

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

**A7DGS1 – Material Suplementar 1**

**Anexo 7 – Dulcícola/Ictiofauna: Genética**

**RT-39 RRDM/FEV 22**

**RA2021 PMBA/Fest-RRDM**

Vitória,

Fevereiro de 2022

## Material Suplementar A7GES1

### Lista de figuras

Figura 1: Delimitação das espécies/linhagens de Euteleostei coletadas na bacia do rio Doce utilizando sequências do gene COI (DNA Barcode). Cores iguais representam a mesma espécie/linhagem. ....	36
Figura 2: Delimitação das espécies/linhagens de Elopomorpha+Otophysi coletadas na bacia do rio Doce utilizando sequências do gene COI (DNA Barcode). Cores iguais representam a mesma espécie/linhagem. ....	38
Figura 3: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Astyanax lacustris</i> destacado por ano de coleta. ....	43
Figura 4: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Deuterodon intermedius</i> destacado por ano de coleta. ....	44
Figura 5: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Geophagus brasiliensis</i> destacado por ano de coleta. ....	45
Figura 6: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Hoplias malabaricus</i> destacado por ano de coleta. ....	46
Figura 7: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Knodus moenkhausii</i> destacado por ano de coleta. ....	47
Figura 8: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Pachyurus adspersus</i> por ano de coleta. ....	48
Figura 9: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de <i>Poecilia vivipara</i> por ano de coleta. ....	49
Figura 10: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de <i>Astyanax lacustris</i> . As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. ....	50
Figura 11: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de <i>Deuterodon intermedius</i> . As cores representam os diferentes anos amostrados. ....	51
Figura 12: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de <i>Geophagus brasiliensis</i> . As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. ....	52
Figura 13: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de <i>Hoplias malabaricus</i> . As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. ....	53

Figura 14: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Knodus moenkhausii*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. .... 54

Figura 15: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Pachyurus adspersus*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. .... 55

Figura 16: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Poecilia vivipara*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas. .... 56

## Lista de tabelas

Tabela 1: Caracterização genética das espécies de Euteleostei analisadas usando o DNA barcode. Valores da distância máxima intraespecífica acima de 2% podem ser indicativos de diversidade subestimada ou a presença de complexos de espécies. .... 5

Tabela 2: Caracterização genética das espécies de Elopomorpha+Otophysi analisadas usando o DNA barcode. Valores da distância máxima intraespecífica acima de 2% podem ser indicativos de diversidade subestimada ou a presença de complexos de espécies. .... 7

Tabela 3: Índice de estrutura genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), indicando flutuação no tamanho efetivo populacional. .... 12

Tabela 4: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. .... 13

Tabela 5: Índices de diversidade genética de *Deuterodon intermedius* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. .... 14

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Geophagus brasiliensis* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. .... 15

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. .... 16

Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. .... 17

Tabela 9: Índices de diversidade genética de <i>Hoplias malabaricus</i> em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	18
Tabela 10: Índices de diversidade genética de <i>Poecilia vivipara</i> em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	19
Tabela 11: Comparação dos índices de diversidade genética de cinco espécies com amostragem no médio-alto e baixo rio Doce. Também são especificados os números de indivíduos genotipados em cada uma das macrorregiões para cada espécie.....	20
Tabela 12: Parâmetros genéticos gerais de <i>Astyanax lacustris</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	21
Tabela 13: Parâmetros genéticos gerais de <i>Deuterodon intermedius</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	23
Tabela 14: Parâmetros genéticos gerais de <i>Geophagus brasiliensis</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	25
Tabela 15: Parâmetros genéticos gerais de <i>Knodus moenkhausii</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	27
Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais de <i>Pachyurus adspersus</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	30
Tabela 17: Parâmetros genéticos gerais de <i>Hoplias malabaricus</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	32
Tabela 18: Parâmetros genéticos gerais de <i>Poecilia vivipara</i> nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados. ....	34

Tabela 1: Caracterização genética das espécies de Euteleostei analisadas usando o DNA barcode. Valores da distância máxima intraespecífica acima de 2% podem ser indicativos de diversidade subestimada ou a presença de complexos de espécies.

Espécies de Euteleostei	Indivíduos	Nº de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Aequidens sp.</i>	13	2	1	5	0,002	0,203	True	1	1	1	1
<i>Astronotus ocellatus</i>	25	10	9	11	0,028	0,149	True	1	1	1	2
<i>Australoheros facetus</i>	12	3	4	4	0,128	0,036	False	2	2	2	2
<i>Australoheros ipatinguensis</i>	4	4	2	3	0,027	0	True	1	1	1	2
<i>Awaous tajasica</i>	7	5	2	5	0,011	0,226	True	1	1	1	1
<i>Caranx latus</i>	19	9	5	12	0,011	0,227	True	1	1	1	1
<i>Centropomus parallelus</i>	31	6	8	12	0,009	0,189	True	1	1	1	1
<i>Cichla kelberi</i>	12	6	4	8	0,058	0	False	2	1	1	3
<i>Cichla monoculus</i>	14	6	3	7	0,044	0	False	1	1	1	4
<i>Coptodon rendalli</i>	45	11	16	21	0,032	0,139	True	1	1	1	3
<i>Crenicichla lacustris</i>	8	4	3	3	0,015	0,232	True	1	1	1	2
<i>Crenicichla lepidota</i>	15	2	5	12	0,002	0,232	True	1	1	1	1
<i>Eugerres brasiliensis</i>	9	7	5	5	0,009	0,252	True	1	1	1	1
<i>Geophagus brasiliensis</i>	134	33	34	43	0,087	0,195	True	2	2	2	4
<i>Microphis lineatus</i>	9	7	6	8	0,145	0,298	True	2	2	2	4

<b>Espécies de Euteleostei</b>	<b>Indivíduos</b>	<b>N° de Haplótipos</b>	<b>Drenagens</b>	<b>Localidades</b>	<b>Max. Dist. intraespecífica</b>	<b>Mín. Dist. Interespecífica</b>	<b>Monofilia</b>	<b>gmyc</b>	<b>bgmyc</b>	<b>mptp</b>	<b>locmin</b>
<i>Mugil curema</i>	92	30	37	52	0,253	0,238	True	4	4	4	7
<i>Oreochromis niloticus</i>	99	20	20	32	0,105	0,139	True	3	3	3	3
<i>Pachyurus adspersus</i>	6	2	2	6	0,053	0,226	True	2	1	1	2
<i>Phalloceros elachistos</i>	3	2	2	2	0,001	0,109	True	1	1	1	1
<i>Phalloceros sp.</i>	3	3	1	3	0,004	0,109	True	1	1	1	1
<i>Poecilia reticulata</i>	32	7	11	13	0,201	0,002	False	3	2	2	5
<i>Poecilia vivipara</i>	64	20	14	23	0,035	0,002	False	1	1	1	2
<i>Trinectes paulistanus</i>	5	1	1	1	0	0,257	True	1	1	1	1

Tabela 2: Caracterização genética das espécies de Elopomorpha+Otophysi analisadas usando o DNA barcode. Valores da distância máxima intraespecífica acima de 2% podem ser indicativos de diversidade subestimada ou a presença de complexos de espécies.

Espécies de Elopomorpha+Otophysi	Indivíduos	Nº de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Astyanax lacustris</i>	287	120	67	107	0,241	0	False	12	2	2	9
<i>Astyanax microscemos</i>	1	1	1	1	0	0,012	Singleton	1	1	1	1
<i>Astyanax scabripinnis</i>	79	48	22	39	0,302	0	False	15	2	3	9
<i>Astyanax</i> sp.	6	4	3	3	0,267	0	False	4	3	3	4
<i>Brycon amazonicus</i>	16	6	6	6	0,024	0,002	False	2	1	1	2
<i>Brycon dulcis</i>	7	1	1	2	0	0,003	True	1	1	1	1
<i>Brycon opalinus</i>	25	10	6	14	0,088	0,053	False	2	2	2	2
<i>Brycon</i> sp.	1	1	1	1	0	0,002	Singleton	1	1	1	1
<i>Brycon</i> sp. n.	4	4	2	2	0,012	0,003	False	1	1	1	1
<i>Callichthys callichthys</i>	15	8	8	11	0,113	0,244	True	5	1	2	5
<i>Characidium</i> cf. <i>timbuiense</i>	8	3	3	3	0,113	0	False	3	3	3	3
<i>Characidium cricareense</i>	5	2	1	2	0,019	0	False	2	1	1	2
<i>Characidium</i> sp.	9	7	4	7	0,116	0	False	3	3	3	3
<i>Clarias gariepinus</i>	90	22	22	31	0,038	0,197	True	4	1	1	3
<i>Corydoras aeneus</i>	13	11	4	4	0,075	0,222	True	6	1	2	6
<i>Cyphocharax gilbert</i>	21	14	6	13	0,04	0,206	True	3	1	2	3
<i>Delturus carinotus</i>	11	3	4	5	0,003	0,216	True	1	1	1	1
<i>Deuterodon</i> cf. <i>intermedius</i>	1	1	1	1	0	0,001	Singleton	1	1	1	1
<i>Deuterodon</i> cf. <i>taeniatus</i>	11	8	2	5	0,18	0	False	3	2	2	3
<i>Deuterodon giton</i>	4	2	3	4	0,071	0	True	1	1	1	1
<i>Deuterodon intermedius</i>	25	13	5	11	0,282	0	False	4	2	3	4

Espécies de Elopomorpha+Otophysi	Indivíduos	N° de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Deuterodon pedri</i>	7	3	3	5	0,145	0	False	2	2	2	2
<i>Deuterodon taeniatus</i>	5	4	2	3	0,042	0,002	False	2	1	1	2
<i>Elops saurus</i>	17	10	9	12	0,038	0,238	True	2	1	1	2
<i>Genidens genidens</i>	11	2	3	7	0,003	0,176	True	1	1	1	1
<i>Glanidium botocudo</i>	2	2	2	2	0,005	0,208	True	1	1	1	1
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	2	2	2	2	0,064	0,002	False	2	1	2	2
<i>Gymnotus sp.</i>	3	2	2	2	0,002	0,002	True	1	1	1	1
<i>Gymnotus sylvius</i>	39	20	12	20	0,01	0,002	False	1	1	1	1
<i>Harttia garavelloii</i>	8	3	4	4	0,084	0	False	2	1	1	2
<i>Harttia intermontana</i>	3	1	1	3	0	0,008	True	1	1	1	1
<i>Harttia sp.</i>	8	3	3	5	0,148	0	False	3	3	2	3
<i>Hasemania sp.</i>	6	4	2	3	0,013	0,212	True	1	1	1	1
<i>Henochilus wheatlandii</i>	4	1	2	2	0	0,043	True	1	1	1	1
<i>Hisonotus sp.</i>	3	2	3	3	0,008	0,076	True	1	1	1	1
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	17	9	5	5	0,037	0,212	True	3	1	1	3
<i>Hoplias intermedius</i>	21	11	8	12	0,222	0,024	False	3	2	2	3
<i>Hoplias malabaricus</i>	261	111	57	101	0,242	0,024	False	24	4	7	20
<i>Hoplosternum littorale</i>	28	9	14	19	0,008	0,25	True	1	1	1	1
<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	11	7	4	4	0,058	0,099	True	4	1	1	4
<i>Hyphessobrycon eques</i>	23	4	8	8	0,297	0	False	2	2	2	2
<i>Hypomasticus copelandii</i>	17	5	8	9	0,04	0	False	2	1	1	2
<i>Hypomasticus mormyrops</i>	18	5	8	9	0,079	0	False	2	1	2	2



Espécies de Elopomorpha+Otophysi	Indivíduos	Nº de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Hypomasticus steindachneri</i>	24	10	8	16	0,095	0,02	False	3	1	2	4
<i>Hypostomus affinis</i>	26	9	8	13	0,013	0,044	True	1	1	1	1
<i>Hypostomus auroguttatus</i>	23	8	3	4	0,009	0	False	1	1	1	1
<i>Hypostomus luetkeni</i>	7	3	4	4	0,009	0	False	1	1	1	1
<i>Imparfinis sp.</i>	5	4	2	3	0,008	0,209	True	1	1	1	1
<i>Knodus moenkhausii</i>	76	8	12	25	0,01	0,2	True	1	1	2	1
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	9	4	3	6	0,012	0,201	True	1	1	1	1
<i>Loricariichthys castaneus</i>	15	9	5	11	0,057	0,183	True	2	1	2	2
<i>Lycengraulis grossidens</i>	24	7	5	8	0,033	0,256	True	3	1	2	3
<i>Megaleporinus conirostris</i>	11	3	3	10	0,043	0,19	True	2	1	1	2
<i>Metynnis lippincottianus</i>	31	5	9	16	0,011	0,127	True	1	1	1	1
<i>Metynnis maculatus</i>	16	5	3	3	0,03	0,127	True	2	1	1	2
<i>Microcambeva jucuensis</i>	2	2	2	2	0,009	0,2	True	1	1	1	1
<i>Moenkhausia vittata</i>	5	1	1	5	0	0,223	True	1	1	1	1
<i>Neoplecostomus sp.</i>	5	5	2	4	0,066	0,097	True	2	1	2	2
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	12	6	4	5	0,032	0,033	True	2	1	1	2
<i>Oligosarcus argenteus</i>	14	9	3	7	0,023	0,033	True	2	1	1	1
<i>Pareiorhaphis scutula</i>	5	5	3	3	0,043	0,001	False	2	1	1	3
<i>Pareiorhaphis sp.</i>	5	3	3	4	0,047	0,001	False	2	1	1	3
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	6	5	6	6	0,202	0,076	False	3	2	3	3
<i>Pimelodella lateristriga</i>	22	11	7	9	0,019	0	False	2	1	1	1

Espécies de Elopomorpha+Otophysi	Indivíduos	N° de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Pimelodella</i> sp.	5	2	2	4	0,008	0	False	1	1	1	1
<i>Pimelodus maculatus</i>	707	45	16	30	0,044	0,16	True	3	1	1	2
<i>Pogonopoma wertheimeri</i>	9	5	3	5	0,008	0,244	True	1	1	1	1
<i>Prochilodus argenteus</i>	32	13	6	18	0,043	0	False	2	1	1	2
<i>Prochilodus costatus</i>	21	11	7	14	0,028	0	False	2	1	1	2
<i>Prochilodus vimboides</i>	12	6	4	7	0,009	0,067	True	1	1	1	1
<i>Psalidodon fasciatus</i>	16	7	5	13	0,271	0	False	4	3	3	4
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	13	8	5	10	0,01	0,188	True	1	1	1	1
<i>Pterygoplichthys etentaculatus</i>	5	1	3	3	0	0,027	True	1	1	1	1
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	25	2	7	10	0,008	0,027	True	1	1	1	1
<i>Pygocentrus nattereri</i>	101	16	17	28	0,022	0,013	True	3	1	1	1
<i>Pygocentrus piraya</i>	19	5	2	5	0,006	0,013	True	1	1	1	1
<i>Rhamdia</i> cf. <i>quelen</i>	9	5	4	5	0,041	0,002	False	2	1	1	2
<i>Rhamdia jequitinhonha</i>	1	1	1	1	0	0,031	Singleton	1	1	1	1
<i>Rhamdia quelen</i>	186	64	64	89	0,152	0	False	15	2	3	17
<i>Salminus brasiliensis</i>	106	24	29	40	0,089	0,269	True	2	1	3	2
<i>Serrapinnus heterodon</i>	21	14	3	10	0,025	0,197	True	3	1	1	3
<i>Serrasalmus brandtii</i>	41	7	11	24	0,007	0,048	True	1	1	1	1
<i>Steindachneridion doceanum</i>	2	2	2	2	0,006	0,16	True	1	1	1	1
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	26	4	6	11	0,022	0,188	True	2	1	1	2

Espécies de Elopomorpha+Otophysi	Indivíduos	N° de Haplótipos	Drenagens	Localidades	Max. Dist. intraespecífica	Mín. Dist. Interespecífica	Monofilia	gmyc	bgmyc	mptp	locmin
<i>Trichomycterus</i> aff. <i>alternatus</i>	3	2	1	2	0,003	0,002	False	1	1	1	1
<i>Trichomycterus</i> aff. <i>auroguttatus</i>	1	1	1	1	0	0	Singleton	1	1	1	1
<i>Trichomycterus</i> aff. <i>immaculatus</i>	5	4	3	3	0,062	0	False	2	1	1	2
<i>Trichomycterus</i> <i>alternatus</i>	13	7	5	9	0,093	0	False	5	2	2	5
<i>Trichomycterus</i> cf. <i>brasiliensis</i>	2	2	1	2	0,034	0,01	False	2	1	1	2
<i>Trichomycterus</i> <i>immaculatus</i>	49	10	10	19	0,109	0	False	5	2	3	5
<i>Trichomycterus</i> <i>longibarbatus</i>	2	2	2	2	0,058	0,002	False	2	1	1	2
<i>Trichomycterus</i> sp.	5	4	3	3	0,067	0	False	4	1	1	3

Tabela 3: Índice de estrutura genética (FST) por espécie, índice de endogamia (FIS) e índice de Garza-Williamson (G-W), indicando flutuação no tamanho efetivo populacional.

Espécie	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)	FST	FIS	G-W Index (S.D.)
	Ano1			Ano2			Ano3		
<i>Astyanax lacustris</i>	0,003	<b>0,699</b>	<b>0,261 (0,058)</b>	0,001	<b>0,593</b>	<b>0,172 (0,086)</b>	<b>0,056</b>	<b>0,691</b>	<b>0,238 (0,085)</b>
<i>Deuterodon intermedius</i>	0,016	<b>0,865</b>	<b>0,293 (0,107)</b>	-0,007	<b>0,818</b>	<b>0,281 (0,171)</b>	0,003	<b>0,778</b>	<b>0,363 (0,028)</b>
<i>Geophagus brasiliensis</i>	0,017	<b>0,267</b>	<b>0,342 (0,058)</b>	0,027	<b>0,666</b>	<b>0,340 (0,140)</b>	0,045	<b>0,659</b>	<b>0,347 (0,077)</b>
<i>Hoplias malabaricus</i>	<b>0,172</b>	<b>0,627</b>	<b>0,385 (0,073)</b>	-0,063	<b>0,804</b>	<b>0,265 (0,120)</b>	0,301	<b>0,392</b>	<b>0,229 (0,100)</b>
<i>Knodus moenkhausii</i>	0,017	<b>0,739</b>	<b>0,533 (0,132)</b>	0,005	<b>0,763</b>	<b>0,628 (0,086)</b>	-0,004	<b>0,739</b>	<b>0,628 (0,047)</b>
<i>Pachyurus adspersus</i>	0,010	<b>0,736</b>	<b>0,701 (0,058)</b>	-0,058	<b>0,908</b>	<b>0,580 (0,167)</b>	-0,003	<b>0,850</b>	<b>0,596 (0,138)</b>
<i>Poecilia vivipara</i>	<b>0,158</b>	<b>0,419</b>	<b>0,498 (0,122)</b>	<b>0,120</b>	<b>0,205</b>	<b>0,621 (0,235)</b>	<b>0,158</b>	<b>0,465</b>	<b>0,483 (0,131)</b>

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

Tabela 4: Índices de diversidade genética de *Astyanax lacustris* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Astyanax lacustris</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
1	P1	13	4,83 (1,94)	14,83 (6,94)	0,536 (0,407)
1	P2	25	5,83 (1,94)	16,83 (7,75)	0,473 (0,326)
1	P3	29	6,50 (2,66)	21,16 (9,74)	0,531 (0,319)
1	P4	8	3,00 (1,09)	11,50 (6,95)	0,364 (0,261)
1	P5	29	5,66 (3,20)	18,16 (5,41)	0,289 (0,229)
1	P6	29	6,66 (2,33)	19,50 (6,97)	0,422 (0,299)
1	P7	28	7,33 (2,33)	19,66 (5,03)	0,245 (0,237)
1	P8	27	6,00 (2,00)	15,66 (5,16)	0,255 (0,243)
2	P1	2	2,50 (1,00)	8,25 (6,89)	0,722 (0,596)
2	P2	0	NA	NA	NA
2	P3	12	5,00 (2,55)	15,60 (8,47)	0,381 (0,285)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	1	NA	NA	NA
2	P6	19	5,50 (2,07)	16,16 (6,55)	0,481 (0,333)
2	P7	5	2,33 (0,516)	11,00 (13,66)	0,533 (0,433)
2	P8	21	5,50 (2,07)	17,33 (11,84)	0,485 (0,334)
3	P1	5	3,66 (1,03)	14,33 (8,50)	0,703 (0,483)
3	P2	17	4,83 (2,56)	14,17 (8,06)	0,114 (0,208)
3	P3	5	3,20 (1,30)	13,80 (9,09)	0,422 (0,304)
3	P4	10	4,20 (1,30)	15,00 (8,00)	0,294 (0,240)
3	P5	15	5,00 (1,87)	15,00 (6,28)	0,429 (0,307)
3	P6	30	6,20 (4,32)	17,40 (9,61)	0,187 (0,200)
3	P7	28	7,16 (3,86)	17,66 (12,42)	0,487 (0,311)
3	P8	2	NA	NA	NA

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

Tabela 5: Índices de diversidade genética de *Deuterodon intermedius* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Deuterodon intermedius</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos (±SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica (±SD)*
1	P1	4	3,28 (0,951)	16,57 (17,75)	0,702 (0,443)
1	P2	12	6,25 (2,71)	23,87 (18,88)	0,778 (0,451)
1	P3	30	9,37 (2,97)	26,75 (18,45)	0,676 (0,404)
1	P4	30	11,25 (3,80)	27,75 (16,64)	0,642 (0,410)
1	P5	0	NA	NA	NA
1	P6	0	NA	NA	NA
1	P7	26	10,0 (4,50)	26,87 (18,16)	0,662 (0,422)
1	P8	18	7,87 (2,64)	25,12 (18,68)	0,719 (0,454)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	1	NA	NA	NA
2	P3	25	9,87 (3,35)	23,50 (13,51)	0,716 (0,410)
2	P4	27	10,50 (4,59)	24,62 (16,91)	0,782 (0,481)
2	P5	0	NA	NA	NA
2	P6	0	NA	NA	NA
2	P7	5	3,75 (1,03)	17,00 (14,89)	0,680 (0,429)
2	P8	17	6,50 (3,81)	24,62 (16,37)	0,777 (0,484)
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	29	8,87 (4,70)	23,00 (18,33)	0,671 (0,401)
3	P3	30	9,75 (4,92)	24,12 (16,01)	0,697 (0,399)
3	P4	34	9,75 (5,44)	23,37 (17,64)	0,690 (0,433)
3	P5	0	NA	NA	NA
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	29	10,62 (4,06)	26,50 (15,65)	0,704 (0,442)
3	P8	0	NA	NA	NA

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

Tabela 6: Índices de diversidade genética de *Geophagus brasiliensis* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

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

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

Tabela 7: Índices de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Knodus moenkhausii</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
1	P1	29	5,00 (1,85)	5,50 (2,39)	0,495 (0,315)
1	P2	27	4,11 (1,83)	4,33 (2,17)	0,528 (0,308)
1	P3	28	5,12 (2,16)	5,37 (2,87)	0,535 (0,335)
1	P4	29	4,33 (1,93)	5,11 (1,45)	0,465 (0,300)
1	P5	0	NA	NA	NA
1	P6	4	2,14 (0,38)	2,71 (1,38)	0,327 (0,235)
1	P7	25	4,12 (1,46)	4,75 (1,98)	0,531 (0,319)
1	P8	30	5,00 (2,00)	5,44 (2,55)	0,527 (0,316)
2	P1	14	3,66 (1,87)	4,22 (2,38)	0,742 (0,447)
2	P2	22	5,00 (2,06)	6,00 (2,64)	0,658 (0,383)
2	P3	30	5,44 (1,13)	5,44 (1,33)	0,612 (0,358)
2	P4	29	5,22 (0,97)	5,44 (1,33)	0,649 (0,376)
2	P5	28	4,89 (1,17)	5,33 (2,00)	0,618 (0,361)
2	P6	0	NA	NA	NA
2	P7	18	4,44 (1,59)	5,88 (2,97)	0,621 (0,356)
2	P8	20	4,55 (1,50)	5,11 (3,37)	0,631 (0,385)
3	P1	27	4,88 (1,96)	5,44 (2,74)	0,611 (0,395)
3	P2	30	5,44 (1,13)	5,89 (2,08)	0,694 (0,480)
3	P3	28	5,00 (1,65)	5,44 (1,94)	0,677 (0,471)
3	P4	25	4,44 (1,13)	5,44 (1,81)	0,584 (0,345)
3	P5	0	NA	NA	NA
3	P6	0	NA	NA	NA
3	P7	29	4,55 (1,59)	5,22 (1,98)	0,653 (0,378)
3	P8	30	4,44 (1,42)	5,55 (2,40)	0,605 (0,354)

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



Tabela 8: Índices de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

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

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

Tabela 9: Índices de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Hoplias malabaricus</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	3	2,33 (0,81)	2,00 (1,55)	0,373 (0,285)
1	P3	7	2,85 (1,07)	3,28 (2,06)	0,523 (0,372)
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	16	3,57 (1,27)	4,71 (3,68)	0,419 (0,302)
1	P6	29	3,57 (1,27)	3,57 (2,44)	0,253 (0,209)
1	P7	6	3,00 (0,71)	4,00 (2,12)	0,606 (0,421)
1	P8	8	3,71 (1,49)	6,28 (1,89)	0,672 (0,422)
2	P1	1	NA	NA	NA
2	P2	0	NA	NA	NA
2	P3	4	2,66 (0,816)	4,16 (2,78)	0,690 (0,490)
2	P4	0	NA	NA	NA
2	P5	6	3,20 (1,30)	3,40 (2,60)	0,641 (0,440)
2	P6	6	2,75 (0,50)	3,25 (1,70)	0,646 (0,443)
2	P7	3	2,66 (0,58)	3,33 (0,58)	0,622 (0,475)
2	P8	0	NA	NA	NA
3	P1	0	NA	NA	NA
3	P2	1	NA	NA	NA
3	P3	1	NA	NA	NA
3	P4	1	NA	NA	NA
3	P5	3	2,20 (0,45)	1,80 (0,84)	0,466 (0,381)
3	P6	11	2,80 (1,09)	3,00 (1,87)	0,313 (0,285)
3	P7	0	NA	NA	NA
3	P8	1	NA	NA	NA

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

Tabela 10: Índices de diversidade genética de *Poecilia vivipara* em cada ponto de coleta para o Ano 1, Ano 2 e Ano 3. O número de indivíduos genotipados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Poecilia vivipara</i>					
Ano	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
1	P1	0	NA	NA	NA
1	P2	0	NA	NA	NA
1	P3	0	NA	NA	NA
1	P4	0	NA	NA	NA
1	P5	10	2,25 (0,50)	1,75 (0,96)	0,314 (0,231)
1	P6	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,499 (0,317)
1	P7	27	2,80 (0,84)	4,40 (3,43)	0,443 (0,310)
1	P8	26	3,60 (1,52)	5,80 (4,20)	0,428 (0,282)
2	P1	0	NA	NA	NA
2	P2	29	3,60 (1,52)	4,60 (3,20)	0,479 (0,307)
2	P3	29	3,20 (1,64)	5,00 (3,80)	0,540 (0,359)
2	P4	29	5,00 (3,24)	5,60 (4,16)	0,505 (0,320)
2	P5	30	3,00 (1,41)	2,25 (1,25)	0,223 (0,192)
2	P6	16	3,00 (1,22)	4,00 (3,39)	0,513 (0,314)
2	P7	31	3,80 (2,38)	5,20 (3,56)	0,403 (0,289)
2	P8	1	NA	NA	NA
3	P1	3	2,00 (0,00)	2,33 (2,31)	0,240 (0,203)
3	P2	5	2,20 (0,44)	4,60 (2,70)	0,466 (0,329)
3	P3	24	3,40 (1,14)	5,20 (3,19)	0,461 (0,320)
3	P4	30	5,00 (3,31)	6,00 (5,05)	0,594 (0,364)
3	P5	28	3,40 (2,07)	3,40 (2,51)	0,254 (0,210)
3	P6	2	2,00 (0,00)	3,75 (3,77)	0,433 (0,357)
3	P7	30	3,60 (1,51)	5,20 (3,27)	0,492 (0,299)
3	P8	0	NA	NA	NA

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

Tabela 11: Comparação dos índices de diversidade genética de cinco espécies com amostragem no médio-alto e baixo rio Doce. Também são especificados os números de indivíduos genotipados em cada uma das macrorregiões para cada espécie.

Espécie	Estações de coleta	N	No médio de alelos ( $\pm$ SD)	Amplitude tamanho dos alelos	Diversidade gênica ( $\pm$ SD)*
<i>Astyanax lacustris</i>	Alto rio Doce	112	14,33 (8,57)	20,16 (12,75)	0,543 (0,498)
	Baixo rio Doce	401	19,00 (8,71)	25,16 (12,54)	0,470 (0,319)
<i>Geophagus brasiliensis</i>	Alto rio Doce	77	8,60 (1,94)	12,40 (3,78)	0,533 (0,352)
	Baixo rio Doce	489	13,00 (6,04)	14,40 (6,02)	0,368 (0,391)
<i>Hoplias malabaricus</i>	Alto rio Doce	32	3,57 (1,39)	4,43 (2,22)	0,345 (0,294)
	Baixo rio Doce	113	7,00 (2,64)	7,29 (2,50)	0,732 (0,605)
<i>Knodus moenkhausii</i>	Alto rio Doce	29	4,67 (1,94)	6,00 (2,96)	0,650 (0,414)
	Baixo rio Doce	510	8,66 (2,74)	8,22 (2,64)	0,633 (0,399)
<i>Pachyurus adspersus</i>	Alto rio Doce	66	7,00 (2,50)	7,25 (3,09)	0,743 (0,500)
	Baixo rio Doce	462	8,67 (4,50)	8,67 (5,50)	0,392 (0,406)

Tabela 12: Parâmetros genéticos gerais de *Astyanax lacustris* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Astyanax lacustris</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	14	4	2	0,3956 (0,1588)	0,000577 (0,000633)	-0,95919 (0,2077)	-0,85452 (0,075)
COI	1	P2	27	6	21	0,5014 (0,1119)	0,002926 (0,001883)	<b>-2,22153 (0,002)</b>	0,32452 (0,600)
COI	1	P3	30	5	21	0,5563 (0,0863)	0,002811 (0,001818)	<b>-2,19280 (0,002)</b>	1,29512 (0,774)
COI	1	P4	8	3	2	0,4643 (0,2000)	0,000709 (0,000762)	-1,31009 (0,106)	-0,99899 (0,06)
COI	1	P5	30	6	7	0,4552 (0,1062)	0,001083 (0,000909)	<b>-1,67839 (0,02)</b>	<b>-2,48943 (0,02)</b>
COI	1	P6	30	8	29	0,5908 (0,0998)	0,004686 (0,002757)	<b>-1,97758 (0,008)</b>	0,40435 (0,700)
COI	1	P7	28	4	21	0,3730 (0,1065)	0,002552 (0,001690)	<b>-2,36603 (0,001)</b>	1,97621 (0,856)
COI	1	P8	28	5	5	0,3280 (0,1122)	0,000600 (0,000626)	<b>-1,86266 (0,008)</b>	<b>-3,06013 (0,004)</b>
COI	2	P1	4	3	5	0,8333 (0,2224)	0,004019 (0,003170)	0,37186 (0,731)	0,64603 (0,562)
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	16	2	1	0,4000 (0,1135)	0,000567 (0,000621)	0,64998 (0,830)	0,87172 (0,518)
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	5	3	2	0,8000 (0,1640)	0,001418 (0,001320)	0,24314 (0,717)	-0,47542 (0,194)
COI	2	P6	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000605 (0,000634)	<b>-1,67904 (0,025)</b>	-1,79546 (0,038)
COI	2	P7	9	3	21	0,5556 (0,1653)	0,007092 (0,004316)	<b>-1,74022 (0,021)</b>	4,46838 (0,975)
COI	2	P8	26	12	35	0,7538 (0,0900)	0,009082 (0,004952)	-1,13201 (0,124)	-0,52037 (0,433)
CYTB	1	P1	13	6	26	0,7179 (0,1279)	0,006996 (0,004050)	-1,52839 (0,055)	1,52552 (0,774)
CYTB	1	P2	27	9	14	0,6895 (0,0961)	0,002678 (0,001778)	<b>-1,73148 (0,027)</b>	-2,88999 (0,043)
CYTB	1	P3	29	10	44	0,5320 (0,1133)	0,004563 (0,002661)	<b>-2,55074 (0,0001)</b>	-0,93325 (0,355)
CYTB	1	P4	8	2	1	0,2500 (0,1802)	0,000323 (0,000458)	-1,05482 (0,215)	-0,18197 (0,204)
CYTB	1	P5	30	21	6	0,9609 (0,0218)	0,001246 (0,001007)	-1,23366 (0,101)	-2,11162 (0,068)
CYTB	1	P6	30	24	14	0,9770 (0,0172)	0,001900 (0,001318)	<b>-1,94995 (0,010)</b>	<b>-3,47533 (0,017)</b>

*Astyanax lacustris*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P7	28	23	12	0,9788 (0,0183)	0,001858 (0,001299)	<b>-1,76920 (0,019)</b>	<b>-6,48408 (0,0002)</b>
CYTB	1	P8	29	27	28	0,9951 (0,0106)	0,004830 (0,002897)	<b>-2,11727 (0,004)</b>	-0,81302 (0,372)
CYTB	2	P1	2	2	1	1,0000 (0,5000)	0,000880 (0,001244)	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	16	11	15	0,9083 (0,0633)	0,001841 (0,001215)	<b>-2,10476 (0,004)</b>	<b>-7,29465 (0,0001)</b>
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	4	2	1	0,5000 (0,2652)	0,000440 (0,000546)	-0,61237 (0,380)	0,17185 (0,337)
CYTB	2	P6	22	11	15	0,7143 (0,1080)	0,001273 (0,000898)	<b>-2,33864 (0,0005)</b>	<b>-7,59503 (&lt;0,0001)</b>
CYTB	2	P7	5	4	33	0,9000 (0,1610)	0,011961 (0,007597)	-1,05954 (0,121)	2,11274 (0,780)
CYTB	2	P8	26	15	46	0,8800 (0,0577)	0,004894 (0,002706)	<b>-2,05116 (0,007)</b>	-3,63070 (0,068)

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

Tabela 13: Parâmetros genéticos gerais de *Deuterodon intermedius* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Deuterodon intermedius</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	12	7	23	0,8333 (0,1002)	0,007988 (0,004718)	<b>-1,61101 (0,044)</b>	-0,09796 (0,465)
COI	1	P3	30	13	22	0,8184 (0,0614)	0,006075 (0,003516)	-1,18209 (0,116)	-3,11667 (0,085)
COI	1	P4	29	10	24	0,7438 (0,0759)	0,006841 (0,003900)	-1,14406 (0,127)	-0,34352 (0,466)
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	27	10	24	0,8291 (0,0562)	0,009462 (0,005207)	-0,28077 (0,437)	0,62689 (0,642)
COI	1	P8	18	9	23	0,8693 (0,0610)	0,009368 (0,005267)	-0,59020 (0,304)	-0,01279 (0,518)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	30	14	32	0,8759 (0,0495)	0,012843 (0,006844)	-0,12676 (0,500)	-0,53345 (0,437)
COI	2	P4	28	14	28	0,8439 (0,0650)	0,012107 (0,006501)	0,07789 (0,598)	-1,07718 (0,350)
COI	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	5	4	18	0,9000 (0,1610)	0,013839 (0,009034)	-0,20459 (0,485)	1,31990 (0,673)
COI	2	P8	19	11	28	0,9006 (0,0489)	0,012293 (0,006716)	-0,27067 (0,433)	-0,55726 (0,412)
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	11	6	35	0,7273 (0,1444)	0,012496 (0,007122)	<b>-1,66973 (0,033)</b>	1,86358 (0,812)
CYTB	1	P3	29	10	29	0,6552 (0,0982)	0,006003 (0,003438)	<b>-1,65721 (0,030)</b>	-0,47027 (0,445)
CYTB	1	P4	27	10	39	0,6496 (0,1029)	0,009034 (0,004858)	-1,02730 (0,152)	1,59030 (0,773)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA

*Deuterodon intermedius*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P7	26	8	43	0,8092 (0,0571)	0,014312 (0,007507)	-0,24269 (0,454)	5,40379 (0,968)
CYTB	1	P8	18	8	55	0,7516 (0,1031)	0,012975 (0,006878)	-0,97397 (0,168)	3,79307 (0,935)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	29	18	77	0,9532 (0,0211)	0,015298 (0,007792)	-0,43037 (0,373)	-0,06583 (0,514)
CYTB	2	P4	28	27	98	0,9974 (0,0104)	0,017430 (0,008847)	-0,80236 (0,220)	<b>-10,67660 (0,001)</b>
CYTB	2	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	5	5	29	1,0000 (0,1265)	0,010378 (0,006637)	-1,13302 (0,080)	-0,12265 (0,290)
CYTB	2	P8	18	17	77	0,9935 (0,0210)	0,016728 (0,008694)	-0,62798 (0,288)	-4,10053 (0,040)

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



Tabela 14: Parâmetros genéticos gerais de *Geophagus brasiliensis* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Geophagus brasiliensis</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	28	2	1	0,0714 (0,0652)	0,000101 (0,000231)	-1,15142 (0,135)	-1,15451 (0,060)
COI	1	P3	26	6	40	0,5969 (0,0975)	0,009383 (0,005098)	-1,38424 (0,064)	5,17504 (0,965)
COI	1	P4	29	7	42	0,7808 (0,0582)	0,005441 (0,003133)	<b>-2,37727 (0,0004)</b>	1,70498 (0,803)
COI	1	P5	28	3	5	0,2619 (0,1022)	0,001043 (0,000887)	-1,18206 (0,120)	0,82655 (0,661)
COI	1	P6	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,133)	-1,21145 (0,054)
COI	1	P7	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,137)	-1,21145 (0,052)
COI	1	P8	21	3	37	0,4000 (0,1144)	0,019855 (0,010357)	1,44050 (0,950)	17,16043 (1,000)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	6	41	0,4138 (0,1109)	0,007758 (0,004272)	<b>-1,73372 (0,020)</b>	4,61381 (0,952)
COI	2	P3	29	4	40	0,6675 (0,0673)	0,011866 (0,006295)	-0,65347 (0,280)	11,53169 (0,999)
COI	2	P4	29	5	39	0,6527 (0,0783)	0,010723 (0,005735)	-0,87535 (0,197)	8,41194 (0,991)
COI	2	P5	28	4	4	0,3730 (0,1065)	0,001250 (0,001004)	-0,36729 (0,396)	0,03899 (0,482)
COI	2	P6	29	2	36	0,0690 (0,0632)	0,003512 (0,002173)	<b>-2,68454 (&lt;0,00001)</b>	7,23953 (0,992)
COI	2	P7	21	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	29	4	15	0,2586 (0,1042)	0,001072 (0,000781)	<b>-2,30691 (0,0005)</b>	0,88475 (0,713)
CYTB	1	P3	27	9	96	0,6866 (0,0952)	0,014432 (0,007389)	-1,31801 (0,076)	7,65095 (0,990)
CYTB	1	P4	30	9	85	0,6713 (0,0916)	0,007276 (0,003882)	<b>-2,43763 (0,0002)</b>	4,19334 (0,938)
CYTB	1	P5	28	6	18	0,4365 (0,1129)	0,003052 (0,001799)	-0,98554 (0,170)	4,49413 (0,957)
CYTB	1	P6	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000464 (0,000509)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,562)

*Geophagus 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	1	P7	30	4	3	0,3034 (0,1041)	0,000280 (0,000326)	-1,36029 (0,064)	-2,24295 (0,021)
CYTB	1	P8	20	4	74	0,4895 (0,1167)	0,028654 (0,014612)	1,60830 (0,967)	21,65217 (1,000)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	10	95	0,6414 (0,0995)	0,012797 (0,006559)	<b>-1,49432 (0,044)</b>	6,20024 (0,972)
CYTB	2	P3	29	9	96	0,7857 (0,0602)	0,019421 (0,009808)	-0,36180 (0,410)	11,38231 (0,998)
CYTB	2	P4	29	8	90	0,7537 (0,0648)	0,015755 (0,008015)	-0,82857 (0,213)	11,01082 (0,997)
CYTB	2	P5	28	9	19	0,6296 (0,1022)	0,003365 (0,001941)	-0,75294 (0,251)	0,01062 (0,540)
CYTB	2	P6	29	3	84	0,3054 (0,1006)	0,005479 (0,002981)	<b>-2,70687 (&lt;0,00001)</b>	11,27912 (0,998)
CYTB	2	P7	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	4	1	0	NA	NA	NA	NA

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

Tabela 15: Parâmetros genéticos gerais de *Knodus moenkhausii* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Knodus moenkhausii</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplotípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	25	3	5	0,1567 (0,0957)	0,000658 (0,000663)	<b>-1,85514 (0,010)</b>	-0,19003 (0,343)
COI	1	P2	18	4	7	0,3137 (0,1376)	0,001911 (0,001632)	<b>-2,09654 (0,004)</b>	0,57109 (0,596)
COI	1	P3	20	3	2	0,1947 (0,1145)	0,000671 (0,000970)	<b>-1,51284 (0,041)</b>	-0,02545 (0,226)
COI	1	P4	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	4	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P7	30	3	4	0,1310 (0,0821)	0,000425 (0,000537)	<b>-1,90117 (0,004)</b>	-1,14218 (0,153)
COI	1	P8	26	6	8	0,3538 (0,1194)	0,001451 (0,001164)	<b>-1,80126 (0,019)</b>	-1,07915 (0,220)
COI	2	P1	7	2	2	0,2857 (0,1964)	0,000808 (0,000844)	-1,23716 (0,122)	0,85642 (0,600)
COI	2	P2	23	4	4	0,3202 (0,1211)	0,000704 (0,000695)	-1,49719 (0,057)	-1,44517 (0,053)
COI	2	P3	32	5	11	0,3831 (0,1027)	0,001566 (0,001169)	<b>-1,80933 (0,017)</b>	-0,29113 (0,430)
COI	2	P4	30	7	8	0,6897 (0,0806)	0,001850 (0,001322)	-1,07006 (0,152)	-1,80888 (0,126)
COI	2	P5	28	2	2	0,3889 (0,0841)	0,001100 (0,000920)	1,07399 (0,864)	2,59380 (0,876)

*Knodus moenkhausii*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	18	2	2	0,4248 (0,0993)	0,001202 (0,000998)	1,12564 (0,863)	2,42347 (0,860)
COI	2	P8	22	7	8	0,5411 (0,1253)	0,001586 (0,001198)	-1,48310 (0,060)	<b>-2,91502 (0,013)</b>
CYTB	1	P1	20	2	3	0,1000 (0,0880)	0,000367 (0,000445)	<b>-1,72331 (0,020)</b>	0,54390 (0,395)
CYTB	1	P2	8	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	12	3	6	0,3182 (0,1637)	0,3182 (0,1637)	-1,37073 (0,097)	1,19717 (0,766)
CYTB	1	P4	20	2	1	0,1000 (0,0880)	0,000178 (0,000353)	-1,16439 (0,137)	-0,87930 (0,080)
CYTB	1	P5	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P7	9	2	4	0,2222 (0,1662)	0,001120 (0,000973)	<b>-1,60974 (0,035)</b>	1,84369 (0,779)
CYTB	1	P8	5	2	2	0,4000 (0,2373)	0,001695 (0,001688)	-0,97256 (0,103)	1,04042 (0,626)
CYTB	2	P1	5	3	10	0,7000 (0,2184)	0,003439 (0,002412)	<b>-1,19267 (0,045)</b>	1,87180 (0,817)
CYTB	2	P2	23	13	36	0,8498 (0,0713)	0,005115 (0,002824)	-1,46677 (0,054)	-2,12929 (0,186)
CYTB	2	P3	32	17	56	0,8669 (0,0467)	0,004563 (0,002516)	<b>-2,29262 (0,001)</b>	-4,56451 (0,046)

*Knodus moenkhausii*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	2	P4	28	17	50	0,8889 (0,0508)	0,005100 (0,002793)	<b>-2,01469 (0,007)</b>	-4,84698 (0,032)
CYTB	2	P5	27	15	30	0,8547 (0,0612)	0,003655 (0,002083)	<b>-1,67225 (0,027)</b>	<b>-4,98515 (0,019)</b>
CYTB	2	P6	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	18	6	7	0,6667 (0,1055)	0,002136 (0,001352)	0,74785 (0,793)	0,13638 (0,560)
CYTB	2	P8	17	9	29	0,8456 (0,0699)	0,003566 (0,002088)	<b>-2,09976 (0,005)</b>	-1,20485 (0,265)

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

Tabela 16: Parâmetros genéticos gerais de *Pachyurus adspersus* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Pachyurus adspersus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	29	2	2	0,0690 (0,0632)	0,000195 (0,000328)	<b>-1,50906 (0,040)</b>	-0,36471 (0,161)
COI	1	P2	28	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P3	30	2	3	0,0667 (0,0613)	0,000282 (0,000401)	<b>-1,73178 (0,015)</b>	0,13503 (0,265)
COI	1	P4	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P6	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000188 (0,000321)	<b>-1,50738 (0,040)</b>	-0,39563 (0,146)
COI	1	P7	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	1	P8	30	2	1	0,0667 (0,0613)	0,000094 (0,000222)	-1,14700 (0,135)	-1,21145 (0,054)
COI	2	P1	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	32	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	13	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P8	18	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,328)	-0,34603 (0,311)
CYTB	1	P2	28	3	2	0,5000 (0,0699)	0,000545 (0,000524)	0,04015 (0,638)	0,10934 (0,443)
CYTB	1	P3	30	2	1	0,3701 (0,0841)	0,000385 (0,000422)	0,72675 (0,844)	1,07985 (0,564)
CYTB	1	P4	29	3	2	0,3941 (0,0937)	0,000425 (0,000449)	-0,40803 (0,336)	-0,34603 (0,304)
CYTB	1	P5	28	4	3	0,3730 (0,1065)	0,000479 (0,000483)	-0,96715 (0,120)	-0,14255 (0,348)
CYTB	1	P6	29	2	1	0,0690 (0,0632)	0,000072 (0,000167)	-1,14923 (0,130)	-1,18346 (0,057)

*Pachyurus adspersus*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P7	30	6	6	0,5586 (0,0877)	0,000727 (0,000629)	<b>-1,53686 (0,044)</b>	<b>-2,77674 (0,012)</b>
CYTB	1	P8	29	5	3	0,5542 (0,0805)	0,000672 (0,000598)	-0,36888 (0,385)	-0,65854 (0,274)
CYTB	2	P1	21	2	1	0,3810 (0,1005)	0,000424 (0,000466)	0,65593 (0,841)	0,94374 (0,541)
CYTB	2	P2	30	3	2	0,4805 (0,0726)	0,000586 (0,000560)	0,08763 (0,627)	0,16514 (0,454)
CYTB	2	P3	33	5	5	0,4811 (0,0891)	0,000653 (0,000599)	-1,39415 (0,065)	-1,95001 (0,053)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	13	5	4	0,5385 (0,1611)	0,000827 (0,000734)	-1,43714 (0,090)	<b>-2,53494 (0,004)</b>
CYTB	2	P6	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P7	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P8	18	2	1	0,1111 (0,0964)	0,000124 (0,000235)	-1,16467 (0,149)	-0,79427 (0,091)

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

Tabela 17: Parâmetros genéticos gerais de *Hoplias malabaricus* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Hoplias malabaricus</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótipica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	3	2	3	0,6667 (0,3143)	0,002825 (0,002663)	NA	NA
COI	1	P3	10	3	5	0,3778 (0,1813)	0,001412 (0,001170)	<b>-1,74110 (0,015)</b>	0,47727 (0,568)
COI	1	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P5	17	3	2	0,2279 (0,1295)	0,000332 (0,000452)	-1,50358 (0,055)	<b>-1,68032 (0,013)</b>
COI	1	P6	30	5	7	0,5655 (0,0736)	0,002425 (0,001626)	-0,13692 (0,490)	0,79829 (0,690)
COI	1	P7	11	5	6	0,6182 (0,1643)	0,001541 (0,001232)	<b>-1,85059 (0,012)</b>	-1,84413 (0,034)
COI	1	P8	8	5	14	0,7857 (0,1508)	0,006434 (0,004170)	-1,79124 (0,008)	1,34381 (0,760)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P3	5	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P5	8	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P6	11	2	3	0,3273 (0,1533)	0,001389 (0,001145)	-0,14180 (0,413)	2,26201 (0,840)
COI	2	P7	8	3	4	0,6786 (0,1220)	0,001819 (0,001445)	-0,72673 (0,290)	0,67071 (0,601)
COI	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA



*Hoplias malabaricus*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P8	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P3	5	4	5	0,9000 (0,1610)	0,001753 (0,001376)	-1,12397 (0,066)	-1,01160 (0,115)
CYTB	2	P4	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P5	8	5	7	0,8571 (0,1083)	0,002285 (0,001553)	-0,16319 (0,461)	-0,58060 (0,284)
CYTB	2	P6	11	5	11	0,7091 (0,1366)	0,002263 (0,001480)	-1,34484 (0,094)	0,20081 (0,530)
CYTB	2	P7	8	4	9	0,6429 (0,1841)	0,001972 (0,001378)	<b>-1,72322 (0,015)</b>	0,39513 (0,574)
CYTB	2	P8	2	1	0	NA	NA	NA	NA

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

Tabela 18: Parâmetros genéticos gerais de *Poecilia vivipara* nos pontos de coleta amostrados, baseados nos genes COI e Cytb em cada ponto de coleta para o Ano 1 e para o Ano 2. O número de indivíduos sequenciados em cada um dos pontos de coleta, em cada ano, também são especificados.

<i>Poecilia vivipara</i>									
Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
COI	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	1	P2	30	4	7	0,6552 (0,0531)	0,004413 (0,002619)	2,26946 (0,990)	4,36278 (0,956)
COI	1	P3	30	5	8	0,6713 (0,0616)	0,003935 (0,002381)	1,15361 (0,880)	2,50915 (0,876)
COI	1	P4	30	7	10	0,5816 (0,0962)	0,003202 (0,002013)	-0,32312 (0,420)	-0,05431 (0,524)
COI	1	P5	30	3	4	0,2460 (0,0978)	0,000864 (0,000783)	-1,01258 (0,177)	0,47172 (0,552)
COI	1	P6	30	3	6	0,2966 (0,0989)	0,001120 (0,000929)	-1,35927 (0,074)	1,04537 (0,702)
COI	1	P7	30	4	4	0,3563 (0,1062)	0,001088 (0,000911)	-0,60921 (0,308)	-0,22225 (0,420)
COI	1	P8	12	5	3	0,5758 (0,1634)	0,001049 (0,000937)	-0,82879 (0,245)	0,10495 (0,420)
COI	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
COI	2	P2	30	4	8	0,4437 (0,0999)	0,002839 (0,001831)	-0,01875 (0,537)	2,45799 (0,884)
COI	2	P3	30	4	7	0,6598 (0,0502)	0,004429 (0,002628)	2,28099 (0,990)	4,37402 (0,960)
COI	2	P4	30	5	8	0,5356 (0,0970)	0,002754 (0,001788)	-0,10866 (0,501)	1,23932 (0,757)
COI	2	P5	30	2	2	0,0667 (0,0613)	0,000189 (0,000322)	<b>-1,50738 (0,036)</b>	-0,39563 (0,156)
COI	2	P6	16	1	0	NA	NA	NA	NA
COI	2	P7	32	4	6	0,5343 (0,0870)	0,002564 (0,001687)	0,60833 (0,760)	2,19696 (0,872)
COI	2	P8	1	1	0	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	1	P2	30	6	22	0,7333 (0,0527)	0,006892 (0,003687)	1,20202 (0,916)	6,69785 (0,980)
CYTB	1	P3	30	7	28	0,7195 (0,0648)	0,007571 (0,004019)	0,56758 (0,757)	5,88264 (0,967)
CYTB	1	P4	30	12	32	0,7356 (0,0804)	0,005938 (0,003219)	-0,75084 (0,245)	0,00825 (0,540)
CYTB	1	P5	30	4	19	0,2506 (0,1017)	0,002703 (0,001622)	-1,35411 (0,069)	4,03062 (0,952)

*Poecilia vivipara*

Gene	Ano	Estações de Coleta	No Indivíduos	No Haplótipos	Sítios Polimórficos	Diversidade Haplótípica (S.D.)	Diversidade Nucleotídica (S.D.)	D de Tajima (p)	Fs de Fu (p)
CYTB	1	P6	30	5	18	0,3586 (0,1078)	0,002884 (0,001712)	-1,08124 (0,139)	2,97845 (0,905)
CYTB	1	P7	30	7	17	0,6276 (0,0942)	0,003682 (0,002109)	-0,25046 (0,455)	1,91654 (0,812)
CYTB	1	P8	12	2	5	0,1667 (0,1343)	0,000771 (0,000663)	<b>-1,83094 (0,017)</b>	1,99917 (0,801)
CYTB	2	P1	0	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CYTB	2	P2	30	13	33	0,8253 (0,0621)	0,006138 (0,003301)	-0,58187 (0,314)	-0,30802 (0,477)
CYTB	2	P3	30	15	34	0,9034 (0,0333)	0,008377 (0,004398)	0,41086 (0,719)	-0,36076 (0,479)
CYTB	2	P4	30	11	34	0,7678 (0,0740)	0,005707 (0,003090)	-0,88213 (0,201)	0,74459 (0,660)
CYTB	2	P5	30	7	20	0,3655 (0,1124)	0,001383 (0,000943)	-2,39591 (0,0006)	-1,19886 (0,257)
CYTB	2	P6	16	5	8	0,4500 (0,1507)	0,000972 (0,000750)	-1,94783 (0,011)	-1,16591 (0,140)
CYTB	2	P7	32	12	22	0,7419 (0,0793)	0,005191 (0,002830)	0,28923 (0,664)	-0,08077 (0,523)
CYTB	2	P8	1	1	0	NA	NA	NA	NA

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

Figura 1: Delimitação das espécies/linhagens de Euteleostei coletadas na bacia do rio Doce utilizando sequências do gene COI (DNA Barcode). Cores iguais representam a mesma espécie/linhagem.

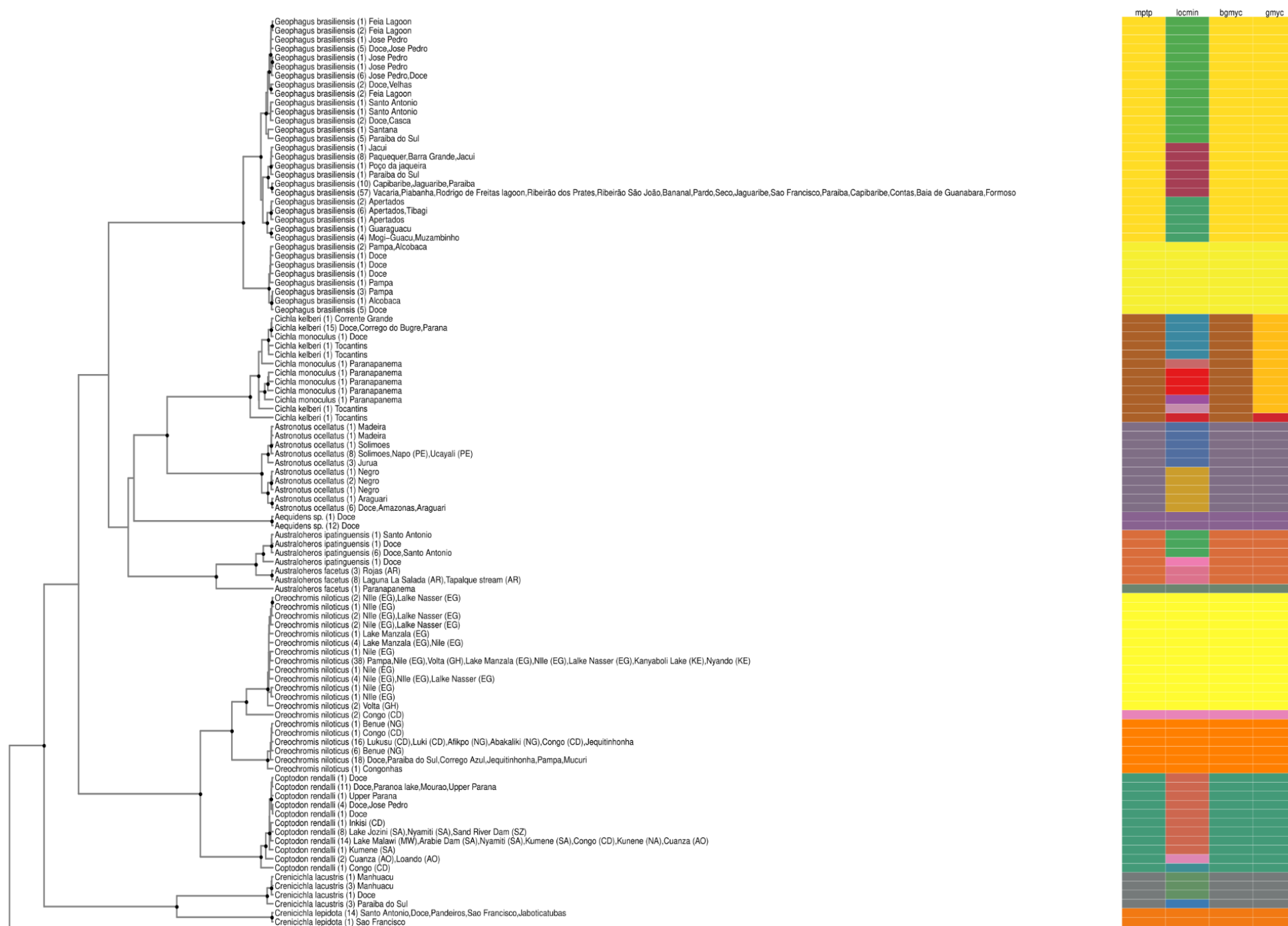


Figura 1: Continuação.

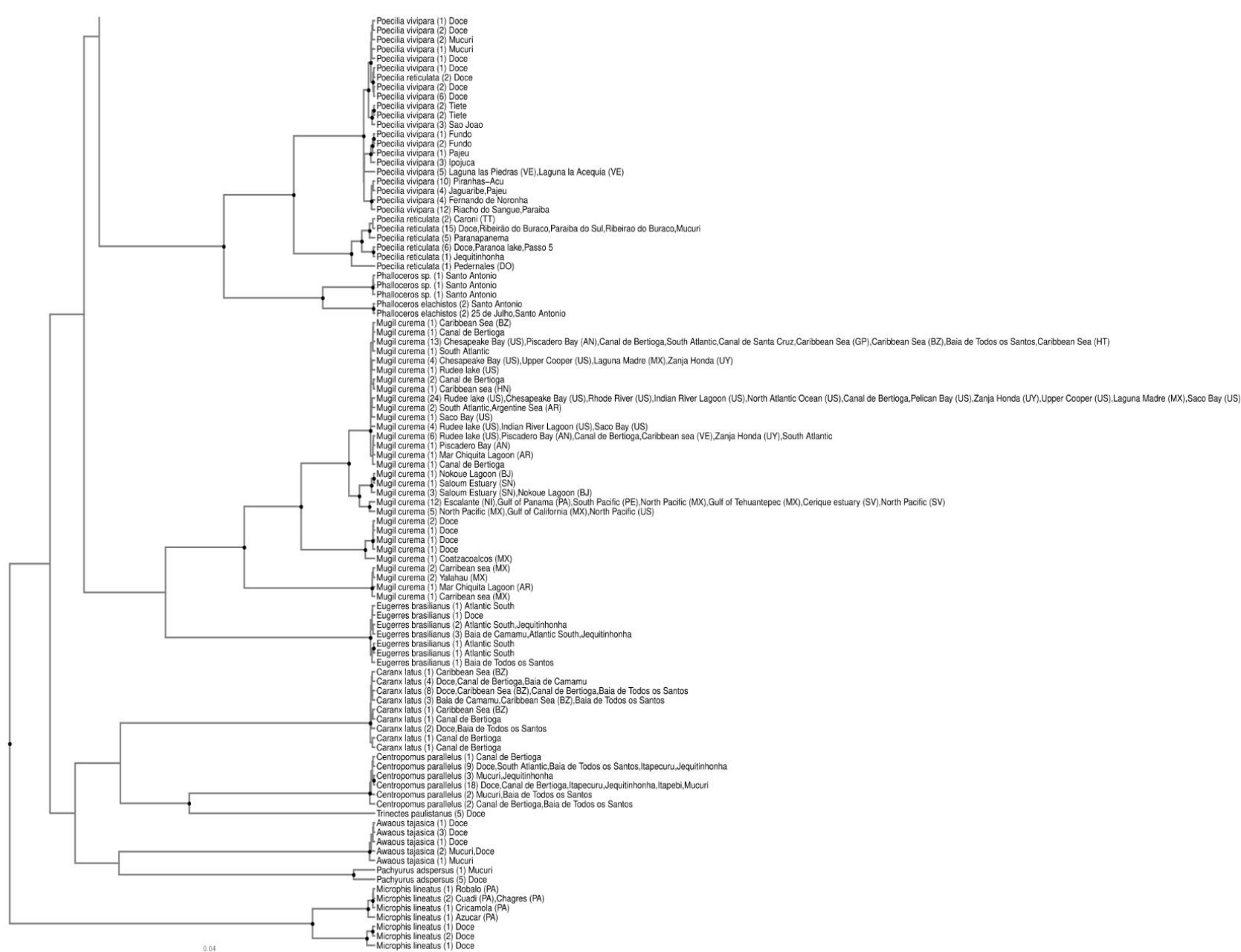


Figura 2: Delimitação das espécies/linhagens de Elopomorpha+Otophysi coletadas na bacia do rio Doce utilizando sequências do gene COI (DNA Barcode). Cores iguais representam a mesma espécie/linhagem.

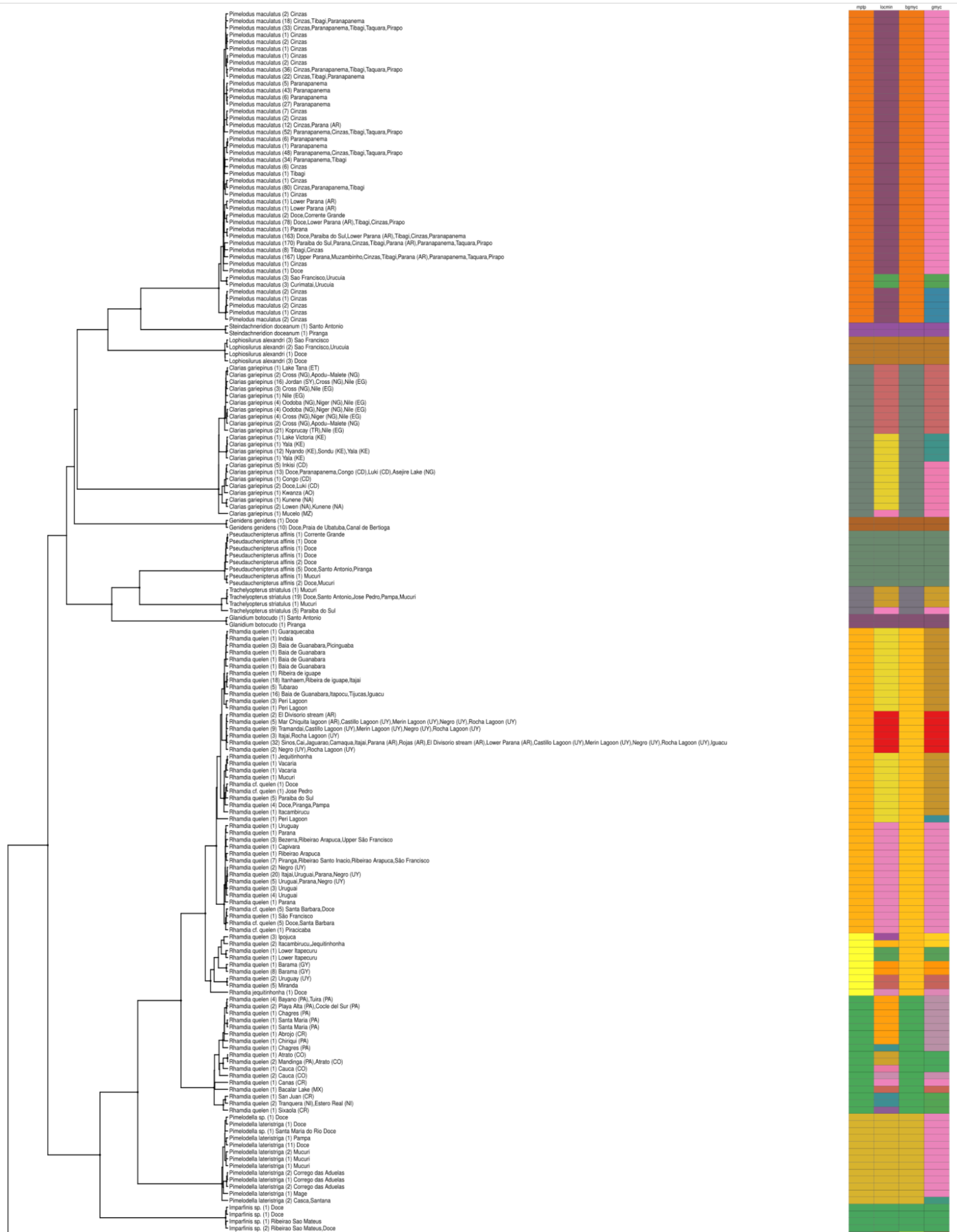




Figura 2: Continuação

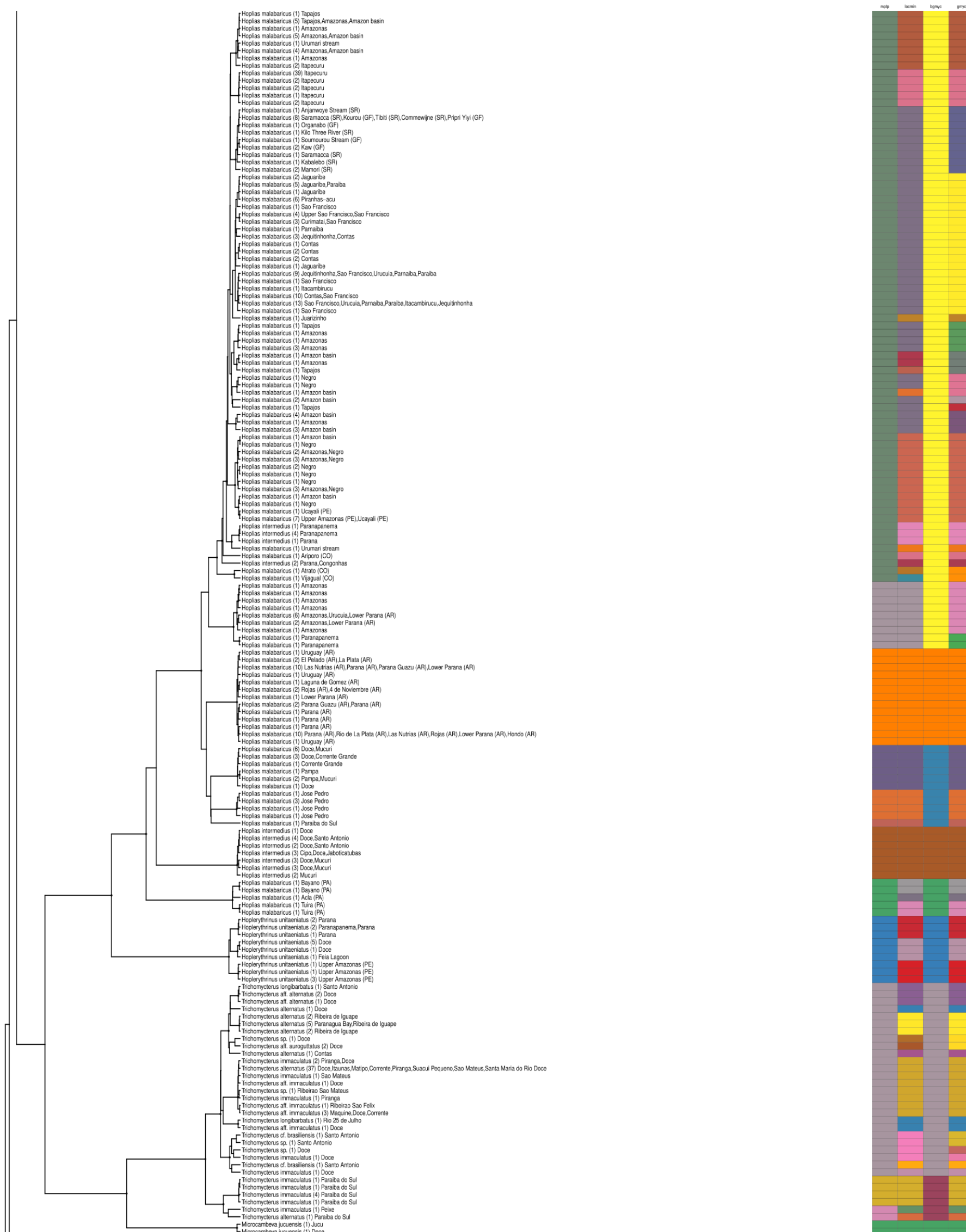


Figura 2: Continuação

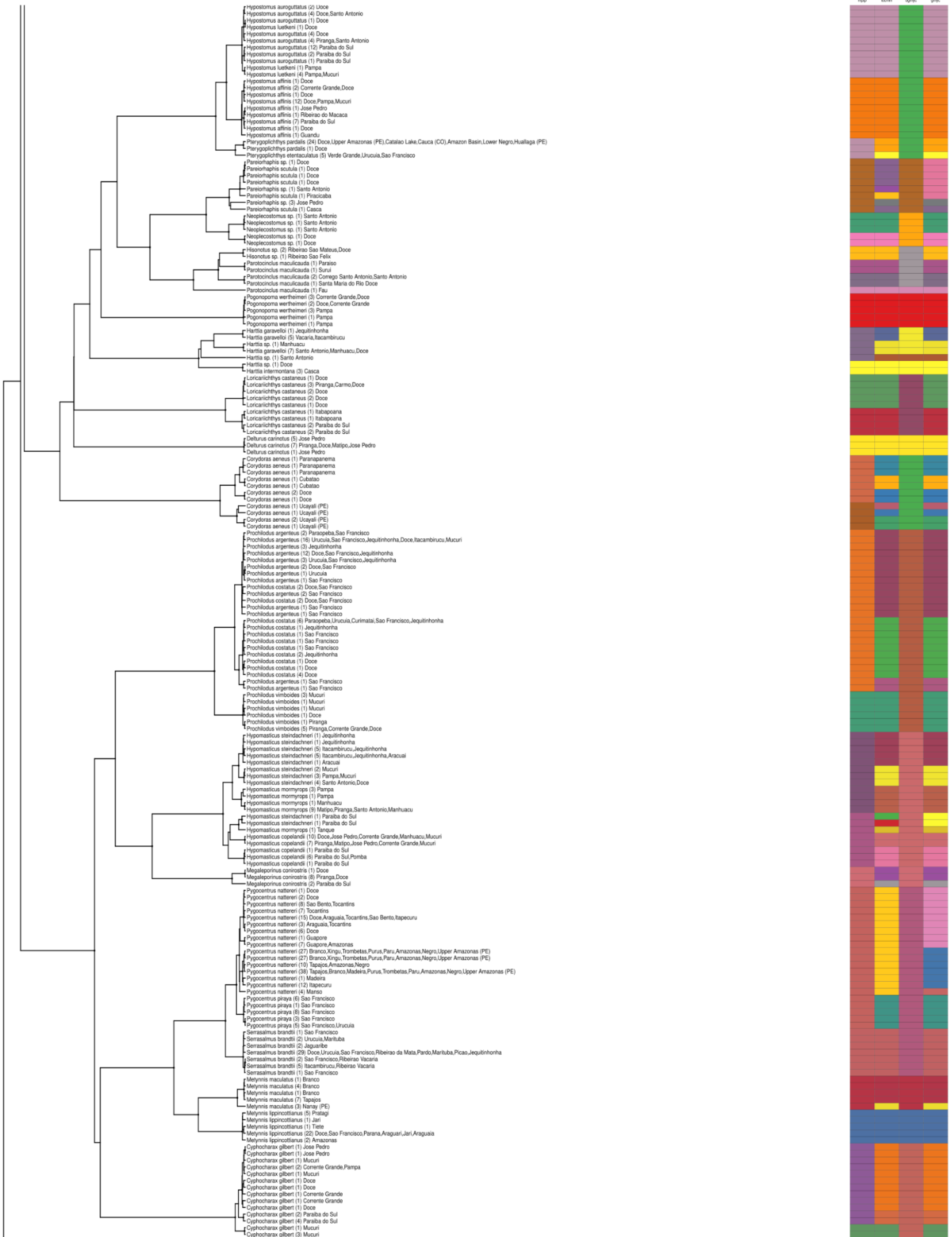




Figura 2: Continuação

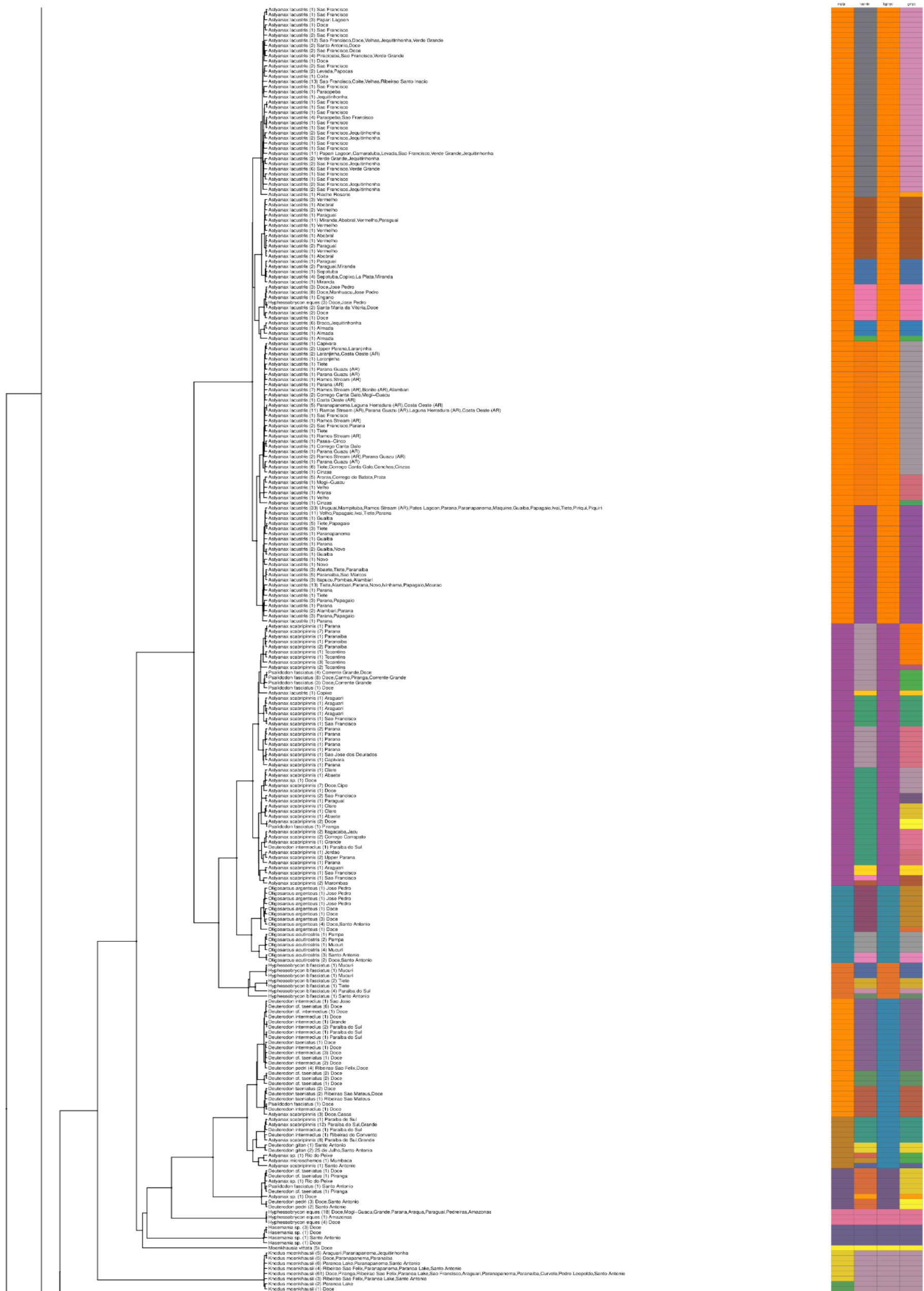


Figura 2: Continuação

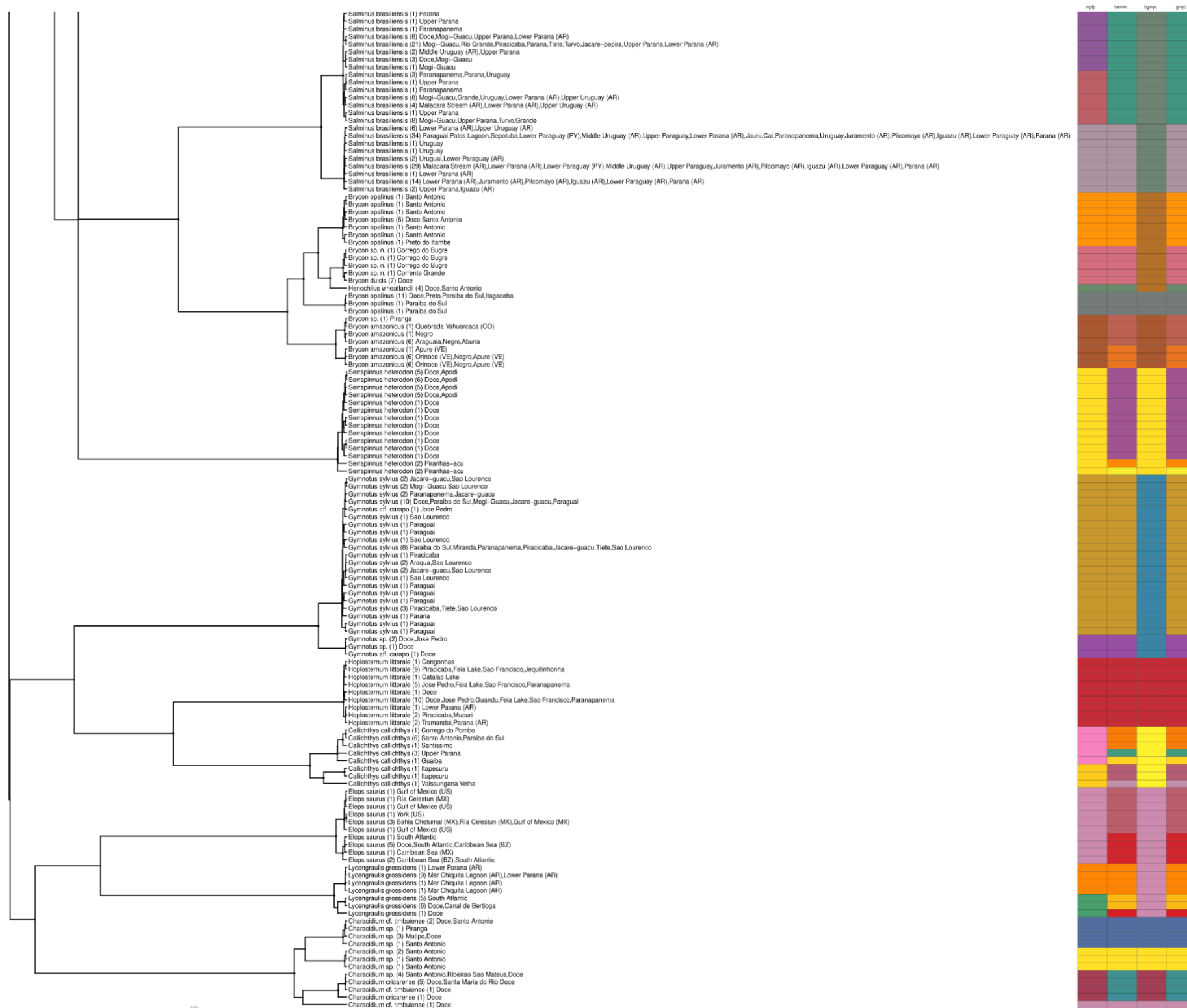


Figura 3: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Astyanax lacustris* destacado por ano de coleta.

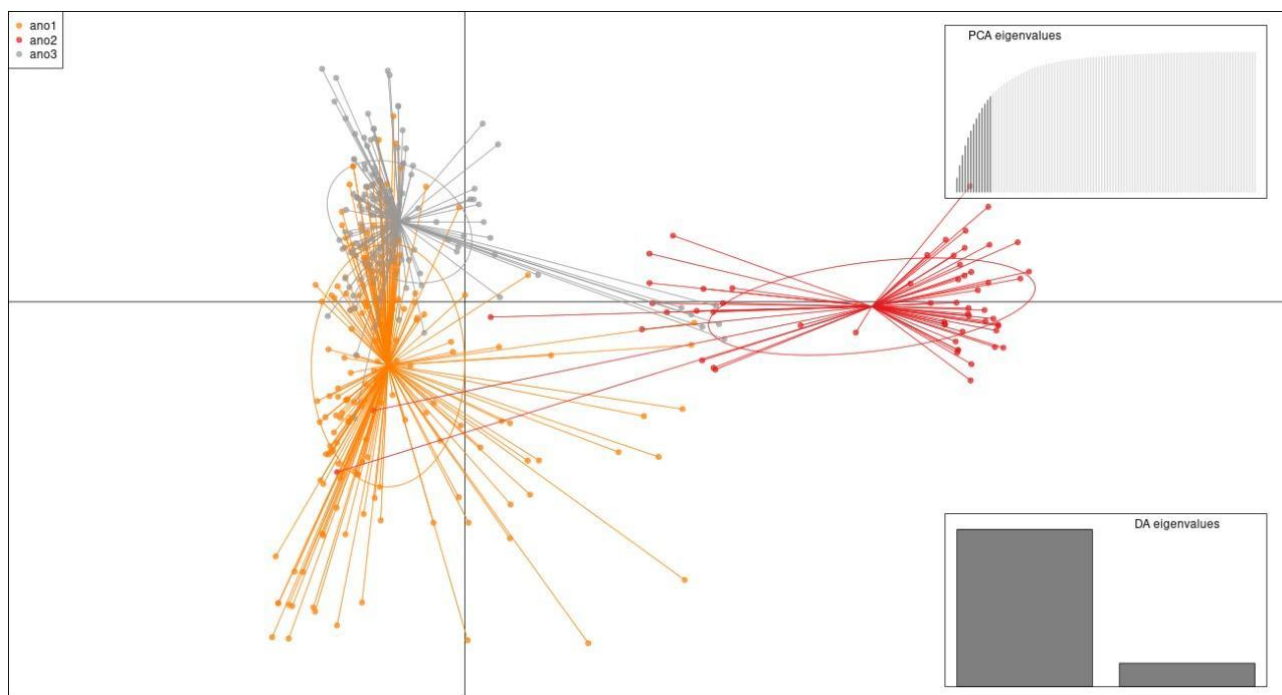


Figura 4: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Deuterodon intermedius* destacado por ano de coleta.

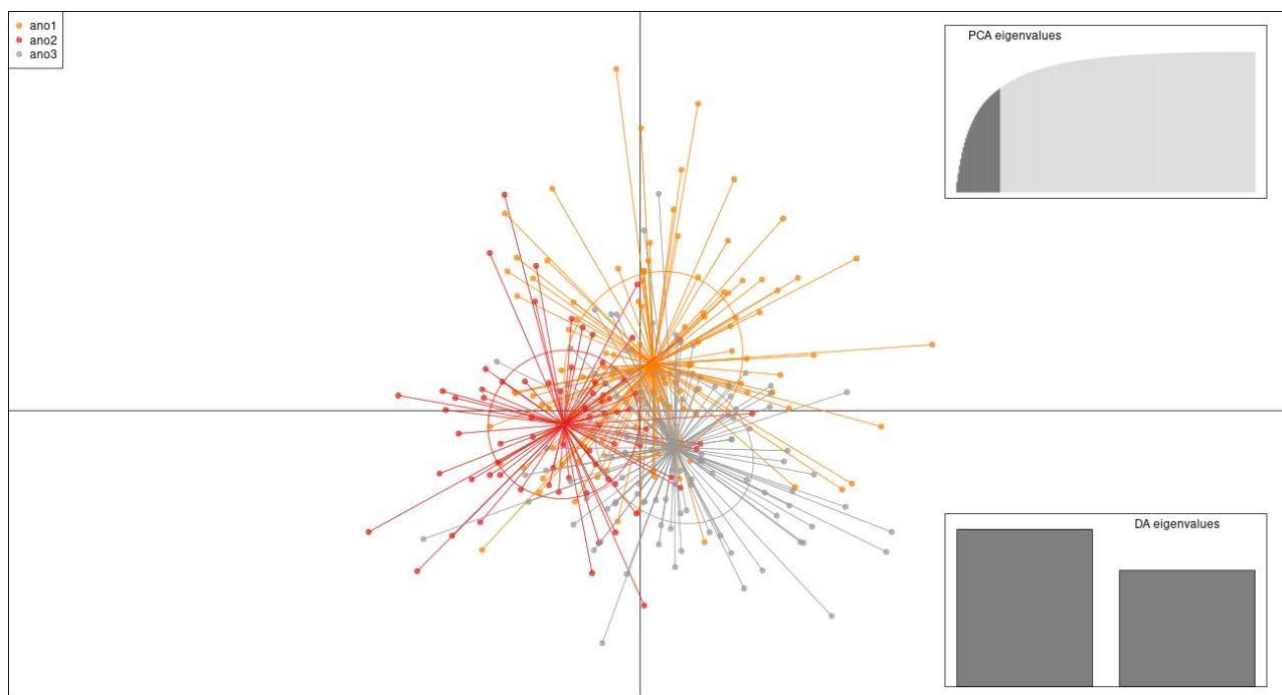


Figura 5: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Geophagus brasiliensis* destacado por ano de coleta.

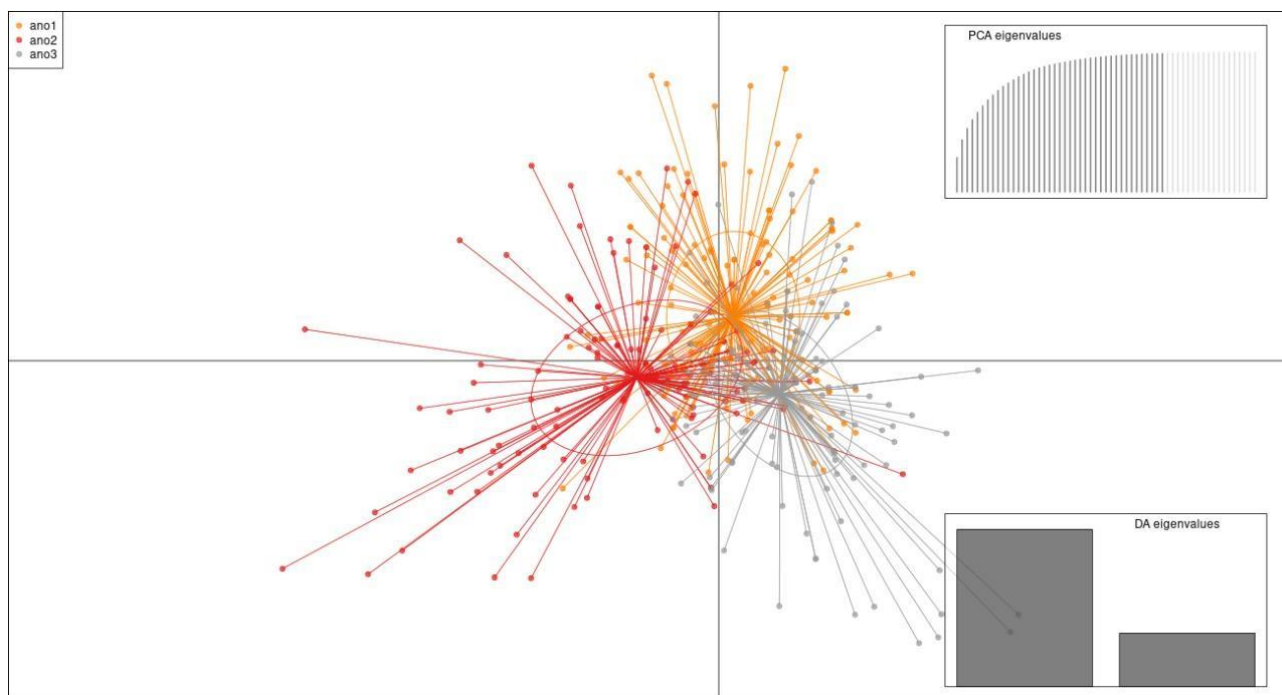


Figura 6: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Hoplias malabaricus* destacado por ano de coleta.

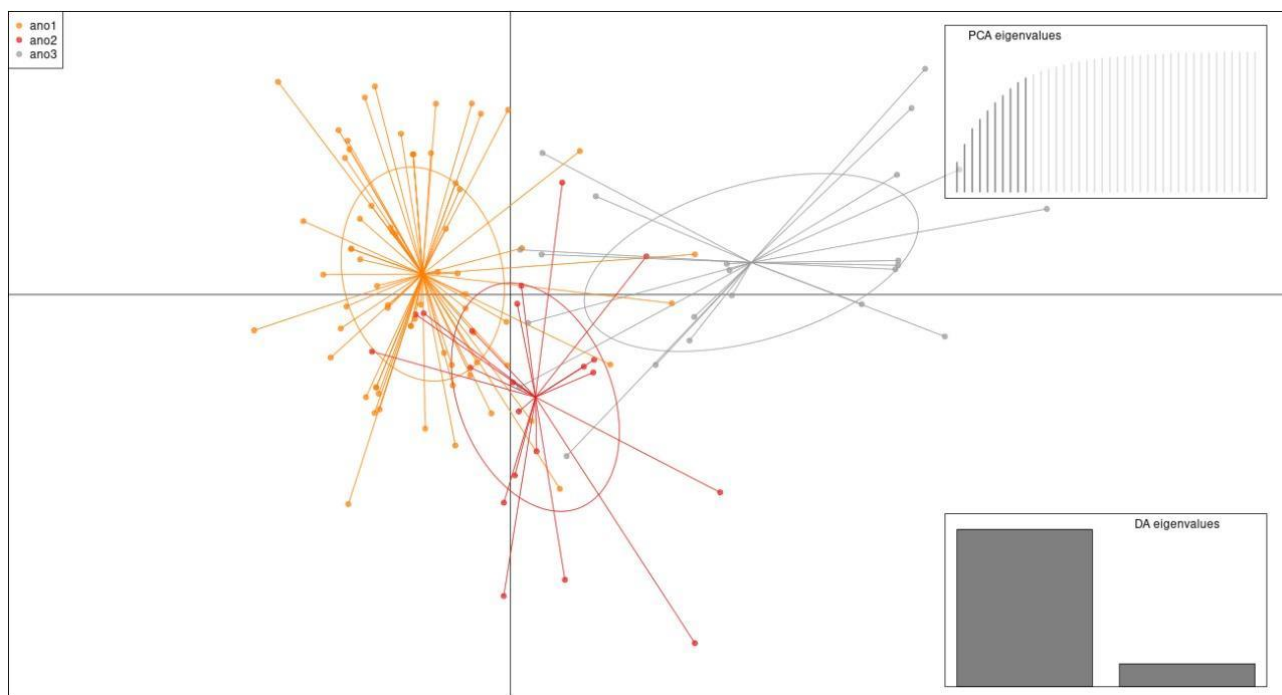


Figura 7: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Knodus moenkhausii* destacado por ano de coleta.

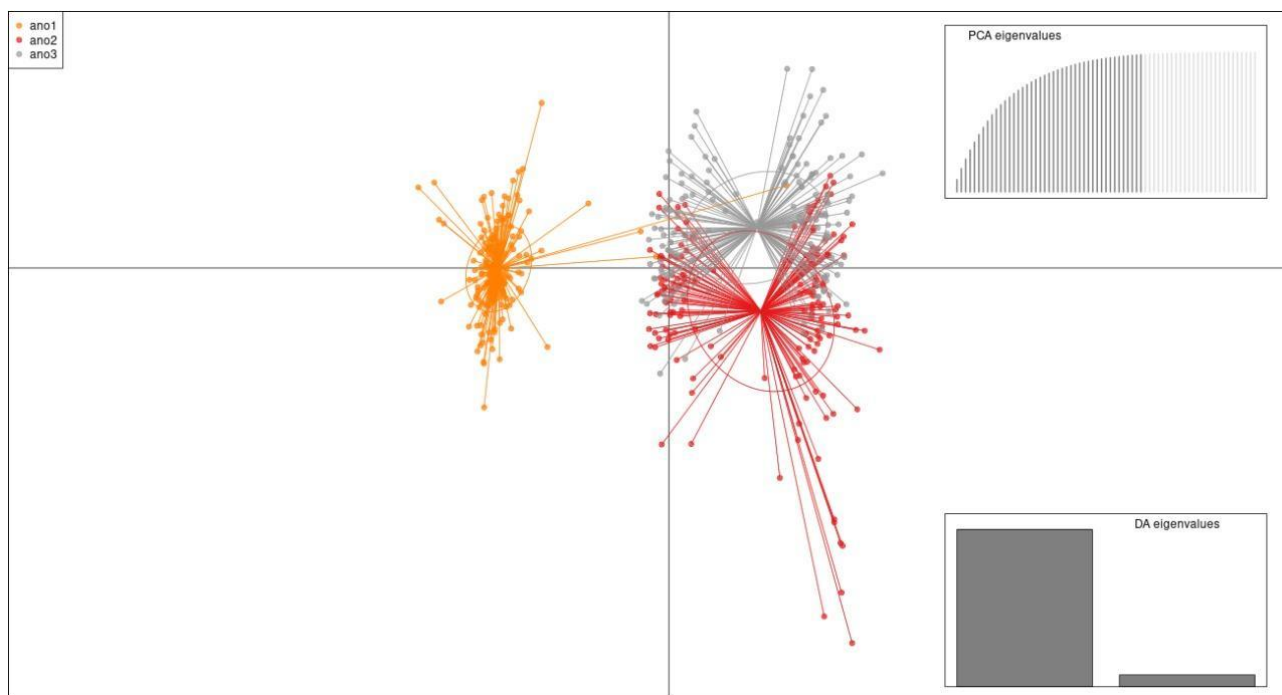




Figura 8: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Pachyurus adspersus* por ano de coleta.

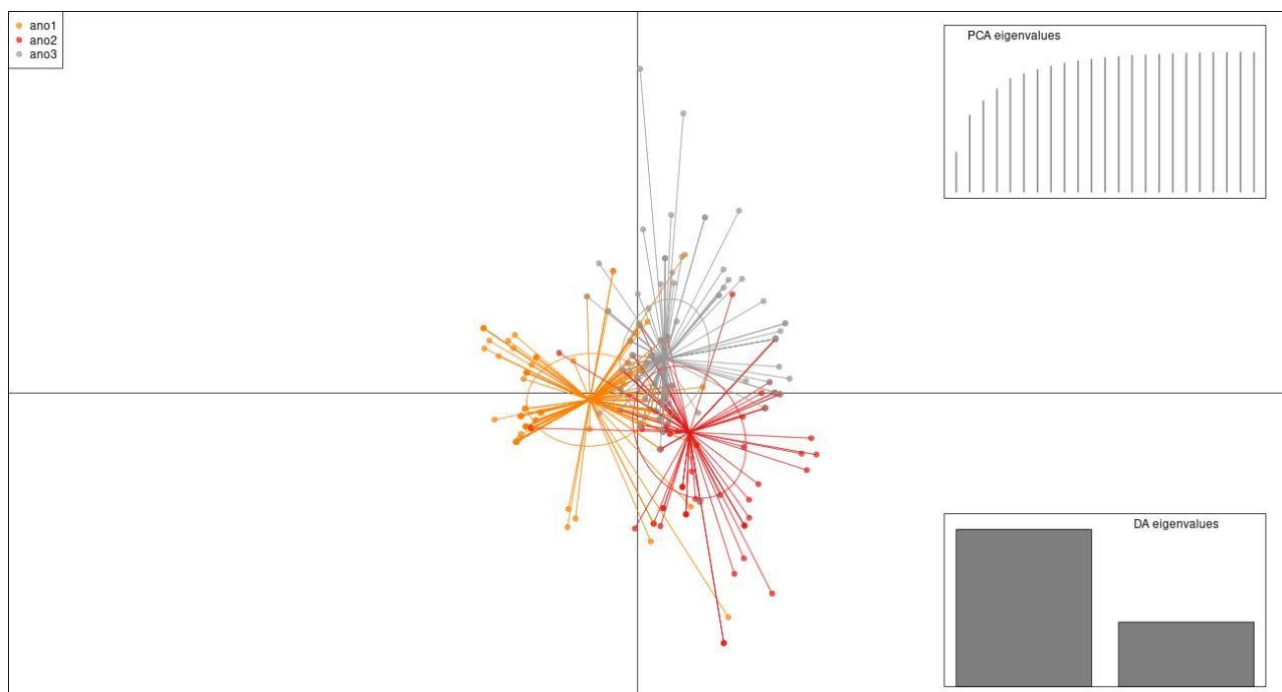




Figura 9: Análise Discriminante dos Componentes Principais (DAPC) dos dados de diversidade genética de *Poecilia vivipara* por ano de coleta.

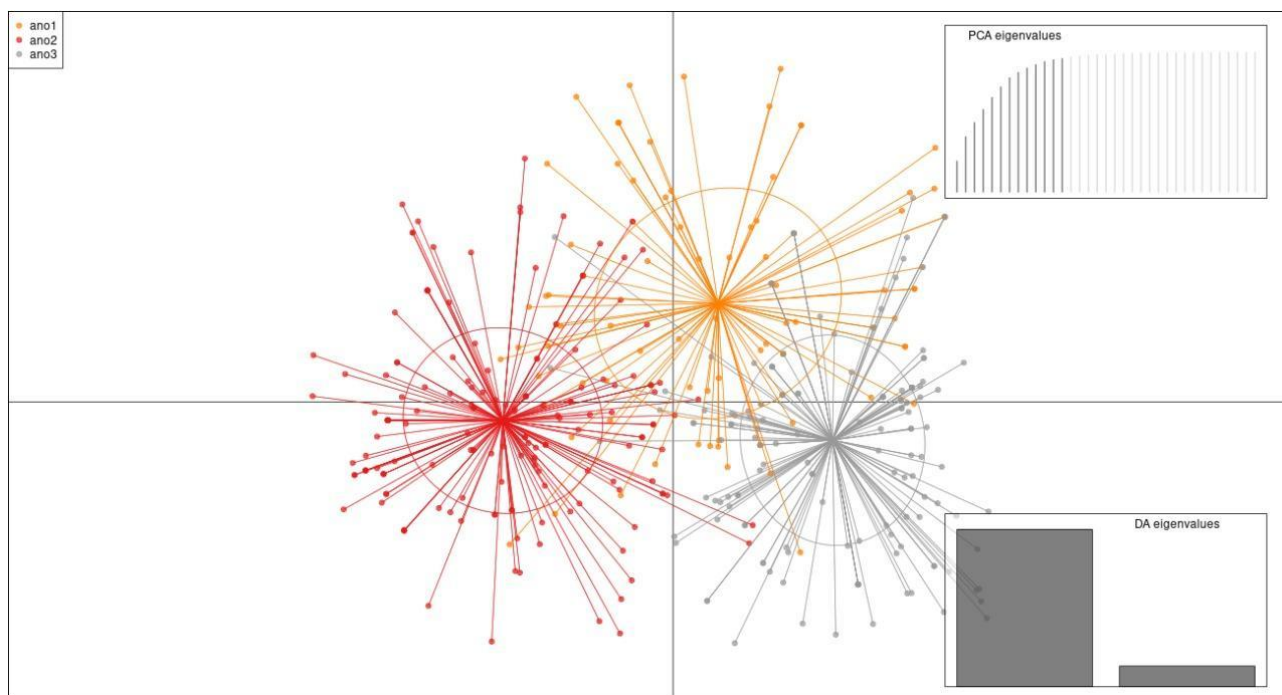


Figura 10: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Astyanax lacustris*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

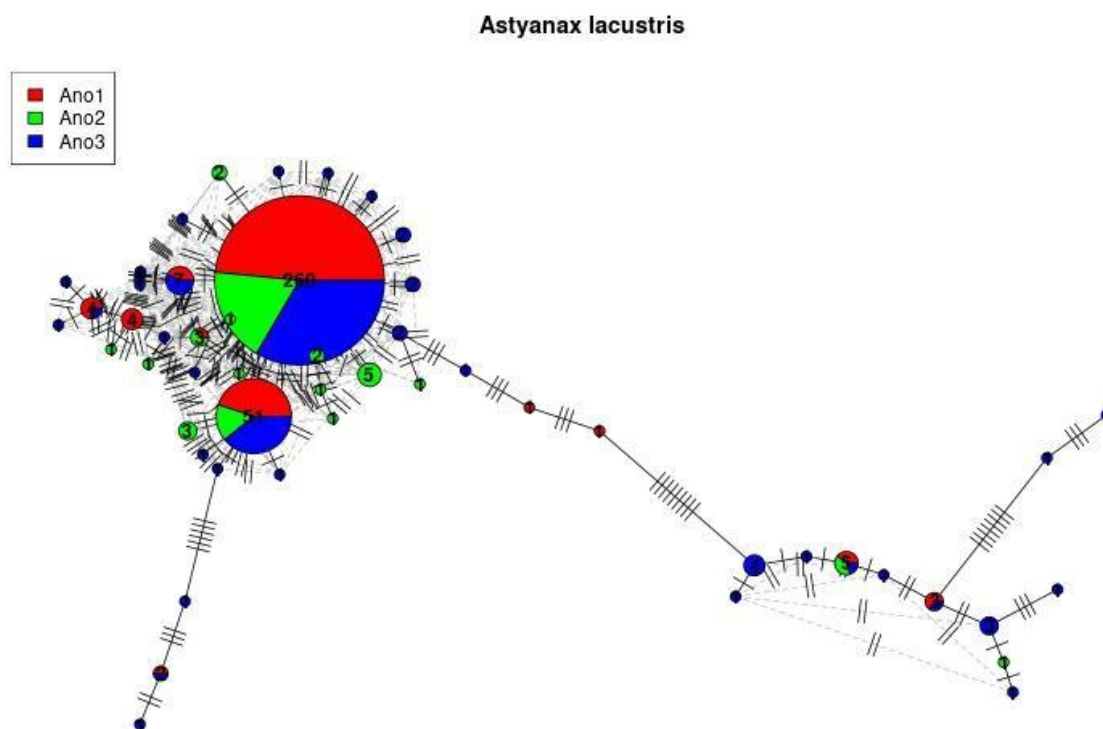


Figura 11: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Deuterodon intermedius*. As cores representam os diferentes anos amostrados.

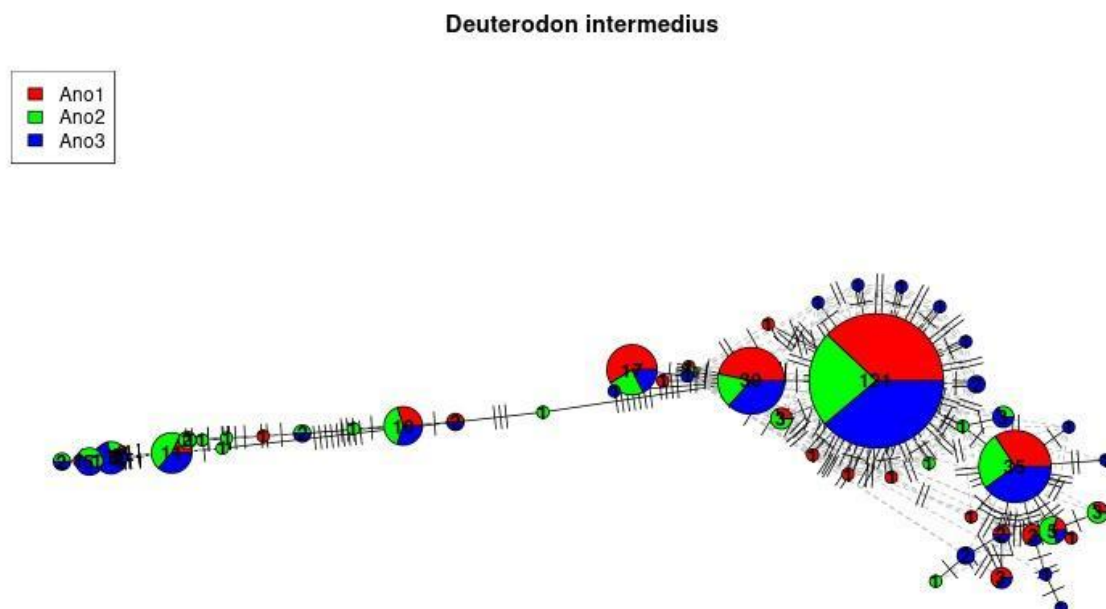


Figura 12: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Geophagus brasiliensis*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

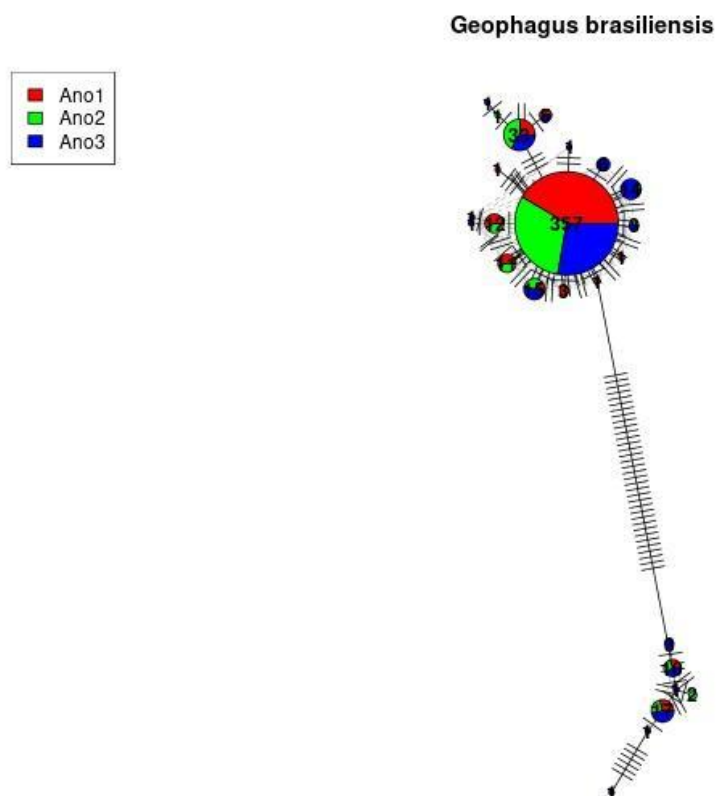


Figura 13: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Hoplias malabaricus*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

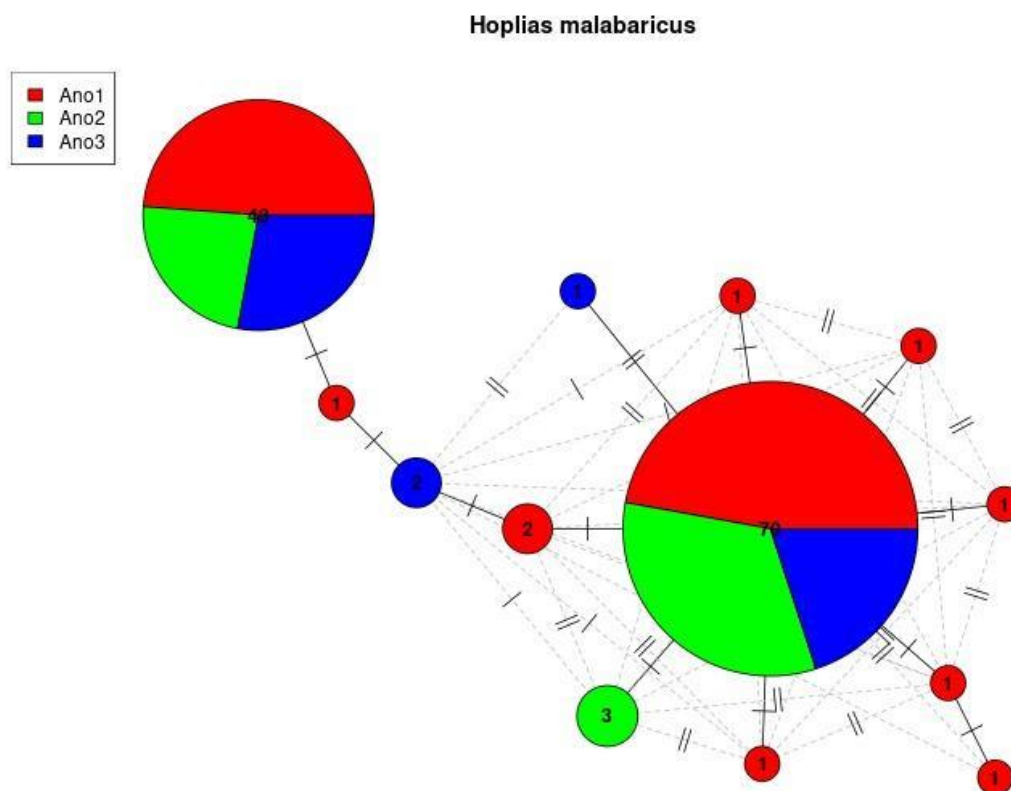


Figura 14: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Knodus moenkhausii*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

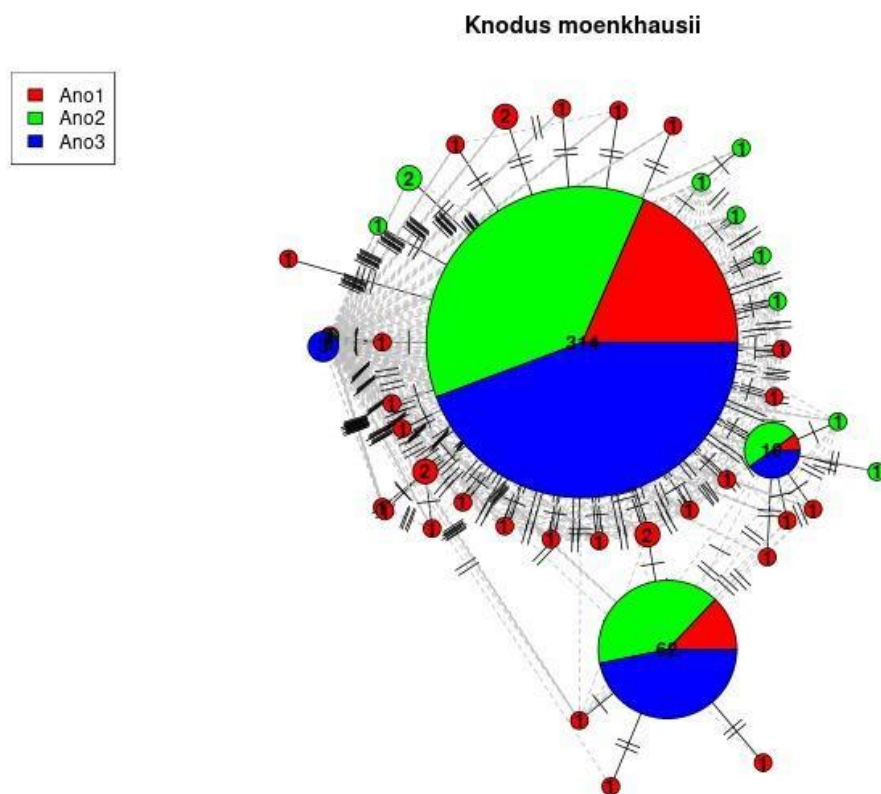


Figura 15: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Pachyurus adspersus*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

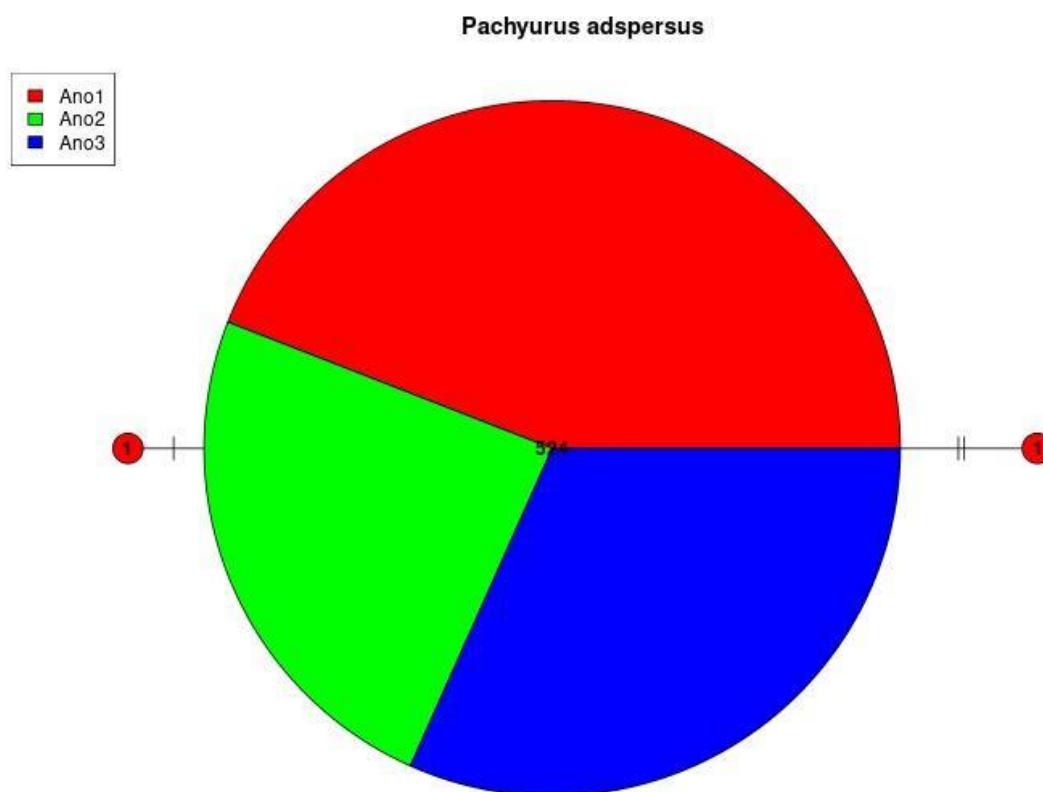


Figura 16: Rede de Haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os haplótipos do gene mitocondrial COI de *Poecilia vivipara*. As cores representam os diferentes anos amostrados, os traços representam os haplótipos intermediários que foram extintos ou simplesmente não amostrados e as linhas tracejadas representam hipóteses alternativas de relações genealógicas.

