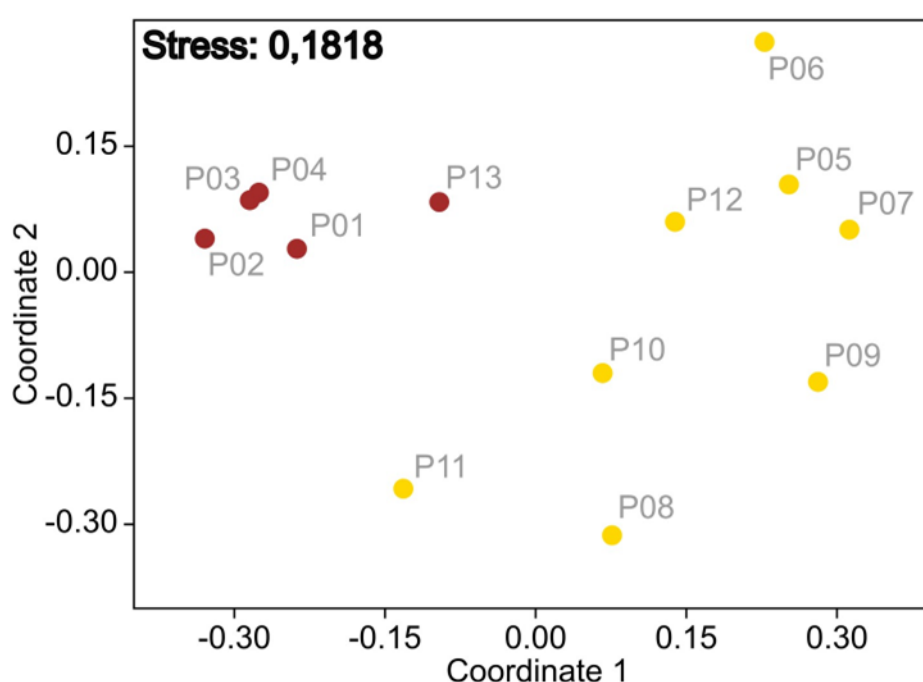
De maneira geral, o padrão de variação espacial da densidade de larvas de peixes no Baixo Rio Doce durante dezembro de 2020 a janeiro de 2024, se manteve em todos os anos do programa. As densidades, tanto de ovos quanto de larvas, se mantiveram de forma mais expressiva na calha do Rio Doce, com variações pouco significativas entre os pontos do rio Doce amostrados. O P13, que foi inserido a partir de agosto de 2022, tem se mostrado também como uma importante área de deriva de larvas, da mesma forma como as demais localidades na calha do Rio Doce. Esta característica indica que tais larvas acabam ingressando no reservatório de Aimorés à deriva. No entanto, a presença de larvas à deriva não garante que o recrutamento seja bem sucedido, porque depende da disponibilidade de ambiente e condições adequadas para as 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, 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; POMPEU; AGOSTINHO, 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; POMPEU; AGOSTINHO, 2015).

Quanto ao padrão de distribuição espacial do ictioplâncton, de maneira geral, este padrão manteve-se estável ao longo da série temporal. As desovas têm ocorrido de maneira preponderante na calha do Rio Doce (Figura 25C e D). Os dados da série temporal têm demonstrado que 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. No Rio Guandu, em suas duas estações de amostragem (P5 e P6) as densidades de ovos também apresentaram valores acima de 10 indivíduos/10 m³ (Figura 26). A presença de ovos e larvas principalmente em estágios iniciais, logo após a eclosão, indica uma proximidade do ponto de coleta aos locais de desova (BARZOTTO et al., 2015; GOGOLA et al., 2013). As maiores densidades ocorreram nas estações da calha do Rio Doce, sendo mais expressivo em P2 (Colatina). De forma geral, todas as estações de amostragem na calha do Rio Doce registraram densidades mais altas. Nos tributários, o registro de larvas ocorreu de maneira mais expressiva nas estações P11 (Rio São José, à jusante do Lago Juparanã), e em P8 (Rio Santa Maria) - esse padrão tem se mantido estável ao longo da série temporal (Figura 27).

A distribuição espacial do ictioplâncton, voltada para a identificação dos principais locais de desova das espécies de peixes na bacia do rio Doce, tem demonstrado que existe um padrão na evolução temporal

do PMBA/Fest, na qual a maioria das espécies realiza suas desovas predominantemente na calha do rio Doce. Os afluentes, por outro lado, são escolhidos como locais de desova com menor frequência, especialmente por espécies de origem marinha e pela espécie exótica de Piranha Vermelha *Pygocentrus nattereri*. Embora a calha do rio Doce tenha sido diretamente afetada pelo rompimento da Barragem de Fundão, observa-se, ao longo da evolução temporal, que a maioria dos peixes não utiliza os tributários como rota alternativa para a migração reprodutiva.

Figura 27: 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. Os pontos 1, 2, 3, 4 e 13 em vermelho representam as estações de amostragem no Rio Doce (área do propágulo), e os pontos em amarelo representa as estações de amostragem nos tributários (áreas de referência).



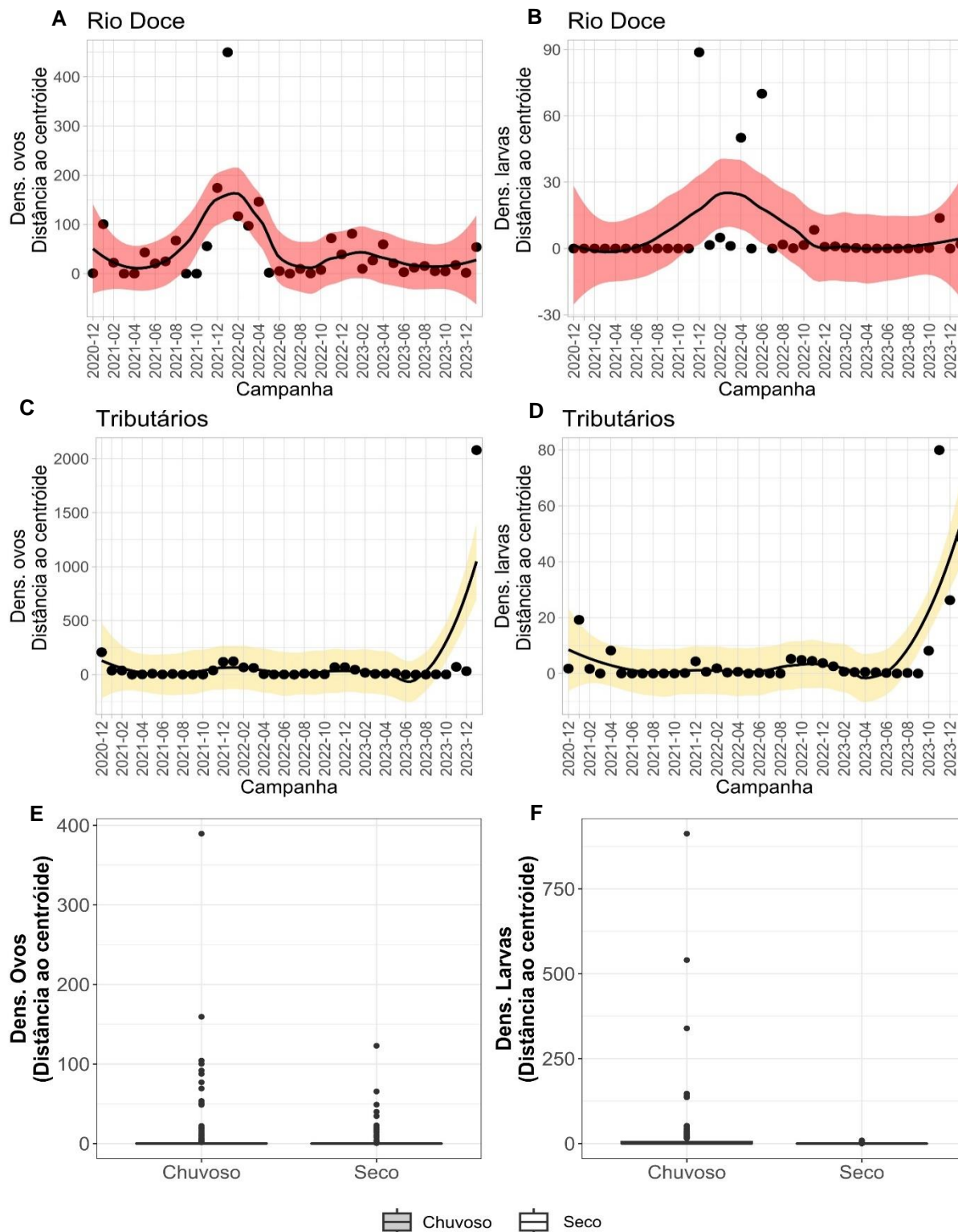
Na análise da composição de espécies de larvas por estação de amostragem, observamos que a composição taxonômica do rio Doce (região do propágulo) se agrupa de forma distinta das demais estações em amarelo, localizadas nos tributários (áreas de referência). Esse agrupamento dos pontos do rio Doce ocorre devido às densidades mais altas registradas de larvas de espécies introduzidas, como o Mandi-amarelo, *Pimelodus maculatus*, e a Piranha vermelha, *Pygocentrus nattereri*. As larvas da Curimba (*Prochilodus* spp.), incluindo uma espécie nativa e espécies invasoras do mesmo gênero, da família Anostomidae, cuja maioria das espécies no Baixo Rio Doce são nativas, também estiveram entre as mais abundantes nas estações do rio Doce, contribuindo para essa dissimilaridade.

A estação de amostragem no Rio São José, à jusante do Lago Juparanã, se distingue dos demais tributários pela alta densidade de larvas de origem marinha/estuarina, como Engraulidae, *Hyporhamphus unifasciatus* e *Microphis lineatus*. A presença do Lago Juparanã provavelmente desempenha um papel crucial como rota reprodutiva para as espécies de origem marinha, como indicado pelas altas densidades registradas nessa localidade.

As estações de amostragem ao longo da calha do rio Doce (região do propágulo) apresentam densidades de larvas e riqueza taxonômica maiores do que nos tributários. No entanto, a calha é também a região de maior dispersão de larvas de espécies introduzidas, favorecendo, assim, o sucesso reprodutivo dessas espécies.

3.19 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS

Figura 28: Modelos Aditivos Generalizados Mistos – GAMM (as linhas sombreadas indicam o intervalo de confiança dos dados $\pm 95\%$). Períodos entre dezembro de 2020 – Ano 1 : Chuvoso e janeiro de 2024: Ano 5: Chuvoso (A-D).



Do ponto de vista temporal, as densidades de ovos e larvas estão fortemente correlacionadas com o período de chuvas. Os ciclos reprodutivos sazonais são uma ocorrência comum entre a maioria dos peixes de água doce, representando adaptações evolutivas às condições ambientais favoráveis ao sucesso reprodutivo (JIMÉNEZ-SEGURA; PALACIO; LEITE, 2010; SUZUKI et al., 2009; VAZZOLER, 1996), e estão intrinsecamente ligados à disponibilidade de recursos para a prole (NIKOLSKI, 1978).

Para muitas espécies de peixes de rios tropicais, o ciclo reprodutivo acontece anualmente durante a estação das chuvas, tipicamente entre os meses de outubro e janeiro, embora em algumas bacias esse período possa se estender até fevereiro ou março (VAZZOLER et al., 1997; BIALETZKI et al., 1999; CASTRO et al., 2002; HERMES-SILVA et al., 2009; LOPES et al., 2014). Durante essa fase, é comum observar elevadas 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 (outubro de 2021 a setembro de 2022) se destacou por apresentar as mais altas densidades de ovos e larvas, um fenômeno que pode ser atribuído à variação interanual influenciada pela flutuação da intensidade das cheias. Por outro lado, no Ano 6 (outubro de 2023 a janeiro de 2024), de forma diferente dos anteriores, registrou-se as maiores densidades de ovos e larvas em janeiro, devido ao atraso nas chuvas que, predominantemente, ocorreram nesse mês. Esse atraso provocou uma explosão de larvas, especialmente das espécies do gênero *Prochilodus*. É evidente uma clara relação entre a desova e o regime de fluxo, bem como a efemeridade desse fenômeno. Essa relação é particularmente relevante para espécies migratórias e dependentes do fluxo (AGOSTINHO; JÚLIO JUNIOR, 1999; BAZZOLI, 2003).

Portanto, o período chuvoso tem sido identificado como o momento de maior ocorrência de desovas, principalmente para espécies que liberam ovos à deriva na coluna d'água, sendo dependentes do fluxo para reprodução. Destacam-se, nesse contexto, as Curimbatás do gênero *Prochilodus*, o mandi amarelo *Pimelodus maculatus*, o dourado *Salminus brasiliensis* e os piaus pertencentes à família Anostomidae, que representaram as maiores densidades de larvas registradas ao longo de todos os anos do estudo. Entretanto, mesmo durante o período de seca, foram registrados picos de desova relacionados a espécies de origem marinha que sobem o rio para se reproduzirem, possivelmente sem grande dependência da elevação do nível do rio, como é o caso da manjuba da família Engraulidae.

3.20 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS

Figura 29: Alterações descritas como deformidades na cabeça (DC) são identificadas por um registro morfológico que evidencia uma massa que pode estar interna ou externa ao corpo, especificamente na região da cabeça, incluindo olhos e focinho.

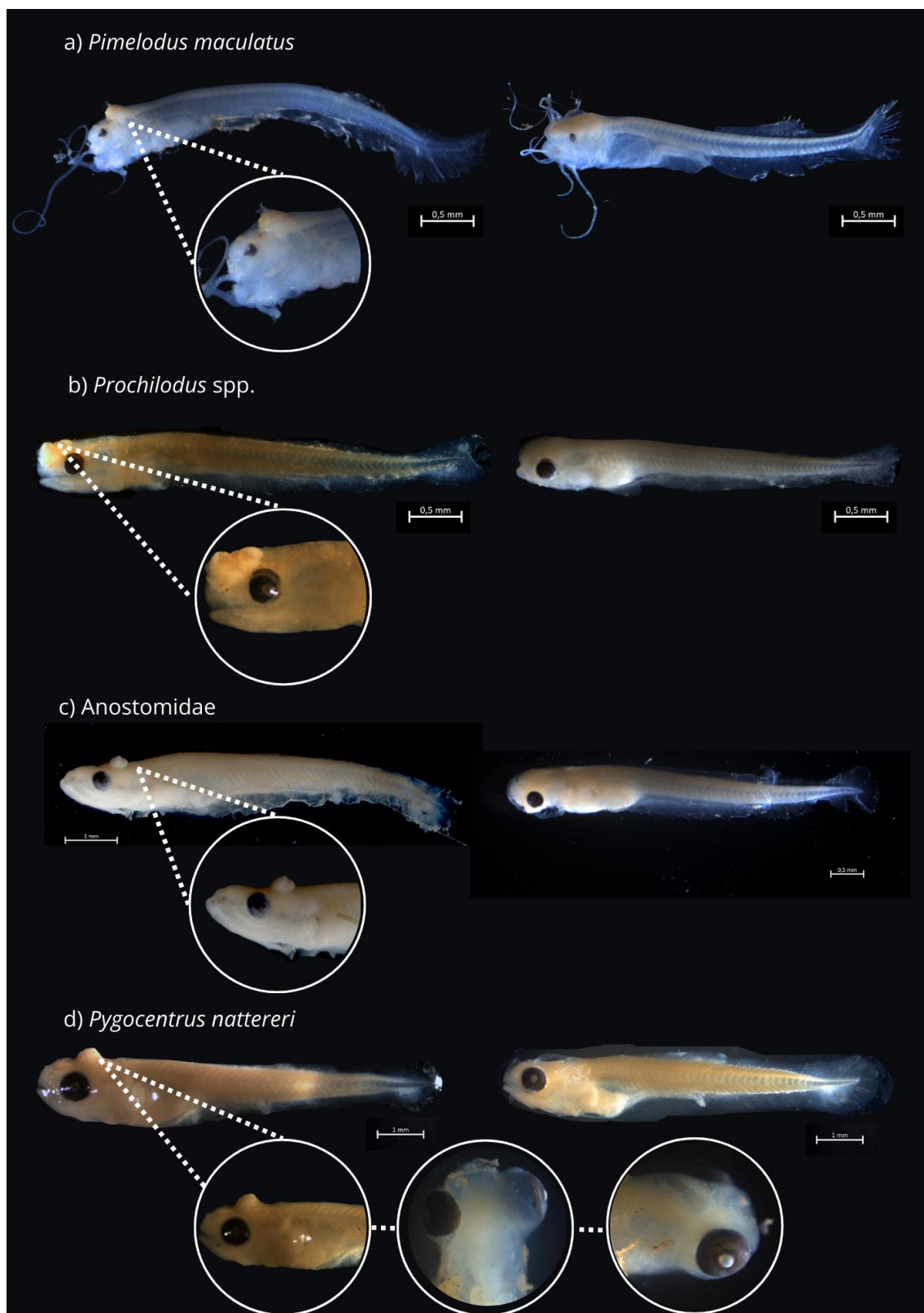
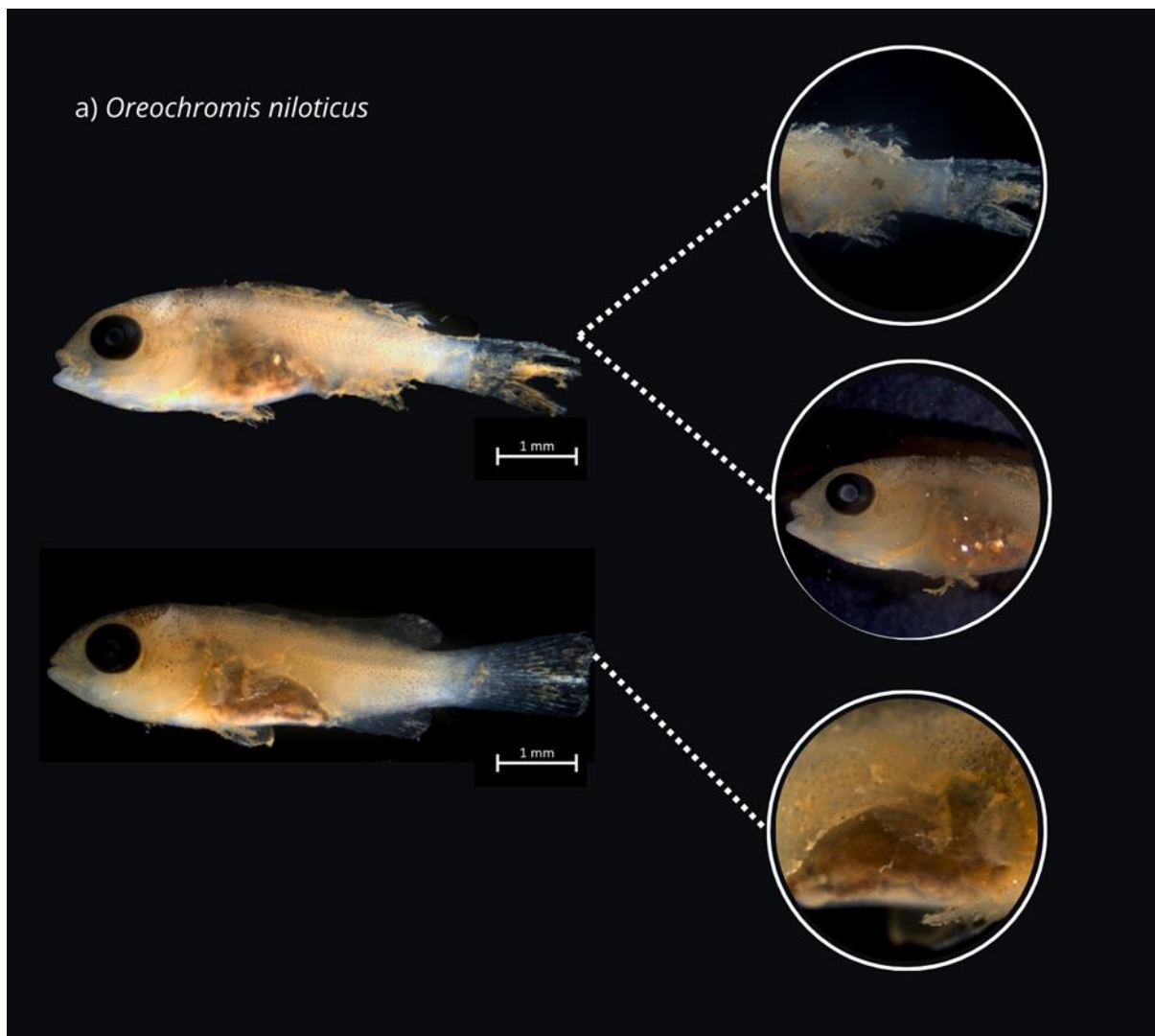


Figura 30: Alterações na viabilidade das larvas: Sedimento Aderido ao Corpo (SAC), Sedimento em Cavidades Internas (SCI) e Rompimento ou deterioração da cavidade abdominal (RCA).



Durante o período do PMBA/Fest, foram identificados pelo menos quatro tipos de alterações incomuns em larvas (Figura 29, Figura 30). Tais registros são motivo de atenção, uma vez que estas alterações são pouco documentadas na literatura científica e não há registros de casos semelhantes em outras bacias hidrográficas brasileiras. Não se sabe se tais anomalias podem resultar em um comprometimento funcional do peixe em seus estágios iniciais de vida. Ademais, para esclarecer os impactos dessa condição na taxa de sobrevivência e suas consequências ecológicas, outros estudos mais detalhados, em uma série temporal, são necessários.

Figura 31: Secções histológicas de duas larvas da espécie de Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, (A e C: larvas sem deformidades; B e D: detalhes histológicos em larvas com deformidades) demonstrando que as alterações classificadas morfologicamente como deformidades na cabeça (DC), podem ser visualizadas também a partir de cortes histológicos (A-D).
Siglas: (En) Encéfalo; Arco branquial (Ab); globo ocular (O); Pia-máter (Pi).

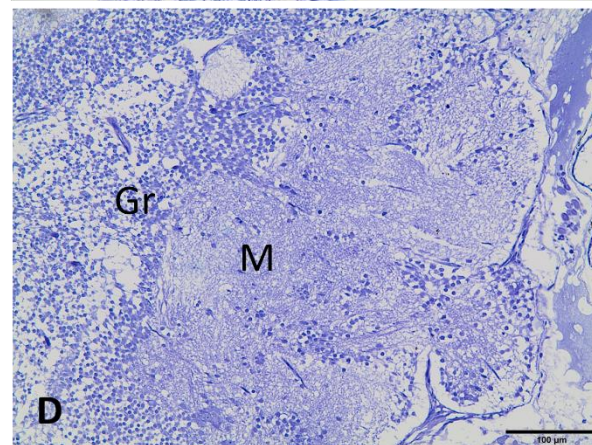
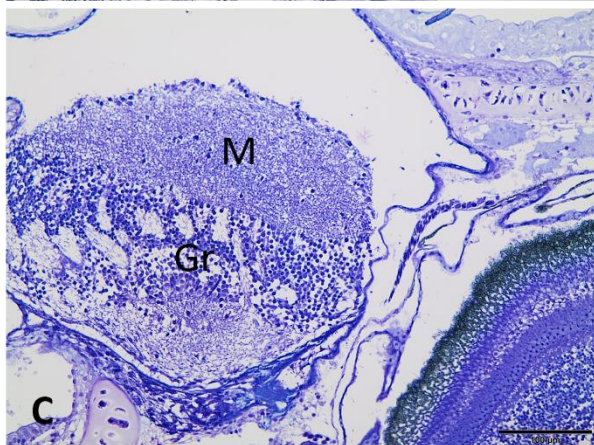
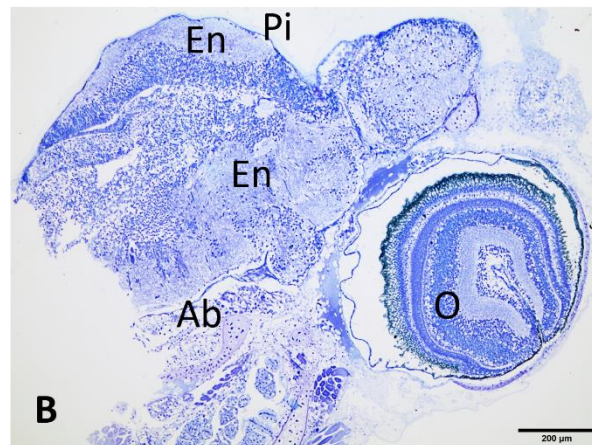
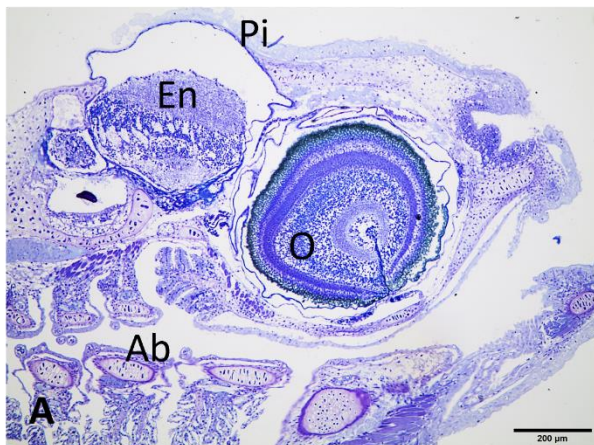


Figura 32: Secções histológicas na região cranial da espécie *Pygocentrus nattereri* coradas em DAPI (imunofluorescência) e solução coloidal de prata. Detalhe do encéfalo (EN) sem alteração com a presença de núcleos celulares evidentes (A-C). Detalhe do encéfalo alterado com presença de núcleos celulares (En) e tecido expandido para fora da região cranial (*) (B- D). O neurônio apresenta cromatina eucromática e nucléolo evidente (seta preta). A célula glial é heterocromática (seta vermelha). A célula glial é heterocromática (seta vermelha).

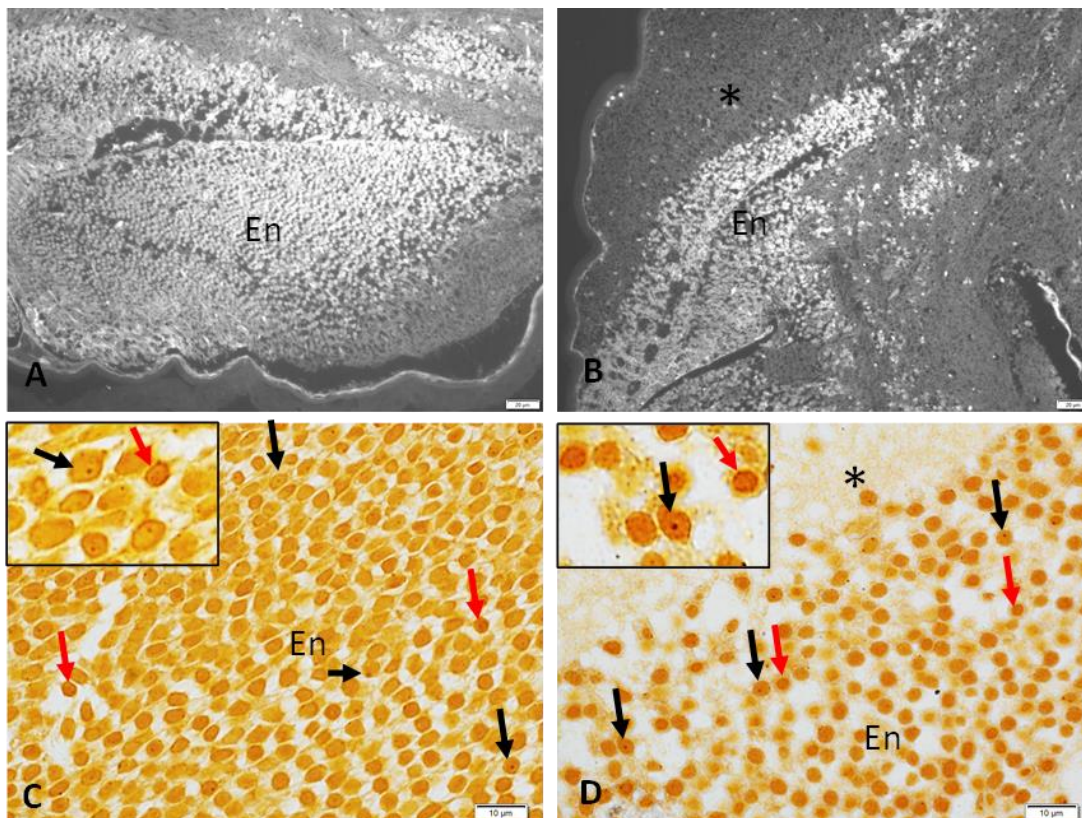


Figura 33: Secções histológicas na região cranial da espécie *Prochilodus costatus* corada em Azul de Toluídina. Detalhe do encéfalo (EN) e olho (O) sem alteração com a presença de núcleos celulares evidentes (Figuras A e C). Detalhe do encéfalo alterado com presença de núcleos celulares (En) e tecido expandido para fora da região cranial (*) (Figuras B e D). Ab=arco branquial

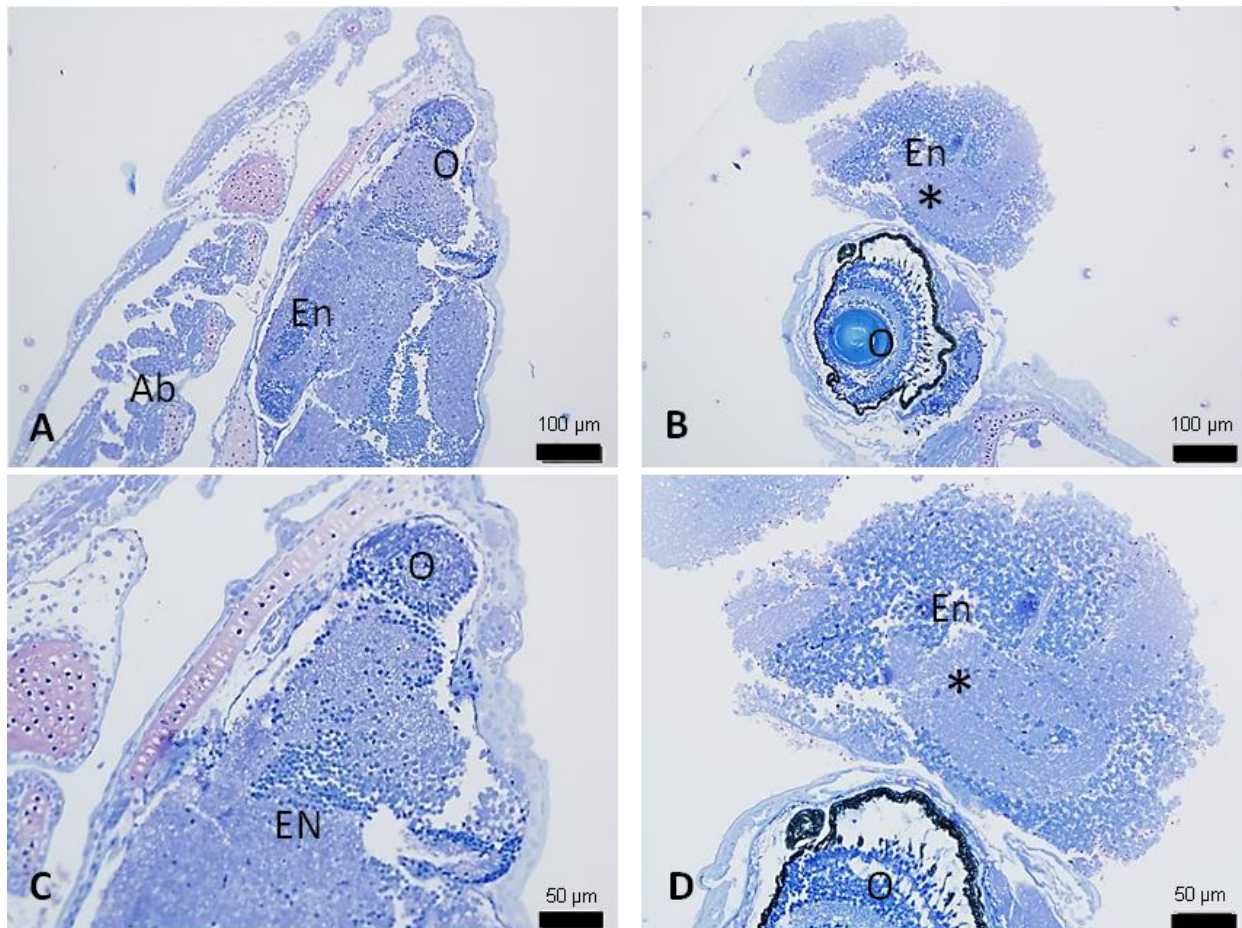
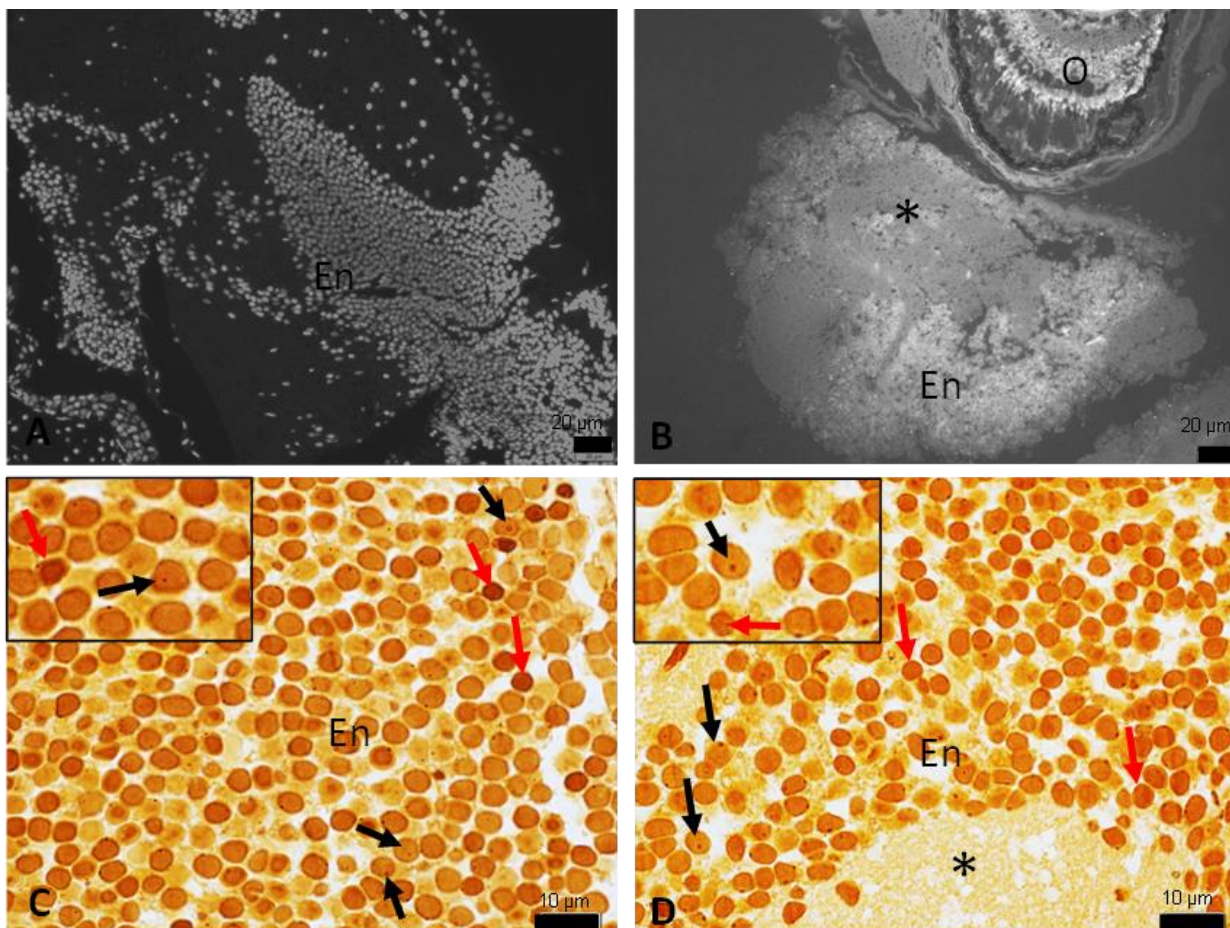


Figura 34: Secções histológicas na região cranial da espécie *Prochilodus costatus* coradas em DAPI (Figuras A e B) (imunofluorescência) e solução coloidal de prata (Figuras C e D). Detalhe do encéfalo (EN) sem alteração com a presença de núcleos celulares evidentes (Figuras A e C). Detalhe do encéfalo alterado com presença de núcleos celulares (En) e tecido expandido para fora da região cranial (*) (Figuras B e D). O neurônio apresenta cromatina eucromática e nucléolo evidente (seta preta). A célula glial é heterocromática (seta vermelha).



As análises morfológicas caracterizaram a região do telencéfalo e tectum óptico nas espécies de Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri* e Curimba *Prochilodus costatus* coradas em Azul de Toluidina, DAPI e solução coloidal de prata. O uso das técnicas morfológicas permitiu melhor visualização tecidual, identificação de neurônios, e células gliais do sistema nervoso das espécies (Figura 31, Figura 32, Figura 33 e Figura 34). Os neurônios foram identificados como células com núcleo eucromático, nucléolo evidente e citoplasma claro, assim como caracterizado por Horn e Rasia-Filho (2018). Essas observações foram evidenciadas nas larvas com padrões histológicos normais de desenvolvimento larval. Nas larvas anormais, foi caracterizada a presença de tecido encefálico evertido da região do telencéfalo e tectum óptico com células neuronais nas estruturas observadas. Nas análises morfométricas em *P. nattereri* e *P. costatus*, houve maior proporção de núcleos neuronais e menor espaço entre núcleos nas espécies normais (42% e 31%; 58% e 69%) do que nos peixes anormais (25% e 17%; 75%, 83%), respectivamente.

Estudos realizados com peixes expostos a contaminantes ambientais como pesticidas (SULUKAN et al., 2017) e metais pesados (JOHNSON; CAREW; SLOMAN, 2007) indicam claramente que estes estressores podem provocar malformações em embriões e larvas. Os principais motivos das malformações é a presença de apoptose induzida por tóxicos e espécies reativas de oxigênio (EROS), podendo existir correlação entre o mecanismo de indução de apoptose com o dano tecidual (BAGCHI et al. 1995; SULUKAN et al. 2017; USENKO; HARPER; TANGUAY, 2007). As perdas teciduais e a diminuição celular podem afetar a organização e interligação sináptica, além de comprometer as conexões locais e a suas funcionalidades (HORN; RASIA-FILHO, 2018; DE BRUIN, 1980). Çomakli e colaboradores (2018) também indicam efeitos negativos em peixes expostos ao herbicida glufosinato, que provocou morte embrionária, atraso na eclosão e indução de apoptose com malformação na região do telencéfalo. No presente estudo, as malformações observadas, como alteração histológica, diminuição de núcleos neuronais e aumento dos espaços na região do telencéfalo e tectum óptico, sugerem maior incidência de diminuição celular. Contudo, é necessário identificar quais os agentes ambientais podem estar envolvidos na indução destas malformações cerebrais, além de definir os mecanismos, como indução de apoptose celular, produção excessiva de EROS, alteração comportamental, e as consequências na sobrevivência dos mesmos para a sobrevivência das larvas. As deformidades observadas na região da cabeça das larvas também 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, o que permitirá a compreensão de 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.

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

Figura 35: Proporção e distribuição espacial das larvas com alterações incomuns comparando as estações de amostragem no rio Doce – RD (área do propágulo) e nos tributários (área de referência). RCA= rompimento da cavidade abdominal, SAC= sedimento aderido ao corpo, SCI= sedimento em cavidades internas e DC= deformidade na região da cabeça.

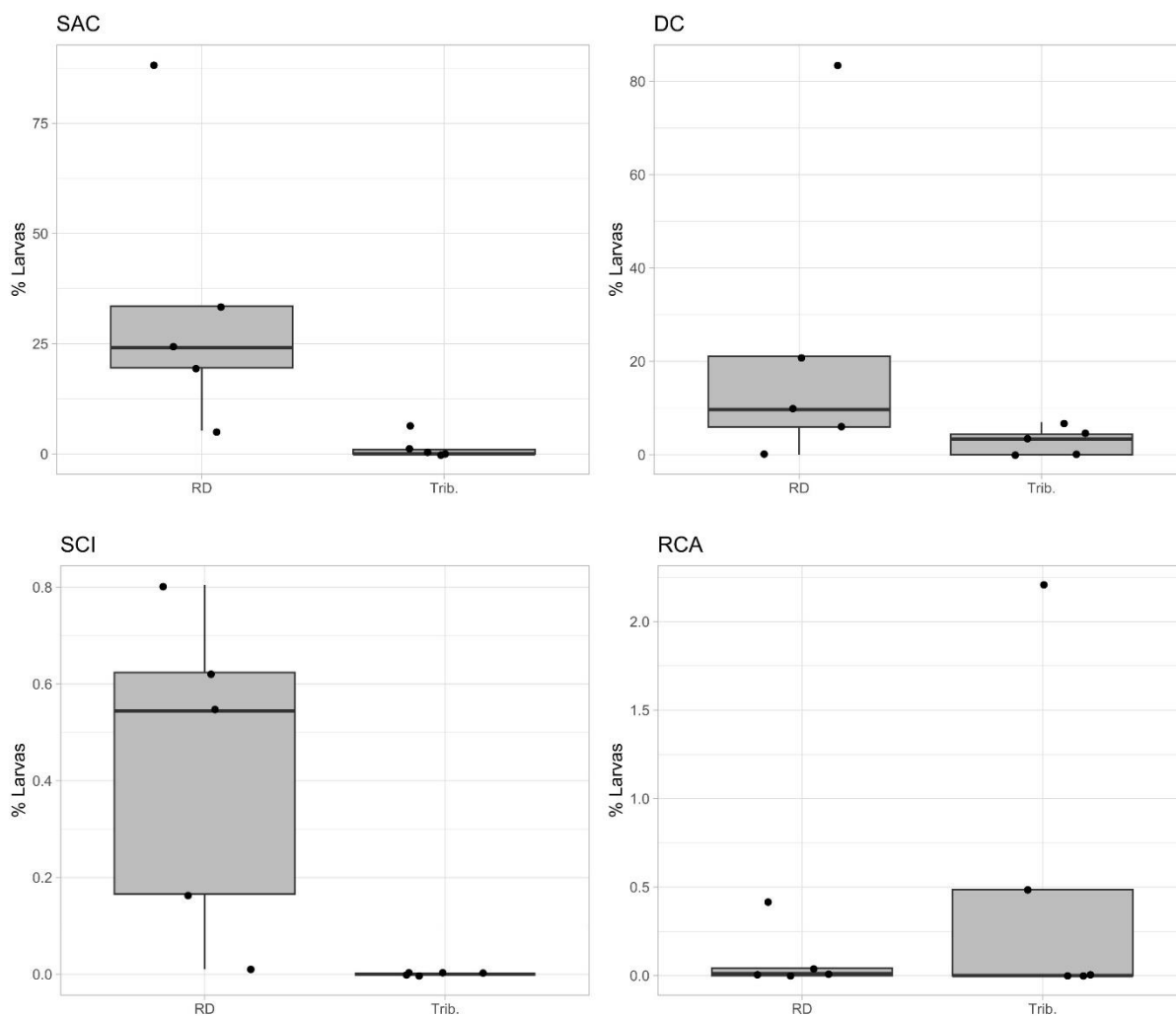
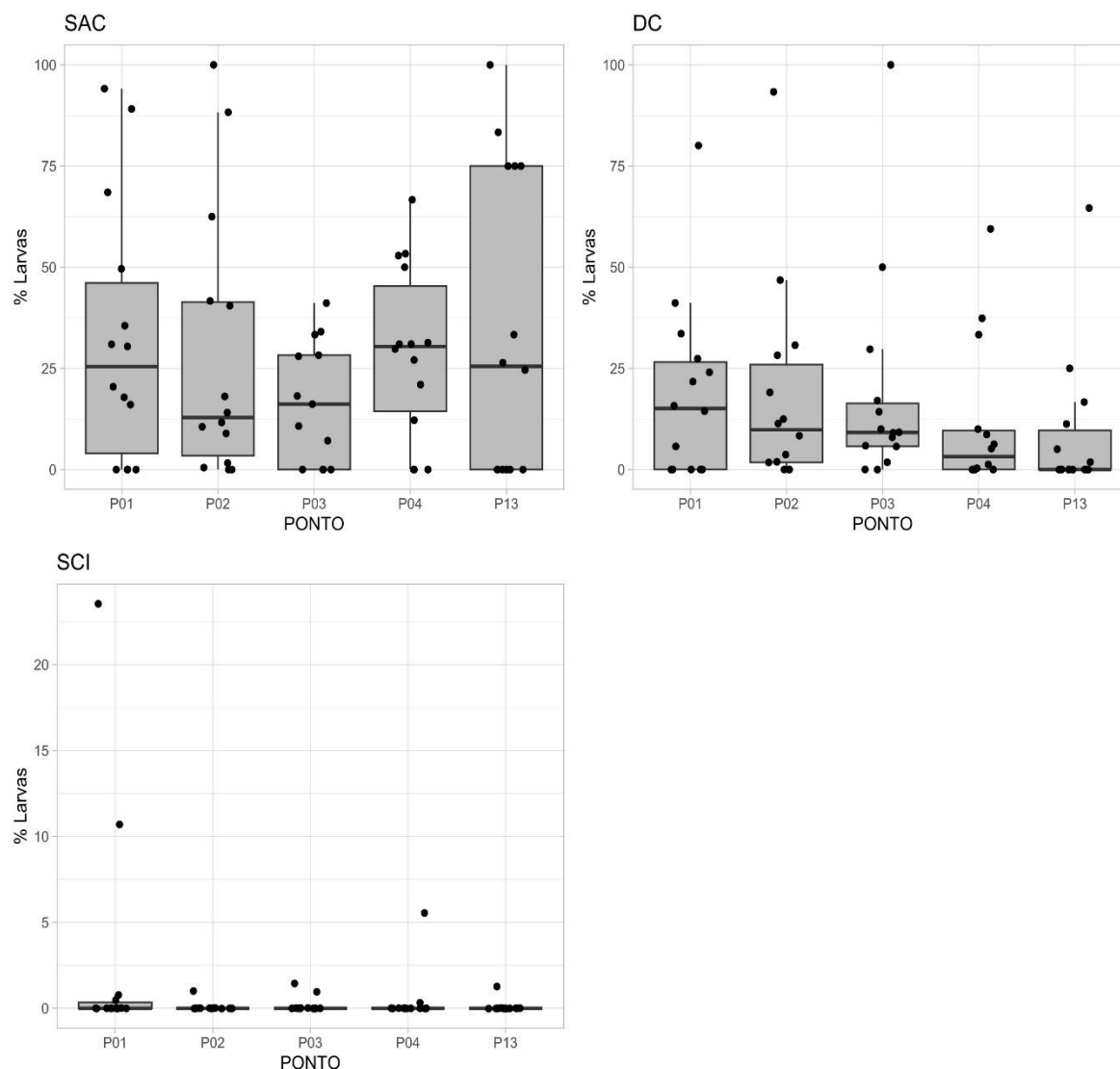


Figura 36: Proporção e distribuição espacial das larvas com alterações incomuns nas estações de amostragem do rio Doce. RCA= rompimento da cavidade abdominal, SAC sedimento aderido ao corpo, SCI= sedimento em cavidades internas e DC= deformidade na região da cabeça. RCA= rompimento da cavidade abdominal é uma alteração pouco frequente e portanto não havia amostra suficiente para a análise.



As alterações incomuns registradas nas larvas têm ocorrido predominantemente na calha do Rio Doce (Figura 35), mais precisamente na região do propágulo. Por outro lado, os registros em tributários (pontos de controle) foram escassos e esporádicos, sem demonstrar um padrão específico (Figura 36). Destaca-se que a estação P2 em Colatina, que apresentou as maiores densidades de deformidades na região da cabeça nas larvas, possivelmente devido à alta concentração de larvas à deriva registradas nesse local.

Tabela 24: Total das densidades de larvas registradas com algum tipo de alteração incomum de outubro de 2020 a janeiro de 2024 do PMBA/Fest. Legenda: SAC para sedimento aderido ao corpo; DC para deformidade na região da cabeça; SCI para sedimento em cavidades internas; RCA para rompimento da cavidade abdominal.

Táxons	Anomalias			
ORDEM Família <i>Espécie</i>	SAC	DC	SCI	RCA
CHARACIFORMES				
Anostomidae	44,4	193,4	0,6	0,0
Bryconidae				
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	31,0	7,1	0,0	0,0
Characidae	6,5	13,1	0,0	0,0
Prochilodontidae				
<i>Prochilodus</i> spp.	308,0	1409,0	0,0	0,2
Serrassalmidae				
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858	49,7	12,3	0,0	0,0
CLUPEIFORMES				
Engraulidae	0,0	6,0	0,0	1,6
CICHLIFORMES				
Cichlidae				
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758)	4,1	0,0	0,9	0,7
PERCIFORMES				
Scianidae				
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	7,2	8,1	0,7	0,5
SILURIFORMES				
Clariidae				
<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell, 1822)	0,1	0,1	0,0	0,0
Heptapteridae	2,6	0,7	0,0	0,0
Pimelodidae				
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803	201,1	17,7	2,9	0,0
Trichomycteridae				
<i>Trichomycterus</i> sp.	0,1	0,0	0,0	0,0
Syngnathidae				
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856)	1,4	0,2	0,1	0,0

Até o momento, as anomalias registradas nas larvas foram encontradas em 13 táxons larvais distintos (Tabela 24). Notavelmente, a curimba do gênero *Prochilodus*, as espécies de Piau da família Anostomidae e o mandi amarelo da espécie *Pimelodus maculatus* são os táxons mais afetados, seguidos pelas espécies Piranha-Vermelha *Pygocentrus nattereri* e o Dourado *Salminus brasiliensis*. Temporalmente, as deformidades na cabeça começaram a s nas larvas de Curimbas e Piaus, e à medida que o PMBA/Fest progrediu, passaram a ser registradas em uma escala mais ampla de táxons.

Figura 37: Modelos Lineares Generalizados GLM da proporção de ocorrência de larvas do rio Doce, considerando alterações incomuns em cada ano. As linhas sombreadas representam o intervalo de confiança dos dados, com uma margem de $\pm 95\%$.

Siglas: RCA para rompimento da cavidade abdominal, SAC para sedimento aderido ao corpo, SCI para sedimento em cavidades internas e DC para deformidade na região da cabeça."

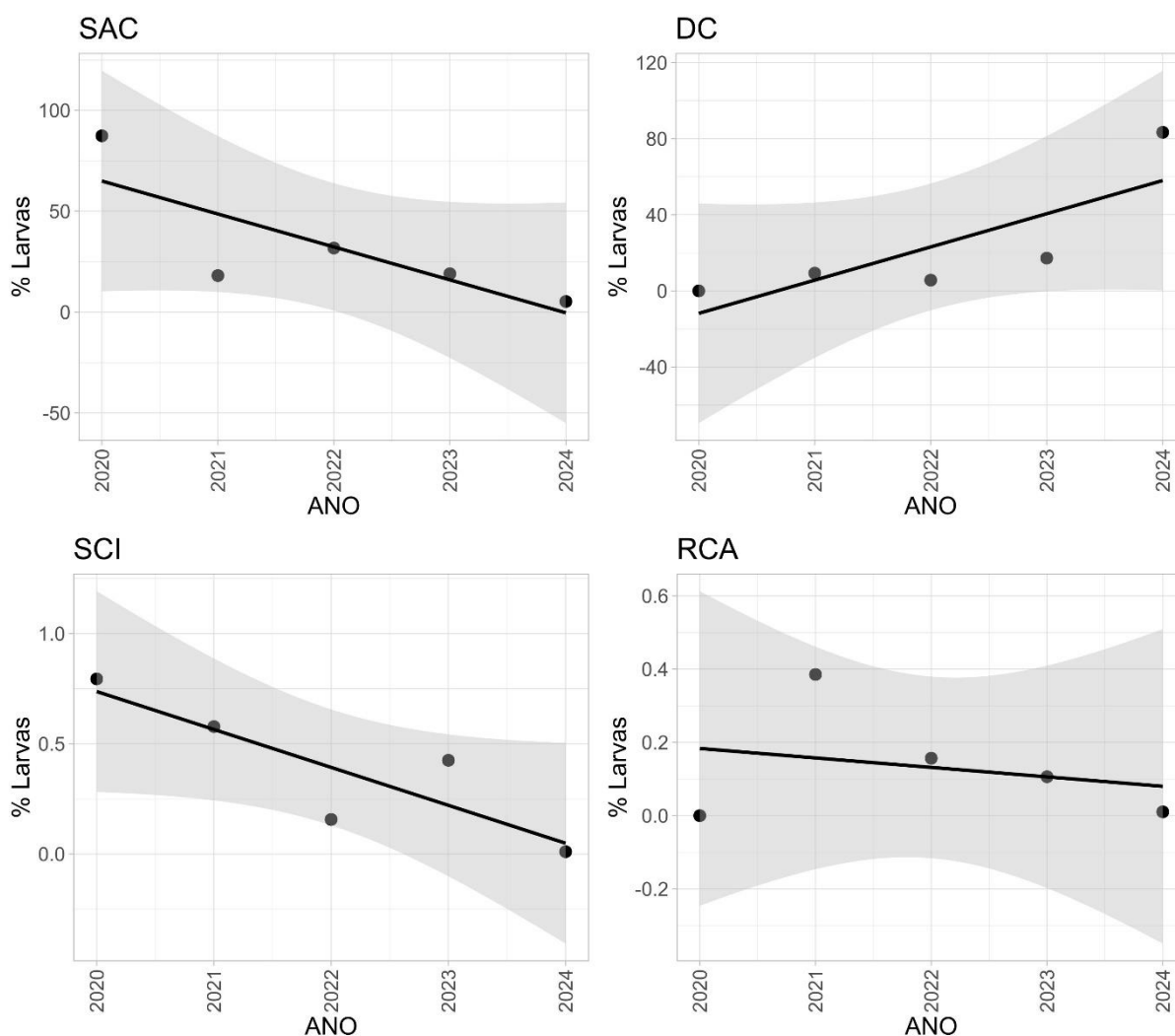
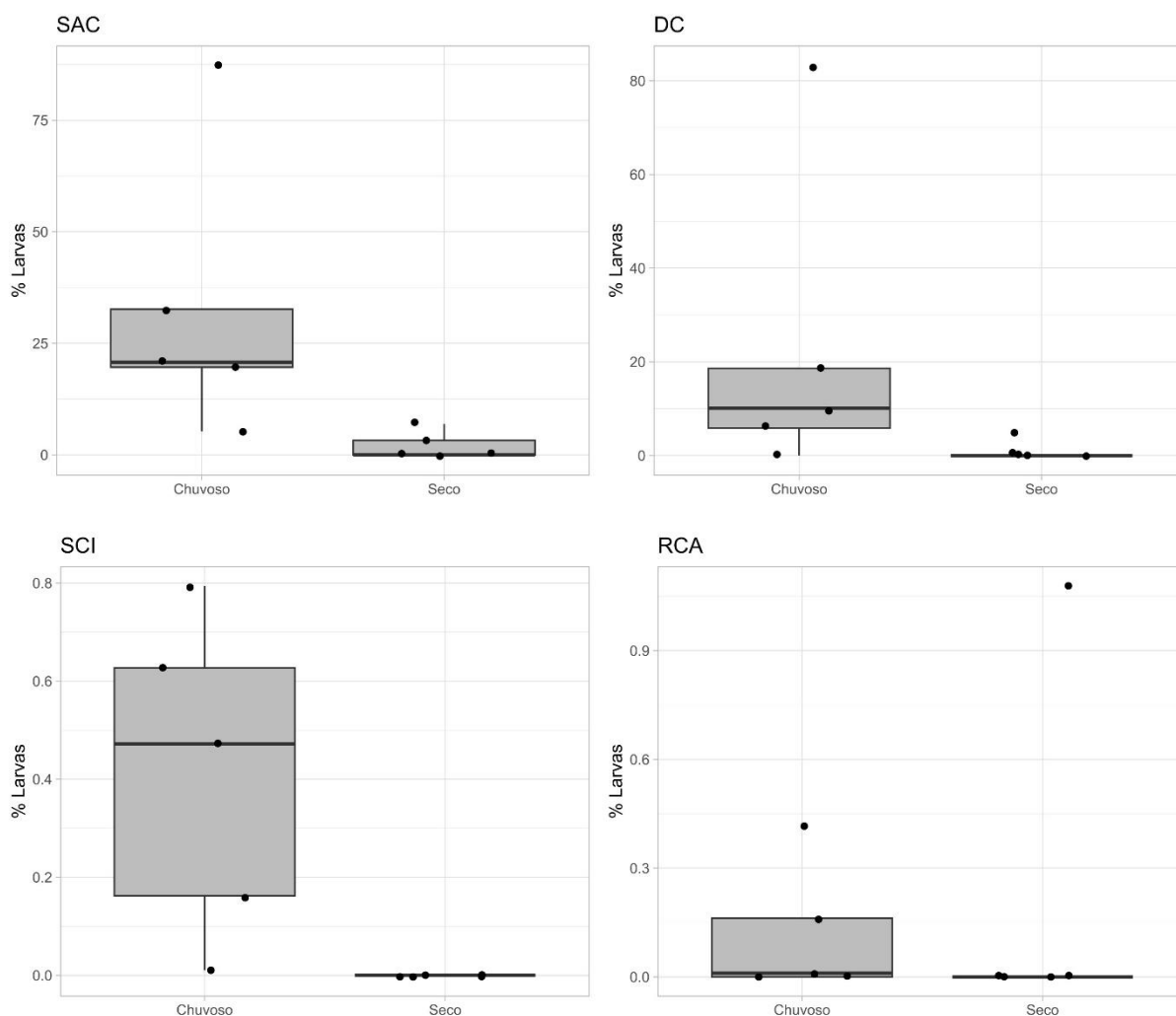


Figura 38: Proporção e distribuição temporal das larvas com alterações incoimuns, durante as estações seca e chuvosa nos pontos da calha do rio Doce. Legenda: RCA para rompimento da cavidade abdominal, SAC para sedimento aderido ao corpo, SCI para sedimento em cavidades internas e DC para deformidade na região da cabeça.



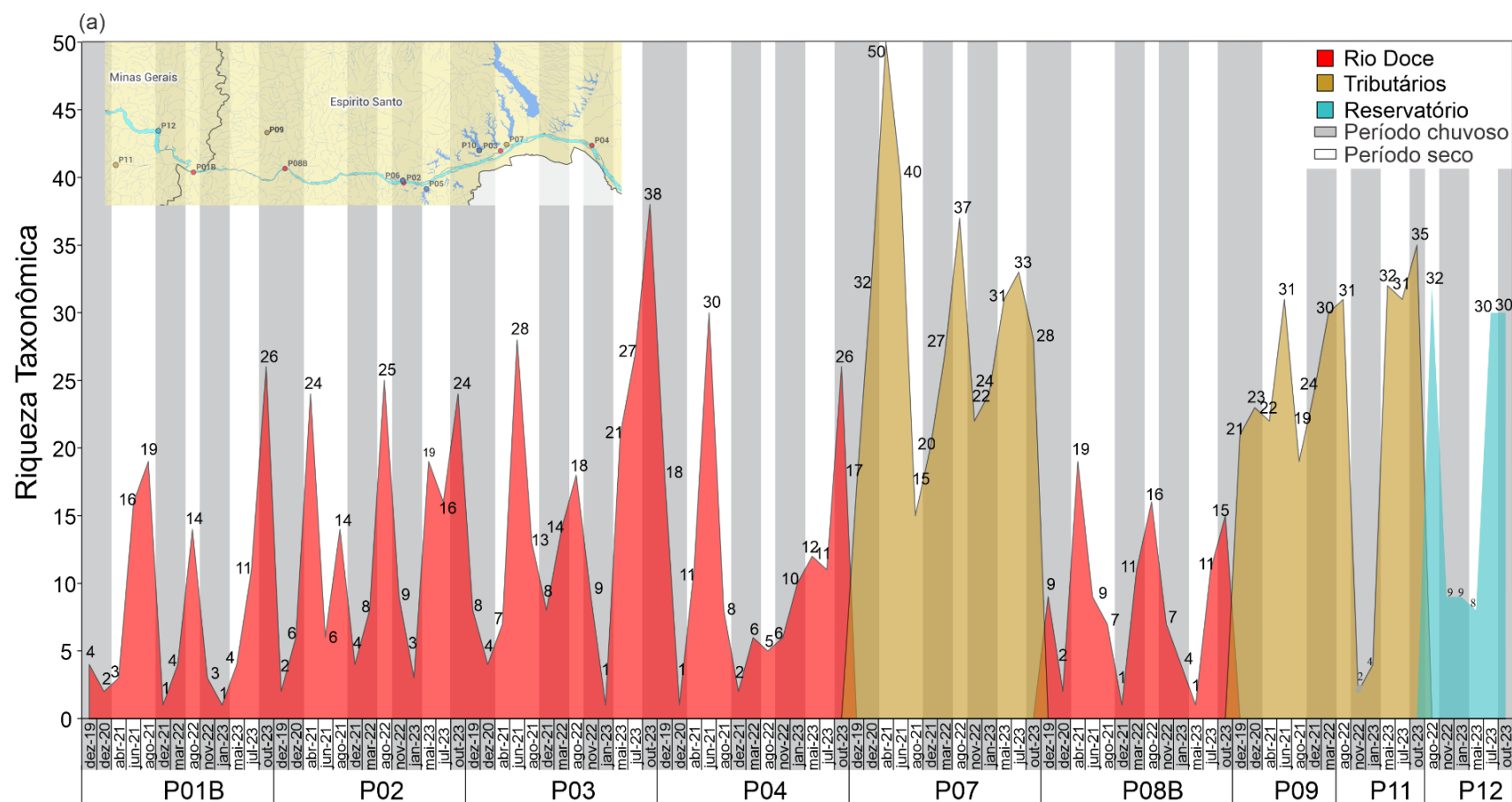
Temporalmente, foi possível constatar que não há uma tendência clara em relação à proporção de larvas com RCA (rompimento da cavidade abdominal), SAC (sedimento aderido ao corpo) e SCI (sedimento entre os interstícios), e os resultados sugerem, na verdade, uma leve redução (Figura 37). No entanto, as deformidades na cabeça estão em uma clara tendência de crescimento, em termos de frequência de surgimento, ao longo dos anos. É importante notar que tais alterações são mais frequentes durante os períodos de cheias (Figura 38), mas isso pode estar relacionado às maiores densidades de larvas durante esse período.

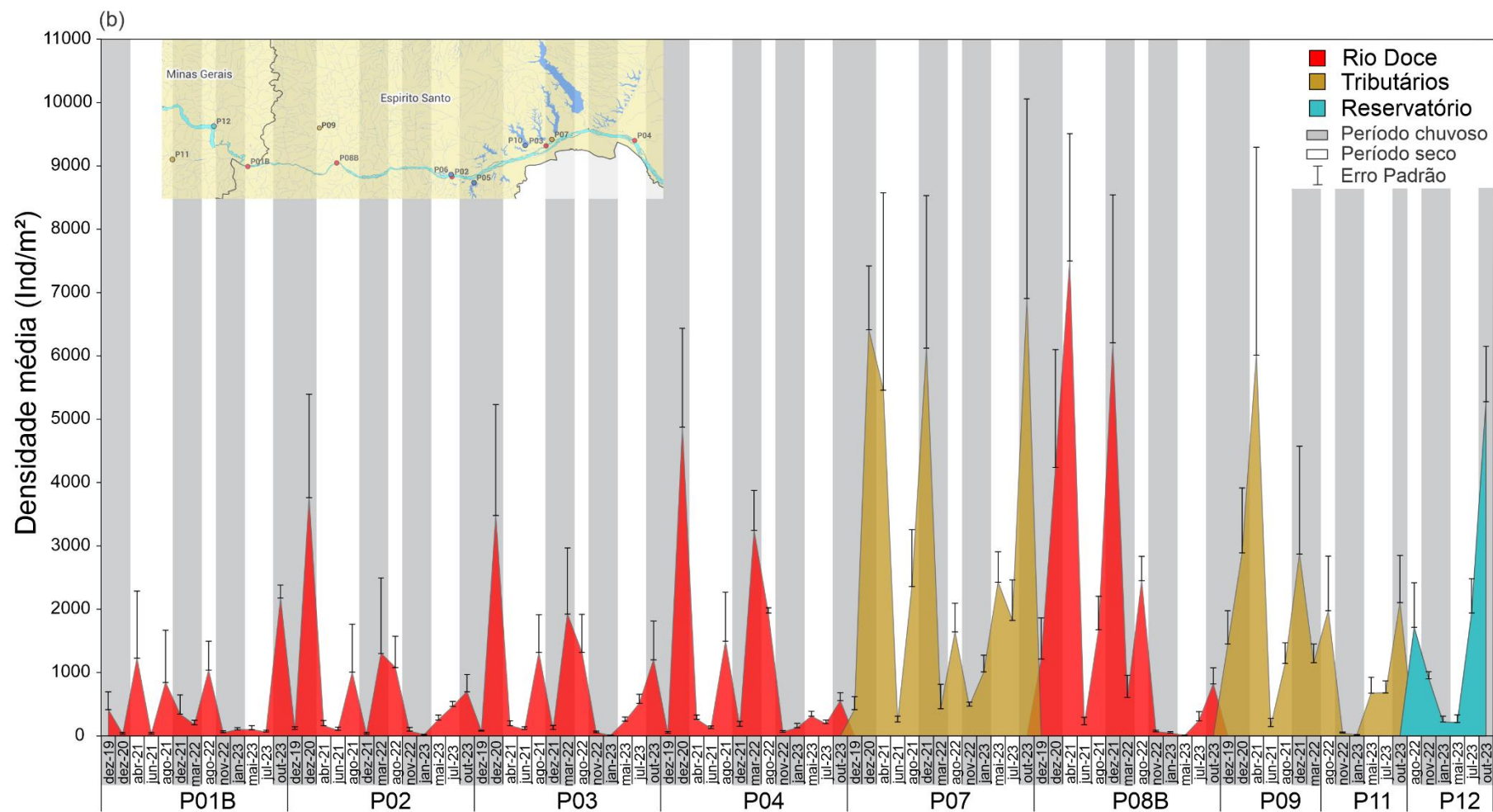
As anomalias registradas nas larvas, especialmente as deformidades na região da cabeça, juntamente com os padrões de distribuição, sugerem que os impactos do rejeito podem estar afetando direta ou indiretamente a integridade e viabilidade das larvas de peixes à deriva na calha do Rio Doce. Uma compreensão mais profunda das anomalias registradas permitirá entender seus efeitos no desempenho funcional dos peixes em seus estágios iniciais de vida, na taxa de sobrevivência, na produtividade da pesca e também avaliar as consequências ecológicas associadas a elas.

INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

3.22 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 39: Tendência temporal: **(a)** Riqueza taxonômica e **(b)** Densidade média (Ind/m² e \pm Erro padrão) de macroinvertebrados bentônicos dos ambientes Rio Doce, Tributários (Ribeirão das Palmas, Rio Manhuaçu e Córrego São Pedro Frio) e Reservatório (UHE Aimorés), amostrados no monitoramento do PMBA/Fest de dezembro de 2019 a outubro de 2023. Intervalo de dezembro de 2019 a dezembro de 2020 corresponde ao período da pandemia da covid-19. Barras cinzas correspondem ao período chuvoso e brancas ao período seco.





A Figura 39 (a e b) apresentam as tendências temporais da riqueza taxonômica (a) e densidade média (Ind./m²) (b) de macroinvertebrados bentônicos durante os cinco anos de monitoramento do PMBA/Fest. Foi possível observar uma tendência de aumento da riqueza taxonômica em um gradiente de composição das comunidades na calha do Rio Doce nos pontos P01B, mais a montante, em direção ao ponto P04, próximo à foz. As menores riquezas foram encontradas nos períodos chuvosos, em trechos da calha, principalmente nos pontos P01B e P08B. Entretanto, alguns pontos amostrais apresentaram maior riqueza no período chuvoso - por exemplo os pontos P01B e P03, em outubro de 2023 (Figura 39a). Em relação a densidade (Ind./m²), também foi observada uma tendência de aumento em um gradiente, dos pontos amostrais mais a montante em direção a foz, sendo maior no período chuvoso, com destaque para o ponto amostral P08B, que apresentou as maiores densidades tanto no período chuvoso quanto no período seco. Vale ressaltar que embora as densidades terem sido maiores no período chuvoso, é possível observar que os valores mais elevados de densidades ocorreram na transição do período chuvoso para o seco (Figura 39b), onde as chuvas são mais fracas e o volume do fluxo de água é baixo.

Nos tributários (Córrego São Pedro Frio-P09, Ribeirão das Palmas-P07 e Rio Manhuaçu-P11), a riqueza de macroinvertebrados também foi maior nos períodos secos, com a exceção do ponto P11, que apresentou maior riqueza no período chuvoso de outubro de 2023 (Figura 30a). Ao longo do monitoramento é possível observar uma tendência de diminuição da riqueza nos períodos secos no ponto P07 (Ribeirão das Palmas) de abril de 2021 a julho de 2023. Entretanto, no sentido contrário, os pontos P09 (Córrego São Pedro Frio) e P11 (Rio Manhuaçu) apresentaram uma tendência de aumento da riqueza taxonômica em relação ao ponto P07, apesar da tendência de diminuição da riqueza para o ambiente Tributários, como um todo.

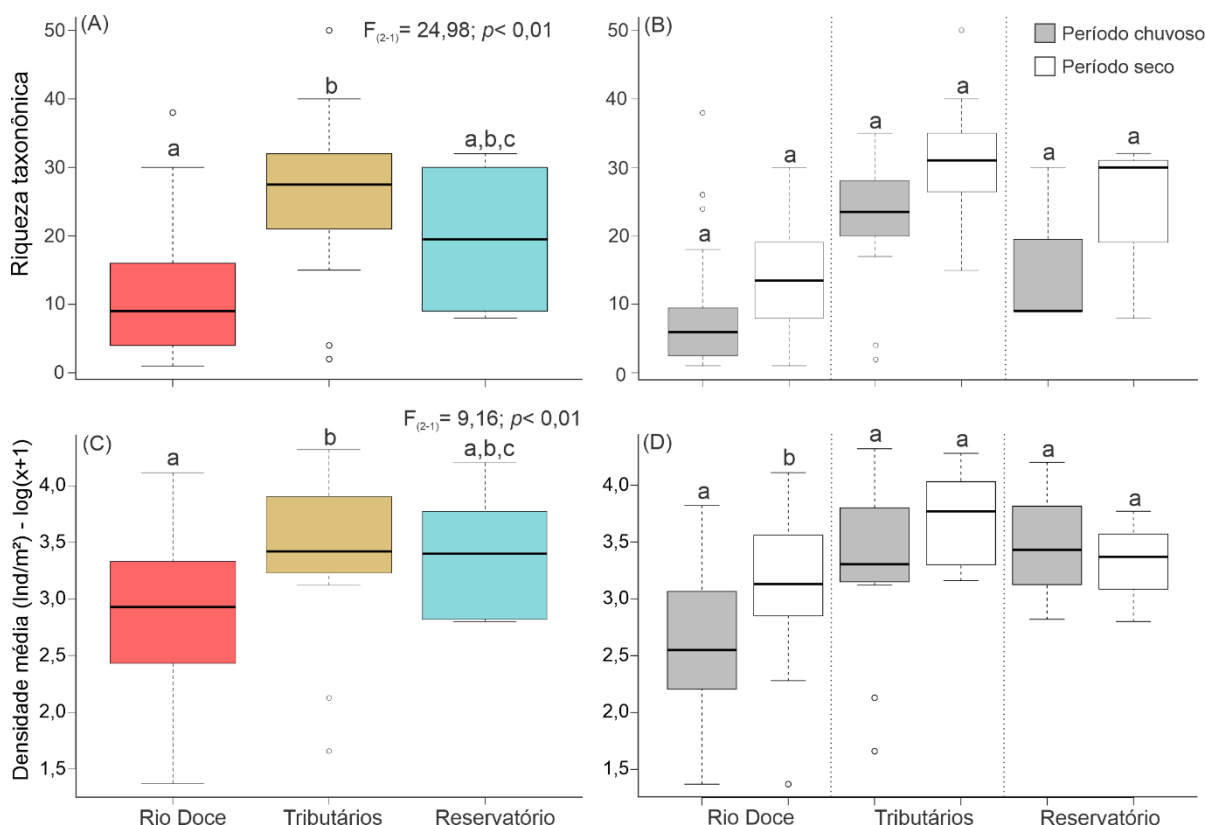
Nos períodos chuvosos do monitoramento do PMBA/Fest, os resultados evidenciaram uma condição mais estável na distribuição da riqueza taxonômica, enquanto para densidade a condição mais estável da abundância foi observada nos períodos secos, quando houve uma menor variação entre as amostras analisadas, observadas pelas barras de Erro Padrão (Figura 39b).

A baixa riqueza 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). Já o fato de as maiores densidades terem sido registradas no período chuvoso, parece ter ocorrido em consequência de as amostragens terem sido realizadas no final do período chuvoso e início do período seco, que é marcado pelo baixo volume dos trechos de rios amostrados, como citado acima. As diferenças na composição em relação a distribuição espacial ao longo dos trechos amostrados corroboram com o estado de conservação e disponibilidade de habitats mensurados pelo protocolo de avaliação de habitats proposto por Callisto et al. (2002), que será abordado em seções seguintes.

O ambiente Reservatório da UHE Aimorés, assim como no Rio Doce, apresentou tendências de aumento na riqueza e densidade, e isso era esperado, uma vez que este reservatório é formado pelo

desvio da calha principal, que apesar de apresentar maior tempo de residência da água, recebe muita influência do Rio Doce.

Figura 40: Gráficos Boxplot (A) representando as diferenças estatística (ANOVA) da Riqueza taxonômica de macroinvertebrados bentônicos entre os ambientes (Rio Doce, Tributários e Reservatório UHE-Aimorés) e (B) diferença sazonal (chuvoso e seco) da riqueza nos ambientes; (C) diferenças da Densidade média (Ind/m² - dados log-transformados) entre os ambientes e (D) diferença sazonal (chuvoso e seco) da Densidade (Ind/m² - dados log-transformados) nos ambientes. Letras sobre as caixas representam as diferenças pelo Tukey-test ($a \neq b$, $a=c$, $b=c$).



A Figura 40 (A, B, C e D) apresenta as comparações da estrutura e composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos (riqueza e densidade), analisadas pelo teste estatístico One-way ANOVA, entre os ambientes Rio Doce, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés, e as diferenças nos ambientes entre os períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

A análise estatística da comparação dos dados de riqueza e densidade entre os ambientes evidenciou que apenas os ambientes Rio Doce e Tributários diferiram significativamente ($p < 0,01$), sendo as maiores riquezas taxonômicas encontradas no ambiente Tributários.

A análise não apontou diferenças significativa nos ambientes entre os períodos chuvoso e seco ($p > 0,05$), mas foi possível observar pela representação gráfica dos dados que a riqueza taxonômica foi maior no período seco e para a densidade os valores médios foram maiores nos períodos secos, com exceção do ambiente Reservatório, que apresentou maior valor médio no período chuvoso.

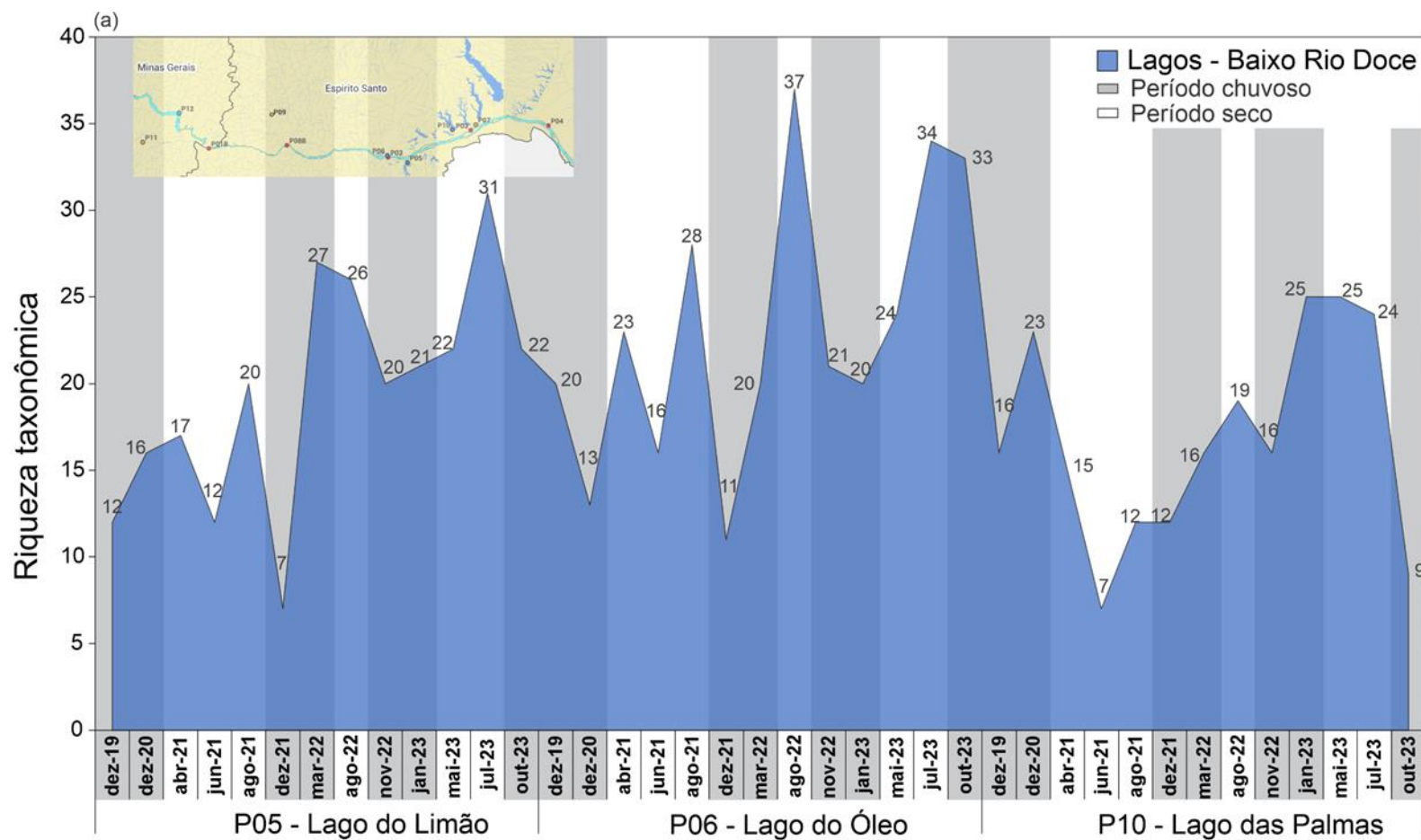
Os menores valores de riqueza e abundância de macroinvertebrados bentônicos no ambiente Rio Doce em relação aos demais ambientes estão relacionados a diversos impactos e distúrbios históricos, uma

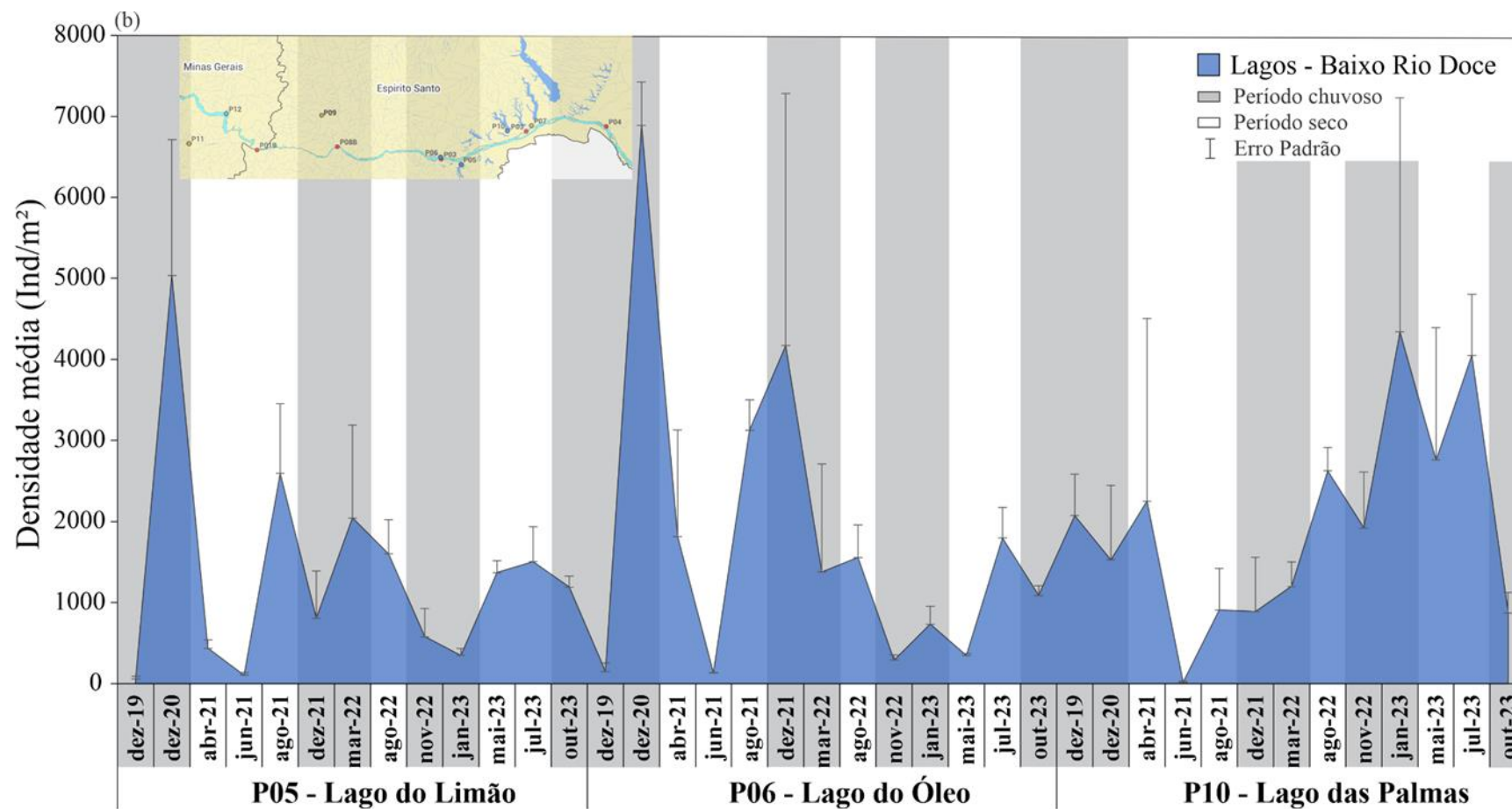
vez que a bacia do Rio Doce vem sofrendo com intensas atividades antrópicas há décadas. Aliado a isto, outros fatores também podem influenciar esta diminuição na riqueza de macroinvertebrados, como a perda de habitats, necessários à fixação dos organismos, o assoreamento do leito, com predominância de sedimentos finos (reportados na aplicação do protocolo de avaliação de habitats (CALLISTO et al., 2002), e uma possível contaminação por esgoto industrial e doméstico, que são lançados diretamente na calha do Rio Doce sem tratamento prévio.

O histórico de degradação na bacia do Rio Doce é conhecido e reportado desde 1990, quando 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, por exemplo destruindo habitats, e indiretos sobre os rios e áreas de proteção em ambientes costeiros e reservas florestais (ALMEIDA et al., 2018, ESPINDOLA; NODARI; SANTOS, 2019).

Passados mais de oito 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/Fest. É possível apontar que a comunidade da macrofauna atual apresenta organismos tolerantes e resistentes à impactos como assoreamento, esgotos e perda de habitats, observados, por exemplo, pela forte presença de larvas da família Chironomidae, gastrópodes e bivalves filtradores, principalmente nos trechos da calha do Rio Doce, em função da baixa qualidade ambiental local, principalmente nos trechos mais distantes da foz.

Figura 41: Tendência temporal: **(a)** Riqueza taxonômica e **(b)** Densidade média (Ind/m² ± Erro padrão) de macroinvertebrados bentônicos dos ambientes Lagos (Lago do Limão, Lago do Óleo e Lago das Palmas), amostrados no monitoramento do PMBA/Fest de dezembro de 2019 a outubro de 2023. Intervalo entre dezembro de 2019 a dezembro de 20 corresponde ao período da pandemia da covid-19. Barras em cinza correspondem ao período chuvoso e as barras em branco corresponde ao período seco.





Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest foi possível também acompanhar a tendência espaço-temporal da riqueza e densidade da comunidade de macroinvertebrados bentônicos em lagos do Baixo Rio Doce nos períodos chuvosos e secos, de dezembro de 2019 a outubro de 2023 (Figura 41a e b).

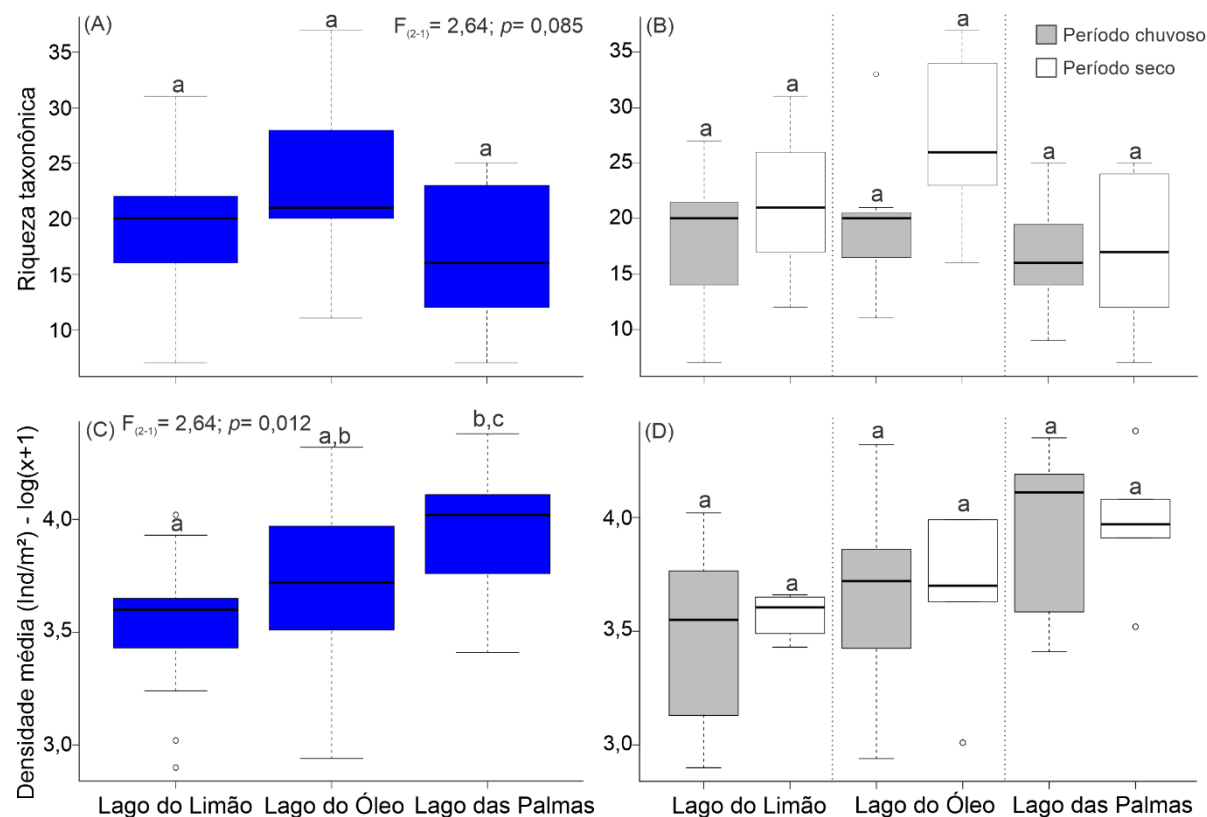
Ao longo dos cinco anos de monitoramento dos lagos (P05 – Lago do Limão, P06 – Lago do Óleo e P10 – Lago das Palmas), foi observada uma variação na composição da riqueza, apontando para uma tendência de aumento ao longo do tempo para os três lagos. Os ambientes lóticos também apresentaram as maiores riquezas nos períodos secos e as maiores densidades nos períodos chuvosos. Também vale ressaltar que, assim como nos ambientes lóticos, as amostragens no período chuvoso ocorreram na transição entre os períodos chuvoso e seco, em que o volume de chuva é menor. Desta forma, no Lago do Limão, por exemplo, foi observado um aumento gradativo da riqueza entre os meses de dezembro de 2019 a julho de 2023. O Lago do Óleo apresentou tendência de aumento bastante semelhante ao Lago do Limão, porém este ambiente apresentou a maior riqueza taxonômica ao longo do monitoramento do PMBA/Fest, enquanto no Lago das Palmas a riqueza foi menor.

Em relação à densidade, diferentemente da riqueza, foi observada uma tendência temporal de diminuição ao longo do período do monitoramento, com picos de maiores densidades nos períodos chuvosos para os lagos do Limão e do Óleo, onde ocorreram maiores variações das abundâncias entre as amostras analisadas (observadas pelas barras de Erro Padrão da Figura 41b).

Ao contrário do observado para a riqueza taxonômica, as densidades no Lago do Limão foram diminuindo ao longo do monitoramento, enquanto no Lago das Palmas, a densidade aumentou, acompanhando a riqueza taxonômica (Figura 41b).

Com base na composição da comunidade bentônica e na abordagem de bioindicadores de qualidade de água, é possível notar que o Lago do Limão apresenta em melhor condição, dada a sua elevada abundância de assembleias de macroinvertebrados sensíveis à impactos de poluição e à presença de representantes pertencentes às famílias Ephemeroptera e Tricoptera. Já o Lago do Óleo enquadra-se na posição intermediária em relação aos três lagos, por apresentar representantes da fauna bentônica sensíveis e abundância significativa de organismos tolerantes aos impactos antrópicos, principalmente de material orgânico, como quironomídeos coletores-catadores, larvas de Odonata e outros. O Lago das Palmas se apresenta com as piores condições de qualidade de água, em função da presença de elevada abundância de organismos tolerantes e resistentes a poluição, assim como elevada abundância de gêneros de quironomídeos classificados dentro dos grupos tróficos funcionais de alimentação, como coletores-catadores que se alimentam de matéria orgânica particulada fina e sobrevivem em ambientes com baixa concentração de oxigênio, além da presença de moluscos gastrópodes, bivalves e oligoquetos aquáticos (FERREIRA et al., 2011).

Figura 42: Gráficos Boxplot (A) representando as diferenças estatística (ANOVA) da Riqueza taxonômica de macroinvertebrados bentônicos entre os ambientes Lagos (Lago do Limão, Lago Óleo e Lago das Palmas) e (B) diferença sazonal (chuvoso e seco) da Riqueza nos ambientes; (C) diferenças da Densidade média (Ind/m² - dados log-transformados) entre os ambientes e (D) diferença sazonal (chuvoso e seco) da Densidade (Ind/m² - dados log-transformados) nos ambientes. Letras sobre as caixas representam as diferenças pelo Tukey-test (a≠b, a=c, b=c).



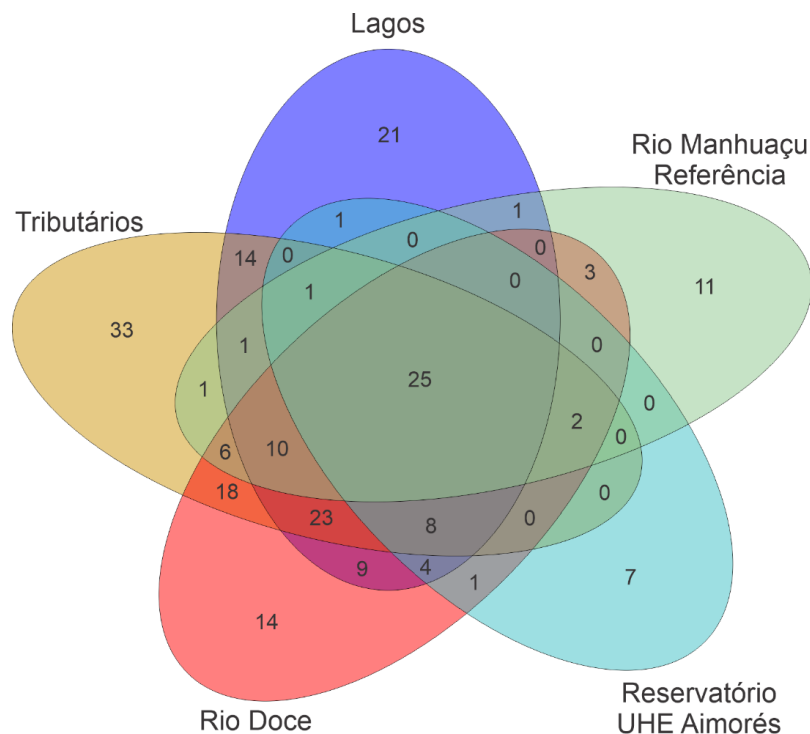
A Figura 42 (a e b) apresenta as comparações da estrutura e composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos (riqueza e densidade), analisadas pelo teste estatístico One-way ANOVA, entre os pontos amostrados nos lagos do baixo Rio Doce (P05 – Lago do Limão, P06 – Lago do Óleo e P10 – Lago das Palmas) e as diferenças nos lagos entre os períodos chuvosos e secos, de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

A análise estatística ANOVA indicou diferença significativa apenas na densidade entre os lagos do Limão e das Palmas ($p < 0,05$), sendo que a densidade de macroinvertebrados no Lago das Palmas foi estatisticamente maior do que no Lago do Limão, e não houve diferenças entre os períodos chuvosos e secos, tanto para a riqueza quanto para a densidade (Figura 42a e b).

As larvas da família Chironomidae (Diptera) e Gastropoda Hydrobiidae (dados na Figura 45, na seção de abundância relativa) predominaram em todos os lagos. O Lago das Palmas foi o que apresentou maior abundância de larvas coletoras-catadoras da família Chironomidae, indicando as piores condições de qualidade de água, pela presença organismos tolerantes e resistentes. Em contraste, o Lago do Limão, que embora apresente também maior abundância de larvas de quironomídeos, também apresentou organismos sensíveis, indicadores de boa qualidade da água, como ninfas de Ephemeroptera, larvas de Trichoptera e outros macroinvertebrados classificados dentro da abordagem de grupos tróficos funcionais como filtradores (por exemplo: alguns gêneros de quironomídeos).

A presença de larvas de quironomídeos filtradoras, a exemplo dos gêneros *Tanytarsus* e *Caladomyia* no Lago do Limão e do Óleo, também são indicativos de melhores condições da qualidade de água, conforme o estudo de Molozzi e colaboradores (2011). No Lago do Óleo, as larvas de quironomídeos também foram as mais abundantes, a exemplo do gênero *Goeldichironomus*, que é um grupo coletor-catador associado a ambientes ricos em matéria orgânica particulada fina.

Figura 43: Diagrama de Venn demonstrando o compartilhamento de táxons entre os ambientes: Lagos, Tributários, Rio Manhuaçu (referência), Rio Doce e Reservatório da UHE Aimorés, no monitoramento do PMBA/Fest de dezembro de 2019 a outubro de 2023.



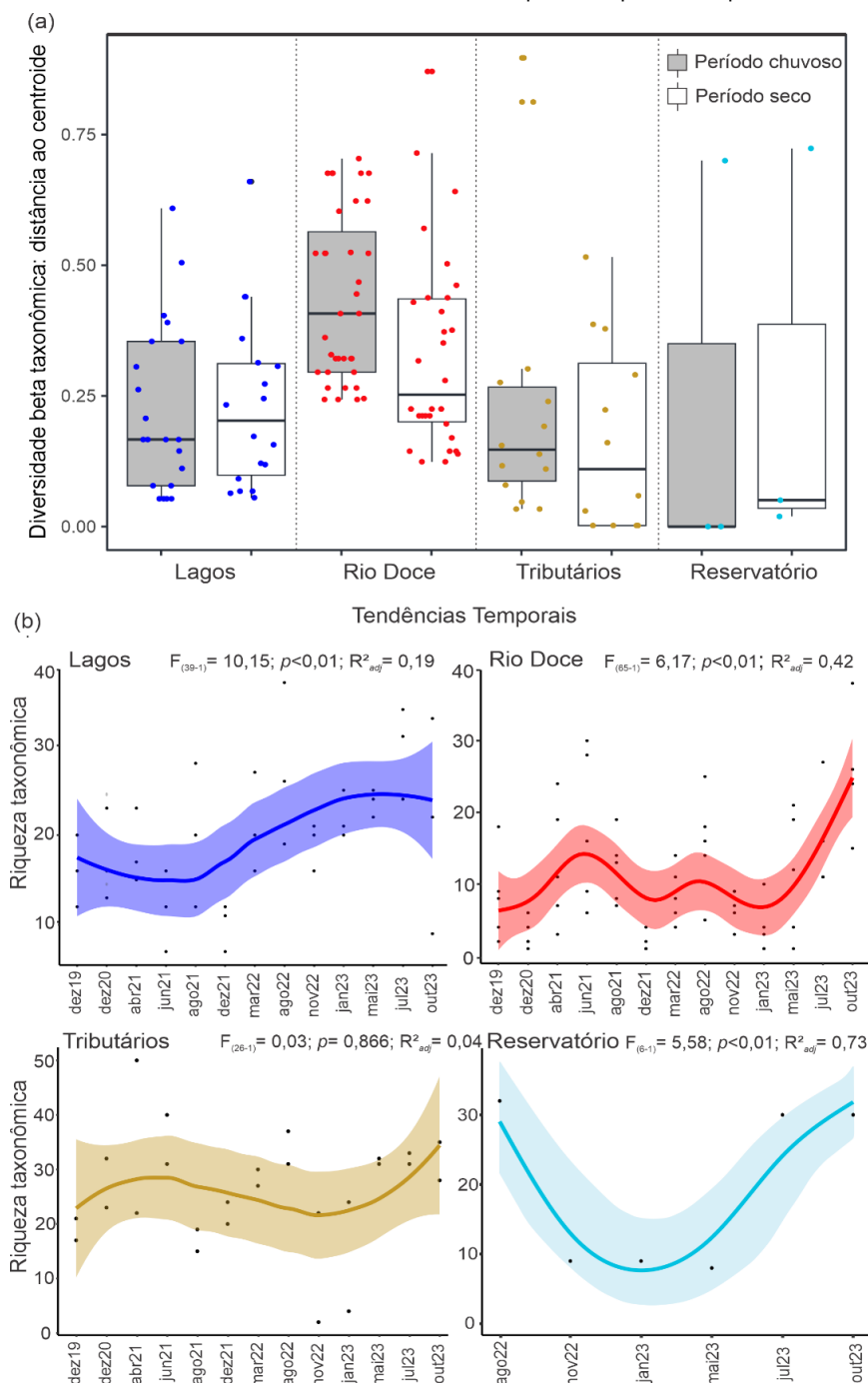
A Figura 43 apresenta, conforme o diagrama de Venn, o compartilhamento de táxons entre os ambientes e táxons exclusivos de cada ambiente. Dos 217 táxons registrados para os cinco ambientes no baixo Rio Doce, 86 apresentam exclusividade para estes ambientes, sendo que os Lagos apresentaram 21 táxons exclusivos, os Tributários 33, o Rio Doce 14, o Reservatório da UHE Aimorés 7 e Rio Manhuaçu 11. Vinte e cinco táxons são compartilhados entre todos os ambientes, e comparando o compartilhamento de táxons entre os ambientes par a par, é possível observar que Lagos vs. Tributários compartilham exclusivamente 14 táxons, Lagos vs. Rio Doce 9, Lagos vs. Rio Manhuaçu apenas um, Rio Doce vs. Tributários 18 e Rio Doce vs. Rio Manhuaçu 3 táxons. Os Lagos compartilham com os Tributários e Rio Doce um total de 66 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.

Nesta análise, o digrama de Venn demonstrou ser uma ferramenta útil, sendo aplicada em diversas áreas da biologia, permitindo a rápida observação de semelhanças e diferenças entre conjuntos de dados (HULSEN et al., 2008). Durante os cinco anos de monitoramento do PMBA/Fest, foi possível observar as semelhanças e diferenças em termos de composição taxonômica nos diferentes ambientes monitorados. Desta forma, os resultados podem ser úteis nas estratégias de conservação e

recuperação das áreas do baixo Rio Doce impactados pelo rejeito de minério oriundo do rompimento da barragem de Fundão em Mariana em 2015.

Figura 44: Gráficos representando a variação sazonal da Diversidade Beta taxonômica e tendências temporais da distribuição da riqueza taxonômica de macroinvertebrados nos ambientes Lagos (pontos azul-escuros), Rio Doce (pontos vermelhos), Tributários (pontos amarelos) e Reservatório (pontos azul-claros, UHE – Aimorés) de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

Intervalo entre dezembro de 2019 e dezembro de 2020 corresponde ao período de pandemia da covid-19.



A Figura 44 (a e b) apresenta a distribuição da diversidade beta e as tendências temporais nos ambientes Lagos, Rio Doce, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés ao longo do monitoramento do PMBA/Fest de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

Nos ambientes Lagos, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés, não foram observadas grandes mudanças na diversidade beta entre os períodos chuvosos e secos.

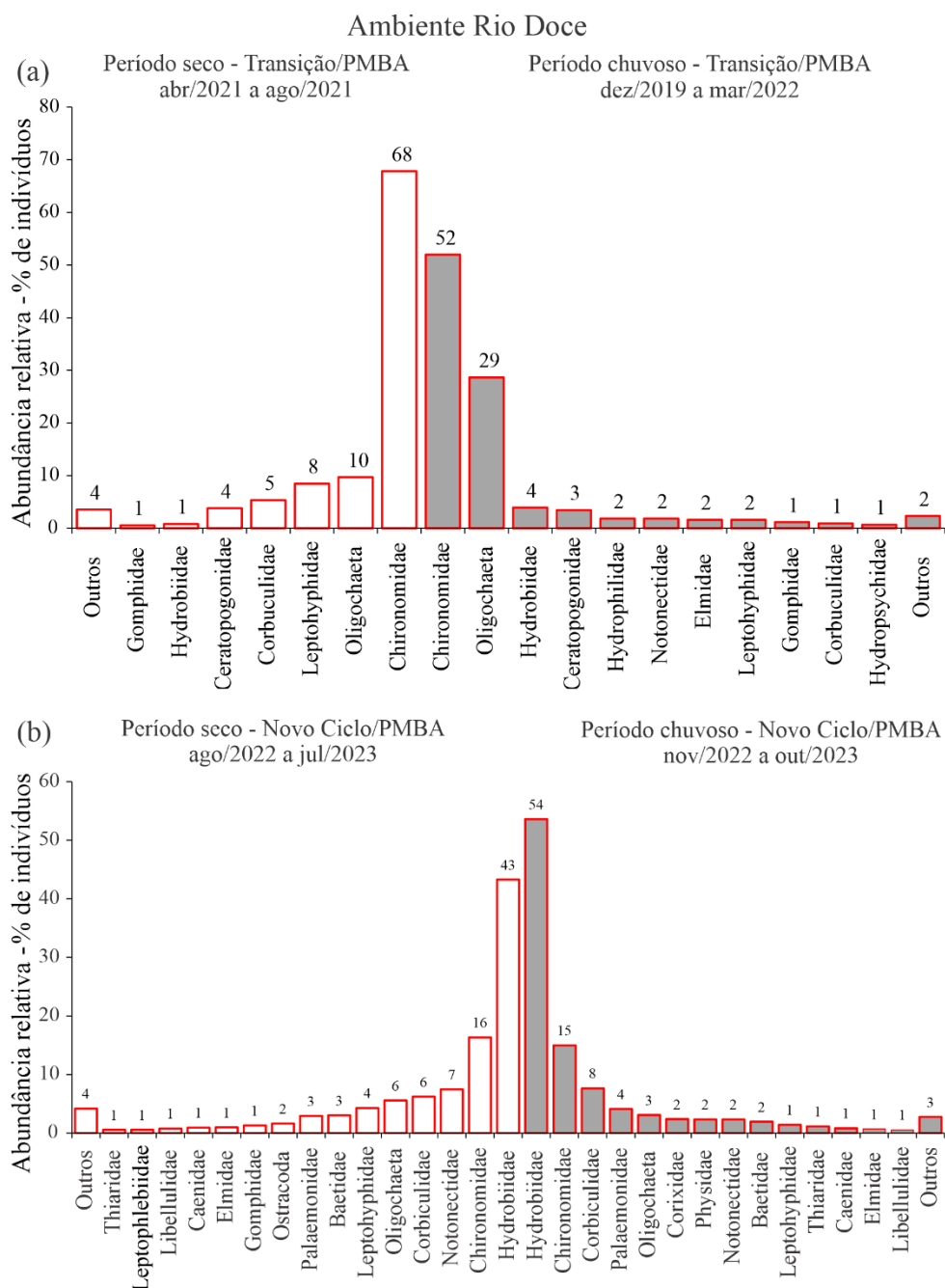
Para o ambiente Rio Doce, o período chuvoso, em geral, apresentou maior diversidade beta ($F = 4,23$; $Df = 7$; $p < 0.001$), ou seja, maior variação na média dos centroides. Entretanto, o ganho de espécies foi registrado principalmente nos períodos secos, e as flutuações de ganho e perda de espécies também foram observadas nos Tributários, com ganho mais acentuado nos períodos secos.

Diferentemente do ambiente Lagos, a evolução da tendência temporal nos ambientes Rio Doce e Tributários mostra uma significativa diminuição da riqueza de junho de 2021 a janeiro de 2023, mais acentuada nos Tributários, que pode, em parte, estar relacionada à exclusão do Córrego São Pedro Frio (P09) e adição do Rio Manhuaçu (P11) na malha amostral. 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. Em seguida, a partir de maio até outubro de 2023, foi observado um aumento significativo da tendência de distribuição da riqueza para os ambientes Rio Doce, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés (Figura 44b).

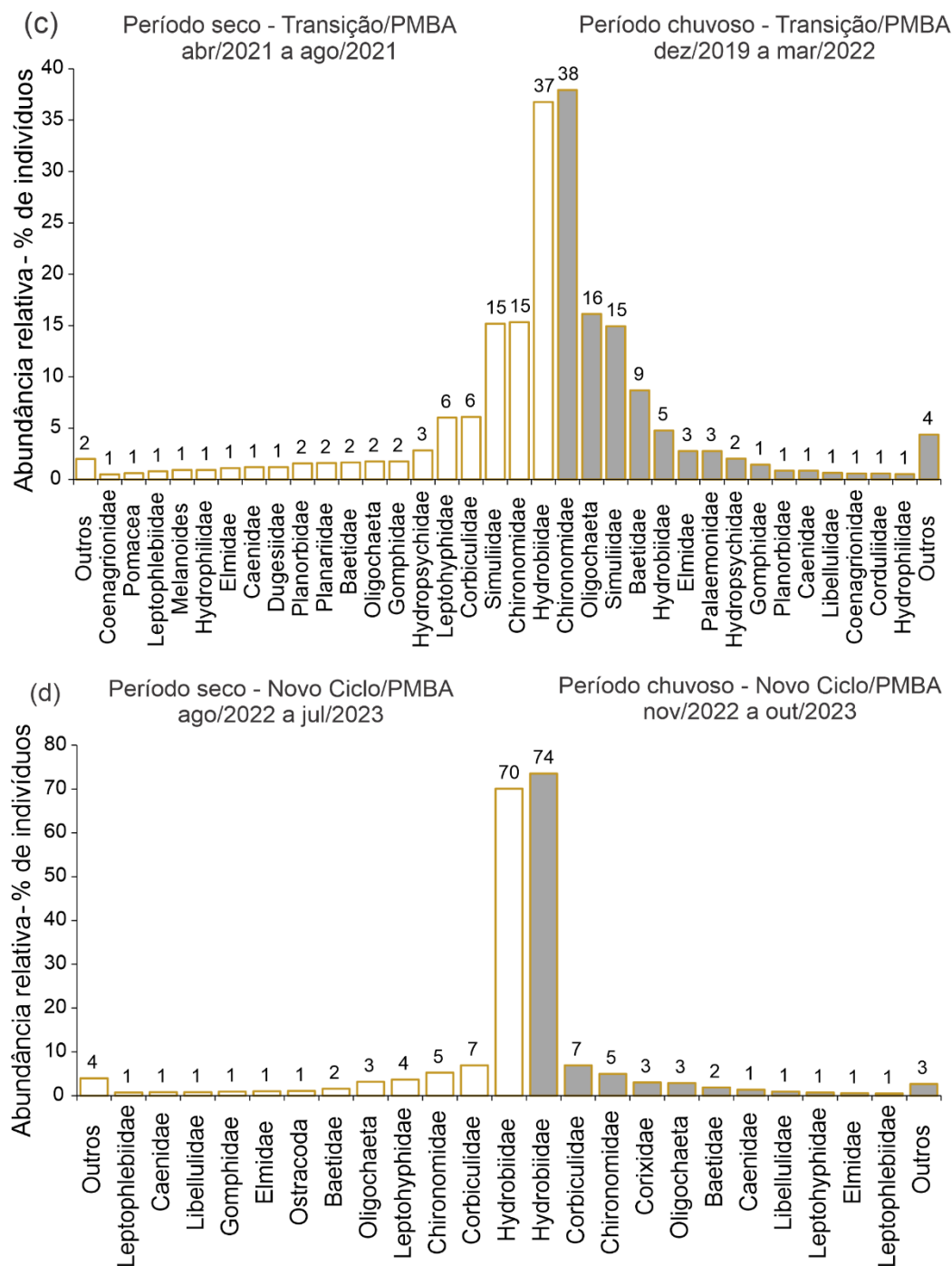
Estudos da diversidade beta são importantes em investigações espaço-temporais da distribuição de espécies em abordagens de avaliação de impactos antrópicos, podendo também ser úteis em estudos de mudanças climáticas (LEGENDRE, 2019). Além disso, a avaliação deste parâmetro também é fundamental em estudos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

3.23 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

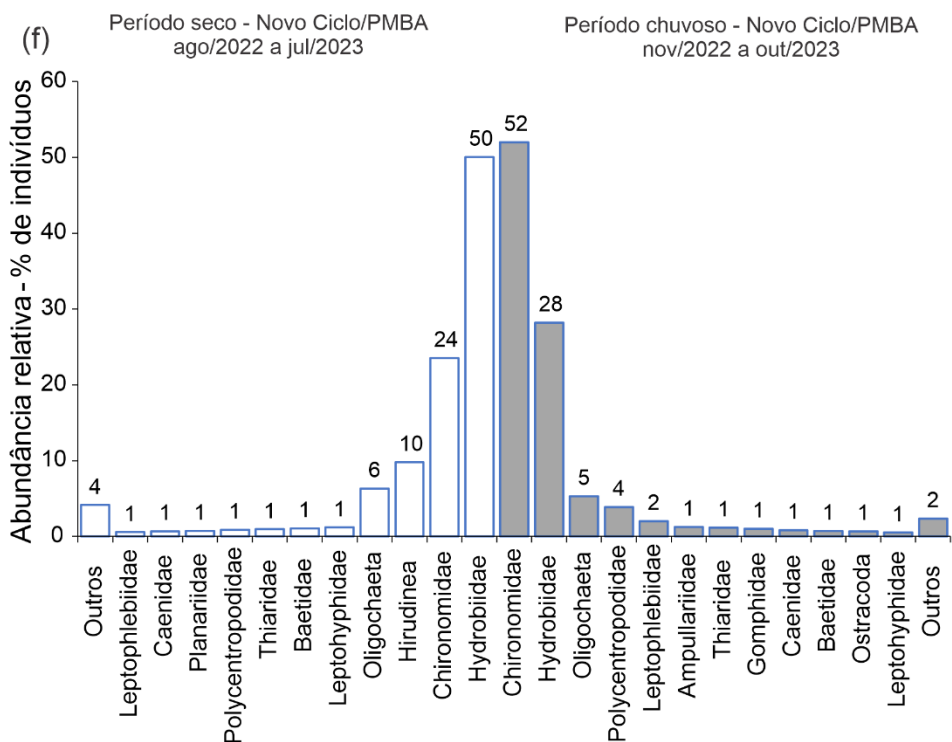
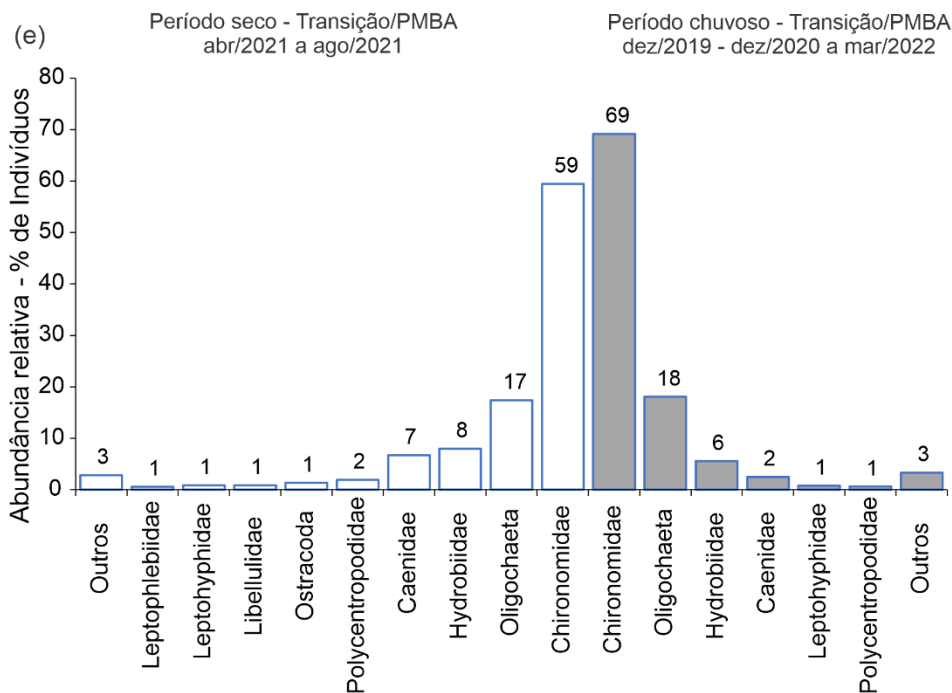
Figura 45: Abundância relativa (%) das principais famílias e classe de macroinvertebrados bentônicos amostrados nos ambientes (a, b) Rio Doce, (c, d) Tributários, (e, f) Lagos e (g) Reservatório (nos períodos chuvoso e seco do período Transição, período seco de abr/2021a ago/2021 e chuvoso de dez/2019 a mar/2022) e Novo Ciclo do PMBA/Fest (período seco de ago/2022 a jul/2023 e período chuvoso de nov/2022 a out/2023).



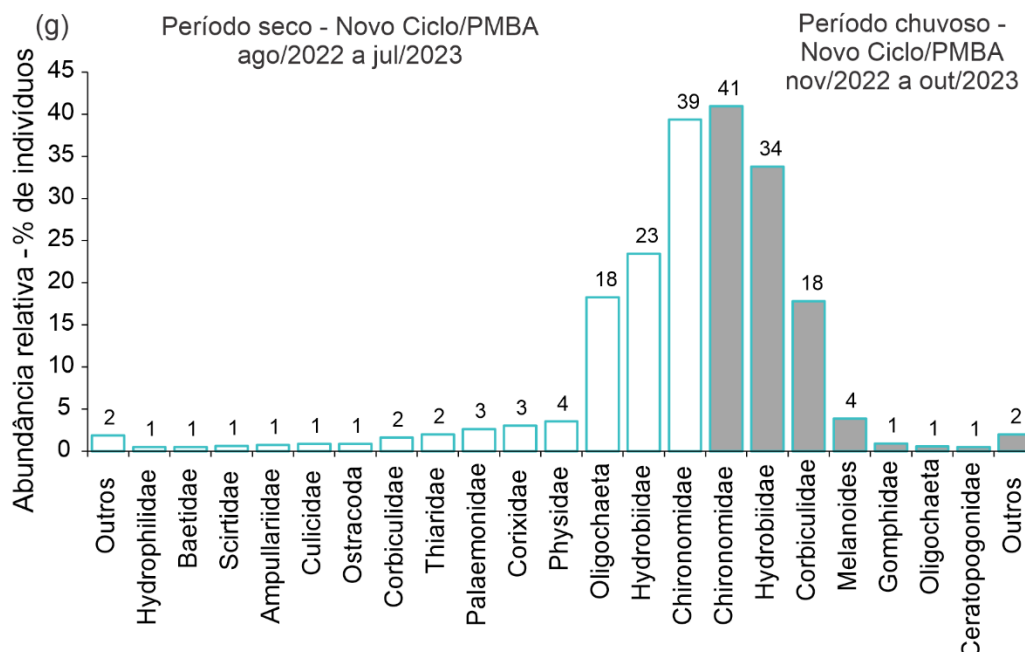
Ambiente Tributários



Ambiente Lagos



Ambiente Reservatório

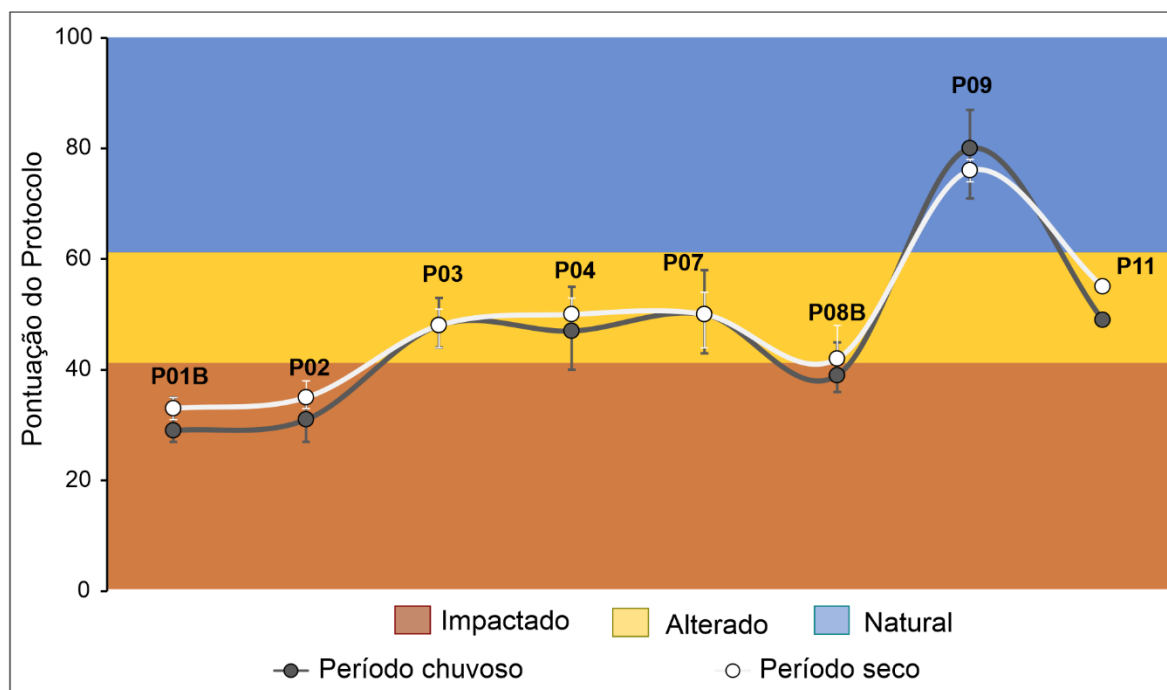


A Figura 45 (a, b, c, d, e, f e g) apresenta os dados de abundância relativa (% de indivíduos) das principais famílias e da classe Oligochaeta amostrados nos ambientes Rio Doce, Tributários, Lagos do Baixo Rio Doce e Reservatório da UHE Aimorés no monitoramento de cinco anos do PMBA/Fest. Para a construção dos gráficos foram consideradas 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.

Pela distribuição dos dados, nota-se a predominância de três principais grupos (Diptera Chironomidae, Gastropoda Hydrobiidae e Annelida Oligochaeta) tanto nos ambientes Rio Doce, Tributários, Reservatório e Lagos, quanto nos períodos chuvoso e seco do monitoramento do PMBA/Fest. Estes grupos, dentro da abordagem de bioindicadores de qualidade ambiental, são organismos tolerantes e resistentes a impactos antrópicos, e respondem de forma positiva aos estressores de acordo a intensidade e magnitude, ou seja, quanto maior o impacto sofrido, maior será a abundância destes grupos (CORTES et al., 2008). No estudo de Ferreira e colaboradores (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 negativa com os dados da aplicação do protocolo de avaliação rápida da qualidade de habitats, explicitando que 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-se na predominância destes grupos tanto no período chuvoso quanto no período seco.

3.24 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO

Figura 46: Valores médios (\pm máximo e mínimo) da aplicação do protocolo de avaliação de habitat (Callisto et al. 2002) em trechos de rios nos ambientes Rio Doce e tributários nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a outubro de 2023 no monitoramento do PMBA/Fest.



A Figura 46 apresenta os valores médios das pontuações obtidas pelo protocolo de avaliação rápida de habitats dos ambientes Rio Doce e Tributários e classificou os pontos de amostragens em impactado, alterado e natural durante os cinco anos de monitoramento do PMBA/Fest, de dezembro de 2019 a outubro de 2023. A 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 que podem ser vistas nas barras sobre os pontos. O protocolo revelou que os principais estressores nos status ecológicos se concentram principalmente nos dois pontos amostrais mais a montante no 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, a amostragem neste córrego foi descontinuada a partir do Novo Ciclo do PMBA/Fest, mas permaneceu na série histórica das análises em todas as etapas do monitoramento.

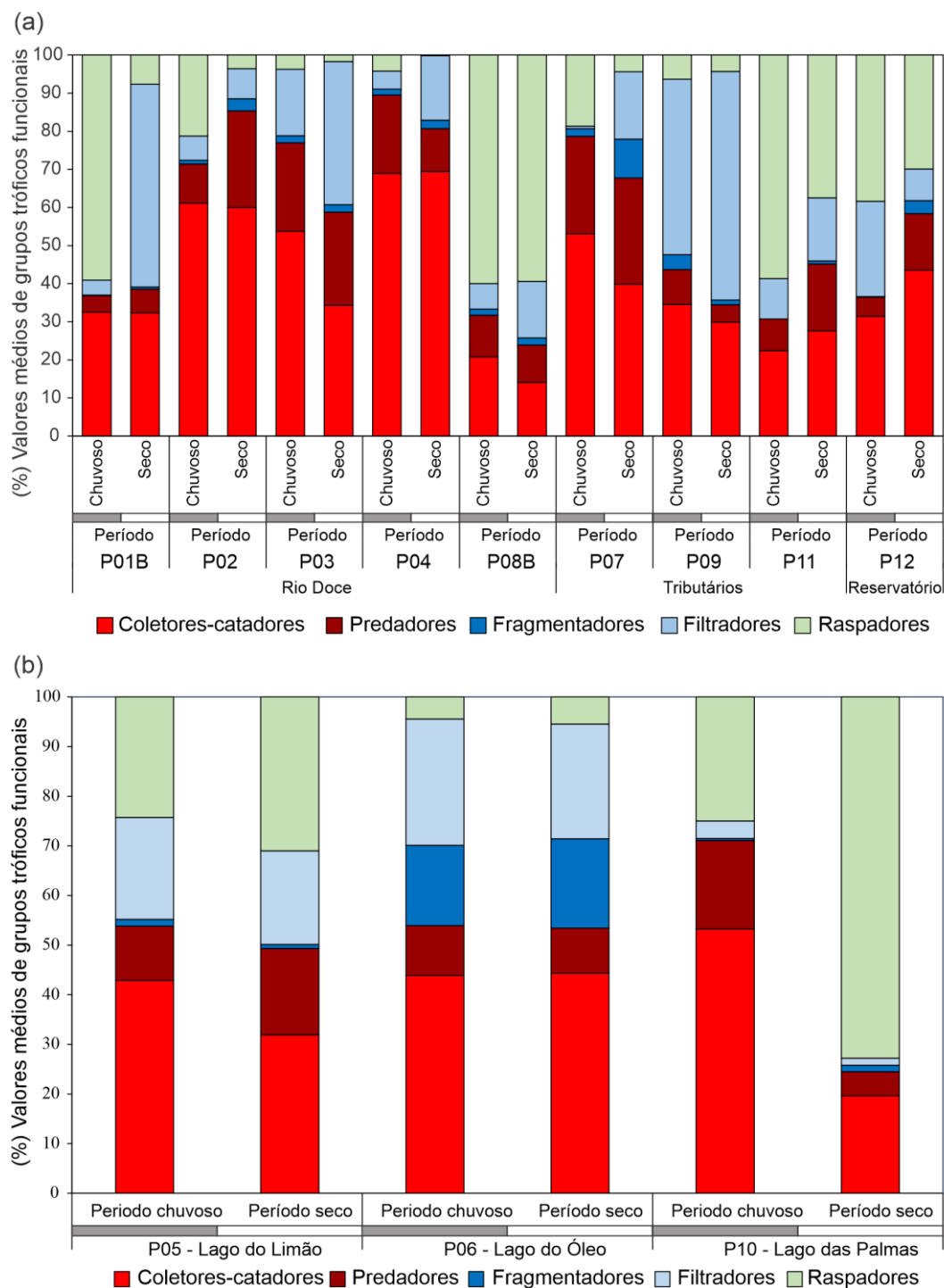
O Rio Manhuaçu, recentemente incorporado na malha amostral, foi classificado como alterado, mas ainda agrega características ambientais favoráveis ao estabelecimento de representantes da macrofauna bentônica, refletida na amostragem de agosto de 2022.

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 o status da riqueza e abundância taxonômica de macroinvertebrados bentônicos com predominância de táxons tolerantes e resistentes.

3.25 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS

Figura 47: Avaliação da composição de macroinvertebrados em grupo de alimentação funcional nos ambientes (a) Rio Doce, Tributários e Reservatório e (b) ambientes Lagos nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a outubro de 2023 no monitoramento ambiental do PMBA/Fest. Barras cinzas e brancas representam o período chuvoso e seco.



A Figura 47 (a e b) apresenta a composição dos macroinvertebrados em grupos tróficos funcionais (GTFs) nos ambientes Lagos, Rio Doce, Tributários e Reservatório da UHE Aimorés nos períodos sazonais chuvoso e seco de cinco anos do PMBA/Fest, de dezembro de 2019 a outubro de 2023.

Nos pontos amostrais do ambiente Rio Doce, nos períodos chuvosos e secos, o grupo composto por coletores-catadores foi predominante, com destaque para os pontos P02, P03 e P04, que apresentaram mais de 50% de representatividade, com proporções semelhantes nos períodos chuvosos e secos, nos pontos P02 (61 e 60%) e P04 (69%), e o ponto P03 apresentou maior proporção (54%) nos períodos chuvosos. Os predadores foram mais presentes nos pontos P02 (25%) nos períodos secos, P03 (23 e 24%) nos períodos chuvosos e secos, e no P04 (21%) nos períodos chuvosos. Os raspadores foram mais abundantes no ponto P01B (59%) nos períodos chuvosos e no ponto P08B, onde também foram mais abundantes, com proporções semelhantes (60 e 59%) para ambos períodos. Já os filtradores foram mais presentes nos períodos secos no ponto P01B (53%) e P03 (38%), e os fragmentadores apresentaram baixa proporção em todos os pontos amostrais e períodos sazonais.

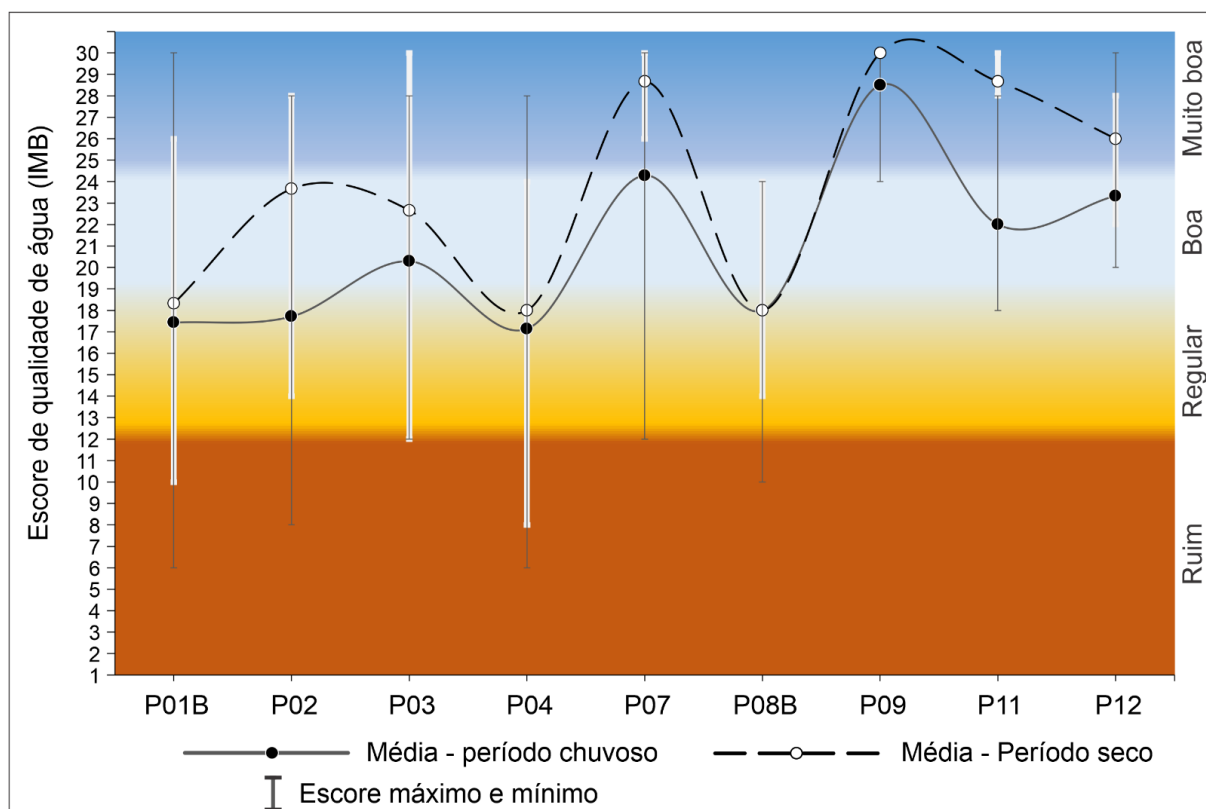
No ambiente Tributários, no ponto P07 (Ribeirão das Palmas), o grupo predominante foi de coletores-catadores (53%) nos períodos chuvosos. Os filtradores foram mais abundantes no ponto P09 (Córrego São Pedro Frio) nos períodos chuvosos e secos (46 e 60%), e no ponto P11, os raspadores foram mais abundantes nos períodos chuvosos (59%). No ponto P12 (Reservatório da UHE Aimorés), os raspadores também foram mais abundantes nos períodos chuvosos (38%) e coletores-catadores nos períodos secos (44%).

No ambiente Lagos, o Lago do Óleo (P06) apresentou a distribuição mais equilibrada das proporções de macroinvertebrados, seguido pelo Lago do Limão, em ambos períodos chuvosos e secos. Os coletores-catadores foram mais presentes em todos os lagos, exceto no Lago das Palmas nos períodos secos, em que os raspadores foram mais abundantes (73%). Além disso, os fragmentadores foram mais abundantes no Lago do Óleo nos períodos chuvosos e secos (16 e 18%), enquanto os raspadores foram mais presentes no Lago do Limão (Figura 47b).

A predominância de certos grupos tróficos funcionais, como os coletores-catadores, pode ser um indicativo de desequilíbrio ambiental, no qual um grupo se beneficia e se estabelece 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.

3.26 QUALIDADE DE ÁGUA

Figura 48: Avaliação da Qualidade da água dos pontos amostrais nos ambientes Rio Doce e tributários obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a outubro de 2023 no monitoramento do PMBA/Fest. Barras cinza escuro representam a amplitude da qualidade de água máxima e mínima (escores) alcançada no período chuvoso e barras brancas representam a amplitude máxima e mínima (escores) da qualidade de água no período seco.



Na Figura 48 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 todo monitoramento do PMBA/Fest (nos períodos chuvosos e secos de dezembro de 2019 a outubro de 2023).

No geral, os valores médios dos escores do Índice Multimétrico Bentônico, obtidos durante cinco anos de monitoramento, demonstrou uma tendência de melhora da qualidade de água, principalmente no período seco, e apontou que os principais problemas de qualidade de água se concentram nos pontos amostrais da calha do Rio Doce, especialmente nos pontos P01B, P04 e P08B, principalmente no período chuvoso, que se mantiveram com qualidade regular. A melhora da qualidade da água foi observada ao longo do monitoramento, com a maior quantidade de pontos 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 - Reservatório UHE Aimorés). Entretanto, apenas os Tributários e o Reservatório alcançaram status de qualidade muito boa, com destaque para

o ponto P09 (Córrego São Pedro Frio), que manteve status de qualidade muito boa tanto nos períodos chuvosos quanto nos períodos secos.

As barras sinalizam a variações nos status da qualidade de água alcançados em algum momento do monitoramento, e foi possível observar que os pontos na calha (P01B, P02, P03, P04 e P08B) são os mais preocupantes, uma vez que foram os que mais alcançaram status de qualidade ruim durante o monitoramento do PMBA/Fest (Figura 39).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS SOBRE OS 5 ANOS DE MONITORAMENTO ACERCA DOS INDICADORES OBSERVADOS E O AMBIENTE MONITORADO

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest, entre outubro de 2018 a dezembro de 2023, foi possível observar, a partir das análises da ecologia de peixes, através dos parâmetros testados e das tendências temporais e espaciais identificadas, uma tendência geral de declínio na riqueza de espécies nos ambientes amostrados, sendo a diminuição da riqueza mais evidente nas espécies nativas, comparadas com as introduzidas. Ao compararmos os quatro ambientes (Calha do Rio Doce, Tributários, Lagos, Reservatório da UHE Aimorés), a Calha do Rio Doce apresentou uma tendência de aumento na riqueza de espécies, sendo considerado também o ambiente com maior riqueza e o mais heterogêneo, em função do maior número de espécies não compartilhadas com os demais ambientes. Além disso, foi possível observar que os Tributários se mostraram um ambiente importante de aporte para o ambiente da Calha do Rio Doce, contribuindo para a sobrevivência de espécies nativas no Baixo Rio Doce.

Em relação à abundância de espécies, tanto espécies nativas quanto introduzidas não apresentaram uma tendência clara de aumento ou declínio, ou seja, tendem à estabilidade, mas vale ressaltar que foram registrados altos picos de abundância, no mês de março de 2022, das espécies nativas na Calha do Rio Doce e nos Tributários, enquanto as espécies introduzidas tendeu a estabilidade durante todo o período de monitoramento. Já no Reservatório da UHE Aimorés, houve uma tendência de aumento da abundância de espécies, que pode ter sido influenciada pelo baixo número de coletas realizadas neste ponto ou por condições mais favoráveis a montante.

A biomassa proporcional das espécies introduzidas mostrou uma tendência de aumento discreto ao longo dos 5 anos de monitoramento, tanto nos Lagos como na Calha do Rio Doce. Os dados de biomassa para o Reservatório da UHE Aimorés ainda são poucos conclusivos, e não é possível determinar padrões de comportamento da biomassa neste ambiente. Além disso, a diversidade beta taxonômica ainda nos mostra uma tendência ao aumento de espécies introduzidas e à diminuição de espécies nativas ao longo do monitoramento, gerando preocupação quanto à uma possível vantagem adaptativa das espécies introduzidas sobre as nativas.

Por fim, todos os nossos parâmetros analisados sugerem um olhar mais focado, cuidadoso e conservacionista para as relações ecológicas entre espécies nativas e introduzidas. Estes parâmetros

têm se mostrado cada vez mais informativos, especialmente para uso em futuras análises de risco de integridade da biota nativa característica da região (*sensu* Lista Vermelha de Ecossistemas da IUCN). Os dados obtidos pelo monitoramento do PMBA/Fest corroboram os de outros autores, e apontam para consequências drásticas dessa condição de desequilíbrio, uma vez que a perda da comunidade característica dos ambientes afetados acarreta danos ambientais e socioeconômicos, que por vezes podem ser irreversíveis, se não forem acompanhados de perto e de forma holística, o que reforça a importância do monitoramento e apontamento de possíveis impactos ao longo desses cinco anos.

Já as análises de ecologia trófica das assembleias de peixes ao longo destes 5 anos mostraram menor espectro alimentar de itens consumidos por espécies nativas nos Lagos e Reservatório da UHE Aimorés. Esse resultado sugere que, após o rompimento da barragem, 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, pode ter colaborado para elevada abundância das espécies introduzidas na região. No entanto, para a Calha do Rio Doce e Tributários (Ribeirão Palmas e Córrego São Pedro Frio), as espécies nativas ingeriram maior diversidade de itens alimentares, sugerindo maior integridade ambiental desses ambientes.

Em relação às guildas tróficas, a evolução espacial durante o monitoramento mostra a dominância em abundância das espécies de peixes bentófagos (Peixe-flor *Awaous tajasica*, Tilápia *Oreochromis niloticus* e o Barrigudinho *Poecilia vivipara*) em quase todos os ambientes analisados. A maior abundância de espécies de peixes bentófagos, que se alimentam de itens presente no sedimento, possivelmente contaminado, pode permitir a entrada de metais pesados na cadeia trófica e sua biomagnificação ao longo da cadeia alimentar, impactando a pesca comercial e de subsistência.

A análise de evolução espacial nos cinco anos de monitoramento das espécies introduzidas mostra uma tendência de maior dominância da guilda trófica bentófagos (pertencentes às espécies Tilápia *Oreochromis niloticus* e Barrigudinho *Poecilia reticulada*) nos ambientes lóticos (Calha do Rio Doce, Ribeirão e Rio Manhuaçu), e dos carnívoros e piscívoros (Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, Jacundás *Saxatilia lepidota* e Piranhas-vermelhas *Pygocentrus nattereri*), nos ambientes lênticos (Lagos e “RES” - Reservatório da UHE Aimorés). Por outro lado, a evolução espacial das espécies nativas mostra uma tendência de baixa abundância de carnívoros e piscívoros presentes na Calha do Rio Doce - porção da bacia mais afetada pelos rejeitos de minério (e por metais pesados como mercúrio, ferro e arsênio). É possível que estas guildas estejam potencialmente mais expostas aos efeitos relacionados à exposição aos poluentes presentes nesse ambiente.

Na evolução temporal, observa-se uma tendência de aumento na abundância de carnívoros e piscívoros introduzidos ao longo do monitoramento. Essa dinâmica pode ser explicada pelo espectro alimentar maior das espécies não nativas, além de outras características biológicas que facilitam o processo de reprodução e recrutamento das espécies introduzidas.

Em relação à reprodução, durante os cinco anos de monitoramento, as espécies de peixes introduzidas mostraram uma proporção sexual entre fêmeas e machos próxima de 1:1, diferentemente da proporção

desbalanceada encontrada nas espécies nativas, o que evidencia o estabelecimento das espécies introduzidas nos Lagos e na calha do Rio Doce. O recrutamento no Baixo Rio Doce (Rio Doce e Lagos) nas espécies introduzidas como na Tilápia *Oreochromis niloticus*, Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*, Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, Tucunarés *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, o Jacundá *Saxatilia lepidota* e o Mato-Grosso *Hyphessobrycon eques* comprova que estas são as principais espécies que conseguiram se adaptar e se reproduzir nos diferentes ambientes, representando assim uma ameaça às espécies nativas no Baixo Rio Doce. A maioria dessas espécies introduzidas possuem características biológicas e comportamento reprodutivo diferenciadas em relação às espécies nativas, como tamanho dos ovócitos, presença de cuidado parental e uma relação gonadossomática que apresentou melhoras ao longo do monitoramento, que propiciam maior sucesso reprodutivo, como observado para as espécies Pacu-CD *M. lippincottianus* e Piranha-vermelha *P. nattereri*. No mesmo sentido, as espécies introduzidas mostraram maiores proporções dos estágios de maturação gonadal (EMG) maduro, desovado e espermiado no período chuvoso e seco, quando comparadas às espécies nativas ao longo dos anos de monitoramento, o que beneficia a sua colonização em diferentes ambientes no Baixo Rio Doce. Entretanto, é importante ressaltar que a ictiofauna do Baixo Rio Doce está ameaçada pela poluição da água, conforme destacado pelas histopatologias encontradas em diferentes espécies nativas e introduzidas, com perda dos padrões morfológicos na organização celular de ovários e testículos, sendo alterações típicas de ambientes impactados, capazes de afetar o desenvolvimento gonadal a curto e longo prazo.

Quanto à genética de peixes, as análises de DNA *Barcode* considerando os três primeiros anos do monitoramento indicaram que a diversidade da ictiofauna do Rio Doce ainda é subestimada, uma vez que os quatro métodos de descoberta de espécies utilizados delimitaram mais linhagens do que o número de espécies reconhecidas morfológicamente. Dentre as 77 espécies morfológicas, até 163 linhagens genéticas foram identificadas, dependendo do método de delimitação utilizado. No entanto, não foi mais observada nenhuma espécie nova coletada na área do monitoramento a partir da campanha 55, no Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) do monitoramento. Considerando que estamos analisando apenas a porção baixa do rio Doce, esse número de linhagens não conhecidas deve aumentar em uma análise da bacia como um todo.

As análises populacionais para as sete espécies monitoradas (*Astyanax lacustris*, *Deuterodon* cf. *intermedius*, *Geophagus* aff. *brasiliensis*, *Hoplias malabaricus*, *Knodus moenkhausii*, *Pachyurus adspersus* e *Poecilia vivipara*) mostraram que todas apresentaram níveis de endogamia elevados e todos significativos, principalmente nos três primeiros anos do monitoramento, com uma leve redução dessa endogamia nos Ano 4 (outubro de 2021 a setembro de 2022) e Ano 5 (outubro de 2022 a outubro de 2023) do monitoramento. Esses resultados indicam que essas espécies possuem populações geneticamente diferenciadas que estão espacialmente segregadas, embora essa segregação seja muito sutil. Nossos resultados indicaram que os impactos sofridos por essas espécies, em decorrência da passagem do rejeito, provavelmente foram severos, visto que ocorreram há pouco tempo em uma escala demográfica.

De um modo geral, os índices de diversidade genética, usando tanto marcadores microssatélites como mitocondriais, indicaram uma tendência de média à baixa diversidade para todas as populações locais das espécies analisadas. As duas espécies com maior diversidade gênica média foram os Lambaris *Astyanax lacustris* e *Deuterodon cf. intermedius*, que mostraram uma recuperação mais rápida de sua variabilidade após a passagem do rejeito. No entanto, essa diversidade, no geral, é considerada baixa, com alguns pontos de coleta apresentando índices de diversidade médios. A Corvina *Pachyurus adspersus* foi a espécie que apresentou os mais baixos índices de diversidade, que se mantiveram ao longo de todo o monitoramento, o que poderia estar refletindo uma característica de baixa diversidade genética intrínseca da espécie. Porém, como não temos informações pretéritas desses índices para as espécies, a continuidade do monitoramento se faz necessário para confirmação ou não dos padrões observados nesses cinco anos.

No que se refere às análises da diversidade filogenética da ictiofauna do baixo Rio Doce, foi detectada uma diminuição substancial da diversidade filogenética e funcional das comunidades de peixes nativos na comparação entre o Ano 1 e o Ano 2 (setembro de 2018 a outubro de 2019), o mesmo não ocorrendo entre os Anos 2 e 3 do monitoramento (outubro de 2019 a setembro de 2020), sendo que nos anos seguintes essa diminuição foi menor. A perda relativa de diversidade filogenética de comunidades de peixes nativos foi maior na comparação com a comunidade total (nativas + introduzidas), indicando que as espécies nativas foram as mais impactadas pelo rompimento da barragem. O significado desse resultado é que as espécies nativas, filogeneticamente e ecologicamente mais diferentes, estão desaparecendo, e sendo substituídas pelas espécies introduzidas, e consequentemente a diversidade funcional das comunidades está sendo simplificada. Em geral, espécies introduzidas são mais resilientes do que espécies nativas, competindo por recursos e podendo ainda atuar até mesmo como predadoras de algumas espécies nativas. Portanto, o aumento na biomassa das espécies introduzidas pode ser um dos fatores que contribuíram para essa perda de diversidade filogenética das espécies nativas, e isso pode ajudar contribuir para a aceleração do processo de extinção local de algumas delas.

Diferentemente da Ictiofauna, o monitoramento do ictioplâncton teve início em dezembro de 2020, durante o Ano 3 de monitoramento do PBMA/Fest. O principal objetivo era identificar os principais locais de desova das espécies de peixes na bacia do Rio Doce e investigar possíveis alterações na distribuição espacial e temporal dos ovos e larvas de peixes ao longo do tempo. Observou-se uma tendência na evolução temporal, com a maioria das espécies realizando suas desovas predominantemente na calha do Rio Doce, enquanto os afluentes foram menos utilizados como locais de desova. Esse padrão persistiu ao longo de todos os anos do monitoramento do PBMA/Fest. Inicialmente, havia a hipótese de que, devido ao rompimento da Barragem de Fundão, os peixes utilizariam os tributários para a manutenção reprodutiva de suas comunidades. No entanto, o padrão reprodutivo na bacia revelou que a calha do baixo Rio Doce é o principal local de desova, com ovos e larvas à deriva ao longo de toda a porção longitudinal do rio, no estado do Espírito Santo, até a Foz. O Rio São José, localizado no município de Linhares (ES), é o único tributário do estudo que tem

apresentado atividades reprodutivas expressivas, principalmente por espécies de origem marinha, que possivelmente o utilizam como rota de acesso para reprodução no Lago Juparanã.

O padrão reprodutivo observado temporalmente é comum para as espécies da região Neotropical, onde a sazonalidade reprodutiva da maioria dos peixes resulta em uma maior deriva de ovos e larvas durante os períodos chuvosos. Esse fenômeno é especialmente marcante nas espécies que liberam ovos à deriva na coluna d'água e dependem do fluxo para reprodução. Destacam-se, nesse contexto, as Curimatás, o Mandi Amarelo, o Dourado e os Piaus pertencentes à família Anostomidae, que apresentaram as maiores densidades de larvas registradas ao longo de todos os anos do estudo. No entanto, devido à particularidade do baixo Rio Doce e sua interação com o ambiente marinho, muitas espécies de origem marinha liberam seus ovos e larvas em diferentes épocas do ano, mesmo durante os períodos secos.

Embora os padrões de distribuição espacial e temporal tenham permanecido consistentes ao longo dos Anos 3 a 5 do PMBA/Fest (outubro de 2020 a janeiro de 2024), não houve uma mudança clara nessas distribuições causadas pelo rompimento da barragem. No entanto, é crucial destacar que um novo indicador passou a ser proeminente ao longo do monitoramento: o surgimento de alterações incomuns na morfologia das larvas. Essas deformidades são visíveis principalmente na região cefálica, além da presença de material semelhante ao sedimento do rejeito, tanto na superfície externa do corpo das larvas quanto em cavidades internas. Espacialmente, os resultados indicam que essas ocorrências incomuns são predominantes em todas as estações de amostragem do Rio Doce, e especificamente as deformidades na região da cabeça apresentam uma tendência de aumento na proporção de ocorrência ao longo da série temporal.

As tendências espaciais e temporais têm revelado um aumento constante de larvas com deformidades na cabeça, levantando questionamentos sobre a real taxa de sobrevivência dos peixes em estágios iniciais de vida. Apenas os indicadores de distribuição espacial e temporal não são suficientes para verificar se os ovos e larvas provenientes dos eventos reprodutivos conseguem alcançar taxas de sobrevivência relevantes, especialmente diante do surgimento de alterações com potencial risco de comprometimento funcional.

Por fim, para macroinvertebrados bentônicos, o conjunto de dados levantados e o uso de ferramentas ecológicas (protocolos e índices bióticos bentônicos), somados à avaliação da biota aquática nos cinco anos do monitoramento do PMBA/Fest, permitiram apontar tendências robustas e um retrato geral do status de qualidade ambiental nos diferentes trechos amostrados nos ambientes Rio Doce, Tributários, Reservatório da UHE Aimorés e Lagos do baixo Rio Doce. A análise dos dados com base nos indicadores riqueza taxonômica, densidade de táxons, abundância relativa, grupos de alimentação funcional, qualidade de habitats e qualidade de água, permitiu observar a evolução positiva no aumento da riqueza e abundância entre os períodos chuvosos e secos, principalmente nos períodos secos. O aumento da riqueza e abundância do período chuvoso para o seco é esperado devido, por exemplo, a chuvas intensas e regime de cheias representarem um distúrbio natural que pode afetar a dinâmica das assembleias de macroinvertebrados, já que o aumento da energia com alto fluxo pode promover a

deriva (*drift*) dos organismos e dificultar a sua coleta, além de poder afetar a dinâmica das assembleias de macroinvertebrados (FEIO et al., 2015), além de promover o revolvimento de sedimentos finos depositados no fundo rio e promover o desaparecimento de habitats necessários para a fixação dos organismos em outras áreas.

Em relação à riqueza taxonômica, embora os dados evidenciem uma tendência de aumento, o cenário ainda é preocupante, uma vez que os resultados de abundância relativa revelam a predominância de assembleias de macroinvertebrados associados à ambientes impactados, como por exemplo, a dominância de larvas da família Chironomidae e Oligochaeta, capazes de se enterrarem e se beneficiarem da presença de sedimentos finos que têm predomínio na bacia, como apontado pelo protocolo de habitats (CALLISTO et al., 2002). No entanto, o aumento gradativo da riqueza e abundância, com a presença de representantes da fauna bentônica sensíveis, elevou os status da bacia em relação à qualidade da água, que variou de regular à boa qualidade na calha do Rio Doce e nos Tributários de muito boa qualidade, considerando os valores médios obtidos ao longo do monitoramento.

Os resultados obtidos com a aplicação do protocolo para avaliar a qualidade ambiental ao longo do monitoramento mostraram que os ambientes praticamente não variaram em termos de classificação em impactado (P01B e P02), alterado (P03, P04, P07, P08B e P11) e natural (P09, avaliado até março de 2022, quando foi descontinuado, e adicionado um novo tributário - P11, a partir de agosto de 2022, no Novo Ciclo do PMBA/Fest) nos períodos chuvosos e secos.

No ambiente Lagos, dípteros da família Chironomidae também predominaram em elevadas densidades, e o ponto P10 (lagoa das Palmas) foi o que apresentou maior densidade de coletores-catadores, indicando que biologicamente este lago apresenta a pior condição de qualidade de água, seguido do ponto P06 (lagoa do Óleo). Em contraste, o ponto P05 (Lago do Limão) apresentou melhores condições de qualidade de água.

A continuidade do monitoramento será fundamental para acompanhar a evolução da qualidade ambiental da bacia e para minimizar as lacunas referentes a estrutura e composição das comunidades de macroinvertebrados bentônicos e suas relações com fatores ambientais, além de subsidiar informações de fundamental importância para projetos de conservação e recuperação na porção baixa do Rio Doce, no estado do Espírito Santo.

5 ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS

O tema Ictiofauna dulcícola, Ictioplâncton e Macroinvertebrados bentônicos cumpriu integralmente todas as metas previstas no Plano de Trabalho de 2022.

6 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.; 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.
- AGOSTINHO, A. A. et al. **Ecologia e manejo de recursos pesqueiros em reservatórios do Brasil**. Uem, 2007a.
- AGOSTINHO, A. A. et al. Fish ladder of Lajeado Dam: Migrations on one-way routes? **Neotropical Ichthyology**, 5(2), 121–130, 2007b.
- AGOSTINHO, A. A. et al. Fish assemblages in Neotropical reservoirs: Colonization patterns, impacts and management. **Fisheries Research**, v. 173, p. 26-36, 2016.
- 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.
- ALVES, C. B. M. et al. Peixes ameaçados de extinção na bacia do rio Doce. **Livro Vermelho da Biota Aquática do Rio Doce Ameaçada de Extinção pós Rompimento da Barragem de Fundão, Mariana, Minas Gerais: Crustáceos, Efemerópteros, Odonatos e Peixes**, p. 204-266, 2021.
- ALVES, R. R. **Peixes do Rio Doce. Ilustração científica das espécies ameaçadas da bacia hidrográfica, no leste de Minas Gerais (Brasil)**. 2020.
- 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.

- ARAÚJO-LIMA, C. A. R. M.; OLIVEIRA, E. C. Transport of larval fish in the Amazon. **Journal of fish Biology**, v. 53, p. 297-306, 1998.
- 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.
- BAGCHI, D. et al. In vitro and in vivo generation of reactive oxygen species, DNA damage and lactate dehydrogenase leakage by selected pesticides. **Toxicology**, v. 104, n. 1-3, p. 129-140, 1995.
- BAILLY, D. **Influência do regime de cheias na reprodução de espécies de peixes com diferentes estratégias reprodutivas da planície de inundação do rio Cuiabá, Alto Pantanal, Brasil**. Tese de Doutorado. Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biologia. Programa de Pós-Graduação em Ecologia de Ambientes Aquáticos Continentais, 2006.
- 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.
- BEGON, M. et al. **Ecology: from individuals to ecosystems**. London, Blackwell Publishing, 4th ed., p. 752, 2006
- 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.
- BLACKBURN, T. M. et al. A unified classification of alien species based on the magnitude of their environmental impacts. **PLoS Biol**, v. 12, n. 5, p. e1001850, 2014
- BUENO, M. L. et al. Alien fish fauna of southeastern Brazil: species status, introduction pathways, distribution and impacts. **Biological Invasions**, v. 23, p. 3021–3034, 2021.
- CALLISTO, M. et al. Diversity and biomass of Chironomidae (Diptera) larvae in an impacted coastal lagoon in Rio de Janeiro, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 62, p. 77-84, 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.
- CHENG, S. T. et al. Assessing the natural and anthropogenic influences on basin-wide fish species richness. **Science of The Total Environment**, v. 572, p. 825-836, 2016.

ÇOMAKLI, S. et al. Immunofluorescence/fluorescence assessment of brain-derived neurotrophic factor, c-Fos activation, and apoptosis in the brain of zebrafish (*Danio rerio*) larvae exposed to glufosinate. **Neurotoxicology**, v. 69, p. 60-67, 2018.

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.

DE BRUIN, J. P. Telencephalon and behavior in teleost fish: a neuroethological approach. In: **Comparative neurology of the telencephalon**. Boston, MA: Springer US, p. 175-201, 1980.

DELARIVA, R. L.; HAHN, N. S.; KASHIWAQUI, E. A. L. Diet and trophic structure of the fish fauna in a subtropical ecosystem: impoundment effects. **Neotropical Ichthyology**, v. 11, n. 891-904, 2013.

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.

DINIZ, M. A. S. et al. Reproductive and morphological analysis of the trairão *Hoplias intermedius* in the São Francisco River, downstream from a large reservoir. **Anatomia, Histologia, Embryologia**, v. 52(6), 836-842, 2023.

DOS SANTOS, J. E. et al. Reproductive biology of the Neotropical catfish *Iheringichthys labrosus* (Siluriformes: Pimelodidae), with anatomical and morphometric analysis of gonadal tissues. **Animal reproduction science**, v. 209, 106173, 2019.

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.

DUTTA H. M.; MISQUITA D.; KHAN, S. The effects of endosulfan on the testes of bluegill fish, *Lepomis macrochirus*: a histopathological study. **Archives of Environmental Contamination and Toxicology**, 521:149-56, 2006.

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.

FAITH, D. P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. **Biological conservation**, v. 61, n. 1, p. 1-10, 1992.

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.

GIACOMINI, H. C.; LIMA JR, D. P.; LATINI, A. O.; ESPÍRITO-SANTO, H. M. V. Spatio-temporal segregation and size distribution of fish assemblages as related to non-native species occurrence in the middle rio Doce Valley, MG, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 9, p. 135-146, 2011.

GODINHO, A. L.; FONSECA, M. T.; ARAÚJO, L. M. **The ecology of predator fish introductions: the case of Rio Doce valley lakes**. In: PINTO-COELHO, R.; GIANI, A.; SPERLING, von E. (eds). Ecology and human impacts on lakes and reservoirs in Minas Gerais with special reference to future development and management strategies. Belo Horizonte: Segrac, p. 77-83. 1994.

GOGOLA, T. M. et al. Spatial and temporal variations in fish larvae assemblages of Ilha Grande National Park, Brazil. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 22, n. 1, p. 95-105, 2013.

GÓMEZ-MÁRQUEZ J. L. et al. Reproductive aspects of *Oreochromis niloticus* (Perciformes: Cichlidae) at Coatetelco lake, Morelos, Mexico. **Revista de Biología Tropicas**, v. 51, n. 1, p. 221-228, 2003.

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.

- HORN, A. C. M.; RASIA-FILHO, A. A. The Cytoarchitecture of the Telencephalon of *Betta Splendens* Regan 1910 (Perciformes: Anabantoidei) with a Stereological Approach to the Supracommissural and Postcommissural Nuclei. **The Anatomical Record**, v. 301, n. 1, p. 88-110, 2018.
- HULSEN, T.; DE VLIEG, J.; ALKEMA, W. BioVenn—a web application for the comparison and visualization of biological lists using area-proportional Venn diagrams. **BMC genomics**, v. 9, p. 1-6, 2008.
- 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.
- INOUE, L. A. K. A.; CECARELLI, P.; SENHORINI, J. Larvicultura e alevinagem do pintado e cachara. **Panorama da Aquicultura**, Rio de Janeiro, v. 13, n. 76, p. 15-21, 2003.
- JESCHKE, J. M. et al. Defining the impact of non-native species. **Conservation Biology**, v. 28, p. 1188–1194, 2014.
- JOHNSON, A.; CAREW, E.; SLOMAN, K. A. The effects of copper on the morphological and functional development of zebrafish embryos. **Aquatic Toxicology**, v. 84, n. 4, p. 431-438, 2007.
- 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.
- KATSANEVAKIS, S. et al. Impacts of invasive alien marine species on ecosystem services and biodiversity: a pan- European review. **Aquatic Invasions**, v. 9, n. 4, p. 391-423, 2014
- 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 JUNIOR, D. P. et al. Aquaculture expansion in Brazilian freshwaters against the aichi biodiversity targets. **Ambio**, v. 47, p. 427–440, 2018
- 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.
- LÓPEZ-DELGADO, E. O.; WINEMILLER, K. O.; VILLA-NAVARRO, F. A. Local environmental factors influence beta-diversity patterns of tropical fish assemblages more than spatial factors. **Ecology**, v. 101, n. 2, p. e02940, 2020.

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, B.; BELEI, F.; SAMPAIO, W. M. S. Ictiofauna do baixo rio Manhuaçu (Bacia do baixo rio Doce). **Evolução e Conservação da Biodiversidade**, v. 4, n. 1, p. 32-41, 2013.

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.

MCKINNEY, M. L.; LOCKWOOD, J. L. Biotic homogenization: a few winners replacing many losers in the next mass extinction. **Trends in ecology & evolution**, v. 14, n. 11, p. 450-453, 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.

MELO, R. M. C.; ARANTES, F. P.; SATO, Y.; SANTOS, J. E.; RIZZO, E.; BAZZOLI, N. Comparative morphology of the gonadal structure related to reproductive strategies in six species of neotropical catfishes (Teleostei: Siluriformes). **Journal of Morphology**. v. 272(5), p. 525-35, 2011.

MENDOZA, R.; KOLEFF, P. Introducción de especies exóticas acuáticas en México y en el mundo. In: Mendoza R, Koleff P (eds) Especies acuáticas invasoras en Mexico. **Comision Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad**, Mexico, p. 17-41, 2014.

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.

- NASCIMENTO, A. V. D. et al. Comparative analysis of the reproductive activity of *Leporinus piau* (Characiformes: Anostomidae) in lentic and lotic environments. **Neotropical Ichthyology**. 18(4), 2020.
- NIKOLSKY, G. V. **The ecology of fishes**. Neptune City: TFH Publications; 1978.
- 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. 2021. (URL <https://www.R-project.org/>).
- REIS, R. E. et al. Fish biodiversity and conservation in South America. **Journal of Fish Biology**, v. 89, n. 1, p. 12-47, 2016.
- REIS, V.; DE PINNA, M. Diversity and systematics of *Trichomycterus* Valenciennes 1832 (Siluriformes: Trichomycteridae) in the Rio Doce Basin: iterating DNA, phylogeny and classical taxonomy. **Zoological Journal of the Linnean Society**, v. 197, n. 2, p. 344-441, 2023.
- 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.
- REYNALTE-TATAJE, D. A. et al. Spawning of migratory fish species between two reservoirs of the upper Uruguay River, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 10, p. 829-835, 2012.
- RICCIARDI, A. et al. Invasion Science: A Horizon Scan of Emerging Challenges and Opportunities. **Trends in Ecology & Evolution**, p. 32, v. 6, p. 464-474, 2017

ROCHA, F. C.; ANDRADE, E. M.; LOPES, F. B. Water quality index calculated from biological, physical and chemical attributes. **Environmental monitoring and assessment**, v. 187, n. 1, p. 1–15, 2015.

RORIZ LEMES, D. M.; VIZIOLI, B.; MARCON, L.; BAZZOLI, N. Reproduction of the internal inseminator *Trachelyopterus galeatus* (Linnaeus, 1766) (Siluriformes: Auchenipteridae). **Journal of Applied Ichthyology**, v. 33(1), p. 69-74, 2017.

RRDM, Rede Rio Doce Mar. Avaliação e Consolidação de Dados Pretéritos. RT-01, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. 354 pag. 2018.

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 – Ambiente Dulcícola. RT-36B, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. 494 pag. 2020.

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, A. F. et al. Qualidade da água do reservatório de Nossa Senhora das Dores através do índice de qualidade da água de reservatório. **Scientia Plena**, v. 13, n. 10, 2017.

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.

SILVANO, R. A. M.; BEGOSSI, A. Seasonal dynamics of fishery at the Piracicaba River (Brazil). **Fisheries Research**, v. 51, n. 1, p. 69-86, 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.

SIMBERLOFF, D.; REJMÁNEK, M. (Ed.). **Encyclopedia of biological invasions**. Univ of California Press, 2011.

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.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1312-1313, 2014.

SULUKAN, E. et al. An approach to clarify the effect mechanism of glyphosate on body malformations during embryonic development of zebrafish (*Danio rerio*). **Chemosphere**, v. 180, p. 77-85, 2017.

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.

UETANABARO, M.; WANG T.; ABE, A. S. Breeding behaviour of the Red-bellied Piranha *Pygocentrus nattereri* in nature. **Environmental Biology of Fishes**. V. 38, p. 369-371, 1993.

USENKO, C. Y.; HARPER, S. L.; TANGUAY, R. L. In vivo evaluation of carbon fullerene toxicity using embryonic zebrafish. **Carbon**, v. 45, n. 9, p. 1891-1898, 2007.

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.

VIEIRA, F. Distribuição, impactos ambientais e conservação da fauna de peixes da bacia do rio Doce. MG. **BIOTA**, v. 2, n. 5, p. 5–22, 2009.

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.

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.

ZBINDEN, Z. D.; MATTHEWS, W. J. Beta diversity of stream fish assemblages: partitioning variation between spatial and environmental factors. **Freshwater biology**, v. 62, n. 8, p. 1460-1471, 2017.