

**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-52/OUT 25

RSE2025 PMBA/FEST-UFES

Vitória,

Outubro de 2025

EQUIPE TÉCNICA

Elisabeth Henschel de Lima Costa (coordenadora)

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

Tomas Hrbek

Valéria Nogueira Machado

Aline Mourão Ximenes

Carlos Eduardo Faresin e Silva

Sandra Marcela Hernandez Rangel

Sarah Ventura Carvalho

Érico Macedo Polo

Pedro Senna Taylor Bittencourt

Ingrid de Souza Nunes

Izeni Pires Farias

Wander Ribeiro Ferreira

Gustavo Ribeiro Rosa

Andréa Bialetzki

Mara Luiza de Almeida Santos

Guilherme Moreira Santos

SUMÁRIO

1. HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL	6
2. METODOLOGIA	9
2.1 COLETA	9
2.1.1 Ictiofauna	9
2.1.2 Ictioplâncton.....	10
2.1.3 Macroinvertebrados bentônicos	11
2.2 ANÁLISE.....	12
2.2.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	12
2.2.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética	17
2.2.3 Ictioplâncton.....	18
2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos	20
2.3 HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS.....	21
2.3.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia.....	21
2.3.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética	22
2.3.3 Ictioplâncton.....	23
2.3.4 Macroinvertebrados bentônicos	23
2.4 ALTERAÇÕES NA MALHA, FREQUÊNCIA AMOSTRAL E ESCOPO REALIZADAS EM OUTUBRO DE 2024: CONSEQUÊNCIAS PARA AS ANÁLISES DA SÉRIE HISTÓRICA DE INDICADORES.....	24
2.4.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética	24
2.4.3 Ictioplâncton.....	24
2.4.4 Macroinvertebrados bentônicos	25
3. RESULTADOS DOS INDICADORES	25
A. INDICADORES ICTIOFAUNA ECOLOGIA	26
3.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES.....	26
3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	40
3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS	46

3.4	DIVERSIDADE BETA.....	49
3.5	DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES.....	56
3.6	EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS	67
3.7	PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS	70
3.8	RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS	73
3.9	ESTÁGIO DE MATURAÇÃO GONADAL (EMG)	75
3.10	RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS).....	82
B.	INDICADORES ICTIOFAUNA GENÉTICA	85
3.11	DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES.....	85
3.12	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES	108
3.13	REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS	109
3.14	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES	110
3.15	DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA	111
3.16	TENDÊNCIAS DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA	184
3.17	DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE....	186
3.18	TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE	188
C.	INDICADORES ICTIOPLÂNTON.....	189
3.19	DISTRIBUIÇÃO DE OVOS E LARVAS	189
3.20	DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS	199
3.21	INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS	202
3.22	DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS	212
D.	INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	220

3.23	RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS.....	220
3.24	ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	231
3.25	QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO	235
3.26	GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS	237
3.27	QUALIDADE DE ÁGUA.....	240
3.28	DEFORMIDADES NO MENTO (APARELHO BUCAL) DE LARVAS COLETORAS-CATADORAS DA FAMÍLIA CHIRONOMIDAE	242
4.	CONSIDERAÇÕES FINAIS SOBRE OS ANOS DE MONITORAMENTO ACERCA DOS INDICADORES OBSERVADOS E O AMBIENTE MONITORADO	243
4.1	ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: ECOLOGIA	243
4.2	ECOLOGIA TRÓFICA	244
4.3	REPRODUÇÃO DE PEIXES.....	245
4.4	ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: GENÉTICA DE PEIXES	246
4.5	ICTIOPLÂNCTON	247
4.6	MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS	248
5.	ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS	249
6.	REFERÊNCIAS	249

1. HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL

A malha e frequência amostrais do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da Área Ambiental I (PMBA/Fest-UFES) passou por modificações ao longo do tempo, visando seu aperfeiçoamento para atendimento aos objetivos do Programa. Estas alterações foram orientadas pela Câmara Técnica da Biodiversidade (CTBio) e aprovadas pelo Comitê Interfederativo (CIF), por meio de: (1) Ofício SEI nº 1/2020-CTBio/DIBIO/ICMBio, de outubro de 2019 (para o período de transição), (2) Proposta Técnica de continuidade do monitoramento, apresentadas e aprovadas em 2022, visando o “Novo Ciclo do PMBA/Fest-UFES” e (3) Ofício SEI Nº 32/2024/CTBio/DIBIO/ICMBio, Nota Técnica nº 1/2024-CTBio/DIBIO/ICMBio e Deliberação CIF nº 803, de 08 de agosto de 2024.

As modificações implementadas encontram-se nos seguintes Materiais Suplementares, os quais contemplam todo o período de execução do PMBA/Fest-UFES: 1) MS – Malha amostral, que apresentam as estações amostrais executadas ao longo do tempo por todos os Anexos/Temas, separados por cada marco temporal histórico mencionado acima (“Ano 1”, “Transição”, “Novo Ciclo” e “Deliberação 803”); 2) Frequência amostral, o qual contempla o histórico da periodicidade amostral (seguindo os mesmos Anexos/Temas contemplados no item 1) e 3) MS – Mapas históricos das malhas amostrais, que apresenta os mapas das malhas amostrais (incluindo as estações) executadas por todos os Anexos/Temas.

Segue o detalhamento temporal, como forma de esclarecer a execução dentro dos marcos históricos: “Ano 1” (setembro de 2018 e setembro de 2019); “Transição” (outubro de 2019 e julho de 2022); “Novo Ciclo” (agosto de 2022 a setembro de 2024) e “Deliberação 803” (outubro de 2024 a março de 2026). O grupo da Ecotoxicologia é uma exceção a esta historicidade, pois iniciou a amostragem referente ao “Novo Ciclo” em janeiro de 2023 e segue com a “Deliberação 803”, na periodicidade já informada.

Quadro 1. Histórico da nomenclatura da malha do tema Ictiofauna dulcícola e Macroinvertebrados. As estações em negrito são aquelas vigentes no âmbito da Deliberação 803/2024.

Setores	Nome da estação	Código Original	Código Atual (Deliberação 803/24*)	Abrangência Temporal
Lagoas	Lagoa do Areal	N/A	LAL 01	outubro/24 a março/25*
	Laguna Monsarás	N/A	LMN 02R	outubro/24 a março/25*
	Lagoa Cacimbas	N/A	E27	outubro/24 a março/25*
Lagos	Lago do Limão – Colatina/ES	P5	LLM 03R	outubro/18 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados) outubro/24 a março/25*
	Lago Nova	N/A	LVN 02R	outubro/24 a março/25*
	Lago do Óleo - Marilândia/ES	P6	N/A	outubro/18 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
	Lago das Palmas – Linhares/ES	P10	N/A	outubro/19 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
Reservatórios	Reservatório UHE Aimorés, Aimorés/MG	P12	N/A	agosto/22 a setembro/24
	Reservatório UHE Aimorés, Aimorés/MG	N/A	UHE AIM	outubro/24 a março/25*
	Reservatório de Mascarenhas	P1B	N/A	novembro/19 a setembro/24
	Reservatório UHE Mascarenhas - Baixo Guandu/ES	N/A	UHE MAS	outubro/24 a março/25*
Calha	Calha rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas, Baixo Guandu/ES	N/A	RDO 11	outubro/24 a março/25*
	Rio Doce – Baixo Guandu/ES	P1	N/A	outubro/18 a setembro/19 (Ictiofauna)
	Calha rio Doce -Colatina/ES	P8B	RDO 12	novembro/19 a setembro/24 outubro/24 a março/25*
	Calha rio Doce – Marilândia/ES	N/A	RDO 14	outubro/24 a março/25*
	Rio Doce – Colatina/ES	P8	N/A	outubro/18 a setembro/19 (Ictiofauna)
	Calha rio Doce – Marilândia/ES	P2	N/A	outubro/18 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
	Calha rio Doce - Linhares/ES	N/A	RDO 15	outubro/24 a março/25*
	Calha rio Doce – Linhares/ES	P3	N/A	outubro/18 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
	Calha rio Doce - Linhares/ES	P4	N/A	junho/19 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
	Calha rio Doce – Linhares/ES	P4B	N/A	outubro/18 a maio/19 (Ictiofauna)
Foz	Rio Doce-Foz – Regência/ES	N/A	RDO 16	outubro/24 a março/25*
Tributários	Rio Guandu/Trecho baixo	N/A	RGU 02	outubro/24 a março/25*
	Rio Manhuaçu - Aimorés/MG	P11	N/A	agosto/22 a setembro/24
	Rio Manhuaçu - Aimorés/MG	N/A	RMH 01	outubro/24 a março/25*
	Córrego Ribeirão das Palmas/Linhares-ES	P7	N/A	outubro/18 a setembro/24 (Ictiofauna) dezembro/19 a setembro/24 (Macroinvertebrados)
	Córrego São Pedro Frio – Colatina/ES	P9	N/A	outubro/19 a julho/22 (Ictiofauna) dezembro/19 a julho/22 (Macroinvertebrados)
* Vigência da Deliberação nº 803: a partir de outubro de 2024 (em curso)				
**Março/2025 refere-se ao último período de dados coletados com resultados reportados no presente relatório (RSE2025).				

Quadro 2: Histórico da nomenclatura da malha do tema Ictioplâncton dulcícola. As estações em negrito são aquelas vigentes no âmbito da Deliberação 803/2024.

Setores	Nome da estação	Código Original	Código Atual (Deliberação 803/24*)	Abrangência Temporal
Lagoas	Lagoa do Areal	N/A	LAL 01	outubro/24 a março/25
	Laguna Monsarás	N/A	LMN 02R	outubro/24 a março/25
	Lagoa Cacimbas	N/A	E27	outubro/24 a março/25
Lagos	Lago do Limão/Colatina-ES	N/A	LLM 03R	outubro/24 a março/25
	Lago Nova	N/A	LVN 02R	outubro/24 a março/25
Reservatórios	Reservatório UHE Aimorés – Aimorés/MG	N/A	UHE AIM	outubro/24 a março/25
	Reservatório de Mascarenhas	N/A	UHE MAS	outubro/24 a março/25
Calha	Calha rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas - Baixo Guandu/ES	P01	RDO 11	dezembro/20 a março/25
	Colatina/ES	N/A	RDO 12	outubro/24 a março/25
	Calha rio Doce – Colatina/ES	P02	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Calha rio Doce – Marilândia/ES	N/A	RDO 14	outubro/24 a março/25
	Calha rio Doce – Linhares/ES	P03	RDO 15	dezembro/20 a março/25
	Calha do rio Doce – Resplendor/MG	P13	N/A	agosto/22 a setembro/24
Foz	Rio Doce - Foz – Linhares/ES	P04	RDO 16	dezembro/20 a março/25
Tributários	Rio Guandu/Trecho alto	P05	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio Guandu/Trecho baixo	P06	RGU 02	dezembro/20 a março/25
	Rio Santa Joana	P07	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio Santa Maria do rio Doce	P08	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio Pancas	P09	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio São José – Montante da Lagoa Juparanã	P10	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio São José - Jusante do Lago Juparanã	P11	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio Manhuaçu - Aimorés/MG	P12	RMH 01	agosto/22 a março/25
* Vigência da Deliberação nº 803: a partir de outubro de 2024 (em curso)				
**Março/2025 refere-se ao último período de dados coletados com resultados reportados no presente relatório (RSE2025).				

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/Fest-UFES 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) e na Deliberação CIF nº 803, de 08 de agosto de 2024. 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-UFES a fim de determinar os indicadores.

2.1 COLETA

2.1.1 Ictiofauna

As coletas da ictiofauna foram realizadas em 11 pontos propostos no Plano de Trabalho de 2022, entre o período de outubro de 2018 e julho de 2024. Em outubro de 2024, uma nova malha amostral foi integrada ao ambiente dulcícola, na qual foram estabelecidos 14 pontos amostrais (Quadro 1). Em todas as coletas realizadas ao longo do monitoramento do tema, o esforço amostral consistiu no uso de nove redes de espera, representando uma área de cobertura total de 90 m², com malhas de diferentes tamanhos mas de igual área (10 m²): malha 3 (15 mm entre nós opostos); malha 4 (20 mm); malha 5 (25 mm); malha 6 (30 mm); malha 7 (35 mm); malha 8 (40 mm); malha 10 (50 mm); malha 12 (60 mm) e malha 14 (70 mm). 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 de 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 2,0 mm e 40 mm, altura de 2 m, com 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, mantendo os mesmos esforços para as coletas com rede de arrasto e tarrafa. Em todos os pontos amostrados, foram aplicadas as mesmas metodologias e o mesmo esforço amostral, sempre buscando maximizar as amostragens de peixes e atingir um tamanho amostral mínimo necessário para as análises de genética populacional, em todos os ambientes amostrados. A exceção foi o ponto 09, no córrego São Pedro Frio, em que 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.

Logo após a retirada dos peixes das redes, os indivíduos coletados 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 de comprimento tiveram amostras de tecido retiradas ainda em campo, sendo amostrados 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 menor nível taxonômico possível e submetido a análises biométricas, como pesagem (em gramas) e comprimento padrão e total (em milímetros).

Os estômagos e as gônadas dos espécimes foram retirados e armazenados em álcool etílico 70% para as análises de dieta e reprodução. Todos os espécimes tiveram tecido muscular amostrado para estudos moleculares, sendo armazenados em solução de álcool etílico 100% 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-UFES e engloba o período de dezembro de 2020 a janeiro de 2025. A inclusão dos estudos do ictioplâncton constam, portanto, no Plano de trabalho de 2022, e visou atender as demandas do antigo Anexo 2, as quais não tinham sido contempladas integralmente em 2018, ano em que foram iniciadas as atividades do PMBA/Fest-UFES. 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 sofreram algumas modificações ao longo dos anos, sendo que a distribuição específica de pontos levava em consideração os locais de desova e deriva dos organismos. Foram selecionadas 13 estações amostrais no Baixo rio Doce, no estado do Espírito Santo, que subsidiaram as análises de ictioplâncton entre dezembro de 2020 e setembro de 2024. Dentre elas, cinco estavam localizadas no rio principal: P01, P02, P03, P04 e P13. Outras oito estações situavam-se nos principais tributários do Baixo rio Doce: P05, P06, P07, P08, P09, P10, P11 e P12 (Quadro 2).

A partir de outubro de 2024, o novo Plano de Trabalho estipulou uma malha amostral integrada, redefinindo a distribuição das estações de ictioplâncton, com a manutenção de alguns pontos, a exclusão de outros e a inclusão de novos locais, de acordo com uma setorização de ambientes. A nova malha amostral passou a contemplar: quatro estações no setor calha do rio Doce – RDO 11, RDO 12, RDO 14 e RDO 15; uma estação no setor foz – RDO 16; duas estações em tributários – RGU e RMH01; três lagoas – LAL 01, LMN 02R e E27; dois lagos – LNV 02R e LLM 03R; e dois reservatórios – UHE AIM e UHE MAS (Quadro 2).

Uma alteração na frequência de amostragem do ictioplâncton também foi implementada a partir da reformulação da malha amostral. Até setembro de 2024, a amostragem de ictioplâncton foi realizada em intervalos quinzenais 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, com o objetivo de avaliar os ovos e larvas em deriva das populações de peixes que não possuem um período reprodutivo definido.

Foram realizados dois turnos de amostragem para contemplar 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). As coletas foram realizadas com rede de plâncton do tipo cônico-cilíndrica (malha de 0,5 mm, área da boca de 0,12 m²), equipada com fluxômetro General Oceanics™, acoplado à boca da rede, para mensuração do volume de água filtrada, permitindo a padronização do esforço amostral.

Nas estações P01, P02, P03, P04 e P13, situadas no rio Doce, foram realizadas três coletas superficiais distribuídas ao longo do perfil transversal: uma no centro do canal (ponto comumente de maior profundidade) e duas nas margens esquerda e direita. Além disso, uma coleta de fundo também foi realizada no ponto central, utilizando uma adaptação com a rede de plâncton em um trenó, conforme metodologia descrita por NAKATANI *et al.* (2001). Nas demais estações (P05 a P12), situadas em curso d'água com menor área de drenagem, foram realizadas apenas amostragens de superfície no seguimento transversal no centro do rio.

Com a nova malha amostral adotada a partir de outubro de 2024, a frequência de amostragem passou a ser trimestral. Os turnos de coleta e a metodologia se mantiveram. No entanto, em todas as estações passaram a ser realizadas três amostragens somente de superfície ao longo do perfil transversal (centro, e margens direita e esquerda), com exceção do rio Guandu, onde foi mantida apenas uma amostragem superficial na seção central do rio. Cada coleta teve duração de 10 minutos. As amostras obtidas foram acondicionadas em frascos plásticos e fixadas em solução de formaldeído 4% tamponada com carbonato de cálcio.

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 julho de 2024. Em outubro de 2024, uma nova malha amostral com 14 pontos foi implementada, seguindo o mesmo esforço amostral e periodicidade. Os estudos das comunidades de macroinvertebrados bentônicos dulcícolas foram incorporados ao relatório a partir do Ano 2 do PMBA/Fest-UFES, com coletas trimestrais, em quatro pontos amostrais na calha do rio Doce, três Lagos, três Tributários e dois pontos em Reservatórios (nas UHEs Mascarenhas e Aimorés). As análises de macroinvertebrados têm como objetivo a avaliação dos efeitos dos impactos antrópicos ocorridos na porção baixa da bacia do rio Doce, no estado do Espírito Santo. 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 possível. 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). A partir de outubro de 2024, devido a mudanças na malha amostral,

padronizou-se o petrecho de coleta para draga de Petersen (0,0682m² de área amostral). 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 da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais. 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 possível, de acordo com 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 os seguintes parâmetros: riqueza, densidade e 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 foram depositados na Coleção de Macroinvertebrados Bentônicos do Laboratório de Sistemática Molecular Beagle, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais.

Além da coleta de macroinvertebrados, foi realizada a classificação da integridade ambiental, por meio da caracterização rápida de condições ecológicas de habitats dos ambientes lóticos. Para isso, foi aplicado o protocolo de caracterização de habitats físicos de bacias hidrográficas proposto por CALLISTO *et al.* (2002).

2.2 ANÁLISE

2.2.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

Com a implementação da nova malha amostral integrada do ambiente dulcícola a partir de outubro de 2024, as análises ecológicas passaram a considerar seis ambientes: calha do rio Doce (P1, P2, P3, P4B, P4, P8, P8B, RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15), Lagos (P5, P6, P10, LLM03R e LNV02R), Lagoas (LAL01, LMN02R e E27), Tributários (P7, P9, P11, RGU02 e RMH01), Reservatórios (P1B, P12, UHEAIM e UHEMAS) e Foz do rio Doce (RDO16).

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 seis ambientes (calha do rio Doce, Lagos, Tributários, Reservatórios, Foz do rio Doce e Lagoas), usando modelos aditivos de efeito misto generalizado (GAMM), ilustrados numa curva de tendência temporal suavizada pelo método LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smoother). A composição das comunidades foi ilustrada para seis ambientes e o compartilhamento de espécies entre os ambientes foi ilustrado pelo gráfico UpSet. Para caracterizar a diversidade das comunidades amostradas, foram aplicadas métricas ecológicas clássicas que utilizam dados de abundância por unidade amostral, são elas: Índice de Shannon (H'), que estima a diversidade considerando o número de espécies e a abundância relativa; Equitabilidade (J'), que mede o grau de uniformidade na distribuição dos indivíduos entre as espécies. Serão geradas curvas de Acumulação de Espécies, que indicam se o esforço amostral foi suficiente e estimam a riqueza total esperada, bem

como Curvas de Rarefação, que permitem comparações entre amostras com diferentes tamanhos, ajustando a riqueza esperada. Os indicadores riqueza de espécies, abundância (nativas e introduzidas) e biomassa (nativas e introduzidas) também foram analisados quanto à variação espaço-temporal ao longo do monitoramento. Nas análises de riqueza de espécies e abundância, foram considerados valores totais das amostras, enquanto para biomassa esses valores foram convertidos para porcentagem, sendo todos representados por gráficos de barras para cada campanha, separados por ambientes e pontos de coleta (R CORE TEAM, 2021).

A dissimilaridade entre os ambientes amostrados (Calha do rio Doce, Lagos, Lagoas, Foz do Rio Doce, Tributários e Reservatórios) 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 Reservatórios) em determinado período sazonal (chuvoso e seco), onde a dissimilaridade entre as comunidades é baseada na distância média de cada amostra para o centroide (média geral da comunidade no período sazonal). Esta análise foi ilustrada graficamente em um *boxplot*, onde foram incluídos também os pontos de dispersão.

Buscando detectar mudanças na comunidade na temporalidade do monitoramento, foi utilizado o índice de beta diversidade temporal da ictiofauna em diferentes ambientes. A beta diversidade temporal foi avaliada de acordo com o proposto por LEGENDRE (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*) de espécies. Nesta mesma escala temporal, a comunidade amostrada foi analisada quanto à proporção de espécies nativas e 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. 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).

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). Portanto, 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 13 categorias alimentares (Quadro 3). O eventual material antropogênico não foi incluso nas análises de dieta. Além disso, os outliers (valores que desviaram significativamente dos outros) foram excluídos das análises para evitar distorções dos resultados.

Quadro 3: Categorias alimentares e descrição dos recursos alimentares consumidos pelas espécies de peixes capturadas durante o monitoramento.

Categoria alimentar	Descrição
Sedimentos/detritos	Pedra, areia, matéria orgânica animal, vegetal e não identificada, detritos
Material não identificado	Material em estágio avançado de digestão
Algas	Algas filamentosas e diatomáceas
Vegetal	Fragmentos de plantas de origem terrestre, frutos e sementes
Vegetal Aquático	Fragmentos de plantas de origem aquática
Mollusca	Gastropoda e Bivalves
Zooplâncton	Ácaro, Cladocera, Copepoda, Rotifera, Artemia, Tecameba, Ostracoda, Conchostraca
Crustacea	Camarão e caranguejo
Invertebrados terrestres	Taxa como Aranha, Coleoptera, Diptera adulto, Homoptera, Hymenoptera, Isoptera, Thysanoptera, Orthoptera e fragmentos menores não identificados
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
Outros invertebrados	Nematoda, Taenia, Hirudinea, Polychaeta, Oligochaeta
Peixe	Peixe, escama, otólito, ou outras partes do peixe
Vertebrados terrestres	Lagartos, serpentes, anfíbios e aves

As guildas tróficas das espécies analisadas foram determinadas a partir dos valores do volume em porcentagem obtidos para as 13 categorias alimentares citadas acima. A determinação das guildas tróficas baseia-se na maior proporção dos recursos alimentares mais consumidos, de acordo com DIAS *et al.* (2020) para detritívoros, herbívoros, invertívoros, onívoros, insetívoros e piscívoros; HAHN *et al.* (1998) para bentófagos, insetívoros aquáticos e insetívoros terrestres, e ANDRADE *et al.* (2019) para carnívoros. Vale ressaltar que a guilda insetívoro terrestre representa as espécies que ingeriram maior proporção de insetos terrestres. Embora ela tenha ingerido invertebrados terrestres (e.g.; aranhas, insetos terrestres como Coleoptera), o item predominante foi inseto terrestre no conteúdo estomacal da espécie. Além disso, 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 utilizando dados 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, a mesma foi classificada como invertívora.

As diferenças na composição da dieta das espécies mais abundantes entre os ambientes amostrados (Calha do rio Doce, Foz, Lagos, Lagoas, Tributários e Reservatórios) e os períodos secos e chuvosos do monitoramento foram testadas usando a Permanova, que foi aplicada a uma matriz de itens alimentares por estômago analisado. Os dados foram transformados em raiz quadrada e a distância usada foi a matriz de similaridade de Bray-Curtis, com 9999 permutações. Esta análise foi realizada no Primer 6.0 e no complemento PERMANOVA+ (ANDERSON *et al.* 2008).

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, Foz, Lagos, Lagoas, Tributários e Reservatórios) durante as campanhas realizadas do Ano 1 ao Ano 7. O peso de cada indivíduo também foi utilizado para determinar a biomassa das guildas entre os ambientes e os anos do monitoramento.

BIOLOGIA REPRODUTIVA

A proporção sexual entre indivíduos das espécies coletadas foi calculada a partir da frequência absoluta de fêmeas e machos coletados na calha do rio Doce, Lagos, Lagoas, Foz do rio Doce, Reservatórios e Tributários. 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 (VAZZOLER, 1996). Foi realizado o cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50), o qual permitiu definir as espécies com maior recrutamento (VAZZOLER, 1996). Para fins de representação gráfica, foi determinado que seriam representadas as espécies que apresentaram mais de 190 recrutas nos quatro ambientes.

Os estágios de maturação gonadal (EMG) nas espécies nativas e introduzidas mais abundantes foram classificados e quantificados de forma macroscópica, e confirmados microscopicamente, em machos (M) e fêmeas (F) (4), conforme VAZZOLER (1996): 1= Repouso, 2= Em maturação, 3= Maduro e 4= Parcialmente ou totalmente espermiado (machos)/desovado (fêmeas), conforme descrição apresentada no Quadro 4. Logo após, foi determinada 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 essa 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 (VAZZOLER, 1996).

Quadro 4: 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 uma câmera (Olympus DP73), e foi utilizado o software *CellSens Imaging* para evidenciar possíveis alterações histopatológicas.

As variáveis de RGS por período de coleta (anos 1 a 7) foram testadas quanto à normalidade (Shapiro-Wilk) e submetidas a uma análise de variância (Anova) para testar diferenças significativas entre os valores médios. O teste paramétrico de Duncan foi usado para comparar estes valores. 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 tecido muscular foi coletado e preservado em microtubos de 1,5 mL 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: Citocromo c Oxidase Subunidade I (COI) e Citocromo B (CYTB); e para os nucleares: Glycosyltransferase (GLYT) e Myosin Heavy Chain 6 (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 polietilenoglicol (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, e foram ligados às extremidades dos fragmentos amplificados via reação em cadeia da polimerase (PCR).

O *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).

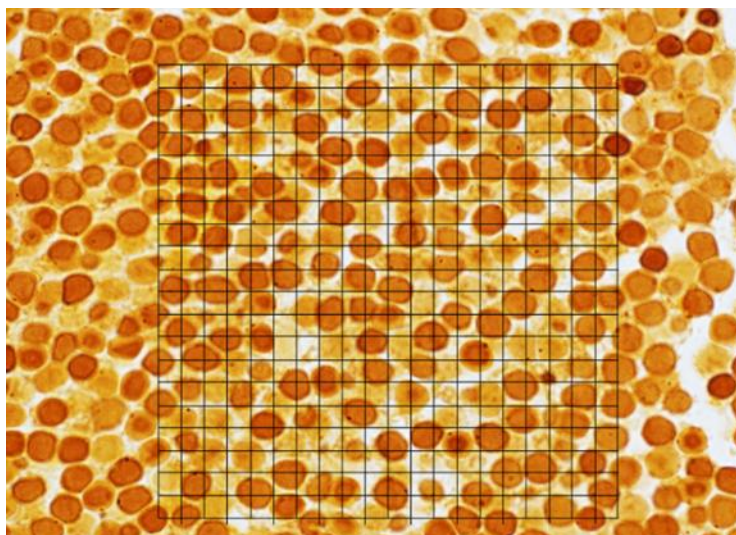
O nível de integridade física das larvas foi analisado sob o microscópio estereoscópico, e as anomalias identificadas foram classificadas como: RCA (rompimento da cavidade abdominal), SAC (sedimento avermelhado aderido ao corpo), SCI (sedimento avermelhado em cavidades internas) e DC (deformidade na 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.

As secções histológicas foram utilizadas para avaliação morfológica e morfométrica na região cranial de larvas com aspecto normal e com alterações, as quais foram submetidas a uma série de desidratação utilizando etanol. Logo após, foram embebidas em metacrilato (Historesin, Leica Microsystems, Nussloch, Alemanha) e cortadas em secções semi-seriadas de 3 µm obtidas em micrótomo rotativo (Leica RM2255). As secções histológicas foram coradas com solução de azul de toluidina e borato de sódio 1%. Nas secções histológicas coradas com DAPI (imunofluorescência) e solução coloidal de prata, foram identificados núcleos dos neurônios e regiões argentafins organizadoras de nucléolos (AgNORs). Esta solução foi preparada com a mistura da solução A (5g de nitrato de prata em 10 mL de água destilada) com a solução B (500 mg de gelatina em 25 mL de água destilada com 0,25 mL de ácido fórmico) na proporção 2:1, seguindo protocolo de Howell e Black (1980) com adaptações. A incubação foi feita em ambiente úmido e escuro a 37 °C por 30 minutos. As lâminas foram fotografadas em fotomicroscópio óptico com fonte de fluorescência (Olympus BX53), acoplado a câmera (Olympus DP73) utilizando o software CellSens Imaging, para evidenciar possíveis alterações histopatológicas após comparação entre as larvas de aspecto normal e as que apresentaram alterações morfológicas incomuns.

Na avaliação morfométrica, imagens obtidas com objetiva de 100x foram fotografadas para quantificação de pontos de interseção sobre núcleo de células neuronais e espaços entre os núcleos, utilizando-se gradícula com 441 pontos de interseção (MARCON *et al.*, 2015) (Figura 1). A quantificação tecidual foi realizada em espécimes de *Pygocentrus nattereri* e *Prochilodus* spp. de aspecto normal e anormal. Logo após, foi avaliada a proporção de possíveis diferenças na quantificação de núcleos e

espaços entre os núcleos neuronais de larvas normais e anormais, utilizando teste de qui-quadrado (X^2 ; $p < 0.05$).

Figura 1: Representação histológica do tecido neuronal: pontos de interseção sobre núcleo de células neuronais e espaços entre os núcleos.



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 avaliar a distribuição espacial do ictioplâncton, as densidades de ovos e larvas obtidas em cada réplica, coletada em diferentes turnos, foram agrupadas por estação de amostragem e posteriormente categorizadas em seis setores: Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios. 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, 4, 5, 6 e 7). 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 e ano do PMBA/Fest-UFES.

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 na composição de espécies de larvas entre as estações de amostragem, de modo a verificar possíveis agrupamentos entre aquelas localizadas na Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios.

A integridade larval registrada nos diferentes setores 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 os registros de deformidades larvais têm ocorrido predominantemente na Calha e Foz do rio Doce, ainda não há variação significativa para se comparar densidade entre os seis setores.

2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos

Assim como a ictiofauna dulcícola, com a implementação da nova malha amostral integrada a partir de outubro de 2024, foram considerados seis ambientes: calha do rio Doce (P1, P2, P3, P4B, P4, P8, P8B, RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15), Lagos (P5, P6, P10, LLM03R e LNV02R), Lagoas (LAL01, LMN02R e E27), Tributários (P7, P9, P11, RGU02 e RMH01), Reservatórios (P1B, P12, UHEAIM e UHEMAS) e Foz do rio Doce (RDO16).

Para avaliar as diferenças sazonais das estações seca e chuvosa na composição das comunidades de macroinvertebrados bentônicos ao longo de trechos lóticos, como Calha do rio Doce, Tributários e Foz do rio Doce, e lênticos como Lagos, Lagoas e Reservatórios no Baixo rio Doce durante o PMBA/Fest-UFES, 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) e compartilhamento de espécies entre os ambientes (Calha, Foz, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios) pelo método ComplexUpset (KRASSOWSKI, 2020). 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, aplicados nos trechos lóticos, 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 a análise de deformidades morfológicas no aparelho bucal (mento) das larvas coletoras-catadoras, identificadas nas amostras para a análises de estrutura e composição da comunidade, os quironomídeos coletores-catadores tiveram suas partes bucais dispostas em laminulas para serem analisadas em microscópio e avaliar os danos nos padrões destas partes. A metodologia utilizada foi

basicamente adaptada da proposta por CALLISTO *et al.* (2000) e neste estudo Callisto e colaboradores avaliaram 3 classes de deformidades divididos em 15 diferentes variações comparadas ao padrão normal (A – sem dente lateral externo; B - deformidade medial fraca e C - deformidade medial severa ou qualquer combinação de fortes deformidades) e adaptamos para deformidade fraca, média e severa.

Para avaliar a qualidade da água nos pontos de amostragem, foi utilizado o índice multimétrico bentônico de FERREIRA *et al.* (2011). Este índice avalia a qualidade dos ambientes, de acordo com as pontuações atribuídas 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 as discussões sobre o esforço amostral, a partir da campanha de agosto de 2022, passamos a utilizar dois conjuntos de redes de espera, totalizando 18 redes, que seguiram a mesma metodologia previamente descrita. Além disso, foram incorporados

dois pontos amostrais, e o ponto P09 (Córrego São Pedro Frio) foi removido da malha amostral da Ictiofauna dulcícola ecologia e genética.

Além disso, devido às mudanças significativas causadas pelo regime de chuvas e pelas características físicas da calha do rio Doce em alguns meses e pontos de coleta, as condições não foram adequadas para o uso de redes de espera. Isso ocorreu principalmente pelo baixo nível do rio, que impediu a colocação das redes de espera, e/ou pela presença de trechos com leito rochoso, como também em locais onde a rede de arrasto não foi viável, como ocorreu no Reservatório da UHE Aimorés (P12), onde a ausência de bancos de areia impossibilita a utilização desse petrecho.

Sobre o status da espécie de lambari *Knodus moenkhausii*: quando esta espécie foi considerada candidata para estudos de genética de populações, seu status como nativa ou introduzida na bacia do rio Doce ainda não estava bem definido. Atualmente, ela é considerada introduzida na bacia (FRICKE; ESCHMEYER; VAN DER LAAN, 2025), mas ainda é componente das análises de genética de populações realizadas no escopo deste tema, seguindo a metodologia proposta no plano de trabalho vigente. Por esse motivo, no que se refere ao subtema “Ecologia”, as análises consideraram esta espécie como introduzida (Tabela 2). Porém, os resultados obtidos no subtema Genética sugerem que, na bacia do rio Doce, a diversidade genética de *K. moenkhausii* é superior ao esperado em espécies introduzidas.

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 com microssatélites. 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 para 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 foram coletadas, novas linhagens forem identificadas ou para completar o número amostral de algumas espécies que ainda não alcançaram o tamanho amostral mínimo de 5 indivíduos. Para complementar as análises de *Barcode* da parte inferior da bacia do rio Doce, no início do PMBA/Fest-UFES também 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 de sequenciamento de nova geração *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-UFES, formou-se equipe competente, com especialistas temáticos, para iniciar a realização deste monitoramento. Vale destacar que estes estudos estavam previstos no Acordo de Cooperação. Os resultados do monitoramento do ictioplâncton têm sido fundamentais no âmbito do PMBA/Fest-UFES, 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 da presença 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, em Resplendor-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-UFES, 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-UFES. A partir do Ano 2 (Transição), seguindo as diretrizes do TR-4, os estudos de macroinvertebrados bentônicos foram incorporados ao PMBA/Fest-UFES 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. Da mesma forma, a malha amostral segue a mesma adotada pela equipe da ictiofauna dulcícola, monitorando a tendência temporal das assembleias aquáticas em 14 pontos amostrais divididos nos ambientes Calha do rio

Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios (UHE Mascarenhas e Aimorés), conforme apresentado o Quadro 1.

2.4 ALTERAÇÕES NA MALHA, FREQUÊNCIA AMOSTRAL E ESCOPO REALIZADAS EM OUTUBRO DE 2024: CONSEQUÊNCIAS PARA AS ANÁLISES DA SÉRIE HISTÓRICA DE INDICADORES

2.4.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia

As alterações na malha e na frequência amostral implementadas a partir de outubro de 2024 não comprometeram as análises de ecologia. A maior parte dos pontos recentemente incorporados foi alocada em setores já amplamente amostrados. No entanto, nos setores Lagoas e Foz, que são novos no monitoramento da ictiofauna, os resultados ainda não são suficientemente comparáveis aos dos demais setores e, por isso, não permitem observar de forma consistente a variação espaço-temporal.

2.4.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética

Para as análises de genética da ictiofauna, as alterações na malha e na frequência amostral implementadas a partir de outubro de 2024 não comprometeram as análises. No entanto, vale ressaltar que o número mínimo de espécimes para as análises ainda não foi alcançado para a maioria dos pontos e espécies devido à baixa amostragem.

2.4.3 Ictioplâncton

As estações localizadas em reservatórios, lagos e lagoas representam ambientes recentemente incorporados ao programa de monitoramento do ictioplâncton, que anteriormente se restringia aos setores calha, foz e tributários. Até o momento, os dados disponíveis para esses novos setores referem-se apenas às campanhas de outubro de 2024 e janeiro de 2025, ou seja, dois meses de amostragem. Esse número amostral ainda não permite a identificação de um padrão espaço-temporal consistente, o que deverá ser gradualmente consolidado com a realização de novas campanhas.

Quanto a calha do rio Doce, os resultados das estações P02 e RDO 14 foram apresentados em conjunto, pois, para o ictioplâncton, que corresponde a organismos em deriva, é relevante, como critério de equivalência, que a nova estação esteja posicionada a jusante da anterior. Dessa forma, em deriva, os mesmos organismos que seriam coletados a montante também poderão ser amostrados a jusante. A distância entre os pontos não representa um intervalo excessivo para esse grupo biológico, uma vez que, diferentemente de outros componentes bióticos que avaliam comunidades e populações em diferentes escalas espaciais, o ictioplâncton é caracterizado justamente pelo deslocamento passivo na coluna d'água. Assim, variações significativas somente tendem a ser observadas em distâncias mais amplas.

2.4.4 Macroinvertebrados bentônicos

Assim como na ecologia, as alterações na malha e na frequência amostral implementadas a partir de outubro de 2024 não comprometeram as análises de Macroinvertebrados bentônicos. Os resultados dos novos setores Lagoas e Foz ainda são insuficientes para analisar uma variação espaço-temporal congruente.

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-UFES 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-UFES 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:

A. INDICADORES ICTIOFAUNA ECOLOGIA

3.1. RIQUEZA DE ESPÉCIES

Tabela 2: Lista de espécies coletadas durante o monitoramento (outubro/2018 a janeiro/2025) e origem histórica na bacia. Frequência de ocorrência relativa (%) e absoluta (número entre parênteses) das espécies nas 44 campanhas realizadas. (*) Espécies de habitats marinhos e estuarinos.

ORDEM Família Espécie	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (%) (número absoluto)
ACANTHURIFORMES			
Gerreidae			
<i>Eucinostomus argenteus</i> Baird & Girard, 1855*	Carapicu	Nativa	9,09 (4)
<i>Eugerres brasiliensis</i> (Cuvier, 1830)*	Carapeba	Nativa	13,63 (6)
Haemulidae			
<i>Pomadasys ramosus</i> (Poey, 1860)*	Roncador	Nativa	2,27 (1)
Sciaenidae			
<i>Bairdiella goeldi</i> Marceniuk, Molina, Caires, Rotundo, Wosiacki & Oliveira, 2019 *	Roncador	Nativa	4,54 (2)
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	Corvina	Nativa	100 (44)
<i>Plagioscion squamosissimus</i> (Heckel, 1840)	Pescada	Introduzida	6,81 (3)
BELONIFORMES			
Hemiramphidae			
<i>Hyporhamphus roberti</i> (Valenciennes, 1847)*	Agulhinha	Nativa	29,54 (13)
CARANGIFORMES			
Achiridae			
<i>Trinectes paulistanus</i> (Miranda Ribeiro, 1915)*	Linguado	Nativa	13,63 (6)
Carangidae			
<i>Caranx bartholomaei</i> Cuvier, 1833*	Xaréu	Nativa	4,54 (2)
<i>Caranx latus</i> Agassiz, 1831 *	Xaréu	Nativa	11,36 (5)
Centropomidae			
<i>Centropomus parallelus</i> Poey, 1860*	Robalo-peba	Nativa	65,90 (29)
<i>Centropomus undecimalis</i> (Bloch, 1792) *	Robalo-flecha	Nativa	2,27 (1)
Cyclosepsettidae			
<i>Citharichthys arenaceus</i> Evermann & Marsh, 1900*	Linguado	Nativa	2,27 (1)

ORDEM Família Espécie	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
Polynemidae			
<i>Polydactylus virginicus</i> (Linnaeus, 1758) *	Barbudo	Nativa	2,27 (1)
CHARACIFORMES			
Anostomidae			
<i>Hypomasticus steindachneri</i> (Eigenmann, 1907)	Piau-caboclo	Nativa	6,81 (3) E coletada em coletas exploratórias
<i>Megaleporinus conirostris</i> (Steindachner, 1875)	Piau-branco	Nativa	61,36 (27)
Bryconidae			
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	Dourado	Introduzida	36,36 (16)
Acestrorhamphidae			
<i>Astyanax lacustris</i> (Lütken, 1875)	Lambari-do-rabo-amarelo	Nativa	100 (44)
<i>Deuterodon cf. giton</i>	Lambari	Nativa	13,63 (6)
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	Lambari	Nativa	88,63 (39)
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	Lambari	Nativa	52,27 (23)
<i>Megalampodus eques</i> (Steindachner, 1882)	Mato-grosso	Introduzida	50 (22)
<i>Moenkhausia vittata</i> (Castelnau, 1855)	Lambari	Nativa	11,36 (5)
<i>Oligosarcus acutirostris</i> Menezes, 1990	Lambari-bocarra	Nativa	47,72 (21)
<i>Oligosarcus argenteus</i> Günther, 1864	Lambari-bocarra	Nativa	18,18 (8)
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	Lambari-do-rabo-vermelho	Nativa	6,81 (3)
<i>Psalidodon sp.</i>	Lambari	Nativa	4,54 (2)
Characidae			
<i>Serrapinnus heterodon</i> (Eigenmann, 1915)	Lambari	Introduzida	54,54 (24)
Crenuchidae			
<i>Characidium cricareense</i> Malanski, Sarmento-Soares, Silva-Malanski, Lopes, Ingenito & Buckup, 2019	Charutinho	Nativa	36,63 (17)
Erythrinidae			
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i> (Spix & Agassiz, 1829)	Jeju	Nativa	20,45 (9)
<i>Hoplias intermedius</i> (Günther, 1864)	Trairão	Nativa	54,54 (24)
<i>Hoplias aff. malabaricus</i>	Traíra	Nativa	97,72 (43)
Hemiodontidae			

ORDEM Família Espécie	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
<i>Hemiodus gracilis</i> Günther, 1864	Cruzeiro-do-Sul	Introduzida	2,27 (1)
Prochilodontidae			
<i>Prochilodus argenteus</i> Spix & Agassiz, 1829	Curimba	Introduzida	50 (22)
<i>Prochilodus costatus</i> Valenciennes, 1850	Curimba	Introduzida	70,45 (31)
<i>Prochilodus lineatus</i> (Valenciennes, 1837)	Curimba	Introduzida	4,54 (2)
<i>Prochilodus vimboides</i> Kner, 1859	Grumatã	Nativa	9,09 (4)
Serrasalminidae			
<i>Colossoma macropomum</i> x <i>Piaractus mesopotamicus</i>	Tambacu	Introduzida	2,27 (1)
<i>Metynnis lippincottianus</i> (Cope, 1870)	Pacu-CD	Introduzida	97,72 (43)
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858	Piranha-vermelha	Introduzida	100 (44)
<i>Serrasalmus brandtii</i> Lütken, 1875	Piranha-branca	Introduzida	54,54 (24)
Stevardiidae			
<i>Knodus moenkhausii</i> (Eigenmann & Kennedy, 1903)	Lambari	Introduzida	95,45 (42)
CICHLIFORMES			
Cichlidae			
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	Acará	Introduzida	90,90 (40)
<i>Astronotus crassipinnis</i> (Heckel, 1840)	Apaiari	Introduzida	6,81 (3)
<i>Astronotus ocellatus</i> (Agassiz, 1831)	Oscar	Introduzida	6,81 (3)
<i>Australoheros ipatinguensis</i> Ottoni & Costa, 2008	Acará	Nativa	2,27 (1)
<i>Cichla cf. pinima</i>	Tucunaré	Introduzida	2,27 (1)
<i>Cichla kelberi</i> Kullander & Ferreira, 2006	Tucunaré	Introduzida	56,81 (25)
<i>Cichla monoculus</i> Spix & Agassiz, 1831	Tucunaré	Introduzida	90,90 (40)
<i>Coptodon rendalli</i> (Boulenger, 1897)	Tilápia-do-Congo	Introduzida	79,54 (35)
<i>Saxatilia lepidota</i> (Heckel, 1840)	Jacundá	Introduzida	100 (44)
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	Acará	Nativa	97,72 (43)
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758)	Tilápia-do-Nilo	Introduzida	88,63 (39)
CLUPEIFORMES			
Engraulidae			
<i>Anchoviella cayennensis</i> (Puyo, 1945)*	Manjuba	Nativa	2,27 (1)

ORDEM Família Espécie	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
<i>Lycengraulis grossidens</i> (Spix & Agassiz 1829)*	Manjubão	Nativa	61,36 (27)
CYPRINODONTIFORMES			
Poeciliidae			
<i>Poecilia reticulata</i> Peters, 1859	Guppy	Introduzida	22,72 (10)
<i>Poecilia vivipara</i> Bloch & Schneider, 1801	Barrigudinho	Nativa	100 (44)
ELOPIFORMES			
Elopidae			
<i>Elops saurus</i> Linnaeus, 1766*	Ubarana	Nativa	2,27 (1)
GOBIIFORMES			
Oxudercidae			
<i>Awaous tajasica</i> (Lichtenstein, 1822)*	Peixe-flor	Nativa	97,72 (43)
GYMNOTIFORMES			
Gymnotidae			
<i>Gymnotus</i> aff. <i>carapo</i>	Sarapó	Introduzida	4,54 (2)
<i>Gymnotus sylvius</i> Albert & Fernandes-Matioli, 1999	Sarapó	Introduzida	43,18 (19)
MUGILIFORMES			
Mugilidae			
<i>Mugil curema</i> Valenciennes, 1836*	Tainha	Nativa	75 (33)
OSTEOGLOSSIFORMES			
Arapaimidae			
<i>Arapaima gigas</i> (Schinz, 1822)	Pirarucu	Introduzida	2,27 (1)
SILURIFORMES			
Ariidae			
<i>Bagre bagre</i> (Linnaeus, 1766)*	Bagre-bandeira	Nativa	2,27 (1)
<i>Genidens genidens</i> (Cuvier, 1829)*	Caçari	Nativa	36,36 (16)
<i>Notarius luniscutis</i> (Valenciennes, 1840)*	Bagre-amarelo	Nativa	2,27 (1)
<i>Paragenidens grandoculis</i> (Steindachner, 1877)*	Rabo-seco	Nativa	2,27 (1)
Auchenipteridae			
<i>Pseudauchenipterus affinis</i> (Steindachner, 1877)	Cumbaquinha	Nativa	43,18 (19)
<i>Trachelyopterus striatulus</i> (Steindachner, 1877)	Cumbaca	Nativa	70,45 (31)

ORDEM Família Espécie	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
Callichthyidae			
<i>Osteogaster aff. aenea</i>	Coridora	Nativa	9,09 (4)
<i>Hoplosternum littorale</i> (Hancock, 1828)	Tamboatá	Introduzida	77,27 (34)
Clariidae			
<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell, 1822)	Bagre-africano	Introduzida	15,90 (7)
Heptapteridae			
<i>Pimelodella lateristriga</i> (Lichtenstein, 1823)	Mandi-chorão	Nativa	25 (11)
<i>Rhamdia quelen</i> (Quoy & Gaimard, 1824)	Jundiá	Nativa	34,09 (15)
Loricariidae			
<i>Hypostomus affinis</i> (Steindachner, 1877)	Cascudo	Nativa	56,81 (25)
<i>Hypostomus luetkeni</i> (Steindachner, 1877)	Cascudo	Nativa	13,63 (6)
<i>Loricariichthys castaneus</i> (Castelnau, 1855)	Cascudo-viola	Nativa	77,27 (34)
<i>Parotocinclus maculicauda</i> (Steindachner, 1877)	Cascudinho	Nativa	9,09 (4)
<i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnau, 1855)	Cascudo-abacaxi	Introduzida	52,27 (230)
Pimelodidae			
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803	Mandi-açu	Introduzida	97,72 (43)
Pseudopimelodidae			
<i>Lophiosilurus alexandri</i> Steindachner, 1876	Pacumã	Introduzida	22,72 (10)
Trichomycteridae			
<i>Microcambeva watu</i> Medeiros, Sarmiento-Soares & Lima 2021	Cambevinha	Nativa	2,27 (1)
<i>Trichomycterus aff. alternatus</i>	Cambeva	Nativa	2,27 (1)
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	Cambeva	Nativa	4,54 (2)
<i>Trichomycterus immaculatus</i> (Eigenmann & Eigenmann, 1889)	Cambeva	Nativa	39,63 (17)
SYNBRANCHIFORMES			
Synbranchidae			
<i>Synbranchus marmoratus</i> Bloch, 1795	Mussum	Introduzida	9,09 (4)
SYNGNATHIFORMES			
Syngnathidae			
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856)*	Peixe-cachimbo	Nativa	45,45 (20)

A riqueza taxonômica da ictiofauna dulcícola é representada por 87 espécies de peixes, sendo 55 nativas e 32 introduzidas, distribuídas em 15 ordens e 38 famílias (Tabela 2). As ordens Characiformes (28 spp.) e Siluriformes (22 spp.) foram as mais representativas, um padrão esperado para bacias localizadas na região neotropical (REIS *et al.*, 2016). A diversidade de peixes esperada para o Baixo rio Doce é de cerca de 94 espécies (ALVES *et al.*, 2021). Essa pequena diferença pode ser explicada pela falta de coletas em alguns ambientes como tributários menores, e até pela própria metodologia utilizada. Além disso, foram registradas 22 espécies estuarinas e/ou marinhas, número superior ao observado no RA2024, devido provavelmente à inclusão na rede amostral, de quatro pontos amostrais próximos à foz do rio Doce. Essas espécies utilizam o ambiente dulcícola como área de alimentação, migração reprodutiva ou berçário (PETESSE *et al.*, 2023).

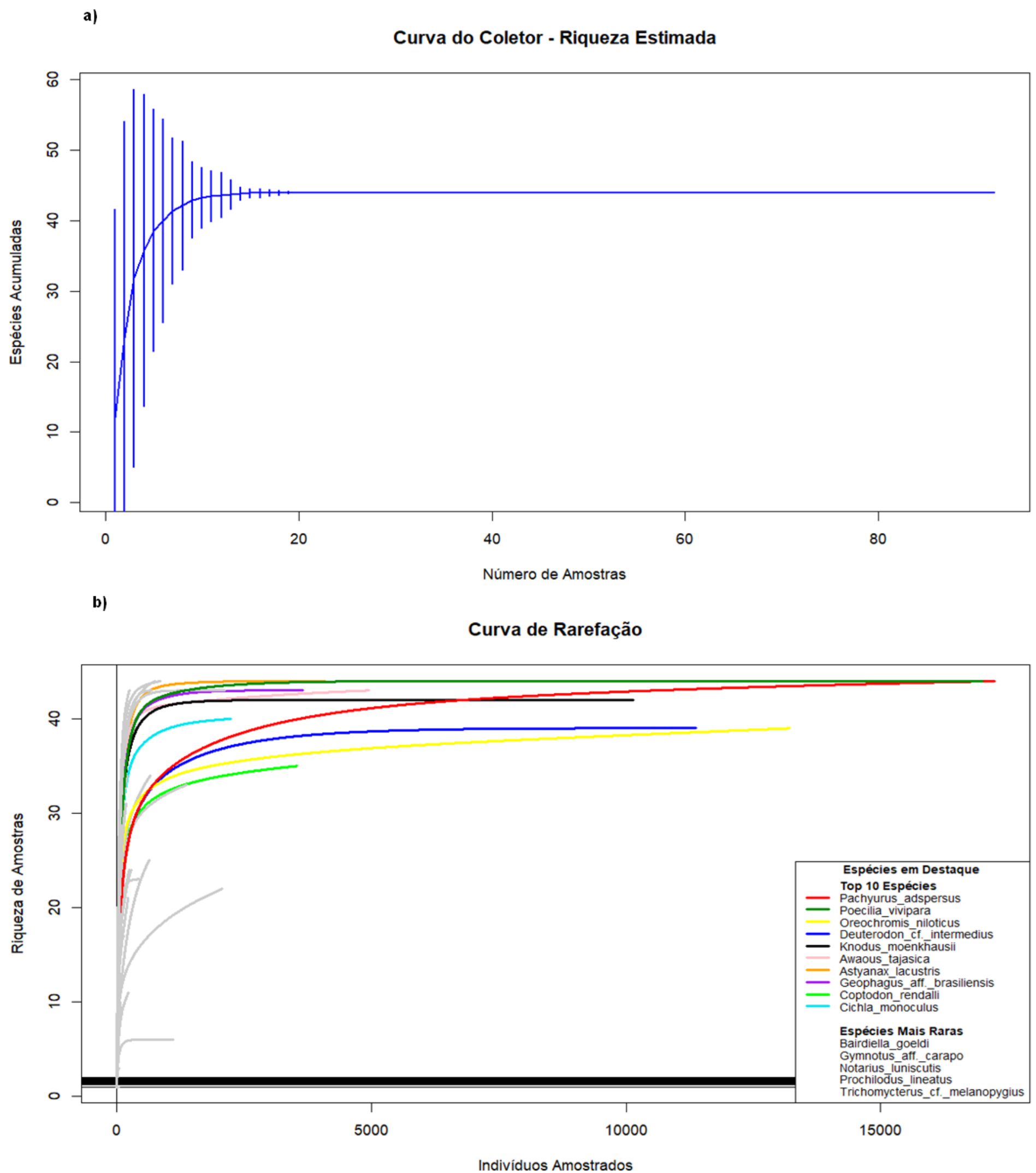
As espécies introduzidas corresponderam a cerca de 36,8% da riqueza registrada, um percentual bastante preocupante, visto que esses organismos tendem a se beneficiar mais rapidamente das alterações na dinâmica do rio após o rompimento da barragem (SALVADOR *et al.*, 2022) e dos efeitos de fluxo regulado pelas barragens no rio (SANTOS *et al.*, 2017a; HAVEL *et al.*, 2005). Além das espécies introduzidas já registradas desde o início do PMBA/Fest-UFES, como as piranhas-vermelha e -branca (*Pygocentrus nattereri* e *Serrasalmus brandtii*) e os tucunarés (*Cichla* spp.), foi registrada, pela primeira vez, a ocorrência de um indivíduo juvenil de pirarucu (*Arapaima gigas*) e de tambacu (híbrido de *Colossoma macropomum* e *Piaractus mesopotamicus*). Estes registros reacendem um alerta sobre um possível sucesso de novas espécies introduzidas na bacia, com elevado potencial de impacto negativo sobre as comunidades aquáticas locais.

Nesta atualização, destaca-se um novo e importante registro: pela primeira vez, ao longo de todo o monitoramento, foi registrada a ocorrência do bagre Rabo-seco *Paragenidens grandoculis*. Esta espécie é classificada como Criticamente Ameaçada e era considerada possivelmente extinta no estado do Espírito Santo até 2019 (ICMBio, 2018), quando foi redescoberta e redescrita dentro de um gênero monotípico (MARCENIUK *et al.*, 2019). Sua distribuição atual era considerada restrita a lagos costeiros nos estados do Espírito Santo e Rio de Janeiro, já que não tinha sido registrada anteriormente no canal principal do Baixo rio Doce (MARCENIUK *et al.*, 2019). Nossos resultados confirmam a presença da espécie na região estuarina do rio Doce - coletada no ponto RDO16 (Foz do rio Doce) - corroborando o registro feito por RODRIGUES *et al.* (2022). Trata-se de um achado raro e relevante para a conservação da espécie, que continua listada como Criticamente Ameaçada (ICMBio, 2025).

A análise da constância das espécies revelou que dez delas apresentaram alta frequência de ocorrência ao longo do monitoramento (Tabela 2). Dentre essas, cinco foram registradas em todas as 44 campanhas amostrais: Lambari (*Astyanax lacustris*), Piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), Barrigudinho (*Poecilia vivipara*), Jacundá (*Saxatilia lepidota*) e Corvina (*Pachyurus adspersus*). Outras cinco espécies estiveram presentes em 43 campanhas: Peixe-flor (*Awaous tajasica*), Acará (*Geophagus aff. brasiliensis*), Traíra (*Hoplias aff. malabaricus*), Pacu-CD (*Metynnis lippincottianus*) e Mandi-açu (*Pimelodus maculatus*). A elevada constância dessas espécies indica uma considerável capacidade de adaptação ao ambiente impactado, podendo, portanto, serem consideradas como

espécies ecologicamente tolerantes, por outro lado, espécies com baixa constância podem ser espécies sobreviventes de nichos pouco impactados ou em vias de extinção local.

Figura 2: Avaliação da riqueza de espécies no Baixo rio Doce, considerando todos os ambientes amostrados: a) Curva do coletor ou curva de acumulação de espécies; b) Curva de rarefação de espécies, durante o monitoramento de outubro/2018 a janeiro/2025.



A Figura 2 mostra a curva do coletor (a) e a curva de rarefação de espécies (b). A curva do coletor (Figura 2a) apresentou um rápido aumento no acúmulo de espécies nas primeiras campanhas de monitoramento, acompanhado dos elevados desvios-padrão característicos dessa fase inicial. A partir da 20ª campanha, observa-se a estabilização da riqueza em aproximadamente 43 espécies, onde a adição de novas espécies se torna progressivamente mais rara. Portanto, a estabilização da curva mostra que o esforço amostral empregado foi suficientemente robusto e representativo para capturar a maior parte da riqueza de espécies presentes na área monitorada, evidenciando a robustez das interpretações acerca das tendências temporais apresentadas.

A curva de rarefação de espécies (Figura 2b) evidencia que as curvas das espécies mais abundantes Corvina *Pachyurus adspersus* (vermelho), Barrigudinho *Poecilia vivipara* (verde), Tilápia *Oreochromis niloticus* (preto), Lambaris *Deuterodon cf. intermedius* (azul claro), *Knodus moenkhausii* (azul escuro) e *Astyanax lacustris* (laranja) tendem à estabilização, demonstrando que são espécies comuns e bem estabelecidas na comunidade do Baixo rio Doce. Em contrapartida, as espécies Roncador *Bairdiella goeldi*, Sarapó *Gymnotus aff. carapo*, Bagre-amarelo *Notarius luniscutis*, Curimba *Prochilodus lineatus* e Cambeva *Trichomycterus cf. melanopygius* foram consideradas raras, caracterizadas por curvas que se estabilizam rapidamente em níveis baixos de riqueza, indicando baixa frequência na comunidade, ou curvas ainda não estabilizadas ao longo do período de amostragem. A presença das espécies raras demonstra que ainda há alguma heterogeneidade ambiental, capaz de suportar espécies menos abundantes, embora elas sejam numericamente pouco representativas. O padrão de distribuição de espécies onde poucas delas apresentam alta abundância, enquanto a maioria é composta por espécies de ocorrência rara e baixa representatividade, é chamado de curva vazia (hollow curve) ou de formato hiperbólico e é clássica em estudos ecológicos (MCGILL *et al.*, 2007). Não existem hipóteses satisfatórias para explicar esse padrão, mas as causas parecem estar relacionadas a três possíveis fontes: (1) de caráter matemático e estatístico ao combinar número de espécies com número de indivíduos; (2) de dinâmica evolutiva, relacionada com os processos de especiação e extinção; e (3) processos ecológicos que associam eventos ao acaso com fatores determinísticos, como competição.

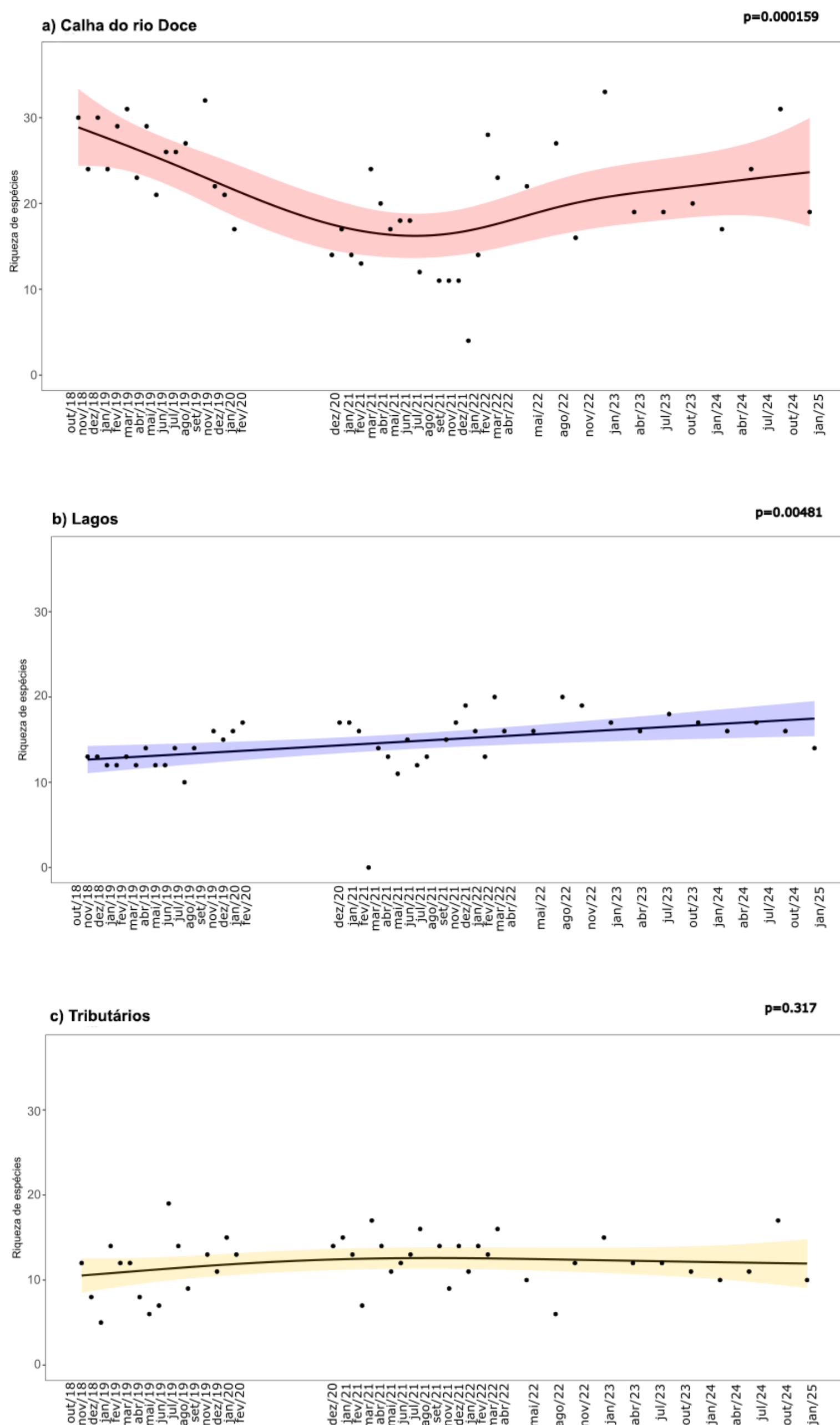
O gráfico superior é um gráfico de barras que mostra o número de táxons encontrados em 30 ambientes diferentes. O eixo Y representa o 'Número de táxons' (0 a 10+). O eixo X representa os 'Ambientes' (30 colunas). As barras são coloridas: 13 (cinza), 11 (vermelha), 8 (cinza), 6 (amarela), 6 (cinza), 6 (cinza), 4 (vermelha), 3 (roxo), 3 (cinza), 2 (cinza), 2 (cinza), 2 (cinza), 2 (cinza), 2 (verde), e 1 (cinza) para cada uma das 26 barras restantes.

O gráfico inferior é um diagrama de pontos que mostra a distribuição dos táxons por ambiente. O eixo Y lista os ambientes: Calha do rio Doce, Tributários, Reservatórios, Lagos, Lagoas e Foz do rio Doce. O eixo X representa os 30 ambientes. Os pontos pretos indicam a presença de um táxon em um determinado ambiente. As linhas verticais conectam os pontos de um mesmo táxon em diferentes ambientes.

Outro aspecto relevante é o compartilhamento exclusivo de espécies entre a calha do rio Doce e os demais ambientes, com destaque para os Tributários (6 espécies), Foz do rio Doce (2), Reservatórios (2), Lagos (1) e Lagoas (0). Esses dados evidenciam que os ambientes adjacentes à calha principal contribuem significativamente para o aumento da diversidade local, ao fornecerem diferentes condições ambientais e recursos. Ao mesmo tempo, esse padrão reflete uma heterogeneidade de nichos ecológicos disponíveis, que são explorados pela comunidade de peixes em função das características específicas de cada compartimento. Sendo assim, os Tributários têm uma contribuição importante no aporte de espécies para a calha do rio Doce, de forma pontual, destacamos a espécie de Grumatã *Prochilodus vimboides*, classificada como Vulnerável (MMA, 2022), e que foi coletada duas vezes em cada um desses dois ambientes (calha do rio Doce e Tributários), sendo a última vez em maio de 2022. Como essa espécie possui maior abundância nos trechos Alto e Médio da bacia (CONVÊNIO RENOVA/UFV, 2023), ao considerarmos sua baixa ocorrência no Baixo rio Doce e atual risco extinção, podemos sugerir uma tendência ao declínio populacional e um possível processo de extinção local do Grumatã no Baixo rio Doce. Além disso, o ambiente Foz do rio Doce compartilha duas espécies exclusivas com a calha do rio Doce: *Caranx latus* e *Genidens genidens*, indicando que, apesar de ser um ambiente contínuo à calha, suas características ambientais únicas (e.g., salinidade) atuam na distinção do mesmo.

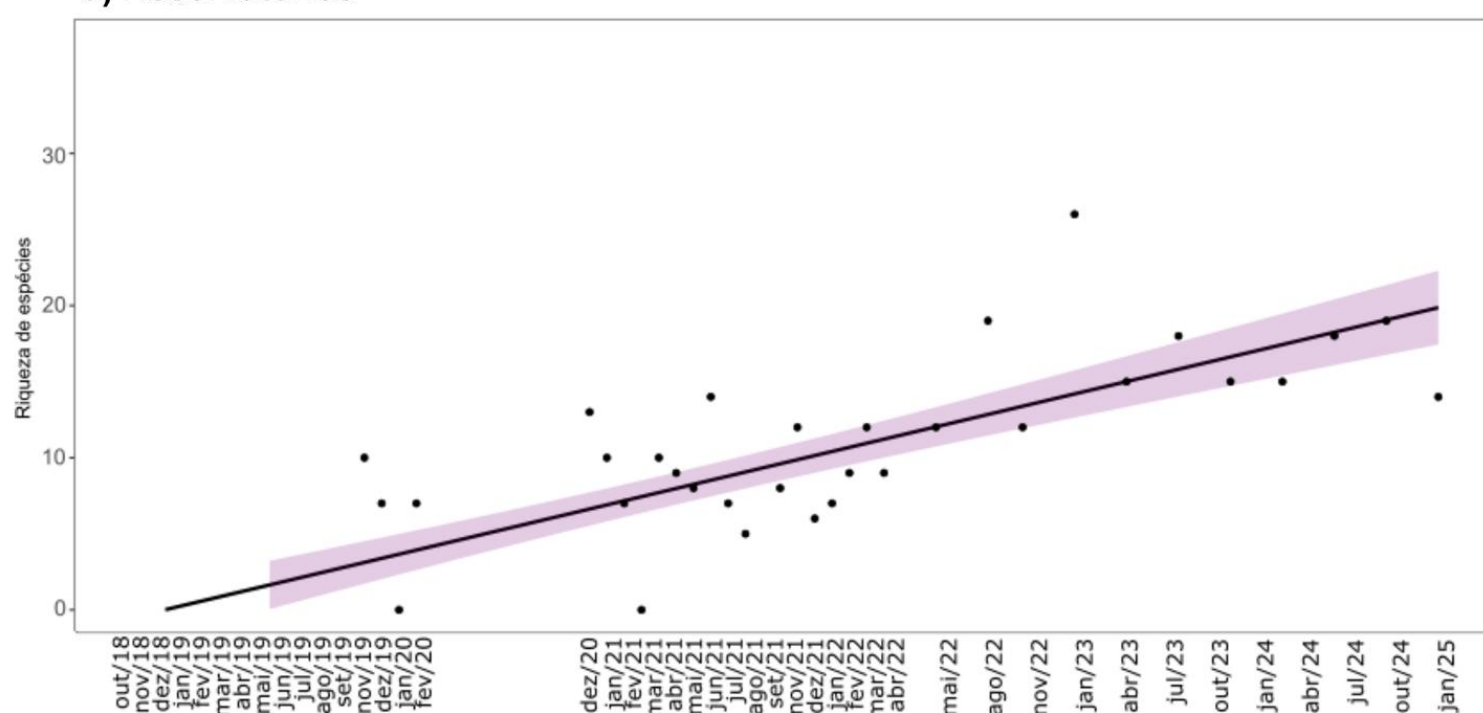
Observando a riqueza taxonômica por ambiente (Figura 3), nota-se a contribuição central da calha do rio Doce e os Tributários na manutenção da biodiversidade aquática da bacia. Ainda assim, Reservatórios, Lagoas e Foz contribuem especialmente com espécies exclusivas, reforçando a importância da heterogeneidade ambiental e preservação de mosaicos de habitats. O grande número de espécies compartilhadas entre os ambientes sugere certa conectividade funcional, ainda que esta funcionalidade advinha da presença compartilhada de espécies introduzidas. Por outro lado, o número expressivo de espécies exclusivas indica a persistência de micro-habitats, nichos especializados e pouco impactados dentro da comunidade.

Figura 4: Flutuações temporais para riqueza taxonômica em GAMM durante o monitoramento (outubro/2018 a janeiro/2025), a) Calha do rio Doce, b) Lagos, c) Tributários, d) Reservatórios, e) Foz do rio Doce e f) Lagoas. As lacunas entre fevereiro/2020 a dezembro/2020 são referentes a interrupção do monitoramento devido a pandemia de COVID-19. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



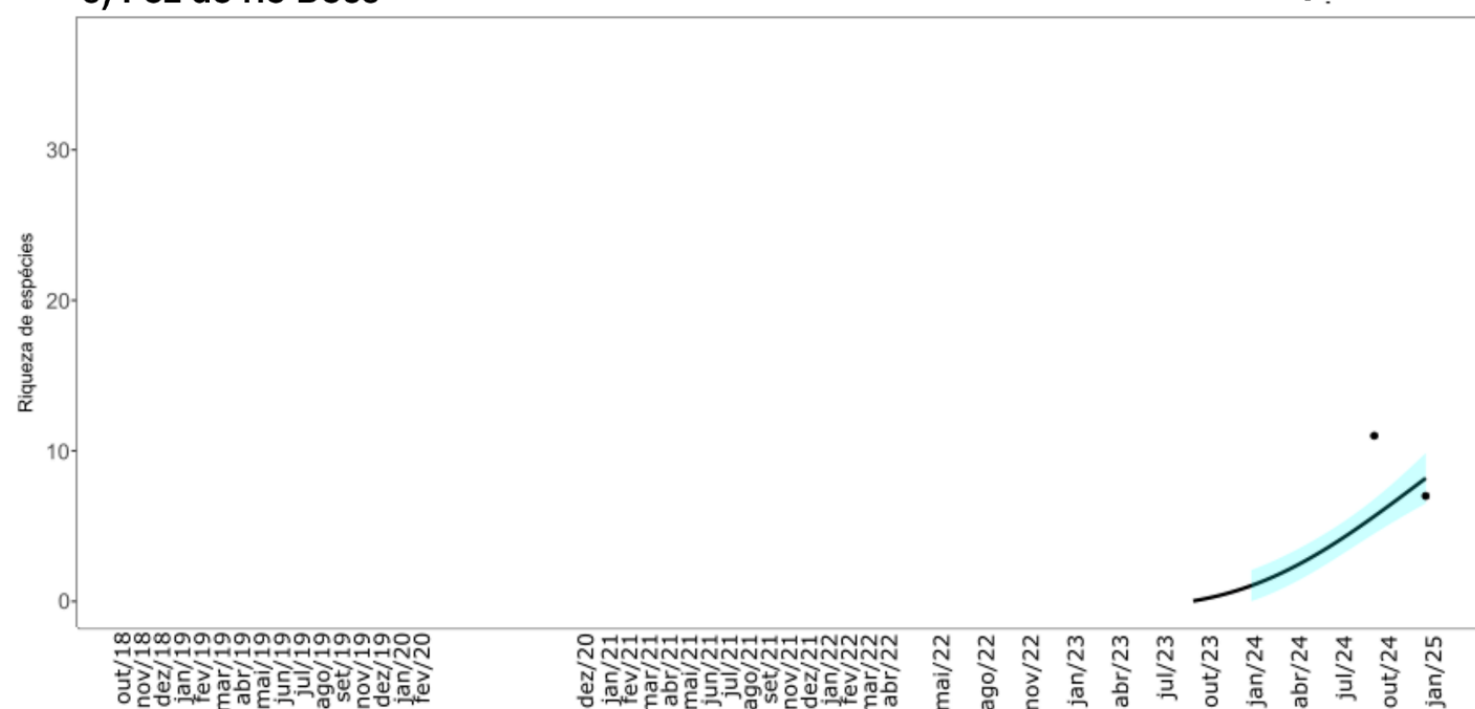
d) Reservatórios

$p < 2e-16$



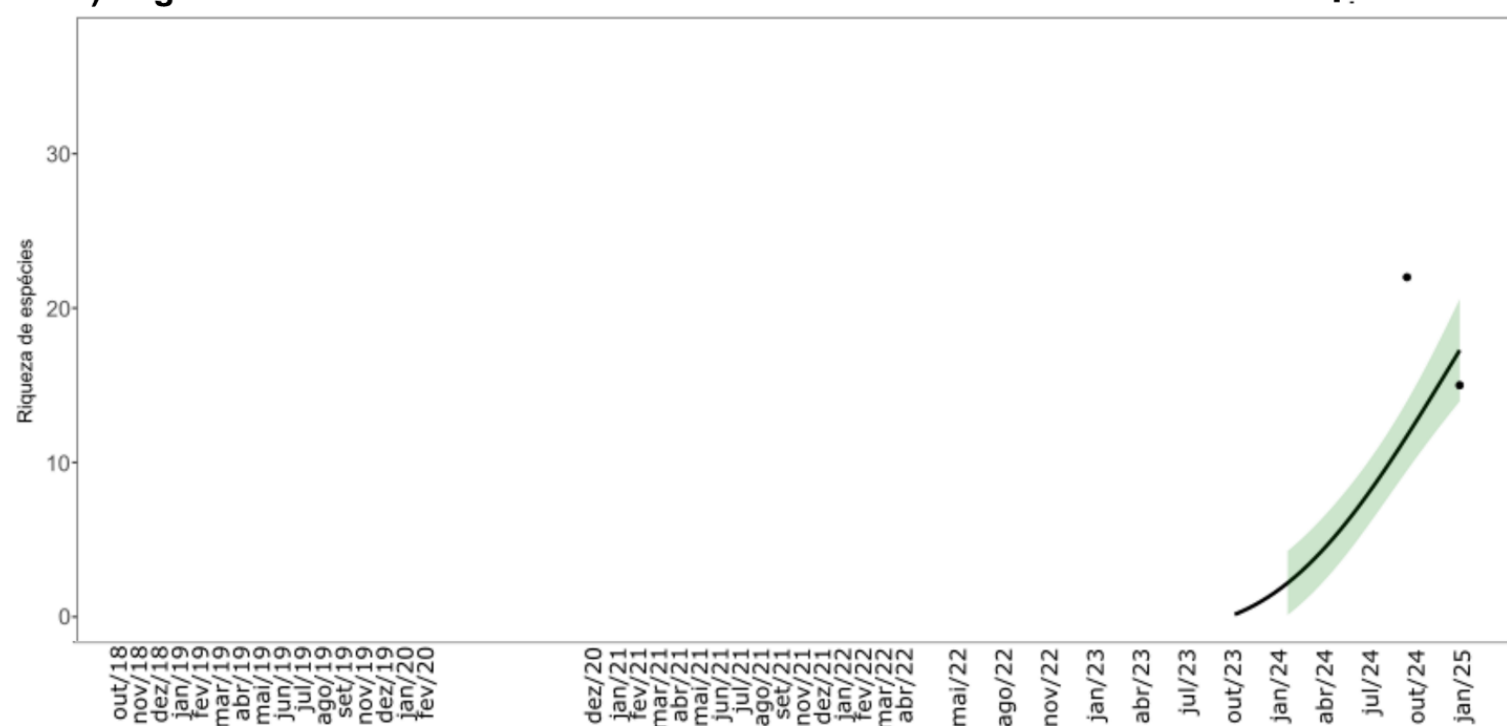
e) Foz do rio Doce

$p < 2e-16$



f) Lagoas

$p < 2e-16$



A Figura 4 apresenta as tendências da riqueza de espécies nos diferentes ambientes monitorados. Na calha do rio Doce, foi observada uma redução acentuada na riqueza de espécies desde o início do monitoramento, com um declínio mais expressivo entre agosto de 2019 a julho de 2021. A partir desse período, nota-se uma recuperação parcial da riqueza, embora os valores ainda sejam inferiores àqueles registrados no primeiro ano da série histórica. A expressiva significância do modelo, demonstra que a variação da riqueza na série temporal não ocorreu ao acaso, mas é reflexo do impacto residual do rompimento da barragem, seguido por processos de adaptação ecológica, recolonização ou recuperação parcial do ambiente. Provavelmente, a variação observada é resultado de mudanças estruturais no ambiente.

Nos Lagos, apesar de oscilações pontuais, a riqueza apresenta uma tendência constante e leve de aumento, o qual sugere um processo de recolonização ou estabilização ecológica em curso, possivelmente após períodos de perturbação inicial ou baixa na diversidade. Nos Tributários, a riqueza de espécies manteve-se constante, com oscilações pontuais, mas sem uma tendência clara de aumento ou declínio. Não há significância para este modelo, evidenciando que a variação sutil flutua ao acaso e não há evidência robusta de mudanças estruturais neste ambiente. A estabilidade observada pode ser resultado de condições constantes (inalteradas, não impactadas), limitações na recolonização do ambiente ou equilíbrio já alcançado após impacto.

Nos Reservatórios, observou-se um aumento expressivo na riqueza de espécies ao longo do tempo, alavancado pelas espécies introduzidas, como visto nas figuras a seguir (Figura 5d e Figura 6d). É relevante destacar que, nesse ambiente, a utilização de petrechos como arrasto torna-se inviável devido à ausência de áreas de praia, o que resulta no viés de captura de espécies e espécimes de maior porte, em detrimento de espécies e espécimes menores e de hábitos bentônicos.

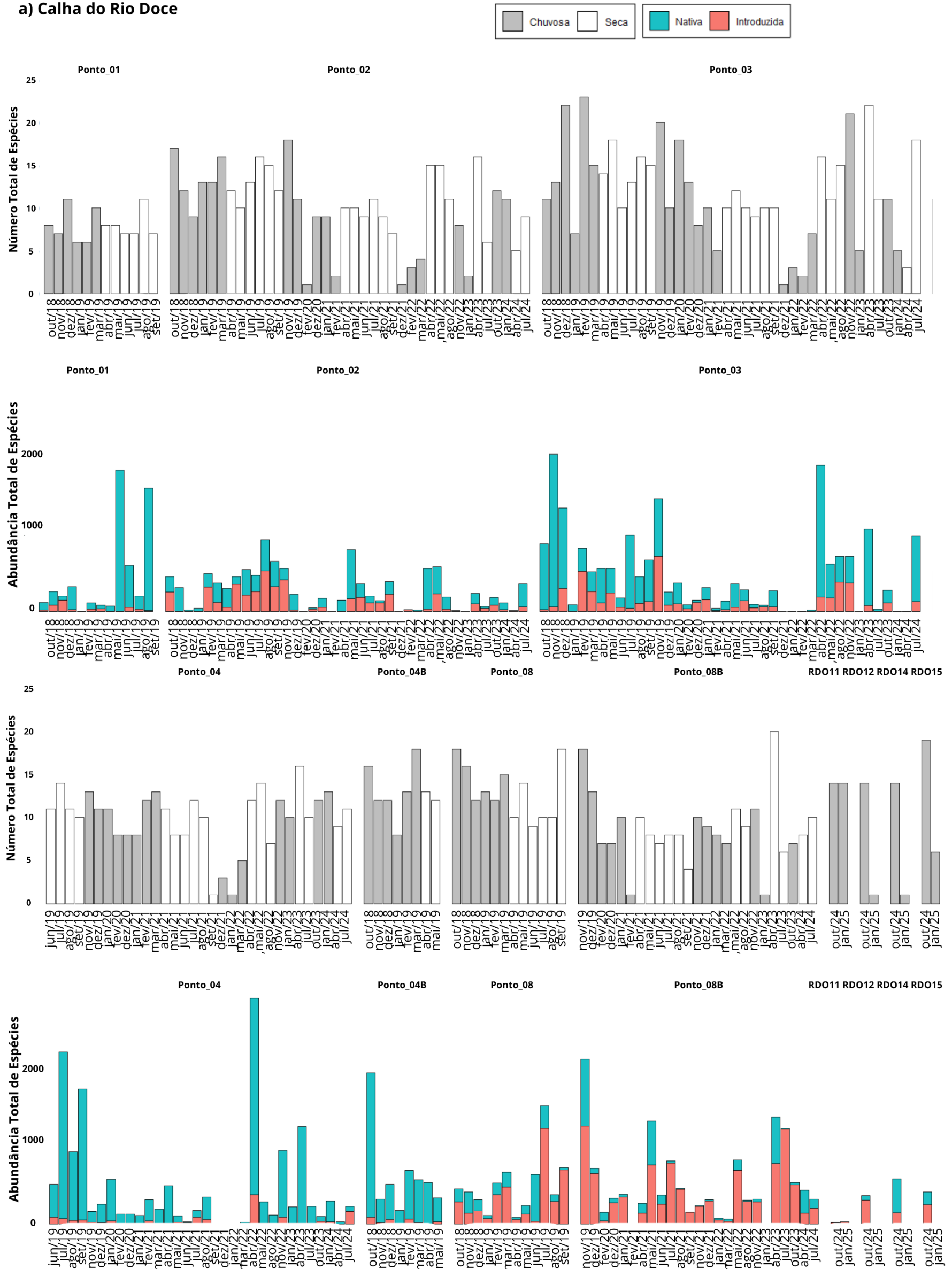
Nos ambientes de Lagoas e na Foz do rio Doce (Figura 4e-f), os aumentos expressivos são reflexos de apenas duas coletas realizadas, não sendo possível estabelecer tendências concretas da riqueza de espécies.

De forma geral, os modelos apontam para um sistema em recuperação heterogênea, em que os ambientes respondem de forma distinta à perturbação histórica, refletindo padrões de resiliência, conectividade e reorganização da estrutura biótica no tempo, nem sempre positiva.

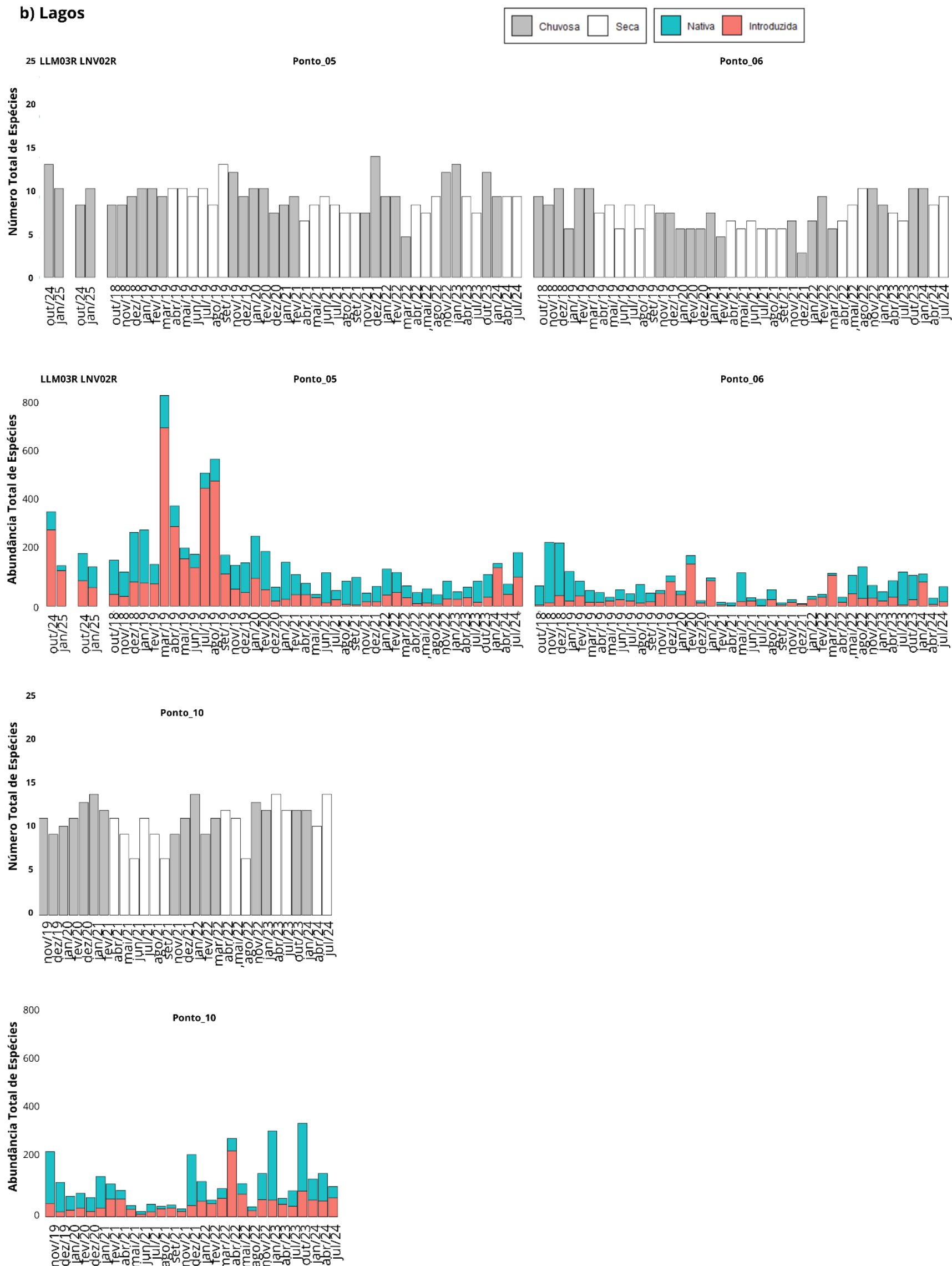
3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

Figura 5: Variação espaço-temporal da riqueza de espécies durante os períodos chuvosos (cinza) e secos (branco) e da abundância de espécies nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Foz do rio Doce (e) e Lagoas (f), entre outubro/2018 e janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.

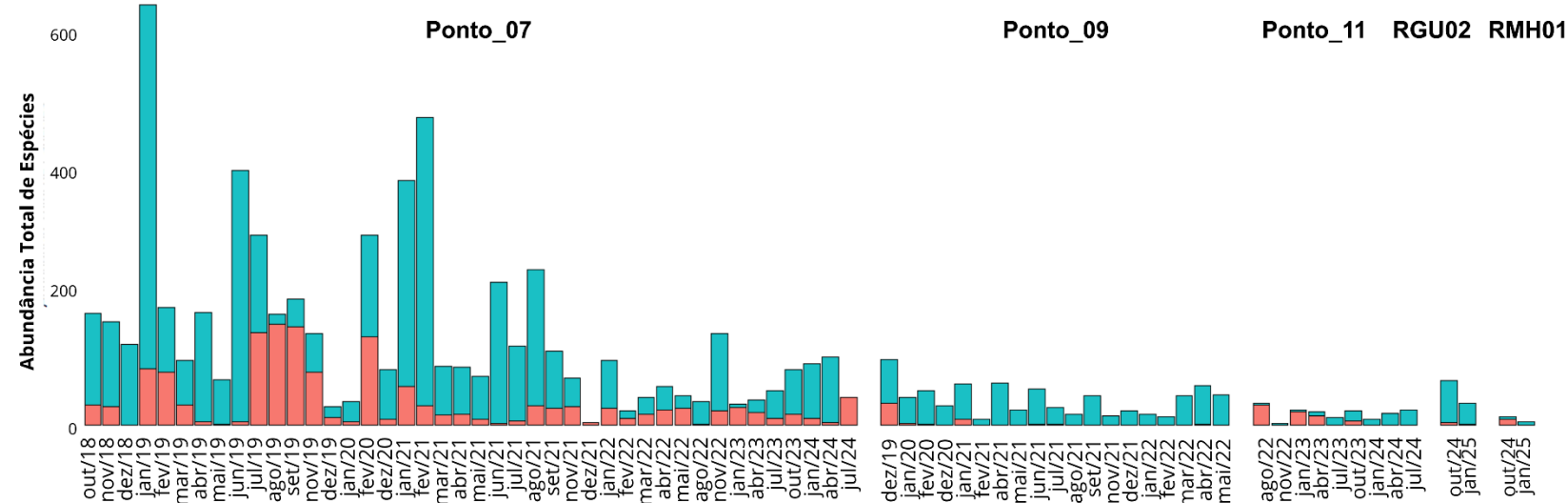
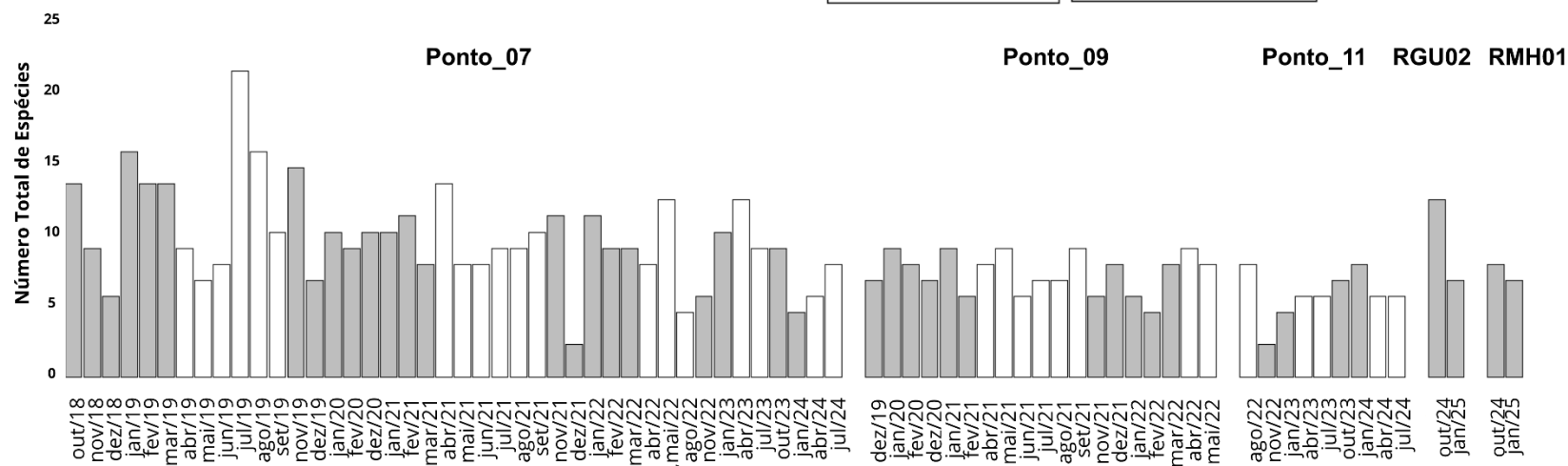
a) Calha do Rio Doce



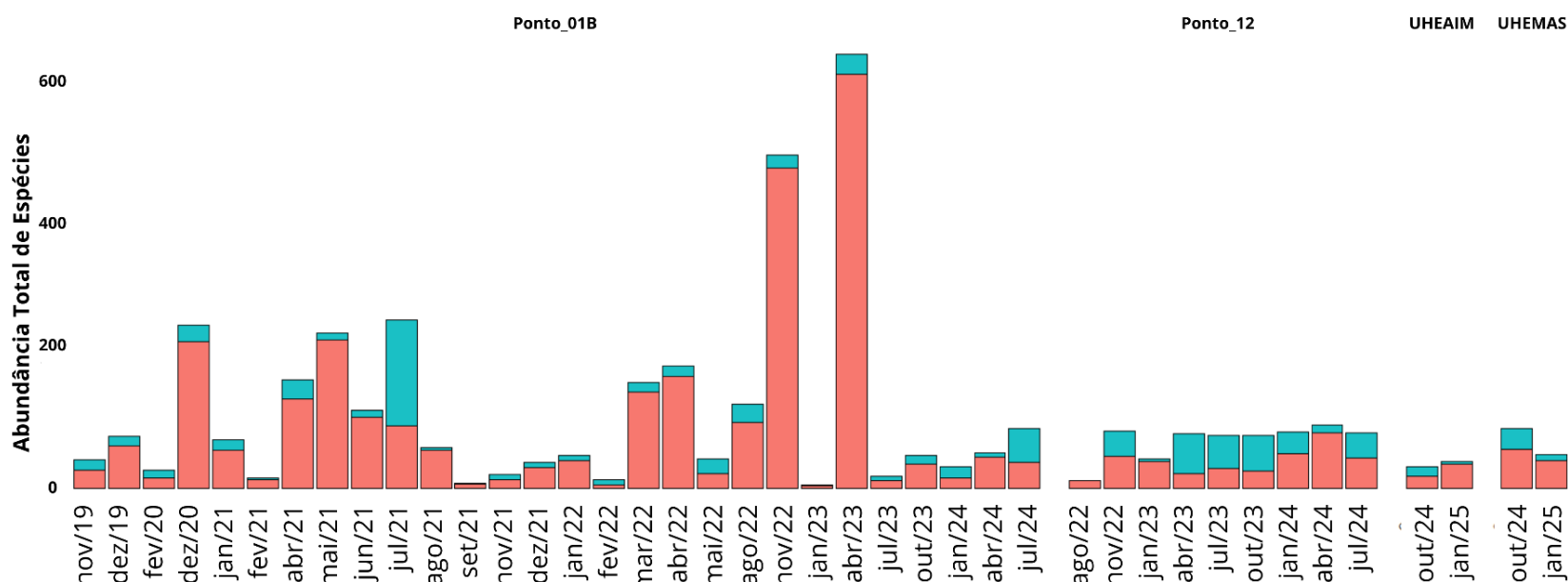
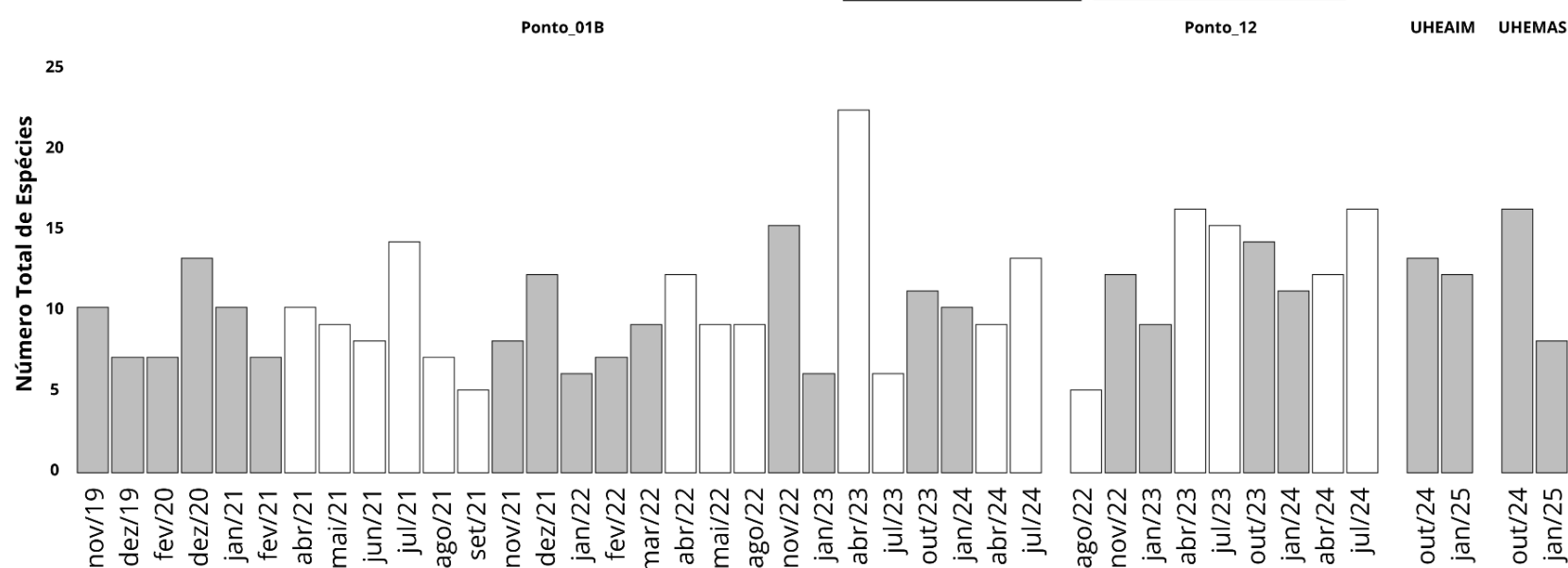
b) Lagos



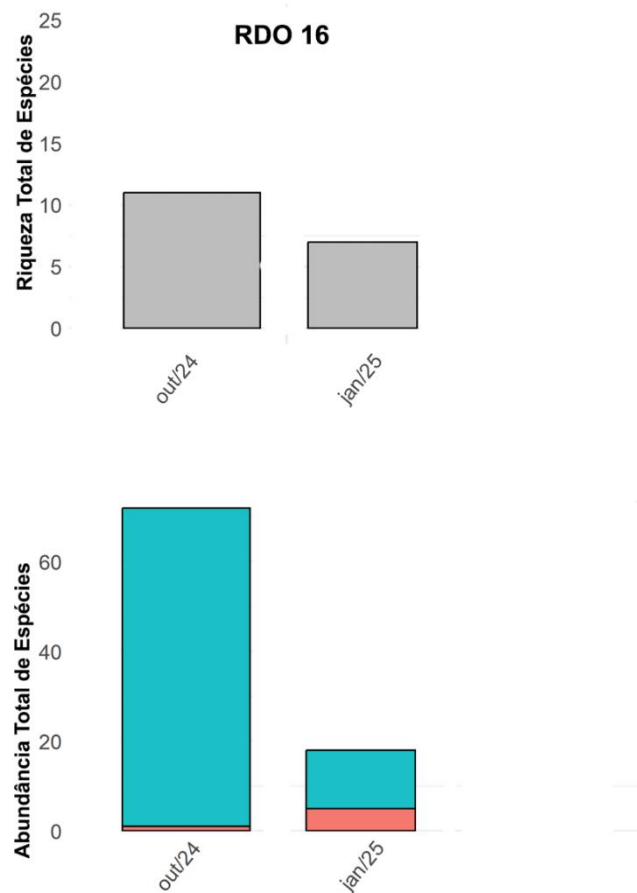
☐ Chuvosa ☐ Seca ☐ Nativa ☐ Introduzida



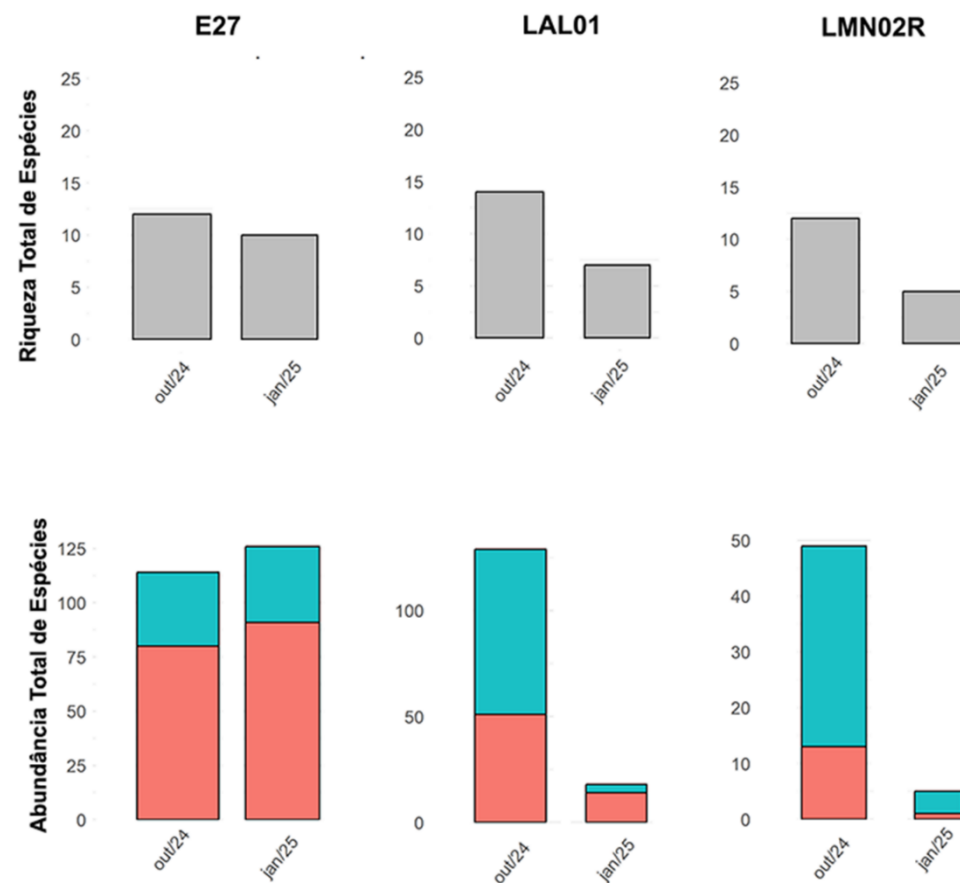
☐ Chuvosa ☐ Seca ☐ Nativa ☐ Introduzida



e) Foz do rio Doce



f) Lagoas



A Figura 5 representa a variação espaço-temporal da riqueza de espécies durante os períodos chuvosos e secos, assim como a abundância total de espécies nativas e introduzidas nos ambientes de Calha do rio Doce, Lagos, Tributários, Reservatórios, Foz do rio Doce e Lagoas. No ambiente de calha do rio Doce (Figura 5a), foi possível observar variações na riqueza de espécies ao longo do monitoramento. Nos pontos P1, P4B e P8B, observa-se que a riqueza permaneceu sem alterações observáveis entre os períodos secos e chuvosos. Por outro lado, nos pontos P2, P3, P4 e P8, a riqueza das espécies oscilou entre crescimento e declínio, dependendo da periodicidade, com o crescimento da riqueza de espécies no período de seca e sua diminuição no período chuvoso. Destacamos que não foi possível estabelecer uma tendência de temporalidade nos pontos RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15, uma vez que apenas duas coletas foram realizadas. Entretanto os pontos P1 e P3 apresentaram crescimento da riqueza ao longo do tempo.

Quanto à abundância de espécies nativas e introduzidas, os pontos P1, P3, P4, P4B e RDO14 apresentam, de modo geral, maior abundância de espécies nativas. Em contrapartida, os pontos P8, P8B, RDO11, RDO12 e RDO15 se caracterizam pela maior abundância de espécies introduzidas. O ponto P2, por sua vez, apresenta flutuações na abundância entre espécies nativas e introduzidas ao longo do monitoramento. A predominância de espécies introduzidas em determinados trechos reflete alterações na dinâmica ecológica da calha do rio Doce, evidenciando tanto a introdução de espécies não nativas, quanto seus impactos sobre as populações nativas, podendo-se esperar um declínio das populações nativas ao longo dos próximos anos (LATINI; PETRERE, 2004; VITULE *et al.*, 2009; FREHSE *et al.*, 2021; FARIA *et al.*, 2025).

Nos Lagos, a variação espaço-temporal da riqueza de espécies seguiu um padrão de relativa estabilidade ao longo dos períodos chuvosos e secos (Figura 5b). No entanto, verificou-se uma redução na abundância de espécies nativas, concomitante ao aumento das espécies introduzidas. O ponto de amostragem P5 se destaca por apresentar oscilações marcantes na abundância das espécies, com picos de crescimento de espécies introduzidas em abril, julho e agosto de 2019, e novamente em janeiro e julho de 2024. Destacamos a impossibilidade de uma análise de variação espaço-temporal da riqueza nos pontos LLM03R e LNV02R, uma vez que apenas duas coletas foram realizadas, mas já podemos destacar a abundância de espécies introduzidas nesses dois ambientes.

No ambiente de Tributários (Figura 5c), é possível observar que a riqueza de espécies não apresentou grandes variações nos períodos secos e chuvosos, sendo o maior pico de riqueza em julho de 2019, no ponto 7. Nos pontos RGU02 e RMH01, não foi possível realizar uma análise de variação espaço-temporal da riqueza visto que apenas duas coletas foram realizadas. Em relação à abundância das espécies, os Tributários destacam-se pela predominância de espécies nativas, quando comparadas a espécies introduzidas. Entretanto, percebe-se aumentos pontuais das espécies introduzidas, como por exemplo no P11 nos meses de agosto de 2022 até abril 2023, e de julho a novembro de 2019 no P7. No ponto RMH01, nota-se uma equivalência aproximada na abundância das espécies nativa e exóticas logo no primeiro mês de monitoramento. Ambientes que mantiveram a abundância de espécies nativas,

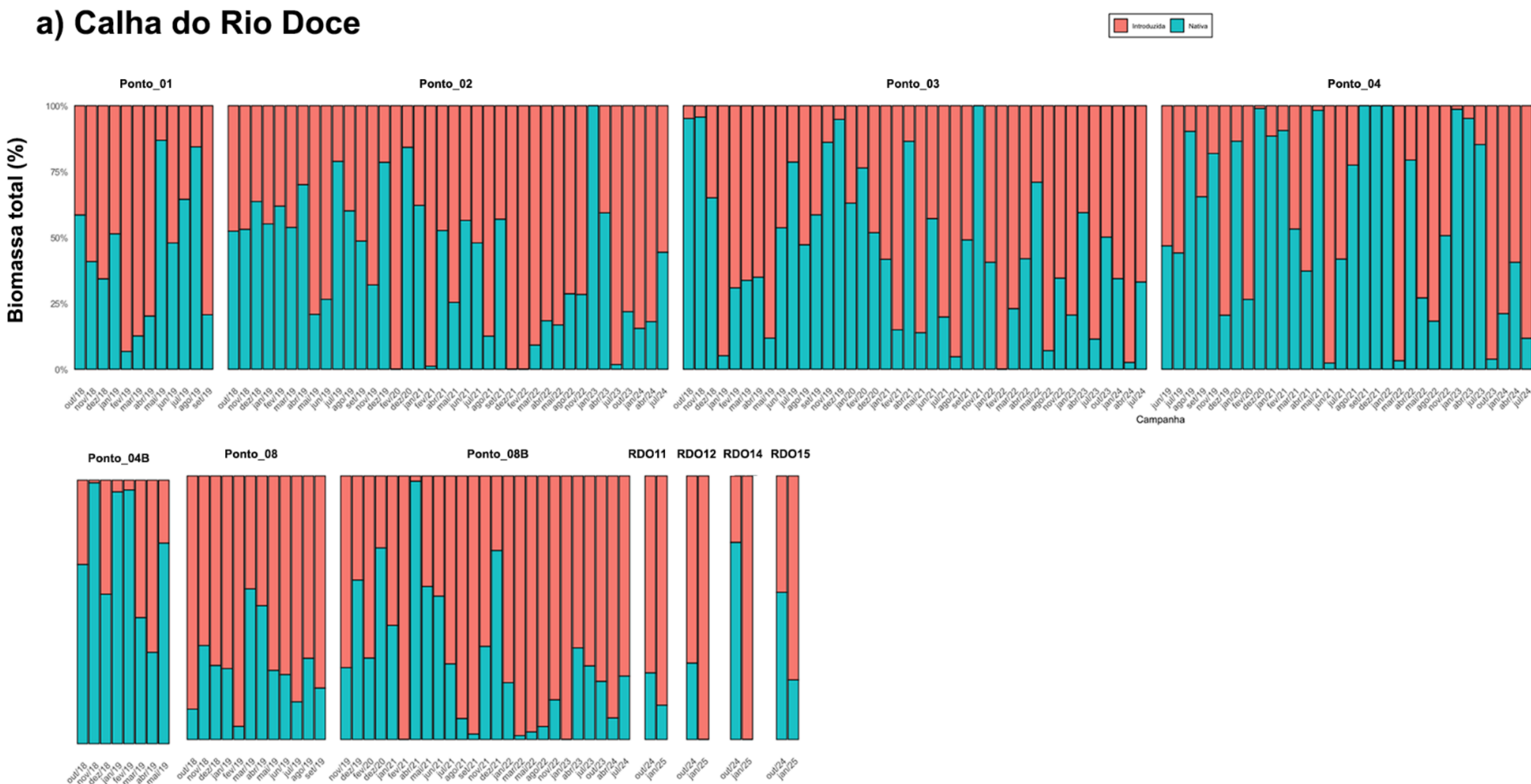
evidenciam zonas de maior resiliência ecológica que podem representar importantes localidades para a conservação estratégica da integridade biológica regional.

Nos ambientes de Reservatórios (Figura 5d), a riqueza de espécies apresenta pequenas oscilações ao longo dos períodos chuvosos e secos, com o maior pico registrado em abril de 2023, no P01B, mantendo uma tendência geral de estabilidade entre os períodos. Em relação à abundância, as espécies introduzidas são significativamente mais numerosas do que as nativas ao longo de todo o monitoramento. Essa dominância pode estar relacionada à maior adaptabilidade das espécies introduzidas às condições ambientais dos reservatórios, que costumam ser ambientes mais homogêneos, com menor complexidade de habitat e alta estabilidade físico-química (AGOSTINHO *et al.*, 2008; PELICICE; AGOSTINHO, 2009). Como consequência, pode haver exclusão competitiva das espécies nativas, alterações na estrutura e no funcionamento das comunidades, e impactos nos processos ecológicos locais, comprometendo a integridade ecológica e a conservação da biodiversidade nativa (PELICICE *et al.*, 2018).

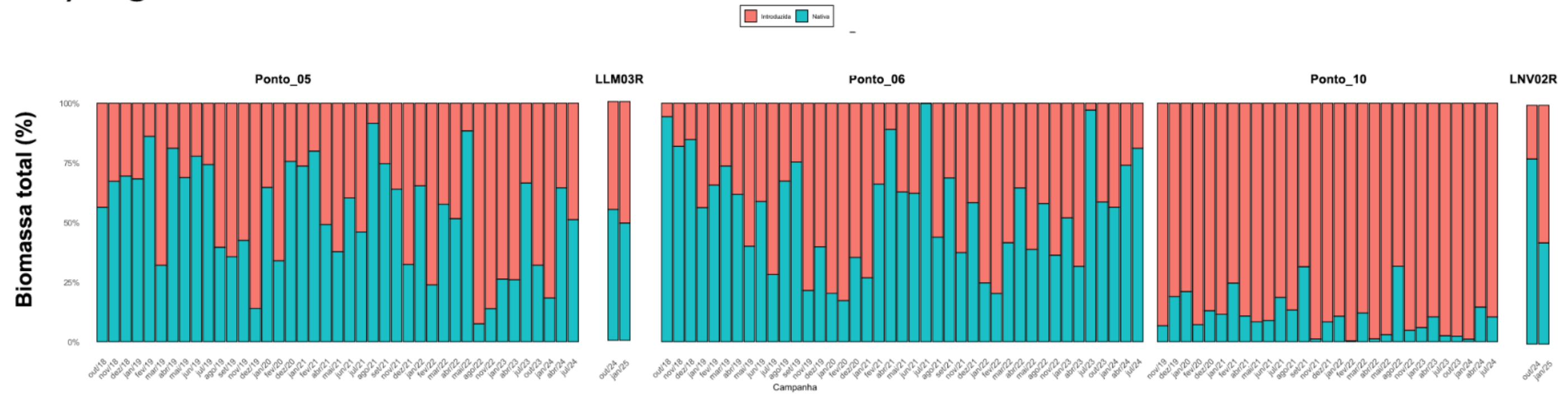
Por fim, os ambientes Foz do rio Doce e Lagoas, representados nas Figura 5 e-f, respectivamente, foram amostrados apenas duas vezes, ambas no período chuvoso. Dessa forma, não é possível realizar comparações da riqueza de espécies de peixes entre os períodos chuvoso e seco nesses dois ambientes. Ainda assim, os dados de abundância mostram que na Foz do rio Doce observa-se uma predominância marcante de espécies nativas. Nas Lagoas, embora também haja predominância de espécies nativas, o número de espécies introduzidas é relativamente expressivo. Esse padrão pode estar relacionado às condições físico-químicas das Lagoas, que se assemelham às dos ambientes lênticos, como as encontradas nos Lagos, que são caracterizados por maior homogeneização ambiental e menor susceptibilidade às variações abióticas ao longo do tempo.

3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

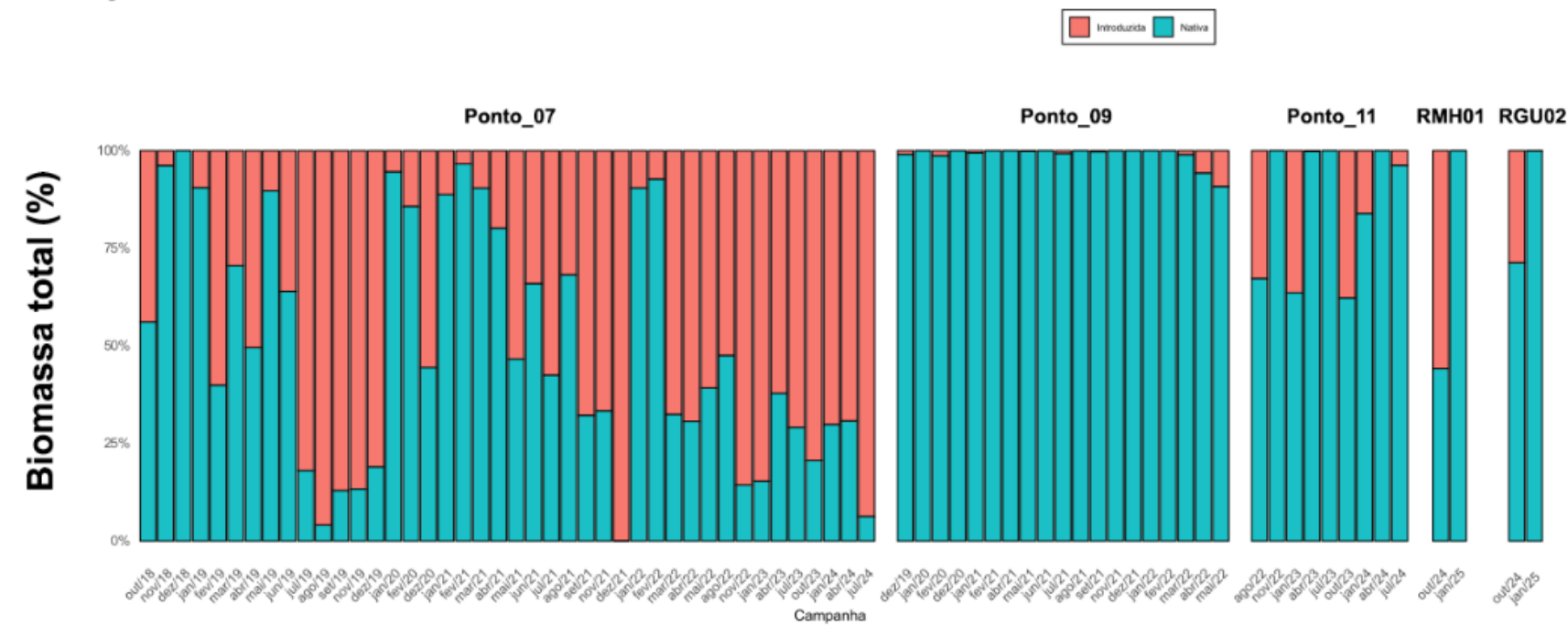
Figura 6: Variação espaço-temporal da proporção da biomassa das espécies nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na Calha do rio Doce a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Foz do rio Doce (e) e Lagoas (f), durante o monitoramento PMBA/Fest-UFES (outubro/2018 a janeiro/2025). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



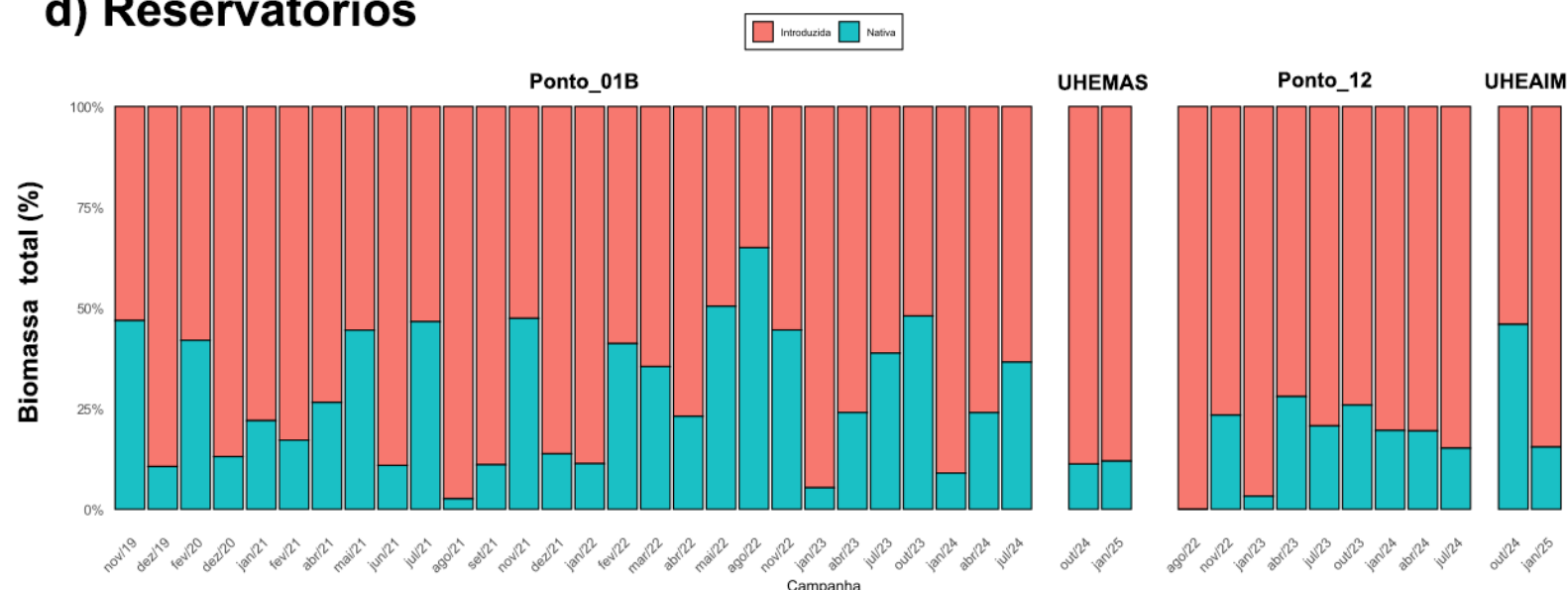
b) Lagos



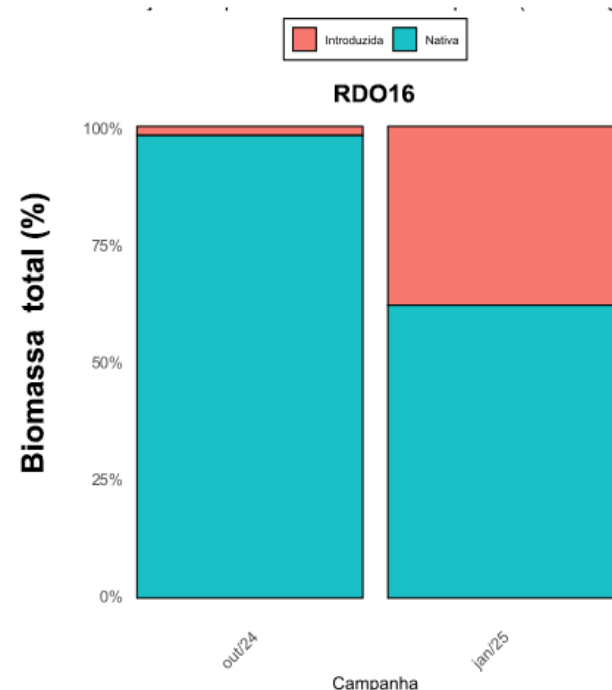
c) Tributários



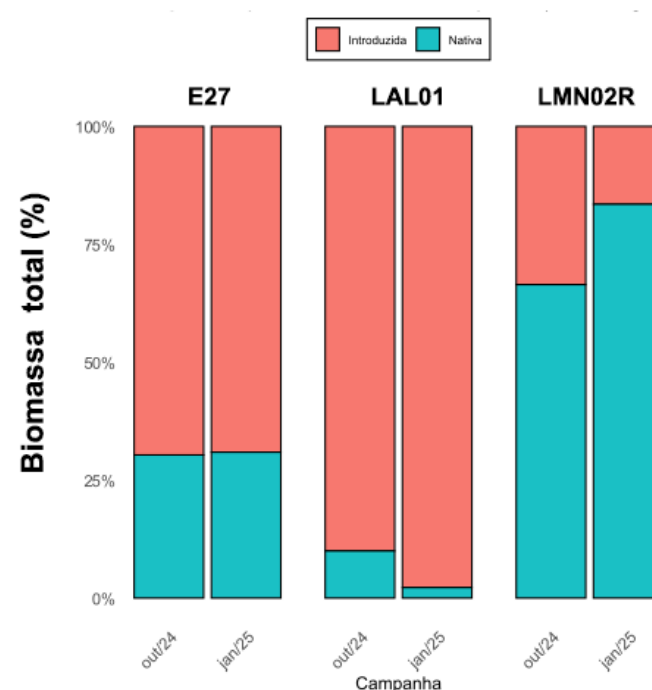
d) Reservatórios



e) Foz



f) Lagoas



A Figura 6 apresenta a variação da biomassa de peixes de espécies de peixes nativos e introduzidos ao longo do período de monitoramento nos seis ambientes analisados.

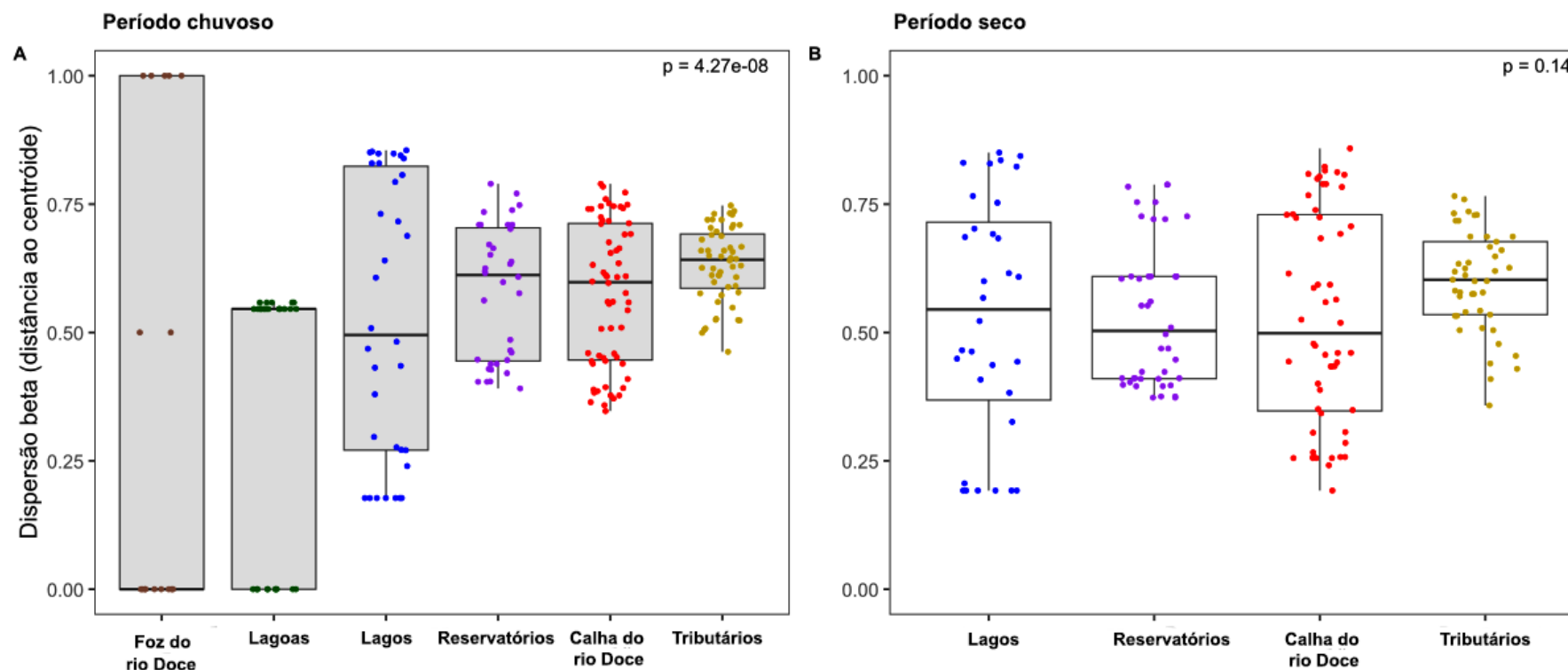
Na calha do rio Doce (Figura 6a) observamos a transição clara ao longo do tempo, na dominância de nativas para introduzidas, sendo mais evidente essa mudança nos pontos P2 e P8 e P8B. O aumento da biomassa de espécies introduzidas demonstra um processo de claro colapso da comunidade, com o declínio e possível extinção local de espécies nativas, como resultado do aumento da competição, determinando a mudança na estrutura trófica e redução da resiliência da comunidade, com o resultado de alterações da estrutura e funcionalidade da comunidade nativa característica (IUCN-CEM, 2022).

Nos Lagos (Figura 6b) vemos uma oscilação entre picos de biomassa de nativa e introduzidas ao longo do período monitorado, sendo as espécies nativas predominantemente dominantes na maioria dos pontos. A exceção é o Ponto 10 em que a dominância da biomassa de introduzidas é predominante e estável desde o início das coletas. Nos Tributários (Figura 6c), observamos que a biomassa é predominantemente de espécies nativas em todos os pontos, com destaque para os P9 e P11. Entretanto, nas últimas campanhas já podemos notar o aumento leve e gradual da biomassa de espécies introduzidas nesses pontos mencionados, evidenciando mudanças iniciais na estrutura da comunidade.

Já nos Reservatórios (Figura 6d), a predominância de biomassa das espécies introduzidas permanece estável e alta desde o início do monitoramento, refletindo a homogeneidade de habitat, característica deste tipo de ambiente. Na Foz (Figura 6e), a biomassa de espécies nativas se mantém amplamente dominante, indicando um sistema ainda resiliente à pressão biótica das espécies introduzidas de água doce. Já nas Lagoas (Figura 6f), as espécies introduzidas predominam em biomassa na maioria dos pontos, com exceção do ponto LMN02R, onde há predominância de espécies nativas. Entretanto, considerando a temporalidade dos dados e por se tratarem de apenas duas campanhas, a realização de análises estatísticas robustas, que possibilitam comparações com os demais ambientes, é inviável.

3.4 DIVERSIDADE BETA

Figura 7: Diversidade beta taxonômica para Foz do rio Doce (marrom) e Lagoas (verde), Lagos (azul escuro), Reservatórios (roxo), Calha do rio Doce (vermelho) e Tributários (amarelo). A cor cinza representa os períodos chuvosos (a), e cor branca, os períodos secos (b) entre outubro/2018 e janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 7 apresenta a variação da beta diversidade, que mede a variação na composição das espécies entre os períodos chuvosos e secos, comparando os seis ambientes amostrados. A análise da dispersão beta entre ambientes por período sazonal revelou dissimilaridades significativas na heterogeneidade da composição de espécies. No período chuvoso, os ambientes Lagos e Lagoas apresentaram os maiores valores de dispersão, indicando comunidades biologicamente mais heterogêneas, possivelmente como reflexo de condições abióticas variáveis, pela influência de espécies oportunistas ou devido à menor conectividade entre os pontos amostrais. Em contraste, ambientes como Reservatórios e Tributários mostraram menor dispersão beta, sugerindo maior homogeneidade interna e estabilidade composicional. Já no período seco, não houveram diferenças estatisticamente significativas entre os ambientes ($p = 0,14$), o que sugere que eles compartilham níveis similares de variabilidade ecológica interna.

Durante o período chuvoso (Figura 7A), os seis ambientes amostrados foram plotados. No entanto, nos ambientes Foz e Lagoas, houve apenas duas campanhas de coletas: uma em outubro de 2024 e outra em janeiro de 2025. A baixa frequência de amostragem nesses ambientes inviabiliza uma análise robusta da beta diversidade, devido à escassez de dados. Além disso, ainda não foram realizadas coletas nesses dois ambientes durante os períodos secos, o que justifica sua ausência nas comparações de beta diversidade apresentadas na Figura 7B. Dessa forma, torna-se inviável comparar os ambientes Foz e Lagoas entre os períodos chuvosos e secos.

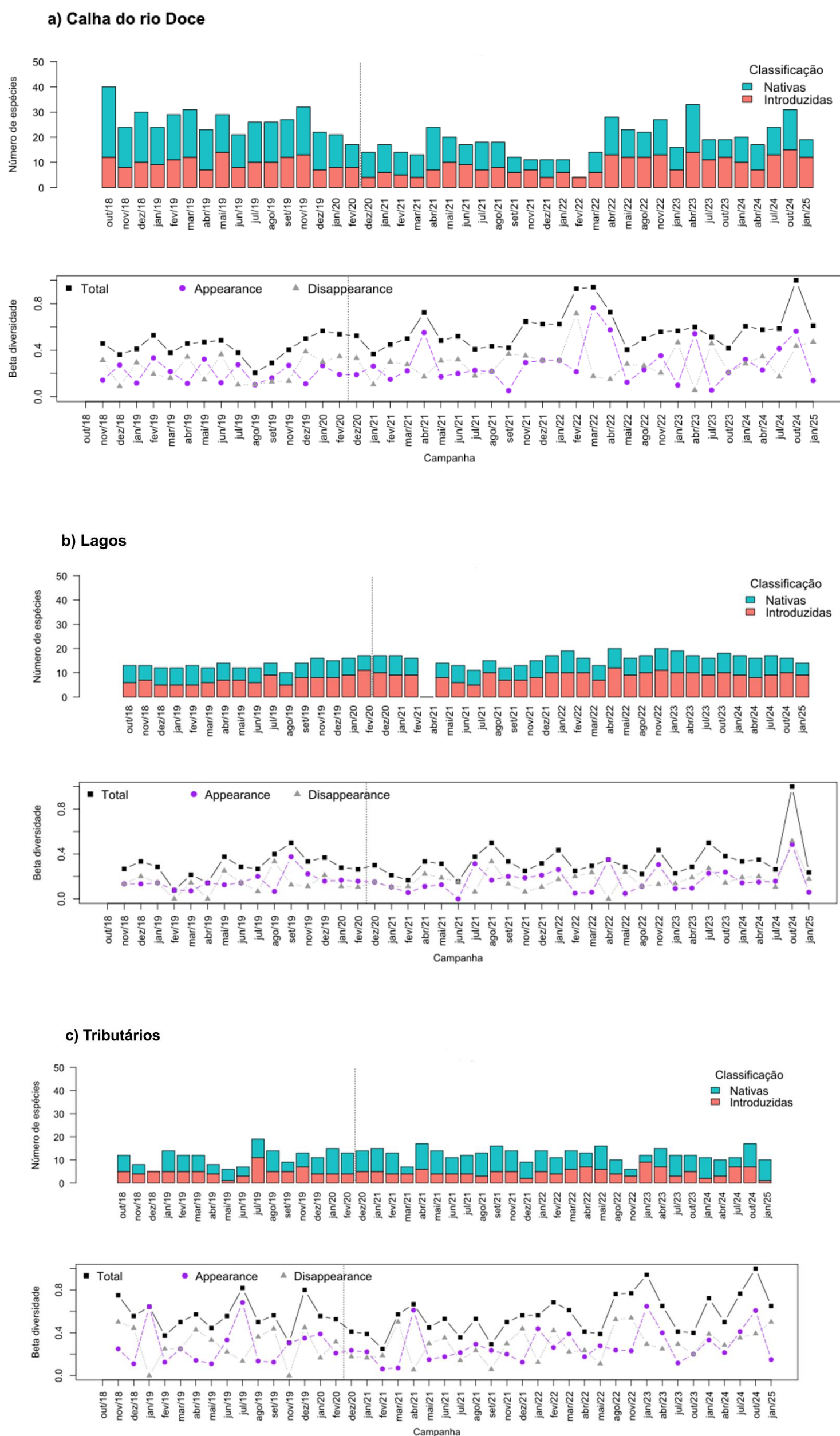
Para os quatro ambientes restantes, é possível realizar comparações da beta diversidade, uma vez que apresentam séries temporais consistentes desde outubro de 2018. As análises indicam variações na beta diversidade entre os ambientes quando comparados os períodos chuvosos e secos. Durante o período chuvoso, o ambiente Lagos é o único que apresenta maior beta diversidade em relação ao período seco, enquanto o contrário é observado nos outros ambientes - Reservatórios, Calha do rio Doce e Tributários.

Embora Lagos e Reservatórios apresentem respostas opostas à sazonalidade, ambos compartilham características estruturais comuns por serem ambientes lênticos e relativamente mais homogêneos, não apresentando grandes flutuações abióticas ao longo do tempo. No caso dos Lagos, o aumento da beta diversidade no período chuvoso pode estar relacionado à maior conectividade com outros habitats durante eventos de cheia, favorecendo o ingresso de espécies e aumentando a heterogeneidade biológica (THOMAZ *et al.*, 2007). Por outro lado, pela natureza artificial e baixa conectividade, os Reservatórios introduzem discontinuidades no contínuo fluvial e fornecem habitats similares, independentemente de sua posição na bacia hidrográfica. Essas novas condições ambientais promovem uma filtragem ecológica, selecionando traços funcionais comuns e, consequentemente, homogeneizando a diversidade de peixes (SANTOS *et al.*, 2017b). Dessa forma, os reservatórios impõem pressões ambientais semelhantes sobre a ictiofauna, favorecendo espécies oportunistas ou adaptadas a ambientes lênticos, como muitas espécies não nativas, em detrimento da diversidade local de espécies nativas. Isso resulta na formação de comunidades simplificadas, que representam versões reduzidas e empobrecidas da assembleia original de peixes (PELICICE *et al.*, 2018). Assim, observa-

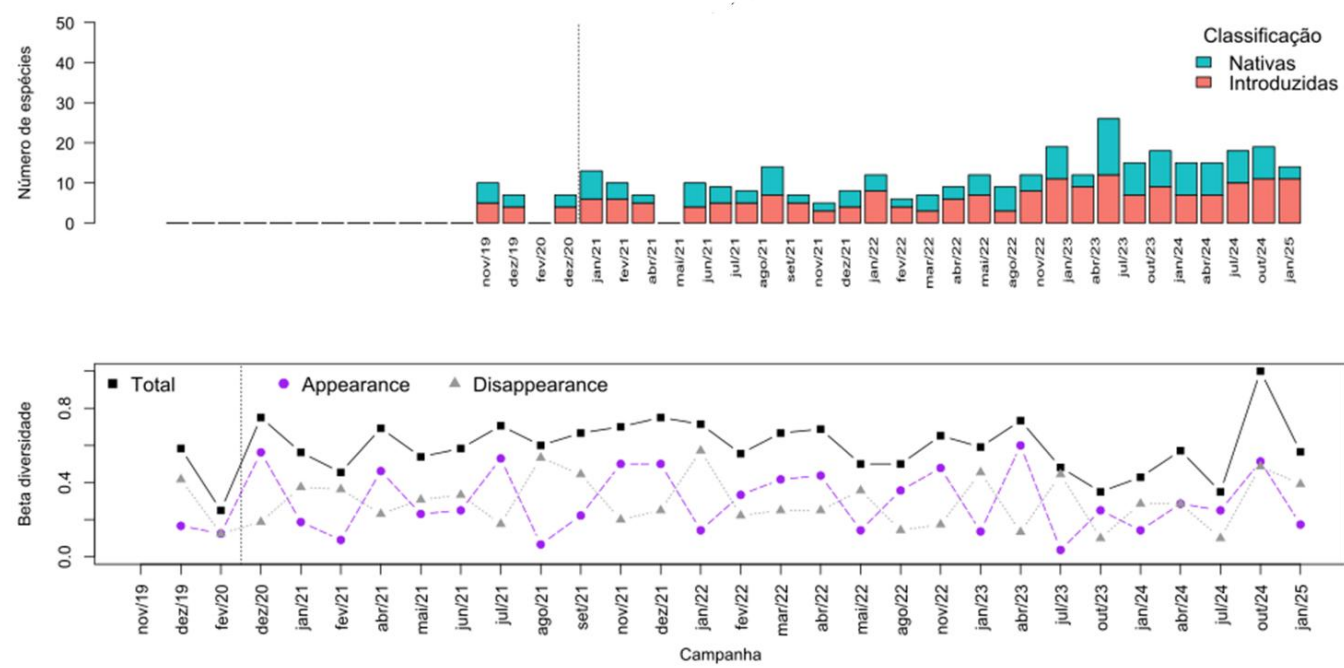
se um padrão na influência das características ambientais sobre a estrutura das comunidades, ainda que os efeitos se manifestem de forma distinta entre os ambientes.

Por outro lado, a beta diversidade aumenta significativamente na calha do rio Doce e nos Tributários durante os períodos secos. Esse aumento pode ser atribuído ao fato de esses ambientes serem mais heterogêneos e dinâmicos, sofrendo variações substanciais ao longo do ciclo hidrológico anual. As perturbações associadas a essas flutuações sazonais influenciam de forma significativa os padrões de beta diversidade, refletindo em mudanças no número de espécies, que podem resultar em aumento ou diminuição, em determinados períodos do ano.

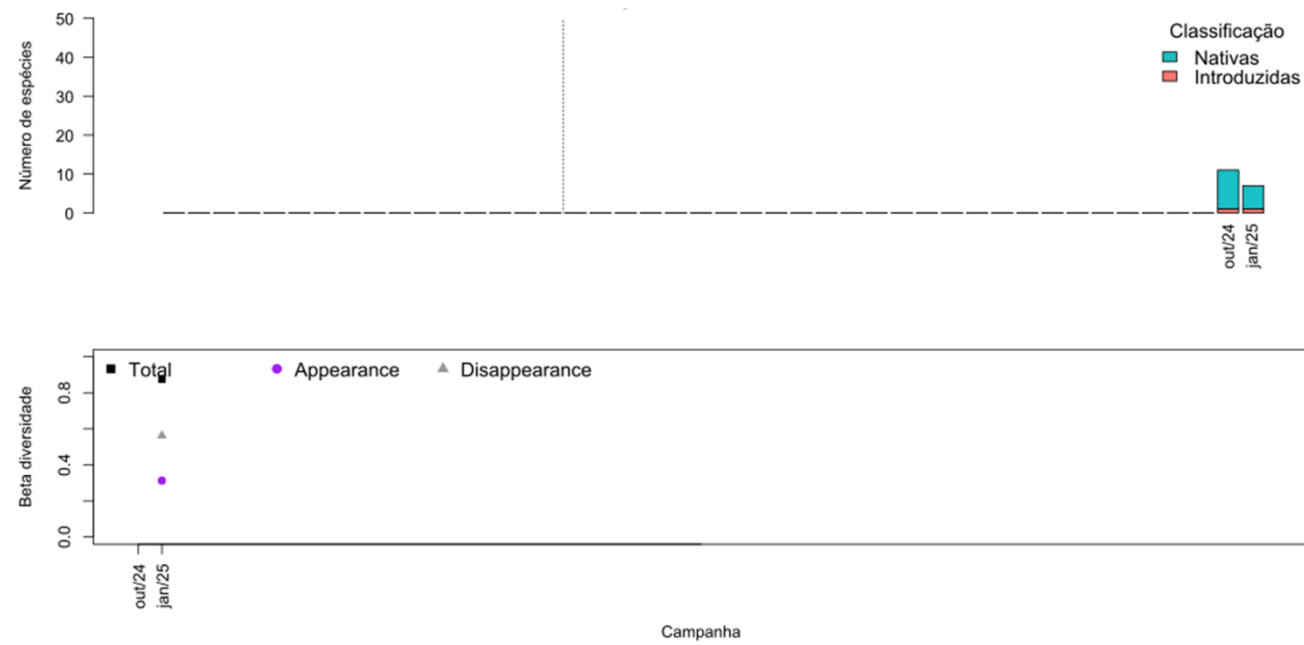
Figura 8: Evolução Temporal da Beta Diversidade na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Foz do rio Doce (e) e Lagoas (f) durante o monitoramento PMBA/Fest-UFES entre outubro/2018 e janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



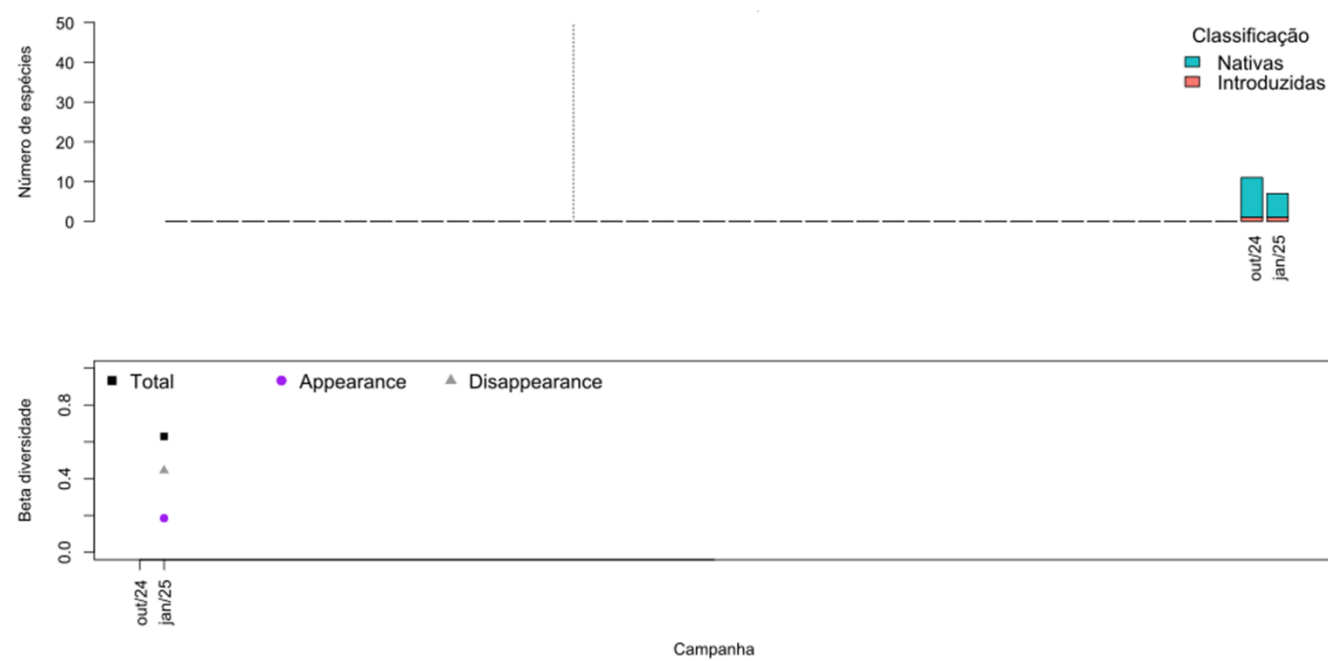
d) Reservatórios



e) Foz do rio Doce



f) Lagoas



A Figura 8 ilustra a evolução da composição da diversidade beta entre espécies nativas e introduzidas ao longo do monitoramento nos seis ambientes amostrados. A calha do rio Doce (Figura 8a) apresentou os maiores valores de diversidade beta total em 3 períodos: em fevereiro de 2022, caracterizado por um pico de desaparecimento (*Disappearance*) de espécies nativas; no mês seguinte, março de 2022, marcado pelo reaparecimento (*Appearance*) das espécies nativas; e por fim, o maior pico em outubro de 2024, onde os dois componentes da beta diversidade apresentaram um aumento ocasionado por espécies nativas e introduzidas. Durante todo o monitoramento, a diversidade beta foi predominantemente composta por um equilíbrio entre espécies nativas e introduzidas, no entanto, observou-se um aumento discreto e progressivo na representatividade das espécies introduzidas, que passaram a superar as nativas a partir de novembro de 2021. Nesse contexto, a alternância entre o aparecimento e desaparecimento de espécies nativas e introduzidas ao longo do monitoramento sugere um processo de instabilidade na comunidade causada pela constante competição por nichos ecológicos, possivelmente associada à alta adaptabilidade das espécies introduzidas e à baixa resiliência da comunidade de peixes nativos.

Nos Lagos (Figura 8b), a diversidade beta apresentou um padrão mais homogêneo ao longo do tempo, mas com superioridade discreta de espécies introduzidas. Observaram-se variações regulares de desaparecimento e aparecimento, indicando um processo de substituição de espécies através de uma dinâmica sutil, porém contínua, na composição da comunidade. À exceção de outubro de 2024, quando houve um aumento expressivo no desaparecimento de espécies nativas, resultando em uma comunidade dominada por espécies introduzidas.

Nos Tributários (Figura 8c), observa-se alta variabilidade na beta diversidade ao longo do tempo, com destaque para os elevados índices de desaparecimento de espécies. Embora as espécies introduzidas sejam frequentes, as nativas continuaram sendo numericamente superiores nesse ambiente. Eventos de substituição na composição da ictiofauna foram observados em campanhas como as de janeiro e julho de 2019, março e abril de 2021 e janeiro de 2023, sugerindo uma dinâmica ecológica influenciada por fatores pontuais ou sazonais.

No ambiente Reservatórios (Figura 8d), observou-se um padrão distinto em relação aos demais. Em dezembro de 2020 e abril de 2023, ocorreram picos de adição de espécies, seguidos de aumentos nos desaparecimentos, sugerindo uma possível substituição de espécies. Essa dinâmica indica que o surgimento de determinadas espécies pode estar diretamente relacionado ao desaparecimento de outras, possivelmente em função dos limites de capacidade de suporte do ambiente ou de interações bióticas entre as espécies introduzidas e nativas. Ao longo do monitoramento, nota-se uma tendência de aumento da diversidade beta, acompanhada pelo maior número de espécies introduzidas em relação às nativas.

Nos ambientes Foz e Lagoas (Figura 8 e-f), não foi possível realizar análises mais detalhadas da diversidade beta temporal, uma vez que apenas duas coletas foram realizadas. O número reduzido de amostras ($n=2$), realizadas durante o período chuvoso, impõe restrições estatísticas importantes, de forma que não é possível estimar adequadamente a variância interna, tampouco aplicar testes robustos

para detectar padrões sazonais ou tendências consistentes. Assim, ambos os gráficos possuem caráter meramente provisório e descritivo, devendo aguardar campanhas futuras que possibilitem análises mais sólidas.

Ao analisarmos os ambientes, nos Lagos e Reservatórios, observou-se uma redução progressiva no número de espécies nativas ao longo dos anos de monitoramento. Esse declínio favorece a ocupação por espécies introduzidas, que passam a contribuir de forma crescente e negativa para a diversidade beta nesses ambientes. Os Tributários, por sua vez, se destacam como o único ambiente onde, apesar das perdas observadas, as espécies nativas ainda exercem maior influência na composição da diversidade beta em comparação às introduzidas.

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) entre outubro/2018 e janeiro/2025. 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/det: sedimentos e detritos; Veg: vegetal; VA: vegetal aquático; Zoo: zooplâncton; Mol: Mollusca; O.Inv: outros invertebrados; I.Aq: Insetos Aquáticos; I.Ter: Invertebrados Terrestres; Crust: Crustacea; VT: vertebrados terrestres; MND: material não identificado e Est. Vaz: estômago vazio.

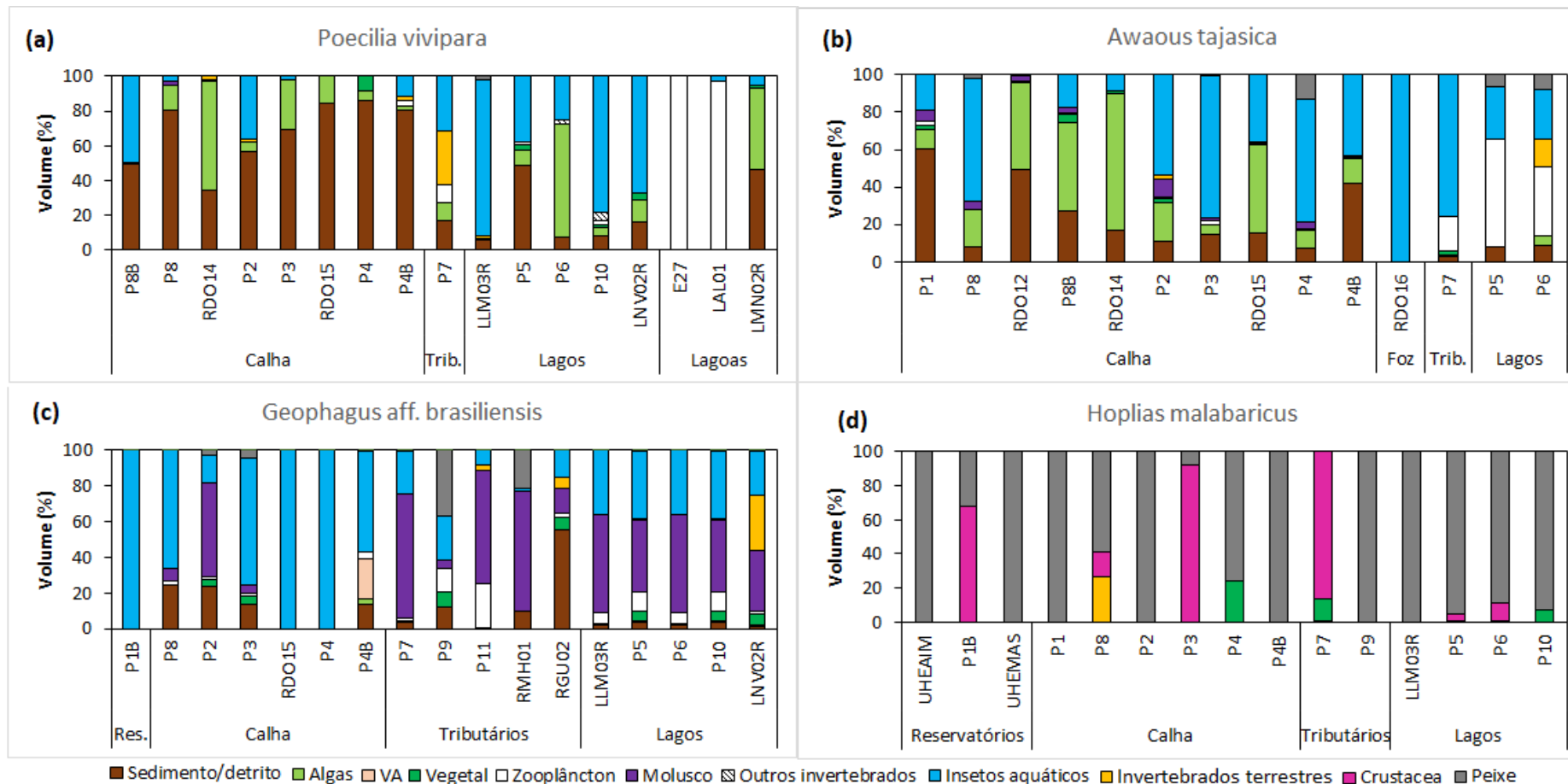
Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares													Guilda trófica
			Sed/det	Algas	Veg	VA	Zoo	Mol	O.Inv	I.Aq	I.Ter	Crust	Peixe	VT	MND	
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	295	Introduzida	18	2	7	0	2	3	0	17	15	0	37	0	0	Onívoro
<i>Anchoviella cayennensis</i>	1	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Est. Vaz.
<i>Arapaima gigas</i>	1	Introduzida	85	0	1	0	11	0	0	3	0	0	0	0	0	Piscívoro
<i>Astronotus crassipinnis</i>	6	Introduzida	0	0	0	0	0	13	0	84	0	1	3	0	0	Onívoro
<i>Astronotus ocellatus</i>	2	Introduzida	0	0	42	0	0	58	0	0	0	0	0	0	0	Onívoro
<i>Astyanax lacustris</i>	961	Nativa	1	2	11	0	1	0	0	15	69	1	0	0	0	Insetívoro terrestre
<i>Awaous tajasica</i>	363	Nativa	14	20	1	0	14	2	0	42	2	0	4	0	0	Bentófago
<i>Bagre bagre</i>	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
<i>Bairdiella goeldi</i>	2	Nativa	0	0	3	0	0	0	0	0	0	32	64	0	0	Piscívoro
<i>Caranx bartholomaei</i>	4	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
<i>Caranx latus</i>	8	Nativa	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	93	0	0	Piscívoro
<i>Centropomus parallelus</i>	43	Nativa	3	0	1	0	0	0	0	0	0	31	64	0	0	Piscívoro
<i>Centropomus undecimalis</i>	4	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	80	20	0	0	Piscívoro
<i>Characidium cricareense</i>	69	Nativa	6	0	1	0	1	0	0	90	0	0	2	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Cichla kelberi</i>	88	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	92	0	0	Piscívoro
<i>Cichla monoculus</i>	654	Introduzida	0	0	0	0	1	0	0	3	1	22	73	0	0	Piscívoro
<i>Cichla cf. pinima</i>	1	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
<i>Citharichthys arenaceus</i>	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
<i>Clarias gariepinus</i>	7	Introduzida	13	0	10	0	0	0	0	0	0	69	7	0	0	Piscívoro
<i>Colossoma macropomum x Piaractus mesopotamicus</i>	1	Introduzida	76	0	3	0	0	16	0	5	0	0	0	0	0	Onívoro
<i>Coptodon rendalli</i>	154	Introduzida	43	43	10	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	Bentófago
<i>Deuterodon cf. giton</i>	58	Nativa	7	18	8	0	1	0	0	8	57	0	1	0	0	Onívoro
<i>Deuterodon cf. intermedius</i>	207	Nativa	7	11	8	0	11	0	0	10	47	6	0	0	0	Onívoro
<i>Deuterodon cf. taeniatus</i>	139	Nativa	5	1	43	0	0	0	0	18	33	0	0	0	0	Onívoro
<i>Elops saurus</i>	1	Nativa	0	0	38	0	0	0	0	0	0	0	63	0	0	Carnívoro
<i>Eucinostomus argenteus</i>	10	Nativa	1	0	0	0	1	0	0	98	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Eugerres brasilianus</i>	6	Nativa	5	0	0	0	0	79	0	16	0	0	0	0	0	Carnívoro
<i>Genidens genidens</i>	22	Nativa	13	0	5	0	0	60	1	0	1	9	10	0	0	Carnívoro
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	637	Nativa	5	0	4	0	8	44	0	27	9	0	1	0	0	Invertívoro
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	2	Introduzida	0	0	0	0	9	0	0	91	0	0	0	0	0	Onívoro
<i>Gymnotus sylvius</i>	35	Introduzida	4	0	10	0	0	0	12	27	8	24	15	0	0	Carnívoro
<i>Hemiodus gracilis</i>	6	Nativa	11	33	2	0	53	0	0	1	0	0	0	0	0	Onívoro
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	16	Nativa	0	0	56	0	0	0	0	0	3	0	40	0	0	Onívoro
<i>Hoplias intermedius</i>	45	Nativa	0	0	2	0	0	0	0	0	0	9	36	53	0	Piscívoro
<i>Hoplias malabaricus</i>	179	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	91	0	0	Piscívoro
<i>Hoplosternum littorale</i>	338	Introduzida	10	0	3	0	35	3	11	30	6	0	2	0	0	Invertívoro

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares													Guilda trófica
			Sed/det	Algas	Veg	VA	Zoo	Mol	O.Inv	I.Aq	I.Ter	Crust	Peixe	VT	MND	
<i>Hyporhamphus roberti</i>	35	Nativa	0	0	12	0	0	0	0	81	7	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	3	Nativa	8	0	92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Onívoro
<i>Hypostomus affinis</i>	37	Nativa	99	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Hypostomus luetkeni</i>	6	Nativa	97	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Knodus moenkhausii</i>	398	Introduzida	12	4	1	0	2	0	0	10	68	1	0	0	0	Insetívoro terrestre
<i>Lophosilurus alexandri</i>	11	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
<i>Loricariichthys castaneus</i>	147	Nativa	48	0	2	0	8	2	0	32	6	0	0	0	0	Bentófago
<i>Lycengraulis grossidens</i>	146	Nativa	0	0	3	0	12	0	0	35	39	3	8	0	0	Insetívoro
<i>Megalampodus eques</i>	55	Introduzida	2	0	0	0	82	0	0	15	1	0	0	0	0	Invertívoro
<i>Megaleporinus conirostris</i>	52	Nativa	2	1	44	0	0	34	0	17	0	0	1	0	0	Onívoro
<i>Metynnis lippincottianus</i>	566	Introduzida	5	41	47	1	2	0	0	1	3	0	0	0	0	Herbívoro
<i>Microphis lineatus</i>	27	Nativa	0	1	0	0	1	0	0	80	0	0	18	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Moenkhausia vittata</i>	20	Nativa	1	0	53	0	0	0	0	28	18	0	0	0	0	Onívoro
<i>Mugil curema</i>	89	Nativa	99	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Notarius luniscutis</i>	2	Nativa	63	0	0	0	15	0	0	21	0	1	0	0	0	Piscívoro
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	155	Nativa	0	0	3	0	0	0	0	25	41	14	16	0	0	Carnívoro
<i>Oligosarcus argenteus</i>	13	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	13	62	0	26	0	0	Carnívoro
<i>Oreochromis niloticus</i>	285	Introduzida	70	20	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Bentófago
<i>Osteogaster aff. aeneus</i>	3	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	92	8	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Pachyurus adspersus</i>	543	Nativa	2	0	1	0	1	0	0	56	10	30	0	0	0	Invertívoro
<i>Paragenidens grandoculis</i>	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	3	0	97	0	0	0	Invertívoro
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	5	Nativa	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Pimelodella lateristriga</i>	39	Nativa	19	0	0	0	0	1	0	12	67	0	1	0	0	Insetívoro terrestre
<i>Pimelodus maculatus</i>	312	Introduzida	11	0	26	4	2	3	0	5	7	13	27	0	2	Onívoro
<i>Plagioscion squamosissimus</i>	33	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	99	1	0	0	Carnívoro
<i>Poecilia reticulata</i>	47	Introduzida	41	1	0	0	2	0	0	56	1	0	0	0	0	Bentófago
<i>Poecilia vivipara</i>	434	Nativa	27	11	1	0	11	0	0	37	11	0	0	0	0	Bentófago
<i>Polydactylus virginicus</i>	1	Nativa	0	6	0	0	94	0	0	0	0	0	0	0	0	Piscívoro
<i>Pomadasys ramosus</i>	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0	0	0	Carnívoro
<i>Prochilodus argenteus</i>	23	Introduzida	98	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Prochilodus costatus</i>	98	Introduzida	98	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Prochilodus lineatus</i>	1	Introduzida	99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Prochilodus vimboides</i>	4	Nativa	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Psalidodon aff. fasciatus</i>	30	Nativa	3	18	40	0	0	0	0	30	8	0	1	0	0	Onívoro
<i>Psalidodon sp.</i>	7	Nativa	70	0	11	0	0	0	0	3	16	0	0	0	0	Onívoro
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	46	Nativa	1	0	8	1	0	0	0	10	57	6	17	0	0	Carnívoro
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	27	Introduzida	95	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
<i>Pygocentrus nattereri</i>	516	Introduzida	0	0	7	0	0	1	0	1	1	7	73	4	6	Piscívoro
<i>Rhamdia quelen</i>	29	Nativa	2	0	8	0	0	0	0	3	8	2	77	0	1	Piscívoro
<i>Salminus brasiliensis</i>	29	Introduzida	0	0	1	0	0	0	0	0	1	21	78	0	0	Piscívoro
<i>Saxatilia lepidota</i>	313	Introduzida	0	0	0	0	2	2	0	59	6	9	22	0	0	Carnívoro

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares													Guilda trófica
			Sed/det	Algas	Veg	VA	Zoo	Mol	O.Inv	I.Aq	I.Ter	Crust	Peixe	VT	MND	
<i>Serrapinnus heterodon</i>	112	Introduzida	8	53	0	0	19	0	0	13	6	1	0	0	0	Onívoro
<i>Serrasalmus brandtii</i>	166	Introduzida	0	0	2	0	0	0	0	3	8	8	73	0	5	Piscívoro
<i>Synbranchus marmoratus</i>	5	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	112	Nativa	0	0	35	0	0	0	0	0	20	43	1	0	0	Onívoro
<i>Trichomycterus cf. alternatus</i>	1	Nativa	2	0	0	0	7	0	0	0	0	0	91	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Trichomycterus cf. melanopygius</i>	2	Nativa	29	0	0	0	0	0	0	71	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Trichomycterus immaculatus</i>	58	Nativa	2	0	5	0	0	0	0	93	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
<i>Trinectes paulistanus</i>	9	Nativa	12	0	0	0	0	0	0	88	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES, foram analisados 9.421 estômagos pertencentes a 85 espécies, sendo 54 nativas e 31 introduzidas. Deste total de estômagos coletados, 2.352 (25%) estavam vazios. A dieta dos peixes apresentou 13 recursos com diferentes origens, classificadas como animal, vegetal e detritos (Tabela 3). As espécies de peixes foram classificadas em 10 guildas tróficas: detritívoros (9 espécies), herbívoros (1 espécie), bentófagos (6 espécies), invertívoros (5 espécies), insetívoros aquáticos (9 espécies), insetívoros terrestres (3 espécies), insetívoros (1 espécie), onívoros (18 espécies), carnívoros (12 espécies) e piscívoros (20 espécies).

Figura 9: Composição das categorias alimentares (volume %) consumidas pelas quatro espécies mais abundantes de peixes nativos nos diferentes ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES (outubro/2018 a janeiro/2025). (a) *Poecilia vivipara*, (b) *Awaous tajasica*, (c) *Geophagus aff. brasiliensis* e (d) *Hoplias malabaricus*. VA = vegetal aquático, Trib. = Tributários, Res = Reservatórios, VA = vegetal aquático. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 9 apresenta as dietas das quatro espécies mais abundantes de peixes nativos nos seis diferentes ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES.

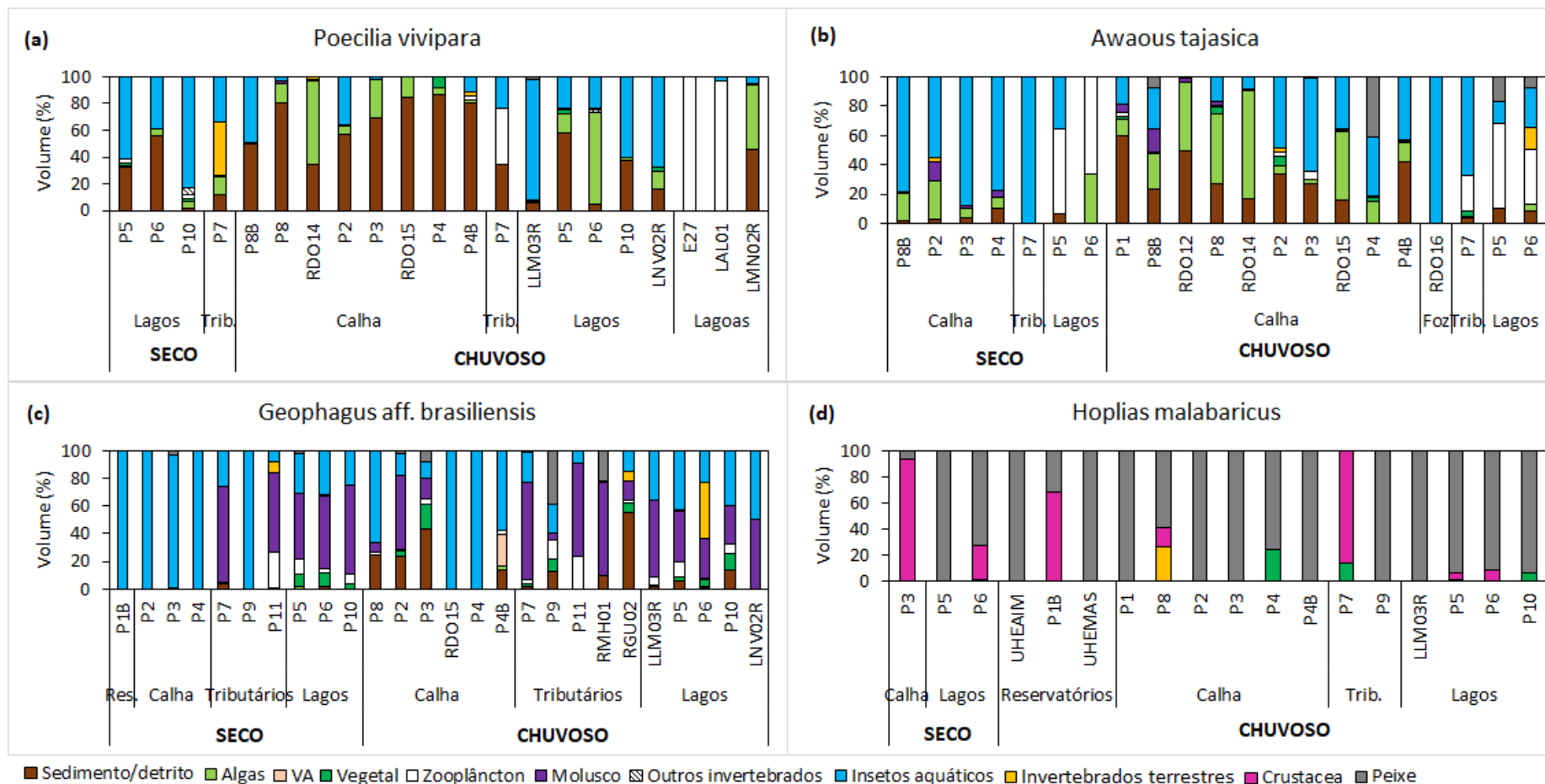
As dietas do Barrigudinho *Poecilia vivipara* e do Peixe-flor *Awaous tajasica* diferiram significativamente entre os ambientes amostrados ($F = 8,9468$, $p = 0,001$; $F = 5,8473$, $p = 0,001$, respectivamente). Assim, *Poecilia vivipara* consumiu maior proporção de perifíton (sedimentos/detrítos) e algas na Calha enquanto os insetos aquáticos e invertebrados terrestres estiveram presentes em maior proporção nos estômagos dessa espécie para os ambientes Tributários e Lagos (Figura 9a). No ambiente das Lagoas, observamos maior ingestão de zooplâncton pelos indivíduos dessa espécie. Contudo, ainda não podemos definir esse padrão devido ao baixo número de amostragens nesses ambientes.

A composição da dieta da espécie *Awaous tajasica* apresentou um padrão semelhante ao encontrado em *Poecilia vivipara*. Os indivíduos ingeriram maior proporção de perifíton (sedimentos/detrítos) e algas na Calha e Reservatórios enquanto os itens insetos aquáticos e zooplâncton predominaram nos ambientes Foz, Tributários e Lagos (Figura 9b). Os resultados evidenciam que as espécies *Poecilia vivipara* e *Awaous tajasica* estão consumindo recursos mais nutritivos (insetos aquáticos e zooplâncton) nos Tributários, Lagos e Lagoas enquanto na Calha do rio Doce, ambas as espécies estão consumindo recursos menos nutritivos (perifíton e algas). PAIVA *et al.* (2025) também encontraram o mesmo padrão na alimentação da espécie *Knodus moenkhausii* na Calha do rio Doce e Tributários. É possível que a mudança na dieta das espécies *Poecilia vivipara* e *Awaous tajasica* estejam relacionadas à competição por recursos (insetos aquáticos) com outras espécies de peixes, como por exemplo, o Acará *Geophagus aff. brasiliensis*. Neste caso, ambas as espécies possivelmente preferem alimentar de algas e perifíton nesses ambientes devido à maior competição por recursos (insetos aquáticos) com outras espécies de peixes no ambiente Calha, ou mesmo devido à maior degradação da calha em relação aos outros ambientes, como foi achado no reservatório da UHE de Candonga (PAIVA *et al.*, 2025).

A dieta do acará *Geophagus aff. brasiliensis* mostrou diferenças no consumo dos recursos alimentares entre os ambientes amostrados ($F = 8,9819$, $p = 0,001$). Na Calha do rio Doce, o acará consumiu maior proporção de insetos aquáticos, principalmente larvas de Chironomidae e pupas de Diptera enquanto os moluscos (gastropodes), juntamente com os insetos aquáticos (larvas de Chironomidae, Ephemeroptera) e zooplâncton (Cladocera e Ostracoda) estiveram presentes em maiores proporções nos ambientes Tributários e Lagos (Figura 9c). As diferenças espaciais na composição da dieta de *Geophagus aff. brasiliensis* pode estar relacionada ao forrageamento sobre os itens alimentares com maiores disponibilidades nos ambientes, caracterizando o oportunismo trófico da espécie.

A traíra *Hoplias malabaricus* apresentou uma dieta composta predominantemente por peixes ($F = 0,65916$, $p = 0,811$), principalmente pela ingestão de peixes da ordem Cichliformes (*Geophagus aff. brasiliensis*, *Saxatilia lepidota*), Characiformes e Cyprinodontiformes (*Poecilia vivipara*) (Figura 9d).

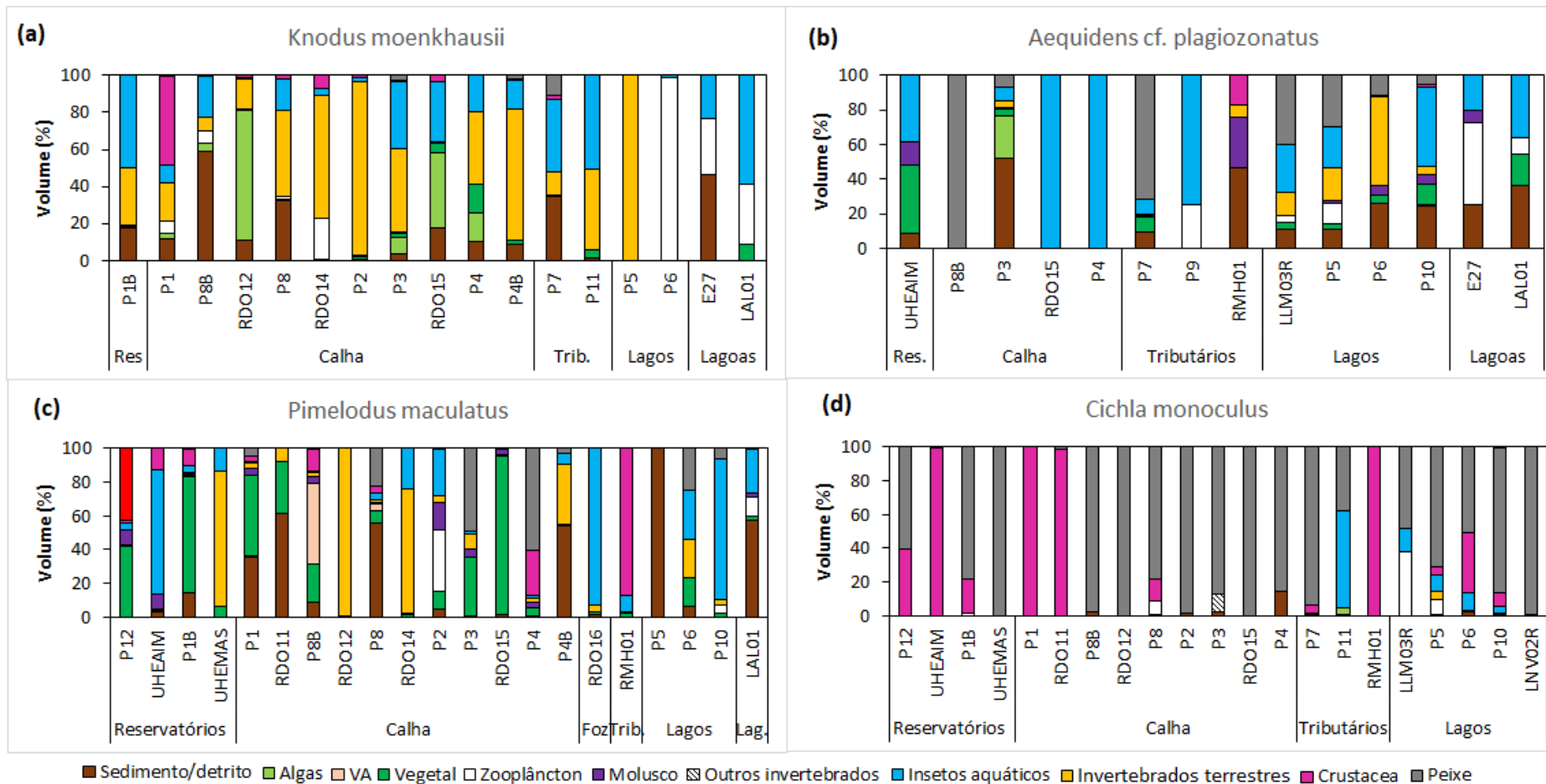
Figura 10: Composição das categorias alimentares (volume %) consumidas pelas quatro espécies mais abundantes de peixes nativos nos períodos secos e chuvosos (outubro/2018 a janeiro/2025) nos ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) do monitoramento do PMBA/Fest-UFES. (a) *Poecilia vivipara*, (b) *Awaous tajasica*, (c) *Geophagus aff. brasiliensis* e (d) *Hoplias malabaricus*. VA = vegetal aquático. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A variação temporal da dieta da *Poecilia vivipara* e *Awaous tajasica* diferiu entre os períodos do monitoramento ($F= 4,7214$, $p = 0,003$; $F= 4,4807$, $p = 0,001$, respectivamente). A composição dos recursos alimentares ingeridos pela espécie *Poecilia vivipara* indicou maior consumo de insetos aquáticos nos ambientes Lagos e Tributários no período seco (Figura 10a). A espécie *Awaous tajasica* assimilou maior proporção de insetos aquáticos no período seco nos ambientes Calha e Tributários, enquanto algas e perifíton foram os itens mais consumidos no período chuvoso pela espécie no ambiente Calha (Figura 10b). O aumento da vazão e precipitação durante os períodos chuvosos caracteriza-se como um distúrbio natural que pode causar a remoção dos insetos aquáticos do sedimento neste período (FLECKER; FEIFAREK, 1994). Neste caso, a disponibilidade de algas e perifíton na Calha do rio Doce no período chuvoso induz ambas as espécies (*Awaous tajasica* e *Poecilia vivipara*) a se alimentarem dos recursos existentes nesses períodos do ano. Em contraste, no período seco, a disponibilidade de insetos aquáticos é maior na Calha e nos Tributários, o que implica em maior procura por organismos aquáticos. Por isso, a dieta dessas espécies de peixes apresenta alta porcentagem de insetos aquáticos na Calha e Tributários no período seco.

A dieta da espécie *Geophagus* aff. *brasiliensis* também diferiu entre os períodos do monitoramento ($F= 15,452$, $p = 0,001$) enquanto *Hoplias malabaricus* não apresentou diferença significativa ($F= 1,3154$, $p = 0,235$). *Geophagus* aff. *brasiliensis* consumiu maior proporção de insetos aquáticos na Calha do rio Doce no período seco enquanto moluscos (gastrópodes), sedimentos/detritos e fragmentos de vegetais foram dominantes em alguns pontos de amostragens na Calha no período chuvoso (Figura 10c). A dieta de *Hoplias malabaricus* foi composta predominantemente de peixes em ambos os períodos avaliados do monitoramento (Figura 10d).

Figura 11: Composição das categorias alimentares (volume %) consumidas pelas quatro espécies mais abundantes de peixes introduzidos nos diferentes ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES (outubro/2018 a janeiro/2025). (a) *Knodus moenkhausii*, (b) *Aequidens cf. plagiozonatus*, (c) *Pimelodus maculatus* e (d) *Cichla monoculus*, VA = vegetal aquático, MND = material não identificado. Res = Reservatórios, Trib. = Tributários e Lag. = Lagoas. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 11 apresenta a dieta de quatro espécies mais abundantes de peixes introduzidos nos diferentes ambientes amostrados (Calha do rio Doce, Reservatórios, Foz do rio Doce, Lagos, Tributários e Lagoas) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES. A ingestão de recursos alimentares pela espécie de Lambari *Knodus moenkhausii* diferiu entre os ambientes amostrados ($F=3,219$; $p=0,001$), principalmente pelo consumo de invertebrados terrestres, insetos aquáticos, detritos e algas na Calha do rio Doce e Reservatórios; e nas Lagoas, por zooplâncton e insetos aquáticos (Figura 11a). Neste caso, a diferença entre o uso dos recursos alóctones e autóctones encontrada na Calha, Reservatórios e Tributários é um sinal de que muito provavelmente a espécie utilizaria um determinado tipo de item alimentar (autóctone) na ausência de outro de maior preferência (alóctone). Nas lagoas, a vegetação ripária foi suprimida do ponto de amostragem E27 (Lagoa Cacimbas). A dissimilaridade nessa lagoa em relação aos outros ambientes amostrados reflete a maior disponibilidade de recursos autóctones, como zooplâncton, detritos e insetos aquáticos.

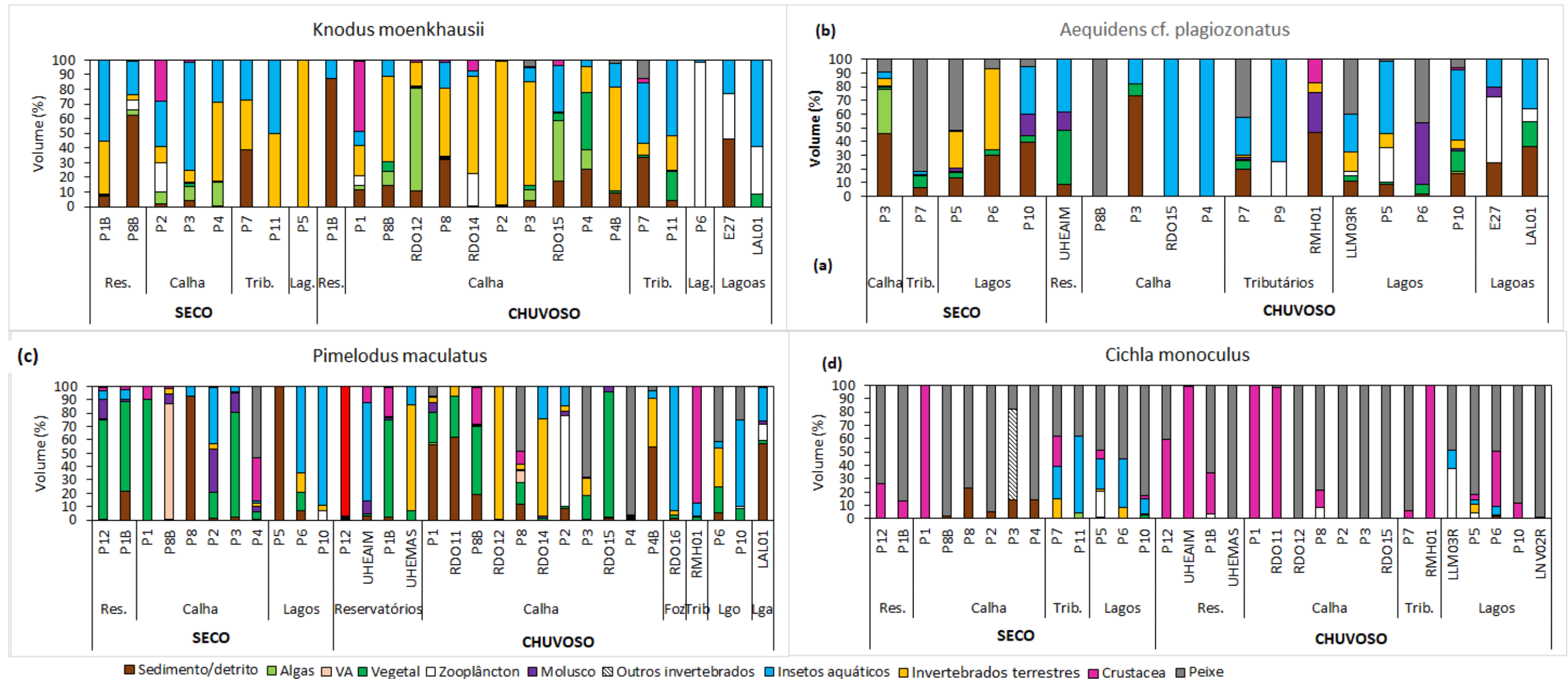
O Acará *Aequidens cf. plagiozonatus* apresentou uma dieta ampla, contendo recursos alimentares de origem animal e vegetal, como insetos, anelídeos, crustáceos, zooplâncton, sedimentos/detritos, fragmentos de folhas e moluscos (Figura 11b). Esta espécie consumiu diferentes recursos alimentares entre os ambientes amostrados ($F= 2,7131$; $p=0,001$). Nos ambientes Reservatórios e Calha do rio Doce, foi consumida uma maior proporção de insetos aquáticos, peixes, detritos, vegetais e algas, enquanto nos Lagos e Lagoas, houve a ingestão de uma ampla variedade de recursos, que incluem todos os níveis tróficos como vegetal, detritos, peixes, moluscos, zooplâncton, insetos aquáticos e invertebrados terrestres, caracterizando uma dieta onívora.

Com relação ao Mandi-açu *Pimelodus maculatus*, observou-se a ingestão de uma diversidade ampla de recursos alimentares de origem animal e vegetal, com diferenças entre os ambientes amostrados ($F=2,0464$; $p=0,001$; Figura 11c). Nos Reservatórios foi observado o predomínio de vegetais (fragmentos de folhas, sementes e frutos) e insetos aquáticos. Nos outros ambientes avaliados, observamos que a dieta dessa espécie foi altamente diversa (e.g., peixes, insetos, moluscos, crustáceos, zooplâncton, vegetais), evidenciando que esta espécie é capaz de explorar uma ampla variedade de recursos alimentares, indicando uma dieta onívora. Além disso, *P. maculatus* se mostrou uma espécie oportunista, ao se alimentar também de sementes e frutos nos ambientes Calha do rio Doce e Reservatórios, uma característica que pode ser explicada pelo sucesso na colonização desta espécie introduzida em diversos ambientes da bacia do Baixo rio Doce.

O Tucunaré *Cichla monoculus*, também consumiu recursos alimentares diferentes nos ambientes amostrados ($F= 7,0587$; $p=0,001$; Figura 11d). O item Peixe (e.g., *Poecilia vivipara*, *Pachyurus adspersus*, *Geophagus aff. brasiliensis*) foi o principal consumido pela espécie em todos os ambientes, seguido por camarões, insetos aquáticos e zooplâncton. O aparecimento de camarões na dieta do tucunaré, em maior proporção no ambiente Reservatórios, reflete a capacidade que dessa espécie de aproveitar esse recurso disponível no ambiente. Adicionalmente, na dieta do tucunaré foi observado também o consumo de insetos aquáticos nos ambientes Lagos e Tributários. A ingestão de insetos em ambos os ambientes foi superior em indivíduos de menor tamanho corporal (≤ 100 mm) quando

comparados aos indivíduos maiores (>100 mm). Contudo, vale destacar que, embora os indivíduos de tamanho menores tenham consumido insetos aquáticos e zooplâncton em sua dieta, o item predominante da dieta foi peixe e camarão, nos Reservatórios.

Figura 12: Composição das categorias alimentares (volume %) consumidas pelas espécies de peixes introduzidos nos diferentes ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES (outubro/2018 a janeiro/2025): (a) *Knodus moenkhausii*, (b) *Aequidens cf. plagiozonatus*, (c) *Pimelodus maculatus* e (d) *Cichla monoculus*. VA = vegetal aquático, MND = material não identificado, Res = Reservatórios, Trib. = Tributários, Lgo. = Lagos, Lga = Lagoas. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

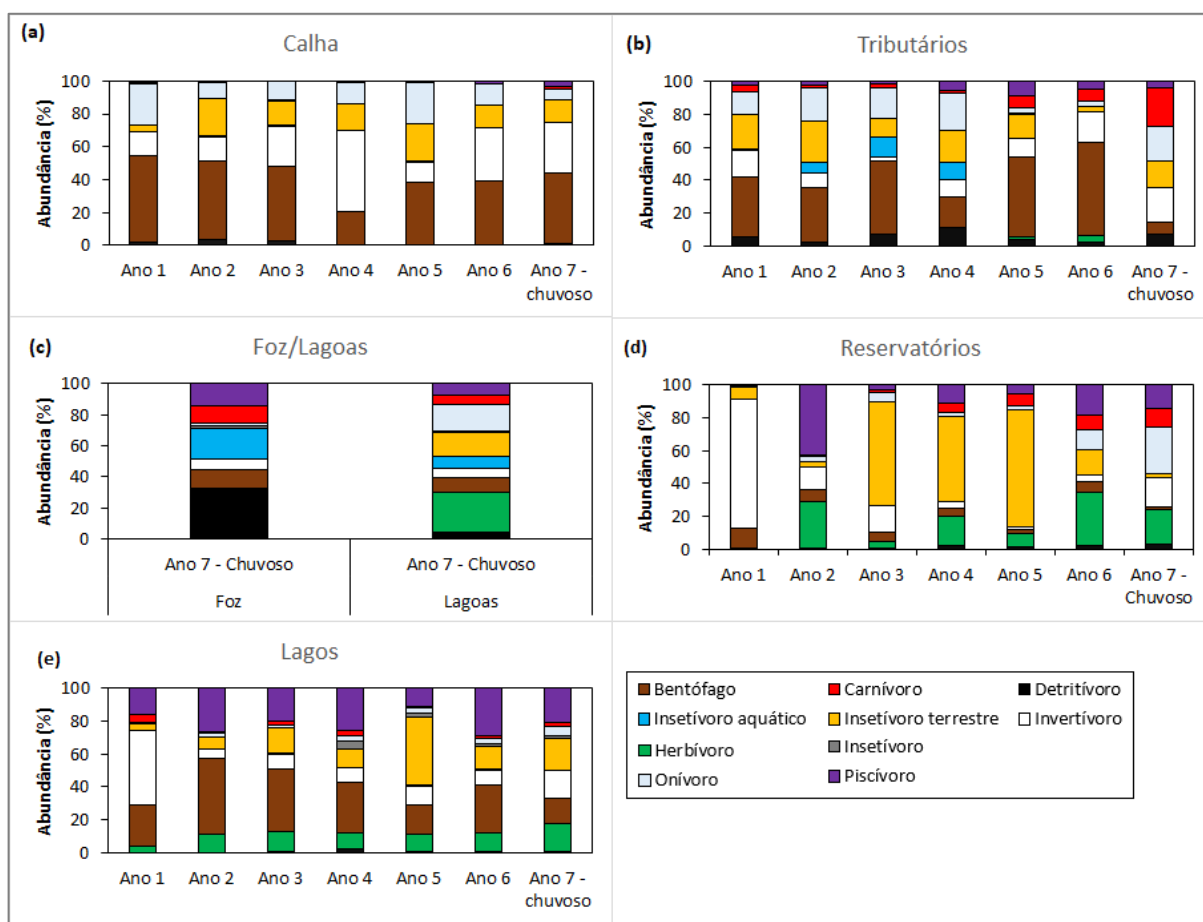


A análise mostrou diferenças estatísticas significativas na dieta do Lambari *Knodus moenkhausii* e Acará *Aequidens cf. plagiozonatus* entre os períodos secos e chuvosos do monitoramento ($F=4,5567$; $0,001$; $F= 10,549$; $p = 0,001$, respectivamente). *Knodus moenkhausii*, consumiu maior proporção de detritos, algas e invertebrados terrestres no ambiente Calha do rio Doce no período chuvoso, enquanto os insetos aquáticos foram mais representativos no período seco (Figura 12a). Enquanto, *Aequidens cf. plagiozonatus* mostrou um comportamento oposto, com ingestão de insetos aquáticos e zooplâncton nos ambientes amostrados no período chuvoso e predomínio dos invertebrados terrestres, detritos e vegetais no período seco (Figura 12b).

A dieta do Mandi-açu *Pimelodus maculatus* não teve diferença significativa entre os períodos ($F=1,7878$; $0,066$), ou seja, essa espécie consumiu uma variedade de recurso vegetais, peixes, moluscos e crustáceos em ambos os períodos avaliados (Figura 12c). Em relação ao Tucunaré, *Cichla monoculus*, a sua dieta foi composta principalmente de peixes no ambiente Calha do rio Doce e apresentou diferença na composição da dieta entre os períodos secos e chuvosos ($F=3,955$; $0,004$). No geral, as formas jovens do tucunaré consumiram maior proporção de insetos aquáticos no período seco, no ambiente Lagos. Além disso, notamos que o predomínio dos camarões na dieta do tucunaré no ambiente Reservatórios foi mais representativo no período chuvoso (Figura 12d).

3.6 EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS

Figura 13: Distribuição temporal da composição da abundância da ictiofauna em guilda trófica nos ambientes (a) Calha do rio Doce, (b) Tributários, (c) Foz do rio Doce/Lagoas, (d) Reservatórios e (e) Lagos ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES. **Ano 1:** outubro/2018 a setembro/2019; **Ano 2:** outubro/2019 a setembro/2020; **Ano 3:** outubro/2020 a setembro/2021; **Ano 4:** outubro/2021 a setembro/2022; **Ano 5:** outubro/2022 a setembro/2023, **Ano 6:** outubro/2023 a setembro/2024, **Ano 7 (chuvoso):** outubro/2024 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

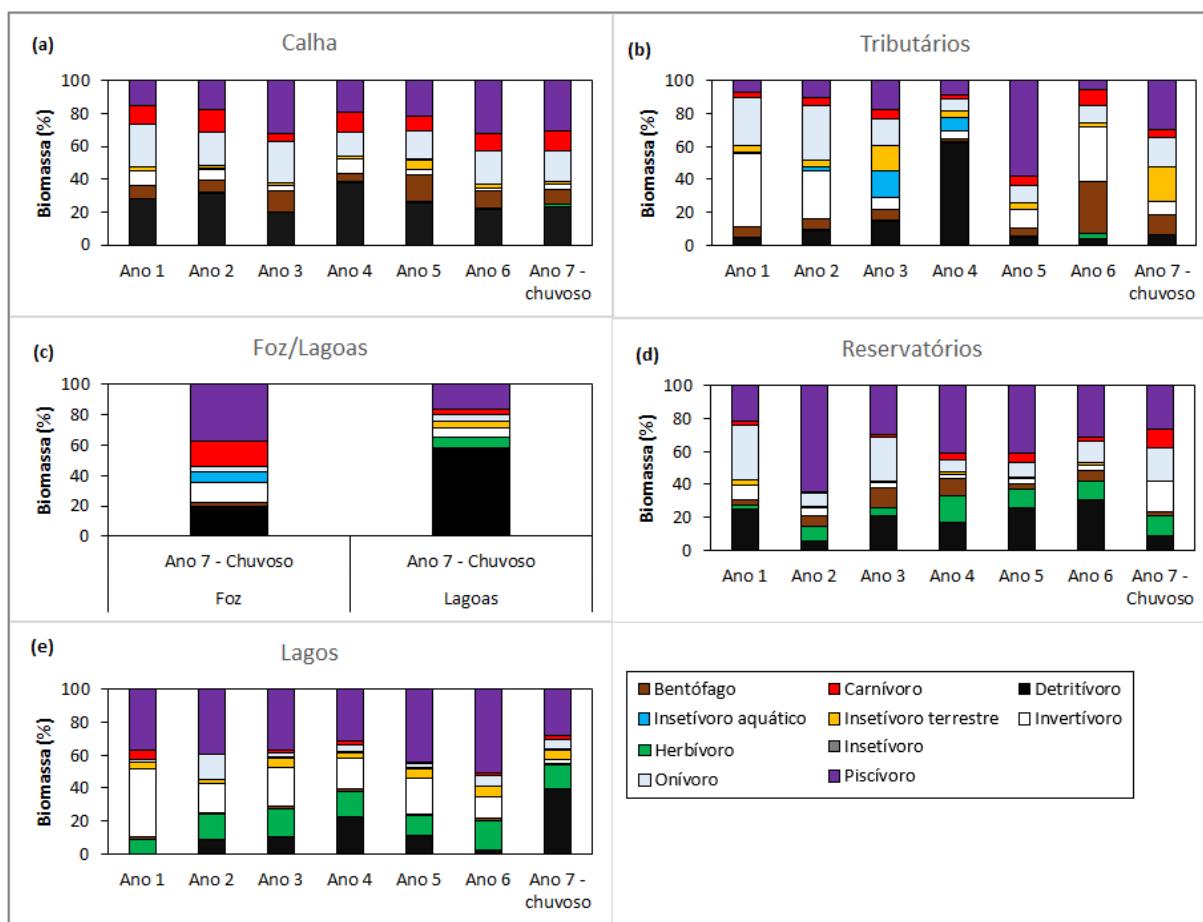


A estrutura das guildas tróficas de uma comunidade tem sido amplamente implementada em índices que avaliam a qualidade ecológica e a integridade biótica dos ecossistemas aquáticos (TERRA *et al.*, 2013). Nossos resultados mostram que, ao avaliar a composição da abundância em guilda trófica nos ambientes amostrados, foi possível observar o predomínio da guilda Bentófago (correspondentes às espécies Tilápia *Oreochromis niloticus*, Barrigudinho *Poecilia reticulada* e Peixe-flor *Awaous tajassica*), na Calha do rio Doce e Tributários (Figura 13a, b). O predomínio de bentófagos, que são animais que se alimentam de organismos de fundo, como, por exemplo, larvas de insetos e moluscos, mas que 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 MLD. Nestas condições, as espécies de peixes bentófagos podem sobressair em detrimento de outras espécies. Além disso, é importante ressaltar que os peixes bentófagos são um importante elo para a

propagação (i.e., biomagnificação) de metais dentro da cadeia trófica. Essa guilda apresenta espécies que se alimentam de insetos aquáticos (Quadro 3) como, por exemplo, os da família Chironomidae, os quais habitam o ambiente bentônico (CALLISTO *et al.*, 2002) e, portanto, estão em contato direto com sedimento que provavelmente esteja contaminado (FERNANDES *et al.*, 2016).

Nos ambientes Foz e Lagoas, encontramos a dominância dos detritívoros, como a Tainha *Mugil curema*, na Foz do rio Doce, e da guilda trófica herbívora nas Lagoas, durante o período chuvoso do Ano 7 do monitoramento (Figura 13c). Para os Reservatórios, houve o predomínio em abundância dos herbívoros e piscívoros principalmente nos Ano 2, 6 e 7 (Figura 13d). Nos Lagos, as guildas tróficas bentófagos e piscívoros foram mais abundantes (Figura 13e). Vale destacar que nos ambientes Lagos e Reservatórios, a dominância dos piscívoros é claramente representada pelas espécies introduzidas.

Figura 14: Distribuição temporal da composição da biomassa da ictiofauna em guilda trófica nos ambientes (a) Calha do rio Doce, (b) Tributários, (c) Foz do rio Doce/Lagoas, (d) Reservatórios e (e) Lagoas, ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES. Ano 1: outubro/2018 a setembro/2019; Ano 2: outubro/2019 a setembro/2020; Ano 3: outubro/2020 a setembro/2021; Ano 4: outubro/2021 a setembro/2022; Ano 5: outubro/2022 a setembro/2023, Ano 6: outubro/2023 a setembro/2024, Ano 7 (chuvoso): outubro/2024 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

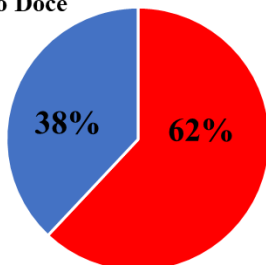


Com relação à composição da biomassa em guildas tróficas, os Detritívoros (representados pelas espécies de Curimba *Prochilodus costatus* e *P. argenteus*) estiveram presentes em maiores proporções na Calha do rio Doce (Figura 14a) e Lagoas (Figura 14c); enquanto os Piscívoros (representados pelas espécies Pacumã *Lophiosilurus alexandri*, Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, Traíra *Hoplias malabaricus* e Trairão *Hoplias intermedius*) nos ambientes lênticos, como Reservatórios e Lagoas (Figura 14d, e). Nos Tributários, a proporção da biomassa das guildas tróficas oscilou entre o Ano 1 e Ano 7 do monitoramento e não foi detectada a dominância de uma guilda trófica específica (Figura 14b).

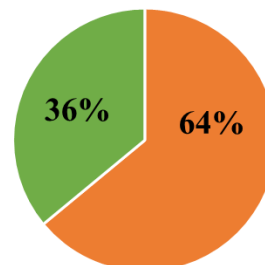
3.7 PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS

Figura 15: Proporção sexual nas espécies nativas e introduzidas na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Lagoas (e) e Foz do rio Doce (f) durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

a) Calha do Rio Doce

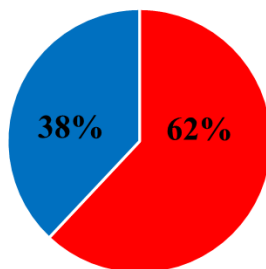


■ Fêmeas nativas ■ Machos nativos

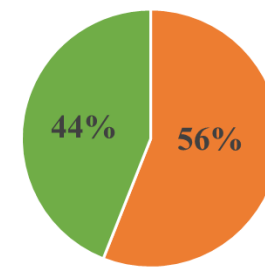


■ Fêmeas introduzidas ■ Machos introduzidos

b) Lagos

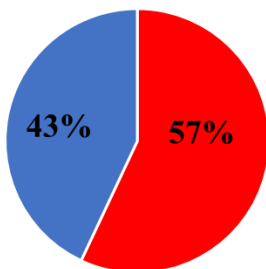


■ Fêmeas nativas ■ Machos nativos

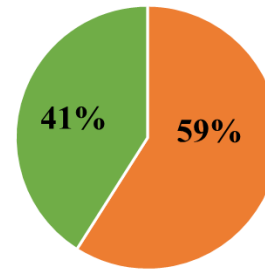


■ Fêmeas introduzidas ■ Machos introduzidos

c) Tributários

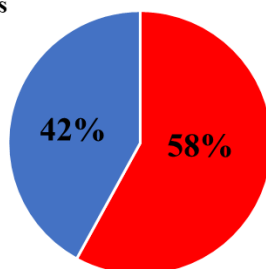


■ Fêmeas nativas ■ Machos nativos

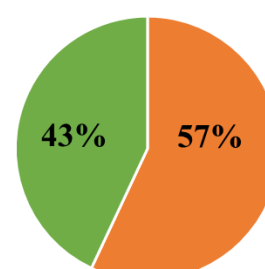


■ Fêmeas introduzidas ■ Machos introduzidos

d) Reservatórios

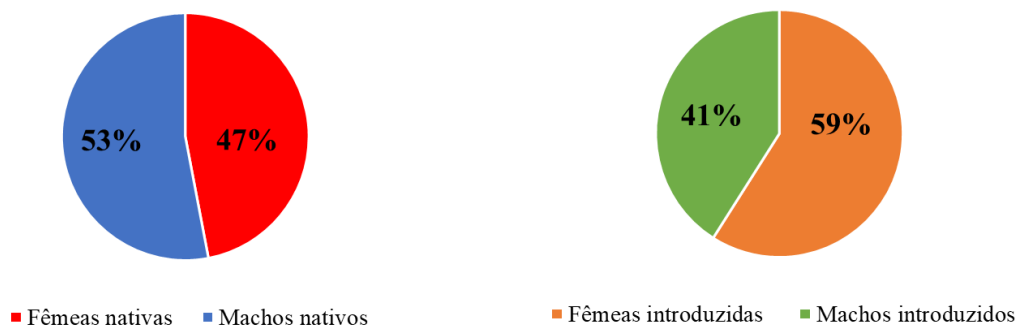


■ Fêmeas nativas ■ Machos nativos



■ Fêmeas introduzidas ■ Machos introduzidos

e) Lagoas



f) Foz do rio Doce

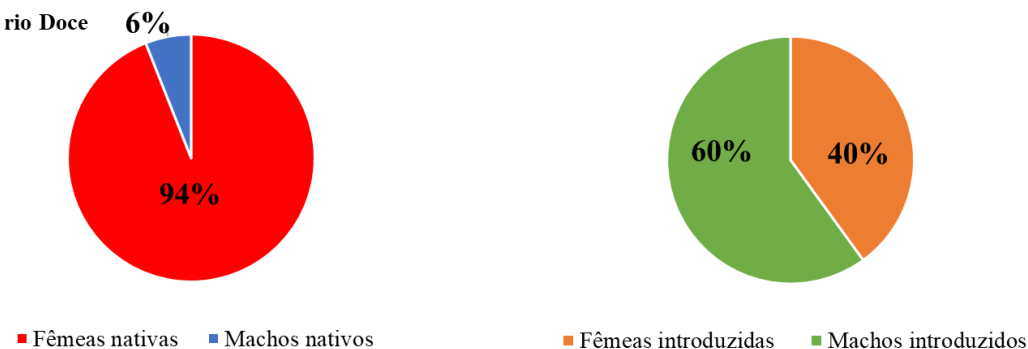


Tabela 4: Teste de qui-quadrado (χ^2) para proporção sexual de espécies nativas e introduzidas em diferentes ambientes, de outubro/2018 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

	Nativas	Introduzidas
Calha do rio Doce	$\chi^2=275,312$; $p < 0,0001$	$\chi^2=150,716$; $p < 0,0001$
Lagos	$\chi^2=207,020$; $p < 0,0001$	$\chi^2=20,111$; $p < 0,0001$
Tributários	$\chi^2=30,933$; $p < 0,0001$	$\chi^2=17,273$; $p < 0,0003$
Reservatórios	$\chi^2=14,087$; $p < 0,0001$	$\chi^2=18,925$; $p < 0,0001$
Lagoas	$\chi^2=0,228$; $p < 0,6325$	$\chi^2=3,5087$; $p < 0,0610$
Foz do rio Doce	$\chi^2=12,250$; $p < 0,004$	$\chi^2=0,2000$; $p < 0,6547$

O cálculo do qui-quadrado (χ^2) permitiu definir se a proporção sexual em espécies nativas e introduzidas é diferente do esperado (1:1). Os valores em negrito evidenciam desvios significativos ao valor esperado 1.

Durante as campanhas de outubro de 2018 até janeiro de 2025, a análise da proporção sexual dos peixes nativos e introduzidos, em todos os ambientes, mostra uma predominância de fêmeas em relação aos machos (Figura 15), com valor significativo no teste de qui-quadrado para a maioria dos ambientes, principalmente na Calha do rio Doce e nos Lagos (Tabela 4). Entretanto, os valores não significativos do teste de qui-quadrado da proporção sexual nas Lagoas e Foz pode ser um efeito de baixo tamanho amostral. No ambiente Foz, baixo tamanho amostral já indicou uma tendência de predominância de fêmeas em relação aos machos (Figura 15; Tabela 4).

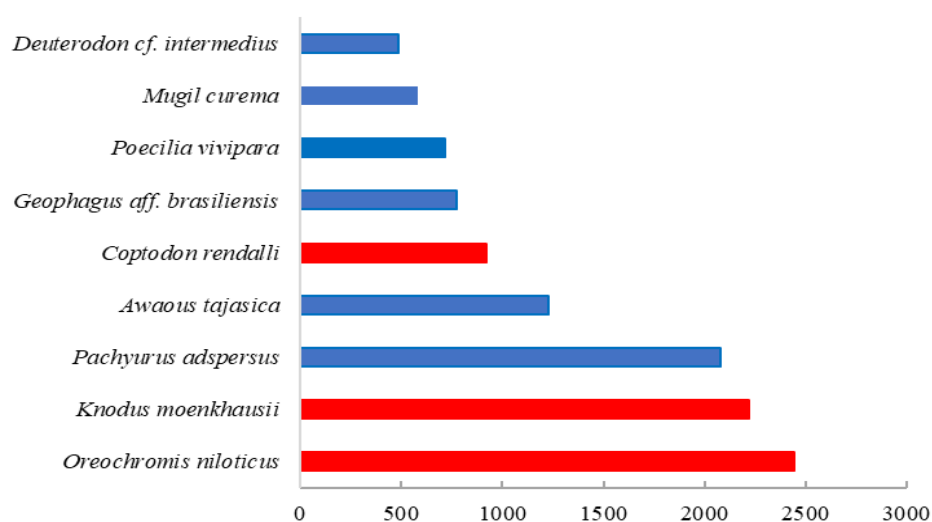
A proporção sexual esperada em populações saudáveis de peixes neotropicais é próxima de 1:1 (fêmea: macho) (LOWE-MCCONNELL, 1987), considerando uma população equilibrada que pode se

tornar estável e adaptada às condições impostas pelo meio em que habitam (HAMILTON, 1967). Um ambiente com proporções equivalentes entre os sexos (próxima de 1:1) é considerado 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). Entretanto, nos ambientes analisados, a proporção sexual das espécies nativas e introduzidas mostrou desequilíbrio ao longo de todo monitoramento, principalmente em relação à proporção de fêmeas, que apresentou predominância tanto entre espécies nativas quanto em introduzidas, confirmando uma tendência ao desequilíbrio. Os fatores que podem causar interferência nestas proporções são a interferência antrópica, como poluição, construção de barragens e seletividade de equipamentos de pesca, e fatores biológicos, como reprodução e disponibilidade de alimentos (NIKOLSKY, 1978; WOOTTON, 1990). A maior proporção sexual de fêmeas nativas e introduzidas provavelmente está relacionada com um maior investimento energético para reprodução como estratégia de sobrevivência e estabelecimento (GARCIA *et al.*, 2019; COSTA *et al.*, 2023) nos diferentes ambientes analisados. Nossos resultados sugerem que as populações de peixes nativos e introduzidos estão em desequilíbrio nos diferentes ambientes no Baixo rio Doce, principalmente na calha do rio Doce quando consideramos as espécies nativas e introduzidas e, nos Lagos, para as espécies nativas, onde houve maior afastamento da proporção sexual esperada (1:1) – evidenciada pelos valores de qui-quadrado muito superiores a 1.

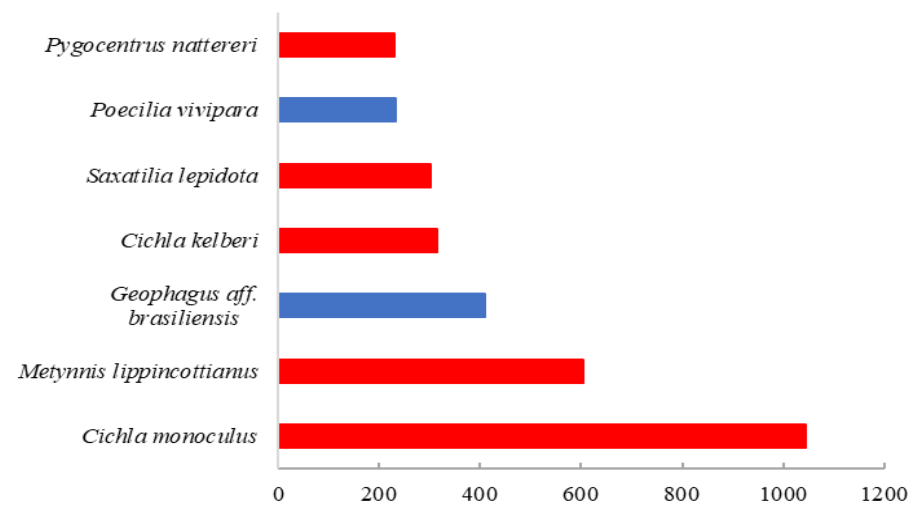
3.8 RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS

Figura 16: Espécies nativas (azul) e introduzidas (vermelho) com maior número de recrutamento na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Lagoas (e) e Foz do rio Doce (f) durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

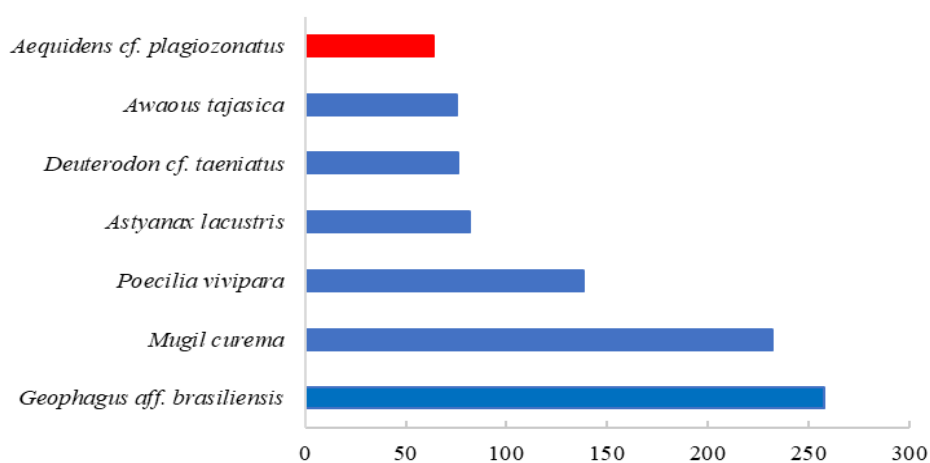
a) Calha do rio Doce



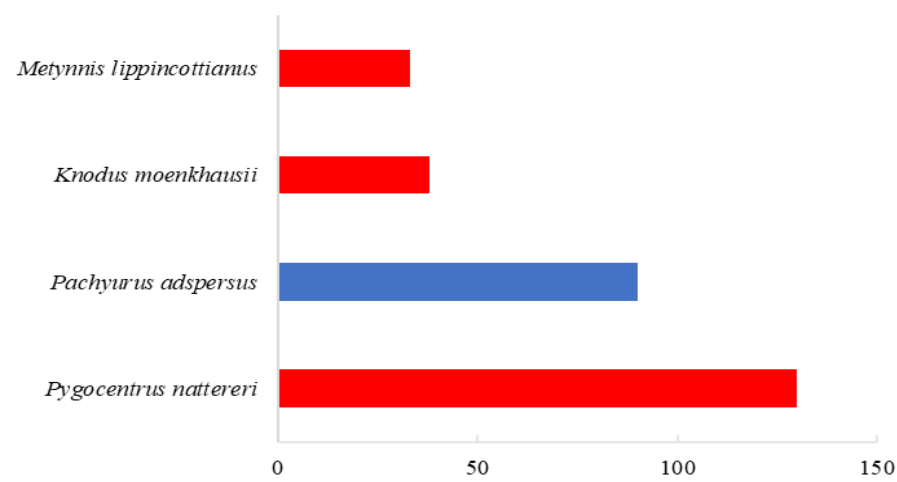
b) Lagos



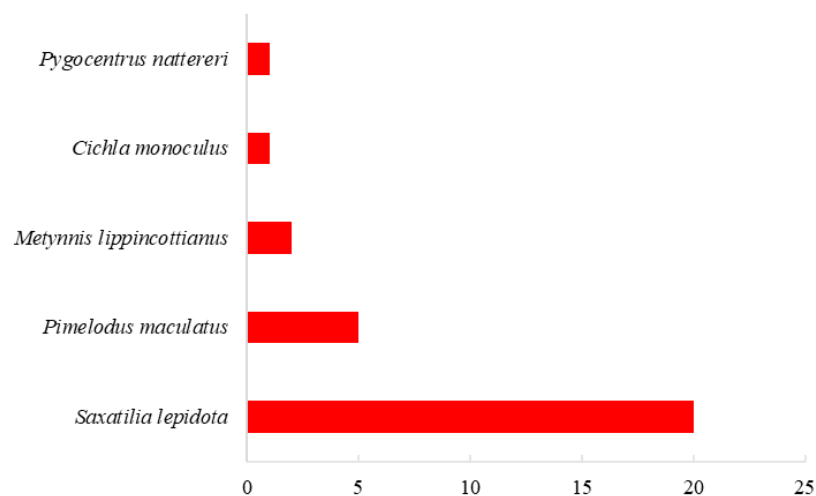
c) Tributários



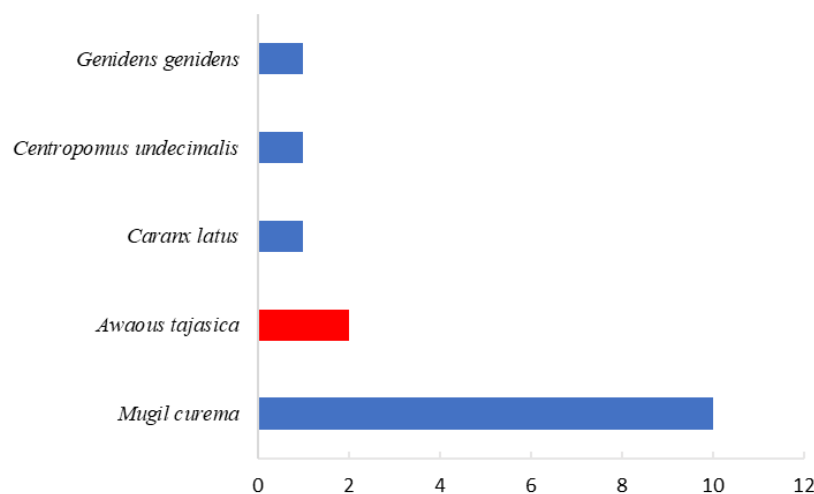
d) Reservatórios



e) Lagoas



f) Foz do rio Doce



A Figura 16 apresenta as espécies amostradas, considerando as diferentes fases de desenvolvimento, com os maiores recrutamentos (acima de 190 recrutas) na Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Tributários, durante as campanhas realizadas entre outubro de 2018 até janeiro de 2025, assim como para Lagoas e Foz do rio Doce (abaixo de 190 recrutas), de outubro de 2024 e janeiro de 2025. A diferença no número de recrutas pode ser reflexo do baixo número de campanhas realizadas nas Lagoas e Foz do rio Doce. Na calha do rio Doce (Figura 1616a), dentre as espécies introduzidas, a Tilápia *Oreochromis niloticus* é a espécie que apresentou maior recrutamento (> 190 recrutas), enquanto o Lambari *Knodus moenkhausii*, encontra-se na segunda posição, seguida pela Tilápia vermelha *Coptodon rendalli*. Além disso, as seis espécies nativas com maior recrutamento durante todo período de monitoramento foram: a Corvina *Pachyurus adspersus*, o Peixe-flor *Awaous tajasica*, o Acará *Geophagus aff. brasiliensis*, o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, a Tainha *Mugil curema* e o *Deuterodon cf. intermedius*, destacando a importância das duas primeiras espécies nativas com maior abundância de recrutas (*Pachyurus adspersus* e *Awaous tajasica*).

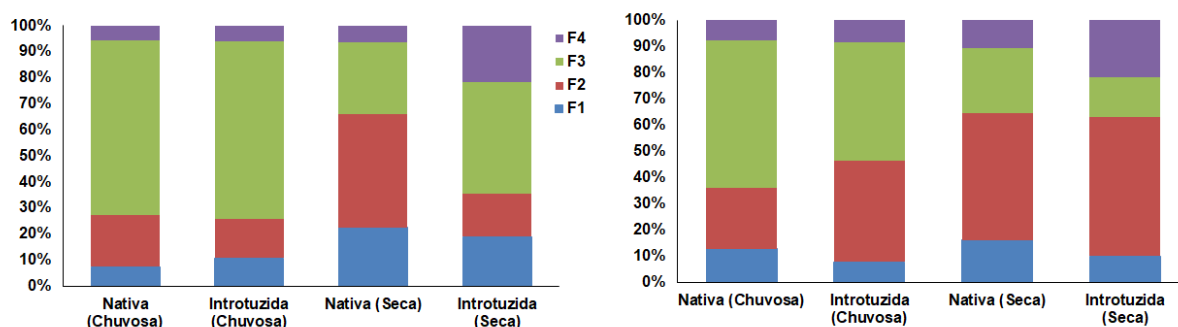
Nos Lagos (Figura 16b), a espécie nativa com maior número de recrutas ao longo do monitoramento foi o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, e com menor recrutamento, o Barrigudinho *Poecilia vivipara*. Nesse mesmo ambiente durante as campanhas de outubro de 2018 até janeiro de 2025, dentre as espécies introduzidas, predominaram em primeiro lugar o Tucunaré *Cichla monoculus*, seguido pelo Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, o Tucunaré *Cichla kelberi*, o Jacundá *Saxatilia lepidota* e a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*. Nos Tributários (Figura 1616c), observou-se predominância no recrutamento de espécies nativas ao longo de todo monitoramento, sendo o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* e a Tainha *Mugil curema*, as duas espécies com maior número de indivíduos (> 190 recrutas). Na sequência, o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, o Lambari *Astyanax lacustris*, *Deuterodon* cf. *taeniatus* e o Peixe-flor *Awaous tajasica* aparecem como espécies nativas com maiores recrutamentos, porém com um número menor que 190 recrutas. Por outro lado, a espécie introduzida de Acará *Aequidens* cf. *plagiozonatus* mostrou menor recrutamento (< 190 recrutas) nos Tributários. Nos Reservatórios (Figura 16d), não houve recrutamento maior do que 190 indivíduos, foi registrado o predomínio de espécies introduzidas. A espécie nativa com maior recrutamento foi a Corvina *Pachyurus adspersus*, enquanto entre as espécies introduzidas, predominaram a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, o Lambari *Knodus moenkhausii* e o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*. Nas Lagoas (Figura 16e), houve tendência no recrutamento somente de espécies introduzidas, enquanto no ambiente Foz (Figura 16f), predominância de espécies nativas, porém menor que 190 recrutas em ambos os ambientes.

As características reprodutivas, como o tamanho dos ovócitos, período reprodutivo e cuidado parental podem beneficiar a colonização de diversas espécies introduzidas em vários ambientes (UETANABARO *et al.*, 1993; MELO *et al.*, 2011), assim como foi registrado na Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Lagoas. No entanto, algumas espécies nativas que apareceram como mais abundantes no recrutamento, principalmente nos Tributários e Foz do rio Doce, apresentaram menor recrutamento em outros ambientes. É relevante considerar aqui, os impactos causados pela Piranha-vermelha, Tilápias, Pacu-CD e Tucunarés no Baixo rio Doce. Os efeitos prejudiciais causados por essas espécies são severos e já reconhecidos em diversos rios, como a redução das populações nativas no Médio rio Doce e em outras bacias (PAUKERT; ROGERS, 2004; FRAGOSO-MOURA *et al.*, 2016; PELICICE *et al.*, 2017), assim como observado no presente monitoramento. Portanto, os ambientes onde foram registrados maiores recrutamentos de espécies nativas, como nos Tributários e Foz do rio Doce, podem favorecer a reprodução, desova e recrutamento de juvenis de espécies nativas (HAXTON *et al.*, 2008; ABDO *et al.*, 2018; PASCHOALINI *et al.*, 2019), acentuando a importância da conservação desses ambientes na região do Baixo rio Doce. Além disso, ambientes impactados da Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Lagoas mostraram menor número de recrutas de espécies nativas, podendo afetar os estoques e, conseqüentemente, levar à diminuição dos níveis populacionais.

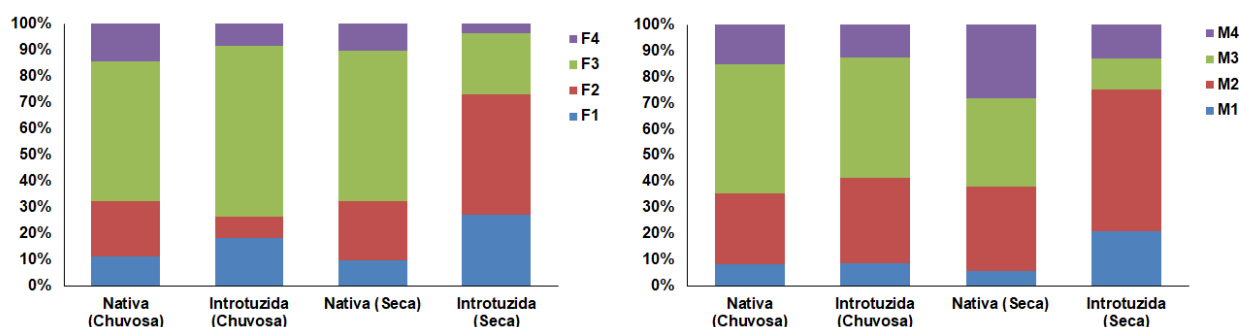
3.9 ESTÁGIO DE MATURAÇÃO GONADAL (EMG)

Figura 17: Frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nos períodos chuvoso e seco nas espécies nativas e introduzidas na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Lagoas (e) e Foz do rio Doce (f) durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

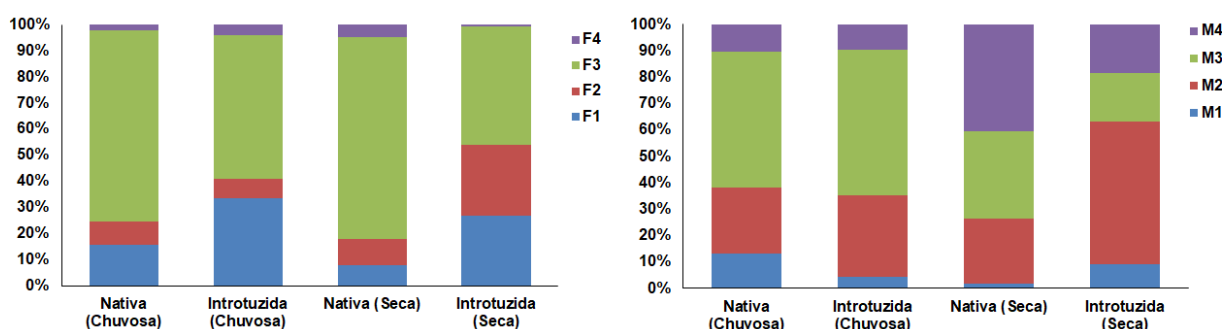
a) Calha do Rio doce



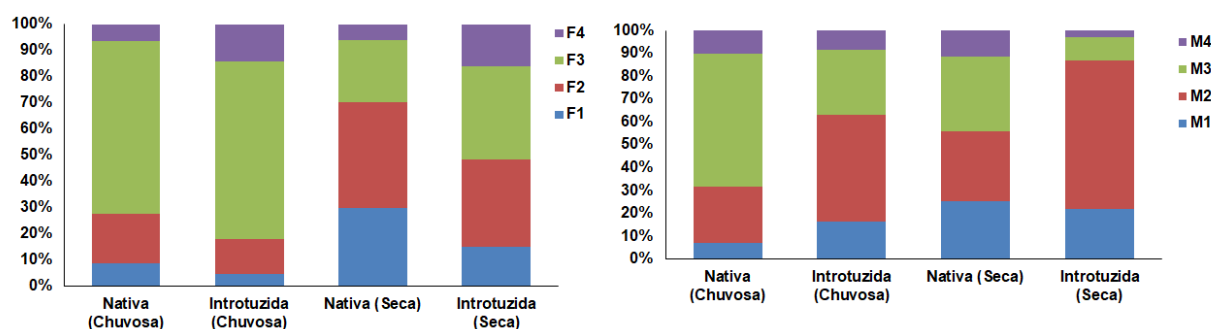
b) Lagos



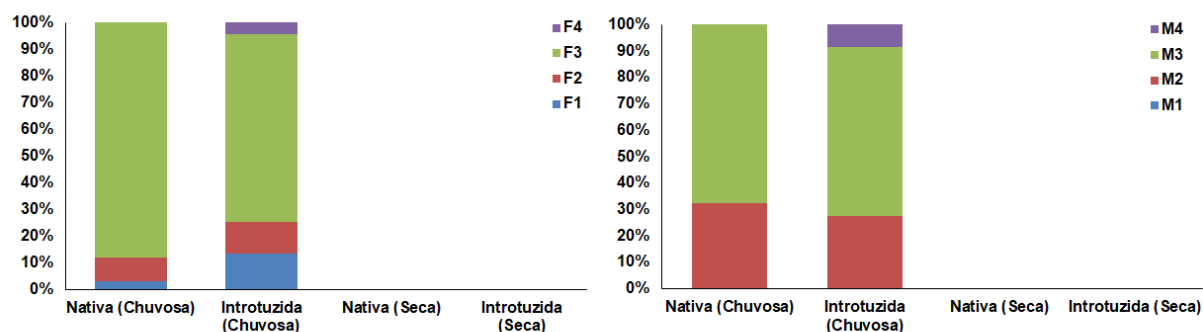
c) Reservatórios



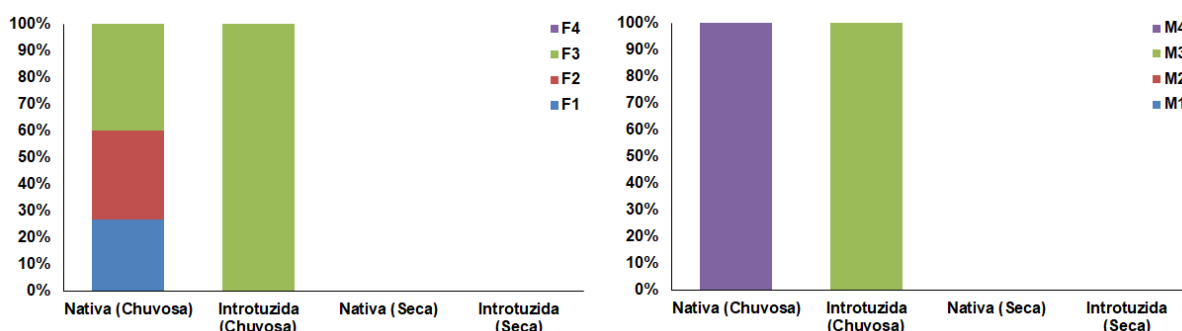
d) Tributários



e) Lagoas



f) Foz do rio Doce

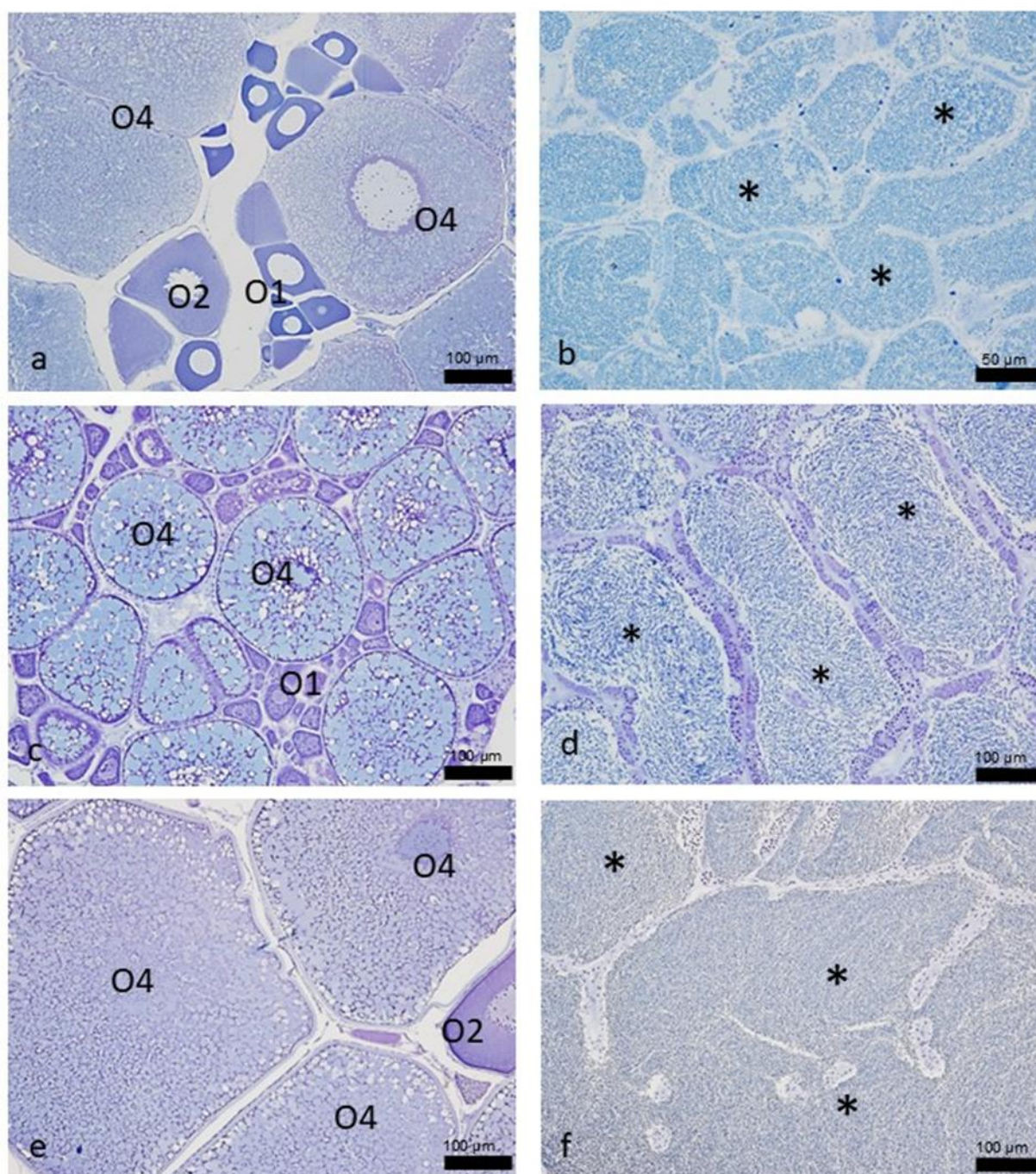


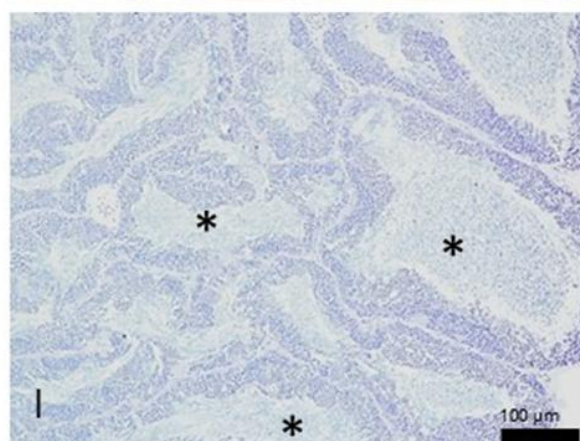
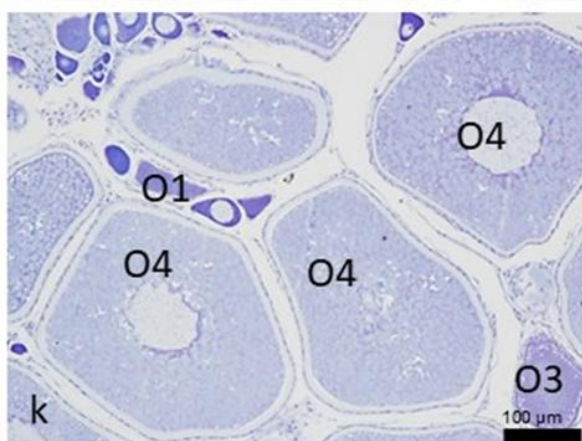
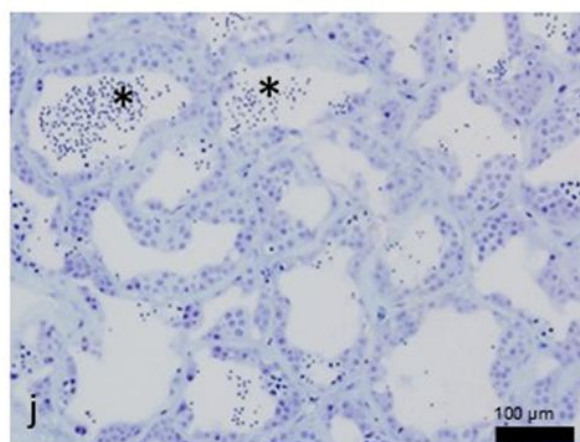
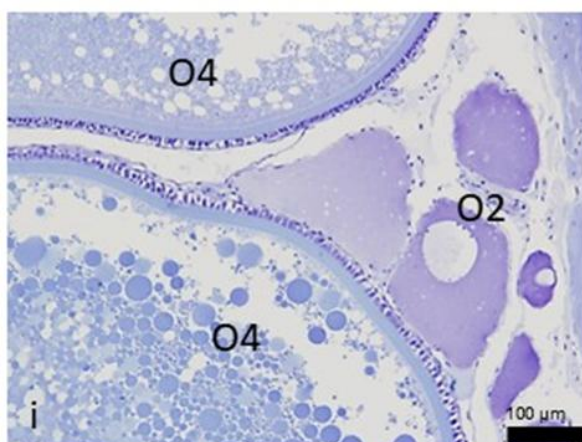
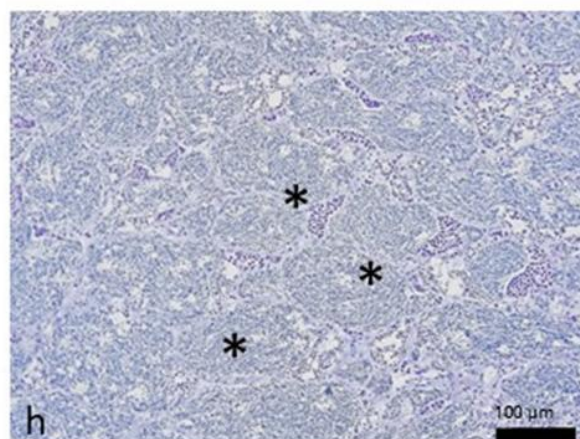
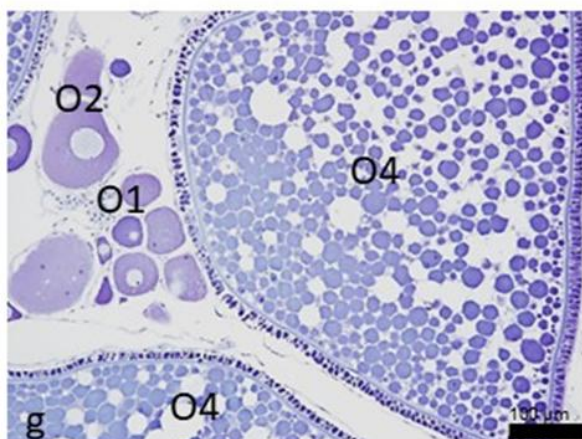
A Figura 17 mostra a frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos nos ambientes. As características morfológicas, que foram observadas durante as campanhas realizadas durante todo monitoramento (outubro/2018 até janeiro/2025), apresentaram padrões normais para os estágios de desenvolvimento gonadal (Figura 18), porém, no Ano 5, foi registrada a presença de alterações morfológicas pontuais, semelhantes às relatadas em outros estudos em ambientes contaminados por metais pesados (PASCHOALINI *et al.*, 2019; SAVASSI *et al.*, 2016, 2020; FERREIRA *et al.*, 2020). O EMG maduro (F3/M3) e desovado/espermiado (F4/M4) nas espécies nativas e introduzidas foram registrados com maior frequência relativa nos períodos chuvosos na maioria dos ambientes durante as campanhas analisadas (Figura 17a, Figura 17b e Figura 17d), exceto para as espécies nativas no ambiente Reservatório (Figura 17c). Na Calha do rio Doce e nos Tributários (Figura 17a e Figura 17), as espécies introduzidas mostraram maior frequência relativa de EMG desovado (F4) do que as espécies nativas, assim como no EMG espermiado (M4) na Calha do rio Doce, caracterizando uma melhor condição reprodutiva das espécies introduzidas em relação às nativas nesses ambientes. Nos períodos secos, a frequência relativa do EMG em repouso (F1) e início de maturação (F2), predominou em fêmeas nativas e introduzidas em todos os ambientes monitorados (Figura 17a, Figura 17b e Figura 17d), assim como nos machos em repouso (M1) e maturação (M2), quando comparado aos períodos chuvosos, exceto para as espécies nativas nos Reservatórios (Figura 17c).

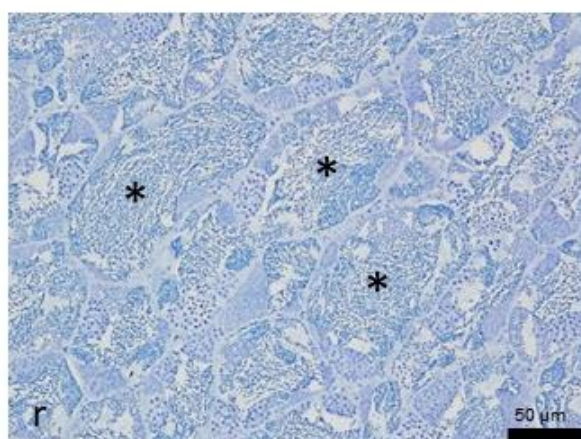
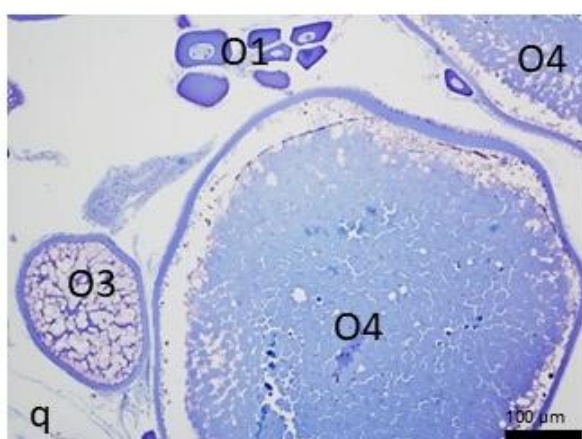
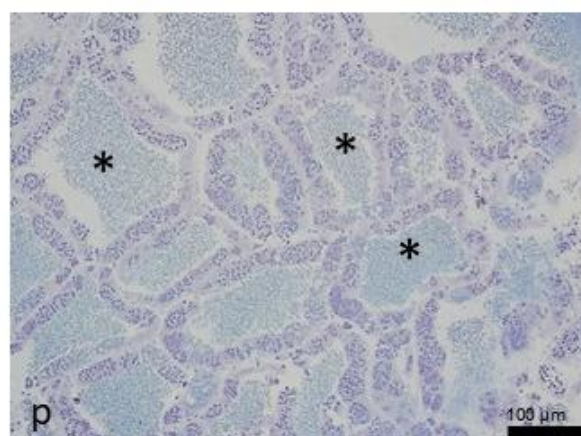
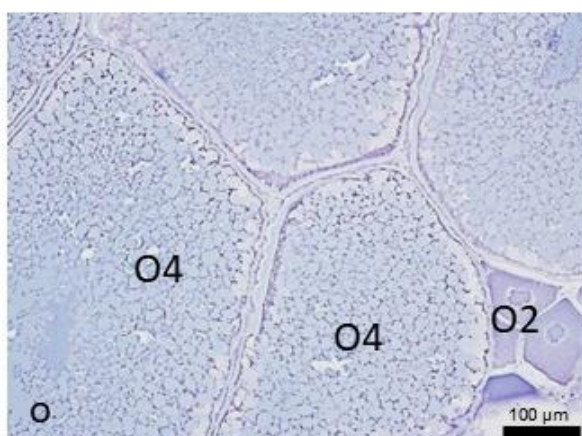
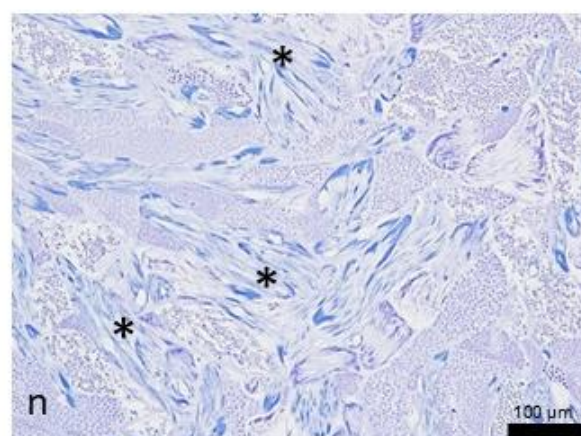
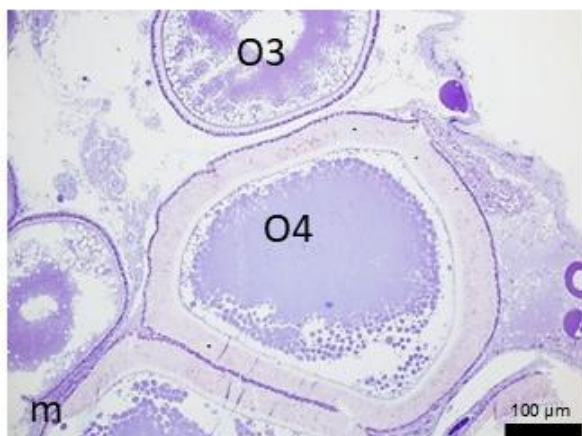
Os fatores abióticos, como temperaturas elevadas, fotoperíodo e pluviometria, além das condições físico-químicas adequadas no período chuvoso, favorecem o gatilho inicial da maturação e desova de peixes na região neotropical (LOWE-MCCONNEL, 1987; NASCIMENTO *et al.*, 2020; DINIZ *et al.*,

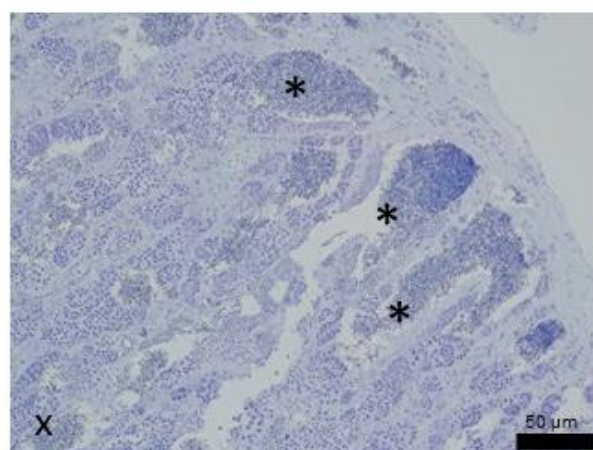
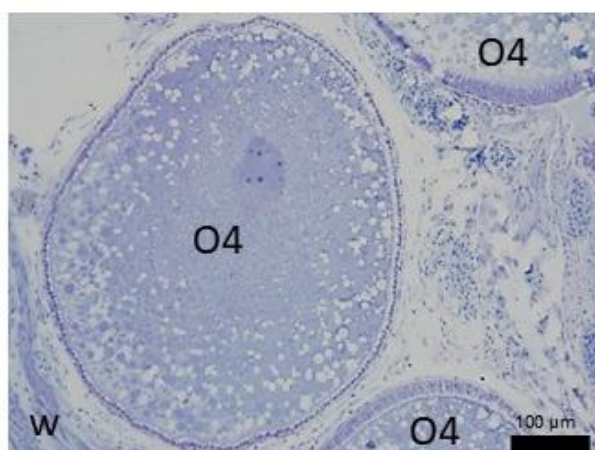
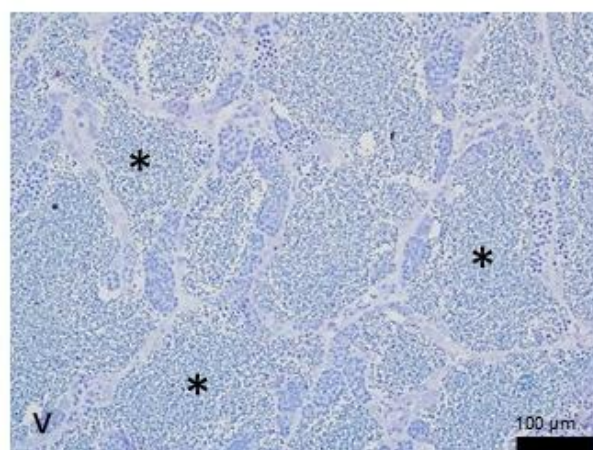
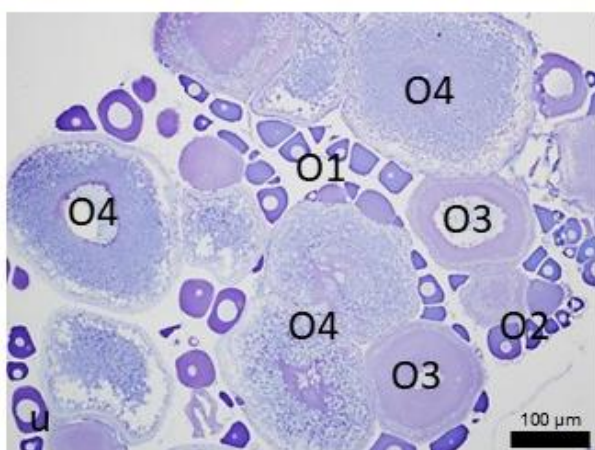
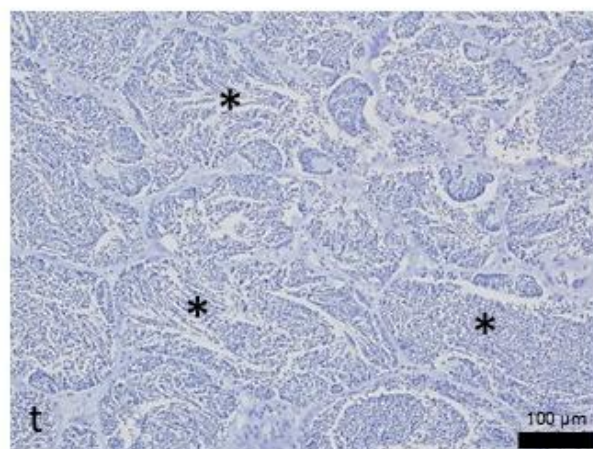
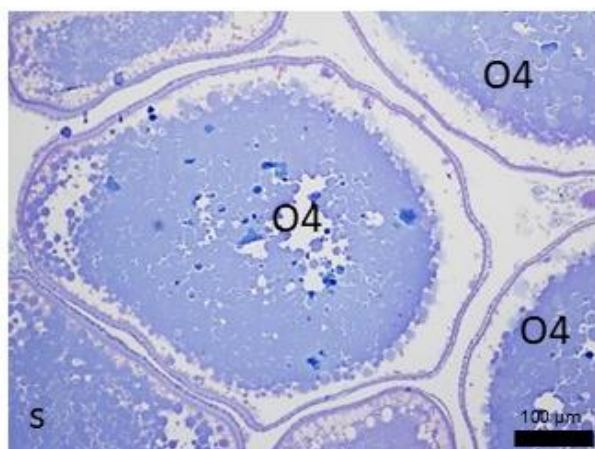
2023), principalmente nas espécies que fazem desova parcelada ao longo do ano, assim como foi observado nos ambientes analisados no Baixo rio Doce. Essas observações foram registradas ao longo de todo o período de monitoramento, favorecendo o desenvolvimento gonadal (LUBZENS *et al.*, 2010; DOS SANTOS *et al.*, 2019), e confirmando que nas espécies introduzidas e nativas, os ovários e testículos apresentaram todos os diferentes estágios do desenvolvimento gonadal (repouso, maturação, maduros, desovados ou espermiados). Nos Lagos e Reservatórios (Figura 17b e Figura 17) foi registrada maior frequência relativa de EMG maduro (F3) e desovado (F4) nas espécies nativas do que nas introduzidas. Entretanto, nos ambientes Calha do rio Doce e Tributários, foi observada maior frequência relativa de EMG maduro (F3) e desovado (F4) nas espécies introduzidas do que nas espécies nativas, assim como na Calha do rio Doce para o estágio espermiado (M4). Estes resultados mostram uma tendência alarmante para um melhor desempenho reprodutivo das espécies introduzidas nesses ambientes, o que poderá certamente afetar as espécies nativas. Nos ambientes de Lagoas e Foz (Figura 17e e Figura 17f), recentemente amostrados, ainda é inviável estimar a frequência relativa e reprodutiva dos EMG, devido ao N amostral ser insuficiente, porém, mostra uma tendência frequente de EMG em maturação (F2/M2), maduro (F3/M3) e desovado (F4) ou espermiado (M4) no período chuvoso, sendo coerente com o período esperado.

Figura 18: Características morfológicas dos ovários em diferentes espécies nativas e introduzidas que alcançaram o estágio de maturação gonadal (EMG) maduro (F3) com presença de ovócito perinucleolar inicial (O1), ovócito perinucleolar avançado (O2), ovócito pré-vitelogênico (O3) e ovócito vitelogênico (O4). Nos testículos o EMG maduro (M3) é caracterizado pela presença marcante de espermatozoides no lúmen dos túbulos seminíferos (*). *Astyanax lacustris*: A) Fêmea, B) Macho; *Awaous tajassica*: C) Fêmea, D) Macho; *Deuterodon intermedius*: E) Fêmea, F) Macho; *Geophagus aff. brasiliensis*: G) Fêmea, H) Macho; *Loricariichthys castaneus*: I) Fêmea J) Macho; *Lycengraulis grossidens*: K) Fêmea, L) Macho; *Trachelyopterus striatulus*: M) Fêmea, N) Macho; *Knodus moenkhausii*: O) Fêmea, P) Macho; *Metynnis lippincottianus*: Q) Fêmea, R) Macho; *Pygocentrus nattereri*: S) Fêmea, T) Macho; *Oligosarcus acutirostris*: U) Fêmea, V) Macho; *Saxatilia lepidota*: W) Fêmea, X) Macho;



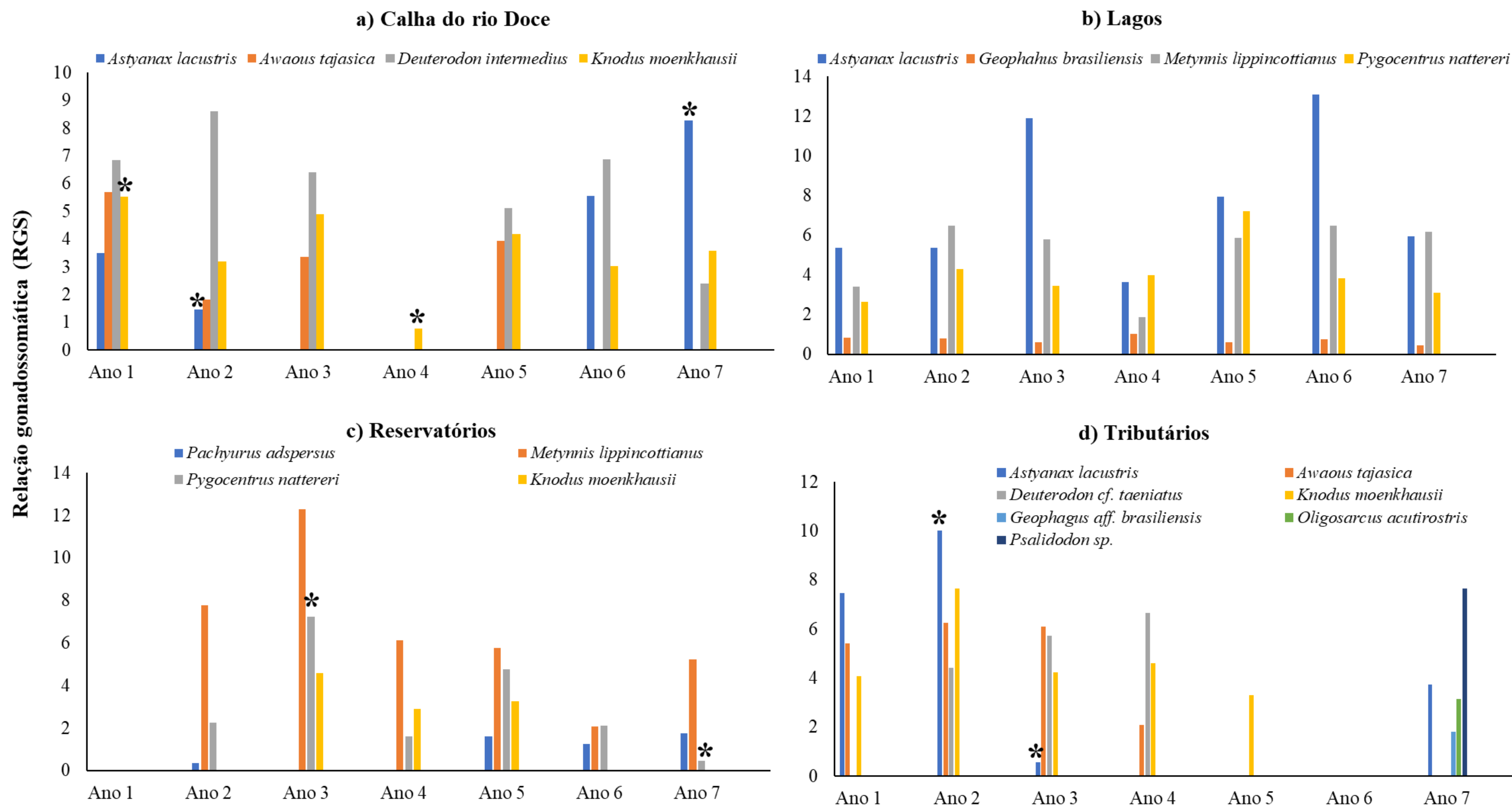




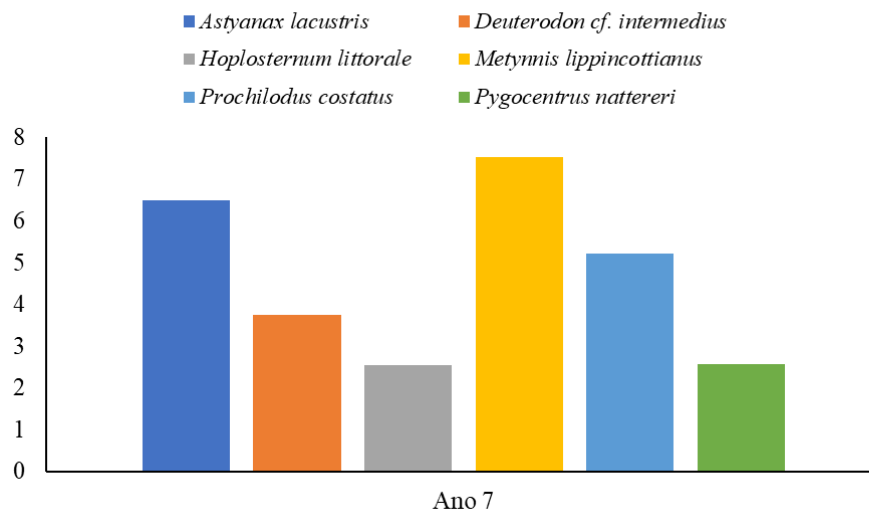


3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)

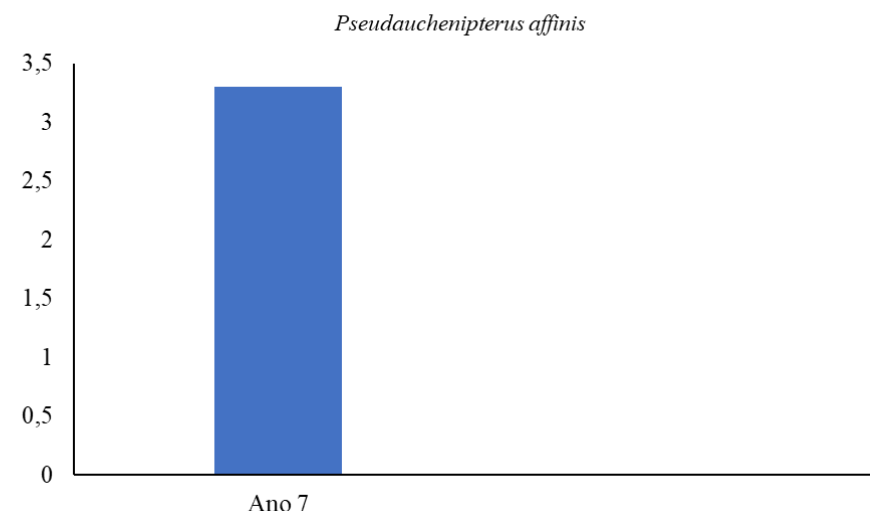
Figura 19: Valores da relação gonadosômica (RGS) das espécies nativas (*Astyanax lacustris*, *Awaous tajasica*, *Deuterodon intermedius*, *Deuterodon cf. taeniatus*, *Geophagus aff. brasiliensis*, *Oligosarcus acutirostris*, *Pachyurus adspersus*, *Psalidodon sp.* e *Pseudauchenipterus affinis*) e introduzidas (*Hoplosternum littorale*, *Knodus moenkhausii*, *Metynnis lippincottianus*, *Prochilodus costatus* e *Pygocentrus nattereri*) mais abundantes por anos em atividade reprodutiva nos períodos chuvosos na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Reservatórios (c), Tributários (d), Lagoas (e) e Foz do rio Doce (f) durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 até janeiro/2025. (*) diferença estatística significativa entre os Anos ($P < 0,05$). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



e) Lagoas



f) Foz do rio Doce



A relação gonadossomática (RGS) das espécies nativas mais abundantes (Lambari *Astyanax lacustris* [$P < 0,05$], *Deuterodon intermedius*, Peixe-flor *Awaous tajasica*, Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e Corvina *Pachyurus adspersus*) em atividade reprodutiva nos períodos chuvosos nos ambientes Calha do rio Doce, Lagos e Reservatórios (Figura 19a, Figura 19b e Figura 19c) apresentou valores com tendência de aumento e estabilidade durante o Ano 7 (outubro de 2024 a janeiro de 2025), continuando a tendência já observada nos Anos 5 e 6 (outubro de 2022 a julho de 2024), em relação aos Anos 1, 2, 3 e 4 (outubro de 2018 a setembro de 2022). Na espécie *Deuterodon intermedius* na Calha do rio Doce, a RGS apresentou diminuição no Ano 7 em relação aos anos anteriores, mas sem diferenças encontradas, enquanto na espécie Peixe-flor *Awaous tajasica* não foi possível estimar RGS comparativa no Ano 7.

No ambiente Tributários (Figura 19d), não foi possível estimar a RGS nas espécies nativas no Ano 5 e Ano 6, devido ao N amostral ser insuficiente para essa análise. Porém, foi possível observar que nos três primeiros anos do monitoramento, houve tendência de redução do RGS na espécie *Astyanax lacustris* ($P < 0,05$). No Ano 7, foi possível observar novamente a tendência de aumento da RGS, apesar de não apresentar diferenças significativas, na espécie nativa *Astyanax lacustris*, caracterizando uma melhora da condição gonadal, enquanto nas outras espécies essa tendência não foi registrada. Entretanto, foram evidenciadas RGS de novas espécies nativas (Figura 19d, Ano 7), porém são necessárias mais campanhas para avaliação comparativa desse parâmetro.

Nas espécies introduzidas, a RGS do Lambari *Knodus moenkhausii* ($P < 0,05$) na Calha do rio Doce ($P < 0,05$), mostrou menor RGS no Ano 4 (novembro de 2021 a agosto de 2022) com tendência de aumento e estabilidade no Ano 5, Ano 6 e Ano 7 (Figura 19a), enquanto nos ambientes Reservatórios e Tributários não foi possível estimar RGS comparativa no Ano 6 e Ano 7. No Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* no ambiente Lagos (Figura 19b), a RGS da espécie caracterizou estável ao longo do tempo, enquanto do ambiente Reservatório (Figura 19c), a RSG foi superior no Ano 7 em relação ao Ano 6 e semelhante no Ano 2, Ano 4 e Ano 5, caracterizando estabilidade deste índice. No entanto, na Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* do ambiente Reservatórios ($P < 0,05$), foi evidenciada diminuição da RGS no Ano 7 em relação aos anos anteriores, porém as análises histológicas confirmaram a presença de vários folículos pós-ovulatórios, o que caracteriza padrão normal de desova com diminuição do peso gonadal. Em relação aos ambientes de Lagoas e Foz (Figura 19e, Figura 19) durante o Ano 7, não foi possível estimar RGS comparativa, devido ao fato de os ciclos reprodutivos não estarem ainda completos para essa avaliação. Nos períodos chuvosos, os estágios reprodutivos são mais facilmente identificáveis nas fêmeas do que nos machos, devido à transferência de gorduras nos ovários, que resulta no aumento do peso das gônadas (RORIZ LEMES *et al.*, 2017). Além disso, é notável nas análises histológicas a presença de maior número de ovócitos secundários (vitelogênicos) na fase de transição do estágio de EMG de repouso/maturação (F1/F2) para ovário maduro (F3), além do valor de RGS ser mais evidente ou maior em fêmeas. Essas observações são cruciais quando se analisa parâmetros de qualidade ambiental, pois refletem o bem-estar, adaptação e reprodução dos peixes. No entanto, as espécies introduzidas, como *Pygocentrus nattereri*, *Knodus moenkhausii* e *Metynnis lippincottianus*, assim como as espécies nativas, *Astyanax lacustris*, *Geophagus* aff. *brasiliensis*, *Pachyurus adspersus* e *Deuterodon intermedius*, mostraram uma condição favorável da RGS mesmo sob influência de ambientes impactados por ações antrópicas como MLD e construção de barragens (ABDO *et al.*, 2018; BEATTY *et al.*, 2013; SAVASSI *et al.*, 2016, 2020; FERREIRA *et al.*, 2020), o que caracteriza plasticidade de adaptação e reprodução destas espécies.

B. INDICADORES ICTIOFAUNA GENÉTICA

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

Tabela 5: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P4B	8	3,00 (1,09)	11,50 (6,95)	0,364 (0,261)
1	P4	0	NA	NA	NA
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	P1B	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)

Astyanax lacustris

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
2	P8B	21	5,50 (2,07)	17,33 (11,84)	0,485 (0,334)
2	P9	3	NA	NA	NA
2	P10	2	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	2	NA	NA	NA
3	P9	3	NA	NA	NA
3	P10	5	NA	NA	NA
4	P1B	18	16,50 (5,35)	29,33 (16,96)	0,906 (0,496)
4	P2	2	3,33 (0,81)	18,00 (17,04)	0,888 (0,647)
4	P3	11	10,16 (1,94)	23,50 (14,63)	0,888 (0,497)
4	P4	9	10,33 (0,81)	19,66 (8,23)	0,894 (0,505)
4	P5	20	12,66 (2,33)	25,33 (11,97)	0,852 (0,468)
4	P6	28	16,33 (3,72)	29,66 (12,12)	0,888 (0,482)
4	P7	33	19,66 (7,55)	30,00 (14,18)	0,895 (0,485)
4	P8B	22	14,33 (3,72)	27,83 (12,02)	0,850 (0,466)

Astyanax lacustris

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
4	P9	17	11,16 (3,06)	31,16 (15,69)	0,841 (0,465)
4	P10	30	17,16 (3,76)	28,33 (14,33)	0,871 (0,474)
5	P1B	8	11,83 (1,60)	28,66 (14,19)	0,955 (0,540)
5	P2	11	11,16 (2,31)	29,50 (14,08)	0,886 (0,496)
5	P3	28	18,66 (4,45)	37,50 (13,51)	0,895 (0,486)
5	P4	31	20,33 (3,20)	38,00 (14,35)	0,910 (0,492)
5	P5	23	16,16 (3,18)	31,00 (11,52)	0,884 (0,482)
5	P6	33	21,16 (5,45)	35,33 (11,97)	0,903 (0,488)
5	P7	5	6,00 (1,54)	20,66 (11,23)	0,866 (0,518)
5	P8B	18	14,33 (4,22)	32,33 (13,20)	0,881 (0,484)
5	P10	30	18,83 (3,43)	34,50 (14,89)	0,88 (0,479)
5	P11	6	7,83 (2,48)	30,50 (20,28)	0,898 (0,524)
5	P12	25	20,16 (7,00)	33,83 (16,85)	0,916 (0,497)
6	P1B	19	17,83 (4,53)	32,00 (8,83)	0,927 (0,503)
6	P2	8	9,83 (1,60)	29,33 (10,80)	0,925 (0,525)
6	P3	0	NA	NA	NA
6	P4	27	18,00 (3,57)	32,50 (11,46)	0,889 (0,483)
6	P5	22	14,16 (2,85)	35,00 (8,57)	0,873 (0,478)
6	P6	26	18,16 (4,87)	36,16 (10,42)	0,896 (0,487)

Astyanax lacustris

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
6	P7	1	NA	NA	NA
6	P8B	27	21,83 (4,70)	36,33 (9,85)	0,923 (0,499)
6	P10	25	16,16 (2,31)	34,00 (9,42)	0,891 (0,485)
6	P11	11	12,83 (1,94)	31,66 (10,27)	0,927 (0,516)
6	P12	10	11,33 (2,16)	30,16 (10,57)	0,912 (0,511)
7	LAL1	19	16,00 (1,41)	29,71 (8,82)	0,901 (0,504)
7	LLM03R	2	3,66 (0,51)	19,16 (13,83)	0,944 (0,683)
7	LMN02R	0	NA	NA	NA
7	LVN02R	30	15,00 (5,22)	26,85 (13,04)	0,856 (0,492)
7	RDO11	2	3,33 (0,81)	10,50 (8,78)	0,777 (0,574)
7	RDO12	6	6,85 (1,57)	23,71 (11,68)	0,886 (0,518)
7	RDO14	0	NA	NA	NA
7	RDO15	7	7,42 (2,69)	16,85 (11,55)	0,859 (0,508)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	13	8,71 (3,54)	19,71 (13,03)	0,854 (0,476)
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	1	NA	NA	NA
7	UHEMAS	3	5,28 (0,95)	19,00 (10,64)	0,966 (0,621)
7	E27	20	15,14 (4,98)	27,42 (12,12)	0,917 (0,551)

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

Os índices de diversidade genética do Lambari *Astyanax lacustris*, apresentados na Tabela 5, foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (ciclo anual). Os índices não puderam ser calculados para locais sem representantes das espécies ou com baixa quantidade de indivíduos (com amostragem menor que dois indivíduos) (Tabela 5). 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. O Ano 2 mostrou menor quantidade de amostras devido à deficiência na coleta de dados ocorrida nesse período. A amplitude de variação no tamanho dos alelos (de 8,25 até 38,00), de forma geral, mostrou alelos maiores nos Anos 5, 6 e 4, nessa ordem, com menores tamanhos nos anos anteriores. As maiores variações na diversidade gênica entre pontos foram observadas no Ano 3, enquanto a menor foi observada nos anos 4, 5, 6 e 7. 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 a partir do Ano 4 do monitoramento e essa diversidade se mantém em alta até o Ano 7. A espécie *Astyanax lacustris* apresentou variação na diversidade gênica em todos os pontos de coleta ao longo dos três primeiros anos do monitoramento, com exceção do ponto P1 no Ano 1 e P1B, nos anos 2 e 3, onde a espécie sempre apresentou diversidade gênica mais alta. Nos três últimos anos do monitoramento, não houve variação da diversidade gênica. Essa estabilidade nesse índice 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 de sua diversidade, e também ao fato de o Reservatório de Mascarenhas receber aporte dos rios Manhuaçu e Guandu.

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Deuterodon cf. intermedius* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P1B	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	P8B	17	6,50 (3,81)	24,62 (16,37)	0,777 (0,484)
2	P9	0	NA	NA	NA
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	0	NA	NA	NA
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	3	4,50 (1,37)	19,50 (6,15)	0,833 (0,544)
4	P3	19	16,33 (4,17)	29,00 (13,10)	0,907 (0,496)
4	P4	30	21,16 (8,15)	30,00 (14,42)	0,878 (0,477)
4	P5	0	NA	NA	NA
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	3	4,66 (0,51)	13,16 (6,79)	0,900 (0,583)
4	P8B	15	15,00 (3,34)	24,83 (12,67)	0,918 (0,505)

Deuterodon cf. intermedius

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
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)	28,20 (11,30)	0,872 (0,496)
5	P3	13	18,00 (3,80)	31,20 (10,13)	0,963 (0,541)
5	P4	5	7,20 (1,48)	24,00 (8,21)	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)	25,20 (11,56)	0,912 (0,535)
5	P10	0	NA	NA	NA
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	0	NA	NA	NA
6	P1B	0	NA	NA	NA
6	P2	30	22,50 (8,31)	31,16 (14,74)	0,913 (0,494)
6	P3	0	NA	NA	NA
6	P4	27	19,16 (9,06)	29,16 (15,53)	0,867 (0,472)
6	P5	0	NA	NA	NA
6	P6	0	NA	NA	NA
6	P7	0	NA	NA	NA
6	P8B	22	15,00 (6,75)	28,16 (17,19)	0,776 (0,430)
6	P10	0	NA	NA	NA
6	P11	0	NA	NA	NA
6	P12	0	NA	NA	NA
7	LAL1	15	14,57 (5,31)	22,28 (9,01)	0,894 (0,485)
7	LLM03R	0	NA	NA	NA
7	LMN02R	0	NA	NA	NA
7	LVN02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	4	5,42 (1,71)	13,85 (5,69)	0,919 (0,591)
7	RDO15	13	13,71 (4,53)	21,42 (8,58)	0,923 (0,537)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	0	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	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 do Lambari *Deuterodon cf. intermedius* mostrados na Tabela 6 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 22,50, sendo que a maior variação no número de alelos entre os pontos foi observada no Ano 4, sendo mais discreta nos anos 5 e 6. A variação do Ano 2 mostrou-se mais próxima a do Ano 3, porém com maior discrepância entre os pontos. O tamanho dos alelos teve maior variação também no Ano 4, onde somente o ponto P7 apresentou menor variação e foi semelhante no Ano 2. Na diversidade gênica, observou-se moderados níveis em todos os anos, com aumento significativo desse índice a partir do Ano 4 do monitoramento. Os menores índices de diversidade gênica em *Deuterodon cf. intermedius* foram observados no Ano 1 (pontos P4 e P7) e os maiores no Ano 5 (pontos P3 e P4) e Ano7 (pontos RDO14 e RDO15). A comparação dos resultados desses índices ao longo dos anos mostra uma leve diminuição da diversidade no Ano 3 e uma melhora significativa a partir do Ano 4. No entanto, a ausência de captura dessa espécie de Lambari nos pontos P5, P6 e P10 ao longo do monitoramento, assim como as falhas de captura nos pontos P1 e P2 em alguns anos do monitoramento, dificultam uma melhor comparação da diversidade entre os pontos (Tabela 6). *Deuterodon cf. intermedius*, assim como *Astyanax lacustris* tem um tempo de geração mais curto, por se tratar de espécie de pequeno porte. Essa característica pode estar proporcionando uma melhor recuperação das populações após a passagem do MLD pela calha do rio Doce, uma vez que as populações, nos diversos pontos analisados, apresentaram índices de diversidade gênica satisfatórios e estáveis ao longo dos primeiros três anos do monitoramento, e um aumento desse índice a partir do Ano 4. Esse índice permanece alto nas duas primeiras coletas do Ano 7.

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Geophagus aff. brasiliensis* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Geophagus aff. brasiliensis</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	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	P1B	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	P8B	3	2,00 (0,00)	4,50 (0,70)	0,177 (0,195)
2	P9	15	4,50 (2,38)	9,00 (3,65)	0,291 (0,234)
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	0	NA	NA	NA
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	34	9,75 (3,01)	14,00 (6,00)	0,779 (0,415)
4	P4	3	4,62 (0,74)	6,25 (3,57)	0,908 (0,572)
4	P5	19	9,12 (3,22)	12,25 (5,25)	0,807 (0,434)

Geophagus aff. brasiliensis

Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos (\pm SD)	Diversidade gênica (\pm SD)*
4	P6	31	9,62 (4,17)	16,87 (8,04)	0,772 (0,412)
4	P7	28	8,25 (1,98)	13,12 (6,55)	0,754 (0,404)
4	P8B	6	3,37 (0,91)	3,50 (1,60)	0,674 (0,393)
4	P9	20	8,25 (3,73)	11,87 (7,31)	0,781 (0,421)
4	P10	6	5,62 (1,84)	8,28 (2,98)	0,806 (0,462)
5	P1B	1	NA	NA	NA
5	P2	1	NA	NA	NA
5	P3	6	4,60 (2,40)	9,80 (12,63)	0,631 (0,384)
5	P4	2	3,33 (0,81)	4,66 (3,07)	0,888 (0,647)
5	P5	26	10,50 (4,23)	16,83 (6,42)	0,771 (0,426)
5	P6	34	7,66 (4,17)	12,16 (8,08)	0,679 (0,380)
5	P7	27	10,66 (4,88)	16,33 (9,35)	0,737 (0,409)
5	P8B	1	NA	NA	NA
5	P10	9	7,16 (2,78)	16,00 (5,06)	0,781 (0,448)
5	P11	18	9,66 (3,77)	21,00 (7,48)	0,696 (0,393)
5	P12	0	NA	NA	NA
6	P1B	0	NA	NA	NA
6	P2	0	NA	NA	NA
6	P3	1	NA	NA	NA
6	P4	1	NA	NA	NA
6	P5	24	9,50 (3,46)	11,50 (2,61)	0,807 (0,431)
6	P6	27	8,12 (3,84)	10,75 (4,62)	0,768 (0,411)
6	P7	30	8,75 (2,12)	14,62 (6,02)	0,785 (0,419)
6	P8B	0	NA	NA	NA
6	P10	1	NA	NA	NA
6	P11	13	9,25 (2,25)	14,12 (4,05)	0,833 (0,452)
6	P12	0	NA	NA	NA
7	LAL1	0	NA	NA	NA
7	LLM03R	17	7,50 (1,92)	9,37 (2,82)	0,756 (0,449)
7	LMN02R	1	NA	NA	NA
7	LVN02R	1	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	0	NA	NA	NA
7	RDO15	7	3,87 (1,45)	8,25 (5,77)	0,635 (0,381)
7	RDO16	0	NA	NA	NA

<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (\pm SD)	Amplitude tamanho dos alelos (\pm SD)	Diversidade gênica (\pm SD)*
7	RGU02	17	6,37 (2,56)	10,37 (5,60)	0,763 (0,453)
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	1	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	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 (Anos 1, 2, 3, 4, 5, e 6 e 7) (Tabela 7). De forma geral, o número de alelos não apresentou grandes variações, com 2,0 no ponto P8B no Ano 2 até um máximo de 10,66 alelos no ponto P7 no Ano 5, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos ocorreu no Ano 5. Vale ressaltar que o número de indivíduos analisados no ponto P8B no Ano 2 foi muito baixo (apenas três). A maior amplitude de variação no tamanho dos alelos aconteceu no Ano 5, seguido pelo Ano 4. 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 P7 no Ano 2 (diversidade de 0,700). Essa variação da diversidade entre pontos de coleta no Ano 2 pode estar refletindo a presença de linhagens genéticas distintas dentro desse táxon, o que já foi observado anteriormente nas análises de DNA Barcode no RT43 (FEST, 2023). A partir do Ano 4 houve um aumento nos índices de diversidade gênica até o Ano 6, no entanto, nos dados parciais do Ano 7 podemos observar uma redução desse índice para essa espécie.

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P1B	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	P8B	0	NA	NA	NA
2	P9	0	NA	NA	NA
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	1	NA	NA	NA
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	0	NA	NA	NA
4	P4	0	NA	NA	NA
4	P5	11	4,57 (0,97)	3,42 (1,13)	0,737 (0,414)

Hoplias malabaricus

Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
4	P6	11	4,42 (1,51)	3,71 (1,70)	0,721 (0,406)
4	P7	0	NA	NA	NA
4	P8B	0	NA	NA	NA
4	P9	1	NA	NA	NA
4	P10	2	3,00 (0,57)	2,14 (0,90)	0,833 (0,601)
5	P1B	3	2,83 (0,98)	2,16 (1,60)	0,700 (0,466)
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	2	3,00 (0,63)	3,33 (1,50)	0,833 (0,610)
5	P5	6	4,83 (0,98)	3,83 (1,16)	0,795 (0,470)
5	P6	10	5,50 (1,04)	5,33 (2,80)	0,766 (0,438)
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)
6	P1B	1	NA	NA	NA
6	P2	0	NA	NA	NA
6	P3	0	NA	NA	NA
6	P4	0	NA	NA	NA
6	P5	6	4,33 (1,36)	3,83 (1,60)	0,755 (0,449)
6	P6	3	3,66 (0,81)	3,33 (1,36)	0,788 (0,518)
6	P7	0	NA	NA	NA
6	P8B	0	NA	NA	NA
6	P10	1	NA	NA	NA
6	P11	0	NA	NA	NA
6	P12	4	3,83 (1,16)	3,00 (1,67)	0,767 (0,479)
7	LAL1	0	NA	NA	NA
7	LLM03R	6	3,87 (0,83)	3,25 (1,38)	0,760 (0,452)
7	LMN02R	1	NA	NA	NA
7	LN02R	1	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	2	3,00 (0,53)	2,87 (1,35)	0,857 (0,617)
7	RDO15	0	NA	NA	NA
7	RDO16	0	NA	NA	NA

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	Nº médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
7	RGU02	1	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	1	NA	NA	NA
7	UHEMAS	1	NA	NA	NA
7	E27	1	NA	NA	NA

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

Na espécie de Traíra *Hoplias malabaricus*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, e 6 e 7) (Tabela 8). De forma geral, o número de alelos variou pouco, de 2,00 a 5,50, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos ocorreu no Ano 5, que também apresentou maior variação na amplitude do tamanho dos alelos, porém, os Anos 2 e 3 tiveram muitos pontos com falhas amostrais. A diversidade gênica, em geral, não variou muito ao longo dos anos, embora seja possível observar uma discreta melhora desse índice a partir do Ano 4 do monitoramento. No entanto, entre os pontos de coleta foi observada uma amplitude maior na variação, sobretudo no Ano 5, onde o ponto P4 apresentou diversidade de 0,833 enquanto o ponto P11 apresentou uma diversidade gênica de 0,194. Embora o Ano 5 tenha sido o de melhor amostragem para *Hoplias malabaricus* em termos de cobertura dos pontos amostrais, o N amostral foi muito baixo em todos os pontos (o ponto P8B não teve amostras coletadas e no ponto P10 apenas um indivíduo foi coletado), com exceção do ponto P6 onde foram capturados 10 indivíduos. Essa baixa cobertura amostral impediu uma análise mais precisa. 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 RT43 (FEST, 2023). Os Anos 1 e 3 apresentaram os valores mais baixos de diversidade gênica para essa espécie, porém, esses valores estão fortemente relacionados com falhas amostrais no Ano 3 em vários pontos de coleta. A partir do Ano 4 esse índice melhora, embora o N amostral nunca tenha sido alcançado para essa espécie durante todos os anos de monitoramento. Nas duas primeiras coletas do Ano 7, apesar do N amostral ser baixo, os índices de diversidade gênica permaneceram estáveis.

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações	N	Nº médio de alelos	Amplitude tamanho dos	Diversidade
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	P1B	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	P8B	20	4,55 (1,50)	5,11 (3,37)	0,631 (0,385)
2	P9	0	NA	NA	NA
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	30	4,44 (1,42)	5,55 (2,40)	0,605 (0,354)
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	30	7,75 (2,55)	7,37 (3,37)	0,782 (0,417)
4	P2	31	6,50 (1,30)	7,12 (2,85)	0,765 (0,409)
4	P3	34	8,50 (2,26)	7,87 (3,64)	0,778 (0,414)
4	P4	16	6,87 (2,41)	6,87 (4,22)	0,790 (0,428)
4	P5	7	5,50 (1,30)	5,00 (2,67)	0,771 (0,438)
4	P6	0	NA	NA	NA
4	P7	38	8,00 (2,20)	7,00 (3,20)	0,781 (0,415)
4	P8B	31	7,00 (1,96)	6,67 (2,07)	0,723 (0,435)
4	P9	0	NA	NA	NA

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações	N	Nº médio de alelos	Amplitude tamanho dos	Diversidade
4	P10	1	NA	NA	NA
4	P11	4	4,00 (1,19)	6,67 (2,07)	0,763 (0,462)
5	P1B	10	6,14 (1,77)	7,00 (3,31)	0,794 (0,445)
5	P2	29	9,42 (2,50)	10,00 (4,43)	0,829 (0,446)
5	P3	15	8,71 (2,81)	9,71 (3,90)	0,858 (0,468)
5	P4	39	15,71 (11,29)	20,85 (16,72)	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)	12,14 (6,20)	0,832 (0,455)
5	P10	3	4,66 (1,15)	33,67 (12,05)	0,380 (0,271)
5	P11	25	9,00 (3,00)	10,57 (5,65)	0,820 (0,443)
5	P12	0	NA	NA	NA
6	P1B	0	NA	NA	NA
6	P2	31	8,37 (3,15)	8,25 (4,55)	0,775 (0,414)
6	P3	18	6,75 (1,98)	7,62 (4,20)	0,762 (0,412)
6	P4	29	10,25 (4,33)	8,87 (4,85)	0,811 (0,431)
6	P5	0	NA	NA	NA
6	P6	0	NA	NA	NA
6	P7	0	NA	NA	NA
6	P8B	30	8,75 (3,15)	8,62 (4,56)	0,794 (0,423)
6	P10	0	NA	NA	NA
6	P11	0	NA	NA	NA
6	P12	0	NA	NA	NA
7	LAL1	3	4,00 (0,92)	6,62 (4,20)	0,838 (0,538)
7	LLM03R	0	NA	NA	NA
7	LMN02R	0	NA	NA	NA
7	LVN02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	15	6,62 (4,17)	8,12 (6,49)	0,698 (0,389)
7	RDO14	4	4,25 (0,88)	6,75 (4,20)	0,785 (0,475)
7	RDO15	15	7,37 (2,38)	9,37 (6,32)	0,773 (0,434)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	0	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	2	2,85 (0,90)	3,71 (2,98)	0,833 (0,610)

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

Em relação à diversidade genética do Lambari *Knodus moenkhausii*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, e 6 e 7) (Tabela 9). O número de alelos variou bastante nessa espécie, de 2,14 a 15,71, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 5, com o ponto P10 com apenas 4,66 alelos, enquanto o ponto P4 apresentou 15,71 alelos. A amplitude de variação no tamanho dos alelos também foi maior no Ano 5. A diversidade gênica, em geral, não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém, no Ano 1 observam-se os menores valores desse índice, que se torna crescente nos anos seguintes do monitoramento, com significativo aumento a partir do Ano 4. Foi observada uma amplitude maior na variação da diversidade gênica no Ano 5, onde a menor diversidade observada foi de 0,380 no ponto P10 e a maior diversidade de 0,858 no ponto P3. Em geral, os índices também não apresentaram grandes variações ao longo dos pontos de coleta para o Lambari *K. moenkhausii*, uma das espécies mais bem amostradas durante os anos do monitoramento, com queda nas capturas nos Anos 6 e 7 (parcial). Por se tratar também de uma espécie de pequeno porte, sua diversidade genética parece estar em recuperação após a passagem do MLD pela calha do rio Doce.

Vale lembrar que, atualmente, *Knodus moenkhausii* é considerada uma espécie introduzida na bacia do rio Doce (ver Seção 2.3.1 deste relatório). No entanto, resultados moleculares obtidos no âmbito desse projeto têm mostrado que a diversidade genética dessa espécie é superior àquela esperada para espécies introduzidas. Portanto, devido à indefinição do status da espécie (introduzida ou nativa) na bacia do rio Doce e para atender ao previsto no Plano de Trabalho de 2022, continuamos com as análises populacionais para a espécie.

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Pachyurus adspersus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	26	5,33 (3,05)	5,66 (4,04)	0,200 (0,209)
1	P2	23	5,33 (3,05)	6,33 (5,13)	0,278 (0,224)
1	P3	25	5,00 (2,64)	6,66 (5,68)	0,155 (0,180)
1	P4	29	5,66 (3,21)	7,00 (4,35)	0,421 (0,431)
1	P5	24	5,66 (2,30)	7,33 (4,72)	0,184 (0,200)
1	P6	25	5,00 (3,00)	6,66 (5,03)	0,284 (0,227)
1	P7	24	5,00 (2,64)	6,33 (4,04)	0,598 (0,390)
1	P8	26	3,33 (1,15)	6,66 (4,16)	0,209 (0,215)
2	P1B	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	P8B	11	3,33 (1,15)	6,66 (4,16)	0,311 (0,370)
2	P9	0	NA	NA	NA
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	33	5,33 (2,88)	6,33 (4,04)	0,201 (0,209)
3	P2	29	5,00 (2,64)	7,66 (5,13)	0,235 (0,230)
3	P3	29	6,33 (3,78)	7,66 (5,13)	0,203 (0,211)
3	P4	30	4,66 (2,30)	7,00 (4,35)	0,373 (0,273)
3	P5	5	3,33 (1,15)	2,66 (0,57)	0,429 (0,331)
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	1	NA	NA	NA
3	P8B	29	5,66 (3,21)	7,66 (5,13)	0,210 (0,215)
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	25	4,14 (1,21)	3,71 (1,70)	0,656 (0,363)
4	P2	35	4,00 (1,15)	3,57 (1,90)	0,635 (0,351)
4	P3	30	3,85 (1,34)	3,42 (1,81)	0,639 (0,354)
4	P4	32	4,00 (1,41)	3,57 (1,90)	0,615 (0,342)
4	P5	9	4,85 (1,06)	4,42 (1,39)	0,764 (0,432)
4	P6	0	NA	NA	NA

Pachyurus adspersus

Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
4	P7	0	NA	NA	NA
4	P8B	35	4,00 (1,41)	3,57 (1,90)	0,636 (0,352)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	0	NA	NA	NA
5	P1B	16	4,42 (1,51)	3,71 (1,79)	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)	2,14 (1,21)	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)	3,00 (1,41)	0,640 (0,361)
6	P1B	4	3,14 (0,90)	2,71 (1,60)	0,693 (0,431)
6	P2	17	4,00 (1,52)	3,14 (1,57)	0,653 (0,366)
6	P3	15	3,57 (1,81)	2,85 (1,77)	0,618 (0,349)
6	P4	5	2,85 (0,69)	2,85 (1,57)	0,638 (0,388)
6	P5	0	NA	NA	NA
6	P6	1	NA	NA	NA
6	P7	0	NA	NA	NA
6	P8B	18	3,57 (0,97)	3,14 (1,57)	0,633 (0,355)
6	P10	0	NA	NA	NA
6	P11	0	NA	NA	NA
6	P12	9	3,57 (1,27)	3,00 (1,63)	0,655 (0,377)
7	LAL1	0	NA	NA	NA
7	LLM03R	0	NA	NA	NA
7	LMN02R	0	NA	NA	NA
7	LVN02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	1	NA	NA	NA
7	RDO12	15	3,42 (0,78)	2,42 (0,78)	0,652 (0,367)
7	RDO14	15	3,85 (1,06)	2,85 (1,06)	0,649 (0,365)
7	RDO15	15	3,42 (0,53)	2,42 (0,53)	0,643 (0,362)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	5	3,00 (1,15)	2,00 (1,15)	0,635 (0,405)
7	UHEMAS	11	2,85 (0,37)	2,28 (0,75)	0,600 (0,363)

<i>Pachyurus adspersus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos (±SD)	Diversidade gênica (±SD)*
7	E27	0	NA	NA	NA

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

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7) (Tabela 10). De forma geral, na espécie de Corvina *Pachyurus adspersus*, o número de alelos variou pouco de 2,85 a 6,33, sendo que a menor variação no número de alelos entre pontos foi nos Anos 4, 5, 6 e 7. A amplitude de variação no tamanho dos alelos foi maior no Ano 3. A diversidade gênica, em geral, não variou muito ao longo dos anos, nem entre os pontos de coleta, porém observa-se que os Anos 1 e 3 são os anos com os menores índices de diversidade e, do Ano 4 em diante observa-se 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 P6, P7, P10 e P11, onde o número de amostras não foi satisfatório ou não foi coletado, o N amostral foi adequado para uma análise populacional. Os índices de diversidade dessa espécie sempre se apresentaram baixos e sem muita variação ao longo dos pontos e ao longo dos anos do monitoramento, com exceção dos anos 1 e 3 onde a diversidade gênica foi ainda mais baixa. Porém, esses níveis mais baixos de diversidade genética parecem ser uma característica da espécie, uma vez que não houve aumento expressivo desse índice a partir do Ano 4, como observado para as outras espécies monitoradas. Isso também pode ser observado nos resultados parciais do Ano 7, onde esse índice se manteve semelhante aos anos anteriores. *Pachyurus adspersus* tem um tempo de geração mais longo, portanto, a recuperação de sua diversidade genética após a passagem do MLD requer mais tempo para ser observada.

Tabela 11: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações	N	Nº médio de alelos	Amplitude tamanho	Diversidade gênica
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	P1B	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	P8B	1	NA	NA	NA
2	P9	0	NA	NA	NA
2	P10	0	NA	NA	NA
3	P1B	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	P8B	0	NA	NA	NA
3	P9	0	NA	NA	NA
3	P10	0	NA	NA	NA
4	P1B	0	NA	NA	NA
4	P2	0	NA	NA	NA
4	P3	23	2,50 (0,70)	2,00 (1,41)	0,249 (0,208)
4	P4	25	4,33 (3,21)	3,66 (3,78)	0,479 (0,329)
4	P5	33	2,33 (0,57)	1,66 (1,15)	0,324 (0,247)
4	P6	18	2,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,370 (0,275)
4	P7	31	4,33 (3,21)	3,33 (3,21)	0,486 (0,331)
4	P8B	1	NA	NA	NA
4	P9	0	NA	NA	NA

<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações	N	Nº médio de alelos	Amplitude tamanho	Diversidade gênica
4	P10	31	2,50 (0,70)	1,50 (0,70)	0,238 (0,200)
5	P1B	1	NA	NA	NA
5	P2	0	NA	NA	NA
5	P3	28	9,90 (5,95)	13,90 (11,13)	0,736 (0,388)
5	P4	30	11,90 (7,93)	14,70 (10,93)	0,742 (0,390)
5	P5	36	6,10 (3,78)	10,10 (6,65)	0,587 (0,314)
5	P6	1	NA	NA	NA
5	P7	30	9,70 (6,32)	12,90 (9,89)	0,670 (0,355)
5	P8B	2	2,80 (0,91)	5,50 (6,83)	0,750 (0,530)
5	P10	28	7,70 (6,00)	13,00 (9,13)	0,589 (0,316)
5	P11	0	NA	NA	NA
5	P12	0	NA	NA	NA
6	P1B	0	NA	NA	NA
6	P2	0	NA	NA	NA
6	P3	0	NA	NA	NA
6	P4	30	13,11 (7,30)	16,44 (11,79)	0,770 (0,407)
6	P5	31	8,00 (5,54)	11,88 (9,26)	0,625 (0,337)
6	P6	7	5,14 (1,34)	10,28 (5,21)	0,567 (0,328)
6	P7	30	11,22 (6,53)	13,77 (10,65)	0,724 (0,385)
6	P8B	0	NA	NA	NA
6	P10	32	9,00 (6,23)	13,75 (9,09)	0,574 (0,312)
6	P11	0	NA	NA	NA
6	P12	0	NA	NA	NA
7	LAL1	11	7,66 (3,77)	14,44 (10,30)	0,579 (0,329)
7	LLM03R	26	6,00 (3,16)	11,20 (8,35)	0,516 (0,295)
7	LMN02R	15	9,11 (5,13)	14,44 (9,68)	0,579 (0,325)
7	LVN02R	12	5,88 (3,65)	11,88 (10,63)	0,513 (0,295)
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	5	3,70 (1,63)	9,40 (7,47)	0,597 (0,360)
7	RDO15	15	7,90 (4,58)	13,50 (11,21)	0,678 (0,374)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	0	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	1	NA	NA	NA

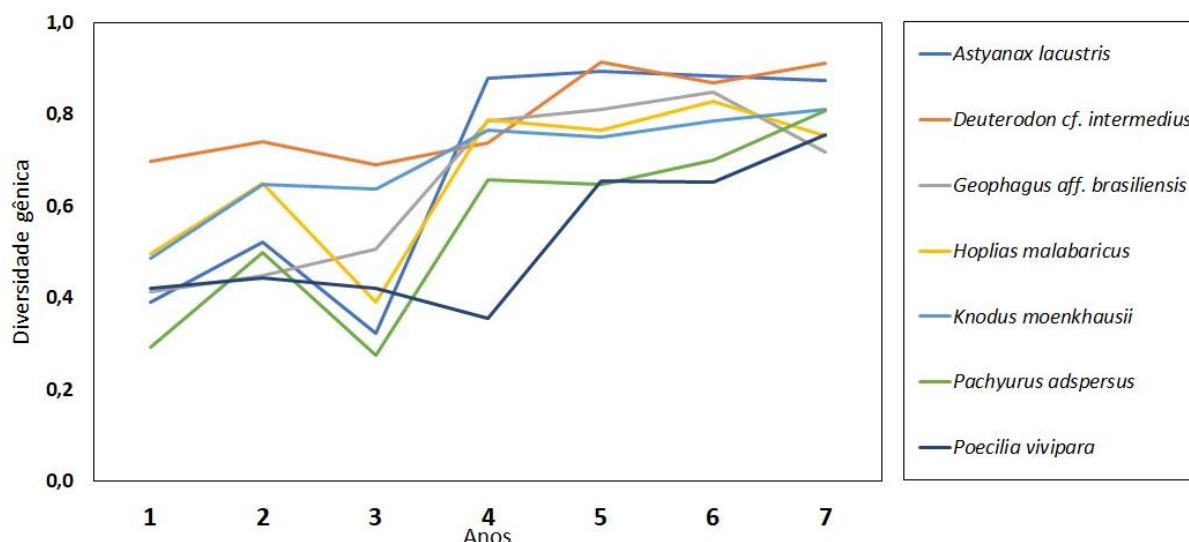
*Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para a espécie de Barrigudinho *Poecilia vivipara*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7) (Tabela 11). O número de alelos variou bastante

ao longo dos anos do monitoramento, de 2,00 alelos nos pontos P1B e P6 no Ano 3 e P6 no Ano 4 a 13,11 alelos no ponto P4 no Ano 6. Porém, no Ano 5 foi observada uma maior variação desse índice, bem como maior amplitude de variação no tamanho dos alelos, muito superior aos resultados obtidos para os anos anteriores e para os Anos 6 e 7. 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, a partir do Ano 5 foram observados valores mais altos desse índice na maioria dos pontos amostrados e que se manteve nos anos subsequentes. *Poecilia vivipara*, assim como *K. moenkhausii* e *A. lacustris*, é uma espécie de pequeno porte, com tempo de geração mais curto, o que ajuda na recuperação de sua diversidade. *Poecilia vivipara* tem fecundação interna com estratégia de reprodução vivípara (REZNICK *et al.*, 2021), onde o peixe já libera os filhotes para o meio ambiente. Essa estratégia diminui o tamanho da prole quando comparada com as espécies com fecundação externa e isso pode justificar esse aumento em sua diversidade apenas a partir do Ano 5.

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

Figura 20: Variação temporal (anual) da diversidade média de microssatélites obtidos das sete espécies analisadas no Baixo rio Doce ao longo do monitoramento. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A diversidade gênica das sete espécies analisadas no baixo rio Doce (Figura 20) aumentou do Ano 1 para o Ano 2, com exceção de *Geophagus aff. brasiliensis* e *Poecilia vivipara*, nas quais esse índice se manteve estável. Do Ano 2 para o Ano 3, enquanto *G. aff. brasiliensis* apresentou aumento de sua diversidade gênica, as demais espécies apresentaram queda desse índice. *Hoplias malabaricus*, *Astyanax lacustris* e *Pachyurus adspersus* foram as espécies com quedas mais acentuadas da diversidade gênica. Para as demais espécies, a variação da diversidade gênica do Ano 2 para o 3 foi discreta. Do Ano 3 para o 4 todas as espécies apresentaram aumento de sua diversidade gênica, com exceção de *P. vivipara*, que continuou com queda nesse índice. A partir do Ano 4, todas as sete espécies apresentaram manutenção ou aumento da diversidade gênica, mesmo aquelas com tempo de geração mais longo, como o Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e a Corvina *P. adspersus*.

Destaca-se que *Poecilia vivipara* apresenta um padrão diferente de variação de sua diversidade, com estabilidade do Ano 1 para o Ano 2, enquanto esse índice aumenta na maioria das outras espécies, e leve redução do Ano 2 para o Ano 3, quando a maioria apresenta queda acentuada. É a única espécie com queda da diversidade do Ano 3 para o 4, aumentando esse índice apenas a partir do Ano 4, estabilizando do Ano 5 para o 6 e aumentando deste para o Ano 7. Já a diversidade gênica da Traíra *H. malabaricus*, após queda acentuada do Ano 2 para o Ano 3, apresentou aumento significativo do Ano 3 para o 4, leve redução do Ano 4 para o 5, um leve aumento do Ano 5 para o 6 e redução do Ano 6 para o 7 (Figura 20).

Em geral, as espécies tiveram redução de sua diversidade gênica do Ano 2 para o Ano 3. No entanto, devemos considerar que no Ano 2 do monitoramento a amostragem foi reduzida, o que pode ter influenciado diretamente no cálculo da diversidade gênica das espécies nesse período. Isso fica mais evidente quando se observa os anos seguintes, quando todas as espécies apresentam aumento nos índices de diversidade genética analisados com microssatélites.

3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS

Tabela 12: Estruturação genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), que indica flutuação no tamanho efetivo populacional. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

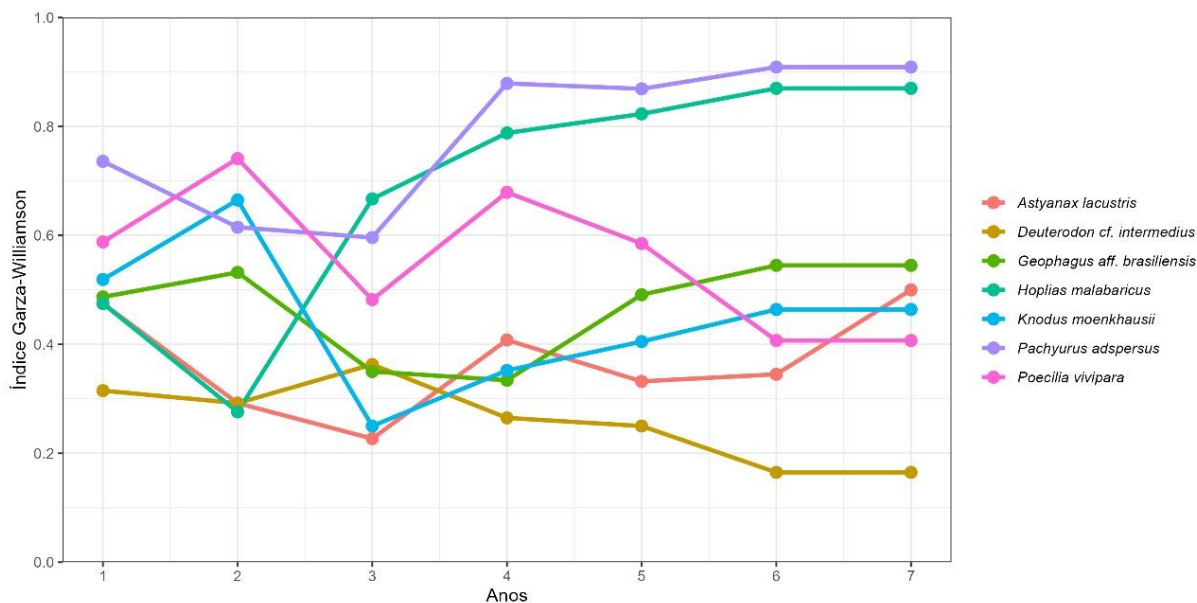
Espécie	Ano 1			Ano 2			Ano 3			Ano 4			Ano 5			Ano 6			Ano 7		
	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
<i>Astyanax lacustris</i>	0,030 (0,009)	0,690 (0,000)	0,475 (0,053)	0,002 (0,953)	0,613 (0,000)	0,292 (0,154)	-0,003 (0,999)	0,767 (0,000)	0,227 (0,086)	0,020 (0,002)	0,425 (0,000)	0,408 (0,133)	0,005 (1,000)	0,026 (0,001)	0,332 (0,112)	0,007 (1,000)	0,066 (0,000)	0,345 (0,207)	0,014 (1,000)	0,031 (0,012)	0,505 (0,117)
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,007 (0,997)	0,802 (0,000)	0,315 (0,115)	0,016 (0,915)	0,759 (0,000)	0,292 (0,179)	0,006 (0,980)	0,777 (0,000)	0,363 (0,028)	0,004 (1,000)	0,245 (0,000)	0,265 (0,066)	0,017 (1,000)	0,134 (0,000)	0,250 (0,075)	0,040 (0,000)	0,339 (0,000)	0,165 (0,071)	0,016 (0,993)	0,051 (0,012)	0,584 (0,130)
<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>	0,016 (0,409)	0,576 (0,000)	0,487 (0,084)	0,008 (0,859)	0,553 (0,000)	0,532 (0,134)	0,037 (0,031)	0,725 (0,000)	0,350 (0,088)	0,044 (0,000)	0,021 (0,065)	0,334 (0,169)	0,084 (0,000)	-0,022 (0,923)	0,491 (0,217)	0,069 (0,000)	-0,091 (1,000)	0,545 (0,297)	0,102 (0,000)	-0,244 (1,000)	0,685 (0,095)
<i>Hoplias malabaricus</i>	0,080 (0,024)	0,621 (0,000)	0,475 (0,088)	-0,094 (1,000)	0,722 (0,000)	0,276 (0,146)	0,147 (0,324)	0,610 (0,000)	0,667 (0,179)	0,026 (0,816)	-0,239 (1,000)	0,788 (0,131)	0,091 (0,013)	-0,294 (1,000)	0,823 (0,155)	0,045 (0,892)	-0,301 (1,000)	0,870 (0,094)	0,011 (1,000)	-0,311 (1,000)	0,877 (0,037)
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,007 (0,967)	0,748 (0,000)	0,519 (0,133)	0,002 (0,999)	0,753 (0,000)	0,665 (0,060)	0,151 (0,304)	0,613 (0,000)	0,250 (0,100)	0,002 (1,000)	0,057 (0,000)	0,352 (0,171)	0,079 (0,000)	0,084 (0,052)	0,405 (0,227)	0,002 (0,998)	0,056 (0,000)	0,464 (0,118)	0,012 (0,993)	-0,167 (1,000)	0,729 (0,084)
<i>Pachyurus adspersus</i>	0,065 (0,000)	0,250 (0,000)	0,736 (0,063)	0,052 (0,018)	0,267 (0,000)	0,615 (0,182)	0,010 (0,719)	0,272 (0,000)	0,596 (0,138)	0,014 (0,000)	-0,514 (1,000)	0,879 (0,065)	0,031 (0,000)	-0,501 (1,000)	0,869 (0,096)	0,013 (0,479)	-0,529 (1,000)	0,909 (0,054)	0,008 (0,704)	-0,570 (1,000)	0,963 (0,056)
<i>Poecilia vivipara</i>	0,094 (0,000)	0,436 (0,000)	0,588 (0,103)	0,098 (0,000)	0,218 (0,000)	0,741 (0,189)	0,140 (0,000)	0,324 (0,000)	0,482 (0,138)	0,154 (0,000)	-0,238 (1,000)	0,679 (0,162)	0,076 (0,000)	-0,083 (1,000)	0,585 (0,102)	0,060 (0,000)	0,123 (0,000)	0,407 (0,150)	0,116(0,000) (1,000)	-0,143 (1,000)	0,639 (0,061)

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$ para FST e FIS. Para G-W, valores abaixo de 7 são considerados significativos.

Os índices populacionais mostram baixa estruturação genética (F_{ST}) das espécies analisadas (Tabela 12), exceto para as populações da Corvina *P. adspersus*, do Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e do Barrigudinho *P. vivipara*, cuja estruturação populacional se mantém em níveis médios e significativos ao longo de todos os anos. 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 12). Os índices de endogamia (F_{IS}) se mostraram significantes e em níveis altos em todas as espécies do Ano 1 até o Ano 3. A partir do Ano 4 esses índices baixaram, mas continuaram significativos para *Astyanax lacustris*, *Deuterodon cf. intermedius* e *Knodus moenkhausii*. Para *P. adspersus* e *Poecilia vivipara* esses índices baixaram a partir do Ano 4 e não foram significativos, com exceção de *P. vivipara* no Ano 6. 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 dos valores de Garza-Williamson (utilizado para identificar gargalos populacionais) das sete espécies de peixes nativas analisadas no baixo rio Doce. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



* Na atualização desta figura para o RSE2025, em relação a figura do RA2024, o valor do índice de Garza-Williamson (G-W) do Ano 1 para a espécie *Deuterodon cf. intermedius* foi corrigido no input que gera os gráficos. No RA2024, com o valor incorreto do Ano 1, o gargalo populacional era considerado moderado, quando na verdade esse gargalo foi forte para essa espécie nesse ano. Isso não alterou o status dessa população em relação a perda de diversidade, uma vez que esta se mantém ao longo do monitoramento dentro do intervalo de gargalo populacional forte.

Para a maior parte das espécies analisadas, a redução das populações da ictiofauna do Baixo rio Doce não variou muito a partir do Ano 4, ou seja, não houve grande variação na amplitude dos índices G-W ao longo dos anos de monitoramento, com exceção do observado do Ano 1 para o 2 onde quatro das sete espécies tiveram suas populações reduzidas, e do Ano 2 para o 3, onde cinco espécies apresentaram redução (Figura 21). Do Ano 3 para o 4, a maioria das espécies apresentou aumento de suas populações, e naquelas onde ocorreu redução, a queda foi sutil (*Deuterodon cf. intermedius* e *Geophagus aff. brasiliensis*). Do Ano 4 para o 5, e desse para o Ano 6, a redução populacional das espécies foi menos evidente, com exceção de *Poecilia vivipara*, a qual apresentou redução populacional acentuada nesse período. Do Ano 6 para o Ano 7 todas as espécies mantiveram suas populações constantes, com exceção de *Astyanax lacustris* que apresentou aumento acentuado. No geral, as espécies parecem apresentar uma tendência de estabilização de suas populações a partir do Ano 3.

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

Tabela 13: Parâmetros genéticos gerais de *Astyanax lacustris* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Astyanax lacustris</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	P1B	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	P8B	26	12	35	0,7538 (0,0900)	0,009082 (0,004952)	-1,13201 (0,124)	-0,52037 (0,433)
COI	2	P9	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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)
COI	4	P1B	8	3	14	0,7143 (0,1227)	0,010608 (0,006403)	0,97049 (0,850)	4,87420 (0,980)
COI	4	P2	1	1	NA	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	4	P3	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000825 (0,001023)	-0,61237 (0,385)	0,17185 (0,339)
COI	4	P4	11	7	20	0,8909 (0,0740)	0,008701 (0,005137)	-1,03215 (0,153)	-0,21473 (0,435)
COI	4	P5	13	7	18	0,7308 (0,1332)	0,005543 (0,003414)	-1,78603 (0,026)	-0,79781 (0,317)
COI	4	P6	23	13	23	0,9012 (0,0503)	0,007096 (0,004066)	-1,15504 (0,117)	-3,64788 (0,048)
COI	4	P7	24	12	23	0,8225 (0,0741)	0,006511 (0,003766)	-1,32733 (0,081)	-2,81662 (0,098)
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)
COI	6	P1B	18	18	18	1,0000 (0,0185)	0,008078 (0,004617)	-0,24934 (0,448)	-1,34559 (0,262)
COI	6	P2	8	8	9	1,0000 (0,0625)	0,007308 (0,004589)	1,35125 (0,924)	-2,20135 (0,071)
COI	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P4	30	27	24	0,9931 (0,0105)	0,011964 (0,006545)	-0,12149 (0,503)	-5,50450 (0,022)
COI	6	P5	23	19	8	0,9842 (0,0170)	0,006677 (0,003947)	1,90260 (0,974)	-2,63683 (0,096)
COI	6	P6	30	26	11	0,9885 (0,0126)	0,007184 (0,004180)	0,90374 (0,838)	-5,47987 (0,011)
COI	6	P7	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	6	P8B	27	26	19	0,9972 (0,0111)	0,010277 (0,005609)	0,93220 (0,852)	-2,79538 (0,135)
COI	6	P10	27	25	12	0,9943 (0,0119)	0,006309 (0,003766)	-0,02375 (0,539)	-7,25261 (0,001)
COI	6	P11	11	11	16	1,0000 (0,0388)	0,009901 (0,005768)	0,43843 (0,699)	1,19136 (0,721)

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)
COI	6	P12	10	10	11	1,0000 (0,0447)	0,008797 (0,005384)	0,43568 (0,698)	-1,12411 (0,228)
COI	7	LAL01	19	5	17	0,4620 (0,1358)	0,003821 (0,002443)	-1,98477 (0,010)	1,01526 (0,722)
COI	7	LLM03R	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,003300 (0,004042)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,373)
COI	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LVN02R	30	7	23	0,5816 (0,0962)	0,003778 (0,002371)	-2,13974 (0,003)	-0,02228 (0,535)
COI	7	RDO11	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	7	RDO12	6	3	3	0,7333 (0,1552)	0,001980 (0,001683)	-0,44736 (0,382)	0,11694 (0,444)
COI	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	7	4	2	0,8095 (0,1298)	0,001179 (0,001139)	-0,51548 (0,318)	1,20648 (0,654)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	13	3	4	0,4103 (0,1539)	0,001650 (0,001333)	-0,76149 (0,256)	0,77392 (0,662)
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	7	UHEMAS	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	7	E27	20	5	9	0,6158 (0,1064)	0,002397 (0,001697)	-1,46974 (0,057)	-0,16153 (0,452)
CYTB	1	P1	13	6	26	0,7179 (0,1279)	0,006996 (0,004050)	-1,52839 (0,055)	1,52552 (0,774)
CYTB	1	P2	27	9	14	0,6895 (0,0961)	0,002678 (0,001778)	-1,73148 (0,027)	-2,88999 (0,043)
CYTB	1	P3	29	10	44	0,5320 (0,1133)	0,004563 (0,002661)	-2,55074 (0,0001)	-0,93325 (0,355)
CYTB	1	P4	8	2	1	0,2500 (0,1802)	0,000323 (0,000458)	-1,05482 (0,215)	-0,18197 (0,204)
CYTB	1	P5	30	21	6	0,9609 (0,0218)	0,001246 (0,001007)	-1,23366 (0,101)	-2,11162 (0,068)
CYTB	1	P6	30	24	14	0,9770 (0,0172)	0,001900 (0,001318)	-1,94995 (0,010)	-3,47533 (0,017)
CYTB	1	P7	28	23	12	0,9788 (0,0183)	0,001858 (0,001299)	-1,76920 (0,019)	-6,48408 (0,0002)
CYTB	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	-2,11727 (0,004)	-0,81302 (0,372)
CYTB	2	P1	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,000880 (0,001244)	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	16	11	15	0,9083 (0,0633)	0,001841 (0,001215)	-2,10476 (0,004)	-7,29465 (0,0001)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000440 (0,000546)	-0,61237 (0,380)	0,17185 (0,337)
CYTB	2	P6	22	11	15	0,7143 (0,1080)	0,001273 (0,000898)	-2,33864 (0,0005)	-7,59503 (<0,0001)
CYTB	2	P7	5	4	33	0,9000 (0,1610)	0,011961 (0,007597)	-1,05954 (0,121)	2,11274 (0,780)
CYTB	2	P8B	26	15	46	0,8800 (0,0577)	0,004894 (0,002706)	-2,05116 (0,007)	-3,63070 (0,068)
CYTB	2	P9	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	4	4	54	1,0000 (0,1768)	0,028436 (0,018957)	0,19289 (0,714)	1,54907 (0,490)

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)
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)
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)

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)
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)
CYTB	6	P1B	18	13	37	0,9281 (0,0518)	0,008554 (0,004709)	-1,38485 (0,067)	-1,89232 (0,189)
CYTB	6	P2	10	8	12	0,9333 (0,0773)	0,005301 (0,003232)	0,16842 (0,606)	0,08785 (0,492)
CYTB	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P4	29	18	38	0,9458 (0,0244)	0,008198 (0,004427)	-1,10255 (0,131)	-0,55990 (0,437)
CYTB	6	P5	25	15	16	0,9267 (0,0325)	0,005477 (0,003103)	0,26593 (0,655)	-2,00740 (0,195)
CYTB	6	P6	34	22	31	0,9091 (0,0419)	0,005598 (0,003128)	-1,36678 (0,072)	-7,46726 (0,002)
CYTB	6	P7	1	1	0	1,0000 (0,0000)	NA	NA	NA
CYTB	6	P8B	27	14	26	0,8917 (0,0447)	0,007864 (0,004273)	-0,11800 (0,499)	0,38875 (0,595)
CYTB	6	P10	29	17	33	0,9187 (0,0355)	0,006195 (0,003441)	-1,42342 (0,057)	-5,55199 (0,015)
CYTB	6	P11	11	9	28	0,9455 (0,0659)	0,010023 (0,005641)	-0,22650 (0,442)	-1,10884 (0,236)
CYTB	6	P12	11	6	20	0,8364 (0,0887)	0,006704 (0,003923)	-0,71849 (0,250)	2,30126 (0,863)
CYTB	7	LAL01	19	6	46	0,4678 (0,1396)	0,004801 (0,002702)	-2,39383 (0,000)	2,82687 (0,902)
CYTB	7	LLM03R	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LVN02R	30	15	42	0,8575 (0,0570)	0,003916 (0,002252)	-2,35140 (0,000)	-1,25693 (0,307)
CYTB	7	RDO11	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	6	3	12	0,6000 (0,2152)	0,003556 (0,002385)	-1,45326 (0,021)	2,43661 (0,800)
CYTB	7	RDO14	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO15	7	4	4	0,7143 (0,1809)	0,001018 (0,000852)	-1,43414 (0,058)	-1,21660 (0,069)
CYTB	7	RDO16	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	13	9	19	0,9359 (0,0507)	0,004879 (0,002856)	-0,83490 (0,209)	-0,75800 (0,334)
CYTB	7	RMH01	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEMAS	3	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	20	8	15	0,6474 (0,1201)	0,002363 (0,001498)	-1,60931 (0,039)	-0,67421 (0,367)
MYH6	1	P1	15	2	1	NA	0,000133 (0,000313)	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)
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	P8B	26	3	2	NA	0,000226 (0,000410)	NA	NA
MYH6	2	P9	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P1B	6	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P2	17	3	2	NA	0,000234 (0,000421)	NA	NA
MYH6	3	P3	5	3	4	NA	0,001594 (0,001415)	NA	NA
MYH6	3	P4	10	4	3	NA	0,000596 (0,000724)	NA	NA
MYH6	3	P5	15	2	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P6	30	4	7	NA	0,000464 (0,000606)	NA	NA
MYH6	3	P7	30	2	1	NA	0,000066 (0,000215)	NA	NA
MYH6	3	P8B	4	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P9	15	4	3	NA	0,001197 (0,001091)	NA	NA
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

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)
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
MYH6	6	P1B	17	7	1	NA	0,000116 (0,000289)	NA	NA
MYH6	6	P2	8	4	4	NA	0,001163 (0,001088)	NA	NA
MYH6	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P4	27	9	6	NA	0,001813 (0,001399)	NA	NA
MYH6	6	P5	23	9	2	NA	0,000252 (0,000433)	NA	NA
MYH6	6	P6	28	10	6	NA	0,001162 (0,001039)	NA	NA
MYH6	6	P7	1	2	3	NA	0,005736 (0,006624)	NA	NA
MYH6	6	P8B	27	9	5	NA	0,001853 (0,001421)	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)
MYH6	6	P10	27	14	6	NA	0,000645 (0,000734)	NA	NA
MYH6	6	P11	11	7	5	NA	0,002525 (0,001823)	NA	NA
MYH6	6	P12	11	8	4	NA	0,000883 (0,000986)	NA	NA
MYH6	7	LAL1	19	4	9	NA	0,000820 (0,000781)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	4	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	30	3	8	NA	0,000418 (0,000516)	NA	NA
MYH6	7	RDO11	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	RDO12	6	2	1	NA	0,000475 (0,000595)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO15	7	2	1	NA	0,000224 (0,000385)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	13	4	2	NA	0,000282 (0,000453)	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	E27	20	2	1	NA	0,000078 (0,000211)	NA	NA
GLYT	1	P1	13	15	9	NA	0,003070 (0,001892)	NA	NA
GLYT	1	P2	26	11	12	NA	0,001923 (0,001282)	NA	NA
GLYT	1	P3	40	31	33	NA	0,004172 (0,002378)	NA	NA
GLYT	1	P4	8	7	8	NA	0,002830 (0,001818)	NA	NA
GLYT	1	P5	32	12	11	NA	0,001911 (0,001272)	NA	NA
GLYT	1	P6	30	22	16	NA	0,003713 (0,002164)	NA	NA
GLYT	1	P7	28	23	14	NA	0,003997 (0,002306)	NA	NA
GLYT	1	P8	29	21	15	NA	0,004115 (0,002362)	NA	NA
GLYT	2	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

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	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P6	19	16	20	NA	0,003155 (0,001922)	NA	NA
GLYT	2	P7	8	9	23	NA	0,010533 (0,005741)	NA	NA
GLYT	2	P8B	22	17	14	NA	0,003179 (0,001915)	NA	NA
GLYT	2	P9	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	2	NA	NA	NA	NA	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

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	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
GLYT	6	P1B	18	21	10	NA	0,003113 (0,002053)	NA	NA
GLYT	6	P2	9	11	14	NA	0,004282 (0,002628)	NA	NA
GLYT	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P4	26	31	23	NA	0,005134 (0,002950)	NA	NA
GLYT	6	P5	19	19	17	NA	0,003358 (0,002077)	NA	NA
GLYT	6	P6	29	32	14	NA	0,005032 (0,003160)	NA	NA
GLYT	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	24	28	20	NA	0,004447 (0,002612)	NA	NA
GLYT	6	P10	25	33	32	NA	0,005361 (0,002976)	NA	NA
GLYT	6	P11	11	14	11	NA	0,003050 (0,001961)	NA	NA
GLYT	6	P12	6	8	5	NA	0,003047 (0,002043)	NA	NA
GLYT	7	LAL01	19	17	28	NA	0,003026 (0,002242)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	2	4	8	NA	0,004937 (0,003692)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	30	15	18	NA	0,001892 (0,001263)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	2	3	7	NA	0,004147 (0,003171)	NA	NA
GLYT	7	RDO12	6	8	9	NA	0,003483 (0,002207)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Astyanax lacustris</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	7	RDO15	7	4	5	NA	0,000990 (0,000840)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	13	10	19	NA	0,002541 (0,001625)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	1	1	1	NA	0,001185 (0,001676)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	3	5	6	NA	0,003081 (0,002206)	NA	NA
GLYT	7	E27	20	12	14	NA	0,002279 (0,001470)	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Os resultados do gene nuclear Myh6 mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie Lambari *Astyanax lacustris*, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de amostragem (Tabela 13). Para o gene nuclear Glyt, os resultados mostraram uma variabilidade genética maior, semelhante àquela observada para os genes mitocondriais a partir do Ano 3. Esses resultados eram esperados, uma vez que os genes nucleares têm uma taxa de mutação mais lenta em comparação com os genes mitocondriais. No geral, essa espécie apresenta uma tendência de melhora dos índices de diversidade ao longo dos anos do monitoramento. A queda dos índices de diversidade do Ano 7 necessita ser confirmada com a inclusão das amostras das próximas coletas, do período seco.

Tabela 14: Parâmetros genéticos gerais de *Deuterodon cf. intermedius* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P8B	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
COI	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P7	22	15	25	0,9524 (0,0291)	0,011810 (0,006360)	0,67392 (0,795)	-2,92587 (0,106)
COI	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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)
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
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
COI	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P2	22	5	7	0,3377 (0,1278)	0,001773 (0,001373)	-1,48310 (0,057)	-0,91576 (0,258)
COI	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P4	26	11	13	0,8769 (0,0391)	0,004920 (0,002980)	-0,54822 (0,327)	0,41882 (0,615)
COI	6	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P8B	23	11	8	0,8735 (0,0476)	0,004260 (0,002742)	-0,04963 (0,530)	-3,72132 (0,017)
COI	6	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Deuterodon cf. intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL01	19	9	18	0,9121 (0,0593)	0,017130 (0,009692)	0,54666 (0,743)	2,32411 (0,862)
COI	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	15	9	19	0,8762 (0,0697)	0,012941 (0,007316)	0,17584 (0,621)	1,33650 (0,761)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	11	6	35	0,7273 (0,1444)	0,012496 (0,007122)	-1,66973 (0,033)	1,86358 (0,812)
CYTB	1	P3	29	10	29	0,6552 (0,0982)	0,006003 (0,003438)	-1,65721 (0,030)	-0,47027 (0,445)
CYTB	1	P4	27	10	39	0,6496 (0,1029)	0,009034 (0,004858)	-1,02730 (0,152)	1,59030 (0,773)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	26	8	43	0,8092 (0,0571)	0,014312 (0,007507)	-0,24269 (0,454)	5,40379 (0,968)
CYTB	1	P8	18	8	55	0,7516 (0,1031)	0,012975 (0,006878)	-0,97397 (0,168)	3,79307 (0,935)
CYTB	2	P1B	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)

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	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	P8B	18	17	77	0,9935 (0,0210)	0,016728 (0,008694)	-0,62798 (0,288)	-4,10053 (0,040)
CYTB	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P7	30	17	46	0,8966 (0,0442)	0,010730 (0,005575)	-0,11018 (0,516)	-0,97448 (0,375)
CYTB	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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	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
CYTB	6	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P2	26	9	19	0,8185 (0,0458)	0,007985 (0,004804)	-1,43304 (0,060)	-0,25345 (0,484)
CYTB	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P4	26	13	25	0,8554 (0,0559)	0,014527 (0,008055)	-0,63282 (0,294)	-0,42451 (0,450)
CYTB	6	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P8B	29	8	5	0,7488 (0,0557)	0,002377 (0,001904)	-0,83546 (0,226)	-0,98254 (0,247)
CYTB	6	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LAL01	6	6	37	1,0000 (0,0962)	0,017834 (0,010750)	-0,26374 (0,433)	3,57602 (0,935)
CYTB	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO15	8	8	29	1,0000 (0,0625)	0,010271 (0,06019)	-0,86499 (0,223)	-0,58361 (0,299)

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	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	4	3	2	NA	0,001352 (0,001303)	NA	NA
MYH6	1	P2	12	15	15	NA	0,007918 (0,004575)	NA	NA
MYH6	1	P3	30	37	16	NA	0,007686 (0,004343)	NA	NA
MYH6	1	P4	27	26	17	NA	0,007731 (0,004373)	NA	NA
MYH6	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P2	2	3	4	NA	0,004980 (0,004009)	NA	NA
MYH6	2	P3	30	26	17	NA	0,008606 (0,004790)	NA	NA
MYH6	2	P4	28	26	19	NA	0,007345 (0,004182)	NA	NA
MYH6	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P7	6	9	12	NA	0,008964 (0,005343)	NA	NA
MYH6	2	P8B	18	22	14	NA	0,008683 (0,004883)	NA	NA
MYH6	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
MYH6	6	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Deuterodon cf. intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	6	P2	12	18	23	NA	0,011248 (0,006225)	NA	NA
MYH6	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P4	27	33	32	NA	0,010750 (0,005817)	NA	NA
MYH6	6	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	26	34	25	NA	0,009127 (0,005047)	NA	NA
MYH6	6	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LAL01	11	12	10	NA	0,004017 (0,002500)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	4	7	18	NA	0,011275 (0,006809)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	11	16	28	NA	0,013455 (0,007302)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	4	3	2	NA	0,001477 (0,001356)	NA	NA
GLYT	1	P2	12	15	16	NA	0,004781 (0,002967)	NA	NA
GLYT	1	P3	30	25	21	NA	0,004459 (0,002732)	NA	NA
GLYT	1	P4	27	23	17	NA	0,004328 (0,002672)	NA	NA

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)
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	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

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)
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
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
GLYT	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	17	20	17	NA	0,006286 (0,003678)	NA	NA
GLYT	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P4	28	25	21	NA	0,006286 (0,003678)	NA	NA
GLYT	6	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	30	27	24	NA	0,004817 (0,002910)	NA	NA
GLYT	6	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Deuterodon cf. intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	7	LAL1	15	16	17	NA	0,004566 (0,002851)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO14	4	5	6	NA	0,003074 (0,002208)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	14	17	9	NA	0,003649 (0,002394)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para *Deuterodon cf. intermedius*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7). 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 14). 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, esse resultado é apoiado pelos dados do Índice G-W (com dados de microssatélites) que mostram uma queda na redução populacional dessa espécie a partir do Ano 2 (Tabela 14). *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 MLD na calha do rio Doce.

Tabela 15: Parâmetros genéticos gerais de *Geophagus aff. brasiliensis* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também foi especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P1B	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	P8B	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P1B	0	NA	NA	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	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P9	10	3	4	0,6000 (0,1305)	0,002920 (0,002044)	1,41032 (0,925)	1,89868 (0,847)
COI	3	P10	22	11	42	0,8658 (0,0519)	0,025049 (0,012969)	1,42156 (0,948)	3,00050 (0,891)
COI	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	2	1	0	NA	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	15	2	1	0,1333 (0,1123)	0,000202 (0,000357)	-1,15945 (0,158)	-0,64899 (0,109)
COI	4	P6	24	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	29	7	40	0,7759 (0,0569)	0,024004 (0,012274)	2,05792 (0,989)	11,61934 (0,997)
COI	4	P8B	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,001996 (0,002823)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,247)
COI	4	P9	19	4	5	0,5906 (0,0882)	0,003243 (0,002106)	1,54301 (0,943)	1,90890 (0,853)
COI	4	P10	6	2	2	0,3333 (0,2152)	0,001010 (0,001027)	-1,13197 (0,150)	0,95213 (0,619)
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
COI	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P3	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P4	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P5	24	6	2	0,6413 (0,0988)	0,000370 (0,000576)	-1,51469 (0,038)	-0,19190 (0,185)
COI	6	P6	27	4	0	0,3333 (0,1105)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P7	30	11	25	0,6046 (0,1054)	0,018779 (0,009945)	1,20732 (0,911)	14,58814 (0,999)
COI	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P10	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P11	13	9	26	0,9359 (0,0507)	0,029459 (0,015942)	2,53370 (0,999)	6,68533 (0,990)
COI	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LLM03R	17	2	0	0,1176 (0,1012)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LMN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LVN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	7	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	17	2	2	0,5147 (0,0592)	0,002127 (0,001670)	1,84764 (0,978)	2,84839 (0,899)
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	E27	0	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	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	13	7	29	0,7949 (0,1091)	0,004905 (0,002807)	-1,53123 (0,057)	0,79248 (0,659)
CYTB	3	P3	28	15	95	0,8889 (0,0497)	0,022982 (0,011577)	0,12256 (0,613)	3,60922 (0,917)
CYTB	3	P4	7	7	88	1,0000 (0,0764)	0,031938 (0,018163)	0,59317 (0,759)	0,42314 (0,361)
CYTB	3	P5	30	11	47	0,7448 (0,0821)	0,006603 (0,003524)	-1,31899 (0,081)	1,41116 (0,742)
CYTB	3	P6	29	7	76	0,6453 (0,0942)	0,014838 (0,007561)	-0,42451 (0,373)	12,53678 (0,999)
CYTB	3	P7	21	12	88	0,8524 (0,0710)	0,024147 (0,012300)	0,46868 (0,733)	4,20595 (0,952)
CYTB	3	P9	10	7	41	0,9111 (0,0773)	0,010417 (0,005823)	-0,77614 (0,224)	1,33987 (0,720)
CYTB	3	P10	21	13	82	0,9333 (0,0350)	0,031513 (0,015964)	2,10381 (0,995)	4,17497 (0,949)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	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
CYTB	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P3	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P4	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P5	24	24	27	1,0000 (0,0120)	0,005667 (0,003130)	-0,72669 (0,250)	-3,93495 (0,052)
CYTB	6	P6	27	17	12	0,9259 (0,0386)	0,003272 (0,001910)	0,48958 (0,730)	0,43365 (0,622)
CYTB	6	P7	30	27	78	0,9908 (0,0122)	0,025430 (0,012759)	1,32194 (0,939)	7,15566 (0,984)
CYTB	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P10	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P11	13	12	78	0,9872 (0,0354)	0,036346 (0,019003)	2,61757 (1,000)	8,32359 (0,996)
CYTB	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LLM03R	5	5	7	1,0000 (0,1265)	0,002693 (0,002058)	-2,19897 (0,000)	2,93076 (0,898)
CYTB	7	LMN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	7	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	11	9	14	0,9455 (0,0659)	0,006689 (0,003938)	0,58855 (0,750)	3,61586 (0,948)
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P2	45	2	65	NA	0,027475 (0,013696)	NA	NA
MYH6	1	P3	27	2	71	NA	0,028192 (0,014145)	NA	NA
MYH6	1	P4	34	2	22	NA	0,009821 (0,005276)	NA	NA
MYH6	1	P5	10	4	22	NA	0,017447 (0,009847)	NA	NA
MYH6	1	P6	14	18	44	NA	0,027019 (0,013830)	NA	NA
MYH6	1	P7	6	11	44	NA	0,028824 (0,015199)	NA	NA
MYH6	1	P8	17	15	52	NA	0,024069 (0,012310)	NA	NA
MYH6	2	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
MYH6	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P3	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P4	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P5	22	14	33	NA	0,015514 (0,008280)	NA	NA
MYH6	6	P6	19	12	35	NA	0,023229 (0,012046)	NA	NA
MYH6	6	P7	25	30	33	NA	0,023425 (0,012057)	NA	NA
MYH6	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P10	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P11	8	6	4	NA	0,001126 (0,001132)	NA	NA
MYH6	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	4	3	31	NA	0,023744 (0,013654)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	1	2	1	NA	0,001821 (0,002576)	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	7	RDO15	3	6	38	NA	0,032698 (0,019566)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	11	13	38	NA	0,009261 (0,005214)	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P2	59	22	27	NA	0,002905 (0,001761)	NA	NA
GLYT	1	P3	41	16	14	NA	0,001240 (0,000929)	NA	NA
GLYT	1	P4	55	13	11	NA	0,000723 (0,000645)	NA	NA
GLYT	1	P5	27	8	6	NA	0,000271 (0,000362)	NA	NA
GLYT	1	P6	30	10	8	NA	0,000820 (0,000705)	NA	NA
GLYT	1	P7	26	14	10	NA	0,001336 (0,000987)	NA	NA
GLYT	1	P8	25	10	18	NA	0,005614 (0,003108)	NA	NA
GLYT	2	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

Geophagus aff. brasiliensis

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
GLYT	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P3	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P4	1	2	2	NA	0,002882 (0,003530)	NA	NA
GLYT	6	P5	20	6	3	NA	0,000216 (0,000347)	NA	NA
GLYT	6	P6	14	10	3	NA	0,000741 (0,000717)	NA	NA
GLYT	6	P7	18	8	3	NA	0,000318 (0,000432)	NA	NA
GLYT	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P10	1	2	2	NA	0,002878 (0,003524)	NA	NA
GLYT	6	P11	13	13	5	NA	0,001931 (0,001379)	NA	NA
GLYT	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	17	9	13	NA	0,001577 (0,001179)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	1	2	2	NA	0,002421 (0,002965)	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	1	2	4	NA	0,004843 (0,005414)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

<i>Geophagus aff. brasiliensis</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	7	RDO15	7	5	4	NA	0,002514 (0,001742)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	17	2	4	NA	0,000285 (0,000376)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	1	2	1	NA	0,001211 (0,001712)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando valor de $P < 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

No caso do Acará *Geophagus aff. brasiliensis*, os haplótipos dos genes COI e Cytb mostram valores levemente mais altos a partir do Ano 3 (Tabela 15). A comparação do número de haplótipos entre os pontos de coleta mostrou pouca variação, porém com um número de haplótipos mais alto nos pontos P3, P5 e P7. 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 P2 e P6 ao longo dos seis anos do monitoramento. A heterogeneidade dos índices de diversidade observada entre os pontos de coleta é indicativa da existência de mais de uma linhagem presente na área de amostragem, como apontado pelos resultados do DNA *Barcode*. 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. Embora essa espécie apresente linhagens geneticamente diferenciadas, a variabilidade genética dessas linhagens parece não ter sido drasticamente afetada, uma vez que essa diversidade se mantém em níveis adequados desde o início do monitoramento. No entanto, é essencial a separação dessas linhagens genéticas para análises populacionais individuais, para que se tenha a real noção da variabilidade dentro de cada uma e estratégias de conservação que contemplem essa diversidade.

Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais de *Hoplias malabaricus* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	3	2	3	0,6667 (0,3143)	0,002825 (0,002663)	NA	NA
COI	1	P3	10	3	5	0,3778 (0,1813)	0,001412 (0,001170)	-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	P1B	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	P8B	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P1B	0	NA	NA	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	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
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)
COI	6	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P5	6	3	1	0,7333 (0,1552)	0,000575 (0,000704)	-0,33849 (0,281)	NA
COI	6	P6	3	2	1	0,6667 (0,3143)	0,000958 (0,001195)	0,00000 (1,000)	0,20067 (0,390)
COI	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P10	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	4	3	3	0,8333 (0,2224)	0,002443 (0,002180)	-0,75445 (0,228)	1,71605 (0,750)
COI	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LLM03R	6	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LMN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LVN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	UHEMAS	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	E27	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P8	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P1B	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

Hoplias malabaricus

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	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	P8B	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P3	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P4	2	2	9	1,0000 (0,5000)	0,008174 (0,008617)	0,00000 (1,000)	2,19722 (0,542)
CYTB	3	P5	5	5	45	1,0000 (0,1265)	0,018685 (0,011666)	0,00000 (0,552)	0,61055 (0,386)
CYTB	3	P6	6	6	52	1,0000 (0,0962)	0,021137 (0,012584)	-0,19906 (0,456)	0,13189 (0,318)
CYTB	3	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
CYTB	6	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P5	5	5	65	1,0000 (0,1265)	0,033040 (0,020456)	-0,29119 (0,477)	0,98322 (0,432)
CYTB	6	P6	2	2	25	1,0000 (0,5000)	0,023408 (0,023872)	0,00000 (1,000)	3,21888 (0,592)
CYTB	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P10	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	4	4	33	1,0000 (0,1768)	0,022349 (0,015022)	2,01320 (0,975)	1,19247 (0,463)
CYTB	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P2	3	2	1	NA	0,000537 (0,000707)	NA	NA
MYH6	1	P3	9	3	2	NA	0,001021 (0,000935)	NA	NA
MYH6	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P5	17	2	1	NA	0,000689 (0,000710)	NA	NA
MYH6	1	P6	34	3	2	NA	0,000941 (0,000850)	NA	NA
MYH6	1	P7	11	3	2	NA	0,001067 (0,000952)	NA	NA
MYH6	1	P8	9	5	11	NA	0,007172 (0,004149)	NA	NA
MYH6	2	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	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

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	3	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
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
MYH6	6	P1B	1	2	1	NA	0,001953 (0,002762)	NA	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P5	6	6	1	NA	0,000404 (0,000655)	NA	NA
MYH6	6	P6	3	3	1	NA	0,001022 (0,001123)	NA	NA
MYH6	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P10	1	2	1	NA	0,001610 (0,002277)	NA	NA
MYH6	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	4	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	6	2	1	NA	0,000785 (0,000815)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	2	2	1	NA	0,001079 (0,001211)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	E27	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P2	3	2	2	NA	0,001294 (0,001137)	NA	NA
GLYT	1	P3	10	7	10	NA	0,004388 (0,002593)	NA	NA
GLYT	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	P1B	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	P8B	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

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	4	P5	11	3	2	NA	0,000557(0,000568)	NA	NA
GLYT	4	P6	11	3	2	NA	0,000557 (0,000568)	NA	NA
GLYT	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P1B	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
GLYT	6	P1B	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P5	5	9	8	NA	0,004425 (0,002834)	NA	NA
GLYT	6	P6	3	5	9	NA	0,006638 (0,004370)	NA	NA
GLYT	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P10	1	2	3	NA	0,003641 (0,004204)	NA	NA
GLYT	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	4	6	6	NA	0,003150 (0,002207)	NA	NA

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	7	LAL1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	6	2	1	NA	0,000644 (0,000647)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO14	2	2	1	NA	0,000607 (0,000752)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	E27	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Também para a Traíra *Hoplias malabaricus*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7) (Tabela 16). 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, onde são observados os valores mais baixos de diversidade genética dessa espécie, e também uma maior variação entre os pontos de coleta. Esse índice começa a mostrar valores mais altos a partir do Ano 2, os quais se mantêm nos anos subsequentes, caindo novamente no Ano 7. 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 *Barcode*. Os resultados negativos das estatísticas D de Tajima e FS de Fu para o ponto P7 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 17: Parâmetros genéticos gerais de *Knodus moenkhausii* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Knodus moenkhausii</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	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	P1B	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	P8B	22	7	8	0,5411 (0,1253)	0,001586 (0,001198)	-1,48310 (0,060)	-2,91502 (0,013)
COI	2	P9	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
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	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	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)
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
COI	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P2	29	3	2	0,6256 (0,0480)	0,001260 (0,001059)	1,03332 (0,855)	0,93063 (0,692)
COI	6	P3	8	3	0	0,4643 (0,2000)	0,000415 (0,000629)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P4	28	3	2	0,5423 (0,0690)	0,001043 (0,000937)	0,48168 (0,737)	0,49248 (0,570)
COI	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	6	P8B	29	3	2	0,1970 (0,0952)	0,000655 (0,000758)	-0,74835 (0,272)	-0,77066 (0,194)
COI	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL1	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,003300 (0,004042)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,372)
COI	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	14	2	2	0,1429 (0,1188)	0,000471 (0,000598)	-1,48074 (0,063)	0,29648 (0,326)
COI	7	RDO14	3	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	14	3	2	0,2747 (0,1484)	0,000471 (0,000598)	-1,48074 (0,060)	0,29648 (0,332)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	E27	1	1	0	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	P1B	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)

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	P8B	17	9	29	0,8456 (0,0699)	0,003566 (0,002088)	-2,09976 (0,005)	-1,20485 (0,265)
CYTB	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	3	P9	3	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P10	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
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)	0,003213 (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)
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

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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
CYTB	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P2	12	7	2	0,8333 (0,1002)	0,001005 (0,000870)	0,68788 (0,792)	1,96110 (0,801)
CYTB	6	P3	8	5	1	0,7857 (0,1508)	0,000044 (0,000153)	-2,72081 (0,000)	NA
CYTB	6	P4	13	5	3	0,7564 (0,0974)	0,000876 (0,000786)	-0,81370 (0,251)	0,11793 (0,434)
CYTB	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LAL1	2	2	6	1,0000 (0,5000)	0,006623 (0,007153)	0,00000 (1,000)	1,79176 (0,515)
CYTB	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	15	3	5	0,3619 (0,1448)	0,000747 (0,000645)	-1,66013 (0,035)	0,41436 (0,551)
CYTB	7	RDO14	4	3	0	0,8333 (0,2224)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO15	15	4	5	0,3714 (0,1532)	0,000910 (0,000788)	-1,68103 (0,033)	0,38994 (0,537)
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	1	1	0	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	P1B	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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	3	P1B	23	8	8	NA	0,001122 (0,000918)	NA	NA
MYH6	3	P2	26	5	2	NA	0,000585 (0,000604)	NA	NA
MYH6	3	P3	17	6	2	NA	0,001038 (0,000878)	NA	NA
MYH6	3	P4	23	6	3	NA	0,000849 (0,000764)	NA	NA
MYH6	3	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P7	25	8	3	NA	0,000677 (0,000661)	NA	NA
MYH6	3	P8B	27	5	3	NA	0,000816 (0,000741)	NA	NA
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

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	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
MYH6	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P2	31	18	7	NA	0,002903 (0,001956)	NA	NA
MYH6	6	P3	9	9	3	NA	0,001212 (0,001122)	NA	NA
MYH6	6	P4	28	15	6	NA	0,002344 (0,001673)	NA	NA
MYH6	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	30	16	6	NA	0,002589 (0,001797)	NA	NA
MYH6	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LAL01	3	3	53	NA	0,039022 (0,023092)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	14	6	5	NA	0,001469 (0,001187)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	3	3	2	NA	0,001132 (0,001151)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	15	5	2	NA	0,000894 (0,000855)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	7	E27	1	2	2	NA	0,002821 (0,003455)	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	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P2	23	7	3	NA	0,000715 (0,000645)	NA	NA
GLYT	2	P3	32	4	3	NA	0,000731 (0,000648)	NA	NA
GLYT	2	P4	27	6	5	NA	0,000817 (0,000699)	NA	NA
GLYT	2	P5	28	5	4	NA	0,000748 (0,000659)	NA	NA
GLYT	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P7	18	4	2	NA	0,000854 (0,000726)	NA	NA
GLYT	2	P8B	23	5	3	NA	0,000618 (0,000586)	NA	NA
GLYT	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	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
GLYT	5	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	22	20	7	NA	0,002428 (0,001607)	NA	NA
GLYT	6	P3	8	4	3	NA	0,000681 (0,000650)	NA	NA
GLYT	6	P4	27	23	11	NA	0,002306 (0,001538)	NA	NA
GLYT	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	29	16	6	NA	0,001569 (0,001157)	NA	NA
GLYT	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LAL01	3	4	49	NA	0,034492 (0,020447)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	15	5	3	NA	0,000644 (0,000608)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	4	4	2	NA	0,000879 (0,000847)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	15	7	7	NA	0,001073 (0,000852)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	E27	1	1	0	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando valor de $p < 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para a espécie de Lambari *Knodus moenkhausii*, os resultados apresentados na Tabela 17 foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7). O número de haplótipos e sítios polimórficos mostram aumentos progressivos no gene COI a partir do Ano 4 para *K. moenkhausii*. Esse aumento é corroborado pelos índices de diversidade haplotípica e nucleotídica. Para o gene Cytb o aumento desses índices ocorre a partir do Ano 2. As estatísticas D de Tajima e FS de Fu apresentam valores negativos e significativos que sugerem que essa espécie passou por uma expansão populacional, o que é apoiado pelos índices de diversidade genética encontrados. 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 MLD pelo rio Doce. Isso pode estar relacionado com seu grande tamanho populacional e seu tempo de geração mais rápido.

Vale lembrar que, atualmente *Knodus moenkhausii* é considerada uma espécie introduzida na bacia do rio Doce (ver Seção 2.3.1 deste relatório). No entanto, resultados moleculares obtidos no âmbito desse projeto têm mostrado que a diversidade genética dessa espécie é superior àquela esperada para espécies introduzidas. Portanto, devido à indefinição do status da espécie (introduzida ou nativa) na bacia do rio Doce e para atender ao previsto no Plano de Trabalho de 2022, continuamos com as análises populacionais para a espécie.

Tabela 18: Parâmetros genéticos gerais de *Pachyurus adspersus* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	-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	P1B	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	P8B	18	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P9	3	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	1	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	P9	0	NA	NA	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

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	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
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)
COI	6	P1B	4	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P2	17	2	0	0,1176 (0,1012)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P3	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P4	6	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P6	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P8B	10	2	0	0,2000 (0,1541)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	10	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	1	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO12	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO14	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO15	15	2	0	0,1333 (0,1123)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	4	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	UHEMAS	6	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,328)	-0,34603 (0,311)
CYTB	1	P2	28	3	2	0,5000 (0,0699)	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	P1B	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)

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	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	P8B	18	2	1	0,1111 (0,0964)	0,000124 (0,000235)	-1,16467 (0,149)	-0,79427 (0,091)
CYTB	2	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	35	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P2	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P3	30	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P4	15	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P5	7	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P6	0	NA	NA	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	P9	0	NA	NA	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

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	4	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)
CYTB	6	P1B	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P2	12	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P3	11	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P4	6	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P6	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P8B	7	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	10	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	1	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	7	RDO12	7	2	0	0,2857 (0,1964)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO14	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO15	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	UHEMAS	6	2	0	0,3333 (0,2152)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	38	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P2	27	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P3	29	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P4	30	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P5	29	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P6	28	3	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P7	29	3	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	1	P8	30	5	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	2	P1B	19	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	3	P1B	33	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	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
MYH6	5	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	5	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P12	14	7	21	NA	0,002954 (0,001956)	NA	NA
MYH6	6	P1B	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P2	16	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P3	14	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P4	6	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P6	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	9	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	10	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	10	3	1	NA	0,000175 (0,000346)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	8	3	1	NA	0,000190 (0,000344)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	2	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	38	3	1	NA	0,000030 (0,000111)	NA	NA

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
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	2	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	0	NA	NA	NA	NA	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

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	4	P2	35	7	1	NA	0,000040 (0,000141)	NA	NA
GLYT	4	P3	29	5	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	4	P4	32	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	4	P5	10	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P8B	35	6	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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
GLYT	6	P1B	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P2	14	9	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P3	14	8	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P4	6	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P6	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	9	6	0	NA	0,000000 (0,000000)	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	6	P10	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	8	5	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RDO12	6	3	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	6	3	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	9	4	6	NA	0,001175 (0,001009)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para a Corvina *Pachyurus adspersus*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7) (Tabela 18). O número de haplótipos obtidos variou de 1 até no máximo 6 até o Ano 4, quando esse índice melhora chegando até 21 haplótipos no Ano 5. No Ano 6 e parcial 7 esse número reduz novamente. O número de sítios polimórficos também foi baixo nos quatro primeiros anos do monitoramento, indicando baixa variabilidade. No entanto, no Ano 5 esse índice melhora para o gene nuclear Myh6. As diversidades haplotípica e nucleotídica para o gene COI não puderam ser obtidas para a maioria dos pontos nos anos 2, 3 e 4 devido à baixa diversidade (todos os indivíduos compõem o mesmo haplótipo). Situação semelhante foi observada no Cytb para todos os pontos no Ano 3 e para alguns pontos no Ano 2. A estatística D de Tajima para COI do Ano 1 foi significativa, indicando expansão populacional recente. Os resultados dos genes nucleares (Myh6 e Glyt) mostram uma baixa variabilidade genética para a espécie, sem variações entre os pontos de coleta e ao longo dos anos. Além disso, não foram obtidos indivíduos dessa espécie em pelo menos seis 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 19: Parâmetros genéticos gerais de *Poecilia vivipara* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

<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	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	4	8	0,4437 (0,0999)	0,002839 (0,001831)	-0,01875 (0,537)	2,45799 (0,884)
COI	2	P3	30	4	7	0,6598 (0,0502)	0,004429 (0,002628)	2,28099 (0,990)	4,37402 (0,960)
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P10	2	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	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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	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)
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
COI	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P4	30	16	6	0,9103 (0,0349)	0,003610 (0,002443)	0,20004 (0,618)	3,10780 (0,925)
COI	6	P5	30	5	3	0,6115 (0,0510)	0,000573 (0,000730)	-1,55318 (0,023)	-1,17405 (0,147)
COI	6	P6	7	5	5	0,9048 (0,1033)	0,003606 (0,002762)	-1,02379 (0,176)	-0,53807 (0,228)
COI	6	P7	30	15	6	0,8920 (0,0432)	0,003553 (0,002414)	0,15240 (0,597)	1,69003 (0,825)
COI	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P10	32	10	5	0,7722 (0,0515)	0,001599 (0,001367)	-1,13232 (0,144)	-2,60045 (0,023)
COI	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL01	11	6	4	0,8727 (0,0707)	0,003127 (0,002274)	0,53079 (0,709)	0,21519 (0,514)
COI	7	LLM03R	26	4	4	0,5877 (0,0746)	0,001440 (0,001240)	-0,83657 (0,221)	0,73369 (0,624)
COI	7	LMN02R	15	6	3	0,7143 (0,1165)	0,002289 (0,001823)	0,28014 (0,680)	0,94806 (0,704)
COI	7	LVN02R	11	4	3	0,6727 (0,1232)	0,001855 (0,001556)	-0,32407 (0,350)	-0,89795 (0,124)
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	5	2	0	0,6000 (0,1753)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,442)
COI	7	RDO15	15	3	3	0,5143 (0,1164)	0,000800 (0,000880)	-1,68500 (0,029)	0,83419 (0,488)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	E27	0	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	P1B	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	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P1B	3	3	15	1,0000 (0,2722)	0,009242 (0,007290)	0,00000 (1,000)	1,13943 (0,472)
CYTB	3	P2	5	5	24	1,0000 (0,1265)	0,009649 (0,006194)	-0,33558 (0,465)	-0,21314 (0,270)
CYTB	3	P3	28	18	25	0,9497 (0,0254)	0,007627 (0,004058)	1,00935 (0,879)	-3,84948 (0,078)
CYTB	3	P4	30	21	31	0,9724 (0,0154)	0,007996 (0,004228)	0,37151 (0,703)	-6,18483 (0,019)
CYTB	3	P5	30	12	19	0,8828 (0,0313)	0,005036 (0,002776)	0,46466 (0,727)	-0,62479 (0,435)
CYTB	3	P6	2	2	9	1,0000 (0,5000)	0,007895 (0,008322)	0,00000 (1,000)	2,19722 (0,558)
CYTB	3	P7	29	20	31	0,9409 (0,0343)	0,007870 (0,004171)	0,28332 (0,679)	-5,47609 (0,032)
CYTB	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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	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
CYTB	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P4	30	24	29	0,9793 (0,0163)	0,009175 (0,004869)	0,44336 (0,729)	-2,43052 (0,188)
CYTB	6	P5	30	21	20	0,9655 (0,0193)	0,004949 (0,002773)	-0,23967 (0,456)	0,20208 (0,567)
CYTB	6	P6	7	7	13	1,0000 (0,0764)	0,005430 (0,003458)	-0,56168 (0,327)	-3,13004 (0,018)
CYTB	6	P7	30	28	31	0,9954 (0,0100)	0,008841 (0,004686)	0,24913 (0,659)	-3,18261 (0,128)
CYTB	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P10	32	27	19	0,9879 (0,0115)	0,006973 (0,003788)	1,02373 (0,877)	-4,62866 (0,047)
CYTB	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LAL01	11	3	10	0,4727 (0,1617)	0,004627 (0,002815)	0,86644 (0,829)	4,45609 (0,074)
CYTB	7	LLM03R	25	5	17	0,5233 (0,1087)	0,003393 (0,002041)	-1,17507 (0,113)	2,42921 (0,879)
CYTB	7	LMN02R	15	7	12	0,8381 (0,0680)	0,005738 (0,003306)	1,48286 (0,949)	3,02640 (0,920)
CYTB	7	LVN02R	11	6	17	0,8000 (0,1138)	0,006491 (0,003796)	-0,03122 (0,522)	2,31084 (0,866)
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	4	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO15	15	6	19	0,6476 (0,1338)	0,003368 (0,002088)	-1,99154 (0,008)	0,25192 (0,565)
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	E27	0	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	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P2	30	11	26	NA	0,003715 (0,002197)	NA	NA
MYH6	2	P3	30	16	28	NA	0,004810 (0,002731)	NA	NA
MYH6	2	P4	30	17	27	NA	0,005056 (0,002851)	NA	NA
MYH6	2	P5	30	3	19	NA	0,001359 (0,001015)	NA	NA
MYH6	2	P6	14	5	4	NA	0,001565 (0,001145)	NA	NA
MYH6	2	P7	28	11	31	NA	0,002951 (0,001824)	NA	NA
MYH6	2	P8B	1	2	12	NA	0,015504 (0,016137)	NA	NA
MYH6	2	P9	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	2	P10	2	1	NA	NA	NA	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

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	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
MYH6	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P4	27	17	5	NA	0,001869 (0,001361)	NA	NA
MYH6	6	P5	28	9	2	NA	0,000147 (0,000330)	NA	NA
MYH6	6	P6	4	4	3	NA	0,001179 (0,001099)	NA	NA
MYH6	6	P7	25	20	16	NA	0,002350 (0,001603)	NA	NA
MYH6	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P10	29	6	2	NA	0,000609 (0,000652)	NA	NA
MYH6	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LAL01	11	6	6	NA	0,001129 (0,000922)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	26	4	3	NA	0,000199 (0,000314)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	15	12	7	NA	0,002227 (0,001556)	NA	NA
MYH6	7	LVN02R	11	8	4	NA	0,001388 (0,001113)	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	5	4	5	NA	0,002057 (0,001508)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	15	10	8	NA	0,001697 (0,001216)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	E27	0	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	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P2	28	2	1	NA	0,000220 (0,000311)	NA	NA
GLYT	2	P3	29	4	3	NA	0,000291 (0,000364)	NA	NA
GLYT	2	P4	30	5	4	NA	0,000682 (0,000610)	NA	NA
GLYT	2	P5	30	2	1	NA	0,000367 (0,000417)	NA	NA
GLYT	2	P6	14	3	2	NA	0,000305 (0,000381)	NA	NA
GLYT	2	P7	28	3	2	NA	0,000642 (0,000588)	NA	NA
GLYT	2	P8B	1	2	2	NA	0,002257 (0,002765)	NA	NA
GLYT	2	P9	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P10	2	1	NA	NA	NA	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

Poecilia vivipara

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	4	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
GLYT	6	P1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P4	29	30	6	NA	0,001645 (0,001191)	NA	NA
GLYT	6	P5	29	28	3	NA	0,001405 (0,001068)	NA	NA
GLYT	6	P6	6	7	4	NA	0,001316 (0,001091)	NA	NA
GLYT	6	P7	29	31	3	NA	0,001359 (0,001041)	NA	NA
GLYT	6	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P10	30	26	5	NA	0,001326 (0,001022)	NA	NA
GLYT	6	P11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LAL01	11	4	3	NA	0,000674 (0,000624)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	26	2	1	NA	0,000384 (0,000429)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	15	9	5	NA	0,001117 (0,000925)	NA	NA
GLYT	7	LVN02R	11	4	4	NA	0,000762 (0,000676)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO14	5	2	1	NA	0,000401 (0,000479)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	15	3	2	NA	0,000636 (0,000593)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

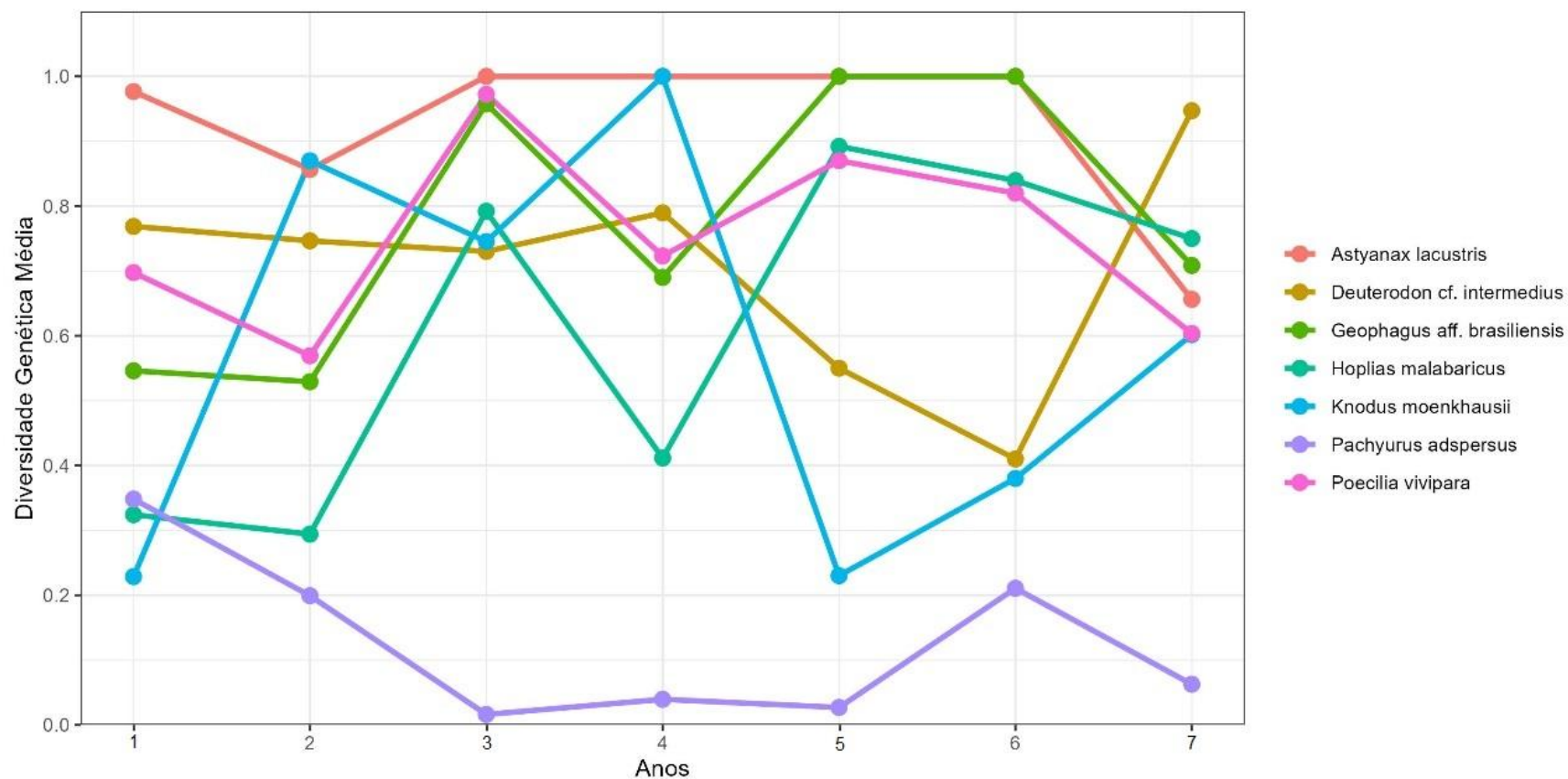
<i>Poecilia vivipara</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	7	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. Casos em que os valores não puderam ser estimados foram preenchidos com NA (Não se aplica).

Para o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, os resultados também foram calculados para cada ponto de coleta por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7) (Tabela 19). O número de haplótipos para essa espécie, assim como o número de sítios polimórficos, foi baixo para o gene COI, indicando baixa variabilidade genética nesta espécie. 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 anos de monitoramento, uma melhora na variabilidade genética da espécie. Os resultados dos genes nucleares Myh6 e Glyt apresentam níveis de variabilidade genética mais baixos para essa 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.

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

Figura 22: Variação temporal (anual) na diversidade genética média dos genes mitocondriais (Citocromo-B e Citocromo Oxidase I) obtida das sete espécies de peixes monitoradas ao longo dos anos na bacia hidrográfica do Baixo rio Doce. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



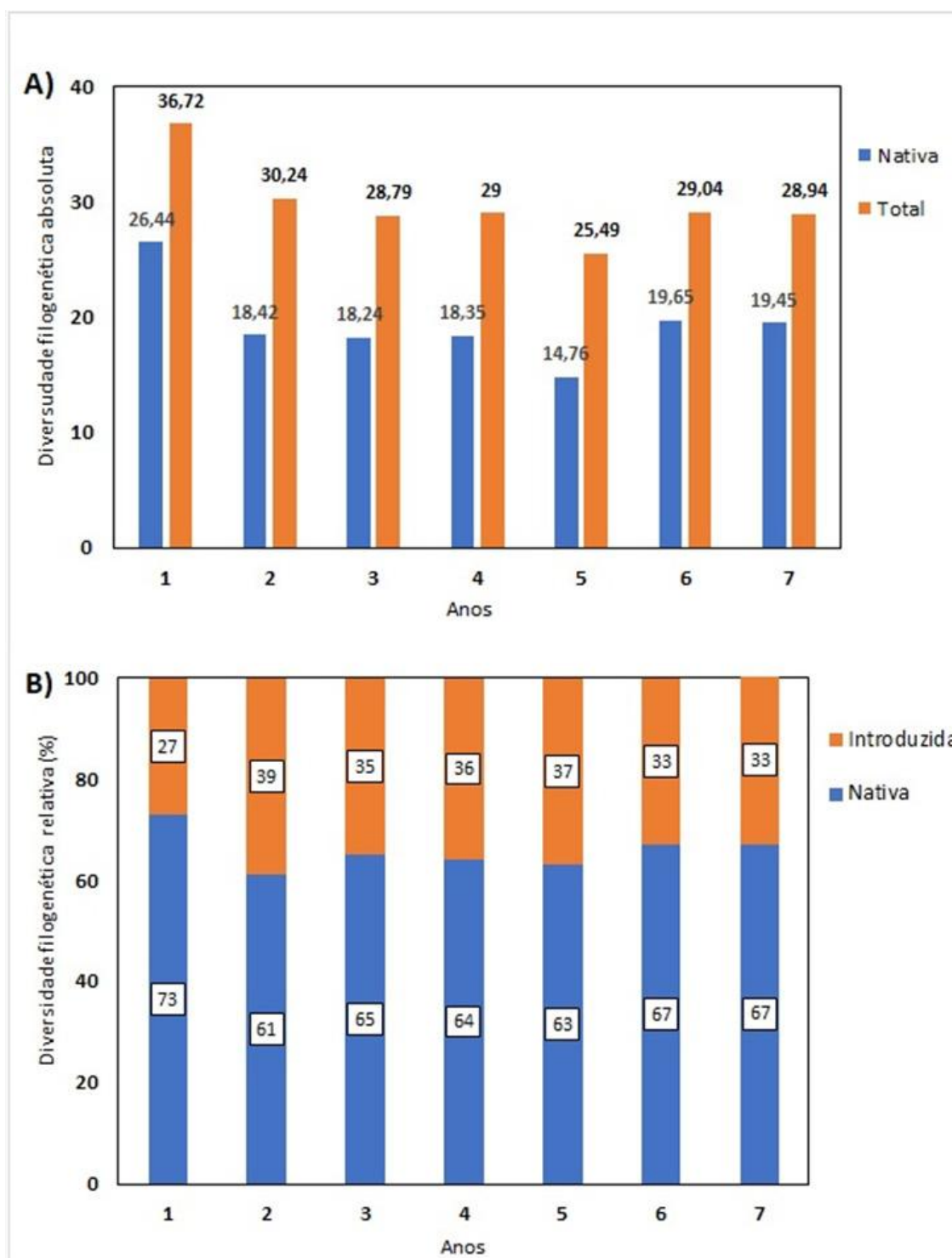
A variação da diversidade genética média (Figura 22), mostra que no período entre o Ano 1 e o Ano 2, somente o Lambari *Knodus moenkhausii* apresentou aumento de sua diversidade genética, enquanto as outras espécies apresentaram redução, em menor ou maior grau, dessa diversidade. Do Ano 2 para o Ano 3, houve um aumento dos índices de diversidade na maioria das espécies, no entanto, em *K. moenkhausii*, *Pachyurus adspersus* e *Deuterodon cf. intermedius* houve redução desses índices, com queda mais acentuada da diversidade em *K. moenkhausii* e *P. adspersus*, as quais se recuperam no Ano 4. Do Ano 3 para o Ano 4, somente as três espécies anteriormente mencionadas aumentam seus índices de diversidade genética, e *A. lacustris* mantém os mesmos índices até o Ano 6. *Geophagus aff. brasiliensis*, *H. malabaricus* e *P. vivipara*, após apresentarem altos níveis de diversidade genética no Ano 3, mostram uma queda vertiginosa nesses índices no Ano 4.

Do Ano 4 para o Ano 5, *G. aff. brasiliensis*, *H. malabaricus* e *P. vivipara* apresentam aumento de sua diversidade genética e *K. moenkhausii* e *D. cf. intermedius* apresentam quedas acentuadas desse índice. No entanto, a exemplo do Ano 2, quando o período de coleta foi reduzido, no Ano 5 vários pontos de coleta não tiveram amostras para *K. moenkhausii* e *Deuterodon cf. intermedius*, e essa ausência de dados interferiu diretamente nos índices de diversidade genética para essas duas espécies. Portanto, essa queda acentuada da diversidade nos Anos 2 e 5 pode ser um reflexo dessa ausência de dados nesses dois anos. Do Ano 5 para o Ano 6, três espécies apresentam redução de sua diversidade (*Deuterodon cf. intermedius*, *H. malabaricus* e *P. vivipara*), enquanto as outras quatro aumentam ou mantêm seus índices de diversidade.

Embora a maioria das espécies apresente um padrão de gangorra na sua diversidade genética ao longo dos anos do monitoramento, em geral, essa diversidade parece estar se recuperando, sobretudo nas espécies de menor porte, onde o tempo de geração é mais rápido. *Deuterodon cf. intermedius* é uma exceção, pois apresenta queda de sua diversidade do Ano 4 para o 5 e permanece em queda para o Ano 6. No entanto, essa queda pode estar associada ao baixo N amostral para essa espécie também no Ano 6, onde ela foi capturada somente em três dos 11 pontos de coleta. No Ano 7 a espécie apresenta uma melhora significativa de sua diversidade genética, assim como *K. moenkhausii*. No entanto o N amostral para *D. cf. intermedius* foi muito baixo no Ano 7 sendo coletado apenas em três dos 14 pontos de amostragem. Ainda que os valores de diversidade sejam altos, eles não representam a diversidade real dessa espécie no baixo rio Doce. Outras cinco espécies monitoradas apresentaram queda da diversidade nos resultados parciais (período chuvoso) do Ano 7, o que pode ser revertido com a adição das amostras das coletas futuras (período seco).

3.17 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE

Figura 23: Comparação da diversidade filogenética (PD) absoluta e relativa da comunidade de peixes da bacia do Baixo rio Doce estimadas para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7. **A** - barras azuis indicam a diversidade filogenética absoluta das espécies nativas, enquanto as barras laranjas mostram a diversidade filogenética absoluta total. **B** - barras azuis mostram a diversidade filogenética relativa das espécies nativas e, barras laranjas, a diversidade filogenética relativa das espécies introduzidas. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



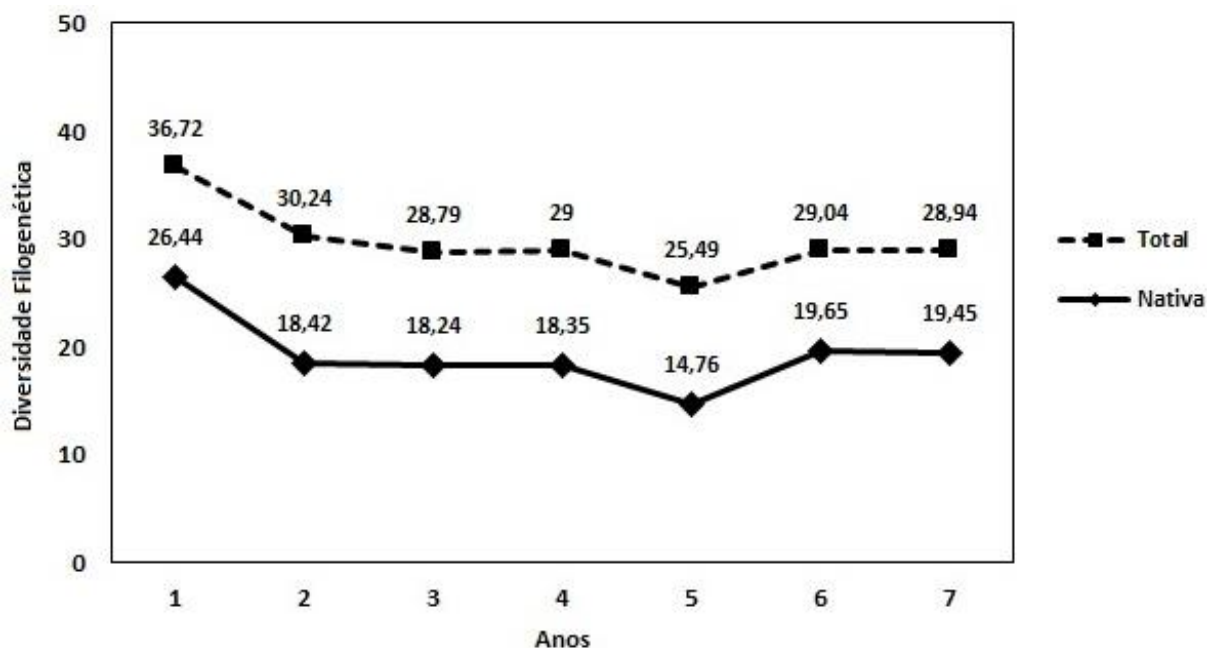
A diversidade filogenética reflete a história evolutiva de todas as espécies amostradas na área de estudo. A contribuição aditiva das espécies nativas e exóticas na diversidade filogenética total é mostrada na Figura 23A e a diversidade filogenética relativa das espécies introduzidas e nativas é mostrada na Figura 23B.

A diversidade filogenética relativa ilustra a proporção da ictiofauna nativa e introduzida em relação a total. É possível observar que, ao longo dos seis anos, a diversidade filogenética absoluta apresenta uma tendência de queda, sendo que as espécies nativas sofreram redução de 26,43% enquanto a diversidade filogenética total sofreu redução de 21,18%, demonstrando a perda em ritmo mais acelerado da diversidade nativa. Portanto, é possível observar que essa redução na diversidade filogenética total é explicada pela perda de espécies nativas, enquanto as espécies introduzidas possuem amplitude de variação menor ao longo dos anos, o que significa que esse índice não declina tão acentuadamente nesse grupo. Essa situação pode significar um aumento na representatividade das espécies introduzidas por competição ecológica ou ocupação de nichos vagos por conta do declínio populacional das espécies nativas.

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.

3.18 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 a linha contínua indica a tendência somente das espécies nativas. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



Na Figura 24 é possível acompanhar o decréscimo da diversidade filogenética dos peixes do rio Doce analisados 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. Essa redução possivelmente indica perda de linhagens nativas na localidade monitorada, e sua substituição pelas espécies introduzidas. Entre os Anos 3 e 4, observa-se uma variação muito menor, indicando uma tendência à estabilização da curva. No Ano 5, a diversidade filogenética diminui novamente, porém, o decréscimo foi mais suave que no Ano 2. No Ano 6 esse índice tem uma leve recuperação, com uma estabilização no Ano 7, não sendo possível observar uma tendência para esse indicador a médio e longo prazos.

C. INDICADORES ICTIOPLÂNCTON

3.19 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 ambiente monitorado (C); densidade de larvas em cada ambiente monitorado (D). **DOCE**: Calha do rio Doce; **FOZ**: Foz do rio Doce; **LAGO**: Lagos; **LAGOA**: Lagoas; **RES**: Reservatórios; **TRIB**: Tributários. P13 = rio Doce (Resplendor), RDO11 = rio Doce (Montante de Mascarenhas), RDO12= rio Doce (Colatina), RDO14= rio Doce (Marilândia), RDO 15= rio Doce (Linhares), RDO16= rio Doce Foz (Regência), UHE AIM= reservatório Aimorés, UHE MAS= reservatório Mascarenhas, P05= rio Guandu (Alto Guandu), P07= rio Santa Joana, P08= rio Santa Maria do rio Doce, P09= rio Pancas, P10= rio São José alto, P11= rio São José Baixo, RGU 02= rio Guandu (Baixo Guandu), RMH 01= rio Manhuaçu (Aimorés), E27= lagoa Cacimbas, LAL01= lagoa do Areal, LMN02R= laguna Monsarás, LLM03R= lago do Limão (Colatina), LNV02R= lago Nova, durante o período de dezembro/2020 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.

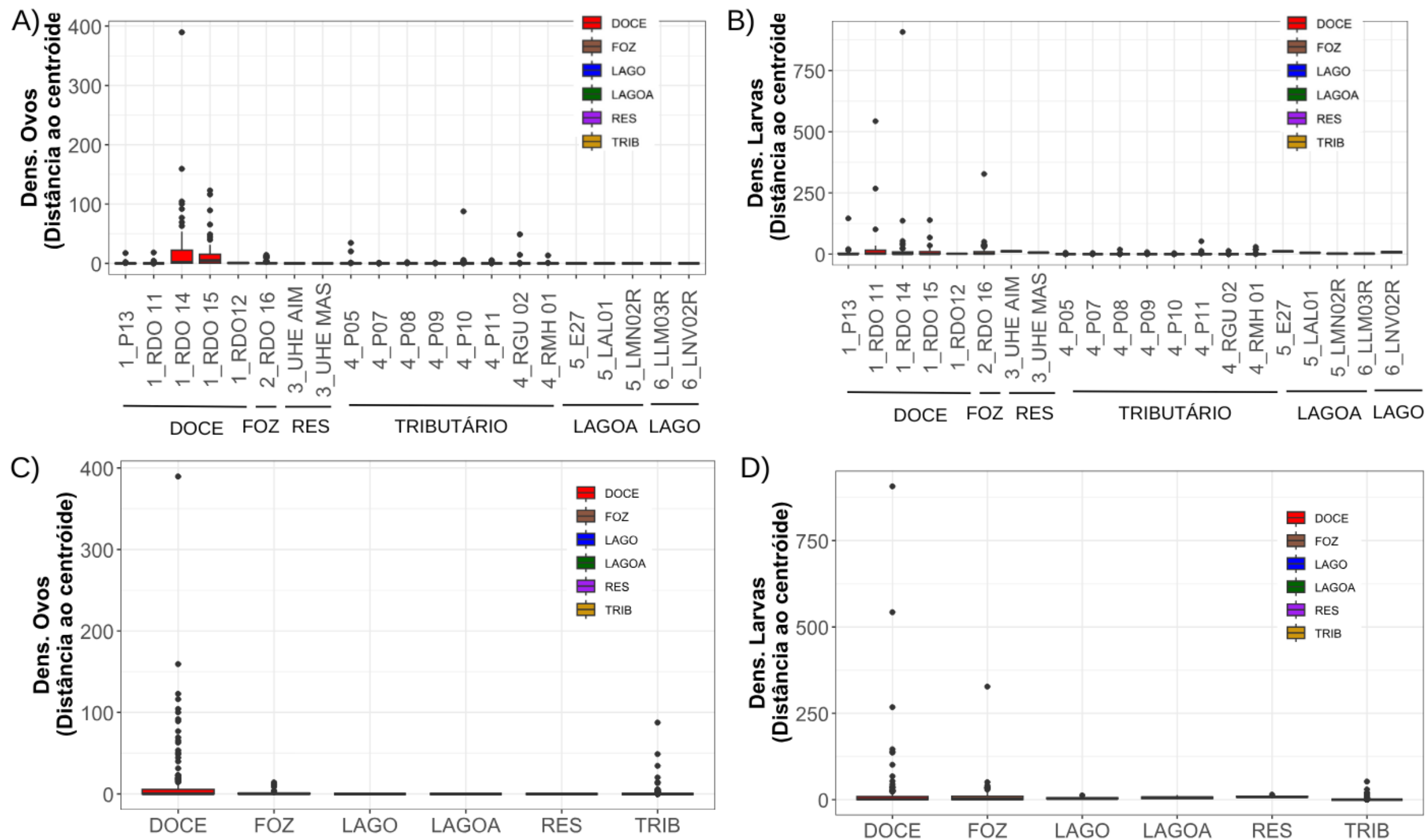
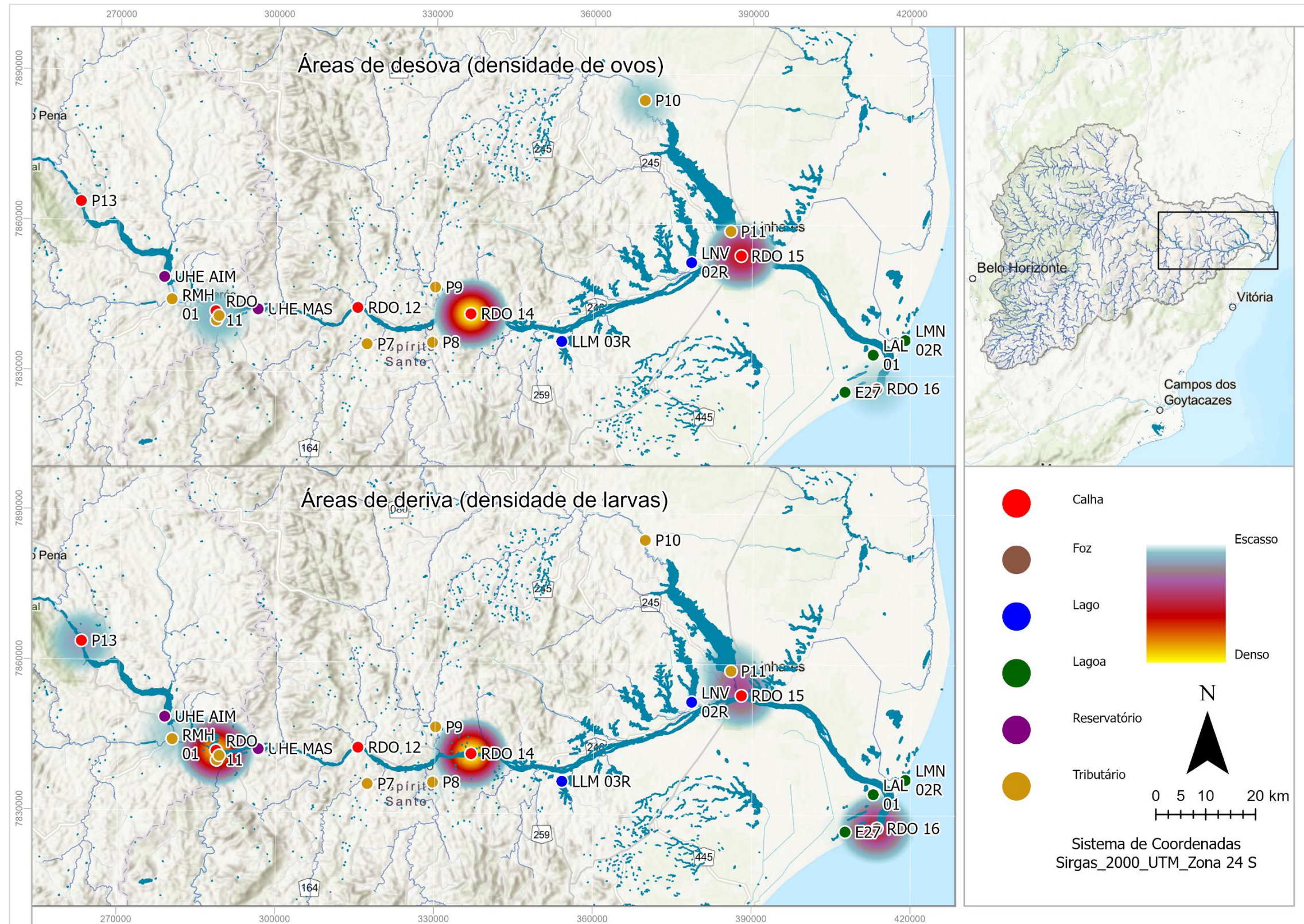


Figura 26: Modelo conceitual de distribuição espacial de ovos e larvas de peixes. O mapa superior representa as principais áreas de desova das espécies de peixes do Baixo rio Doce; o mapa inferior representa as áreas deriva de larvas. A representação das densidades de ovos e larvas é feita por cores, onde cores quentes indicam alta densidade, e cores frias indicam baixa densidade, no Baixo rio Doce entre dezembro de 2020 e janeiro de 2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



Os habitats essenciais para peixes (HEP, do inglês Essential Fish Habitat) são definidos como os corpos d'água e os substratos indispensáveis para que as espécies possam completar seu ciclo de vida (USDOC, 1996). Esses habitats podem incluir trechos de rios livres de barramentos, os quais desempenham funções ecológicas críticas, como áreas de desova, ambientes lóticos utilizados na migração de adultos, rotas de deriva do ictioplâncton e zonas de desenvolvimento inicial das fases larvais e juvenis.

Por meio de análises espaciais, é possível identificar e mapear os habitats essenciais para peixes (HEPs) com base na distribuição e densidade de ovos e larvas. As áreas de desova são caracterizadas por altas concentrações de ovos fertilizados e, geralmente, estão localizadas nas regiões superiores da bacia hidrográfica, onde a maior declividade favorece o transporte hidrodinâmico eficiente dos propágulos para áreas adequadas ao desenvolvimento embrionário, especialmente em espécies migradoras (BAUMGARTNER *et al.*, 2004). Já as áreas de deriva são definidas pela elevada densidade de larvas transportadas passivamente pela correnteza, até que sejam retidas em zonas de retenção ao longo do canal principal ou em ambientes aquáticos adjacentes, como várzeas, lagoas marginais, remansos e confluências com tributários. Assim, os dados do PMBA/Fest-UFES já são suficientemente concisos para apontar um modelo conceitual que descreve as áreas de desova e deriva de ovos e larvas no baixo rio Doce. Nesse contexto, é possível verificar que a distribuição espacial da atividade reprodutiva das espécies de peixes apresenta diferenças significativas que possivelmente estão relacionadas à fragmentação produzida pelos barramentos das usinas hidrelétricas de Aimorés e Mascarenhas. Diante disso, podem ser destacados três segmentos espacialmente distintos no baixo rio Doce: (i) a porção a montante da UHE Aimorés; (ii) o trecho compreendido entre as UHEs de Aimorés e Mascarenhas; e (iii) o trecho de fluxo livre de barramentos a jusante da UHE Mascarenhas até a foz do rio Doce (Figura 26).

Na calha do rio Doce, especificamente na porção a montante da UHE Aimorés (estação UHE AIM), observa-se uma baixa densidade de ovos, indicando que a atividade de desova não ocorre nesse trecho (Figura 25a). Contudo, trata-se de uma região de deriva de larvas, o que sugere que as desovas acontecem nas áreas de drenagem mais a montante, na porção mineira da calha. Densidades de larvas significativas registradas na região de Resplendor, próximo à zona de transição entre o rio e o reservatório da UHE Aimorés, indicam que elas estão sendo transportadas em direção ao reservatório, onde sua viabilidade e sobrevivência podem estar ameaçadas. O transporte natural de larvas para jusante é essencial para que os peixes em fases iniciais de vida alcancem ambientes adequados ao seu crescimento e desenvolvimento (REYNALTE-TATAJE *et al.*, 2012). Contudo, mesmo reservatórios de pequeno porte podem restringir esse deslocamento, prejudicando a sobrevivência (AGOSTINHO *et al.*, 2007). A interrupção do movimento longitudinal passivo, provocada pelos reservatórios artificiais, pode ser atribuída a fatores como: a predação de ovos e larvas, intensificada pela maior transparência da água nos reservatórios; mortalidade nas turbinas e vertedouros durante a passagem pelas estruturas da usina; baixa velocidade de deslocamento, reduzindo a capacidade de dispersão das larvas para as áreas de berçário de desenvolvimento inicial a jusante; deposição no fundo do reservatório onde há baixas concentrações de oxigênio e altas taxas de sedimentação. Esses processos comprometem de

forma significativa a dinâmica populacional e reduzem a conectividade dos habitats aquáticos (AGOSTINHO *et al.*, 2007; PELICICE; POMPEU; AGOSTINHO, 2015).

No trecho da bacia do rio Doce entre as barragens das UHEs Aimorés e Mascarenhas, há cinco estações de amostragem: a estação RDO 11, localizada na calha do rio Doce em Baixo Guandu; a RMH01, no tributário rio Manhuaçu; as estações RGU 02 e P05, no tributário rio Guandu e o reservatório da UHE MAS. Nesse trecho, RDO 11, na calha principal do rio Doce, apresenta uma densidade de ovos muito baixa, diferindo significativamente das demais estações de amostragem na calha do rio Doce (Kruskal-Wallis; $p < 0,001$). Em contrapartida, a densidade de larvas é elevada, indicando que, embora a desova não ocorra nesse trecho devido à fragmentação do rio Doce pelos barramentos, as altas densidades de larvas à deriva sugerem que as desovas estão acontecendo a montante. Dessa forma, as principais áreas de contribuição para as desovas nesse trecho possivelmente são os tributários rio Manhuaçu e rio Guandu (Figura 25a e Figura 25b).

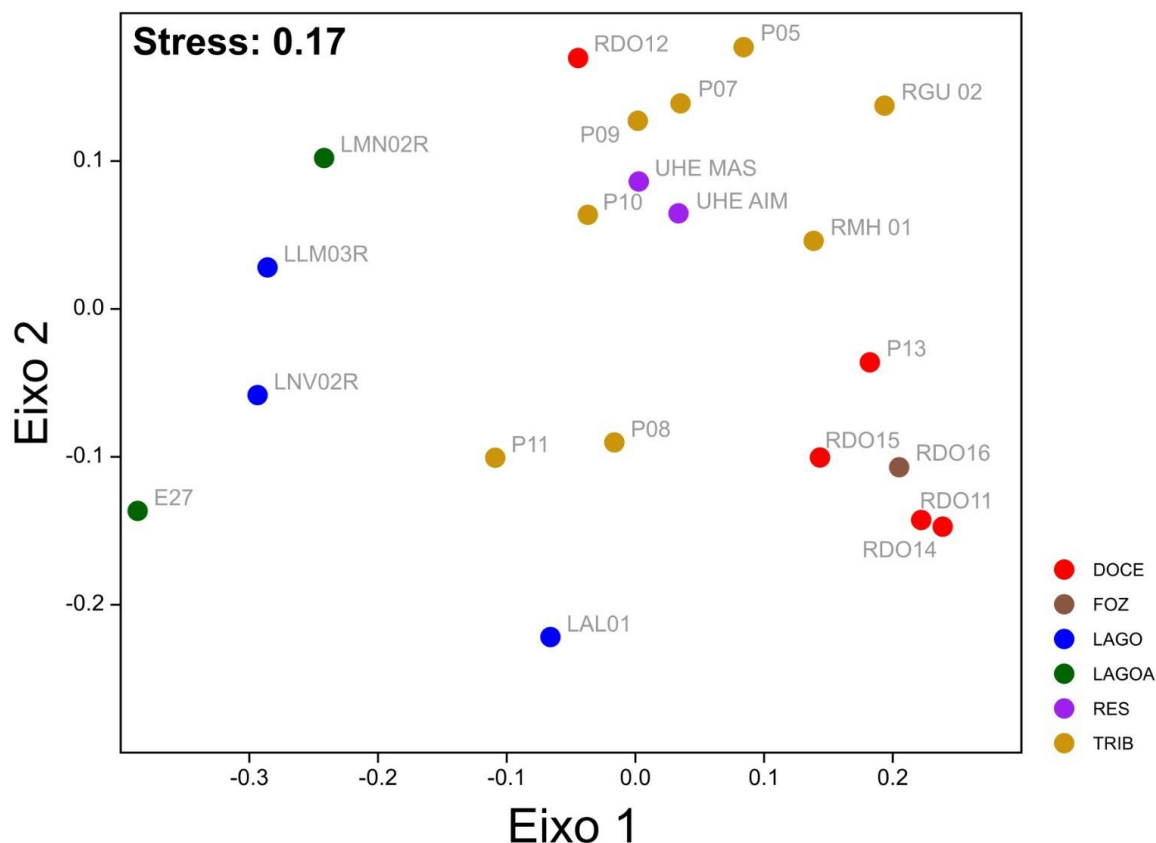
Logo a jusante da barragem de Mascarenhas, o rio Doce flui livre de barramentos até sua foz. Nesse trecho, concentram-se as maiores densidades de ovos e larvas de todo o baixo curso do rio. Durante os Anos 3, 4, 5, 6 e 7 do monitoramento do ictioplâncton dulcícola do PMBA/Fest-UFES, as estações RDO 14, em Marilândia, e RDO 15, em Linhares, apresentam, de forma significativa, as maiores densidades de ovos (Kruskal-Wallis; $p < 0,001$) e larvas (Kruskal-Wallis; $p < 0,001$) entre todas as áreas amostradas. A presença de ovos e larvas, principalmente em estágios iniciais logo após a eclosão, indica uma proximidade dos locais de desova (BARZOTTO *et al.*, 2015; GOGOLA *et al.*, 2013). Na estação RDO 16, localizada na foz do rio Doce, também foram registrados ovos, embora a densidade de larvas seja mais elevada. Esse padrão destaca a importância da foz como um ambiente crucial para o crescimento e desenvolvimento dos peixes em suas fases iniciais de vida. Além disso, os trechos livres do rio Doce situados à montante, em Linhares e Colatina, evidenciam-se como áreas de grande relevância, sendo os principais locais de desova e deriva de ovos e larvas em todo o baixo curso da bacia do rio Doce.

Ao comparar os ambientes destacados pelas estações de amostragem no rio Doce, impactados pelo rompimento da barragem, com os tributários, que são ambientes fluviais não diretamente afetados pelo MLD, observam-se diferenças significativas nas densidades de ovos e larvas (Kruskal-Wallis; $p < 0,001$). Não há diferenças significativas entre as densidades de ovos e larvas entre os setores da calha do rio Doce e Foz (Kruskal-Wallis; $p = 1,000$). Os resultados indicam que, apesar da influência do MLD ao longo do rio Doce, a calha do rio continua sendo o principal ambiente para as atividades reprodutivas das espécies. Observa-se ainda uma continuidade longitudinal entre as áreas de desova e de deriva de larvas, evidenciando que os sistemas da Calha e da Foz não funcionam como ambientes distintos, mas sim como segmentos integrados de um mesmo gradiente reprodutivo.

Esse padrão tem sido consistente desde o Ano 3 até o Ano 7 do monitoramento do ictioplâncton dulcícola realizado pelo PMBA/Fest-UFES, indicando que essa distribuição reprodutiva já era consolidada antes do rompimento da barragem. As espécies de peixes do baixo rio Doce utilizam preferencialmente a calha como o ambiente prioritário para reprodução.

Com a alteração da malha amostral e da frequência de coletas nas duas campanhas realizadas a partir de outubro de 2024, os resultados obtidos nos novos ambientes amostrados (lago, lagoa e reservatório) ainda são incipientes e não apresentam dados suficientes para a identificação de padrões característicos, como áreas de desova e de deriva de larvas (Figura 25c e Figura 25d).

Figura 27: Escalonamento Multidimensional Não Métrico, utilizando a matriz de distância de Bray-Curtis entre as larvas das espécies de peixes (considerando a densidade) para cada estação de amostragem. Os pontos RDO 11, RDO 12, RDO 14 e RDO15, em vermelho, representam as estações de amostragem na Calha do rio Doce; o ponto RDO 16, em marrom, representa estação de amostragem na Foz do rio Doce; os pontos RGU 02 e RMH 01, em amarelo, representam as estações de amostragem nos tributários; os pontos E27, LAL 01 e LMN02R, em verde, representam as lagoas; os pontos LNV02R e LLM03R, em azul, representam os lagos; e os pontos UHE MAS e UHE AIM, em roxo, representam os reservatórios. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



Dentre os seis ambientes analisados, (calha do rio Doce, foz do rio Doce, tributários, lagos, lagoas e reservatórios), a Figura 27 demonstra uma dissimilaridade na composição de larvas, atribuída principalmente à separação espacial dos pontos amostrados. Um padrão evidente é a similaridade da comunidade ictioplancônica entre os pontos localizados na calha e na foz do rio Doce, que se agrupam e se distinguem dos demais ambientes. Essa diferenciação se deve à maior riqueza e abundância de espécies de larvas nesses trechos do rio em relação aos demais ambientes. Uma exceção é o ponto RDO 12 (Colatina), que se distancia dos demais pontos da calha, possivelmente devido à sua inclusão recente na malha amostral, com dados provenientes de apenas duas campanhas (outubro de 2024 e janeiro de 2025).

Os reservatórios também apresentam uma composição relativamente homogênea entre si, porém distinta da observada na calha do rio e nos demais corpos d'água lênticos (lagos e lagoas). Apesar do número ainda limitado de amostragens e do caráter incipiente dos dados desse ambiente, já se observa uma tendência de estabilidade na composição de larvas desses ambientes, possivelmente em função de suas características antrópicas e condições ecológicas similares. No ponto RDO 12 foram

identificados quatro táxons – família de Piau Anostomidae, a piranha *Pygocentrus nattereri*, a corvina *Pachyurus adspersus* e o mandi *Pimelodus maculatus* – todos eles também presentes nos reservatórios, uma composição quase 100% semelhante ao reservatório de Aimorés (UHE AIM), o que explica a similaridade entre os pontos nessa primeira análise.

Os tributários, apesar de não apresentarem um agrupamento conspícuo, se localizam no mesmo plano cartesiano e se aproximam mais dos pontos localizados na calha e foz do rio Doce do que dos demais ambientes, por serem ambientes lóticos e por possuírem uma composição de espécies que se assemelha. A espécie *Salminus brasiliensis*, por exemplo, só foi identificada na calha e foz do rio Doce e no tributário rio Guandu (RGU 02). Já os ambientes lagos e lagoas, embora mostrem alguma proximidade entre si — sugerindo comunidades similares —, ainda não apresentam um padrão bem definido, devido à limitação de dados. Ainda assim, já se observa uma diferenciação em relação aos reservatórios, mesmo sendo todos ambientes lênticos.

Tabela 20: Densidade de larvas de cada táxon identificado, por 10 m³, em cada estação de amostragem, no período de dezembro de 2020 a janeiro de 2025. Espécies com * são espécies exóticas da bacia do rio Doce e os táxons com • são de origem marinha. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.

Táxons	LAGOAS			LAGOS		CALHA DO RIO DOCE					FOZ	TRIBUTÁRIOS								RESERVATÓRIOS	
ORDEM Família Espécie	E27	LAL01	LMN02R	LLM03R	LNV02R	P13	RDO11	RDO12	RDO14	RDO15	RDO16	RGU 02	RMH 01	P05	P07	P08	P09	P10	P11	UHE AIM	UHE MAS
ATHERENIFORMES																					
Atherinopsidae																					
<i>Atherinella brasiliensis</i> (Quoy & Gaimard, 1825) •			0,4																		
BELONIFORMES																					
Hemiramphidae																					
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i> (Ranzani, 1841) •	22,5		1,0	1,0	5,3		0,8			0,8	0,6						36,4				
CHARACIFORMES																					
Anostomidae						83,9	212,6	0,4	156,8	54,4	23,9	2,2	4,7	0,9	0,3	0,6	1,8	0,2	7,1	1,8	2,3
Bryconidae																					
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)						1,4	26,1		16,7	16,1	60,5							1,7			
Characidae						5,6	12,2		18,2	2,7	1,5	5,3		0,5			0,4	1,0	1,2		0,2
<i>Hyphessobrycon eques</i>																	0,7				
Erythrinidae																					
<i>Hoplias intermedius</i> (Günther, 1864)			0,2																		
<i>Hoplias</i> sp.						3,4	0,2		0,7	0,7	0,3	0,8	0,8	0,3		0,1	0,1				
Prochilodontidae																					
<i>Prochilodus</i> sp.						14,9	478,5		954,8	88,2	247,5			0,2				9,1	14,7		
Serrassalmidae																					
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858 *		11,2		0,3	0,3	2,9	10,8	0,2	47,2	13,6	3,2			19,3	0,1	2,6	3,8		0,1	0,6	0,6
CICHLIFORMES																					
Cichlidae																					
<i>Cichla kelberi</i> Kullander & Ferreira, 2006 *				0,2																	
<i>Crenicichla lacustris</i> (Castelnau, 1855)										0,2											
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758) *						1,5	10,5		5,9	2,2	1,6	0,1		1,4	0,1			2,4	0,5		0,1
CLUPEIFORMES																					
Engraulidae •			2,0	1,9	10,9				0,2	0,7	0,3			0,2		0,1	110,3				
ELOPIFORMES																					
Elopidae																					
<i>Elops smithi</i> McBride, Rocha, Ruiz-Carus & Bowen, 2010•											0,3										
GOBIIFORMES																					
Gobiidae																					
<i>Ctenogobius boleosoma</i> (Jordan & Gilbert, 1882) •			0,4								5,0										
GYMNOTIFORMES																					
Gymnotidae																					
<i>Gymnotus carapo</i> Linnaeus, 1758										0,4	0,1										
MUGILIFORMES																					
Mugilidae																					
<i>Mugil</i> spp. •											0,8										

Táxons	LAGOAS			LAGOS		CALHA DO RIO DOCE					FOZ	TRIBUTÁRIOS								RESERVATÓRIOS	
ORDEM Família Espécie	E27	LAL01	LMN02R	LLM03R	LNV02R	P13	RDO11	RDO12	RDO14	RDO15	RDO16	RGU 02	RMH 01	P05	P07	P08	P09	P10	P11	UHE AIM	UHE MAS
PERCIFORMES																					
Scianidae																					
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879			0,4			2,4	263,3	1,8	64,7	23,1	8,2	0,2	4,1		8,7	3,8	3,7		19,0	14,1	8,2
SILURIFORMES																					
Callichthyidae													0,2								
<i>Hoplosternum litorale</i> (Hancock, 1828) *									1,0								0,1				
Clariidae																					
<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell, 1822) *						1,8	0,5			0,2	0,3					0,1					
Heptapteridae						0,2	1,4		1,2	5,1	0,4	0,3			0,2	0,1	0,1				
Loricariidae												0,1									
<i>Harttia</i> sp.									0,6					0,2							
<i>Hypostomus</i> sp.											0,1					0,1					
<i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnau, 1855) *							0,4		0,9	0,1	0,1		0,2	0,8	0,2					0,4	
Pimelodidae																					
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803 *						99,0	119,3	0,9	109,0	175,5	286,4	0,8	0,1		1,2	0,4	0,1	1,2	27,6	5,5	1,5
<i>Pseudoplatystoma corruscans</i> (Spix & Agassiz, 1829) *										0,2											
Trichomycteridae																					
<i>Trichomycterus</i> spp.						0,4	0,3		3,1	1,8	1,1					0,1					
SYNBRANCHIFORMES																					
Synbranchidae																					
<i>Synbranchus marmoratus</i> Bloch, 1795										0,4	0,2										
SYNGNATHIFORMES																					
Syngnathidae																					
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856) ●									1,4	11,4	9,3						29,6				

Os agrupamentos visualizados na Figura 27 podem ser compreendidos com a análise da Tabela 20, das espécies encontradas em cada estação de amostragem. O ambiente calha e foz do rio Doce são os ambientes que mais se assemelham (com exceção da estação RDO 12), por possuírem a maior riqueza e abundância de larvas, principalmente das espécies sazonais de Curimba (*Prochilodus* spp.), que incluem uma espécie nativa e espécies invasoras do mesmo gênero, da família Anostomidae - cuja maioria das espécies é nativa no Baixo rio Doce, da espécie introduzida Mandi-amarelo (*Pimelodus maculatus*), do Dourado (*Salminus brasiliensis*) e da Corvina (*Pachyurus adspersus*). Essas espécies também são frequentemente encontradas nas estações dos rios tributários e, em especial, a presença de espécies migradoras dos táxons *Prochilodus* spp., Anostomidae e *S. brasiliensis* é um grande indicativo de que tais rios são utilizados como rotas migratórias alternativas, visto que estão localizados entre a área fragmentada do baixo rio Doce pelos reservatórios da UHE Mascarenhas e da UHE Aimorés.

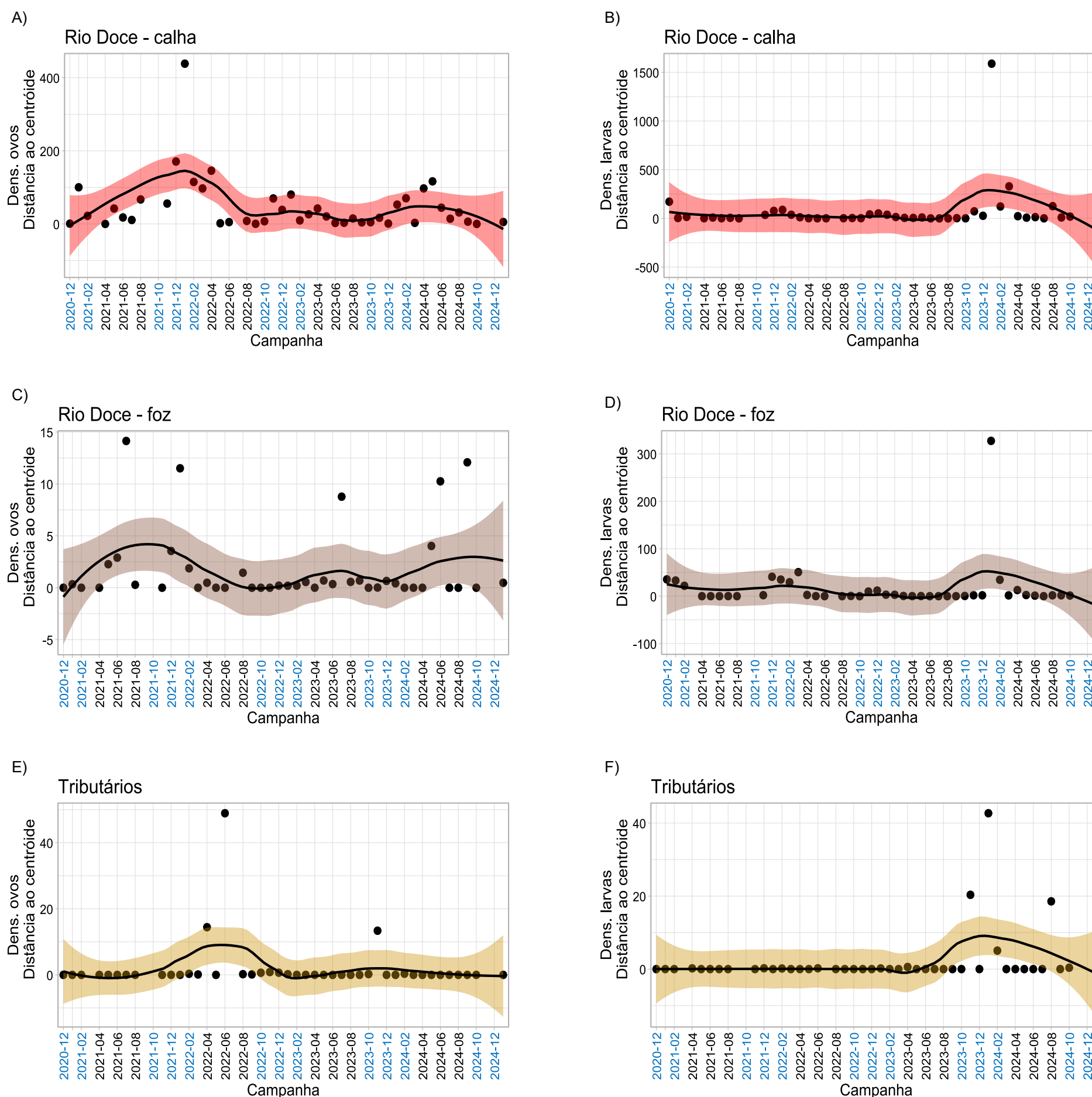
A foz do rio Doce, além de registrar as espécies presentes ao longo da calha do rio Doce, abriga também seis das setes espécies marinhas identificadas – Agulha-branca (*Hyphorramphus unifasciatus*), Anchovas (Engraulidae), Joaninha do sul (*Elops smithi*), Amoré (*Ctenogobius boleosoma*), tainhas (*Mugil* spp.) e peixe Cachimbo (*Microphis lineatus*) - mostrando-se um importante ambiente com características ímpares que o tornam área berçário para a dispersão de larvas de origem dulcícola e marinha/estuarina. Algumas dessas espécies de Tainhas, Agulha-branca e peixe Cachimbo, que estão presentes também em lagos e lagoas, podem ser encontradas nas estações mais baixas da calha do rio Doce (RDO 15 e RDO 14). Essas espécies marinhas têm utilizado ambientes de água doce para reprodução, realizando migrações rio acima. O principal local de desova identificado é o rio São José, tributário que conecta a Lagoa Juparanã à calha principal do rio Doce, evidenciando a importância da manutenção da conectividade longitudinal entre esses sistemas aquáticos para o sucesso reprodutivo dessas espécies.

O segundo ambiente que apresentou evidente similaridade interna foi o dos reservatórios UHE Mascarenhas e UHE Aimorés, com uma composição e riqueza de espécies muito semelhantes, inclusive com a presença de espécies tipicamente encontradas nos ambientes lóticos calha do rio Doce e tributários. A presença desses táxons, que não são típicos de ambientes lênticos, se deve ao processo de deriva natural das larvas para jusante, o que compromete a viabilidade e sobrevivência das larvas, como já foi discutido anteriormente. Por sua vez, a composição de espécies dos lagos e lagoas é que a mais se distancia dos demais ambientes. As espécies de peixe-rei (*Atherinella brasiliensis*), traíra (*Hoplias intermedius*) e tucunaré (*Cichla kelberi*) foram encontradas somente nesses ambientes que, de maneira geral, se caracterizam pela presença predominante de espécies de origem marinha e espécies com características sedentárias, que não realizam deslocamentos reprodutivos.

Ao longo do monitoramento de ictioplâncton na bacia do rio Doce, foram identificados nove táxons de espécies invasoras: o tucunaré (*C. kelberi*), a piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), a tilápia (*Oreochromis niloticus*), o tamboatá (*Hoplosternum litoralle*), o bagre-africano (*Clarias gariepinus*), o cascudo-abacaxi (*Pterigoplichthys pardalis*), o pintado (*Pseudoplatystoma corruscans*), o dourado (*Salminus brasiliensis*) e o gênero *Prochilodus* spp, que contém tanto espécies nativas, quanto invasoras. Esse grupo de espécies não nativas ou introduzidas está disperso e concentrado principalmente na calha e foz do rio Doce, mas também está presente nos tributários e nos reservatórios. A piranha vermelha foi a única espécie não nativa identificada nos lagos e lagoas.

3.20 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS

Figura 28: Modelos Aditivos Generalizados Mistos – GAMM (as linhas sombreadas indicam o intervalo de confiança dos dados $\pm 95\%$. Densidades de ovos e larvas nas estações de amostragem do rio Doce – calha (vermelho) (A e B), rio Doce – foz (marrom) (C e D) e dos Tributários (amarelo) (E e F). Os resultados abrangem o período de dezembro de 2020 (Ano 3) a janeiro de 2025 (Ano 7), destacando-se as campanhas do período chuvoso (fonte – azul) e as campanhas do período seco (fonte – preto). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



Para analisar a distribuição temporal dos ovos e larvas de peixes, foi considerada a sazonalidade das coletas (período chuvoso e seco) e os anos de monitoramento do PMBA/Fest (Ano 3 até Ano 7) em três ambientes de amostragem: calha do rio Doce, foz do rio Doce e tributários (Figura 28). Para os demais ambientes (lago, lagoa e reservatório), que passaram a ser amostrados apenas nas duas últimas campanhas (outubro de 2024 e janeiro de 2025), os resultados ainda são insuficientes para a identificação de padrões ou tendências temporais, uma vez que não há amostragens representando diferentes estações do ano (seca e chuvosa) e em diferentes ciclos hidrológicos interanuais. Em relação à sazonalidade, tanto as densidades de ovos, quanto as densidades de larvas, são significativamente superiores no período chuvoso do que no período seco (Wilcoxon; $p < 0,05$). Os valores de densidade mantêm-se, em sua maioria, baixos e próximos de zero, mas são pontuados por picos, os quais refletem a natureza pontual dos eventos de desova e deriva larval. Esses picos são mais frequentes e evidentes durante o período chuvoso, sugerindo uma maior dispersão de ovos, possivelmente favorecida pelo aumento das chuvas e pelas condições ambientais mais adequadas à eclosão e dispersão das larvas. Entre esses fatores, destacam-se o aumento do oxigênio dissolvido, a maior disponibilidade de nutrientes, a elevação da turbidez, a intensificação da conectividade entre habitats e o aumento da vazão.

Esse padrão é típico das espécies com reprodução sazonal, cujos eventos reprodutivos são fortemente influenciados por gatilhos ambientais, principalmente aqueles associados às variações hidrológicas. Ao analisar a série histórica dos anos de coletas, os valores de densidades de ovos e larvas variam em intensidade entre os anos, mas o padrão espacial é o mesmo. No Ano 7, observam-se densidades reduzidas de ovos e larvas em comparação aos anos anteriores. Esse padrão pode estar relacionado ao fato de que, até o momento, foram realizadas apenas duas campanhas amostrais, o que ainda não permite uma avaliação completa. Além disso, a alteração na frequência de amostragem — que passou a ser trimestral, em substituição ao modelo anterior com coletas quinzenais no período chuvoso e mensais no período seco — pode ter limitado a detecção dos principais eventos de desova e deriva, que ocorrem majoritariamente durante o período chuvoso.

Esse modelo temporal de distribuição de ovos e larvas, entre os anos 3 e 7 do PMBA/Fest, em três ambientes da Bacia do rio Doce – calha, foz e tributários – foi informativo para a compreensão de aspectos de sazonalidade, heterogeneidade espacial e resiliência dos ambientes (Figura 28). Os gráficos evidenciam a relação entre a densidade do ictioplâncton com o período de chuvas, com as densidades significativamente mais altas durante o período chuvoso do que no período de seco, tanto para a densidade de ovos quanto para a densidade de larvas (Figura 28). Os ciclos reprodutivos sazonais são comuns na maioria dos peixes de água doce, representando adaptações evolutivas às condições ambientais favoráveis ao sucesso reprodutivo (JIMÉNEZ-SEGURA *et al.*, 2010; SUZUKI *et al.*, 2009; VAZZOLER, 1996). Esses ciclos estão intrinsecamente ligados à disponibilidade de recursos para a prole (NIKOLSKY, 1978). Para muitas espécies de peixes de rios tropicais, o ciclo reprodutivo ocorre anualmente durante a estação das chuvas, geralmente 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; REYNALTE-TATAJE; ZANIBONI-FILHO, 2009; AGOSTINHO *et al.*, 2012; LOPES *et al.*, 2014). Durante essa fase, é comum observar elevadas densidades de ictioplâncton em deriva (ARAÚJO-LIMA *et al.*, 1998; ARAÚJO-LIMA *et al.*, 2001; BIALETZKI *et al.*, 2005; CORRÊA *et al.*, 2011; REYNALTE-TATAJE *et al.*, 2011).

Assim, o período chuvoso tem sido identificado como o momento de maior ocorrência de desovas, especialmente para espécies que liberam ovos à deriva na coluna d'água e são dependentes do fluxo para sua reprodução. Nesse contexto, destacam-se as Curimbas do gênero *Prochilodus*, o Mandi-amarelo (*Pimelodus maculatus*), o Dourado (*Salminus brasiliensis*) e os Piaus da família Anostomidae, que apresentaram as maiores densidades de larvas ao longo de todos os anos do estudo. A presença de picos de densidade em determinados anos pode estar ligada a eventos climáticos ou variações anuais de precipitação.

Embora não tenham sido identificadas diferenças significativas entre os anos de amostragem, o Ano 4, que compreende o período de outubro de 2021 a setembro de 2022, destacou-se por apresentar as maiores densidades de ovos, um fenômeno que pode ser atribuído à variação interanual influenciada pela flutuação da intensidade das cheias. No entanto, foi no Ano 6 que se observaram as maiores densidades de larvas. Diferentemente dos anos anteriores, os picos de densidade ocorreram em janeiro, em razão do atraso das chuvas, que se concentraram predominantemente nesse mês. Esse

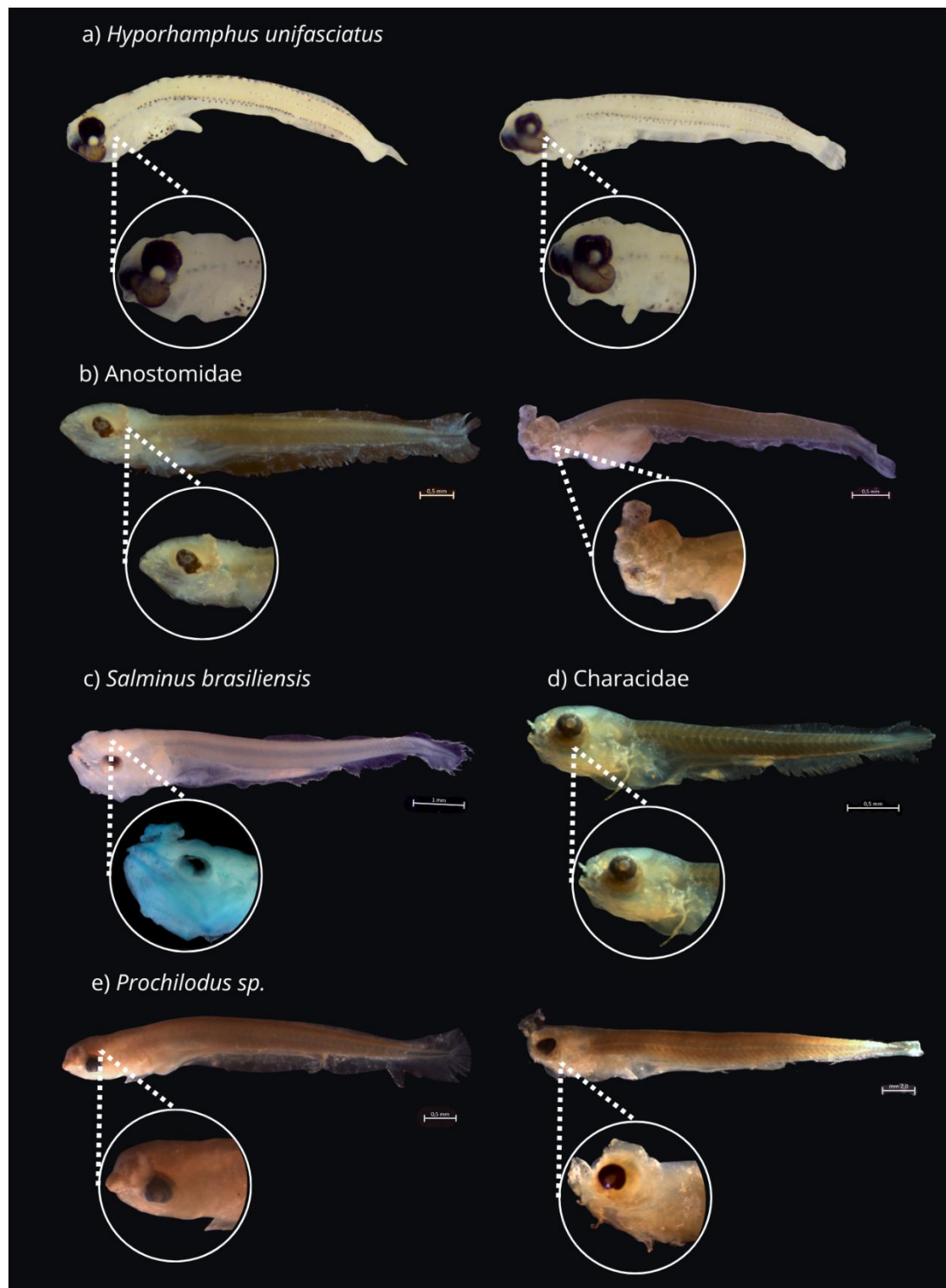
atraso provocou uma explosão de larvas, especialmente do gênero *Prochilodus*. A relação entre a desova e o regime de fluxo é clara, e a efemeridade desse fenômeno é notável, sendo particularmente relevante para espécies migratórias e dependentes do fluxo (AGOSTINHO; JÚLIO JUNIOR, 1999; BAZZOLI, 2003).

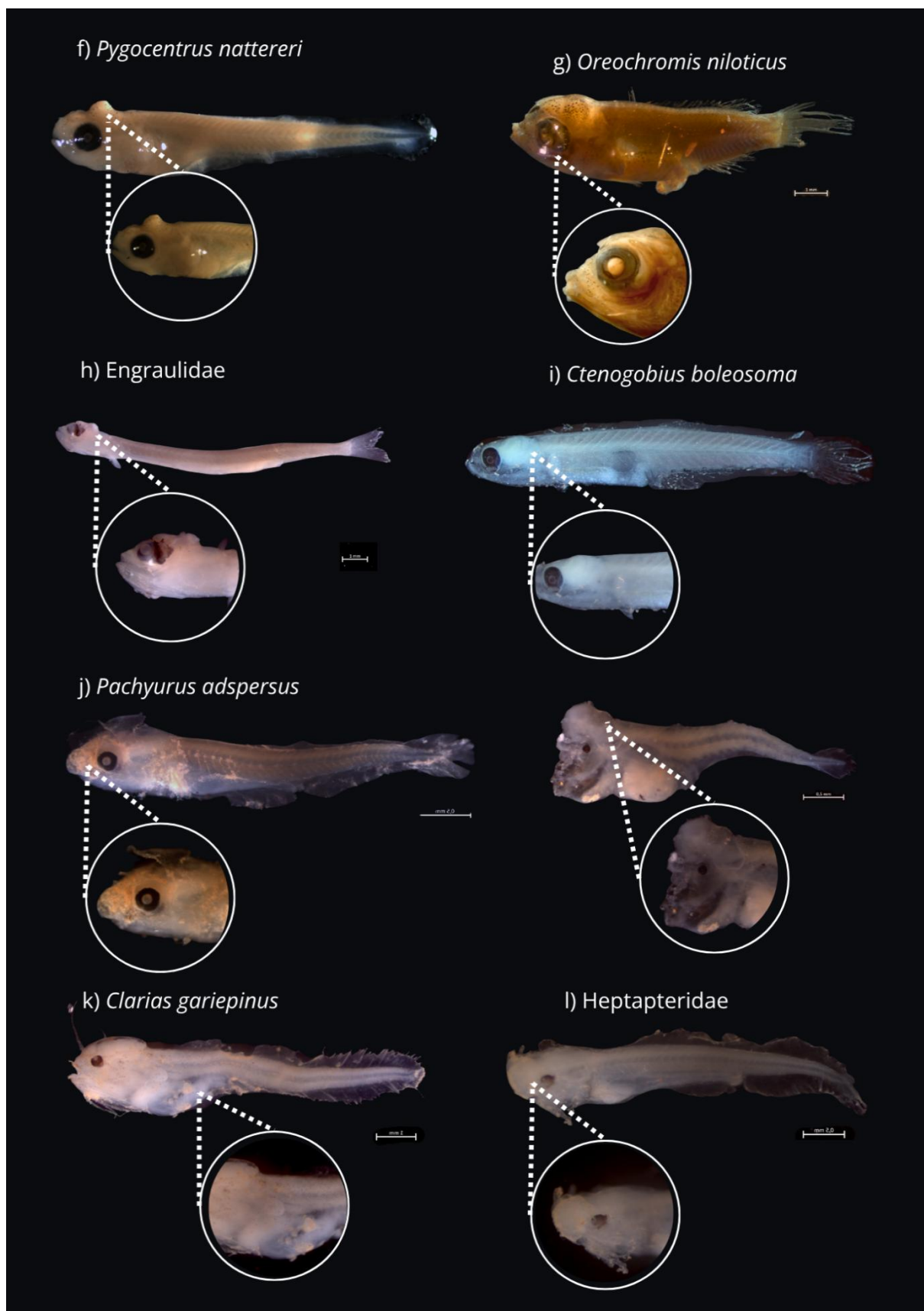
Em relação a heterogeneidade espacial, a calha do rio Doce se caracteriza como o principal eixo de dispersão e reprodução da ictiofauna, apresentando uma maior variabilidade de habitats que favorecem diferentes grupos de peixes. Porém, a variabilidade dos habitats também pode refletir uma maior vulnerabilidade desse ambiente a alterações hidrológicas e antrópicas. A região da foz do rio Doce apresenta densidades mais baixas de ovos e larvas e menor variabilidade ao longo do tempo, indicando ser uma área secundária no processo de reprodução, mas importante como área de dispersão e transição devido a suas características específicas. Nos tributários, por sua vez, observa-se uma maior estabilidade na densidade de ovos e larvas, com aumento progressivo na representatividade de larvas, o que pode sugerir o início de uma tendência de uso dos tributários como áreas reprodutivas com maior representatividade, principalmente a partir de outubro de 2023. Isso sugere que esses ambientes funcionam como áreas de refúgio naturais, com menor pressão antrópica e melhores condições ecológicas.

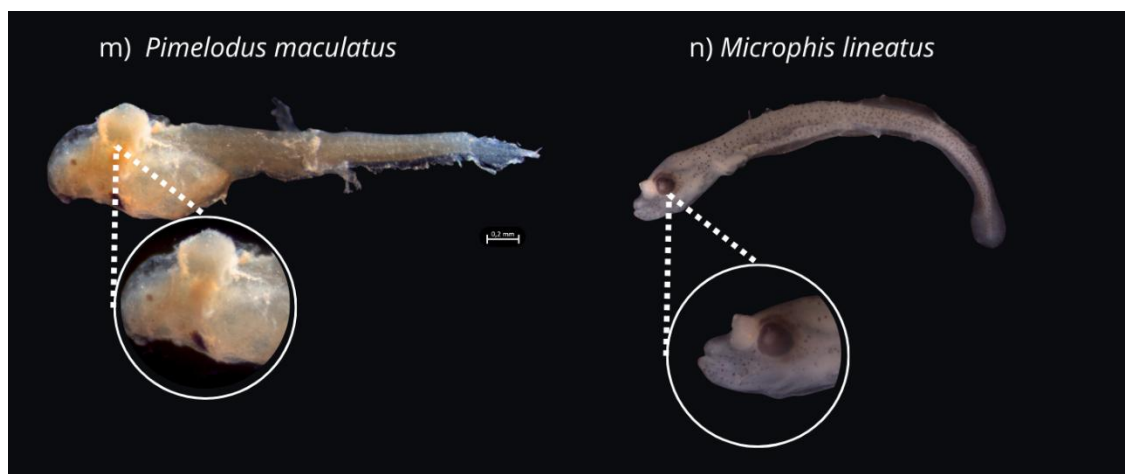
Por fim, essa comparação entre os ambientes indica a capacidade de resiliência ecológica da bacia, com maiores flutuações em algumas áreas, mas também com tendência de estabilização em outras. Ressalta-se também a importância de manter os ambientes conectados, uma vez que esses ambientes atuam de forma integrada. Em relatórios futuros, será possível compreender a atuação dos demais ambientes (lago, lagoa e reservatório) e a importância de cada um para a integridade da bacia. Os dados obtidos em outubro de 2024 e janeiro de 2025 ainda não permitem a visualização de algum padrão espaço-temporal.

3.21 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS

Figura 29: Táxons de larvas com deformidades cranianas (DC), incluindo hipertrofia do encéfalo, compressão da caixa craniana, protuberâncias e extravasamento de tecido neural por olhos e narinas.







A alteração morfológica mais frequentemente registrada e com tendência crescente é a deformidade na cabeça (DC), conforme ilustrado na Figura 29. Observada pela primeira vez em 2021, essa anomalia caracteriza-se por um aumento anormal do volume encefálico, que afeta a região crânio-facial. Tal processo frequentemente resulta no aparecimento de uma protuberância na cabeça da larva, frequentemente acompanhada de exoftalmia (protrusão anormal dos olhos), edema periocular (inchaço ao redor dos olhos) e assimetria facial (desenvolvimento desigual entre os lados direito e esquerdo da face). Em alguns casos, observa-se ainda o extravasamento de tecido anormal pelas narinas ou órbitas oculares.

Os registros dessas deformidades merecem atenção especial, uma vez que tais alterações morfológicas são raramente descritas na literatura científica e, até o momento, não há relatos de casos semelhantes em outras bacias hidrográficas brasileiras. Considerando que envolvem o tecido nervoso, é provável que essas anomalias comprometam significativamente a funcionalidade e a viabilidade dos peixes em seus estágios iniciais de desenvolvimento. Deformidades em peixes podem afetar de forma crítica a estrutura e a dinâmica populacional, influenciando negativamente a sobrevivência dos indivíduos, suas taxas de crescimento, morfologia externa e bem-estar geral (BOGLIONE *et al.*, 2013; DIVANACH *et al.*, 1996).

A presença de metais pesados em ambientes aquáticos tem sido associada a efeitos tóxicos sobre organismos aquáticos, especialmente em estágios iniciais do ciclo de vida dos peixes (BENGTTSSON *et al.*, 1979; MURAMOTO, 1981). Embriões e larvas apresentam elevada sensibilidade, podendo ocorrer retardo no desenvolvimento, deformidades morfológicas e aumento da mortalidade (JEZIERSKA *et al.*, 2009a; OSMAN *et al.*, 2007). Alguns metais pesados apresentam efeitos particularmente nocivos ao desenvolvimento embrionário e larval de peixes. As principais malformações associadas à exposição a metais incluem curvaturas espinhais (cifose, lordose), deformidades craniofaciais, alterações na bexiga natatória, anomalias nas nadadeiras e defeitos na linha lateral (KOUOUNDOUROS *et al.*, 2002; SFAKIANAKIS *et al.*, 2003, 2006; GEORGAKOPOULOU *et al.*, 2007). Essas alterações podem comprometer funções essenciais como a natação, predação e evasão de predadores (SFAKIANAKIS *et al.*, 2011).

O selênio, quando incorporado aos ovócitos durante a vitelogênese, pode induzir efeitos teratogênicos característicos, cujas deformações tornam-se evidentes após a absorção do saco vitelino (MUSCATELLO; JANZ 2009). O cádmio pode estar associado a anomalias craniofaciais, curvaturas vertebrais (como cifose e lordose), além de alterações pigmentares e esqueléticas (SFAKIANAKIS *et al.*, 2015). A exposição ao cobre, por sua vez, pode resultar no atraso da eclosão, malformações morfológicas e aumento significativo da mortalidade embrionária e larval (WITESKA *et al.*, 2014). Já metais como chumbo, zinco e cromo têm sido relacionados à ocorrência de deformidades na notocorda, alterações no saco vitelino, má-formação das nadadeiras e desvios no eixo corporal (OSMAN *et al.*, 2007).

Figura 30: Secções histológicas na região cranial da espécie de piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* (A e B), da curimba *Prochilodus* spp. (C e D) e do piauí da família Anostomidae (E e F) coradas em Azul de Toluidina. Detalhe do encéfalo (En) e olho (O) sem alteração com a presença de núcleos celulares evidentes (Figuras do lado esquerdo, A, C e E). Detalhe do encéfalo alterado com presença de núcleos celulares e tecido evertido para fora da região cranial (*) (Figuras do lado direito, B, D e F). Ab= arco branquial.

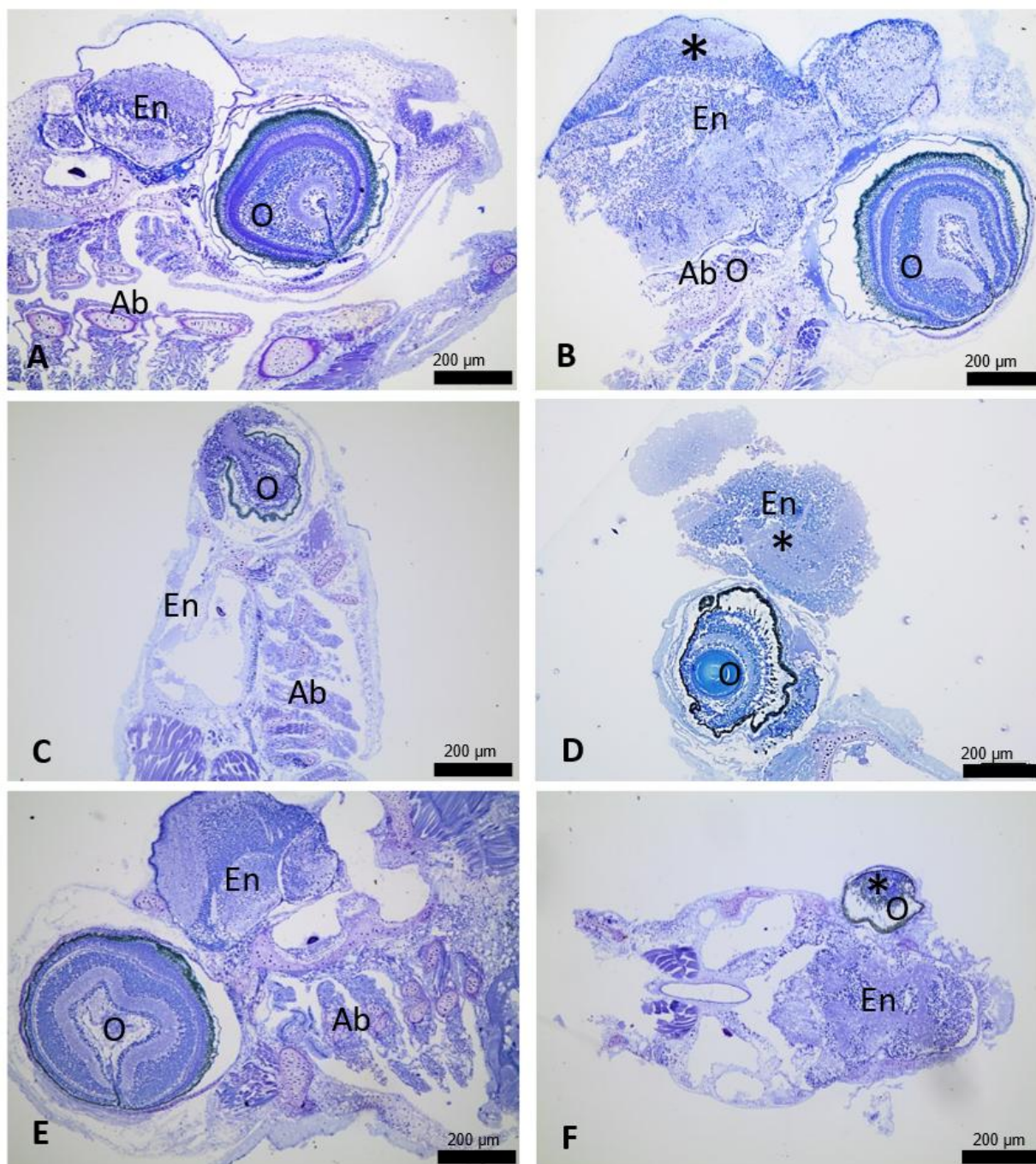
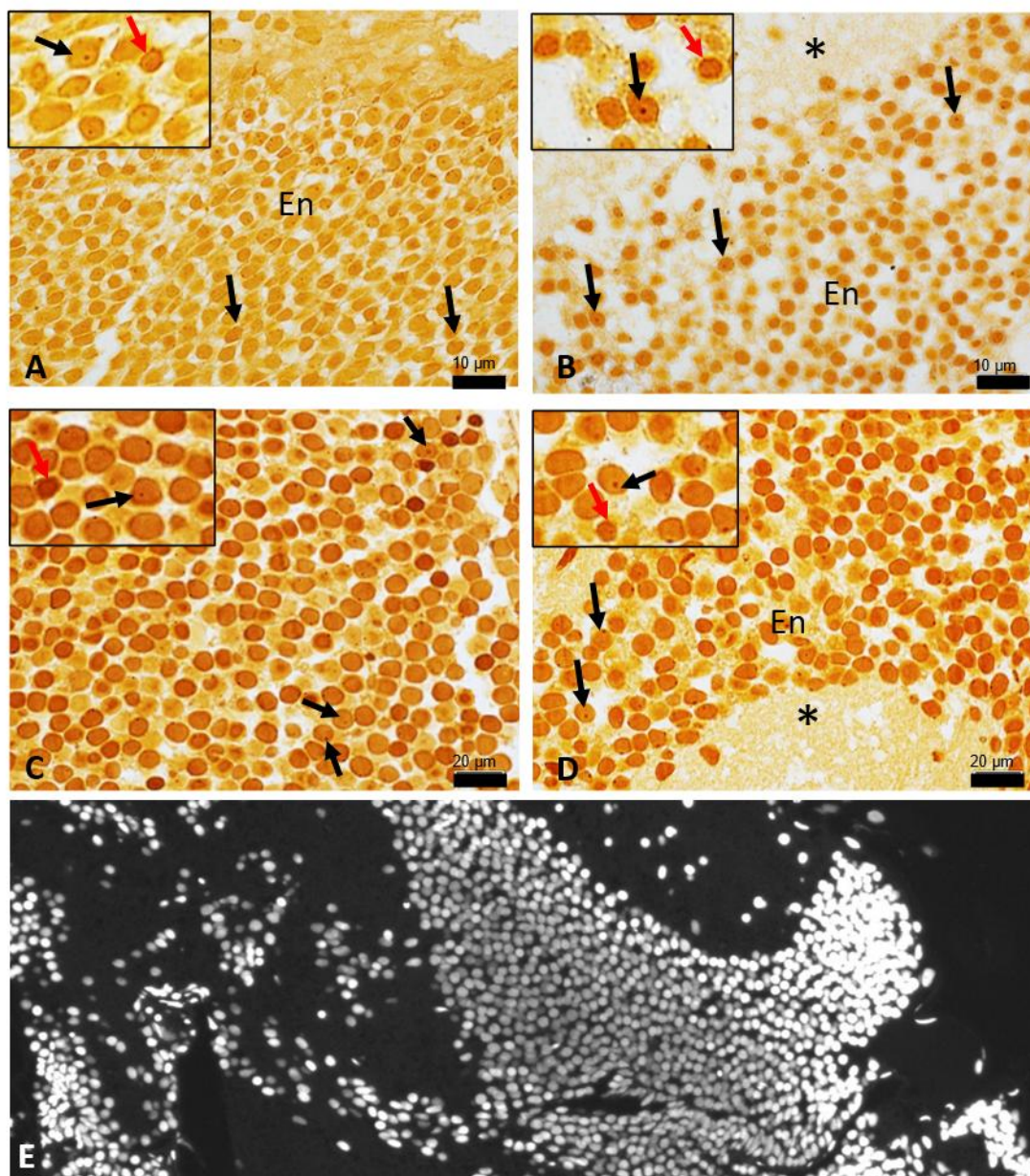


Figura 31: Secções histológicas na região cranial da espécie *Pygocentrus nattereri* coradas com corante imunofluorescente DAPI (E) e solução coloidal de prata (A-D). Detalhe do encéfalo (EN) sem alteração com a presença de núcleos celulares evidentes (A-C). Detalhe do encéfalo alterado com presença de núcleos celulares (En) e tecido expandido para fora da região cranial (*) (B e D). O neurônio apresenta cromatina eucromática e nucléolo evidente (seta preta). A célula glial é heterocromática (seta vermelha).



As análises morfológicas na região do telencéfalo e tectum óptico mostraram, nas espécies piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, curimba *Prochilodus* spp. e nas espécies da família Anostomidae, a presença de neurônios com núcleo eucromático (HORN; RASIA-FILHO, 2018) e células gliais do sistema nervoso (Figura 30A-F). Essas observações foram evidenciadas tanto nas larvas de peixes com padrões histológicos normais quanto alterados. Nos peixes com morfologia externa alterada, foi observada a presença de tecido encefálico evertido da região do telencéfalo e tectum óptico (Figura 31A-E).

Tabela 21: Valores do teste de qui-quadrado (X^2) e desvio de pontos de interseção sobre núcleo de células e espaços entre os núcleos neuronais, de larvas de aspecto normal e anormal, dos táxons *Pygocentrus nattereri* e *Prochilodus* spp.

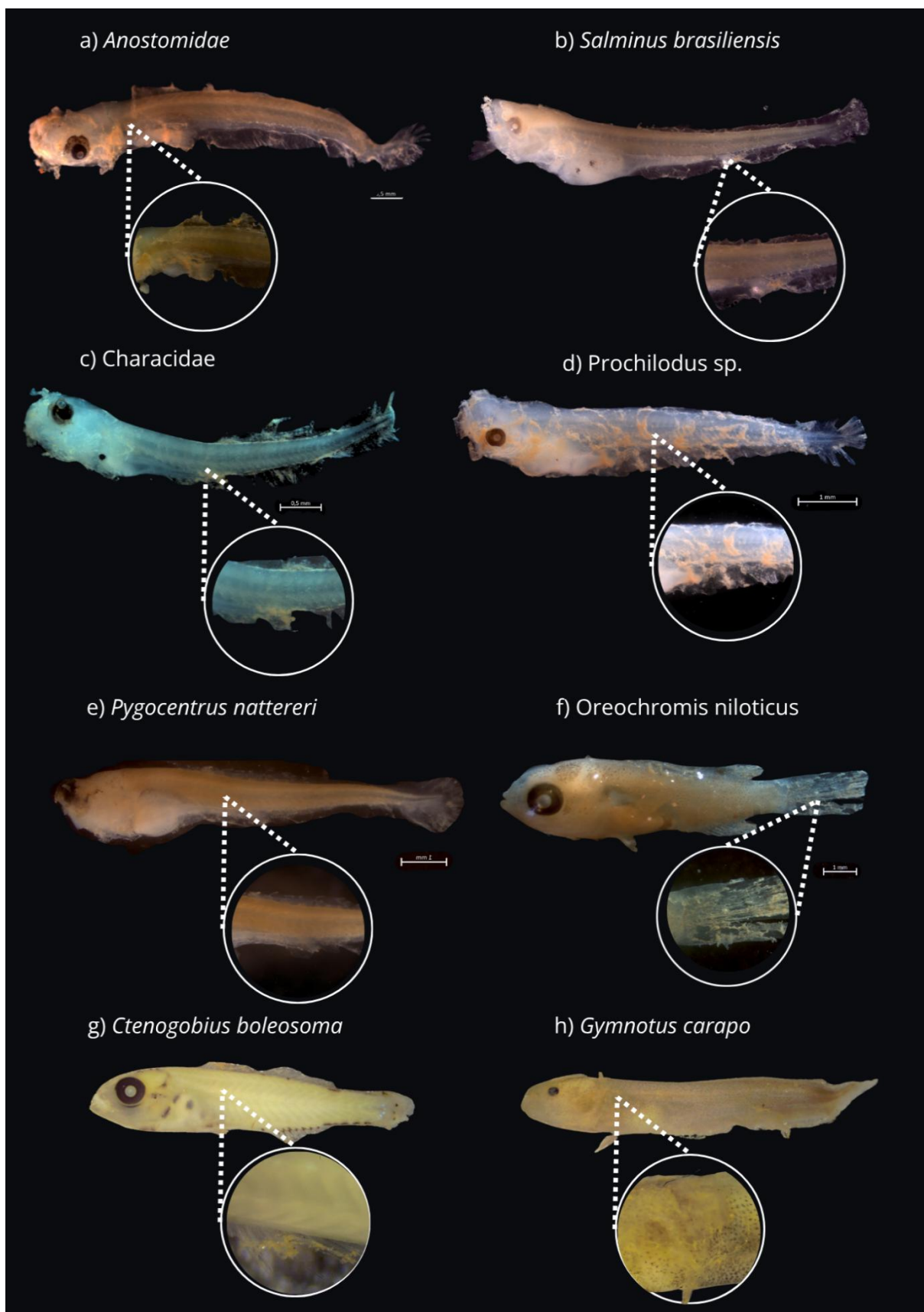
Espécies	Núcleos	Espaço entre núcleos
	qui-quadrado (X^2)	qui-quadrado (X^2)
<i>Pygocentrus nattereri</i>	19,513 (p < 0,0010)	9,856 (p < 0,0016)
<i>Prochilodus</i> spp.	18,660 (p < 0,0016)	5,686 (p < 0,0170)

Foi quantificado maior número de pontos de interseção sobre núcleos e menor espaço entre núcleos neuronais nos tecidos histológicos normais quando comparados com os tecidos anormais nas espécies *P. nattereri* e *Prochilodus* spp., apresentando diferenças significativas pelo teste de qui-quadrado (X^2) em ambas as espécies (Tabela 21).

As malformações histológicas observadas nas espécies *P. nattereri* e *Prochilodus* spp. na região do telencéfalo e tectum óptico caracterizaram-se pela presença de núcleos neuronais, os quais são estruturas celulares constituídas do tecido nervoso. Também se observou menor quantidade de células na *grid*, com aumento de espaços entre os neurônios no tecido nervoso evertido. Essas alterações histopatológicas no tecido nervoso podem prejudicar a organização celular, afetando as conexões sinápticas e a funcionalidade do sistema nervoso (DE BRUIN, 1980; HORN; RASIA-FILHO, 2018).

As malformações em larvas de peixes muitas vezes estão relacionadas a diversos tipos de contaminantes, principalmente de pesticidas e metais pesados, em ambientes aquáticos (JOHNSON *et al.*, 2007), alterando indicadores de sobrevivência celular e provocando danos cerebrais (SULUKAN *et al.*, 2017; USENKO *et al.*, 2007; BAGCHI *et al.*, 1995), além de morte embrionária e atraso na eclosão (ÇOMAKLI *et al.*, 2018). Nesse sentido, as larvas de peixes que apresentaram malformações no tecido nervoso podem ter a sobrevivência comprometida em seu habitat natural. Fatores como a viabilidade de ovos, equilíbrio na locomoção, relação predador-presa (maior vulnerabilidade), desenvolvimento larval para adultos, entre outros, podem estar sendo afetados, o que poderia causar uma redução da população de larvas e, a médio e longo prazo, o possível declínio das espécies afetadas na bacia do rio Doce.

Figura 32: Alterações descritas como Sedimento Aderido ao Corpo (SAC) têm sido identificadas em diferentes táxons de larvas. Essas alterações são caracterizadas pela presença de sedimentos aderidos externamente ao tegumento das larvas, cobrindo a cabeça e ao longo do corpo, com uma coloração marcante que evidencia sua presença.



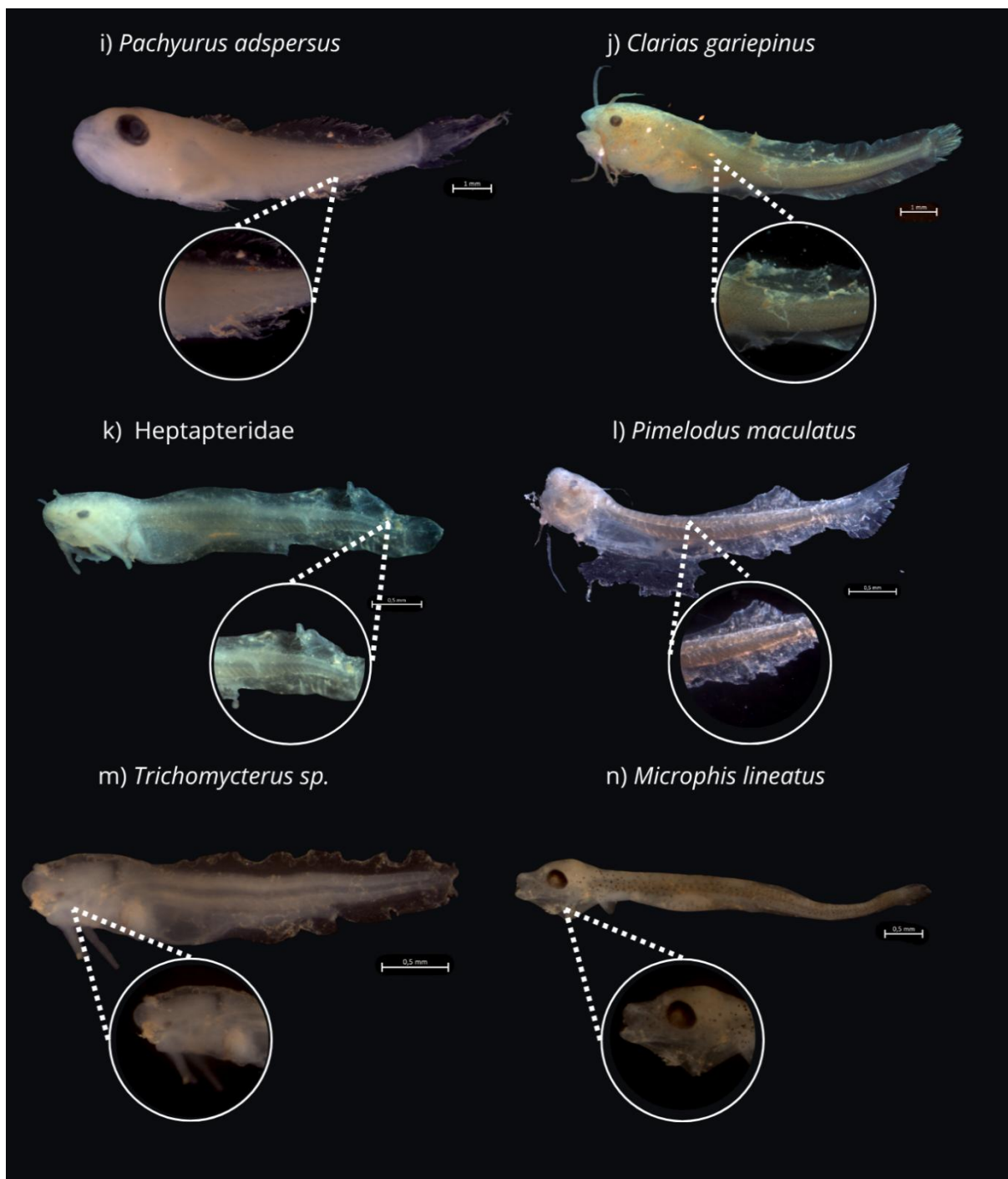
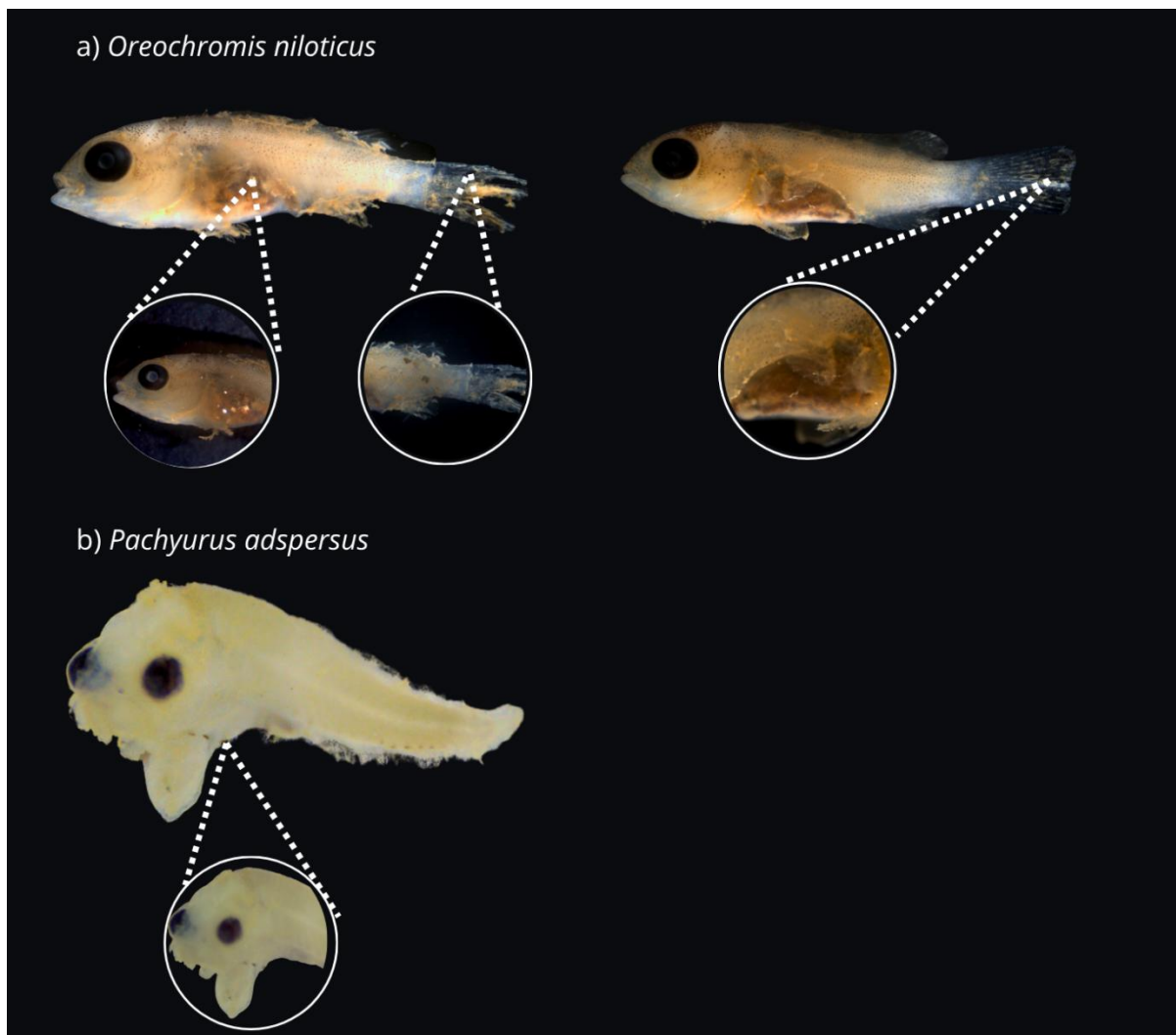


Figura 33: Alterações descritas como Sedimento em Cavidades Internas (SCI) e Rompimento ou Deterioração da Cavidade Abdominal (RCA) podem ser observadas em algumas larvas. Essas alterações são visivelmente identificadas pela presença de sedimentos nas cavidades internas, além do rompimento da cavidade abdominal, frequentemente acompanhado pelo extravasamento do intestino.



Além das deformidades na região da cabeça, o monitoramento do ictioplâncton dulcícola do PMBA/Fest-UFES revelou pelo menos quatro tipos de alterações nas larvas (Figura 32 e Figura 33). Entre elas, destaca-se a presença de sedimento aderido ao corpo (SAC) e em cavidades internas, como a boca e o intestino (SCI). A composição desse material de coloração avermelhada com partículas brilhantes sugere que ele possa ter origem no MLD. Também foram observadas alterações como o rompimento da cavidade abdominal (RCA), frequentemente acompanhado pelo extravasamento do trato digestório.

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

Figura 34: Proporção e distribuição espacial das larvas com alterações incomuns, comparando as estações de amostragem nos ambientes Calha do rio Doce (DOCE), Foz do rio Doce (FOZ), Lagos (LAGO), Lagoas (LAGOA), Reservatório (RES) e Tributários (TRIB). A) DC para deformidade na região da cabeça; B) SAC para sedimento aderido ao corpo; C) RCA para rompimento da cavidade abdominal; D) SCI para sedimento em cavidades internas, durante o período de dezembro/2020 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.

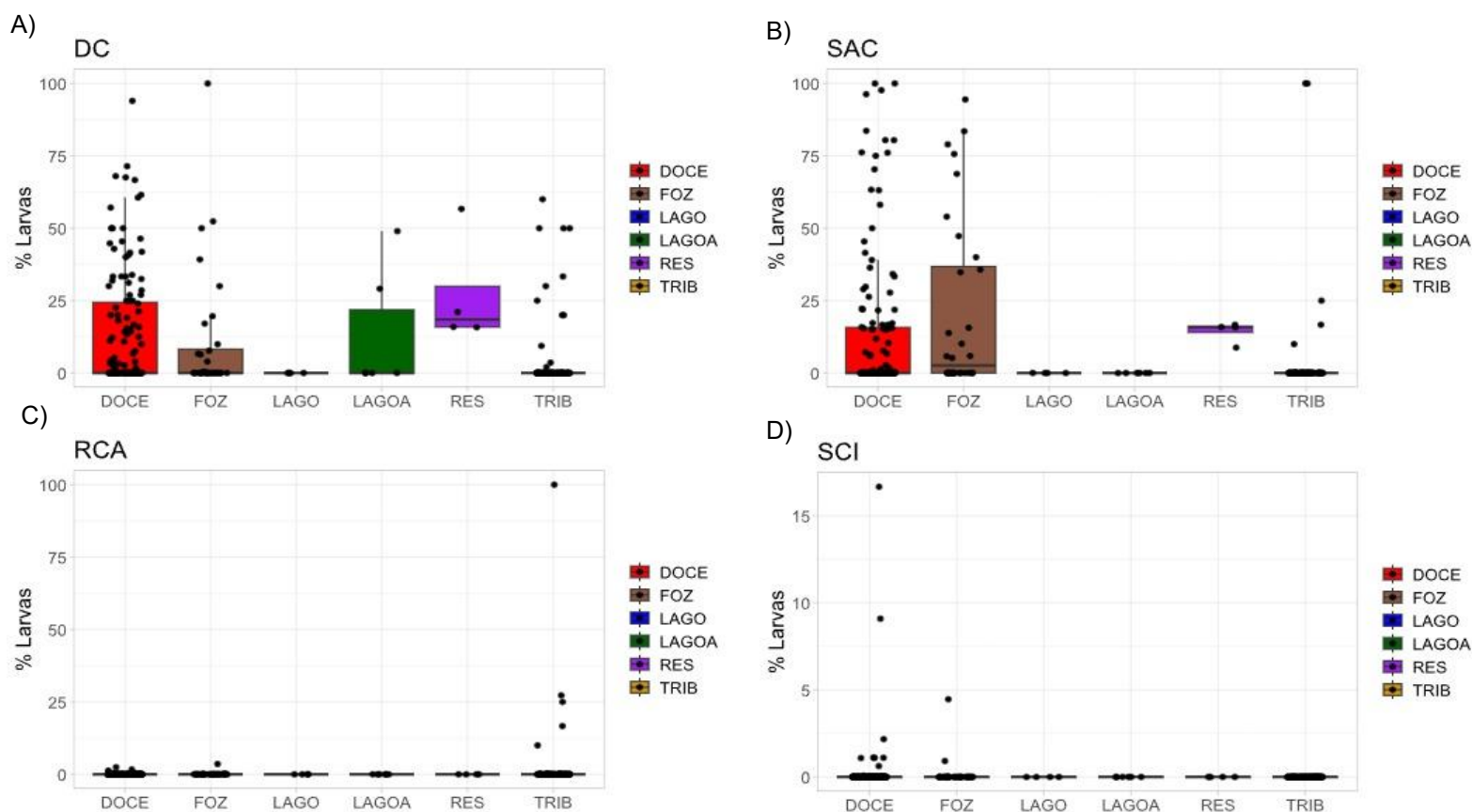
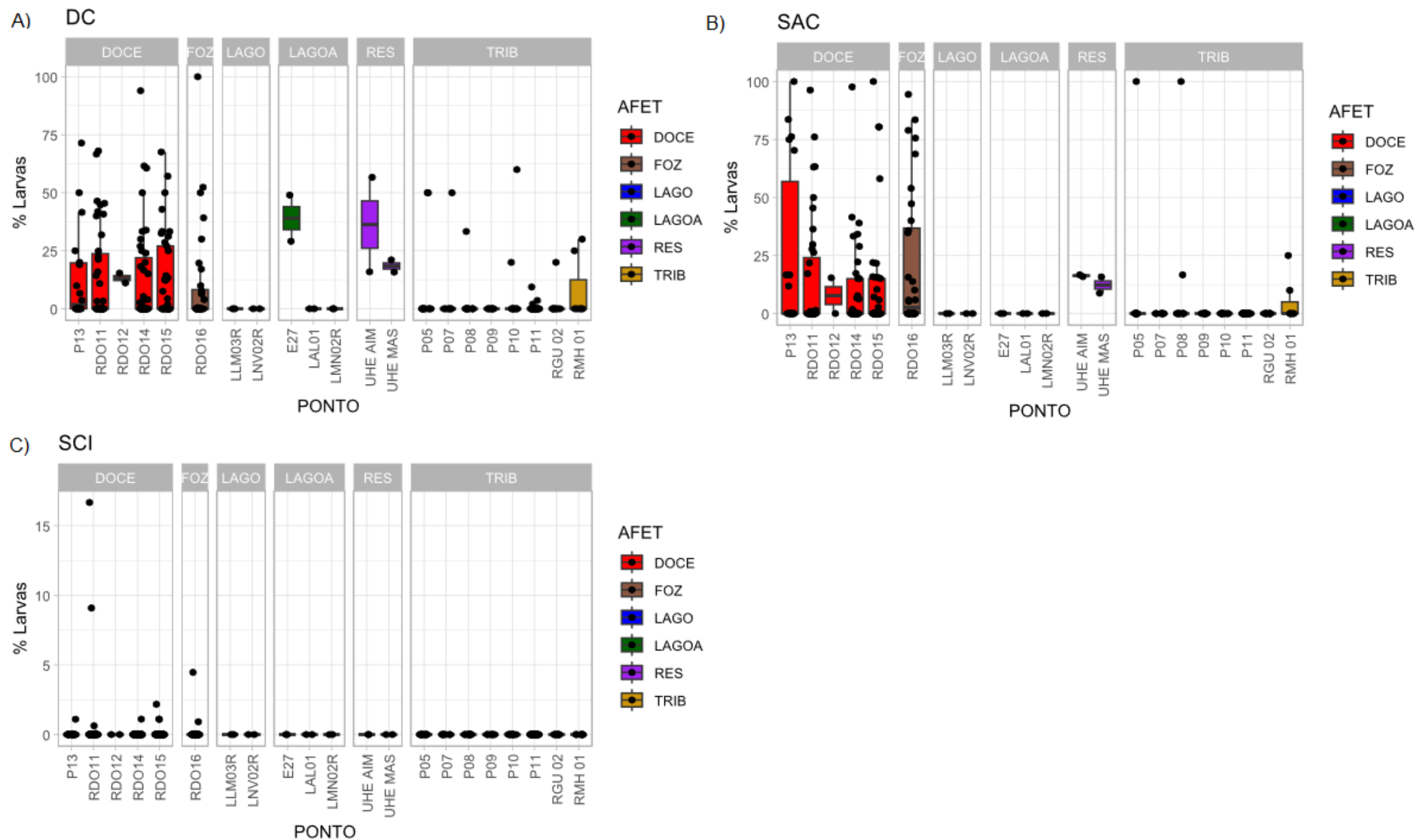


Figura 35: Proporção e distribuição espacial das larvas com alterações incomuns por estação de amostragem na Calha do rio Doce (DOCE), Foz do rio Doce (FOZ), Lagos (LAGO), Lagoas (LAGOA), Reservatórios (RES) e Tributários (TRIB). A) DC: Deformidade na Região da Cabeça; B) SAC: Sedimento Aderido ao Corpo; C) SCI: Sedimento em Cavidades Internas. A alteração RCA (rompimento da cavidade abdominal) é pouco frequente, resultando em um número amostral insuficiente para análises estatísticas conclusivas, durante o período de dezembro/2020 a janeiro/2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



O monitoramento do ictioplâncton permitiu identificar a presença de quatro tipos de deformidades que comprometem a integridade e sobrevivência das larvas de peixe, que são afetadas em diferentes escalas de acordo com o ambiente da bacia que é analisado. Os dados da Figura 34a e Figura 34b mostram que as alterações DC (deformidade na região da cabeça) e SAC (Sedimento Avermelhado Aderido ao Corpo), além de serem as mais frequentes, são mais prevalentes e concentradas nos ambientes calha do rio Doce, foz do rio Doce e reservatórios, com alguns valores máximos que ultrapassam 80% em alguns pontos. Esses ambientes mais impactados - calha, foz e reservatórios – compreendem as áreas que foram afetadas pelo MLD, sugerindo uma forte correlação de contaminação das larvas por esse material. As estações que apresentaram os valores mais altos foram RDO 12 (Colatina), RDO 14 (Marilândia), RDO 15 (Linhares) e RDO 16 (foz). Os reservatórios UHE AIM e UHE MAS apresentaram valores moderados, mas bem menores do que a calha e a foz (Figura 35a e Figura 35b).

Por sua vez, os ambientes lagos, lagoas e tributários apresentaram níveis muito baixos ou inexistentes de deformidades de qualquer tipo, mostrando-se ambientes menos impactados pelo MLD. Em relação às alterações RCA (Rompimento da Cavidade Abdominal) e SCI (Sedimento em Cavidades Internas), os registros são mais raros e esporádicos, porém, detectados nos ambientes mais impactados calha e foz do rio Doce. No gráfico da Figura 35c é possível visualizar que SCI apresenta valores baixos em todos os pontos, indicando ser uma deformidade menos frequente.

Tabela 22: Total das densidades de larvas/10m³ registradas com algum tipo de alteração durante os Anos 3, 4, 5, 6 e 7 do PMBA/Fest-UFES. 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. * Espécies exóticas; ● espécies de origem marinha.

Táxons	Deformidades			
ORDEM Família Espécie	DC	SAC	RCA	SCI
BELONIFORMES				
Hemiramphidae				
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i> (Ranzani, 1841) ●	8,11			
CHARACIFORMES				
Anostomidae	376,92	49,77		0,61
Bryconidae				
<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)	7,29	32,39		
Characidae	15,93	7,94		
Prochilodontidae				
<i>Prochilodus</i> spp.	1463,89	321,67	0,16	
Serrassalmidae				
<i>Pygocentrus nattereri</i> Kner, 1858 *	13,44	50,46		
CICHLIFORMES				
Cichlidae				
<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758) *	1,43	5,61	1,32	0,94
CLUPEIFORMES				
Engraulidae	4,00		1,60	
GOBIIFORMES				
Gobiidae				
<i>Ctenogobius boleosoma</i> (Jordan & Gilbert, 1882) ●	0,59	0,56		
GYMNOTIFORMES				
Gymnotidae				
<i>Gymnotus carapo</i> Linnaeus, 1758		0,11		
PERCIFORMES				
Scianidae				
<i>Pachyurus adspersus</i> Steindachner, 1879	106,55	11,44	0,52	0,70
SILURIFORMES				
Clariidae				
<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell, 1822) *	0,10	0,35		
Heptapteridae	0,65	2,82		
Pimelodidae				
<i>Pimelodus maculatus</i> Lacepède, 1803 *	20,79	225,12		2,87
Trichomicteryidae				
<i>Trichomycterus</i> spp.		0,07		
Syngnathidae				
<i>Microphis lineatus</i> (Kaup, 1856) ●	1,34	1,43		0,09
Soma das densidades por deformidade	2012,92	709,72	3,60	5,21

Até o momento, as anomalias registradas nas larvas foram identificadas em 16 táxons distintos (Tabela 22). Notavelmente, as curimbas do gênero *Prochilodus*, as espécies de piau da família Anostomidae e a Corvina *Pachyurus adspersus* são os táxons mais frequentemente afetados, seguidos pelo Mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*, o táxon Characidae e a Piranha-Vermelha *Pygocentrus nattereri*. A maior frequência de anomalias nesses táxons está relacionada à abundância de suas larvas nos ambientes estudados. Inicialmente, as deformidades na região da cabeça foram observadas apenas nas larvas de curimbas, piaus e piranhas vermelhas.

No ano 3 do monitoramento, a principal alteração identificada foi o de larvas com SAC (Sedimento Aderido ao Corpo), especialmente em larvas de *P. maculatus*, *Prochilodus spp.* e *P. nattereri*, sendo o ano com a maior densidade de larvas afetadas com essa deformidade e posterior redução ano a ano. Por sua vez, no ano 4 do monitoramento (2021) foram registradas as primeiras larvas com deformidades na região da cabeça nas larvas de *P. maculatus*, *Prochilodus spp.* e *P. nattereri*, e também em Anostomidae. Em 2022, o registro de DC se estendeu para as larvas do Peixe-caximbo *Microphis lineatus*, a Corvina *Pachyurus adspersus*, o Bagre africano *Clarias gariepinus* e o Dourado *Salminus brasiliensis*. Em 2023, o táxon Characidae também apresentou deformidades e, em 2024, o táxon Heptapteridae e as larvas marinhas de Amoré *Ctenogobius boleosoma* e Agulha-branca *Hyphorhamphus unifasciatus*. De maneira geral, com o avanço do PMBA/Fest-UFES, a riqueza de larvas com deformidades na região da cabeça aumenta com o passar do tempo, bem como a proporção de larvas afetadas, tanto em táxons nativos, quanto táxons exóticos e de origem marinha (Tabela 22).

As demais deformidades RCA (Rompimento da Cavidade Abdominal) e SCI (Sedimento em Cavidades Internas) ocorrem de maneira menos frequente e com registros similares ao longo dos anos.

Figura 36: 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 $\pm 95\%$. A) DC para deformidade na região da cabeça; B) SAC para sedimento aderido ao corpo; C) RCA para rompimento da cavidade abdominal; D) SCI para sedimento em cavidades internas.

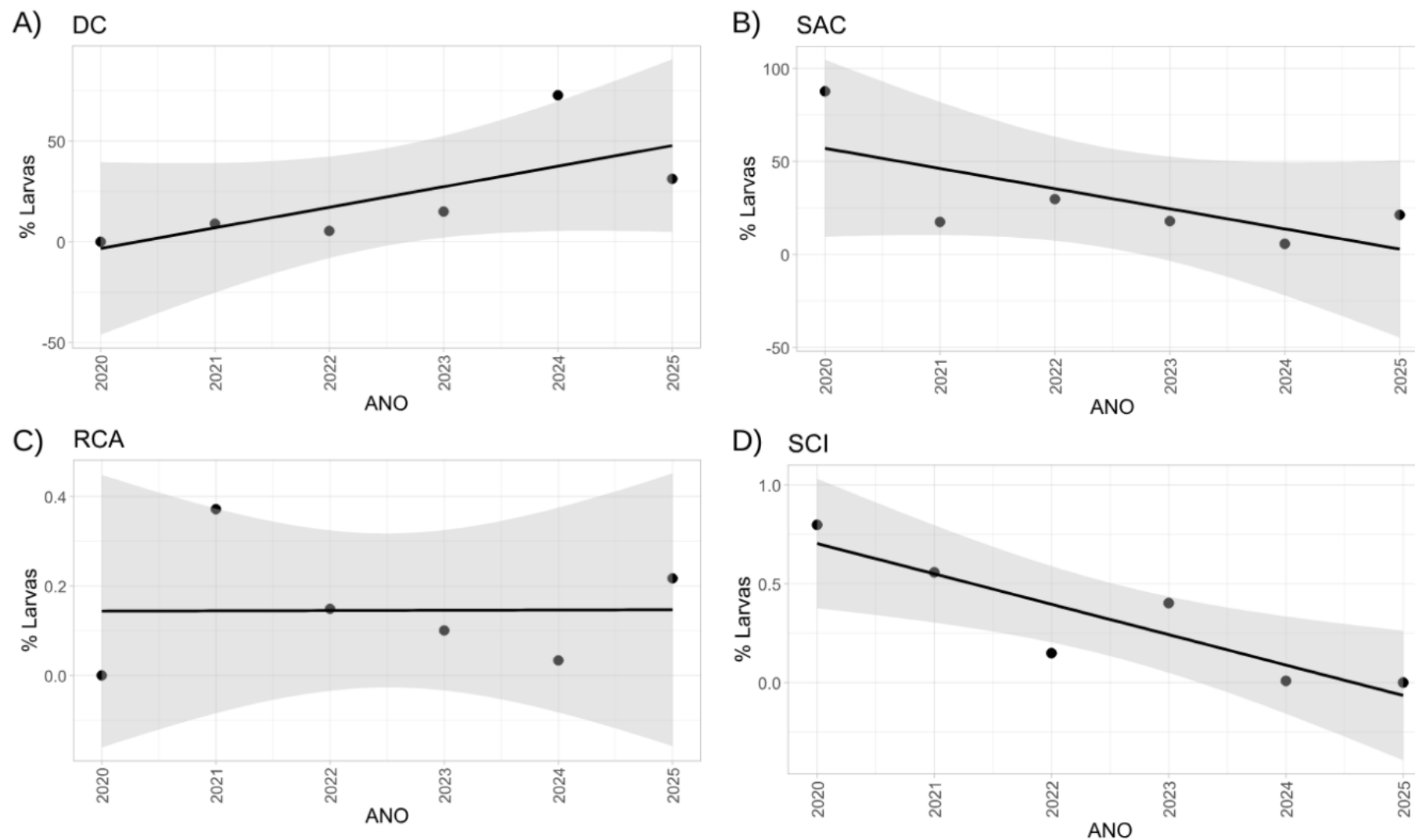
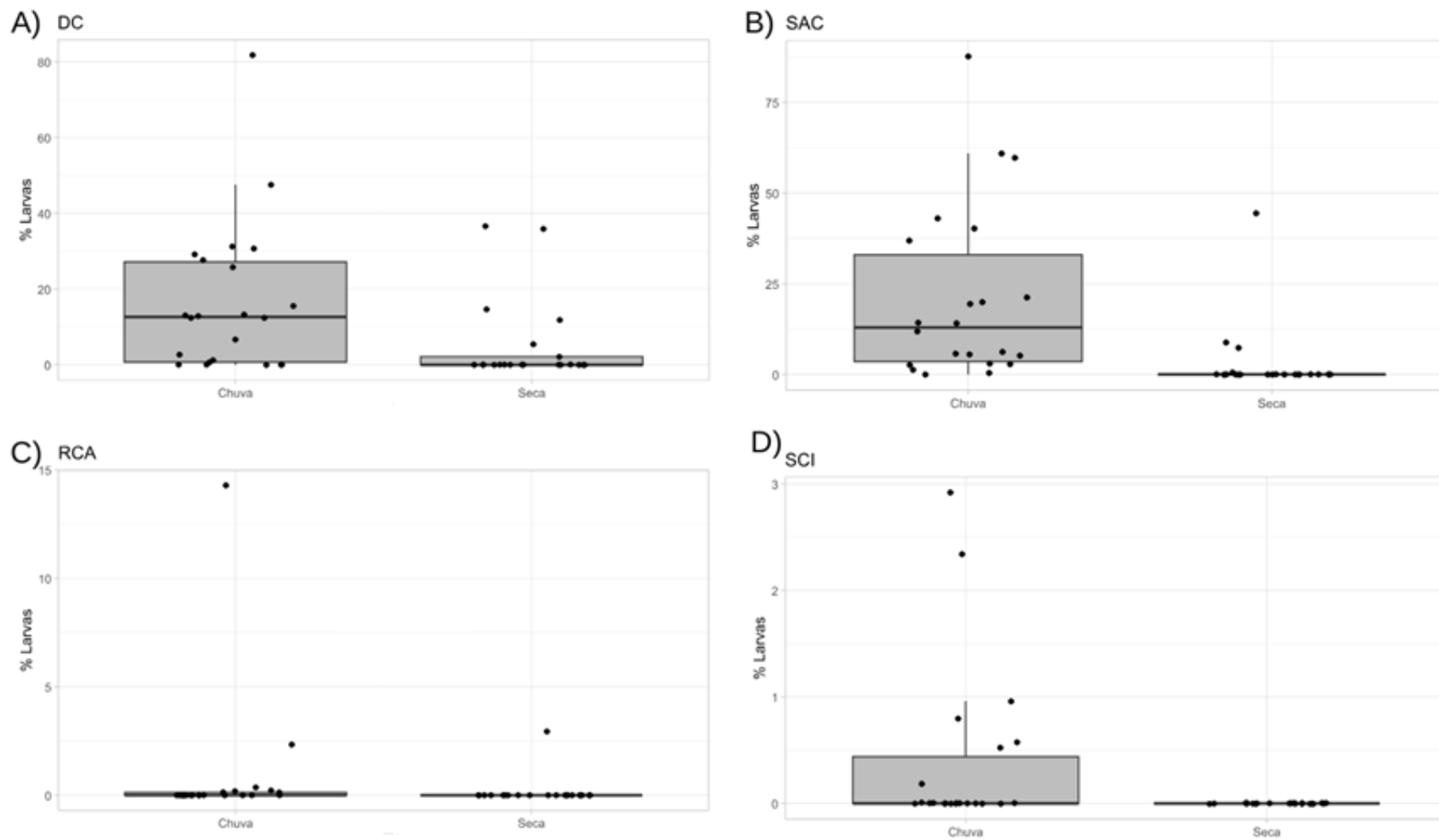


Figura 37: Proporção e distribuição temporal das larvas com alterações incomuns por período chuvoso (chuva) e seco (seca). A) DC para deformidade na região da cabeça; B) SAC para sedimento aderido ao corpo; C) RCA para rompimento da cavidade abdominal; D) SCI para sedimento em cavidades internas.



A Figura 36 mostra a linha de tendência das deformidades encontradas ao longo dos anos (2020 a 2025). Nela, observa-se uma tendência significativa de aumento da frequência das deformidades na região da cabeça (DC), que começa em torno de 0% em 2020 e cresce até valores acima de 50% em 2024. Tal tendência corrobora o resultado visualizado na Tabela 22, que ilustra o aumento do número de táxons afetados. Esse aumento de frequência ao longo dos anos está relacionado principalmente à estação chuvosa (Figura 37a) e essa relação pode estar associada tanto ao fato de que a densidade de larvas nesse período é muito superior, quanto ao fato do maior aporte de água das chuvas causar a ressuspensão do MLD depositado no fundo, trazendo contaminantes, sedimentos ou matéria orgânica que favorecem o surgimento dessas deformidades para a coluna d'água.

De forma oposta, os sedimentos avermelhados aderidos ao corpo (SAC) apresentaram uma tendência de diminuição significativa ao longo dos anos. Em 2020, os valores estão próximos de 90-100%, caindo gradualmente até valores em torno de 0-20% em 2025 (Figura 36b). Essa redução indica uma melhora desse tipo de alteração ao longo do tempo. Todavia, assim como para DC, a maior quantidade de larvas com SAC ocorre no período chuvoso, possivelmente pelos mesmos motivos.

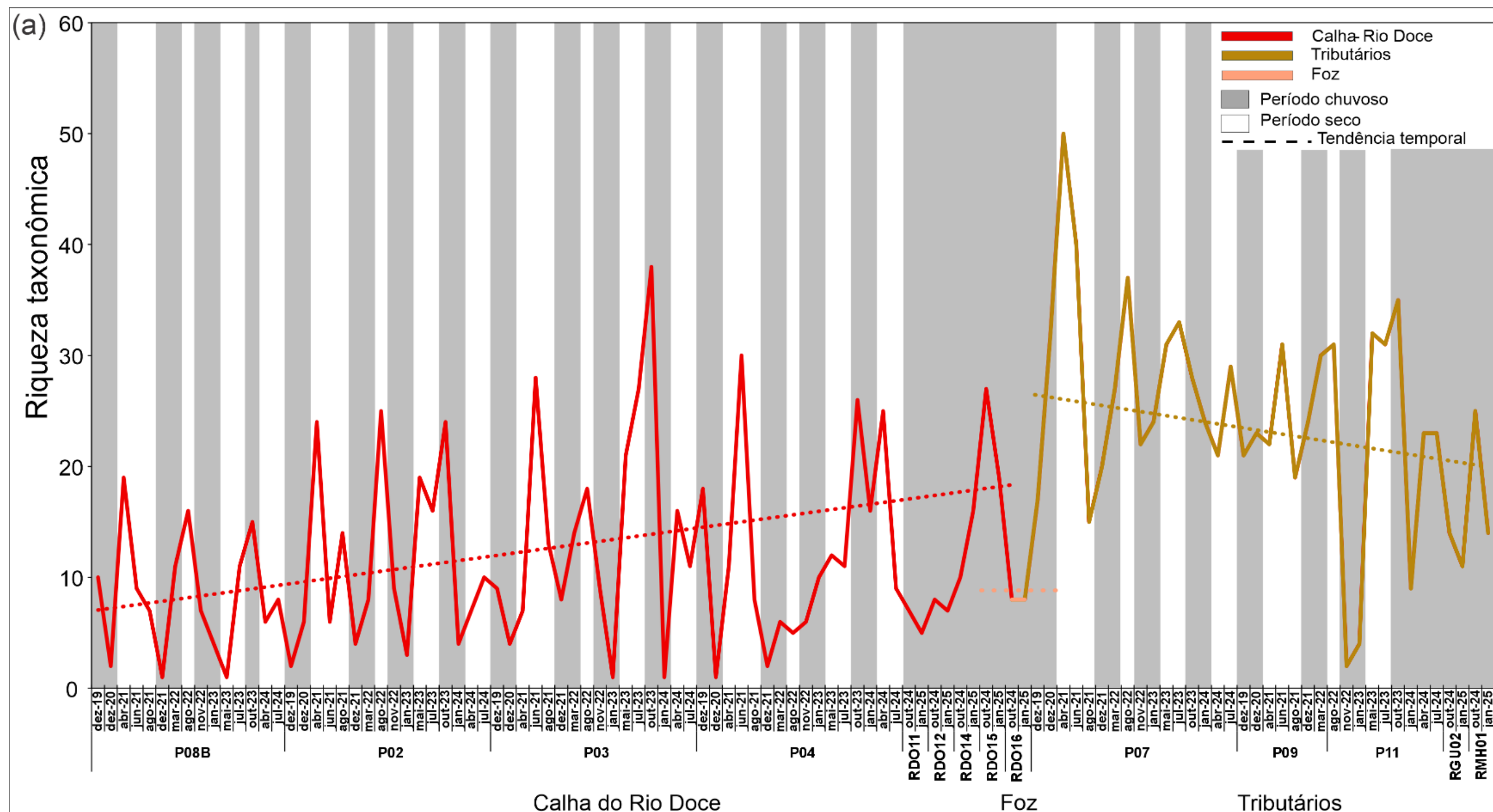
Em relação às deformidades de rompimento das cavidades abdominais (RCA) e sedimento em cavidades internas (SCI) os valores são baixos, sendo que RCA apresenta uma tendência à estabilidade, com ausência de mudança clara ao longo do tempo; por outro lado, SCI apresenta uma tendência de redução ao longo do período (Figura 36c e Figura 36d).

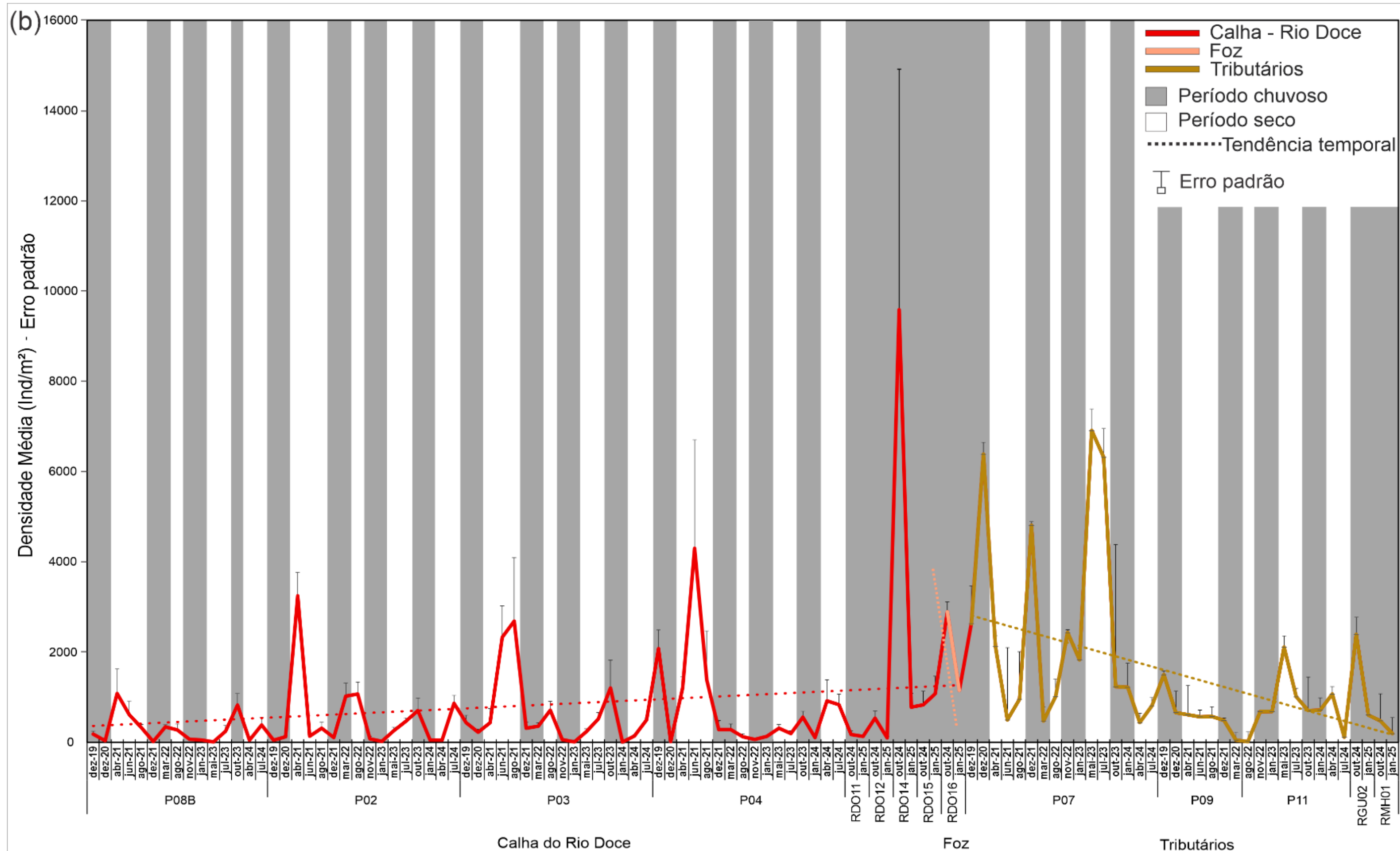
As anomalias observadas nas larvas, especialmente as deformidades na cabeça, junto aos padrões de distribuição, sugerem que os impactos do MLD podem estar afetando, direta ou indiretamente, a integridade e viabilidade das larvas de peixes em deriva na calha do rio Doce. Uma compreensão mais aprofundada dessas anomalias permitirá avaliar seus efeitos no desempenho funcional dos peixes em seus estágios iniciais de vida, na taxa de sobrevivência, na produtividade pesqueira e nas consequências ecológicas associadas a essas alterações.

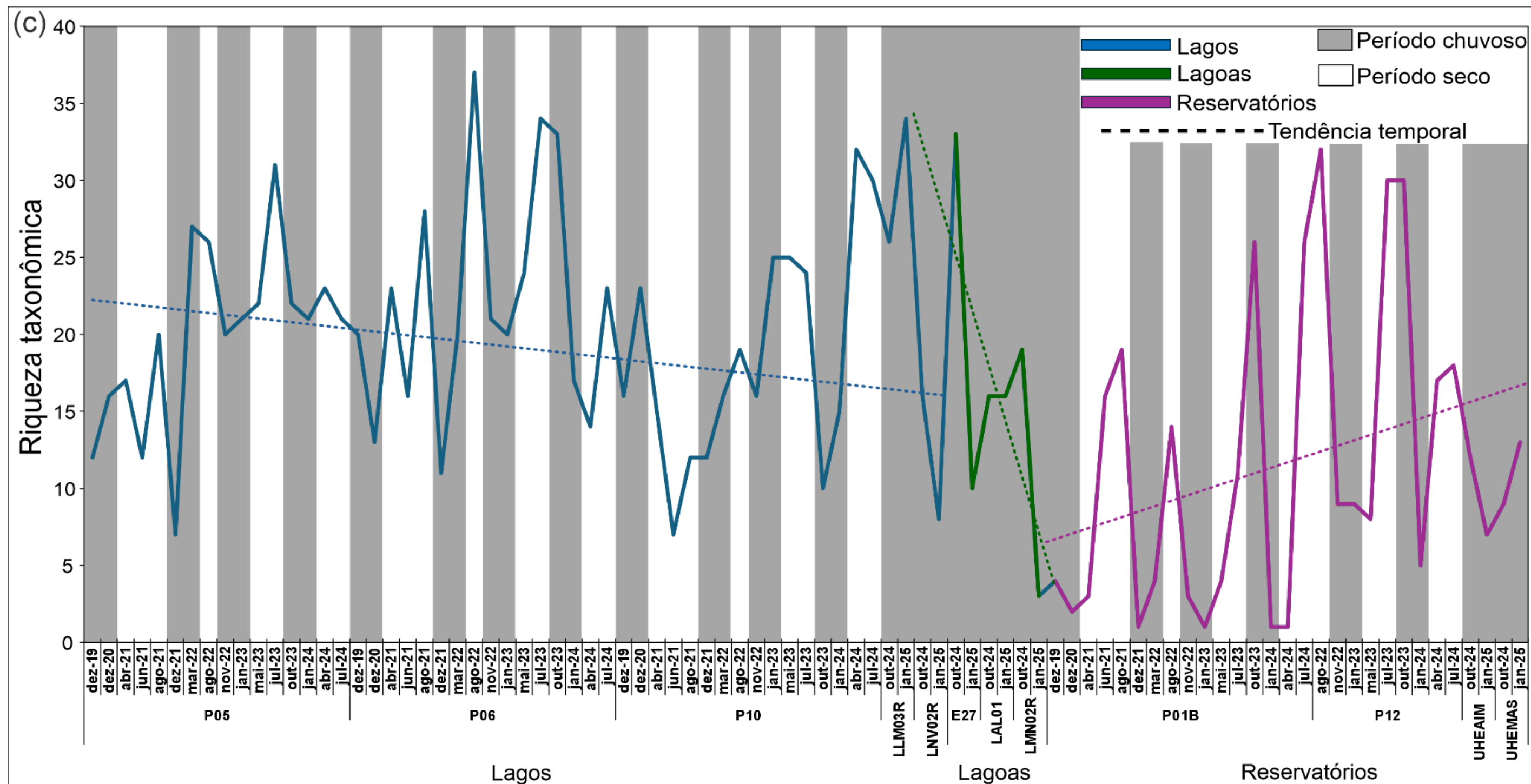
D. INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

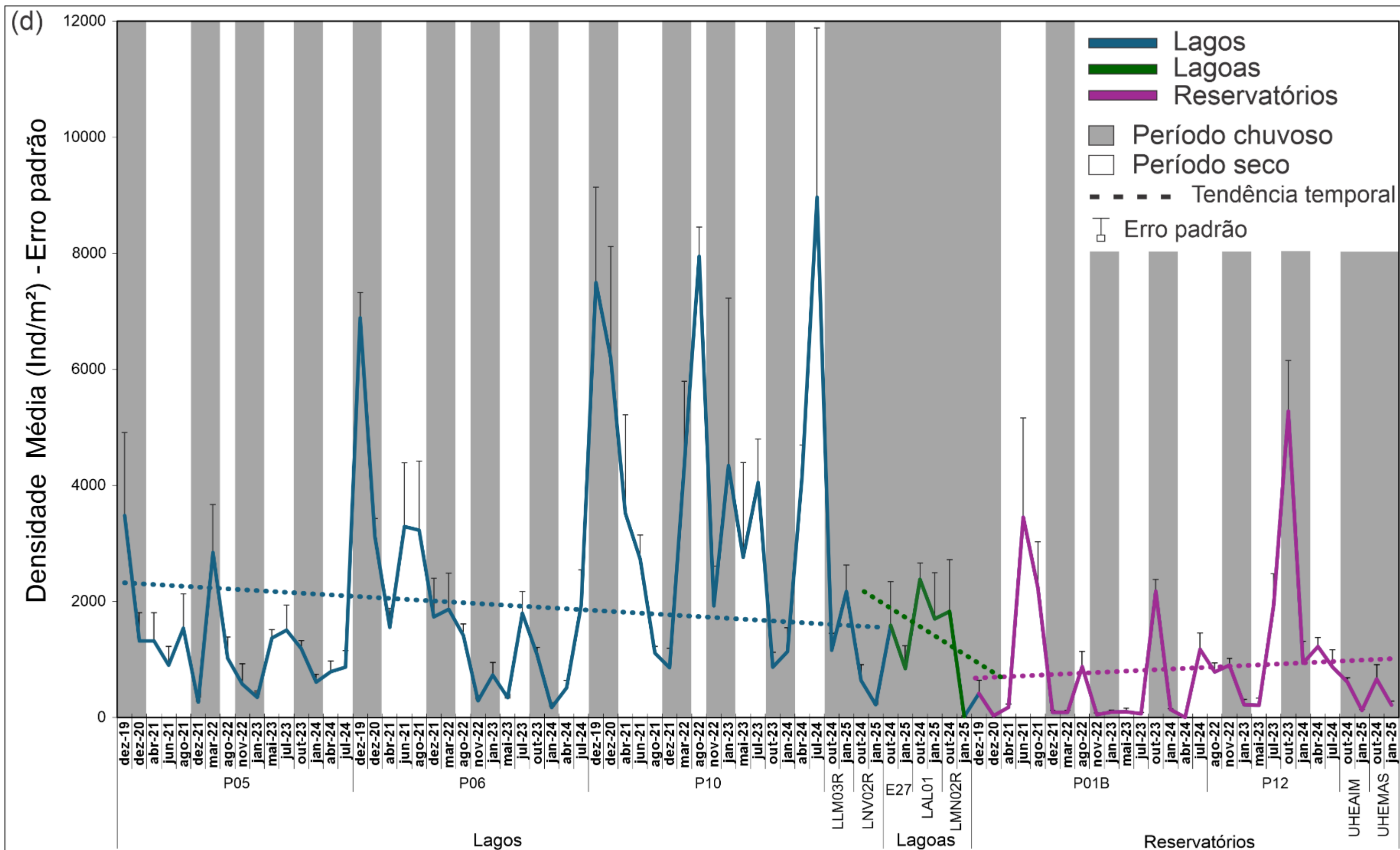
3.23 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 38: Tendência temporal: **(a)** Riqueza taxonômica e **(b)** Densidade média (Ind/m² e \pm Erro padrão) de macroinvertebrados bentônicos dos ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce e Tributários (Ribeirão das Palmas, rio Manhuaçu, Córrego São Pedro Frio e rio Guandu); **(c)** Riqueza taxonômica e **(d)** Densidade média (Ind/m² e \pm Erro padrão) nos ambientes Lagos (Lago do Limão, Lago das Palmas, Lago do Óleo e Lago Nova), lagoas (Cacimbas, Monsarás e Areal) e Reservatórios (UHE Mascarenhas e Aimorés), amostrados no monitoramento do PMBA/Fest-UFES de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. 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. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.









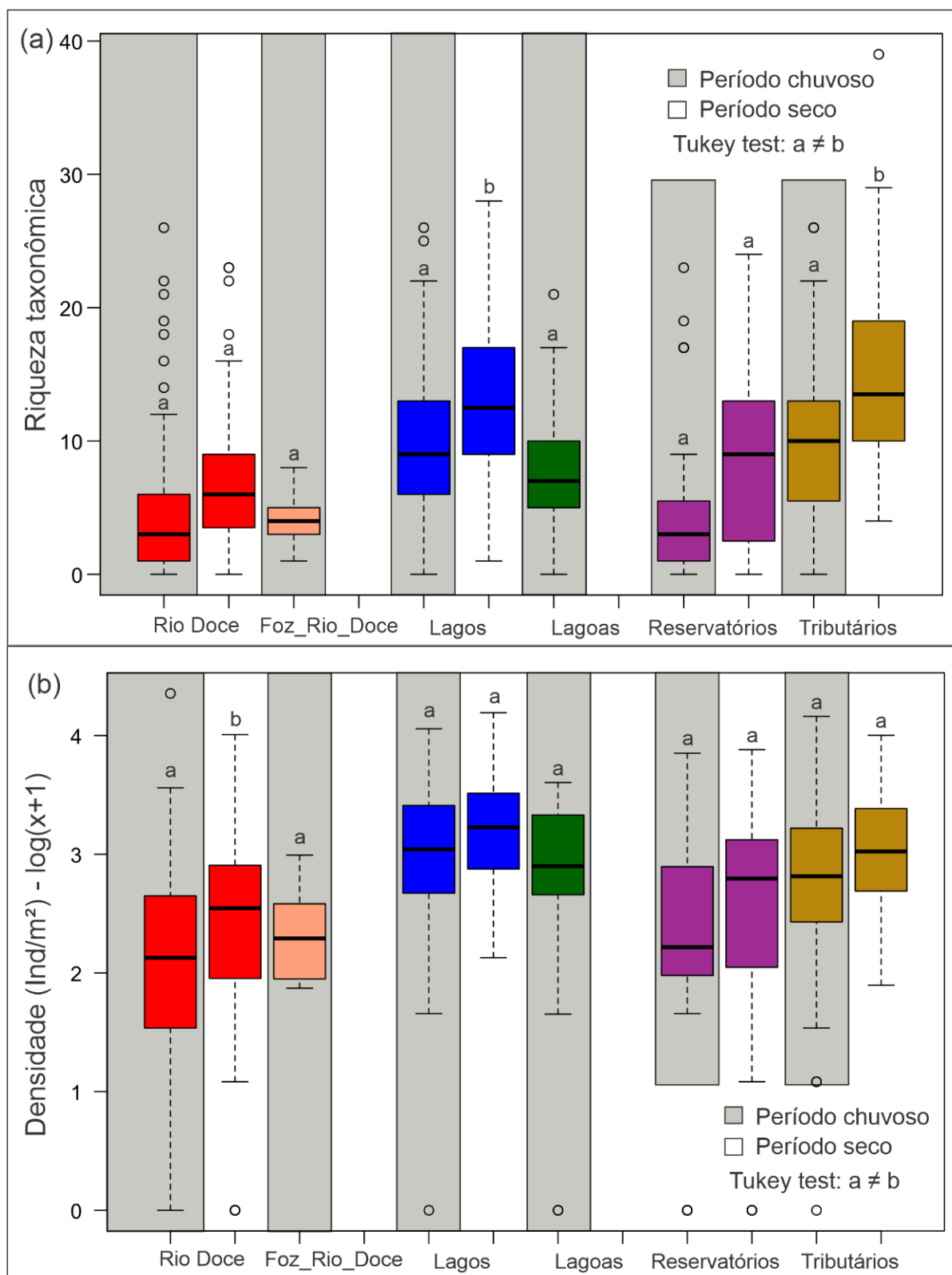
A Figura 38 (a, b, c e d) apresenta as tendências temporais da riqueza taxonômica (a e c) e densidade média (Ind./m²) (b e d) de macroinvertebrados bentônicos durante os anos de monitoramento do PMBA/Fest-UFES. Nos trechos lóticos da Calha do rio Doce foi possível observar uma tendência de aumento da riqueza taxonômica em um gradiente de composição das comunidades, do ponto mais a montante (P8B), em direção ao ponto mais próximo da foz (RDO15), enquanto na Foz do rio Doce no ponto (RDO16) permaneceu estável com duas coletas de dados no período chuvoso. Já no ambiente Tributários (pontos P7, P9, P11 RGU02 e RMH01), foi possível observar uma tendência de diminuição da riqueza, assim como nos ecossistemas lênticos, como os ambientes Lagos, Lagoas e Reservatórios (P1B, P12, UHEMAS e UHEAIM). No geral, nos períodos secos, as riquezas taxonômicas atingiram os maiores índices, com algumas exceções pontuais (Figura 38a e c).

Em relação às densidades (Ind/m²), também foi observada tendência de aumento no ambiente calha do rio Doce e tendência de diminuição da densidade nos ambientes Foz do rio Doce e Tributários. Nos ambientes lênticos, foi observada uma tendência de diminuição da densidade nos Lagos e Lagoas, e uma sutil tendência de aumento nos Reservatórios. As maiores densidades foram observadas nos períodos secos, com exceção dos pontos amostrais RDO11, RDO12, RDO14, RDO15, RDO16, RGU02, RMH 01, LNV02R, LLM03R, E27, LAL01, LMN02R, UHEAIM e UHEMAS que foram recentemente incorporados na malha amostral do PMBA/Fest-UFES e foram amostrados até o momento somente no período chuvoso.

As menores riquezas e densidades nos períodos chuvosos em relação aos períodos secos é esperada, uma vez que o regime de cheia se caracteriza 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 alguns pontos amostrais apresentarem maior riqueza e densidade no período chuvoso, principalmente nos ambientes lóticos, provavelmente foi em consequência de amostragens 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 à distribuição espacial ao longo dos trechos amostrados corroboram o esperado na relação entre 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 Reservatórios da UHE Mascarenhas e Aimorés, assim como o ambiente Calha do rio Doce, apresentaram tendências de aumento na riqueza e densidade conforme o esperado, uma vez que estes reservatórios são formados pelo barramento de trecho do rio e desvio da calha principal, que apesar de apresentar maior tempo de residência da água, recebe um grande aporte fluvial no rio Doce.

Figura 39: Gráficos Boxplot representando as diferenças estatística (ANOVA) da Riqueza taxonômica **(a)** e Densidade ($\text{Ind}/\text{m}^2 - \log(x+1)$ transformado) **(b)** de macroinvertebrados bentônicos entre os períodos sazonais chuvoso e seco para os ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. Letras sobre as caixas representam as diferenças observadas pelo Tukey-test ($a \neq b$). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 39 (a e b) apresenta as comparações da estrutura e composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos (riqueza e densidade), analisadas com o teste estatístico One-way ANOVA, dos ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios entre os períodos sazonais chuvosos e secos, de dezembro de 2019 a janeiro de 2025.

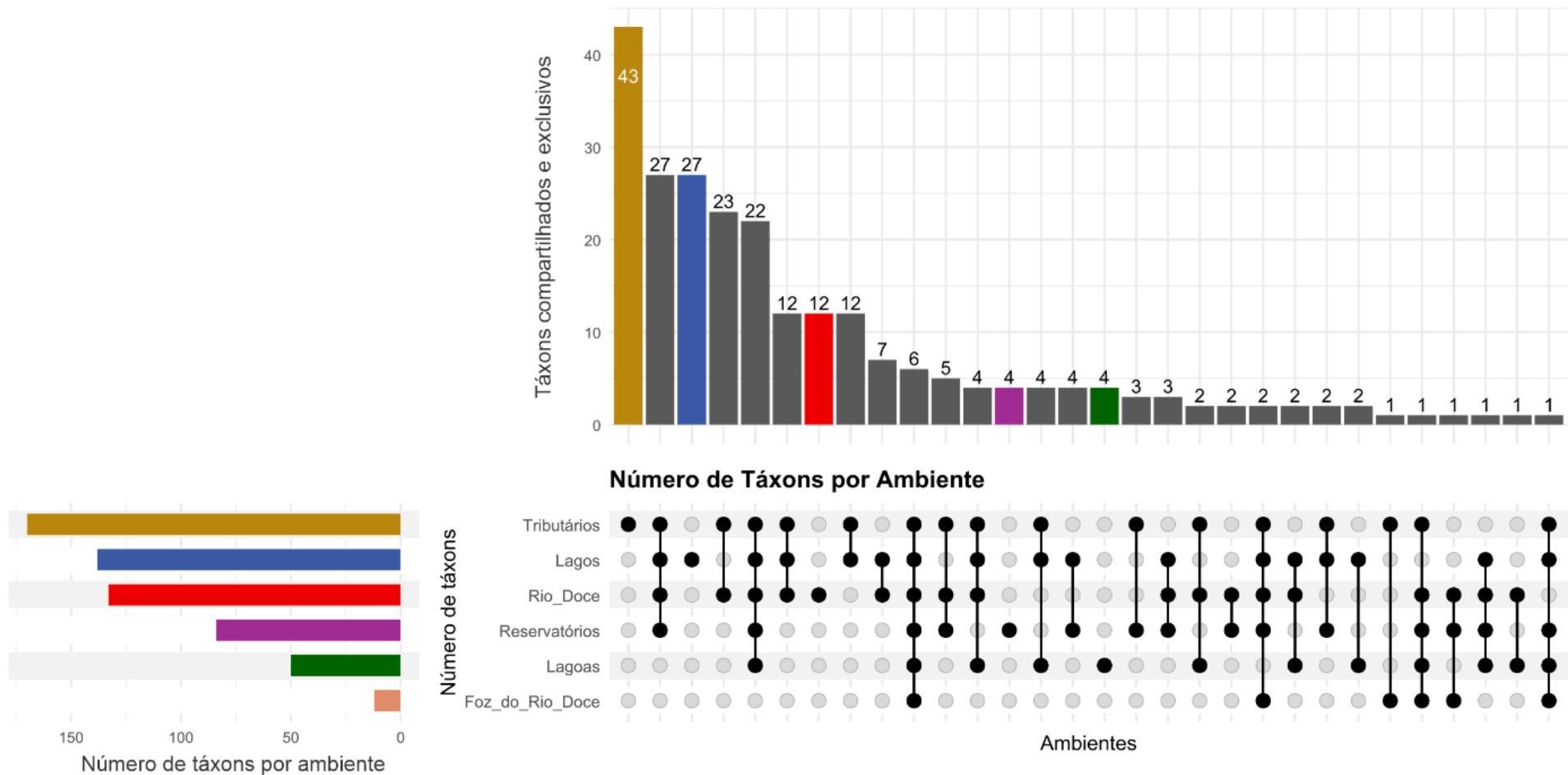
A análise estatística da comparação dos dados de riqueza e densidade dos ambientes entre os períodos sazonais evidenciou que, em termos de riqueza taxonômica, apenas os ambientes lagos e tributários apresentaram diferenças significativas. A riqueza taxonômica foi significativamente maior nos lagos e tributários no período seco ($p < 0,05$; Figura 39a) e para a densidade apenas o ambiente calha do rio Doce foi significativamente maior no período seco ($p < 0,05$; Figura 39b), conforme o teste de Turkey ($a \neq b$).

Os menores valores de riqueza e abundância de macroinvertebrados bentônicos foram encontrados no ambiente calha do rio Doce, em relação aos demais ambientes. Este resultado é provavelmente relacionado a diversos impactos e distúrbios históricos, uma vez que a bacia do rio Doce vem sofrendo com intensas atividades antrópicas por 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 conforme CALLISTO *et al.* (2002), e contaminação por esgotos que são lançados sem tratamento, na calha do rio Doce.

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 rompimento da barragem de Fundão em Mariana foi considerado um dos maiores desastres ambientais ocorridos no país, com impactos diretos e indiretos e devastadores nas comunidades aquáticas que ocorrem nos sedimentos, por exemplo destruindo habitats, e impactos 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 nove anos do rompimento da barragem, ainda se observa um cenário preocupante, apesar da melhora gradual na composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, com dominância expressiva de assembleias tolerantes e resistentes.

Figura 40: Modelo ComplexUpset de compartilhamento de táxons entre os ambientes (ambientes) calha do rio Doce, foz do rio Doce, tributários, lagos, lagoas e reservatórios, no monitoramento do PMBA/Fest-UFES de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



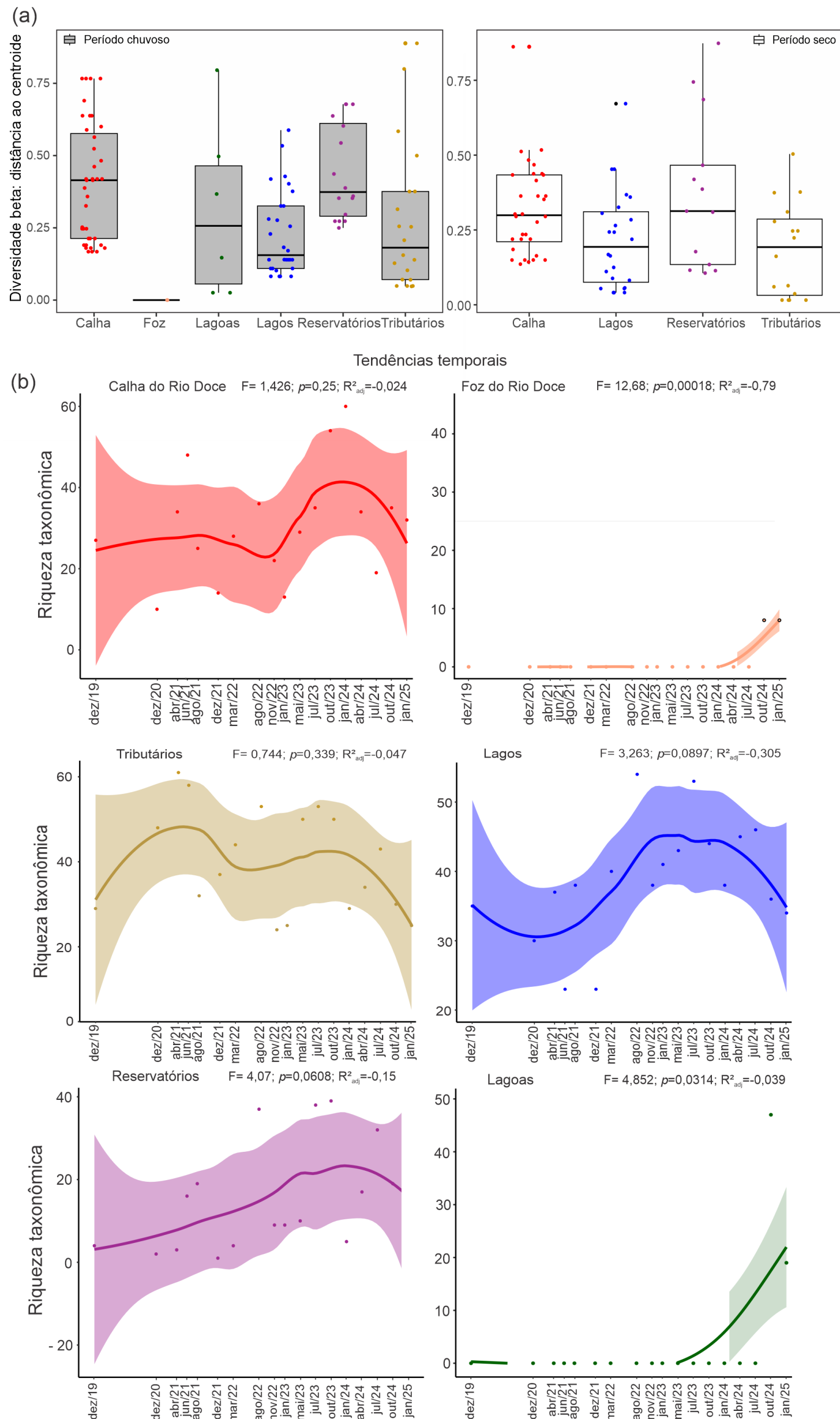
A Figura 40 apresenta o modelo ComplexUpset compartilhamento de táxons entre os ambientes e táxons exclusivos de cada ambiente. O gráfico mostra a interseção entre os ambientes (calha do rio Doce, foz do rio Doce, tributários, lagos, lagoas e reservatórios). A parte superior é um gráfico de barras que indica o número de táxons para cada ambiente ou interseção de ambientes e variou de 1 a 43 táxons. A parte inferior da figura é um diagrama de pontos onde cada linha representa um ambiente e as colunas indicam a presença de um ou mais ambientes e os pontos pretos indicam a presença de um ambiente único ou interseção específica, com linhas verticais conectando os ambientes combinados. Assim, as barras horizontais representam o total de táxons por ambientes (ambientes), as barras verticais representam o número de táxons compartilhados por cada interseção e os pontos pretos representam os ambientes que compartilham os táxons.

A barras verticais coloridas representam os táxons exclusivos do ambiente. Então, na figura é possível observar que o ambiente Tributários apresenta 43 táxons exclusivos e compartilha com o rio Doce 23 táxons. O ambiente Lagos apresenta 27 táxons exclusivos e compartilha com o rio Doce exclusivamente 7 táxons. O ambiente rio Doce apresenta 12 táxons exclusivos, Reservatórios e Lagoas 4 táxons exclusivos e 6 táxons são compartilhados por todos os ambientes.

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 (ponto P10), por exemplo, se conecta com o rio Doce pelo Ribeirão das Palmas (ponto P7), um forte contribuidor na recomposição da macrofauna bentônica para o rio Doce.

Nesta análise, o digrama Complex Upset 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 o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, 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 sob pressão de múltiplos estressores e impactados pelo rejeito de minério oriundo do rompimento da barragem de Fundão em Mariana em 2015.

Figura 41: Gráficos representando a variação sazonal da Diversidade Beta taxonômica e tendências temporais da distribuição da riqueza taxonômica de macroinvertebrados, pelos Modelos Lineares Generalizados (GAMM) nos ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios, de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 41a apresenta a distribuição sazonal (período chuvoso e seco) da diversidade e a Figura 41b apresenta as tendências temporais nos ambientes calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES, dos períodos chuvosos e secos, entre dezembro de 2019 e janeiro de 2025.

Para a calha do rio Doce, o período chuvoso, no geral, apresentou maior diversidade beta ($F= 4,93$; $Df= 5$; $p < 0,01$), ou seja, maior variação na média dos centroides e, na contramão, o ambiente Reservatórios apresentou maior diversidade beta no período seco ($F= 4,25$; $Df= 3$; $p < 0,01$). Enquanto, nos ambientes Foz e Lagoas não foi possível comparar os períodos sazonais porque foram amostrados somente no período chuvoso (Figura 41 A e B – diversidade beta).

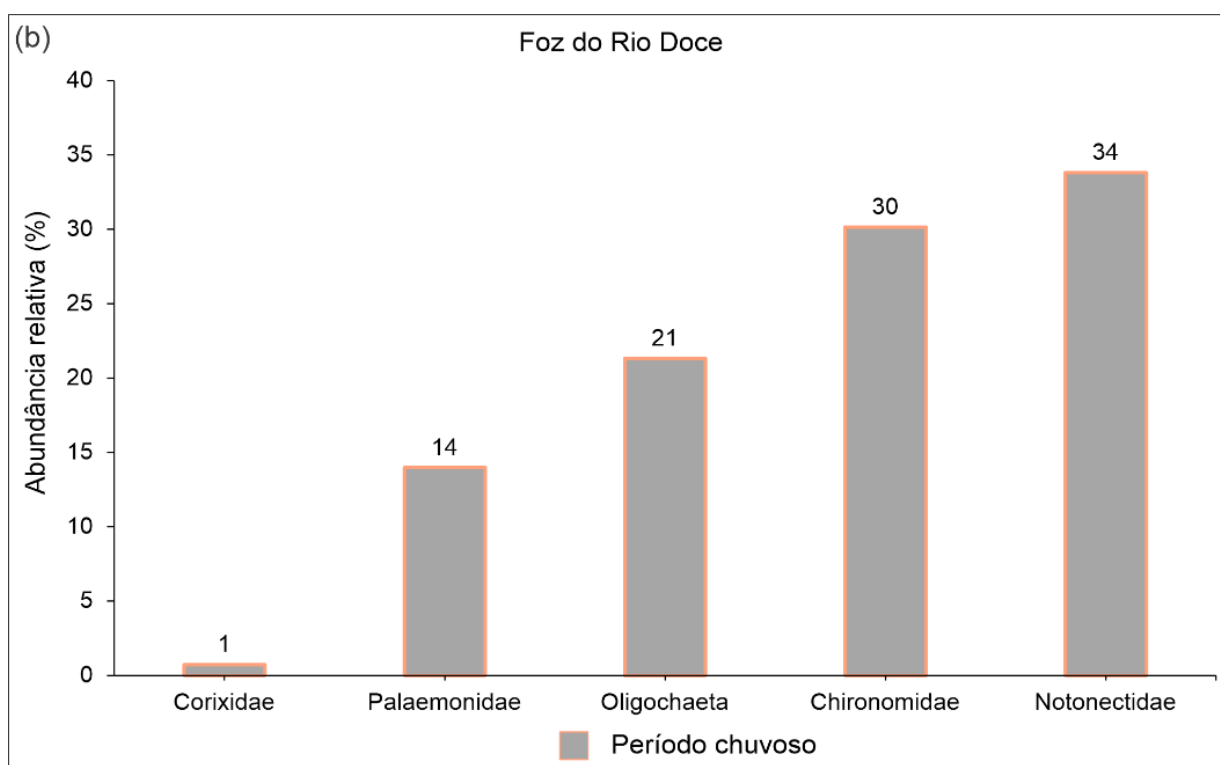
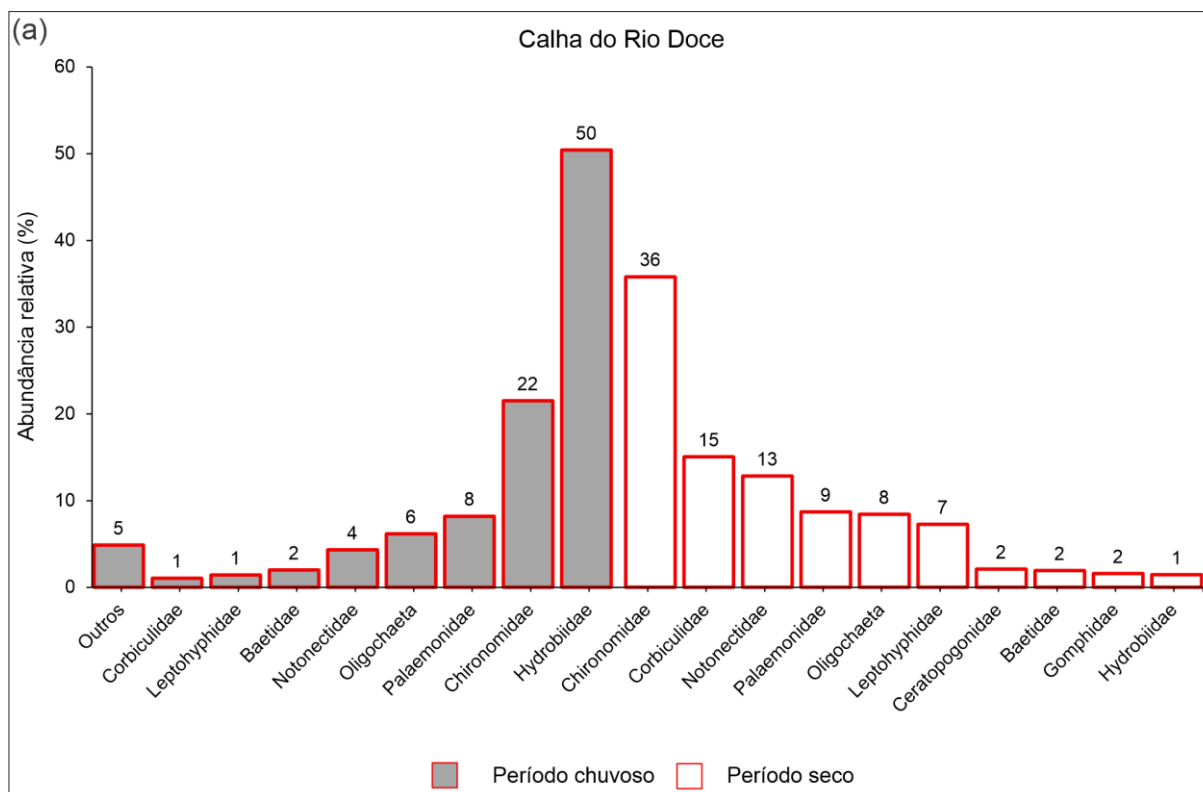
Em relação a evolução da tendência temporal de acordo com os modelos generalizados, apenas os ambientes Foz do rio Doce e Lagoas apresentaram variações significativas, apesar de apenas duas campanhas amostrais no período chuvoso para estes ambientes ($p < 0,05$, Figura 41b). Os valores zeros representados nos setores Foz do Rio Doce e Lagoas, representam períodos não amostrados para estes setores durante o PMBA que tiveram início em outubro de 2024 em nova fase do PMBA/FEST.

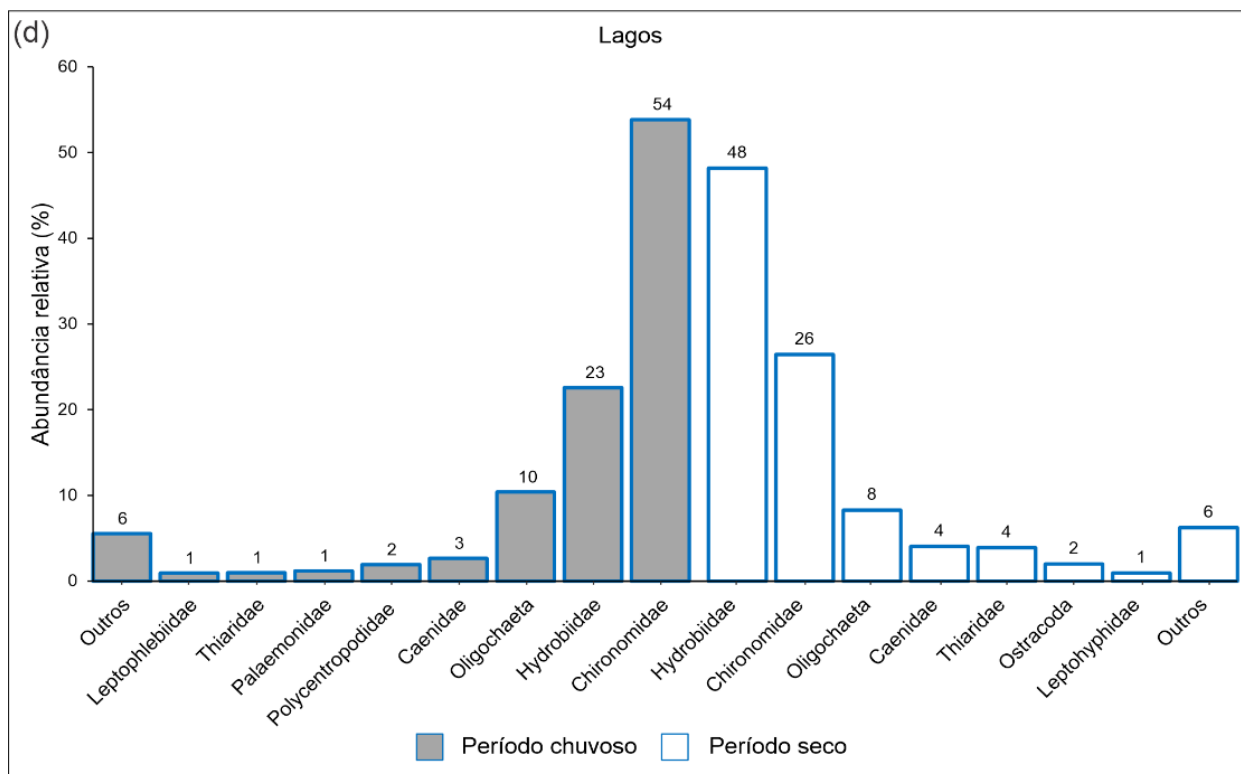
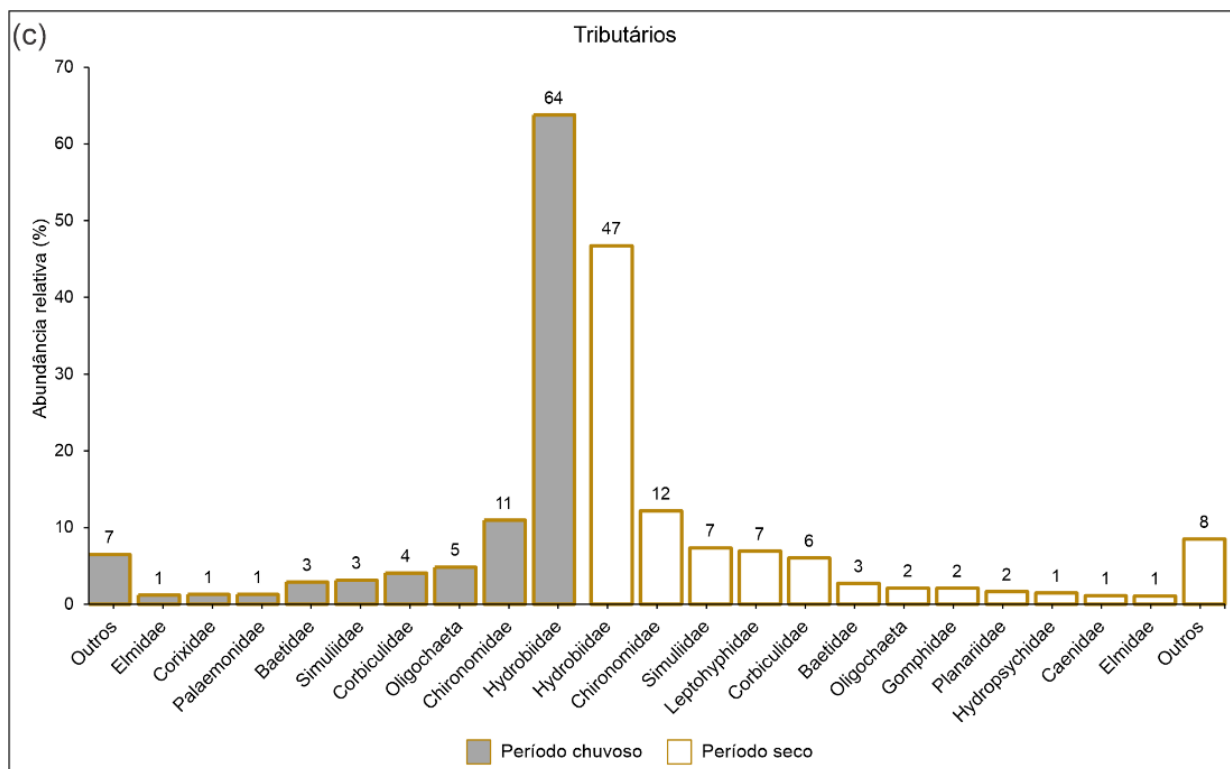
O setor Tributários não apresentou variação temporal significativa, mas mostra uma diminuição da riqueza, marcada pela inclinação negativa da linha na figura, e esse declínio pode, em parte, estar relacionado à substituição do córrego São Pedro Frio (P09) pelo rio Manhuaçu (P11) na malha amostral e incorporação de novos pontos amostrais com dados insipientes no contexto histórico do monitoramento. O córrego São Pedro Frio é um córrego de altitude, de baixa ordem, que apresenta excelente qualidade de água e rica comunidade de macroinvertebrados bentônicos.

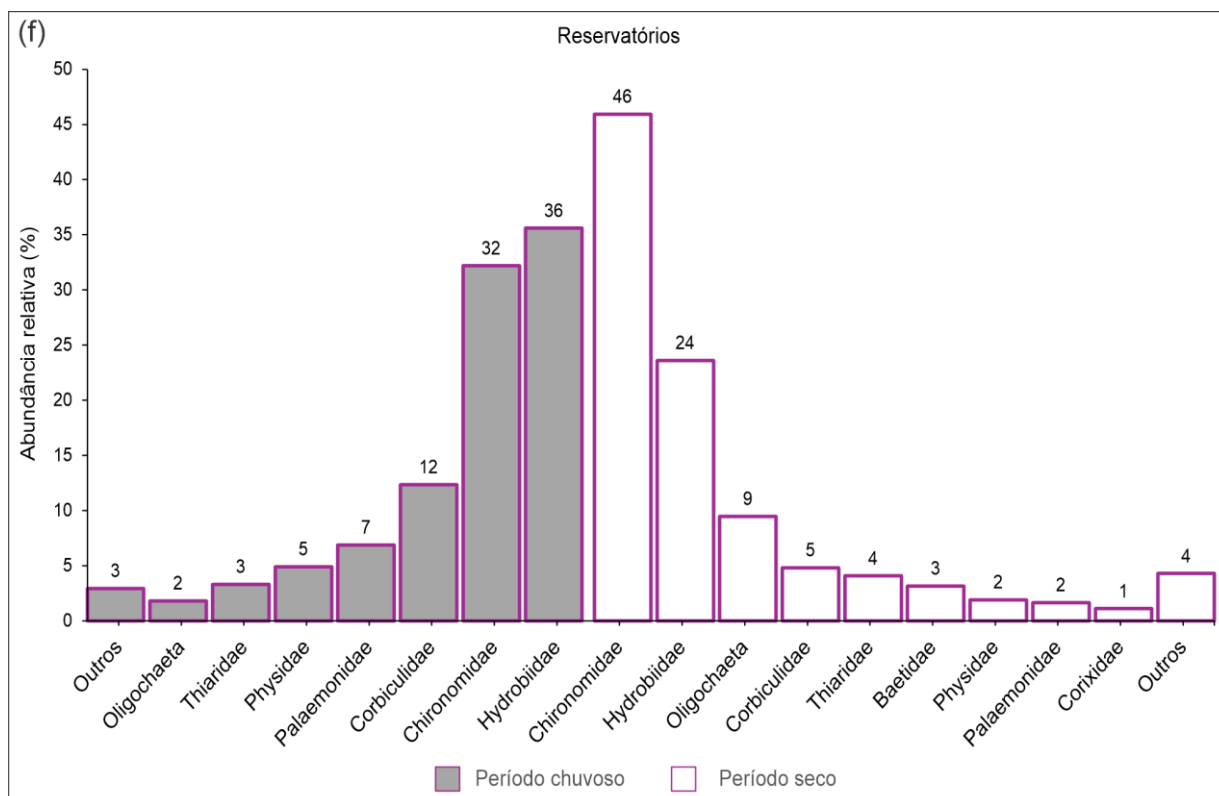
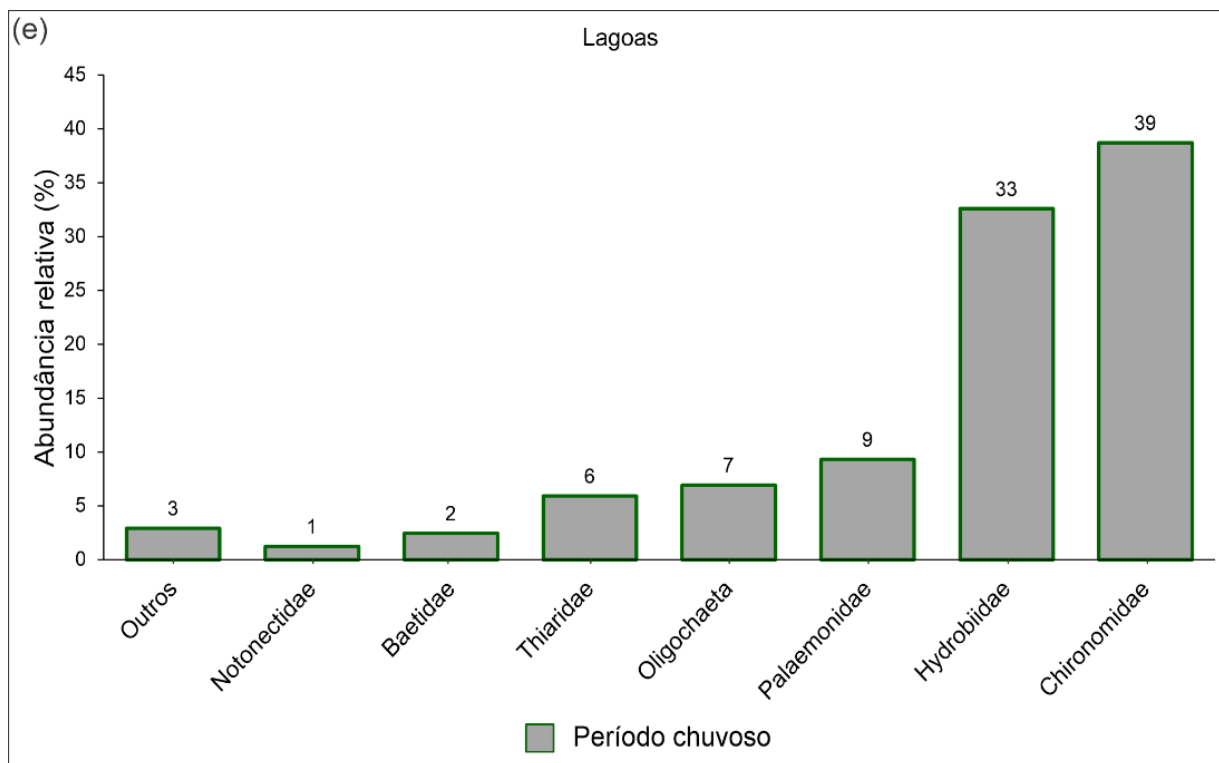
Estudos da diversidade beta e tendências temporais são muito importantes em investigações espaço-temporais, pois possibilitam avaliar a variação na composição das espécies ao longo do tempo, permitindo também uma percepção clara e intuitiva sobre os padrões de distribuição, perda de biodiversidade e a resposta de ecossistemas as mudanças ambientais. Assim, são fundamentais em abordagens de avaliação de impactos antrópicos, podendo também ser úteis em estudos de mudanças climáticas (LEGENDRE, 2019). Além disso, a avaliação deste parâmetro é fundamental em estudos de partição da diversidade em escalas locais a regionais, permitindo identificar a escala mais importante, e, portanto, onde devem se concentrar esforços de conservação e recuperação (FERREIRA *et al.*, 2017).

3.24 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 42: Abundância relativa (%) das principais famílias e classe de macroinvertebrados bentônicos amostrados nos ambientes Calha do rio Doce (a), Foz do rio Doce (b), Tributários (c), Lagos (d), Lagoas (e) e Reservatórios (f) nos períodos chuvosos e secos, de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.







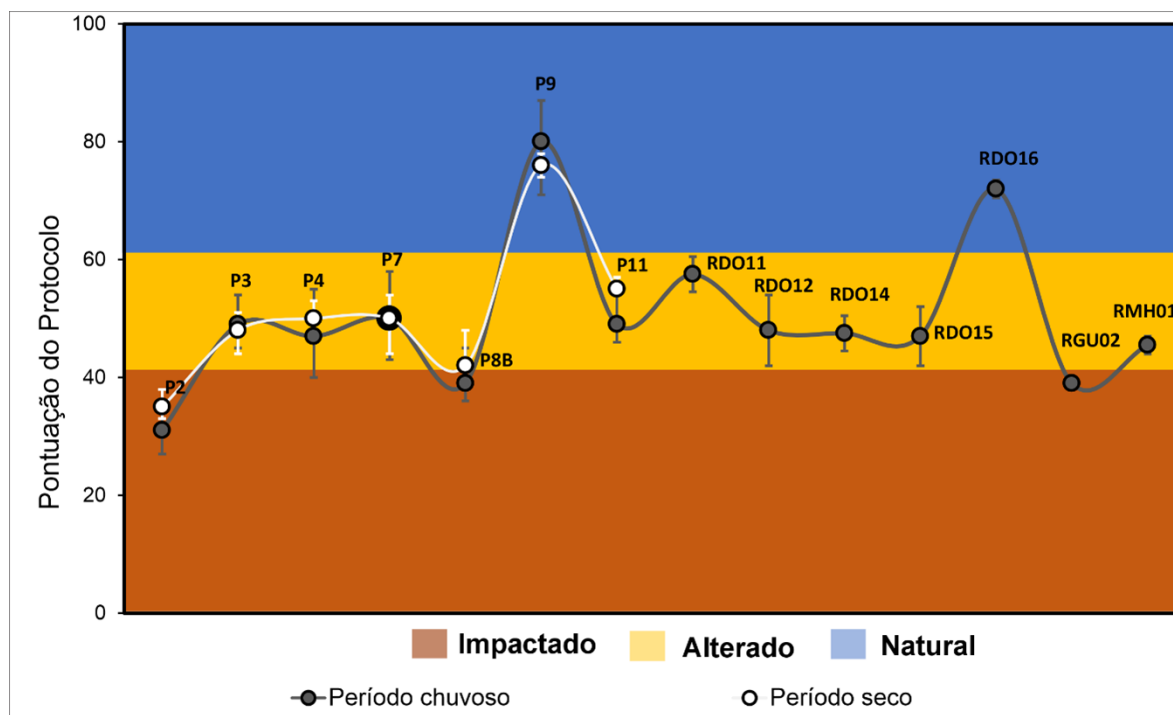
A Figura 42 (a, b, c, d e f) apresenta os dados de abundância relativa (% de indivíduos) dos principais táxons (classe, ordem, família e gênero) amostrados nos ambientes Calha rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios do Baixo rio Doce. Para a construção dos gráficos foram 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 cinco principais grupos (Diptera Chironomidae, Gastropoda Hydrobiidae, Annelida Oligochaeta, Bivalvia Corbiculidae e Heteroptera Notonectidae), tanto nos ambientes calha do rio Doce, Tributários, Reservatório e Lagos, quanto nos períodos chuvoso e seco do monitoramento do PMBA/Fest-UFES. Vale ressaltar que os novos pontos amostrais da nova malha foram amostrados somente no período chuvoso.

Os principais grupos identificados, 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). Outros estudos corroboram esta hipótese, como exemplo, o estudo de FERREIRA *et al.* (2011). Este trabalho, realizado na bacia do rio das Velhas, desenvolveu uma análise de correlação entre métricas biológicas e fatores ambientais, demonstrando 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. A diversidade de habitats associados a qualidade de água possibilita a colonização por outros grupos tornando o ambiente mais equilibrado na distribuição da abundância macrobentônica. Desta forma, os impactos ocorridos na bacia do rio Doce, como desmatamento, erosão, assoreamento, perda de habitats e passagem do MLD, refletem-se na predominância destes grupos tanto no período chuvoso quanto no período seco.

3.25 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO

Figura 43: Valores médios (\pm máximo e mínimo) da aplicação do protocolo de avaliação de habitat (Callisto *et al.* 2002) em trechos lóticos nos ambientes Calha do rio Doce (P2, P3, P4, P8B, RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15), Foz do rio Doce (RDO16) e Tributários (P7, P9, P11, RGU02 e RMH01), nos períodos chuvoso e seco de dezembro de 2019 a janeiro de 2025 no monitoramento do PMBA/Fest-UFES. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



* Na atualização da figura 43 do RSE2025 em relação a figura do RA2024, foram acrescentadas as barras de máximo e mínimo para o ponto amostral P11, representando a variação na pontuação na aplicação do protocolo de habitat físico (Callisto *et al.* 2002). Ressaltamos que a variação da pontuação (barras de máximo e mínimo) para este ponto amostral, embora não tenha sido representada na figura RA2024, não muda o status da condição ecológica, permanecendo como ambiente alterado, de acordo com o protocolo de habitat físico, durante todo seu período do monitoramento

A Figura 43 apresenta os valores médios das pontuações obtidas pelo protocolo de avaliação rápida de habitats nos ambientes Calha rio Doce, Foz do rio Doce e Tributários, classificando os pontos de amostragens em impactado, alterado e natural durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, de dezembro de 2019 a janeiro de 2024. As barras nos pontos indicam a amplitude máxima e mínima das pontuações alcançadas durante o monitoramento.

No geral, não foram observadas grandes variações na classificação dos pontos amostrais durante o período do monitoramento até o momento, 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 em dois pontos amostrais mais a montante no ambiente calha do rio Doce (P2 e P8B) e um ponto amostral no ambiente Tributários (RGU02), que foram classificados como impactados. Os pontos P03, P04 (Calha do rio Doce), P07 (Ribeirão Palmas) e P11 (Rio Manhuaçu) receberam pontuações semelhantes durante o monitoramento e foram classificados como alterados. O ponto P8B, 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 no ponto P2 impactado.

O Córrego São Pedro Frio (P9) e o ponto RDO16 (Foz do rio Doce), este último recentemente incorporado da nova malha amostral, foram os únicos que apresentaram características naturais. O córrego São Pedro Frio é 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. O ponto RDO16 localizado na foz do rio Doce, também apresentou características bem preservadas. Contudo, a amostragem no córrego São Pedro Frio foi descontinuada a partir do Novo Ciclo do PMBA/Fest-UFES, mas permaneceu na série histórica das análises em todas as etapas do monitoramento.

O rio Manhuaçu (P11), recentemente incorporado na nova malha amostral como RMH01, foi classificado como alterado, mas ainda agrega características ambientais favoráveis ao estabelecimento de representantes da macrofauna bentônica, refletida na amostragem principalmente 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.

A Figura 44 (a e b) apresentam a composição dos macroinvertebrados em grupos tróficos funcionais (GTFs) nos ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios do baixo rio Doce, de dezembro de 2019 a janeiro de 2025 durante o PMBA/Fest-UFES.

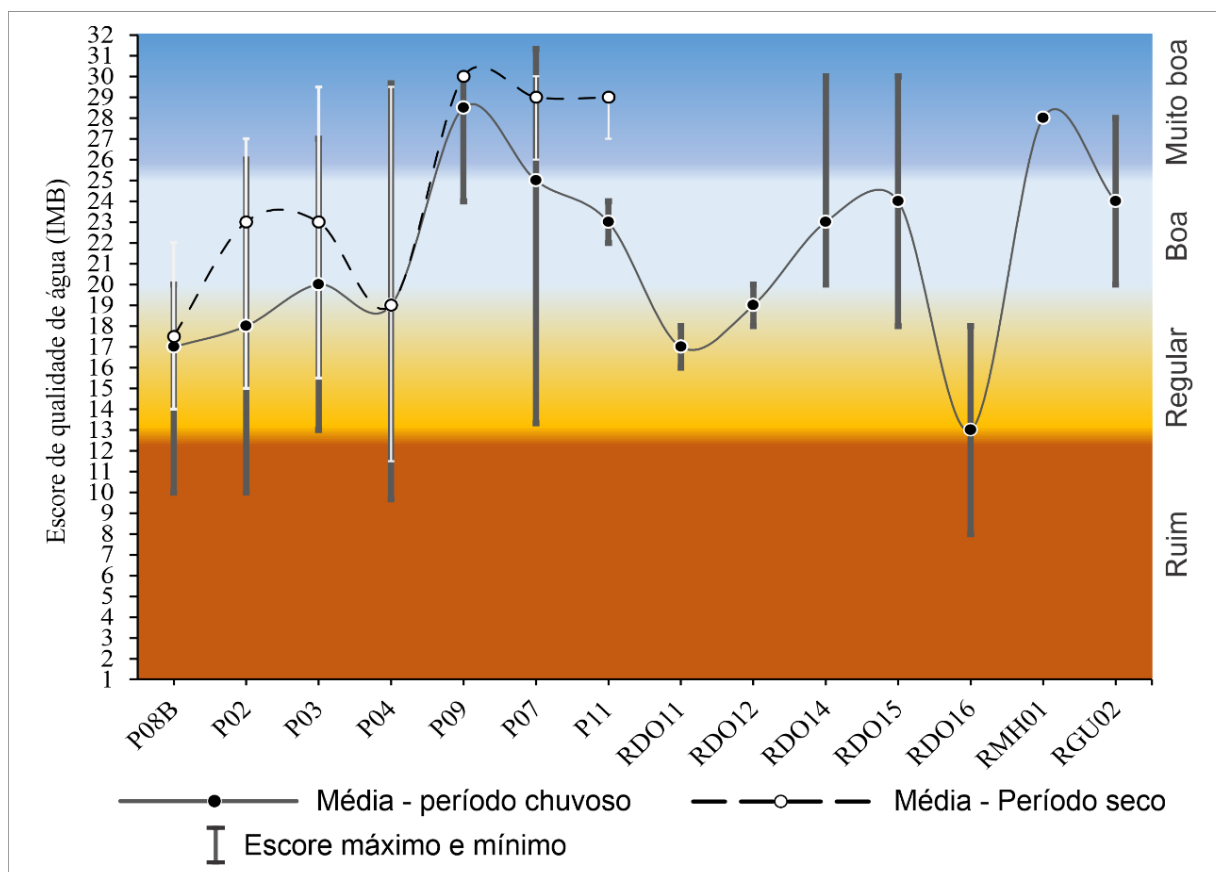
Na Calha do rio Doce e na Foz houve um predomínio de coletores-catadores ao longo do tempo, enquanto nos Tributários foi observado um predomínio de raspadores. Nota-se também uma maior abundância de predadores na Calha do rio Doce. Os fragmentadores e filtradores tiveram baixa representatividade com exceção de alguns poucos pontos amostrais (p. ex. P02 e P08B).

Nos Lagos, Lagoas e Reservatórios é possível observar que a composição dos grupos tróficos está um pouco mais equilibrada, mas ainda predominam de coletores catadores e raspadores. Essa situação de sutil equilíbrio é mais evidente principalmente nos pontos P05 (Lago do Limão) e P06 (Lago do Óleo) com maiores proporções de coletores catadores e raspadores. Por outro lado, no ponto amostral P10, a partir de agosto de 2022, nos lagos, recentemente incorporados da nova malha amostral (LLM3R e LNV02R), lagoas e reservatórios, foi observado, ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES, predomínio de raspadores. Dois grupos de macroinvertebrados representam essa maior abundância de coletores-catadores e raspadores: os quironomídeos (maioria de coletores-catadores) e gastrópodes da família Hydrobiidae (raspadores).

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 grupos. Esta proporção de macroinvertebrados está usualmente associada a ambientes impactados, principalmente pela perda de habitat e qualidade físico-química da água e disponibilidade de matéria orgânica depositada nos sedimentos.

3.27 QUALIDADE DE ÁGUA

Figura 45: Avaliação da Qualidade da água dos pontos amostrais nos ambientes calha do rio Doce (P2, P3, P4, P8B, RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15), foz do rio Doce (RDO16) e tributários (P7, P9, P11, RGU02 e RMH01) obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) nos períodos chuvosos e secos de dezembro de 2019 a janeiro de 2025. 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) alcançada da qualidade de água no período seco. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



Na Figura 45 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 todo o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, nos períodos chuvosos e secos de dezembro de 2019 a janeiro de 2025.

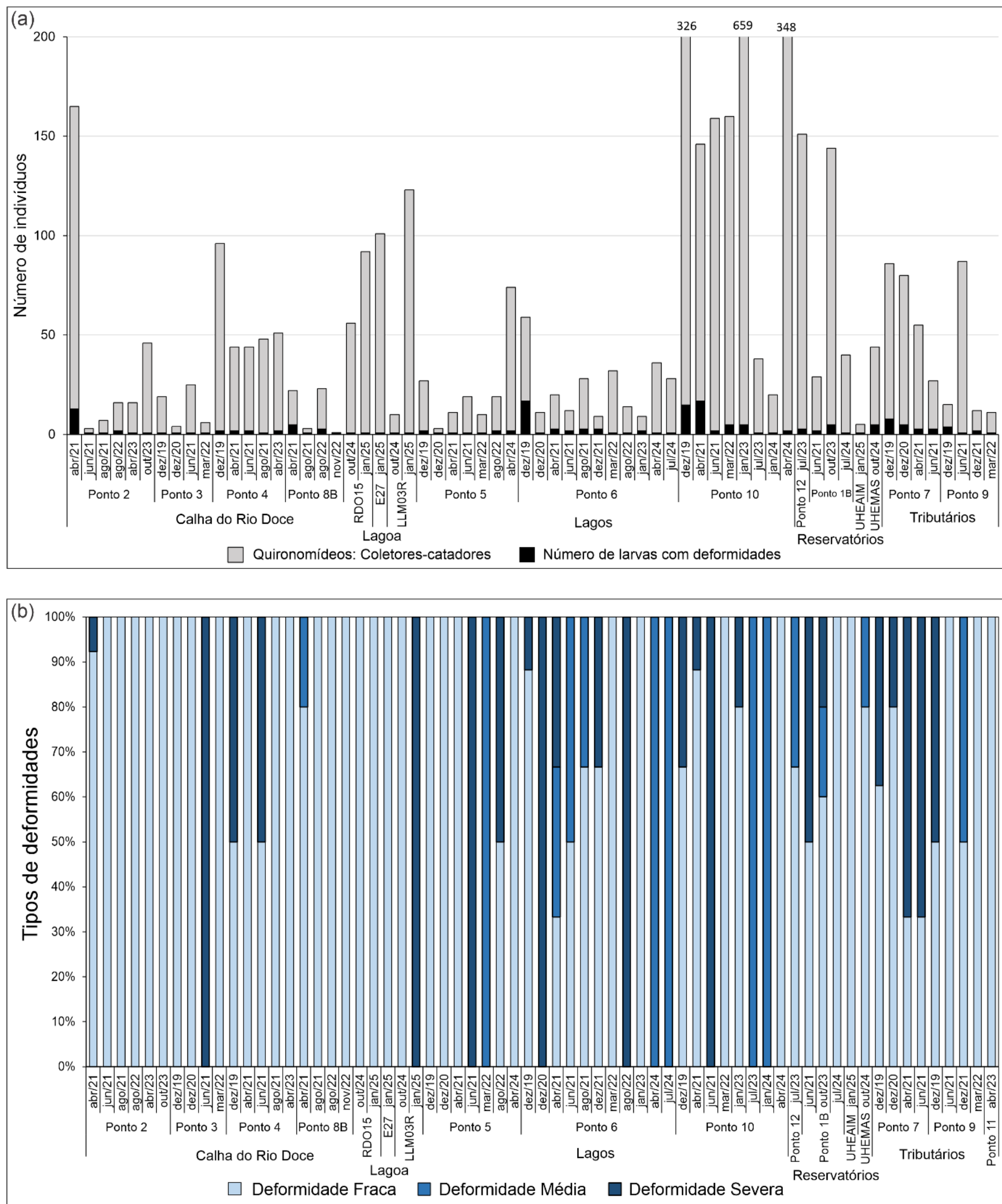
No geral, os valores médios dos escores do Índice Multimétrico Bentônico, obtidos durante o período de monitoramento do PMBA/Fest-UFES, demonstrou uma tendência de melhora da qualidade de água, principalmente no período seco, e apontou que os principais problemas de qualidade de água se concentram nos pontos amostrais da calha do rio Doce, especialmente nos pontos P8B, P2, P3 e P4 no período chuvoso, que se mantiveram com qualidade regular. Destacam-se também os pontos RDO11 e RDO16, com qualidade de água regular, porém, vale ressaltar que estes pontos amostrais por serem da nova malha amostral, foram amostrados somente no período chuvoso.

A melhora da qualidade da água foi observada ao longo do monitoramento. No período chuvoso, houve maior quantidade de pontos avaliados com as classificações de água como boa qualidade (sete pontos amostrais: P03, P04, P11, RDO12, RDO14, RDO15 e RGU02), enquanto três pontos apresentaram qualidade muito boa (P07, P09 e RMH01), e quatro pontos apresentaram qualidade regular (P02, P08B, RDO11 e RDO16). De fato, foram os Tributários que mais alcançaram status de qualidade muito boa, com destaque para o ponto P09 (Córrego São Pedro Frio), que manteve status de qualidade muito boa tanto no período chuvoso quanto no período seco, e RMH01 no período chuvoso.

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 (P2, P3, P4 e P8B) são os mais preocupantes, uma vez que foram os que mais alcançaram status de qualidade ruim, durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, além do recente ponto RDO16, na foz do rio Doce, (Figura 45).

3.28 DEFORMIDADES NO MENTO (APARELHO BUCAL) DE LARVAS COLETORAS-CATADORAS DA FAMÍLIA CHIRONOMIDAE

Figura 46: Número de larvas coletoras-catadoras da família Chironomidae com deformidades morfológicas no mento (aparelho bucal) **(a)** e proporção de tipos de deformidades (Fraca, Média e Severa) **(b)**, avaliadas ao longo do monitoramento dos ambientes calha do rio Doce, tributários, lagoas e reservatórios. Nas figuras são representados apenas os locais e meses que foram registradas larvas com deformidades. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 46 (a e b) apresenta o número total de larvas coletoras-catadoras com deformidades identificadas em cada ponto amostral e a proporção de tipos de deformidades (Fraca, Média e Severa). A deformidade fraca é caracterizada normalmente pela quebra parcial de um ou poucos dentes; a deformidade média é caracterizada pela perda de dentes e a Severa pode ser definida pela combinação dessas deformidades que resulta na perda parcial significativa dos dentes até perda total do aparelho bucal.

No geral, o número de larvas com deformidades foi baixo em relação ao número de larvas coletoras-catadoras quantificadas, o que pode caracterizar uma condição natural do ambiente, uma vez que larvas coletoras-catadora forrageiam o sedimento na busca de matéria orgânica particulada fina e eventualmente podem sofrer danos no seu aparelho bucal. No entanto, alguns pontos amostrais chamam a atenção pela incidência de deformidades, por exemplo os pontos P2, P6 e P10, que apresentaram maior quantidade de larvas com deformidades, assim sinalizando a necessidade de aprofundamento dos estudos de deste parâmetro. Segundo DELIBERALLI *et al.* (2018) alguns estudos indicam que até 8% de incidência de deformidade é normal em ambientes minimamente impactados por metal pesado. Trata-se de um desgaste natural em consequência dos hábitos alimentares das larvas. Nestes estudos, eles encontraram 4 vezes mais deformidade do que o esperado para ambientes naturais

Em relação aos tipos de deformidades (proporção de tipos de deformidades) é possível observar que houve um predomínio massivo de larvas com deformidade medial fraca, segundo a metodologia descrita em CALLISTO *et al.* (2000), com exceção de alguns pontos que apresentaram alto percentual de deformidades média e severa. No entanto, vale ressaltar que, mesmo nestes pontos, o número de larvas com deformidades foi baixo.

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

4.1 ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: ECOLOGIA

Ao longo de todo o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, entre outubro de 2018 a janeiro de 2025, foram coletadas e contabilizadas 89 espécies de peixes no Baixo rio Doce, das quais 57 são espécies nativas da bacia e 32 introduzidas, representando estas últimas, 40,45% do total. Alguns registros inéditos merecem destaque como a presença do bagre Rabo-seco *Paragenidens grandoculis*, uma espécie Criticamente Ameaçada e de ocorrência rara na porção estuarina do rio Doce; e mais duas espécies introduzidas de alto grau de risco para as populações nativas, como o Pirarucu *Arapaima gigas* e o Tambacu *Colossoma macropomum x Piaractus mesopotamicus*.

A curva do coletor mostrou que o esforço amostral foi adequado para representar a riqueza de espécies do Baixo rio Doce, com estabilização em torno de 43 espécies. As curvas de rarefação indicaram que poucas espécies tendem a estabilização e são consideradas dominantes na comunidade, enquanto, as espécies raras apresentaram baixa abundância, sendo um padrão característico de muitas comunidades (curva vaia).

O compartilhamento de espécies mostrou que a calha do rio Doce concentra o maior número de espécies exclusivas (11), seguida por Tributários (6), Foz do rio Doce (4), Reservatórios (3), Lagoas (2) e Lagos (sem nenhuma espécie exclusiva), indicando um papel central da calha, na diversidade da bacia. Somente duas espécies são comuns a todos os ambientes, o Tamboatá *Hoplosternum littorale*

e o Mandi-açu *Pimelodus maculatus*. O grande número de espécies compartilhadas entre os ambientes sugere certa conectividade funcional após o impacto ainda advindo de espécies introduzidas.

De forma geral, as curvas de tendências temporais da riqueza de espécies evidenciaram aumento nos ambientes, mas com ressalvas para: a Calha do rio Doce, que teve um declínio no começo do monitoramento e posterior aumento, mas com níveis inferiores à fase inicial; as tendências de Foz e Lagoas, que são inconclusivas devido à baixa amostragem; e finalmente Tributários, que apresentou uma tendência à estabilização.

A biomassa e abundância das espécies indicou uma presença preocupante, e por vezes hegemônicas, de espécies introduzidas em todos os ambientes, mas de forma mais evidente nos Reservatórios, Lagos e Lagoas. Na calha do rio Doce essa dominância não é bem estabelecida ao longo do monitoramento. Por outro lado, os Tributários e a Foz apresentam maior proporção de espécies nativas.

A beta diversidade evidenciou que os Lagos e a Calha do rio Doce são os ambientes mais heterogêneos e, portanto, apresentaram a maior beta diversidade. Em contrapartida, os Reservatórios e os Tributários são mais homogêneos. Os ambientes como os Reservatórios são mais propícios à homogeneização pelas poucas alterações abióticas ao longo do tempo. Nesse cenário específico, o MLD pode ter favorecido espécies distintas, podendo estar relacionado à diminuição ou aumento de espécies em determinados períodos.

4.2 ECOLOGIA TRÓFICA

As espécies de peixes na bacia do rio Doce consumiram uma ampla variedade de recursos alimentares de origem animal (crustáceos, moluscos, peixes, insetos, invertebrados, zooplâncton e vertebrados terrestres) e vegetal (sementes, frutos e fragmentos de folhas). Dez guildas tróficas foram identificadas no monitoramento, e entre as espécies mais abundantes avaliadas, apenas a traíra *Hoplias malabaricus* não apresentou diferença na composição da dieta entre os ambientes avaliados. Por outro lado, as espécies nativas *Awaous tajasica* e *Poecilia vivipara* consumiram recursos mais nutritivos (insetos aquáticos) nos ambientes Tributários e Lagos e recursos menos nutritivos na Calha. O Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* assimilou maior proporção de insetos aquáticos nos ambientes Calha e Reservatórios, enquanto os moluscos, zooplâncton e insetos aquáticos foram mais representativos na dieta da espécie nos Tributários e Lagos. A espécie introduzida *Pimelodus maculatus* ingeriu uma variedade de recursos alimentares, desde sementes, frutos até crustáceos e peixes em todos os ambientes amostrados, o que reflete o oportunismo trófico da espécie e pode justificar a abundância da espécie introduzida em diversos ambientes da bacia do rio Doce. Os resultados evidenciam que, apesar destas espécies apresentarem preferências alimentares, a maioria é capaz de adaptar suas dietas de acordo com as condições ambientais e à disponibilidade de recursos.

A composição da dieta das espécies de peixes também apresentou diferença nas categorias alimentares entre os períodos secos e chuvosos. Os recursos invertebrados terrestres, fragmentos de

folhas, algas e detritos foram mais abundantes no período chuvoso, enquanto os insetos aquáticos (macroinvertebrados bentônicos) foram mais representativos na estação seca para as espécies *Knodus moenkhausii*, *Awaous tajasica* e *Poecilia vivipara*. Para *Pimelodus maculatus* (espécie introduzida), não houve diferença na composição da dieta entre os períodos.

Em relação às guildas tróficas, também observamos diferenças entre os ambientes avaliados e durante o monitoramento. Em geral, encontramos uma dominância em abundância das espécies de peixes bentófagos (Peixe-flor *Awaous tajasica*, Tilápia *Oreochromis niloticus* e o Barrigudinho *Poecilia vivipara*) na Calha do rio Doce e Tributários. Nos Lagos, houve o predomínio dos piscívoros introduzidos e nos Reservatórios, dos herbívoros e piscívoros introduzidos. Para o parâmetro biomassa, os piscívoros (pertencentes às espécies Pacamã *Lophiosilurus alexandri*, Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri*, Traíra *Hoplias malabaricus* e Trairão *Hoplias intermedius*) também foram mais representativos nos ambientes lânticos (Reservatórios e Lagos) e os detritívoros (espécies Curimba *Prochilodus costatus* e *P. argenteus*) na Calha do rio Doce.

4.3 REPRODUÇÃO DE PEIXES

As análises de **biologia reprodutiva** das espécies nativas e introduzidas mostraram a predominância de fêmeas nativas e introduzidas em relação aos machos nativos e introduzidos nos ambientes Calha do rio Doce, Lagos Tributários, Reservatórios e Foz do rio Doce. A **proporção sexual** entre machos e fêmeas indica que peixes nativos e introduzidos estão em desequilíbrio nos diferentes ambientes no Baixo rio Doce, principalmente as espécies nativas, nos ambientes rio Doce e Lagos onde houve maior afastamento da proporção sexual esperada (1:1).

O cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50) mostrou uma tendência para um forte **recrutamento** (acima de 190 recrutas) na Calha do rio Doce das seguintes espécies introduzidas: Tilápia *Oreochromis niloticus*, Lambari *Knodus moenkhausii* e a Tilápia vermelha *Coptodon rendalli*. Destaca-se a importância ecológica de duas espécies nativas com maior abundância no recrutamento, a Corvina *Pachyurus adspersus* e o Peixe-flor *Awaous tajasica*. Nos lagos, predominaram o Tucunaré *Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*, o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, o Jacundá *Saxatilia lepidota* e a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*. Nos reservatórios, houve predomínio de recrutamento de espécies introduzidas (menos de 190 recrutas) como *Pygocentrus nattereri*, *Knodus moenkhausii* e *Metynnis lippincottianus*. Nos tributários, observou-se predominância no recrutamento de espécies nativas, sendo o Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e Tainha *Mugil curema* as espécies com maior recrutamento (acima de 190 recrutas), evidenciando a importância desse ambiente no ciclo de vida de espécies nativas exclusivas de água doce e diádromas na região do Baixo rio Doce. Nas Lagoas, houve recrutamento somente de espécies introduzidas, enquanto no ambiente Foz, houve predominância de espécies nativas, evidenciando também a importância desse ambiente como área de conservação na região do Baixo rio Doce.

A análise comparativa dos **estágios de maturação gonadal (EMG)** mostra uma tendência de peixes maduros (F3/M3) e desovados/espermiados (F4/M4) nas espécies nativas e introduzidas com maior frequência relativa nos períodos chuvosos nos ambientes Calha do rio Doce, Lagos, Tributários, Reservatórios, Lagoas e Foz do rio Doce. Na Calha do rio Doce e nos Tributários, as espécies introduzidas mostraram maior frequência relativa de EMG desovado (F4) do que as espécies nativas, assim como no EMG espermiado (M4), caracterizando uma tendência alarmante do desempenho reprodutivo das espécies introduzidas nesses ambientes.

Quando analisada a **relação gonadosomática (RGS)** das espécies nativas mais abundantes em atividade reprodutiva nos ambientes Calha do rio Doce, Lagos, Tributários e Reservatórios, são observados valores com tendência de aumento e estabilidade no Ano 6 e Ano 7, em relação aos anos anteriores, nas espécies de Lambaris *Astyanax lacustris*, *Deuterodon intermedius* e *Deuterodon cf. taeniatus*, no Peixe-flor *Awaous tajasica*, no Acará *Geophagus aff. brasiliensis* e na Curvina *Pachyurus adspersus*, assim como nas espécies introduzidas, o Lambari *Knodus moenkhausii*, o Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* e a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, caracterizando uma tendência de adaptação dessas espécies ao longo do tempo.

As **análises microscópicas do estágio de maturação gonadal (EMG)** evidenciaram padrões normais para os estágios de desenvolvimento gonadal durante todo monitoramento, em contraste ao observado no Ano 5, quando foi registrada a presença de alterações morfológicas semelhantes às relatadas em outros estudos em ambientes contaminados por metais pesados.

4.4 ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: 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 morfolologicamente. Dentre as 79 espécies classificadas morfolologicamente, até 163 linhagens genéticas foram identificadas. O maior número de espécies foi coletado nos primeiros três anos do monitoramento, porém, espécies inéditas continuaram sendo coletadas até o Ano 7 do monitoramento. Considerando que está sendo analisada 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 significativos, principalmente nos três primeiros anos do monitoramento, com uma leve redução dessa endogamia nos anos seguintes. Esses resultados indicam que essas espécies possuem populações geneticamente diferenciadas que estão espacialmente segregadas, embora essa segregação seja muito sutil. Os resultados indicaram que os impactos sofridos por essas espécies, em decorrência da passagem do MLD, provavelmente foram severos, visto que ocorreram há pouco tempo em uma escala demográfica.

De modo geral, os índices de diversidade genética, tanto com marcadores microsatélites como com marcadores 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 genética após a passagem do MLD. No entanto, essa diversidade, no geral, é considerada baixa, com alguns pontos de coleta apresentando índices de diversidade mais altos. A Corvina *Pachyurus adspersus* foi a espécie que apresentou os mais baixos índices de diversidade, e que se mantiveram baixos ao longo de todo o monitoramento, o que poderia estar refletindo uma característica de baixa diversidade genética intrínseca da espécie.

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, o mesmo não ocorrendo entre os anos 2 e 3 do monitoramento, sendo que nos anos seguintes essa diminuição foi menor, chegando a apresentar um leve aumento no Ano 6 e se manteve estável no Ano 7. A perda relativa de diversidade filogenética de comunidades de peixes nativos foi maior na comparação com a comunidade total (nativas e 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, conseqüentemente, a diversidade funcional das comunidades está sendo simplificada. Em geral, espécies introduzidas são mais resilientes do que espécies nativas, competindo por recursos e podendo 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 contribuir para a aceleração do processo de extinção local de algumas delas.

4.5 ICTIOPLÂNCTON

O monitoramento do ictioplncton dulcícola no Baixo rio Doce, iniciado no Ano 3 do PMBA/Fest-UFES, revela um padrão consolidado na distribuição espacial e temporal de ovos e larvas de peixes. Apesar das alterações ambientais provocadas pelo MLD, os dados indicam que a reprodução das espécies tem ocorrido anualmente, sem grandes mudanças nos padrões observados.

Três áreas reprodutivas foram identificadas ao longo de um gradiente longitudinal. A primeira, a montante da UHE Aimorés, funciona como área de deriva larval, com desova ocorrendo provavelmente em regiões mais a montante, ainda pouco estudadas. A segunda, entre as UHEs Aimorés e Mascarenhas, apresenta alta densidade de larvas em deriva, possivelmente oriundas dos tributários Manhuaçu e Guandu, que atuam como áreas de desova. A terceira, entre a UHE Mascarenhas e a foz, destaca-se como o principal trecho reprodutivo, com a calha principal do rio Doce sendo o local mais relevante para a reprodução, mesmo diante dos impactos do MLD. Observa-se, nesse trecho, uma continuidade longitudinal desde Colatina até a foz, com transição de ovos para larvas em estágios mais avançados.

A adição de novas estações e a análise por ambientes confirmam a calha principal como o principal eixo reprodutivo, com maiores densidades e variabilidade. A foz apresentou menor densidade, mas grande importância na dispersão larval, enquanto os tributários, apesar de mais estáveis, possuem baixa densidade, funcionando como áreas complementares. Ainda não é possível determinar o papel dos lagos, lagoas e reservatórios na reprodução da ictiofauna regional.

Apesar da estabilidade dos indicadores espaciais e temporais, a viabilidade populacional depende da sobrevivência das fases iniciais, que são naturalmente vulneráveis. Um alerta importante do monitoramento é o aumento progressivo de deformidades larvais, especialmente a deformidade na cabeça (DC), que afeta estruturas neurológicas e compromete a sobrevivência. Outras alterações, como sedimento aderido ao corpo (SAC), sedimento em cavidades internas (SCI) e rompimento da cavidade abdominal (RCA), foram identificadas, sobretudo nas áreas diretamente impactadas pelo rompimento da barragem, reforçando a necessidade de atenção sobre os efeitos crônicos do desastre.

4.6 MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

O conjunto de dados levantados e o uso de ferramentas ecológicas (protocolos e índices bióticos bentônicos), somados à avaliação da biota aquática durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, permitiram apontar tendências robustas e um retrato geral do status de qualidade ambiental nos diferentes trechos amostrados nos ambientes da calha do rio Doce, foz do rio Doce, tributários, lagos, lagoas e reservatórios (UHE Mascarenhas Aimorés) do baixo rio Doce. A análise dos dados de dezembro de 2019 até janeiro de 2025, com base nos indicadores (riqueza taxonômica, densidade de táxons, abundância relativa, grupos de alimentação funcional, qualidade de habitats, qualidade de água e deformidade de larvas de quironomídeos), permitiu observar a evolução positiva no aumento da riqueza e abundância entre os períodos chuvoso e seco, principalmente no período seco e nos pontos mais a montante da calha do rio Doce.

O aumento da riqueza e abundância no período seco é esperado, uma vez que chuvas intensas e o regime de cheias representam um distúrbio natural que pode afetar a dinâmica das assembleias de macroinvertebrados, já que o aumento da energia com alto fluxo pode promover o revolvimento de sedimentos finos depositados no fundo rio, o desaparecimento de habitats necessários para a fixação dos organismos em outras áreas e a deriva (*drift*) destes organismos, dificultando sua coleta.

Em relação à riqueza taxonômica, embora os dados evidenciem uma tendência de aumento no ambiente calha do rio Doce, o cenário ainda é preocupante, uma vez que os resultados de abundância relativa destacam a predominância de assembleias de macroinvertebrados associados a ambientes impactados, como, por exemplo, a dominância de larvas da família Chironomidae e indivíduos de *Oligochaeta*, capazes de se enterrarem e se beneficiarem da presença de sedimentos finos que têm predomínio na bacia, como apontado pelo protocolo de habitats, assim como a forte presença de moluscos gastrópodes raspadores. No entanto, o aumento gradativo da riqueza e abundância, com a presença de representantes da fauna bentônica sensíveis, elevou o 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, apesar da diminuição da riqueza registrada durante o PMBA/Fest-UFES. Os tributários apresentaram uma ligeira queda da riqueza e densidade ao logo do monitoramento e isso pode ser em consequência da mudança de pontos amostrais, em que os novos pontos da nova malha amostral, com poucos dados levantados, ainda não representam a biodiversidade existente nas áreas deste estudo.

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, alterado e natural nos períodos chuvoso e seco.

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

Em consequência da predominância de quironomídeos coletores-catadores, dados de deformidades morfológicas chamam a atenção para alguns pontos pela incidência de ocorrência de deformidades no aparato bucal (por exemplo, em lagos e trechos da calha do rio Doce) e apontam estas áreas como prioritárias para ações de recuperação.

A continuidade do monitoramento com a implantação da nova malha amostral 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, observadas na malha amostral anterior. Assim, também poderá ser estabelecida uma relação com fatores ambientais, além de serem subsidiadas 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, 2007.

AGOSTINHO, A. A.; PELICICE, F. M.; GOMES, L. C. Dams and the fish fauna of the Neotropical region: impacts and management related to diversity and fisheries. **Brazilian Journal of Biology**, v. 68, n. 4, p. 1119–1132, 2008.

AGOSTINHO, A. A. *et al.* Fish ladders: safe fish passage or hotspot for predation?. **Neotropical Ichthyology**, v. 10, p. 687-696, 2012. AHLSTROM, E. H.; MOSER, H. G. Eggs and larvae of fishes and their role in systematic investigations and in fisheries. **Revue des Travaux de l'Institut des Pêches Maritimes**, v. 40, n. 3, p. 379-398, 1976.

ALMEIDA, C. A. *et al.* Caracterização e avaliação do potencial de sorção dos rejeitos da mina de ferro após o desastre da barragem Samarco na bacia do rio Doce - Brasil. **Chemosphere**, v. 209, p. 411-420, 2018.

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.

ANDERSON, M. J. *et al.* Multivariate dispersion as a measure of beta diversity. **Ecology Letters**, v.9, n.6, p.683-693, 2006.

ANDERSON, M. J.; GORLEY, R. N.; CLARKE, K. R. PERMANOVA+ for PRIMER user manual. **Primer-E Ltd, Plymouth, United Kingdom**, v. 218, 2008.

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.

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.

BAUMGARTNER, G. *et al.* Identification of spawning sites and natural nurseries of fishes in the upper Paraná River, Brazil. **Environmental Biology of Fishes**, v. 71, n. 2, p. 115-125, 2004.

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.

BENGTTSSON, B. E. Biological variables, especially skeletal deformities in fish, for monitoring marine pollution. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences**, v. 286, n. 1015, p. 457-464, 1979.

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.

BOGLIONE, C. *et al.* Skeletal anomalies in reared European fish larvae and juveniles. Part 2: main typologies, occurrences and causative factors. **Reviews in Aquaculture**, v. 5, p. S121-S167, 2013.

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.

CALLISTO, M.; MARQUES, M. M.; BARBOSA, E. A. R. Deformities in larval Chironomus (Diptera, Chironomidae) from the Piracicaba River, southeast Brazil. **Verh. Internati. Limnol.** 27: 2699-20702, 2000.

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.

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.

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.

DELIBERALLI, W. *et al.* The effects of heavy metals on the incidence of morphological deformities in Chironomidae (Diptera). **Zoologia (Curitiba)**, v. 35, p. e12947, 2018.

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.

DIVANACH, P. B. C. M. B. *et al.* Abnormalities in finfish mariculture: An overview of the problem, causes and solutions. **Special publication/European aquaculture society**, p. 45-66, 1996.

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.

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.

FARIA, L. *et al.* S. Non-native species have higher consumption rates than their native counterparts. **Biological Reviews**, v. 100, p. 1163–1180, 2025.

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, 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.

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.

FEST, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. Relatório Anual do PMBA/Fest – RT-43, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática. 193 pag. 2023.

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.

FLECKER, A. S.; FEIFAREK, B. Disturbance and the temporal variability of invertebrate assemblages in two Andean streams. **Freshwater Biology**, v. 31, n. 2, p. 131-142, 1994.

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.

FREHSE, F. d.; WEYL, O. L. F.; VITULE, J. R. S. Differential use of artificial habitats by native and non-native fish species in Neotropical reservoirs. **Hydrobiologia**, v. 848, p. 2355–2367, 2021.

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.

FRICKE, R., ESCHMEYER, W. N., VAN DER LAAN, R. 2025. **ESCHMEYER'S CATALOG OF FISHES: GENERA, SPECIES, REFERENCES.** 2025. Disponível em: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>. Acesso em: 03 de julho de 2025.

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.

GEORGAKOPOULOU, E. *et al.* Temperature effects on cranial deformities in European sea bass, *Dicentrarchus labrax* (L.). **Journal of Applied Ichthyology**, v. 23, n. 1, p. 99-103, 2007.

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.

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? **Interciencia**, v. 28, n. 2, p 100-104, 2003.

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

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

HAVEL, J. E. *et al.* Do Reservoirs Facilitate Invasions into Landscapes? **BioScience**, v. 55, n. 6, p. 518–525, 2005.

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.

HOWELL, W. M.; BLACK, D. A. Controlled silver-staining of nucleolus organizer regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. **Experientia**, v. 36, n. 8, p. 1014-1015, 1980.

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.

ICMBio, 2025. **Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade – SALVE**. Disponível em: <https://salve.icmbio.gov.br/>. Acesso em: 25 de junho de 2025.

ICMBio. 2018. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. **Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção: Volume VI - Peixes**. 1 ed. Brasília, DF: ICMBio/MMA, 2018.

INOUE, L. A. K. A.; CECARELLI, P.; SENHORINI, J. Larvicultura e alevinagem do pintado e cachara. **Panorama da Aqüicultura**, Rio de Janeiro, v. 13, n. 76, p. 15-21, 2003.

IUCN-CEM. **The IUCN Red List of Ecosystems**. Version 2022-1, 2022. Disponível em: <https://iucnrl.org/>. Acesso em: 25 de junho de 2025.

JEZIERSKA, B.; ŁUGOWSKA, K.; WITESKA, M. The effects of heavy metals on embryonic development of fish (a review). **Fish physiology and biochemistry**, v. 35, p. 625-640, 2009.

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.

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.

KOUMOUNDOUROS, G. *et al.* Kyphosis in reared sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.): ontogeny and effects on mortality. **Aquaculture**, v. 209, n. 1-4, p. 49-58, 2002.

KRASSOWSKI, M. **"ComplexUpset: Create Complex UpSet Plots Using "ggplot2" Components"**. R package Version 0.5 18, 2020.

LATINI, A. O.; PETRERE, M., Jr. Reduction of a native fish fauna by alien species: an example from Brazilian freshwater tropical lakes. **Fisheries Management and Ecology**, v. 11, p. 71-79, 2004.

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

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

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

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

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

MARCENIUK, A. P. *et al.* Systematics, biogeography and conservation of *Paragenidens grandoculis* n. gen. and n. comb.(Siluriformes; Ariidae), a critically endangered species from southeastern Brazil. **Zootaxa**, v. 4586, n. 3, p. 425-44, 2019.

MARCON, L. *et al.* Histological and histometric evaluation of the liver in *Astyanax bimaculatus* (Teleostei: Characidae), exposed to different concentrations of an organochlorine insecticide. **The Anatomical Record**, v. 298, n. 10, p. 1754-1764, 2015.

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.

MCGILL, B. J. *et al.* Species abundance distributions: moving beyond single prediction theories to an integration within an ecological framework. **Ecology Letters** 2007, v. 10, p. 995-1015, 2007.

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.

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

MMA. Ministério do Meio Ambiente. Atualização da Lista Nacional de Espécies Ameaçadas de Extinção. **Portaria nº 148, de 7 de junho de 2022**. Brasil, 2022.

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.

MURAMOTO, Si. Vertebral column damage and decrease of calcium concentration in fish exposed experimentally to cadmium. **Environmental Pollution Series A, Ecological and Biological**, v. 24, n. 2, p. 125-133, 1981.

MUSCATELLO, J. R.; JANZ, D. M. Assessment of larval deformities and selenium accumulation in northern pike (*Esox lucius*) and white sucker (*Catostomus commersoni*) exposed to metal mining effluent. **Environmental Toxicology and Chemistry**, v. 28, n. 3, p. 609-618, 2009.

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.

OSMAN, A. G. M. *et al.* Lead induced malformations in embryos of the African catfish *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822). **Environmental Toxicology: An International Journal**, v. 22, n. 4, p. 375-389, 2007.

PAIVA, L. C. *et al.* Trophic ecology of a small characid reflects the degradation of a basin after the rupture of an ore tailings dam. **Aquatic Ecology**, 59(1), 349-362, 2025.

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. *et al.* Fish diversity in the cascade of reservoirs along the Paranapanema River, southeast Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 16, n. 2, e170150, 2018.

PELICICE, F. M.; AGOSTINHO, A. A. Fish fauna destruction after the introduction of a non-native predator (*Cichla kelberi*) in a Neotropical reservoir. **Biological Invasions**, v. 11, n. 8, p. 1789-1801, 2009.

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.

PETESSE, M. L.; POMARO, S. B.; DE CASTRO CAMPANHA, P. M. G.. Are fish assemblages recovering after the huge disaster of mining tailing dam collapse in Mariana (Brazil-MG)? **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 195, n. 11, p. 1263, 2023.

R CORE TEAM. R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2021.

REIS, R. E. *et al.* Fish biodiversity and conservation in South America. **Journal of Fish Biology**, v. 89, n. 1, p. 12-47, 2016.

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.

REZNICK, D. N.; TRAVIS, J.; POLLUX, B. J. A.; FURNESS, A. I. Reproductive Mode and Conflict Shape the Evolution of Male Attributes and Rate of Speciation in the Fish Family Poeciliidae. **Front. Ecol. Evol.** 9:639751. 2021.

RODRIGUES, V. L. A. *et al.* Fish biodiversity of a tropical estuary under severe anthropic pressure (Doce River, Brazil). **Neotropical Ichthyology**, v. 20, p. e220022, 2022.

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. 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.

SANTOS, R. M. B. *et al.* Integrative assessment of river damming impacts on aquatic fauna in a Portuguese reservoir. **Science of The Total Environment**. v. 601–602, p. 1108-1118, 2017a.

SANTOS, N. C. L. *et al.* Environmental filters predict the trait composition of fish communities in reservoir cascades. **Hydrobiologia**, v. 802, n. 1, p. 245–253, 2017b.

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.

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.

SFAKIANAKIS, D. G. *et al.* Development of a saddleback-like syndrome in reared white seabream *Diplodus sargus* (Linnaeus, 1758). **Aquaculture**, v. 217, n. 1-4, p. 673-676, 2003.

SFAKIANAKIS, D. G. *et al.* Environmental determinants of haemal lordosis in European sea bass, *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758). **Aquaculture**, v. 254, n. 1-4, p. 54-64, 2006.

SFAKIANAKIS, D. G. *et al.* Effect of heavy metals on fish larvae deformities: a review. **Environmental research**, v. 137, p. 246-255, 2015.

SFAKIANAKIS, D. G.; LERIS, I.; KENTOURI, M. Effect of developmental temperature on swimming performance of zebrafish (*Danio rerio*) juveniles. **Environmental Biology of Fishes**, v. 90, p. 421-427, 2011.

SILVA, F. R. *et al.* **Análises ecológicas no R.** Recife: Nupeea; Bauru, SP: Canal 6, 2022.

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

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

SULUKAN, E. *et al.* An approach to clarify the effect mechanism of glyphosate on body malformations during embryonic development of zebrafish (*Daino 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.
- TERRA, B.; HUGHES, R. M.; FRANCELINO, M. R.; ARAÚJO, F. G. Assessment of biotic condition of Atlantic Rain Forest streams: a fish-based multimetric approach. **Ecological Indicators**, v. 34, p. 136-148, 2013.
- THOMAZ, S. M.; BINI, L. M.; BOZELLI, R. L. Floods increase similarity among aquatic habitats in river-floodplain systems. **Hydrobiologia**, v. 579, n. 1, p. 1-13, 2007.
- 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.
- USDOC - United States, Department of Commerce. **Magnuson-Stevens Fishery Conservation and Management Act**. As amended through October 11, 1996. Silver Spring, MD: U.S. Department of Commerce. NOAA. National Marine Fisheries Service, 1996. 121p. (NOAA Technical Memorandum NMFS-F/SPO-23 [i.e. 23A]). Disponível em: https://repository.library.noaa.gov/view/noaa/15867/noaa_15867_DS1.pdf. Acesso em: 5 jun. 2025.
- 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.
- 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.
- VITULE, J. R. S.; FREIRE, C. A.; SIMBERLOFF, D. Introduction of non-native freshwater fish can certainly be bad. **Fish and Fisheries**, v. 10, p. 98–108, 2009.
- WITESKA, M. *et al.* The effects of cadmium and copper on embryonic and larval development of ide *Leuciscus idus* L. **Fish physiology and biochemistry**, v. 40, p. 151-163, 2014.
- WOOTTON, R. J. **Ecology of teleost fishes**. **Fish and Fisheries**, Chapman and Hall, UK. pp. 404. 1990.