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-55/OUT 26

RA2025 PMBA/FEST-UFES

Vitória,

Outubro de 2026

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

Felipe Vieira Guimarães

Bruno Edésio dos Santos Melo

Gustavo Fernandes Rodrigues

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

Nasrah Muhammad Calderaro Hamdan

Izeni Pires Farias

Wander Ribeiro Ferreira

Ana Dária Leite Viana

Gustavo Ribeiro Rosa

Andréa Bialetzki

Mara Luiza de Almeida Santos

Guilherme Moreira Santos

SUMÁRIO

1. HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL 7

2. METODOLOGIA 10

2.1 COLETA 10

2.1.1 Ictiofauna 10

2.1.2 Ictioplâncton 11

2.1.3 Macroinvertebrados bentônicos 12

2.2 ANÁLISE 13

2.2.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia 13

2.2.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética 18

2.2.3 Ictioplâncton 19

2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos 20

2.3 HISTÓRICO DE ALTERAÇÕES E ADAPTAÇÕES DE METODOLOGIAS 22

2.3.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia 22

2.3.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética 22

2.3.3 Ictioplâncton 23

2.3.4 Macroinvertebrados bentônicos 24

2.4 ALTERAÇÕES NA MALHA, FREQUÊNCIA AMOSTRAL E ESCOPO REALIZADAS EM OUTUBRO DE 2024: CONSEQUÊNCIAS PARA AS ANÁLISES DA SÉRIE HISTÓRICA DE INDICADORES 24

2.4.1 Ictiofauna Dulcícola: Ecologia 24

2.4.2 Ictiofauna Dulcícola: Genética 25

2.4.3 Ictioplâncton 25

2.4.4 Macroinvertebrados bentônicos 25

3. RESULTADOS DOS INDICADORES 26

A. INDICADORES ICTIOFAUNA ECOLOGIA 27

3.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES 27

3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS 43

3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS 53

3.4 DIVERSIDADE BETA 61

3.5 DIVERSIDADE DE ITENS ALIMENTARES CONSUMIDOS PELAS ESPÉCIES NOS AMBIENTES 68

3.6 EVOLUÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DE GUILDAS TRÓFICAS 78

3.7 PROPORÇÃO SEXUAL ENTRE MACHOS E FÊMEAS 80

3.8 RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS 83

3.9 ESTÁGIO DE MATURAÇÃO GONADAL (EMG) 86

3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS) 92

B. INDICADORES ICTIOFAUNA GENÉTICA 96

3.11 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE MICROSSATÉLITES 96

3.12 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS ESPÉCIES ANALISADAS COM MICROSSATÉLITES 122

3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS 124

3.14 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS NA REDUÇÃO POPULACIONAL DAS ESPÉCIES 125

3.15 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA 127

3.16 TENDÊNCIAS DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE GENÉTICA DAS SETE ESPÉCIES ANALISADAS COM DADOS DE SEQUÊNCIAS DE DNA 218

3.17 DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE 220

3.18 TENDÊNCIA DE MUDANÇAS TEMPORAIS DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA TOTAL DA COMUNIDADE DE PEIXES DO RIO DOCE 221

C. INDICADORES ICTIOPLÂNCTON 222

3.19 DISTRIBUIÇÃO DE OVOS E LARVAS 222

3.20 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS 232

3.21 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS 237

3.22 DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DAS LARVAS E JUVENIS REGISTRADOS COM ALTERAÇÕES MORFOLÓGICAS INCOMUNS 244

D. INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS 253

3.23 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS 253

3.24 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS 267

3.25 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO 269

3.26 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS 271

3.27 QUALIDADE DE ÁGUA 275

3.28 DEFORMIDADES NO MENTO (APARELHO BUCAL) DE LARVAS COLETORAS-CATADORAS DA FAMÍLIA CHIRONOMIDAE 277

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS SOBRE OS ANOS DE MONITORAMENTO ACERCA DOS INDICADORES OBSERVADOS E O AMBIENTE MONITORADO 280

4.1 ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: ECOLOGIA 280

4.2 ECOLOGIA TRÓFICA 282

4.3 REPRODUÇÃO DE PEIXES 283

4.4 ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: GENÉTICA DE PEIXES 285

4.5 ICTIOPLÂNCTON 286

4.6 MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS 287

5. ITENS PREVISTOS E NÃO REALIZADOS: JUSTIFICATIVAS 289

6. REFERÊNCIAS 289

1. HISTÓRICO DE MALHA E FREQUÊNCIA AMOSTRAL

A malha e a frequência amostrais do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da Área Ambiental I (PMBA/Fest-UFES) passaram 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/26****
	Laguna Monsarás	N/A	**LMN 02R**	**outubro/24 a março/26****
	Lagoa Cacimbas	N/A	**E27**	**outubro/24 a março/26****
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/26****
	Lago Nova	N/A	**LNV 02R**	**outubro/24 a março/26****
	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/26****
	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/26****
Calha	**Calha rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas, Baixo Guandu/ES**	N/A	**RDO 11**	**outubro/24 a março/26****
	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/26****
	Calha rio Doce – Marilândia/ES	N/A	**RDO 14**	**outubro/24 a março/26****
	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/26****
	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/26****
Tributários	Rio Guandu/Trecho baixo	N/A	**RGU 02**	**outubro/24 a março/26****
	Rio Manhuaçu - Aimorés/MG	P11	N/A	agosto/22 a setembro/24
	Rio Manhuaçu - Aimorés/MG	N/A	**RMH 01**	**outubro/24 a março/26****
	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/2026 refere-se ao último período de dados coletados com resultados reportados no presente relatório.**				

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/26****
	Laguna Monsarás	N/A	**LMN 02R**	**outubro/24 a março/26****
	Lagoa Cacimbas	N/A	**E27**	**outubro/24 a março/26****
Lagos	**Lago do Limão/Colatina-ES**	N/A	**LLM 03R**	**outubro/24 a março/26****
	Lago Nova	N/A	**LNV 02R**	**outubro/24 a março/26****
Reservatórios	**Reservatório UHE Aimorés – Aimorés/MG**	N/A	**UHE AIM**	**outubro/24 a março/26****
	Reservatório de Mascarenhas	N/A	**UHE MAS**	**outubro/24 a março/26****
Calha	**Calha rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas - Baixo Guandu/ES**	P01	**RDO 11**	dezembro/20 **a março/26****
	Colatina/ES	N/A	**RDO 12**	**outubro/24 a março/26****
	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/26****
	Calha rio Doce – Linhares/ES	P03	**RDO 15**	dezembro/20 **a março/26****
	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/26****
Tributários	Rio Guandu/Trecho alto	P05	N/A	dezembro/20 a setembro/24
	Rio Guandu/Trecho baixo	P06	**RGU 02**	dezembro/20 **a março/26****
	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/26****
*** Vigência da Deliberação nº 803: a partir de outubro de 2024 (em curso)**				
**** Março/2026 refere-se ao último período de dados coletados com resultados reportados no presente relatório.**				

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 m^2, 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 P9, 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 2026. A inclusão dos estudos do ictioplâncton consta, 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 amostrais 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 – LLM 03R e LNV 02R; 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 outubro e março, que correspondem ao período chuvoso de alta atividade reprodutiva, e mensalmente entre abril e setembro, 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 segmento 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 pontos de coleta da ictiofauna, nos períodos chuvoso e seco, de dezembro de 2019 a julho de 2024. A partir de outubro de 2024, com a implementação da nova malha amostral de 14 pontos, mantiveram-se o esforço amostral e a periodicidade.

Os estudos das comunidades de macroinvertebrados bentônicos dulcícolas passaram a integrar o relatório a partir do Ano 2 do PMBA/Fest-UFES. As coletas foram realizadas trimestralmente em 12 pontos distribuídos entre a calha do rio Doce (4), lagos (3), tributários (3) e reservatórios (2; UHEs Mascarenhas e Aimorés). As análises tiveram como objetivo avaliar os efeitos dos impactos antrópicos na porção baixa da bacia do rio Doce, no estado do Espírito Santo. Para isso, foram analisadas a estrutura, composição e distribuição das assembleias bentônicas, bem como o estado ecológico, a integridade dos habitats físicos e a qualidade da água.

Em cada ponto amostral, foram coletadas três amostras de sedimento, buscando abranger o maior número possível de habitats. Para as coletas foram utilizados amostradores do tipo draga de Petersen (0,0682 m2) e draga de Eckman (0,0225 m2 de área) para os trechos do rio Doce e lagos e coletor tipo Surber (0,09 m²) e rede D (Kick-net, 0,09 m2 de área) no córrego São Pedro Frio (P09) e no Ribeirão Palmas (P07). A partir de outubro de 2024, em função das alterações na malha amostral,

o método de coleta foi padronizado com o uso exclusivo da draga de Petersen (0,0682 m² de área amostral). As amostras foram acondicionadas 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 em 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; HAMADA *et al.*, 2018). Com base nos dados da composição das comunidades, foram calculadas a 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 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 hábitats 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, abrangendo todas as estações amostrais contempladas desde o “Ano 1” até a “Deliberação 803”: Calha do rio Doce (P1, P2, P3, P4B, P4, P8, RDO 11, RDO 12, RDO 14 e RDO 15), Lagos (P6, P10, LLM 03R e LNV 02R), Lagoas (LAL 01, LMN 02R e E27), Tributários (P7, P9, P11, RGU 02 e RMH 01), Reservatórios (P1B, P12, UHE AIM e UHE MAS) e Foz do rio Doce (RDO 16).

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. Foram 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 dos ambientes, 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 (proporção do total), 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, Foz do rio Doce, Lagos, Lagoas, 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 14 categorias alimentares (Quadro 3). O eventual material antropogênico não foi incluído 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 e vegetal, matéria orgânica não identificada e 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	Cladocera, Copepoda, Rotifera, Artemia, Tecameba, Ostracoda, Conchostraca
Aracnidae	Ácaro e aranha
Crustacea	Anfípoda, camarão e caranguejo
Insetos terrestres	Taxa como Coleoptera, Diptera adulto, Homoptera, Hymenoptera, Isoptera, Thysanoptera, Orthoptera e fragmentos menores não identificados
Insetos aquáticos	Taxa como Lepidoptera, Megaloptera, Coleoptera aquático, Trichoptera, Ephemeroptera, Odonata, Hemiptera aquático, Pupa de Diptera, Chaoboridae, Chironomidae, Ceratopogonidae, Culicidae, Tipulidae, Tabanidae, Psicodidae, Empididae, Simuliidae, Stratiomidae e fragmentos não identificados
Outros invertebrados	Nematoda, Taenia, Hirudinea, Polychaeta, Oligochaeta, Myriapoda e Collembola
Peixe	Peixe, escama, otólito, ou outras partes do peixe
Vertebrados terrestres	Lagartos, serpentes, anfíbios, aves e mamíferos

As guildas tróficas das espécies analisadas foram determinadas a partir dos valores do volume em porcentagem obtidos para as 14 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 e 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 8. O peso de cada indivíduo também foi utilizado para determinar a biomassa das guildas entre os ambientes e os anos de 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= Wo/Wt x 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 8) 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 contendo 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.

O polimorfismo das sequências dos genes mitocondriais foi avaliado pelos índices de diversidade genética: número de haplótipos, número de sítios polimórficos, diversidade haplotípica e nucleotídica, e pelos testes de neutralidade D de Tajima e FS de Fu. Para os genes nucleares, o polimorfismo foi analisado através do número de haplótipos, número de sítios polimórficos e pela diversidade nucleotídica. O polimorfismo dos loci de microssatélites foi estimado através do 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%.

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 significantiva para se comparar densidade entre os seis setores.

2.2.4 Macroinvertebrados bentônicos

Assim como para a ictiofauna dulcícola, foram considerados seis tipos de ambiente: calha do rio Doce (P1, P2, P3, P4, P8, RDO 11, RDO 12, RDO 14 e RDO 15), lagos (P6, P10, LLM 03R e LNV 02R), lagoas (LAL 01, LMN 02R e E27), tributários (P7, P9, P11, RGU 02 e RMH 01), reservatórios (P1B, P12, UHE AIM e UHE MAS) e foz do rio Doce (RDO 16).

Com o intuito de aprimorar a análises com maior acurácia e robustez e avaliar o efeito dos diferentes setores hidrológicos (Tributários, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Lagos, Lagoas e Reservatórios) sobre a riqueza taxonômica e densidade, foram aplicados Modelos Lineares Generalizados (GLMs) com função de ligação logarítmica (*log-link*). Foram testados modelos sob as famílias de distribuição Poisson e Binomial Negativa, sendo o modelo final selecionado com base no Critério de Informação de Akaike (AIC) (selecionando-se o menor valor de AIC para mitigar problemas de superdispersão). A significância global do fator “Setor” dentro dos modelos foi avaliada por meio do Teste de Razão de Verossimilhança (LR χ^2). Nos casos em que o modelo indicou efeito significativo (p <0,05), realizou-se o teste *post-hoc* de Tukey para comparações múltiplas par a par, identificando as diferenças entre os setores. Para comparar a riqueza e a densidade entre os setores categorizados como Não Impactados e Impactados e período sazonal chuvoso e seco para cada setor, utilizou-se o Teste de Mann-Whitney (Wilcoxon) para amostras independentes. A opção por este teste não-paramétrico justificou-se pela forte assimetria e descontinuidade dos dados biológicos (mudanças na malha amostral), inviabilizando o uso de testes paramétricos. Todas as análises estatísticas foram realizadas no ambiente R (R Studio), adotando-se o nível de significância de α= 0,05. (R CORE TEAM, 2026).

Foram calculadas também a diversidade beta e tendências temporais com a finalidade de avaliar as variações na composição das espécies (riqueza taxonômica) e no compartilhamento de espécies entres 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”; OKSANEN *et al.*, 2024), baseada na dissimilaridade média de cada unidade amostral em relação 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; WOOD e

SCHEIPL, 2020) e a curva foi obtida pelo método de suavização LOESS (Locally-Weighted Scatterplot Smooth; CLEVELAND e DEVLIN, 1988) (função “plotGAMM”; WOOD e SCHEIPL, 2020).

O protocolo de integridade ambiental, aplicados nos trechos lóticos, avalia um total de 22 parâmetros agrupados em categorias como tipo de substrato, cobertura vegetal do leito e outras características do habitat. Para cada parâmetro, são atribuídas pontuações de acordo com as condições observadas em campo. A pontuação final varia de 0 a 100 pontos e é obtida pelo somatório das pontuações atribuídas a cada parâmetro. Esse valor reflete o grau de preservação ecológica dos locais amostrados. De acordo com o protocolo, trechos com pontuação entre 0 e 40 pontos são classificados como impactados; entre 41 e 60 pontos, como alterados; e acima de 61 pontos, como minimamente alterados ou em condições naturais (prístinas) (CALLISTO *et al.*, 2002).

Para a análise de deformidades morfológicas no aparelho bucal (mento) de larvas coletoras-catadoras de Chironomidae, os espécimes identificados durante as análises de estrutura e composição da comunidade tiveram suas peças bucais montadas em lâminas para observação em microscópio óptico e avaliação de alterações morfológicas. A metodologia foi adaptada de Callisto *et al.* (2000), na qual os autores classificaram as deformidades em três categorias, com base em 15 variações em relação ao padrão considerado normal: A) ausência do dente lateral externo; B) deformidade medial fraca; e C) deformidade medial severa ou combinação de deformidades acentuadas. Neste estudo, as deformidades foram agrupadas em três níveis de intensidade: 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 com base nas pontuações atribuídas às métricas bióticas, considerando-se 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 escores (5, 3 e 1; detalhes em Ferreira *et al.*, 2011) a cada métrica para o estabelecimento dos limites das classes de qualidade da água, conforme a tabela abaixo (Tabela 1). Os limites foram calculados pela agregação dos escores de cada métrica e definidos pelos valores mínimo e máximo 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 da 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 novos pontos amostrais, e o ponto P9 (córrego São Pedro Frio) foi removido da malha amostral.

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.

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 morfologicamente. 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. A partir de outubro de 2024 a geração dos dados de sequências dos genes COI, Cytb, Glyt e Myh6 também passou a ser feita na plataforma Illumina.

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, 2026), 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, é relevante indicar que 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.

2.3.3 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", "Novo Ciclo" e “Deliberação 803” 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.

No período “Novo Ciclo”, foram incluídos nas amostragens de ictioplâncton 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 do rio Doce (P01 a RDO 16 e P13), na região central do leito do rio, a fim de verificar a possibilidade de ocorrência de organismos com características demersais em deriva.

Com a Deliberação 803/24 em vigência e o rearranjo da malha amostral, que passou a incluir diferentes setores, como lagos e lagoas, a coleta de fundo foi excluída. A partir de outubro de 2024, manteve-se somente as amostragens sub superficiais.

2.3.4 Macroinvertebrados bentônicos

No primeiro ano do PMBA/Fest-UFES, o monitoramento de macroinvertebrados bentônicos não foi executado pelo programa, pois essa atividade integrava o Anexo 2 do TR-4 (Estudo e Monitoramento do Ambiente Dulcícola da Área Ambiental I). Em conformidade com as diretrizes do TR-4, esse componente foi incorporado ao PMBA/Fest-UFES a partir de dezembro de 2019, durante o Ano 2 (Transição).

Desde então, não houve alterações no desenho amostral. As comunidades de macroinvertebrados bentônicos continuam sendo monitoradas por meio de campanhas trimestrais, utilizando a mesma malha amostral adotada para a ictiofauna dulcícola. O monitoramento da dinâmica temporal das assembleias aquáticas é realizado em 14 pontos amostrais distribuídos entre os ambientes Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios (UHE Mascarenhas e Aimorés), conforme apresentado no 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 às campanhas realizadas a partir de outubro de 2024. 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, porém já engloba pelo menos uma estação seca e duas chuvosas.

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

As alterações na malha amostral implementadas a partir de outubro de 2024, não comprometeram a continuidade e a consistência das análises históricas da comunidade de macroinvertebrados bentônicos. Os dados acumulados até janeiro de 2026 demonstram que os novos setores inseridos, Lagoas e Foz, superaram a fase de amostragem incipiente. Os resultados atuais para essas áreas já contemplam ciclos sazonais completos (períodos chuvoso e seco), fornecendo uma base robusta que permite a comparação direta com os setores históricos (Calha principal, Tributários, Lagoas, Lagos e Reservatórios).

A integração dessas novas estações conferiu maior poder preditivo ao monitoramento, permitindo refinar os diagnósticos espaciais do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) e do Protocolo de Avaliação Rápida de Habitats (PAR). A inclusão de pontos como o rio Manhuaçu (RMH01) e o rio Guandu

(RGU02) nos Tributários, bem como o adensamento de pontos na Foz, preencheu lacunas críticas de conectividade ecológica. Essa transição metodológica viabilizou a detecção de assinaturas tróficas específicas (como a dominância de coletores-catadores no estuário e de raspadores nas lagoas) e o rastreamento ecotoxicológico de deformidades em Chironomidae em áreas anteriormente não cobertas, sem gerar quebras de homogeneidade ou vieses interpretativos na série temporal histórica iniciada em dezembro de 2019.

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.

A. INDICADORES ICTIOFAUNA ECOLOGIA

3.1 RIQUEZA DE ESPÉCIES

Tabela 2: Lista de espécies de peixes coletadas durante o monitoramento (outubro/2018 a janeiro/2026) e origem histórica na bacia do rio Doce. Frequência de ocorrência relativa (%) e absoluta (número entre parênteses) das espécies nas 48 campanhas realizadas. (*) Espécies de habitats marinhos e estuarinos.

ORDEM | Família | *Espécie*	**Nome comum**	**Origem**	**Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))**
ACANTHURIFORMES			
Gerreidae			
Eucinostomus argenteus Baird & Girard, 1855*	Carapicu	Nativa	12,5 (6)
Eugerres brasilianus (Cuvier, 1830)*	Carapeba	Nativa	20,83 (10)
Lutjanidae			
Lutjanus jocu (Bloch & Schneider, 1801) *	Pargo	Nativa	2,08 (1)
Haemulidae			
Pomadasys ramosus (Poey, 1860)*	Roncador	Nativa	4,17 (2)
Sciaenidae			
Bairdiella goeldi Marceniuk, Molina, Caires, Rotundo, Wosiacki & Oliveira, 2019 *	Roncador	Nativa	10,42 (5)
Pachyurus adspersus Steindachner, 1879	Corvina	Nativa	100 (48)
Plagioscion squamosissimus (Heckel, 1840)	Pescada	Introduzida	14,58 (7)
ATHERINIFORMES			
Atherinopsidae			
Atherinella brasiliensis (Quoy & Gaimard, 1825) *	Peixe-rei	Nativa	2,08 (1)
BELONIFORMES			
Belonidae			
Strongylura marina (Walbaum, 1792) *	Peixe-agulha	Nativa	2,08 (1)
Hemiramphidae			
Hyporhamphus roberti	Agulhinha	Nativa	29,17 (14)

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
(Valenciennes, 1847)*			
CARANGIFORMES			
Achiridae			
Trinectes paulistanus (Miranda Ribeiro, 1915)*	Linguado	Nativa	14,58 (7)
Carangidae			
Caranx bartholomaei Cuvier, 1833*	Xaréu	Nativa	4,17 (2)
Caranx latus Agassiz, 1831*	Xaréu	Nativa	16,67 (8)
Centropomidae			
Centropomus parallelus Poey, 1860*	Robalo-peba	Nativa	64,58 (31)
Centropomus undecimalis (Bloch, 1792) *	Robalo-flecha	Nativa	8,33 (4)
Cyclosepsettidae			
Citharichthys arenaceus Evermann & Marsh, 1900*	Linguado	Nativa	2,08 (1)
Polynemidae			
Polydactylus virginicus (Linnaeus, 1758) *	Barbudo	Nativa	4,17 (2)
CHARACIFORMES			
Anostomidae			
Arhinolemur conirostris (Steindachner, 1875)	Piau-branco	Nativa	60,42 (29)
Hypomasticus steindachneri (Eigenmann, 1907)	Piau-caboclo	Nativa	6,25 (3)
Bryconidae			
Brycon amazonicus (Agassiz, 1829)	Matrinxã	Introduzida	2,08 (1)
Salminus brasiliensis (Cuvier, 1816)	Dourado	Introduzida	37,50 (18)
Acestrorhamphidae			
Astyanax lacustris (Lütken, 1875)	Lambari-do-rabo-amarelo	Nativa	100 (48)
Deuterodon cf. *giton*	Lambari	Nativa	12,50 (6)

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
Deuterodon cf. *intermedius*	Lambari	Nativa	85,42 (41)
Deuterodon cf. *taeniatus*	Lambari	Nativa	47,82 (23)
Deuterodon sp.	Lambari	Nativa	2,08 (1)
Megalamphodus eques (Steindachner, 1882)	Mato-grosso	Introduzida	54,17 (26)
Moenkhausia vittata (Castelnau, 1855)	Lambari	Nativa	10,42 (5)
Oligosarcus acutirostris Menezes, 1990	Lambari-bocarra	Nativa	52,08 (25)
Oligosarcus argenteus Günther, 1864	Lambari-bocarra	Nativa	16,67 (8)
Psalidodon aff. *fasciatus*	Lambari-do-rabo-vermelho	Nativa	8,33 (4)
Psalidodon sp.	Lambari	Nativa	8,33 (4)
Characidae			
Serrapinnus heterodon (Eigenmann, 1915)	Lambari	Introduzida	52,08 (25)
Crenuchidae			
Characidium cricarense Malanski, Sarmento-Soares, Silva-Malanski, Lopes, Ingenito & Buckup, 2019	Charutinho	Nativa	35,42 (17)
Erythrinidae			
Hoplerythrinus unitaeniatus (Spix & Agassiz, 1829)	Jeju	Nativa	18,75 (9)
Hoplias intermedius (Günther, 1864)	Trairão	Nativa	58,33 (28)
Hoplias aff. *malabaricus*	Traíra	Nativa	97,92 (47)
Hemiodontidae			
Hemiodus gracilis Günther, 1864	Cruzeiro-do-Sul	Introduzida	2,08 (1)
Prochilodontidae			
Prochilodus argenteus Spix & Agassiz, 1829	Curimba	Introduzida	54,17 (26)
Prochilodus costatus Valenciennes, 1850	Curimba	Introduzida	72,92 (35)
Prochilodus lineatus (Valenciennes, 1837)	Curimba	Introduzida	4,17 (2)

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
Prochilodus vimboides Kner, 1859	Grumatã	Nativa	8,33 (4)
Serrasalmidae			
Colossoma macropomum x *Piaractus mesopotamicus*	Tambacu	Introduzida	6,25 (3)
Metynnis lippincottianus (Cope, 1870)	Pacu-CD	Introduzida	97,92 (47)
Pygocentrus nattereri Kner, 1858	Piranha-vermelha	Introduzida	100 (48)
Serrasalmus brandtii Lütken, 1875	Piranha-branca	Introduzida	58,33 (28)
Stevardiidae			
Knodus moenkhausii (Eigenmann & Kennedy, 1903)	Lambari	Introduzida	95,83 (46)
CICHLIFORMES			
Cichlidae			
Aequidens cf. *plagiozonatus*	Acará	Introduzida	91,67 (44)
Astronotus crassipinnis (Heckel, 1840)	Apaiari	Introduzida	10,42 (5)
Astronotus ocellatus (Agassiz, 1831)	Oscar	Introduzida	8,33 (4)
Australoheros ipatinguensisOttoni & Costa, 2008	Acará	Nativa	2,08 (1)
Cichla cf. *pinima*	Tucunaré	Introduzida	2,08 (1)
*Cichla kelberi*Kullander & Ferreira, 2006	Tucunaré	Introduzida	60,42 (29)
Cichla monoculus Spix & Agassiz, 1831	Tucunaré	Introduzida	91,67 (44)
Cichla piquiti Kullander & Ferreira 2006	Tucunaré-azul	Introduzida	2,08 (1)
Coptodon rendalli (Boulenger, 1897)	Tilápia-do-Congo	Introduzida	81,25 (39)
Saxatilia lepidota (Heckel, 1840)	Jacundá	Introduzida	100 (48)
Geophagus aff. *brasiliensis*	Acará	Nativa	97,92 (47)
Oreochromis niloticus (Linnaeus, 1758)	Tilápia-do-Nilo	Introduzida	89,58 (43)
CLUPEIFORMES			
Engraulidae			
Anchovia clupeoides (Swainson,	Manjuba	Nativa	8,33 (4)

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
1839) *			
Anchoviella cayennensis (Puyo, 1945)*	Manjuba	Nativa	2,08 (1)
Lycengraulis grossidens (Spix & Agassiz 1829)*	Manjubão	Nativa	64,58 (31)
CYPRINODONTIFORMES			
Poeciliidae			
*Poecilia reticulata*Peters, 1859	Guppy	Introduzida	20,83 (10)
*Poecilia vivipara*Bloch & Schneider, 1801	Barrigudinho	Nativa	100 (48)
ELOPIFORMES			
Elopidae			
*Elops saurus*Linnaeus, 1766*	Ubarana	Nativa	2,08 (1)
GOBIIFORMES			
Oxudercidae			
Awaous tajacica (Lichtenstein, 1822)*	Peixe-flor	Nativa	97,92 (47)
Ctenogobius boleosoma (Jordan & Gilbert, 1882) *	Góbio	Nativa	6,25 (3)
Gobionellus oceanicus (Pallas, 1770) *	Góbio	Nativa	2,08 (1)
GYMNOTIFORMES			
Gymnotidae			
Gymnotus aff. *carapo*	Sarapó	Introduzida	4,17 (2)
*Gymnotus sylvius*Albert & Fernandes-Matioli, 1999	Sarapó	Introduzida	45,83 (22)
MUGILIFORMES			
Mugilidae			
*Mugil curema*Valenciennes, 1836*	Tainha	Nativa	75 (36)
OSTEOGLOSSIFORMES			
Arapaimidae			
Arapaima gigas (Schinz, 1822)	Pirarucu	Introduzida	2,08 (1)
SILURIFORMES			

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
Ariidae			
Cathorops spixii (Agassiz, 1829) *	Bagre-amarelo	Nativa	2,08 (1)
Bagre bagre (Linnaeus, 1766) *	Bagre-bandeira	Nativa	2,08 (1)
Genidens barbus (Lacepède, 1803) *	Caçari	Nativa	4,17 (2)
Genidens genidens (Cuvier, 1829) *	Caçari	Nativa	41,67 (20)
Paragenidens grandoculis (Steindachner, 1877)*	Rabo-seco	Nativa	4,17 (2)
Auchenipteridae			
Pseudauchenipterus affinis (Steindachner, 1877)	Cumbaquinha	Nativa	41,67 (20)
Trachelyopterus striatulus (Steindachner, 1877)	Cumbaca	Nativa	72,92 (35)
Callichthyidae			
Osteogaster aff. *aenea*	Coridora	Nativa	8,33 (4)
Hoplosternum littorale (Hancock, 1828)	Tamboatá	Introduzida	79,17 (38)
Clariidae			
Clarias gariepinus (Burchell, 1822)	Bagre-africano	Introduzida	22,92 (11)
Heptapteridae			
Pimelodella lateristriga (Lichtenstein, 1823)	Mandi-chorão	Nativa	22,92 (11)
Rhamdia quelen (Quoy & Gaimard, 1824)	Jundiá	Nativa	31,25 (15)
Loricariidae			
Delturus carinotus (LaMonte, 1933)		Nativa	2,08 (1)
Hypostomus affinis (Steindachner, 1877)	Cascudo	Nativa	58,33 (28)
Hypostomus luetkeni (Steindachner, 1877)	Cascudo	Nativa	18,75 (9)
Loricariichthys castaneus (Castelnau, 1855)	Cascudo-viola	Nativa	79,17 (38)
Parotocinclus maculicauda (Steindachner, 1877)	Cascudinho	Nativa	8,33 (4)
Pterygoplichthys pardalis	Cascudo-abacaxi	Introduzida	54,17 (26)

ORDEM | Família | *Espécie*	Nome comum	Origem	Frequência de Ocorrência (% (número absoluto))
(Castelnau, 1855)			
Pimelodidae			
Pimelodus maculatus Lacepède, 1803	Mandi-açu	Introduzida	97,92 (47)
Pseudopimelodidae			
Lophiosilurus alexandri Steindachner, 1876	Pacumã	Introduzida	22,92 (11)
Trichomycteridae			
Microcambeva watu Medeiros, Sarmento-Soares & Lima 2021	Cambevinha	Nativa	2,08 (1)
Trichomycterus aff. *alternatus*	Cambeva	Nativa	2,08 (1)
Trichomycterus cf. *melanopygius*	Cambeva	Nativa	4,17 (2)
Trichomycterus immaculatus (Eigenmann & Eigenmann, 1889)	Cambeva	Nativa	35,42 (17)
SYNBRANCHIFORMES			
Synbranchidae			
Synbranchus marmoratus Bloch, 1795	Mussum	Introduzida	8,33 (4)
SYNGNATHIFORMES			
Syngnathidae			
Microphis lineatus (Kaup, 1856)*	Peixe-cachimbo	Nativa	41,67 (20)

A riqueza taxonômica da ictiofauna dulcícola é representada por 98 espécies de peixes, sendo 64 nativas e 34 introduzidas, distribuídas em 16 ordens, 41 famílias e 76 gêneros (Tabela 2). A bacia do rio Doce apresenta um padrão esperado de representatividade esperado para a região neotropical, sendo as ordens Characiformes (30 spp.) e Siluriformes (24 spp.) as mais representativas (REIS *et al.*, 2016). A diversidade de peixes esperada para o Baixo rio Doce é de cerca de 199 espécies (SOUZA *et al.* 2026a). A diferença entre o número esperado e o amostrado pode ser explicada pela malha amostral que não contempla alguns ambientes como tributários menores, outros lagos e lagoas e até pela própria metodologia utilizada.

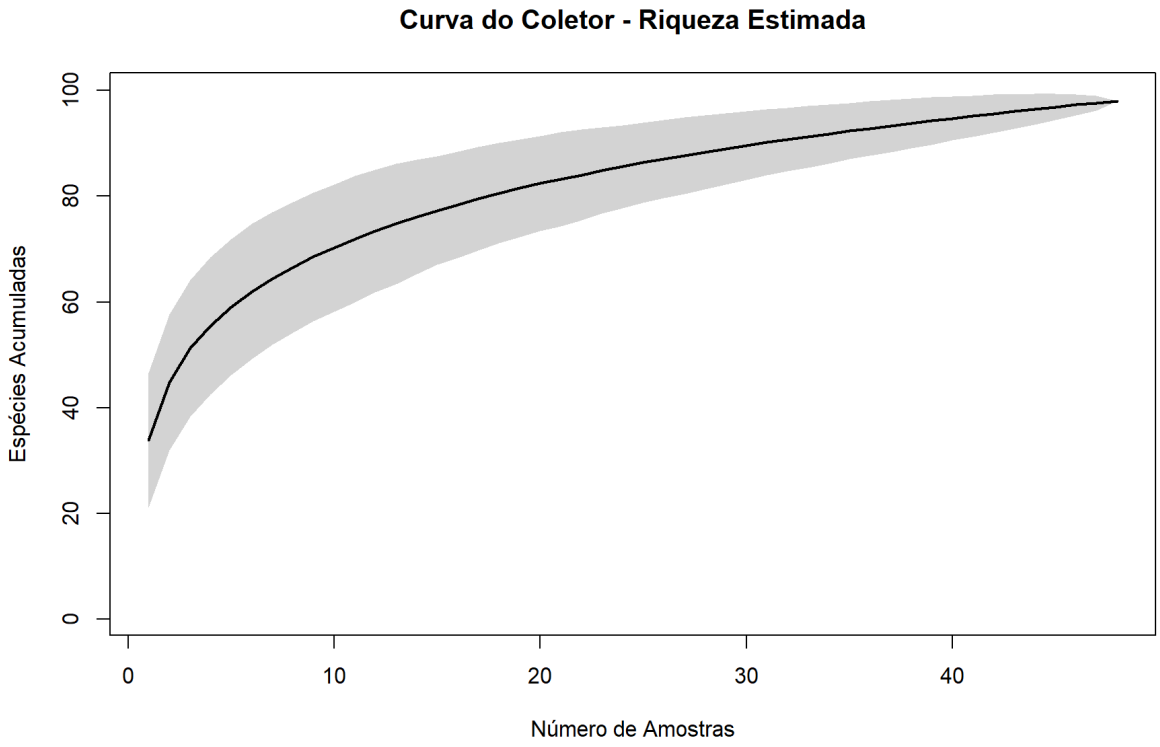
Além disso, foram registradas 30 espécies estuarinas e/ou marinhas. O aumento observado nos últimos relatórios se deve ao aumento de coletas em pontos próximos à foz do rio Doce. Para essas espécies, o ambiente dulcícola atua como área de alimentação, migração reprodutiva ou berçário (PETESSE *et al.*, 2023).

Em toda a abrangência espaço-temporal, as espécies introduzidas representaram um indicador de impacto, já que correspondem a cerca de 34,7% da riqueza registrada. Assim como comentado ao longo deste relatório, estes organismos apresentam maior capacidade de adaptação às alterações na dinâmica do rio após o rompimento da barragem (SALVADOR *et al.*, 2022) e aos efeitos de fluxo regulado pelas barragens (SANTOS *et al.*, 2017; HAVEL *et al.*, 2005), apresentando modificações, por exemplo, em suas taxas reprodutivas e estratégias alimentares (FEST, 2025). Os registros de espécies introduzidas emblemáticas, como as piranhas vermelha e branca e os tucunarés (*Cichla* spp.), ocorreram desde as primeiras campanhas realizadas no âmbito deste projeto. Além disso, coletamos e reportamos pela primeira vez na bacia a presença do pirarucu (*Arapaima gigas*) (SOUZA *et al.* 2026b), e continuamos a registrar novas ocorrências de espécies introduzidas, como *Cichla piquiti* (tucunaré-azul) e *Brycon amazonicus* (matrinxã). Estes registros reacendem um alerta sobre a introdução dessas espécies por ação humana, uma vez que são apreciadas na pesca esportiva e como recurso pesqueiro, levando a um debate sobre o sucesso de colonização de novas espécies introduzidas na bacia, com elevado potencial de impacto negativo sobre as comunidades aquáticas locais.

No Baixo rio Doce, registramos a ocorrência de cinco espécies ameaçadas de extinção: **Criticamente Ameaçada (CR):** Bagre-rabo-seco (*Paragenidens grandoculis*), **Em Perigo (EN):***Genidens barbus* e **Vulneráveis (VU):***Lophiosilurus alexandri, Lutjanus jocu* e *Prochilodus vimboides.* Porém, é crítico lembrar que o pacumã *Lophiosilurus alexandri* é ameaçado na sua bacia originária, ao passo que no rio Doce, ele é uma espécie introduzida com impactos negativos sobre a ictiofauna nativa. Destacamos aqui a importância do registro de *Paragenidens grandoculis* na Foz do rio Doce (RDO 16) durante o monitoramento, também reportado por Rodrigues *et al.* (2022), uma vez que em sua distribuição era restrita às lagoas Nova (MARCENIUK *et al.*, 2019), Juparanã (ambas em Linhares - ES) e Feia (Campos dos Goytacazes - RJ), e novos registros não são notificados desde 2017 (ICMBio, 2026). A coleta de *P. grandoculis* neste novo ambiente é extremamente relevante para a conservação dessa espécie na bacia.

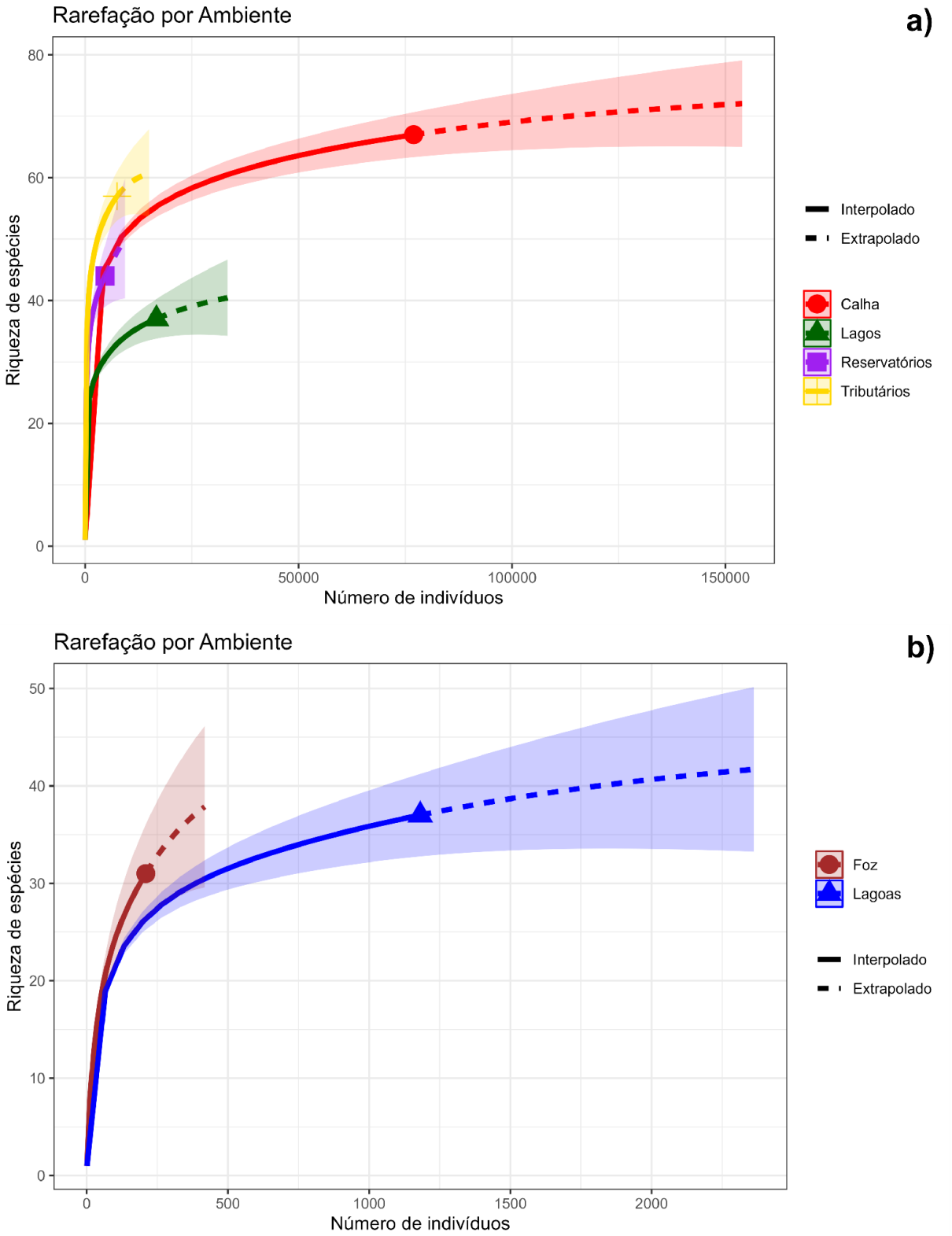
Nesse relatório, a análise de frequência de ocorrência mostrou que, ao longo do monitoramento, as mesmas dez espécies continuam sendo as mais frequentes. Dentre elas, cinco espécies foram registradas em todas as 48 campanhas amostrais: Lambari (*Astyanax lacustris*), Piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), Barrigudinho (*Poecilia vivipara*), Jacundá (*Saxatilia lepidota*) e Corvina (*Pachyurus adspersus*). Outras cinco espécies estiveram presentes em 47 campanhas: Peixe-flor (*Awaous tajasica*), Acará (*Geophagus aff. brasiliensis*), Traíra (*Hoplias* aff. *malabaricus*), Pacu-CD (*Metynnis lippincottianus*) e Mandi-açu (*Pimelodus maculatus*) (Tabela 2). A elevada constância dessas espécies indica uma considerável capacidade de adaptação ao ambiente impactado, especialmente das espécies introduzidas, como a Piranha-vermelha, o Pacu-CD e o Mandi-açu, que podem ser consideradas ecologicamente tolerantes. Em contrapartida, espécies com baixa constância podem representar populações remanescentes em nichos menos impactados ou estar em processo de extinção local, configurando importantes indicadoras para a adoção de medidas de conservação das próprias espécies ou dos ambientes que ocupam.

Figura 1: Curva do coletor ou curva de acumulação de espécies de peixes, evidenciando a riqueza acumulada (linha) e estimada (hachurada em cinza) em função do esforço de amostragem (campanhas) no Baixo rio Doce durante o monitoramento de outubro/2018 a janeiro/2026.



A Figura 1 evidencia um aumento gradativo do número total de espécies acumuladas ao longo das campanhas de monitoramento, mas sem atingir um equilíbrio. A extrapolação do número de espécies ao fim da curva atinge valores similares aos de riqueza observada, sugerindo, dessa forma, que um número máximo de 100 espécies, aproximadamente, pode estar próximo de ser atingido. É importante destacar que, apesar de os valores de riqueza observada e esperada estarem próximos da estabilização para o conjunto de pontos amostrais, a riqueza estimada representa cerca de metade das 199 espécies esperadas para o Baixo rio Doce (SOUZA *et al.*, 2026a). Esse resultado pode ser explicado pela não amostragem em outros tributários, lagos e lagoas, durante o monitoramento, mas que também contribuem para a diversidade regional. Ressalta-se que, a partir da 10ª campanha, cerca de 70% das espécies já haviam sido registradas, o que reforça a importância da temporalidade e da manutenção do monitoramento, para a detecção de espécies raras ou associadas a variações sazonais específicas e para alcançar um registro o mais abrangente possível da riqueza na bacia.

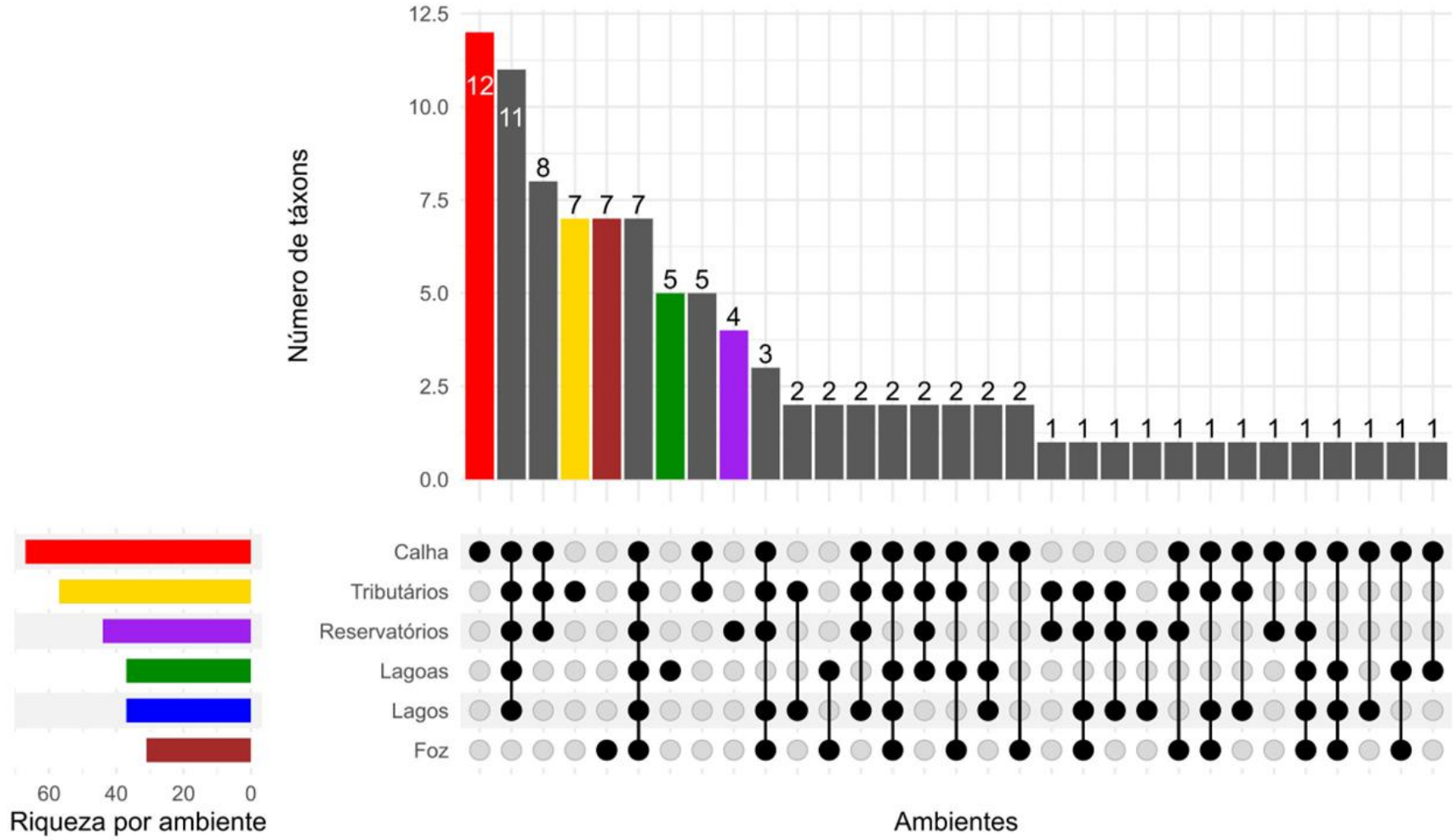
Figura 2: Curvas de rarefação para as comunidades de peixes dos ambientes Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Tributários (a) e Foz do rio Doce e Lagoas (b) no Baixo rio Doce durante o monitoramento de outubro/2018 a janeiro/2026.



As curvas de rarefação foram discriminadas entre os ambientes monitorados desde os anos 1 e 2 do monitoramento (Calha, Lagos, Reservatórios e Tributários) (Figura 2a) e os iniciados na 4ª fase do monitoramento (Foz e Lagoas) (Figura 2b), de forma a facilitar a visualização e evitar um viés extrapolativo da riqueza.

A Calha é o ambiente de maior riqueza na bacia, seguida de Tributários, Reservatórios e Lagos. Apesar das amostragens recentes, as Lagoas apresentam riqueza comparável à dos Lagos, tanto interpolada quanto extrapolada, indicando alta eficiência de amostragem. Nos Lagos, ainda que a abundância seja maior que em Tributários e Reservatórios, a riqueza é menor que nesses setores. As comunidades de peixes são fortemente estruturadas por características físicas e ecológicas dos ambientes aquáticos e ripários, como transparência da água, profundidade, disponibilidade de micro-hábitats e de recursos autóctones e alóctones (CASATTI *et al.*, 2009; TERESA *et al.*, 2015). A Calha, por suas dimensões e ordem, é capaz de comportar muitas espécies devido à disponibilidade de habitats, de recursos e à complexidade dos ambientes (VANNOTE *et al.,* 1980). Os ambientes lênticos, como Reservatórios, Lagos e Lagoas, também são capazes de comportar grande quantidade de espécies, sendo também áreas de desova para muitas espécies (GALETTI *et al.*, 1990; OLIVEIRA; GARAVELLO, 2003), sobretudo migradoras, além de serem ambientes de grande variação limnológica e ictiofaunística. Tributários, por sua vez, são locais de expressiva diversificação de espécies, como rios e riachos com riqueza variável e altamente dependentes das dinâmicas do habitat físico, suportando espécies de menor ocorrência (TERRA *et al.,* 2013a).

Figura 3: Gráfico UpSet mostrando o compartilhamento de espécies de peixes entre os seis ambientes i) Calha do rio Doce, ii) Tributários, iii) Reservatórios, iv) Lagoas, v) Lagos e vi) Foz do rio Doce, durante o monitoramento de outubro/2018 a janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1. As barras horizontais representam a riqueza total de espécies por ambiente, os pontos ligados indicam intersecções entre ambientes e as barras verticais o número total de espécies compartilhadas em cada intersecção. Barras verticais coloridas indicam número de espécies exclusivas do ambiente indicado.

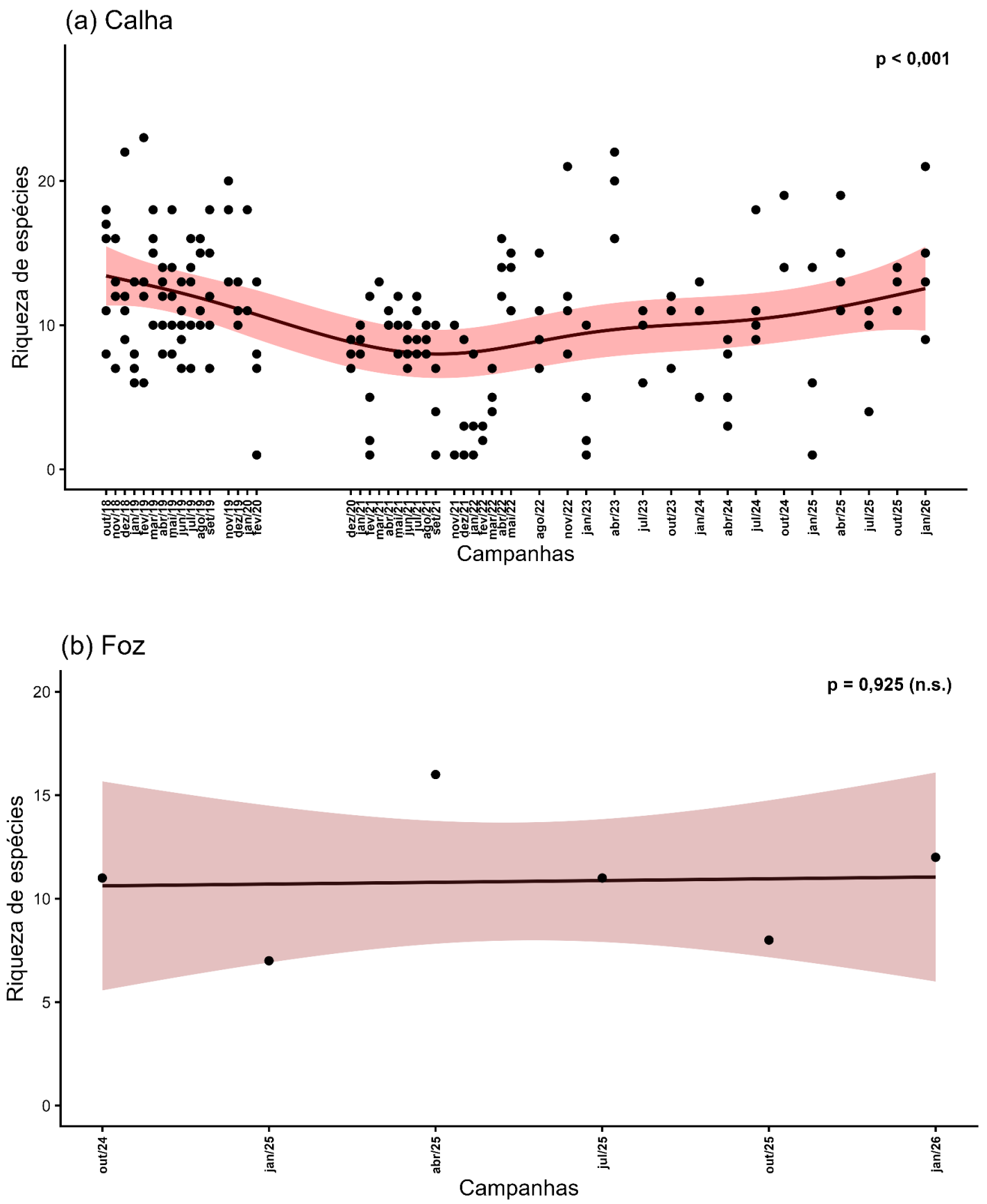


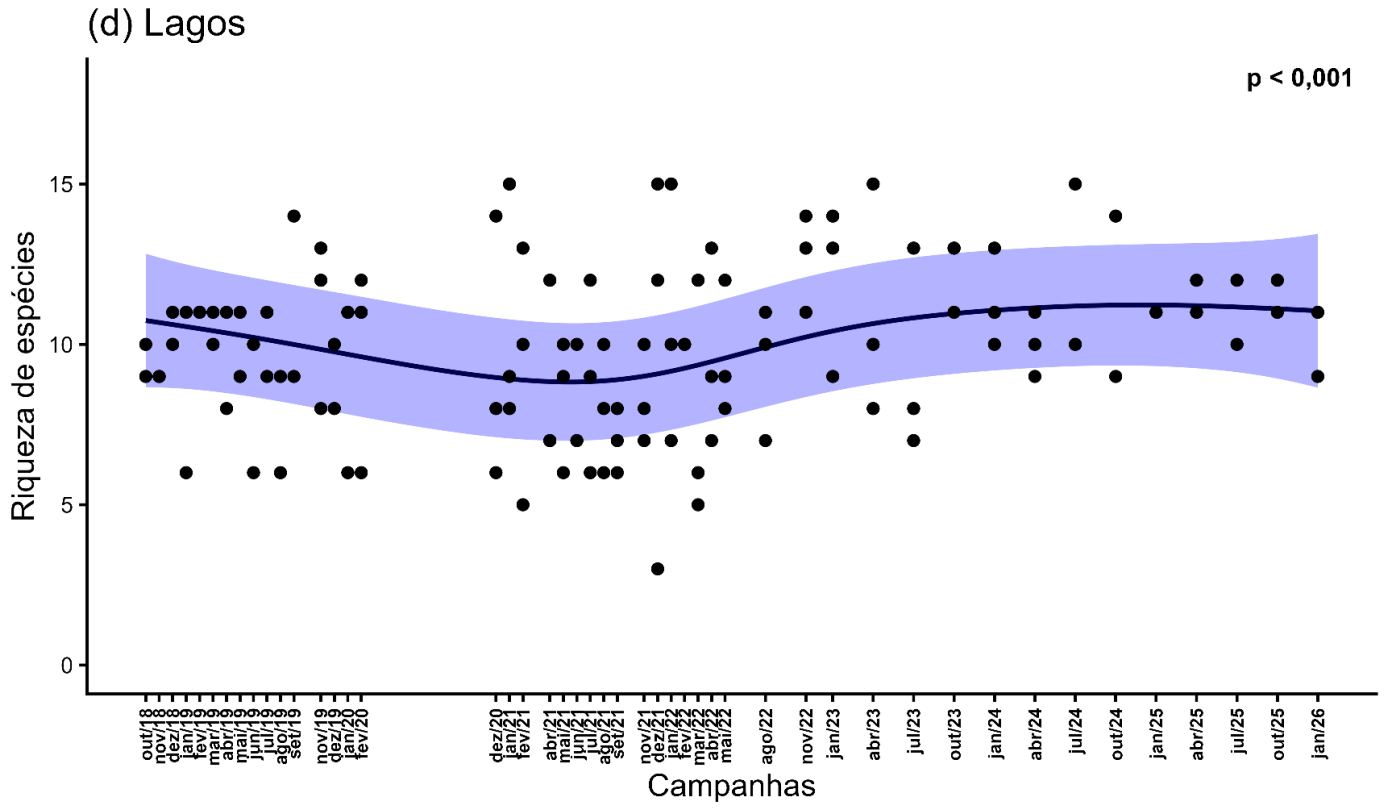
Os ambientes do Baixo rio Doce, apesar de ecologicamente heterogêneos, compartilham uma quantidade expressiva de espécies (Figura 3). No entanto, quase todos apresentam uma fauna única e exclusiva. A Calha apresenta 12 espécies exclusivas, seguida por Tributários (7), Foz (7), Lagoas (5) e Reservatórios (4). Os Lagos não apresentam espécies exclusivas, sua ictiofauna é diversa e compartilhada com todos os outros ambientes. Em contraste, sete espécies foram registradas em todos os ambientes: as nativas *Astyanax lacustris* (lambari-do-rabo-amarelo) e *Trachelyopterus striatulus* (cumbaca) e as introduzidas *Cichla kelberi* (tucunaré), *Hoplosternum littorale* (tamboatá), *Pimelodus maculatus* (mandi-açu), *Prochilodus costatus* (curimba) e *Pygocentrus nattereri* (piranha-vermelha).

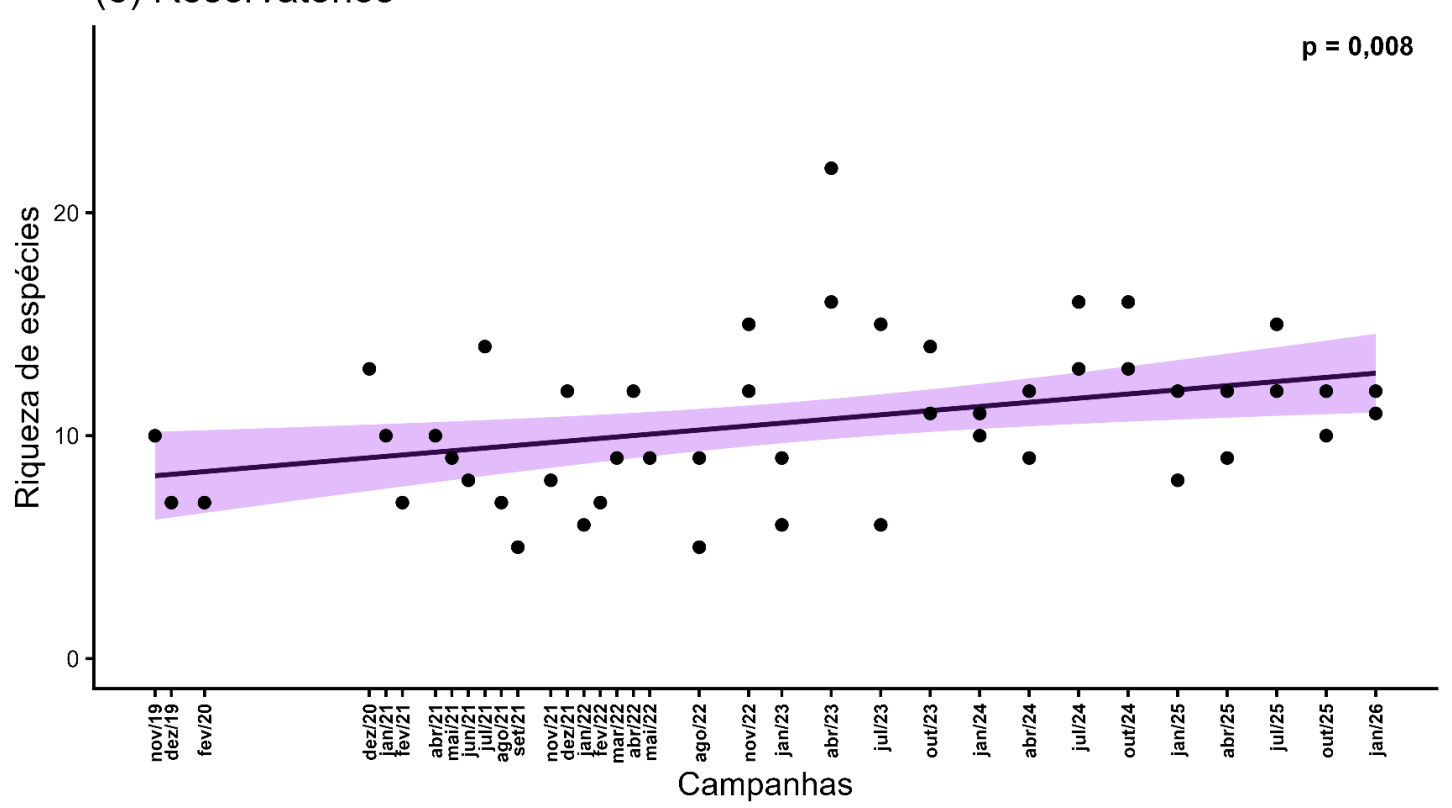
A Calha, por suas dimensões e complexidade, concentra a maior parte da biodiversidade da bacia, padrão comumente encontrado em bacias na região Neotropical (DAGOSTA *et al.,* 2024), e apresenta diversas espécies não encontradas em outros ambientes. São encontrados apenas na Calha peixes marinhos e estuarinos como *Anchoviella cayenensis* (manjuba), *Ctenogobius boleosoma* (góbio), *Elops saurus* (ubarana), *Citharichthys arenaceus* (linguado), além de bagres como *Microcambeva watu* (cambevinha), e as cambevas *Trichomycterus alternatus* e *T*. cf. *melanopygius*. Em contrapartida, a Calha do rio Doce compartilha espécies com todos os outros ambientes adjacentes, servindo, dessa forma, como um canal dispersor de espécies de maior vagilidade, ao mesmo tempo em que atua como barreira física e limnológica para táxons exclusivos de outros ambientes (TONKIN *et al.*, 2018a). Tributários, por sua vez, abrigam espécies de pequeno porte adaptadas a hábitats de rios e riachos de menor ordem, como os lambaris *Psalidodon* sp. e *Deuterodon* sp., o cascudinho *Parotocinclus maculicauda* e a cambeva *Trichomycterus immaculatus*. A Foz destaca-se dos outros ambientes por uma composição de espécies majoritariamente marinha e estuarina, aumentando a heterogeneidade ictiofaunística na bacia e evidenciando a importância do canal do rio para seus ciclos de vida (SOUZA *et al.*, 2026a). Por fim, ressalta-se o registro recente da espécie não nativa *Brycon amazonicus* (matrinxã) na Foz, além da presença da Criticamente Ameaçada *Paragenidens grandoculis* (bagre-rabo-seco), o que reforça a necessidade do monitoramento em diversos trechos da bacia para a identificação de ameaças e o estabelecimento de prioridades para a conservação.

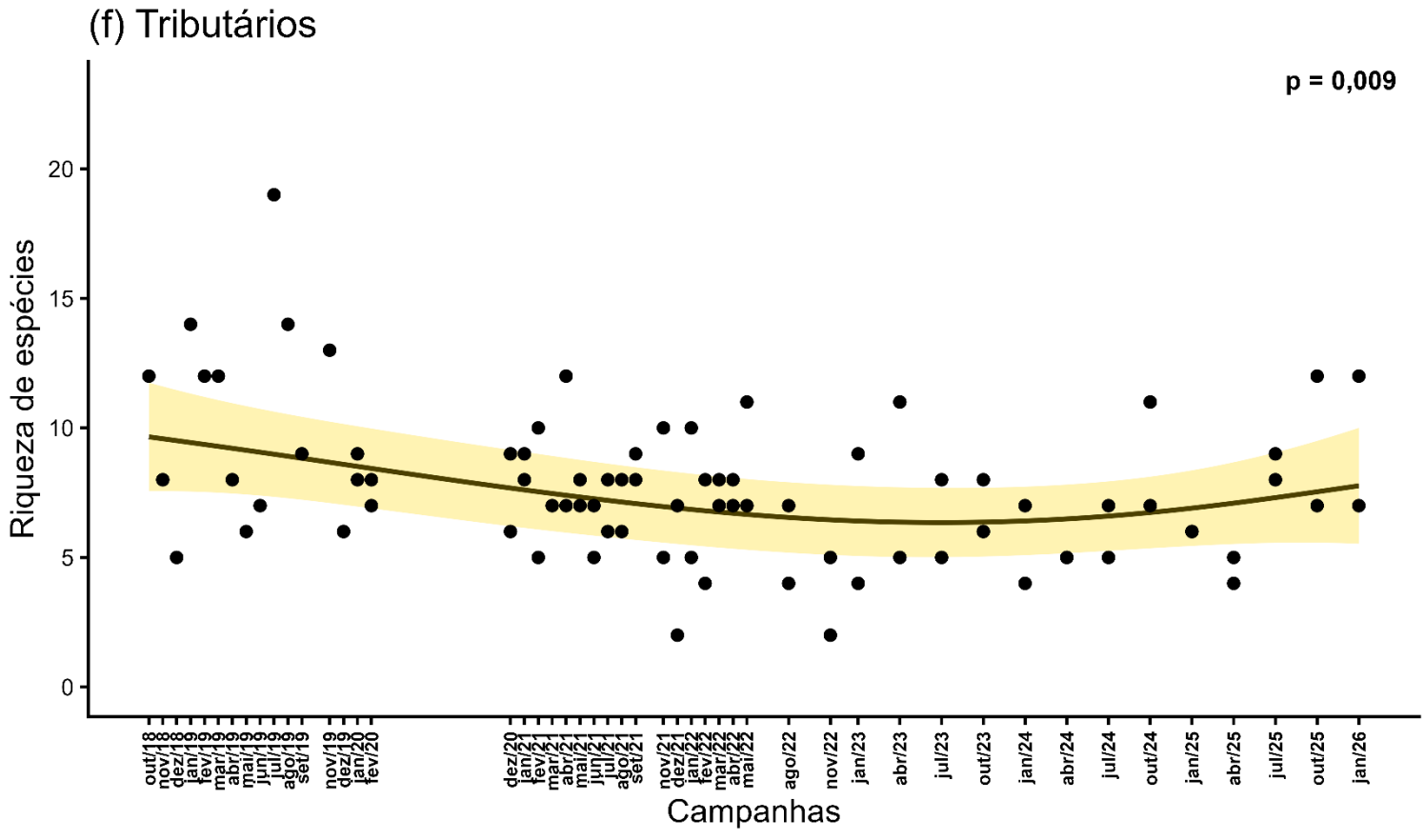
A diversidade ambiental da bacia aponta para a importância da preservação de mosaicos de habitats de forma a garantir a viabilidade do maior número possível de populações nativas. O grande número de espécies compartilhadas entre os ambientes sugere certa conectividade funcional, ainda que esta advenha da presença compartilhada de diversas espécies introduzidas. Por outro lado, a presença de espécies exclusivas, sobretudo em Tributários, indica a persistência de micro-habitats, nichos especializados e menos impactados dentro das comunidades.

Figura 4: Tendências temporais para riqueza taxonômica das comunidades de peixes avaliadas por meio de modelos aditivos generalizados mistos (GAMM) durante o monitoramento (outubro/2018 a janeiro/2026). a) Calha do rio Doce, b) Foz do rio Doce, c) Lagoas, d) Lagos, e) Reservatórios e f) Tributários. A lacuna entre fevereiro/2020 e dezembro/2020 é referente à interrupção do monitoramento devido à pandemia de COVID-19. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1. n.s. = não significativo.









*Os gráficos dos Modelos Aditivos Generalizados Mistos (GAMM) foram revisados do RSE2025 para o RA2025, com a inclusão dos dados de todos os pontos amostrais por campanha, visando representar a variabilidade ecológica e a heterogeneidade entre os pontos de cada setor. A abordagem permite considerar a estrutura hierárquica e as observações repetidas, reduzindo o risco de pseudorrepetição e aumentando a confiabilidade das estimativas de tendências temporais das métricas ecológicas. De modo geral, houve pequenas alterações no traçado das curvas, sem mudanças nas tendências temporais observadas.

As tendências de riqueza taxonômica variaram de acordo com os ambientes (Figura 4). De maneira geral, há uma tendência não-linear ao aumento na riqueza de espécies, e os modelos apontam para um sistema em recuperação heterogênea, na qual os ambientes respondem de forma distinta à perturbação histórica. No entanto, vale ressaltar que a maior parte dos modelos ajustados apresentam baixo poder explicativo da variação da riqueza e que uma parte expressiva da tendência de crescimento da riqueza de espécies ocorre também em decorrência do aumento do registro de espécies introduzidas em todos os ambientes.

A riqueza de espécies na calha do rio Doce (Figura 4a) variou significativamente de forma não-linear, apresentando tendência à queda até fevereiro/2022 (R^2 adj = 0,13). Desde então iniciou-se uma trajetória de elevação nesse indicador, com oscilações pontuais. A recuperação da riqueza na série temporal pode ser reflexo de processos de adaptação ecológica, recolonização ou recuperação parcial do ambiente. Porém, o grau de riqueza médio observado na calha do rio Doce nos dois primeiros anos nunca foi recuperado.

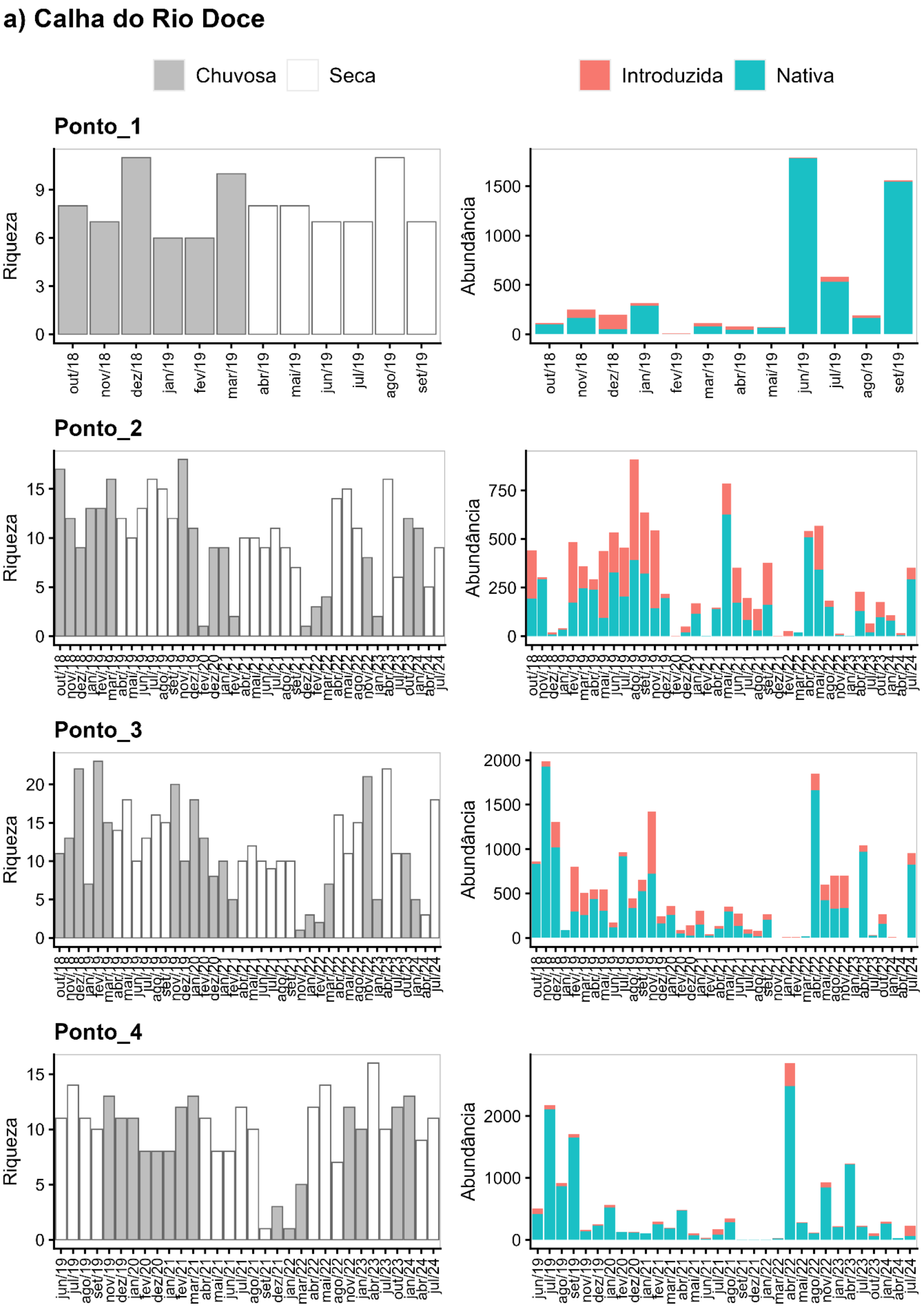
Na Foz (Figura 4b), com amostragens ocorrendo desde outubro/2024, ainda não foram detectadas tendências temporais estabelecidas de variação na riqueza de espécies, apenas leves oscilações não significativas (R^2 adj = –0,24). Nesse ambiente, a ausência de mais de uma estação amostral e a série temporal curta impossibilitaram a identificação de tendências estabelecidas de variação na trajetória de riqueza de espécies. O maior valor ocorreu em abril/2025, e o menor, em janeiro/2025. Assim como a Foz, as Lagoas (Figura 4c) passaram a ser amostradas em outubro/2024, mas nesse setor há tendência significativa não linear de variação na riqueza de espécies, que oscila na série temporal. Para Lagoas, o modelo captura bem a variação dos poucos pontos temporais disponíveis (R^2 adj = 0,67).

Para os Lagos (Figura 4d), a riqueza apresenta relativa estabilidade, com oscilações suaves ao longo do tempo, apesar de significativas (R^2 adj = 0,07). Nos Reservatórios (Figura 4e), há uma tendência significativa e linear de aumento da riqueza observada, com crescimento consistente ao longo da série temporal (R^2 adj = 0,12). Em ambientes lênticos de maior profundidade, a utilização de petrechos variados é fundamental para evitar um viés de captura de espécies e espécimes de maior porte, em detrimento de espécies e espécimes menores e de hábitos bentônicos.

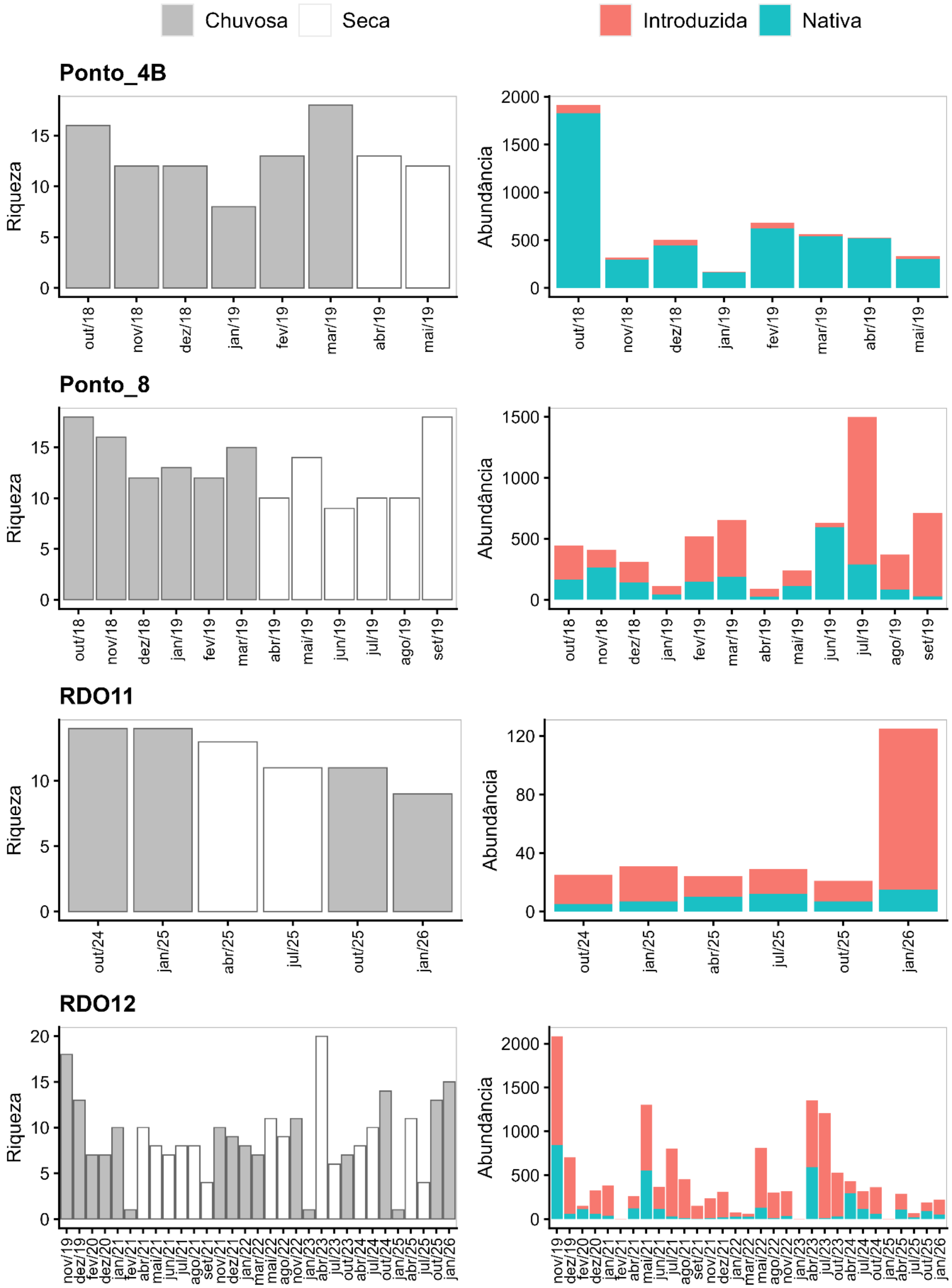
Nos Tributários (Figura 4f), há tendência à leve queda e recuperação na riqueza ao longo do monitoramento, com variação significativa no modelo. O baixo poder explicativo (R^2 adj = 0,17) sugere, no entanto, que não há evidência robusta de mudanças estruturais neste ambiente. A relativa estabilidade observada pode ser resultado de condições constantes, menos impactadas, limitações na recolonização do ambiente ou equilíbrio já alcançado após impacto.

3.2 PROPORÇÃO DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

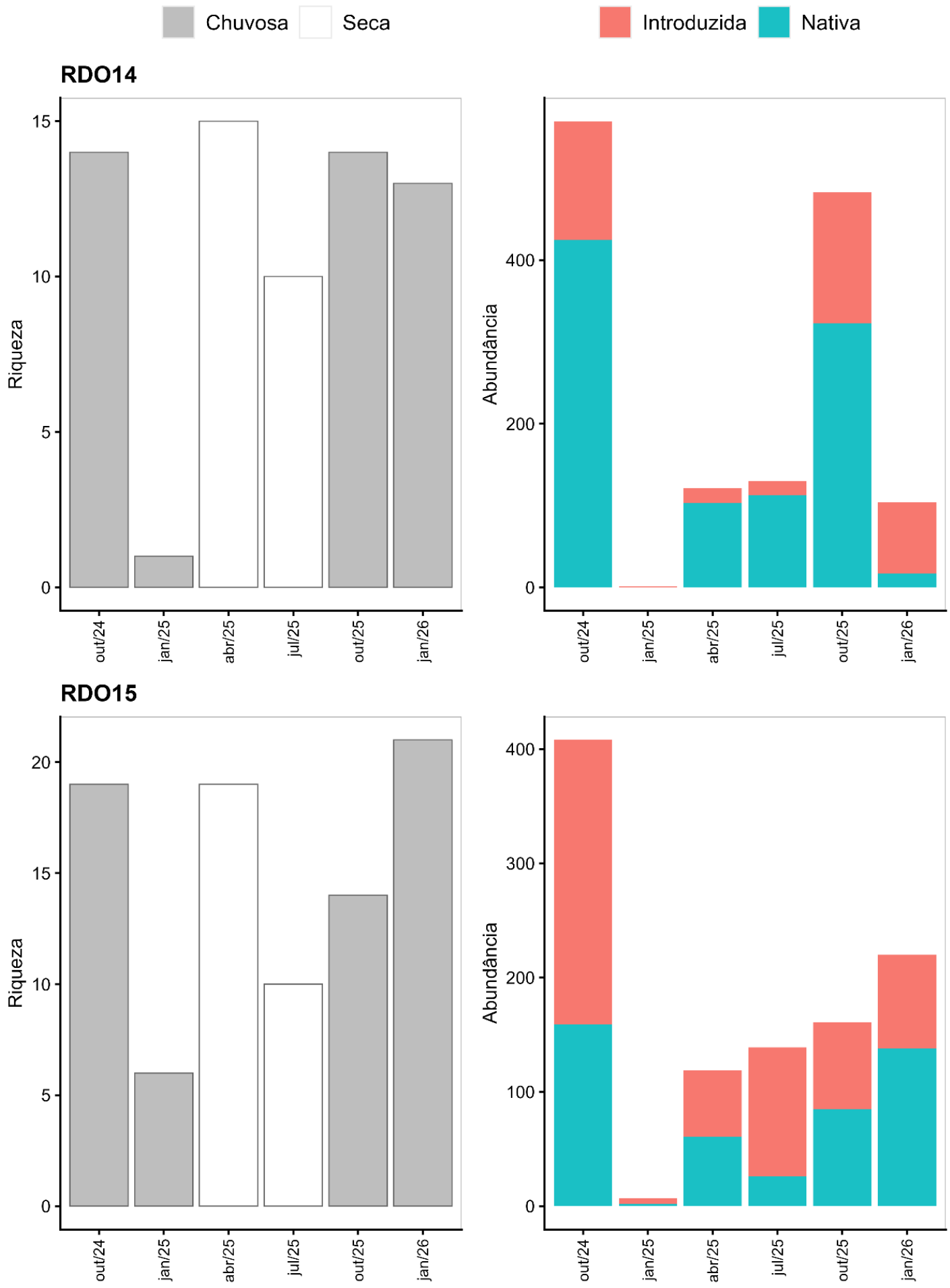
Figura 5: Variação espaço-temporal da riqueza de espécies durante os períodos chuvosos (cinza) e secos (branco) e da abundância de espécies nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na calha do rio Doce (a), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.



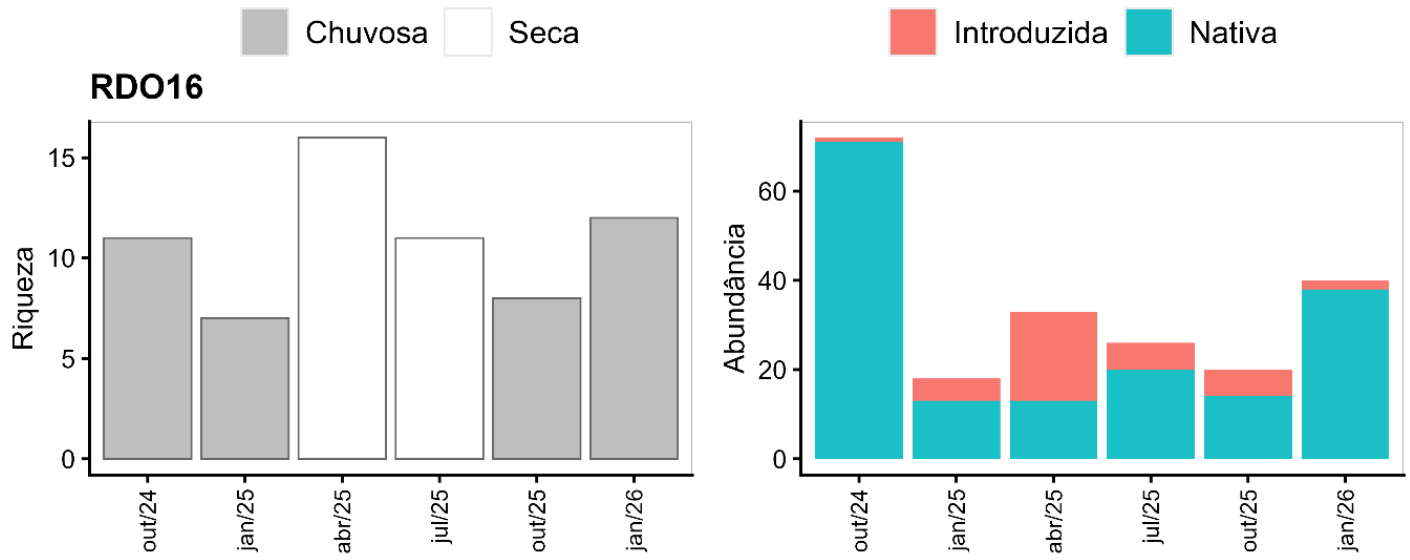
a) Calha do Rio Doce



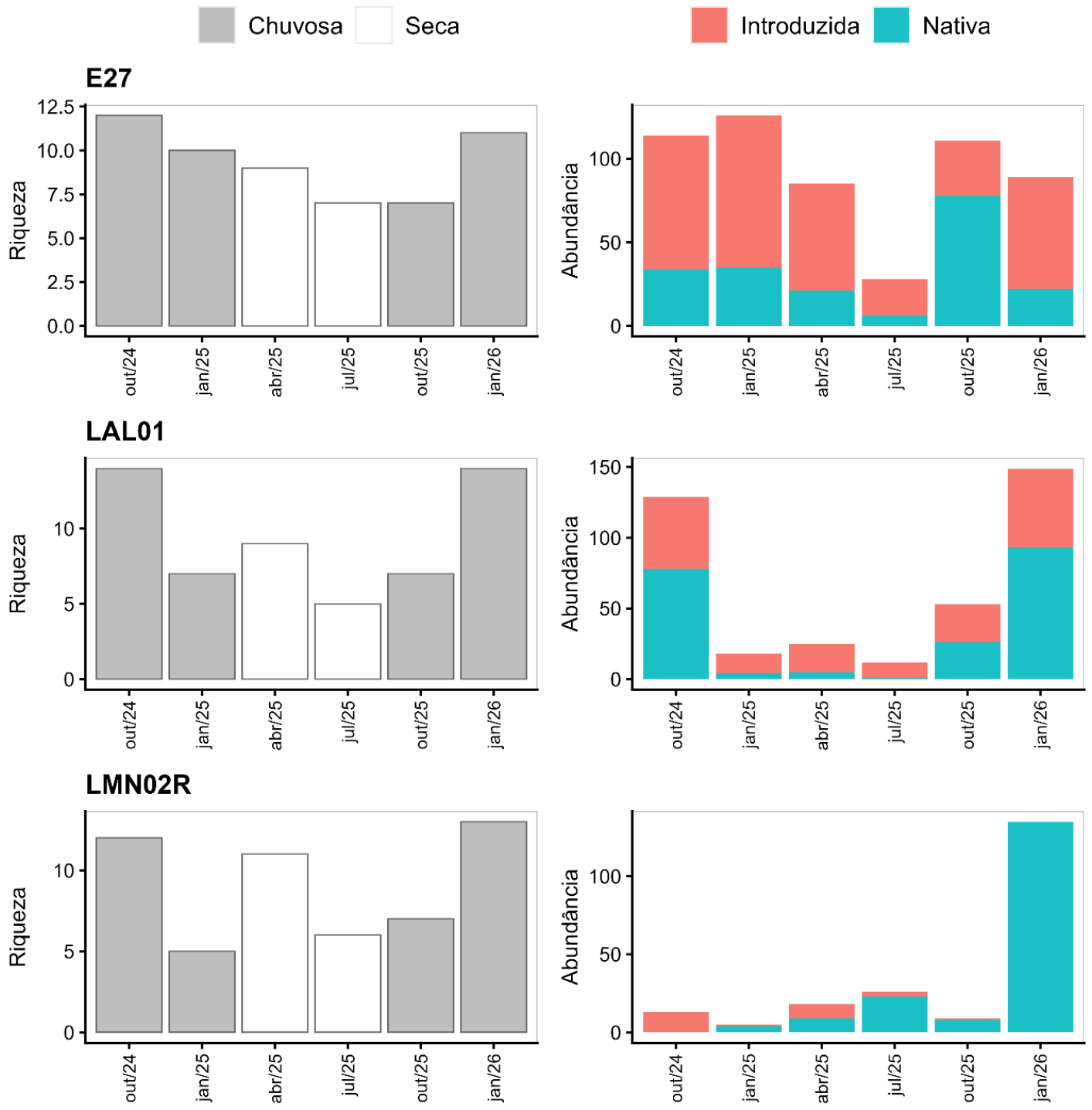
a) Calha do Rio Doce



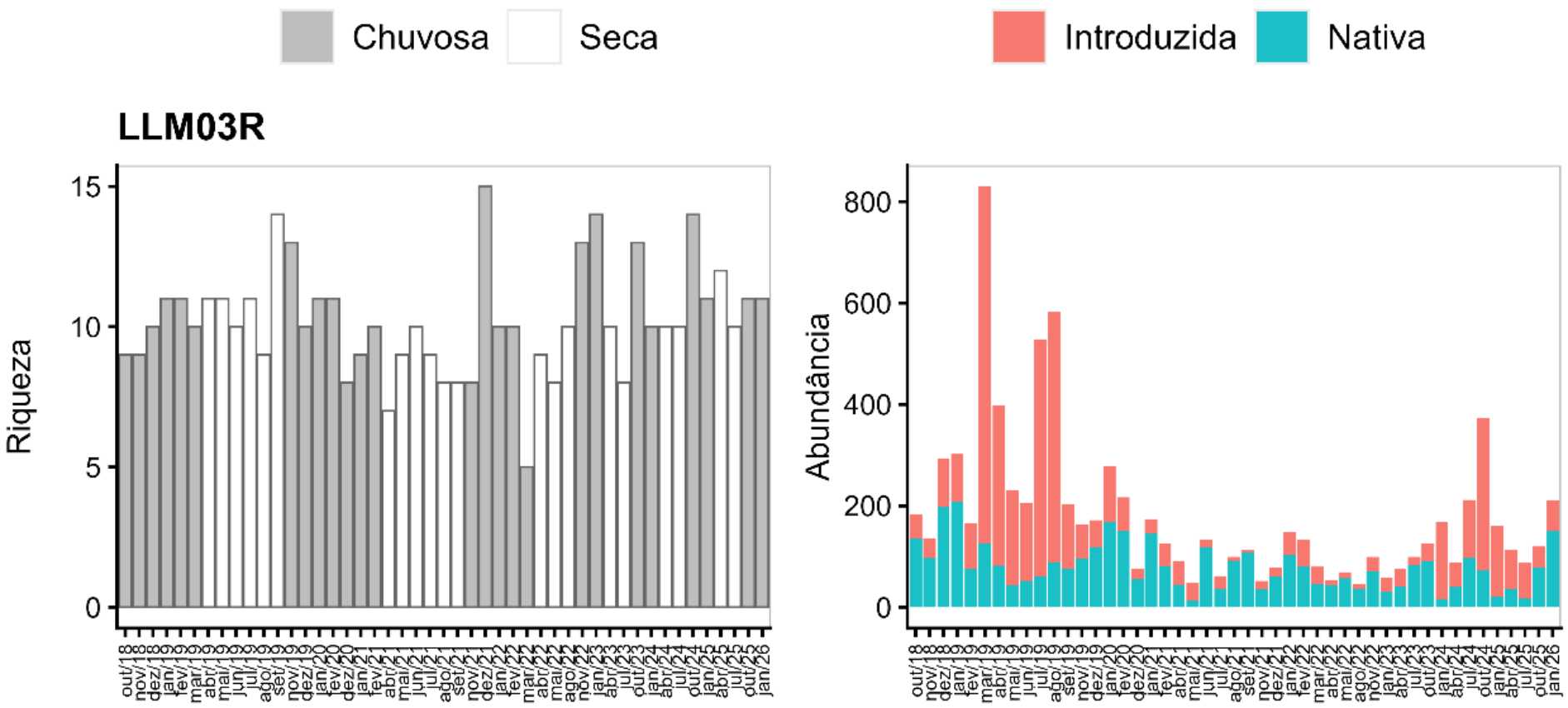
b) Foz do Rio Doce



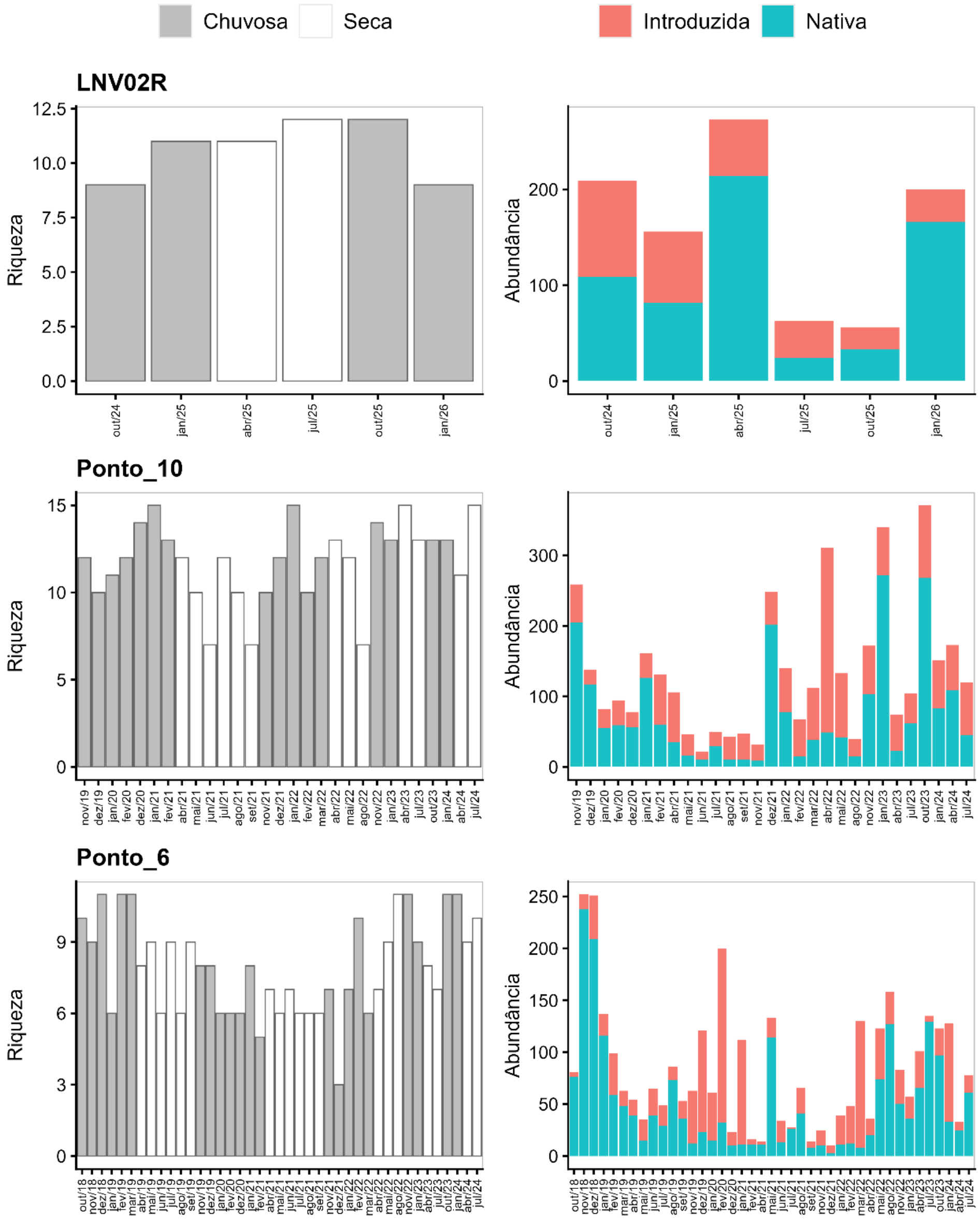
c) Lagoas



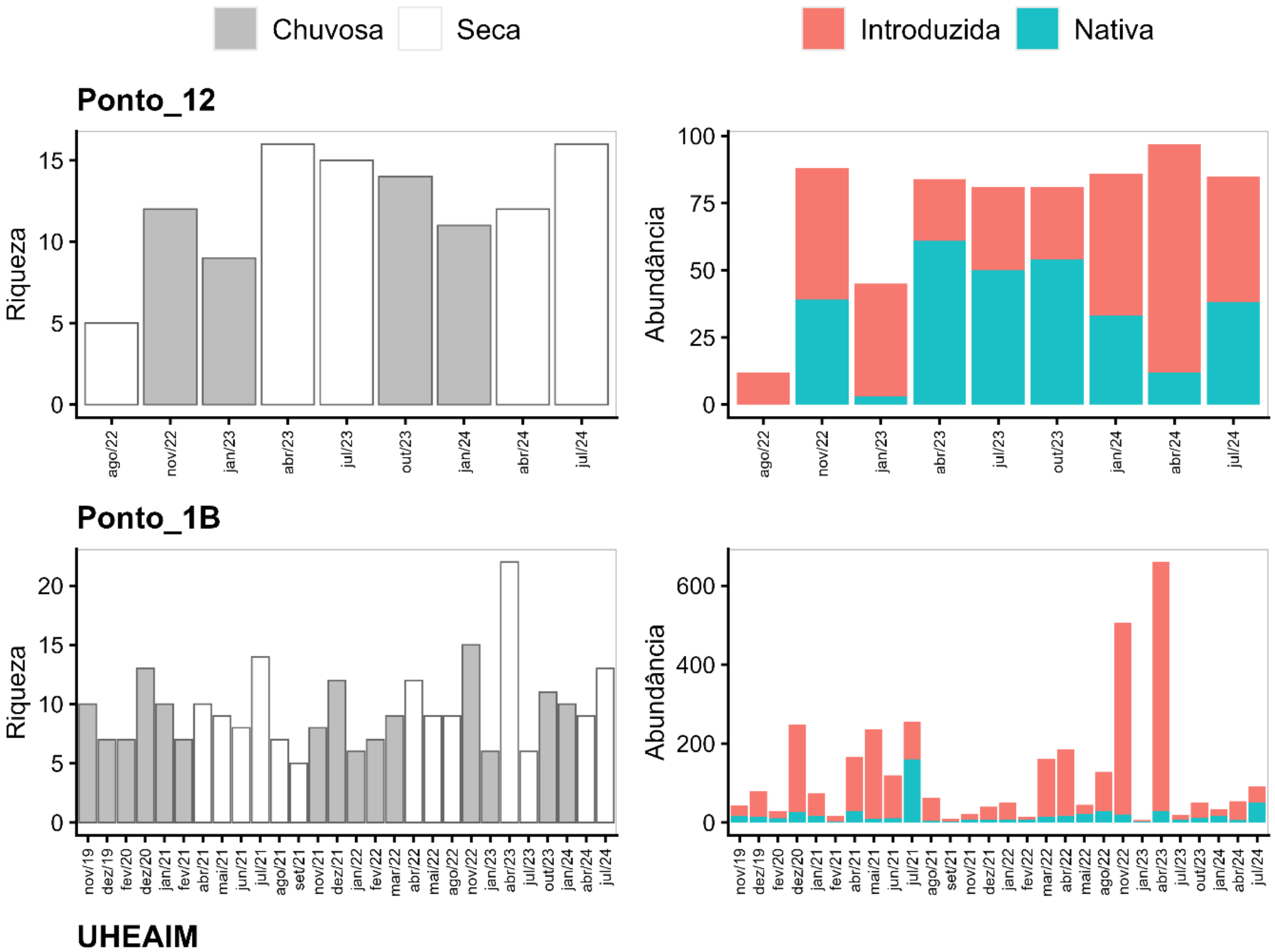
d) Lagos



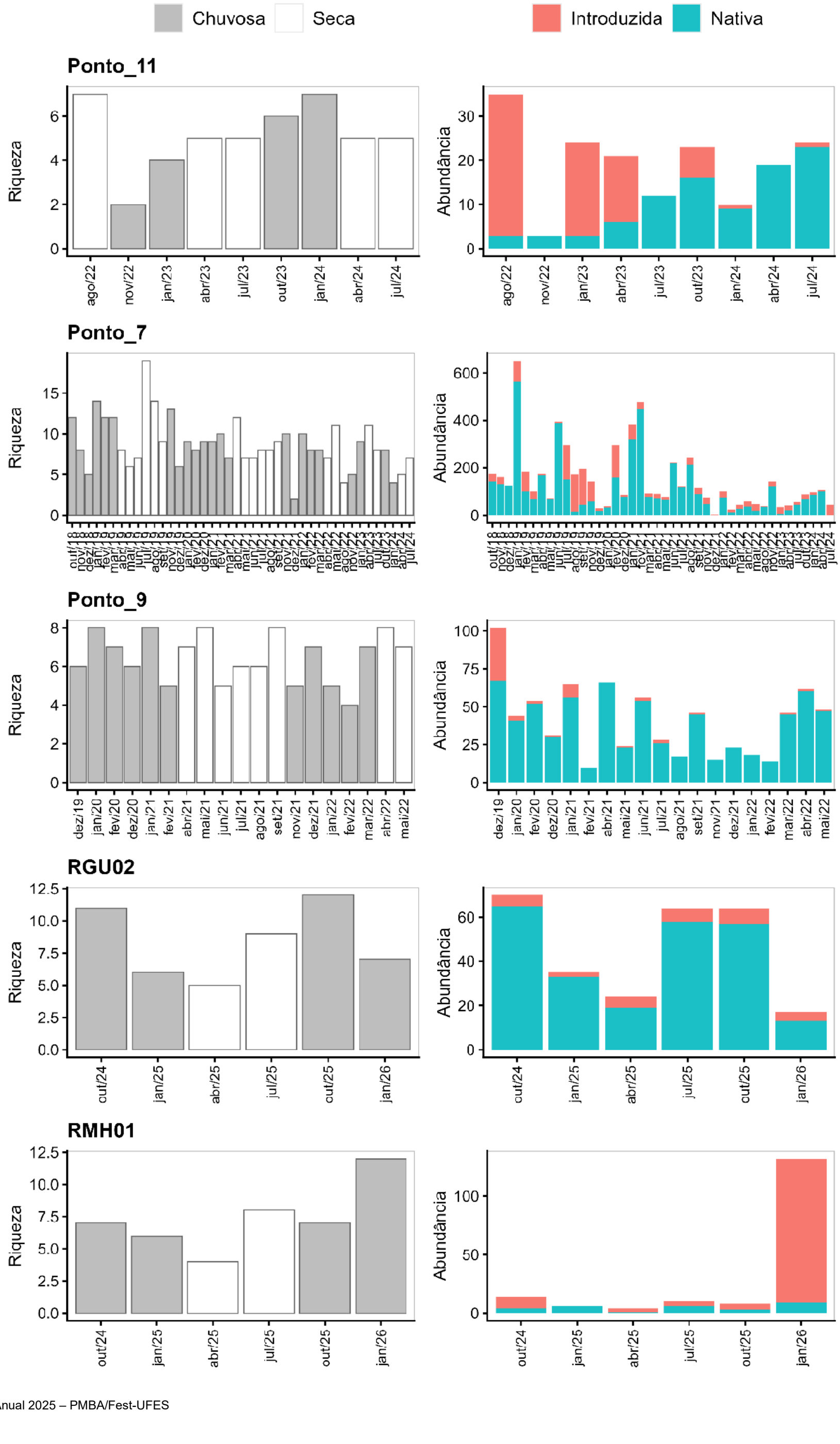
d) Lagos


Chuvosa
Seca
Introduzida
Nativa
LNV02R
Riqueza
Abundância
Ponto_10
Ponto_6

e) Reservatórios



f) Tributários



A 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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1. apresenta a variação sazonal da riqueza de espécies nos ambientes e estações amostrais, assim como a abundância de espécies nativas e introduzidas nos mesmos períodos. De modo geral, os maiores valores de riqueza ocorrem nas estações chuvosas, mas sem diferenças expressivas entre as estações. Em relação à abundância de espécies introduzidas, a variação temporal sugere que esse índice vem aumentando ao longo das campanhas na Calha, nos Reservatórios e nas Lagoas. Esse resultado indica que esses ambientes têm apresentado condições favoráveis ao estabelecimento das populações de espécies introduzidas, potencialmente favorecendo alterações na riqueza, abundância e composição das comunidades.

Na Calha (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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.a), ocorre maior riqueza em períodos chuvosos como padrão geral, mas esse indicador oscila sensivelmente de acordo com as estações amostrais. Em P1, P4B, P8, RDO11, RDO12 e RDO15 a riqueza oscila entre as estações climáticas. Em outros pontos amostrais, a riqueza oscila entre picos nas estações chuvosas e secas. Ocorre grande variação entre estações no que diz respeito à abundância de espécies introduzidas. Em P8, RDO11, RDO12 e RDO15, a abundância de espécies introduzidas ultrapassa em muito a das nativas. Os pontos P1, P3, P4 e 4B, em contraste, apresentam baixa abundância de espécies introduzidas ao longo do tempo. 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).

Na Foz do rio Doce (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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.b), os maiores valores de riqueza foram registrados na estação seca de 2025. A abundância de espécies introduzidas é praticamente inexistente nesse ambiente, muito provavelmente devido à expressiva presença de espécies nativas estuarinas e marinhas e à salinidade variável de estuários, que pode atuar como filtro ambiental para algumas espécies introduzidas distribuídas em outros ambientes (GUTIERRE *et al.,* 2014).

Nas Lagoas (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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e

tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.c), os maiores valores de riqueza foram registrados nas estações chuvosas. Ao passo que em LAL01 e LMN02R a abundância de espécies nativas supera em muito a das introduzidas, em E27 a situação é inversa. Esse padrão pode estar relacionado a fatores ecológicos de sistemas lagunares, caracterizados por maior homogeneização ambiental e menor suscetibilidade às variações abióticas ao longo do tempo, resultando na facilitação da introdução e estabelecimento de espécies não-nativas em ambientes lênticos (JOHNSON *et al.,* 2008; GARCIA *et al.,* 2019).

Nos Lagos (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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.d), ocorreu pouca variação sazonal entre as estações, para todos os pontos amostrais. No entanto, foram registradas grandes oscilações temporais entre as campanhas em relação à abundância de espécies introduzidas. Maiores abundâncias de espécies nativas foram registradas em LNV02R, P6 e P10. Em LLM03R, ocorreram picos de abundância de espécies introduzidas, com relativa estabilidade da abundância de espécies nativas ao longo do tempo. Isso sugere que, em relação a esse indicador, os lagos têm apresentado estabilidade na predominância de espécies nativas.

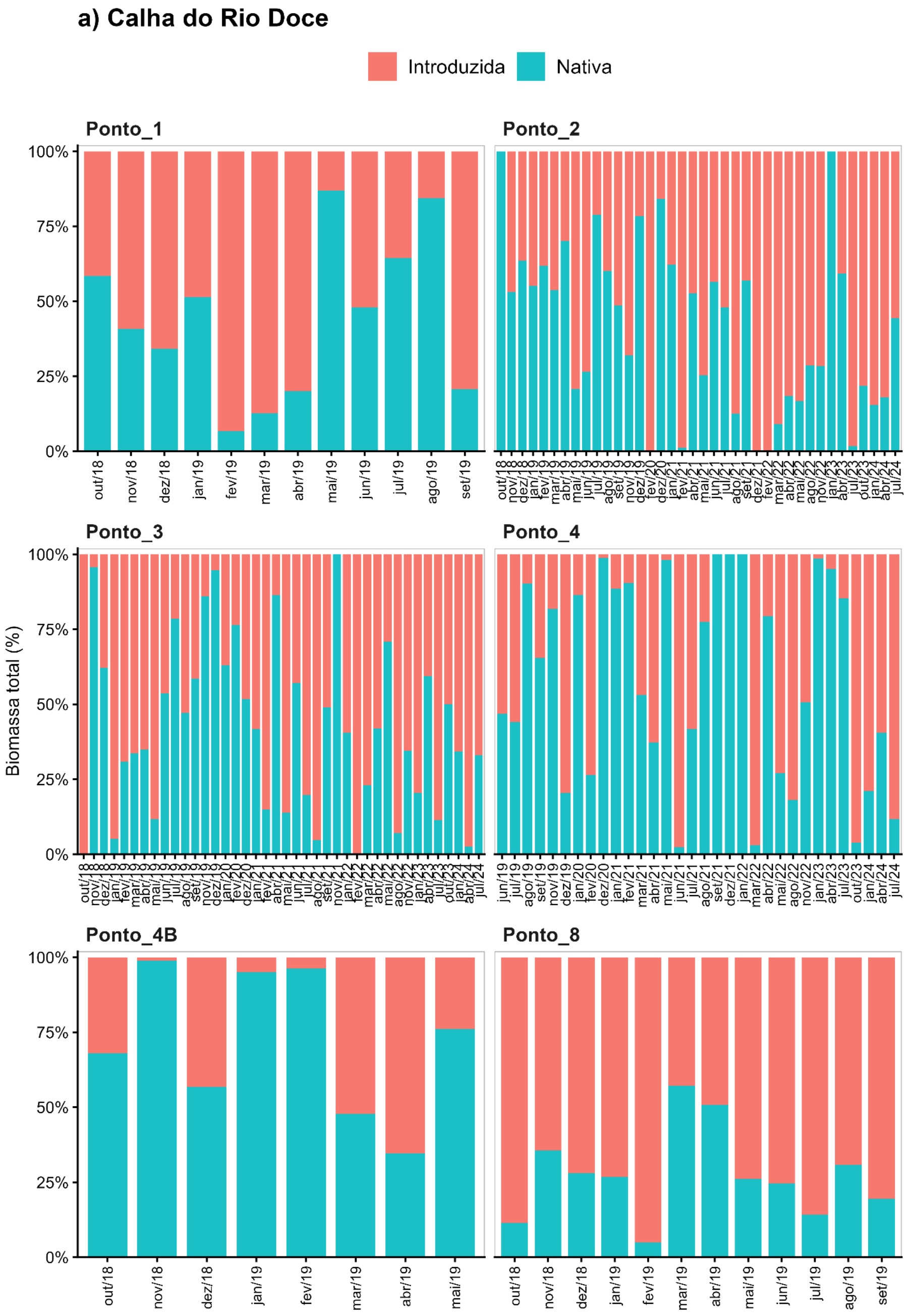
Ocorreu pouca oscilação sazonal na riqueza de espécies em Reservatórios (Figura 5: Variação espaço-temporal da riqueza de espécies durante os períodos chuvosos (cinza) e secos (branco) e da abundância de espécies nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na calha do rio Doce (a), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.e), com picos em estações secas. Todos os trechos desse ambiente são dominados por espécies introduzidas, com maior abundância dessas em relação às nativas, sobretudo na estação P1B. Essa dominância pode estar relacionada à maior adaptabilidade das espécies introduzidas às condições ambientais dos reservatórios, que assim como outros ambientes lênticos, costumam apresentar maior homogeneidade ambiental, 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, simplificação biótica e impactos nos processos ecológicos locais, comprometendo a integridade ecológica e a conservação da biodiversidade nativa (PELICICE *et al.,* 2018). De forma semelhante ao observado na bacia do rio Paraná, os reservatórios funcionam como refúgios para as espécies introduzidas (RANUZI *et al.*, 2026).

Nos Tributários (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), foz do rio Doce (b), lagoas (c), lagos (d), reservatórios (e) e tributários (f), entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme Quadro 1.f), os maiores valores absolutos de riqueza foram registrados nas estações

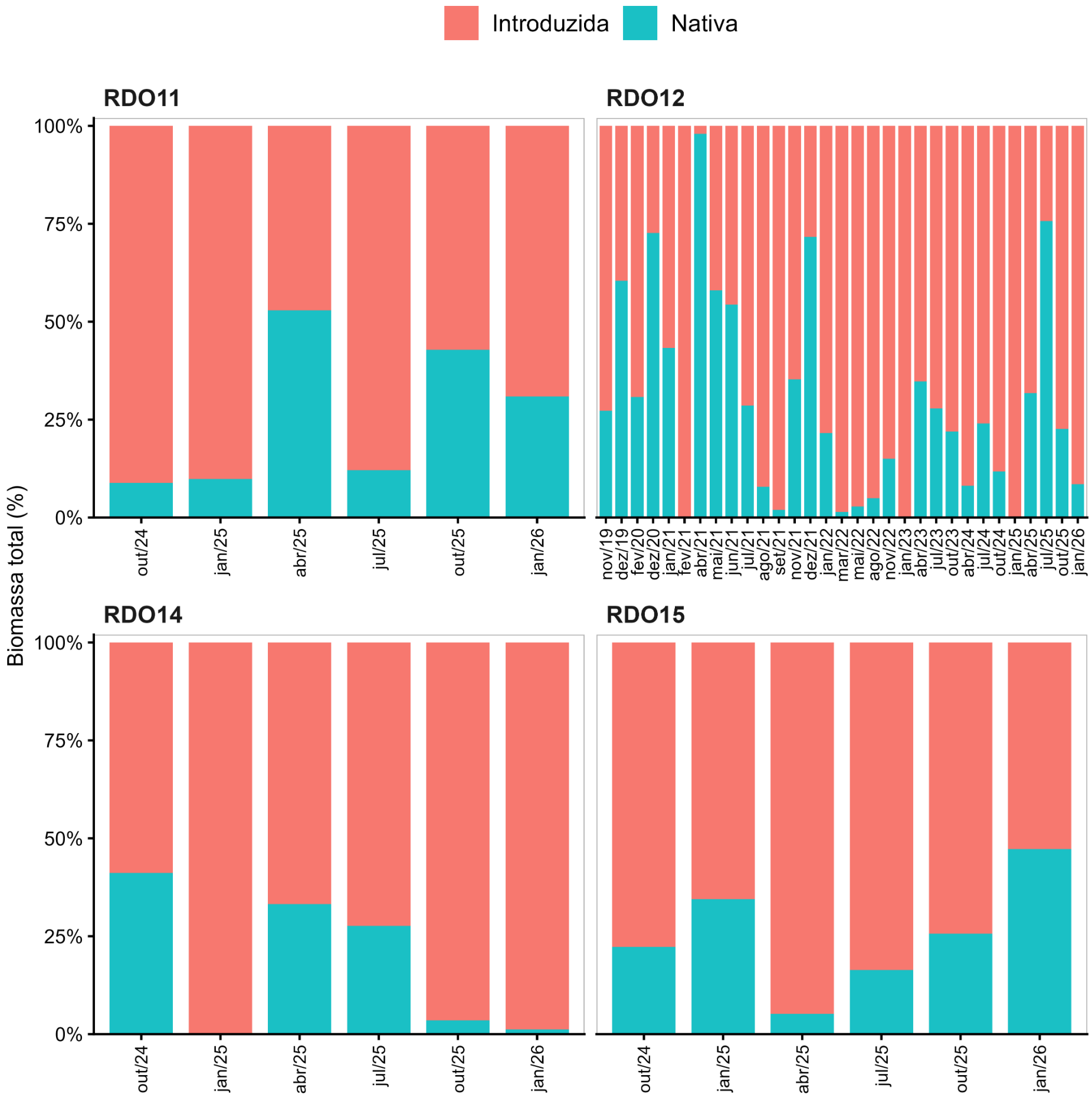
chuvosas. Em P11 e RMH01 ocorreram picos isolados de abundância de espécies introduzidas, mas, em geral, em Tributários, a abundância de espécies nativas é mais expressiva. Isso reforça a importância desses ambientes para a manutenção da heterogeneidade faunística na bacia, sobretudo em um contexto de homogeneização biótica causada pela disseminação de espécies introduzidas e pelos barramentos que impedem o fluxo de populações pela calha (MARQUES *et al.,* 2018; KAMPFERT *et al.,* 2025), e contrastam com as tendências de acúmulo de espécies introduzidas nos ambientes impactados e nos lênticos.

3.3 BIOMASSA PROPORCIONAL DE ESPÉCIES INTRODUZIDAS

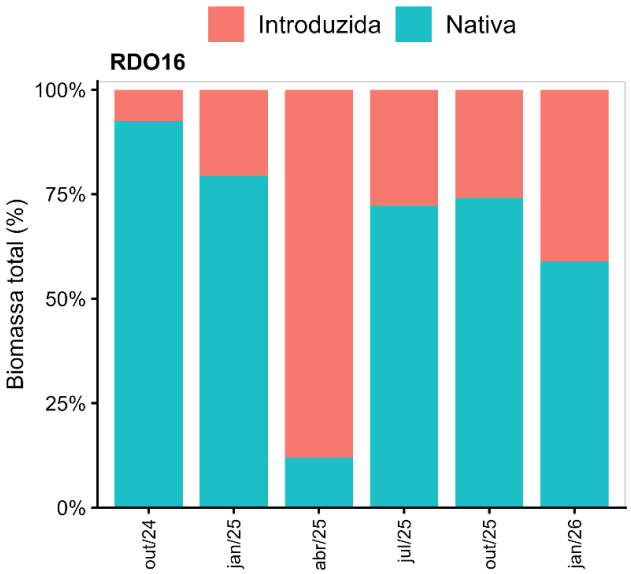
Figura 6: Variação espaço-temporal da proporção da biomassa das espécies de peixes nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na Calha do rio Doce (a), Foz (b), Lagoas (c), Lagos (d), Reservatórios (e) e Tributários (f), durante o monitoramento PMBA/Fest-UFES (outubro/2018 a janeiro/2026). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



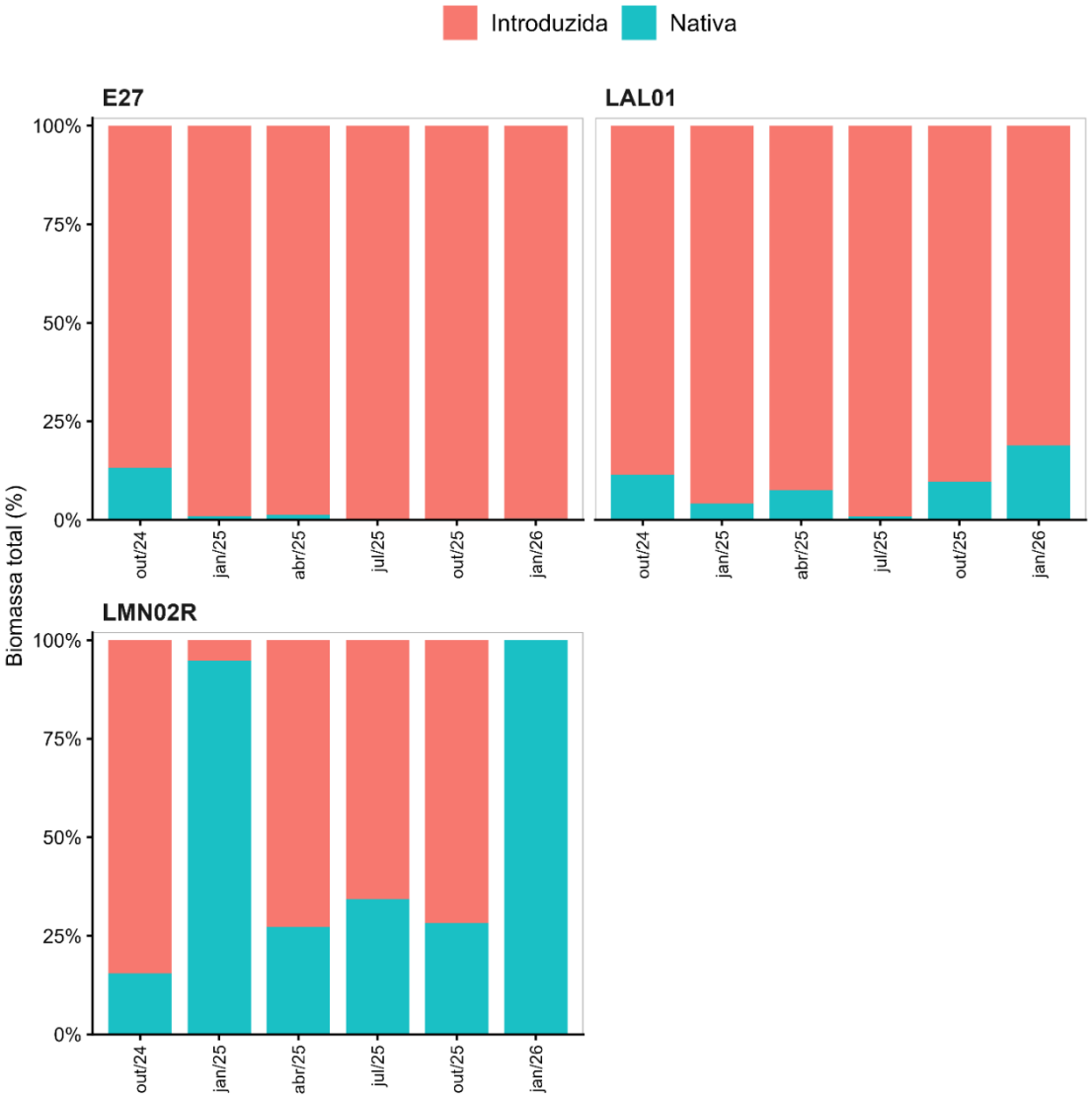
a) Calha do Rio Doce



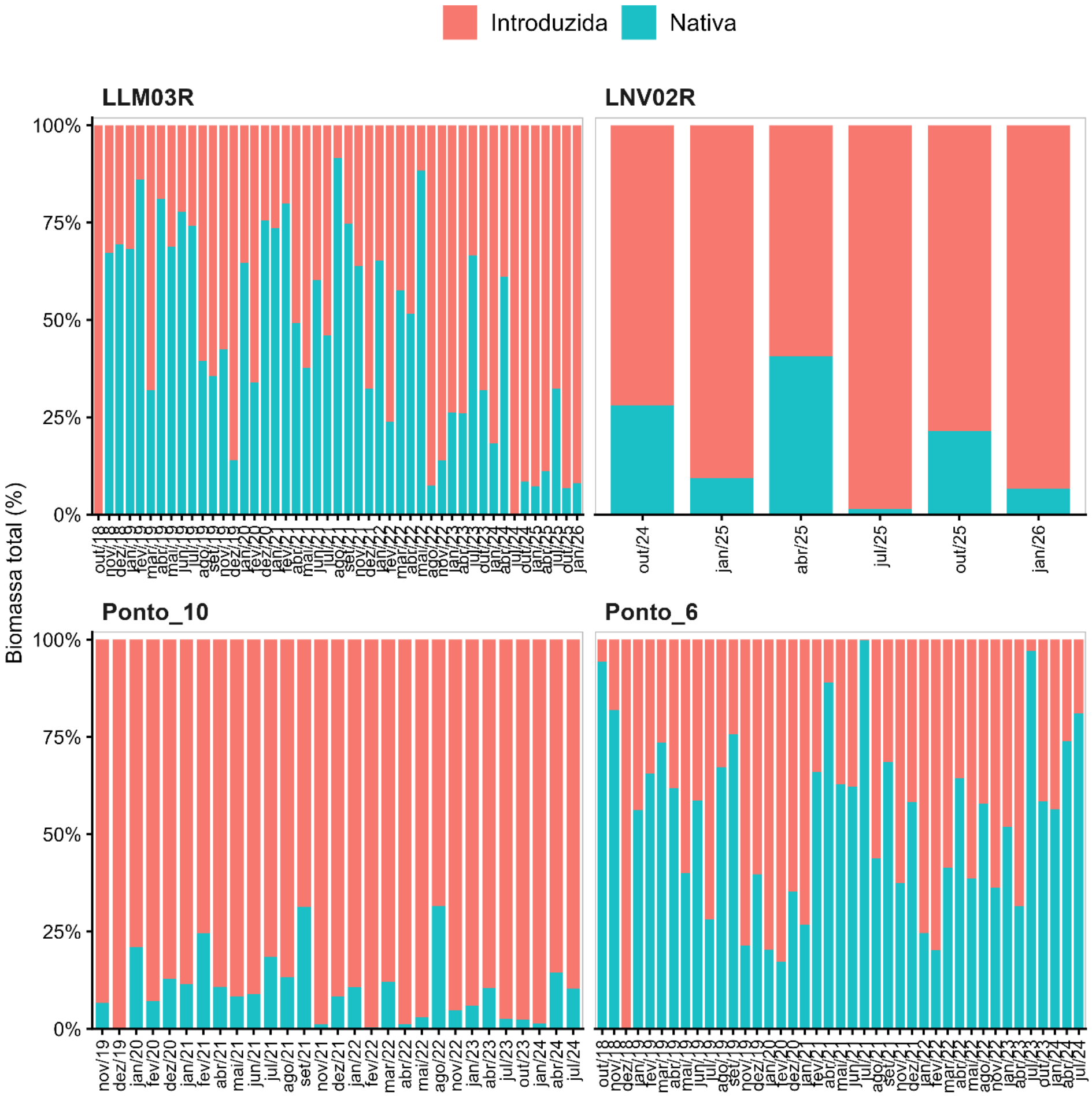
b) Foz do Rio Doce



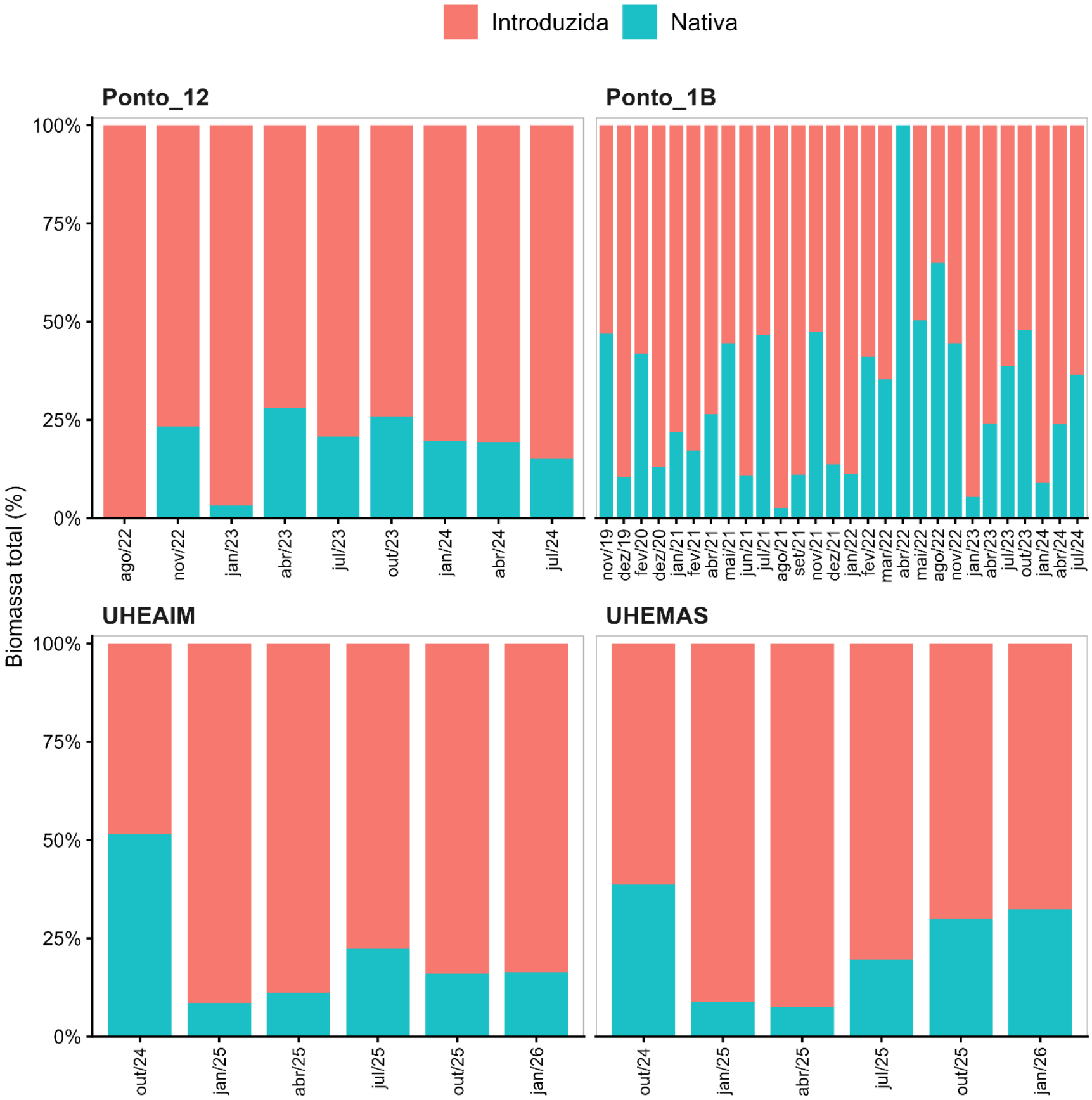
c) Lagoas



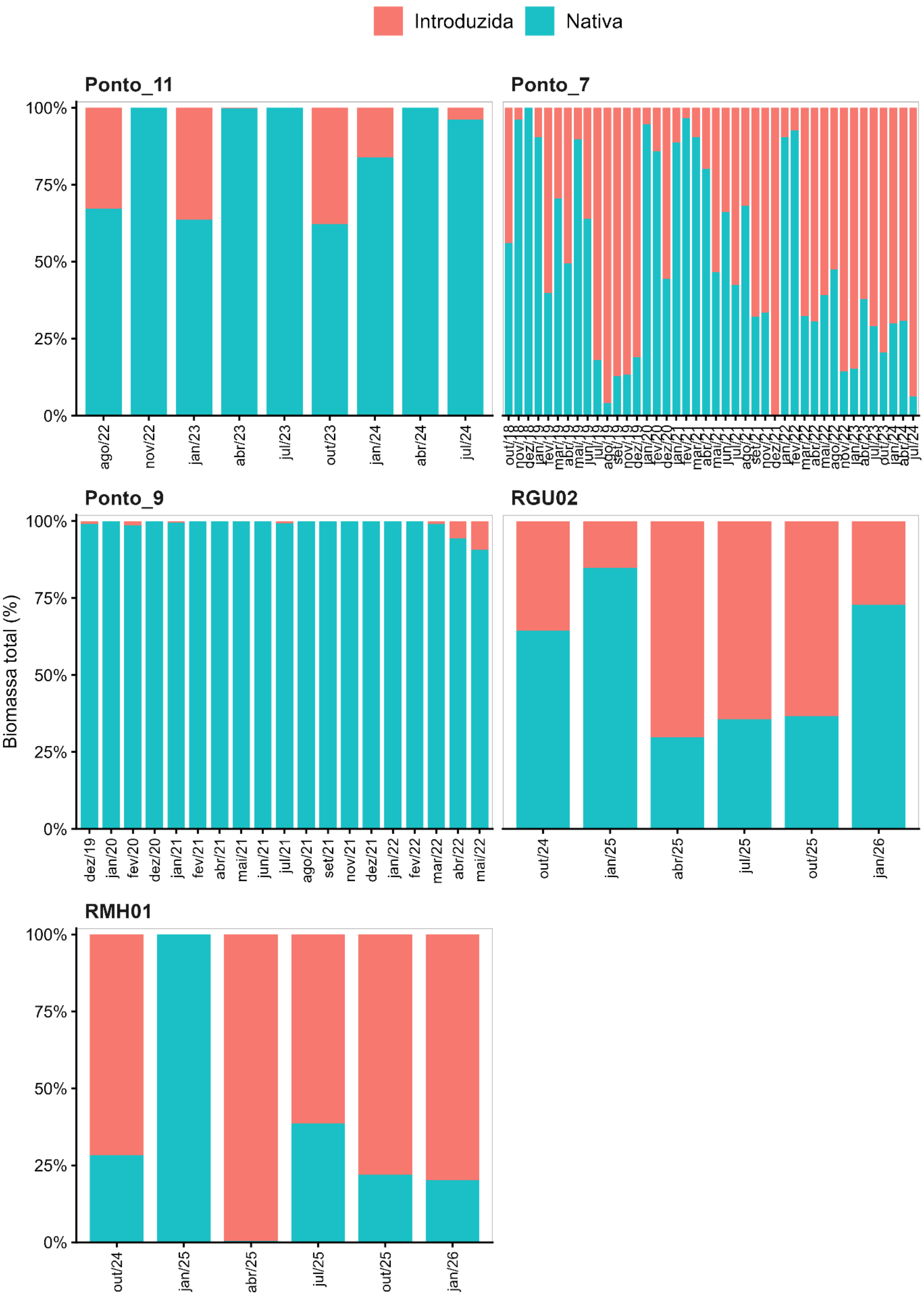
d) Lagos


Introduzida
Nativa
LLM03R
LNV02R
Biomassa total (%)
100%
75%
50%
25%
0%
out/18
nov/18
dez/18
jan/19
fev/19
mar/19
abr/19
mai/19
jun/19
jul/19
ago/19
set/19
nov/19
dez/19
jan/20
fev/20
dez/20
jan/21
fev/21
abr/21
mai/21
jun/21
jul/21
ago/21
set/21
nov/21
dez/21
jan/22
fev/22
mar/22
abr/22
mai/22
ago/22
nov/22
jan/23
abr/23
jul/23
out/23
jan/24
abr/24
jul/24
out/24
jan/25
abr/25
jul/25
out/25
jan/26
Ponto_10
Ponto_6

e) Reservatórios



f) Tributários



Com exceção de pontos específicos em alguns ambientes, há uma tendência generalizada de aumento e dominância da proporção de biomassa de espécies introduzidas no Baixo rio Doce ao longo do monitoramento (Figura 6). A proporção da biomassa de espécies introduzidas atualmente corresponde a cerca de 75% da biomassa total das comunidades, a despeito de oscilações pontuais positivas na biomassa de espécies nativas. Esse resultado indica que um processo de homogeneização biótica pode estar em curso nas comunidades amostradas, no qual menos espécies introduzidas, muitas das quais piscívoras, contribuem com a maior parte da biomassa local. Ocorre o declínio e possível extinção local de espécies nativas, como resultado do aumento da competição, mudanças na estrutura trófica e redução da resiliência das comunidades, resultando em alterações da estrutura e funcionalidade das assembleias nativas (IUCN-CEM, 2022). Espécies introduzidas que contribuem significativamente com a biomassa na bacia incluem os tucunarés *Cichla kelberi* e *Cichla monoculus*, o bagre-africano *Clarias gariepinus*, o pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, a tilápia-do-Nilo *Oreochromis niloticus*, o mandi-açu *Pimelodus maculatus*, a curimba *Prochilodus costatus* e a piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*.

Na Calha (Figura 6a), espécies introduzidas respondem por mais de 50% da biomassa em quase todas as estações amostrais. Variações temporais na biomassa são observadas em todos os trechos. Apesar de picos de representatividade de espécies nativas, no geral as introduzidas contribuem com a maior parte desse índice. Em trechos como RDO11, RDO12 e RDO14, espécies introduzidas representam, em média, mais de 85% da biomassa total nas campanhas mais recentes. Na Foz (Figura 6b), a predominância de biomassa é de espécies nativas, que respondem, na média das seis campanhas, por mais de 65% da biomassa. Isso sugere, novamente, que o ecótono estuarino tem servido como filtro ambiental para algumas espécies introduzidas de água doce.

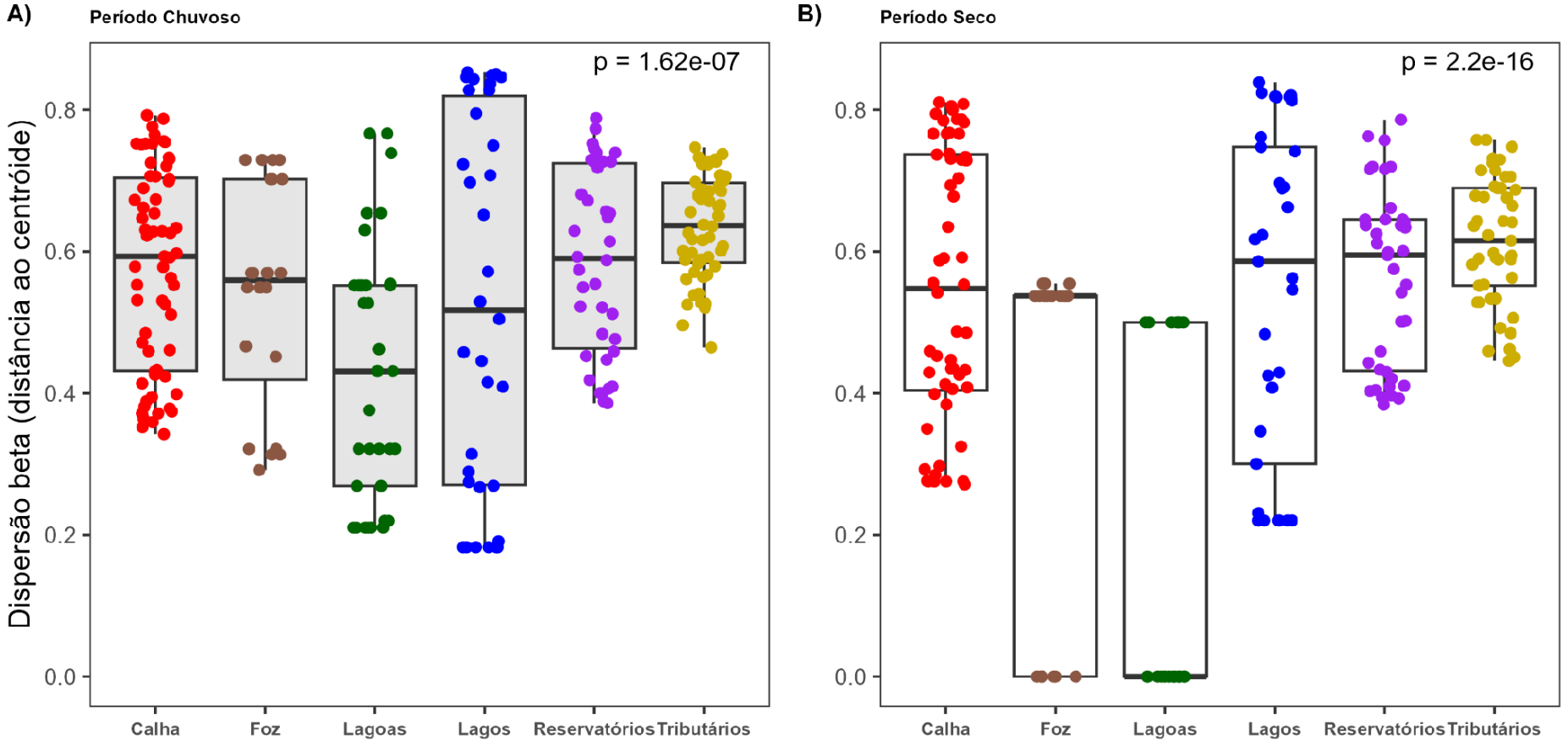
Nas Lagoas (Figura 6c), em contraste, cerca de 80% da biomassa corresponde a espécies introduzidas, sobretudo na estação E27, onde essas espécies representam quase 100% da biomassa nas últimas três campanhas. Nos Lagos (Figura 6d) igualmente, há tendência de aumento de biomassa de espécies não nativas em LLM03R e LNV02R. Em P10, há predominância estabelecida de biomassa de espécies não nativas, apresentando pouca oscilação ao longo do tempo. Em P6 há oscilações entre as biomassas de espécies nativas e introduzidas, com predominância de nativas. Em Reservatórios (Figura 6e), há predomínio de biomassa das espécies introduzidas em todas as estações. Como previamente apontado, sistemas lênticos como lagos, lagoas e reservatórios, são caracterizados por maior homogeneização ambiental e estabilidade de parâmetros limnológicos ao longo do tempo, fatores que podem facilitar o estabelecimento de populações de espécies introduzidas (PELICICE *et al.,* 2018; GARCIA *et al.,* 2019).

Em Tributários (Figura 6f), a biomassa de espécies nativas é dominante, a despeito de oscilações negativas nesse sentido. Em algumas das estações, no entanto, a representatividade da biomassa de espécies introduzidas aumentou ao longo do tempo, principalmente em P7 e RMH01. P9, em contraste, por ser um ambiente de cabeceira e não impactado, é o trecho da bacia com a menor contribuição de espécies introduzidas para a biomassa total. Esses resultados reforçam a importância dos tributários como refúgios de espécies nativas, e as limitações desses ambientes à invasão por

espécies não nativas, visto que a ocorrência de algumas dessas espécies está fortemente correlacionada com hábitats lênticos e degradados (CASATTI *et al.,* 2006; SALVADOR *et al.,* 2023).

3.4 DIVERSIDADE BETA

Figura 7: Diversidade beta taxonômica para as comunidades de peixes da Calha do rio Doce (vermelho), Foz do rio Doce (marrom) e Lagoas (verde), Lagos (azul escuro), Reservatórios (roxo) e Tributários (amarelo). A cor cinza representa os períodos chuvosos (a), e a cor branca, os períodos secos (b), durante o monitoramento PMBA/Fest-UFES, entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



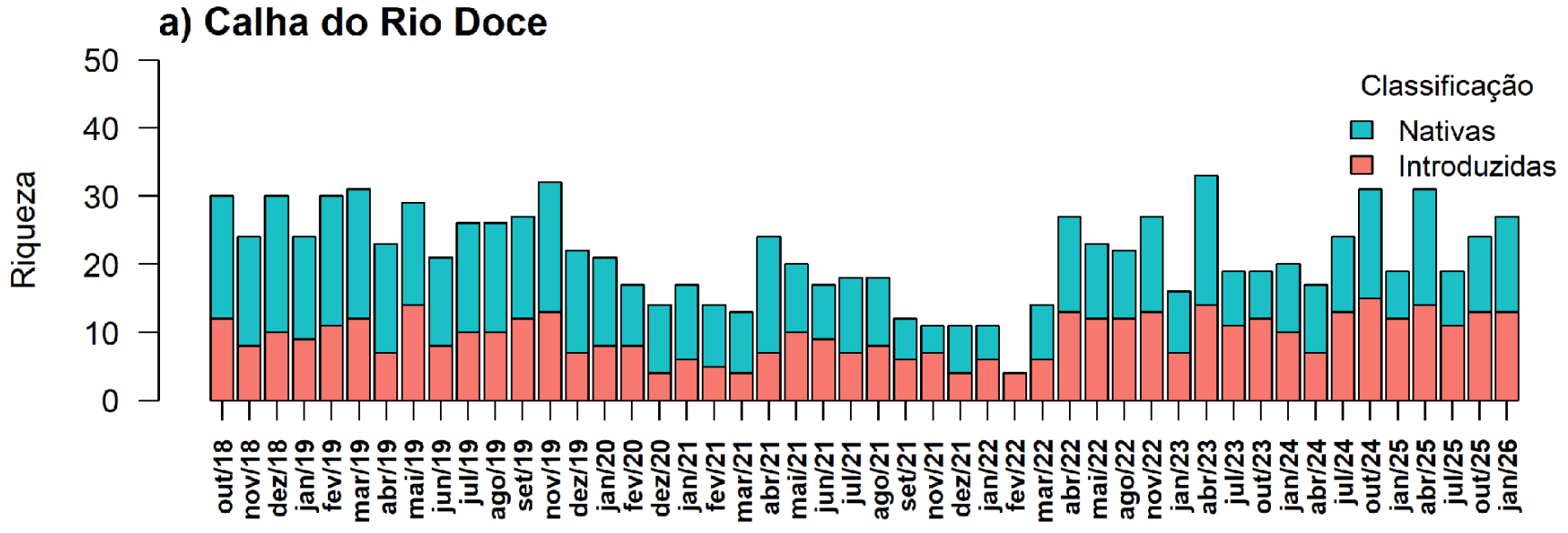
A Figura 7 apresenta a variação da beta diversidade, que mede a variação na composição das espécies entre os períodos chuvosos e secos, comparando os seis ambientes amostrados. A análise da dispersão beta entre ambientes por período sazonal revelou dissimilaridades significativas na heterogeneidade da composição de espécies.

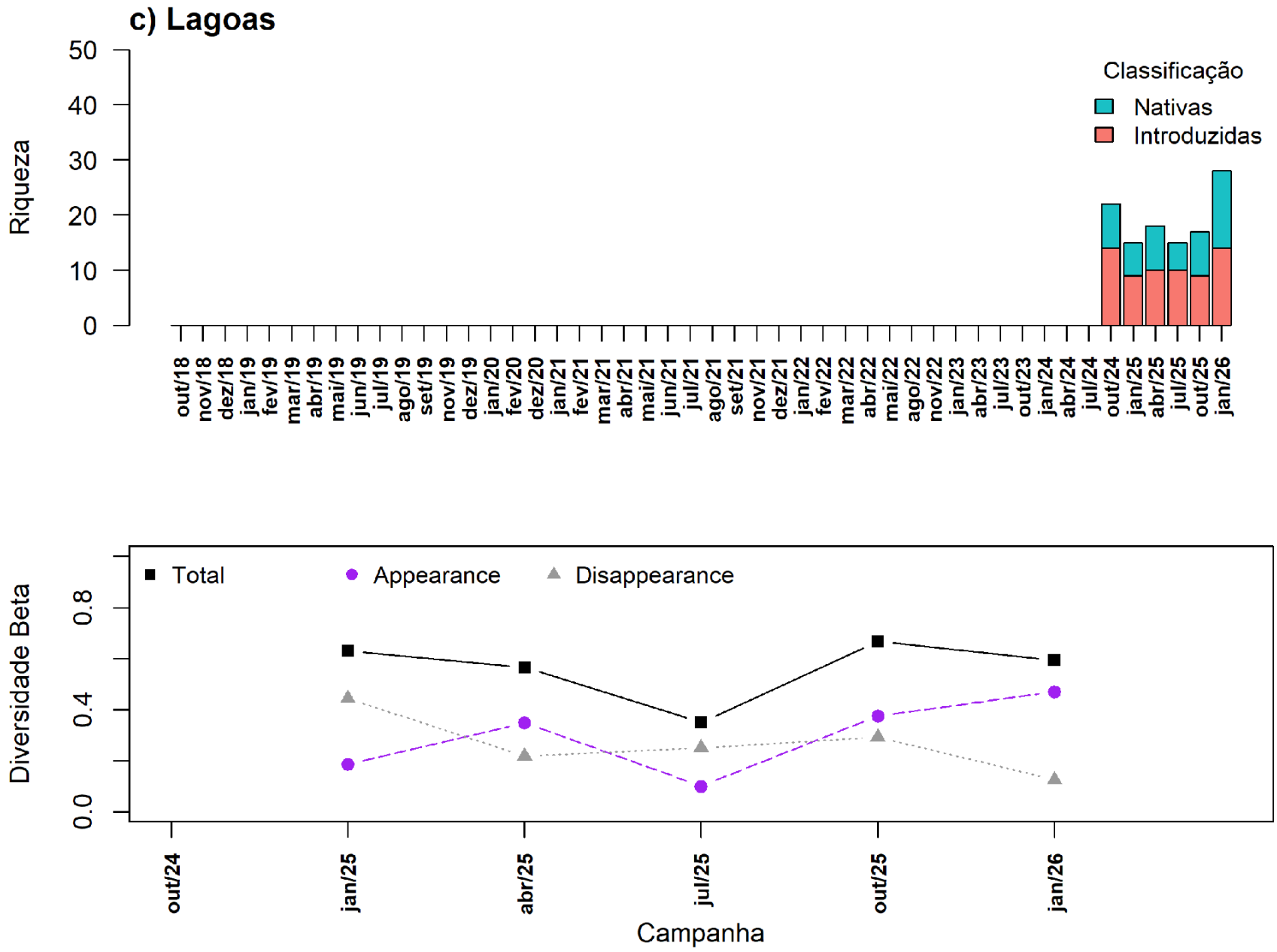
A variação da diversidade beta espacial indica que períodos chuvosos (Figura 7a) apresentam influência na manutenção da heterogeneidade nas composições ictiofaunísticas para todos os ambientes. O baixo valor de p indica que a dispersão beta difere significativamente entre os ambientes durante as chuvas. Na estação chuvosa, os Lagos apresentam a maior amplitude de dispersão entre os dados, o que demonstra que nesses períodos esse ambiente tende a se tornar mais heterogêneo, indicando que alguns lagos tendem a se tornar drasticamente distintos uns dos outros. 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). A diversidade beta em Lagoas, por outro lado, apresenta a menor mediana dentre os ambientes, o que sugere que a composição biológica nesses ambientes tende a ser mais homogênea e previsível em comparação aos demais durante as chuvas. Na Calha, na Foz, nos Reservatórios e nos Tributários, os valores mais elevados das medianas e a dispersão alta e mais compacta indicam um nível constante e moderado-alto de variação entre seus pontos.

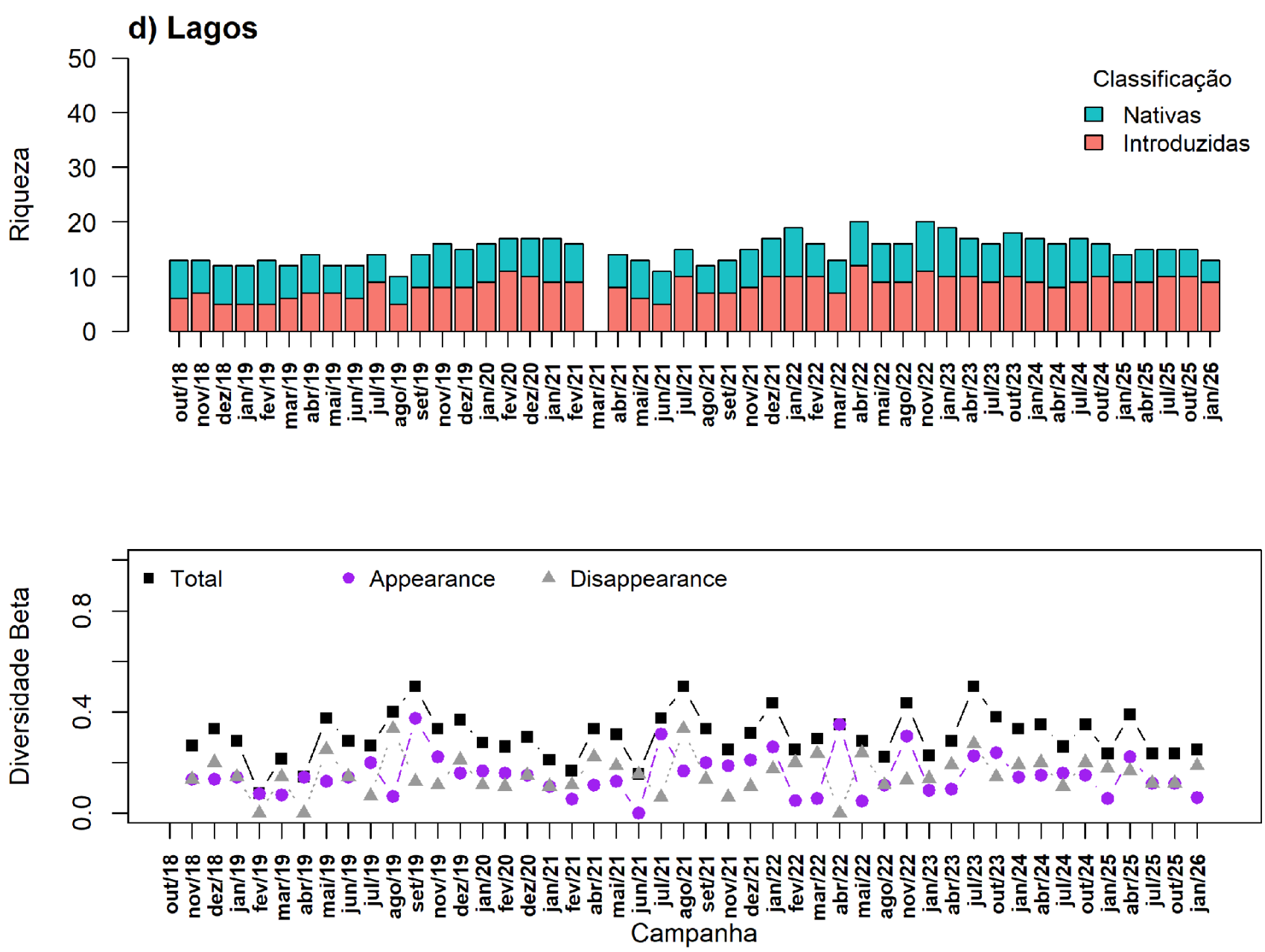
Nos períodos secos (Figura 7b), o valor de p é ainda menor que no período chuvoso, indicando que o efeito do tipo de ambiente sobre a dispersão beta fica ainda mais evidente na seca. Para esse período, a Foz e as Lagoas apresentam poucas réplicas, o que pode enviesar os resultados. Nesse sentido, nas estações secas, ainda que a heterogeneidade biótica se mantenha para alguns grupos, Foz e Lagoas se tornam mais homogêneos, sobretudo nas Lagoas, que tendem a se tornar biologicamente similares. O fato de a diversidade beta das Lagoas colapsar na seca é preocupante sob um ponto de vista ecológico, porque a homogeneização biótica reduz a resiliência do sistema como um todo. Na seca, a perda de conectividade hídrica ou a homogeneização extrema, com comunidades sofrendo pressões seletivas idênticas ou extrema dominância de poucas espécies resistentes, faz com que a variação caia a zero em várias amostras. Por outro lado, ambientes como Calha, Lagos, Reservatórios e Tributários continuam mantendo níveis altos de dispersão beta. Essa tendência é especialmente evidente nos Reservatórios e Tributários, que se mantêm estáveis em comparação ao período chuvoso, sugerindo que esses ambientes sustentam uma heterogeneidade de comunidades que sofre menos impacto da sazonalidade.

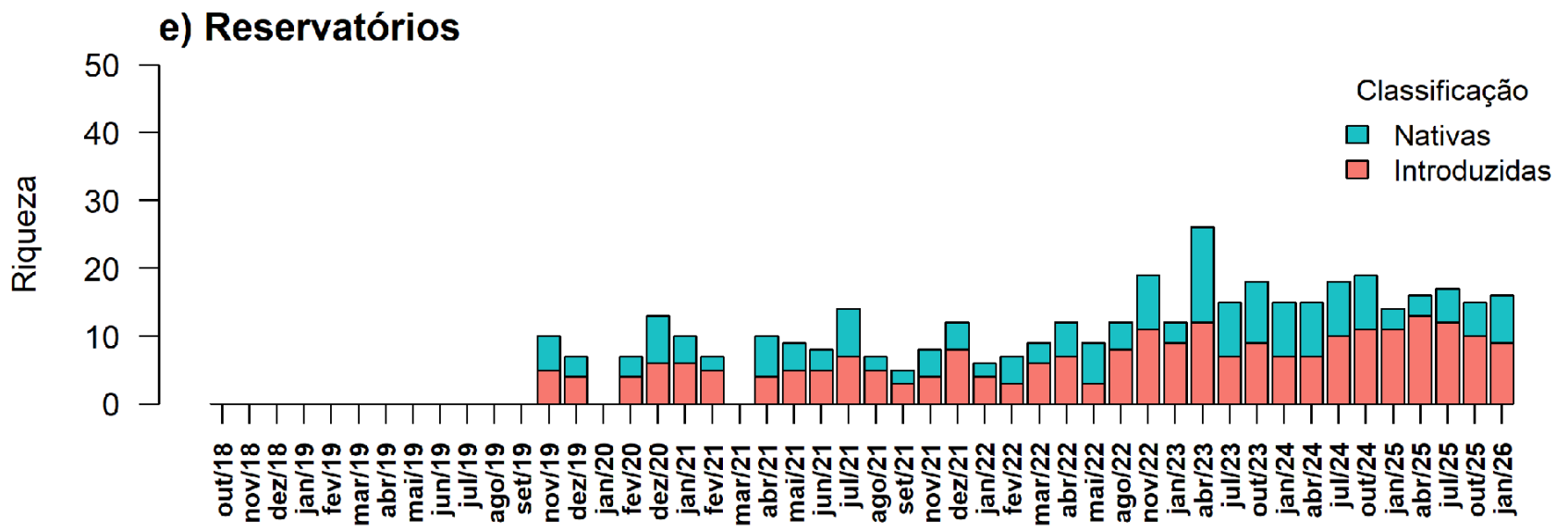
Em geral, a amplitude de dispersão da diversidade beta em Calha, Reservatórios e Tributários tende a aumentar nos períodos secos, o que pode ser atribuído ao fato de esses ambientes serem mais heterogêneos e dinâmicos, sofrendo variações substanciais ao longo do ciclo hidrológico anual. As perturbações 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.

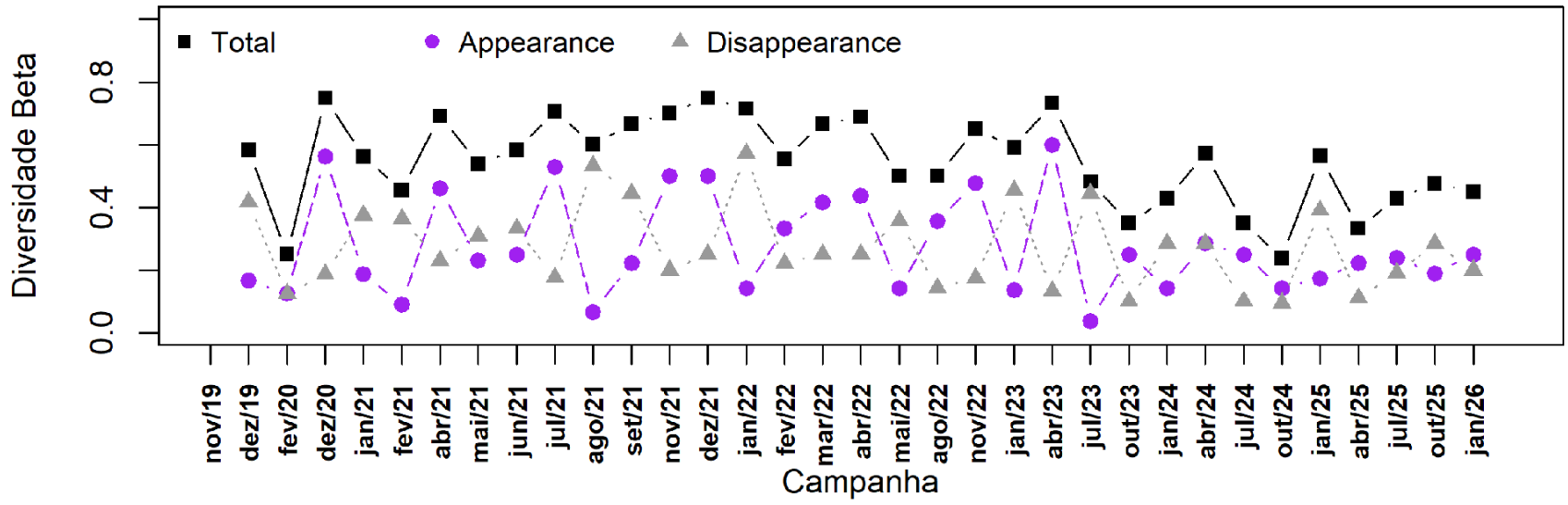
Figura 8: Evolução Temporal da Beta Diversidade de peixes na Calha do rio Doce (a), Foz do rio Doce (b), Lagoas (c), Lagos (d), Reservatórios (e) e Tributários (f) durante o monitoramento PMBA/Fest-UFES entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

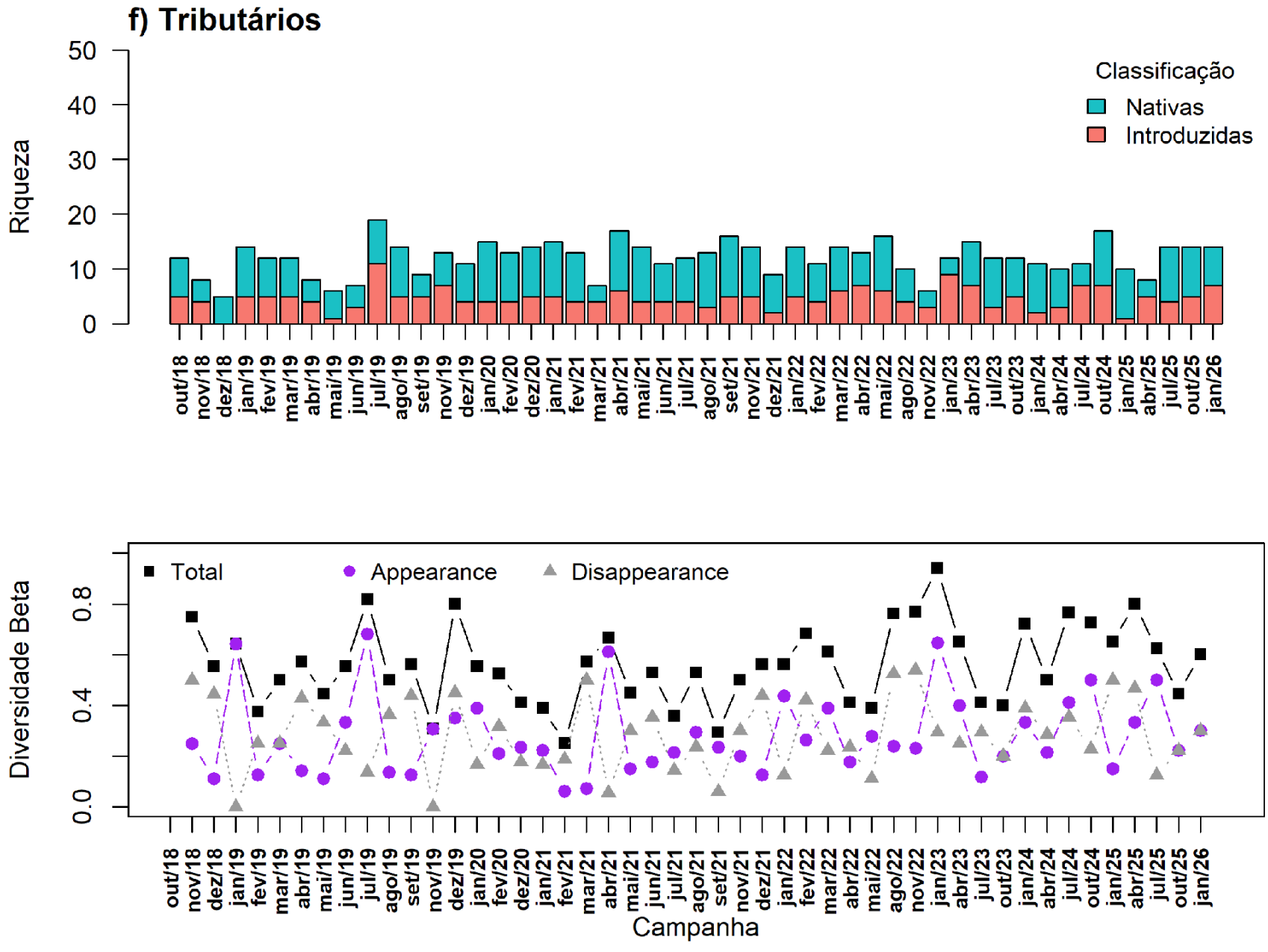



c) Lagoas
Riqueza
50
40
30
20
10
0
Classificação
Nativas
Introduzidas
out/18
nov/18
dez/18
jan/19
fev/19
mar/19
abr/19
mai/19
jun/19
jul/19
ago/19
set/19
nov/19
dez/19
jan/20
fev/20
dez/20
jan/21
fev/21
mar/21
abr/21
mai/21
jun/21
jul/21
ago/21
set/21
nov/21
dez/21
jan/22
fev/22
mar/22
abr/22
mai/22
ago/22
nov/22
jan/23
abr/23
jul/23
out/23
jan/24
abr/24
jul/24
out/24
jan/25
abr/25
jul/25
out/25
jan/26
Diversidade Beta
0.0
0.4
0.8
Total
Appearance
Disappearance
out/24
jan/25
abr/25
jul/25
out/25
jan/26
Campanha


d) Lagos
Riqueza
50
40
30
20
10
0
Classificação
Nativas
Introduzidas
out/18
nov/18
dez/18
jan/19
fev/19
mar/19
abr/19
mai/19
jun/19
jul/19
ago/19
set/19
nov/19
dez/19
jan/20
fev/20
dez/20
jan/21
fev/21
mar/21
abr/21
mai/21
jun/21
jul/21
ago/21
set/21
nov/21
dez/21
jan/22
fev/22
mar/22
abr/22
mai/22
ago/22
nov/22
jan/23
abr/23
jul/23
out/23
jan/24
abr/24
jul/24
out/24
jan/25
abr/25
jul/25
out/25
jan/26
Diversidade Beta
0.0
0.4
0.8
Total
Appearance
Disappearance
Campanha







* Entre o RSE2025 e o RA2025 foram encontradas inconsistências no gráfico de variação temporal da diversidade beta para o setor Lagoas, geradas por erros na fase analítica desse parâmetro para os setores Lagoas e Foz, gerando interpretações equivocadas, à época, dos resultados das campanhas de outubro/2024 e janeiro/2025. No relatório atual são apresentadas as informações corrigidas e corretas para essas campanhas. Essa correção altera a intepretação dos resultados do setor Lagoas, mas não apresenta nenhum ônus para a compreensão dos padrões gerais de estrutura das comunidades no Baixo Rio Doce.

A Figura 8 ilustra a evolução da diversidade beta (total, aparecimento de espécies e desaparecimento de espécies) entre espécies nativas e introduzidas ao longo do monitoramento, nos seis ambientes amostrados. A diversidade beta temporal indica que, para a maioria dos ambientes, há participação crescente de espécies introduzidas, com desaparecimento de espécies nativas e aparecimento de espécies introduzidas.

A Calha (Figura 8a) apresenta uma dinâmica temporal com picos de substituição de espécies, sobretudo no início de 2022, marcado pelo ápice dos valores de diversidade beta nesse ambiente e um possível evento de substituição em massa de espécies: um pico de desaparecimento de todas as espécies nativas em fevereiro/2022, seguido por um pico de aparecimento de espécies nativas em março/2022. É importante ressaltar que o início do monitoramento foi marcado pela predominância de espécies nativas, as quais foram gradativamente substituídas por espécies introduzidas, que passaram a superar as nativas mais frequentemente, a partir de novembro/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.

Na Foz (Figura 8b) e nas Lagoas (Figura 8c), uma tendência temporal ainda não é evidente, devido à amostragem incipiente, mas os valores de diversidade beta ao longo do monitoramento indicam alternância de ganhos e perdas de espécies. Na Foz, há predominância clara de espécies nativas, ao passo que nas Lagoas, há predominância de espécies introduzidas, com aparecimento de espécies nativas em janeiro/2026.

Nos Lagos (Figura 8d), há relativo equilíbrio temporal entre espécies nativas e introduzidas, com predominância das espécies introduzidas. Isso se reflete na pouca oscilação na diversidade beta, marcada por episódios pouco drásticos de aparecimentos e desaparecimentos de espécies, um resultado que se deve, dentre outros fatores, à homogeneidade ambiental dos lagos, com pouca variação nos parâmetros limnológicos e maior estabilidade. Os picos suaves de aparecimento de espécies nesse ambiente estão associados à entrada de espécies introduzidas nas comunidades.

Nos Reservatórios (Figura 8e), há expressiva predominância de espécies introduzidas. A diversidade beta indica que essas espécies introduzidas estão se estabelecendo de forma permanente, a despeito de um pico em abril/2023 no qual diversas espécies nativas e algumas introduzidas apareceram nessas comunidades. Entre abril/23 e outubro/23, ocorreu uma queda acentuada na diversidade beta total. A partir de janeiro/2025, as espécies introduzidas passam a ocorrer em grande proporção, com a simultânea diminuição da presença de espécies nativas. Essa dinâmica indica que o surgimento de determinadas espécies pode estar diretamente relacionado à substituição 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 diminuição da diversidade beta, o que indica um processo de homogeneização biótica entre os

trechos, sendo esse padrão, o esperado em condições de ecossistemas impactados por espécies não nativas.

O ambiente de maior heterogeneidade entre pontos amostrais são os Tributários (Figura 8f) exibem uma variabilidade constante entre estações e diversos picos nos valores de diversidade beta, com surgimento e desaparecimento de espécies, com destaque para os elevados índices de aparecimento de espécies introduzidas. No entanto, embora as espécies introduzidas sejam frequentes, as nativas continuaram sendo numericamente superiores nesse ambiente. Eventos de introdução de espécies não nativas na composição da ictiofauna foram observados em janeiro e julho/2019 e janeiro de 2023, sugerindo uma dinâmica ecológica influenciada por fatores pontuais ou sazonais.

Nos Reservatórios, a redução progressiva no número de espécies nativas ao longo dos anos de monitoramento foi um padrão muito evidente. Esse declínio pode ter sido causado pelas 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

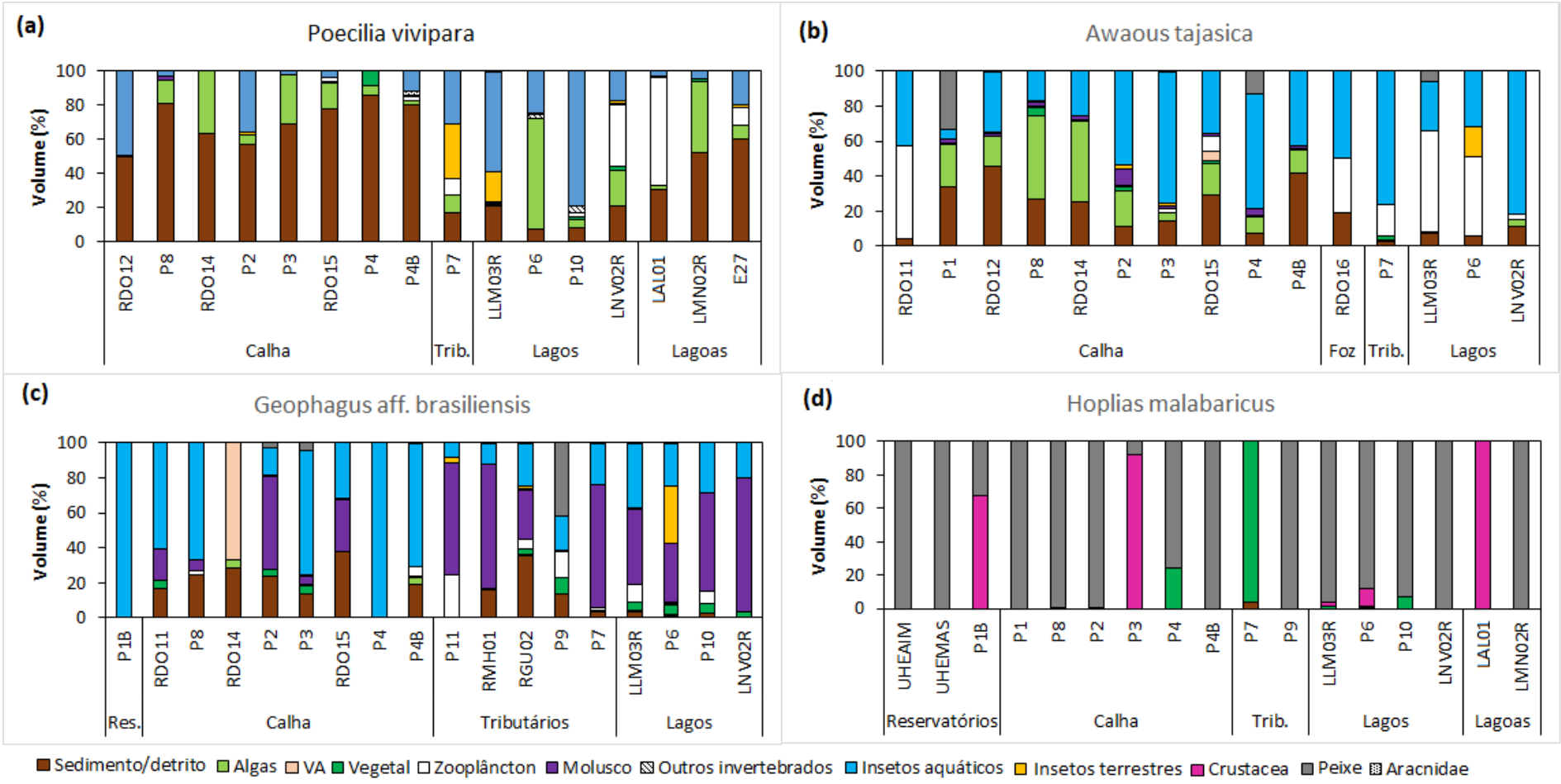
Tabela 3: Valores das porcentagens de volume (%V) das categorias alimentares consumidas pelas espécies de peixes do baixo rio Doce e o número de estômagos analisados por espécie (N) entre outubro/2018 e janeiro/2026. Em negrito, as categorias com maior porcentagem de contribuição para cada espécie e, 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; Arac: Aracnidae; O.Inv: outros invertebrados; I.Aq: Insetos Aquáticos; I.Ter: Insetos Terrestres; Crust: Crustacea; VT: vertebrados terrestres; MND: material não identificado e (-) = estômago vazio.

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares													Guilda trófica
			Sed/det	Alga	Veg	VA	Zoo	Mol	Arac	O.Inv	I.Aq	I.Ter	Crust	Peixe	VT	MND	
Aequidens cf. *plagiozonatus*	337	Introduzida	**16**	1	6	0	4	9	0	0	**17**	**14**	1	**32**	0	1	Onívoro
Anchovia clupeoides	18	Nativa	0	0	0	0	**100**	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Invertívoro
Anchoviella cayennensis	1	Nativa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Invertívoro
Arapaima gigas	1	Introduzida	85	0	1	0	2	0	9	0	3	0	0	0	0	0	Piscívoro
Arhinolemur conirostris	56	Nativa	2	1	**44**	0	0	**35**	0	0	**17**	0	0	1	0	0	Onívoro
Astronotus crassipinnis	10	Introduzida	0	0	0	0	0	10	0	0	**81**	0	9	0	0	0	Insetívoro Aquático
Astronotus ocellatus	5	Introduzida	0	0	1	0	0	87	0	0	0	0	0	13	0	0	Onívoro
Astyanax lacustris	1129	Nativa	1	2	11	0	1	0	0	0	19	**65**	1	0	0	0	Insetívoro Terrestre
Atherinella brasiliensis	13	Nativa	0	0	0	0	**93**	0	7	0	0	0	0	0	0	0	Invertívoro
Awaous tajasica	455	Nativa	**22**	16	1	1	**16**	2	0	0	**40**	1	0	2	0	0	Bentófago
Bagre bagre	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
Bairdiella goeldi	8	Nativa	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	**33**	**63**	0	0	Carnívoro
Caranx bartholomaei	4	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
Caranx latus	12	Nativa	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	**93**	0	0	Piscívoro
Cathorops spixii	2	Nativa	63	0	0	0	15	0	0	0	21	0	1	0	0	0	Invertívoro
Centropomus parallelus	48	Nativa	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	36	**60**	0	0	Piscívoro
Centropomus undecimalis	28	Nativa	0	0	0	0	2	0	0	0	2	0	27	**68**	0	0	Piscívoro
Characidium cricarense	69	Nativa	6	0	1	0	0	0	1	0	**90**	0	0	2	0	0	Insetívoro Aquático
Cichla cf. pinima	1	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Piscívoro
Cichla cf. piquiti	1	Introduzida	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Piscívoro
Cichla kelberi	111	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	**92**	0	0	Piscívoro
Cichla monoculus	763	Introduzida	0	0	0	0	1	0	0	0	3	0	22	**73**	0	0	Piscívoro
Citharichthys arenaceus	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Invertívoro
Clarias gariepinus	24	Introduzida	**27**	9	**53**	0	0	1	0	0	1	1	5	3	0	0	Onívoro
Colossoma macropomum x Piaractus mesopotamicus	2	Introduzida	52	0	32	0	0	8	0	0	5	1	0	0	2	0	Onívoro
Coptodon rendalli	173	Introduzida	**43**	**43**	10	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	Bentófago
Ctenogobius boleosoma	31	Nativa	7	6	0	2	1	13	0	0	**72**	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
Delturus carinotus	1	Nativa	89	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Deuterodon cf. *giton*	29	Nativa	1	12	**19**	0	0	0	3	0	8	**55**	0	2	0	0	Onívoro
Deuterodon cf. *intermedius*	264	Nativa	9	**12**	8	0	10	0	2	0	**10**	**45**	5	0	0	0	Onívoro
Deuterodon cf. *taeniatus*	139	Nativa	5	1	**43**	0	0	0	0	0	**18**	**33**	0	0	0	0	Onívoro
Elops saurus	1	Nativa	0	0	38	0	0	0	0	0	0	0	0	63	0	0	Carnívoro
Eucinostomus argenteus	23	Nativa	1	0	0	0	7	0	0	0	**92**	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
Eugerres brasilianus	18	Nativa	**14**	0	0	7	6	**53**	0	0	**20**	0	0	0	0	0	Bentófago
Genidens barbus	5	Nativa	2	0	0	0	1	1	0	0	45	1	1	50	0	0	Carnívoro
Genidens genidens	34	Nativa	9	0	10	0	1	**36**	0	0	**15**	1	5	**22**	0	0	Carnívoro
Geophagus aff. brasiliensis	676	Nativa	10	1	4	6	7	**39**	0	0	**25**	7	0	1	0	0	Invertívoro
Gobionellus oceanicus	1	Nativa	7	0	0	0	88	0	0	0	5	0	0	0	0	0	Detritívoro
Gymnotus aff. *carapo*	2	Introduzida	0	0	0	0	9	0	0	0	91	0	0	0	0	0	Onívoro
Gymnotus sylvius	44	Introduzida	4	0	13	0	0	0	0	11	**30**	7	**22**	**13**	0	0	Carnívoro
Hemiodus gracilis	6	Introduzida	11	**33**	2	0	**53**	0	0	0	1	0	0	0	0	0	Onívoro
Hoplerythrinus unitaeniatus	16	Nativa	0	0	**56**	0	0	0	1	0	0	2	0	**40**	0	0	Onívoro
Hoplias aff. *malabaricus*	198	Nativa	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	7	**93**	0	0	Piscívoro
Hoplias intermedius	66	Nativa	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	7	**48**	**43**	0	Piscívoro
Hoplosternum littorale	384	Introduzida	13	0	4	0	**32**	3	0	**15**	**27**	5	0	1	0	0	Invertívoro
Hypomasticus steindachneri	3	Nativa	8	0	92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Onívoro
Hyporhamphus roberti	55	Nativa	0	0	11	0	0	0	0	0	**77**	8	0	4	0	0	Insetívoro Aquático
Hypostomus affinis	37	Nativa	**99**	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro

Espécie	N	Categoria	Categorias alimentares													Guilda trófica
			Sed/det	Alga	Veg	VA	Zoo	Mol	Arac	O.Inv	I.Aq	I.Ter	Crust	Peixe	VT	MND	
Hypostomus luetkeni	9	Nativa	**98**	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Knodus moenkhausii	523	Introduzida	12	5	2	0	2	0	1	0	12	**64**	1	0	0	0	Insetívoro Terrestre
Lophiosilurus alexandri	12	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	**100**	0	0	Piscívoro
Loricariichthys castaneus	181	Nativa	**55**	0	2	0	15	2	0	0	**25**	0	0	0	0	0	Bentófago
Lutjanus jocu	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
Lycengraulis grossidens	161	Nativa	0	0	2	0	12	0	0	0	**30**	**35**	8	12	0	0	Insetívoro
Megalamphodus eques	76	Introduzida	5	0	0	0	**64**	0	13	0	**17**	2	0	0	0	0	Invertívoro
Metynnis lippincottianus	597	Introduzida	5	**42**	**46**	2	2	0	0	0	1	3	0	0	0	0	Herbívoro
Microphis lineatus	27	Nativa	0	1	0	0	1	0	0	0	**80**	0	0	18	0	0	Insetívoro Aquático
Moenkhausia vittata	20	Nativa	1	0	**53**	0	0	0	2	0	**28**	16	0	0	0	0	Onívoro
Mugil curema	92	Nativa	**99**	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Oligosarcus acutirostris	187	Nativa	0	0	4	0	0	0	0	0	**27**	**39**	11	**13**	0	6	Carnívoro
Oligosarcus argenteus	13	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	16	**51**	0	**33**	0	0	Carnívoro
Oreochromis niloticus	333	Introduzida	**70**	20	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Bentófago
Osteogaster aff. *aenea*	3	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	92	8	0	0	0	0	Insetívoro
Pachyurus adspersus	639	Nativa	2	0	2	0	1	0	0	0	**60**	9	**26**	0	0	0	Invertívoro
Paragenidens grandoculis	2	Nativa	26	0	0	0	0	17	0	0	22	10	25	0	0	0	Invertívoro
Parotocinclus maculicauda	5	Nativa	**100**	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Pimelodella lateristriga	39	Nativa	19	0	0	0	0	1	0	0	**12**	**67**	0	1	0	0	Insetívoro Terrestre
Pimelodus maculatus	414	Introduzida	**10**	0	**24**	4	2	4	0	0	6	6	**12**	**25**	0	5	Onívoro
Plagioscion squamosissimus	123	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	**85**	8	0	0	Carnívoro
Poecilia reticulata	47	Introduzida	**38**	1	0	0	2	0	0	0	**59**	1	0	0	0	0	Bentófago
Poecilia vivipara	575	Nativa	**38**	11	1	0	**13**	0	0	0	**30**	7	0	0	0	0	Bentófago
Polydactylus virginicus	2	Nativa	0	6	0	0	94	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Piscívoro
Pomadasys ramosus	2	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	51	0	49	0	0	0	Carnívoro
Prochilodus argenteus	24	Introduzida	**98**	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Prochilodus costatus	98	Introduzida	**98**	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Prochilodus lineatus	1	Introduzida	99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Prochilodus vimboides	4	Nativa	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Psalidodon aff. *fasciatus*	34	Nativa	3	18	**40**	0	0	0	0	0	**30**	8	0	1	0	0	Onívoro
Psalidodon sp.	17	Nativa	**55**	10	**21**	0	0	0	0	0	4	11	0	0	0	0	Onívoro
Pseudauchenipterus affinis	44	Nativa	1	0	8	1	0	0	0	0	10	**57**	6	**17**	0	0	Carnívoro
Pterygoplichthys pardalis	30	Introduzida	**95**	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Detritívoro
Pygocentrus nattereri	638	Introduzida	0	0	5	0	0	1	0	0	1	1	5	**62**	6	18	Piscívoro
Rhamdia quelen	29	Nativa	2	0	8	0	0	0	0	0	3	8	2	**77**	0	1	Piscívoro
Salminus brasiliensis	33	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	**78**	0	0	Piscívoro
Saxatilia lepidota	349	Introduzida	0	0	1	0	2	3	1	0	**58**	3	10	**21**	0	0	Carnívoro
Serrapinnus heterodon	116	Nativa	7	**51**	0	0	**18**	0	0	0	**18**	5	1	0	0	0	Onívoro
Serrasalmus brandtii	227	Introduzida	0	0	2	0	0	0	0	0	5	8	3	**77**	0	4	Piscívoro
Strongylura marina	1	Nativa	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
Synbranchus marmoratus	5	Introduzida	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	Carnívoro
Trachelyopterus striatulus	150	Nativa	0	0	**30**	0	0	0	0	0	1	15	**47**	5	0	0	Onívoro
Trichomycterus alternatus	1	Nativa	2	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	91	0	0	Insetívoro Aquático
Trichomycterus cf. *melanopygius*	2	Nativa	29	0	0	0	0	0	0	0	71	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
Trichomycterus immaculatus	58	Nativa	2	0	5	0	0	0	0	0	**93**	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático
Trinectes paulistanus	12	Nativa	10	0	0	0	0	0	0	0	**90**	0	0	0	0	0	Insetívoro Aquático

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES, foram analisados 11.262 estômagos pertencentes a 94 espécies, sendo 62 nativas e 32 introduzidas. Deste total de estômagos coletados, 2.895 (aproximadamente 26%) estavam vazios. A dieta dos peixes apresentou 14 recursos com diferentes origens animal, vegetal e detritos (Tabela 3). As espécies de peixes foram classificadas em 10 guildas tróficas: detritívoros (11 espécies), herbívoros (1 espécie), bentófagos (7 espécies), invertívoros (10 espécies), insetívoros aquáticos (10 espécies), insetívoros terrestres (3 espécies), insetívoros (2 espécies), onívoros (18 espécies), carnívoros (15 espécies) e piscívoros (17 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/2026). (a) *Poecilia vivipara,* (b) *Awaous tajasica,* (c) *Geophagus* aff. *brasiliensis* e(d) *Hoplias malabaricus.* VA = vegetal aquático, Trib. = Tributários e Res = Reservatórios. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



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

As dietas de *Poecilia vivipara e Awaous tajasica* diferiram entre os ambientes amostrados (F= 7,6026, p = 0,001; F= 5,9405, p = 0,001, respectivamente). Por exemplo, a espécie *Poecilia vivipara* consumiu maior proporção de perifíton (sedimentos/detritos) e algas na Calha enquanto os insetos (aquáticos e terrestres) estiveram presentes em maior proporção nos estômagos dessa espécie para os ambientes Tributários e Lagos (Figura 9a). No ambiente das Lagoas, também observamos maior ingestão de perifíton (sedimentos/detritos) e algas pelos indivíduos dessa espécie, com exceção da localidade LAL01.

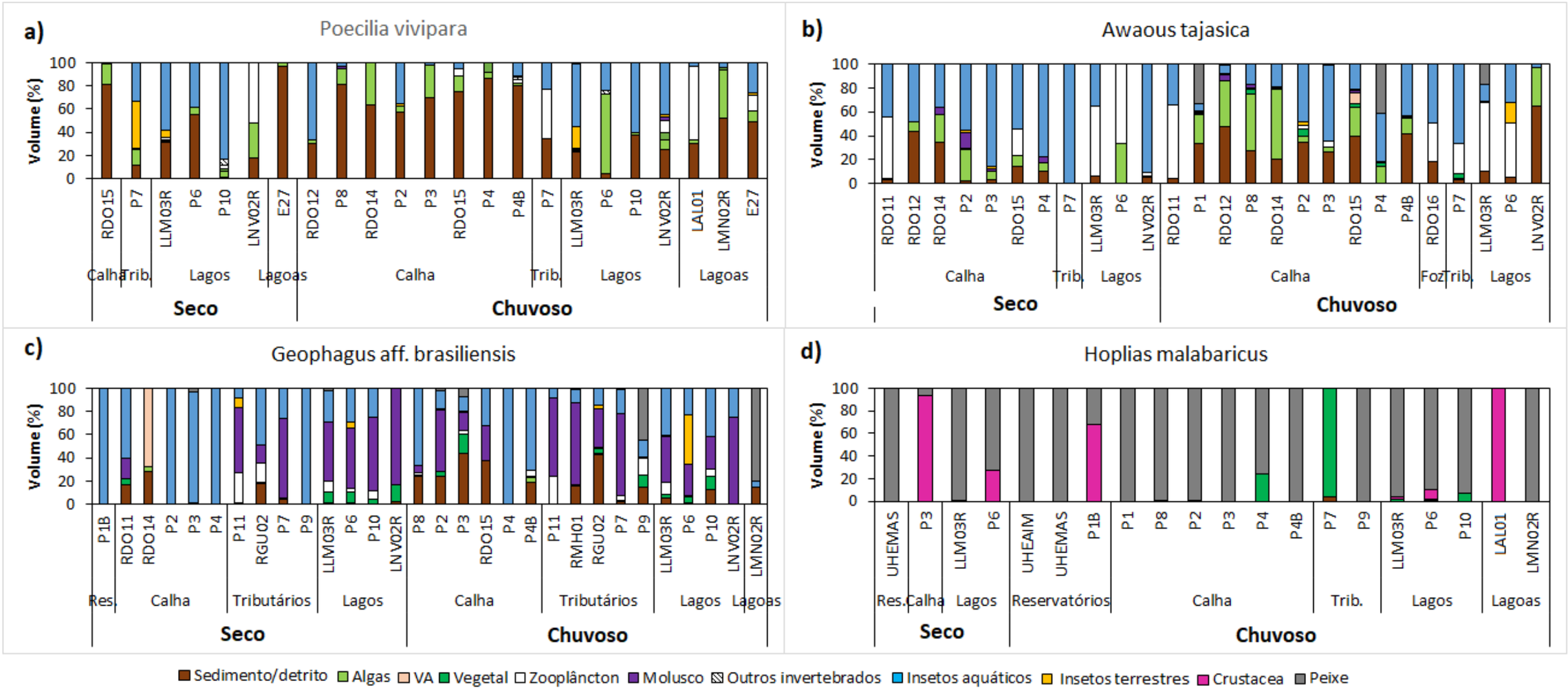
A composição da dieta da espécie *Awaous tajasica* apresentou um padrão semelhante ao encontrado para *Poecilia vivipara*. Os indivíduos ingeriram maior proporção de perifíton (sedimentos/detritos) e algas na Calha enquanto itens mais nutritivos como, insetos aquáticos e zooplâncton predominaram nos ambientes Foz, Tributários e Lagos (Figura 9b).

Essa transição para recursos de menor valor energético (sedimento/detritos) na Calha e nas Lagoas caracteriza uma simplificação da dieta, padrão também observado por Paiva *et al.* (2025) para *Knodus moenkhausii* na mesma região. Além disso, a divergência alimentar pode sugerir um possível impacto de soterramento da Calha do rio Doce pelo Material Ligado ao Desastre (MLD). O aporte dos rejeitos de mineração no ecossistema aquático altera a estrutura das comunidades de macroinvertebrados bentônicos (LEAL *et al.,* 2023), limitando a disponibilidade de presas preferenciais. Nesse cenário, a persistência de *P. vivipara* na Calha — um ambiente severamente degradado e subótimo — pode sugerir um caráter oportunista e resistente, permitindo que a espécie sobreviva ao assimilar a matéria orgânica associada ao sedimento.

A dieta do acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* também mostrou diferenças no consumo dos recursos alimentares entre os ambientes amostrados (F= 6,864, p = 0,001). Na Calha, o acará consumiu maior proporção de sedimentos/detritos e insetos aquáticos, principalmente larvas de Chironomidae e pupas de Diptera, enquanto os moluscos (gastrópodes), 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). Os resultados evidenciam uma dieta mais diversificada e nutritiva nos Lagos e Tributários (e.g., moluscos, insetos aquáticos e zooplâncton), enquanto no ambiente Calha do rio Doce, a dieta do acará foi mais simples e composta principalmente de sedimentos/detritos e insetos aquáticos possivelmente, devido ao soterramento dos habitats complexos, causados após o rompimento da barragem.

A traíra *Hoplias malabaricus* apresentou uma dieta composta predominantemente por peixes (F= 0, 97464, p = 0,467), principalmente pela ingestão de peixes da ordem Cichliformes (*Geophagus brasiliensis*, *Saxatilia lepidota*), Characiformes e Cyprinodontiformes (*Poecilia vivipara*) (Figura 9d). No entanto, a espécie pode estar sujeita aos impactos indiretos do rompimento da barragem via biomagnificação trófica. Por exemplo, na Calha do rio Doce, ao predar peixes (e.g., *P. vivipara e G. brasiliensis*) que ingerem diretamente sedimentos e detritos que possam estar contaminados por MLD, a trairá atuará como um acumulador de metais provenientes dos MLD no topo da cadeia alimentar. Alguns estudos realizados em laboratório com a *Hoplias malabaricus*, confirmam que a toxicidade do metal pode ser potencializada quando o metal é incorporado aos tecidos da presa (DE PAULA *et al.,* 2022).

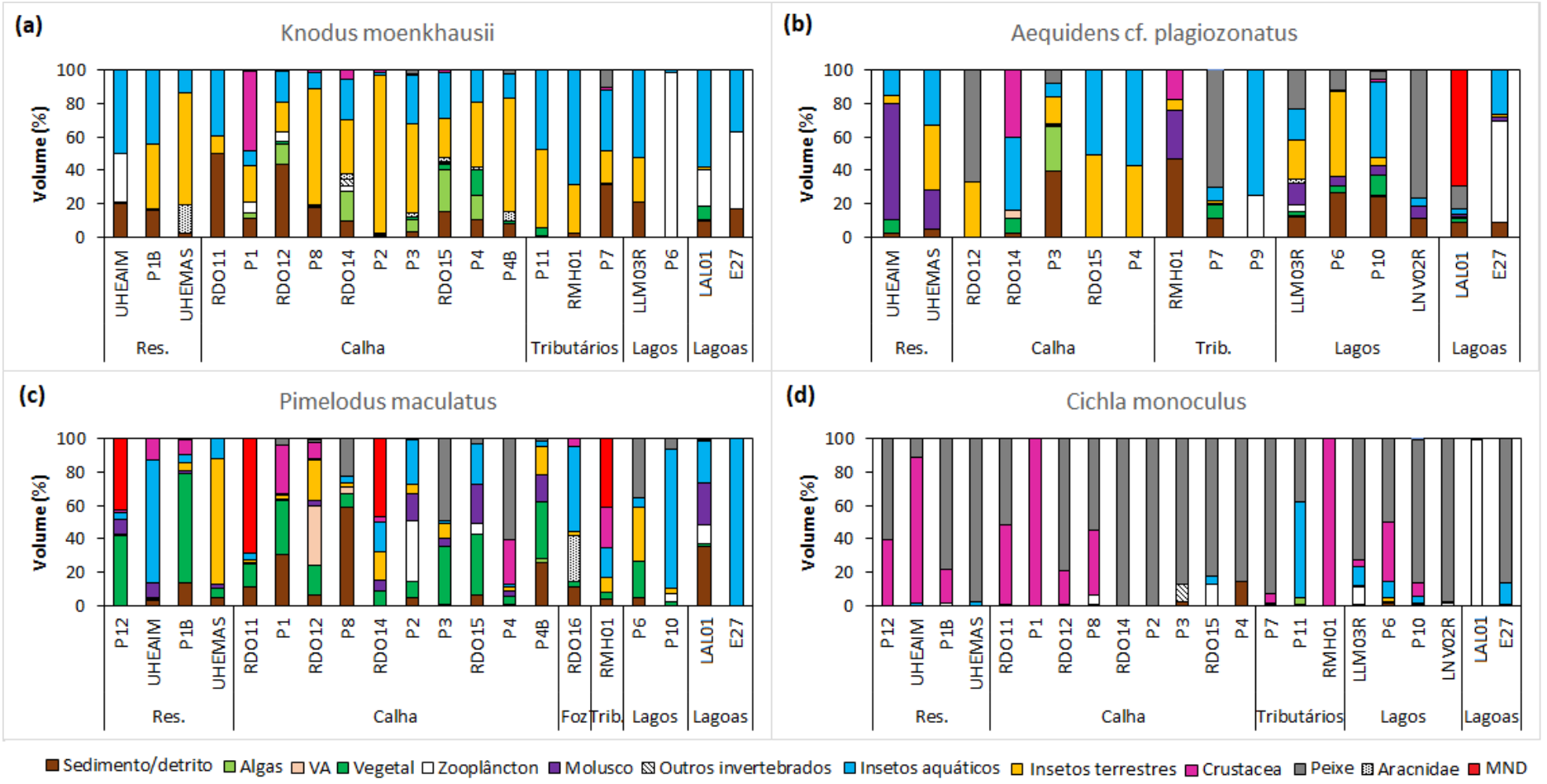
Figura 10: Composição das categorias alimentares (volume %) consumidas pelas quatro espécies mais abundantes de peixes nativos nos períodos secos e chuvosos (outubro/2018 a janeiro/2026) nos ambientes amostrados (Reservatórios, Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos e Lagoas) do monitoramento do PMBA/Fest-UFES. (a) *Poecilia vivipara,* (b) *Awaous tajasica,* (c) *Geophagus* aff. *brasiliensis* e (d) *Hoplias malabaricus.* VA = vegetal aquático, Trib. = Tributários e Res = Reservatórios. 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= 4,667, p = 0,003; F= 4,2003, p = 0,002, respectivamente). A composição dos recursos alimentares ingeridos pela espécie *Poecilia vivipara* indicou maior consumo de insetos aquáticos nos ambientes Lagos no período seco, enquanto na Calha e Lagoas, houve ingestão principalmente de sedimentos/detritos, algas no período chuvoso (Figura 10a). Similarmente, a espécie *A. tajasica* assimilou maior proporção de insetos aquáticos no ambiente Calha no período seco enquanto algas e sedimentos/detritos, foram os itens mais consumidos no período chuvoso pela espécie no ambiente Calha (Figura 10b). O aumento da dinâmica de transporte durante a precipitação nos períodos chuvosos pode carrear a entrada de sedimentos para dentro da Calha do rio Doce ou remobilizar o material de fundo já depositado (OLIVEIRA *et al.,* 2025). Neste caso, a suspensão do MLD acumulado no sedimento no período chuvoso pode aumentar a turbidez (dificultando predadores visuais) e soterrar áreas que poderiam estar no processo de recuperação. Esse resultado indica que *A. tajasica e P. vivipara* "perdem" suas opções alimentares mais nutritivas (e.g., insetos aquáticos) na Calha do rio Doce e passam a sobreviver das algas e da matéria orgânica associada ao sedimento, possivelmente já contaminado pelo MLD. Em contraste, no período seco, a estabilização do MLD no fundo do leito e a maior disponibilidade de macroinvertebrados na Calha e nos Tributários favorecem uma dieta baseada em itens de origem animal. Já nos ambientes de Lagos, *A. tajasica* consome principalmente zooplâncton e insetos aquáticos, em ambos os períodos amostrados. Essa preferência alimentar da espécie por zooplâncton é esperada pois a ausência de correnteza e a maior disponibilidade de alimento (algas e perifíton) para o zooplâncton, são características frequentes em lagos (COELHO *et al.,* 2026).

A dieta da espécie *Geophagus* aff. *brasiliensis* também diferiu entre os períodos do monitoramento (F= 13,441, p = 0,001) enquanto *Hoplias malabaricus* não apresentou diferença significativa (F= 0,623, p = 0,657). *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). Essa mudança sazonal na dieta de *Geophagus* aff. *brasiliensis* sugere que, durante as chuvas, a remobilização do MLD e o aumento da vazão do rio alteram a disponibilidade de presas bentônicas, forçando a espécie a explorar itens alternativos como sedimentos/detritos, fragmentos vegetais e moluscos. 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/2026). (a) *Knodus moenkhausii,* (b) *Aequidens* cf. *plagiozonatus,* (c) *Pimelodus maculatus* e(d) *Cichla monoculus*, VA = vegetal aquático, MND = material não identificado. Res = Reservatórios e Trib. = Tributários. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 11 apresenta a dieta das quatro espécies mais abundantes de peixes introduzidos nos diferentes ambientes amostrados (Calha, Reservatórios, Foz, 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=3,1398; p=0,001), principalmente pelo consumo de insetos (terrestres e aquáticos), detritos e algas na Calha 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 (Lagoas Cacimbas). A dissimilaridade desse local em relação aos outros reflete a maior disponibilidade de recursos autóctones (zooplâncton, detritos e insetos aquáticos) na Lagoa (Ponto E27), comparados aos outros ambientes amostrados na bacia.

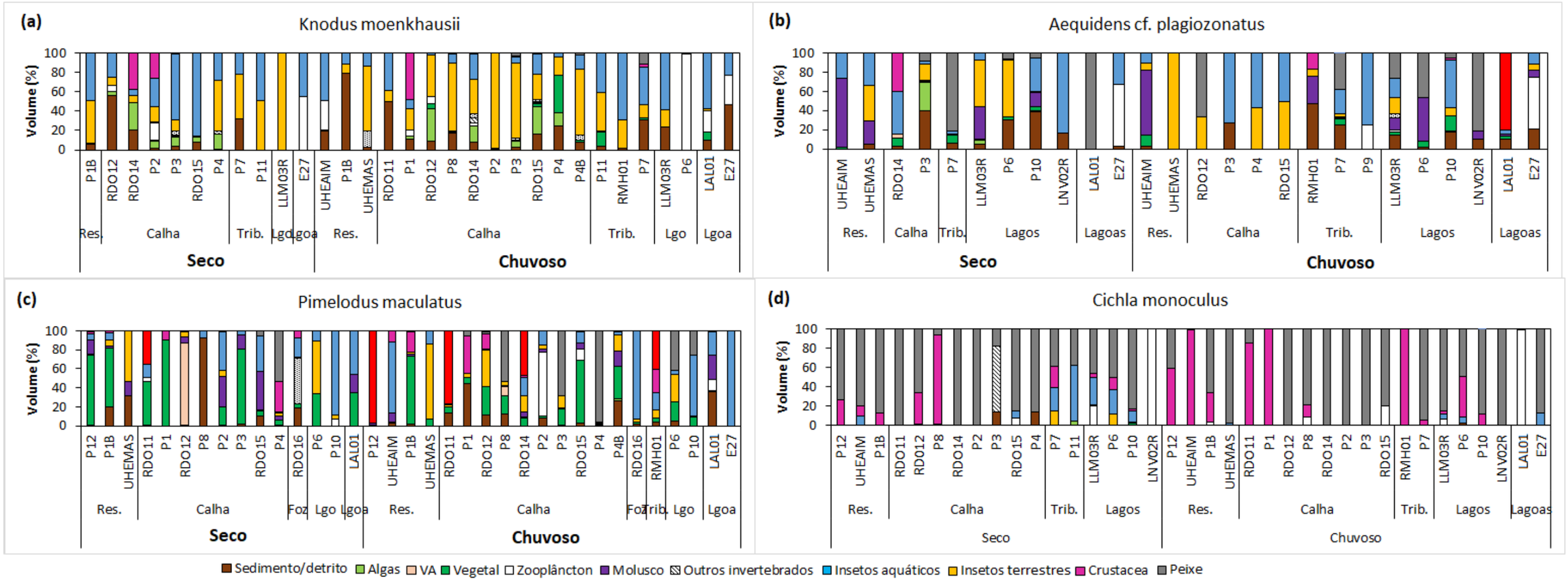
A espécie *Aequidens* cf. *plagiozonatus* apresentou uma dieta ampla contendo recursos alimentares de origem animal e vegetal, como insetos, peixes, anelídeos, crustáceos, zooplâncton, sedimentos/detritos, fragmentos de folhas e moluscos (Figura 11b). Diferentes recursos alimentares foram consumidos por esta espécie entre os ambientes amostrados (F= 3,2124; p=0,001). No ambiente Calha, *A. plagiozonatus* consumiu maior proporção de insetos aquáticos e terrestres, escamas de peixes, sedimentos/detritos e algas, enquanto nos Tributários, Lagos e Lagoas houve a ingestão de uma ampla variedade de recursos, que incluem todos os níveis tróficos (vegetal, detritos, peixes, moluscos, zooplâncton, insetos aquáticos e terrestres), caracterizando uma dieta onívora. No Reservatório, a espécie consumiu principalmente moluscos, insetos aquáticos e terrestres. A alta variabilidade espacial na dieta da espécie mostra um comportamento oportunista, em que a espécie consegue mudar sua dieta garantindo seu estabelecimento e dispersão de populações viáveis, mesmo em ambientes impactados, como a Calha do rio Doce.

Com relação ao Mandi-amarelo *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=1,6762; p=0,003; Figura 11c). Nos Reservatórios foi observado o predomínio de vegetais (fragmentos de folhas, sementes e frutos), insetos aquáticos e terrestres. Nos outros ambientes avaliados, observamos que a dieta de *P. maculatus* foi altamente diversa (e.g., peixes, insetos, moluscos, crustáceos, zooplâncton, vegetais, sedimentos/detritos), 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 e Reservatórios. Essa característica pode explicar a colonização e o sucesso desta espécie introduzida em diversos ambientes da bacia do rio Doce.

O Tucunaré *Cichla monoculus,* também consumiu recursos alimentares diferentes nos ambientes amostrados (F= 7,7079; p=0,001; Figura 11d). Peixe (e.g., *Poecilia vivipara, Pachyurus adspersus, Geophagus brasiliensis*) foi o principal item alimentar consumido pela espécie em todos os ambientes, seguidos pelos camarões, insetos aquáticos e zooplâncton. Esta espécie também pode

estar sujeita aos impactos indiretos do rompimento da barragem via biomagnificação trófica no ambiente Calha, ao predar os peixes (e.g., *P. vivipara e Geophagus* aff. *brasiliensis*) que ingerem diretamente sedimentos e detritos que possam estar contaminados por MLD. A presença em maior proporção de camarões na dieta do tucunaré nos ambientes Reservatórios e Calha reflete a capacidade que *Cichla monoculus* possui 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 menor tenham consumido insetos aquáticos e zooplâncton em sua dieta, o item predominante da dieta do tucunaré 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/2026): (a) *Knodus moenkhausii,* (b) *Aequidens* cf. *plagiozonatus,* (c) *Pimelodus maculatus* e(d) *Cichla monoculus.* VA = vegetal aquático, Res. = Reservatórios, Trib. = Tributários, Lgo. = Lagos, Lgoa = Lagoas. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A dieta do lambari *Knodus moenkhausii* não apresentou diferença estatística entre os períodos (F=1,7981; 0,094). A espécie assimilou maior proporção de detritos, algas, insetos terrestres e aquáticos no período chuvoso e seco (Figura 12a).

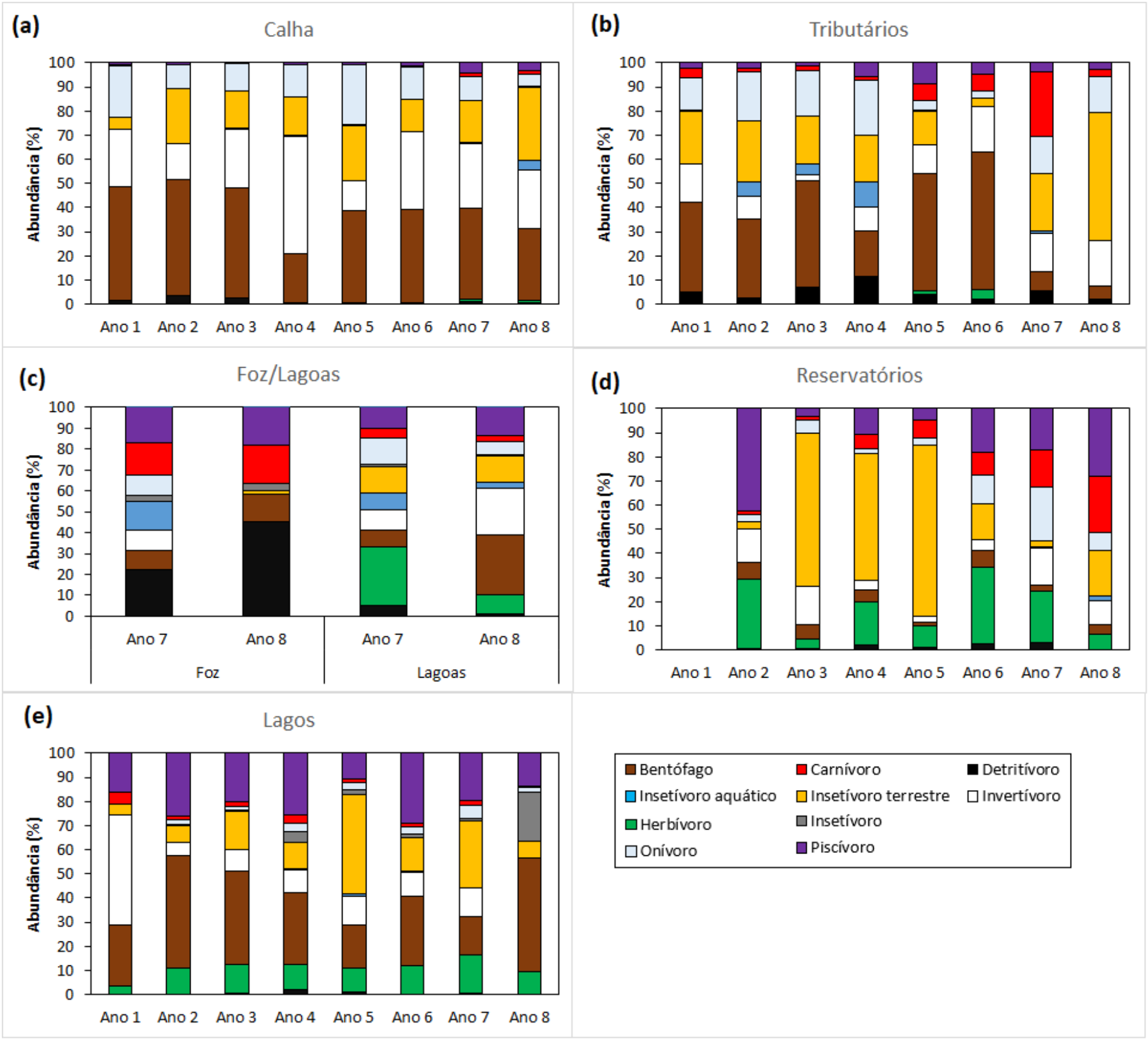
Por outro lado, a dieta de *Aequidens* cf. *plagiozonatus* diferiu entre os períodos secos e chuvosos do monitoramento (F= 3,2467; p = 0,004, respectivamente). A espécie ingeriu principalmente sedimentos/detritos e insetos (aquáticos e terrestres) na Calha e durante o período chuvoso, enquanto que o período seco foi marcado pela assimilação de uma variedade de recursos alimentares desde crustáceos, insetos aquáticos, insetos terrestres, sedimentos/detritos e peixes (Figura 12b).

A dieta de *Pimelodus maculatus* não teve diferença entre os períodos (F=0,7842; 0,637), ou seja, essa espécie consumiu uma variedade de recursos vegetais, peixes, moluscos e crustáceos em ambos os períodos avaliados (Figura 12c).

Em relação ao Tucunaré, *Cichla monoculus,* a sua dieta no ambiente Calha do rio Doce foi composta principalmente de peixes e apresentou diferença na composição da dieta entre os períodos secos e chuvosos (F=4,5965; 0,004). No geral, as formas jovens do tucunaré consumiram maior proporção de insetos aquáticos no período seco nos ambientes Lagos e Tributários. Além disso, notamos que o predomínio dos camarões na dieta do tucunaré no ambiente Reservatórios foi mais representativo no período chuvoso (Figura 12d). Por outro lado, nos ambientes Calha e Lagos, houve maior consumo de peixes pela espécie, no período chuvoso.

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**: outubro/2024 a setembro/2025, **Ano 8:** outubro/2025 a janeiro/2026.O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

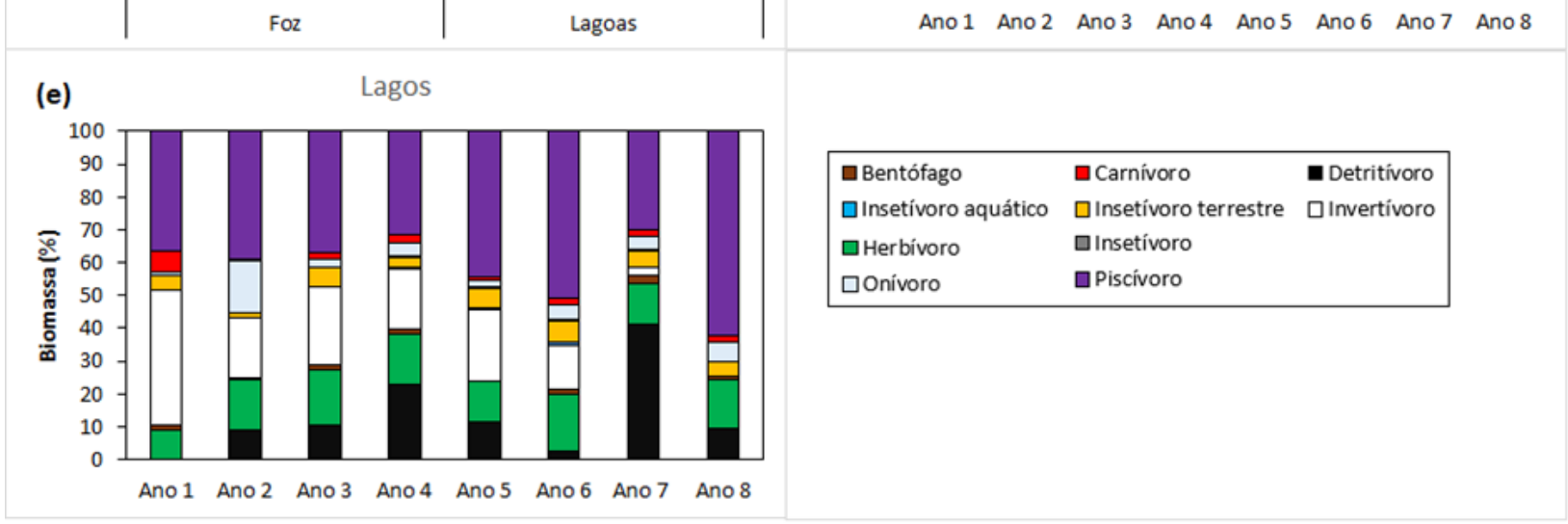


* Na Figura 13d, observa-se uma alteração dos resultados do RSE2025 em relação ao RA2025 decorrente da ausência de monitoramento no setor Reservatório nesse período (outubro/2018 a setembro/2019). No relatório anterior do Ano 1 (RSE2025) foi utilizado incorretamente os dados da estação P1 (Calha do rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas). Essa inconsistência foi corrigida no RA2025.

A estrutura das guildas tróficas de uma comunidade tem sido amplamente adotada em índices que avaliam a qualidade ecológica e a integridade biótica dos ecossistemas aquáticos (TERRA *et al.*, 2013b). Nossos resultados mostram que, ao avaliar a composição da abundância em guilda trófica nos ambientes amostrados, foi possível observar o predomínio da guilda Bentófago (pertencentes às espécies Tilápia *Oreochromis niloticus,* Barrigudinho *Poecilia vivipara* e Peixe-flor *Awaous tajasica)* na Calha (área impactada) e Tributários (Figura 13a, b). O predomínio de bentófagos (i.e., 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 relacionado ao assoreamento por erosão e outras fontes alóctones carreadas 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 resistentes e oportunistas de peixes bentófagos (e.g., Tilápias *Oreochromis niloticus e Coptodon rendalli* e Barrigudinho *Poecilia vivipara)* podem ser favorecidas em detrimento a outras espécies, ao consumir matéria orgânica associada ao sedimento. 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). Além disso, podemos observar uma menor representatividade das espécies nativas predadores de topo de cadeia (carnívoros e piscívoros nativos) durante o monitoramento (Figura 13a). Nos Tributários (área não impactada), observamos que as guildas tróficas são mais diversas que na Calha (Figura 13b). Também observamos uma dependência dos peixes por recursos alimentares provenientes da vegetação marginal (insetos terrestres – guilda trófica insetívoros terrestres), principalmente nos Anos 7 e 8 do monitoramento.

No ambiente Foz do rio Doce, encontramos a dominância dos detritívoros (e.g., tainha *Mugil curema*), carnívoros e piscívoros que são predadores de topo (e.g., Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri,* Bagre-guri *Genidens genidens,* Robalo *Centropomus undecimalis* e o Xáreu *Caranx latus*). A dominância dos detritívoros na foz pode sugerir o enriquecimento de sedimentos orgânicos e inorgânicos finos acumulados no fundo da foz. Em região de estuário, é comum a dominância de peixes detritívoros (HARRISON; WHITFIELD, 2012). Nas Lagoas, foi detectada a dominância de herbívoros no Ano 7 e bentófagos no Ano 8 (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 pode ser explicada sobretudo, pela maior abundância de 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) 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: outubro/2024 a setembro/2025, Ano 8: outubro/2025 a janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

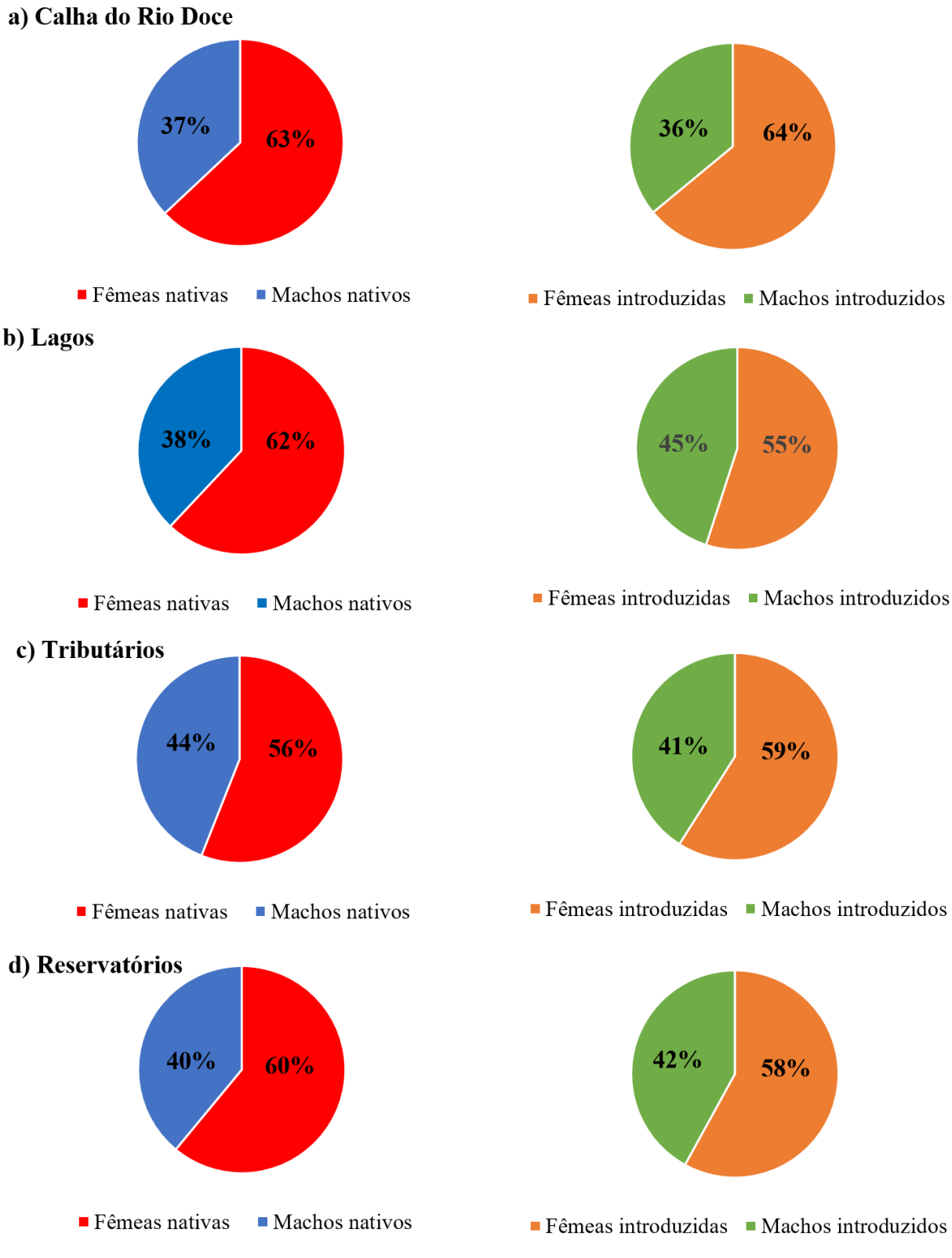


* Na Figura 14d, observa-se uma alteração dos resultados do RSE2025 em relação ao RA2025 decorrente da ausência de monitoramento no setor Reservatório nesse período (outubro/2018 a setembro/2019). No relatório anterior do Ano 1 (RSE2025) foi utilizado incorretamente os dados da estação P1 (Calha do rio Doce – Montante do reservatório UHE Mascarenhas). Essa inconsistência foi corrigida no RA2025.

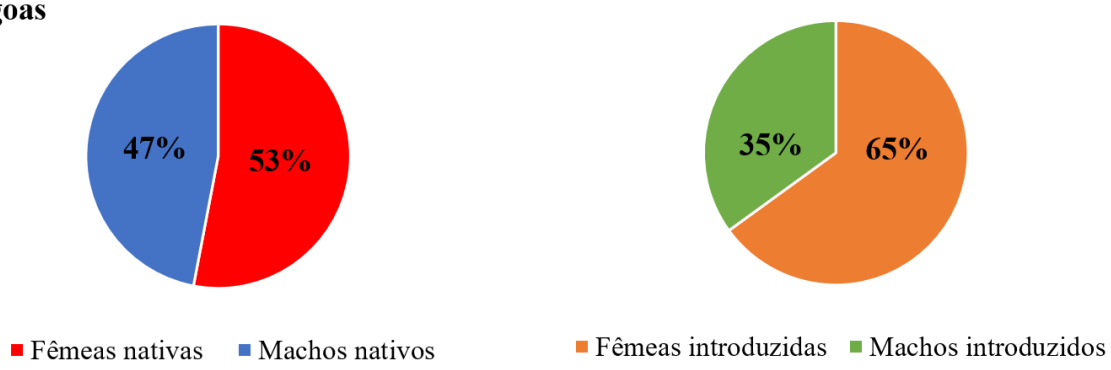
Em relação à composição da biomassa em guildas tróficas, os Detritívoros (pertencentes às espécies de curimbas *Prochilodus costatus e P. argenteus*) estiveram presentes em maiores proporções na Calha (área impactada) (Figura 14a) e Lagoas (Figura 14c). Nos Reservatórios, os Detritívoros juntamente com os Carnívoros (principalmente, Pescada *Plagioscion squamosissimus* e lambari-bocarra *Oligosarcus acutirostris*) foram dominantes (Figura 14d). Nos Lagos, os Piscívoros (pertencentes às espécies Tucunaré *Cichla monoculus*, Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri,* Traíra *Hoplias malabaricus e* Trairão *Hoplias intermedius)* foram mais representativos (Figura 14e). Na Foz do rio Doce, os Detritívoros e predadores de topo (Piscívoros e Carnívoros) foram dominantes. Isso é comum em áreas de estuário/foz, que funcionam como zonas de engorda para grandes predadores e acúmulo de matéria orgânica sedimentada (MCLUSKY; ELLIOTT, 2004). Nos Tributários, a proporção da biomassa das guildas tróficas oscilou entre o Ano 1 e Ano 8 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 de peixes nativos e introduzidos 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 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



e) Lagoas



f) Foz do rio Doce

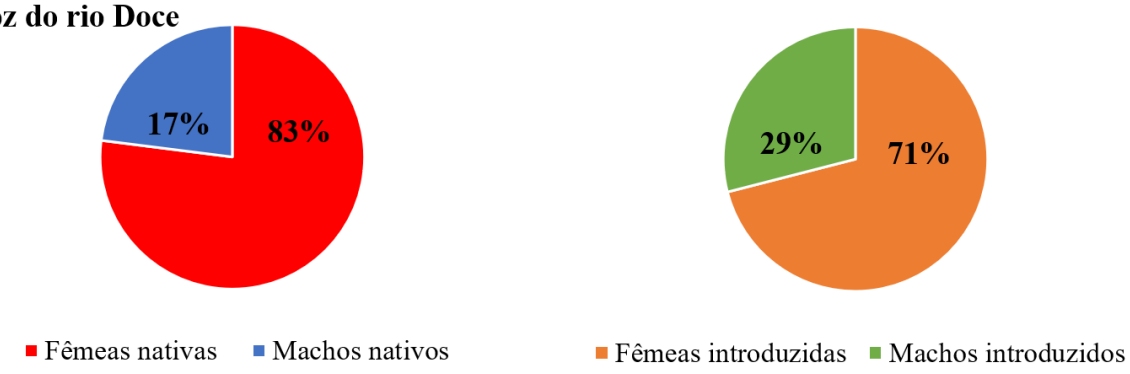


Tabela 4: Teste de qui-quadrado (X^2) para proporção sexual de espécies nativas e introduzidas de peixes em diferentes ambientes no Baixo rio Doce, de outubro/2018 a janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

	Nativas	Introduzidas
Calha do rio Doce	**x^2=317,539; p < 0,0001**	**x^2=158,421; p < 0,0001**
Lagos	**x^2=227,250; p < 0,0001**	**x^2=20,646; p < 0,0001**
Tributários	**x^2=27,599; p < 0,0001**	**x^2=21,460; p < 0,0001**
Reservatórios	**x^2=25,899; p < 0,0001**	**x^2=30,454; p < 0,0001**
Lagoas	x^2=1,008; p < 0,3151	**x^2=24,758; p < 0,0001**
Foz do rio Doce	**x^2=17,780; p < 0,0001**	**x^2=5,451; p < 0,01955**

O cálculo do qui-quadrado (X^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.

Entre as campanhas realizadas de outubro de 2018 a janeiro de 2026, a avaliação da proporção sexual dos peixes nativos e introduzidos, considerando todos os ambientes amostrados, evidenciou predominância de fêmeas em comparação aos machos (Figura 15). O teste de qui-quadrado indicou diferença significativa na maior parte dos ambientes analisados, com destaque para a Calha do rio Doce e os Lagos (Tabela 4). Por outro lado, a ausência de significância observada nas Lagoas pode estar associada ao reduzido número de indivíduos amostrados. Já no ambiente Foz, apesar do baixo tamanho amostral, os dados indicaram uma tendência de predominância de fêmeas sobre os machos (Figura 15;Tabela 4).

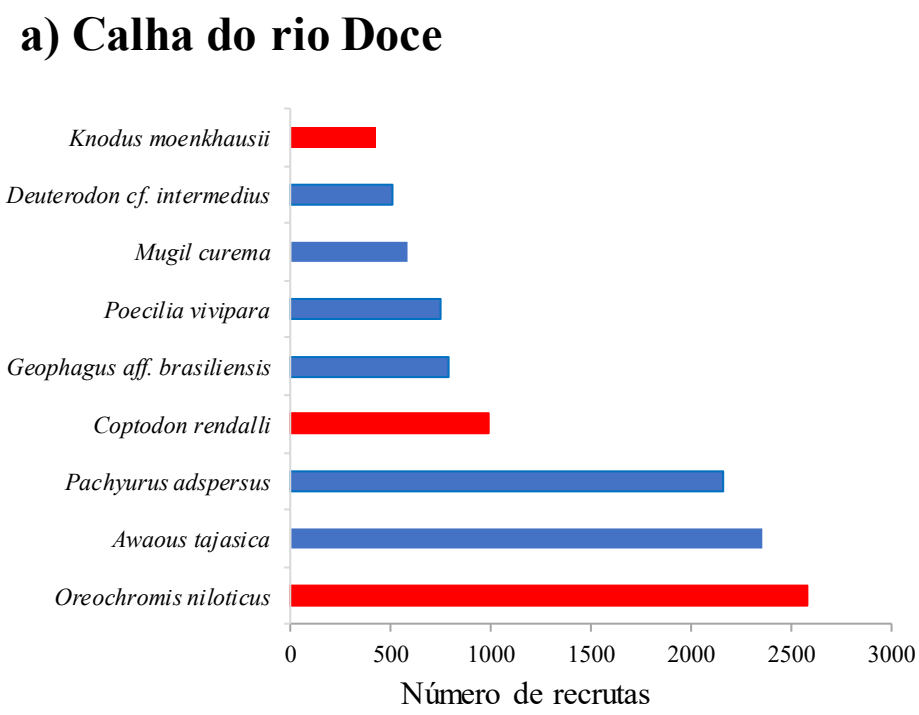
A razão sexual em populações de peixes neotropicais consideradas estáveis geralmente apresenta distribuição próxima de 1:1 entre fêmeas e machos, padrão frequentemente associado ao equilíbrio populacional e ao sucesso reprodutivo das espécies (VAZZOLER, 1996; WOOTTON, 1998). Esse equilíbrio é considerado favorável para a manutenção populacional, contribuindo para a estabilidade da população e para o sucesso reprodutivo das espécies, aumentando a probabilidade de formação de pares e contribuindo para a manutenção e estabelecimento das populações nos diferentes ambientes (WOOTTON, 1998; KING, 2007). Contudo, os resultados obtidos ao longo do monitoramento indicaram desequilíbrio na proporção sexual das espécies nativas e introduzidas nos diferentes ambientes avaliados, especialmente devido à predominância de fêmeas, evidenciando um afastamento da razão sexual esperada.

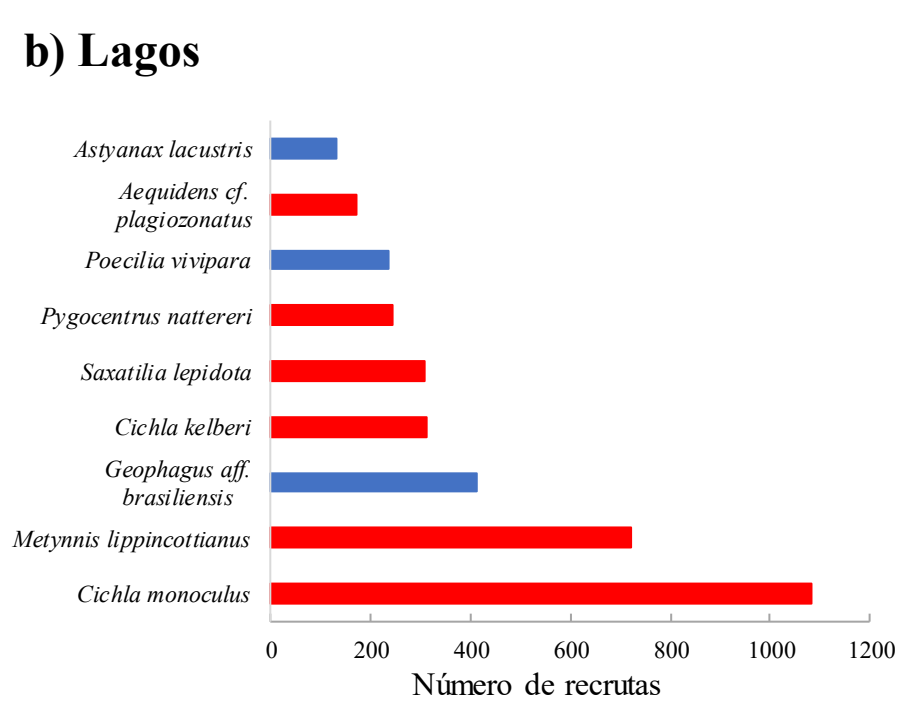
Alterações dessa natureza podem estar associadas a fatores antrópicos, como poluição, construção de barragens, presença de resíduos antropogênicos, introdução de espécies não nativas, além de aspectos biológicos relacionados à reprodução (WOOTTON, 1998; TYLER; JOBLING; SUMPTER, 1998; COELHO *et al.*, 2023). Esses fatores podem modificar a estrutura das populações e interferir nas respostas ecológicas e reprodutivas das espécies nos diferentes ambientes monitorados. A predominância de fêmeas nas populações avaliadas pode estar relacionada a estratégias reprodutivas que envolvem maior investimento energético na produção de ovócitos e no desenvolvimento gonadal, podendo representar um mecanismo associado ao aumento do potencial reprodutivo das populações nos ambientes monitorados (NIKOLSKY, 1978; WOOTTON, 1998).

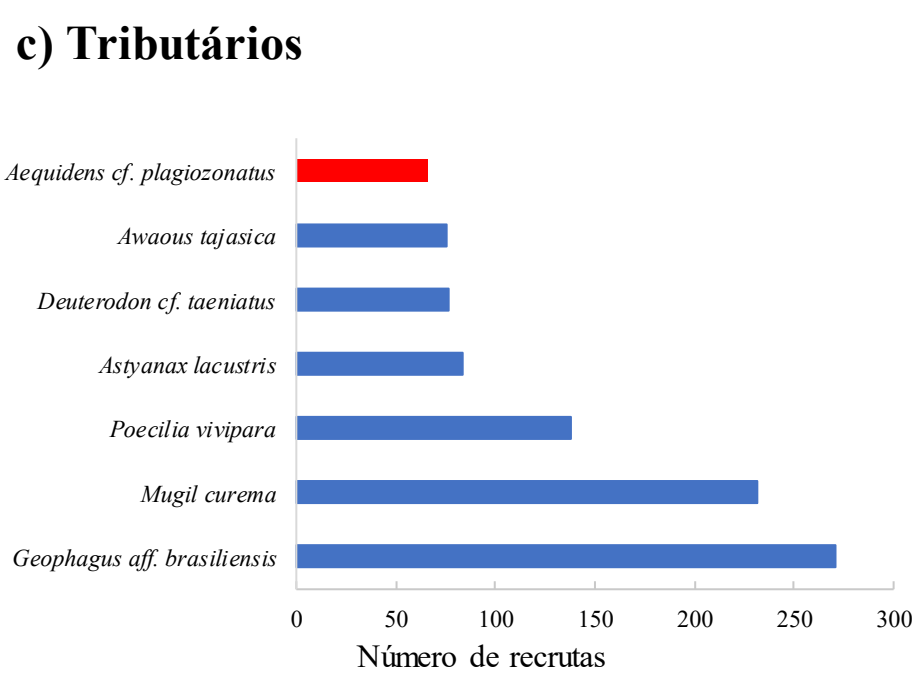
Assim, os resultados indicam desequilíbrio na proporção sexual das populações de peixes no baixo rio Doce, especialmente nos ambientes mais impactados ou ambientalmente mais dinâmicos, como a calha principal, os reservatórios e a foz do rio Doce. Esses ambientes apresentaram os maiores desvios da proporção esperada (1:1), enquanto as lagoas apresentaram maior equilíbrio sexual nas espécies nativas, o que pode indicar menor desequilíbrio populacional nesses ambientes. Nesse último ambiente, o baixo número de indivíduos amostrados e a predominância de espécies introduzidas podem justificar o resultado observado, portanto, são necessários mais estudos complementares e maior esforço amostral para confirmação desses padrões ecológicos.

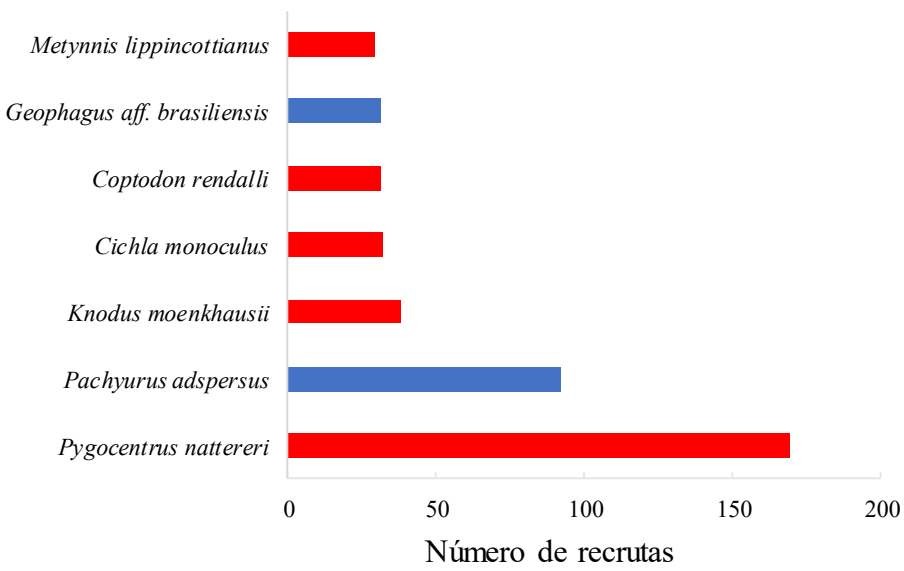
3.8 RECRUTAMENTO DE ESPÉCIES NATIVAS E INTRODUZIDAS

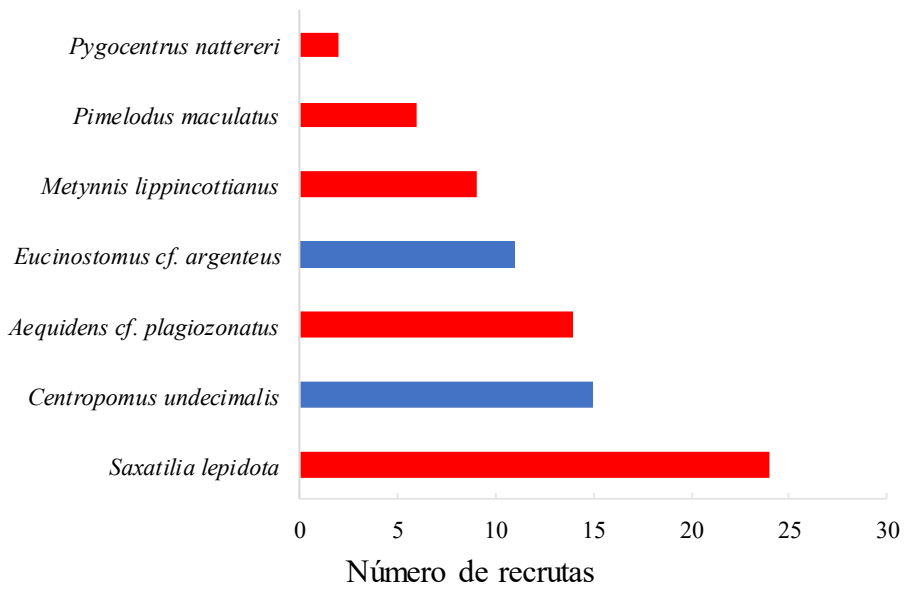
Figura 16: Recrutamento de espécies de peixes nativas (azul) e introduzidas (vermelho) na Calha do rio Doce (a), Lagos (b), Tributários (c), Reservatórios (d), Lagoas (e) e Foz do rio Doce (f) durante as campanhas realizadas entre outubro/2018 e janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

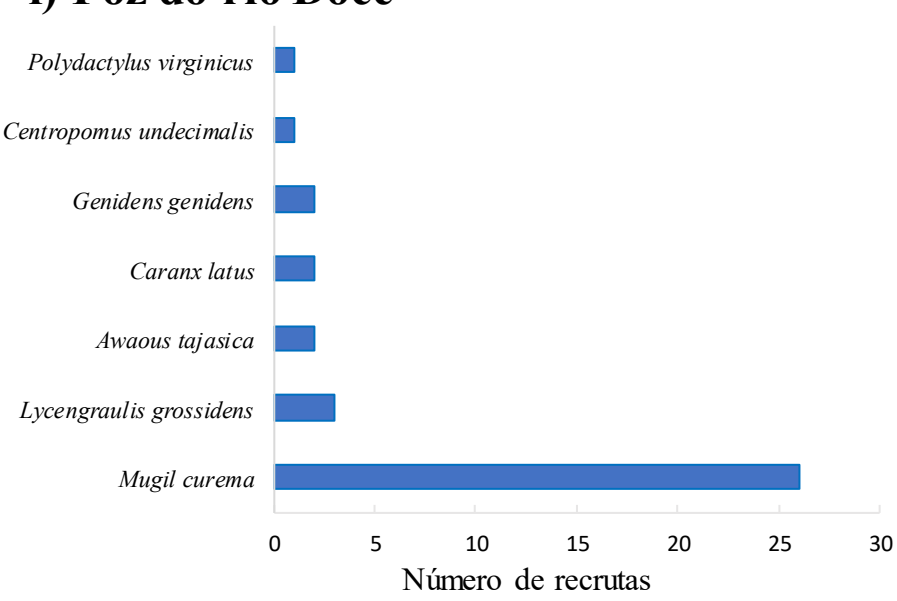












A Figura 16 apresenta as espécies com maiores valores de recrutamento registrados nas diferentes fases de desenvolvimento, nos distintos ambientes monitorados entre outubro de 2018 e janeiro de 2026. Para a Calha do rio Doce, Lagos e Tributários, foram registradas espécies com recrutamento superior a 190 indivíduos. Já nos ambientes Lagoas e Foz do rio Doce, avaliados entre outubro de 2024 e janeiro de 2026, os valores de recrutamento permaneceram inferiores a esse limiar. Essa diferença no número de recrutas provavelmente está relacionada ao menor número de campanhas realizadas nesses dois últimos ambientes.

Na Calha do rio Doce (Figura 16a), entre as espécies introduzidas, destacou-se a tilápia *Oreochromis niloticus*, que apresentou o maior recrutamento registrado no ambiente, seguida pela outra espécie de tilápia Coptodon rendalli e o Lambari *Knodus moenkhausii*. Entre as espécies nativas, os maiores recrutamentos foram observados, na seguinte ordem, para: o Peixe-flor *Awaous tajasica*, a Corvina *Pachyurus adspersus*, o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, a Tainha *Mugil curema* e o lambari *Deuterodon* cf. *intermedius.* As abundâncias de *Awaous tajasica* e *Pachyurus adspersus* na Calha do rio Roce são as maiores abundâncias de recrutas, entre as nativas, já encontradas durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, considerando os seis ambientes monitorados.

Nos Lagos (Figura 16b), a espécie nativa com maior recrutamento ao longo do monitoramento foi o Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, enquanto o Lambari *Astyanax lacustris* apresentou os menores valores entre as espécies nativas registradas. Esse padrão pode estar relacionado com a predominância de recrutamento, nesse ambiente, das espécies introduzidas e piscívoras Tucunaré *Cichla monoculus*, Pacu-CD *Metynnis lippincottianus*, Tucunaré *Cichla kelberi*, Jacundá *Saxatilia lepidota* e Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, com maior número de recrutas, nessa ordem.

Nos Tributários (Figura 16c), verificou-se predominância de espécies nativas durante todo o período de monitoramento com o *Acará Geophagus* aff. *brasiliensis* e a Tainha *Mugil curema* com os maiores recrutamentos, ambas com valores superiores a 190 indivíduos. Em seguida, no mesmo ambiente, ainda se destacaram o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, o Lambari *Astyanax lacustris*, *Deuterodon* cf. *taeniatus* e o Peixe-flor *Awaous tajasica*, embora com recrutamentos inferiores a 190 indivíduos. Dentre as espécies introduzidas, o Acará *Aequidens* cf. *plagiozonatus* apresentou baixa representatividade no recrutamento.

Nos Reservatórios (Figura 16d), não foram registrados valores de recrutamento superiores a 190 indivíduos, com predominância de espécies introduzidas, como a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, o Lambari *Knodus moenkhausii* e o Tucunaré *Cichla monoculus*. Entre as espécies nativas, a Corvina *Pachyurus adspersus* apresentou o maior recrutamento.

De forma similar, nas Lagoas (Figura 16e) observou-se predomínio de espécies introduzidas no recrutamento e a ocorrência de somente duas espécies nativas. O Jacundá *Saxatilia lepidota* e Acará *Aequidens* cf. *plagiozonatus* foram as espécies introduzidas mais representativas.

Por fim, na Foz do rio Doce (Figura 16f), o recrutamento foi predominantemente constituído por espécies nativas, com destaque para Tainha *Mugil curema*, embora os valores de recrutamento tenham permanecido abaixo de 190 indivíduos.

Os padrões de recrutamento observados neste monitoramento indicam que a história de vida e estratégias reprodutivas de espécies introduzidas, como elevada fecundidade, período reprodutivo prolongado, elevada tolerância às variações ambientais e, em alguns casos, cuidado parental, podem favorecer seu estabelecimento, persistência e colonização em diferentes ambientes aquáticos (UETANABARO *et al.*, 1993; MELO *et al.*, 2011). Esse padrão foi evidenciado principalmente na Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Lagoas, onde espécies introduzidas apresentaram os maiores valores de recrutamento ao longo do período de monitoramento. Entre essas espécies, destacaram-se a Piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), as tilápias (*Oreochromis niloticus* e *Coptodon rendalli*), o Pacu-CD (*Metynnis lippincottianus*), o Jacundá (*Saxatilia lepidota*) e os tucunarés (*Cichla monoculus* e *Cichla kelberi*), reconhecidos pelo elevado potencial invasor e pelos impactos negativos sobre as comunidades ícticas nativas (LATINI; PETRERE, 2004; AGOSTINHO *et al.*, 2008; VITULE, 2009). Os efeitos dessas espécies incluem competição por alimento e habitat, predação sobre ovos, larvas e juvenis, além de alterações na estrutura das comunidades aquáticas, podendo resultar na redução de populações nativas em diferentes bacias hidrográficas, incluindo a do rio Doce (PAUKERT; ROGERS, 2004; FRAGOSO-MOURA *et al.*, 2016; PELICICE *et al.*, 2017).

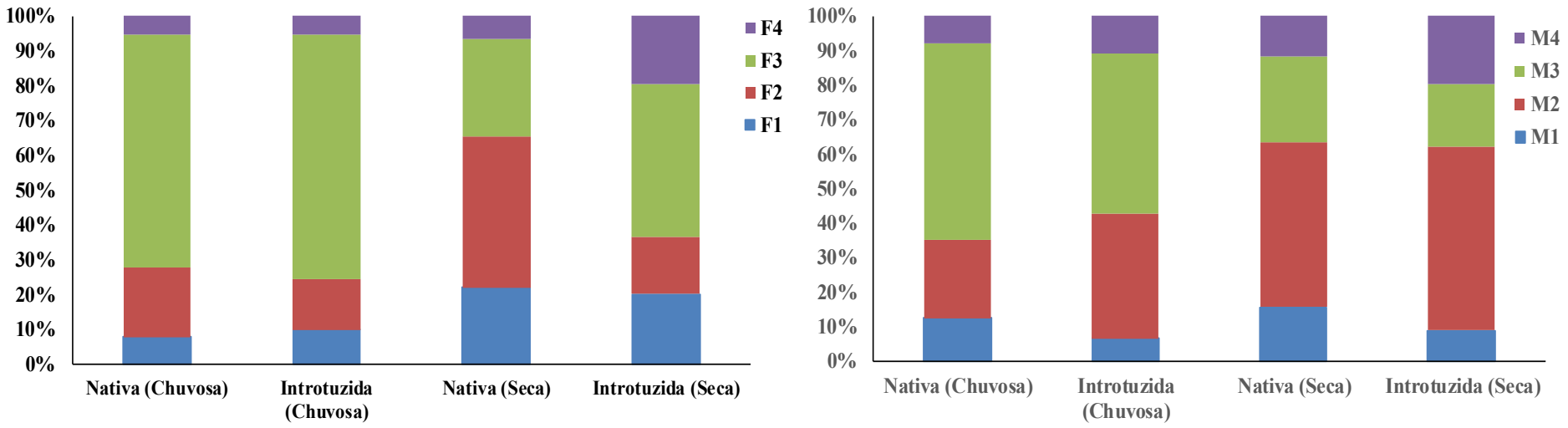
Os resultados obtidos neste monitoramento reforçam esse cenário, sobretudo nos ambientes mais impactados, onde o recrutamento de espécies introduzidas foi predominante. Adicionalmente, o recente registro do Pirarucu *Arapaima gigas* na bacia do rio Doce, observado em ambiente de lagoa marginal, representa um importante alerta ecológico para esses sistemas. A ocorrência dessa espécie não nativa de grande porte e devido ao seu elevado potencial invasor reforça a necessidade de monitoramento contínuo das lagoas da região, considerando os possíveis impactos sobre a ictiofauna nativa e a dinâmica ecológica desses ambientes (SOUZA *et al.,* 2026b).

Por outro lado, os Tributários e a Foz do rio Doce apresentaram maior representatividade de espécies nativas no recrutamento, indicando que esses ambientes podem atuar como importantes áreas de reprodução, desova, abrigo e desenvolvimento inicial de juvenis. A conectividade desses ambientes ao canal principal também representa um papel fundamental para o recrutamento e desenvolvimento inicial dessas espécies, sendo primordial para a conservação das espécies nativas no Baixo rio Doce (HAXTON *et al.,* 2008; ABDO *et al.,* 2018; PASCHOALINI *et al.,* 2019; BERNARDES *et al.,* 2021).

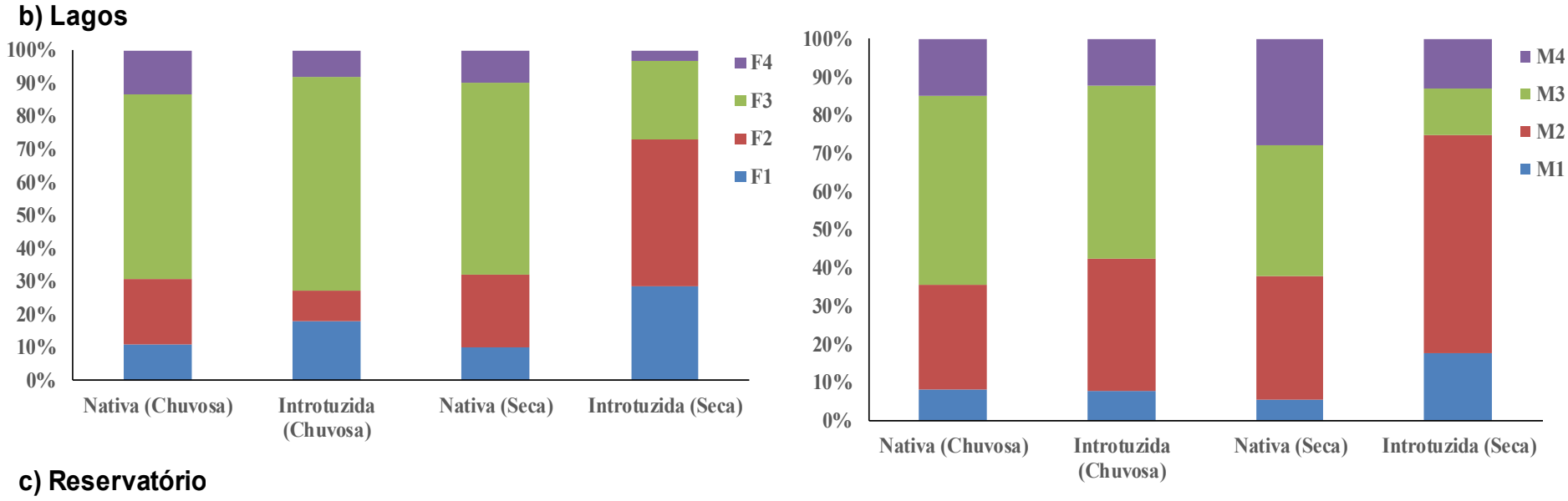
Em contraste com os ambientes mencionados anteriormente, a Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios e Lagoas apresentaram menor contribuição de recrutas nativos e maior predominância de espécies introduzidas, padrão que pode refletir o elevado grau de alteração ambiental desses sistemas, associado à pressão biológica exercida pelas espécies não nativas. A redução do recrutamento de espécies nativas nesses ambientes pode comprometer a renovação dos estoques pesqueiros e a manutenção das populações nativas a médio e longo prazo.

Figura 17: Frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas (F) e machos (M) nos períodos chuvoso e seco nas espécies de peixes 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/2026. F1/M1: repouso; F2/M2: em maturação; F3/M3: maduro; F4/M4: parcialmente ou totalmente desovado/espermiado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.

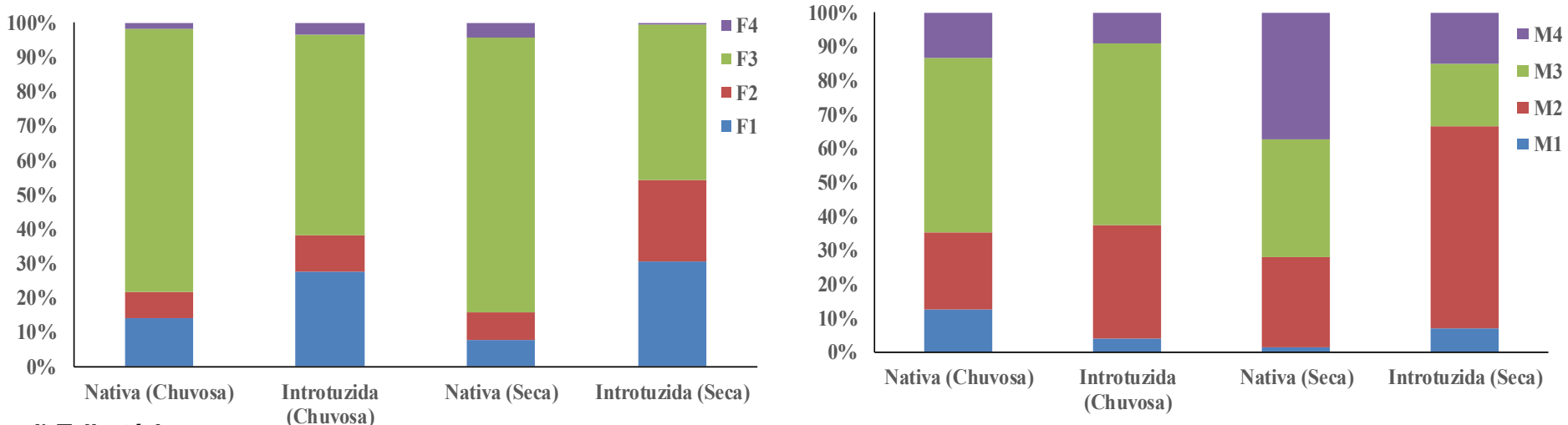
a) Calha do Rio Doce



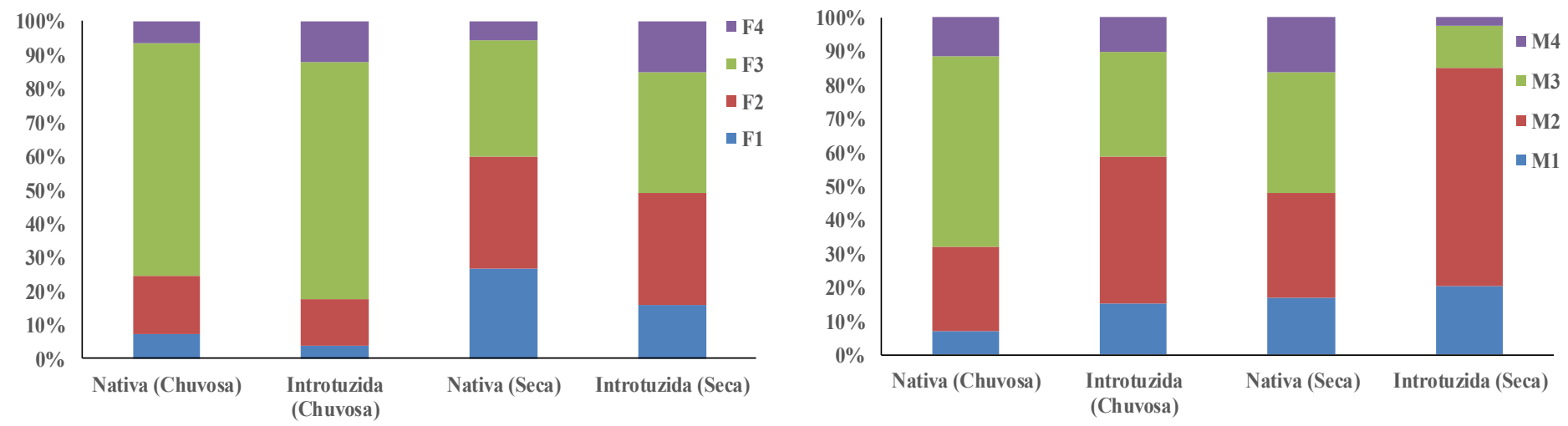
b) Lagos



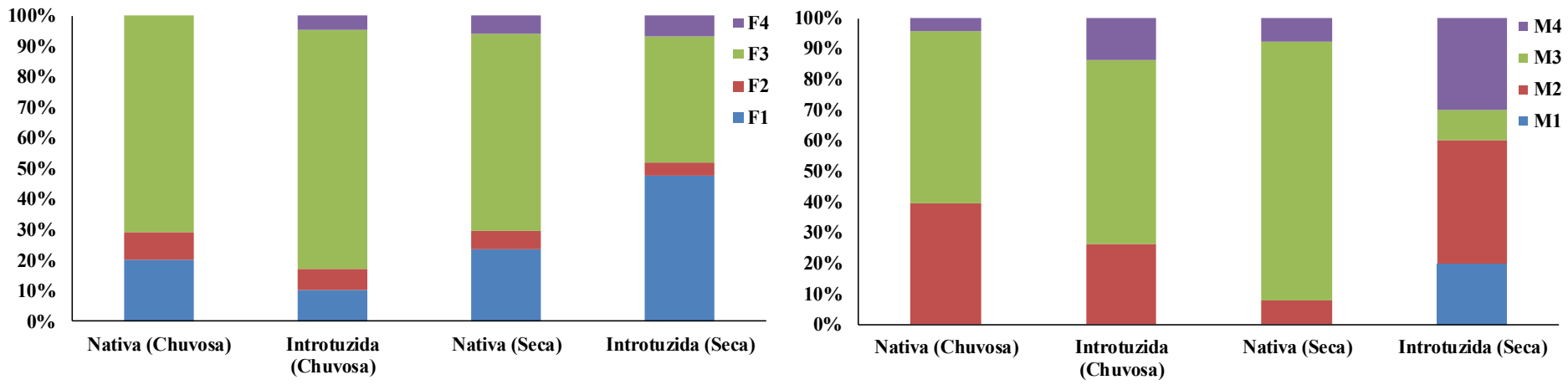
c) Reservatório



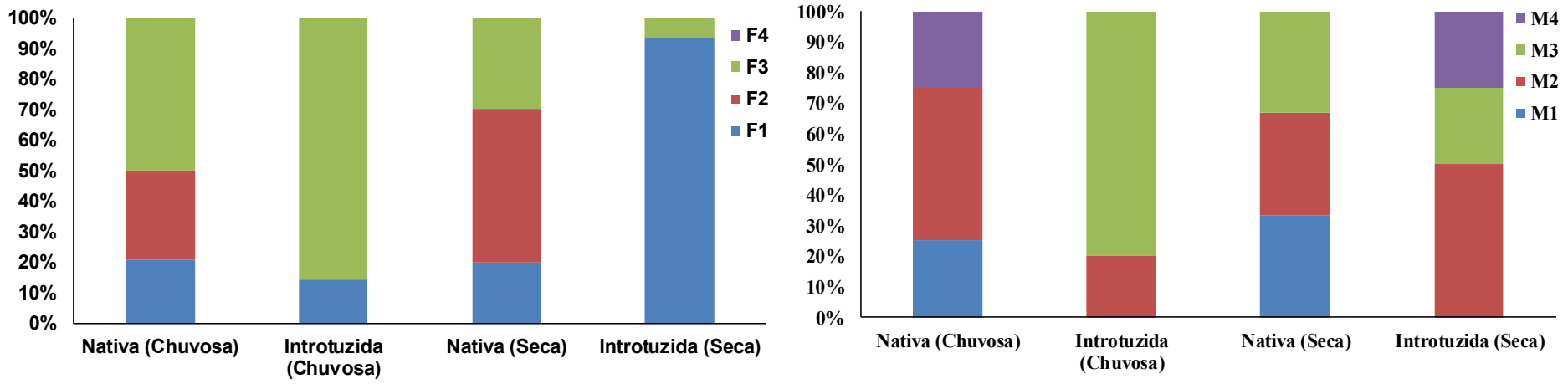
d) Tributário



e) Lagoas



f) Foz do rio Doce

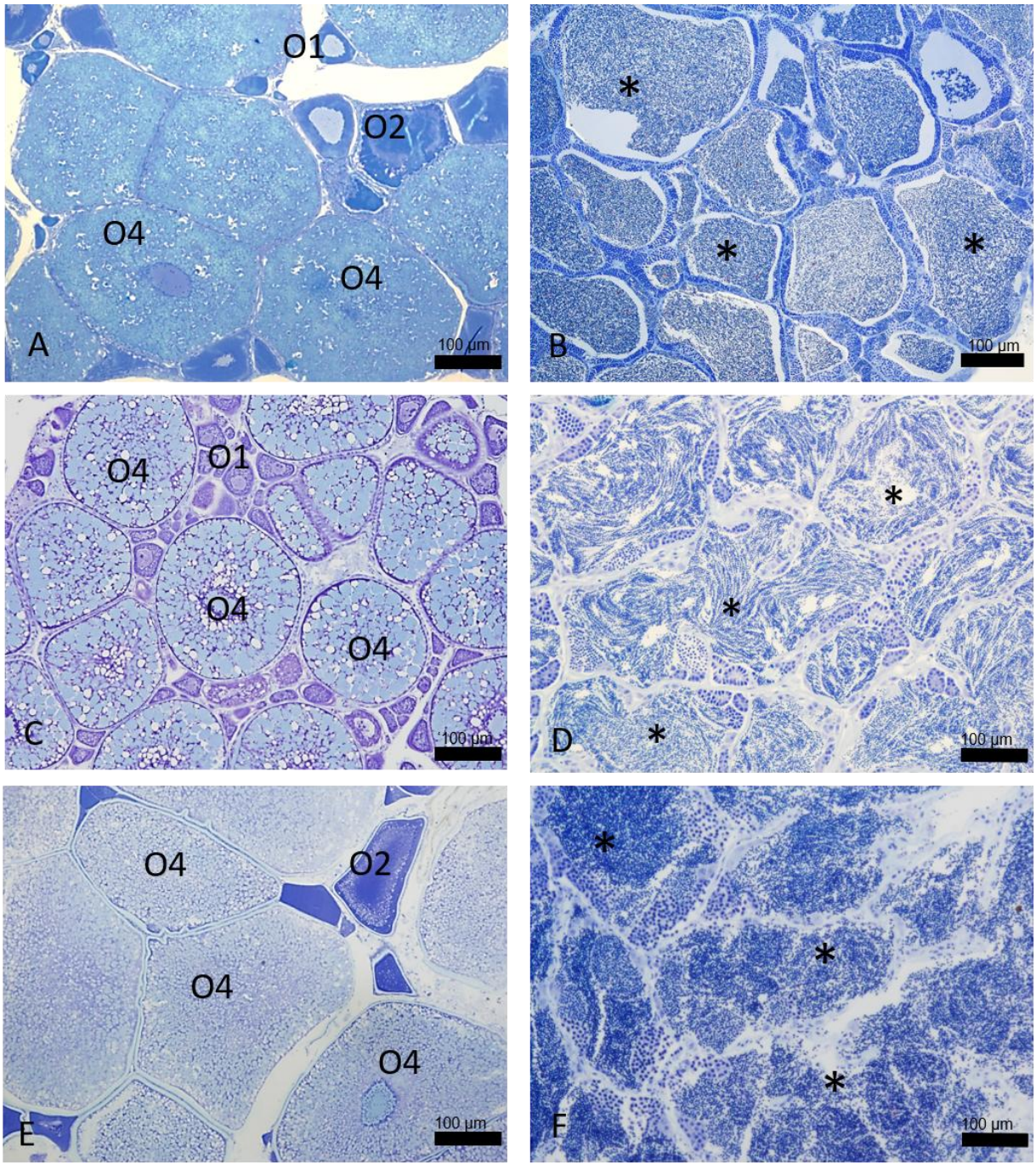


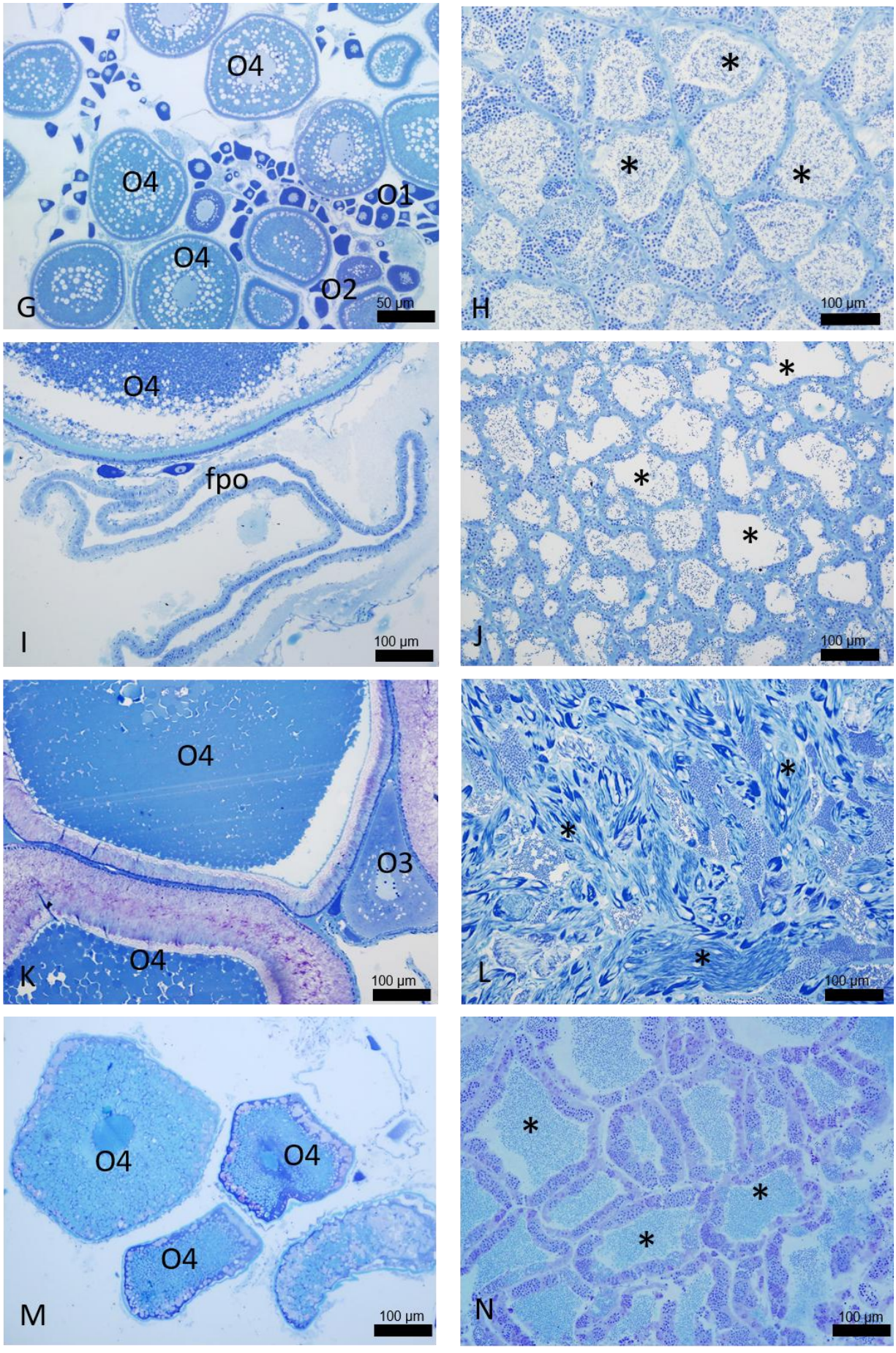
A frequência relativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) de fêmeas e machos variou entre os ambientes e períodos hidrológicos avaliados (Figura 17). De maneira geral, os estágios maduros (F3/M3) apresentaram maior frequência relativa em ambos os sexos e na maioria dos ambientes analisados, principalmente durante o período chuvoso. Nas fêmeas, o estágio maduro (F3) predominou, especialmente entre as espécies nativas na Calha do rio Doce, Lagos, Reservatórios, Tributários e Lagoas. Entre os machos, o estágio maduro (M3) também apresentou elevada frequência relativa na maior parte das áreas monitoradas durante os períodos chuvosos. Nos períodos secos, verificou-se o aumento relativo dos estágios iniciais de desenvolvimento gonadal, principalmente repouso e maturação inicial (F1/F2 e M1/M2), tanto para espécies nativas quanto introduzidas. Esse padrão foi mais pronunciado na Calha do rio Doce, Lagos e Tributários (Figura 17a, Figura 17b e Figura 17d). Em contrapartida, nos Reservatórios (Figura 17c), as espécies nativas mantiveram maior frequência relativa de indivíduos em estágios avançados de desenvolvimento gonadal (F3/F4), mesmo durante os períodos secos, indicando continuidade da atividade reprodutiva ao longo do ano.

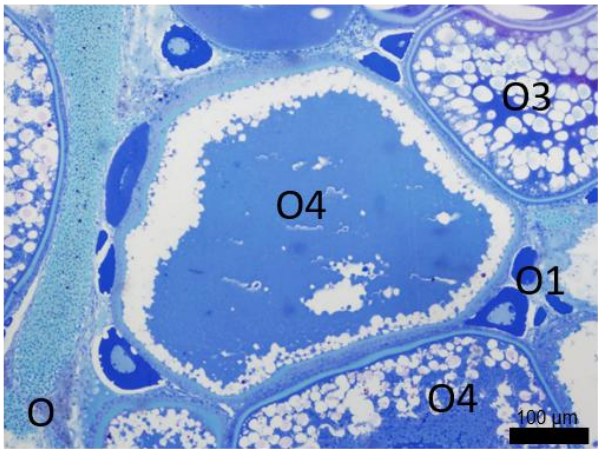
Nos Lagos e Reservatórios (Figura 17b e Figura 17c), as espécies nativas apresentaram maior frequência relativa de indivíduos maduros (F3/M3) quando comparadas às introduzidas. Por outro lado, na Calha do rio Doce, nos Tributários e nas Lagoas (Figura 17a, Figura 17d e Figura 17e), as espécies introduzidas apresentaram frequências relativamente mais elevadas de fêmeas desovadas (F4) em comparação às espécies nativas. Na Calha do rio Doce e nas Lagoas, os machos introduzidos também apresentaram maior frequência relativa do estágio espermiado (M4). Nos ambientes de Lagoas e Foz do rio Doce (Figura 17e e Figura 17f), incorporados mais recentemente ao monitoramento, o número amostral ainda é insuficiente para inferências robustas sobre a frequência relativa dos EMG. Ainda assim, observa-se tendência de ocorrência dos estágios em maturação (F2/M2), maduros (F3/M3) e desovados/espermiados (F4/M4), principalmente durante o período chuvoso, corroborando o padrão reprodutivo geral esperado para espécies neotropicais.

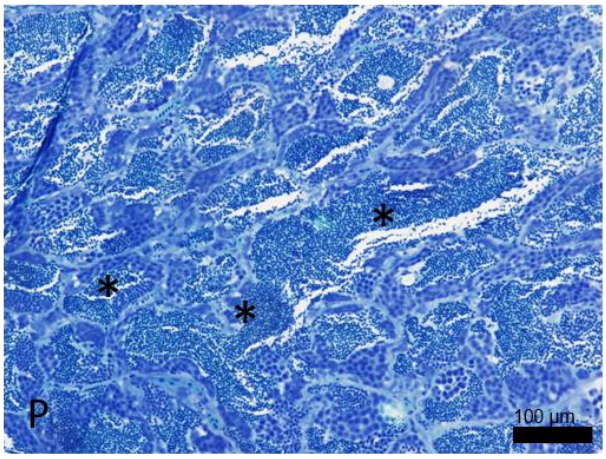
Os padrões observados corroboram a influência de fatores abióticos, como aumento da temperatura, fotoperíodo, pluviometria e condições físico-químicas favoráveis durante o período chuvoso, os quais atuam como estímulos para o início da maturação gonadal e dos eventos reprodutivos em peixes neotropicais (LOWE-MCCONNEL, 1987; VAZZOLER, 1996; NASCIMENTO *et al.*, 2020; DINIZ *et al.*, 2023; MARCON *et al.*, 2025; DA SILVA *et al.*, 2026). Além dos fatores abióticos, a disponibilidade e a diversidade de recursos alimentares também podem exercer papel importante no aporte energético necessário para o desenvolvimento gonadal e o sucesso reprodutivo das espécies, especialmente em ambientes sujeitos a variações sazonais e ambientais, conforme observado recentemente por Coelho *et al.* (2026) no baixo rio Doce. A ocorrência de indivíduos em todos os estágios de desenvolvimento gonadal ao longo de todo o monitoramento evidencia atividade reprodutiva contínua tanto para espécies nativas quanto introduzidas (MELO *et al.*, 2017; DOS SANTOS *et al.*, 2019; MARCON *et al.*, 2025). Contudo, as diferenças observadas entre os ambientes sugerem respostas distintas das espécies às condições ecológicas locais. Nos Lagos e Reservatórios, a maior frequência relativa de indivíduos maduros entre as espécies nativas sugere condições mais favoráveis para a manutenção de suas populações nesses ambientes. Por outro lado, na Calha do rio Doce, nos Tributários e nas Lagoas, as espécies introduzidas apresentaram maior frequência de indivíduos desovados e espermiados, indicando maior sucesso reprodutivo e potencial capacidade de estabelecimento e expansão populacional. Esse cenário pode representar um fator adicional de pressão sobre as espécies nativas, especialmente em ambientes mais sujeitos a alterações ambientais. De forma geral, o panorama reprodutivo das assembleias de peixes dulcícolas do Baixo rio Doce demonstra que tanto espécies nativas quanto introduzidas mantêm atividade reprodutiva ao longo do ciclo hidrológico, com intensificação durante o período chuvoso. Entretanto, os resultados indicam vantagem reprodutiva relativa das espécies introduzidas em determinados ambientes, principalmente na Calha do rio Doce e nos Tributários, o que pode favorecer processos de estabelecimento, colonização e competição ecológica. Em contrapartida, ambientes lênticos, como Lagos e Reservatórios, ainda parecem desempenhar papel importante na manutenção da dinâmica reprodutiva das espécies nativas.

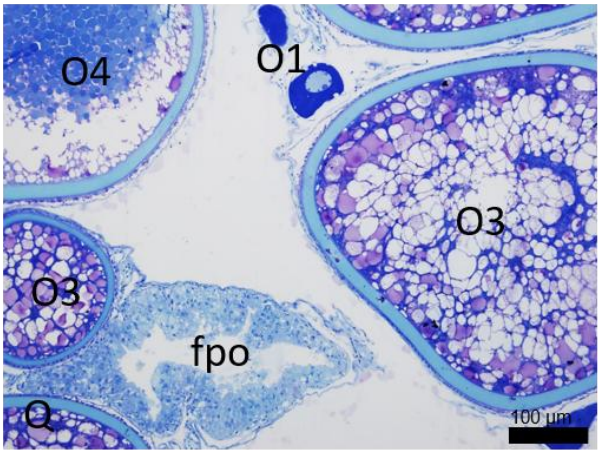
Figura 18: Características morfológicas de ovários e testículos em diferentes espécies de peixes nativas e introduzidas no Baixo rio Doce que alcançaram o estágio de maturação gonadal (EMG) maduro (F3/M3) ou desovado/espermiado (F4/M4). Nos ovários, há presença de ovócito perinucleolar inicial (O1), ovócito perinucleolar avançado (O2), ovócito pré-vitelogênico (O3), ovócito vitelogênico (O4) e folículo pós ovulatório (fpo). Nos testículos, o EMG maduro (M3) é caracterizado pela presença de espermatozoides (*) ocupando os túbulos seminíferos, enquanto no espermiado (M4) há poucos espermatozoides (*) no lúmen amplo dos túbulos seminíferos. *Astyanax lacustris:* A) Fêmea, B) Macho; *Awaous tajasica:* C) Fêmea, D) Macho; *Deuterodon intermedius*: E) Fêmea, F) Macho; *Bairdiella goeldi:* G) Fêmea, H) Macho; *Loricariichthys castaneus:* I) Fêmea J) Macho; *Trachelyopterus striatulus*: K) Fêmea, L) Macho; *Knodus moenkhausii:* M) Fêmea, N) Macho; *Hoplosternum littorale:* O) Fêmea, P) Macho; *Metynnis lippincottianus*: Q) Fêmea, R) Macho; *Pygocentrus nattereri:* S) Fêmea, T) Macho; *Pimelodus maculatus:* U) Fêmea, V) Macho; *Prochilodus costatus*: W) Fêmea, X) Macho.

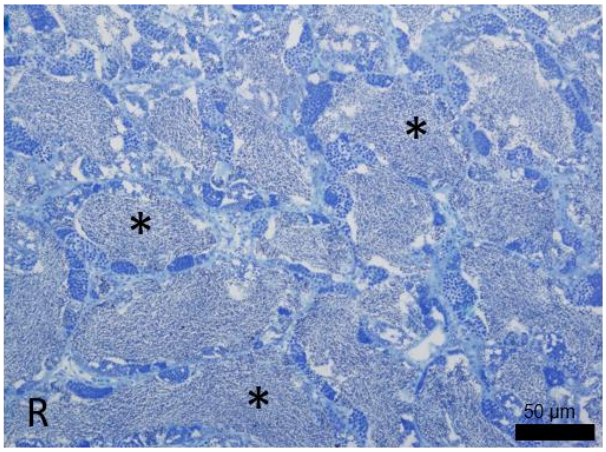


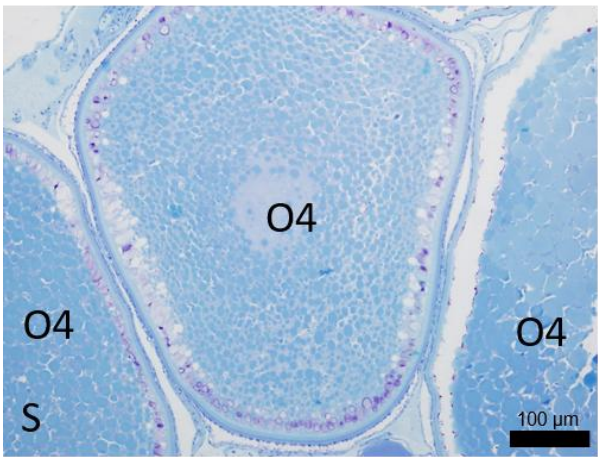

O4
O4
O1
O4
O2
G
50 µm
H
100 µm
O4
fpo
I
100 µm
J
100 µm
O4
O3
O4
K
100 µm
L
100 µm
O4
O4
O4
M
100 µm
N
100 µm

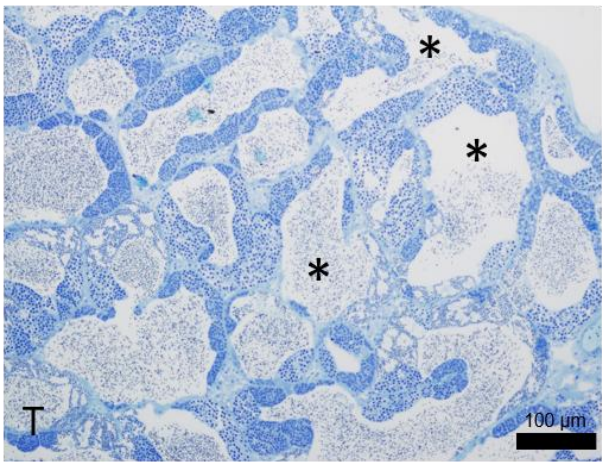

O3
O4
O1
O4
O
100 µm

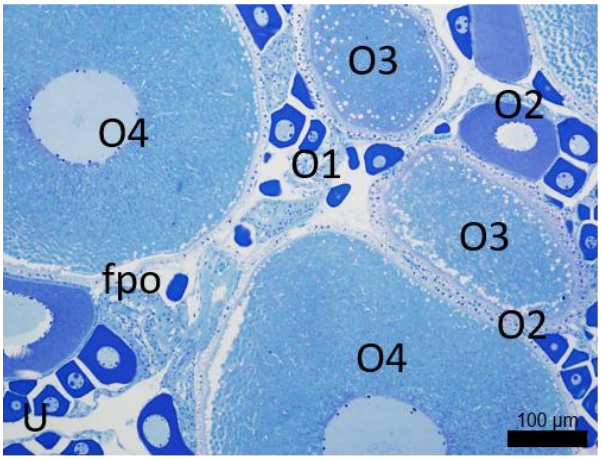

*
*
*
P
100 µm

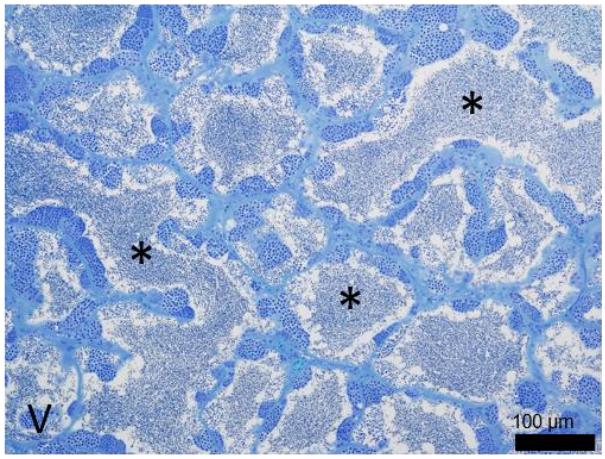

O4
O1
O3
O3
fpo
Q
100 µm

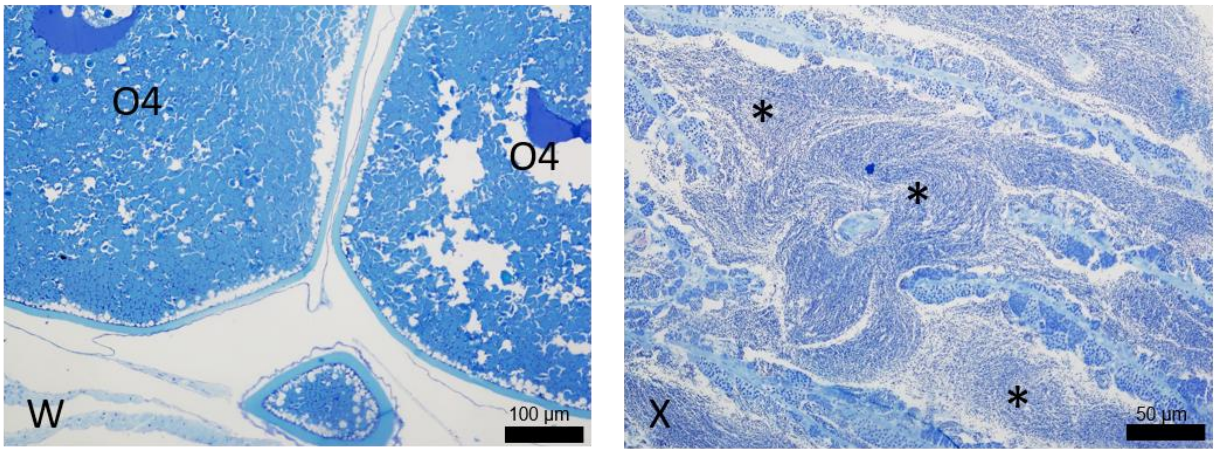

*
*
*
R
50 µm


O4
O4
O4
S
100 µm


*
*
*
T
100 µm


O3
O2
O4
O1
O3
fpo
O2
O4
U
100 µm

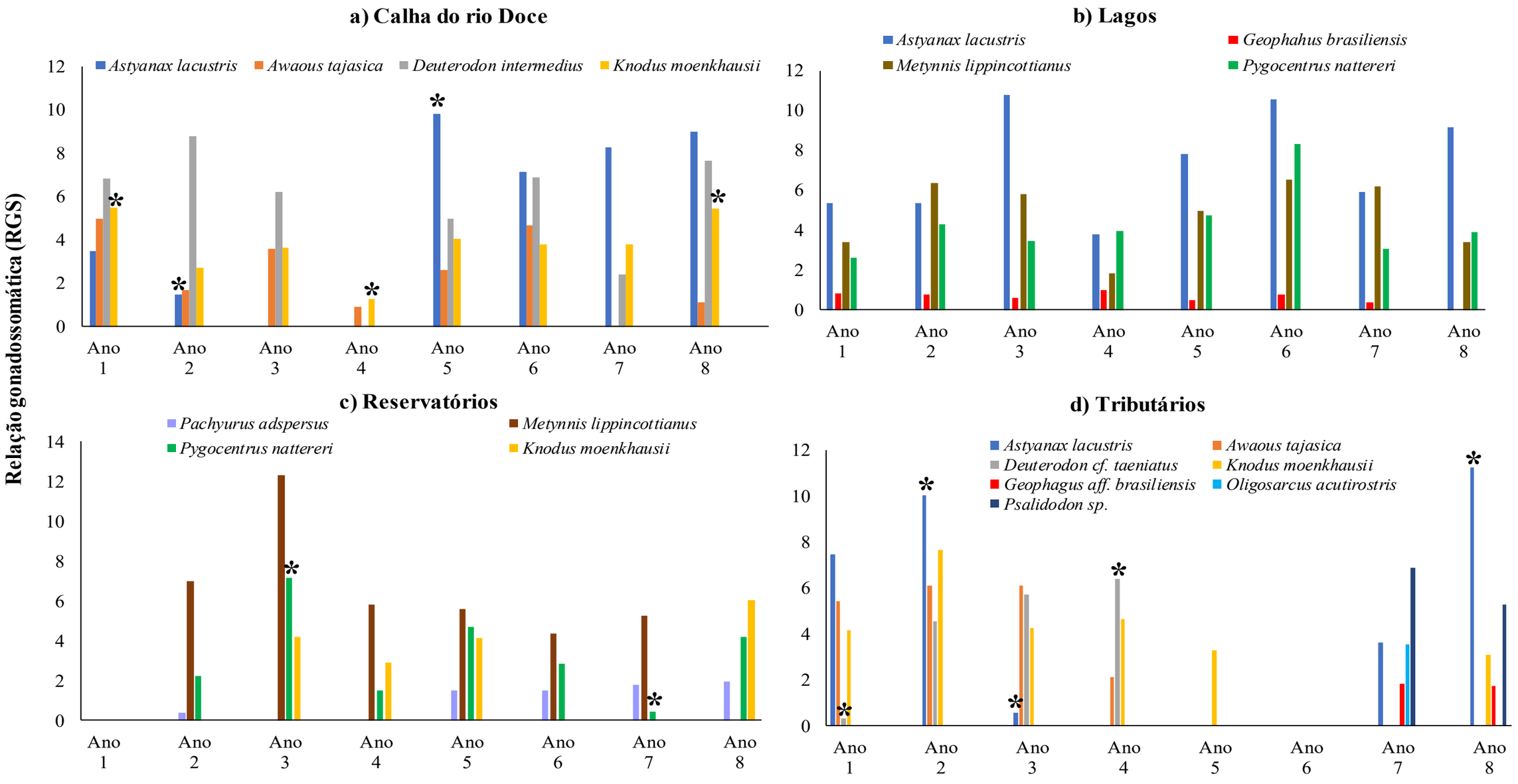

*
*
*
V
100 µm

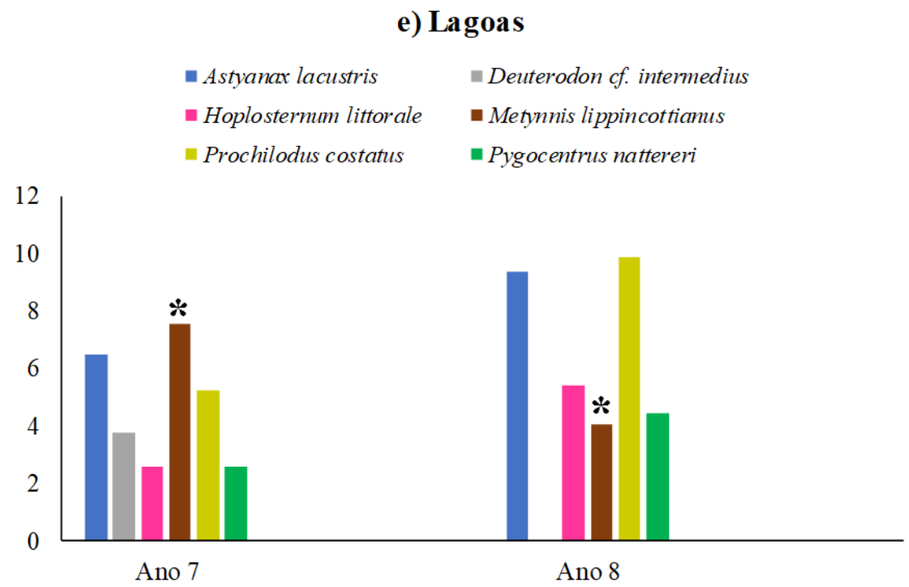


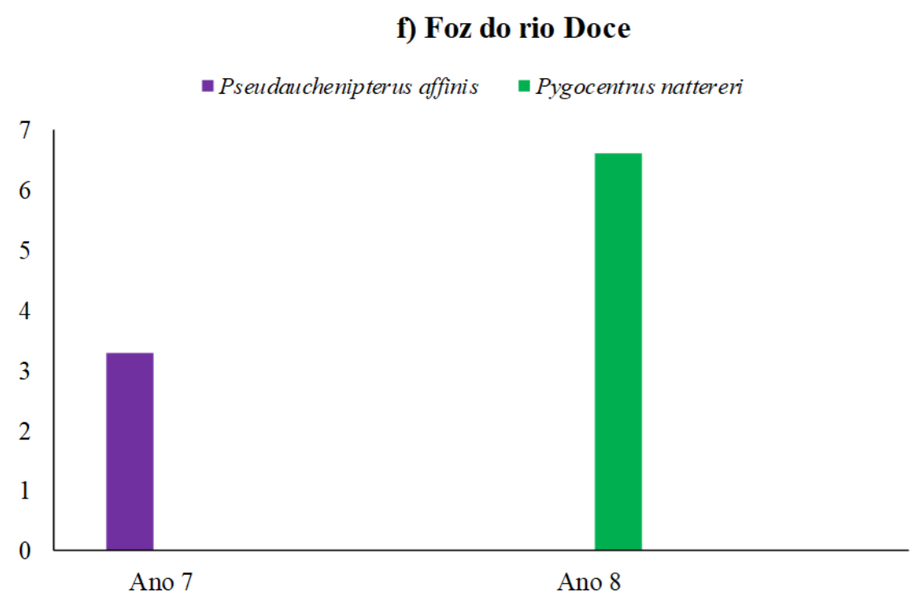
As características morfológicas observadas nas gônadas de diferentes espécies ao longo de todo o monitoramento (outubro/2018 a janeiro/2026) apresentaram, de modo geral, padrões compatíveis com os diferentes estágios de desenvolvimento gonadal (VAZZOLER, 1996; MELO *et al.*, 2017; MARCON *et al.*, 2025; DA SILVA *et al.*, 2026) (Figura 18). Contudo, no Ano 5 foram registradas alterações morfológicas pontuais, semelhantes às descritas em estudos realizados em ambientes contaminados por metais pesados (PASCHOALINI *et al.*, 2019; SAVASSI *et al.*, 2016, 2020; FERREIRA *et al.*, 2020). Especificamente para o Baixo rio Doce, Merçon *et al.* (2022) também relataram alterações gonadais no Lambari *Astyanax lacustris*, associadas às elevadas concentrações de metais na água, principalmente alumínio e ferro, reforçando a possibilidade de influência de contaminantes sobre as características morfológicas gonadais, uma vez que alterações reprodutivas podem constituir importantes biomarcadores ambientais (BROWN-PETERSON *et al.*, 2011) da qualidade ambiental e dos efeitos subletais da contaminação sobre as assembleias ícticas. Embora as alterações histopatológicas tenham sido registradas apenas no Ano 5, sua ocorrência reforça a importância do monitoramento contínuo da biota aquática para a identificação precoce de tendências de resposta de espécies ou de grupos de espécies, como reação aos impactos ambientais. De modo geral, a baixa frequência e a ausência de recorrência dessas alterações sugerem condições ambientais favoráveis à manutenção da saúde reprodutiva dos peixes nos ambientes avaliados.

3.10 RELAÇÃO GONADOSSOMÁTICA (RGS)

Figura 19: Valores da relação gonadossomática (RGS) das espécies de peixes 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 e janeiro/2026. (*) representa diferença estatística significativa entre os Anos (P< 0,05). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme indicado no Quadro 1.







*Durante as análises do RA2025, os cálculos e os dados foram revisados e ajustados. Em comparação com o RS2025, podem ser observadas pequenas diferenças nos valores, que, contudo, não alteram as tendências ou os padrões observados para a Relação Gonadossomática (RGS).

A relação gonadossomática (RGS) das espécies nativas mais abundantes em atividade reprodutiva nos períodos chuvosos apresentou padrões distintos entre os ambientes monitorados (Figura 19a-f). De maneira geral, observou-se tendência de aumento ou estabilidade da RGS no Ano 7 (outubro de 2024 a setembro de 2025), em continuidade ao padrão registrado nos Anos 5 e 6 (outubro de 2022 a setembro de 2024), quando comparados aos Anos 1 a 4 (outubro de 2018 a setembro de 2022). No entanto, a inclusão dos dados do Ano 8 evidenciou respostas específicas entre espécies e ambientes, indicando tanto manutenção quanto alterações na condição reprodutiva das populações avaliadas.

Na Calha do rio Doce (Figura 19a), a espécie de Lambari *Astyanax lacustris* apresentou aumento significativo da RGS a partir do Ano 5 ($P < 0,05$), atingindo seu maior valor nesse período. Embora tenha ocorrido uma redução discreta no Ano 6, os valores permaneceram elevados e superiores aos registrados nos primeiros anos do monitoramento, mantendo-se também altos nos Anos 7 e 8. Esse padrão indica manutenção da elevada atividade reprodutiva observada a partir do Ano 5. Para outra espécie de Lambari *Deuterodon intermedius*, verificou-se a redução da RGS no Ano 7 em relação aos anos anteriores, porém sem diferenças significativas, seguida pelo aumento no Ano 8, quando os valores voltaram a se aproximar daqueles registrados nos períodos iniciais do estudo. No Peixe-flor *Awaous tajasica*, o baixo número amostral no Ano 7 limita a interpretação dos padrões observados. Ainda assim, registrou-se o menor valor de RGS após o Ano 4, indicando sua redução em relação aos Anos 5 e 6. No Ano 8, observou-se um leve aumento, sugerindo uma retomada da atividade reprodutiva.

Entre as espécies introduzidas da Calha do rio Doce, o Lambari *Knodus moenkhausii* apresentou menor RGS no Ano 4 ($P < 0,05$), seguida de tendência de aumento e estabilização nos Anos 5, 6 e 7. No Ano 8, os valores permaneceram elevados e superiores aos dos Anos 4 a 7, indicando estabilidade da atividade reprodutiva da espécie.

No ambiente de Lagos (Figura 19b), *A. lacustris* apresentou os maiores valores de RGS ao longo do monitoramento, com picos nos Anos 3 e 6, seguido de redução nos Anos 4 e 7, embora mantendo, em geral, valores relativamente elevados. Por outro lado, *Geophagus* aff. *brasiliensis* apresentou baixos valores de RGS durante o monitoramento e compatíveis com os padrões reprodutivos descritos para a espécie; porém no Ano 8, não houve número amostral suficiente para estimar esse parâmetro. Para *Metynnis lippincottianus*, a RGS permaneceu relativamente estável entre todos os anos, incluindo o Ano 8, caracterizando alto grau de estabilidade da condição gonadal da espécie. A Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri* apresentou aumento da RGS até o Ano 6, seguido de redução no Ano 7 e discreto aumento no Ano 8, porém sem tendência consistente de aumento ou redução ao longo do período avaliado.

Nos Reservatórios (Figura 19c), a Corvina *Pachyurus adspersus* apresentou baixos valores de RGS ao longo do monitoramento, porém com discreto aumento no Ano 8 em relação ao Ano 7. O Pacu-CD *Metynnis lippincottianus* apresentou os maiores valores de RGS nos Anos 2 e 3, especialmente no Ano 3. Após redução nos Anos 4 a 7, não houve registro de indivíduos da espécie no Ano 8. Para *Pygocentrus nattereri*, observou-se pico de RGS no Ano 3, seguido de redução nos anos posteriores. No Ano 7 ocorreu o menor valor registrado, com diferença significativa em relação aos anos anteriores ($P < 0,05$). As análises histológicas indicaram presença de folículos pós-ovulatórios, sugerindo atividade reprodutiva recente e redução do peso gonadal após a desova. No Ano 8, houve aumento da RGS em relação ao Ano 7, porém os valores permaneceram inferiores aos máximos observados anteriormente. Já *Knodus moenkhausii* apresentou tendência geral de aumento da RGS ao longo do monitoramento, com o maior valor registrado no Ano 8, indicando maior atividade reprodutiva no período recente.

Nos Tributários (Figura 19d), não foi possível estimar a RGS da maioria das espécies nativas nos Anos 5 e 6 devido ao número amostral insuficiente. Ao longo dos três primeiros anos do monitoramento, *Astyanax lacustris* apresentou redução significativa da RGS ($P < 0,05$). No Ano 7, observou-se retomada do aumento da RGS, embora sem diferenças significativas em relação aos anos anteriores. No Ano 8, esse aumento tornou-se significativo ($P < 0,05$), sendo registrados os maiores valores de RGS para a espécie no ambiente Tributários. Para *Deuterodon* cf. *taeniatus*, foram observados valores mais elevados de RGS nos Anos 2, 3 e 4 em relação ao Ano 1 ($P < 0,05$). Nos anos subsequentes, não houve número amostral suficiente para estimar esse parâmetro. Além disso, novas espécies nativas passaram a apresentar registros de RGS nos Anos 7 e 8, como *Psalidodon* sp., *Oligosarcus acutirostris* e *Geophagus* aff. *brasiliensis*, embora ainda sejam necessárias campanhas adicionais para permitir comparações temporais mais robustas. Para a espécie introduzida *Knodus moenkhausii*, os registros permaneceram limitados nos Anos 6 e 7. No Ano 8, entretanto, observou-se aumento da RGS em relação ao último período com dados disponíveis, indicando possível recuperação da atividade reprodutiva da espécie.

Em relação aos ambientes Lagoas e Foz do rio Doce (Figura 19e–f), no Ano 7 ainda não era possível realizar comparações temporais robustas da RGS devido ao ciclo reprodutivo incompleto das espécies registradas nesses ambientes. Entretanto, os dados do Ano 8 permitiram observar manutenção da atividade reprodutiva em Lagoas (Figura 19e), especialmente para *Astyanax lacustris*, *Hoplosternum littorale, Prochilodus costatus* e *Pygocentrus nattereri*, que apresentaram aumento da RGS em relação ao Ano 7. Por outro lado, *Metynnis lippincottianus* apresentou redução significativa da RGS no Ano 8 em comparação ao Ano 7. Na Foz do rio Doce (Figura 19), houve substituição das espécies registradas entre os anos avaliados, com *Pseudauchenipterus affinis* registrada no Ano 7, e *Pygocentrus nattereri* no Ano 8, impossibilitando análises comparativas temporais para esse ambiente.

Nos períodos chuvosos, os estágios reprodutivos tornam-se mais evidentes devido ao aumento do desenvolvimento gonadal e da vitelogênese, refletidos pelos maiores valores de RGS (VAZZOLER, 1996; BROWN-PETERSON *et al.*, 2011), além da maior presença de ovócitos vitelogênicos observados nas análises histológicas (RORIZ LEMES *et al*., 2017; DINIZ *et al*., 2023; MARCON *et al*., 2025; DA SILVA *et al*., 2026). Esses parâmetros são importantes indicadores da condição reprodutiva (VAZZOLER, 1996) e da qualidade ambiental (BROWN-PETERSON *et al.,* 2011), pois refletem o bem-estar, adaptação e sucesso reprodutivo das espécies.

De modo geral, tanto espécies nativas, como *Astyanax lacustris*, *Geophagus* aff. *brasiliensis*, *Pachyurus adspersus* e *Deuterodon intermedius*, quanto espécies introduzidas, como *Pygocentrus nattereri*, *Knodus moenkhausii* e *Metynnis lippincottianus*, apresentaram manutenção ou aumento da RGS ao longo do monitoramento, particularmente nos ambientes sob intensa influência antrópica, como áreas afetadas pelo MLD e barragens. Essa resposta reprodutiva pode refletir elevada plasticidade adaptativa das espécies frente às alterações ambientais em sistemas impactados por barramentos e outras ações antrópicas (ABDO *et al*., 2018; BEATTY *et al*., 2013; SAVASSI *et al*., 2016, 2020; FERREIRA *et al*., 2020; LATINI; PETRERE, 2004; MARCON *et al*., 2025). Portanto, os

resultados demonstram que a maioria das espécies avaliadas manteve condições reprodutivas adequadas ao longo dos anos, especialmente nos Anos 7 e 8, sugerindo plasticidade reprodutiva e capacidade adaptativa das espécies frente às variações ambientais e aos impactos antrópicos nos diferentes habitats monitorados.

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 do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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. SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Astyanax lacustris					
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)
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

Astyanax lacustris					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
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)
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)
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	0	NA	NA	NA
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)
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	LAL01	24	19,57 (2,44)	30,00 (8,90)	0,912 (0,495)
7	LLM03R	8	8,43 (3,50)	23,43 (10,76)	0,883 (0,504)
7	LMN02R	1	NA	NA	NA
7	LNV02R	35	18,57 (6,32)	28,42 (11,53)	0,885 (0,490)

Astyanax lacustris					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	RDO11	2	3,33 (0,81)	10,50 (8,78)	0,777 (0,574)
7	RDO12	9	10,42 (2,87)	27,85 (9,89)	0,927 (0,522)
7	RDO14	2	3,83 (0,40)	12,16 (9,19)	0,972 (0,701)
7	RDO15	11	10,00 (4,39)	19,14 (11,32)	0,912 (0,535)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	33	17,85 (9,02)	24,42 (12,55)	0,903 (0,488)
7	RMH01	1	NA	NA	NA
7	UHEAIM	2	3,42 (0,78)	9,14 (5,69)	0,944 (0,683)
7	UHEMAS	7	8,28 (2,43)	22,57 (9,28)	0,931 (0,545)
7	E27	24	18,42 (5,47)	30,57 (11,48)	0,901 (0,501)
8	LAL01	25	14,66 (6,56)	24,16 (13,58)	0,840 (0,510)
8	LLM03R	10	7,16 (2,13)	17,00 (7,64)	0,819 (0,516)
8	LMN02R	3	3,66 (1,36)	11,50 (10,84)	0,900 (0,612)
8	LNV02R	16	10,33 (2,25)	21,16 (10,30)	0,847 (0,520)
8	RDO11	0	NA	NA	NA
8	RDO12	15	14,16 (3,60)	24,16 (12,82)	0,927 (0,536)
8	RDO14	10	10,33 (2,50)	24,66 (13,73)	0,931 (0,621)
8	RDO15	18	14,00 (5,02)	21,66 (11,21)	0,892 (0,500)
8	RDO16	1	NA	NA	NA
8	RGU02	7	8,16 (2,71)	19,33 (10,80)	0,894 (0,526)
8	RMH01	1	NA	NA	NA
8	UHEAIM	0	NA	NA	NA
8	UHEMAS	0	NA	NA	NA
8	E27	1	NA	NA	NA

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 2,33 até um máximo de 21,83, sendo que a maior variação no número de alelos entre pontos foi no Ano 7. 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, 7 e 8. 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 as duas primeiras coletas do Ano 8.

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 quatro últimos anos do monitoramento, não houve variação da diversidade gênica. Essa estabilidade neste 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 dos rios Manhuaçu e Guandu desaguarem no reservatório de Mascarenhas, os quais não foram impactados pelo MLD e podem, teoricamente, apresentar níveis elevados de diversidade genética.

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Deuterodon* cf. *intermedius* em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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. SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Deuterodon* cf. *intermedius					
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	P4B	0	NA	NA	NA
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

Deuterodon cf. *intermedius*					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
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)
4	P9	0	NA	NA	NA
4	P10	0	NA	NA	NA
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	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	LAL01	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	LNV02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA
7	RDO12	15	13,85 (4,70)	12,85 (4,70)	0,927 (0,608)
7	RDO14	4	5,42 (1,71)	13,85 (5,69)	0,919 (0,591)
7	RDO15	14	14,42 (4,75)	21,57 (8,65)	0,929 (0,538)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA

Deuterodon cf. *intermedius*					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	UHEAIM	0	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	0	NA	NA	NA
8	LAL01	2	3,50 (1,00)	10,00 (7,70)	1,000 (0,781)
8	LLM03R	0	NA	NA	NA
8	LMN02R	0	NA	NA	NA
8	LNV02R	0	NA	NA	NA
8	RDO11	0	NA	NA	NA
8	RDO12	10	10,42 (3,30)	13,57 (5,59)	0,916 (0,524)
8	RDO14	0	NA	NA	NA
8	RDO15	2	3,00 (0,81)	7,00 (5,32)	0,833 (0,610)
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	1	NA	NA	NA
8	RMH01	0	NA	NA	NA
8	UHEAIM	0	NA	NA	NA
8	UHEMAS	0	NA	NA	NA
8	E27	0	NA	NA	NA

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 3,00 até um máximo de 22,50, sendo que a maior variação no número de alelos entre os pontos foi observada no Ano 4, seguida pelo Ano 5. A partir do Ano 6 essa variação diminui voltando aos níveis observados no início do monitoramento. No Ano 7 essa variação aumenta, porém, esse aumento está relacionado ao baixo N amostral no ponto RDO14 (apenas quatro indivíduos), comparado com os pontos LAL01, RDO12 e RDO15, nos quais o N amostral foi maior (14 e 15 indivíduos). O tamanho dos alelos teve maior variação também no Ano 4, porém, no geral, a variação no tamanho dos alelos foi constante em todos os anos do monitoramento para essa espécie.

Na diversidade gênica, observou-se moderados níveis em todos os anos, com aumento significativo deste 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), Ano 7 (pontos RDO15 e RDO12) e Ano 8 (ponto LAL01). No entanto, essa alta diversidade do ponto LAL01 no Ano 8 pode mudar com a adição de mais indivíduos nas próximas coletas desse período. 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, que permanece até às duas primeiras coletas do Ano 8.

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Geophagus* aff. *brasiliensis* em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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. SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Geophagus* aff. *brasiliensis					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**No médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	27	4,20 (2,17)	7,20 (2,86)	0,488 (0,373)
1	P3	26	5,00 (1,58)	10,40 (3,78)	0,413 (0,295)
1	P4B	0	NA	NA	NA
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)

Geophagus aff. *brasiliensis*					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**No médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
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)
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)
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	0	NA	NA	NA
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	LAL01	0	NA	NA	NA
7	LLM03R	18	8,50 (1,69)	10,12 (1,96)	0,777 (0,459)
7	LMN02R	1	NA	NA	NA
7	LNV02R	3	4,75 (1,61)	6,87 (3,72)	0,908 (0,572)
7	RDO11	2	3,25 (0,88)	3,75 (2,18)	0,904 (0,648)

Geophagus aff. *brasiliensis*					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**No médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	3	3,33 (1,21)	4,00 (2,96)	0,640 (0,443)
7	RDO15	7	3,87 (1,45)	8,25 (5,77)	0,635 (0,381)
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	26	9,87 (2,90)	11,75 (5,06)	0,828 (0,480)
7	RMH01	1	NA	NA	NA
7	UHEAIM	1	NA	NA	NA
7	UHEMAS	0	NA	NA	NA
7	E27	0	NA	NA	NA
8	LAL01	0	NA	NA	NA
8	LLM03R	0	NA	NA	NA
8	LMN02R	0	NA	NA	NA
8	LNV02R	1	NA	NA	NA
8	RDO11	0	NA	NA	NA
8	RDO12	0	NA	NA	NA
8	RDO14	0	NA	NA	NA
8	RDO15	4	5,12 (2,16)	7,25 (4,26)	0,880 (0,542)
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	19	6,75 (3,32)	7,87 (5,33)	0,747 (0,443)
8	RMH01	3	4,00 (1,19)	5,37 (3,06)	0,819 (0,527)
8	UHEAIM	0	NA	NA	NA
8	UHEMAS	0	NA	NA	NA
8	E27	0	NA	NA	NA

Para o 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, 6, 7 e 8) (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 que se mantém até o Ano 8.

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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. SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Hoplias malabaricus					
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	P4B	0	NA	NA	NA
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

Hoplias malabaricus					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
4	P4	0	NA	NA	NA
4	P5	11	4,57 (0,97)	3,42 (1,13)	0,737 (0,414)
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)
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	0	NA	NA	NA
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	LAL01	1	NA	NA	NA
7	LLM03R	9	4,50 (1,30)	3,62 (1,50)	0,787 (0,452)
7	LMN02R	2	3,28 (0,75)	3,00 (1,52)	0,916 (0,665)
7	LNV02R	1	NA	NA	NA
7	RDO11	1	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	RDO12	0	NA	NA	NA
7	RDO14	2	3,14 (0,38)	3,14 (1,21)	0,857 (0,617)
7	RDO15	0	NA	NA	NA
7	RDO16	0	NA	NA	NA
7	RGU02	3	2,87 (0,83)	2,00 (1,07)	0,705 (0,46)
7	RMH01	1	NA	NA	NA
7	UHEAIM	3	2,87 (0,64)	2,37 (1,30)	0,700 (0,45)
7	UHEMAS	3	3,00 (1,00)	2,43 (1,13)	0,744 (0,49)
7	E27	1	NA	NA	NA
8	LAL01	1	NA	NA	NA
8	LLM03R	1	NA	NA	NA
8	LMN02R	1	NA	NA	NA
8	LNV02R	2	2,83 (0,75)	2,33 (1,21)	0,805 (0,592)
8	RDO11	0	NA	NA	NA
8	RDO12	1	NA	NA	NA
8	RDO14	0	NA	NA	NA
8	RDO15	0	NA	NA	NA
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	1	NA	NA	NA
8	RMH01	0	NA	NA	NA
8	UHEAIM	1	NA	NA	NA
8	UHEMAS	1	NA	NA	NA
8	E27	0	NA	NA	NA

Na Traíra *Hoplias malabaricus,* os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8) (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 necessário nunca tenha sido alcançado para essa espécie durante todos os anos de monitoramento. Apesar de oito pontos no Ano 7 não terem o N amostral suficiente para calcular a diversidade gênica (0 e 1), nos outros seis pontos esse índice foi alto, mesmo com N amostral pequeno (variando de dois a nove). Nas duas primeiras coletas do Ano 8, o N amostral foi muito baixo, não permitindo o cálculo da diversidade para a maioria dos pontos. Apenas no ponto LNV02R foi possível esse cálculo e o índice de diversidade gênica permaneceu estável.

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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.SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Knodus moenkhausii					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
1	P1	29	5,00 (1,85)	5,50 (2,39)	0,495 (0,315)
1	P2	27	4,11 (1,83)	4,33 (2,17)	0,528 (0,308)
1	P3	28	5,12 (2,16)	5,37 (2,87)	0,535 (0,335)
1	P4B	0	NA	NA	NA
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)

Knodus moenkhausii					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
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
4	P10	1	NA	NA	NA
4	P11	4	4,00 (1,19)	6,67 (2,07)	0,763 (0,462)
4	P12	0	NA	NA	NA
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	LAL01	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	LNV02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	0	NA	NA	NA

Knodus moenkhausii					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	RDO12	34	8,87 (4,15)	9,12 (6,10)	0,764 (0,446)
7	RDO14	6	5,12 (1,45)	8,50 (6,84)	0,763 (0,465)
7	RDO15	20	8,62 (3,62)	9,87 (6,08)	0,806 (0,457)
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)
8	LAL01	3	3,37 (1,06)	3,25 (1,98)	0,777 (0,511)
8	LLM03R	2	2,57 (0,78)	3,28 (2,43)	0,766 (0,579)
8	LMN02R	0	NA	NA	NA
8	LNV02R	0	NA	NA	NA
8	RDO11	15	5,87 (2,74)	6,37 (4,71)	0,818 (0,482)
8	RDO12	22	7,00 (2,50)	7,12 (3,90)	0,812 (0,474)
8	RDO14	15	6,25 (2,86)	6,75 (4,40)	0,789 (0,467)
8	RDO15	24	7,12 (3,31)	6,37 (3,73)	0,821 (0,477)
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	0	NA	NA	NA
8	RMH01	15	6,87 (3,35)	6,37 (3,92)	0,825 (0,485)
8	UHEAIM	5	3,87 (1,80)	4,50 (4,30)	0,816 (0,518)
8	UHEMAS	15	5,87 (1,88)	6,25 (3,57)	0,810 (0,478)
8	E27	0	NA	NA	NA

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, 6, 7 e 8) (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, melhorando no Ano 8. 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, *K. moenkhausii* é considerada uma espécie introduzida na bacia do rio Doce (ver Seção 2.3.2 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, as quais apresentam pequenas populações iniciais, com consequentes gargalos na sua diversidade genética.

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) 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.SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Pachyurus adspersus					
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	P4B	0	NA	NA	NA
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)

Pachyurus adspersus					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**No médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
4	P5	9	4,85 (1,06)	4,42 (1,39)	0,764 (0,432)
4	P6	0	NA	NA	NA
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
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	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	LAL01	0	NA	NA	NA
7	LLM03R	0	NA	NA	NA
7	LMN02R	0	NA	NA	NA
7	LNV02R	0	NA	NA	NA
7	RDO11	5	3,14 (0,90)	2,43 (1,13)	0,685 (0,413)
7	RDO12	16	3,43 (0,78)	2,43 (0,79)	0,651 (0,365)
7	RDO14	30	4,00 (1,15)	3,00 (1,15)	0,673 (0,370)
7	RDO15	25	4,00 (1,15)	3,00 (1,15)	0,654 (0,362)
7	RDO16	5	3,43 (0,79)	2,43 (0,79)	0,701 (0,422)

Pachyurus adspersus					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**No médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	RGU02	0	NA	NA	NA
7	RMH01	0	NA	NA	NA
7	UHEAIM	8	3,43 (1,40)	2,57 (1,40)	0,656 (0,399)
7	UHEMAS	13	3,57 (0,97)	2,71 (1,25)	0,626 (0,373)
7	E27	0	NA	NA	NA
8	LAL01	0	NA	NA	NA
8	LLM03R	0	NA	NA	NA
8	LMN02R	0	NA	NA	NA
8	LNV02R	0	NA	NA	NA
8	RDO11	4	2,71 (0,75)	1,85 (0,69)	0,671 (0,437)
8	RDO12	14	3,42 (0,97)	2,57 (1,27)	0,662 (0,390)
8	RDO14	15	3,57 (1,27)	2,57 (1,27)	0,658 (0,387)
8	RDO15	1	NA	NA	NA
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	0	NA	NA	NA
8	RMH01	0	NA	NA	NA
8	UHEAIM	17	3,14 (1,06)	2,28 (1,38)	0,645 (0,460)
8	UHEMAS	2	2,66 (0,81)	1,66 (0,81)	0,666 (0,492)
8	E27	0	NA	NA	NA

Os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8) (Tabela 10). De forma geral, na Corvina *Pachyurus adspersus,* o número de alelos variou pouco, de 2,66 a 6,33, sendo que a menor variação no número de alelos entre pontos foi nos Anos 4, 5, 6, 7 e 8. 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 P4B, P6, P7, P9, P10, P11, E27, LAL01, LMN02R, LLM03R, LNV02R, RGU02 e RMH01, onde o número de amostras não foi satisfatório ou não foi coletado, o N amostral foi adequado para uma análise populacional. Somente no Ano 1, os pontos P6 e P7 tiveram um número amostral adequado para análises populacionais. 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 8, 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 do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. O número de indivíduos genotipados (N) em cada um dos pontos de coleta, também é especificado. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.SD = desvio padrão. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Poecilia vivipara					
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	0	NA	NA	NA
1	P3	0	NA	NA	NA
1	P4B	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

Poecilia vivipara					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
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
4	P10	31	2,50 (0,70)	1,50 (0,70)	0,238 (0,200)
4	P11	0	NA	NA	NA
4	P12	0	NA	NA	NA
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	LAL01	11	7,66 (3,77)	14,44 (10,30)	0,579 (0,329)
7	LLM03R	30	7,80 (4,56)	12,10 (8,26)	0,584 (0,321)

Poecilia vivipara					
Ano	**Estações de coleta**	**N**	**Nº médio de alelos (±SD)**	**Amplitude tamanho dos alelos (±SD)**	**Diversidade gênica (±SD)***
7	LMN02R	15	9,11 (5,13)	14,44 (9,68)	0,579 (0,325)
7	LNV02R	27	9,78 (6,10)	14,11 (10,68)	0,621 (0,340)
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	31	12,10 (8,41)	15,40 (12,23)	0,717 (0,380)
7	RDO16	1	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	7	5,11 (1,96)	9,22 (6,76)	0,514 (0,319)
8	LAL01	15	8,11 (5,08)	12,88 (9,71)	0,530 (0,314)
8	LLM03R	25	7,90 (4,20)	15,30 (11,54)	0,548 (0,305)
8	LMN02R	1	NA	NA	NA
8	LNV02R	17	6,55 (4,39)	12,55 (9,63)	0,519 (0,294)
8	RDO11	0	NA	NA	NA
8	RDO12	10	4,60 (2,06)	11,20 (9,41)	0,644 (0,363)
8	RDO14	9	5,50 (3,37)	11,50 (10,44)	0,626 (0,362)
8	RDO15	25	10,40 (6,76)	15,10 (11,78)	0,664 (0,357)
8	RDO16	0	NA	NA	NA
8	RGU02	0	NA	NA	NA
8	RMH01	0	NA	NA	NA
8	UHEAIM	0	NA	NA	NA
8	UHEMAS	0	NA	NA	NA
8	E27	25	7,11 (4,67)	11,11 (8,44)	0,563 (0,308)

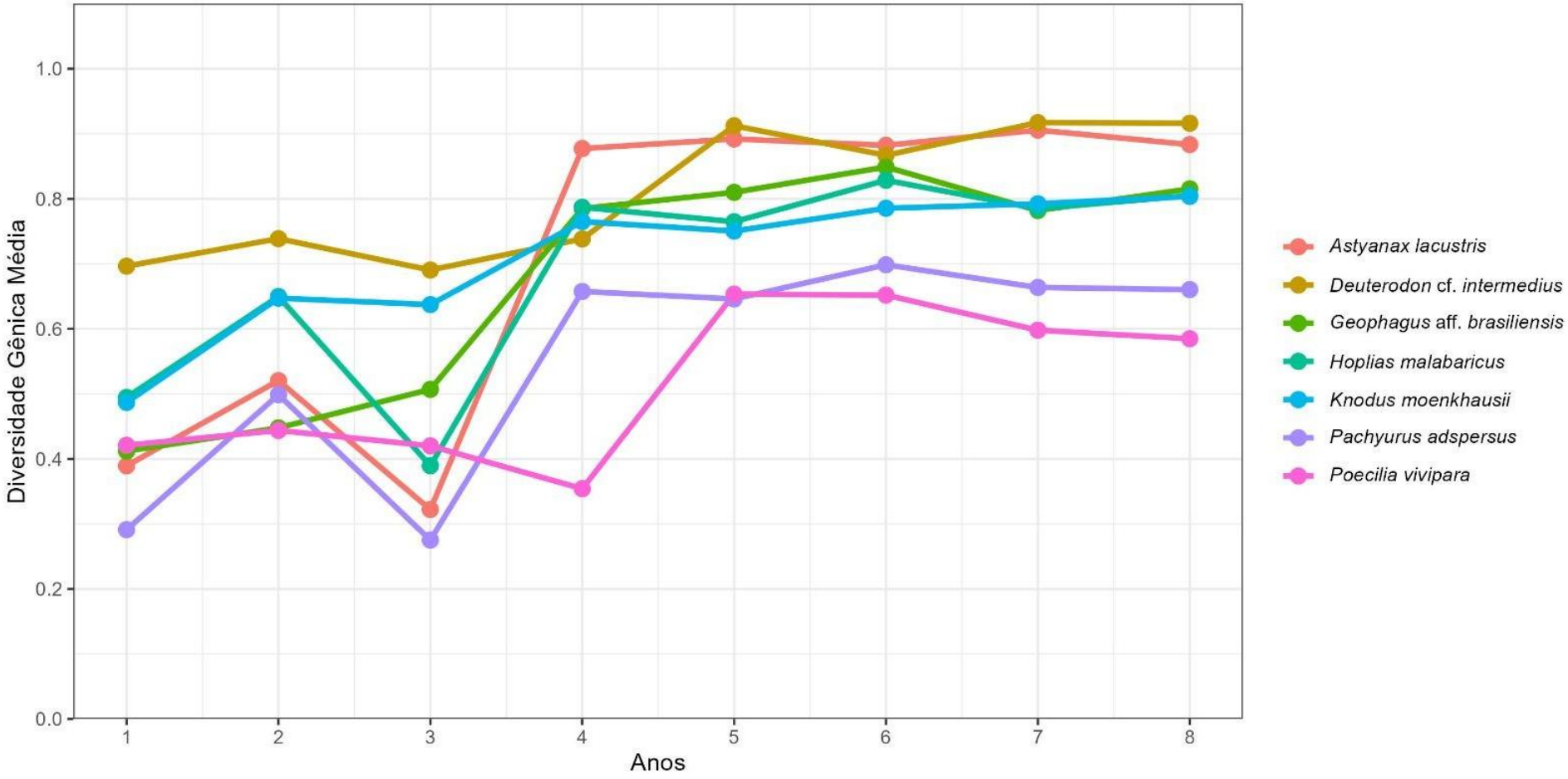
Para o Barrigudinho *Poecilia vivipara*, os índices foram calculados para cada ponto de coleta e para cada período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8) (Tabela 11). O número de alelos variou bastante ao longo dos anos do monitoramento, de 2,00 alelos nos pontos P1B e P6 no Ano 3 e P6 no Ano 4 a 13,11 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 de peixes 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 *Geophagus* 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, seis das sete espécies apresentaram aumento de sua diversidade gênica ou se mantiveram estáveis. Apenas *H. malabaricus* apresentou leve queda de diversidade.

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 das outras espécies apresenta queda acentuada. Foi a única espécie que apresentou redução da diversidade gênica entre os Anos 3 e 4 de monitoramento. A partir do Ano 4, esse índice voltou a aumentar, mantendo-se estável entre os Anos 5 e 6. Entretanto, observou-se uma nova redução da diversidade entre os Anos 6 e 7, que continua até o Ano 8.

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, com leve recuperação no Ano 8 (Figura 20). No entanto esse aumento da diversidade de *H. malabaricus* no Ano 8 precisa ser confirmado com a adição de amostras das duas últimas campanhas desse ano, uma vez que até agora somente o ponto LNV02R teve mais que um indivíduo coletado, o que permitiu o cálculo da diversidade gênica para essa espécie nesse período.

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. No geral, a partir do Ano 3 as espécies melhoraram seus índices de diversidade gênica, e a partir do Ano 5 do monitoramento pareceram estabilizar em níveis mais altos.

3.13 REDUÇÃO POPULACIONAL DAS SETE ESPÉCIES NATIVAS ANALISADAS

Tabela 12: Estruturação genética (FST) por espécie de peixe, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), que indica flutuação no tamanho efetivo populacional. O tempo de monitoramento no Baixo rio Doce difere entre as estações, conforme o Quadro 1.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05 para FST e FIS. Para G-W, valores abaixo de 0,7 são considerados significativos.

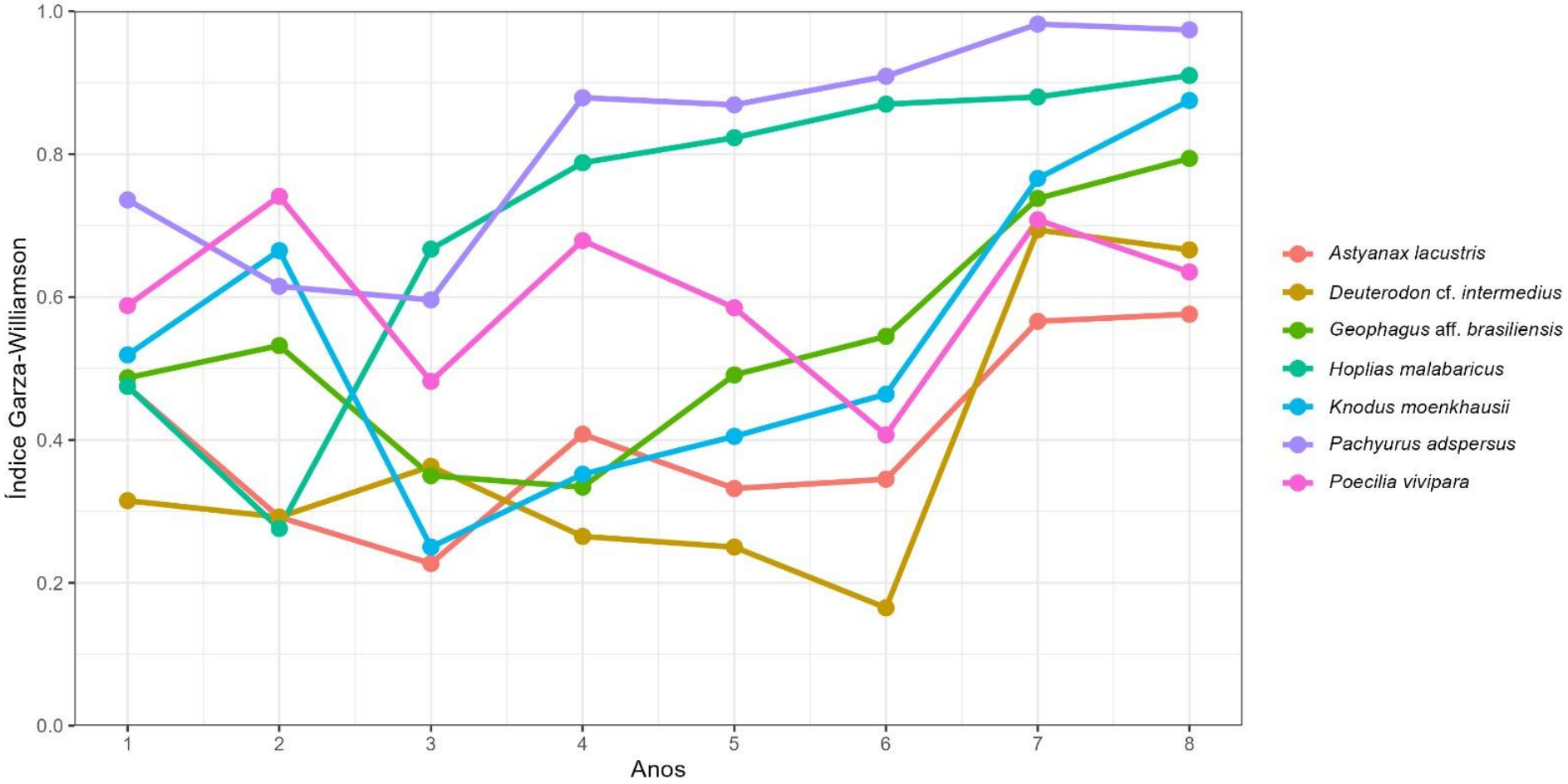
Espécie	Ano 1			Ano 2			Ano 3			Ano 4			Ano 5			Ano 6			Ano 7			Ano 8		
	FST	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**	**FST**	**FIS**	**G-W Index (S.D.)**
Astyanax lacustris	**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)**	0,012 (1,000)	**0,031 (0,000)**	**0,566 (0,135)**	0,016 (1,000)	**0,076 (0,000)**	**0,576 (0,167)**
Deuterodon intermedius	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)**	0,026 (0,375)	**0,073 (0,000)**	**0,694 (0,232)**	0,064 (0,992)	**0,156 (0,001)**	**0,666 (0,169)**
Geophagus aff. *brasiliensis*	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)**	-0,146 (1,000)	0,738 (0,090)	**0,141 (0,000)**	-0,240 (1,000)	0,794 (0,095)
Hoplias malabaricus	**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)	0,048 (0,991)	-0,343 (1,000)	0,880 (0,075)	0,115 (0,763)	-0,403 (1,000)	0,910 (0,056)
Knodus moenkhausii	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)**	0,014 (0,952)	-0,061 (0,996)	0,766 (0,120)	0,011 (0,996)	-0,085 (1,000)	0,875 (0,070)
Pachyurus adspersus	**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)	0,010 (0,425)	-0,473 (1,000)	0,982 (0,025)	0,004 (0,956)	-0,501 (1,000)	0,974 (0,023)
Poecilia vivipara	**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)**	**0,091 (0,000)**	0,020 (0,087)	0,708 (0,128)	**0,081 (0,000)**	**0,047 (0,001)**	**0,635 (0,061)**

Os índices populacionais mostram baixa estruturação genética (F_{ST}) das espécies analisadas (Tabela 12), exceto para as populações da Corvina *Pachyurus adspersus* e do Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* para os quais valores significativos de F_{ST} foram observados em vários anos do monitoramento, e para o Barrigudinho *Poecilia 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 para as espécies *G.* aff. *brasiliensis* e *P. vivipara* (Tabela 12).

Os índices de endogamia (F_{IS}) se mostraram significativos 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* e *Deuterodon* cf. *intermedius* em todos os anos do monitoramento, e para *Knodus moenkhausii* até o Ano 6. Para *G.* aff. *brasiliensis, Hoplias malabaricus, P. adspersus* e *P. vivipara* esses índices baixaram a partir do Ano 4 e não foram significativos, com exceção de *P. vivipara* nos Anos 6 e 8. 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 do alto grau de endogamia encontrado. A partir do Ano 7 esse índice deixa de ser significativo para a maioria das espécies analisadas. Somente *A. lacustris* e *D*. cf. *intermedius* continuam com esse índice com valores significativos.

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.



Para a maior parte das espécies analisadas, a redução das populações da ictiofauna do Baixo rio Doce não variou muito entre os Anos 4 e 6, ou seja, não houve grande variação na amplitude dos índices G-W ao longo desses anos de monitoramento. Do Ano 1 para o Ano 2, quatro das sete espécies tiveram suas populações reduzidas, e do Ano 2 para o 3, 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 deste para o Ano 6, a redução populacional das espécies foi menos evidente, com exceção de *Poecilia vivipara* e *Deuterodon* cf. *intermedius*, as quais apresentaram redução populacional acentuada nesse período. Do Ano 6 para o Ano 7, *Pachyurus adspersus* e *Hoplias malabaricus* mantiveram suas populações constantes, enquanto as outras cinco espécies apresentaram aumento acentuado de suas populações com destaque para *Deuterodon* cf. *intermedius*. Os resultados parciais do Ano 8 mostram que apenas *P. vivipara* e *Deuterodon* cf. *intermedius* apresentaram leve redução de suas populações. No geral, as espécies apresentaram uma tendência de estabilização de suas populações entre o Ano 3 e o Ano 6. No entanto, a partir do Ano 7 a maioria das espécies volta a aumentar suas populações, e no Ano 8 parece estabilizar novamente. Porém, essa estabilização precisa ser confirmada com a adição dos resultados das últimas duas campanhas desse ano.

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 do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	24	8	17	0,6594 (0,1059)	0,003886 (0,002447)	**-1,94857 (0,012)**	-1,19881 (0,260)
COI	7	LLM03R	8	5	3	0,8571 (0,1083)	0,002181 (0,001720)	0,58467 (0,754)	**-2,10305 (0,019)**
COI	7	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	LNV02R	35	9	24	0,6874 (0,0795)	0,004066 (0,002503)	**-1,99130 (0,006)**	-1,05486 (0,336)
COI	7	RDO11	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	NA	NA
COI	7	RDO12	9	5	8	0,8611 (0,0872)	0,003942 (0,002678)	-0,85519 (0,226)	-0,45399 (0,332)
COI	7	RDO14	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	11	5	3	0,8364 (0,0702)	0,002040 (0,001575)	0,70880 (0,779)	-1,53469 (0,057)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	33	8	7	0,6856 (0,0626)	0,002038 (0,001474)	-0,82071 (0,234)	**-2,88356 (0,035)**
COI	7	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	2	2	5	1,0000 (0,5000)	0,008251 (0,009038)	0,00000 (1,000)	1,60944 (0,500)
COI	7	UHEMAS	7	4	8	0,8095 (0,1298)	0,004558 (0,003135)	-0,80987 (0,256)	0,49468 (0,561)
COI	7	E27	24	9	20	0,7355 (0,0877)	0,004347 (0,002681)	**-1,85296 (0,015)**	-1,69217 (0,187)
COI	8	LAL01	28	9	7	0,7354 (0,0701)	0,002684 (0,002016)	-1,16194 (0,120)	**-5,04390 (0,000)**
COI	8	LLM03R	15	6	4	0,7905 (0,0785)	0,003105 (0,002315)	-0,11991 (0,587)	**-2,07169 (0,043)**
COI	8	LMN02R	3	3	13	1,0000 (0,2722)	0,021087 (0,016770)	0,00000 (1,000)	0,98676 (0,430)
COI	8	LNV02R	19	7	12	0,7018 (0,0998)	0,006347 (0,004012)	-1,03569 (0,152)	-0,69741 (0,357)
COI	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO12	15	6	11	0,8000 (0,0711)	0,010474 (0,006158)	1,05020 (0,879)	1,28484 (0,744)
COI	8	RDO14	9	5	12	0,8333 (0,0980)	0,007997 (0,005174)	-1,33984 (0,097)	0,16585 (0,517)
COI	8	RDO15	15	6	19	0,8286 (0,0570)	0,008064 (0,004919)	**-1,76550 (0,029)**	0,53304 (0,618)
COI	8	RDO16	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	RGU02	7	4	4	0,7143 (0,1809)	0,003244 (0,002606)	-0,87642 (0,266)	-0,91387 (0,159)
COI	8	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	E27	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)**

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	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	**-2,11727 (0,004)**	-0,81302 (0,372)
CYTB	2	P1B	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)
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)

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	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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P3	3	3	24	1,0000 (0,2722)	0,016000 (0,012365)	0,00000 (1,000)	1,63315 (0,513)
CYTB	5	P4	18	1	60	0,9869 (0,0229)	0,012266 (0,006450)	-0,74076 (0,244)	-3,70764 (0,058)
CYTB	5	P5	16	1	44	0,9667 (0,0357)	0,008153 (0,004426)	-1,21631 (0,105)	-2,81362 (0,095)
CYTB	5	P6	19	1	53	0,9766 (0,0267)	0,011074 (0,005885)	-1,10885 (0,131)	**-4,11804 (0,047)**
CYTB	5	P7	5	5	35	1,0000 (0,1265)	0,015183 (0,009573)	-0,26791 (0,494)	0,27082 (0,341)
CYTB	5	P8B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	20	1	42	0,9684 (0,0254)	0,006417 (0,003493)	-1,45641 (0,061)	**-4,13467 (0,040)**
CYTB	5	P11	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P12	11	9	32	0,9636 (0,0510)	0,008036 (0,004512)	-0,64116 (0,265)	-1,02190 (0,258)
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	24	9	40	0,5652 (0,1214)	0,004291 (0,002418)	**-2,25260 (0,002)**	0,39777 (0,604)
CYTB	7	LLM03R	8	6	8	0,8929 (0,1113)	0,002481 (0,001667)	-0,46971 (0,335)	**-1,87472 (0,012)**

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	7	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LNV02R	35	18	37	0,8370 (0,0605)	0,004227 (0,002385)	**-1,87472 (0,012)**	-1,78512 (0,089)
CYTB	7	RDO11	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	9	5	9	0,8333 (0,0980)	0,002192 (0,001483)	-1,20498 (0,128)	-0,40340 (0,347)
CYTB	7	RDO14	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,002545 (0,002938)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,425)
CYTB	7	RDO15	11	7	14	0,8182 (0,1191)	0,004728 (0,002789)	0,48796 (0,721)	-0,19782 (0,432)
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	33	16	28	0,9053 (0,0361)	0,005313 (0,002898)	-1,22875 (0,095)	-2,86412 (0,140)
CYTB	7	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,002593 (0,002994)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,435)
CYTB	7	UHEMAS	7	4	18	0,7143 (0,1809)	0,004976 (0,003118)	-1,38594 (0,070)	1,95326 (0,829)
CYTB	7	E27	24	12	44	0,7572 (0,0941)	0,005475 (0,003007)	**-1,89502 (0,012)**	-0,98471 (0,349)
CYTB	8	LAL01	27	20	30	0,9687 (0,0206)	0,017101 (0,008820)	-0,12938 (0,508)	-0,76551 (0,410)
CYTB	8	LLM03R	15	7	18	0,8000 (0,0826)	0,008103 (0,004526)	1,03908 (0,879)	1,75676 (0,794)
CYTB	8	LMN02R	3	3	23	1,0000 (0,2722)	0,015182 (0,011750)	0,00000 (1,000)	1,58886 (0,500)
CYTB	8	LNV02R	18	9	26	0,8693 (0,0610)	0,007992 (0,004353)	0,26995 (0,658)	1,10591 (0,708)
CYTB	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO12	14	12	21	0,9780 (0,0345)	0,008976 (0,005023)	0,41249 (0,703)	**-3,84624 (0,033)**
CYTB	8	RDO14	9	5	35	0,8611 (0,0872)	0,012101 (0,006858)	-0,25681 (0,416)	3,66174 (0,944)
CYTB	8	RDO15	11	8	14	0,8909 (0,0918)	0,006693 (0,003902)	1,09145 (0,893)	-0,99856 (0,276)
CYTB	8	RDO16	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	7	7	18	1,0000 (0,0764)	0,005375 (0,003374)	-1,45834 (0,052)	**-2,81382 (0,031)**
CYTB	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	E27	2	2	13	1,0000 (0,5000)	0,012871 (0,013357)	0,00000 (1,000)	2,56495 (0,576)
MYH6	1	P1	15	2	1	NA	0,000133 (0,000313)	NA	NA
MYH6	1	P2	27	2	1	NA	0,000074 (0,000228)	NA	NA

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	P3	43	7	12	NA	0,000871 (0,000874)	NA	NA
MYH6	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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	P1B	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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	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

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	P7	1	2	3	NA	0,005736 (0,006624)	NA	NA
MYH6	6	P8B	27	9	5	NA	0,001853 (0,001421)	NA	NA
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	LAL01	24	5	11	NA	0,000781 (0,000753)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	8	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	1	2	5	NA	0,007837 (0,008585)	NA	NA
MYH6	7	LNV02R	35	4	9	NA	0,000403 (0,000504)	NA	NA
MYH6	7	RDO11	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	RDO12	9	2	1	NA	0,000328 (0,000467)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	2	2	1	NA	0,000784 (0,000972)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	11	2	1	NA	0,000142 (0,000294)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	33	5	13	NA	0,009214 (0,004942)	NA	NA
MYH6	7	RMH01	1	2	3	NA	0,004702 (0,005430)	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	7	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	E27	24	2	1	NA	0,000065 (0,000191)	NA	NA
MYH6	8	LAL01	28	5	10	NA	0,000879 (0,000809)	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	15	2	3	NA	0,000313 (0,000446)	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	3	2	3	NA	0,001567 (0,001402)	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	20	2	3	NA	0,000235 (0,000377)	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	15	7	8	NA	0,001578 (0,001214)	NA	NA
MYH6	8	RDO14	9	2	3	NA	0,000522 (0,000611)	NA	NA
MYH6	8	RDO15	18	3	3	NA	0,000585 (0,000635)	NA	NA
MYH6	8	RDO16	1	1	0	NA	NA	NA	NA

Astyanax lacustris

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	8	RGU02	7	2	3	NA	0,000672 (0,000723)	NA	NA
MYH6	8	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	E27	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P4	8	7	8	NA	0,002830 (0,001818)	NA	NA
GLYT	1	P5	32	12	11	NA	0,001911 (0,001272)	NA	NA
GLYT	1	P6	30	22	16	NA	0,003713 (0,002164)	NA	NA
GLYT	1	P7	28	23	14	NA	0,003997 (0,002306)	NA	NA
GLYT	1	P8	29	21	15	NA	0,004115 (0,002362)	NA	NA
GLYT	2	P1B	3	3	11	NA	0,005996 (0,003911)	NA	NA
GLYT	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	2	P3	3	4	5	NA	0,002446 (0,001829)	NA	NA
GLYT	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

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	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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P1B	4	7	7	NA	0,003717 (0,002520)	NA	NA
GLYT	5	P2	11	16	11	NA	0,003744 (0,002314)	NA	NA
GLYT	5	P3	17	22	20	NA	0,007861 (0,004417)	NA	NA
GLYT	5	P4	25	30	19	NA	0,003736 (0,002248)	NA	NA
GLYT	5	P5	21	24	25	NA	0,007330 (0,004018)	NA	NA
GLYT	5	P6	25	32	34	NA	0,006264 (0,003485)	NA	NA
GLYT	5	P7	5	8	5	NA	0,002440 (0,001684)	NA	NA
GLYT	5	P8B	10	12	10	NA	0,003390 (0,002145)	NA	NA
GLYT	5	P10	28	32	19	NA	0,004922 (0,002953)	NA	NA
GLYT	5	P11	8	6	6	NA	0,003258 (0,002368)	NA	NA

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	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	24	17	28	NA	0,003299 (0,001971)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	8	14	11	NA	0,002993 (0,001983)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	35	21	23	NA	0,009235 (0,004824)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	2	3	7	NA	0,004147 (0,003171)	NA	NA
GLYT	7	RDO12	9	13	9	NA	0,003406 (0,002182)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	2	3	13	NA	0,009405 (0,006673)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	11	11	12	NA	0,003275 (0,002080)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RGU02	32	24	24	NA	0,003931 (0,002307)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	1	2	4	NA	0,004739 (0,005299)	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	2	4	9	NA	0,005332 (0,003952)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	7	10	9	NA	0,004347 (0,002712)	NA	NA
GLYT	7	E27	24	19	16	NA	0,004877 (0,002782)	NA	NA
GLYT	8	LAL01	28	24	8	NA	0,002534 (0,001768)	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	15	9	3	NA	0,000601 (0,000699)	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	8	LMN02R	3	4	1	NA	0,000627 (0,000825)	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	20	15	7	NA	0,002232 (0,001623)	NA	NA
GLYT	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO12	15	19	12	NA	0,004529 (0,002814)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	10	12	4	NA	0,002572 (0,001849)	NA	NA
GLYT	8	RDO15	18	15	6	NA	0,002435 (0,001734)	NA	NA
GLYT	8	RDO16	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	7	9	5	NA	0,001983 (0,001567)	NA	NA
GLYT	8	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	E27	2	4	10	NA	0,008387 (0,006126)	NA	NA

Os resultados dos genes mitocondriais COI e Cytb mostram que a variabilidade genética do Lambari *Astyanax lacustris* não teve variação ao longo do monitoramento, com exceção do Ano 1 para o gene COI onde a média da diversidade ficou abaixo de 0,5. A partir do Ano 2, os índices melhoram e se mantêm altos até o Ano 8. O gene nuclear Myh6 mostra uma baixa variabilidade genética para a essa espécie, sem variação ao longo dos pontos e do tempo de monitoramento (Tabela 13). Para o gene nuclear Glyt, os resultados mostraram uma variabilidade genética levemente maior, porém ainda menor que àquela observada para os genes mitocondriais. 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 com o passar dos anos do monitoramento, a qual se mantém até no Ano 8.

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 do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P1B	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

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	P2	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,005155 (0,005952)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,431)
COI	4	P3	13	8	18	0,9231(0,0500)	0,007723 (0,004570)	-0,96070 (0,173)	-1,01559 (0,279)
COI	4	P4	12	9	22	0,9394 (0,0577)	0,012700 (0,007196)	0,05687 (0,561)	-1,09103 (0,266)
COI	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	3	3	7	1,0000 (0,2722)	0,008018 (0,006701)	0,00000 (1,000)	0,30830 (0,381)
COI	4	P8B	7	7	17	1,0000 (0,0764)	0,013289 (0,008159)	-0,06551 (0,476)	-2,29472 (0,059)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	0	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

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	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
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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	15	10	39	0,9143 (0,0559)	0,012392 (0,006900)	-1,70422 (0,028)	-0,95584 (0,309)
COI	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	16	9	21	0,8500 (0,0772)	0,014420 (0,008032)	0,29543 (0,668)	0,07003 (0,521)
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
COI	8	LAL01	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,009554 (0,011032)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,433)
COI	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO12	11	5	5	0,7091 (0,1366)	0,006041 (0,004204)	0,41258 (0,690)	-0,52689 (0,330)
COI	8	RDO14	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO15	1	1	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO16	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	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)**
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)

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	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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,00000)	NA
CYTB	5	P2	13	13	12	1,0000 (0,0302)	0,003774 (0,002366)	-0,91537 (0,18880)	**-12,92416 (0,000)**
CYTB	5	P3	26	23	91	0,9815 (0,0205)	0,017986 (0,009226)	-1,23600 (0,08660)	**-6,66519 (0,015)**
CYTB	5	P4	29	24	65	0,9631 (0,0285)	0,014379 (0,007423)	-0,82695 (0,21280)	**-7,57469 (0,010)**
CYTB	5	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P7	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	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)
CYTB	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P1B	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	LNV02R	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)
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
CYTB	8	LAL01	3	3	11	1,0000 (0,2722)	0,014407 (0,011584)	0,00000 (1,000)	0,80681 (0,427)
CYTB	8	LLM03R	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)
CYTB	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO12	13	8	16	0,8974 (0,0666)	0,011445 (0,006639)	0,14454 (0,568)	0,43697 (0,594)
CYTB	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO15	7	6	17	0,9524 (0,0955)	0,029982 (0,018502)	-0,37121 (0,378)	-0,63004 (0,278)
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

Deuterodon* cf. *intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	2	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
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P3	15	2	32	NA	0,023420 (0,012373)	NA	NA

Deuterodon* cf. *intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	5	P4	24	3	37	NA	0,017825 (0,009272)	NA	NA
MYH6	5	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P8B	14	1	29	NA	0,018279 (0,010041)	NA	NA
MYH6	5	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	14	19	30	NA	0,009798 (0,005338)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	4	7	18	NA	0,011275 (0,006809)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	12	17	30	NA	0,013020 (0,007056)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	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	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
MYH6	8	LAL01	1	2	2	NA	0,003135 (0,003839)	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	9	15	7	NA	0,003373 (0,02257)	NA	NA
MYH6	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO15	1	2	4	NA	0,007590 (0,008486)	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	1	2	3	NA	0,005291 (0,006110)	NA	NA
MYH6	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P4	27	23	17	NA	0,004328 (0,002672)	NA	NA
GLYT	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P7	29	28	26	NA	0,005906 (0,003445)	NA	NA
GLYT	1	P8	18	13	13	NA	0,003768 (0,002417)	NA	NA

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	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
GLYT	4	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P7	3	5	8	NA	0,006654 (0,004539)	NA	NA
GLYT	4	P8B	12	10	6	NA	0,003525 (0,002482)	NA	NA

Deuterodon* cf. *intermedius

Gene	Ano	Estações de Coleta	Nº Indivíduos	Nº Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P1B	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P6	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P12	0	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
GLYT	7	LAL01	15	16	17	NA	0,004602 (0,002873)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	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	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	14	20	40	NA	0,011524 (0,006189)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	4	5	6	NA	0,003093 (0,002222)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	15	18	9	NA	0,003647 (0,002391)	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
GLYT	8	LAL01	2	4	13	NA	0,010761 (0,007664)	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO12	12	18	16	NA	0,004688 (0,002886)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO15	5	9	13	NA	0,006822 (0,004268)	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	1	2	1	NA	0,001575 (0,002227)	NA	NA
GLYT	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Para o Lambari *Deuterodon* cf. *intermedius*, os resultados foram calculados para cada ponto de coleta e também por período amostral (Anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8). 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 recente; 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. Nos Anos 7 e 8, a diversidade genética se manteve, apesar do baixo número amostral. A exemplo do Lambari *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 do Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

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	P3	2	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	15	2	1	0,1333 (0,1123)	0,000202 (0,000357)	-1,15945 (0,158)	-0,64899 (0,109)
COI	4	P6	24	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	29	7	40	0,7759 (0,0569)	0,024004 (0,012274)	2,05792 (0,989)	11,61934 (0,997)
COI	4	P8B	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,001996 (0,002823)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,247)
COI	4	P9	19	4	5	0,5906 (0,0882)	0,003243 (0,002106)	1,54301 (0,943)	1,90890 (0,853)
COI	4	P10	6	2	2	0,3333 (0,2152)	0,001010 (0,001027)	-1,13197 (0,150)	0,95213 (0,619)
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P2	0	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	0	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	0	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	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LLM03R	17	2	4	0,1176 (0,1012)	0,000972 (0,000996)	**-1,84308 (0,012)**	1,17928 (0,603)
COI	7	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	LNV02R	3	3	3	1,0000 (0,2722)	0,004132 (0,003896)	0,00000 (1,000)	-0,69315 (0,134)
COI	7	RDO11	2	2	25	1,0000 (0,5000)	0,051653 (0,052676)	0,00000 (1,000)	3,21888 (0,594)

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	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO15	7	2	1	0,2857 (0,1964)	0,000590 (0,000807)	-1,00623 (0,226)	-0,09474 (0,236)
COI	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RGU02	26	8	9	0,7846 (0,0572)	0,004501 (0,002869)	-0,24533 (0,455)	-1,28590 (0,247)
COI	7	RMH01	1	1	0	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
COI	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO15	4	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RGU02	19	2	3	0,5263 (0,0400)	0,003158 (0,002196)	2,28287 (0,994)	4,31778 (0,963)
COI	8	RMH01	3	3	6	1,0000 (0,2722)	0,008264 (0,007023)	0,00000 (1,000)	0,13353 (0,274)
COI	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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	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	P8B	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	P1B	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	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	3	P9	10	7	41	0,9111 (0,0773)	0,010417 (0,005823)	-0,77614 (0,224)	1,33987 (0,720)
CYTB	3	P10	21	13	82	0,9333 (0,0350)	0,031513 (0,015964)	2,10381 (0,995)	4,17497 (0,949)
CYTB	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P3	34	8	91	0,7629 (0,0602)	0,032154 (0,015960)	2,15380 (0,990)	22,88892 (1,000)
CYTB	4	P4	3	3	72	1,0000 (0,2722)	0,043996 (0,033200)	0,00000 (1,000)	2,75880 (0,575)
CYTB	4	P5	18	11	39	0,8889 (0,0640)	0,011648 (0,006210)	-0,09822 (0,516)	0,43182 (0,580)
CYTB	4	P6	28	9	73	0,8228 (0,0502)	0,012309 (0,006377)	-1,29645 (0,082)	5,73266 (0,972)
CYTB	4	P7	27	13	89	0,8974 (0,0383)	0,030995 (0,015512)	2,02383 (0,990)	7,99134 (0,992)
CYTB	4	P8B	6	2	14	0,3333 (0,2152)	0,004607 (0,003033)	**-1,46690 (0,018)**	5,30432 (0,983)
CYTB	4	P9	20	8	29	0,7421 (0,0961)	0,007717 (0,004136)	0,50842 (0,737)	3,10735 (0,905)
CYTB	4	P10	6	3	16	0,6000 (0,2152)	0,004456 (0,002890)	**-1,47739 (0,014)**	3,11818 (0,928)
CYTB	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P2	0	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	0	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)**

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	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	0	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	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LLM03R	16	6	19	0,6167 (0,1347)	0,003267 (0,001978)	**-1,64452 (0,038)**	0,74246 (0,671)
CYTB	7	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LNV02R	3	3	16	1,0000 (0,2722)	0,009140 (0,007186)	0,00000 (1,000)	1,20789 (0,485)
CYTB	7	RDO11	2	2	72	1,0000 (0,5000)	0,061697 (0,062124)	0,00000 (1,000)	4,27667 (0,627)
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO15	7	4	9	0,7143 (0,1809)	0,0002468 (0,001719)	**-1,59446 (0,22)**	0,35446 (0,542)
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	26	14	18	0,8862 (0,0481)	0,008625 (0,004570)	2,11869 (0,989)	-0,59678 (0,430)
CYTB	7	RMH01	1	1	0	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
CYTB	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	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	8	RDO15	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	19	4	23	0,6257 (0,0669)	0,008214 (0,004419)	1,51057 (0,957)	9,33665 (0,996)
CYTB	8	RMH01	2	2	23	1,0000 (0,5000)	0,019247 (0,019661)	0,00000 (1,000)	3,13549 (0,599)
CYTB	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P3	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P5	4	4	11	NA	0,011523 (0,008207)	NA	NA
MYH6	4	P6	2	3	33	NA	0,046257 (0,031077)	NA	NA
MYH6	4	P7	5	5	15	NA	0,009743 (0,005760)	NA	NA
MYH6	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P9	2	3	15	NA	0,016582 (0,011518)	NA	NA
MYH6	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P3	2	4	27	NA	0,029749 (0,020310)	NA	NA
MYH6	5	P4	0	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	0	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	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	5	7	31	NA	0,020623 (0,011583)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	1	2	1	NA	0,001835 (0,002595)	NA	NA
MYH6	7	LNV02R	3	5	15	NA	0,010417 (0,006679)	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	RDO11	2	4	30	NA	0,027488 (0,018664)	NA	NA
MYH6	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO14	3	5	6	NA	0,005263 (0,003680)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	3	6	38	NA	0,032926 (0,019703)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RGU02	19	28	92	NA	0,029019 (0,014713)	NA	NA
MYH6	7	RMH01	1	2	9	NA	0,015625 (0,016470)	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
MYH6	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO15	2	4	48	NA	0,067708 (0,045200)	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	8	8	18	NA	0,018471 (0,010122)	NA	NA
MYH6	8	RMH01	2	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P3	2	2	5	NA	0,003027 (0,002437)	NA	NA
GLYT	5	P4	0	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

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	5	P11	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	18	10	16	NA	0,001731 (0,001258)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	1	2	2	NA	0,002421 (0,002965)	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	3	4	12	NA	0,006457 (0,004189)	NA	NA
GLYT	7	RDO11	2	3	9	NA	0,006659 (0,004833)	NA	NA
GLYT	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO14	3	6	20	NA	0,012113 (0,007510)	NA	NA
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	26	10	12	NA	0,002548 (0,001603)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	1	2	5	NA	0,006053 (0,006631)	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
GLYT	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO15	4	3	3	NA	0,001901 (0,001499)	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	19	2	3	NA	0,001179 (0,000960)	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	8	RMH01	3	3	3	NA	0,002494 (0,001936)	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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 primeiros anos do monitoramento para essa espécie.

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 *G.* 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 Ano 7 do monitoramento, para o gene COI, os pontos LLM03R e RDO15 apresentaram baixos índices de diversidade, e no ponto RDO15 foi observado expansão populacional para ambos os genes mitocondriais. Já no Ano 8, a diversidade genética variou de acordo com o ponto amostrado. De modo geral, nos dois últimos anos o número amostral foi baixo. É essencial a separação dessas linhagens genéticas dentro de *G.* aff. *brasiliensis* para análises populacionais individuais, para que se tenha a real noção da variabilidade dentro de cada uma e para que estratégias de conservação e manejo contemplem essa diversidade.

Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais da Traíra *Hoplias malabaricus* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

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	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	11	5	3	0,7636 (0,1066)	0,001711 (0,001396)	-0,02028 (0,493)	**-2,01815 (0,022)**
COI	4	P6	11	3	2	0,7273 (0,0679)	0,001711 (0,001396)	1,50194 (0,948)	0,62345 (0,610)
COI	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	2	1	0	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	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	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P4	0	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)

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	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	0	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	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LLM03R	9	2	2	0,2222 (0,1662)	0,000748 (0,000828)	-1,36240 (0,094)	0,67137 (0,459)
COI	7	LMN02R	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	LNV02R	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO11	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	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	3	3	13	1,0000 (0,2722)	0,014590 (0,011603)	0,00000 (1,000)	0,98676 (0,444)
COI	7	RMH01	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	UHEAIM	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	UHEMAS	3	2	4	0,6667 (0,3143)	0,004489 (0,004029)	0,00000 (1,000)	2,022226 (0,766)
COI	7	E27	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	LAL01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	LLM03R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,002506 (0,003544)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,253)
COI	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO12	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO16	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	8	RGU02	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEAIM	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEMAS	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P4B	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
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)

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	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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P2	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P3	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P11	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	5	P12	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P4	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	0	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	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LLM03R	3	3	8	1,0000 (0,272)	0,004626 (0,003816)	0,00000 (1,000)	0,45758 (0,398)
CYTB	7	LMN02R	2	2	11	1,0000 (0,5000)	0,010300 (0,010758)	0,00000 (1,000)	2,39790 (0,566)
CYTB	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	1	1	0	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
CYTB	7	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RGU02	2	2	3	1,0000 (0,5000)	0,002602 (0,003004)	0,00000 (1,000)	1,09861 (0,433)
CYTB	7	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,001735 (0,002124)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,378)
CYTB	7	UHEMAS	2	2	10	1,0000 (0,5000)	0,008673 (0,009096)	0,00000 (1,000)	2,30259 (0,554)
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LAL01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LLM03R	1	1	0	NA	NA	NA	NA

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	8	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	2	2	4	1,0000 (0,5000)	0,004292 (0,004798)	0,00000 (1,000)	1,38629 (0,477)
CYTB	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO12	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEMAS	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P2	3	2	1	NA	0,000537 (0,000707)	NA	NA
MYH6	1	P3	9	3	2	NA	0,001021 (0,000935)	NA	NA
MYH6	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	0	NA	NA	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

Hoplias malabaricus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	5	P4	3	5	13	NA	0,011021 (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	0	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
MYH6	6	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P4	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P10	1	2	1	NA	0,001610 (0,002277)	NA	NA
MYH6	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P12	4	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	LAL01	1	2	4	NA	0,006472 (0,007236)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	9	5	11	NA	0,005531 (0,003317)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	2	3	8	NA	0,008360 (0,006106)	NA	NA
MYH6	7	LNV02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	1	2	1	NA	0,001618 (0,002288)	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

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	7	RGU02	3	3	2	NA	0,001402 (0,001309)	NA	NA
MYH6	7	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	3	5	9	NA	0,006796 (0,004531)	NA	NA
MYH6	7	E27	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LAL01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	1	1	0	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P2	3	2	2	NA	0,001294 (0,001137)	NA	NA
GLYT	1	P3	10	7	10	NA	0,004388 (0,002593)	NA	NA
GLYT	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P5	17	6	6	NA	0,001276 (0,000966)	NA	NA
GLYT	1	P6	34	8	6	NA	0,001149 (0,000884)	NA	NA
GLYT	1	P7	12	8	14	NA	0,004212 (0,002482)	NA	NA
GLYT	1	P8	9	9	15	NA	0,008218 (0,004542)	NA	NA

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	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
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

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	P9	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	2	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P3	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P4	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P10	1	2	3	NA	0,003641 (0,004204)	NA	NA
GLYT	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	4	6	6	NA	0,003150 (0,002207)	NA	NA
GLYT	7	LAL01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	9	2	1	NA	0,000611 (0,000608)	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	7	LMN02R	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	1	1	0	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	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	RMH01	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	UHEAIM	3	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	3	2	1	NA	0,000405 (0,000533)	NA	NA
GLYT	7	E27	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LAL01	1	2	0	NA	0,001214 (0,001716)	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	2	2	1	NA	0,000607 (0,000752)	NA	NA
GLYT	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO12	1	2	1	NA	0,001214 (0,001716)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	1	2	1	NA	0,001214 (0,001716)	NA	NA
GLYT	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	1	2	1	NA	0,001214 (0,001716)	NA	NA
GLYT	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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, 7 e 8) (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. A heterogeneidade observada no gene 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 de seu 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. Especialmente nas duas primeiras coletas do Ano 8, o tamanho amostral foi reduzido, sendo que apenas o ponto LNV02R apresentou mais de um indivíduo capturado. Dessa forma, os resultados obtidos podem não representar adequadamente a diversidade real dessa espécie no baixo rio Doce nesse período.

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 do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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. SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)**

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	4	P2	31	7	5	0,8215 (0,0349)	0,002845 (0,001970)	0,47426 (0,713)	-1,37001 (0,208)
COI	4	P3	34	6	5	0,6168 (0,0798)	0,001817 (0,001421)	-0,60904(0,309)	-1,66850(0,125)
COI	4	P4	16	6	5	0,7333(0,1017)	0,002736 (0,001905)	0,29490 (0,656)	-0,18732 (0,443)
COI	4	P5	7	4	3	0,7143 (0,1809)	0,002197 (0,001765)	0,40249 (0,654)	-0,91387 (0,157)
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	36	6	4	0,6730 (0,0539)	0,001773 (0,001330)	0,28335 (0,649)	-1,19391 (0,233)
COI	4	P8B	45	9	6	0,7354 (0,0549)	0,002264 (0,001580)	-0,00464 (0,547)	-2,88644 (0,066)
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	10	3	2	0,3778 (0,1813)	0,000914 (0,000919)	-0,69098 (0,231)	-0,59381 (0,118)
COI	5	P2	27	5	4	0,4929 (0,1075)	0,001303 (0,001085)	-0,62590 (0,307)	-1,35840 (0,130)
COI	5	P3	12	5	6	0,5758 (0,1634)	0,002213 (0,001646)	-1,16715 (0,134)	-1,10502 (0,153)
COI	5	P4	24	8	7	0,6087 (0,1118)	0,002197 (0,001567)	-0,85402 (0,217)	**-3,18560 (0,015)**
COI	5	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P7	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P1B	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P6	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)
COI	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL01	2	2	2	1,0000 (0,5000)	0,003300 (0,004042)	0,00000 (1,000)	0,69315 (0,374)
COI	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	30	7	16	0,4161 (0,1124)	0,014578 (0,007695)	**-2,30203 (0,001)**	6,45596 (0,976)
COI	7	RDO14	5	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO15	19	4	7	0,2982 (0,1329)	0,001216 (0,001054)	**-2,10998 (0,003)**	-0,75110 (0,240)
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
COI	8	LAL01	3	2	1	0,6667 (0,3143)	0,001622 (0,002023)	0,00000 (1,000)	0,20067 (0,392)
COI	8	LLM03R	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,002433 (0,003441)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,247)
COI	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO11	15	2	1	0,4762 (0,0920)	0,001159 (0,001191)	1,12241 (0,905)	1,12031 (0,608)
COI	8	RDO12	24	2	1	0,2283 (0,1021)	0,000555 (0,000751)	-0,24844 (0,306)	0,23007 (0,314)
COI	8	RDO14	15	2	1	0,3429 (0,1278)	0,000834 (0,000976)	0,23502 (0,776)	0,59667 (0,421)
COI	8	RDO15	24	2	1	0,3913 (0,0912)	0,000952 (0,001029)	0,77632 (0,851)	1,06024 (0,570)
COI	8	RDO16	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)
COI	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RMH01	15	2	1	0,3429 (0,1278)	0,000834 (0,000976)	0,23502 (0,784)	0,59667 (0,428)
COI	8	UHEAIM	5	2	1	0,6000 (0,1753)	0,001460 (0,001599)	1,22474 (0,943)	0,62615 (0,505)
COI	8	UHEMAS	15	2	1	0,4190 (0,1132)	0,001020 (0,001101)	0,74210 (0,853)	0,90859 (0,536)
COI	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	20	2	3	0,1000 (0,0880)	0,000367 (0,000445)	**-1,72331 (0,020)**	0,54390 (0,395)
CYTB	1	P2	8	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	12	3	6	0,3182 (0,1637)	0,3182 (0,1637)	-1,37073 (0,097)	1,19717 (0,766)
CYTB	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)
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)

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	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
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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P7	0	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)

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	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P1B	0	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	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	2	2	6	1,0000 (0,5000)	0,006067 (0,006553)	0,00000 (1,000)	1,79176 (0,516)
CYTB	7	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	32	8	7	0,5988 (0,0951)	0,001524 (0,001035)	-0,25695 (0,444)	-1,98851 (0,122)
CYTB	7	RDO14	6	2	2	0,3333 (0,2152)	0,000745 (0,000757)	-1,13197 (0,144)	0,95213 (0,603)
CYTB	7	RDO15	20	4	6	0,4316 (0,1262)	0,000867 (0,000714)	**-1,57027 (0,040)**	-0,35851 (0,357)
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	3	2	4	0,6667 (0,3143)	0,002564 (0,002301)	0,00000 (1,000)	2,02228 (0,771)
CYTB	8	LAL01	3	3	6	1,0000 (0,2722)	0,005772 (0,004905)	0,00000 (1,000)	0,13353 (0,270)
CYTB	8	LLM03R	2	2	6	1,0000 (0,5000)	0,007634 (0,008245)	0,00000 (1,000)	1,79176 (0,522)

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	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO11	15	12	4	0,9429 (0,0542)	0,001832 (0,001335)	0,41773 (0,698)	1,69548 (0,837)
CYTB	8	RDO12	23	23	13	0,9964 (0,0133)	0,012059 (0,006358)	-1,02480 (0,159)	-0,54264 (0,422)
CYTB	8	RDO14	15	5	7	0,6381 (0,1288)	0,003064 (0,001995)	0,22232 (0,625)	0,54213 (0,643)
CYTB	8	RDO15	24	8	14	0,7319 (0,0863)	0,004040 (0,002373)	-0,65592 (0,289)	0,13289 (0,561)
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RMH01	15	14	4	0,9905 (0,0281)	0,001799 (0,001410)	-0,42610 (0,342)	1,06919 (0,722)
CYTB	8	UHEAIM	5	5	6	1,0000 (0,1265)	0,003824 (0,002859)	-0,66823 (0,344)	-0,56745 (0,224)
CYTB	8	UHEMAS	15	13	5	0,9714 (0,0389)	0,003180 (0,002180)	0,55447 (0,738)	-1,11981 (0,200)
CYTB	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	1	P1	36	25	16	NA	0,006687 (0,003667)	NA	NA
MYH6	1	P2	25	18	14	NA	0,007211 (0,003944)	NA	NA
MYH6	1	P3	26	18	14	NA	0,007212 (0,003942)	NA	NA
MYH6	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
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	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	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

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	P4	2	4	18	NA	0,016386 (0,011276)	NA	NA
MYH6	5	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P8B	14	17	22	NA	0,009348 (0,005063)	NA	NA
MYH6	5	P10	3	5	26	NA	0,013483 (0,008333)	NA	NA
MYH6	5	P11	23	28	26	NA	0,012103 (0,006322)	NA	NA
MYH6	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P1B	0	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	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	30	16	6	NA	0,002589 (0,001797)	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	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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO12	33	20	20	NA	0,003573 (0,002238)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	5	5	10	NA	0,003924 (0,002648)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	19	9	7	NA	0,001338 (0,001104)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	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	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	3	4	5	NA	0,002633 (0,002011)	NA	NA
MYH6	8	LAL01	3	2	1	NA	0,000604 (0,000795)	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO11	15	6	1	NA	0,000521 (0,000633)	NA	NA
MYH6	8	RDO12	24	6	1	NA	0,034926 (0,017463)	NA	NA
MYH6	8	RDO14	15	5	1	NA	0,001208 (0,001278)	NA	NA
MYH6	8	RDO15	24	4	2	NA	0,000789 (0,000729)	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RMH01	15	8	1	NA	0,000301 (0,000523)	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	5	4	1	NA	0,000362 (0,000551)	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	15	6	1	NA	0,000121 (0,000285)	NA	NA
MYH6	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	32	8	4	NA	0,000386 (0,000438)	NA	NA
GLYT	1	P2	20	6	3	NA	0,000344 (0,000413)	NA	NA
GLYT	1	P3	24	4	3	NA	0,000559 (0,000549)	NA	NA
GLYT	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
GLYT	3	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P1B	24	14	24	NA	0,003386 (0,002270)	NA	NA
GLYT	4	P2	5	4	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P3	20	15	12	NA	0,002320 (0,001949)	NA	NA
GLYT	4	P4	8	4	2	NA	0,000527 (0,000603)	NA	NA
GLYT	4	P5	6	2	1	NA	0,000358 (0,000448)	NA	NA
GLYT	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P7	37	11	3	NA	0,000278 (0,000429)	NA	NA
GLYT	4	P8B	49	13	3	NA	0,000295 (0,000516)	NA	NA

Knodus moenkhausii

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
GLYT	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P7	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P1B	0	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	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	29	16	6	NA	0,001569 (0,001157)	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
GLYT	7	LAL01	3	4	49	NA	0,034818 (0,020640)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	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	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO12	33	19	40	NA	0,003473 (0,002046)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	6	5	3	NA	0,000832 (0,000783)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	20	10	12	NA	0,001355 (0,000998)	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	3	4	22	NA	0,010965 (0,006796)	NA	NA
GLYT	8	LAL01	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	1	2	1	NA	0,002433 (0,003441)	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO11	7	2	1	NA	0,001069 (0,001139)	NA	NA
GLYT	8	RDO12	12	3	1	NA	0,005422 (0,003452)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	7	2	1	NA	0,000882 (0,001014)	NA	NA
GLYT	8	RDO15	12	3	1	NA	0,023255 (0,012320)	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RMH01	7	4	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	2	2	1	NA	0,001217 (0,001508)	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	7	2	1	NA	0,000882 (0,001014)	NA	NA
GLYT	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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, 7 e 8). 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 dos índices entre os pontos de coleta e nem ao longo dos anos do monitoramento até o Ano 6. No entanto, no Ano 7, o número amostral foi baixo, assim como a diversidade gênica, e para alguns pontos, valores negativos e significativos do FS de Fu são indicativos de expansão populacional recente. Já no Ano 8 do monitoramento, a diversidade genética foi alta, especialmente para o gene Cytb, e também houve um aumento significativo do número amostral. A espécie *K. 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 2.3.2deste 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.

Tabela 18: Parâmetros genéticos gerais da Corvina *Pachyurus adspersus* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de p = 0,05. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

Pachyurus adspersus									
Gene	**Ano**	**Estações de Coleta**	**No Indivíduos**	**No Haplótipos**	**Sítios Polimórficos**	**Diversidade Haplotípica (S.D.)**	**Diversidade Nucleotídica (S.D.)**	**D de Tajima (p)**	**Fs de Fu (p)**
COI	1	P1	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	**-1,50906 (0,040)**	-0,36471 (0,161)
COI	1	P2	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P3	30	2	3	0,0667 (0,0613)	0,000282 (0,000401)	**-1,73178 (0,015)**	0,13503 (0,265)
COI	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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	P6	0	NA	NA	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

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	P2	35	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P3	29	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P4	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P5	9	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P8B	35	2	1	0,0571 (0,0532)	0,000080 (0,000204)	-1,13552 (0,130)	**-1,33911 (0,050)**
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P11	0	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	0	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

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	P7	0	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
COI	6	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P11	0	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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO11	5	4	5	0,9000 (0,1610)	0,004159 (0,003205)	-0,56199 (0,375)	-0,84824 (0,145)
COI	7	RDO12	18	3	4	0,3072 (0,1316)	0,001186 (0,001090)	-1,38107 (0,080)	0,14059 (0,446)
COI	7	RDO14	32	8	11	0,7359 (0,0648)	0,003171 (0,002124)	-1,22483 (0,098)	-1,78218 (0,156)
COI	7	RDO15	25	6	5	0,6133 (0,0966)	0,002425 (0,001765)	-0,06671 (0,506)	-1,14461 (0,215)
COI	7	RDO16	5	4	3	0,9000 (0,1610)	0,003025 (0,002493)	0,69900 (0,760)	-1,40478 (0,070)
COI	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	UHEAIM	7	4	3	0,7143 (0,1809)	0,002520 (0,002025)	0,40249 (0,656)	-0,91387 (0,163)
COI	7	UHEMAS	8	3	3	0,4643 (0,2000)	0,002093 (0,001732)	-0,17740 (0,419)	0,39014 (0,515)
COI	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO11	3	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	RDO12	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	RDO14	15	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	RDO15	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	RDO16	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)
COI	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEAIM	17	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	UHEMAS	2	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)
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

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	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
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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	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	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	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P11	0	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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO11	5	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO12	10	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RDO14	32	2	2	0,0625 (0,0577)	0,000256 (0,000329)	**-1,50368 (0,036)**	0,48015 (0,373)
CYTB	7	RDO15	25	11	9	0,6500 (0,11100)	0,002956 (0,001816)	-0,16358 (0,473)	1,97422 (0,838)
CYTB	7	RDO16	5	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	UHEAIM	6	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	UHEMAS	8	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LLM03R	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	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO11	3	3	5	1,0000 (0,2722)	0,003871 (0,003365)	0,00000 (1,000)	-0,07696 (0,237)
CYTB	8	RDO12	15	13	24	0,9810 (0,0308)	0,011368 (0,006240)	0,70160 (0,800)	**-3,88583 (0,037)**
CYTB	8	RDO14	15	11	4	0,9333 (0,0538)	0,001404 (0,001079)	-0,22755 (0,441)	**-2,39986 (0,017)**
CYTB	8	RDO15	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEAIM	17	14	18	0,9779 (0,0267)	0,004714 (0,002768)	-0,93196 (0,190)	**-8,23926 (0,000)**
CYTB	8	UHEMAS	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,001161 (0,001643)	0,00000 (1,000)	0,00000 (0,253)
CYTB	8	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

Pachyurus adspersus

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
MYH6	2	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
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	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

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	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P8B	20	7	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	5	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P11	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P6	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
MYH6	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P8B	9	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	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	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	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RDO11	5	2	3	NA	0,002128 (0,001606)	NA	NA
MYH6	7	RDO12	3	2	1	NA	0,000507 (0,000667)	NA	NA
MYH6	7	RDO14	27	9	5	NA	0,011303 (0,005953)	NA	NA
MYH6	7	RDO15	18	8	6	NA	0,001894 (0,001363)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	5	6	4	NA	0,002195 (0,001644)	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	7	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	7	UHEAIM	5	4	5	NA	0,001756 (0,001396)	NA	NA
MYH6	7	UHEMAS	4	2	3	NA	0,001954 (0,001552)	NA	NA
MYH6	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO14	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	1	P1	38	3	1	NA	0,000030 (0,000111)	NA	NA
GLYT	1	P2	27	2	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	1	P3	29	3	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	1	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	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
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

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	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P8B	18	16	2	NA	0,000857 (0,000774)	NA	NA
GLYT	5	P10	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P11	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P6	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	6	P7	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P8B	9	6	0	NA	0,000000 (0,000000)	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	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

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	7	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	RDO11	5	6	5	NA	0,003228 (0,002182)	NA	NA
GLYT	7	RDO12	7	6	4	NA	0,001457(0,001159)	NA	NA
GLYT	7	RDO14	20	13	6	NA	0,002844 (0,001816)	NA	NA
GLYT	7	RDO15	16	9	5	NA	0,002426 (0,001615)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	5	5	5	NA	0,002852 (0,001901)	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	5	5	5	NA	0,002978 (0,002046)	NA	NA
GLYT	7	UHEMAS	5	4	5	NA	0,001630 (0,001295)	NA	NA
GLYT	7	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LAL01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO11	2	NA	6	NA	0,019868 (0,015531)	NA	NA
GLYT	8	RDO12	1	NA	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	1	NA	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	8	RDO15	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	7	NA	7	NA	0,014080 (0,009688)	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	E27	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

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, 7 e 8) (Tabela 18). O número de haplótipos obtidos variou de 1 até no máximo 6 até o Ano 4, quando esse índice apresentou melhora, chegando até 21 haplótipos no Ano 5. No Ano 6 esse número reduz novamente, enquanto no Ano 7 e parcial 8 esse índice voltou a melhorar. 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. No Ano 8 (parcial), o gene COI apresentou baixos índices de diversidade genética, enquanto para o gene Cytb esses índices se mantiveram altos. Os pontos RDO12, RDO14 e UHEAIM apresentaram valores negativos e significativos do FS de Fu, confirmando a expansão populacional já observada nas populações de *P. adspersus* em anos anteriores do monitoramento. 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. Vale ressaltar que nos últimos dois anos de coleta não foram obtidos indivíduos dessa espécie em pelo menos sete dos 14 pontos de coleta.

É importante observar que a espécie *P. 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 do Barrigudinho *Poecilia vivipara* baseados nos genes mitocondriais COI e Cytb e nucleares Myh6 e Glyt em cada ponto de coleta do Baixo rio Doce para os anos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 e 8. 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.SD = desvio padrão. Valores em negrito são significativos considerando o limite de $p = 0,05$. NA (Não se aplica) = casos em que os valores não puderam ser estimados.

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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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)

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	P7	32	9	12	0,7198 (0,0735)	0,003791 (0,002323)	-0,44636 (0,367)	-1,09559 (0,312)
COI	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P10	31	6	6	0,4000 (0,1080)	0,001067 (0,000912)	-1,46881 (0,061)	**-2,62169 (0,023)**
COI	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	5	P2	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	5	P12	0	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	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	LAL01	11	4	4	0,7818 (0,0749)	0,003127 (0,002274)	0,53079 (0,711)	0,21519 (0,522)
COI	7	LLM03R	30	6	10	0,4138 (0,1109)	0,003678 (0,002418)	-0,85961 (0,206)	0,14306 (0,560)
COI	7	LMN02R	15	4	**3**	0,6000 (0,1129)	0,002419 (0,001896)	0,46437 (0,706)	-0,19370 (0,401)
COI	7	LNV02R	26	13	12	0,9138 (0,0331)	0,008240 (0,004722)	1,04443 (0,873)	-3,20938 (0,082)
COI	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	7	RDO14	5	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
COI	7	RDO15	30	8	10	0,7195 (0,0759)	0,006970 (0,004068)	1,20558 (0,899)	0,59084 (0,643)
COI	7	RDO16	1	1	0	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	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	6	6	4	1,0000 (0,0962)	0,003600 (0,002771)	0,14908 (0,593)	**-4,65966 (0,000)**
COI	8	LAL01	15	10	7	0,9143 (0,0559)	0,006571 (0,004070)	1,43312 (0,930)	-0,68800 (0,347)
COI	8	LLM03R	25	11	23	0,6500 (0,1110)	0,050515 (0,025618)	**-1,91860 (0,015)**	8,22490 (0,992)
COI	8	LMN02R	1	1	1	NA	NA	NA	NA
COI	8	LNV02R	17	10	5	0,9118 (0,0455)	0,004294 (0,002806)	1,45758 (0,930)	-1,35165 (0,196)
COI	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RDO12	10	6	6	0,7778 (0,1374)	0,004267 (0,002925)	0,02422 (0,538)	-0,45535 (0,335)
COI	8	RDO14	9	7	9	0,9167 (0,0920)	0,005000 (0,003368)	-1,12777 (0,149)	-0,35398 (0,366)
COI	8	RDO15	25	17	11	0,9500 (0,0293)	0,006787 (0,004005)	0,55283 (0,745)	**-4,46413 (0,017)**
COI	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	8	E27	25	15	7	0,8167 (0,0813)	0,003807 (0,002552)	-0,18987 (0,463)	**-3,21816 (0,026)**
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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
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

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	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)**
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	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P1B	1	1	0	1,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	5	P2	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	5	P12	0	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	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	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	LAL01	11	7	15	0,8182 (0,1191)	0,004671 (0,002742)	0,38298 (0,676)	-0,08272 (0,452)
CYTB	7	LLM03R	30	13	24	0,8000 (0,0689)	0,012038 (0,006193)	-1,12831 (0,125)	2,54832 (0,847)
CYTB	7	LMN02R	15	8	16	0,8762 (0,0665)	0,005394 (0,003035)	1,22329 (0,913)	0,53806 (0,610)
CYTB	7	LNV02R	26	16	22	0,9477 (0,0248)	0,014211 (0,007278)	-0,00523 (0,554)	0,39656 (0,586)
CYTB	7	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	7	RDO14	5	2	1	0,4000 (0,2373)	0,000336 (0,000427)	-0,81650 (0,306)	0,09021 (0,304)
CYTB	7	RDO15	30	16	29	0,9241 (0,0314)	0,006428 (0,003460)	-0,84238 (0,215)	-2,48145 (0,177)
CYTB	7	RDO16	1	1	0	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	6	5	3	0,9333 (0,1217)	0,001176 (0,000961)	0,33839 (0,676)	**-2,92827 (0,004)**
CYTB	8	LAL01	15	4	12	0,6381 (0,0931)	0,004626 (0,002691)	1,05055 (0,879)	4,19734 (0,961)
CYTB	8	LLM03R	24	3	2	0,2355 (0,1093)	0,000260 (0,000343)	-1,20229 (0,082)	**-1,40740 (0,029)**
CYTB	8	LMN02R	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	LNV02R	17	8	17	0,8529 (0,0663)	0,006213 (0,003471)	0,98161 (0,868)	0,95353 (0,681)
CYTB	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RDO12	10	1	0	0,0000 (0,0000)	0,000000 (0,000000)	0,00000 (1,000)	NA
CYTB	8	RDO14	9	5	16	0,7222 (0,1592)	0,004194 (0,002618)	-1,50818 (0,058)	0,71956 (0,639)
CYTB	8	RDO15	25	14	25	0,8667 (0,0612)	0,007157 (0,003887)	0,10352 (0,599)	-1,17646 (0,325)
CYTB	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	8	E27	25	3	2	0,1567 (0,0957)	0,000158 (0,000250)	**-1,51406 (0,038)**	**-2,12796 (0,006)**
MYH6	1	P1	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	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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
MYH6	4	P8B	1	2	1	NA	0,001261 (0,001783)	NA	NA
MYH6	4	P9	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	4	P10	30	8	4	NA	0,000378 (0,000449)	NA	NA
MYH6	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P1B	1	2	3	NA	0,003881 (0,004481)	NA	NA
MYH6	5	P2	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	5	P12	0	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	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	6	P10	29	6	2	NA	0,000609 (0,000652)	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	6	6	NA	0,001129 (0,000922)	NA	NA
MYH6	7	LLM03R	30	4	3	NA	0,000172 (0,000290)	NA	NA
MYH6	7	LMN02R	15	12	7	NA	0,002227 (0,001556)	NA	NA
MYH6	7	LNV02R	26	8	4	NA	0,011280 (0,005876)	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	30	14	9	NA	0,001893 (0,001295)	NA	NA
MYH6	7	RDO16	1	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	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	6	5	6	NA	0,002430 (0,001682)	NA	NA
MYH6	8	LAL01	15	8	6	NA	0,001544 (0,001135)	NA	NA
MYH6	8	LLM03R	25	9	23	NA	0,002549 (0,001632)	NA	NA
MYH6	8	LMN02R	1	2	2	NA	0,002618 (0,003206)	NA	NA
MYH6	8	LNV02R	17	10	4	NA	0,001515 (0,001198)	NA	NA
MYH6	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RDO12	10	5	5	NA	0,001185 (0,000958)	NA	NA
MYH6	8	RDO14	9	7	4	NA	0,001839 (0,001321)	NA	NA
MYH6	8	RDO15	25	15	8	NA	0,002009 (0,001359)	NA	NA
MYH6	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
MYH6	8	E27	25	15	6	NA	0,001744 (0,001223)	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	P4B	0	NA	NA	NA	NA	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

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	3	P3	28	4	2	NA	0,000386 (0,000434)	NA	NA
GLYT	3	P4	30	8	4	NA	0,000578 (0,000551)	NA	NA
GLYT	3	P5	30	2	1	NA	0,000344 (0,000401)	NA	NA
GLYT	3	P6	2	2	1	NA	0,000564 (0,000700)	NA	NA
GLYT	3	P7	26	5	3	NA	0,000963 (0,000786)	NA	NA
GLYT	3	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	3	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	3	P10	26	2	1	NA	0,000268 (0,000348)	NA	NA
GLYT	4	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P3	23	3	2	NA	0,000494 (0,000501)	NA	NA
GLYT	4	P4	31	5	3	NA	0,000614 (0,000570)	NA	NA
GLYT	4	P5	36	3	2	NA	0,000562 (0,000567)	NA	NA
GLYT	4	P6	32	3	2	NA	0,000251 (0,000344)	NA	NA
GLYT	4	P7	34	4	3	NA	0,000678 (0,000607)	NA	NA
GLYT	4	P8B	1	1	0	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P9	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P10	31	5	3	NA	0,000460 (0,000477)	NA	NA
GLYT	4	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	4	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P1B	2	1	0	NA	0,000000 (0,000000)	NA	NA
GLYT	5	P2	0	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	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	5	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P1B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P3	0	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

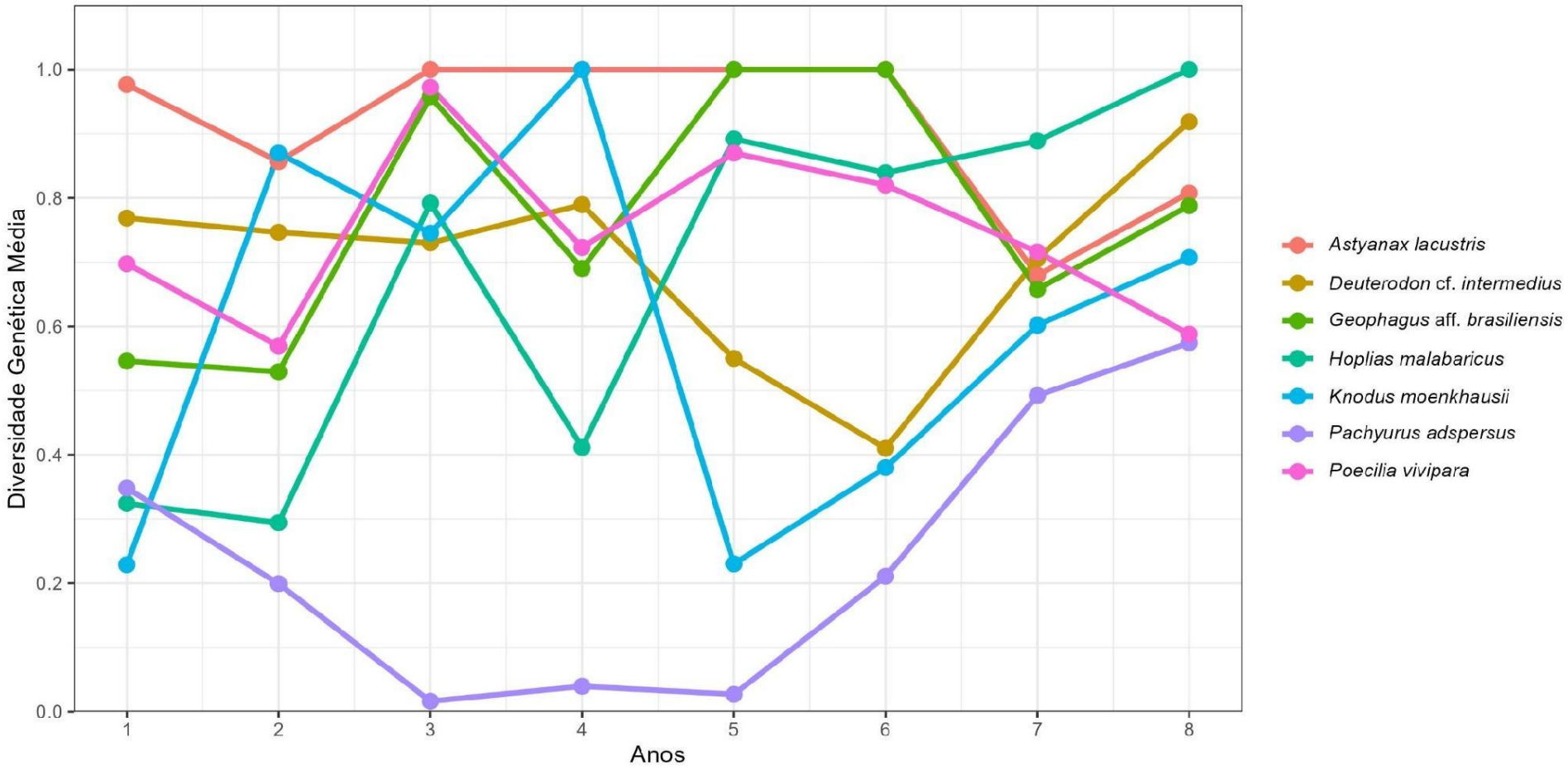
Poecilia vivipara

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	6	P7	29	31	3	NA	0,001359 (0,001041)	NA	NA
GLYT	6	P8B	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P10	30	26	5	NA	0,001326 (0,001022)	NA	NA
GLYT	6	P11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	6	P12	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	7	LAL01	11	4	3	NA	0,000674 (0,000624)	NA	NA
GLYT	7	LLM03R	30	6	7	NA	0,000664 (0,000600)	NA	NA
GLYT	7	LMN02R	15	9	5	NA	0,001117 (0,000925)	NA	NA
GLYT	7	LNV02R	26	8	9	NA	0,001357 (0,000978)	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	30	11	11	NA	0,001183 (0,001143)	NA	NA
GLYT	7	RDO16	1	2	2	NA	0,002257 (0,002765)	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	6	4	6	NA	0,002257 (0,001539)	NA	NA
GLYT	8	LAL01	14	9	7	NA	0.001120 (0.000868)	NA	NA
GLYT	8	LLM03R	25	5	10	NA	0.009225 (0.004848)	NA	NA
GLYT	8	LMN02R	1	2	1	NA	0.001129 (0.001596)	NA	NA
GLYT	8	LNV02R	17	7	6	NA	0.001660 (0.001215)	NA	NA
GLYT	8	RDO11	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RDO12	10	2	1	NA	0.000380 (0.000440)	NA	NA
GLYT	8	RDO14	9	1	0	NA	0.000000 (0.000000)	NA	NA
GLYT	8	RDO15	25	7	5	NA	0.024809 (0.012338)	NA	NA
GLYT	8	RDO16	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RGU02	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	RMH01	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEAIM	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	UHEMAS	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
GLYT	8	E27	25	7	4	NA	0.009680 (0.005049)	NA	NA

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, 7 e 8) (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. 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 baixo 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. Nos Ano 7 e 8 (parcial), os índices de diversidade genética se mantiveram altos, com exceção dos pontos LLM03R e E27 no Ano 8, onde esses índices foram baixos. Os resultados dos genes nucleares Myh6 e Glyt apresentaram 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.



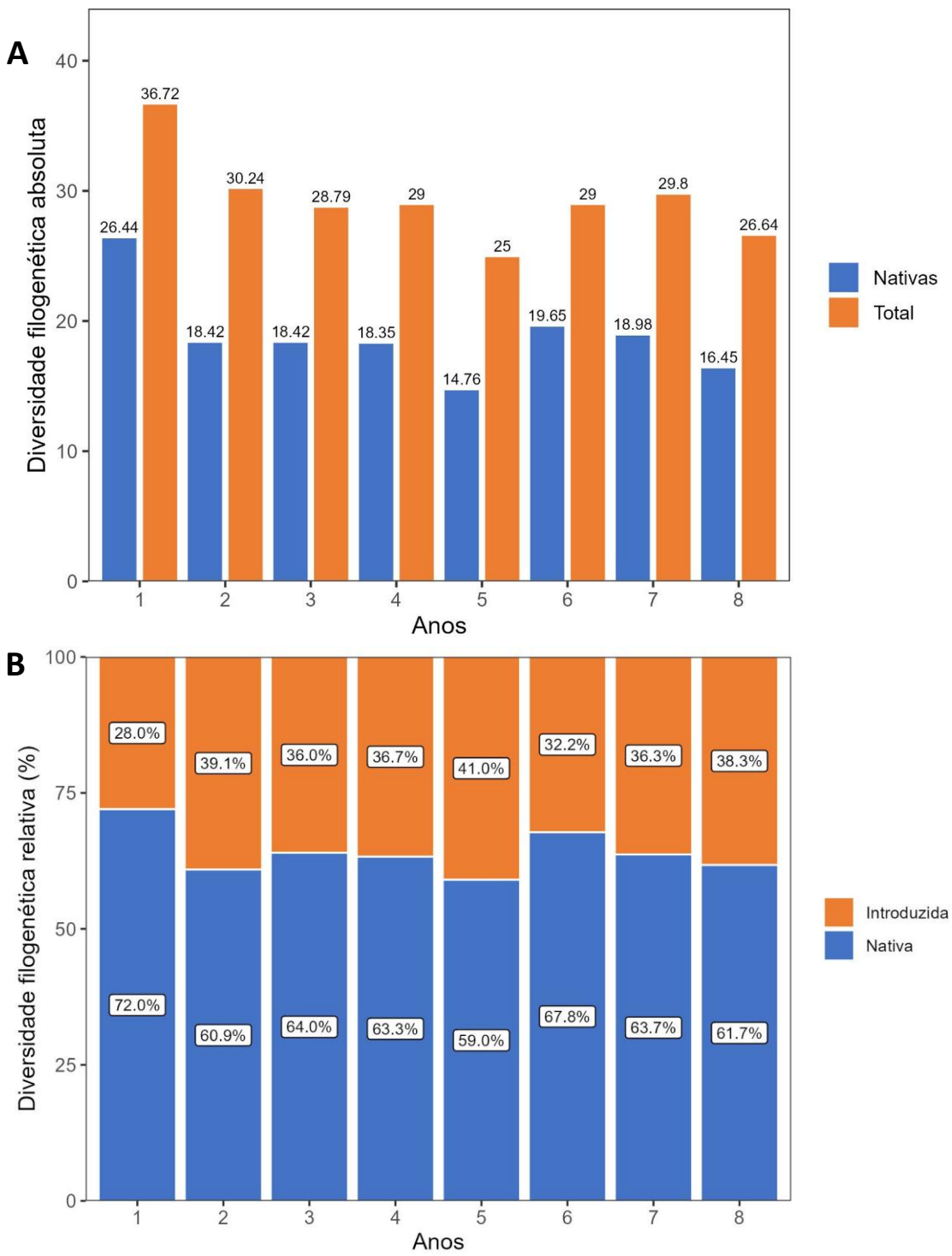
A variação da diversidade genética média (Figura 22), mostra que no período entre o Ano 1 e o Ano 2, somente o Lambari *Knodus moenkhausii* apresentou aumento de sua diversidade genética, enquanto as outras espécies apresentaram redução, em menor ou maior grau, dessa diversidade. Do Ano 2 para o Ano 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 recuperaram 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 *Poecilia 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, é relevante lembrar que, 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. Do Ano 6 para o Ano 7, quatro espécies apresentaram aumento nos índices de diversidade (*D.* cf. *intermedius, H. malabaricus, K. moenkhausii* e *P. adspersus*). Em contrapartida, *P. vivipara, G.* aff. *brasiliensis* e *Astyanax lacustris* apresentaram redução nesses índices, com uma diminuição mais acentuada observada nas duas últimas espécies. Do Ano 7 para o Ano 8 (parcial) somente *P. vivipara* apresentou redução dos seus índices de diversidade.

Embora a maioria das espécies tenha apresentado um padrão de gangorra na sua diversidade genética ao longo dos seis primeiros anos do monitoramento, em geral, essa diversidade parece estar se recuperando, sobretudo nas espécies de menor porte, onde o tempo de geração é mais curto. *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. Nos Anos 7 e 8 a espécie apresenta uma melhora significativa de sua diversidade genética, assim como *K. moenkhausii*. No entanto o N amostral continua baixo para *D.* cf. *intermedius* no Ano 7 e no Ano 8.

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, 7 e 8. **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 inclusão de novas espécies coletadas na base de dados nos Anos 7 e 8, alterou toda a composição e a estrutura da árvore filogenética, incluindo o comprimento e a distribuição dos ramos, o que reflete as alterações nos valores percentuais das diversidades filogenéticas absoluta e relativa observadas entes RSE2025 e o RA2025. Da mesma forma que revisões taxonômicas também modificaram o posicionamento das espécies na árvore e, consequentemente, os valores dessas métricas, sendo assim, quaisquer atualizações na composição e na classificação taxonômica das espécies podem resultar na alteração dos valores de diversidade filogenética previamente calculados. De modo geral, as alterações percentuais foram pequenas e não modificaram as tendências gerais observadas nos dois relatórios.

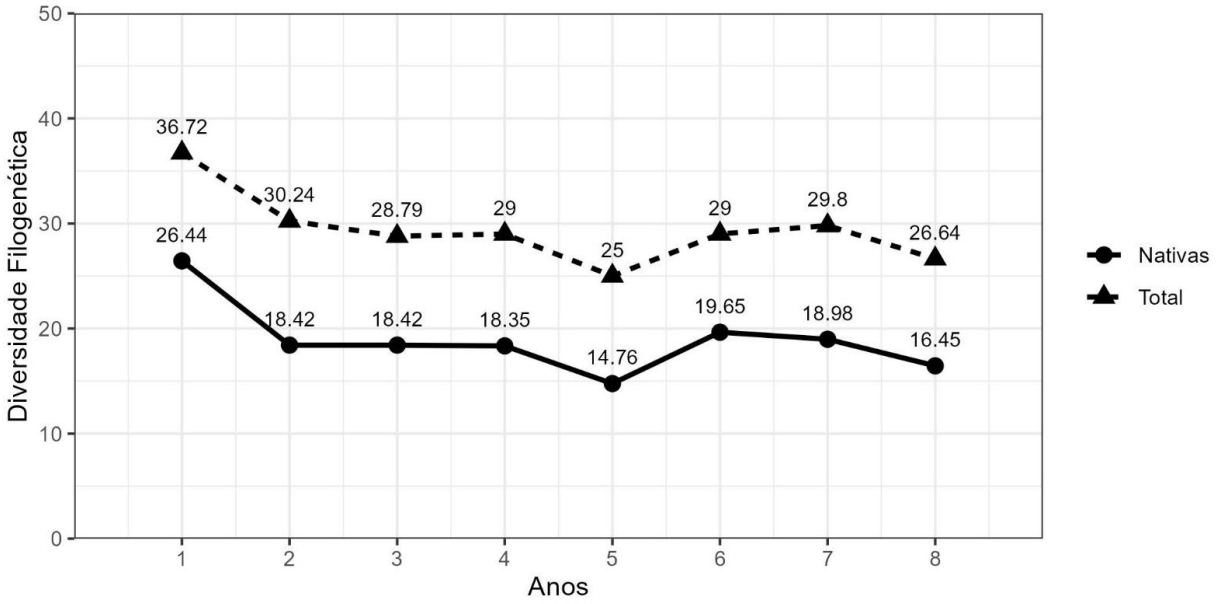
A diversidade filogenética reflete a história evolutiva de todas as espécies amostradas na área de estudo. A contribuição aditiva das espécies nativas e exóticas na diversidade filogenética total é mostrada na Figura 23A e a diversidade filogenética relativa das espécies introduzidas e nativas é mostrada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

A diversidade filogenética relativa ilustra a proporção da ictiofauna nativa e introduzida em relação à diversidade filogenética total. É possível observar que, ao longo dos oito 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 no grupo das introduzidas. 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 ao longo do tempo, dos peixes do rio Doce analisados neste 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 e Anos 4 e 5. 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. No entanto, no Ano 8 esse índice volta a cair, não sendo possível observar uma tendência para esse indicador a médio e longo prazo.

C. INDICADORES ICTIOPLÂNCTON

3.19 DISTRIBUIÇÃO DE OVOS E LARVAS

Figura 25: Densidade de ovos de peixes por 10 m³ em cada estação de amostragem (A); densidade de larvas de peixes por 10 m³ em cada estação de amostragem (B); densidade de ovos de peixes por 10 m³ em cada ambiente monitorado (C); densidade de larvas de peixe por 10 m³ em cada ambiente monitorado (D). **DOCE**: Calha do rio Doce; **FOZ**: Foz do rio Doce; **LAGO**: Lagos; **LAGOA**: Lagoas; **RES**: Reservatórios; **TRIB**: Tributários. RDO15 = calha rio Doce – Linhares/ES, P13 = calha rio Doce – Resplendor/MG, RDO11 = calha rio Doce - Montante da UHE Mascarenhas/ES, RDO12 = calha rio Doce – Colatina/ES, RDO14 = calha rio Doce – Marilândia/ES; RDO16 = rio Doce Foz - Regência/ES; LLM03R = lago do Limão – Colatina/ES, LNV02R = lago Nova; LAL01= lagoa do Areal, LMN02R = laguna Monsarás, E27 = lagoa Cacimbas; 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), durante o período de dezembro/2020 a janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.

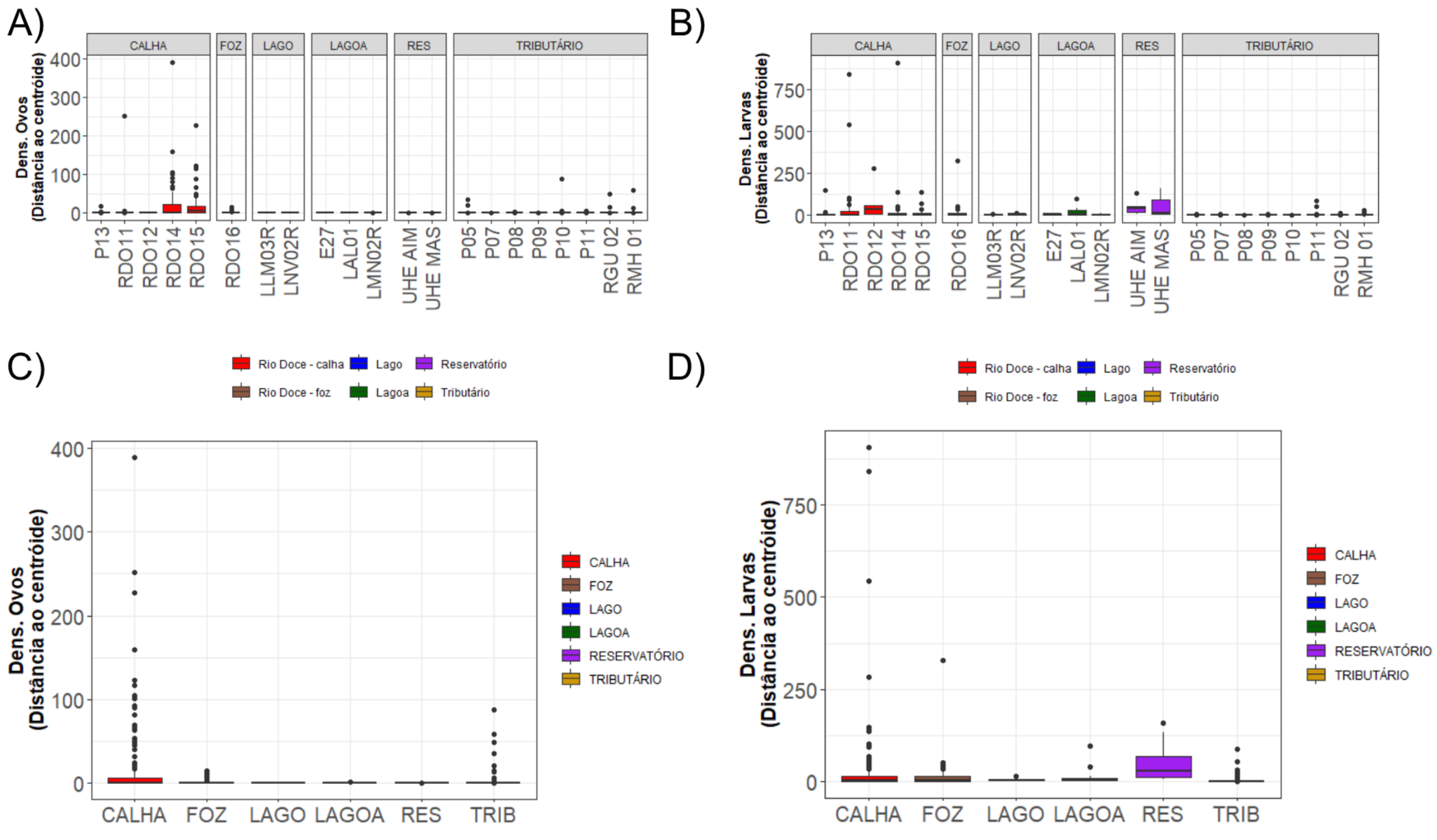
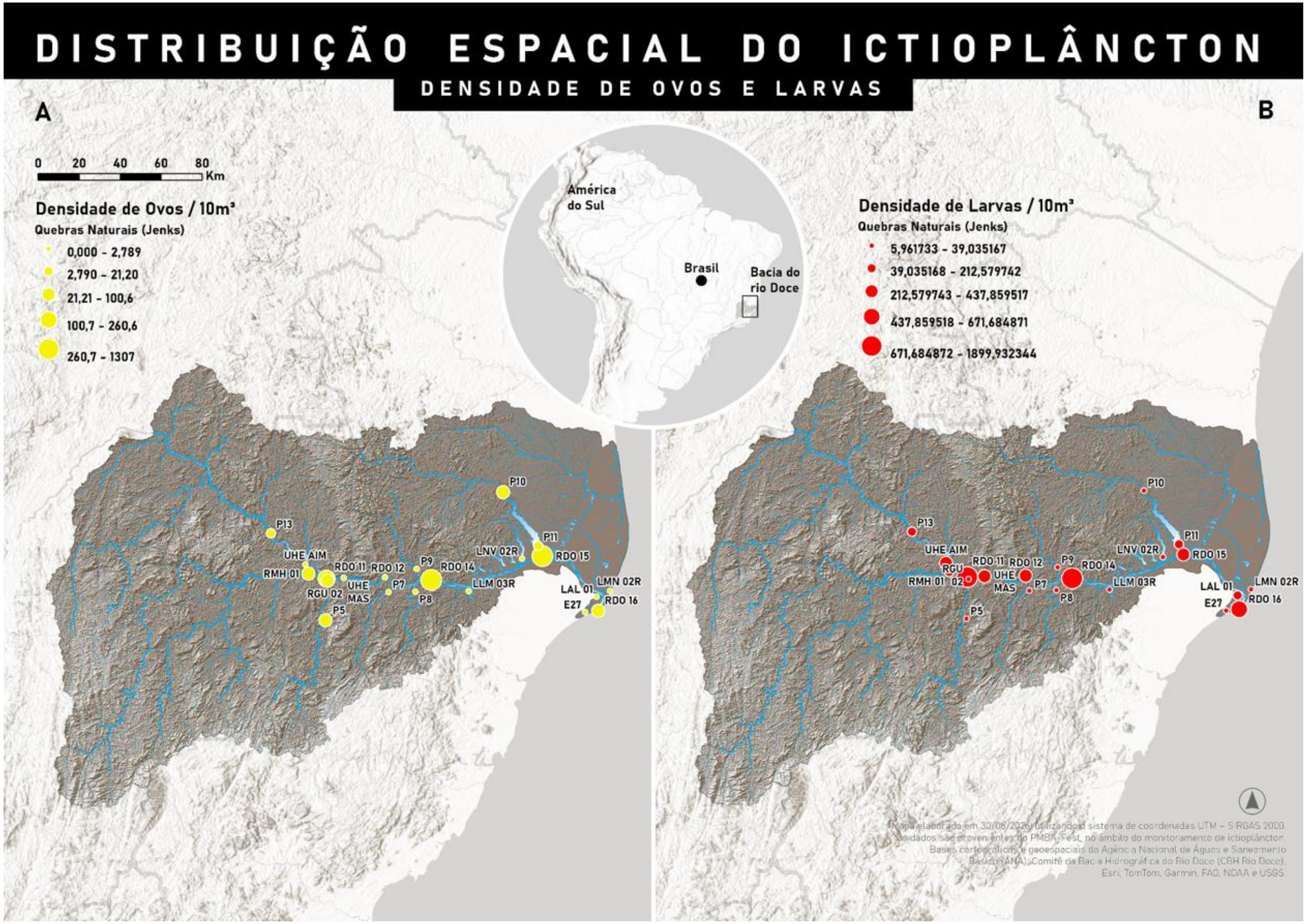


Figura 26: Distribuição espacial das densidades de ovos e larvas de peixes no Baixo rio Doce entre dezembro de 2020 e janeiro de 2026. (A) Densidade de ovos (ovos/10 m³), representada em amarelo. (B) Densidade de larvas (larvas/10 m³), representada em vermelho. As densidades foram representadas pelo tamanho dos marcadores, classificados pelo método de Quebras Naturais (Jenks), em que marcadores maiores indicam maiores densidades e marcadores menores representam menores densidades. O período efetivo de monitoramento difere entre as estações amostrais, conforme apresentado no 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.

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).

No segmento i, a montante da UHE Aimorés, que inclui a estação UHE AIM e a estação P13 (Resplendor/MG), amostrada no período do Novo Ciclo PMBA/Fest-UFES, observa-se uma baixa densidade de ovos em ambos os pontos, indicando que a atividade de desova não ocorre nesse trecho (Figura 25A). Em contrapartida, a presença de larvas nessa porção indica que essa região funciona, predominantemente, como área de deriva larval, provenientes de áreas de drenagem mais a montante, na parte mineira da bacia. A estação UHE Aimorés apresentou densidade de larvas significativamente superior à observada em P13 ($p = 0,002$). Esse padrão está diretamente relacionado à elevada abundância de larvas de corvina, com predominância de *Pachyurus adspersus*, espécie nativa da bacia. Esses resultados sugerem que os reservatórios podem estar atuando como importantes áreas reprodutivas para a espécie, funcionando como fontes de produção e dispersão de larvas para os demais trechos da bacia.

Apesar da alta produtividade registrada nos *Pachyurus adspersus*, que é uma espécie oportunista, cujas táticas reprodutivas têm se adequado a estes ambientes artificiais, para a maioria das espécies, sobretudo as que tem reprodução sazonal, ovos livres e utilizam o fluxo do rio para dispersão dos ovos e larvas, a interrupção do movimento longitudinal passivo, provocada pelos reservatórios artificiais, pode causar consequências negativas para o ictioplâncton, 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; e 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 segmento ii, que compreende a área entre os reservatórios das UHE's Aimorés e Mascarenhas, as amostragens foram feitas nas estações localizadas nos tributários Guandu (P05 e RGU02) e Manhuaçu (RMH01) e na estação RD011 (Mascarenhas), localizada na calha do rio Doce. Nesse setor, as densidades de ovos permanecem reduzidas, com desovas ocorrendo em P05, RGU02, RMH01 e RDO11 de maneira semelhante (teste de Wilcoxon, correção de Bonferroni; $p > 0,05$ para todas as comparações). Em contrapartida, a densidade de larvas é significativamente maior em RDO 11 do que nos tributários ($p < 0,001$ em ambas as comparações), sugerindo que os tributários rio Guandu e Manhuaçu podem atuar como ambientes complementares para a desova dos peixes, enquanto a calha do rio Doce apresenta condições mais favoráveis para o recrutamento das larvas. Esse resultado observado exemplifica como os rios tributários atuam como importantes áreas complementares para a manutenção da conectividade ecológica e para a dinâmica reprodutiva das espécies (Figura 26A e Figura 26B) (REYNALTE-TATAJE *et al.*, 2012). Na estação UHE MAS, a densidade de ovos não difere dos demais pontos desse trecho. Porém, em relação às larvas, difere dos tributários ($p < 0,01$), mas não difere de RDO11 ($p = 0,066$), sugerindo padrões semelhantes de abundância larval e repetindo o padrão ocorrido entre P13 e UHEAIM.

Por fim, o segmento iii, a jusante da UHE Mascarenhas, compreende um trecho livre de barramentos, que inclui as demais estações localizadas: na calha do rio Doce – RDO12 (Colatina), RDO14 (Marilândia) e RDO15 (Linhares); na foz do rio Doce – (RDO16); nos tributários – P07 (Santa Joana), P08 (Santa Maria do rio Doce), P09 (rio Pancas), P10 e P11 (rio São José); nos lagos – LLM03R (lago do Limão) e LNV02R (lago Nova); e nas lagoas – LAL01 (lagoa do Areal), LMN02R (laguna Monsarás) e E27 (lagoa Cacimbas). Nesse trecho, concentram-se as maiores densidades de ictioplâncton registradas em todo o monitoramento, com diferenças significativas entre os ambientes amostrados tanto para os ovos ($H=107,30$; $gl=5$; $p<0,001$), quanto para as larvas ($H=216,39$; $gl=5$; $p<0,001$).

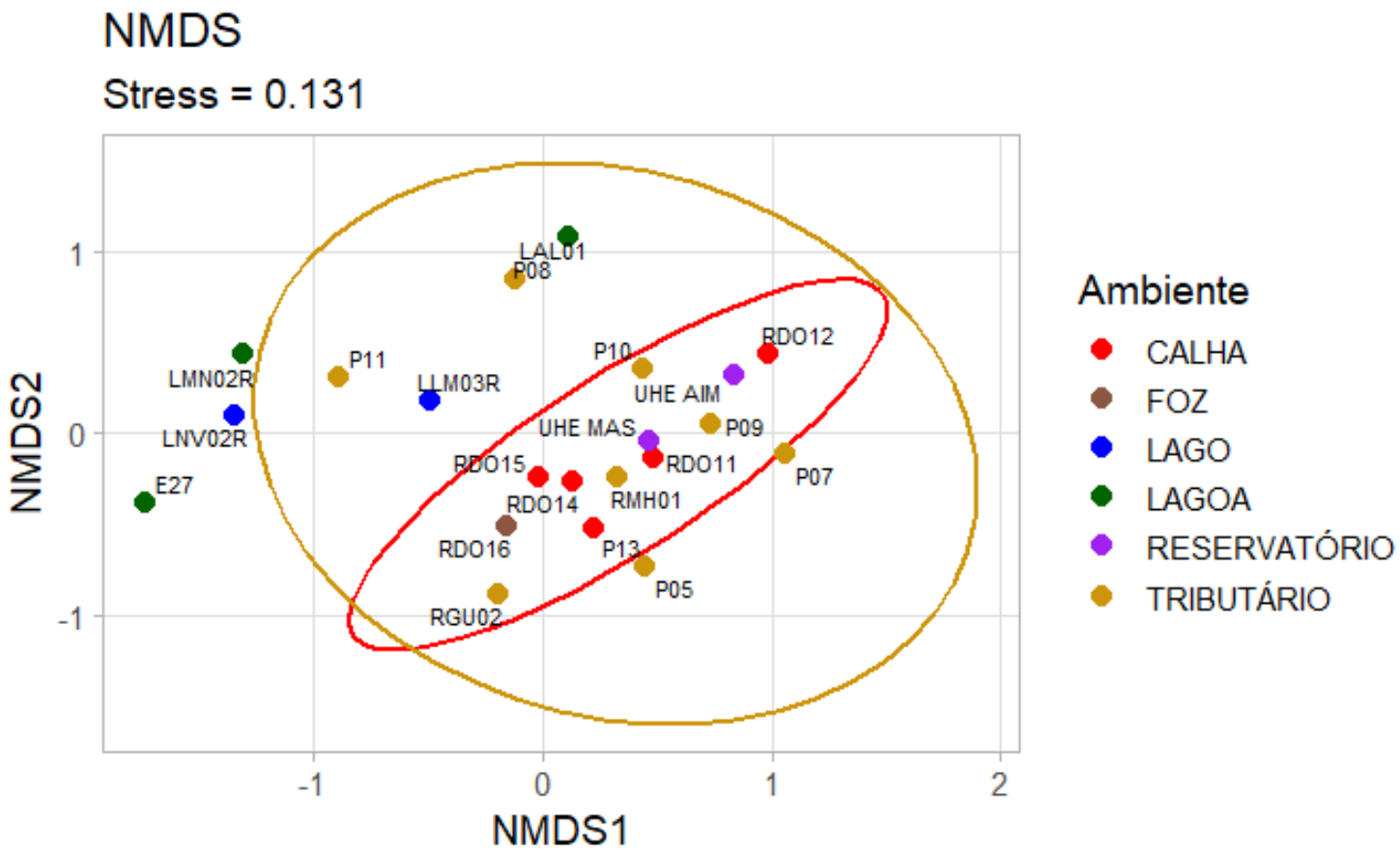
De forma geral, as estações localizadas na calha e na foz do rio Doce apresentaram as maiores densidades de ovos e larvas, sem diferenças significativas entre esses dois setores, devido à conectividade longitudinal do rio principal, o que sugere também continuidade espacial dos processos reprodutivos ao longo do rio. A ocorrência simultânea de ovos e larvas, principalmente em estágios iniciais, logo após a eclosão, indica a proximidade das áreas de desova na região (BARZOTTO *et al.*, 2015; GOGOLA *et al.*, 2013), reforçando a importância ecológica desse segmento do rio Doce como principal corredor reprodutivo do baixo curso da bacia.

Ao comparar a calha e foz do rio Doce com os ambientes lênticos (lagos, lagoas e reservatórios) e tributários, as diferenças de densidades do ictioplâncton são significativamente distintas. Na calha do rio Doce, os pontos que mais se destacam pela densidade de ovos são RDO14, em Marilândia, com maior média e valores máximos registrados, seguido de RDO15, em Linhares, com ocorrência constante de ovos ao longo das campanhas. Dentre os tributários, P10 (rio São José) apresentou as maiores densidades de ovos. Em relação às larvas, há uma maior diversidade de ambientes que registraram altas densidades. No geral, RDO 11, RDO12 e UHE MAS se destacam pelas elevadas densidades larvais. RDO12 destaca-se pela elevada densidade larval observada, embora tenha sido incorporado recentemente ao monitoramento, com apenas seis campanhas acumuladas. RDO11 também apresenta elevada densidade larval acumulada ao longo das campanhas, além da ocorrência de valores extremos e elevados picos (Figura 25B), indicando sua importância para a retenção larval, enquanto UHE MAS se destaca pelos valores médios e picos elevados. No segmento iii, os pontos RDO15 e RDO14 também se destacam na calha do rio Doce e os lagos LLM03R e LNV02R, mesmo com poucas campanhas acumuladas, já apresentaram elevada ocorrência e constância de larvas, sugerindo que esses ambientes atuam como áreas de retenção e recrutamento.

Dentre todos os setores analisados, é possível perceber três grupos com diferenças significativas em relação à densidade de larvas: a) calha, foz e ambientes lênticos naturais (lagos e lagoa) apresentam uma dinâmica larval semelhante que não difere significativamente entre si; b) reservatórios, com características próprias decorrentes da retenção hídrica e das alterações hidrológicas promovidas pelos barramentos; e c) tributários, grupo que apresenta diferenças significativas para todos os ambientes analisados (teste de Wilcoxon com correção de Bonferroni; $p < 0{,}001$ para todas as comparações), com baixas densidades de larvas. 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 ($p < 0{,}001$). 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.

Esse padrão manteve-se consistente ao longo dos seis anos (Anos 3,4,5,6, 7 e 8) de monitoramento do ictioplâncton dulcícola realizado pelo PMBA/Fest-UFES, indicando uma elevada estabilidade espacial da distribuição reprodutiva das espécies ao longo do período avaliado. As espécies de peixes do baixo rio Doce utilizam preferencialmente a calha como o ambiente prioritário para reprodução. Por fim, embora a ampliação da malha amostral a partir de outubro de 2024 tenha incorporado novos ambientes, como lagos, lagoas e reservatórios, o número reduzido de campanhas ainda limita a identificação de padrões consolidados de desova e deriva nesses sistemas (Figura 25C e Figura 25D). Contudo, as tendências observadas indicam que lagos e lagoas podem atuar como áreas de retenção e desenvolvimento larval, enquanto os reservatórios apresentam uma dinâmica ictioplanctônica própria. Dessa forma, a continuidade do monitoramento será fundamental para compreender o papel ecológico desses ambientes na dinâmica reprodutiva da ictiofauna do baixo rio Doce.

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 em vermelho representam as estações de amostragem na Calha do rio Doce; o ponto em marrom representa a estação de amostragem na Foz do rio Doce; os pontos em amarelo representam as estações de amostragem nos tributários; os pontos em verde representam as lagoas; os pontos em azul representam os lagos; e os pontos 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 diferenças na composição da comunidade de larvas, refletindo principalmente as características ambientais e a distribuição espacial dos pontos amostrados. O escalonamento multidimensional não métrico (NMDS; *stress* = 0,131) representa um evidente padrão de similaridade da comunidade ictioplanctônica entre os pontos amostrados. O padrão mais evidente corresponde aos pontos localizados na calha do rio Doce (CALHA, em vermelho), que apresenta uma composição relativamente homogênea e distinta dos ambientes lênticos. Essa diferenciação provavelmente está associada à maior riqueza e abundância de larvas registradas nesse setor da bacia. As estações RDO15, RDO11, RDO12, RDO14 e P13 formam um conjunto coeso, indicando elevada similaridade na composição das larvas e reforçando a importância da calha principal como eixo estruturador da dinâmica reprodutiva no baixo rio Doce. A proximidade da estação RDO16, localizada na foz do rio Doce, evidencia a continuidade longitudinal dos processos de deriva e recrutamento, sugerindo que calha e foz constituem segmentos integrados.

Os tributários (TRIBUTÁRIO, em amarelo) apresentam maior dispersão espacial, embora compartilhem ampla sobreposição com o agrupamento da calha principal. Esse padrão sugere elevada conectividade biológica entre esses ambientes lóticos, refletindo o compartilhamento de espécies e a contribuição dos tributários para a manutenção da dinâmica reprodutiva.

Os reservatórios (RESERVATÓRIO, em roxo) ocupam uma posição intermediária entre os ambientes da calha principal e os tributários, indicando o compartilhamento de parte da composição ictioplanctônica desses sistemas. A espécie migradora introduzida, o dourado (*Salminus brasiliensis*), por exemplo, ocorreu exclusivamente na calha do rio Doce, no tributário Guandu (RGU02) e no reservatório de Aimorés (UHE AIM). Embora ainda existam limitações decorrentes do número reduzido de amostras, observa-se uma tendência de diferenciação em relação aos demais ambientes lênticos de lagos e lagoas, possivelmente associada à influência direta dos rios que os alimentam.

Por sua vez, os ambientes de lagos (LAGO, em azul) e lagoas (LAGOA, em verde) apresentam maior isolamento no espaço de ordenação e não formam agrupamentos claramente definidos. Essa dispersão provavelmente é decorrente do número reduzido de amostragem nesses ambientes e das particularidades ecológicas de cada sistema. Ainda assim, observa-se uma diferenciação consistente em relação aos reservatórios, demonstrando que os diferentes ambientes lênticos da bacia sustentam comunidades ictioplanctônicas distintas.

De maneira geral, os resultados indicam que a estrutura da comunidade ictioplanctônica do baixo rio Doce é fortemente condicionada pela conectividade hidrológica e pela diferenciação entre ambientes lóticos e lêntico da bacia, com similaridade entre a calha principal, a foz e os tributários, e maior diferenciação dos ambientes lacustres e lagunares recentemente incorporados ao monitoramento.

Tabela 20: Densidade de larvas de peixes de cada táxon identificado, por 10 m³, em cada estação de amostragem do Baixo rio Doce, no período de dezembro de 2020 a janeiro de 2026. 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	LAL01	LMN02R	E27	LLM03R	LNV02R	RDO11	RDO12	RDO14	RDO15	P13	RDO16	RGU02	RMH01	P05	P07	P08	P09	P10	P11	UHE AIM	UHE MAS
ACANTHURIFORMES																					
Sciaenidae																					
Pachyurus adspersus Steindachner, 1879 *	8,26	0,75		0,52	0,02	1271,06	408,88	155,00	31,06	2,37	9,01		41,69	0,21	4,07		8,72	3,81	3,75	257,93	173,67
Plagioscion squamosissimus (Heckel, 1840) *						0,81			0,10		0,12									1,71	0,43
CYPRINODONTIFORMES																					
Poeciliidae																					
Poecilia vivipara Bloch & Schneider, 1801		0,19																			0,16
ATHERINIFORMES																					
Atherinopsidae																					
Atherinella brasiliensis (Quoy & Gaimard, 1825) ●		8,10									0,17										
BELONIFORMES																					
Hemiramphidae																					
Hyporhamphus unifasciatus (Ranzani, 1841) ●		1,83	36,35	1,35	11,62	0,83			2,42		0,63								36,44		
CHARACIFORMES																					
Anostomidae	0,52			0,72		221,65	1,05	156,84	56,01	83,86	24,89	0,54	15,57	2,25	4,65	0,89	0,34	0,60	1,81	4,67	44,91
Bryconidae																					
Salminus brasiliensis (Cuvier, 1816)						26,63		16,65	16,11	1,38	60,49	1,66									2,09
Characidae	0,49	1,55	1,82	0,91	1,40	13,88	0,41	18,96	2,86	5,57	1,48	1,20	4,48	5,35		0,55			0,37		3,95
Hyphessobrycon eques (Steindachner, 1882)																			0,70		
Erythrinidae																					
Hoplias intermedius (Günther, 1864)		0,17																			
Hoplias spp.						0,16		0,71	0,73	3,43	0,35			0,78	0,85	0,32		0,14	0,11		
Prochilodontidae																					
Prochilodus spp.						478,50		955,32	88,33	14,91	247,52	9,08	16,80			0,23					11,70
Serrassalmidae																				0,17	
Pygocentrus nattereri Kner, 1858 *	140,94			4,08	0,33	13,16	0,15	47,33	19,64	2,93	3,20		0,31			19,26	0,15	2,56	3,84	1,96	18,94
Stevardiidae																					
Piabarchus stramineus (Eigenmann 1908)																				0,36	
CICHLIFORMES																					
Cichlidae																					
Cichla kelberi Kullander & Ferreira, 2006 *				0,21																	
Crenicichla lacustris (Castelnau, 1855)									0,19												
Oreochromis niloticus (Linnaeus, 1758) *						10,87	0,33	5,92	2,20	1,50	1,60	3,03	0,47	0,10		1,41	0,12				1,87
CLUPEIFORMES																					
Engraulidae	0,35	10,49		9,21	15,12			0,24	0,85		0,33	0,43				0,18		0,11	110,27	0,37	
ELOPIFORMES																					
Elopidae																					
Elops smithi McBride, Rocha, Ruiz-Carus & Bowen, 2010●											0,31										
GOBIIFORMES																					
Gobiidae		1,04																			
Ctenogobius boleosoma (Jordan & Gilbert, 1882) ●	0,40	0,68									6,51										
GYMNOTIFORMES																					
Gymnotidae																					
Gymnotus carapo Linnaeus, 1758	0,21								0,39		0,11										
MUGILIFORMES																					
Mugilidae																					
Mugil spp.●											0,96										
PLEURONECTIFORMES																					

Táxons	LAGOAS			LAGOS		CALHA DO RIO DOCE					FOZ	TRIBUTÁRIOS								RESERVATÓRIOS	
ORDEM | Família | Espécie	LAL01	LMN02R	E27	LLM03R	LNV02R	RDO11	RDO12	RDO14	RDO15	P13	RDO16	RGU02	RMH01	P05	P07	P08	P09	P10	P11	UHE AIM	UHE MAS
Achiridae																					
Achirus lineatus (Linnaeus, 1758)●		0,15																			
SILURIFORMES																					
Callichthyidae															0,18						
Hoplosternum litoralle (Hancock, 1828) *								1,04											0,11		
Clariidae																					
Clarias gariepinus (Burchell, 1822) *						0,54			0,24	1,78	0,27							0,15		0,13	
Heptapteridae						1,42		1,16	5,10	0,22	0,41		5,6	0,3			0,2	0,14	0,1		0,1
Loricariidae											0,09							0,14			
Harttia sp.														0,12							
Hypostomus sp.								0,57								0,21					
Pterygoplichthys pardalis (Castelnau, 1855) *						0,38		0,88	0,11		0,14				0,16	0,79	0,17			0,41	1,49
Pimelodidae																					
Pimelodus maculatus Lacepède, 1803 *				3,02		121,90	0,87	109,30	185,34	98,99	297,67	1,19	37,44	0,76	0,13		1,16	0,44	0,09	6,90	48,42
Pseudoplatystoma corruscans (Spix & Agassiz, 1829) *									0,22												
Trichomycteridae																					
Trichomycterus spp.						0,28		3,12	1,83	0,40	1,14							0,10			
SYNBRANCHIFORMES																					
Synbranchidae																					
Synbranchus marmoratus Bloch, 1795						0,20			0,37		0,15										0,14
SYNGNATHIFORMES																					
Syngnathidae																					
Microphis lineatus (Kaup, 1856) ●		4,18	1,29	0,32	2,01	0,20	0,43	2,40	19,21		17,43								29,61		

Os agrupamentos visualizados na Figura 27 podem ser compreendidos com a análise da Tabela 20, que apresenta a distribuição das espécies registradas em cada estação de amostragem. Ao longo do monitoramento foram registrados 33 táxons pertencentes a 26 famílias e 15 ordens, dos quais 24 puderam ser identificados ao nível de espécie. A calha e a foz do rio Doce constituem os ambientes mais semelhantes entre si, devido à elevada riqueza e abundância de larvas observadas nesses trechos. Destacam-se principalmente às altas densidades de curimba *Prochilodus* spp., representando espécies nativas e não-nativas do gênero, de larvas não-identificadas da família Anostomidae (predominantemente nativos da bacia do baixo rio Doce), da espécie introduzida mandi-amarelo (*Pimelodus maculatus*), do dourado *Salminus brasiliensis* e da corvina *Pachyurus adspersus*, esta última apresentando as maiores densidades registradas, especialmente na região da calha principal.

Essas espécies também ocorrem com frequência nos rios tributários, sendo que a presença de táxons migradores, como *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 concentrar espécies amplamente distribuídas ao longo da calha principal, abriga importantes representantes de origem marinha e estuarina, como a agulha-branca (*Hyporhamphus unifasciatus*), as anchovas (Engraulidae), a joaninha-do-sul (*Elops smithi*), o amoré (*Ctenogobius boleosoma*), as tainhas (*Mugil* spp.) e o peixe-cachimbo (*Microphis lineatus*). A coexistência desses táxons com espécies dulcícolas evidencia o papel da foz como área berçário e zona de transição ecológica, favorecendo a dispersão e o desenvolvimento inicial de organismos de origem dulcícola e marinha/estuarina. Algumas dessas espécies de agulha-branca e peixe cachimbo, também foram registradas nos lagos e lagoas (LMN02R, E27, LLM03R e LNV02R), bem como nos trechos inferiores da calha do rio Doce, indicando a utilização de ambientes dulcícolas, principalmente o rio tributário São José (P10 e P11), que conecta a Lagoa Juparanã à calha principal do rio Doce, ressaltando a importância da conectividade longitudinal e lateral entre o rio principal, tributários e sistemas lacustres associados.

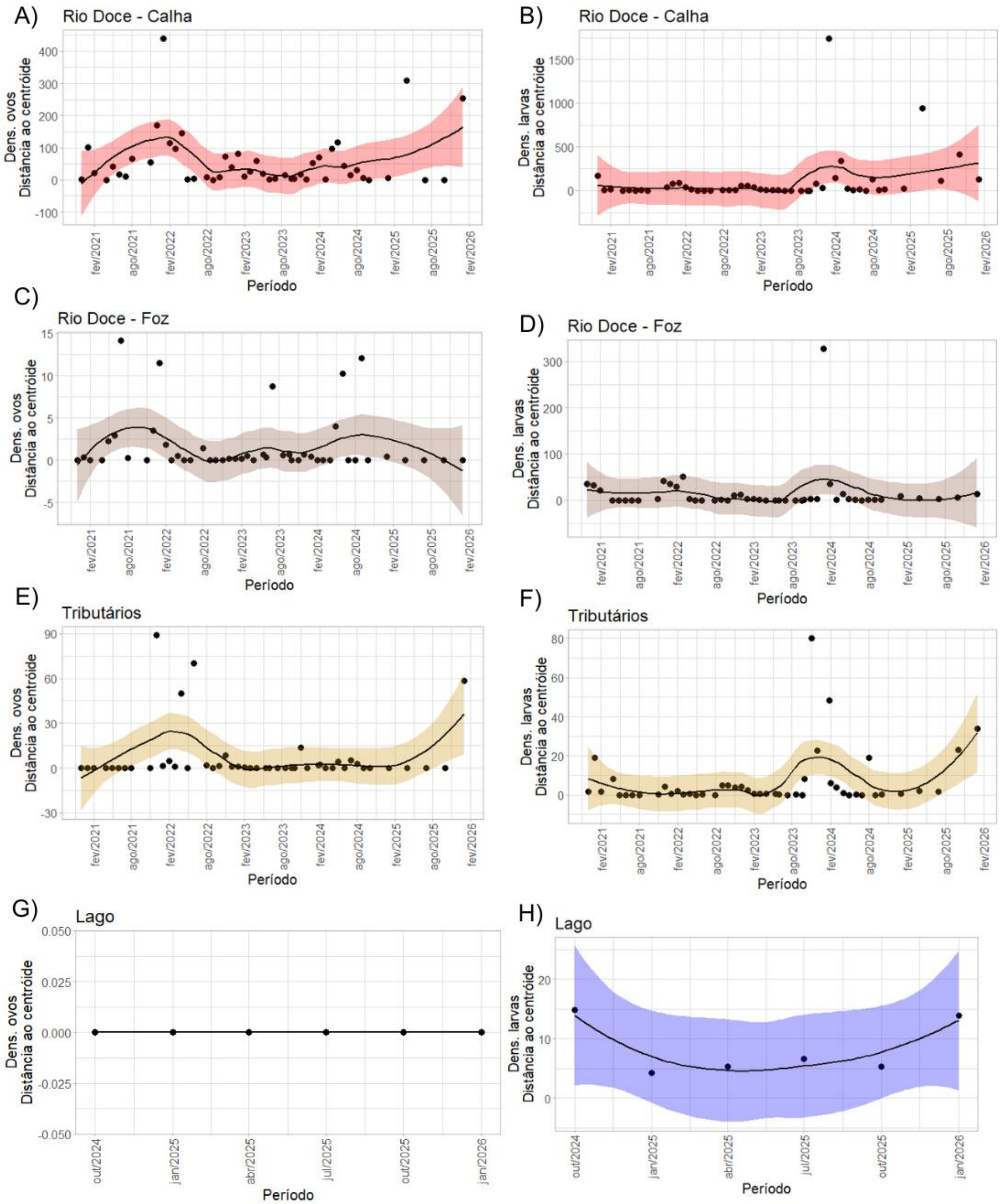
Os reservatórios das UHE Mascarenhas e UHE Aimorés constituíram o segundo grupo com maior similaridade interna, apresentando composição ictioplanctônica relativamente homogênea e compartilhando diversos táxons com os ambientes lóticos da calha e dos tributários. Entre as espécies mais representativas destacam-se *Pachyurus adspersus, Pimelodus maculatus, Prochilodus* spp**.** e representantes de Anostomidae, cuja ocorrência nesses ambientes provavelmente resulta da deriva passiva das larvas para jusante. 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.

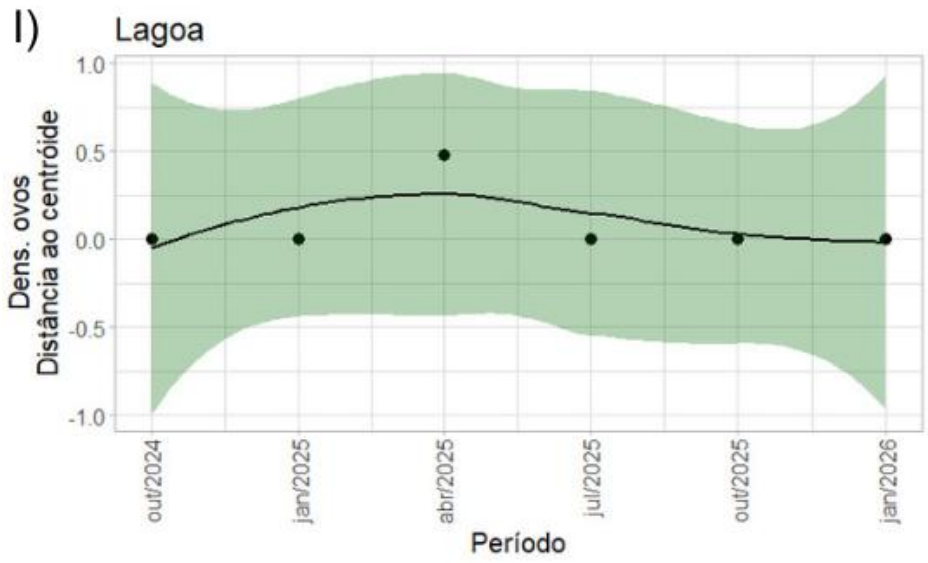
Em contraste, os lagos e lagoas apresentaram composição taxonômica mais distinta dos demais ambientes, caracterizada pela predominância de espécies sedentárias e de táxons associados a ambientes lênticos ou influenciados por conexões com sistemas estuarinos. Destacando-se a ocorrência exclusiva da traíra (*Hoplias intermedius*) e do tucunaré (*Cichla kelberi*). O peixe-rei (*Atherinella brasiliensis*), embora predominante nas lagoas, também apresentou registro pontual na foz do rio Doce. Além disso, a piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), espécie oportunista e não nativa, apresentou elevadas densidades nesses ambientes, indicando condições favoráveis ao estabelecimento e à manutenção de populações em sistemas de menor conectividade hidrológica.

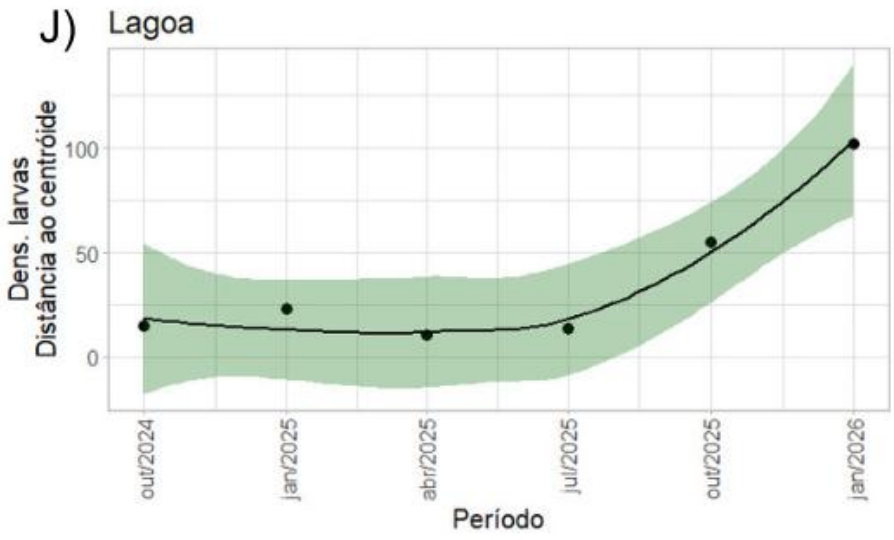
Ao longo do monitoramento na bacia do rio Doce, foram registrados nove táxons não-nativos: o tucunaré (*Cichla kelberi*), a piranha-vermelha (*Pygocentrus nattereri*), a tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*), o tamboatá (*Hoplosternum littorale*), o bagre-africano (*Clarias gariepinus*), o cascudo-abacaxi (*Pterygoplichthys pardalis*), o pintado (*Pseudoplatystoma corruscans*), o dourado (*Salminus brasiliensis*) e representantes do gênero *Prochilodus*, que compreende espécies tanto nativas quanto introduzidas na bacia. Esses táxons concentram-se principalmente na calha e na foz do rio Doce, embora também ocorram nos tributários e nos reservatórios. Nos ambientes de lago e lagoas, *Pygocentrus nattereri* destacou-se por apresentar elevadas abundâncias, mas não constitui a única espécie exótica registrada na bacia, evidenciando a ampla disseminação de organismos não nativos nos diferentes ambientes monitorados.

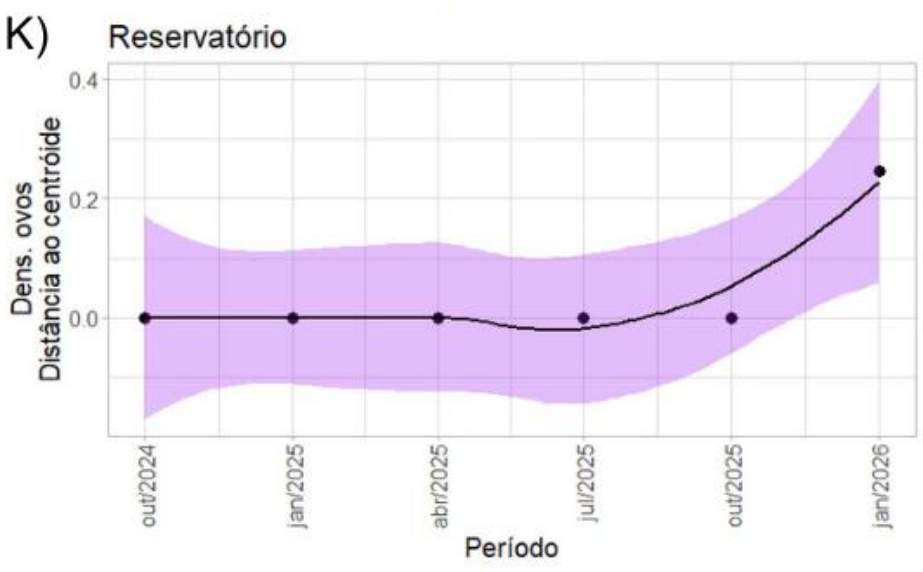
3.20 DISTRIBUIÇÃO TEMPORAL DE OVOS E LARVAS

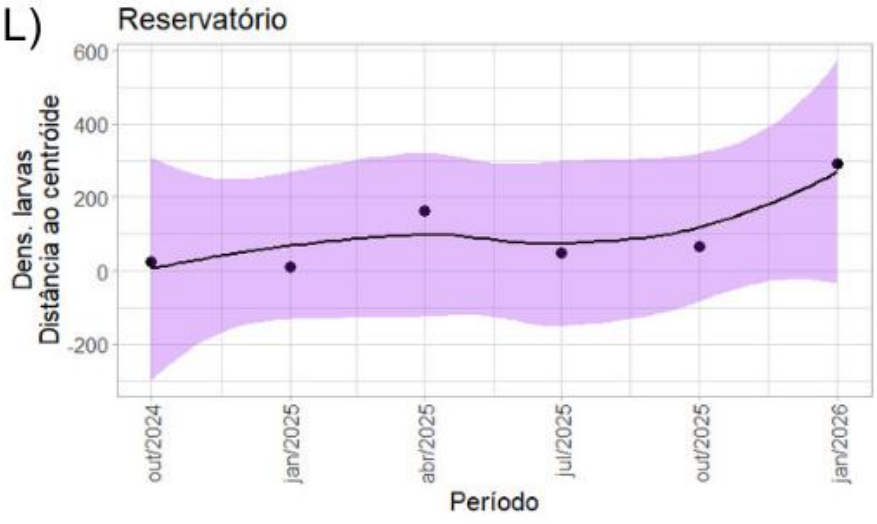
Figura 28: Modelos Aditivos Generalizados Mistos – GAMM (as linhas sombreadas indicam o intervalo de confiança dos dados ± 95%). Densidades de ovos e larvas de peixes nas estações de amostragem do rio Doce – calha (vernelho) (A e B), rio Doce – foz (marrom) (C e D), dos Tributários (amarelo) (E e F), dos lagos (azul) (G e H), das lagoas (verde) (I e J), e dos reservatórios (roxo) (K e L). Os resultados abrangem o período de dezembro de 2020 (Ano 3) a janeiro de 2026 (Ano 8). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.





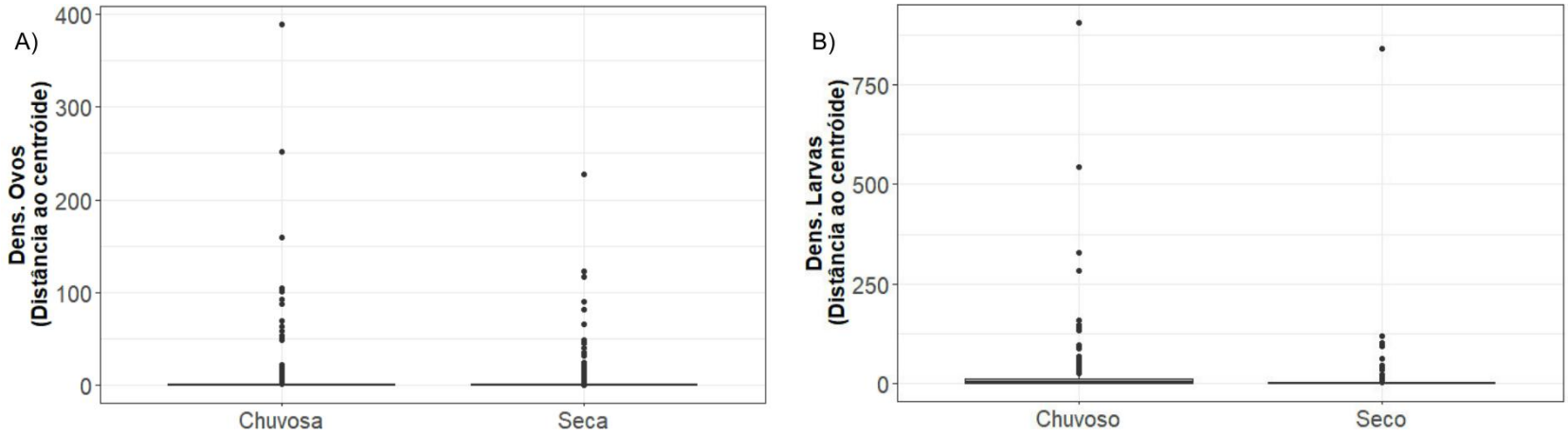






Para analisar a distribuição temporal dos ovos e larvas de peixes, foi considerada a sazonalidade das coletas (períodos chuvoso e seco) e os anos de monitoramento do PMBA/Fest-UFES (Ano 3 ao Ano 8) nos ambientes da calha do rio Doce, foz do rio Doce, tributários, lagos, lagoas e reservatórios (Figura 28). Os ambientes lênticos, representados pelos lagos, lagoas e reservatórios passaram a integrar a rede amostral apenas a partir de outubro de 2024.

Figura 29: Densidade de ovos de peixes por 10 m³ nos períodos chuvoso e seco (A); densidade de larvas de peixes por 10 m³ nos períodos chuvoso e seco (B) no Baixo rio Doce. Os resultados abrangem o período de dezembro de 2020 (Ano 3) a janeiro de 2026 (Ano 8). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



Em relação à sazonalidade, tanto as densidades de ovos, quanto as densidades de larvas, foram significativamente superiores no período chuvoso em comparação ao período seco (Wilcoxon; $p<0,05$) (Figura 29). Os valores de densidade mantêm-se, em sua maioria, baixos e próximos de zero, sendo interrompidos por eventos pontuais de elevada abundância que refletem a natureza esporádica dos processos de desova e deriva larval. Esses picos ocorrem predominantemente durante a estação chuvosa, sugerindo que o aumento da vazão, da conectividade entre habitats, da disponibilidade de nutrientes, aumento do oxigênio dissolvido e das condições físico-químicas favoráveis atua como principal gatilho para os eventos reprodutivos e para a dispersão inicial das larvas.

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. Embora, não tenham sido identificadas diferenças estatísticas significativas entre os anos do monitoramento, os dados mais recentes indicam mudanças importantes na dinâmica temporal do ictioplâncton. O ano 8 se destacou pelo aumento das densidades de larvas, principalmente na calha do rio Doce (Figura 28B) e nos tributários (Figura 28F), além de um crescimento expressivo nas lagoas (Figura 28J). Por outro lado, as densidades de ovos permaneceram relativamente estáveis ou não apresentaram tendências temporais significativas na maioria dos ambientes, sendo observadas oscilações temporais mais pronunciadas na calha do rio Doce.

Os modelos aditivos generalizados (GAMs) demonstraram que a dinâmica temporal do ictioplâncton varia entre os diferentes ambientes da bacia (Figura 28). Na calha do rio Doce, a densidade de ovos não apresentou variação temporal significativa (p = 0,261), enquanto a densidade de larvas apresentou uma tendência próxima à significância estatística (p = 0,0569), indicando que, embora a calha possa apresentar períodos de maior ocorrência de ovos e larvas, a dinâmica temporal do ictioplâncton é variável ao longo do período monitorado. Por sua vez, a foz do rio Doce também não apresentou tendências temporais significativas para ovos (p = 0,606) nem para larvas (p = 0,982). Esses resultados corroboram a relativa estabilidade observada nos gráficos e sugerem que a foz desempenha predominantemente funções de dispersão e transição ecológica, recebendo organismos provenientes de diferentes regiões da bacia, em vez de representar um importante centro reprodutivo.

Nos tributários, a densidade de ovos não apresentou variação temporal significativa (p = 0,14), assim como a densidade de larvas (p = 0,0881). Embora tenham sido observadas oscilações nas densidades ao longo do período monitorado, os resultados não indicaram uma tendência temporal significativa para ovos ou larvas nesse setor.

Esse modelo temporal de distribuição de ovos e larvas, entre os anos 3 e 8 do PMBA/Fest-UFES, em ambientes da Bacia do rio Doce, foi informativo para a compreensão de aspectos de sazonalidade, heterogeneidade espacial e resiliência dos ambientes (Figura 28). Os resultados evidenciaram 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 29).

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, as maiores densidades de larvas foram observadas nos anos mais recentes do monitoramento, especialmente na calha do rio Doce e nos tributários, coincidindo com a concentração das chuvas no início de 2026 e sugerindo um atraso nos pulsos reprodutivos em relação ao padrão histórico. 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).

Nos ambientes lênticos, a interpretação dos resultados deve ser realizada com cautela devido ao número reduzido de campanhas disponíveis (n = 6). No lago, a ausência de variação nos dados de ovos impossibilitou o ajuste do modelo GAMM, enquanto as larvas não apresentaram tendência temporal significativa (p = 0,231). Nas lagoas, os ovos também não apresentaram variação significativa (p = 0,805), porém as larvas exibiram uma tendência temporal significativa e não linear (p = 0,025). Embora esse resultado indique uma mudança consistente na abundância larval ao longo das campanhas, o número ainda é reduzido. Nos reservatórios, tanto ovos (p = 0,109) quanto larvas (p = 0,127) não apresentaram tendências temporais significativas.

Em relação à 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 às 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.

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. À medida que novas campanhas forem incorporadas aos ambientes lênticos, será possível compreender com maior precisão a contribuição dos lagos, lagoas e reservatórios para a dinâmica reprodutiva e para a integridade ecológica da bacia.

3.21 INTEGRIDADE E VIABILIDADE DAS LARVAS E JUVENIS

Figura 30: Larvas da família Anostomidae apresentando deformidades na região da cabeça (DC). A-1 corresponde a uma larva sem deformidades (normal). A-2 a A-4 apresentam deformidades na região da cabeça.



Figura 31: Larvas da espécie *Pygocentrus nattereri* (piranha-vermelha) apresentando deformidade na região da cabeça (DC). B-1 corresponde a uma larva sem deformidades (normal), enquanto B-2 a B-4 apresentam deformidades na região da cabeça.

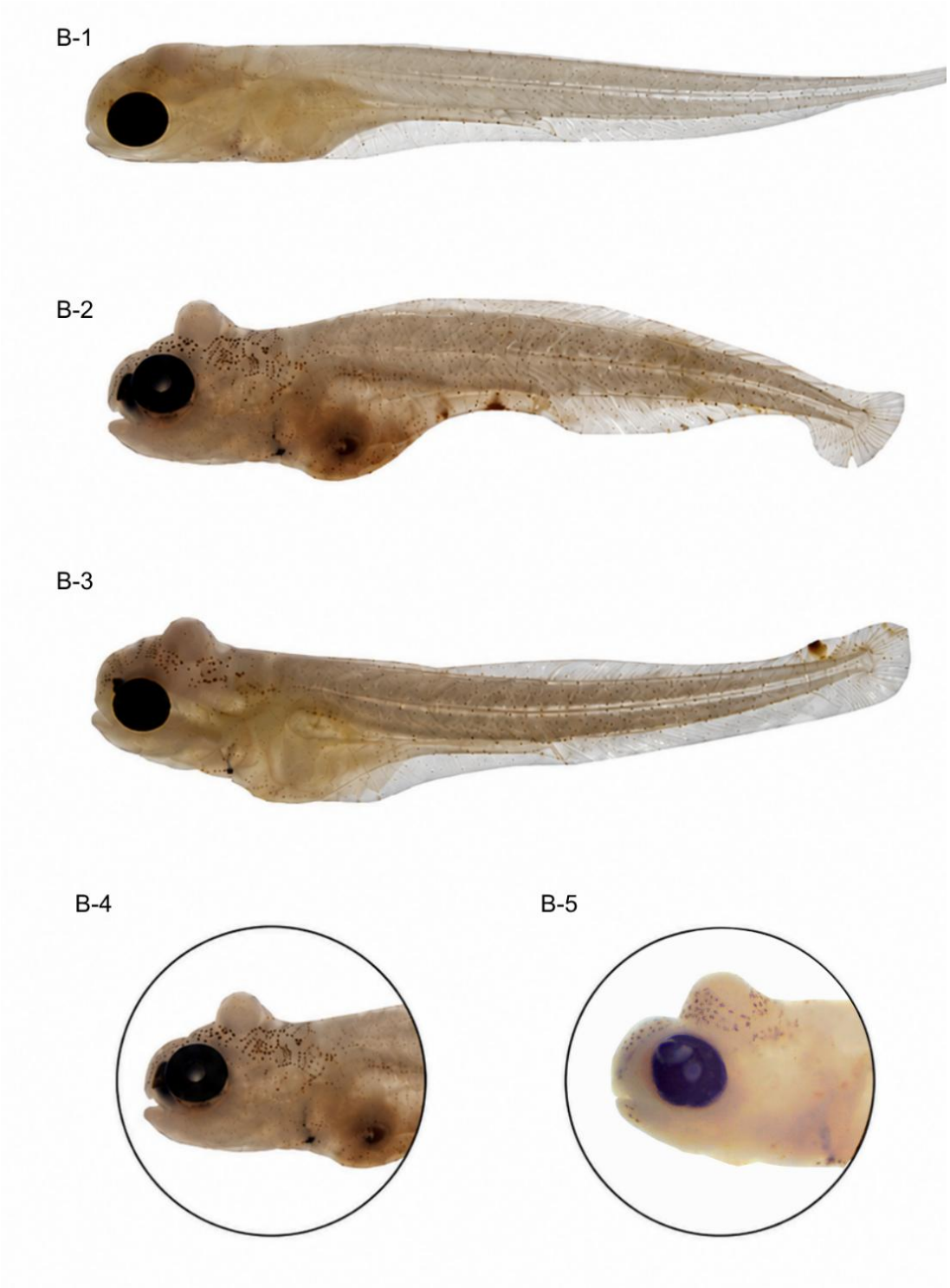
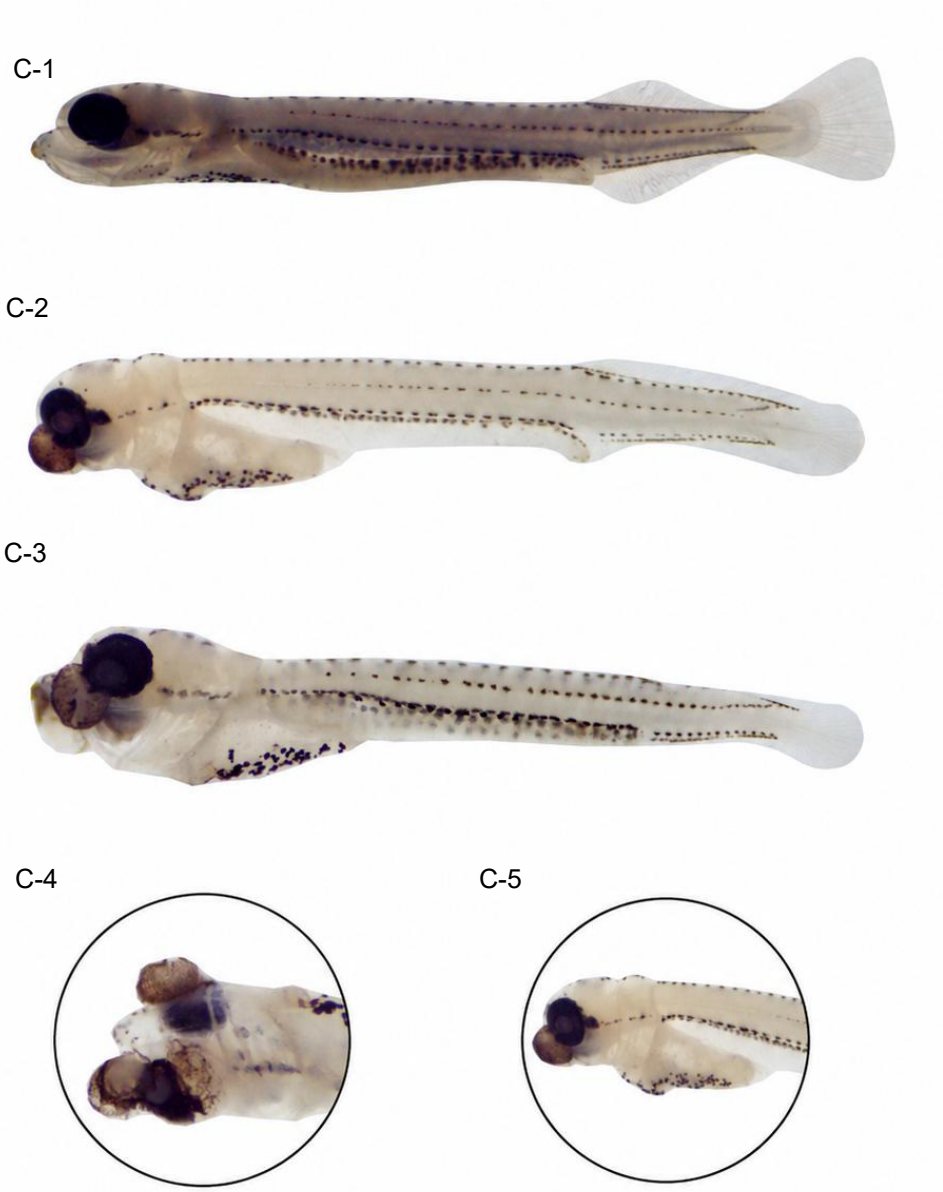


Figura 32: Larvas da espécie *Hyporhamphus unifasciatus* (peixe-agulha) apresentando deformidades na região da cabeça (DC). C-1 corresponde a uma larva sem deformidades (normal), enquanto C-2 a C-4 apresentam deformidades na região da cabeça.



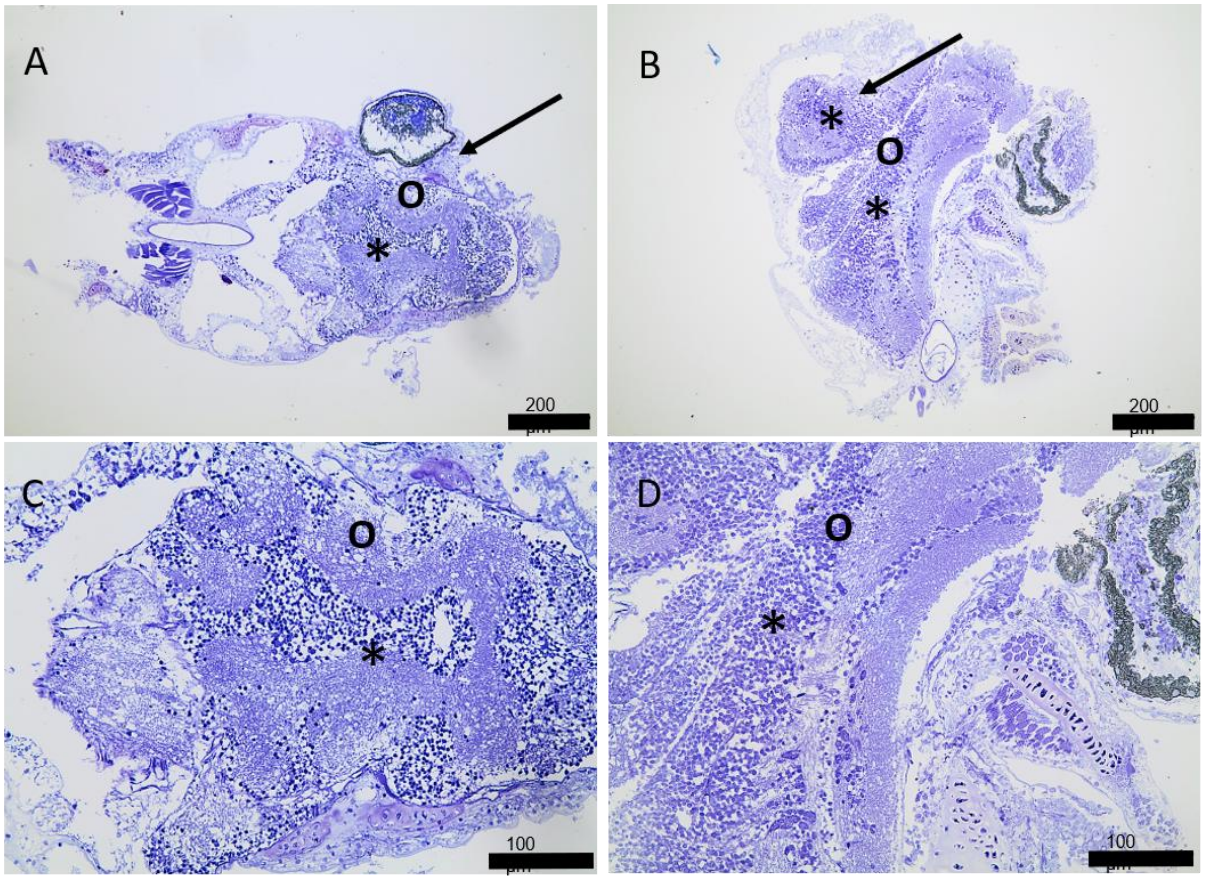
A alteração morfológica mais frequentemente registrada, apresentando ainda uma tendência temporal de aumento na densidade de ocorrência ao longo do período de monitoramento, é a deformidade na região da cabeça (DC), conforme ilustrado na Figura 30, Figura 31 e Figura 32. Observada pela primeira vez em 2021, essa anomalia caracteriza-se por um aumento anormal do volume da região cefálica. Tal processo frequentemente resulta no surgimento de uma deformação da região crânio-facial, geralmente acompanhada à exoftalmia (protrusão anormal dos globos oculares), 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 aptidão biológica (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 (BENGTSSON, 1979; MURAMOTO, 1981). Embriões e larvas apresentam elevada sensibilidade, podendo ocorrer retardo no desenvolvimento, deformidades morfológicas e aumento da mortalidade (JEZIERSKA *et al.*, 2009; 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 (KOUMOUNDOUROS *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 33: Secções histológicas nos planos dorsal (A e C) e oblíquo (B e D) da região do tectum óptico (O) de larvas de peixes da família Anostomidae, evidenciando eversão do tecido nervoso para fora da cavidade craniana (setas). As imagens em maior aumento (C e D) mostram, em detalhe, a região do encéfalo (*) e do tectum óptico (O), com desorganização do parênquima encefálico; o asterisco indica uma região rica em corpos celulares neuronais.



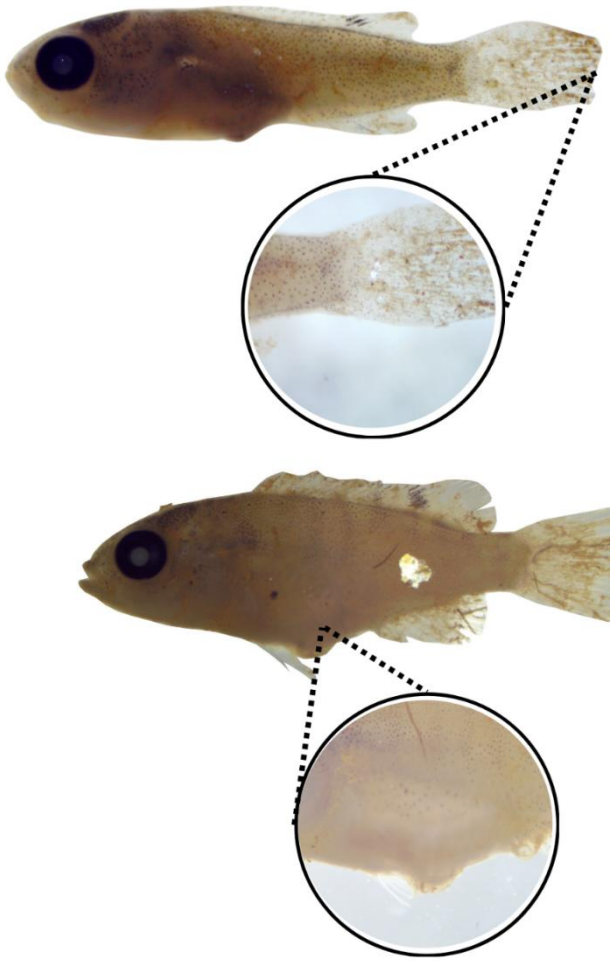
As análises histológicas da região do tectum óptico de larvas da família Anostomidae evidenciaram alterações morfológicas caracterizadas pela eversão do tecido nervoso para fora da cavidade craniana, observada tanto em secções no plano dorsal quanto oblíquo (Figura 33A e Figura 33B). Essas alterações promoveram deformação da região dorsal do encéfalo, com protrusão do parênquima encefálico além dos limites do neurocrânio. Em maior aumento, observou-se desorganização do parênquima encefálico na região do tectum óptico, mantendo-se evidente a presença de corpos celulares neuronais na região encefálica adjacente (Figura 33C e Figura 33D).

Em larvas de anostomídeos com desenvolvimento normal, a região do tectum óptico apresenta um parênquima encefálico organizado, constituído por neurônios com núcleos eucromáticos e células gliais distribuídas no tecido nervoso (HORN; RASIA-FILHO, 2018). Em contraste, as larvas avaliadas apresentaram eversão do tecido nervoso associada à desorganização do parênquima encefálico na região do tectum óptico. O desenvolvimento normal dessa região em larvas de teleósteos é caracterizado pela organização progressiva do tecido nervoso e pela adequada distribuição de neurônios e células gliais, processos essenciais para a maturação dos circuitos neurais (HORN; RASIA-FILHO, 2018; PERROTI *et al.*, 2019). Dessa forma, as alterações observadas indicam comprometimento da arquitetura neural durante o desenvolvimento embrio-larval. Alterações

morfológicas dessa natureza são compatíveis com distúrbios do neurodesenvolvimento e têm sido descritas em larvas de peixes expostas a diferentes estressores ambientais (USENKO *et al.*, 2007; SULUKAN *et al.*, 2017).

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 34: Sedimento Aderido ao Corpo (SAC), Sedimento em Cavidades Internas (SCI) e Rompimento ou Deterioração da Cavidade Abdominal (RCA) observadas em exemplares da tilápia *Oreochromis niloticus*.



Além das deformidades na região da cabeça, o monitoramento do ictioplâncton dulcícola do PMBA/Fest-UFES tem registrado em menor frequência pelo menos quatro tipos de alterações nas larvas (Figura 34). Entre elas, destaca-se a presença de sedimento aderido ao corpo (SAC) e em cavidades internas (SCI), como a boca e o intestino. 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. As deformidades SCI e RCA foram registradas somente em alguns táxons, com destaque para a tilápia *Oreochromis niloticus*, a corvina *Pachyurus adspersus* e o mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*.

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

Figura 35: Proporção e distribuição espacial das larvas de peixes com alterações incomuns, comparando os 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/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.

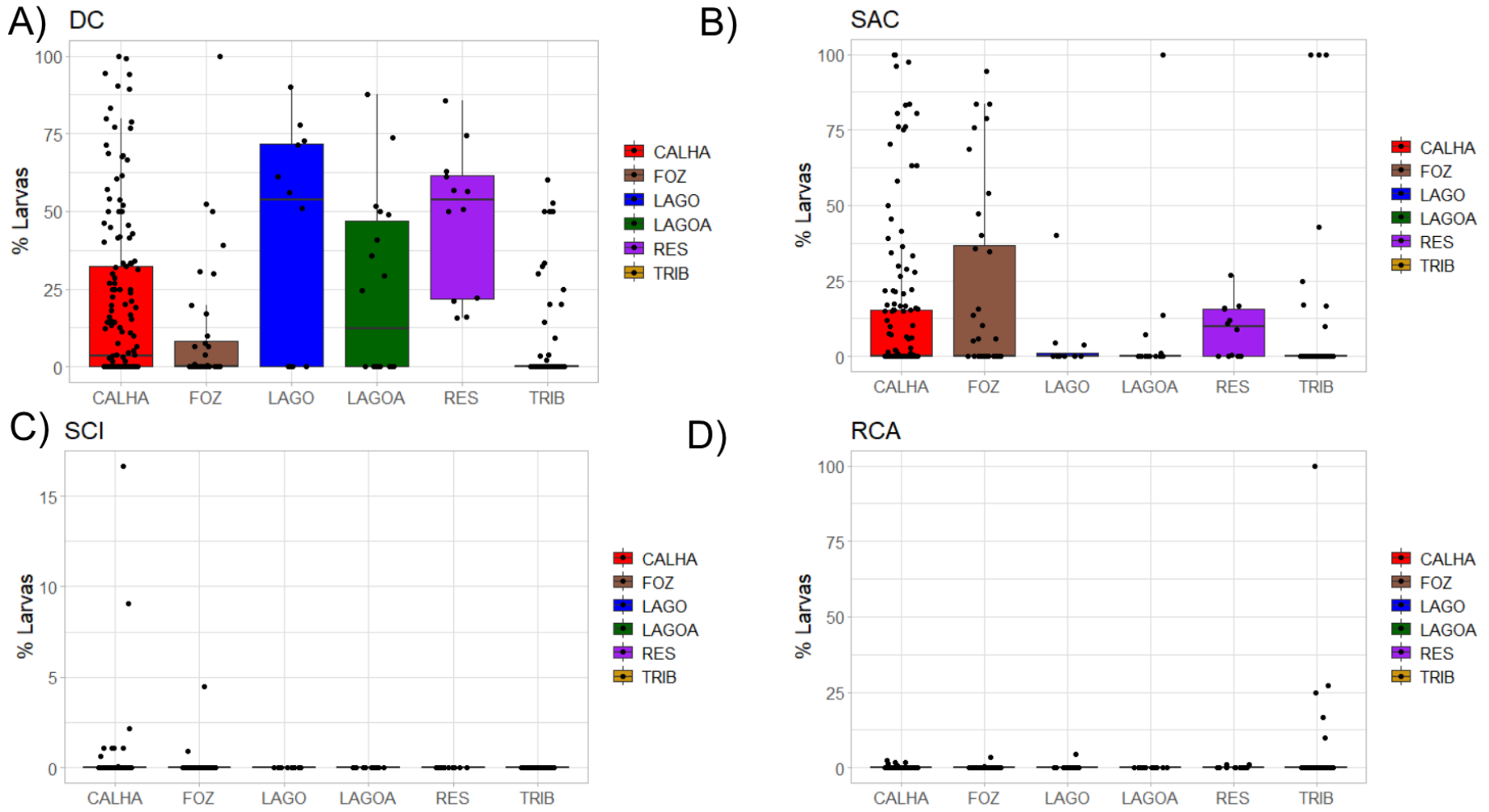
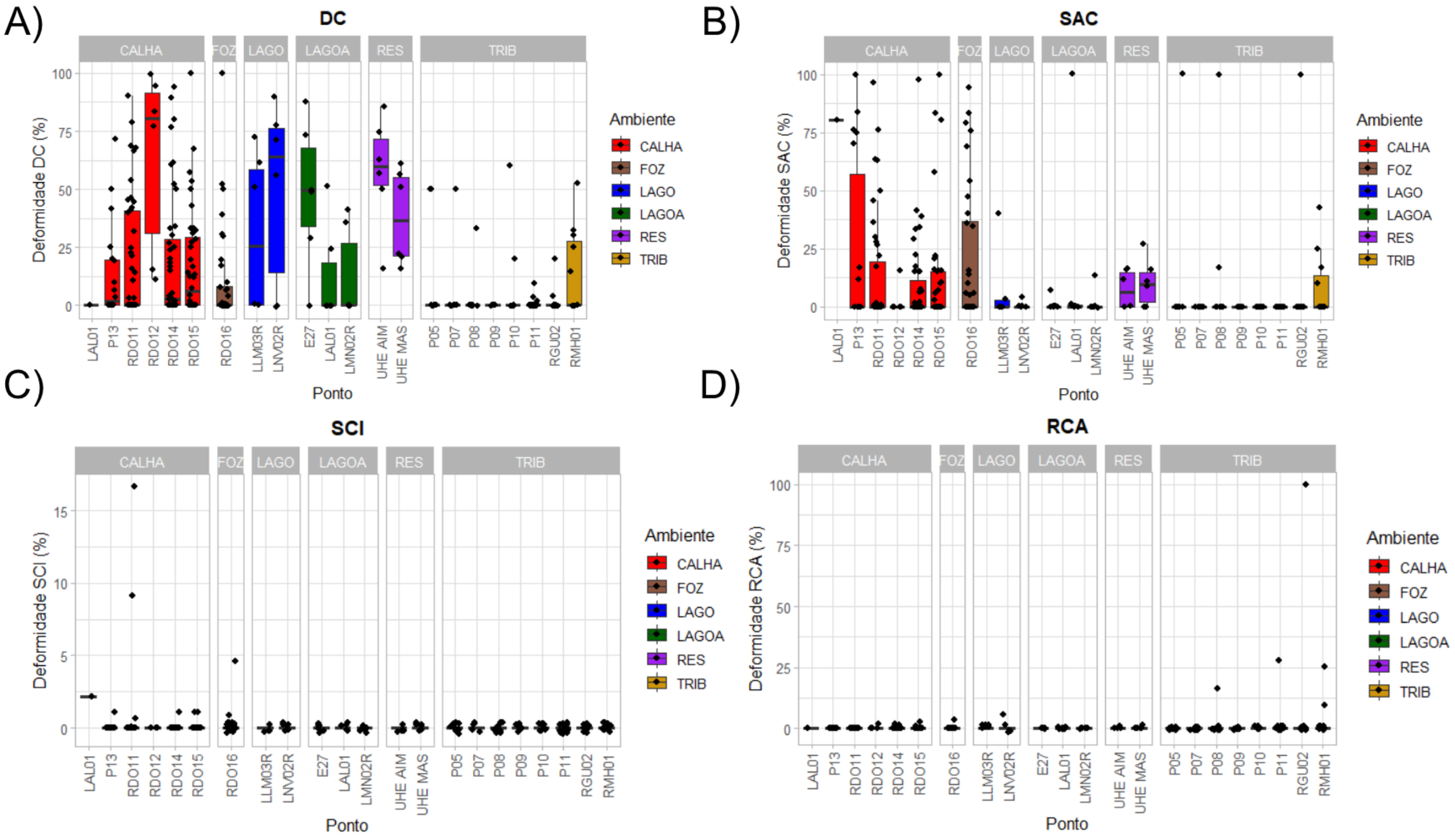


Figura 36: Proporção e distribuição espacial das larvas de peixes com alterações incomuns por estação de amostragem na Calha do rio Doce (DOCE), Foz do rio Doce (FOZ), Lagos (LAGO), Lagoas (LAGOA), Reservatórios (RES) e Tributários (TRIB). A) DC: Deformidade na Região da Cabeça; B) SAC: Sedimento Aderido ao Corpo; C) SCI: Sedimento em Cavidades Internas; D) RCA: Rompimento da Cavidade Abdominal, durante o período de dezembro/2020 a janeiro/2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 2.



O monitoramento do ictioplâncton permitiu identificar, até o momento, quatro tipos de alterações morfológicas com potencial para comprometer a integridade estrutural, o desenvolvimento e a sobrevivência das larvas de peixes. A frequência e a distribuição dessas alterações variaram entre os diferentes ambientes da bacia, evidenciando padrões espaciais distintos de ocorrência. (Figura 35).

A deformidade na região da cabeça (DC) destacou-se como a alteração morfológica mais frequente e amplamente distribuída entre os ambientes amostrados. As maiores frequências foram registradas na calha do rio Doce e, com a ampliação da rede amostral, também foram observadas elevadas proporções de larvas afetadas em ambientes lênticos, incluindo lagos, lagoas e reservatórios (Figura 35A). A ocorrência dessa deformidade apresentou um padrão espacial significativo ($p < 0,001$), com destaque para a estação RDO12 (Colatina), que apresentou as maiores frequências de larvas com DC. As estações RDO11 (Mascarenhas), RDO14 (Marilândia) e RDO15 (Linhares) também apresentaram frequências elevadas e distribuições relativamente semelhantes, na calha do rio Doce. Entre os ambientes lênticos, destacaram-se os reservatórios das UHE Aimorés (UHE AIM) e UHE Mascarenhas (UHE MAS), o lago LNV02R (lago Nova) e a lagoa E27 (lagoa Cacimbas) (Figura 36A).

A maior frequência da deformidade DC na calha principal do rio Doce, nos reservatórios e nos ambientes lênticos, em comparação aos tributários, é coerente com a dinâmica hidrossedimentológica da bacia. Em contraste, a calha principal do rio Doce, os reservatórios e os ambientes lênticos adjacentes, como lagos e lagoas, podem apresentar maior potencial de retenção e permanência do MLD. No caso dos reservatórios, essa condição está associada à sua localização ao longo da própria calha do rio e à redução da velocidade do fluxo, favorecendo a deposição e a ressuspensão de sedimentos. Já os lagos e lagoas, por estarem localizados em áreas marginais conectadas ao rio Doce, podem receber o MLD por meio de canais naturais de ligação ou durante eventos de inundação e extravasamento da calha principal, aumentando o tempo de permanência desse material nesses ambientes. Considerando a hipótese de que as deformidades estejam relacionadas à interação das larvas com o MLD durante as fases iniciais de vida, essa dinâmica hidrossedimentológica pode contribuir para a maior frequência das alterações observadas nesses setores da bacia.

A alteração SAC (sedimento aderido ao corpo) apresentou uma tendência de concentração espacial na calha do rio Doce, na foz do rio Doce e nos reservatórios, embora essa tendência não seja significativa ($p = 0,088$; deviance residual = 15.924,0; gl = 20). As maiores frequências foram registradas nas estações RDO15 (Linhares), P13 (Resplendor) e RDO11 (montante da UHE Mascarenhas), onde a proporção de larvas afetadas atingiu valores próximos ou superiores a 50% (Figura 36B). Esse padrão pode estar associado à maior disponibilidade e permanência do MLD na calha principal do rio Doce e nos reservatórios, os quais, em função de sua posição ao longo da calha e da menor velocidade de escoamento, podem favorecer a retenção e a ressuspensão de sedimentos. Da mesma forma, lagos e lagoas localizados em áreas adjacentes ao rio podem receber esse material por meio de canais naturais de conexão ou durante eventos de inundação e

extravasamento da calha principal, aumentando potencialmente a probabilidade de interação entre as larvas de peixes e o MLD durante as fases iniciais de vida (Figura 35B).

As deformidades SCI (sedimento em cavidades internas) e RCA (rompimento da cavidade abdominal) apresentaram baixa frequência. Os registros de SCI foram esporádicos, com alguns registros elevados na calha do rio Doce e foz do rio Doce, ambientes mais impactados pelo MLD (Figura 35C, Figura 36C). Já RCA apresentou ocorrência pontual, principalmente no setor tributários (Figura 35D, Figura 36D).

De maneira geral, as alterações mais recorrentes (DC e SAC) apresentaram padrões espaciais mais bem definidos, com maiores frequências na calha do rio Doce, na foz e nos reservatórios, setores diretamente afetados pelo MLD. Esse padrão é consistente com a hipótese de que a ocorrência dessas alterações esteja relacionada à interação dos peixes com esse material durante as fases iniciais de vida. As alterações SCI e RCA apresentaram ocorrência esporádica e distribuição sem um padrão definido. Esses resultados sugerem que as características ambientais de cada setor podem influenciar na frequência e a distribuição das alterações observadas nas larvas de peixes.

Tabela 21: Densidades de larvas de peixes/10m³ do Baixo rio Doce registradas com algum tipo de alteração durante os Anos 3, 4, 5, 6, 7 e 8 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. Em negrito as densidades mais expressivas registradas (> 200/ 10m³).

Táxons	**Deformidades**			
ORDEM | Família | *Espécie*	**DC**	**SAC**	**RCA**	**SCI**
ACANTHURIFORMES				
Sciaenidae				
Pachyurus adspersus Steindachner, 1879	**1563,34**	52,91	0,70	4,03
Plagioscion squamosissimus (Heckel, 1840)	0,95	0,12		
ATHERINIFORMES				
Atherinopsidae				
Atherinella brasiliensis (Quoy & Gaimard, 1825) ●	4,29	0,33		
BELONIFORMES				
Hemiramphidae				
Hyphoramphus unifasciatus (Ranzani, 1841) ●	25,15	0,92		0,30
CHARACIFORMES				
Anostomidae	**436,49**	**55,66**	0,61	
Bryconidae				
Salminus brasiliensis (Cuvier, 1816)	7,54	32,71		
Characidae	25,09	9,95		
Prochilodontidae				
Prochilodus spp.	**1471,27**	**325,07**		0,16
Serrassalmidae	0,17			
Pygocentrus nattereri Kner, 1858 *	59,92	51,85		0,17
CICHLIFORMES				
Cichlidae				
Oreochromis niloticus (Linnaeus, 1758) *	1,43	7,29	0,94	1,60
CLUPEIFORMES				
Engraulidae	12,31	1,98		1,60
GOBIIFORMES				
Gobiidae				
Ctenogobius boleosoma (Jordan & Gilbert, 1882) ●	0,59	0,56		
GYMNOTIFORMES				
Gymnotidae				
Gymnotus carapo Linnaeus, 1758		0,11		
SILURIFORMES				
Clariidae				
Clarias gariepinus (Burchell, 1822) *	0,10	0,35		
Heptapteridae	2,23	2,82		
Pimelodidae				
Pimelodus maculatus Lacepède, 1803 *	28,11	**249,06**	2,87	
Trichomicteridae				
Trichomycterus spp.		0,07		
SYNGNATHIFORMES				
Syngnathidae				
Microphis lineatus ●	4,59	6,99	0,09	
Soma das densidades por deformidade	**3643,58**	**798,73**	**5,21**	**7,87**

Até o momento, as anomalias registradas foram identificadas em larvas pertencentes a 18 táxons distintos (Tabela 21). Destacam-se as curimbas do gênero *Prochilodus*, a curvina *Pachyurus adspersus* e os piaus da família Anostomidae, que apresentaram as maiores densidades de larvas com deformidade na região da cabeça (DC). Também merecem destaque o mandi-amarelo *Pimelodus maculatus*, representantes da família Characidae e a piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*. A elevada ocorrência de deformidades nesses táxons reflete, em grande parte, a abundância de suas larvas nos ambientes amostrados. Com a expansão da rede amostral para os reservatórios, a curvina *Pachyurus adspersus* destacou-se como o táxon com maior densidade de larvas com deformidade na região da cabeça (DC), refletindo sua elevada representatividade nesses ambientes. De forma semelhante, com a ampliação da rede amostral para os ambientes de lago e lagoa, novos táxons de origem marinha passaram a ser registrados com deformidades na região da cabeça (DC). Entre eles, o peixe-agulha *Hyporhamphus unifasciatus* (Figura 32), cujas larvas são abundantes nesses ambientes.

No ano 3 do monitoramento, a principal alteração identificada foi a 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*. Em 2025 e 2026, foram registradas deformidades em larvas da corvina introduzida *Plagioscion squamosissimus* e na manjuba *Atherinella brasiliensis*.

De maneira geral, ao longo da execução do PMBA/Fest-UFES e da ampliação da cobertura espacial das amostragens, observou-se um aumento na riqueza de táxons com registros de deformidades na região da cabeça (DC), bem como da proporção de larvas afetadas, incluindo espécies nativas, exóticas e de origem marinha (Tabela 21). Apesar da ampliação do número de táxons afetados, as maiores densidades de larvas com DC permaneceram concentradas nos peixes com maior abundância larval na bacia, sugerindo que a ocorrência dessas alterações resulta da combinação entre a disponibilidade de indivíduos e as condições ambientais presentes nos diferentes setores do sistema.

Figura 37:Modelos Lineares Generalizados GLM da proporção de ocorrência de larvas de peixes do rio Doce, considerando alterações incomuns em cada ano. As linhas sombreadas representam o intervalo de confiança dos dados, com uma margem de ± 95%. A) SAC para sedimento aderido ao corpo; B) DC para deformidade na região da cabeça; D) SCI para sedimento em cavidades internas; e D) RCA para rompimento da cavidade abdominal.

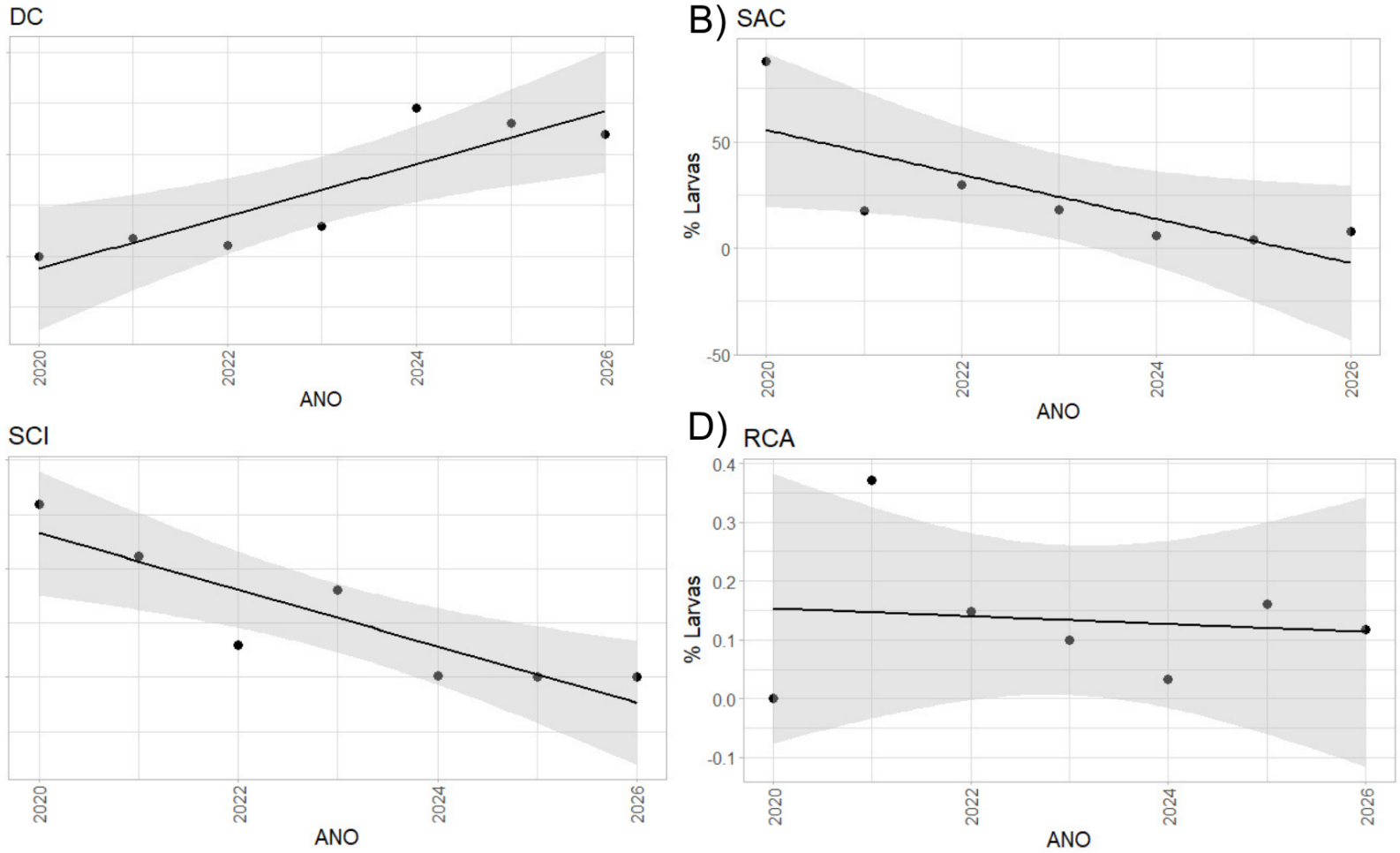
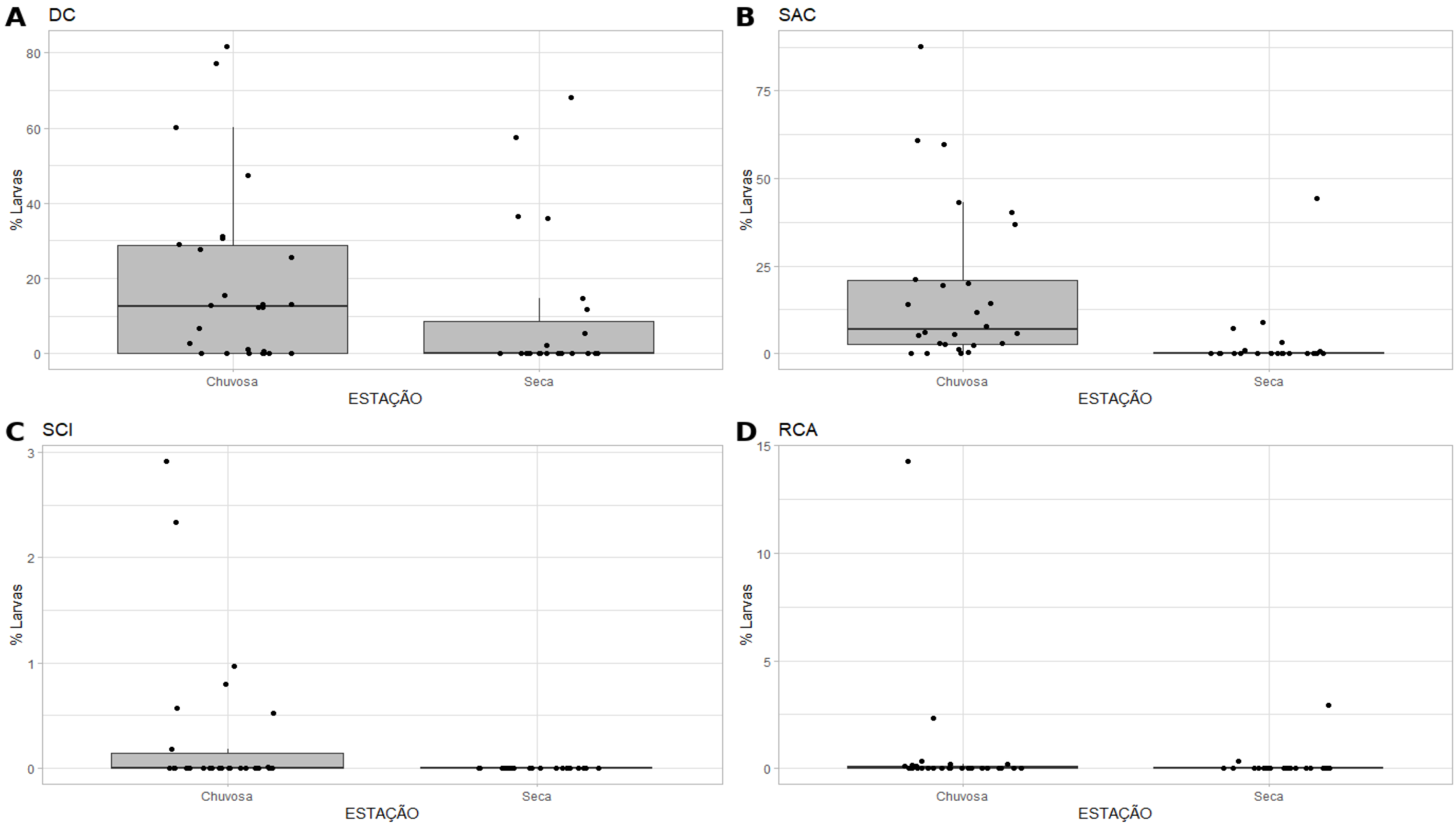


Figura 38: Proporção e distribuição temporal das larvas de peixes com alterações incomuns por período chuvoso (chuva) e seco (seca) no Baixo rio Doce. A) DC para deformidade na região da cabeça; B) SAC para sedimento aderido ao corpo; C) SCI para sedimento em cavidades internas; D) RCA para rompimento da cavidade abdominal.



É possível observar uma evolução temporal na frequência das deformidades na região da cabeça (DC) ao longo do período de monitoramento (Figura 37A). Em 2020, primeiro ano do monitoramento do ictioplâncton dulcícola, não foram registrados casos dessa deformidade. Os primeiros registros ocorreram em 2021, sendo observado um aumento progressivo na frequência de larvas afetadas, que atingiu o pico de aproximadamente 75% em 2024, seguido por uma discreta redução para cerca de 60% entre 2025 e 2026 (Figura 37A). Esse comportamento acompanha o aumento gradual da riqueza de táxons afetados, conforme observado na Tabela 21, evidenciando uma ampliação progressiva da ocorrência dessa deformidade ao longo do período de monitoramento (F = 3,56; *p* = 0,060).

As maiores frequências da deformidade na região da cabeça (DC) foram registradas durante a estação chuvosa (Figura 38A), período que também apresentou as maiores densidades de larvas e maior variabilidade na proporção de indivíduos afetados. Esse padrão pode estar relacionado ao aumento da vazão durante a estação chuvosa, favorecendo a ressuspensão do MLD previamente depositado no leito do rio e, consequentemente, aumentando a probabilidade de interação entre as larvas de peixes e as partículas em suspensão, bem como com os contaminantes a elas associados. A variação sazonal da frequência de DC apresentou deviance de 1.033,2 (gl = 1; p = 0,144).

Diferentemente da deformidade na região da cabeça (DC), a ocorrência de sedimentos aderidos ao corpo (SAC) apresentou redução gradual ao longo do período de monitoramento. As maiores frequências foram registradas em 2020, com valores próximos a 80%, diminuindo progressivamente até cerca de 20% em 2026 (Figura 37B). Apesar desse comportamento temporal distinto, ambas as alterações apresentaram maiores frequências durante a estação chuvosa (Figura 38B), sugerindo influência comum das condições hidrológicas sobre sua ocorrência. A maior frequência de SAC nesse período pode estar relacionada ao aumento da vazão, favorecendo a ressuspensão do MLD previamente depositado no leito do rio e ampliando a probabilidade de contato entre as partículas em suspensão com as larvas recém geradas (deviance = 2.869,7; gl = 1; p = 0,003).

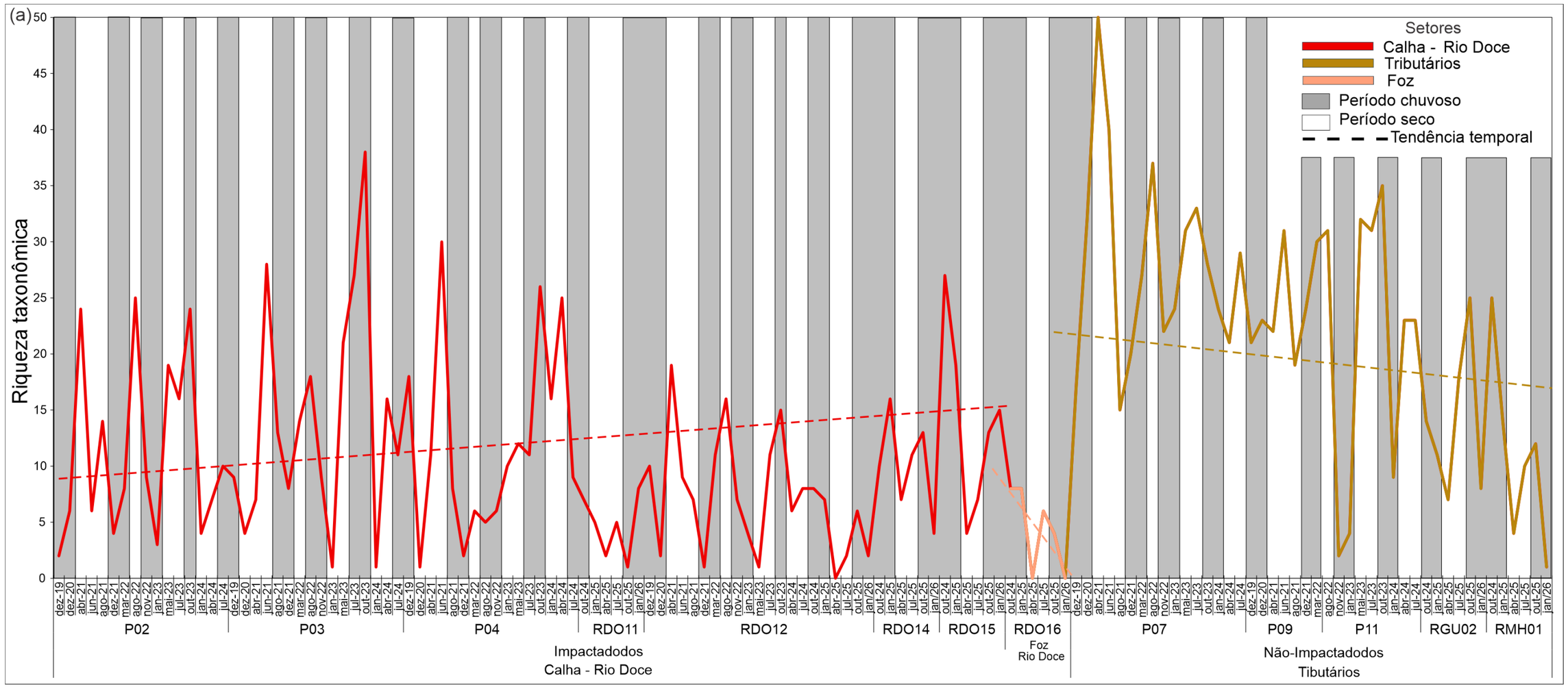
As deformidades SCI (Sedimento em Cavidades Internas) e RCA (Rompimento da Cavidade Abdominal) mantiveram baixas frequências ao longo de todo o período de monitoramento, sem apresentar um padrão temporal bem definido. A ocorrência de SCI apresentou redução gradual ao longo dos anos (Figura 37C) e variação entre as estações seca e chuvosa (deviance = 1,25; gl = 1; p = 0,037) (Figura 38C). Por sua vez, RCA manteve frequências relativamente estáveis ao longo do monitoramento, sem alterações temporais evidentes (Figura 37D; Figura 38D).

De maneira geral, as anomalias observadas nas larvas, especialmente o aumento progressivo da deformidade na região da cabeça (DC), associado à ampliação da riqueza de táxons afetados e à maior frequência de ocorrência durante a estação chuvosa, reforçam a hipótese de que a interação entre as larvas de peixes e o MLD possa desempenhar um papel importante na ocorrência dessas alterações morfológicas. Esses resultados evidenciam a necessidade de aprofundar o conhecimento sobre os mecanismos envolvidos na gênese dessas deformidades e seus possíveis reflexos sobre o desempenho funcional dos indivíduos, a sobrevivência durante os estágios iniciais de vida, o recrutamento das populações e a manutenção dos processos ecológicos na bacia do rio Doce.

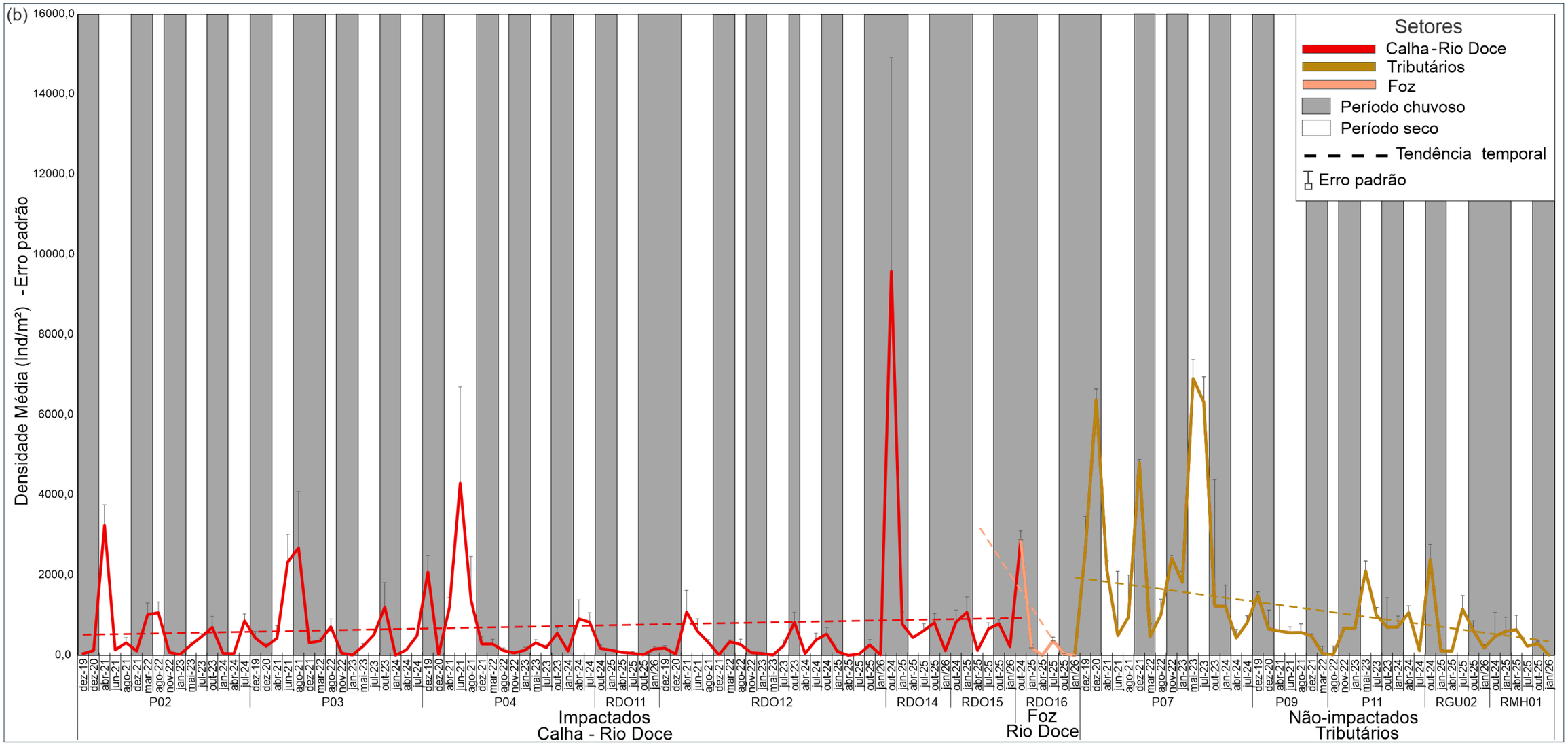
D. INDICADORES MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

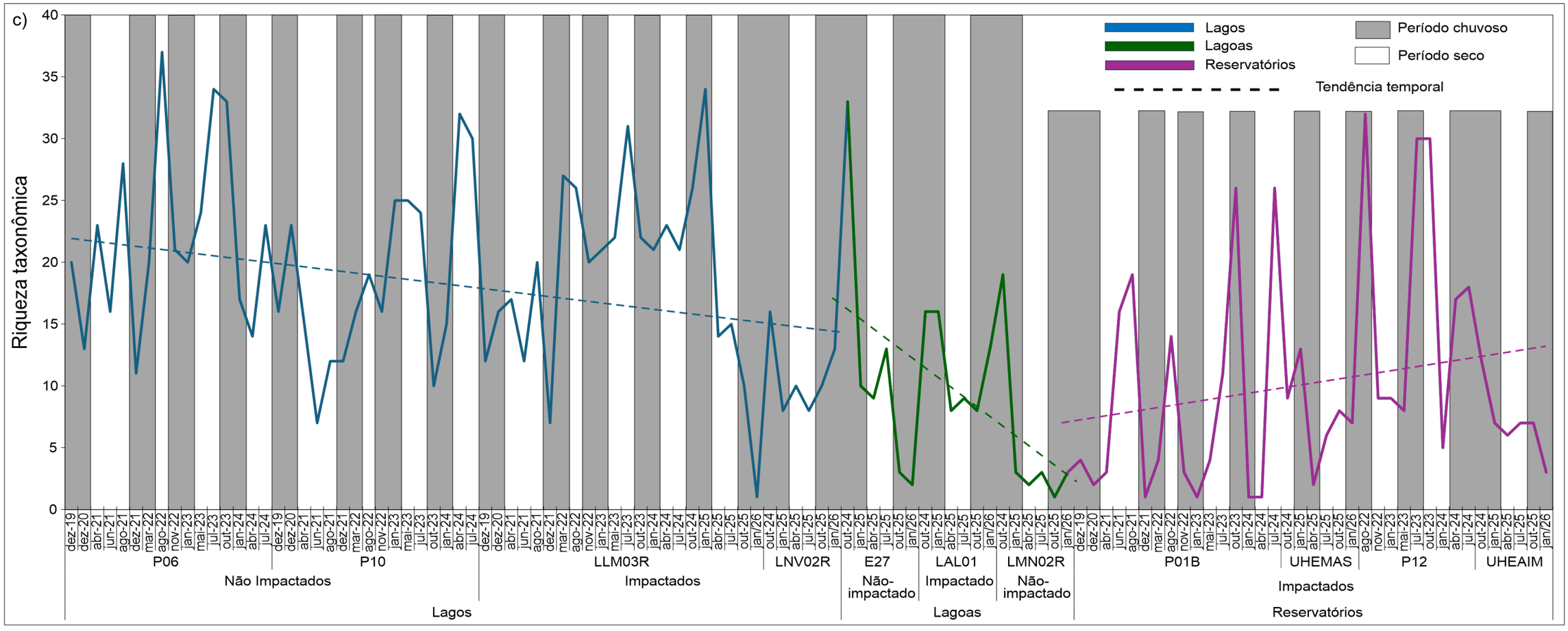
3.23 RIQUEZA E DENSIDADE DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

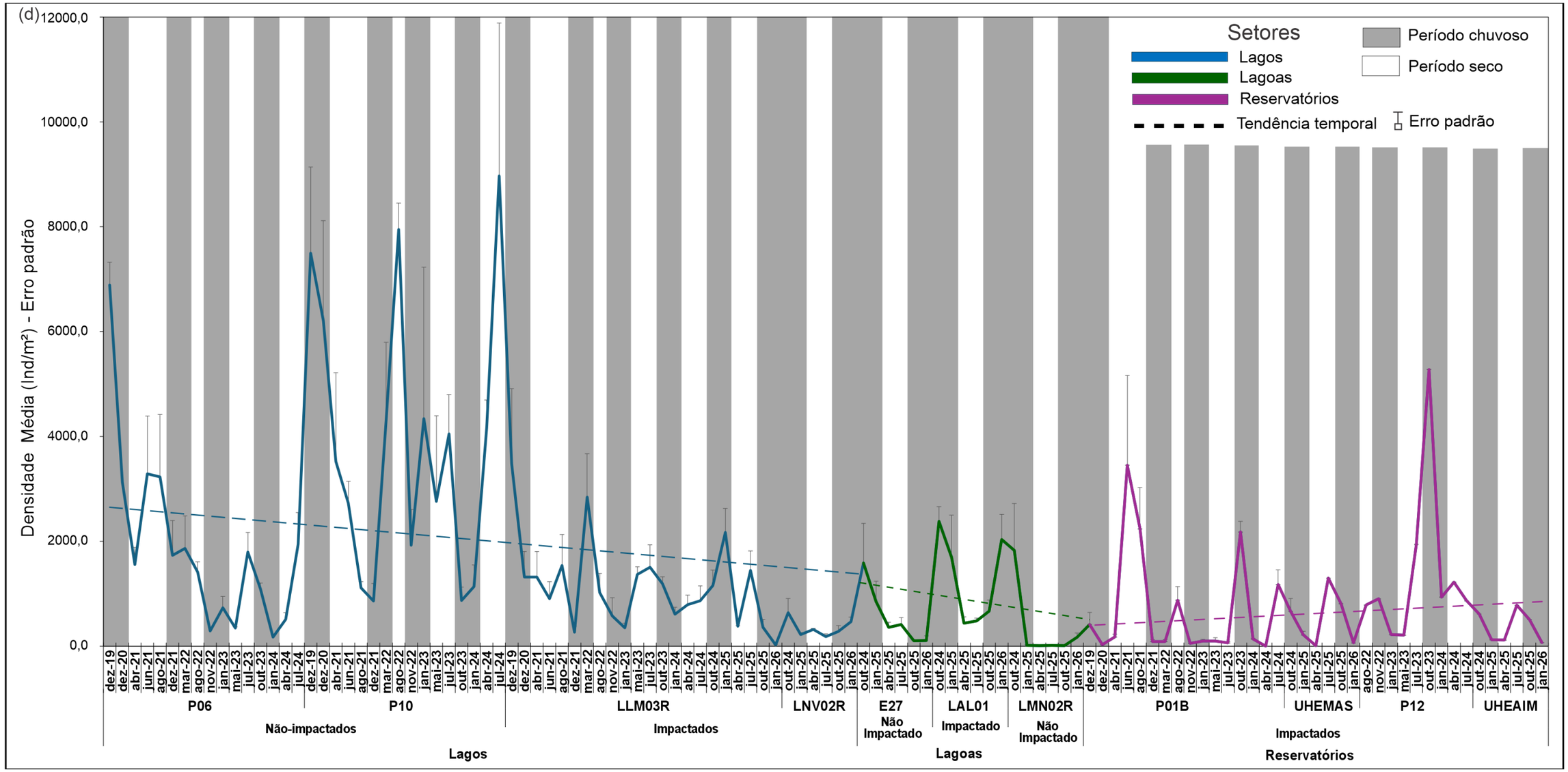
Figura 39: Tendência temporal: **(a)** Riqueza taxonômica e **(b)** Densidade média (Ind/m² e ± Erro padrão) de macroinvertebrados bentônicos nos setores Calha do rio Doce: P02, P03, P04, RDO 11, RDO 12; RDO 14 e RDO 15, Foz do rio Doce: RDO 16 e Tributários: P07 (Ribeirão das Palmas), P11 e RMH 01 (rio Manhuaçu), P09 (córrego São Pedro Frio) e RGU 02 (rio Guandu); **(c)** Riqueza taxonômica e **(d)** Densidade média (Ind/m² e ± Erro padrão) nos setores Lagos: LLM 03R (lago do Limão), P10 (lago das Palmas), P06 (lago do Óleo), LNV 02R (lago Nova), lagoas: E27 (Cacimbas), LMN 02R (Monsarás) e LAL 01 (Areal); e Reservatórios: P01B e UHE MAS (UHE Mascarenhas), e P12 e UHE AIM (Aimorés), amostrados no monitoramento do PMBA/Fest-UFES de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. 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.



(b)


Densidade Média (Ind/m²) - Erro padrão
16000,0
14000,0
12000,0
10000,0
8000,0
6000,0
4000,0
2000,0
0,0
Setores
Calha-Rio Doce
Tributários
Foz
Período chuvoso
Período seco
Tendência temporal
Erro padrão
P02
P03
P04
RDO11
RDO12
RDO14
RDO15
RDO16
P07
P09
P11
RGU02
RMH01
Impactados
Calha - Rio Doce
Foz
Rio Doce
Não-impactados
Tributários


c)
Riqueza taxonômica
0
5
10
15
20
25
30
35
40
Lagos
Período chuvoso
Lagoas
Período seco
Reservatórios
Tendência temporal
P06
P10
LLM03R
LNV02R
E27
LAL01
LMN02R
P01B
UHEMAS
P12
UHEAIM
Não Impactados
Impactados
Não-impactado
Impactado
Não-impactado
Impactados
Lagos
Lagoas
Reservatórios



A Figura 39 (a e c) apresenta as tendências temporais da riqueza taxonômica de macroinvertebrados bentônicos ao longo dos anos de monitoramento do PMBA/Fest-UFES nos setores lóticos impactados (Calha do rio Doce e Foz) e não-impactados (Tributários) e setores lênticos impactados (Lagos: LLM03R e LNV02R; Lagoas: LAL01; e Reservatórios) e não impactados (Lagos: P06 e P10; e Lagoas: E27 e LMN 02R). De modo geral, os dados mais recentes corroboram os padrões observados nos anos anteriores, embora algumas mudanças tenham sido registradas em determinados ambientes. Nos trechos lóticos da calha do rio Doce, observou-se a manutenção da tendência de aumento da riqueza taxonômica ao longo do período de monitoramento, especialmente nos pontos localizados mais próximos da foz. Em contrapartida, os tributários mantiveram uma tendência geral de redução da riqueza, apesar da elevada variabilidade temporal observada entre campanhas e pontos amostrais. Na foz do rio Doce (RDO16), a riqueza taxonômica permaneceu baixa, com tendência de diminuição ao longo do período analisado. Nos setores lênticos (Figura 39c), os lagos continuaram apresentando tendência de redução da riqueza taxonômica. Padrão semelhante foi observado para as lagoas, embora com oscilações mais acentuadas entre as campanhas amostrais. Por outro lado, os reservatórios apresentaram maior estabilidade temporal, com tendência de manutenção ou discreto aumento da riqueza em alguns pontos monitorados.

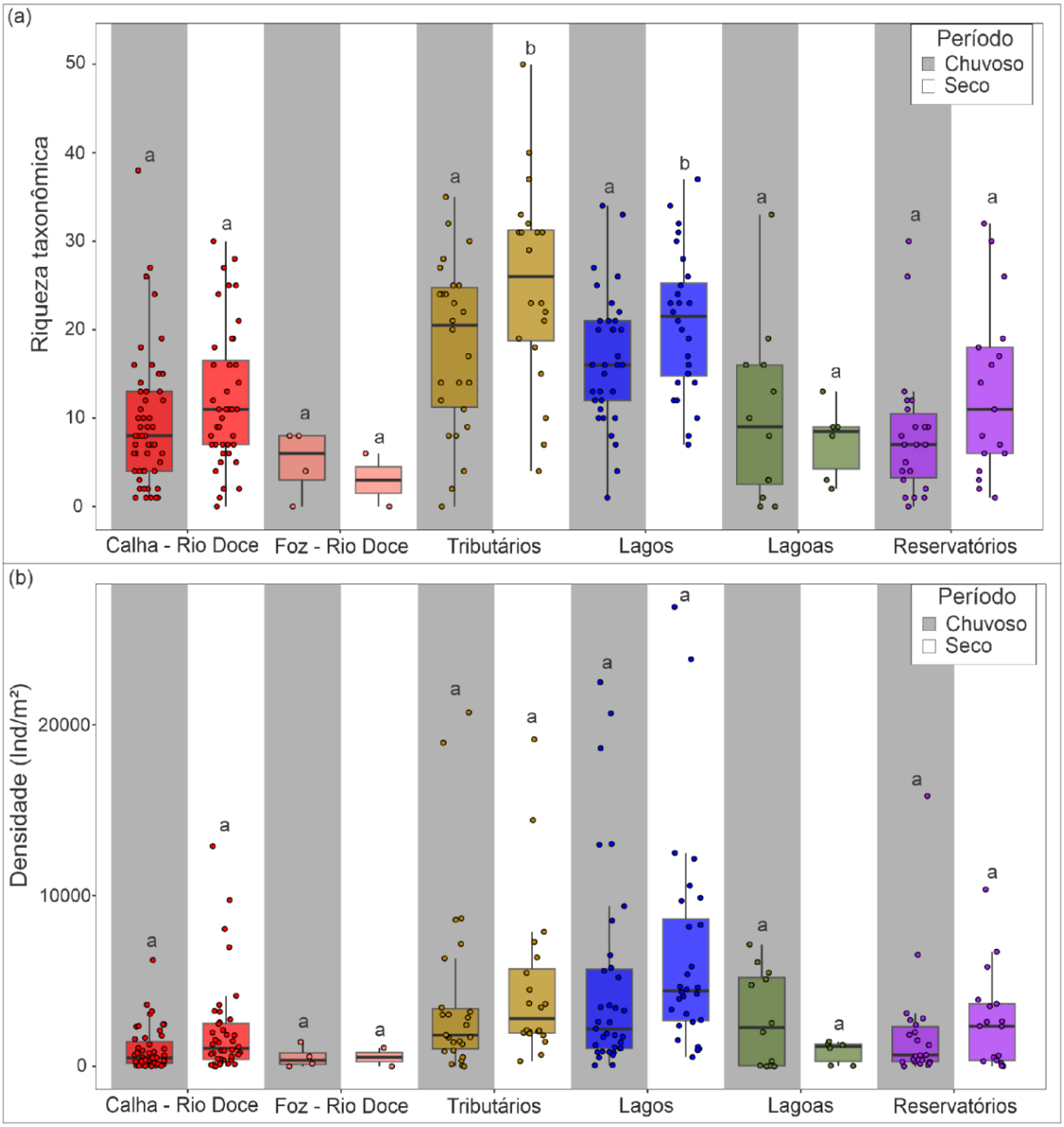
Os maiores valores de riqueza taxonômica continuaram sendo registrados durante os períodos secos, embora variações pontuais tenham sido observadas entre campanhas e ambientes (Figura 39a e c). Em relação à densidade (ind./m²), manteve-se tendência discreta de aumento observada na calha do rio Doce ao longo do período de monitoramento. Em contraste, a foz do rio Doce e os tributários continuaram apresentando tendência de redução da densidade, apesar da elevada variabilidade observada entre campanhas amostrais. Nos ambientes lênticos, os lagos mantiveram uma tendência de diminuição da densidade média dos macroinvertebrados bentônicos, padrão também observado nas lagoas, onde a redução foi acompanhada por oscilações temporais acentuadas entre os pontos amostrais. Nos reservatórios, verificou-se maior estabilidade temporal, com tendência de manutenção ou discreto aumento da densidade em alguns locais monitorados (Figura 39b e d).

De modo geral, as maiores densidades foram registradas durante os períodos secos. As exceções correspondem aos pontos RDO11, RDO12, RDO14, RDO15, RDO16, RGU02, RMH01, LLM03R, E27, LAL01, LMN02R e P12 (UHE Aimorés), para os quais predominam registros obtidos 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; MARINO *et al.*, 2024).

Os maiores valores de riqueza e densidade registrados em alguns pontos durante o período chuvoso, especialmente nos ambientes lóticos, podem refletir a época das amostragens, realizadas no final da estação chuvosa e início da seca, quando a redução da vazão favorece a concentração dos organismos (BUSS *et al.*, 2003; TONKIN *et al.*, 2018b). Esse padrão é evidenciado pelos picos de riqueza e densidade observados principalmente nos meses de julho em pontos da calha do rio Doce, como P02 e P03. As diferenças espaciais na composição das comunidades são consistentes com os padrões esperados em função do estado de conservação e da disponibilidade de habitats, conforme indicado pelo protocolo de avaliação de habitats de Callisto e colaboradores (2002).

Os reservatórios das UHEs Mascarenhas e Aimorés, assim como a calha do rio Doce, apresentaram aumento da riqueza taxonômica ao longo do monitoramento, possivelmente em razão da forte influência do fluxo do rio Doce sobre esses ambientes. Contudo, os dados mais recentes (2025 a janeiro de 2026) indicam uma desaceleração dessa tendência nos reservatórios, com estabilização da densidade em níveis relativamente baixos. Por outro lado, os setores lênticos (lagos e lagoas) e a foz do rio Doce (RDO16) apresentaram reduções expressivas na riqueza taxonômica no último ano amostral, contrastando com a maior estabilidade observada na calha principal do rio Doce.

Figura 40: Gráficos Boxplot representando as diferenças estatística (Teste Mann-Whitney - Wilcoxon) da Riqueza taxonômica (a) e Densidade (Ind/m²) (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 2026. Letras sobre as caixas representam as diferenças observadas pelo Wilcoxon test (a≠b). O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 40 (a e b) apresenta as comparações da estrutura e composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos (riqueza e densidade), analisadas com o teste estatístico Mann-Whitney (Wilcoxon), nos setores 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 2026.

A análise estatística da comparação dos dados entre os períodos sazonais evidenciou que, em termos de riqueza taxonômica, apenas os ambientes Lagos e Tributários apresentaram diferenças

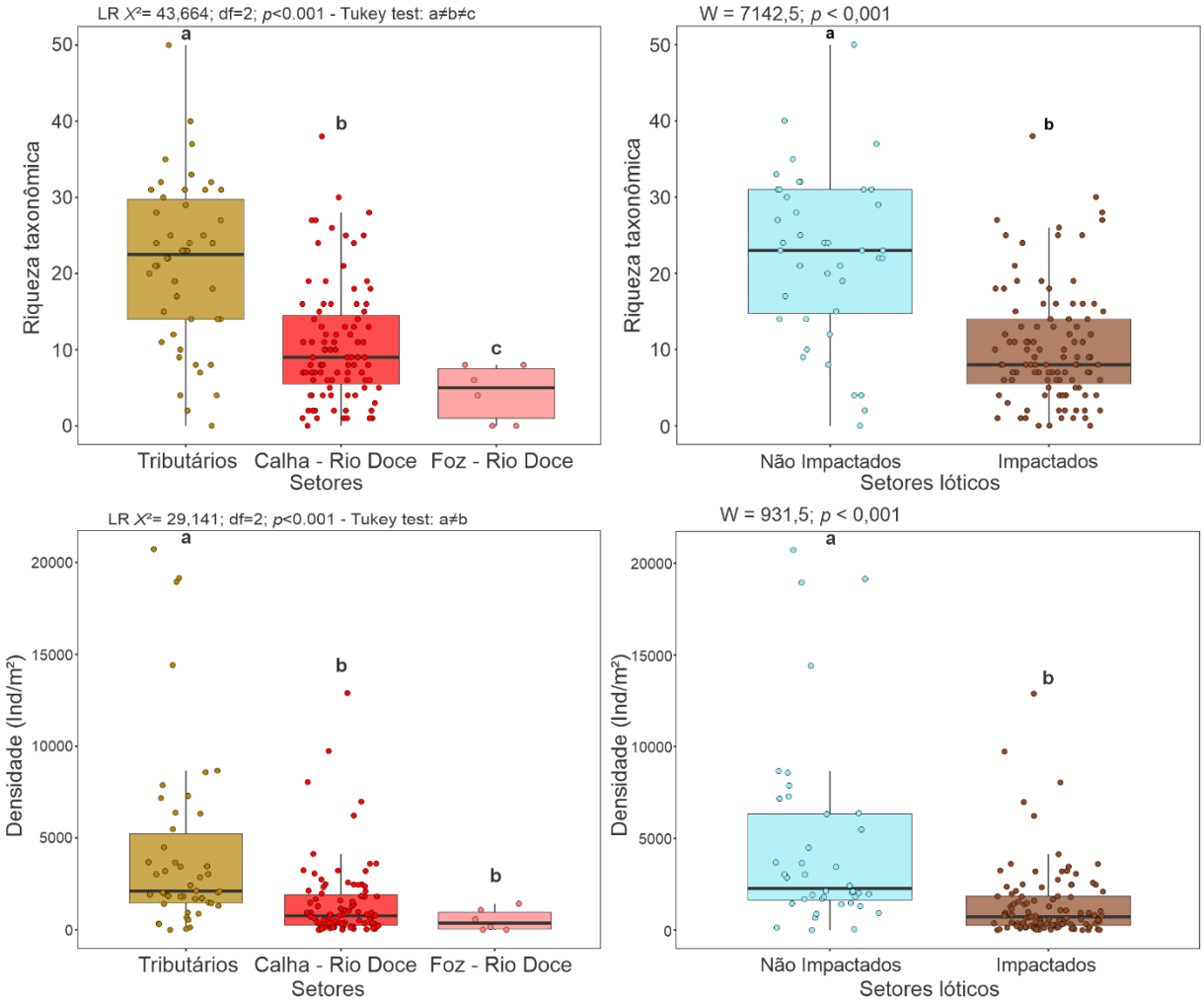
significativas, sendo significativamente maiores no período seco (p<0,05; Figura 40a). Para os demais setores (Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Lagoas e Reservatórios) a riqueza taxonômica permaneceu estatisticamente semelhante entre as estações (p>0,05). No que tange à densidade média (Figura 40b), nenhum dos setores avaliados apresentou diferenças estatisticamente significativas entre os períodos chuvoso e seco (p > 0,05).

Os setores Foz do rio Doce e Lagoas detêm os menores valores de riqueza e abundância, mas vale ressaltar que estes setores apresentam menos indivíduos coletados (portanto, um n amostral menor) por fazerem parte de uma fase mais recente do programa PMBA/Fest-UFES.

O setor calha do rio Doce no geral apresentou baixos valores e um padrão semelhante pode ser observado no setor Reservatórios, o que é esperado considerando que este setor apresenta relação direta com o setor Calha do rio Doce.

Os resultados da distribuição da riqueza e abundância nos diferentes setores estão relacionados a diversos impactos e distúrbios históricos, uma vez que a bacia do rio Doce vem sofrendo intensas atividades antrópicas por décadas (DE SOUZA NEVES *et al.*, 2024). Aliado a isto, outros fatores também influenciam esta supressão 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 e colaboradores (2002), e a contaminação crônica por esgotos lançados sem tratamento na calha principal (VON RÜCKERT *et al.*, 2024). Somado a isso, o rompimento da barragem de Fundão, em Mariana, ocorrido em novembro de 2015, representou um dos maiores desastres ambientais do país, gerando impactos diretos e devastadores nas comunidades aquáticas de fundo, como a destruição massiva de habitats e reflexos indiretos sobre as teias tróficas dos rios, áreas de proteção costeiras e reservas florestais (ALMEIDA *et al.*, 2018). Passados mais de dez anos do rompimento da barragem, ainda se observa um cenário ecologicamente preocupante. Apesar de haver uma sinalização de melhora gradual e pontual na composição da comunidade de macroinvertebrados bentônicos, o ecossistema ainda é caracterizado pela dominância expressiva de assembleias tolerantes e resistentes ao estresse ambiental (BOM *et al.*, 2026).

Figura 41: Gráficos Boxplot representando as diferenças estatísticas (Modelos Generalizados GLM) da variação temporal da riqueza taxonômica e densidade (Ind/m²) de macroinvertebrados bentônicos entre os setores lóticos e entre setores lóticos não impactados e impactados (Mann-Whitney – Wilcoxon test) de dezembro de 2019 a janeiro de 2026 na bacia do rio Doce. Letras sobre as caixas representam as diferenças observadas (a≠b) pelo teste*post-hoc* de Tukey e Wilcoxon test. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



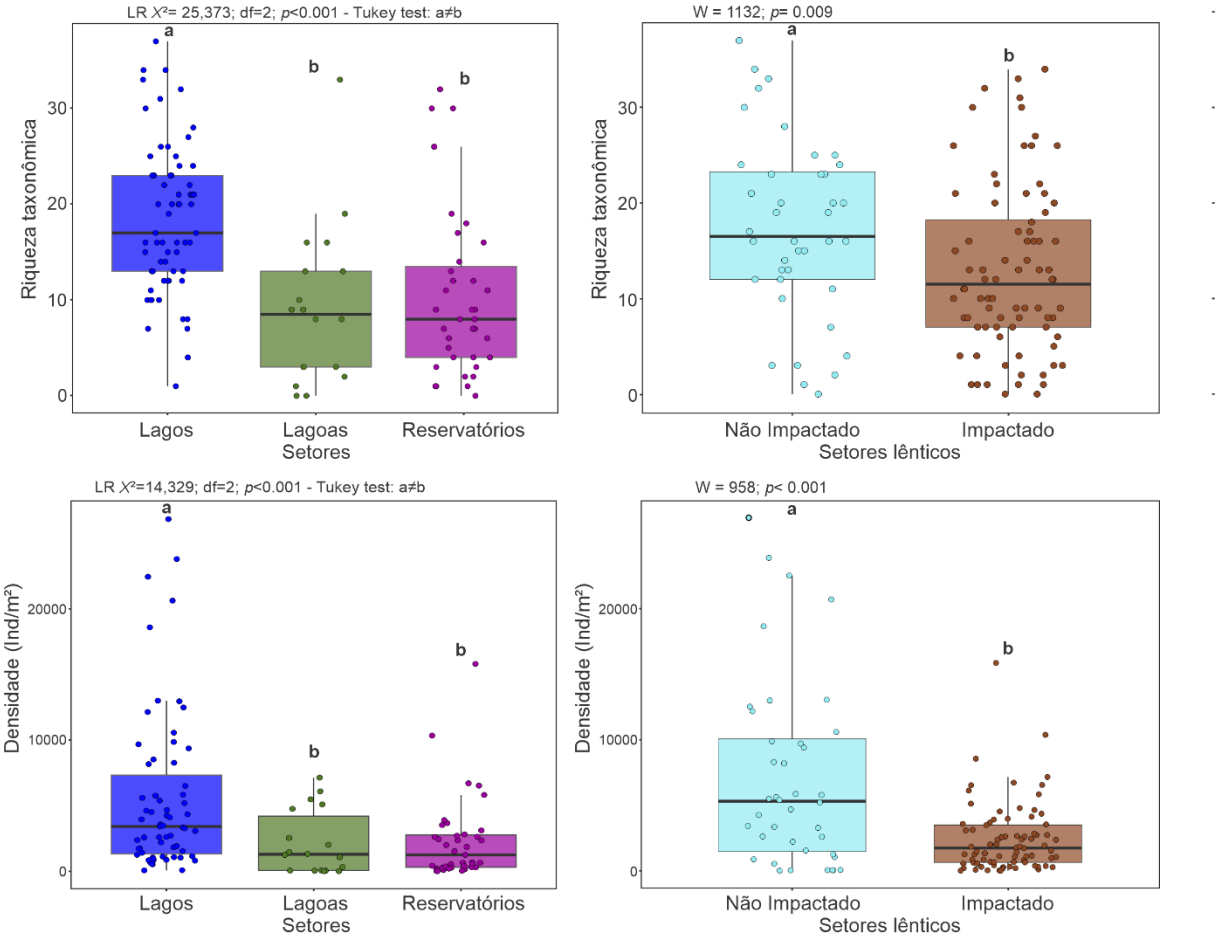
A Figura 41 compara a riqueza taxonômica e densidade (Ind/m²) de macroinvertebrados bentônicos, de dezembro de 2019 a janeiro de 2026, entre setores lóticos (Tributários, Calha do rio Doce e Foz do rio Doce) com base no Modelo Linear Generalizado (GLM) Binomial Negativo selecionado pelo Critério de Informação de Akaike (AIC), e entre os Setores lóticos impactados pelo MLD (Calha do rio Doce e Foz) e não impactados (Tributários) através do teste Wilcoxon-Men-Witney.

Os resultados revelam que os tributários retêm a maior riqueza e densidade da bacia. A riqueza diferiu significativamente entre todos eles (LR X²= 43,664; df=2; *p*<0,001) e foi drasticamente reduzida nos setores impactados pelo MLD (W= 17142,5; *p*<0,001). Similarmente, a densidade apresentou diferenças significativas entre os Tributários e os demais setores (LR X²= 29,141; df=2; *p*<0,001) e entre setores não impactados e impactados (W=931,5; *p*<0,001).

Embora variações na estrutura de comunidades bentônicas sejam ecologicamente esperadas entre tributários e calhas principais devido a fatores biogeográficos intrínsecos, como heterogeneidade de

habitats, composição do sedimento e características hidrológicas, os padrões observados refletem um gradiente severo de degradação ambiental. Historicamente, a bacia do rio Doce já sofria intensa pressão antrópica decorrente de urbanização, desmatamento e efluentes domésticos e industriais, processos conhecidos por homogeneizar habitats e contrair a biodiversidade aquática (MARQUES *et al.*, 1999; LYRA; RIGO, 2019; CALLISTO *et al.*, 2002). Essa vulnerabilidade crônica à mudança do uso do solo urbano (CORTES; JÚNIOR, 2021) foi severamente agravada pelo rompimento da barragem de Fundão e o MLD derivado desse rompimento. O aporte massivo de rejeitos de mineração atuou como um distúrbio catastrófico, destruindo fisicamente os micro-habitats e eliminando táxons sensíveis ao longo do curso principal (ESCOBAR, 2015). Desse modo, os dados demonstram que o passivo ambiental histórico, sinergicamente somado ao impacto do MLD, ampliou as disparidades ecológicas entre as áreas mais preservadas (não impactadas) e as zonas degradadas (impactadas), retardando a resiliência ecológica do sistema lótico, principalmente na calha do rio Doce.

Figura 42:Gráficos Boxplot representando as diferenças estatísticas (Modelos Generalizados GLM) entre os setores lênticos não impactados e impactados (Mann-Whitney – Wilcoxon test) da riqueza taxonômica e densidade (Ind/m²) de macroinvertebrados bentônicos no Baixo rio Doce de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. Letras sobre as caixas representam as diferenças observadas (a≠b) pelo teste*post-hoc* de Tukey e Wilcoxon test. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 42 apresenta os gráficos de caixa (*boxplot*s) comparando a riqueza taxonômica e densidade (Ind/m²) de macroinvertebrados bentônicos entre os setores lênticos impactados - Lagos (LLM03R e LNV02R), Lagoas(LAL01) e Reservatórios (P1B, P12, UHEMAS e UHEAIM) - e não impactados - Lagos (P6 e P10) e Lagoas (E27 e LMN02R). Para a comparação entre setores, utilizou-se o Modelo Linear Generalizado (GLM) Binomial Negativo selecionado pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) com teste *post-hoc* de Tukey. A avaliação do impacto (de dezembro de 2019 a janeiro de 2026) foi realizada por meio do teste Wilcoxon-Men-Witney.

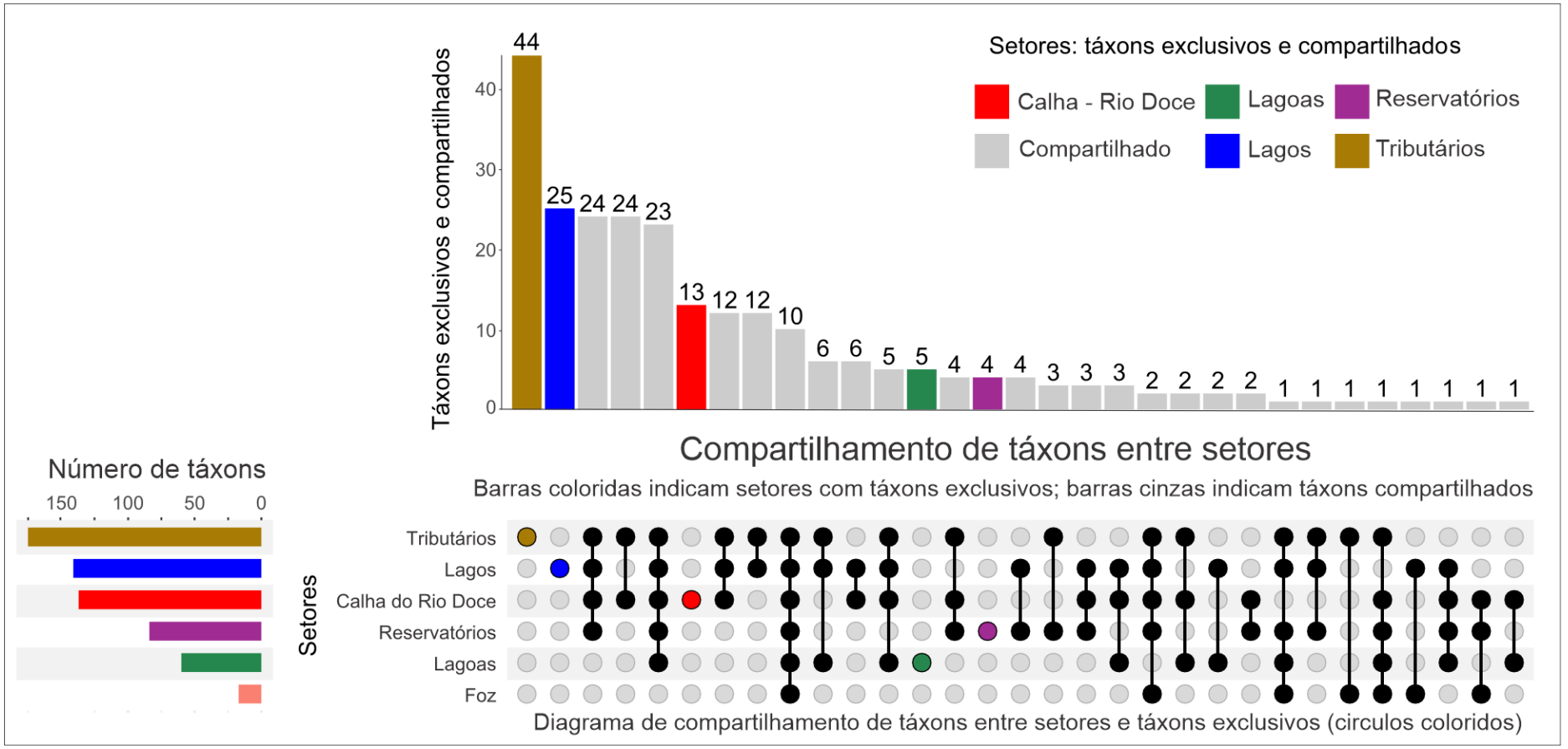
Os resultados revelam que o setor Lagos retém significativamente a maior riqueza e densidade de macroinvertebrados em comparação aos demais setores (Lagoas e Reservatórios; Riqueza: LR x^2= 25,373; *df*=2; *p*<0,001; Densidade: LR x^2= 14,329; *df*=2; *p*< 0,001). Além disso, ambas as métricas diferiram significativamente entre as áreas impactadas e não impactadas pelo MLD da barragem de Fundão, com valores significativamente menores nos ambientes afetados (Riqueza: *W*= 1132; *p*=0,009 e Densidade: *W*= 958; *p* < 0,001).

Em relação à densidade, foi observado um padrão semelhante ao da riqueza, sendo que os lagos retêm significativamente a maior densidade em relação aos outros setores (LR X^2= 14,329; df=2; *p*<0,001) e entre setores lênticos não impactados e impactados (W=958; *p*<0,001).

Assim como nos ambientes lóticos, variações na estrutura das comunidades bentônicas de ambientes lênticos são esperadas devido às características intrínsecas de cada tipologia (lagos, lagoas e reservatórios), tais como profundidade, tipo de sedimento, oxigênio dissolvido e presença de vegetação aquática. Somadas a isso, as pressões antrópicas locais, como agricultura, pastagem e urbanização, exercem forte influência, prejudicando as comunidades biológicas por meio da homogeneização de habitats, alterações físico-químicas da água e redução da disponibilidade de alimento. Esse padrão de degradação já havia sido observado na década de 1990 por Marques *et al.* (1999) na bacia do rio Doce; ao compararem a Lagoa Carioca (protegida pelo Parque Estadual do rio Doce) com a Lagoa da Barra (impactada), os autores demonstraram como o estresse ambiental reduz drasticamente a riqueza de táxons.

Nos setores lênticos do baixo rio Doce, os reservatórios foram severamente afetados pelo MLD por se tratar de barramentos na própria calha principal. Por sua vez, alguns lagos e lagoas, devido à proximidade geográfica, estabelecem conexão hidrológica com o rio durante as cheias, permitindo a entrada do- MLD nesses sistemas. Conclui-se que esse desastre em larga escala, associado aos impactos antrópicos preexistentes, ampliou as disparidades entre as áreas impactadas e não impactadas, resultado na perda de táxons sensíveis e na consequente predominância de macroinvertebrados tolerantes e resistentes (FERREIRA *et al.*, 2011).

Figura 43: Modelo ComplexUpset de compartilhamento de táxons de macroinvertebrados bentônicos 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 2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 43 apresenta o modelo ComplexUpset de compartilhamento de táxons entre os ambientes e os táxons exclusivos de cada ambiente. O gráfico quantifica detalhadamente a interseção entre os seis setores monitorados (Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios).

O gráfico de barras, que indica o número absoluto de táxons para cada ambiente exclusivo ou para cada interseção específica de ambientes, variou nesta série temporal de 1 a 44 táxons. No diagrama de matriz de pontos é possível observar que o ambiente Tributários apresenta 44 táxons exclusivos (barra marrom), seguido pelo ambiente Lagos com 25 táxons exclusivos (barra azul). A Calha do rio Doce exibe 13 táxons exclusivos (barra vermelha), enquanto os ambientes Lagoas e Reservatórios apresentam, respectivamente, 5 e 4 táxons exclusivos.

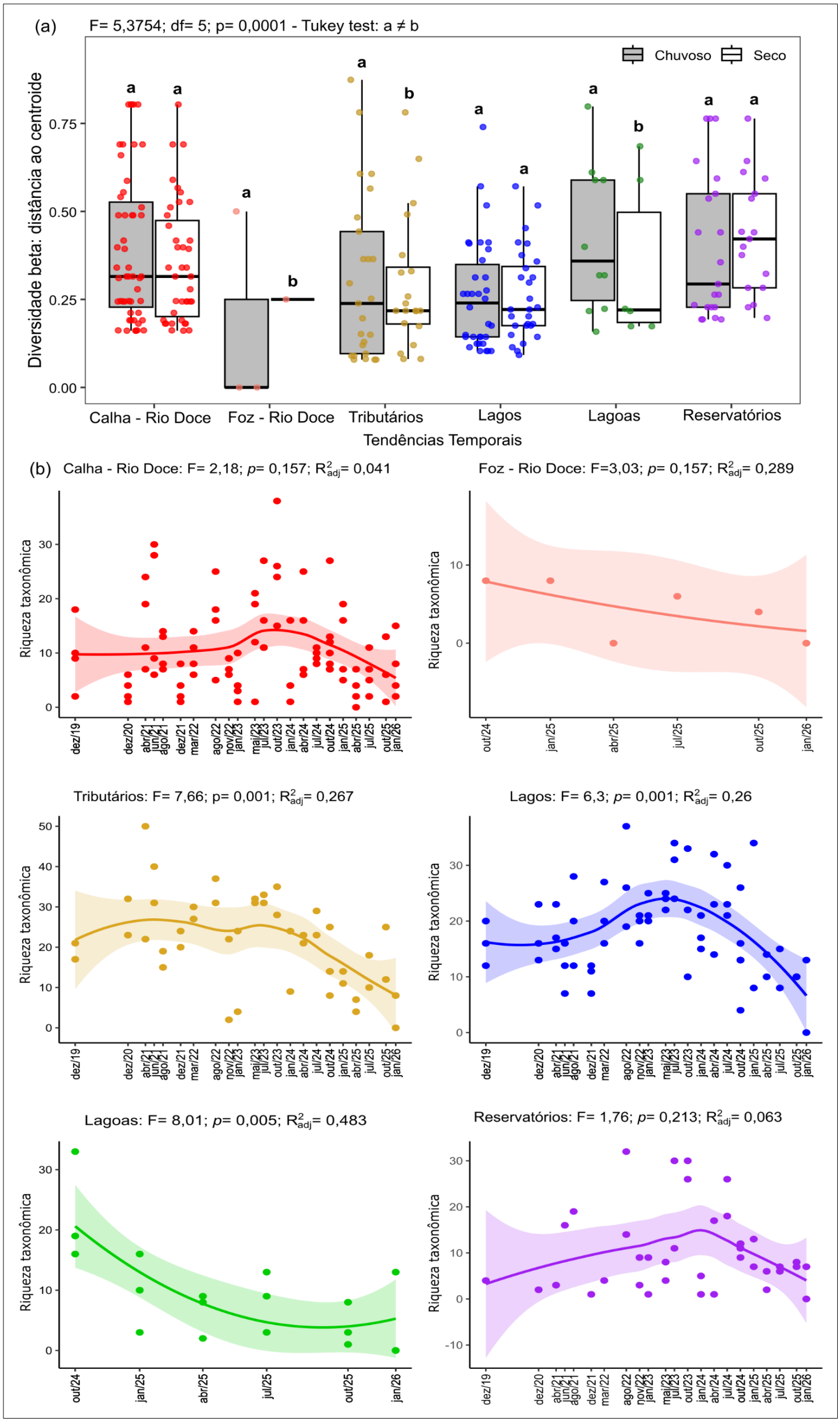
Em relação às principais interseções e ao fluxo de compartilhamento biótico, observa-se que os ambientes Tributários e Lagos compartilham exclusivamente 12 táxons entre si. Por sua vez, o par formado por Lagos e Calha do rio Doce compartilha estritamente 6 táxons, evidenciando o papel de refúgio e troca dessas áreas lênticas. Na análise global de conectividade da bacia, um total de 10 táxons são amplamente compartilhados por todos os seis ambientes monitorados simultaneamente.

O compartilhamento de táxons entre os Lagos e a Calha do rio Doce muitas vezes é facilitado pela conectividade ecológica e hidrodinâmica existente entre estes ambientes (WARD, 1989; DOU *et al.*, 2020). O lago das Palmas (ponto P10), por exemplo, se conecta diretamente com o rio Doce pelo Ribeirão das Palmas (ponto P7), atuando como um contribuinte e zona de dispersão na recomposição da macrofauna bentônica para a calha principal do rio Doce.

A alta proporção de táxons exclusivos nos ambientes de entorno, com destaque para os Tributários (44) e Lagos (25), em contraste com o baixo número de táxons exclusivos na Calha do rio Doce (13) e na Foz (0), evidencia um forte gradiente de integridade ambiental na bacia. Esse cenário indica que os tributários e os sistemas lacustres estão atuando como refúgios ecológicos críticos, preservando a biodiversidade que foi severamente suprimida no canal principal devido ao estresse crônico dos MLD e impactos antrópicos históricos.

Por outro lado, o fato de haver um núcleo de 10 táxons amplamente compartilhados por todos os setores reflete a resiliência de assembleias generalistas e tolerantes, que conseguem colonizar desde os ambientes mais preservados até os trechos mais impactados da calha e da foz. Do ponto de vista de manejo, esses resultados demonstram que as estratégias de recuperação do Baixo rio Doce não devem focar apenas no canal principal, mas sim na proteção rigorosa dos tributários e lagos conectados, garantindo a sobrevivência das fontes de propágulos necessárias para a futura recolonização e restauração biótica da bacia.

Figura 44: Gráficos representando a variação sazonal da Diversidade Beta taxonômica (a) e tendências temporais da distribuição da riqueza taxonômica (b) 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 2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



* Os gráficos dos Modelos Aditivos Generalizados Mistos (GAMM) foram revisados do RSE2025 para o RA2025, com a inclusão dos dados de todos os pontos amostrais por campanha, visando representar a variabilidade ecológica e a heterogeneidade entre os pontos de cada setor. A abordagem permite considerar a estrutura hierárquica e as observações repetidas, reduzindo o risco de pseudorrepetição e aumentando a confiabilidade das estimativas de tendências temporais das métricas ecológicas. De modo geral, houve pequenas alterações no traçado das curvas, sem mudanças nas tendências temporais observadas.

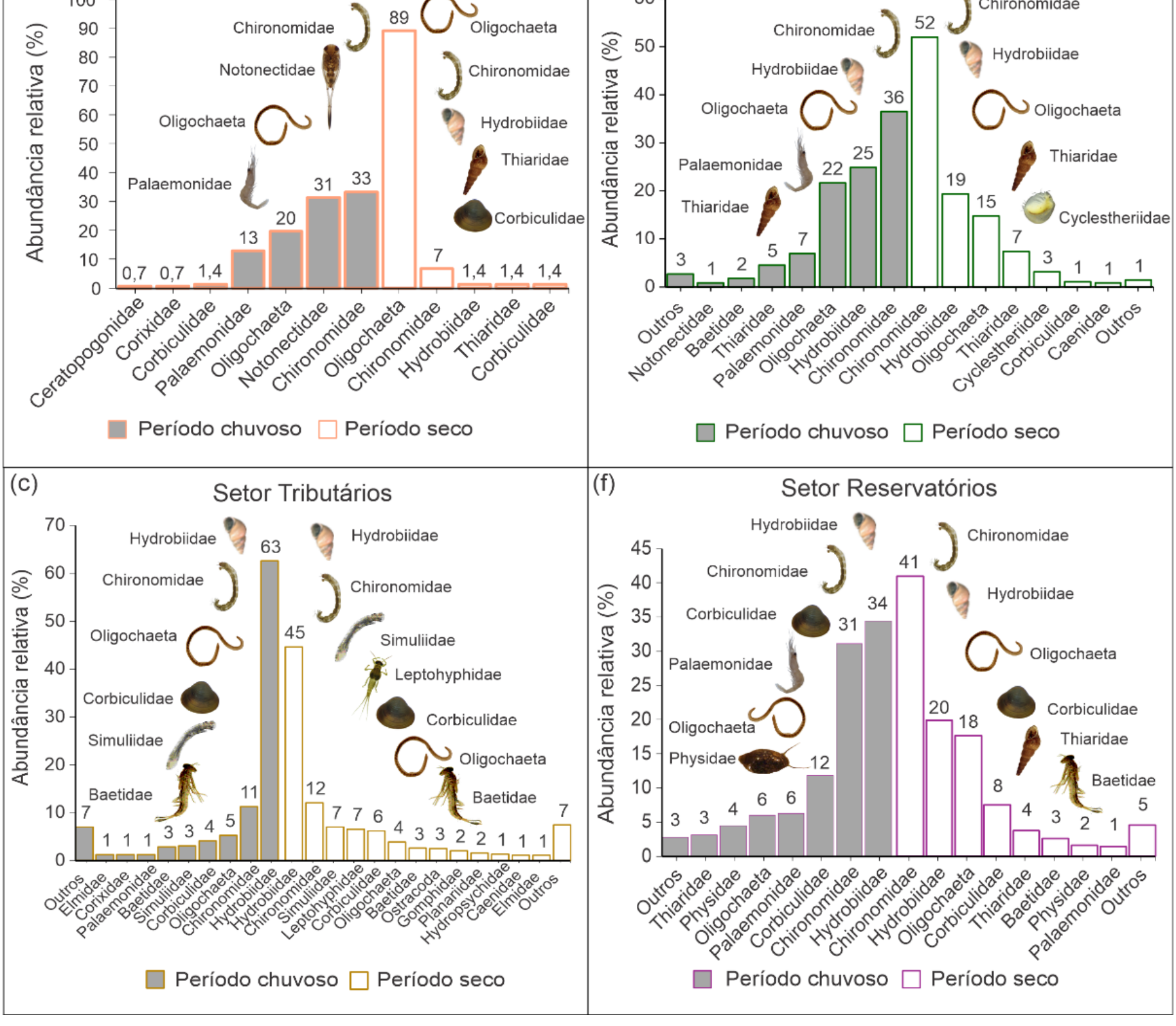
A Figura 44 apresenta a distribuição sazonal da diversidade beta baseada na distância média ao centroide (Figura 44a) e as tendências temporais da riqueza taxonômica (Figura 44b) nos setores Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios ao longo do monitoramento, abrangendo o período de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. A análise estatística global da diversidade beta evidenciou variações espaciais e sazonais altamente significativas entre os ecossistemas (F=5,3754; *p*= 0,0001; Figura 44a). Ao contrário de padrões historicamente reportados, os ambientes da Calha do rio Doce e dos Reservatórios apresentaram estabilidade sazonal, não registrando diferenças significativas na heterogeneidade de suas comunidades entre os períodos chuvoso e seco. Em contrapartida, os ambientes da Foz do rio Doce, Tributários e Lagoas exibiram uma clara diferenciação sazonal, com valores de diversidade beta significativamente maiores durante o período chuvoso e uma redução da dispersão biótica no período seco.

No que se refere à evolução da tendência temporal da riqueza taxonômica (Figura 44b), os modelos matemáticos revelaram que os setores Tributários (F=7,66; *p*= 0,001), Lagos (F=6,3; *p*< 0,001) e Lagoas (F=8,01; *p*= 0,005) apresentaram variações temporais estatisticamente significativas ao longo dos anos de monitoramento. As curvas polinomiais revelam um padrão de inflexão crítico: após um período de elevação ou estabilidade na riqueza taxonômica entre 2022 e 2024, observa-se um declínio acentuado e contínuo a partir de meados de 2024 até janeiro de 2026. Esse declínio pode estar associado a alterações estruturais na rede de amostragem, com a inclusão de novas estações amostrais com dados ainda incipientes no histórico amostral. Já para os setores Calha do rio Doce (*p*= 0,157), Foz do rio Doce (*p*= 0, 157) e Reservatórios (*p*= 0,213), as flutuações temporais observadas não foram estatisticamente significativas, indicando um padrão de oscilação não-linear ou de estagnação na riqueza ao longo do tempo.

O recente declínio acentuado da riqueza nos setores, principalmente da Calha do rio Doce, Lagos e Tributários, acende um alerta ecológico para a região do Baixo rio Doce. A ausência de uma tendência de recuperação significativa na calha principal indica que o leito do rio permanece em estado de simplificação ecológica crônica. Mais preocupante, contudo, é a inflexão negativa observada a partir de 2024 nos sistemas lacustres e tributários. Como esses ambientes historicamente funcionavam como zonas de amortecimento e refúgios de biodiversidade frente aos impactos da atividade antrópica e dos rejeitos de mineração, a perda sistemática de riqueza taxonômica observada até janeiro de 2026 sugere que o estresse ambiental crônico e a perda de conectividade podem estar exaurindo a capacidade de suporte desses ambientes. Do ponto de vista da conservação, esses resultados reforçam a ideia de que o colapso silencioso da diversidade nas áreas do entorno ameaça diretamente o potencial de recolonização e de restauração ecológica nesse trecho da bacia hidrográfica.

3.24 ABUNDÂNCIA RELATIVA DE MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

Figura 45: Abundância relativa (%) das principais famílias e táxons de macroinvertebrados bentônicos amostrados nos setores 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 2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 45 apresenta os dados de abundância relativa (% de indivíduos) dos principais táxons amostrados nos setores Calha do rio Doce, Foz do rio Doce, Tributários, Lagos, Lagoas e Reservatórios do Baixo rio Doce. Para a construção dos gráficos, foram considerados famílias e/ou grupos taxonômicos que alcançaram no mínimo 1% dos indivíduos do total amostrado, enquanto os demais táxons foram agrupados na categoria “Outros”. As abundâncias foram avaliadas comparativamente entre os períodos sazonais chuvoso e seco.

Pela distribuição dos dados agregados até janeiro de 2026, nota-se a ampla dominância de três principais grupos taxonômicos generalistas: os dípteros da família Chironomidae, os gastrópodes da família Hydrobiidae e os anelídeos da subclasse Oligochaeta, os quais alternam a soberania numérica a depender do setor e do período sazonal.

Na Calha do rio Doce (Figura 45a): O gastrópode Hydrobiidae domina no período chuvoso (47%), seguido por Chironomidae (23%), invertendo-se a dominância no período seco, com dominância de Chironomidae (34%). Na Foz do rio Doce (Figura 45b): Há uma forte assimetria sazonal, onde Oligochaeta responde por 89% da abundância da comunidade bentônica no período seco. Nos Tributários (Figura 45c) o grupo Hydrobiidae apresenta expressiva dominância na chuva (63%) e mantém a liderança na seca (45%). Nos Lagos e Lagoas (Figura 45d e Figura 45e): Chironomidae e Hydrobiidae concentram quase a totalidade da comunidade, destacando-se Chironomidae com 53% nos Lagos (chuva) e 52% nas Lagoas (seca). Nos Reservatórios (Figura 45f), Chironomidae predominou atingindo 41% na seca, enquanto na chuva Chironomidae e Hydrobiidae predominaram registrando 31% e 34%, respectivamente.

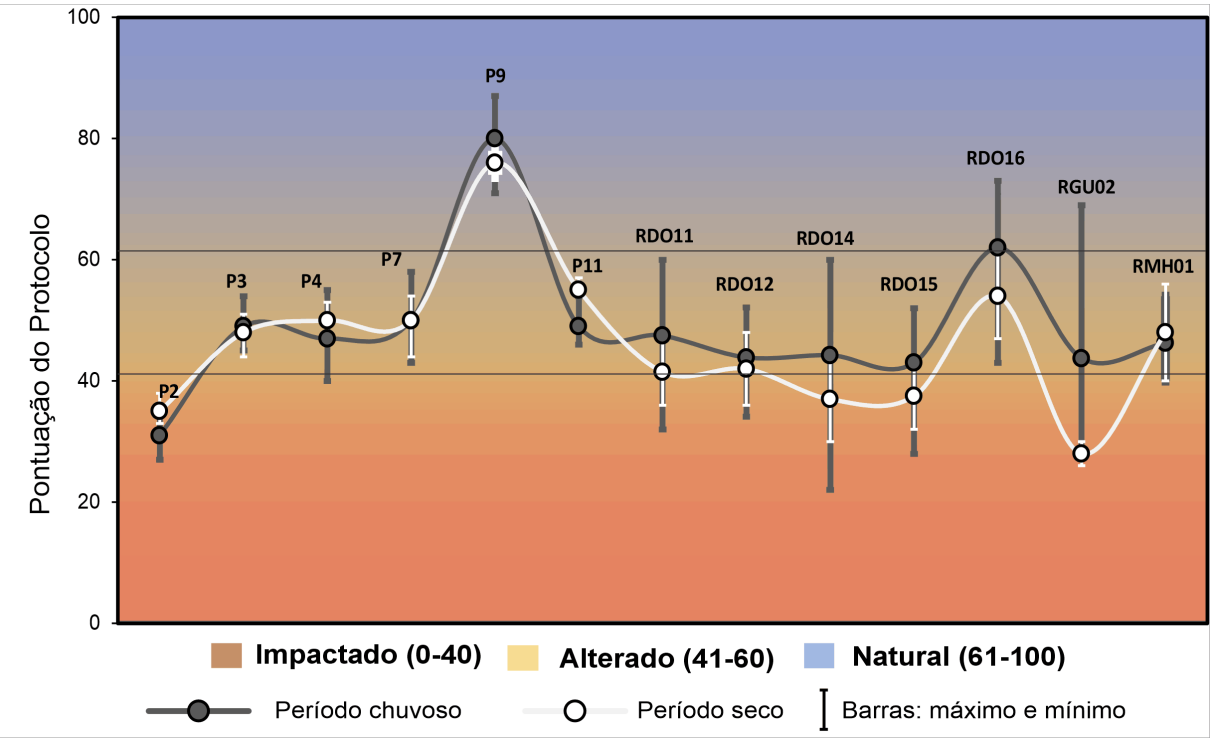
Os dados consolidados demonstram que os setores inseridos e reestruturados na malha amostral recente (como Foz e Lagoas) já possuem representatividade histórica robusta e cobrem ambos os períodos sazonais (chuvoso e seco). Os principais grupos identificados, dentro da abordagem de bioindicadores de qualidade ambiental, são categorizados como organismos tolerantes e resistentes a impactos antrópicos, que respondem de forma positiva aos estressores de acordo com a intensidade e a magnitude do distúrbio; ou seja, quanto maior o estresse ambiental e a degradação do substrato, maior tende a ser a dominância numérica dessas assembleias específicas (GUAN *et al.*, 2023; MYKRÄ *et al.*, 2025).

Estudos na literatura ecológica corroboram essa dinâmica estrutural, como o trabalho de Ferreira *et al.* (2011) realizado na bacia do rio das Velhas. Ao correlacionar métricas biológicas e fatores ambientais, os autores demonstraram uma correlação estritamente positiva entre a porcentagem de Oligochaeta e Chironomidae e a deposição de sedimentos finos (silte e argila) e uma correlação negativa com os índices de qualidade de habitats. Isso explicita que ambientes com integridade física e heterogeneidade de substrato mitigam a dominância hiperproporcional desses táxons. A disponibilidade de habitats diversificados associada à boa qualidade da água possibilita a colonização por táxons sensíveis (como as ordens Ephemeroptera, Plecoptera e Trichoptera), tornando o ambiente mais equitativo na distribuição da abundância macrobentônica.

Os múltiplos impactos acumulados na bacia do rio Doce, como o desmatamento histórico de matas ciliares, processos erosivos severos, assoreamento do leito, perda crônica de micro-habitats e o histórico trânsito do rejeito de minério da barragem de Fundão, refletem-se diretamente na homogeneização biótica observada, fixando a predominância massiva de Chironomidae, Hydrobiidae e Oligochaeta em ambas as estações do ano.

3.25 QUALIDADE AMBIENTAL: HABITAT FÍSICO

Figura 46: Valores médios (± 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, 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 2026 no monitoramento do PMBA/Fest-UFES. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



A Figura 46 apresenta os valores médios das pontuações obtidas pelo Protocolo de Avaliação Rápida de Habitats seguindo Callisto *et al.* (2002) nos ambientes de água doce e estuarinos (Calha do rio Doce, Foz e Tributários), classificando as estações amostrais nas categorias de integridade: Impactado (0 a 40 pontos), Alterado (41 a 60 pontos) e Natural (61 a 100 pontos) durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES, abrangendo o período de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. As barras verticais sobre os pontos indicam a amplitude máxima e mínima das pontuações registradas ao longo da série histórica.

No contexto geral, a estrutura física e a integridade dos habitats mantiveram-se estáveis ao longo do período monitorado, com flutuações discretas representadas pelas barras de amplitude. A aplicação do protocolo revelou que as piores condições de habitat se concentram na calha principal e em

tributários específicos sob forte pressão de uso do solo. Os pontos de amostragem P2 (Calha), RDO14, RDO 15 e o ponto RGU02 (rio Guandu) no período seco foram os únicos categorizados estritamente na faixa de Impactado. Os pontos P3, P4, P7 (Ribeirão das Palmas), RDO12, P11 e RMH01 (rio Manhuaçu) situaram-se predominantemente na faixa Alterado.

O córrego São Pedro Frio (P9) destacou-se com a maior pontuação média da bacia, consolidando-se firmemente na condição de Natural. Trata-se de um riacho de cabeceira de baixa ordem com leito preservado, caracterizado por substratos diversificados (cascalho, folhiço, seixos), alternância de zonas de corredeiras e poções, além de uma mata ciliar íntegra. Embora as amostragens no ponto P9 tenham sido descontinuadas nos ciclos recentes do monitoramento, sua série histórica permanece como uma referência de controle ambiental de cabeceira.

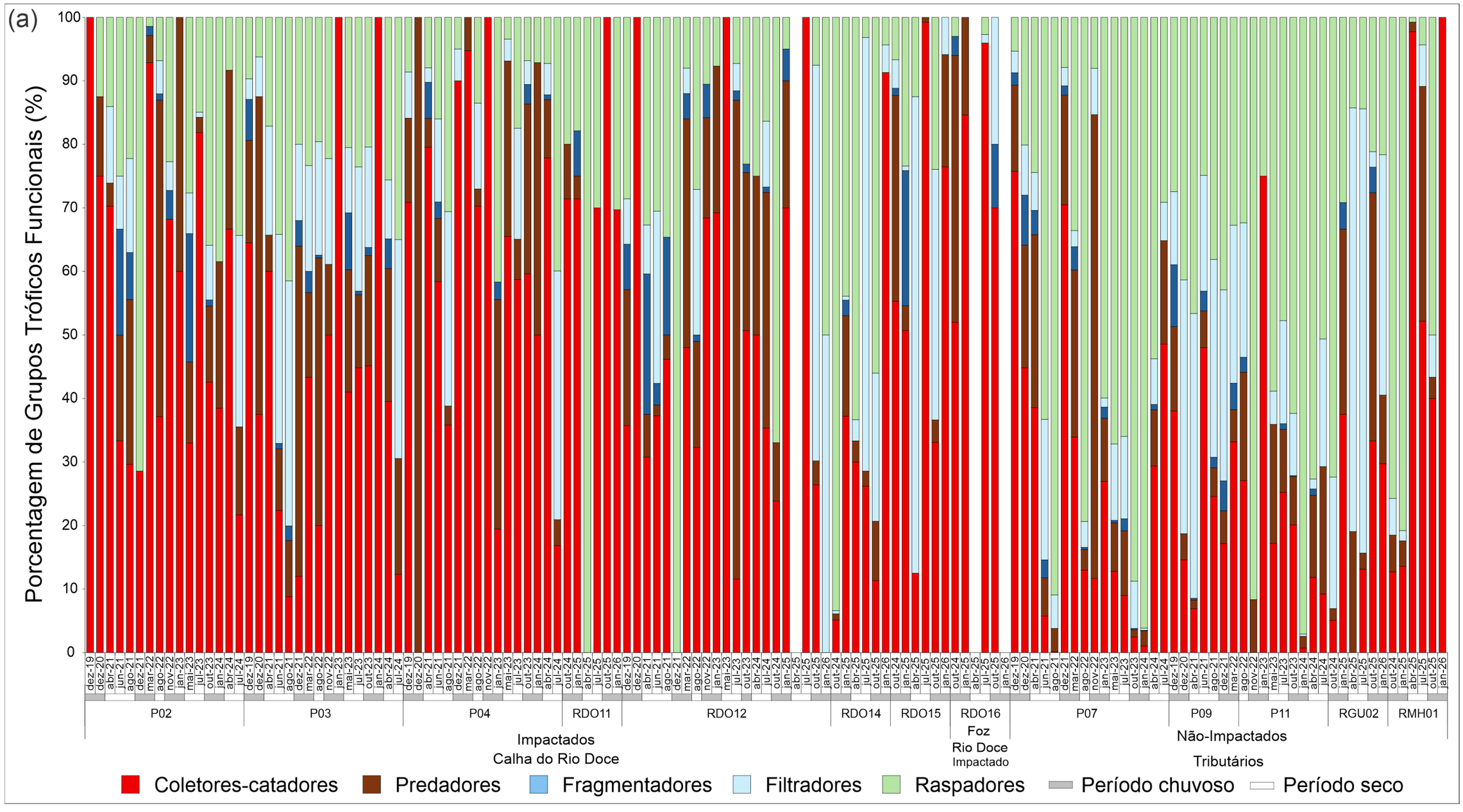
Para a estação da Foz do rio Doce (RDO16), os dados consolidados revelam uma importante variação sazonal na qualidade do habitat: o ponto atinge o status de Natural durante o período chuvoso (média ligeiramente acima de 60 pontos), porém declina para a condição de Alterado durante o período seco. Essa oscilação indica que a dinâmica hidrodinâmica estuarina e o aporte de sedimentos regulam de forma estacional a estabilidade e a disponibilidade de micro-habitats na foz.

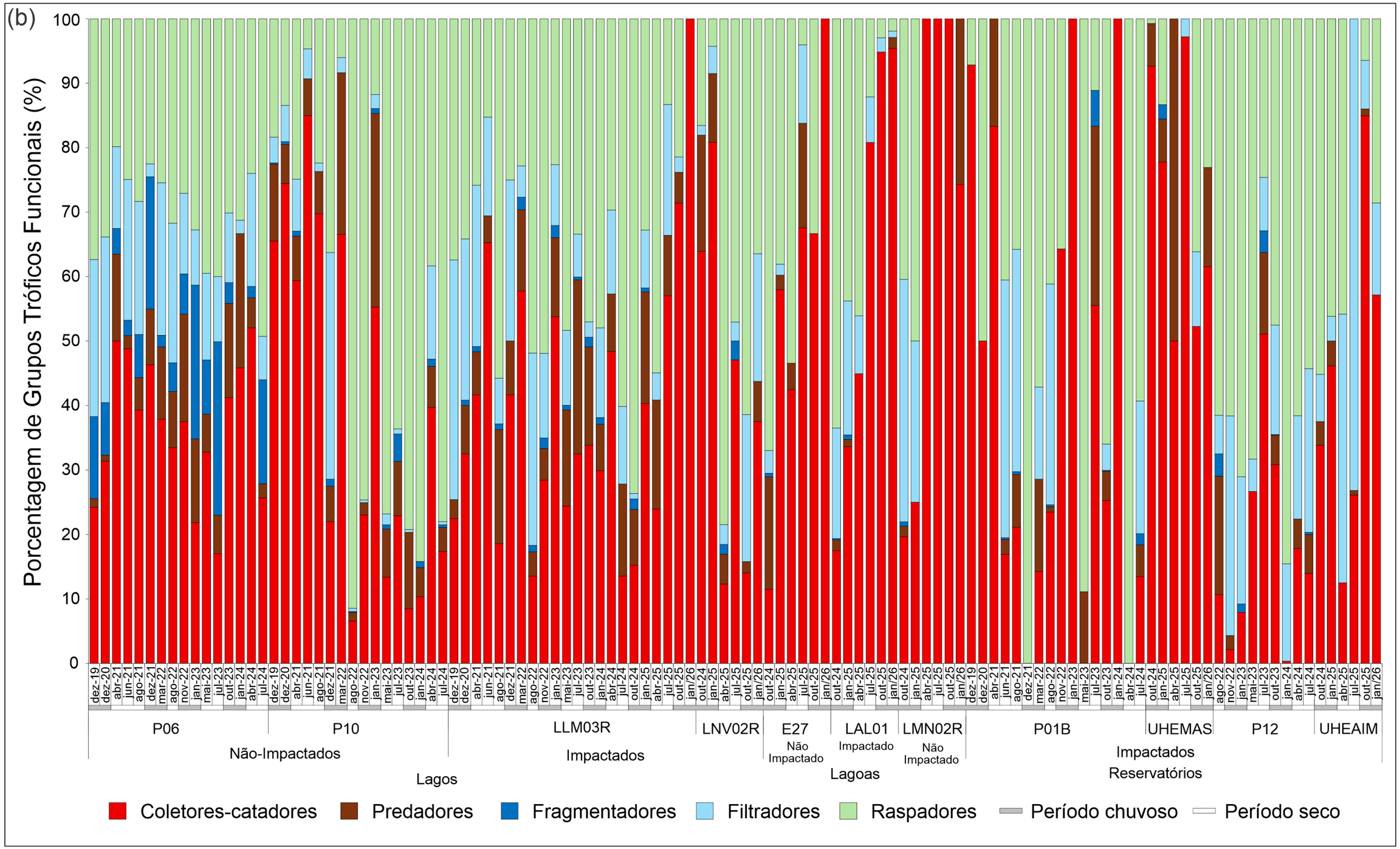
O ponto RMH01, que integra a malha amostral recente nos Tributários, foi classificado na faixa de Alterado, exibindo estabilidade pontual entre os períodos seco e chuvoso, com escores médios próximos a 50 pontos, o que ainda confere condições de substrato minimamente favoráveis quando comparado aos trechos mais degradados da calha principal.

No geral, os dados de avaliação física dos habitats corroboram os padrões encontrados na estrutura e composição espaço-temporal da comunidade de macroinvertebrados bentônicos. A homogeneização do substrato, o assoreamento crônico e a perda de zonas de refúgio, decorrentes de pressões antrópicas históricas e do trânsito de MLD, atuam como os principais fatores limitantes para o estabelecimento de táxons sensíveis. O diagnóstico do PAR demonstra ser uma ferramenta preditiva fundamental, explicando de forma robusta a baixa diversidade taxonômica geral e a persistente dominância numérica de assembleias tolerantes (Chironomidae, Hydrobiidae e Oligochaeta) nos trechos alterados e impactados do Baixo rio Doce.

3.26 GRUPOS TRÓFICOS FUNCIONAIS

Figura 47: Avaliação da evolução temporal da composição de macroinvertebrados em grupo de alimentação funcional nos ambientes (a) calha do rio Doce, foz do rio Doce e tributários e (b) ambientes lagos, lagoas e reservatórios de dezembro de 2019 a janeiro de 2026 no monitoramento ambiental do PMBA/Fest-UFES. Espaço em branco na figura indica ausência de macroinvertebrados nas amostras da campanha. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.




(b)
Porcentagem de Grupos Tróficos Funcionais (%)
0
10
20
30
40
50
60
70
80
90
100
dez-19 dez-20 abr-21 jun-21 ago-21 dez-21 mar-22 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 dez-19 dez-20 abr-21 jun-21 ago-21 dez-21 mar-22 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 dez-19 dez-20 abr-21 jun-21 ago-21 dez-21 mar-22 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 dez-19 dez-20 abr-21 jun-21 ago-21 dez-21 mar-22 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 dez-19 dez-20 abr-21 jun-21 ago-21 dez-21 mar-22 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26 ago-22 nov-22 jan-23 mai-23 jul-23 out-23 jan-24 abr-24 jul-24 out-24 jan-25 abr-25 jul-25 out-25 jan/26
P06
P10
LLM03R
LNV02R
E27
LAL01
LMN02R
P01B
UHEMAS
P12
UHEAIM
Não-Impactados
Impactados
Não Impactado
Impactado
Não Impactado
Impactados
Lagos
Lagoas
Reservatórios
Coletores-catadores
Predadores
Fragmentadores
Filtradores
Raspadores
Período chuvoso
Período seco

A Figura 47 apresenta a distribuição percentual da composição dos macroinvertebrados bentônicos em Grupos Tróficos Funcionais (GTFs) nos ambientes lóticos (Calha e Foz do rio Doce, Tributários; Figura 47a) e lênticos (Lagos, Lagoas e Reservatórios; Figura 47b), compreendendo o período de monitoramento de dezembro de 2019 a janeiro de 2026.

Nos setores lóticos da calha principal e setor Foz do rio Doce (Figura 47a), observa-se o amplo e persistente predomínio do grupo dos coletores-catadores ao longo de quase toda a série temporal. Esse padrão de dominância trófica reflete a homogeneização do leito e a elevada disponibilidade de matéria orgânica particulada fina (MOPF) depositada sobre o substrato predominantemente arenoso e siltoso do canal principal. O setor Foz do rio Doce (RDO16) exibe uma saturação quase exclusiva de coletores-catadores, atingindo marcas próximas a 100% da guilda trófica nos períodos secos de julho de 2025 e janeiro de 2026), o que evidencia o papel da região estuarina como zona de deposição terminal de detritos orgânicos.

Na contramão desse padrão de simplificação, o setor Tributários destaca-se pela expressiva representatividade e, frequentemente, predomínio do grupo dos raspadores (barras verdes), associados a uma participação consistente de predadores. Essa mudança na arquitetura trófica é sustentada pela maior integridade física desses corpos d'água adjacentes. Ambientes como o córrego São Pedro Frio (P09) e o rio Manhuaçu (P11 e RMH 01) oferecem substratos consolidados (pedras e seixos) e maior penetração de luz, fatores que estimulam o desenvolvimento do perifíton (microalgas aderidas), servindo de base alimentar para os raspadores (ERGOVIĆ *et al.*, 2025).

Os grupos dos fragmentadores e filtradores apresentaram baixa representatividade global em toda a calha. No entanto, flutuações discretas e picos sazonais de filtradores e fragmentadores ocorrem de maneira pontual em estações específicas da calha principal, como P02 e RDO12. Esses episódios isolados podem estar associados a pulsos de vazão que transportam detritos foliares grosseiros da vegetação ciliar remanescente ou a incrementos locais de matéria orgânica em suspensão, permitindo a colonização temporária dessas guildas especializadas.

Nos setores lênticos (Figura 47b), a estrutura trófica apresenta uma dinâmica de transição claramente delimitada pelas assinaturas taxonômicas dominantes da bacia. Nos sistemas lacustres de controle, como o lago do Limão (LLM03R) e o lago do Óleo (P06), há um equilíbrio trófico sutil e mais bem distribuído entre coletores-catadores e raspadores durante os primeiros anos de amostragem. No entanto, o avanço da série histórica revela uma transição ecológica importante: a partir de meados de 2022, e consolidando-se até janeiro de 2026, ocorre um avanço massivo do grupo dos raspadores sobre quase todos os pontos lênticos.

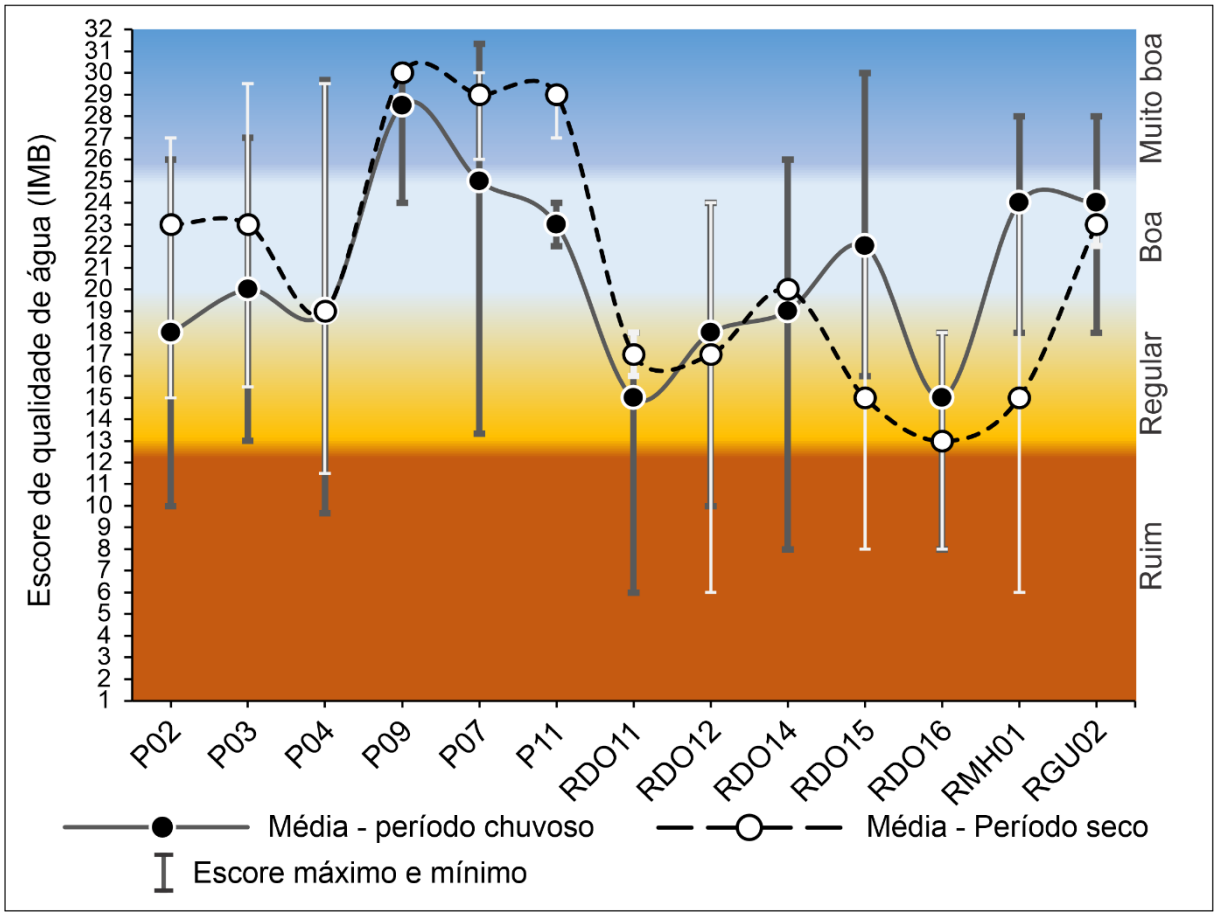
Esse predomínio de raspadores torna-se hegemônico nas estações P10, nos novos pontos de lagos impactados (LLM03R e LNV02R), no setor Lagoas (LAL01) e nas UHEs Aimorés e Mascarenhas. Do ponto de vista taxonômico, essa polarização trófica entre coletores-catadores e raspadores é explicada pela dominância hiperproporcional de dois táxons bioindicadores na bacia: os dípteros da família Chironomidae (majoritariamente atuando como coletores-catadores detritívoros) e os gastrópodes da família Hydrobiidae (organismos raspadores).

A marcada assimetria na proporção dos Grupos Tróficos Funcionais atua como um indicador direto de estresse e desequilíbrio ecológico no Baixo rio Doce. O conceito de Contínuo de Rios (VANNOTE *et al.*, 1980) prevê que ecossistemas fluviais saudáveis mantêm uma transição gradual e uma coexistência equilibrada entre diferentes guildas (fragmentadores, coletores, filtradores e raspadores) conforme a ordem do rio e a oferta natural de recursos. No entanto, a supressão crônica de fragmentadores e a hiperdominância alternada de coletores-catadores (na calha do rio Doce) e de raspadores (nos lagos e reservatórios) sinalizam um severo comprometimento das cadeias alimentares.

Essa reconfiguração trófica está associada à degradação física dos habitats, decorrente do desmatamento histórico das matas ciliares, do assoreamento severo do leito e da passagem dos MLD. A perda de micro-habitats complexos, como folhiço de fundo e troncos submersos, elimina as zonas de fixação e alimentação de organismos especializados (fragmentadores e filtradores) (YIN *et al.*, 2026). Consequentemente, o ecossistema passa a selecionar assembleias generalistas e oportunistas de Chironomidae e Hydrobiidae (MORSE *et al.*, 2007). Esses táxons tolerantes capitalizam eficientemente sobre os recursos remanescentes: a MOPF acumulada nas zonas sedimentares lóticas e o biofilme perifítico que prolifera nas águas calmas e enriquecidas dos reservatórios e lagos alterados (MANGADZE *et al.*, 2019). Os resultados tróficos consolidados até janeiro de 2026 ratificam, portanto, que a bacia permanece sob um regime de simplificação funcional crônica, em que a resiliência trófica está fortemente concentrada nos setores Tributários e setores lênticos menos impactados.

3.27 QUALIDADE DE ÁGUA

Figura 48: Avaliação da Qualidade da água dos pontos amostrais nos setores Calha do rio Doce (P02, P03, P04, RDO11, RDO12, RDO14 e RDO15), Foz do rio Doce (RDO16) e Tributários (P07, P09, P11, RGU02 e RMH01) obtidos pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) nos períodos chuvosos e secos de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. 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.



A Figura 48 apresenta a classificação da qualidade da água das estações amostrais obtida pela aplicação do Índice Multimétrico Bentônico (IMB), adaptado conforme Ferreira *et al.* (2011). O índice categoriza a integridade ecológica do recurso hídrico em quatro classes ordinais: Ruim (1 a 12 pontos), Regular (13 a 18 pontos), Boa (19 a 25 pontos) e Muito Boa (26 a 32 pontos), com base na riqueza e abundância de macroinvertebrados bentônicos sensíveis, tolerantes e resistentes, durante o monitoramento do PMBA/Fest-UFES nos períodos chuvoso e seco, de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. As barras verticais indicam a amplitude máxima e mínima dos escores alcançados ao longo de toda a série histórica.

Todas as estações recentemente incorporadas ou reestruturadas na malha amostral (como RDO11, RDO12, RDO14, RDO15, RDO16, RMH01 e RGU02) contam com diagnósticos consolidados tanto para o período chuvoso quanto para o seco, permitindo uma sólida avaliação da dinâmica sazonal da bacia.

No panorama geral, o IMB revela uma clara assimetria na qualidade ecológica entre o canal principal e os sistemas pareados de cabeceira ou foz. A calha do rio Doce (RDO12, P02, P03 e P04) apresenta as condições mais críticas e vulneráveis, sendo que as suas médias históricas flutuam predominantemente na faixa de Regular, alternando de forma sazonal. Nos pontos P02 e P03, o período seco exibe escores médios superiores aos do período chuvoso, alcançando a faixa de Boa qualidade. No entanto, as barras de máximo e mínimo revelam uma elevada instabilidade temporal, com episódios em que os pontos da calha principal (P02, P04, RDO11, RDO12, RDO15) e a foz (RDO16) declinaram para a classificação Ruim, refletindo o efeito dos múltiplos estressores antrópicos.

O setor Foz do rio Doce e Calha do rio Doce mais próxima da foz (RDO11 a RDO16) exibe um comportamento heterogêneo, mantendo médias na faixa Regular na maioria das campanhas. O ponto estuarino RDO16, especificamente, demonstra sensibilidade ao regime hidrológico, registrando queda na qualidade média durante o período seco e amplitude mínima, atingindo a faixa de qualidade Ruim. Em contrapartida, os trechos RDO14 e RDO15 apresentam escores médios na faixa Boa na maior parte do ano.

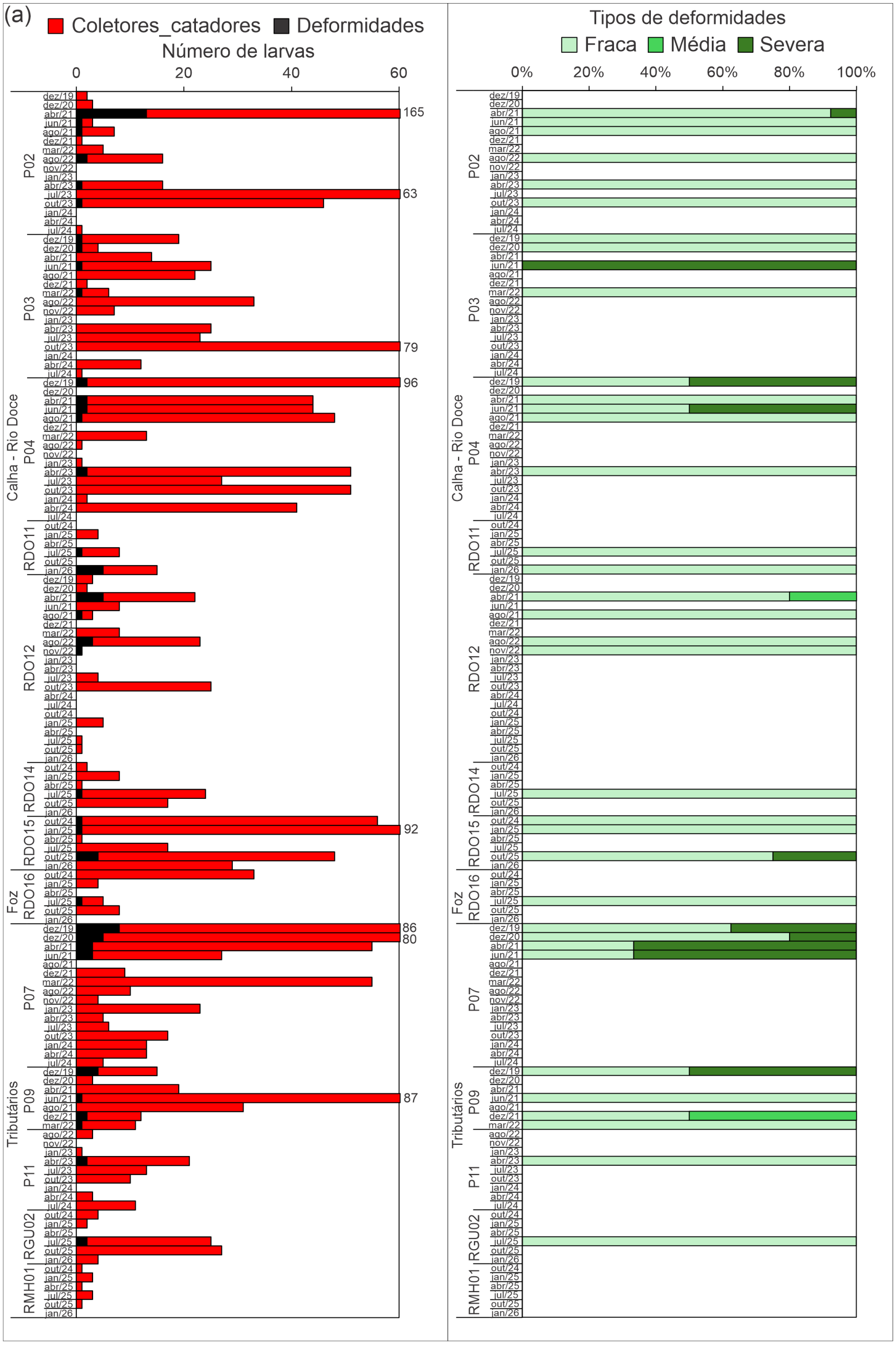
O setor Tributários (P09, P07, P11, RMH01 e RGU02) consolida-se como o principal vetor de integridade ecológica da bacia. O córrego São Pedro Frio (P09) e o Ribeirão das Palmas (P07) apresentaram o status de Muito Boa qualidade biológica em ambas as estações do ano, com amplitudes estáveis e seguras acima da linha crítica de corte. O rio Manhuaçu (P11 e RMH01) e o rio Guandu (RGU02) mantêm médias classificadas como Boa qualidade. Contudo, o RMH01 e o RGU02 evidenciam um estresse sazonal invertido em relação à calha, de modo que suas qualidades médias diminuem no período seco, com o RGU02 caindo próximo ao limite da faixa Regular e o RMH01 exibindo uma barra de amplitude mínima que adentra a zona de qualidade Ruim.

Os resultados obtidos pelo Índice Multimétrico Bentônico corroboram de forma robusta os diagnósticos físicos de integridade obtidos pelo Protocolo de Avaliação de Habitats (PAR). A persistência de escores limítrofes e flutuações severas até a faixa de qualidade Ruim na Calha do rio Doce e na Foz (RDO16) pode ter uma associação direta com o assoreamento do leito e à perda de micro-habitats consolidados.

Esses distúrbios físicos eliminam os táxons mais exigentes e sensíveis à poluição, fixando a dominância crônica de organismos tolerantes. Por outro lado, a manutenção estável do status de Muito Boa e Boa qualidade na maioria dos Tributários confirma que esses corpos d'água adjacentes preservam as condições limnológicas e estruturais importantes para sustentar comunidades macrobentônicas complexas, agindo como pontos de referência e fontes indispensáveis de biodiversidade para a bacia hidrográfica do Baixo rio Doce.

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

Figura 49: Número de larvas coletoras-catadoras da família Chironomidae com deformidades morfológicas no mento (aparelho bucal) e proporção de tipos de deformidades (Fraca, Média e Severa) nos setores lóticos **(a)**: Calha do rio Doce, Foz do rio Doce e Tributários e setores lênticos **(b)**:Lagos, Lagoas e Reservatórios, avaliadas ao longo do monitoramento PMBA/Fest-UFES de dezembro de 2019 a janeiro de 2026. O tempo de monitoramento difere entre as estações, conforme o Quadro 1.



(b)

Coletores-catadores Deformidades

Número de larvas

0 50 100 150

Tipos de deformidades

Fraca Média Severa

0% 20% 40% 60% 80% 100%

Reservatórios
Lagoas
Lagos

P6: dez/19, dez/20, abr/21, jun/21, ago/21, dez/21, mar/22, ago/22, nov/22, jan/23, abr/23, jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24

P10: dez/19, dez/20, abr/21, jun/21, ago/21, dez/21, mar/22, ago/22, nov/22, jan/23, abr/23, jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24

LLM03R: dez/19, dez/20, abr/21, jun/21, ago/21, dez/21, mar/22, ago/22, nov/22, jan/23, abr/23, jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24, out/24, jan/25, abr/25, jul/25, jul/25, jul/25, out/25, jan/26

LNV02R: out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

LAL01: out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

LMN02R: out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

E27: out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

P01B: dez/19, dez/20, abr/21, jun/21, ago/21, dez/21, mar/22, ago/22, nov/22, jan/23, abr/23, jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24, out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

UHEMAS: ago/22, nov/22, jan/23, abr/23, jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24, out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

P12: jul/23, out/23, jan/24, abr/24, jul/24, out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

UHE AIM: out/24, jan/25, abr/25, jul/25, out/25, jan/26

P6: dez/19 326; dez/20 270; abr/21; jun/21 159; ago/21; dez/21; mar/22 160; ago/22; nov/22; jan/23 659; abr/23; jul/23; out/23; jan/24; abr/24 348; jul/24

P12: jul/23 151; out/23 461

A Figura 49a (setores lóticos) e Figura 49b (setores lênticos) apresentam o número absoluto de larvas de macroinvertebrados coletores-catadores em relação à ocorrência absoluta de deformidades morfológicas em seu aparelho bucal, acompanhadas pela proporção dos níveis de severidade dessas deformidades, Fraca (verde-claro), Média (verde) e Severa (verde-escuro), de acordo com os critérios de Callisto e colaboradores (2000), cobrindo o período de dezembro de 2019 a janeiro de 2026.

No panorama global da bacia, a proporção absoluta de larvas com deformidades no mento apresenta-se baixa quando contrastada com as densidades massivas de organismos coletores-catadores (predominantemente Chironomidae) reportadas. Ecologicamente, uma taxa basal residual de deformidades no mento é esperada em ecossistemas aquáticos, decorrente do desgaste mecânico natural sofrido por esses organismos durante o forrageamento e a fricção direta com o sedimento abrasivo na busca por matéria orgânica particulada fina (MOPF) (CASTRO-CEPEDA; DÍAZ-CASTRO, 2026).

No entanto, a distribuição espaço-temporal das deformidades não é homogênea e revela zonas crônicas de estresse ambiental na bacia. Nos Ambientes Lóticos (Figura 499a), os pontos da Calha Principal P02 (com picos em abril de 2021 e julho de 2023) e P4 (especialmente em dezembro de 2019 e abril de 2021), além do tributário P07 (Ribeirão das Palmas), mantêm-se como destaque no que diz respeito à persistência conspícua de larvas deformadas associada a elevados números de coletores-catadores capturados. Nas estações recentemente incorporadas ao trecho da calha e foz (RDO11 a RDO16) e tributário (RMH01), a detecção de deformidades foi vestigial ou nula, com exceção da estação RDO15, que apresentou deformidade severa em outubro de 2025.

Nos setores Lênticos (Figura 49b), os maiores focos de interesse ainda se concentraram no ponto amostral P10 (lago das Palmas), que registrou a maior frequência acumulada de deformidades da série histórica, acompanhando surtos de densidade que ultrapassaram 600 indivíduos, como na campanha de janeiro de 2023. No setor Reservatórios, o ponto P12 segue sendo o mais expressivo de deformidades associadas a picos extremos de abundância de coletores-catadores. Entre os pontos novos, o lago impactado LLM 03R registrou detecção contínua de anomalias morfológicas ao longo de 2025.

A análise qualitativa da severidade das deformidades morfológicas revela um predomínio geral de deformidades classificadas como Fraca (verde-claro) ao longo da bacia. Segundo preceitos metodológicos e a literatura de referência (ex: DELIBERALLI *et al.*, 2018), uma taxa de incidência de deformidades bucais de até 8% integrada por malformações leves é considerada normal e flutua dentro do limiar de ruído ecológico de ambientes minimamente impactados.

Contudo, as deformidades classificadas como médias e severas (verde e verde-escuro), especialmente as severas, observadas em campanhas específicas, sinalizam cenários de perturbação toxicológica. Nos ambientes lóticos, essas ocorrências foram mais evidentes entre 2019 e 2021, nos pontos P02, P04, P03, P07 e P09, e, mais recentemente, no ponto RDO15 (outubro de 2025). Nos ambientes lênticos, destacam-se os pontos P06 e P10, entre 2019 e 2024, além de ocorrências mais recentes nos pontos LLM03R, LAL01, E27 e UHEMAS, incluindo janeiro de 2025 e

janeiro de 2026. Eventos em que 100% das deformidades registradas assumiram o nível Severo, como em P03 (junho de 2021), P10 (junho de 2021), P06 (dezembro de 2020 e agosto de 2022) e LLM03R (junho de 2021 e janeiro de 2025) merecem atenção analítica mais rigorosa.

Diferente do desgaste mecânico (que induz à perda focal de dentes), a manifestação de deformidades Severas (como fusão de dentes do mento, assimetria severa do aparato bucal ou ausência completa de estruturas) está fortemente associada na literatura científica à exposição crônica à agentes teratogênicos e mutagênicos contaminantes depositados no sedimento, tais como metais pesados, hidrocarbonetos e pesticidas (ARIMORO *et al.*, 2018; RATTANAWILAI *et al.*, 2022).

Como as larvas de Chironomidae vivem em contato íntimo com a interface água-sedimento, principalmente as coletoras-catadoras, e ingerem detritos finos, bioacumulam elementos químicos ativos (KARIMA, 2021). O estresse químico interfere nas divisões celulares do epitélio imaginal durante as mudas larvais, gerando as anomalias macroscópicas detectadas (PARK; KWAK, 2021). Os resultados consolidados até janeiro de 2026 sugerem que, embora a bacia apresente baixas frequências absolutas de larvas afetadas devido à alta taxa de renovação e dominância desses organismos generalistas, os bolsões temporais de deformidades médias e severas nos pontos amostrais, expõem a permanência de estressores químicos biodisponíveis no compartimento sedimentar do Baixo rio Doce.

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

4.1 ICTIOFAUNA DULCÍCOLA: ECOLOGIA

Ao longo do monitoramento do PMBA/Fest-UFES, entre outubro de 2018 a janeiro de 2026, foram coletadas e contabilizadas 98 espécies de peixes no Baixo rio Doce, das quais 64 são espécies nativas da bacia e 34 introduzidas, aproximadamente 34,7% do total. O registro continuado do bagre-rabo-seco *Paragenidens grandoculis* merece destaque, uma espécie Criticamente Ameaçada, considerada regionalmente extinta até 2017. Destacam-se também novos registros de espécies introduzidas para a bacia, como a Matrinxã *Brycon amazonicus,* o Tucunaré-azul *Cichla piquiti* e o Pirarucu *Arapaima gigas*.

A curva do coletor evidencia um aumento gradativo do número total de espécies acumuladas ao longo das campanhas do monitoramento. A curva sugere que um número máximo de aproximadamente 100 espécies para as estações amostradas, pode estar próximo de ser atingido. As curvas de rarefação evidenciam que a Calha é o ambiente de maior riqueza e abundância na bacia, seguida de Tributários, Reservatórios e Lagos. As Lagoas, apesar das amostragens recentes, apresentam riqueza comparável à dos Lagos, outro ambiente lêntico.

O modelo de estrutura de comunidades revela que, apesar de ecologicamente heterogêneos, os ambientes do Baixo rio Doce compartilham uma quantidade expressiva de espécies. A despeito disso, a Calha apresenta 12 espécies exclusivas, seguida por Tributários (7), Foz (7), Lagoas (5) e

Reservatórios (4). Lagos não apresentam espécies exclusivas. Em contraste, sete espécies ocorrem em todos os ambientes: as nativas *Astyanax lacustris* (lambari-do-rabo-amarelo) e *Trachelyopterus striatulus* (cumbaca) e as introduzidas *Cichla kelberi* (tucunaré), *Hoplosternum littorale* (tamboatá), *Pimelodus maculatus* (mandi-açu), *Prochilodus costatus* (curimba) e *Pygocentrus nattereri* (piranha-vermelha). O grande número de espécies compartilhadas entre os ambientes sugere certa conectividade funcional, mediada sobretudo por espécies introduzidas, generalistas e oportunistas.

As tendências de riqueza taxonômica apresentam grande variação de acordo com os ambientes. De maneira geral, há uma tendência ao aumento na riqueza de espécies ao longo do monitoramento, e os modelos apontam para um sistema em que os ambientes respondem de forma distinta à perturbação histórica. Uma parte expressiva da tendência de crescimento da riqueza de espécies ocorre também em decorrência do aumento do registro de espécies introduzidas em todos os ambientes. Os ambientes que registram maior tendência de aumento na riqueza de espécies são Calha e Reservatórios, ao passo que os demais ambientes apresentaram inexpressiva variação temporal desse indicador.

De modo geral, os maiores valores de riqueza ocorrem nas estações chuvosas, mas sem diferenças expressivas entre as estações. Em relação à abundância de espécies introduzidas, a variação temporal sugere que esse índice vem aumentando ao longo das campanhas na Calha, nos Reservatórios e nas Lagoas. Esse resultado indica que esses ambientes têm apresentado condições favoráveis ao estabelecimento das populações de espécies introduzidas, potencialmente favorecendo alterações na riqueza, abundância e composição das comunidades.

Há uma tendência generalizada de aumento e dominância de biomassa de espécies introduzidas, cuja proporção já atinge 75% da biomassa total das comunidades, a despeito de oscilações pontuais positivas na biomassa de espécies nativas. Esse resultado indica que um processo de homogeneização biótica pode estar em curso nas comunidades monitoradas.

A beta diversidade espacial aponta que os maiores valores medianos de dissimilaridade se encontram em Tributários, Reservatórios, Calha e Foz, independente do período climático, indicando que a heterogeneidade é constante nesses ambientes. Lagos e Lagoas, em contraste, apresentam grande dispersão, indicando grande variação entre seus trechos amostrais e heterogeneidade variável. Nos períodos secos, Foz e Lagoas se tornam drasticamente mais homogêneos. A diversidade beta temporal indica que, para a maioria dos ambientes, há participação crescente de espécies introduzidas, sobretudo com o desaparecimento de espécies nativas e aparecimento de espécies introduzidas, na Calha e nos Reservatórios. Os Tributários, de grande heterogeneidade faunística, 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.

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, zooplâncton, vertebrados terrestres) e vegetal (sementes, frutos, fragmentos de folhas). A dieta das espécies nativas Peixe-flor *Awaous tajasica,* Barrigudinho *Poecilia vivipara e* Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* na Calha do rio Doce (área impactada) é mais simples e composta principalmente de sedimentos/detritos, algas e insetos aquáticos possivelmente, devido ao soterramento dos habitats complexos causados após o rompimento da barragem. Por outro lado, nos Tributários (área não impactada) e Lagos *A. tajasica e P. vivipara* consumiram recursos mais nutritivos (insetos aquáticos). O Acará *Geophagus* aff. *brasiliensis* também ingeriu uma dieta mais nutritiva nos Lagos e Tributários (área não impactada) com maior proporção de moluscos, zooplâncton e insetos aquáticos. A Traíra *Hoplias malabaricus* não apresentou diferença na composição da dieta entre os ambientes avaliados, ou seja, essa espécie apresentou uma dieta composta predominantemente por peixes. Dessa maneira, a traíra pode estar sujeita aos impactos indiretos do rompimento da barragem via biomagnificação trófica ao predar peixes (e.g., *P. vivipara e G. brasiliensis*) na Calha do rio Doce, que ingerem diretamente sedimentos e detritos potencialmente contaminados. As espécies introduzidas Mandi *Pimelodus maculatus* e o Cará *Aequidens* cf. *plagiozonatus* ingeriram uma variedade de recursos alimentares desde sementes, frutos até crustáceos e escamas de peixes em todos os ambientes amostrados, o que reflete o oportunismo trófico de ambas as espécies e pode justificar a abundância das espécies introduzidas em diversos ambientes da bacia do rio Doce, inclusive na Calha do rio Doce (área impactada pelo MLD). O Lambari *Knodus moenkhausii* consumiu principalmente insetos (terrestres e aquáticos), detritos e algas na Calha e nas Lagoas, zooplâncton e insetos aquáticos. A diferença entre o uso dos recursos alóctones e autóctones encontrada na Calha, Reservatórios e Tributários é um sinal que muito provavelmente a espécie utilizaria um determinado tipo de item alimentar (autóctone) na ausência de outro de maior preferência (alóctone).

A composição da dieta das espécies de peixes também apresentou diferença nas categorias alimentares entre os períodos secos e chuvosos. Os recursos alimentares algas e sedimentos/detritos foram mais abundantes no período chuvoso enquanto os insetos aquáticos (macroinvertebrados bentônicos) foram mais representativos na estação seca para as espécies *A. tajasica e P. vivipara.* Esse resultado mostra que o período chuvoso intensifica a simplificação da dieta de ambas as espécies, ou seja, essas espécies “perdem” suas opções alimentares mais nutritivas (e.g., insetos aquáticos) na Calha do rio Doce e passam a sobreviver das algas e da matéria orgânica associada ao sedimento, possivelmente contaminado pelo MLD, devido a suspensão sazonal do MLD no fundo do leito do rio. Para o Mandi *Pimelodus maculatus*, não houve diferença na composição da dieta entre os períodos.

Identificamos dez guildas tróficas no monitoramento e observamos diferenças entre os ambientes avaliados. De uma maneira geral, na Calha (área impactada) encontramos uma dominância em abundância das espécies de peixes bentófagos (Peixe-flor *Awaous tajasica,* Tilápia *Oreochromis niloticus* e o Barrigudinho *Poecilia vivipara*) e uma menor representatividade dos predadores de topo de cadeia (carnívoros e piscívoros nativos) durante o monitoramento. Na Foz do rio Doce, encontramos a dominância dos detritívoros (e.g., Tainha *Mugil curema*), carnívoros e piscívoros, que são predadores de topo (e.g., Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri,* o Bagre-guri *Genidens genidens,* o Robalo *Centropomus undecimalis* e o Xáreu *Caranx latus*). Nos Tributários (área não afetada), observamos que as guildas tróficas são mais diversas que na Calha e também notamos uma dependência dos peixes por recursos alimentares provenientes da vegetação marginal (insetos terrestres), principalmente nos Anos 7 e 8 do monitoramento. Nos Lagos, houve o predomínio dos bentófagos e piscívoros introduzidos e nos Reservatórios, dos herbívoros e piscívoros introduzidos, nos Anos 2, 6 e 7 do monitoramento. Para o parâmetro biomassa, os detritívoros (espécies Curimba *Prochilodus costatus e P. argenteus*) apresentaram maior dominância na Calha do rio (área impactada pelo MLD). Por outro lado, os piscívoros (pertencentes às espécies Tucunaré *Cichla monoculus,* Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri,* Traíra *Hoplias malabaricus e* Trairão *Hoplias intermedius)* e os carnívoros (Pescada *Plagioscion squamosissimus* e Lambari-bocarra *Oligosarcus acutirostris)* foram mais representativos nos ambientes lênticos (Lagos e Reservatórios), respectivamente. Esse resultado indica que a maior parte da energia dos peixes da bacia do rio Doce está representada pelos indivíduos de grande porte ou em guildas associadas ao sedimento. Por fim, na Foz do rio Doce notamos uma dominância dos Detritívoros e dos predadores de topo (Piscívoros e Carnívoros). Esse padrão é comum em áreas de estuário/foz, que funcionam tanto como zonas de engorda para grandes predadores quanto como áreas de intenso acúmulo de matéria orgânica sedimentada.

4.3 REPRODUÇÃO DE PEIXES

As análises de biologia reprodutiva das espécies nativas e introduzidas mostraram predominância de fêmeas em relação aos machos na maioria dos ambientes monitorados, incluindo Calha do rio Doce, Lagos, Tributários, Reservatórios e Foz do rio Doce. O teste de qui-quadrado indicou desvios significativos da proporção sexual esperada (1:1) para a maior parte dos ambientes, evidenciando desequilíbrio populacional tanto para espécies nativas quanto introduzidas. Os maiores desvios foram registrados na Calha do rio Doce e nos Lagos, enquanto as Lagoas apresentaram equilíbrio para as espécies nativas, embora esse resultado deva ser interpretado com cautela devido ao reduzido número de indivíduos amostrados.

O cálculo do comprimento médio da primeira maturação (L50) evidenciou elevado recrutamento na calha do rio para as espécies introduzidas Tilápia do Nilo *Oreochromis niloticus*, Tilápia rendali *Coptodon rendalli* e o Lambari *Knodus moenkhausii*. Entre as espécies nativas, destacaram-se o Peixe-flor *Awaous tajasica* e Corvina *Pachyurus adspersus*, que apresentaram as maiores abundâncias de recrutas nesse ambiente. Nos Lagos, observou-se predominância de recrutamento de espécies introduzidas, especialmente o Tucunaré *Cichla monoculus*, o Pacu-CD *Metynnis*

lippincottianus, o Tucunaré *Cichla kelberi*, a Bastiana *Saxatilia lepidota* e a Piranha-vermelha *Pygocentrus nattereri*, enquanto o Cará *Geophagus aff. brasiliensis* foi a espécie nativa com maior recrutamento. Nos Tributários, predominou o recrutamento de espécies nativas, com destaque para o Cará *Geophagus aff. brasiliensis* e a Tainha *Mugil curema*, ambas com recrutamento superior a 190 indivíduos, evidenciando a importância desse ambiente para o ciclo de vida de espécies dulcícolas e diádromas. Nos Reservatórios predominou o recrutamento de espécies introduzidas, embora sem registros superiores a 190 recrutas. Nas Lagoas também predominou o recrutamento de espécies introduzidas, enquanto na Foz do rio Doce houve predominância de espécies nativas, reforçando a importância desses ambientes para a conservação da ictiofauna regional.

A análise comparativa dos estágios de maturação gonadal (EMG) evidenciou predominância de indivíduos maduros (F3/M3) durante o período chuvoso para espécies nativas e introduzidas na maioria dos ambientes monitorados. Nos períodos secos, verificou-se aumento relativo dos estágios iniciais de desenvolvimento gonadal. Nos Lagos e Reservatórios, as espécies nativas apresentaram maior frequência relativa de indivíduos maduros em comparação às introduzidas. Em contrapartida, na Calha do rio Doce, Tributários e Lagoas, as espécies introduzidas apresentaram maior frequência de fêmeas desovadas (F4), enquanto na Calha do rio Doce e nas Lagoas também foi observada maior frequência de machos espermiados (M4), indicando maior sucesso reprodutivo dessas espécies nesses ambientes. Para as Lagoas e a Foz do rio Doce, o reduzido número amostral ainda limita inferências mais robustas.

Quando analisada a relação gonadossomática (RGS), observou-se, de forma geral, manutenção ou aumento da atividade reprodutiva das espécies ao longo do monitoramento, especialmente nos Anos 7 e 8. Na Calha do rio Doce, o Lambari *Astyanax lacustris* manteve valores elevados de RGS a partir do Ano 6, enquanto o Lambari *Knodus moenkhausii* apresentou estabilização da atividade reprodutiva nos anos mais recentes. Nos Lagos, o Lambari *Astyanax lacustris* apresentou pico de RGS no Ano 6, mantendo valores relativamente elevados nos Anos 7 e 8, e o Pacu CD *Metynnis lippincottianus* permaneceu estável durante todo o período. Nos Reservatórios, *Knodus moenkhausii* apresentou aumento gradual da RGS, atingindo seu maior valor no Ano 8, enquanto *Pachyurus adspersus* apresentou discreto aumento da atividade reprodutiva. Nos Tributários, *Astyanax lacustris* apresentou aumento significativo da RGS no Ano 8, além do registro de novas espécies nativas em atividade reprodutiva. Nas Lagoas, os dados do Ano 8 evidenciaram manutenção da atividade reprodutiva do Lambari *Astyanax lacustris*, da Grumatá *Prochilodus costatus* e da Piranha vermelha *Pygocentrus nattereri*, enquanto na Foz do rio Doce as diferenças na composição de espécies entre os anos impediram comparações temporais. De modo geral, os resultados indicam plasticidade reprodutiva e capacidade adaptativa tanto de espécies nativas quanto introduzidas frente às variações ambientais observadas ao longo do monitoramento.

As análises histológicas das gônadas evidenciaram padrões morfológicos compatíveis com os diferentes estágios de desenvolvimento gonadal durante praticamente todo o período de monitoramento. Alterações morfológicas semelhantes às descritas para peixes expostos à contaminação por metais pesados foram registradas apenas no Ano 5, não sendo observadas nos

anos subsequentes. A baixa frequência e a ausência de recorrência dessas alterações sugerem manutenção de condições favoráveis à saúde reprodutiva das populações monitoradas, embora reforcem a importância do monitoramento contínuo como ferramenta para detecção precoce de possíveis impactos ambientais.

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 morfologicamente. Dentre as 98 espécies classificadas morfologicamente, 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 8 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 (os lambaris *Astyanax lacustris* e *Deuterodon* cf. *intermedius*, o Cará *Geophagus* aff. *brasiliensis*, a Traíra *Hoplias malabaricus*, o Lambari *Knodus moenkhausii*, a Curvina *Pachyurus adspersus* e o Barrigudinho *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 microssatélites 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. Nos anos seguintes essa diminuição foi menor, chegando a apresentar um leve aumento no Ano 6 e se manteve estável no Ano 7, porém volta a apresentar uma leve queda no Ano 8 do monitoramento. 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, consequentemente, a diversidade funcional das comunidades está sendo simplificada. Em geral, espécies introduzidas são mais resilientes do que espécies nativas, competindo por recursos e podendo 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 ictioplâncton 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 rompimento da barragem.

4.6 MACROINVERTEBRADOS BENTÔNICOS

O conjunto de dados históricos estruturado pelo PMBA/Fest-UFES, fundamentado no uso complementar de ferramentas de diagnóstico físico-químico e ecológico, permitiu estabelecer tendências robustas e mapear o status de integridade ecológica do Baixo rio Doce. A análise integrada da série temporal compreendida entre dezembro de 2019 e janeiro de 2026 abrangeu os setores da calha principal, foz estuarina, tributários, lagos, lagoas e reservatórios das UHEs Aimorés e Mascarenhas, fornecendo uma avaliação aprofundada baseada em descritores estruturais (riqueza taxonômica, densidade e abundância relativa), funcionais (guildas tróficas) e ecotoxicológicos (deformidades bucais em Chironomidae).

Os resultados demonstram uma clara sinalização de variação estacional na estrutura das assembleias de macroinvertebrados. Observaram-se incrementos pontuais de riqueza e densidade durante os períodos secos, predominantemente nos trechos lóticos a montante da calha principal. Esse padrão de oscilação sazonal reflete a dinâmica hidrológica natural de sistemas fluviais tropicais, nos quais o período chuvoso atua como um distúrbio físico agudo. O aumento expressivo da vazão e da velocidade da correnteza promove o revolvimento mecânico do leito e a lavagem dos substratos, desencadeando o processo de deriva forçada (drift) dos organismos e a perda temporária de micro-habitats colonizáveis, o que reduz transitoriamente a eficiência amostral e os adensamentos bióticos no fundo do rio.

No que tange à riqueza taxonômica, a despeito de flutuações discretas que sugerem um acréscimo pontual em determinados trechos lóticos, o cenário biológico geral da bacia permanece sob alerta crônico. A análise de abundância relativa revela um processo severo de homogeneização biótica, caracterizado pela dominância hiperproporcional de táxons oportunistas e generalistas. As larvas da família Chironomidae (Diptera) e os anelídeos da subclasse Oligochaeta apresentam as maiores densidades na bacia. Esses organismos possuem adaptações morfológicas e fisiológicas que os permitem colonizar substratos instáveis e enterrar-se em sedimentos finos (silte e argila). Esse tipo de sedimento consolidou-se como o leito dominante da bacia, resultado de décadas de pressões antrópicas acumuladas.

Essa fragilidade física é corroborada pelos diagnósticos estáveis do PAR, que classificam a maior parte das estações da calha do rio Doce (P3, P4, RDO12), da Foz (RDO16 na seca) e dos novos tributários (RMH01) na categoria de Alterado. O ponto P2 (Calha principal) e o RGU02 (rio Guandu, na seca) configuram-se como as zonas mais críticas, permanecendo sob o status de Impactado devido à severa perda de heterogeneidade física e destruição de matas ciliares.

A despeito dessa severa restrição estrutural de habitats, a resiliência biológica e o aporte de táxons tolerantes e sensíveis em períodos de estabilidade hidrológica permitiram fixar as pontuações médias do Índice Multimétrico Bentônico (IMB) na faixa de Regular a Boa qualidade de água ao longo da calha principal e trechos associados (como RDO12, RDO14 e RDO15). Em contrapartida, os setores Tributários mais preservados destacam-se como os principais refúgios de biodiversidade e eixos de integridade ecológica da bacia. Estações de cabeceira como o córrego São Pedro Frio (P09) e o

Ribeirão das Palmas (P07) sustentaram, com estabilidade temporal, o status de Muito Boa qualidade de água e integridade de habitat Natural.

Diferente do apontado em ciclos anteriores, a consolidação dos dados até janeiro de 2026 eliminou as lacunas de amostragem sazonal nas estações inseridas na nova malha (RDO11 a RDO16, RMH01, RGU02). Os dados atestam que pontos como o rio Manhuaçu (RMH01) e o rio Guandu (RGU02) exibem qualidade Boa, embora manifestem estresse ecológico invertido em relação à calha, registrando retrações em seus escores bióticos e físicos durante o período seco, o que expõe a vulnerabilidade desses rios menores à redução de vazão e à concentração de efluentes locais.

Nos setores lênticos (Lagos, Lagoas e Reservatórios), o monitoramento identificou sérios desequilíbrios na organização das cadeias alimentares. A análise dos Grupos Tróficos Funcionais (GTFs) revelou uma transição temporal marcante a partir de meados de 2022, estendendo-se até janeiro de 2026, com uma dominância hegemônica de organismos raspadores e coletores-catadores sobre as guildas de fragmentadores e filtradores. Esse fenômeno é sustentado pela interação de dois táxons específicos: os gastrópodes da família Hydrobiidae (raspadores de biofilme perifítico) e os quironomídeos (principalmente os coletores de detritos orgânicos depositados).

O ponto amostral P10 (lago das Palmas) registrou o pior status ecológico entre os lagos, apresentando as maiores densidades acumuladas desses dois grupos e uma pronunciada curva de declínio na riqueza taxonômica a longo prazo, seguido de perto pelo ponto P06 (lago do Óleo). Inversamente, o lago do Limão (LLM03R) sustentou uma composição trófica discretamente mais equitativa ao longo dos anos, indicando uma maior resiliência interna face aos estressores locais.

O monitoramento da frequência de deformidades morfológicas no mento de larvas de Chironomidae forneceu indícios relevantes sobre a qualidade do sedimento. Embora o percentual absoluto de larvas afetadas seja baixo em relação ao montante de coletores-catadores amostrados, o que mimetiza, em grande parte, a taxa de desgaste mecânico natural e basal descrita na literatura para ambientes limpos (até 8%, conforme DELIBERALLI*et al.*, 2018), a recorrência de deformidades classificadas como Média e Severa acende um sinal de alerta de contaminação química.

Estações lóticas na calha principal sob forte influência histórica de rejeitos, como P03, associadas aos setores lênticos como o P06, P10 e LLM03R, exibiram picos conspícuos de malformações estruturais bucais em campanhas específicas, alcançando taxas de 100% de severidade. Esse padrão aponta para a existência de agentes poluidores latente, onde substâncias teratogênicas e metais pesados depositados no sedimento continuam biodisponíveis para a fauna bentônica detritívora. Essas áreas devem ser tratadas de forma mandatória como zonas prioritárias para ações de reparação.

A manutenção contínua e a consolidação analítica da atual malha amostral revelam-se estratégicas e indispensáveis. Os dados coletados até janeiro de 2026 superaram as lacunas temporais históricas, integrando as respostas biológicas às flutuações sazonais crônicas da bacia. O refino contínuo dessa série temporal longa é a ferramenta científica necessária para subsidiar a modelagem de correlações

com fatores físico-químicos e guiar as tomadas de decisão em projetos de conservação, restauração florestal de bacias de contribuição e recuperação ecológica do Baixo 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.

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.

ARIMORO, F. O.; AUTA, Y. I.; ODUME, O. N.; KEKE, U. N.; MOHAMMED, A. Z. Mouthpart deformities in Chironomidae (Diptera) as bioindicators of heavy metals pollution in Shiroro Lake, Niger State, Nigeria. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 149, p. 96-100, 2018.

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.

BENGTSSON, 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.

BERNARDES, M.T., ARANTES, F.P., BAZZOLI, N., MARCON, L., & SANTOS, J.E. Lagoas marginais: berçários naturais para peixes migradores Marginal lagoons: natural nurseries of migratory fish. **Conexão Ciência**. v. 16 n. 2, 2021.

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.

BOM, F. C.; COSTA, F. M.; PINHA, G. D.; SANTANA, M. S.; GOUVEIA, N. A.; FERREIRA, B. P. *et al.* A decade after the Fundão Dam collapse: key findings from studies in the Doce River basin and adjacent coastal and marine environments. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 198, n. 5, p. 560, 2026.

BROWN-PETERSON, N.J., WYANSKI, D.M., SABORIDO-REY, F., MACEWICZ, B.J. AND LOWERRE-BARBIERI, S.K. A Standardized Terminology for Describing Reproductive Development in Fishes. **Marine and Coastal Fisheries**, 3: 52-70, 2011.

BUSS, D. F.; BAPTISTA, D. F.; NESSIMIAN, J. L. Bases conceituais para a aplicação de biomonitoramento em programas de avaliação da qualidade da água de rios. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 19, p. 465-473, 2003.

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.

CASATTI, L.; LANGEANI, F.; FERREIRA, C.P. Effects of physical habitat degradation on the stream fish assemblage structure in a pasture region. **Environmental Management**, v. 38, p. 974-982, 2006.

CASATTI, L.; FERREIRA, C.P.; CARVALHO, F.R. 2009. Grass-dominated stream sites exhibit low fish species diversity and dominance by guppies: an assessment of two tropical pasture river basins. **Hydrobiologia**, v. 632, p. 273-283, 2009.

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.

CASTRO-CEPEDA, D. A.; DÍAZ-CASTRO, D. E. Morphological deformations in *Chironomus plumosus* (Diptera: Chironomidae) at Santa Catarina River, Nuevo Leon, Mexico. **Acta Biológica Colombiana**, v. 31, n. 1, p. 21, 2026.

CLEVELAND, W. S.; DEVLIN, S. J. Locally weighted regression: an approach to regression analysis by local fitting. **Journal of the American Statistical Association**, v. 83, n. 403, p. 596-610, 1988. DOI: https://doi.org/10.1080/01621459.1988.10478639.

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.

COELHO, P.N., GUIMARÃES, T.F., FERREIRA, W.R., MARCON, L., TRAVENZOLI, N.M., BARROS, L., SOUZA, K.L., EDÉSIO, B., ASSIS, C.E., ARRUDA, V.C., AZEVEDO-SANTOS, V.M. & DERGAM,

J.A. Besides mining, dams, non-native species... the ingestion of anthropogenic debris by fishes in the Doce River basin, Southeastern Brazil. **Oecologia Australis.** 27(4),417-425, 2023.

COELHO, P.N., ASSIS, C.E., SOUZA, K.L., TRAVENZOLI, N.M., QUEIROZ, V., MARCON, L., FERREIRA, W.R., DERGAM, J.A., HENSCHEL, E. Seasonal and environmental changes in the diet of *Awaous tajasica* (Gobiiformes: Oxudercidae) in a threatened Neotropical freshwater ecosystem. **Marine & Freshwater Research**, 77, MF25215, 2026.

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, J. C.; JÚNIOR, R. D. S. A Interface entre Desmatamento e Urbanização na Amazônia

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

DAGOSTA, F.C.P.; MONÇÃO, M.S.; NAGAMATSU, B.A.; PAVANELLI, C.S.; CARVALHO, F.R.; LIMA, F.C.T.; LANGEANI, F.; DUTRA, G.M.; OTA, R.R.; SEREN, T.J.; TAGLIACOLLO, V.; MENEZES, N.A.; BRITSKI, H.A.; DE PINNA, M. Fishes of the upper rio Paraná basin: diversity, biogeography and conservation. **Neotropical Ichthyology**, v. 22, n. 1, p. e230066, 2024.

DA SILVA, L.P., PASCHOALINI, A.L., THULLER, B. *et al.* Reproductive Activity of Spotted *Metynnis maculatus* (Serrasalmidae), a Non-Native Species in the São Francisco Basin, Três Marias Reservoir, Minas Gerais, **Brazil. J. Ichthyol.** 66, 295–304, 2026.

DE SOUZA NEVES, D.; SILVÉRIO, D. V.; ROTHE-NEVES, M.; FERREIRA, F. F.; IORIO, G. S.; SPERBER, C. F. Changes in land use dynamics following the Fundão dam collapse in the Doce River Basin, Brazil. **Total Environment Advances**, v. 12, p. 200112, 2024.

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.

DOU, P.; XIE, T.; LI, S.; BAI, J.; CUI, B. A network perspective to evaluate hydrological connectivity effects on macroinvertebrate assemblages. **Wetlands**, v. 40, n. 6, p. 2837-2848, 2020.

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

ERGOVIĆ, V.; ČERBA, D.; TUBIĆ, B.; NOVAKOVIĆ, B.; KOH, M.; MIHALJEVIĆ, Z. Seasonal dynamics and factors shaping aquatic insect assemblages in mountain streams of the Pannonian Lowland Ecoregion. **Insects**, v. 16, n. 4, p. 344, 2025.

ESCOBAR, H. Mud tsunami wreaks ecological havoc in Brazil. **Science**, v. 350 (6265), 2015.

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, 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.

FEST, Fundação Espírito-santense de Tecnologia. Relatório Semestral de Evolução do PMBA/Fest – RT-52, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática. 2025.

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

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

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

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. 2026. **ESCHMEYER'S CATALOG OF FISHES: GENERA, SPECIES, REFERENCES.** 2026. Disponível em: http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp. Acesso em: 02 de julho de 2026.

GALETTI-JR., P.M.; ESTEVES, K.E.; LIMA, N.R.W.; MESTRINER, C.A.; CAVALLINI, M.M.; CÉSAR, A.C.G.; MIYAZAWA, C.S. Aspectos comparativos da ictiofauna de duas lagoas marginais do rio Mogi-Guaçu (Alto Paraná - Estação Ecológica do Jataí SP). **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 3, p. 865-885, 1990.

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.

GUAN, Q.; WU, H.; XU, L.; KANG, Y.; LU, K.; LIU, D. *et al.*Hydrological connectivity shapes multiple diversity facets of snail (Mollusca: Gastropoda) assemblages in freshwater floodplain wetlands. **Ecological Indicators**, v. 153, p. 110467, 2023.

GUTIERRE, S.M.M.; VITULE, J.R.S.; FREIRE, C.A.; PRODOCIMO, V. Physiological tools to predict invasiveness and spread via estuarine bridges: tolerance of Brazilian native and worldwide introduced freshwater fishes to increased salinity. **Marine & Freshwater Research**, v. 65, p. 425-436, 2014.

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.

HAMADA, N.; THORP, J. H.; ROGERS, D. C. **Thorp and Covich's freshwater invertebrates: keys to Neotropical Hexapoda**. London: Academic Press, 2018. v. 3.

HARRISON, T. D.; WHITFIELD, A. K. Fish trophic structure in estuaries, with particular emphasis on estuarine typology and zoogeography. **Journal of Fish Biology**, v. 81, n. 6, p. 2005-2029, 2012.

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.

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, 2026. Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade – SALVE. Disponível em: https://salve.icmbio.gov.br/. Acesso em: 19 de maio de 2026.

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://iucnrle.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.

JOHNSON, P.T.J.; OLDEN, J.D.; VANDER ZANDEN, M.J. Dam invaders: impoundments facilitate biological invasions into freshwaters. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 6, n. 7, p. 357-363, 2008.

KAMPFERT, L.E.P.; MAICROVICZ, J.C.; BLANCO, D.R.; LANGE, D.; PAVANELLI, C.S.; BRANDÃO, H. Linking rivers, mixing faunas: how artificial connectivity between the Middle and Upper Paraná River basins shapes fish diversity in a tributary of the Itaipu Reservoir, Brazil. **Journal of Fish Biology**, v. 108, n. 2, p. 648-668, 2025.

KARIMA, Z. Chironomidae: biology, ecology and systematics. In: **The wonders of Diptera: characteristics, diversity, and significance for the world's ecosystems**. [S.l.: s.n.], 2021.

KING, M. **Fisheries Biology, Assessment and Management**. 2. ed. Oxford: Blackwell Publishing, 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.

LEAL, J. S. *et al*. Effects of mine tailings on aquatic macroinvertebrate structure within the first year after a major dam collapse. **Marine and Freshwater Research**, v. 74, n. 18, p. 1506-1518, 2023.

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.

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

MANGADZE, T.; WASSERMAN, R. J.; FRONEMAN, P. W.; DALU, T. Macroinvertebrate functional feeding group alterations in response to habitat degradation of headwater Austral streams. **Science of the Total Environment**, v. 695, p. 133910, 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., W. R. FERREIRA, P. N. COELHO*et al.* "Reproductive Activity of the Neotropical *Geophagus brasiliensis* (Cichlidae), Native Species in the Lower Doce River Basin, Southeastern Brazil*."* **Journal of Ichthyology**. 65: 80–87, 2025.

MARINO, A.; FENOGLIO, S.; BO, T. The impact of catastrophic floods on macroinvertebrate communities in low-order streams: a study from the Apennines (Northwest Italy). **Water**, v. 16, n. 18, p. 2646, 2024.

MARQUES, H.; DIAS, J.H.P.; PERBICHE-NEVES, G.; KASHIWAQUI, E.A.L.; RAMOS, I.P. Importance of dam-free tributaries for conserving fish biodiversity in Neotropical reservoirs. **Biological Conservation**, v. 224, p. 347-354, 2018.

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.

MCLUSKY DS, ELLIOTT M. The estuarine ecosystem. 3rd ed. New York: Oxford University Press; 2004.

MERÇON, J., D. S. CABRAL, B. C. T. CHISTÉ TEIXEIRA, T. M. PEREIRA, A. M. BONA, C. V. L. ARMINI, S. G. N. AGOSTINHO, AND L. C. GOMES. Evidence of Reproductive Disturbance in Astyanax lacustris (Teleostei: Characiformes) from the Doce River After the Collapse of the Fundão Dam in Mariana, Brazil. **Environmental Science and Pollution Research International**. 28(47), 2022.

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., D. D. GOMES, D. P. MOREIRA, M. R. GOMES, N. BAZZOLI, AND E. RIZZO. 2017. "Comparative Morphology of the Reproductive System of Seven Species of Ostariophysan Fishes from the Upper Das Velhas River, Brazil." **Journal of Ichthyology**, 278(2): 170–181, 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.

MORSE, J. C.; BAE, Y. J.; MUNKHJARGAL, G. *et al.*Freshwater biomonitoring with macroinvertebrates in East Asia. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 5, n. 1, p. 33-42, 2007.

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, S. 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.

MYKRÄ, H.; SUURONEN, A.; AROVIITA, J. Land use impacts on local and regional freshwater biodiversity can compromise current management goals. **Global Change Biology**, v. 31, n. 10, e70557, 2025.

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.

OKSANEN, J.; SIMPSON, G. L.; BLANCHET, F. G. *et al.***vegan: Community Ecology Package**. R package version 2.7-2, 2024. Disponível em: https://CRAN.R-project.org/package=vegan. Acesso em: 16 jun. 2026.

OLIVEIRA, A.K.D.; GARAVELLO, J.C. Fish assemblage composition in a tributary of the Mogi Guaçu river basin, southeastern Brazil. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 93, p. 127-138, 2003.

OLIVEIRA, F. B.*et al.* Monitoring deposition and resuspension of the iron ore tailings in the Doce River after the Fundão Dam rupture. **Revista Ambiente & Água**, v. 20, p. e3026, 2025.

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.

PARK, K.; KWAK, I. S. Multi-level gene expression in response to environmental stress in aquatic invertebrate chironomids: potential applications in water quality monitoring. **Reviews of Environmental Contamination and Toxicology**, v. 259, p. 77-122, 2021.

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.

DE PAULA, A. A.; RISSO, W. E.; DOS REIS MARTINEZ, C. B. What happens to Hoplias malabaricus fed on live prey (*Astyanax altiparanae*) previously exposed to copper? A multiple biomarker approach. **Aquatic Toxicology**, v. 252, p. 106315, 2022.

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.; 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. *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.; 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.

PERROTTI, P. B. *et al.* Ontogenesis and embryogenesis of *Megaleporinus elongatus* larvae (Characiformes: Anostomidae) from the Jequitinhonha River Basin. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 35, n. 2, p. 520-528, 2019.

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 Fundation for Statistical Computing,** Vienna, Austria. 2021.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2026.

RANUZI, M.; AKEMI, B.; CAETANO, W.; SCHLEMPER, A.; DAGOSTA, F.; TAGLIACOLLO, V. A. Spatiotemporal patterns of non-native fishes in the upper Paraná Basin, state of Minas Gerais, southeastern Brazil. **Aquatic Sciences**, v. 88, n. 2(36), p. 1–18, 2026.

RATTANAWILAI, K.; SANGPRADUB, N.; HANJAVANIT, C.; THANUSILP, W. Chironomid mouthpart deformity as an early signal to assess the impact of dyeing process waste in an aquatic environment. **EnvironmentAsia**, v. 15, n. 2, 2022.

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.

SALVADOR, G.N.; HUGHES, R.M.; VIEIRA, F.; LIGEIRO, R.; MONTAG, L.F. Mine tailings storage dams modify upstream headwater fish assemblages. **Water Biology and Security**, v. 2, n. 2, p. 100136, 2023.

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, 2017.

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 ofEnvironmental 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.; 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.

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

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.

SOUZA, K.L.; COELHO, P.N.; ASSIS, C.E.; PESSALI, T.C.; QUEIROZ, V.; TRAVENZOLI, N.M.; MARCON, L.; FERREIRA, W.R.; BARROS, L.C.; FREITAS, M.B.; DERGAM, J.A. Ichthyofauna of the lower course of the Doce River basin, in the states of Espírito Santo and Minas Gerais, southeastern Brazil. **Biota Neotropica**, v. 25, n. 4, p. e20251780, 2026a.

SOUZA, K. L.; ASSIS, C. E.; COELHO, P. N.; VIEIRA-GUIMARÃES, F.; QUEIROZ, V.; BARROS, L. C.; DERGAM, J. A.; HENSCHEL, E. Beyond the amazon: first scientific record of the pirarucu *Arapaima gigas* (Schinz, 1822) in the Doce river Basin, Southeastern Brazil. **Oecologia Australis.** Ahead of print (https://revistas.ufrj.br/index.php/oa/issue/view/1109/showToc), 2026b.

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.

TERESA, F.B.; CASATTI, L.; CIANCIARUSO, M.V. Functional differentiation between fish assemblages from forested and deforested streams. **Neotropical Ichthyology**, v. 13, n. 2, p. 361-370, 2015.

TERRA, B.F.; HUGHES, R.M.; ARAÚJO, F.G. Sampling sufficiency for fish assemblage surveys of tropical Atlantic forest streams, Southeastern Brazil. **Fisheries**, v. 38, n. 4, p. 150-158, 2013a.

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, 2013b.

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.

TONKIN, J.D.; ALTERMATT, F.; FINN, D.S.; HEINO, J.; OLDEN, J.D.; PAULS, S.U.; LYTLE, D.A. The role of dispersal in river network metacommunities: patterns, processes, and pathways. **Freshwater Biology**, v. 63, n. 1, p. 141-163, 2018a.

TONKIN, J. D.; MERRITT, D. M.; OLDEN, J. D.; REYNOLDS, L. V.; LYTLE, D. A. Flow regime alteration degrades ecological networks in riparian ecosystems. **Nature Ecology & Evolution**, v. 2, n. 1, p. 86-93, 2018b.

TYLER, C. R.; JOBLING, S.; SUMPTER, J. P. **Endocrine disruption in wildlife: a critical review of the evidence. Critical Reviews in Toxicology**, v. 28, n. 4, p. 319–361, 1998.

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, Departament 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.

VANNOTE, R. L.; MINSHALL, G. W.; CUMMINS, K. W.; SEDELL, J. R.; CUSHING, C. E. The river continuum concept. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 37, n. 1, p. 130-137, 1980.

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

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.

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.

VON RÜCKERT, G.; FIGUEREDO, C. C.; BARROS, J. E. D. F.; SILVA, R. R. Water quality and land use in Ipanema Stream Watershed (Doce River Basin/Brazil): effects of urbanization. **RBRH**, v. 29, e25, 2024.

WARD, J. V. The four-dimensional nature of lotic ecosystems. **Journal of the North American Benthological Society**, v. 8, n. 1, p. 2-8, 1989.

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.

WOOD, S. N.; SCHEIPL, F. **gamm4: generalized additive mixed models using mgcv and lme4**. R package version 0.2-7, 2020. Disponível em: https://CRAN.R-project.org/package=gamm4. Acesso em: 16 jun. 2026.

WOOTTON, R. J. Ecology of teleost fishes. Fish and Fisheries, Chapman and Hall, UK. pp. 404. 2 ed. 1998.

YIN, X.; ZHOU, Y.; ZHAO, X.; LIU, Y.; DENG, Z. Insect indicators of the environment: a review of progress toward environmental monitoring. **Ecological Indicators**, v. 186, p. 114871, 2026.