

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

RELATÓRIO ANUAL:

Anexo 7 – Ictiofauna Dulcícola

RT-24 RRDM/NOV19

Coordenação Geral

Adalto Bianchini

Alex Cardoso Bastos

Edmilson Costa Teixeira

Eustáquio Vinícius de Castro

Jorge Abdala Dergam dos Santos

Vitória,

Novembro de 2019

COORDENAÇÕES

Anexo 1

Adalto Bianchini (FURG)

Anexo 3

Edmilson Costa Teixeira (UFES)

Fabian Sá (UFES)

Jorge Dergam (UFV)

Subprojetos

Alessandra Delazari Barroso (FAESA)

Alex Cardoso Bastos (UFES)

Ana Cristina Teixeira Bonecker (UFRJ)

Anderson Geyson Alves de Araújo (UFES)

Björn Gücker (UFSJ)

Camilo Dias Júnior (UFES)

Daniel Rigo (UFES)

Eneida Maria Eskinazi Sant'Anna (UFOP)

Gilberto Amado Filho (IPJB) *in memoriam*

Gilberto Fonseca Barroso (UFES)

Iola Gonçalves Boechat (UFSJ)

Leila Lourdes Longo (UFRB)

Leonardo Tavares Salgado (IPJB)

Luís Fernando Loureiro (UFES)

Marco Aurélio Caiado (UFES)

Renato David Ghisolfi (UFES)

Renato Rodrigues Neto (UFES)

Rodrigo Leão de Moura (UFRJ)

Valéria da Silva Quaresma (UFES)

Valéria de Oliveira Fernandes (UFES)

Vanya Marcia Duarte Pasa (UFMG)

Anexo 4

Jacqueline Albino (UFES)

Subprojetos

Karla Costa (UFES)

Maria Tereza Carneiro (UFES)

Anexo 5

Diolina Moura Silva (UFES)

Mônica Tognella (UFES)

Anexo 6

Agnaldo Silva Martins (UFES)

Subprojetos

Ana Paula Cazerta Farro (UFES)

Leandro Bugoni (FURG)

Sarah Vargas (UFES)

Anexo 7

Maurício Hostim (UFES)

Jorge Dergam (UFV)

Subprojetos

Carlos W. Hackradt (UFSB)

Fabiana Félix Hackradt (UFSB)

Jean-Christophe Joyeux (UFES)

Aureo Banhos (UFES)

Tomas Hrbek (UFAM)

Anexo 8

Heitor Evangelista (UERJ)

Coordenação Técnica (CTEC)

Alex Cardoso Bastos

Lara Gabriela Magioni Santos

Laura Silveira Vieira Salles

Tarcila Franco Menandro

Coordenação Escritório de Projetos

Eustáquio Vinicius Ribeiro de Castro

Patrícia Bourguignon Soares

Paulo Roberto Filgueiras

Valdemar Lacerda Junior

Walter Luiz Alda Junior

Coordenação Núcleo de Atuação Integrada em Rede (NAIR)

Edmilson Costa Teixeira

Karla Libardi Gallina

Andressa Christiane Pereira

Anna Paula Lage Ribeiro

Caroline De Marchi Pignaton

Paulo Eduardo Marques

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
2	METODOLOGIA	17
2.1	ÁREA DE ESTUDO	17
2.2	ECOLOGIA DE PEIXES DULCÍCOLAS	18
2.3	GENÉTICA DE PEIXES DULCÍCOLAS.....	20
2.3.1	Delimitação de espécies e distâncias genéticas	21
3	RESULTADOS	23
3.1	ECOLOGIA DE PEIXES DULCÍCOLAS	23
3.1.1	Diversidade da ictiofauna no trecho capixaba	23
3.1.2	Estrutura de comunidades	162
3.1.3	Aspectos reprodutivos	175
3.1.4	Dieta	178
3.2	GENÉTICA DE PEIXES DULCÍCOLAS.....	180
3.2.1	Delimitação de espécies e distâncias genéticas	180
3.2.2	Espécies para reanálise morfológica	185
4	DISCUSSÃO INTEGRADA	202
5	RESUMO DO ANEXO	210
6	REFERÊNCIAS	211

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Localidades de coleta do Anexo 7 Ictiofauna Dulcícola, em cor alaranjada: P01-P08.....	17
Figura 2: <i>Megaleporinus conirostris</i> (Steindachner 1875) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	42
Figura 3: <i>Salminus cf. brasiliensis</i> (Cuvier 1816) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	43
Figura 4: <i>Astyanax aff. fasciatus</i> (Günther 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	45
Figura 5: <i>Astyanax cf. giton</i> Eigenmann 1908 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	46
Figura 6: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Astyanax intermedius</i> e <i>Astyanax giton</i> delimitados.	48
Figura 7: <i>Astyanax cf. intermedius</i> Eigenmann 1908 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	49
Figura 8: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Astyanax intermedius</i> e <i>Astyanax giton</i> delimitados.	50
Figura 9: <i>Astyanax lacustris</i> (Lütken 1875) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	52
Figura 10: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Astyanax lacustris</i> delimitados.	53
Figura 11: <i>Astyanax</i> sp 1 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	56
Figura 12: <i>Knodus</i> sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	57
Figura 13: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de <i>Knodus</i> sp.	58
Figura 14: <i>Moenkhausia vittata</i> (Castelnau 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	60
Figura 15: <i>Oligosarcus acutirostris</i> Menezes 1987 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	61

Figura 16: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Oligosarcus acutirostris</i> e <i>Oligosarcus argenteus/solitarius</i> delimitados.	62
Figura 17: <i>Oligosarcus argenteus</i> Günther 1864 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	64
Figura 18: <i>Serrapinnus heterodon</i> (Eigenmann 1915) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	66
Figura 19: <i>Hyphessobrycon eques</i> (Steindachner 1882) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	68
Figura 20: <i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i> (Spix e Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	69
Figura 21: <i>Hoplias intermedius</i> (Günther 1864) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	70
Figura 22: <i>Hoplias malabaricus</i> (Bloch 1794) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	72
Figura 23: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Hoplias malabaricus</i> delimitados.	73
Figura 24: <i>Prochilodus argenteus</i> Agassiz 1829 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	75
Figura 25: <i>Prochilodus costatus</i> Valenciennes 1850 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	76
Figura 26: <i>Prochilodus vimboides</i> Kner 1859 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	78
Figura 27: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de <i>Prochilodus vimboides</i>	79
Figura 28: <i>Metynnis lippincottianus</i> (Cope 1870) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	80
Figura 29: <i>Pygocentrus nattereri</i> Kner 1858 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	82
Figura 30: <i>Pygocentrus piraya</i> (Cuvier 1819) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	84

Figura 31: <i>Aequidens cf. plagiozonatus</i> Kullander 1984 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	85
Figura 32: <i>Australoheros</i> sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	86
Figura 33: <i>Geophagus brasiliensis</i> (Quoy & Gaimard 1824) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	88
Figura 34: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de <i>Geophagus brasiliensis</i> provenientes do rio Doce e as demais espécies de <i>Geophagus</i> com sequências disponíveis no Genbank.....	90
Figura 35: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Geophagus brasiliensis</i> delimitados.	91
Figura 36: <i>Astronotus ocellatus</i> (Agassiz 1831) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	93
Figura 37: <i>Cichla cf. kelberi</i> Kullander & Ferreira 2006 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	95
Figura 38: <i>Cichla cf. monoculus</i> (Spix & Agassiz 1831).....	97
Figura 39: <i>Cichla cf. kelberi</i> Kullander & Ferreira 2006 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	98
Figura 40: <i>Crenicichla lepidota</i> (Heckel 1840) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	100
Figura 41: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de <i>Crenicichla lepidota</i> e <i>C. lacustris</i> provenientes do rio Doce e demais espécies de <i>Crenicichla</i> disponíveis no GenBank. ..	101
Figura 42: <i>Coptodon rendalli</i> (Boulenger 1897) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	102
Figura 43: <i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus 1758) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	104
Figura 44: <i>Lycengraulis grossidens</i> (Spix & Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	105
Figura 45: <i>Poecilia reticulata</i> (Peters 1859) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	107

Figura 46: <i>Poecilia vivipara</i> (Bloch & Schneider 1801) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	108
Figura 47. Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de <i>Poecilia vivipara</i>	109
Figura 48: <i>Elops saurus</i> (Linnaeus 1766) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	110
Figura 49: <i>Microphis lineatus</i> (Kaup 1856) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	111
Figura 50: <i>Gymnotus cf. sylvius</i> (Albert & Fernandes-Matioli 1999) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	112
Figura 51: <i>Mugil curema</i> (Valenciennes 1836) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	114
Figura 52: <i>Awaous tajasica</i> (Lichtenstein 1822) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	115
Figura 53: <i>Caranx bartholomaei</i> (Cuvier 1833) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	116
Figura 54: <i>Caranx latus</i> (Agassiz 1831) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	118
Figura 55: <i>Centropomus parallelus</i> (Poey 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	119
Figura 56: <i>Eucinostomus argenteus</i> (Baird & Girard, 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	120
Figura 57: <i>Pachyurus adpersus</i> (Steindachner 1879) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	121
Figura 58: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Pachyurus adpersus</i> delimitados.....	122
Figura 59: <i>Pomadasys ramosus</i> (Poey 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	124
Figura 60: <i>Achirus cf. mucuri</i> (Ramos, Ramos & Lopes 2009) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	125

Figura 61: <i>Genidens genidens</i> (Cuvier 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	127
Figura 62: <i>Pseudauchenipterus affinis</i> (Steindachner 1877) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	128
Figura 63: <i>Trachelyopterus striatulus</i> (Steindachner 1877) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	130
Figura 64: <i>Corydoras aeneus</i> (Gill 1858) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	131
Figura 65: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de <i>Corydoras aeneus</i> provenientes do rio Doce e demais espécies de <i>Corydoras</i> disponíveis no GenBank.....	132
Figura 66: <i>Hoplosternum littorale</i> (Hancock 1828) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	133
Figura 67: <i>Clarias gariepinus</i> (Burchell 1822) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	134
Figura 68: <i>Pimelodella</i> sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	136
Figura 69: <i>Rhamdia quelen</i> (Quoy & Gaimard 1824) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	137
Figura 70. Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Rhamdia quelen</i> delimitados.	138
Figura 71: <i>Hypostomus affinis</i> (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	140
Figura 72: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas <i>Hypostomus affinis</i>	141
Figura 73: <i>Hypostomus commersoni</i> (Valenciennes, 1836) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	142
Figura 74: <i>Hypostomus luetkeni</i> (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	143
Figura 75: <i>Loricariichthys castaneus</i> (Castelnau 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	145

Figura 76: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Loricariichthys castaneus</i>	146
Figura 77: <i>Pterygoplichthys etentaculatus</i> (Spix & Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	147
Figura 78: <i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnaud 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	148
Figura 79: <i>Pimelodus cf. britskii</i> (Garavello & Shibatta 2007) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	149
Figura 80: <i>Pimelodus maculatus</i> (Lacepède 1803) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	151
Figura 81: <i>Pimelodus</i> sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	152
Figura 82: <i>Lophiosilurus alexandri</i> (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	153
Figura 83: <i>Microcambeva cf. barbata</i> (Costa & Bockmann 1994) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.	155
Figura 84: <i>Trichomycterus cf. alternatus</i> (Eigenmann 1917) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	156
Figura 85: <i>Synbranchus marmoratus</i> (Bloch 1795) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.....	157
Figura 86: <i>Brycon dulcis</i> (Lima & Vieira 2017). Exemplar da coleção MZUFV.....	158
Figura 87: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de <i>Brycon dulcis</i> e <i>Brycon opalinus</i> delimitados.....	159
Figura 88: <i>Brycon opalinus</i> (Cuvier, 1819). Exemplar da coleção MZUFV.	159
Figura 89: <i>Steindachneridion doceanum</i> (Eigenmann & Eigenmann 1889). Exemplar da coleção MZUFV.....	161
Figura 90: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) de <i>Steindachneridion doceanum</i>	162

Figura 91: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com rede de arrasto ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.	162
Figura 92: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com rede de espera ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.	164
Figura 93: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com tarrafa ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.	164
Figura 94. Abundância relativa em número de indivíduos das 69 espécies coletadas ao longo de 12 campanhas amostrais.	165
Figura 95. Abundância relativa em peso das 69 espécies coletadas ao longo de 12 campanhas amostrais.....	166
Figura 96: Índice de diversidade de Shannon-Wiener (H') e intervalo de confiança, para cada ponto amostral.	169
Figura 97: Dendrogramas de similaridade de Bray-Curtis (a) e Jaccard (b) entre os pontos de coleta ao longo das 12 campanhas amostrais.....	171
Figura 98: Ordenamento dos pontos amostrais por NMDS, baseado no índice de similaridade de Jaccard.....	171
Figura 99: Biomassa acumulada de espécies nativas e exóticas ao longo das 12 campanhas amostrais.....	172
Figura 100: Biomassa de espécies nativas e exóticas coletadas em cada ponto amostral, ao longo das 12 campanhas. O código dos locais de coleta segue a Tabela 5.....	173
Figura 101: Biomassa e abundância das 28 espécies exóticas coletadas nas 12 campanhas amostrais.....	173
Figura 102: Abundância de espécies exóticas nos oito pontos de coleta, ao longo das 12 campanhas amostrais. O traço preto representa a estação chuvosa (Out/2018 a Mar/2019) e em vermelho a estação seca (Abr/2019 a Set/2019).	174
Figura 103: Análise de Correspondência Canônica (CCA) das variáveis ambientais e da abundância das espécies coletadas nas campanhas 6 a 9 e na 12ª, nos oito pontos amostrais. OD = oxigênio dissolvido, turbid = turbidez, temp = temperatura, salin = salinidade, Astgit = <i>Astyanax</i> cf. <i>giton</i> , Astint = <i>Astyanax intermedius</i> , Astlac = <i>Astyanax lacustris</i> , Awataj = <i>Awaous tajasica</i> , Cicmon = <i>Cichla</i> cf. <i>monoculus</i> , Copren = <i>Coptodon rendalli</i> , Geobra = <i>Geophagus brasiliensis</i> , Hypequ =	

<i>Hyphessobrycon eques</i> , <i>Knodus</i> = <i>Knodus</i> sp., <i>Mugil curema</i> , <i>Orenil</i> = <i>Oreochromis niloticus</i> , <i>Pacads</i> = <i>Pachyurus adspersus</i> , <i>Poeviv</i> = <i>Poecilia vivipara</i>	175
Figura 104: Fator de condição relativo (Kn) das espécies nativas e exóticas coletadas ao longo das 12 campanhas amostrais. Valores representam a média das espécies por grupo.	176
Figura 105: Índice gonadossomático de fêmeas (a) e machos (b), por estágio de desenvolvimento gonadal. C: estação chuvosa; S: estação seca.....	177
Figura 106: Percentual de animais imaturos coletados ao longo das 12 campanhas amostrais, comparando espécies nativas e exóticas.....	178
Figura 107: Análise de Correspondência Destendenciada (DCA) das espécies coletadas nas 12 campanhas do Anexo 7. AM: <i>Aequidens</i> cf. <i>mucuri</i> ; AF: <i>Astyanax</i> aff. <i>fasciatus</i> ; AG: <i>Astyanax giton</i> ; AI: <i>Astyanax intermedius</i> ; AL: <i>Astyanax lacustris</i> ; AO: <i>Astronotus ocellatus</i> ; AP: <i>Aequidens</i> cf. <i>plagiozonatus</i> ; AS: <i>Astyanax</i> sp.; AT: <i>Awaous tajasica</i> ; AU: <i>Australoheros</i> sp.; CP: <i>Centropomus parallelus</i> ; CB: <i>Caranx bartholomaei</i> ; CT: <i>Caranx latus</i> ; CG: <i>Clarias gariepinus</i> ; CK: <i>Cichla</i> cf. <i>kelberi</i> ; CM: <i>Cichla</i> cf. <i>monoculus</i> ; CO: <i>Cichla</i> cf. <i>ocellaris</i> ; CL: <i>Crenicichla lepidota</i> ; CR: <i>Coptodon rendalli</i> ; EA: <i>Eucinostomus</i> cf. <i>argenteus</i> ; ES: <i>Elops saurus</i> ; GC: <i>Gymnotus</i> aff. <i>carapo</i> ; GS: <i>Gymnotus</i> cf. <i>sylvius</i> ; GB: <i>Geophagus brasiliensis</i> ; GG: <i>Genidens genidens</i> ; HE: <i>Hyphessobrycon eques</i> ; HL: <i>Hoplosternum littorale</i> ; HU: <i>Hoplerthrinus unitaeniatus</i> ; HI: <i>Hoplias intermedius</i> ; HM: <i>Hoplias malabaricus</i> ; HA: <i>Hypostomus affinis</i> ; HY: <i>Hypostomus luetkenii</i> ; KN: <i>Knodus</i> sp.; LA: <i>Loricariichthys castaneus</i> ; LI: <i>Lophiosilurus alexandri</i> ; LG: <i>Lycengraulis grossidens</i> ; MC: <i>Mugil curema</i> ; MI: <i>Microphis lineatus</i> ; ML: <i>Metynnix lippincottianus</i> ; MO: <i>Megaleporinus conirostris</i> ; MV: <i>Moenkhausia vittata</i> ; O A: <i>Oligosarcus acutirostris</i> ; OG: <i>Oligosarcus argenteus</i> ; ON: <i>Oreochromis niloticus</i> ; PA: <i>Pachyurus adspersus</i> ; PI: <i>Pimelodella</i> sp.; PM: <i>Pimelodus maculatus</i> ; PT: <i>Pimelodus</i> cf. <i>britskii</i> ; PN: <i>Pygocentrus nattereri</i> ; PP: <i>Pygocentrus piraia</i> ; PR: <i>Pomadasys ramosus</i> ; PV: <i>Poecilia vivipara</i> ; PU: <i>Poecilia reticulata</i> ; PG: <i>Prochilodus argenteus</i> ; PC: <i>Prochilodus costatus</i> ; PB: <i>Prochilodus vimboides</i> ; PE: <i>Pterygoplichthys etentaculatus</i> ; PF: <i>Pseudauchenipterus affinis</i> ; PD: <i>Pterygoplichthys</i> cf. <i>pardalis</i> ; P S: <i>Pimelodus</i> sp.; SB: <i>Salminus</i> cf. <i>brasiliensis</i> ; SH: <i>Serrapinnus heterodon</i> ; SM: <i>Symbranchus marmoratus</i> ; TA: <i>Trichomycterus</i> cf. <i>alternatus</i> ; TS: <i>Trachelyopterus striatulus</i>	179
Figura 108: Delimitação de espécies baseados em DNA barcode-COI (705 pb) das espécies sequenciadas no Laboratório de Evolução e Genética Animal/UFAM. Cores iguais representam a mesma espécie.	181
Figura 109: Divergências entre espécies usando sequências genéticas do gene COI de espécimes de peixes coletados no Rio Doce.....	185

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Número de indivíduos por localidade genotipados utilizando Next Generation Sequencing (NGS) e heterozigosidade esperada (H_e). Valores médios de H_e e desvio padrão também são informados.....	54
Tabela 2: Os níveis de F_{ST} par a par entre as localidades estudadas no baixo Rio Doce são apresentados abaixo da diagonal principal e os valores de P seguidos pelo desvio padrão estimados a partir de 5040 permutações.....	55
Tabela 3: Estimadores de riqueza total calculados com base nos dados coletados ao longo de 12 campanhas amostrais.	165
Tabela 4: Constância de ocorrência das 69 espécies coletadas no trecho do baixo rio Doce, ao longo de 12 campanhas amostrais.	166
Tabela 5: Riqueza de espécies, abundância e biomassa total observada por ponto ao longo das 12 campanhas amostrais, índice de diversidade de Shannon-Wiener (H'), equitabilidade (E_{var}) e índice de dominância. Ecossistema da calha em azul; ecossistema de lagoa em rosa e ecossistema de córrego em verde.	169
Tabela 6: Diversidade beta par-a-par entre os oito pontos amostrais, calculada pelo método de Jaccard.....	170
Tabela 7: Distâncias genéticas inter e intraespecíficas das espécies de peixes do rio Doce analisadas neste estudo.....	186
Tabela 8: Número de sequências dos genes COI (GenBank / presente trabalho) e Myh6 obtidas até o momento para cada uma das espécies de interesse, provenientes da bacia do rio Doce.	194
Tabela 9: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene mitocondrial COI para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Mega. *PI – Sítios parcimoniosamente informativos.....	195
Tabela 10: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene nuDNA Myh6 para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Mega. *PI – Sítios parcimoniosamente informativos.....	197
Tabela 11: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene mitocondrial COI para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Arlequin. *Nº Hap – número de haplótipos; **SD – Desvio Padrão (<i>Standard deviation</i>).....	198
Tabela 12: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene nuDNA Myh6 para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Arlequin. *Nº Hap – número de haplótipos; **Sítios polim – sítios polimórficos; Heter. Esperada – Heterozigosidade esperada; SD – Desvio Padrão (<i>Standard deviation</i>).....	201

Tabela 13: Resultados parciais do sequenciamento genômico e desenvolvimento de microssatélites.

.....202

LISTA DE QUADROS

Quadro 1: Localidades de coleta do Anexo 7 Ictiofauna Dulcícola. Ecosistema da calha em azul; ecossistema de lagoa em rosa e ecossistema de córrego em verde.	18
Quadro 2: Lista de espécies de peixes da bacia do baixo rio Doce, coletadas durante as 12 campanhas amostrais do Anexo 7 Dulcícola.....	25
Quadro 3: Cinquenta e três espécies nativas de ampla distribuição de acordo com o relatório de dados pretéritos e que seriam esperadas no trecho capixaba do Rio Doce.	33

1 INTRODUÇÃO

A bacia do rio Doce possui uma área de 83.431 km², sua maior extensão está localizada no estado de Minas Gerais (71.852 km²) e uma pequena porção no estado do Espírito Santo (11.579 km²), estando sua foz na cidade de Linhares. O rio Doce nasce na Serra do Espinhaço, no município de Ressaquinha (MG) à 1.220 m de altitude. Os principais formadores desse rio são os rios Piranga (nascente em Ressaquinha) e Carmo (nascente em Ouro Preto, MG). Convencionalmente, a bacia é dividida em três porções: alto, médio e baixo rio Doce. O alto curso inclui a drenagem desde as cabeceiras até a foz do rio Matipó, o médio desde a confluência desse rio até a divisa de MG/ES e o baixo, da divisa dos estados até a sua foz (ANA, 2001). Em Minas Gerais, seus principais afluentes pela margem direita são os rios Chopotó, Casca, Matipó, Cuieté e Manhuaçu, enquanto pela margem esquerda são os rios Piracicaba, Santo Antônio, Corrente Grande e Suaçuí Grande (CETEC, 1983).

A bacia do rio Doce encontra-se em sua totalidade, inserida no bioma Mata Atlântica, do qual restam apenas 12,4% de floresta original (SOS MATA ATLÂNTICA, 2018). Até a década de 1930, a cobertura vegetal da bacia do rio Doce conservou-se de forma significativa, porém após esse período, intensa fragmentação florestal foi observada (ESPINDOLA, 2005), o que comprometeu seriamente sua cobertura vegetal ciliar, qualificando-a como área prioritária para conservação da biodiversidade (DRUMMOND et al., 2005; ABELL et al., 2008; VIEIRA, 2010; NOGUEIRA et al., 2010).

Poucos são os trabalhos de levantamento de espécies de peixes em afluentes e na calha principal do rio Doce (e.g. MOTA; COELHO, 2005; VIEIRA, 2006; MARQUES et al., 2013, SILVA et al., 2013; DERGAM et al., 2017). Atualmente, é estimado um total de 71 espécies de peixes nativas, sendo 11 delas ameaçadas de extinção e 28 espécies exóticas registradas (FUNDAÇÃO BIODIVERSITAS, 2018). Porém, considerando a falta de estudos baseados em revisões atualizadas e a ausência de recursos para amostragens mais densas na região, esses números podem ser considerados subestimados. Apenas cinco espécies de *Astyanax* são descritas como parte da biodiversidade da porção alta dessa bacia (DERGAM et al., 2017). No entanto Silva (2017), após revisar material de coleções, reconhece pelo menos mais três espécies desse gênero como ocorrentes nesta região (*Astyanax giton*, *Astyanax intermedius* e *Astyanax lacustris*) e pelo menos três novas espécies deste gênero, todas da porção alta do rio Doce. Sarmento-Soares et al. (2017) estimam um total de aproximadamente 400 espécies para o rio Doce, baseado em registros das principais coleções brasileiras e mundiais. No entanto, o número de espécies proposto por esses autores pode estar superestimado, considerando-se que nem todos os registros de coleções possuem identificação acurada, sendo muitas vezes feitos por profissionais não especialistas em táxons específicos de peixes.

Em 5 de novembro de 2015 ocorreu a maior catástrofe ambiental do Brasil, com o rompimento das barragens de rejeitos de Fundão e Santarém no município de Mariana/MG. O rejeito proveniente das barragens atingiu os principais rios do alto rio Doce, e conseqüentemente se estendeu por sua calha

principal (LAMBERTZ; DERGAM, 2015). De acordo com Dergam et al. (2017) “o impacto aparente foi maior até a barragem da UHE Risoleta Neves; a montante da barragem, a lama se manteve dentro dos limites da calha do rio. À jusante da UHE, ainda é desconhecido o efeito da alteração na comunidade de peixes”. Estes autores indicam que espécies nativas não generalistas e ameaçadas de extinção, como o surubim-do-rio-Doce ainda existem nos rios Piranga, Manhuaçu e Santo Antônio; assim, estes rios devem ser objeto de cuidados ainda mais intensos de conservação.

Antes do evento de derramamento de rejeito de minério a bacia apresentava vários tipos de impactos antrópicos, exemplificados na condição do rio Piranga:

“Os principais problemas da bacia do rio Piranga são a poluição, a redução da recarga do lençol freático, os problemas de drenagem das estradas rurais, o extrativismo ambiental feito através do desmatamento, da produção de carvão, da extração de pedra e areia, o uso inadequado dos recursos naturais, a fiscalização ineficiente, a falta de mobilização da população e o desestímulo dos produtores rurais em relação ao cuidado com o meio ambiente” (IGAM, 2019).

Considerando a degradação crescente da Mata Atlântica, bioma no qual a bacia está inserida, o elevado número de espécies exóticas e o rompimento das barragens que atingiram a calha principal e os principais formadores do rio Doce, a elaboração de um plano de manejo ambiental para esta bacia se faz necessário e em caráter emergencial.

Planos de manejo ambiental demandam o conhecimento da composição de espécies bem como os padrões de distribuição das mesmas dentro da área em questão. Avaliações de impacto ambiental também demandam este tipo de conhecimento. Uma ferramenta que tem se tornado de grande valia para conhecimento, delimitação e conservação de espécies e populações é a genética. Estudos integrativos (aqueles que mesclam dados moleculares com taxonomia clássica, baseada em caracteres morfológicos e ecologia) têm sido decisivos no reconhecimento e delimitação de espécies (e. g. *Deuterodon pedri* em SILVA et al., 2017 e *Astyanax taeniatus* em SILVA et al., 2019), principalmente nas de difícil taxonomia como é o caso dos peixes da família Characidae.

Antes da iniciação de qualquer trabalho de avaliação de impacto ou proposta de manejo e conservação das espécies de peixes na bacia do rio Doce, é preciso ter uma noção real da composição da ictiofauna desta bacia. Neste sentido, a equipe do Anexo 7 elaborou, como plano inicial do projeto, um levantamento de dados pretéritos ao rompimento das barragens de rejeitos de Fundão e Santarém com base em dados da literatura. Este levantamento indicou o registro de 139 espécies para a bacia do rio Doce das quais 36 são exóticas (DERGAM et al., 2018). Esta lista serviu como base para comparações com os dados obtidos nas campanhas realizadas pelo Anexo 7 na parte capixaba da bacia do rio Doce.

Neste sentido, a proposta de trabalho do Anexo 7 visa o monitoramento e caracterização dos efeitos posteriores à mortandade causada diretamente pelo impacto do derramamento do rejeito de minério e indicando, ainda, outros potenciais impactos sobre esta biota. Entre eles, são destacados os seguintes aspectos: extinção local de espécies, diminuição da abundância e biomassa das espécies nativas, dominância de espécies resilientes e exóticas e a possível substituição de espécies nas

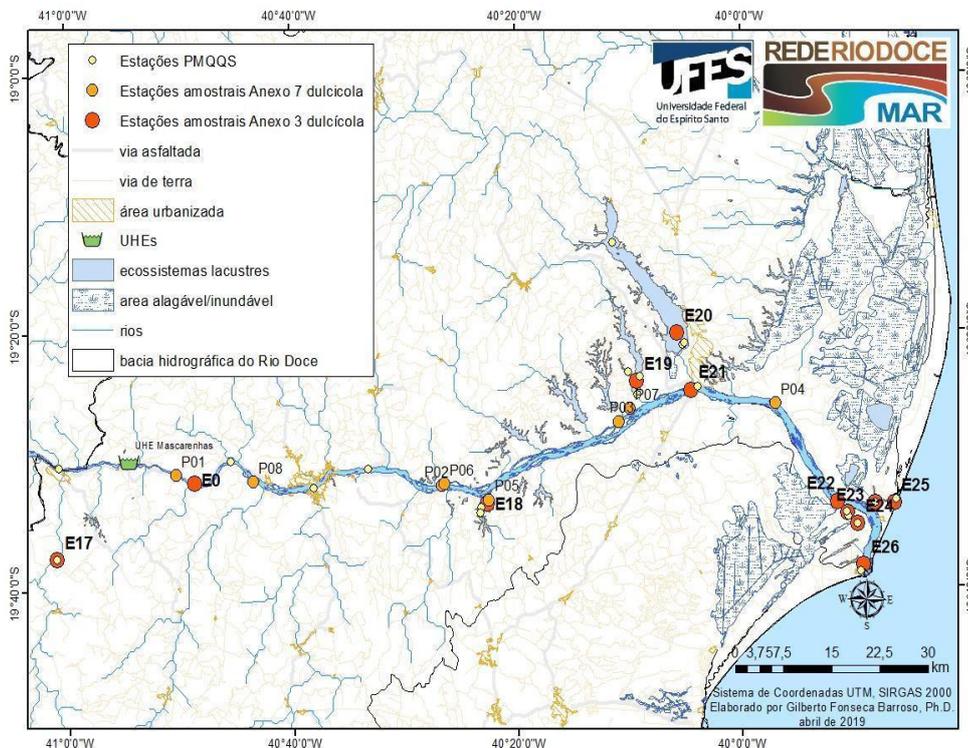
guildas funcionais. No presente relatório são apresentados dados de 12 campanhas amostrais realizadas pela equipe do Anexo 7 Dulcícola, entre outubro de 2018 e setembro de 2019.

2 METODOLOGIA

2.1 ÁREA DE ESTUDO

A equipe de estudos ecológicos e genéticos de peixes dulcícolas realizou, conforme o TR4 e Cláusula 165 do Termo de Transação e de Ajustamento de Conduta (TTAC), 12 campanhas mensais de coleta de peixes na região capixaba, entre os municípios de Baixo Guandu e Linhares. As campanhas, de sete dias de duração, começaram no dia 15 de outubro de 2018 e finalizaram no dia 30 de setembro de 2019. Os locais de coleta foram próximos aos estabelecidos nos termos de referência, envolvendo três ecossistemas: calha do rio Doce, lagoas da região e um córrego (Figura 1, Quadro 1).

Figura 1: Localidades de coleta do Anexo 7 Ictiofauna Dulcícola, em cor alaranjada: P01-P08.



Quadro 1: Localidades de coleta do Anexo 7 Ictiofauna Dulcícola. Ecosistema da calha em azul; ecossistema de lagoa em rosa e ecossistema de córrego em verde.

Nome da estação	Código da estação amostral	Localidade	Northing	Easting
Ponto 1	P01	Rio Doce – Baixo Guandu	306887,11	7840951,32
Ponto 2	P02	Rio Doce próximo à Lagoa do Óleo – Colatina	348416,80	7839526,17
Ponto 3	P03	Rio Doce próximo à Fazenda Três Marias – Linhares	375937,71	7848727,90
Ponto 4	P04	Rio Doce, Povoação – Linhares	400316,47	7851447,55
Ponto 5	P05	Lagoa do Limão – Colatina	355729,15	7837500,87
Ponto 6	P06	Lagoa do Óleo – Colatina	348718,72	7839780,67
Ponto 7	P07	Ribeirão Palmas – Linhares	377565,01	7850611,67
Ponto 8	P08	Rio Doce – Colatina	318988,92	7840070,14

2.2 ECOLOGIA DE PEIXES DULCÍCOLAS

A coleta dos espécimes foi realizada utilizando-se o esforço amostral de nove redes de espera de diferentes malhas (3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, e 14 mm entre nós opostos) que ficaram expostas por quatro horas, 10 passadas com rede de arrasto e 46 lances de tarrafa, em cada ponto. Após a coleta, ainda em campo, todos os peixes foram anestesiados com eugenol e fixados em solução de formalina 10% ou álcool etílico 100%. No laboratório os espécimes foram triados, identificados e submetidos a análises biométricas. O estômago e as gônadas dos espécimes foram retirados e armazenados em álcool etílico 70% para posterior análises estomacais e de desenvolvimento gonadal. Todos os espécimes tiveram tecido muscular amostrado para estudos de cunho molecular e foram transferidos, em solução de álcool etílico 70%, para depósito na coleção ictiológica do Museu de Zoologia João Moojen, na Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Para apresentação das espécies coletadas montou-se uma tabela e cada espécie foi caracterizada, facilitando assim a compreensão da composição da comunidade. Nesta caracterização estão contidas as informações do hábito alimentar das espécies analisadas, bem como os dados de reprodução. A análise estomacal foi quantificada através do método volumétrico com transformação

em porcentagem das categorias encontradas (V%) e para visualização dos grupos de espécies realizou-se uma Análise de Correspondência Destendenciada (DCA). Quando os dados de conteúdo estomacal foram obtidos na literatura, foi indicada a referência dos mesmos.

Em relação às análises gonadais, o sexo dos espécimes foi identificado, bem como seu estágio de desenvolvimento de acordo com o proposto por Vazzoler (1996). O índice gonadossomático foi calculado como o somatório do peso das gônadas, dividido pelo peso corporal e multiplicado por 100 (KENAGY; TROMBULAK, 1986). A partir da relação peso-comprimento foi calculado o fator de condição de cada espécie, que por sua vez é usado como parâmetro para estudo de biomassa ou para estudos bio-ecológicos (LOTRICH, 1973)

Foram realizadas as seguintes análises para estudo da estrutura de comunidades, utilizando o software PAST (HAMMER et al., 2001), e os pacotes codyn (HALLET et al., 2019) e vegan (OKSANEN et al., 2019) do software R v.3.6.1 (R CORE TEAM, 2019):

- Curva do coletor por petrecho de coleta;
- Estimadores de riqueza total;
- Abundância relativa em número de indivíduos e peso;
- Constância de ocorrência;
- Índices ecológicos;
- Cálculo de similaridade entre os pontos baseados na composição e abundância das espécies.

Como a amostragem é desbalanceada, com mais pontos amostrais na calha do rio Doce do que em regiões adjacentes, foi realizada uma comparação entre os pontos par a par e entre as estações do ano, em relação à abundância de espécies exóticas, o que pode indicar um ambiente mais degradado. Foi realizada uma ANOVA bifatorial, com teste *post hoc* de Tukey. Os dados de abundância foram logaritimizados para padronizar discrepâncias entre as espécies de diferentes portes e hábitos reprodutivos.

A coleta de dados ambientais (temperatura, porcentagem de oxigênio dissolvido, salinidade, condutividade, turbidez e pH) foi feita em apenas cinco campanhas (C6 a C9, e C12) utilizando-se sonda multi-parâmetro. Realizou-se uma Análise de Correspondência Canônica (CCA) para testar a influência dos parâmetros abióticos sobre a distribuição das espécies. Para esta análise foram considerados os dados de abundância das espécies coletadas durante as cinco campanhas supracitadas. Apenas as espécies que representam mais de 1% do total de indivíduos coletados foram utilizadas.

2.3 GENÉTICA DE PEIXES DULCÍCOLAS

Cinco amostras de cada espécie para estudo de DNA barcode foram enviadas em dezembro de 2018 para estudos moleculares, desenvolvidos sob a orientação do Prof. Tomas Hrbek, no Laboratório de Evolução e Genética Animal, na Universidade Federal do Amazonas. Em fevereiro, foram selecionadas 20 espécies para obtenção de primers de microsatélites para estudos de genética molecular de populações. No final de julho de 2019, foram enviadas 1.457 amostras, pertencentes às 20 espécies, para análise. Adicionalmente, foram enviadas em agosto 346 amostras das seções do alto e médio rio Doce para análises de genética de populações utilizando marcadores mitocondriais, nucleares e microsatélites. Apesar de o termo especificar que fossem analisadas 15 espécies, foram selecionadas 20, caso alguma não alcançasse representação amostral suficiente requeridas para as análises populacionais.

Para as análises populacionais, foram geradas sequências de COI e do gene nuclear *Myh6* das 15 espécies selecionadas. No que se refere as espécies identificadas morfológicamente como um táxon, mas usando o DNA *barcode* delimitadas com mais que uma linhagem (*Hoplias malabaricus*, por exemplo), as análises foram feitas para cada linhagem. No caso das espécies do gênero *Astyanax*, dado a polifilia das espécies identificadas morfológicamente, mais a divergência recente entre as linhagens/espécies delimitadas pelo DNA *barcoding*, optamos por analisar os dados seguindo a identificação morfológica.

O DNA foi extraído para todas as amostras a serem utilizadas nas análises de *Barcoding* e genética de populações. Em seguida, foi checada a qualidade do DNA, e a região *barcode* do gene mitocondrial citocromo oxidase subunidade I (COI) foi amplificada usando a combinação dos iniciadores COIFishF.2 (5'-TTRTGGRGCTACAAICCC-3') e COIFishR.1 (5'-TACTTCIGGGTGICCRAAGAAAYCA-3') (COLATRELI et al., 2012). Para as análises populacionais, também foi utilizado este gene, junto com os genes nucleares *Myh6* e *Glyt*, os quais foram amplificados usando os iniciadores e a estratégia descrita no trabalho de Li et al. (2007).

Primers de microsatélites foram desenvolvidos para seis das 15 espécies escolhidas para as análises de genética de populações, usando genomas depositadas no GenBank (banco de dados genéticos público). Foram filtrados os genomas utilizando o programa MISA (BEIER et al., 2017) para encontrar regiões repetitivas no genoma de cada uma das espécies. Quando essas regiões foram encontradas, um fragmento de tamanho entre 100 e 280 pb que contivesse a região repetitiva foi anotado, incluindo as regiões flangeadoras dos microsatélites candidatos. Dentre as características desejadas os loci microsatélites deveriam ser simples (não compostos), do tipo dinucleotídeos (com motivo de repetição de dois nucleotídeos) e perfeitos (sem interrupções). Foram selecionados aleatoriamente 1000 loci de microsatélites perfeitos, com o mínimo de 10 repetições, espalhados pelo genoma de cada uma das espécies, mas representando todos os *linkage groups* quando essa informação estava disponível. Em seguida esse conjunto de 1000 loci foi filtrado para atingir as seguintes especificações: temperatura de anelamento do primer entre 59 e 61°C, tamanho

máximo do primer de 21 bp, número mínimo de repetições 15, número máximo de repetições 25, primers sem repetições ou homopolímeros, tamanho total do amplicon entre 195 e 235 bp.

Para a espécie *Poecilia vivipara* foram identificados, após essa filtragem, 51 pares de primers, dos quais 30 pares foram comprados. O mesmo procedimento para o desenho e filtragem de primers foi feito para o grupo das espécies *Astyanax giton*, *Astyanax lacustris*, *Astyanax intermedius*, *Astyanax* sp1 e *Astyanax* sp2, e para todas essas espécies 30 pares de primers foram comprados. Os primers foram desenhados de forma que todos possam ser utilizados ao mesmo tempo na genotipagem de todos os indivíduos da espécie para os quais eles foram desenvolvidos, para que as genotipagens possam ser realizadas via sequenciamento NGS. Esses primers estão na fase de testes. Para as demais espécies escolhidas para as análises genético populacionais (*Prochilodus vimboides*, *Hoplias malabaricus*, *Geophagus brasiliensis*, *Hypostomus affinis*, *Loricariichthys castaneus*, *Rhamdia quelen*, *Knodus* sp., *Pachyurus adspersus*, *Brycon dulcis*, *Brycon opalinus*, *Oligosarcus solitarius*, *Oligosarcus acutirostris*, *Oligosarcus argenteus* e *Steindachneridion doceanum*), foram fragmentados os genomas, e usando sondas genéticas com elementos repetitivos, esses genomas foram enriquecidos para os elementos repetitivos. Assim enriquecidos, os genomas foram sequenciados, e atualmente estamos na fase de processamento desses dados genômicos.

Finalmente, foi desenhado um *pipeline* que automatiza extração dos dados microssatélites das corridas do NGS. Especificamente, o *pipeline* separa todos os dados por indivíduo e depois por microssatélite, calculando tamanho dos elementos repetitivos para cada alelo de cada loco, e convertendo os dados nos formatos dos programas nos quais os dados genético populacionais serão analisados.

2.3.1 Delimitação de espécies e distâncias genéticas

2.3.1.1 Análises de agrupamento filogenético

Para determinar as relações filogenéticas entre as espécies e populações de peixes coletados foi utilizada a metodologia do DNA *Barcode* (HEBERT et al., 2004) que usa o gene COI + árvore de *neighbor-joining* + modelo evolutivo Kimura - 2 - parâmetros. Entre os métodos que usam distâncias genéticas, o *neighbor-joining* é um dos mais usados, principalmente por causa da sua eficiência computacional, especialmente quando a quantidade de sequências analisadas é muito grande. Este método funciona em passos, minimizando a soma dos comprimentos dos ramos a cada passo do processo de agregação (“clusterização”) das sequências (KUMAR et al., 2008).

Para as análises de delimitação das espécies baseadas nos princípios da coalescência, os bancos de dados de sequências foram reduzidos a haplótipos únicos usando a função hapCollapse (<http://github.com/legalLab/protocols-scripts>). Em seguida, foram geradas árvores filogenéticas ultramétricas no programa BEAST 2.5.1 (BOUCKAERT et al., 2014) sob o modelo de substituição de nucleotídeos TIM3 + G inferido como o melhor modelo de evolução molecular no programa

JmodelTest 2.1.10 (POSADA, 2008). O relógio molecular utilizado foi o log normal relaxado não correlacionado e o modelo evolutivo coalescente de tamanho populacional constante (seguindo MONAGHAN et al., 2009). Foram executadas três corridas independentes de 20.000.000 de gerações de MCMC com árvores e parâmetros amostrados a cada 2.000 gerações e, após verificar a convergência, as corridas foram combinadas no LogCombiner 2.5.1 (RAMBAUT; DRUMMOND, 2018). A convergência dos parâmetros e o tamanho efetivo da amostra ($ESS > 200$) foram verificados no Tracer 1.7 (RAMBAUT et al., 2018). Uma árvore de máxima credibilidade do clado foi obtida após o *burn-in* de 1.000 árvores usando TreeAnnotator (BOUCKAERT et al., 2014). Todas as análises foram feitas no CIPRES gateway (MILLER et al., 2010; <https://www.phylo.org>).

2.3.1.2 Delimitação de espécies

Foram utilizados quatro métodos de delimitação de espécies de um único locus utilizando as sequências geradas neste projeto e as sequências do alto rio Doce provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). Os complexos de espécies identificados foram analisados comparativamente com dados de sequências depositadas no GenBank. Os métodos de delimitação utilizados foram: (1) GMYC, o modelo coalescente geral de Yule (FUJISAWA; BARRACLOUGH, 2013); (2) bGMYC, uma implementação bayesiana do GMYC (REID; CARSTENS, 2012); (3) mínimo local (locMin), uma otimização de limite de distância e abordagem de agrupamento do pacote de software spider_1.3-0 (BROWN et al., 2012); e (4) mPTP, o método de processo de árvore de poisson (ZHANG et al., 2013). Todas as análises foram realizadas no R v3.6.1. (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011). As metodologias seguiram os padrões preestabelecidos em Machado et al. (2018).

2.3.1.3 Identificação de complexos de espécies

Os táxons que apresentaram mais de uma linhagem em alguma metodologia de delimitação foram considerados como complexos de espécies. Complexos de espécies são diversas linhagens/clusters que são nomeados como uma única espécie. Esses complexos geralmente representam uma subestimação da diversidade biológica em uma área e podem representar potenciais espécies novas (e.g. MACHADO et al., 2018).

2.3.1.4 Distância e diversidade genética

As distâncias genéticas inter e intraespecíficas (máxima e mínima) das amostras utilizadas foram calculadas através de matrizes de distâncias- p utilizando o pacote ape. Os gráficos foram plotados em nível intra e interespecífico utilizando o pacote ggtree (YU et al., 2017). Todas as análises foram realizadas no programa R v3.6.1. (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

2.3.1.5 Análises genético populacionais

Para as análises populacionais foram utilizadas todas as amostras provenientes das coletas do Anexo 7 no baixo rio Doce, as amostras do alto e médio rio Doce provenientes do trabalho de Sales et al. (2018) e da coleção MZUFV. A estrutura populacional e a relação entre os haplótipos foram inferidas utilizando o programa Hapviewer (SALZBURGER et al., 2011). A distância genética intraespecífica para os grupos identificados a partir da delimitação das espécies, assim como o número de sítios variáveis, o número de singletons, os sítios parcimoniosamente informativos e as frequências médias dos nucleotídeos, foram estimados no programa MEGA 6 (TAMURA et al., 2013). O número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, o F_s de F_u e o D de Tajima, foram inferidos no software Arlequin v3.5.2 (EXCOFFIER; LISCHER, 2011).

3 RESULTADOS

3.1 ECOLOGIA DE PEIXES DULCÍCOLAS

3.1.1 Diversidade da ictiofauna no trecho capixaba

Ao todo, foram coletados 43.317 espécimes, totalizando uma biomassa de 212 kg. Foram registradas 69 espécies, correspondendo a 30 famílias de peixes de água doce e estuarinos pertencentes a 12 ordens, sendo 41 nativas e 28 exóticas (Quadro 2) Cinquenta e seis delas são de ampla distribuição no rio Doce e em bacias adjacentes e quatro são endêmicas da bacia do rio Doce (*Astyanax* sp.1, *Australoheros* sp., *Prochilodus vimbooides* e *Pimelodus* sp.) (Quadro 2). Trinta e quatro espécies são de interesse comercial ou de subsistência, das quais 19 são exóticas e 15 nativas (Quadro 2). Das 69 espécies registradas, 18 foram encontradas pela primeira vez na bacia durante as expedições de coleta RRDM, sendo sete nativas (*Achirus* cf. *mucuri*, *Caranx bartholomaei*, *Elops saurus*, *Microcambeva* cf. *barbata*, *Microphis lineatus*, *Pimelodus* sp. e *Pomadasys ramosus*) e dez exóticas (*Aequidens* cf. *plagiozonatus*, *Crenicichla* cf. *lepidota*, *Gymnotus* cf. *sylvius*, *Hoplerythrinus unitaeniatus*, *Hypostomus* cf. *commersoni*, *Metynnis lippincottianus*, *Pimelodus* cf. *britskii*, *Pterygoplichthys etentaculatus*, *Pterygoplichthys pardalis* e *Pygocentrus piraya*).

De acordo com os dados pretéritos (DERGAM et al., 2018), dentre as 103 espécies nativas, 53 são de ampla distribuição para a bacia, e as 36 exóticas registradas estão amplamente distribuídas no rio Doce. Estas 89 espécies de distribuição ampla foram assumidas como presentes no trecho afetado, antes do evento de derramamento de rejeito de minério da barragem de Fundão.

Das 53 espécies nativas de ampla distribuição na bacia, apenas 31 foram registradas no presente estudo (Quadro 3), sendo *Poecilia vivipara* a mais abundante. Houve uma predominância de espécies insetívoras e piscívoras na amostragem. Já espécies detritívoras ou raspadoras de fundo,

tiveram um registro mais baixo e, muitas das que apresentam ampla distribuição na bacia, não foram registradas.

Das 36 espécies exóticas citadas para o rio Doce de acordo com o relatório de dados pretéritos, 17 foram registradas. Assim como nas espécies nativas, a maior parte dos registros foi de espécies piscívoras. Espécies exóticas detritívoras ou raspadores de fundo ocorreram em baixa frequência ou não foram coletadas. A espécie exótica mais abundante foi *Oreochromis niloticus*. As espécies detritívoras *P. etentaculatus* e *P. pardalis* apresentaram quatro e dois registros, respectivamente, enquanto a onívora *P. piraya* e a herbívora *M. lippincottianus* foram representadas por 11 e 197 exemplares, respectivamente.

Apenas uma das espécies coletadas encontra-se na lista vermelha das espécies ameaçadas do Brasil (ICMBIO, 2018): *Prochilodus vimboides* (vulnerável). Essa espécie difere das demais espécies do gênero *Prochilodus* pelo número de escamas na linha lateral (34-39 vs. 40-64 nas demais congêneres) (CASTRO; VARI, 2004).

Quadro 2: Lista de espécies de peixes da bacia do baixo rio Doce, coletadas durante as 12 campanhas amostrais do Anexo 7 Dulcícola.

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
Characiformes	Anostomidae	<i>Megaleporinus conirostris</i> (Steindachner 1875)	Piau branco	X		X			X
	Bryconidae	<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier 1816)	Dourado		X	X			X
	Characidae	<i>Astyanax aff. fasciatus</i> (Günther 1860)	Piaba / Lambari	X					X
		<i>Astyanax giton</i> (Eigenmann 1908)	Piaba / Lambari	X					X
		<i>Astyanax intermedius</i> (Eigenmann 1908)	Piaba / Lambari	X					X
		<i>Astyanax lacustris</i> (Lütken 1875)	Piaba / Lambari	X		X			X
		<i>Astyanax</i> sp. 1	Piaba / Lambari	X				X	
		<i>Hyphessobrycon eques</i> (Steindachner 1882)	Mato Grosso		X	X			X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
		<i>Knodus</i> sp.	Piaba / Lambari	X					X
		<i>Moenkhausia vittata</i> (Castelnau 1855)	Piaba / Lambari	X					X
		<i>Oligosarcus acutirostris</i> (Menezes 1987)	Lambari bocarra	X		X			X
		<i>Oligosarcus argenteus</i> (Günther 1864)	Lambari bocarra	X		X			X
		<i>Serrapinnus heterodon</i> (Eigenmann 1915)	Piabinha	X					X
	Erythrinidae	<i>Hoplias intermedius</i> (Günther 1864)	Trairão		X	X			X
		<i>Hoplias malabaricus</i> (Bloch 1794)	Traíra	X		X			X
		<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i> (Spix & Agassiz 1829)	Jeju	X					X
	Prochilodontidae	<i>Prochilodus argenteus</i> (Spix & Agassiz 1829)	Curimba		X	X			X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
		<i>Prochilodus costatus</i> (Valenciennes 1850)	Curimba		X	X			X
		<i>Prochilodus vimboides</i> (Kner 1859)	Curimba	X		X	X	X	
	Serrasalminidae	<i>Metynnis lippincottianus</i> (Cope 1870)	Pacuzinho / CD		X	X			X
		<i>Pygocentrus nattereri</i> (Kner 1858)	Piranha vermelha		X	X			X
		<i>Pygocentrus piraya</i> (Cuvier 1819)	Piranha preta		X	X			X
Cichliformes	Cichlidae	<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i> Kullander 1984	Acará		X				
		<i>Australoheros</i> sp.	Acará	X				X	
		<i>Cichla monoculus</i> (Spix & Agassiz 1831)	Tucunaré		X	X			X
		<i>Cichla cf. kelberi</i> (Kullander & Ferreira 2006)	Tucunaré		X	X			

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
		<i>Cichla cf. ocellaris</i> (Bloch & Schneider 1801)	Tucunaré		X	X			
		<i>Astronotus ocellatus</i> (Agassiz 1831)	Oscar		X				X
		<i>Crenicichla lepidota</i> (Heckel 1840)	Jacundá		X				X
		<i>Geophagus brasiliensis</i> (Quoy & Gaimard 1824)	Cará / Acará	X					X
		<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus 1758)	Tilápia		X	X			X
		<i>Coptodon rendalli</i> (Boulenger 1897)	Tilápia		X	X			X
Clupeiformes	Engraulidae	<i>Lycengraulis grossidens</i> (Spix & Agassiz 1829)	Sardinha	X					X
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i> (Peters 1859)	Barrigudinho		X				X
		<i>Poecilia vivipara</i> (Bloch & Schneider 1801)	Barrigudinho	X					X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
Elopiformes	Elopidae	<i>Elops saurus</i> (Linnaeus 1766)	Ubarana	X					X
Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus cf. sylvius</i> (Albert & Fernandes-Matioli 1999)	Sarapó / Peixe faca		X				X
Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus carapo</i> Linnaeus 1758	Sarapó / Peixe faca		X				X
Mugiliformes	Mugilidae	<i>Mugil curema</i> (Valenciennes 1836)	Tainha	X		X			X
Perciformes	Carangidae	<i>Caranx bartholomaei</i> (Cuvier 1833)	Xaréu	X		X			X
		<i>Caranx latus</i> (Agassiz 1831)	Xaréu	X		X			
	Centropomidae	<i>Centropomus parallelus</i> (Poey 1860)	Robalo	X		X			X
	Gobiidae	<i>Awaous tajasica</i> (Lichtenstein 1822)	Peixe-flor	X					X
	Haemulidae	<i>Pomadasys ramosus</i> (Poey 1860)	Cocoroca	X					X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
	Sciaenidae	<i>Pachyurus adspersus</i> (Steindachner 1879)	Corvina	X		X			X
	Gereiidae	<i>Eucinostomus cf. argenteus</i> Baird & Girard 1855	Carapicu	X					X
Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Achirus cf. mucuri</i> (Ramos, Ramos & Lopes 2009)	Linguado	X		X		X	
Siluriformes	Ariidae	<i>Genidens genidens</i> (Cuvier 1829)	Bagre curiaçu	X		X			X
	Auchenipteridae	<i>Pseudauchenipterus affinis</i> (Steindachner 1877)	Cumbaca	X					X
		<i>Trachelyopterus striatulus</i> (Steindachner 1877)	Cumbaca	X					X
	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i> (Gill 1858)	Camboatzinho	X					X
		<i>Hoplosternum littorale</i> (Hancock 1828)	Tamboatá		X				X
	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i> (Burchell 1822)	Bagre africano		X	X			X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
	Heptapteridae	<i>Pimelodella</i> sp.	Mandi	X					X
		<i>Rhamdia quelen</i> (Quoy & Gaimard 1824)	Bagre / Jundiá	X		X			X
	Loricariidae	<i>Hypostomus affinis</i> (Steindachner 1877)	Cascudo	X					X
		<i>Hypostomus luetkeni</i> (Steindacher 1877)	Cascudo	X					X
		<i>Hypostomus</i> cf. <i>commersoni</i> Valenciennes 1836	Cascudo		X				X
		<i>Loricariichthys castaneus</i> (Castelnau 1855)	Cascudo	X					X
		<i>Pterygoplichthys etentaculatus</i> (Spix & Agassiz 1829)	Cascudo abacaxi		X	X			X
		<i>Pterygoplichthys pardalis</i> (Castelnau, 1855)	Cascudo		X	X			
	Pimelodidae	<i>Lophiosilurus alexandri</i> (Steindachner 1876)	Pacumã		X	X			X

Classificação taxonômica								Distribuição	
Ordem	Família	Espécie	Nome popular	Nativa	Exótica	Comercial	Lista vermelha	Endêmica	Ampla
		<i>Pimelodus cf. britskii</i> (Garavello & Shibatta 2007)	Mandi		X	X			
		<i>Pimelodus maculatus</i> (Lacepède 1803)	Mandi Chorão		X	X			X
		<i>Pimelodus</i> sp.	Mandi	X		X			
	Trichomycteridae	<i>Microcambeva cf. barbata</i> (Costa & Bockmann 1994)	Cambeva	X					X
		<i>Trichomycterus cf. alternatus</i> (Eigenmann 1917)		X					
Synbranchiformes	Synbranchidae	<i>Synbranchus marmoratus</i> (Bloch 1795)	Mussum		X				X
Syngnathiformes	Syngnathidae	<i>Microphis lineatus</i> (Kaup 1856)	Peixe-cachimbo	X					X
Total: 12	30	69	-	41	28	34	1	4	57

Quadro 3: Cinquenta e três espécies nativas de ampla distribuição de acordo com o relatório de dados pretéritos e que seriam esperadas no trecho capixaba do Rio Doce.

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
<i>Hypomasticus mormyrops</i> – Timburé	Não	Raspador de fundo - abundante nos rios Piranga e Santo Antônio	Fricke et al. (2019). Síntipos rio Doce - MNHN 1913-0132, MNHN 0133, NMW 68350-54. Bacias costeiras entre Paraíba do sul e rio Mucuri (VIEIRA et al., 2015).
<i>Megaleporinus conirostris</i> – Piau-branco	Sim (20)	Carnívoro - Abundante nos rios Piranga e Santo Antônio	Fricke et al. (2019). Síntipos rio Doce. Registros coleções Alto: MZUFV 3914, 4014, 4480-Candongga, MZUFV 4673-rio Piranga; Médio: MZUFV 3720-rio Santo Antônio, MZUFV 4808-Aimorés. Bacias dos rios Doce, Mucuri e Paraíba do Sul (VIEIRA et al., 2015).
<i>Leporinus copelandii</i> – Piau vermelho	Não	Comum em todos os tributários da calha do rio Doce	Fricke et al. (2019). Síntipos rio Doce. Registros coleções Alto: MZUFV 4001, 4502, 4669 - Candonga, 4672 – rio Piranga, 5027- rio Matipó, 5258 – UHE Brecha, Guaraciaba; Médio: MZUFV 3702 – Suaçuí Pequeno; 3708, 3745, 4501, rio Santo Antônio; 3903 – rio Preto do Itambé; 4708 – rio Manhuaçu; Baixo: MZUFV 4599 – rio Guandu. Brasil entre o rio Mucuri e o rio Paraíba do Sul (VIEIRA et al., 2015).
<i>Astyanax aff. fasciatus</i> - Lambari	Sim (34)	Onívoro – Ocorre no alto rio Doce	Ampla distribuição bacias brasileiras (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 443 – rio casca; 466 – rio Turvão; 2995 – UHE Brecha; Baixo: MZUFV 4608 - rio Guandu.
<i>Astyanax cf. giton</i> - Lambari	Sim (1.256)	Insetívoro	Registros coleções Alto: MZUFV 3886 – Córrego quebra ossos; 4361 – córrego Latão; 4858 – rio Matipó; 5246 – Candonga;

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			Médio: MZUFV 5355 – Lagoa Tiririca; 5361 – Lagoa Juiz de Fora; 5369 – rio Santo Antônio.
<i>Astyanax hastatus</i> - Lambari	Não	Onívoro	Registro de coleta em 1948 por Travassos. Baixo: MNRJ 21822 – Linhares (coletado em 1948); MZUSP 26604 Lagoa Juparanã, Linhares.
<i>Astyanax jequitinhonhae</i> – Lambari	Não	Onívoro	Está na sinonímia de <i>Astyanax fasciatus</i> . Um artigo já está em preparação para revalidação da espécie. Registros coleções Alto: MZUFV 2826 – UHE emboque; 5386 – Viçosa; Médio: MZUFV 3602 – Lagoa Tiririca; 3902 – rio Preto do Itambé; 5362 – Ribeirão Mumbaça; 5349 – Lagoa Linguíça.
<i>Astyanax lacustris</i> – Lambari-de-rabo-amarelo	Sim (1.032)	Insetívoro	Amplamente distribuída nos rios costeiros do Brasil. Registro em todos os principais afluentes do rio Doce (VIEIRA et al., 2015). Registros coleções Alto: MZUFV 2313 – Canaã; 2564 – UHE Emboque; Médio: MZUFV 3672 – Lagoa Linguíça; 3721 – rio Santo Antônio; 5104 – rio Guanhões; Baixo: MZUFV 4803 – rio Doce, Aimorés; 4597 – rio Guandu.
<i>Astyanax</i> sp.1	Sim (133)	Onívoro	Registros coleções Alto: MZUFV 5292, 5329, 5249; Médio: MZUSP 058470, 101028 – rio Santo Antônio; MCP 34245 – rio Corrente Grande; MCP 13797 rio Taquaraçu; Baixo: MNRJ 17216 Lagoa Juparanã, MCP 15004 – rio Santa Maria do rio Doce, Colatina.
<i>Astyanax scabripinnis</i> – Lambari	Não	Afluentes do rio Doce	Registros coleções Alto: MZUFV 5278 – calha principal rio Doce; MZUFV 5382 – UHE Candonga; MZUFV 5392 Lagoa UFV, Viçosa;

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			<p>Médio: MZUSP 75389 - rio Preto, afluente rio Santo Antônio; MZUSP 75329 – rio Guanhães, Dores de Guanhães;</p> <p>Baixo: MZUSP 016366 – rio Doce, Linhares.</p>
<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i> – Lambari-limão	Não	Ocorre no alto e no médio rio Doce	Ampla distribuição nas bacias costeiras do Espírito Santo até o Rio Grande do Sul, e no alto Paraná (FRICKE et al., 2019).
<i>Knodus</i> sp.	Sim (1.522)	Insetívoro - Ocorre no rio Doce	<p>Erroneamente referido como <i>Knodus moenkhausii</i> por Vieira et al. (2015). Amplamente distribuído pela bacia do rio Doce.</p> <p>Registros coleções</p> <p>Alto: MZUFV 5390, MZUFV 4471, MZUFV 4476, MZUFV 4478, MZUFV 4486, MZUFV 4487 – UHE Candonga, rio Doce;</p> <p>Médio: MZUFV 3899 – São João Evangelista; MZUFV 5375 - rio Preto, Itambé do Mato Dentro.</p>
<i>Moenkhausia vittata</i> – Lambari	Sim (46)	Ocorre no médio rio Doce	<p>Fricke et al. (2019).</p> <p>Síntipos: MNHN 1913-0135 MNHN 0136; NMW 57389, NMW 57591, todos coletados no rio Doce.</p> <p>Registros coleções</p> <p>Médio: MZUFV 5122 – Lagoa Ferrugem, Dionísio; MZUFV 4151, MZUFV 4247, MZUFV 5350 – Lagoa Linguíça, Pingo d'água.</p>
<i>Oligosarcus acutirostris</i> – Lambari-bocarra	Sim (1)	Carnívoro - Ocorre nas bacias costeiras	Ampla distribuição nas bacias costeiras entre o estado do Espírito Santo e Bahia (FRICKE et al., 2019).
<i>Oligosarcus argenteus</i> – Lambari-bocarra	Sim (5)	Carnívoro - Ocorre no alto e médio rio Doce	<p>Ampla distribuição nas bacias dos rios Doce, Das Velhas e alto Paraná (FRICKE et al., 2019).</p> <p>Registros coleções</p> <p>Alto: MZUFV 3953 – Córrego do mosquito, Catas Altas; MZUFV 3959 – Ribeirão Caraça, Santa Bárbara; MZUFV 3963, 3964</p>

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			<p>– Lagoa Samarco, Mariana; MZUFV 4479, 4491 – UHE Candonga, rio Doce; Médio: MZUFV 4717 – rio Manhuaçu, Ipanema; Baixo: MZUFV 4812 – rio Doce, Aimorés. Amplamente distribuído nas bacias do rio Doce e cabeceiras do rio das Velhas e Paraopeba (VIEIRA et al. 2015).</p>
<i>Serrapinnus heterodon</i>	Sim (146)	Insetívoro - Ocorre no alto e médio rio Doce	<p>Ampla distribuição nas bacias do rio São Francisco, alto Paraná e bacias costeiras do Nordeste (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 4474, MZUFV 5267 – UHE Candonga, rio Doce; MZUFV 5275 Lagoa Marginal à calga principal do rio Doce, Santa Cruz do Escalvado; Médio: MZUFV 5281 – rio Santo Antônio, Ferros; Baixo: Ingenito e colaboradores (2016) - MBML 9800 - Colatina, Lagoa da Cobra Verde ou Pau Gigante, tributário do rio Doce; MBML 9827 - Lagoa do Doutor, Linhares.</p>
<i>Characidium interruptum</i> – Canivete	Não	Ocorre no alto e médio rio Doce	Ampla distribuição nas terras baixas dos tributários da região Sudeste (FRICKE et al., 2019).
<i>Characidium timbuiense</i> – Canivete	Não	Detritívoro – Alto rio Doce	Registro nos rios Gualaxo do Norte e rio Piracicaba de acordo com Vieira e colaboradores (2015).
<i>Characidium</i> sp. - Canivete	Não	Ocorre no alto e médio rio Doce	<p>Registros coleções Alto: MZUFV 4154, MZUFV 5385 – UHE Candonga, rio Doce; MZUFV 5250 – rio Matipó, Raul Soares; Médio: MZUFV 4187 – Lagoa Linguíça, Pingo d’água.</p>
<i>Cyphocharax gilbert</i> – Sardinha	Não	Detritívoro – Médio rio Doce	<p>Ampla distribuição nas bacias costeiras do leste do Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções</p>

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			Médio: MZUFV 4711 – rio Manhuaçu, Ipanema.
<i>Hoplias malabaricus</i> – Traíra	Sim (95)	Carnívoro - Ocorre no rio Doce	Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019; VIEIRA et al., 2015). Registros coleções Alto: MZUFV 2068 – Ponte Nova; 2153 – rio Piranga; 2265 – rio Casca; Médio: MZUFV 2608 – Lagoa Carioca; 2784 – rio Santo Antônio; 2829 – Lagoa Dom Helvécio; Baixo: MZUFV 4716 – rio Manhuaçu, Ipanema; 4806 – rio Doce, Aimorés.
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	Sim (10)	Médio rio Doce - Onívoro	Ampla distribuição nos rios costeiros da América do Sul (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Médio: MZUFV 3565 – Lagoa Carioca, Dionísio.
<i>Prochilodus vimbooides</i> – Curimba	Sim (1)	Detritívoro – Calha do rio Doce	Ampla distribuição nos rios costeiros do Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 1924, 2042 – rio Piranga, Guaraciaba; 4031 – Candonga, rio Doce; Médio: MZUFV 3634 – Lagoa Tiririca; 3676 – Lagoa Juiz de Fora.
<i>Crenicichla lacustris</i> – Jacundá	Não	Carnívoro – ocorre no rio Doce	Ampla distribuição nos rios costeiros do Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Médio: MZUFV 3463 – Lagoa Ferrugem, Dionísio; 4028 – rio Santo Antônio, Ferros; 5109 – Córrego Esmeralda, Ferros; Baixo: MZUFV 4821 – rio Doce, Aimorés
<i>Geophagus brasiliensis</i> – Acará, cará	Sim (2.169)	Insetívoro - Ocorre no rio Doce	Ampla distribuição nos rios costeiros da América do Sul (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 3116 – Canaã; 5043 – rio Piranga, Ponte Nova; 3100 – Guaraciaba; Médio: MZUFV 4127 – rio Santo Antônio, Ferros; 3980 – Lagoa Cristal; 5353 – Lagoa Linguíça;

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			Baixo: MZUFV 4710 – rio Manhuaçu, Ipanema; 4820 – rio Doce, Aimorés.
<i>Lycengraulis grossidens</i> – Manjuba	Sim (10)	Ocorre no médio rio Doce	Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Médio: MZUFV 3679 – Lagoa Juiz de Fora.
<i>Poecilia vivipara</i> - Barrigudinho	Sim (9.718)	Detritívoro - Ocorre no médio rio Doce	Distribuição da Venezuela ao Sul do Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Baixo: MZUFV 1699 – rio Manhuaçu, Manhuaçu.
<i>Gymnotus aff. carapo</i> - Sarapó	Sim (1)	Carnívoro - Ocorre no rio Doce	Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 856 – Ponte Nova; 2823 – Raul Soares; 3298 – Viçosa; Médio: MZUFV 3570 – Lagoa Carioca, Dionísio; Baixo: MZUFV 4817 – rio Doce, Aimorés.
<i>Mugil curema</i> - Tainha	Sim (654)	Detritívoro - Comum na região costeira	Distribuição na costa do Atlântico (FRICKE et al., 2019).
<i>Caranx latus</i> - Xaréu	Sim (1)	Piscívoro	Distribuição em todo o Atlântico Leste, da Nova Jersey (EUA) até Santa Catarina (Brasil) (FRICKE et al., 2019).
<i>Centropomus undecimalis</i> – Robalo	Não	Piscívoro	Distribuição em todo o Atlântico Leste, da Carolina do Norte (USA) até o Uruguai (FRICKE et al., 2019).
<i>Centropomus parallelus</i> – Robalo-branco	Sim (14)	Invertívoro	Distribuição em todo o Atlântico Leste, da Flórida (EUA) até o Sul do Brasil (FRICKE et al., 2019).
<i>Eugerres brasiliensis</i> – Carapeba listrada	Não	Piscívoro	Ampla distribuição no Atlântico leste, sendo registrada de Nova Jersey – EUA até o sul do Brasil (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).
<i>Awaous tajassica</i> – Peixe-flor	Sim (2.186)	Bentófago	Distribuição em todo o Atlântico Leste, da Flórida (EUA) até Santa Catarina (Brasil) (FRICKE et al., 2019).
<i>Pachyurus adspersus</i> – Curvina	Sim (6.985)	Insetívoro – Médio e baixo rio Doce	Ampla distribuição nos rios costeiros do Brasil (FRICKE et al., 2019).

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			<p>Registros coleções</p> <p>Alto: MZUFV 1950 – rio Piranga, Guaraciaba; 2134, 3175 – Ponte Nova;</p> <p>Médio: MZUFV 2789 – rio Santo Antônio, Ferros; 2831 - Lagoa Dom Helvécio, Dionísio; 3272 – Lagoa Silvana;</p> <p>Baixo: MZUFV 4817 – rio Doce, Aimorés.</p>
<i>Achirus declivis</i> – Sola-de-albatroz	Não	Piscívoro - Ocorre na região costeira	Ampla distribuição no Atlântico Leste (FRICKE et al., 2019).
<i>Genidens genidens</i> – Bagre-curiaçu	Sim (27)	Bentófago - Ocorre na região costeira	Ampla distribuição nos rios costeiros da América do Sul (FRICKE et al., 2019).
<i>Potamarius grandoculis</i> - Bagre-curiaçu	Não	Piscívoro - Ocorre na região costeira	Distribuição nas lagoas costeiras do sudeste do Brasil (FRICKE et al., 2019).
<i>Trachelyopterus striatulus</i> - Cumbaca	Sim (30)	Insetívoro	<p>Ampla distribuição nos rios costeiros do sudeste do Brasil (FRICKE et al., 2019).</p> <p>Registros coleções</p> <p>Alto: MZUFV 5005, 5009, 5014 – rio Doce;</p> <p>Médio: MZUFV 3531, 3590 – Lagoa Carioca; 3787 – rio Santo Antônio, Ferros;</p> <p>Baixo: MZUFV 4996 – rio Doce, Aimorés.</p>
<i>Callichthys callichthys</i> - Tamboatá	Não	Ocorre no médio rio Doce	<p>Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019).</p> <p>Registros coleções</p> <p>Médio: MZUFV 3606 – Lagoa Tiririca; 3707 – rio Santo Antônio, Ferros; 3828 – rio Piracicaba.</p>
<i>Corydoras aeneus</i> - Coridoras	Sim (4)	Alimentadores de fundo no alto e médio rio Doce - Insetívoro	Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019).
<i>Corydoras nattereri</i> - Coridoras	Não		Ocorrência nos rios costeiros do sudeste do Brasil, do Espírito Santo ao Paraná (FRICKE et al., 2019).
<i>Pimelodella</i> sp. – Mandi-chorão	Sim (23)	Carnívoro	<p>Registros coleções</p> <p>Alto: MZUFV 294 – Senador Firmino; 297 – Canaã; 3457 – rio Casca;</p> <p>Médio: MZUFV 3785, 3790, 3794 – rio Santo Antônio, Ferros;</p>

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
			Baixo: MZUFV 1700 – rio Manhuaçu, Manhuaçu.
<i>Rhamdia quelen</i> – Bagre comum ou Jundiá	Sim (1)	Onívoro – Ampla distribuição	Ampla distribuição na América do Sul (FRICKE et al., 2019; VIEIRA et al., 2015). Registros coleções Alto: MZUFV 2350 – Canaã; 2772 – rio Matipó, Raul Soares; 3962 – Mariana; Médio: MZUFV 3251, 3695 – rio Santo Antônio, Ferros; 3907 – rio Preto, Itambé do Mato Dentro.
<i>Delturus angulicauda</i> – Cascudo	Não	Raspadores de fundo	Distribuição na bacia do rio Mucuri, Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 1577 – rio Casca; 1695, 2516 – rio Matipó, Raul Soares; Médio: MZUFV 2785 – rio Santo Antônio, Ferros.
<i>Delturus carinotus</i> – Cascudo	Não	Raspadores de fundo	Distribuição na bacia do rio Doce, Brasil (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 2799, 3314 – Ponte Nova; 3326 – Guaraciaba; Médio: MZUFV 3716, 3771, 3783 – rio Santo Antônio, Ferros.
<i>Harttia</i> sp. – Cascudo-barata	Não	Raspadores de fundo	Registros coleções Alto: MZUFV 2132 – Ponte Nova; 2309 – rio Casca, Pedra do Anta; 3505 – rio Casca.
<i>Hypostomus affinis</i> – Cascudo-manteiga	Sim (13)	Raspadores de fundo	Registros coleções Alto: MZUFV 3301 – rio Casca, rio Casca; MZUFV 3875 – rio Santa Bárbara, Santa Bárbara; MZUFV 4017, MZUFV 4333 – UHE Candonga, rio Doce; Médio: MZUFV 3706, MZUFV 3714 – rio Santo Antônio, Ferros; MZUFV 4719 – rio Manhuaçu, Ipanema; Baixo: MZUFV 4995 – rio Doce, Aimorés. Ampla distribuição nas bacias dos rios Paraíba do Sul e Doce (Vieira et al. 2015).

Espécie – Nome comum	Coletada no trecho após o evento (N da amostra)	Ecologia	Registros na bacia de acordo com dados pretéritos
<i>Hypostomus luetkeni</i> – Cascudo lageado	Sim (3)	Raspadores de fundo	As coletas da RRDM foram o primeiro registro da espécie na bacia do rio Doce.
<i>Loricariichthys anus</i> – Cascudo-viola	Não	Raspadores de fundo	Ampla distribuição nas bacias costeiras do Sudeste do Brasil, Uruguai e baixo Paraná (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 1282, 1579, 1580 – Cachoeira do Inferno, rio Casca; 1697 – Cachoeira do Emboque, rio Matipó, Raul Soares.
<i>Loricariichthys castaneus</i> – Cascudo-viola	Sim (22)	Raspadores de fundo	Distribuição em riachos costeiros do sudeste do Brasil, entre São Paulo e Espírito Santo (FRICKE et al., 2019). Registros coleções Alto: MZUFV 4298, 4332 – UHE Candonga; Baixo: MZUFV 4598 – rio Guandu, Laranja da Terra; MZUFV 4818 – rio Doce, Aimorés.
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	Sim (8)		Registros coleções Alto: MZUFV 2125, MZUFV 2126 – UHE Brito, Ponte Nova; MZUFV 4377 – UHE Candonga, rio Doce; Baixo: MZUFV 4816 – rio Doce, Aimorés.
<i>Steindachneridion doceanum</i> –surubim do rio Doce	Não	Predador de topo	Fricke et al. (2019). Síntipos: MCZ 23792-94 coletados entre Linhares e Aimorés no rio Doce. Registros coleções Alto: MZUFV 2027 – rio Piranga, Guaraciaba; MZUFV 3170 – UHE Brito, Ponte Nova; MZUFV 3617 – rio Piranga; Médio: MZUFV 3710, MZUFV 3727 – rio Santo Antônio, Ferros.

3.1.1.1 Caracterização da ictiofauna dulcícola

A seguir são apresentadas as espécies encontradas na parte capixaba da bacia do rio Doce com suas caracterizações.

Figura 2: *Megaleporinus conirostris* (Steindachner 1875) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Anostomidae

Espécie: *Megaleporinus conirostris* (Steindachner 1875)

Nome popular: piau branco, boga, boguita ou piapara

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Os anostomídeos se caracterizam pelas aberturas branquiais relativamente pequenas e unidas ao istmo; dentes bem implantados, formando apenas uma série de três a quatro em cada lado de cada maxila (semelhantes aos de animais roedores), narina anterior saliente e tubular. Apresentam corpo alongado ou fusiforme e região pós-ventral arredondada. As cores predominantes em *Megaleporinus conirostris* são o cinza-escuro no dorso e o branco no abdômen, com manchas mais escuras em forma de faixa ao longo do corpo e uma mancha arredondada no pedúnculo caudal. *Megaleporinus* (RAMIREZ et al., 2017) foi descrito incluindo 16 linhagens, correspondentes a 10 espécies nominais previamente reconhecidas em *Leporinus* ou *Hypomasticus* (RAMIREZ et al., 2017). Em relação à sua morfologia, *Megaleporinus* caracteriza-se por ser relativamente grande, apresentar três dentes em cada osso pré-maxilar e dentário (RAMIREZ et al., 2017). Devido ao seu grande tamanho, *Megaleporinus* tem uma importância econômica na pesca de subsistência e na aquicultura (GARAVELLO; BRITSKI, 2003).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de oito indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo na bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 80 cm.

Habitat: Geralmente habitam margens de rios próximos de vegetações, canais, boca de lagoas, pequenos afluentes, remansos, baías e áreas alagadas.

Hábito alimentar: De acordo com a literatura, é um peixe onívoro, com tendência à carnivoria (principalmente insetos) ou frugívora (frutos e sementes pequenas), dependendo da oferta de alimentos. Espécimes coletados foram considerados herbívoros, uma vez que consumiram principalmente plantas de origem terrestre e em menores proporções a espécie consumiu moluscos.

Reprodução: Ovíparo, realiza a desova total, ou piracema, fazendo longas migrações rio acima para se reproduzir em meio a densa vegetação. Foram coletados 16 indivíduos, destes 13% eram imaturos, apresentando uma variação no comprimento total de 13,34 mm – 162,4 mm. Dos animais maduros, foram encontrados 13 machos (Chuvosa – 6 M3; 1 M4A e 1 M4B e Seca - 3 M2; 1 M3 e 1 M4A) e uma fêmea (Seca - 1 F2). Aparentemente, esta espécie não se encontra estabelecida no trecho amostrado e os espécimes coletados provêm de trechos à montante. A espécie era particularmente abundante no reservatório de Candonga, antes de 2015 (DERGAM, J. A., obs. pess.).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Os sítios utilizados para descrição da espécie foram coletados nos rios Paraíba do Sul, em Mendez e Palmeiras, Juiz de Fora, rio Doce, rio Mucuri e Vale do Paraíba. É encontrada em rios de águas tropicais e subtropicais da América do Sul (FRICKE et al., 2019).

Figura 3: *Salminus cf. brasiliensis* (Cuvier 1816) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Bryconidae

Espécie: *Salminus cf. brasiliensis* (Cuvier 1816)

Nome popular: dourado, pirajuba, tigre do rio

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é alongado e coberto por escamas. A coloração é em tons de amarelo-dourado, com as laterais do corpo em tons de amarelo-prateado. As nadadeiras possuem tons dourado forte,

semelhante ao ouro (por isso a origem do nome “dourado”). A cauda possui uma grande mancha negra, horizontalmente alongada. A boca é ampla e com numerosos dentes cônicos. Difere das demais espécies do gênero *Salminus* por possuir de 11-13 séries de escamas acima da linha lateral e 75-87 escamas na linha lateral. Após a fixação, o contraste entre as laterais do corpo amarelo-prateado e as nadadeiras amarelo-dourado é perdido, porém, a mancha negra na cauda ainda se mantém visível (BRITSKI et al., 1988; LIMA; BRITSKI, 2007; BAUMGARTNER et al., 2012; OTA et al., 2018).

DNA barcode: Apenas uma amostra proveniente do rio Doce foi sequenciada para essa espécie. Uma sequência do trabalho de Sales et al. (2018) foi adicionada e as duas compuseram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 75 cm comprimento padrão (LIMA; BRITSKI, 2007; FLORA et al., 2010).

Habitat: Habitam grandes cursos d’água (BAUMGARTNER et al., 2012).

Hábito alimentar: É considerado uma espécie carnívora, preferindo se alimentar de outros peixes (LIMA; BRITSKI, 2007; FLORA et al., 2010; BAUMGARTNER et al., 2012). Apenas dois espécimes foram coletados, desta forma, a espécie aparenta ter um hábito alimentar piscívoro (ingestão de espécies da ordem Characiformes).

Reprodução: Realiza grandes migrações para reprodução, ou seja, é uma espécie de piracema. As fêmeas são maiores do que os machos. Esta espécie se reproduz nas estações chuvosas e quentes do ano durante a primavera e verão (ESTEVES; PINTO-LOBO, 2001; FLORA et al., 2010; BAUMGARTNER et al., 2012). Foram coletados dois indivíduos, destes um era imaturo e um macho M3 na estação chuvosa.

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Espécie amplamente distribuída nas bacias sul-americanas: rio São Francisco, rio Iguaçu, Laguna dos Patos, rio Uruguai, rio Mogi-Guaçu, rio Paraná e rio Paraíba do Sul (BRITSKI et al., 1988; LIMA; BRITSKI, 2007; BAUMGARTNER ET AL., 2012; ABE et al., 2014; BERTACO et al., 2016). Foram introduzidos na bacia do rio Doce na década de 1950 (RUSCHI, 1965).

Figura 4: *Astyanax* aff. *fasciatus* (Günther 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Astyanax* aff. *fasciatus* (Günther 1860)

Nome popular: piaba, lambari

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Astyanax aff. *fasciatus* possui o corpo levemente alongado e coberto por escamas. A maior altura está na origem da nadadeira dorsal. Possui duas séries de dentes no pré-maxilar que possuem de 5 a 7 cúspides, sendo o segundo dente da série interna muito maior quando comparado aos restantes. O maxilar possui de um a dois dentes com no máximo 7 cúspides. No dentário os dentes decrescem abruptamente, sendo 4 dentes maiores (5-7 cúspides) seguidos por 5 a 7 menores (tri ou uni cuspidados). Possuem de 34 – 36 escamas na linha lateral. Em vida possui coloração prateada, com nadadeiras hialinas ou levemente amareladas. Quando fixados a coloração varia de prateado à amarelo claro nos flancos e castanho claro no dorso. A mancha umeral possui a forma de uma barra verticalmente alongada, ultrapassando a linha lateral. As pontas das nadadeiras pélvicas são sempre pigmentadas com muitos cromatóforos, ficando enegrecidas. O diâmetro orbital é sempre acima de 40% no tamanho da cabeça (40-46% média 42%). *Astyanax* aff. *fasciatus* diferencia-se de *Astyanax fasciatus* (restrita à bacia do rio São Francisco), pela ausência de alongamento dos primeiros raios da nadadeira dorsal dos machos maduros (MELO; BUCKUP, 2006). A espécie não foi avaliada quanto aos critérios da IUCN e, portanto, não está na lista das espécies ameaçadas de extinção.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de nove indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold, provenientes também da bacia do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para essa bacia composta pelas nove sequências geradas neste trabalho mais as cinco sequências provenientes do trabalho de SALES et al., (2018).

Tamanho máximo: 120 mm (MELO; BUCKUP, 2006).

Habitat: Ocorre tanto em ambientes lóticos quanto lênticos. Muito abundante nas lagoas do médio rio Doce (SILVA, P. C., obs. pess.).

Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 consumiram proporções semelhantes de insetos aquáticos e de algas mais vegetais, assim a espécie foi considerada onívora.

Reprodução: Ovulípara com fecundação externa. Foram coletados 34 indivíduos, sendo 12 machos (Seca - 2 M2 e 4 M3) e 22 fêmeas (Seca - 11 F2 e 11 F3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuído pelas bacias costeiras do leste do Brasil, sendo registrado no rio Doce, rio Mucuri, rio Jequitinhonha e drenagens costeiras do Espírito Santo.

Figura 5: *Astyanax cf. giton* Eigenmann 1908 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Astyanax cf. giton* Eigenmann 1908

Nome popular: piaba, lambari

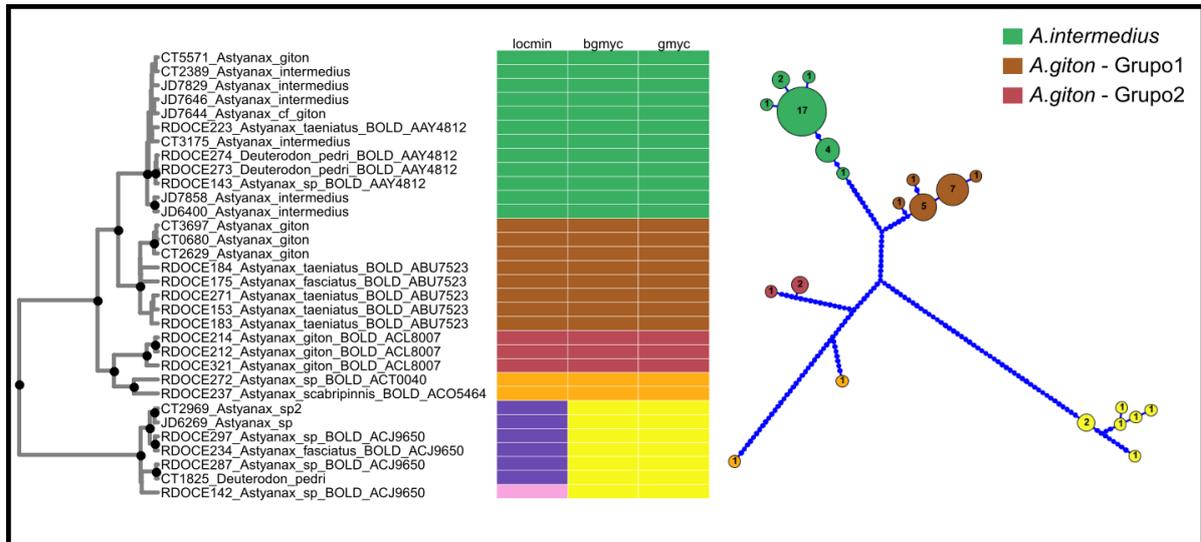
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Astyanax giton possui o corpo curto e coberto por escamas, estando a maior altura no início da nadadeira dorsal, representada por 38% do comprimento padrão. A espécie foi descrita em 1908 por Eigenmann baseado em dois síntipos coletados por Dom Pedro II entre Barra do Pirai e Três Rios no estado do Rio de Janeiro (EIGENMANN, 1921). Eigenmann se referiu a tais síntipos como “*Astyanax taeniatus* (Jenyns 1862) de focinho curto”, já levantando a questão da complexidade de identificação da espécie. O terceiro infraorbital é muito grande, alcançando o pré-opérculo, sem deixar área nua. Possui duas manchas umerais, sendo geralmente, conspícuas. Em alguns espécimes, a segunda mancha pode estar apagada sendo possível apenas ver os cromatóforos. A primeira mancha umeral possui forma de vírgula, com a parte inferior curvando-se em direção ao opérculo. Pré-maxilar com duas séries de dentes com 5-8 cúspides. Maxilar com dois dentes geralmente heptacuspídeos. Seis ou mais dentes do dentário decrescendo suavemente. Possuem de 33 a 37 escamas na linha lateral. A nadadeira anal possui de 18 a 22 raios ramificados. Existe dimorfismo sexual entre machos e fêmeas, os machos possuem ganchos muito delicados na nadadeira anal, caudal, peitoral (raramente) e pélvica (raramente).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 10 indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram duas linhagens desta espécie para a bacia do rio Doce, uma composta por sequências de *A. giton* mais *A. intermedius* (geradas nesse estudo), *Astyanax* sp., *Deuterodon pedri* e *A. taeniatus* (geradas no trabalho de SALES et al., 2018) e a outra composta por *A. giton* mais *A. taeniatus* e *A. fasciatus*, também do trabalho de SALES et al., 2018. A distância genética dentro de *A. giton* foi de 7,68%, o que reforça a presença das duas linhagens dentro desse táxon.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 10 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas oito sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 18 sequências foram encontrados dois grupos. A relação genealógica dos haplogrupos G1 e G2 pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 6), que indica que eles apresentam divergência genética profunda, pois estão separados por 36 passos mutacionais. É importante ressaltar que o Grupo 1 é mais próximo do grupo *A. intermedius*. As amostras obtidas de bancos de dados públicos agrupam com cada um desses grupos, mesmo sendo identificadas como outras espécies, como foi explicado anteriormente (ver DNA barcode), o que mostra a complexidade do gênero e a difícil identificação dos espécimes.

Figura 6: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Astyanax intermedius* e *Astyanax giton* delimitados.



A. giton -Grupo 1. Inclui 10 sequências de COI do projeto e cinco sequências do BOLD. A partir dessas 15 sequências, foram identificados sete haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,781 ($\pm 0,101$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0035 ($\pm 0,0022$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,98% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 33,5; C = 23,7; A = 25,3; G = 17,5. Foram encontrados 11 sítios variáveis, dos quais, três foram parcimoniosamente informativos e oito foram *singletons*. Não encontramos significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (-1,156, $p = 0,239$) e D de Tajima (-0,946, $p = 0,186$).

A. giton -Grupo 2. Inclui três sequências do BOLD, para as quais foram identificados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,666 ($\pm 0,314$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0055 ($\pm 0,0047$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,83% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 34,1; C = 23,1; A = 24,7; G = 18,0. Foram encontrados cinco sítios variáveis, dos quais, nenhum foi parcimoniosamente informativo e cinco foram *singletons*. Não encontramos significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (2,356, $p = 0,809$) e D de Tajima (0,000, $p = 1,000$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de sete indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados cinco haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,857 ($\pm 0,137$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0036 ($\pm 0,0026$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,94% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 24,9; C = 22,7; A = 30,2; G = 22,2. Foram encontrados oito sítios variáveis, dos quais, dois foram parcimoniosamente informativos e seis foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (1,642, $p = 0,809$) e D de Tajima (-1,499, $p = 0,036$).

Tamanho máximo: 50 mm (DE QUEIROZ, 2019).

Habitat: São registrados tanto em ambientes lóticos quanto lênticos, de substrato variado.

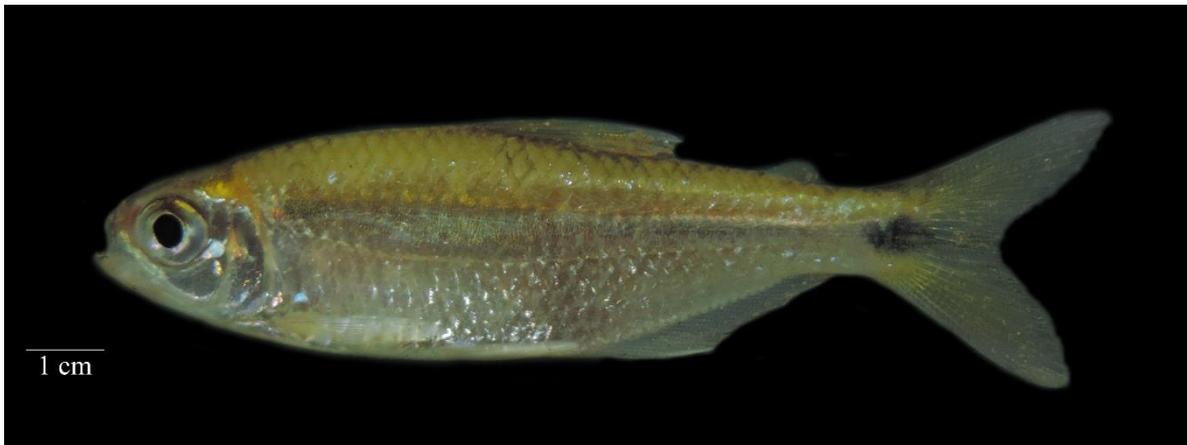
Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram dieta insetívora com tendência a insetivoria terrestre além de consumir secundariamente algas.

Reprodução: Machos possuem ganchos nas nadadeiras anal, caudal, peitoral (raramente) e pélvica (raramente). Foram coletados 353 indivíduos, destes 48% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 23,35 mm – 63,14 mm. Os animais maduros foram representados por 50 machos (Chuvosa – 1 M1; 10 M2; 36 M3; 2 M4A e 1 M4B e Seca - 1 M1; 31 M2; 3 M3; 7 M4A e 2 M4B) e 133 fêmeas (Chuvosa – 25 F2; 99 F3; 8 F4A e 1 F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: A localidade tipo da espécie é a bacia do rio Paraíba do Sul entre Barra do Pirai e Três Rios, RJ. É registrada na bacia do rio Doce, nos trechos alto, médio e baixo. Também foram amostrados espécimes na bacia do rio Santa Maria da Vitória no Espírito Santo (SILVA, obs. pess.).

Figura 7: *Astyanax cf. intermedius* Eigenmann 1908 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Astyanax cf. intermedius* Eigenmann 1908

Nome popular: piaba, lambari

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

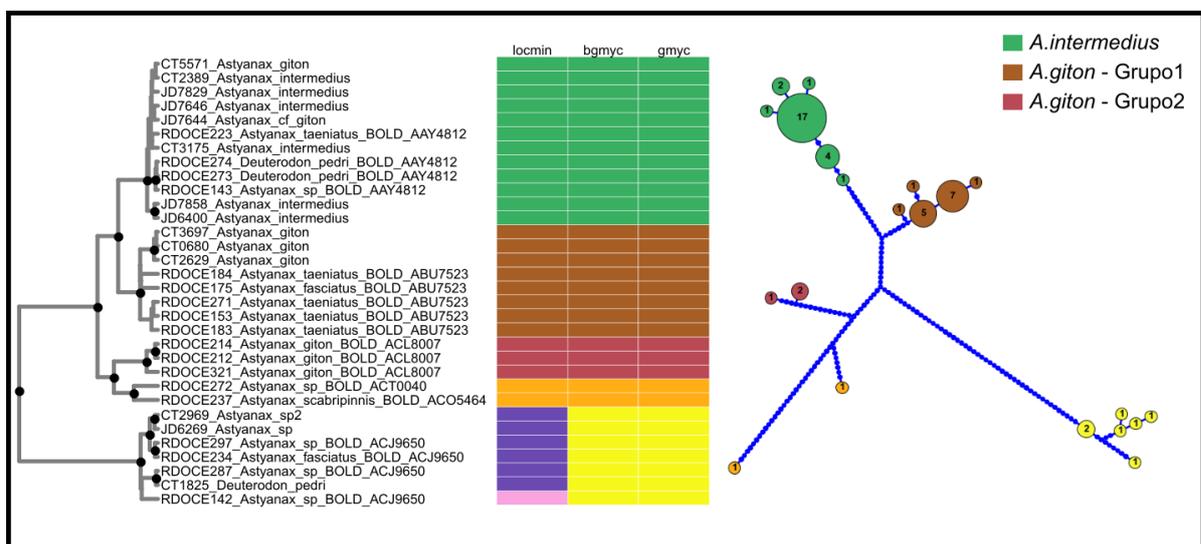
Astyanax intermedius possui uma grande plasticidade fenotípica, podendo o corpo ser alongado e baixo ou mais encurtado e alto. A nadadeira dorsal se inicia exatamente no meio do corpo. O terceiro infraorbital é muito estreito, em forma de meia lua, deixando uma área nua quase do mesmo tamanho desse osso entre o mesmo e o pré-opérculo. Essa característica diferencia essa espécie de todas

as congêneres. Os infraorbitais são prateados e não apresentam cromatóforos. A mancha umeral é “quadrada” com a extremidade inferior não se curvando em direção ao opérculo. A coloração do corpo é prateada tanto em vida quando depois de fixado. Possui duas séries de dentes no pré maxilar, com 5-7 cúspides. Os dentes do dentário possuem um arranjo intermediário entre gradual e abrupto, sendo o mesmo constituído por 5 dentes maiores com 6-8 cúspides, seguidos por um de tamanho intermediário (5-6 cúspides), seguido por 3 ou 4 menores (1-4 cúspides). Os machos maduros apresentam ganchos extremamente delicados em todas as nadadeiras. A linha lateral possui 34-38 (maioria com 36 ou 37) escamas e a nadadeira anal 19-25 raios ramificados (maioria com 22). É amplamente distribuída nas bacias costeiras dos estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo. É amplamente distribuída pela bacia do rio Doce.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 14 indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie para a bacia do rio Doce, no entanto a mesma incluiu ainda quatro seqüências de *Astyanax* sp2., duas de *A. giton* e uma de *A. cf. giton*, todas geradas neste estudo. A linhagem incluiu também uma seqüência de *Astyanax* sp. uma de *A. taeniatus* e três seqüências de *Deuterodon pedri* baixadas do Bold (SALES et al., 2018).

Genética de populações: Além das 14 amostras de *A. cf. intermedius* utilizadas para barcode, as demais amostras que compuseram a linhagem foram consideradas a mesma espécie e incluídas na análise populacional. Foram acrescentadas ainda cinco seqüências depositadas em bancos de dados públicos (Bold). A partir dessas 26 seqüências foi encontrado somente um grupo. A relação genealógica do haplogrupo em relação a outras espécies do gênero pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 8), sendo que o grupo mais próximo é o *A. giton* G1. Dentro de *A. intermedius* existe um haplótipo mais frequente e alguns haplótipos menores separados por um ou nenhum passo mutacional.

Figura 8: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Astyanax intermedius* e *Astyanax giton* delimitados.



A. intermedius. Inclui 21 seqüências de COI do projeto e cinco seqüências do BOLD. A partir dessas 26 seqüências foram encontrados 11 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,775 ($\pm 0,078$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0031 ($\pm 0,0019$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,15% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 33,5; C = 23,5; A = 24,9; G = 18,1. Foram encontrados 12 sítios variáveis, dos quais, sete foram parcimoniosamente informativos e cinco foram *singletons*. Foi encontrada significância estatística na análise demográfica Fs de Fu (-4,301, $p= 0,009$), mas não no D de Tajima (-1,014, $p= 0,165$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 19 indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados 14 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,964 ($\pm 0,027$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0073 ($\pm 0,0044$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 4,08% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 24,5; C = 23,1; A = 30,2; G = 22,2. Foram encontrados 28 sítios variáveis, dos quais, 10 foram parcimoniosamente informativos e 18 foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu ($2,067 \pm 0,847$) e D de Tajima ($-1,547 \pm 0,037$).

Tamanho máximo: 80 mm (dados RRDM Anexo 7).

Habitat: Registrada tanto em ambientes lóticos quanto lênticos, de substratos variados.

Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 foram considerados invertívoros com consumo de insetos terrestres e aquáticos, em menores proporções camarões e aranhas; além disso consome algas de forma acessória.

Reprodução: Dimorfismo sexual entre machos e fêmeas. Machos com ganchos delicados em todas as nadadeiras. Foram coletados 459 indivíduos, destes 59% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 63,14 mm – 100,74 mm. Dos animais maduros foram encontrados 61 machos (Chuvosa – 1 M2 e 30 M3 e Seca - 11 M1; 13 M2; 4 M3; 1 M4A e 1 M4B) e 125 fêmeas (Chuvosa – 2 F2; 14 F3; 5 F4A e 1 F4B e Seca – 3 F1; 74 F2 e 26 F3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuída nas bacias costeiras do Rio de Janeiro e Espírito Santo e bacia do rio Doce.

Figura 9: *Astyanax lacustris* (Lütken 1875) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Astyanax lacustris* (Lütken 1875)

Nome popular: piaba, lambari

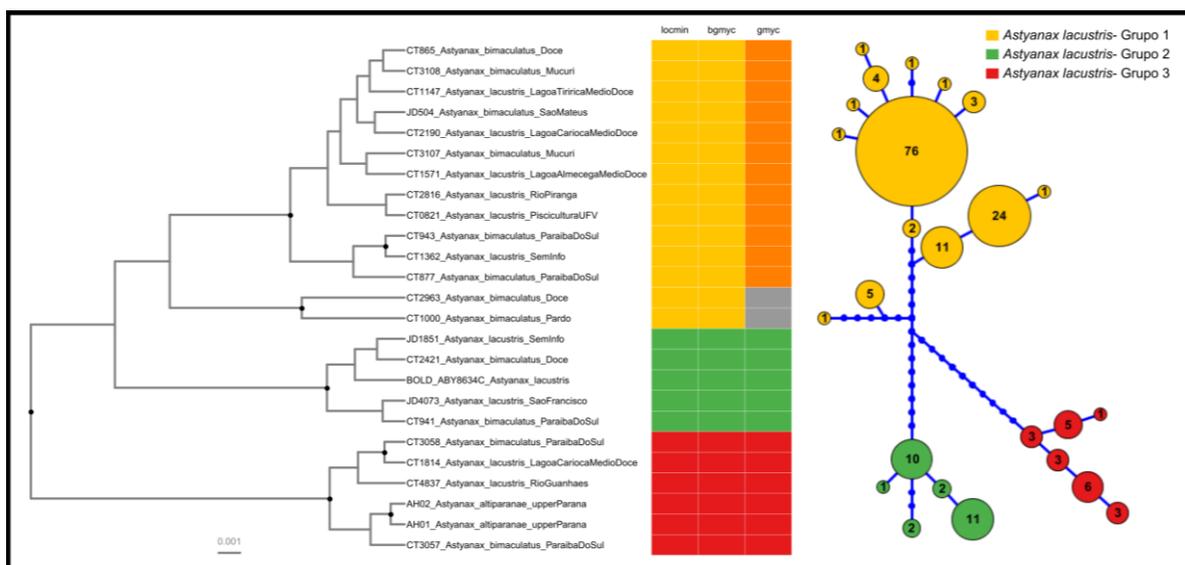
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Astyanax lacustris possui o corpo curto e alto, estando a maior altura na origem da nadadeira dorsal. É distinguida das demais congêneres por apresentar uma mancha umeral preta, horizontalmente ovalada que faz com que esta espécie seja parte do complexo de espécies *Astyanax bimaculatus*. Da maioria das espécies do complexo, *A. lacustris* é diagnosticada por não possuir uma faixa lateral bem marcada da região umeral ao final dos raios da caudal. De *A. bimaculatus* a espécie se distingue por não possuir dentes no maxilar. A descrição dessa espécie foi baseada em síntipos coletados em Lagoa Santa, bacia do rio São Francisco, e recentemente a espécie foi revisada por Lucena; Soares (2016) e se tornou sinônimo sênior de *Astyanax jacuhiensis*, *Astyanax assuncionensis*, *Astyanax altiparanae* e *Astyanax paraguayensis*. Possui coloração variando de dourado a prateado, região posterior das escamas possui uma concentração de cromatóforos, formando faixas longitudinais ao longo do corpo dessa espécie. Existem muitas variações merísticas entre as diferentes populações da espécie; dados moleculares e geográficos sugerem que alguns dos sinônimos podem ser revalidados (CUNHA et al., 2019). É necessária uma revisão minuciosa da espécie a fim de delimitar os limites taxonômicos da espécie.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 79 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas nove sequências depositadas no Bold, provenientes também do rio Doce. As análises delimitaram três linhagens desta espécie ocorrendo nesta bacia. Duas linhagens foram compostas por sequências geradas neste estudo mais sequências do Bold (SALES et al., 2018) e a terceira composta apenas por sequências geradas neste estudo e provenientes da região do rio Guanhães, bacia do rio Doce.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 79 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas 15 sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 94 sequências foram encontrados três grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 10), que indica divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais (aproximadamente 16). Todos os indivíduos foram identificados morfologicamente como *A. lacustris*, e dado que os resultados da análise de delimitação de espécies corroboram a existência de três grupos (Figura 10), a hipótese de que a espécie é na verdade um complexo de espécies é reforçada.

Figura 10: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmcy e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Astyanax lacustris* delimitados.



A. lacustris - Grupo 1. Inclui 121 sequências de COI do projeto e 11 sequências do BOLD, a partir dessas 132 sequências foram encontrados 14 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,6298 ($\pm 0,0417$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0035 ($\pm 0,0022$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 2,37% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,1; C = 26,7; A = 24,2; G = 18,0. Foram encontrados 17 sítios variáveis, sendo que 12 foram parcimoniosamente informativos e sete foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (-3,125, $p = 0,133$) e D de Tajima (-1,184, $p = 0,102$).

A. lacustris - Grupo 2. Inclui 22 sequências de COI do projeto e quatro sequências do BOLD. A partir dessas 26 sequências foram encontrados cinco haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,686 ($\pm 0,057$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0027 ($\pm 0,0019$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,90% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,4; C = 26,4; A = 25,1; G = 17,1. Foram encontrados seis sítios variáveis, dos quais, cinco foram parcimoniosamente informativos e um foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (0,365, $p = 0,612$) e D de Tajima (-0,046, $p = 0,521$).

A. lacustris - Grupo 3. Inclui 13 sequências de COI do projeto e oito sequências do BOLD. A partir dessas 21 sequências foram encontrados 6 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,838 ($\pm 0,041$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0032 ($\pm 0,0021$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,89% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,6; C = 26,3; A = 24,3; G = 17,9. Foram encontrados cinco sítios variáveis, dos quais, quatro foram parcimoniosamente informativos e um foi *singleton*. Foi encontrada significância estatística na análise demográfica F_s de F_u (-0,465, $p = 0,396$), mas não no D de Tajima (0,910, $p = 0,835$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 73 indivíduos do gene nuclear *Myh6*. Ao todo foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,080 ($\pm 0,043$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0000 ($\pm 0,0001$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,163% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 24,3; C = 22,8; A = 30,0; G = 22,9. Foi encontrado um sítio variável, o qual não foi parcimoniosamente informativo e um foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-1,953, $p = 0,025$) e D de Tajima (-1,062, $p = 0,114$).

Genotipagem por NGS: Adicionalmente foi utilizada a plataforma de NGS (Next Generation Sequencing) Ion Torrent para genotipagem de 48 amostras de *A. lacustris* com o objetivo de investigar a existência de estruturação genética entre as populações nos pontos de coleta do baixo Rio Doce (P1, P2, P3, P4, P6 e P7), bem como testar a hipótese de que a maior diversidade genética seria encontrada fora da calha do rio Doce, uma vez que essas áreas teriam funcionado como sumidouros para os indivíduos impactados. Utilizando 30 locos filtrados que estavam presentes em todas as populações locais, foram estimadas a heterozigosidade esperada (H_e) em cada local, o índice de F_{ST} global (baseado em AMOVA) e o F_{ST} par a par entre as localidades. Os valores de H_e foram semelhantes entre as localidades, a não ser pelo P4, cuja H_e foi baixa em relação às demais, de modo que as H_e variaram de 0,070 (P4) a 0,168 (P1) em média (Tabela 1). É possível que a baixa H_e obtida para o P4 seja um artefato do baixo N amostral nessa localidade (N=4). Também é importante ressaltar que não houve diferença significativa nos valores de H_e das localidades na calha do Rio Doce (P1, P2, P3 e P4) em comparação com as localidades fora da calha (P6 e P7), nos levando a rejeitar a hipótese de sumidouro pós-impacto para *A. lacustris*. Vale ressaltar, no entanto, que essa ausência de estrutura populacional foi observada somente no trecho capixaba do rio Doce, uma vez que as outras análises populacionais, considerando toda a bacia do rio Doce, mostram que essa espécie apresenta três linhagens distintas, evidenciando uma estrutura das populações ao longo do rio.

Tabela 1: Número de indivíduos por localidade genotipados utilizando Next Generation Sequencing (NGS) e heterozigosidade esperada (H_e). Valores médios de H_e e desvio padrão também são informados.

Pontos	N	H_e
P1	8	0,16822 (+-0,21236)

Pontos	N	He
P2	9	0,12533 (+-0,18818)
P3	9	0,13640 (+-0,19762)
P4	4	0,07019 (+-0,19401)
P6	9	0,11710 (+-0,18668)
P7	9	0,11591 (+-0,19276)
	Média	0,12219 (+-0,19527)
	Desvio Padrão	0,03194 (+-0,00927)

O F_{ST} global foi baixo e não significativo ($F_{ST} = -0,064$, $p = 1,000$), indicando tanto maior porcentagem da variação genética distribuída entre indivíduos dentro das populações, como ausência de estrutura genética entre as localidades. Os valores de F_{ST} par a par foram baixos e não significativos em todas as comparações entre as localidades, indicando ausência de estrutura genética elas (Tabela 2).

Tabela 2: Os níveis de F_{ST} par a par entre as localidades estudadas no baixo Rio Doce são apresentados abaixo da diagonal principal e os valores de P seguidos pelo desvio padrão estimados a partir de 5040 permutações.

	P1	P2	P3	P4	P6	P7
P1	0	0,968+-0,002	0,173+-0,005	0,999+-0,000	0,902+-0,004	0,999+-0,001
P2	0,005	0	0,647+-0,007	0,963+-0,002	0,978+-0,002	0,987+-0,002
P3	0,087	0,044	0	0,918+-0,004	0,416+-0,007	0,929+-0,004
P4	-0,082	-0,021	-0,001	0	0,872+-0,005	0,975+-0,002
P6	0,022	-0,012	0,067	0,014	0	0,995+-0,001
P7	-0,051	-0,016	0,012	-0,084	-0,019	0

Tamanho máximo: 117 mm (LUCENA; SOARES, 2016).

Habitat: Ocupam todo tipo de ambiente lêntico e lótico, com todo tipo de substrato.

Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram hábito alimentar insetívoro terrestre, consumindo insetos como Hymenoptera, Isoptera e Coleoptera.

Reprodução: Existe dimorfismo sexual entre machos e fêmeas. Os machos apresentam ganchos nas nadadeiras ventrais e anal. Foram coletados 534 indivíduos, destes 31% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 24,11 mm – 118,38 mm. Dos animais maduros foram encontrados 198 machos (Chuvosa – 30 M1; 39 M2; 73 M3; 12 M4A e 12 M4B e Seca - 12 M1; 16 M2 e 4 M3) e 164 fêmeas (Chuvosa – 1 F1; 20 F2; 61 F3; 8 F4A e 1 F4B e Seca - 10 F1; 49 F2 e 14 F3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Ocorrem nas drenagens das bacias do rio São Francisco, rio La Plata, Sistema da Laguna dos Patos e rio Tramandaí. De acordo com Garutti; Langeani (2009), também está distribuída no rio Araguaia (drenagem do Tocantins-Araguaia).

Figura 11: *Astyanax* sp 1 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Astyanax* sp. 1

Nome popular: piaba, lambari

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Astyanax sp. 1 é uma espécie ainda não descrita. Ocorria em abundância no alto rio Doce, existem alguns poucos registros em coleção do rio Piracicaba e foi registrada no baixo rio Doce durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. É diagnosticada de todas as congêneres por apresentar o corpo muito baixo (altura do corpo 25-32% no comprimento padrão) e alongado. A mancha umeral é quadrada, raramente ultrapassando a porção abaixo da linha lateral. A faixa longitudinal é bem marcada, iniciando-se imediatamente após o opérculo. Possui 1-2 séries de escamas abaixo da nadadeira dorsal com uma faixa de cromatóforos na porção distal. Outra característica marcante da

espécie é a presença de 4-5 escamas acima da linha lateral e 3-4 abaixo, enquanto nas outras espécies de *Astyanax* é comum a presença de 6-7 escamas acima da linha lateral e 5-6 abaixo. Possui de 38-41 escamas na linha lateral, 22-24 raios ramificados na nadadeira anal. Os dentes do dentário decrescem abruptamente, sendo 5 maiores (5-7 cúspides) seguidos de 1 (5-6 cúspides) dente intermediário e 2 a 3 (1-3 cúspides) dentes menores. Os machos possuem ganchos robustos apenas na nadadeira anal.

DNA barcode: Não foram obtidas sequências de COI para essa espécie.

Tamanho máximo: 50 mm (dados RRDM Anexo 7).

Habitat: Ocupam ambientes tanto lóticos quanto lênticos, com substratos variando de areia a rochas.

Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram um hábito alimentar insetívoro, consumindo insetos aquáticos e terrestres, e em menores proporções ingerindo vegetal e algas.

Reprodução: Foram coletados 126 indivíduos, destes 75% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 24,25 mm – 55,07 mm. Dos animais maduros foram encontrados 17 machos (Chuvosa – 4 M2; 12 M3 e 1 M4B) e 14 fêmeas (Chuvosa – 1 F2; 12 F3 e 1 F4B).

Grau de ameaça: Não avaliada.

Distribuição: Bacia do rio Doce, nos trechos alto, médio e baixo.

Figura 12: *Knodus* sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Nome popular: piaba, lambari

Espécie: *Knodus* sp.

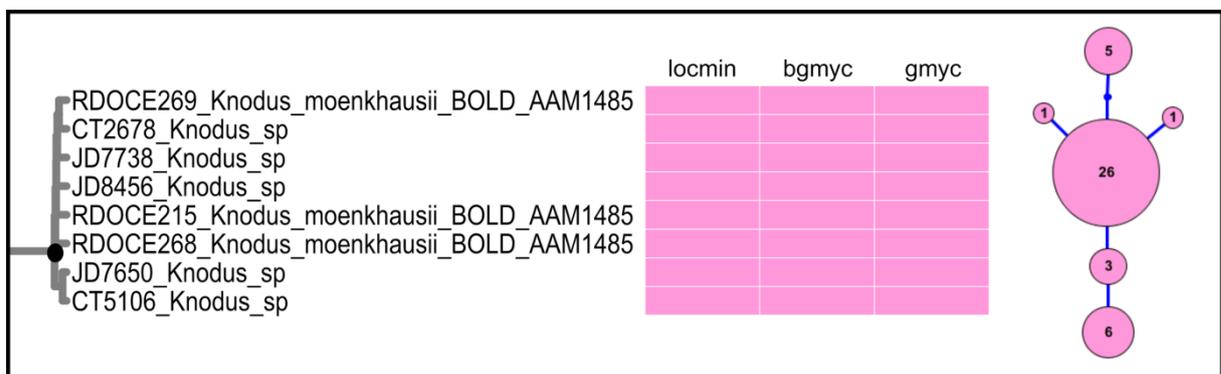
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

É uma espécie de pequeno porte, não ultrapassando 45 mm. Possui o corpo baixo e alongado. A boca é terminal e o focinho proeminente. Possui 2 séries de dentes no pré-maxilar, sendo a interna composta por 4 dentes (3 a 5 cúspides). Maxilar com dois dentes. Dentário composto de dentes decrescendo abruptamente. A linha lateral é completa e a nadadeira caudal, coberta por escamas até a metade do seu comprimento. Em vida possuem colorido prateado e nadadeiras moderadamente avermelhadas, quando fixados assumem coloração amarelada ou esbranquiçada. Tem sido identificada como *Knodus moenkhausii* por diversos consultores, no entanto os espécimes coletados na porção baixa do rio Doce não apresentam características diagnósticas da espécie, com contagens e séries de dentes diferenciando a mesma de *K. moenkhausii*. Uma investigação dessa espécie e revisão de *K. moenkhausii* se faz necessária a fim de esclarecer a identidade da mesma.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 37 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Foram adicionadas ao banco de dados, cinco sequências de *K. moenkhausii* depositadas no Bold também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para a bacia, a qual incluiu todas as sequências geradas neste trabalho mais as sequências de *K. moenkhausii* geradas no trabalho de Sales et al. (2018).

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 37 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas cinco sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 42 sequências foi encontrado somente um grupo. A rede de haplótipos (Figura 13) indica que a população amostrada apresenta divergência genética rasa, pois estão separados por um ou nenhum passo mutacional, de modo que existe um haplótipo mais frequente e alguns haplótipos menores separados. A análise de delimitação de espécies se mostrou consistente entre diferentes métodos (Figura 13) e esses resultados indicam apenas uma baixa estruturação genética intraespecífica.

Figura 13: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de *Knodus* sp.



Knodus sp. inclui 37 sequências de COI do projeto e cinco sequências do BOLD. A partir dessas 42 sequências foram encontrados seis haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,590 ($\pm 0,078$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0015 ($\pm 0,0011$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a

0,55% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 28,2; C = 28,8; A = 25,4; G = 17,6. Foram encontrados seis sítios variáveis, dos quais, quatro foram parcimoniosamente informativos e dois foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (-0,889, $p = 0,311$) e D de Tajima (-0,518, $p = 0,352$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 23 indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,403 ($\pm 0,091$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0005 ($\pm 0,0006$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,15% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 23,7; C = 21,8; A = 30,4; G = 24,0. Foi encontrado um sítio variável, o qual um foi parcimoniosamente informativo e nenhum foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (1,088, $p = 0,600$) e D de Tajima (0,834, $p = 0,831$).

Tamanho máximo: 49 mm (dados RRDM Anexo 7).

Habitat: Ocorrem tanto em ambientes lênticos quanto lóticos.

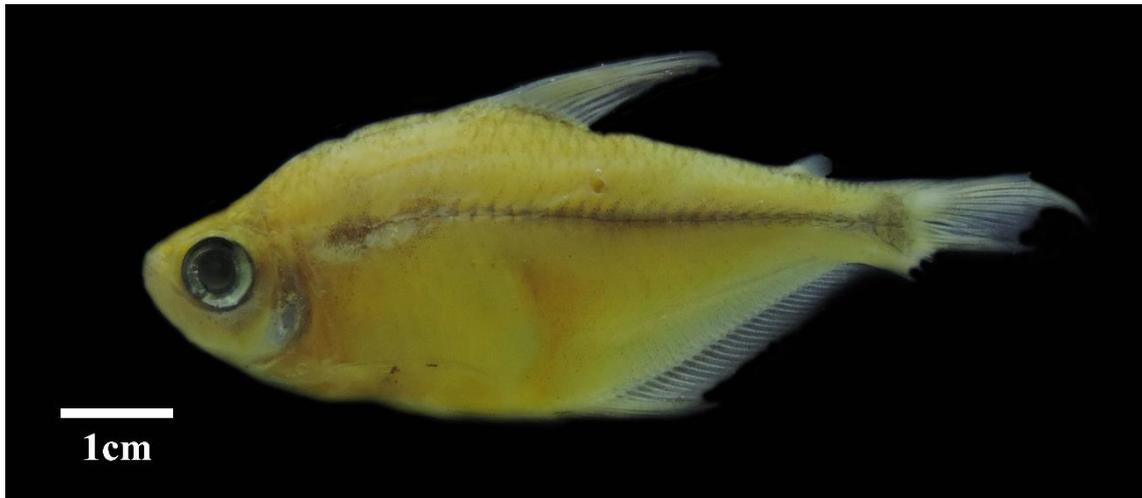
Hábito alimentar: Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram hábito alimentar insetívoro, consumindo principalmente insetos tanto de origem aquática quanto terrestre.

Reprodução: Foram coletados 740 indivíduos, destes 68% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 14,39 mm – 55,47 mm. Dos animais maduros foram encontrados 49 machos (Chuvosa – 10 M1; 13 M2; 11 M3; 3 M4A e 2 M4B e Seca - 2 M1; 8 M2; 3 M3; 3M4A e 3 M3) e 190 fêmeas (Chuvosa – 12 F2 ; 13 F3; 12 F4A e 1 F4B e Seca - 2 F1; 20 F2; 10 F3; 10F4A e 1 F4B).

Grau de ameaça: Não avaliada.

Distribuição: Bacia do rio Doce e São Francisco.

Figura 14: *Moenkhausia vittata* (Castelnau 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Moenkhausia vittata* (Castelnau 1855)

Nome popular: piaba, lambari

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Moenkhausia vittata possui corpo alto e alongado. O grande número de raios ramificados na nadadeira anal (24-32) distingue essa espécie das demais congêneres, bem como o número de dentes no maxilar (4-7) (CARVALHO et al., 2014). Por muito tempo a espécie era denominada *Moenkhausia doceana*, no entanto após encontrar o holótipo de *Tetragonopterus vittatus*, Silva e Malabarba (2016) perceberam que na verdade *M. doceana* era um sinônimo júnior de *T. vittatus* e passou então a ser denominada *Moenkhausia vittata*. Possui duas séries de dentes no pré-maxilar (externa com 4-6 dentes tricuspídeos e interna com 5-6 dentes pentacuspídeos) (CARVALHO et al., 2014). Os dentes do dentário decrescem abruptamente. Em vida, a espécie possui colorido variando de dourado à prateado e as nadadeiras são hialinas ou levemente amareladas. Após fixados, os espécimes apresentam coloração que varia do amarelo ao castanho claro. A mancha umeral é horizontalmente ovalada.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para a bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 838 mm (CARVALHO et al., 2014).

Habitat: Habitam riachos de segunda e terceira ordem, caracterizados por águas claras e com correnteza de moderada à rápida (CARVALHO et al., 2014). Também habitam lagoas no médio rio Doce. Durante as coletas do Anexo 7 foram coletados espécimes na calha principal do rio Doce.

Hábito alimentar: De acordo com Carvalho et al. (2014) a espécie é invertívora, alimentando-se de larvas de insetos aquáticos (Chironomidae), ninfas de Ephemeroptera e fragmentos de insetos terrestres. Por outro lado, a análise do conteúdo estomacal de espécimes coletados pelo Anexo 7 permitiu classificá-los como onívoros, ingerindo proporções semelhantes de insetos aquáticos e terrestres, e plantas de origem terrestre.

Reprodução: Existe dimorfismo sexual entre machos e fêmeas, com os machos apresentando ganchos ósseos nas nadadeiras anal e pélvicas, com o formato da nadadeira anal também distinto do da fêmea. Foram coletados 32 indivíduos, destes 6% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 59,4 mm – 60,53 mm. Dos animais maduros foram encontrados dois machos (Seca - 2 M2) e 28 fêmeas (Chuvosa – 1 F3 e Seca - 13 F2 e 14 F3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Distribuída por toda ecorregião da Mata Atlântica nos estados do Espírito Santo, Minas Gerais e Bahia.

Figura 15: *Oligosarcus acutirostris* Menezes 1987 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Nome popular: Lambari bocarra

Espécie: *Oligosarcus acutirostris* Menezes 1987

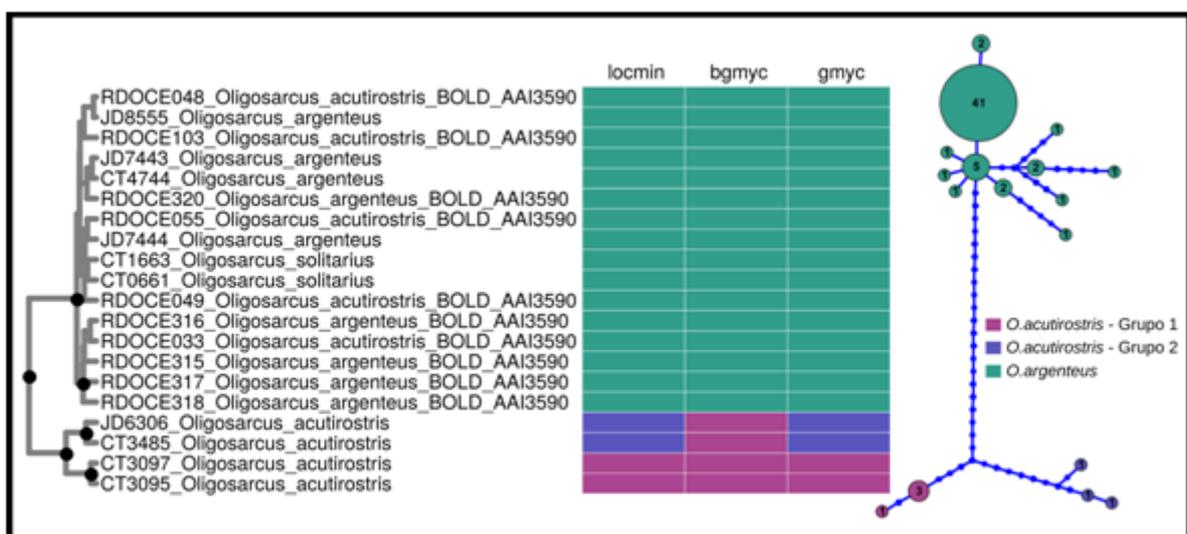
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A ordem é composta de peixes não migratórios (VAZZOLER; MENEZES, 1992), com coloração marrom na parte superior da cabeça, focinho e porção dorsal, clareando na região dos flancos e ventre. Corpo achatado lateralmente, mas não tão alto. Concavidade acentuada na região occipital. Focinho cônico e agudo. Mandíbula pouco mais curta que a maxila superior. Dois dentes caninos evidentes no pré-maxilar, mesmo com a boca cerrada. Linha lateral completa, com 50 a 58 escamas perfuradas. 9 a 11 séries horizontais acima da linha, 7 a 9 abaixo. 13 a 16 rastros no ramo inferior do primeiro arco branquial. Mancha negra logo após o opérculo, mais larga na parte superior e estreita na parte inferior. Coloração prateada se estendendo pelo flanco do corpo.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de sete indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas todas as sequências de *O. argenteus* e *O. solitarius* geradas neste estudo mais 10 sequências de *O. acutirostris* e *O. argenteus* depositadas no Bold (SALES et al., 2018) e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram duas linhagens de *O. acutirostris* para a bacia, ambas compostas somente por sequências geradas neste estudo.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de sete indivíduos para o gene mitocondrial COI, a partir das quais foram identificados dois grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 16), que indica que eles apresentam divergência genética moderada, pois estão separados por 12 passos mutacionais. Esses dois grupos foram confirmados pela análise de delimitação de espécies como táxons diferentes (Figura 16).

Figura 16: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Oligosarcus acutirostris* e *Oligosarcus argenteus/solitarius* delimitados.



O. acutirostris -Grupo 1. Inclui quatro sequências de COI do projeto, a partir das quais foram encontrados dois haplótipos. Os índices de diversidade haplotípica e nucleotídica, assim como os

testes demográficos, não foram estimados devido ao baixo número amostral do grupo. A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,27% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,4; C = 27,4; A = 23,3; G = 18,9. Foram encontrados dois sítios variáveis, os quais não foram parcimoniosamente informativos, e os dois foram *singletons*.

O. acutirostris -Grupo 2. Inclui três sequências de COI do projeto, a partir das quais foram encontrados três haplótipos. Os índices de diversidade haplotípica e nucleotídica, assim como os testes demográficos, não foram estimados devido ao baixo número amostral do grupo. A distância intraespecífica variou de 0,14% a 0,68% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,8; C = 27,2; A = 23,0; G = 19,0. Foram encontrados cinco sítios variáveis, os quais não foram parcimoniosamente informativos, e os cinco foram *singletons*.

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados quatro haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,900 ($\pm 0,161$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0044 ($\pm 0,0032$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,75% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 25,2; C = 21,4; A = 30,0; G = 23,4. Foram encontrados seis sítios variáveis, dos quais, três foram parcimoniosamente informativos e três foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-0,331, $p = 0,293$) e D de Tajima (0,286, $p = 0,645$).

Tamanho máximo: 160 mm.

Habitat: Ambientes lênticos e lóticos.

Hábito alimentar: Não há dados de literatura sobre a dieta desta espécie. Apenas um exemplar dos coletados pelo Anexo 7 foi analisado. O mesmo consumiu restos de insetos aquáticos.

Reprodução: Foi coletada uma fêmea F3 na estação chuvosa.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Lagoas da região costeira do Brasil, entre o estado do Espírito Santo e o sul da Bahia.

Figura 17: *Oligosarcus argenteus* Günther 1864 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Espécie: *Oligosarcus argenteus* Günther 1864

Nome popular: lambari bocarra

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A ordem é composta de peixes não migratórios (VAZZOLER; MENEZES, 1992), com coloração prateada no dorso e ventre, com tons amarelados nas nadadeiras dorsal, caudal e anal. Peitorais e pélvicas hialinas. Mancha negra logo após o opérculo, e uma logo no início da cauda. Corpo achatado lateralmente, mas não muito alto. Concavidade moderadamente acentuada na região occipital. Focinho cônico e agudo. Maxila superior pouco mais curta que a mandíbula. Linha lateral completa, com 44 a 48 escamas perfuradas. Oito a nove séries horizontais de escamas acima da linha lateral, seis a oito abaixo. Dezesete a 20 escamas ao redor do pedúnculo caudal. Onze a 14 rastros no ramo inferior do primeiro arco branquial.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 33 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas todas as sequências de *O. acutirostris* e *O. solitarius* geradas nesse estudo mais 10 sequências de *O. acutirostris* e *O. argenteus* depositadas no Bold (SALES et al., 2018) e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram somente uma linhagem desta espécie para a bacia, composta por sequências de *O. argenteus* do Bold e desse estudo, *O. acutirostris* (Bold) e *O. solitarius* (desse estudo).

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 33 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas 10 sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. De igual forma, foram incluídas amostras de 16 indivíduos identificados morfológicamente como *O. solitarius*, por apresentarem os mesmos haplótipos que a espécie *O. argenteus* (BARROS et al., 2015). A partir dessas 59 sequências foi encontrado um grupo. A relação

genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 16), que indica que eles apresentam maior diversidade haplotípica que *O. argenteus/solitarius*, e possivelmente maior grau de estruturação genética intraespecífica. Na árvore de delimitação foi possível observar um padrão concordante entre diferentes métodos (Figura 16).

O. argenteus. Inclui 49 sequências de COI do projeto e 10 sequências do BOLD. A partir dessas 59 sequências foram encontrados 12 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,513 ($\pm 0,078$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0023 ($\pm 0,0015$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,95% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,0; C = 27,0; A = 23,8; G = 18,3. Foram encontrados 25 sítios variáveis, dos quais, sete foram parcimoniosamente informativos e 18 foram *singletons*. Foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-4,233, $p = 0,027$) e D de Tajima (-2,189, $p = 0,002$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 25 indivíduos do gene nuclear *Myh6*. Ao todo foram encontrados 10 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,686 ($\pm 0,101$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0795 ($\pm 0,0396$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 22,30% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 23,9; C = 22,6; A = 29,8; G = 23,7. Foram encontrados 134 sítios variáveis, dos quais, 127 foram parcimoniosamente informativos e sete foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (21,015, $p = 1,000$) e D de Tajima (2,023, $p = 0,987$).

Tamanho máximo: 158 mm.

Habitat: Ambientes lênticos de lagos e lagoas e lóticos de pequeno e médio porte.

Hábito alimentar: Não há dados de literatura sobre a dieta desta espécie. Apenas um estômago dos exemplares coletados pelo Anexo 7 foi analisado, o mesmo continha peixe.

Reprodução: Foram coletados cinco indivíduos, destes 40% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 103,00 mm – 118,32 mm e três fêmeas F3 na estação chuvosa.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Bacias do rio Doce e cabeceiras do rio das Velhas e Paraopeba.

Figura 18: *Serrapinnus heterodon* (Eigenmann 1915) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Nome popular: piaba, lambari

Espécie: *Serrapinnus heterodon* (Eigenmann 1915)

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Serrapinnus heterodon é diagnosticada de todas as congêneres por possuir a linha lateral completa (vs incompleta). É uma espécie de pequeno porte, não ultrapassando 50 mm. As espécies de *Serrapinnus* são caracterizadas por possuírem apenas uma série de dentes na pré-maxila perfeitamente alinhada, dentes pedunculados e ausência de mancha umeral (MALABARBA, 1998). *Serrapinnus heterodon* apresenta dentes de formatos diferentes no pré-maxilar e dentário, outra característica marcante dessa espécie. A mancha caudal é arredondada e não se estende sobre os raios da nadadeira caudal. Possuem sete séries de escamas entre a nadadeira dorsal e a linha lateral. Existe dimorfismo sexual entre machos e fêmeas. Nos machos maduros o pedúnculo caudal exibe uma curvatura ventral, que é mais acentuada em espécimes fixados, os ganchos hipertrofiados na nadadeira anal resultam em segmentos de raios fusionados. Os raios procorrentes ventrais anteriores são direcionados cefalicamente e os demais são perpendiculares ao axis longitudinal do corpo (MALABARBA, 1998). Em vida possuem coloração prateada e as nadadeiras são hialinas. Ingenito et al. (2016) reportaram o primeiro registro de *Serrapinnus heterodon* para a bacia do rio Doce e ainda levantaram a questão de que a espécie teria sido introduzida na bacia, justificando tal afirmação ao fato de que a bacia do rio Doce é muito bem amostrada na parte alta e não havia registro de coleta da espécie em nenhuma expedição realizada nessa região. No entanto existem

registros pretéritos (década de 1990) na coleção do MZUFV na bacia do rio Doce, por esse motivo consideramos a espécie como nativa da bacia.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de quatro indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas seis sequências depositadas no Bold e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para a bacia, a qual incluiu todas as sequências analisadas.

Tamanho máximo: 50 mm.

Habitat: Habitam ambientes lóticos e lênticos, com substrato variado.

Hábito alimentar: De acordo com Gonçalves et al. (2011), a dieta da espécie pode ser classificada como onívora, com fragmentos de inseto sendo o item mais consumido, seguido por microcrustáceos, algas e imaturos de insetos. Os espécimes coletados pelo Anexo 7 foram classificados como insetívoros, apresentando um consumo secundário de algas.

Reprodução: Em comparação a outros Cheirodontinae, *S. heterodon* tem alta taxa de fecundidade e oócitos muito pequenos. A desova é classificada como total, ocorrendo principalmente durante a estação chuvosa (GONÇALVES et al., 2011). Foram coletados 97 indivíduos, destes 75% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 10,74 mm – 11,92 mm. Dos animais maduros foram encontrados 7 machos (Chuvosa – 1 M3 e Seca - 5 M2 e 1 M3) e 17 fêmeas (Chuvosa – 1 F2 e 4 F3 e Seca - 10 F2; 1 F3 e 1F4A).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Ocorrem nas bacias do rio São Francisco e alto Paraná, também sendo registrados nas drenagens costeiras do nordeste do Brasil (MALABARBA, 2003, 2007; MALABARBA; JEREP, 2014).

Figura 19: *Hyphessobrycon eques* (Steindachner 1882) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Characidae

Nome popular: mato-grosso

Espécie: *Hyphessobrycon eques* (Steindachner 1882)

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Hyphessobrycon eques é uma espécie de peixe neotropical amplamente distribuída nas bacias dos rios Amazonas e Paraguai (WEITZMAN; PALMER, 1998). Possui o corpo curto e alto, com maior altura na base da nadadeira dorsal. A boca é terminal. É popularmente conhecida como “Mato Grosso” e devido ao seu belo padrão de coloração, pequeno tamanho e facilidade de reprodução, é amplamente utilizada por aquaristas, sendo uma das espécies mais importantes para esse tipo de indústria (COLE; HARING, 1999). A espécie possui maior atividade diurna e apresenta tática de forrageamento oportunista do tipo “following substract grubbers” (SAZIMA, 1986). Embora essa espécie seja amplamente distribuída devido à indústria do aquarismo, muito pouco se sabe sobre sua a biologia (CARVALHO; DEL-CLARO, 2004). A espécie foi reportada pela primeira vez para a bacia do rio Doce em 2007 (ALVES et al., 2007). Essa espécie quando introduzida, parece causar redução drástica das populações de espécies congêneres, como é o caso de *Hyphessobrycon bifasciatus* na bacia do rio Muriaé, uma sub bacia do rio Paraíba do Sul (ALVES et al., 2007). O mesmo foi observado numa lagoa marginal à jusante da UHE Risoleta Neves (DERGAM, J. A., obs. pess.) tendo sido também registrado no baixo rio Doce.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de dois indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce.

Tamanho máximo: 40 mm.

Habitat: Ocupam tanto habitats lênticos quanto lóticos, normalmente com algas junto ao substrato.

Hábito alimentar: De acordo com dados de literatura, a espécie se alimenta de anelídeos, crustáceos, insetos e plantas (MILLS; VEVER, 1989). Os espécimes coletados pelo Anexo 7 consumiram grandes proporções de insetos aquáticos e microcrustáceos, podendo ser classificada como invertívora.

Reprodução: São ovíparos (BREder; ROSEN, 1966). Foram coletados 236 indivíduos, destes 31% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 18,48 mm – 36,18 mm. Dos animais maduros foram encontrados oito machos (Chuvosa – 1 M1; 2 M2 e 1 M3 e Seca - 4 M2) e 156 fêmeas (Chuvosa – 4 F1; 13 F2 e 19 F3 e Seca - 5 F1; 66 F2 e 29 F3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuída nas bacias dos rios Amazonas, Paraguai (WEITZMAN; PALMER, 1998) e Paraná (FRICKE et al., 2019).

Figura 20: *Hoplerythrinus unitaeniatus* (Spix e Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Erythrinidae

Espécie: *Hoplerythrinus unitaeniatus* (Spix e Agassiz 1829)

Nome popular: jeju, aimará

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Assim como as demais traíras, é representante de um antigo grupo de peixes; possui vesícula natatória altamente vascularizada, que atua como órgão acessório de respiração, permitindo que sobreviva em águas estagnadas e com baixo nível de oxigênio dissolvido. Podem migrar curtas distâncias por terra para novos habitats, quando as águas sazonais começam a secar. Possuem

dentes pequenos dentes afiados e seu corpo é coberto com grossas escamas ciclóides e abundante camada de muco que protege contra parasitas externos como sanguessugas. A cabeça é grande e bem ossificada. Em vida, possuem coloração esverdeada e depois de fixados apresentam variação de cor entre cinza e castanho escuro.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo na bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 400 mm.

Habitat: A espécie ocorre em pântanos e riachos de fluxo lento, assim como margens de lagoas florestais. Muitas vezes são encontrados em águas rasas em meio à densa vegetação. Regularmente sobe até a superfície para respirar ar atmosférico.

Hábito alimentar: De acordo com Graça e Pavanelli (2004) é um peixe onívoro que se alimenta de insetos e pequenos peixes. Apenas quatro estômagos foram analisados pelo Anexo 7. Estes apresentaram em maior proporção itens como vegetais e insetos terrestres dando, assim, indícios de um hábito alimentar onívoro.

Reprodução: Apresenta cuidado parental (GRAÇA; PAVANELLI, 2004). A construção de ninhos ocorre em ambientes rasos e a primeira maturação gonadal nas fêmeas ocorre em média com 165 mm, nos machos com 140 mm (SUZUKI et al., 2004). Segundo Sato et al. (2003) a média de ovócitos para a espécie encontra-se na faixa de 1.064 a 1.370 ovócitos.g⁻¹ gerando ovos do tipo adesivo, comum em espécies não-migradoras e com cuidado parental. Foram coletados nove indivíduos, sendo seis machos (Chuvosa –1 M1 e 5 M3) e três fêmeas (Seca - 3 F2).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: A espécie é amplamente distribuída por águas interiores brasileiras (OYAKAWA, 2003).

Figura 21: *Hoplias intermedius* (Günther 1864) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Erythrinidae

Espécie: *Hoplias intermedius* (Günther 1864)

Nome popular: trairão

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Espécie de grande porte. Linha lateral com 42 a 46 escamas; 4 a 6 poros do sistema laterosensorial na superfície ventral do dentário e perfil lateral da cabeça angular. Língua lisa, sem dentículos. Não possuem fontanela frontal. Até recentemente essa espécie era identificada como *Hoplias lacerdae*, nome que aparece na maioria dos trabalhos publicados. Autores consideraram a espécie como nativa da bacia do rio Doce, inclusive utilizando material proveniente dessa bacia para a redescrição. No entanto, Belei (2009) realizou um estudo genético com espécies do complexo *H. lacerdae* e encontrou 100% de similaridade entre *H. intermedius* do rio Doce e os do plantel da CEMIG coletados no rio São Francisco, uma forte evidência de que essa espécie foi introduzida na bacia do rio Doce. Outra evidência de que a espécie foi introduzida no rio Doce são os códigos dos lotes utilizados para redescrição, são todos provenientes de coletas muito recentes (após o ano 2000) e não há registro pretérito da espécie na bacia.

DNA barcode: Foram sequenciadas três amostras do gene mitocondrial COI para essa espécie. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências de *H. intermedius* do Bold provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para o rio Doce (Figura 108).

Tamanho máximo: 100 cm.

Habitat: Ambientes lóticos com rios e cachoeiras (ambientes relativamente bem oxigenados).

Hábito alimentar: Em seu ambiente natural alimenta-se basicamente de peixes e insetos. Em cativeiro poderá não aceitar alimentos secos, sendo necessário o fornecimento de carnes e alimentos vivos, preferencialmente durante período noturno (OYAKAWA; MATTOX, 2009). Os espécimes analisados pelo Anexo 7 apresentaram um hábito alimentar piscívoro.

Reprodução: Ovíparo, desova em depressões no substrato. As desovas são parceladas ao longo da temporada reprodutiva. A fertilização ocorre sobre a nadadeira anal em forma de concha da fêmea, sendo posteriormente transferidos ao substrato, onde o macho os guardará até que as larvas se espalhem na vegetação aquática. Foram coletados 20 indivíduos, destes 45% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 20,00 mm – 70,76 mm. Dos animais maduros foram encontrados nove machos (Chuvosa – 6 M3; 1 M4A e 1M4B e Seca - 1 M4B) e duas fêmeas (Chuvosa – 1 F4A e Seca - 1 F4A).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Em toda a América do Sul e são abundantes nas bacias da Amazônia, no Atlântico Sul (exceto no trecho sudeste), São Francisco e Paraná.

Figura 22: *Hoplias malabaricus* (Bloch 1794) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Erythrinidae

Espécie: *Hoplias malabaricus* (Bloch 1794)

Nome popular: traíra

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A traíra é um peixe de escamas. Possui corpo cilíndrico, boca e olhos grandes, nadadeiras arredondadas, com exceção da dorsal. Sua coloração varia de acinzentada, marrom a preta. Lateral do corpo com manchas irregulares escuras, às vezes em forma de “V” com o vértice voltado para a cabeça. Possui dentes cônicos e caninos além de muitos dentes diminutos no palato. A língua é áspera ao tato, o que a diferencia dos trairões, que apresentam a língua lisa. Não possui nadadeira adiposa. Nadadeira anal de base curta. Linha lateral é completa, com 39 a 43 escamas perfuradas. É um peixe utilizado em açudes e represas como controlador de populações de outras espécies, como tilápias e piabas. Tem alta resistência a locais com pouco oxigênio. Apesar do excesso de espinhas, em algumas regiões é bastante apreciado como alimento.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 52 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas nove sequências de *H. malabaricus* do Bold provenientes do trabalho de Sales et al., (2018). As análises delimitaram duas linhagens desta espécie ocorrendo no rio Doce. As duas foram compostas por sequências geradas neste estudo e sequências do trabalho de Sales et al., (2018) (Figura 108). A divergência genética intraespecífica para essa espécie foi de 6,78%, indicativo de diversidade subestimada dentro desse táxon.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 52 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas nove sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises

de genética de populações. A partir dessas 61 sequências foram encontrados dois grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 23), que indica que eles apresentam divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais. Esses dois grupos foram confirmados pela análise de delimitação de espécies como entidades diferentes (Figura 23).

Figura 23: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Hoplias malabaricus* delimitados.



H. malabaricus -Grupo 1. Inclui 37 sequências de COI do projeto e três sequências do BOLD. A partir dessas 40 sequências foram encontrados seis haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,575 ($\pm 0,058$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0017 ($\pm 0,0012$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,84% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,2; C = 28,2; A = 22,4; G = 19,2. Foram encontrados oito sítios variáveis, dos quais, dois foram parcimoniosamente informativos e seis foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (-0,662, $p = 0,361$) e D de Tajima (-0,982, $p = 0,178$).

H. malabaricus -Grupo 2. Inclui 15 sequências de COI do projeto e seis sequências do BOLD. A partir dessas 21 sequências foram encontrados sete haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,614 ($\pm 0,116$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0024 ($\pm 0,0016$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,13% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,6; C = 29,0; A = 23,4; G = 18,0. Foram encontrados 14 sítios variáveis, dos quais, quatro foram parcimoniosamente informativos e 10 foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística na análise demográfica Fs de Fu (-1,512, $p = 0,163$), mas sim para o D de Tajima (-1,987, $p = 0,009$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 36 indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,494 ($\pm 0,058$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0015 ($\pm 0,0012$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,55% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 27,0; C = 20,6; A = 30,1; G = 22,3. Foram encontrados quatro sítios variáveis, dos quais, dois foram parcimoniosamente informativos e

dois foram *singletons*. Também não encontramos significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (1,707, $p = 0,836$) e D de Tajima (0,762, $p = 0,799$).

Tamanho máximo: 49 cm.

Habitat: Habita águas paradas de lagos, represas, brejos, remansos e rios, tendo preferência por barrancos com vegetação, onde espreitam e emboscam suas presas.

Hábito alimentar: De acordo com a literatura, em alevinos a alimentação é basicamente composta por plâncton; juvenis alimentam-se de insetos e crustáceos, e adultos são carnívoros, com preferência por peixes e camarões. Espécimes coletados pelo Anexo 7 podem ser considerados piscívoros por consumir predominantemente peixe.

Reprodução: É ovulípara e de fecundação externa. Foram coletados 735 indivíduos, destes 81% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 44,93 mm – 288,00 mm. Dos animais maduros foram encontrados 22 machos (Chuvosa – 2 M2; 2 M3; 4 M4A e 4 M4B e Seca - 6 M2; 1M4A e 3 M3) e 27 fêmeas (Chuvosa – 2 F2; 3 F3 e 8 F4A e Seca - 5 F2; 1 F3; 6 F4A e 2 F4B).

Categoria: Fora de perigo.

Distribuição: Américas Central e do Sul, desde a Costa Rica até a Argentina (FRICKE et al., 2019).

Figura 24: *Prochilodus argenteus* Agassiz 1829 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Prochilodontidae

Espécie: *Prochilodus argenteus* Agassiz 1829

Nome popular: curimatã-pacu, zulega

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

É caracterizado por possuir corpo relativamente alto, comprimento padrão de aproximadamente 45 cm e pode ser distinguido por possuir 10 ou 11 fileiras horizontais de escamas entre a origem da nadadeira dorsal e a linha lateral versus 8 a 9 em *P. costatus*, espécie-irmã endêmica da bacia do rio São Francisco (BRITSKI et al., 1988). São distinguidos morfologicamente das demais famílias, pela presença de lábios carnudos contendo duas séries de numerosos dentes falciformes ou espatulados, relativamente pequenos, inseridos nos lábios protráteis, ao invés dos ossos das maxilas (CASTRO; VARI, 2004).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram duas linhagens desta espécie na bacia do rio Doce, ambas compostas por sequências de *P. argenteus* desse estudo e *P. costatus* do trabalho de Sales et al., (2018), no entanto em uma dessas linhagens agrupou ainda uma sequência de *P. costatus* gerada nesse estudo (Figura 108).

Tamanho máximo: 50 cm.

Habitat: São encontrados em diversos habitats, desde lagoas marginais com fluxos para os rios principais, até rios moderadamente rápidos em regiões montanhosas, com ocorrência em águas escuras, claras e brancas (CASTRO; VARI, 2003).

Hábito alimentar: São considerados iliófagos, os quais se alimentam de detritos e sedimentos (plantas, animais e detritos que aderem à vegetação, rochas e outras superfícies) que se acumulam na superfície subaquática. Adaptações anatômicas para esse tipo de alimentação são verificadas para esta família, tais como modificações nos maxilares, arcos branquiais e no sistema digestório (ARAÚJO-LIMA et al., 1986). Dos seis estômagos analisados pelo Anexo 7, a espécie aparenta ter um hábito alimentar iliófago, consumindo principalmente matéria orgânica, detrito e sedimento.

Reprodução: Possui desova total, sendo que seu período reprodutivo se estende de novembro a janeiro na estação chuvosa, coincidindo com a época de cheias, altas temperaturas e longos fotoperíodos (CALDEIRA et al., 2002). Foram coletados oito indivíduos, sendo seis machos (Chuvosa – 1 M2 e 1 M3 e Seca - 1 M1; e 3 M4A) e duas fêmeas (Chuvosa – 1 F2 e 2 F4B e Seca - 1F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: América do Sul: endêmica da bacia do rio São Francisco, mas introduzida em vários rios do nordeste do Brasil e na bacia do rio Doce.

Figura 25: *Prochilodus costatus* Valenciennes 1850 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Prochilodontidae

Espécie: *Prochilodus costatus* Valenciennes 1850

Nome popular: Curimatá, curimatã-pioa

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Espécie de grande porte. Linha lateral com 44-47 escamas e com 8-9 fileiras de escamas entre a linha lateral e a nadadeira dorsal. É um recurso importante para as comunidades pesqueiras artesanais, representando uma das espécies comumente desembarcadas na região (CAMARGO; PETRERE JR, 2001).

DNA barcode: Apenas uma amostra dessa espécie foi sequenciada para o gene mitocondrial COI. Foram usadas então mais seis sequências baixadas do Bold, provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). As análises delimitaram duas linhagens desta espécie para o rio Doce, porém ambas incluem amostras de *P. costatus* do presente estudo e do Bold e também amostras de *P. argenteus* geradas nesse estudo (Figura 108).

Tamanho máximo: 500 mm.

Habitat: Trechos lóticos em cursos d'água de rios de médio a grande porte, nadador da coluna d'água.

Hábito alimentar: Detritívoro, consome principalmente matéria orgânica em decomposição e perifíton. Dos cinco estômagos analisados pelo Anexo 7; a espécie aparenta ter um hábito alimentar iliófago, consumindo em altas proporções detrito e matéria orgânica.

Reprodução: É um peixe migrador que atinge maturidade sexual com cerca de 27,0 cm. O período reprodutivo se estende de setembro a abril, a fecundação é externa e sem cuidado parental. Os machos emitem sons, conhecidos localmente como turros, através da vibração de músculos intercostais durante o período reprodutivo. Foram coletados cinco indivíduos, sendo três machos (Chuvosa – 1 M3 e Seca - 2 M3 e 1 M4A) e duas fêmeas (Seca - 1 F4A e 1F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: América do Sul: endêmica da bacia do rio São Francisco, mas relatada como tendo sido introduzida em rios costeiros do Brasil.

Figura 26: *Prochilodus vimboides* Kner 1859 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Curimatidae

Espécie: *Prochilodus vimboides* Kner 1859

Nome popular: Curimba

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

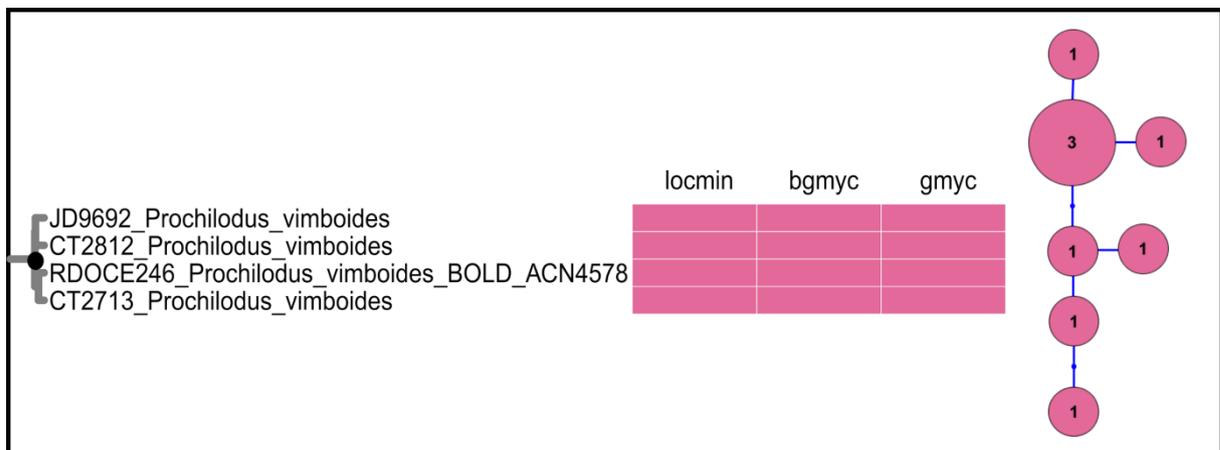
Esta espécie possui corpo coberto por escamas, moderadamente baixo e alongado em relação às demais congêneres, boca terminal com lábios espessos e protráteis em forma de ventosas (HONJI et al., 2017). Em vida possuem colorido prateado, com as nadadeiras de tonalidade hialina à acinzentado, bordadas por um tom avermelhado. Difere das demais espécies do gênero *Prochilodus* pelo número de escamas na linha lateral (34-39 vs 40-64) (CASTRO; VARI, 2004). São migradores de longa distância bem como os demais *Prochilodus*. Está classificada como vulnerável na lista das espécies ameaçadas de extinção (ICMBIO, 2018) devido aos escassos registros da mesma desde a década de 60 nos rios Tietê e Mogi-Guaçu; declínio acentuado das populações no rio Paraíba do Sul, não sendo mais registrada nem mesmo por pesca comercial; declínio de registros provavelmente associados à introdução de espécies exóticas congêneres como *Prochilodus costatus* e *Prochilodus lineatus*, construção de barragens e desmatamento nas bacias dos rios Doce e Mucuri. Estima-se que houve uma redução de 60% na extensão de ocorrência dessa espécie nos últimos 20 anos (ICMBIO, 2018). A tendência é de que as ameaças à essa espécie se intensifiquem com a construção de novas barragens, perda de qualidade de água devido à efluentes domésticos e industriais, bem como assoreamento; estudos são necessários para determinar se as espécies de *Prochilodus* introduzidas na bacia do rio Doce, contribuem com o declínio de *P. vimboides*. Da mesma forma que *Prochilodus mariae*, os hábitos detritívoros desta espécie podem representar processos relevantes no ecossistema aquático (FLECKER, 1996). Além dessa característica, as

espécies de *Prochilodus* aumentam a turbidez da água e devem ser consideradas como engenheiras de ecossistemas.

DNA Barcode: Cinco amostras dessa espécie foram sequenciadas para o gene mitocondrial COI. Uma sequência do trabalho de Sales et al. (2018) foi baixada do Bold e adicionada ao banco de dados. As análises delimitaram somente uma linhagem dessa espécie para o rio Doce incluindo todas as sequências utilizadas (Figura 108). Das três espécies de *Prochilodus* analisadas no presente estudo, somente *P. vimboides* se mostrou monofilética.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescidas quatro sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas nove sequências foi encontrado apenas um grupo. A relação genealógica dos haplótipos (Figura 27) indica que eles apresentam divergência genética rasa, pois estão separados somente por um ou nenhum passo mutacional, corroborando o resultado da análise de delimitação de espécies.

Figura 27: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de *Prochilodus vimboides*.



P. vimboides. Inclui cinco sequências de COI do projeto e quatro sequências do BOLD. A partir dessas nove sequências foram encontrados sete haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,916 ($\pm 0,092$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0038 ($\pm 0,0025$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,88% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,3; C = 27,4; A = 24,0; G = 18,4. Foram encontrados oito sítios variáveis, dos quais, três foram parcimoniosamente informativos e cinco foram *singletons*. Foi encontrada significância estatística na análise demográfica F_s de F_u (-2,952, $p = 0,019$), mas não para o D de Tajima (-0,512, $p = 0,343$).

Para esta espécie não foram sequenciadas amostras do gene nuclear Myh6.

Tamanho máximo: 328,6 mm (CASTRO; VARI, 2003).

Habitat: Habitam rios de grande porte, ocorrendo tanto em áreas de remanso quanto de corredeiras. No alto rio Doce, área da UHE Candonga eram amostradas tanto no reservatório quanto em trechos encachoeirados do rio. Durante as coletas do Anexo 7, foi amostrado apenas um espécime na calha principal do rio Doce próximo à Linhares.

Hábito alimentar: Consideradas iliófagas, ou seja, alimentam de detritos (HONJI et al., 2017). Apenas um exemplar foi coletado durante todas as campanhas do Anexo 7 RRDM. Este espécime consumiu principalmente detrito e matéria orgânica.

Reprodução: Foi coletado um indivíduo imaturo.

Grau de ameaça: VU – Vulnerável.

Distribuição: São conhecidas dos rios costeiros do Brasil, entre as bacias costeiras do rio Jequitinhonha no sul da Bahia e Minas Gerais até o rio Paraíba do Sul no Rio de Janeiro, também em porções do alto Paraná e São Francisco próximo ao reservatório de Três Marias (VARI; CASTRO, 2003). Também há registro dessa espécie nas bacias do alto rio Tietê e Mogi-Guaçu, principalmente nas calhas dos rios de maior dimensão (ICMBIO, 2018).

Figura 28: *Metynnis lippincottianus* (Cope 1870) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Serrasalmidae

Nome popular: pacu-CD

Espécie: *Metynnis lippincottianus* (Cope 1870)

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Essa espécie possui corpo alto e curto, coberto por escamas de tamanho diminuto. Em vida possui a coloração prateada. A mancha umeral é arredondada, preta e com margens difusas. Existem várias máculas negras sobre a lateral do corpo. Durante o período de reprodução, várias manchas ou faixas de pigmentação vermelhas na região ventral aparecem. A nadadeira peitoral é vermelha, a pélvica é preta nos machos e vermelha nas fêmeas; e a dorsal apresenta manchas pretas e vermelhas (GRAÇA; PAVANELLI, 2007). Possuem dentes multicuspidados tanto na pré-maxila quanto no dentário.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce, no entanto a mesma incluiu ainda uma sequência de *M. maculatus* proveniente do trabalho de Sales et al. (2018) também do rio Doce (Figura 108). O espécime identificado por Sales et al. (2018) é na verdade *M. lippincottianus*, o qual também é exótico à bacia.

Tamanho máximo: 170,2 mm (GRAÇA; PAVANELLI, 2007).

Habitat: Habitam rios de água clara, branca e preta (OTA, 2015).

Hábito alimentar: Os espécimes coletados durante o monitoramento da porção baixa do rio Doce apresentam hábito alimentar herbívoro, ingerindo principalmente plantas de origem terrestre e algas filamentosas.

Reprodução: Foram coletados 136 indivíduos, destes 49% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 15,38 mm – 101, 2mm. Dos animais maduros foram encontrados 34 machos (Chuvosa – 1 M1; 2 M2 e 1 M3 e Seca - 4 M2) e 35 fêmeas (Chuvosa – 2 F2; 12 F3; 2 F4A e 3 F4B e Seca - 2 F1; 10 F2; 2 F3 e 2 F4A).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: O gênero ocorre nas drenagens da Venezuela e da Guiana Francesa, Bacia Amazônica, drenagens do Nordeste do Brasil, bacias do rio São Francisco e alto rio Paraná (OTA, 2015).

Figura 29: *Pygocentrus nattereri* Kner 1858 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Serrasalminidae

Espécie: *Pygocentrus nattereri* Kner 1858

Nome popular: piranha vermelha

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie apresenta corpo alto e curto, coberto por escamas diminutas. Se diferencia das demais espécies do gênero pela ausência de dentes no ectoptergóide. A bexiga gasosa possui uma câmara posterior muito truncada, ao invés de alongada como pode ser observado na maioria dos peixes. Os ossos frontais, parietais e pteróticos possuem cristas ao redor dos canais laterosensoriais da cabeça, sendo a mesma substancialmente mais larga do que nas outras espécies de piranhas (KOSTOV et al., 2016). A coloração é marcante, avermelhada na região ventral e cinza-prateada na porção dorsal. As nadadeiras anal, ventrais e peitorais são avermelhadas em vida e a dorsal e caudal possuem uma tonalidade acinzentada. Os espécimes fixados possuem coloração cinza. Na fase juvenil apresenta pequenas manchas arredondadas nos flancos, bem como uma coloração mais clara e prateada.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de quatro indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce, no entanto a mesma incluiu ainda uma sequência de *P. nattereri* proveniente do trabalho de Sales et al. (2018) e, sequências de *P. piraya* geradas no presente estudo (Figura 108). A distância genética entre as duas

espécies foi de 0% enquanto as distâncias dentro de cada uma variaram de 0.29% (*P. nattereri*) a 0.47% em *P. piraya*.

Tamanho máximo: 305 mm (BRAMBILLA et al., 2015).

Habitat: Geralmente os peixes da família são habitantes de águas lentas, ocorrendo tipicamente em lagos ou planícies alagadas.

Hábito alimentar: Apresenta dieta variada alimentando-se de artrópodes, peixes, outros vertebrados e até material de origem vegetal como sementes e frutos (MURARI, 2003). Espécimes coletados pelo Anexo 7 possuem hábito alimentar piscívoro. A maioria dos exemplares de peixes que puderam ser identificados no conteúdo estomacal desta espécie, pertenciam à ordem Siluriformes.

Reprodução: A reprodução acontece entre o final da seca e a enchente (BITTENCOURT, 1994) com as fêmeas atingindo o processo de maturação sexual com aproximadamente 13 cm, em termos de fecundidade suas desovas compreendem entre 2.768 e 2.7711 ovócitos que são dispersos entre a vegetação aquática (BITTENCOURT, 1994). O casal protege a prole. Foram coletados 148 indivíduos, destes 84% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 14,28 mm – 134,24 mm. Dos animais maduros foram encontrados 19 machos (Chuvosa – 1 M1; 8 M2; 2 M3 e 2 M4A e Seca - 5 M2 e 1 M4A) e quatro fêmeas (Chuvosa – 1 F2 e 1 F3 e 2 F4B e Seca - 1 F2 e 1 F4A).

Grau de ameaça: LC- menos ameaçado (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Bacia do rio Amazonas, bacia do rio Paraguai-Paraná, rios costeiros do nordeste do Brasil, bacia do rio Essequibo e rio Madeira.

Figura 30: *Pygocentrus piraya* (Cuvier 1819) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Serrasalmidae

Espécie: *Pygocentrus piraya* (Cuvier 1819)

Nome popular: piranha preta

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie apresenta corpo alto e curto. Apresentam de 80 a 90 escamas pequenas na linha lateral, 29 a 38 acima (até a nadadeira dorsal) e 32 a 43 abaixo na linha transversal (até a nadadeira pélvica). Se distinguem dos demais serrasalmídeos por apresentar cabeça mais larga, corpo convexo dorsalmente, presença de raios na nadadeira adiposa, dentes tricúspides e ausência de dentes no ectoptergóide (MATEUSSI et al., 2019). Em vida apresentam a região dorsal do corpo preta e a região ventral mais clara, acinzentada. Depois de fixados a coloração preta se mantém.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de quatro indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce, a qual incluiu também sequências de *P. nattereri* proveniente do trabalho de Sales et al., (2018) e também aquelas geradas neste estudo (Figura 108).

Tamanho máximo: 500 mm (SILVA et al., 2016; MATEUSSI et al., 2019).

Habitat: Lagos e rios com níveis de água mais elevados, confirmado pelo desaparecimento das espécies durante os períodos de seca e baixas profundidades (TRINDADE; JUCÁ-CHAGAS, 2008).

Hábito alimentar: Alimentação variada, principalmente peixes, moluscos e camarões, podendo se alimentar também de material vegetal, mas em menor escala (TRINDADE; JUCÁ-CHAGAS, 2008). Foram analisados apenas oito estômagos pertencentes a espécimes coletados na porção baixa do rio Doce, neste cenário, o hábito alimentar tende à onívoria, com grande volume de item vegetal consumido, associado a peixe e insetos aquáticos.

Reprodução: Reproduz-se de janeiro a abril, quando o nível da água está em elevação, os machos estão aptos à reprodução durante todo o ano (FERREIRA et al., 1996). Foram coletados 11 indivíduos, sendo sete machos (Chuvosa – 1 M2; 5M3 e 1M4A) e quatro fêmeas (Chuvosa- 3 F3 e 1 F4A).

Grau de ameaça: LC-menos ameaçada. (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Endêmica da bacia do rio São Francisco (JÉGU, 2003).

Figura 31: *Aequidens cf. plagiozonatus* Kullander 1984 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Aequidens cf. plagiozonatus* Kullander 1984

Nome popular: cará, acará, acarazinho

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Essa espécie apresenta uma nadadeira caudal com uma mácula escura na base e traços longitudinais claros. O que a diagnostica das demais espécies do gênero é a presença de abundante pontilhado por toda a extensão da nadadeira. A nadadeira peitoral é relativamente curta quando

comparada à maioria das espécies do gênero, não atingindo a origem da nadadeira anal (KULLANDER, 1984). Em vida possui um colorido cinza escuro no dorso e ventre mais claro. As nadadeiras são amareladas, com tracejados claros. Depois de fixados, os espécimes apresentam coloração variando de castanho escuro a preto.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de nove indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce (Figura 108).

Tamanho máximo: 330 mm.

Habitat: Ocorrem em água doce e são bentopelágicos (KULLANDER, 2003).

Hábito alimentar: Os espécimes coletados pelo Anexo 7, apresentaram um hábito alimentar bentófago ingerindo principalmente insetos aquáticos de fundo e matéria orgânica.

Reprodução: Foram coletados 65 indivíduos, destes 66% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 25,27 mm – 148,18 mm. Dos animais maduros foram encontrados 13 machos (Chuvosa – 1 M2; 1 M3; 1 M4A e 1M4B e Seca - 4 M1; 5 M2 e 1 M3) e nove fêmeas (Chuvosa – 2 F2; 1 F3 e 1 F4A e Seca - 2 F2; 2 F3 e 1 F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Ocorre nas bacias dos rios la Plata (OTA et al., 2018), Amazônica, Paraná, Brasil e Bolívia (FRICKE et al., 2019).

Figura 32: *Australoheros* sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Australoheros* sp.

Nome popular: acará

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Australoheros Rícan & Kullander é um gênero de ciclídeo da América do Sul caracterizado por ter uma coloração reprodutiva única (barras corporais 5 a 7 interrompidas em sua parte média) e juvenis com pontos xantóforos distintos na base caudal (RÍCAN; KULLANDER, 2006). *Australoheros* sp. possui coloração prateada à cinza escuro em vida e depois de fixados assumem coloração acinzentada.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 27 mm.

Habitat: Ambiente de riacho com fundo arenoso.

Hábito alimentar: Foram amostrados apenas três indivíduos desta espécie e nos três estômagos foram observados quase que exclusivamente insetos aquáticos, sendo considerada insetívora aquática.

Reprodução: Foram coletados apenas três indivíduos imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 19 mm – 25 mm.

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: O gênero é distribuído nas bacias dos rios Paraná-Paraguai e Uruguai, que se estendem até o sopé dos Andes no oeste da Argentina e a leste nas idades costeiras atlânticas da Argentina, Uruguai e Brasil, para a Bahia, incluindo a drenagem de São Francisco (CASCIOтта et al., 1995, 2006; RÍCAN; KULLANDER, 2008; OTTONI; COSTA, 2008).

Figura 33: *Geophagus brasiliensis* (Quoy & Gaimard 1824) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Geophagus brasiliensis* (Quoy & Gaimard 1824)

Nome popular: acará

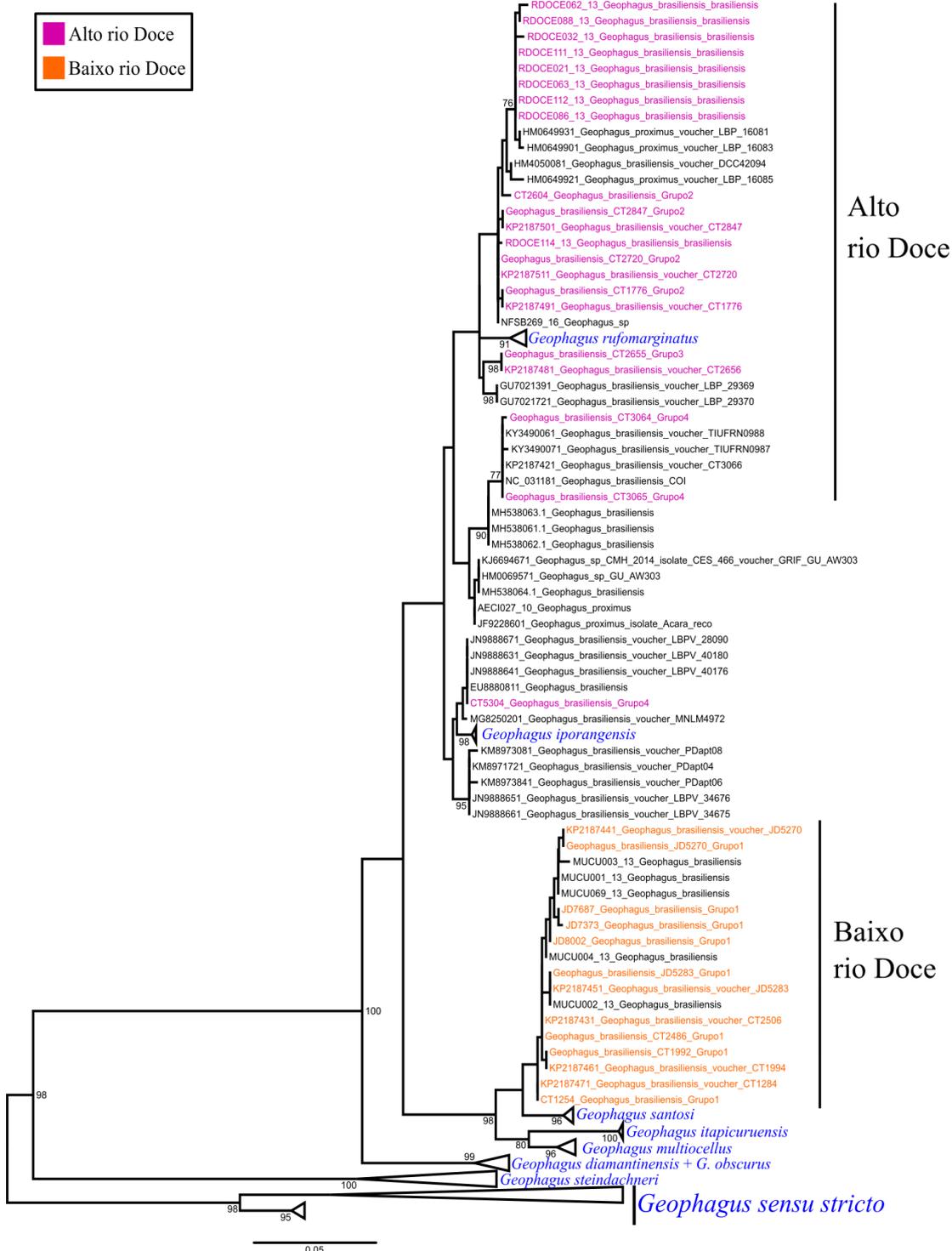
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo alto, achatado lateralmente, coberto por escamas, por vezes com faixas verticais em tom mais escuro em toda extensão do corpo. Fêmeas e jovens com mancha em linha, que passa pelo olho. Nadadeira dorsal sem espinhos. Mancha escura abaixo da linha lateral superior e manchas esbranquiçadas na porção terminal das nadadeiras dorsal e anal, na nadadeira caudal e nos flancos. Linha lateral interrompida, característica de toda família Cichlidae com 17 a 20 escamas em sua porção superior, 8 a 14 na inferior. Linha transversal superior com 4 série de escamas e inferior com 5. São capazes de se adaptar bem à diversas condições de salinidade, temperatura, pH e disponibilidade de oxigênio e alimento do ambiente.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 32 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas 12 sequências do trabalho de Sales et al. (2018) provenientes da porção alta do rio Doce e 16 do trabalho de Alves-Silva; Dergam (2015). As análises delimitaram três linhagens desta espécie ocorrendo no rio Doce com uma divergência de 6,5% entre os espécimes analisados (Figura 108). Uma linhagem foi composta por 11 sequências geradas neste estudo mais oito do trabalho de Alves-Silva; Dergam (2015); outra linhagem incluiu 20 sequências geradas neste trabalho, 12 sequências do trabalho de Sales et al. (2018) e seis sequências de Alves-Silva; Dergam (2015). A terceira linhagem foi composta apenas por duas sequências de Alves-Silva;

Dergam (2015) e uma sequência do presente estudo. No trabalho de Alves-Silva; Dergam (2015) focando na parte média e alta do rio Doce, foram observadas duas linhagens de *G. brasiliensis*, uma delas ocorrendo principalmente nos rios (ambiente lótico) e outra nas regiões de lagoas (ambientes lênticos). Baseado em análises das relações filogenéticas do grupo “brasiliensis”, o grupo lêntico de Alves-Silva; Dergam (2015), assim como a linhagem composta pelos espécimes analisados por Sales et al. (2018) parecem ser mais relacionados com um clado de *G. brasiliensis* do rio Paraíba do Sul, enquanto a linhagem formada pelos espécimes analisados nesse estudo (porção baixa do rio Doce) é mais distante. Recentemente Mattos; Costa (2018) descreveram três novas espécies do complexo *G. brasiliensis*. Baseado nas análises filogenéticas incluindo todas as espécies do complexo *G. brasiliensis*, o grupo lacustre do baixo rio Doce é grupo irmão de *G. santosi* Figura 34).

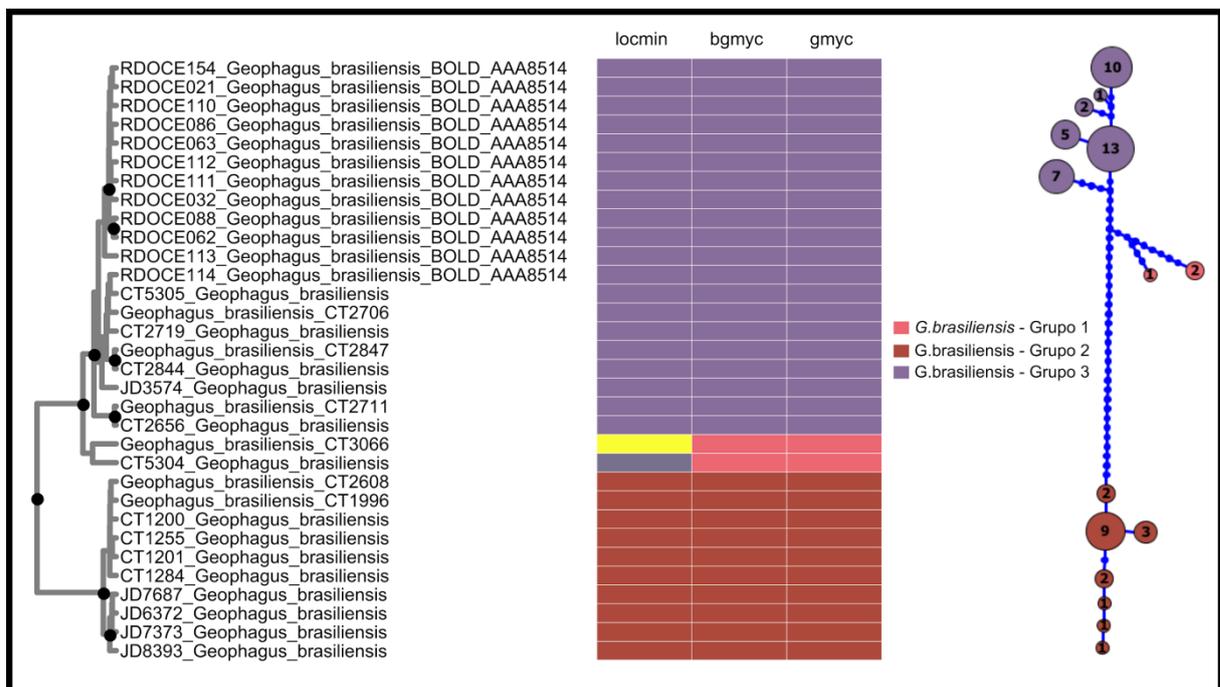
Figura 34: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de *Geophagus brasiliensis* provenientes do rio Doce e as demais espécies de *Geophagus* com sequências disponíveis no Genbank.



Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 32 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescidas 28 sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 60 sequências foram encontrados três grupos. A relação

genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 35), que indica que entre o grupo 1 e os grupos 2 e 3 existe divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais, sendo que estes últimos são mais próximos genealogicamente. Esses três grupos foram confirmados pela análise de delimitação de espécies como entidades diferentes (Figura 35).

Figura 35: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Geophagus brasiliensis* delimitados.



G. brasiliensis -Grupo 1. Inclui uma sequência de COI do projeto e duas sequências do BOLD. A partir dessas três sequências foram encontrados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,667 (\pm 0,314) e uma diversidade nucleotídica de 0,0122 (\pm 0,0098). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,86% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,6; C = 28,2; A = 23,1; G = 18,2. Foram encontrados 11 sítios variáveis, dos quais, nenhum foi parcimoniosamente informativo e 11 foram *singletons*. Não foi possível realizar as análises demográficas F_s de F_u e D de Tajima devido ao baixo número amostral.

G. brasiliensis -Grupo 2. Inclui 11 sequências de COI do projeto e oito sequências do BOLD. A partir dessas 19 sequências foram encontrados sete haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,760 (\pm 0,089) e uma diversidade nucleotídica de 0,0029 (\pm 0,0019). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,93% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,6; C = 28,0; A = 23,2; G = 18,2. Foram encontrados sete sítios variáveis, dos quais, seis foram parcimoniosamente informativos e um foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-1,498, p = 0,173) e D de Tajima (-0,199, p = 0,462).

G. brasiliensis -Grupo 3. Inclui 20 sequências de COI do projeto e 18 sequências do BOLD. A partir dessas 38 sequências foram encontrados seis haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,779 (\pm 0,034) e uma diversidade nucleotídica de 0,0060 (\pm 0,0034). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,53% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,2; C = 28,7; A = 22,8; G = 18,2. Foram encontrados 13 sítios variáveis, dos quais, os 13 foram parcimoniosamente informativos e nenhum foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (3,610, $p = 0,919$) e D de Tajima (0,928, $p = 0,846$).

Para essa espécie não foram sequenciadas amostras do gene nuclear Myh6.

Tamanho máximo: 280 mm.

Habitat: Habitam grandes e pequenos lagos e lagoas com pouca ou nenhuma corredeira, especialmente remansos com vegetação abundante. Ocorrem ainda em ambientes lóticos com substratos variados.

Hábito alimentar: Onívora (MALABARBA et al., 2013). Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram um hábito alimentar invertívoro, consumindo principalmente insetos aquáticos, moluscos e em menor proporção microcrustáceos.

Reprodução: Foram coletados 735 indivíduos, destes 81% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 11,92 mm – 207,00 mm. Dos animais maduros foram encontrados 58 machos (Chuvosa – 10 M1; 13 M2; 11 M3; 3 M4A e 2 M4B e Seca - 2 M1; 8 M2; 3 M3; 3M4A e 3 M3) e 82 fêmeas (Chuvosa – 12 F2 ; 13 F3; 12 F4A e 1 F4B e Seca - 2 F1; 20 F2; 10 F3; 10F4A e 1 F4B).

Categoria: Fora de perigo.

Distribuição: Bacias do rio Doce, do rio Paraíba do Sul e do rio São Francisco.

Figura 36: *Astronotus ocellatus* (Agassiz 1831) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Astronotus ocellatus* (Agassiz 1831)

Nome popular: acará-açú, apaiari, oscar

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo ovalado coberto por escamas, moderadamente alongado, comprimido lateralmente e mais largo na região posterior à cabeça e anterior ao flanco. A cabeça e o focinho são curtos. A boca é grande em relação ao tamanho da cabeça. Os dentes são pequenos e um pouco recurvados. Os raios anteriores das nadadeiras dorsal e anal e o primeiro raio das pélvicas são transformados em espinhos. Os machos são maiores e mais coloridos que as fêmeas. A coloração em vida varia do preto-acinzentado ao marrom, com grandes manchas amarelo-alaranjadas na região anterior à cabeça e abaixo da nadadeira dorsal, possuindo algumas barras verticais escuras. Na região próxima à cauda, há uma mancha negra envolvida por um anel amarelo-prateado, chamada ocelo caudal ou mancha ocelada. Difere de seu único congênere (*A. crassipinnis*) pela presença de manchas oceladas na base da região posterior da nadadeira dorsal (geralmente 2 manchas), menores do que o ocelo caudal (vs. ausentes em *A. crassipinnis*). Após a fixação, o contraste entre as cores preto-acinzentado e amarelo-alaranjado é perdido, porém, os ocelos ainda são bem evidentes (KULLANDER, 1986; BURGER et al., 2011).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 300 mm (SANTOS et al., 2004).

Habitat: Prefere locais rasos, com pouca correnteza, vegetação aquática e floresta alagada (SOARES et al., 2008).

Hábito alimentar: Espécie com hábito alimentar onívoro (pequenos peixes e invertebrados) com tendência à carnivoría (SANTOS et al., 2006; FABREGAT et al., 2015). Apenas um exemplar foi coletado durante as coletas do Anexo 7 RRDM; seu conteúdo estomacal indicou consumo de matéria vegetal e moluscos.

Reprodução: Se reproduzem em ambientes lênticos. O casal constrói seus ninhos em locais rasos onde depositam os ovos e apresentam cuidado parental. A reprodução ocorre com maior intensidade entre dezembro e julho, durante as cheias com formação de áreas alagadas (SANTOS et al., 2006). Foi encontrado apenas um indivíduo, M1 na estação seca.

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Espécie nativa da Bacia Amazônica, Brasil, Peru, Guianas e Venezuela. Encontra-se introduzida em outras bacias brasileiras, por exemplo, no rio Doce, no rio São Francisco, no Recôncavo Sul e nas demais bacias costeiras do Leste do Brasil (BARBOSA; SOARES, 2009; BURGER et al., 2011).

Figura 37: *Cichla cf. kelberi* Kullander & Ferreira 2006 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Cichla cf. kelberi* Kullander & Ferreira 2006

Nome popular: tucunaré-amarelo

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Cichla cf. kelberi possui corpo amarelado, achatado lateralmente, coberto por escamas e com três barras negras em posição vertical. A cabeça é esverdeada. A região peitoral e abdominal é esbranquiçada. A boca é prostrátil com minúsculos dentes filiformes. A linha lateral é dividida em dois ramos, um superior e outro inferior. Na região próxima à nadadeira caudal, há uma mancha negra arredondada envolvida por um anel branco-amarelado chamado 'ocelo caudal'. Esta espécie é distinguida de todas as outras espécies de *Cichla* pela presença, nos adultos, de pequenos pontos de luz nas nadadeiras pélvicas e anais e no lobo inferior da nadadeira caudal. Os juvenis possuem uma faixa marrom que se estende da terceira barra vertical até a base da nadadeira anal, onde termina com uma mancha ligeiramente mais intensa. Após a fixação, o contraste entre as cores amarelo-esverdeado e marrom são perdidas, porém, as três barras verticais, o ocelo caudal e os pequenos pontos de luz nas nadadeiras ainda são bem visíveis (KULLANDER; FERREIRA, 2006).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas duas sequências do trabalho de Sales et al. (2018) provenientes da porção alta do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie ocorrendo no rio Doce (Figura 108).

Tamanho máximo: 600 mm (FREITAS et al., 2017).

Habitat: Habitam preferencialmente ambientes lênticos de água transparente, principalmente remansos e lagoas. Geralmente vivem abrigados entre troncos e galhos submersos (NASCIMENTO et al., 2001).

Hábito alimentar: Hábito alimentar carnívoro com preferência por peixes e invertebrados (GOMIERO et al., 2009). Os espécimes coletados pelo Anexo 7, consumiram quase que exclusivamente peixe, sendo considerada piscívora.

Reprodução: A espécie se reproduz o ano inteiro com picos mais elevados nas estações chuvosas e apresenta cuidado parental. O casal constrói seus ninhos em locais rasos onde depositam os ovos. Os machos em fase de reprodução podem ser distinguidos das fêmeas pela presença de uma protuberância na região da cabeça chamada de “giba ou processo gibóide”. Atingem maturidade sexual com um ano de idade. Uma peculiaridade da espécie é a capacidade de alterar o período e o tipo de desova (total ou parcelada), garantindo o recrutamento e a sobrevivência da espécie em diferentes condições ambientais (GASQUES et al., 2014; GOMIERO et al., 2009). Foram encontrados 72 indivíduos sendo 96% imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 121,32 mm – 127,69 mm. Dos animais maduros foram encontrados um M2 e F4A na estação de seca.

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Espécie nativa da bacia do rio Tocantins. Foi introduzida nas drenagens dos rios Paraná, Paraíba do Sul, São Francisco e Doce, além de relatos de que habitam a região Nordeste do Brasil. A espécie foi introduzida nas lagoas do rio Doce na década de 70 com a intenção de estimular a pesca desportiva (GODINHO et al., 1994; SATO; GODINHO, 1999; KULLANDER; FERREIRA, 2006; GASQUES et al., 2014).

Figura 38: *Cichla cf. monoculus* (Spix & Agassiz 1831).



Fonte: Kullander; Ferreira (2006)

Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Cichla cf. monoculus* (Spix & Agassiz 1831)

Nome popular: tucunaré-açú

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo amarelado-esverdeado, achatado lateralmente, coberto por escamas e com três barras negras em posição vertical. A cabeça é enegrecida. A cauda possui coloração vermelho-enegrecida. A região peitoral e abdominal é esbranquiçada. A boca é protrátil com minúsculos dentes filiformes. Linha lateral é dividida em dois ramos, um superior e outro inferior. Na região próxima à nadadeira caudal, há uma mancha negra arredondada envolvida por um anel branco-amarelado chamado 'ocelo caudal'. Esta espécie é semelhante a *Cichla kelberi*, porém, os adultos não possuem os pequenos pontos de luz nas nadadeiras pélvicas e anais e no lobo inferior da nadadeira caudal. Os juvenis possuem uma faixa marrom que se estende da terceira barra vertical até a base da nadadeira anal. Após a fixação, o contraste entre as cores amarelo-esverdeado e preto são perdidas, porém, as três barras verticais e o ocelo caudal ainda são bem visíveis (KULLANDER; FERREIRA, 2006).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 80 cm (KEITH et al., 2000; CHELLAPPA et al., 2003).

Habitat: A espécie prefere ambientes lânticos de águas escuras, principalmente lagoas e várzeas. É conhecido por habitar os canais de rios e córregos florestais (KULLANDER, 1986; CHELLAPPA et al., 2003; KULLANDER; FERREIRA, 2006).

Hábito alimentar: Hábito alimentar carnívoro com preferência por peixes e invertebrados (CHELLAPPA et al., 2003). Os espécimes coletados pelo Anexo 7, apresentaram hábito alimentar carnívoro, ingerindo principalmente peixe e camarão.

Reprodução: Se reproduzem em ambientes lênticos. A espécie se reproduz o ano inteiro com picos mais elevados nas estações chuvosas e apresenta cuidado parental. O casal constrói seus ninhos próximos aos troncos de árvores submersos ou em substrato rochoso. Os machos em fase de reprodução podem ser distinguidos das fêmeas pela presença de uma protuberância na região da cabeça chamada de 'giba ou processo gibóide'. Atingem maturidade sexual com aproximadamente 20 cm de comprimento total. Uma peculiaridade da espécie é a sua plasticidade fenotípica na alocação de recursos para reprodução de acordo com as condições ambientais, por exemplo, aumentar o esforço reprodutivo com o início de condições adversas (CHELLAPPA et al., 2003; GOMIERO et al., 2009). Foram coletados 452 indivíduos, destes 96% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 17,59 mm – 187,39 mm. Dos animais maduros foram encontrados 16 machos (Chuvosa – 2 M1; 3 M2; 2 M3; 3 M4A e 1 M4B e Seca - 3 M1 e 1 M4A) e quatro fêmeas (Chuvosa - 3 F4A e Seca - 1 F4A).

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Espécie nativa da bacia Amazônica. Foi introduzida nas drenagens dos rios Paraná, Paraíba do Sul, São Francisco e Doce, além de ser relatada na região Nordeste do Brasil. A espécie foi introduzida nas lagoas do rio Doce na década de 70 com a intenção de estimular a pesca desportiva (GODINHO et al., 1994; SATO; GODINHO, 1999; CHELLAPPA et al., 2003; KULLANDER; FERREIRA, 2006).

Figura 39: *Cichla cf. kelberi* Kullander & Ferreira 2006 coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Cichla cf. ocellaris* (Bloch & Schneider 1801)

Nome popular: tucunaré-comum

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo amarelo-esverdeado, achatado lateralmente, coberto por escamas e com cinco barras negras em posição vertical. A cabeça é esverdeada. A região peitoral e abdominal é branco-avermelhada. A boca é protrátil com minúsculos dentes filiformes. Linha lateral é contínua na maioria dos exemplares. Na região próxima à nadadeira caudal, há uma mancha negra arredondada envolvida por um anel branco-amarelado chamado 'ocelo caudal'. Esta espécie é distinguida de *C. kelberi* e *C. monocus* pela presença, em adultos, de cinco barras verticais nas laterais do corpo e uma mancha semelhante ao ocelo caudal próxima à região posterior da nadadeira dorsal. Os juvenis possuem uma faixa marrom interrompida (quase apagada) que se estende da última barra vertical até a base da nadadeira anal, onde termina com uma mancha mais intensa. Após a fixação, o contraste entre as cores amarelo-esverdeado e vermelho é perdida, porém, as cinco barras verticais e o ocelo caudal ainda são bem visíveis (KULLANDER; FERREIRA, 2006).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 74 cm (KEITH et al., 2000).

Habitat: A espécie é comumente encontrada nas corredeiras, mas prefere águas tranquilas com profundidade média e substratos rochosos (KEITH et al., 2000).

Hábito alimentar: Hábito alimentar carnívoro com preferência por peixes e crustáceos (STEFANI, 2007). Foram analisados dez exemplares pelo Anexo 7 e a espécie apresentou um hábito alimentar piscívoro.

Reprodução: Foram coletados 4 indivíduos, destes 25% eram imaturos. Dos animais maduros foram encontrados um macho (Seca - 1M1) e duas fêmeas (Chuvosa – 1 F1; 20 F2; 61 F3; 8 F4A e 1 F4B e Seca - 10 F1; 49 F2 e 14 F3).

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMbio, 2018).

Distribuição: Nativa da bacia Amazônica. Foi introduzida nas drenagens dos rios Paraná, Paraíba do Sul, São Francisco e Doce.

Figura 40: *Crenicichla lepidota* (Heckel 1840) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Crenicichla lepidota* (Heckel 1840)

Nome popular: jacundá, joana, joaninha

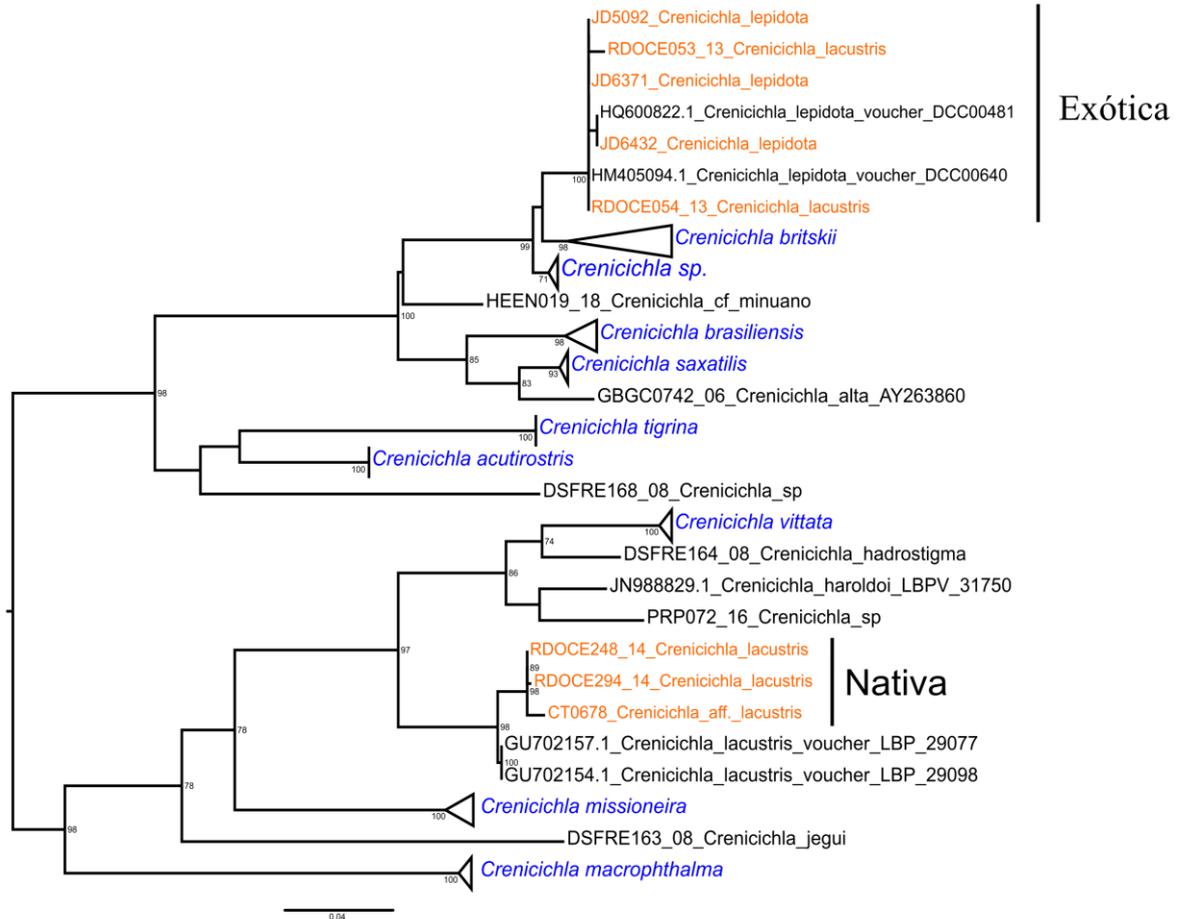
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é alongado, cilíndrico e coberto por escamas. A boca é ampla e possui minúsculos dentes filiformes. Possui uma mancha aproximadamente do tamanho do olho logo acima da base da nadadeira peitoral, essa mancha é chamada mácula umeral. Possui uma faixa escura e larga atrás do olho e uma faixa estreita inclinada abaixo do olho. Possui várias faixas transversais escuras que se estendem do dorso até a faixa longitudinal ao longo do corpo. Os juvenis possuem uma coloração mais clara em comparação com os adultos, mas é possível observar o mesmo padrão de faixas escurecidas ao longo de todo o corpo, incluindo a região da cabeça. A nadadeira dorsal possui uma listra clara. Após a fixação, o contraste entre o corpo esverdeado e as faixas escurecidas é perdido, porém, a mancha umeral, as faixas na região da cabeça e as faixas transversais interrompidas ao longo do corpo ainda são bem visíveis (LUCENA; KULLANDER, 1992).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de nove indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas seis sequências de *C. lacustris* do trabalho de Sales et al. (2018) provenientes da porção alta do rio Doce, e uma sequência de *C. aff. lacustris* do presente trabalho. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce, porém, a mesma incluiu ainda duas sequências de *C. lacustris* do trabalho de Sales et al. (2018). A sequência de *C. aff. lacustris* do presente estudo agrupou com quatro sequências de *C. lacustris* do trabalho de Sales et al. (2018) compondo outra linhagem de *C. lacustris* ocorrendo na bacia do rio Doce. Essa divisão de *C. lacustris* em dois clados já havia sido observado no trabalho de Sales et al. (2018),

com uma divergência intraespecífica de 21,36%. Com a análise conjunta de sequências de *C. lepidota* do presente estudo e sequências de *C. lacustris* do trabalho de Sales et al. (2018) podemos inferir que um dos clados identificados por Sales et al. (2018) como *C. lacustris* é na verdade *C. lepidota* (Figura 41).

Figura 41: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de *Crenicichla lepidota* e *C. lacustris* provenientes do rio Doce e demais espécies de *Crenicichla* disponíveis no GenBank.



Tamanho máximo: 180 mm (ANTONETTI et al., 2013; MALABARBA et al., 2013).

Habitat: Espécie geralmente encontrada em lagoas, prefere habitar rios de águas mais lânticas, sendo comum em margens com vegetação aquática submersa ou emergente (GURGEL et al., 1998; MALABARBA et al., 2013).

Hábito alimentar: Hábito alimentar carnívoro, consumindo peixes e invertebrados (HARTZ, 1997; GURGEL et al., 1998; SACCOL-PEREIRA, 2008). Espécimes coletados pelo Anexo 7 puderam ser considerados carnívoros por ingerirem proporções similares de peixe, insetos aquáticos, aracnídeos e camarão.

Reprodução: A espécie é conhecida por formar casais e defender do seu território contra intrusos, além do cuidado parental da prole. Os ninhos são construídos em cavidades no fundo dos corpos d'água, preferencialmente em troncos e raízes associada às macrófitas, onde a fêmea deposita seus ovos. Durante a fase de reprodução, as fêmeas podem ser distinguidas dos machos por possuírem alguns pontos de luz indistintos na parte posterior da barbatana dorsal espinhosa (LUCENA; KULLANDER, 2006; TERESA et al., 2011; MALABARBA et al., 2013). Foram coletados 208 indivíduos, destes 91% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 26,16 mm – 156,29 mm. Dos animais maduros foram encontrados 14 machos (Chuvosa – 4 M1; 1 M2; 1 M3 e Seca - 7 M2 e 1 M4B) e 11 fêmeas (Seca - 7 F2; 2 F3 e 2 F4A).

Grau de ameaça: LC – Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Bacias dos rios Paraná, Paraguai e Uruguai, rio Guaporé (bacia Amazônica), sistemas da laguna dos Patos e do rio Tramandaí, e rios costeiros de Santa Catarina. A espécie foi introduzida nas bacias do sudeste brasileiro, incluindo os rios Doce e o Paraíba do Sul (KULLANDER, 2003; KULLANDER; LUCENA, 2006; LUCENA; KULLANDER, 2006; BARBOSA; SOARES, 2009).

Figura 42: *Coptodon rendalli* (Boulenger 1897) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Coptodon rendalli* (Boulenger 1897)

Nome popular: tilápia

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

De origem africana, foi introduzida no Brasil na década de 70, com grande importância na piscicultura. Possuem espinhos nos primeiros raios das nadadeiras dorsal e anal, corpo achatado lateralmente, coberto por escamas e com linha lateral descontínua, o que caracteriza a família. Corpo com coloração cinza claro, com faixas escuras, mancha preta logo antes da cauda e por vezes na base da nadadeira dorsal. Nadadeira caudal nunca forma bandas verticais como em *Oreochromis niloticus*. É capaz de sobreviver em ambientes diversos com salinidade, temperatura, pH e disponibilidade de oxigênio e alimento variáveis (POPMA; LOVSHIN, 1996), e assim, é amplamente distribuído nas regiões do Brasil. Assim como *O. niloticus*, sua presença como exótico pode contribuir para extinção de espécies nativas e desestabilizar cadeias tróficas já estabelecidas.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências de *Coptodon rendalli* oriundas do trabalho de Sales et al. (2018) também da bacia do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie na bacia do rio Doce, porém a mesma incluiu também todas as sequências de *C. rendalli* (Figura 108).

Tamanho máximo: 176 mm (GRAÇA; PAVANELLI, 2007).

Habitat: Habitam grandes e pequenos lagos e lagoas com pouca ou nenhuma corredeira.

Hábito alimentar: Onívora de acordo com a literatura. Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram hábito alimentar bentófago, ingerindo principalmente algas, vegetal em decomposição e matéria orgânica.

Reprodução: Foram coletados 303 indivíduos, todos eles imaturos variando de 10,3 mm – 97,7 mm no comprimento total.

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: Originário da África (POPMA; LOVSHIN, 1996), foi primeiramente introduzida no Nordeste do Brasil na década de 70, mas hoje é amplamente distribuída no Brasil.

Figura 43: *Oreochromis niloticus* (Linnaeus 1758) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cichliformes

Família: Cichlidae

Espécie: *Oreochromis niloticus* (Linnaeus 1758)

Nome popular: tilápia do nilo

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

De origem africana, foi introduzida no Brasil na década de 70 e hoje tem grande importância na piscicultura, sendo o Brasil o quarto maior produtor mundial de *Oreochromis niloticus*. Possuem espinhos nos primeiros raios das nadadeiras dorsais, anais e pélvicas, corpo achatado lateralmente e alto, coberto por escamas e com linha lateral descontínua, o que caracteriza a família Cichlidae. É possível diferenciar *Oreochromis niloticus* de outras espécies de tilápia pelo padrão de coloração em vida. Elas possuem pintas escuras nas nadadeiras anal, caudal e porção terminal da dorsal, formando um padrão de bandas verticais na caudal. Coloração do corpo cinza, com faixas em tom mais escuro e uma mancha preta logo antes da cauda. É capaz de sobreviver em ambientes diversos, de salinidade, temperatura, pH, disponibilidade de oxigênio e alimento variáveis (POPMA; LOVSHIN, 1996). A presença desta espécie exótica pode contribuir para extinção de espécies nativas e desestabilizar cadeias tróficas já estabelecidas.

DNA barcode: A extração de DNA para essa espécie não foi bem-sucedida inviabilizando as etapas seguintes do processo de sequenciamento, portanto não foram geradas sequências para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 200,0 mm (GRAÇA; PAVANELLI, 2007).

Habitat: Habitam ambientes lóticos e lênticos, grandes e pequenos lagos e lagoas com pouca ou nenhuma correnteza.

Hábito alimentar: Onívora (GRAÇA; PAVANELLI, 2007). Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentaram hábito alimentar bentófico, consumindo principalmente itens de fundo como detrito, algas e sedimento.

Reprodução: Foram coletados 934 indivíduos, destes 95% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 15,27 mm – 97,27 mm. Dos animais maduros foram encontrados 30 machos (Chuvosa – 5 M1; 3 M2; 1 M3 e 1 M4A e Seca - 6 M1; 1 M2; 1 M3 e 1 M4B) e 18 fêmeas (Chuvosa – 3 F2; 8 F3; 1 F4A e 1 F4B e Seca - 5 F1; 9 F2; 2 F3 e 1 F4B).

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: Originário da África (POPMA; LOVSHIN, 1996), primeiramente introduzida no Nordeste na década de 70, atualmente é amplamente distribuída por todas as regiões do Brasil.

Figura 44: *Lycengraulis grossidens* (Spix & Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Clupeiformes

Família: Engraulidae

Espécie: *Lycengraulis grossidens* (Spix & Agassiz 1829)

Nome popular: sardinha, manjubão

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie é caracterizada pelo corpo alongado, com o focinho pontudo e arredondado, a boca é grande e subterminal com dentes espaçados formando uma serrilha (FISCHER et al., 2011; MALABARBA et al., 2013). Possui apenas uma nadadeira dorsal posicionada aproximadamente na metade do corpo, não possui nadadeira adiposa sendo a nadadeira caudal fortemente furcada. As

nadadeiras pélvicas estão na porção mediana entre as nadadeiras peitorais e anal (MALABARBA et al., 2013). Em vida, tem a coloração do dorso variando de azulado a esverdeado, laterais prateadas, nadadeira caudal amarelada e as demais hialinas, levemente amareladas (FISCHER et al., 2011). A abertura da boca é aproximadamente 2/3 do comprimento da cabeça (MALABARBA et al., 2013). Suas escamas são pouco aderidas e se perdem facilmente quando manuseados (MALABARBA et al., 2013).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie na bacia do rio Doce (Figura 108).

Tamanho máximo: 300 mm (FISCHER et al., 2011).

Habitat: Vivem em águas costeiras rasas até 40 m de profundidade, mas também penetram em rios costeiros e estuários, preferindo águas com baixa salinidade (FISCHER et al., 2011). É considerada uma espécie pelágica, marinha e estuarina (MALABARBA et al., 2013)

Hábito alimentar: Alimenta-se basicamente de pequenos peixes, mas também consome crustáceos e zooplâncton (FISCHER et al., 2011). Nos oito estômagos analisados pelo Anexo 7, os indivíduos consumiram grandes proporções de vegetal e secundariamente insetos aquáticos, demonstrando uma tendência a um hábito onívoro.

Reprodução: É ovulípara com fecundação externa e anádroma, ou seja, se reproduz em água doce (Malabarba et al., 2013). Foram coletados nove indivíduos sendo quatro machos (Chuvosa – 10 M1; 13 M2; 11 M3; 3 M4A e 2 M4B e Seca - 2 M1; 8 M2; 3 M3; 3M4A e 3 M3) e cinco fêmeas (Chuvosa – 1 F2 e 1 F4A e Seca - 2 F2 e 1 F3).

Categoria: LC - Pouco preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Regiões costeiras do Oceano Atlântico desde a América Central até a bacia do rio da Prata, penetrando rios ao longo da costa (MALABARBA et al., 2013).

Figura 45: *Poecilia reticulata* (Peters 1859) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cyprinodontiformes

Família: Poeciliidae

Nome popular: barrigudinho

Espécie: *Poecilia reticulata* (Peters 1859)

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo alongado e coberto por escamas, com coloração amarelada como palha. Boca direcionada para cima. Escamas com bordas marrom escuro, formando um padrão reticulado. Machos com manchas pretas ou coloridas pelo corpo e nas nadadeiras. Padrão amarelado para nadadeira das fêmeas. Raios superiores da nadadeira caudal alongado em machos, e com nadadeira anal modificada em gonopódio. Espécie vivípara.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 38 mm (GRAÇA; PAVANELLI, 2007).

Habitat: Habitam margens de rios e lagos, com vegetação abundante, encontrados também em estuários.

Hábito alimentar: De acordo com a literatura são onívoros, alimentam-se principalmente de detritos e larvas de insetos (ARAÚJO et al. 2009). Os exemplares analisados pelo Anexo 7 possuem hábito alimentar bentóforo, consumindo principalmente matéria orgânica e insetos aquáticos de fundo.

Reprodução: Foram coletados 23 indivíduos sendo 12 machos e 11 fêmeas.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuída dos rios da Venezuela até a bacia do rio da Prata. Ocorre naturalmente somente em montanhas costeiras da Venezuela e Trinidad, mas foi introduzida nos ambientes tropicais e semi-tropicais pelo mundo inteiro.

Figura 46: *Poecilia vivipara* (Bloch & Schneider 1801) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Cyprinodontiformes

Família: Poeciliidae

Nome popular: barrigudinho

Espécie: *Poecilia vivipara* (Bloch & Schneider 1801)

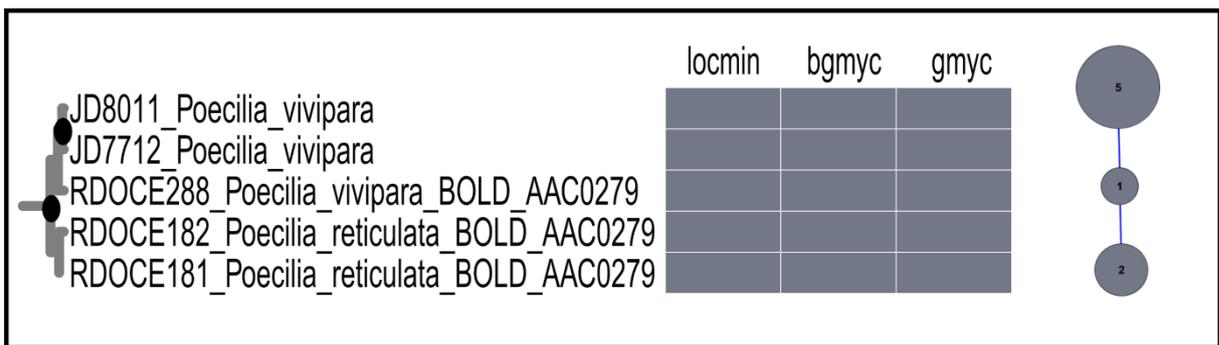
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui corpo alongado e coberto por escamas, mais escuro na parte dorsal, principalmente na região anterior à base da nadadeira dorsal. Boca direcionada para cima. Machos com manchas escuras verticais abaixo da nadadeira dorsal. Nadadeiras hialinas, exceto a dorsal, pigmentada de preto na ponta, hialina na porção média e preta na porção proximal. Machos com nadadeira anal modificada em gonopódio. Espécie vivípara.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas uma sequência de *P. vivipara* e quatro de *P. reticulata* baixadas do Bold, provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce, no entanto esta incluiu ainda duas sequências de *P. reticulata* e uma de *P. vivipara* de Sales et al. (2018). Outras duas sequências de *P. reticulata* do Bold ficaram separadas formando outro clado (Figura 108). Essa separação em dois cladros de *P. reticulata* na bacia do rio Doce já havia sido observada por Sales et al. (2018), portanto baseado na análise conjunta dos bancos de dados podemos inferir que as amostras de *P. reticulata* (Bold) que agruparam com as amostras de *P. vivipara* do presente trabalho são na verdade indivíduos dessa última espécie. Isso é corroborado pela grande distância intraespecífica (14,34%) encontrada em *P. reticulata* por Sales et al. (2018).

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI e foi acrescentada uma sequência depositada no Bold para as análises de genética de populações. Com base nas análises de delimitação, também foram incluídas nas análises populacionais duas sequências de *P. reticulata* que agruparam com *P. vivipara*, totalizando oito sequências. A partir dessas oito sequências foi encontrado um único grupo. A rede de haplótipos mostra uma baixa diversidade genética, representada em um haplótipo mais frequente e outros dois derivados (Figura 47).

Figura 47. Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas de *Poecilia vivipara*.



P. vivipara. Inclui cinco sequências de COI do projeto e uma sequência do BOLD. A partir dessas seis sequências foram encontrados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,333 ($\pm 0,215$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0005 ($\pm 0,0006$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,15% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,8; C = 25,7; A = 25,5; G = 17,0. Foi encontrado um sítio variável, o qual não foi parcimoniosamente informativo, e um *singleton*. Não encontramos significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u ($-0,003$, $p = 0,251$) e D de Tajima ($-0,933$, $p = 0,265$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de quatro indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,833 ($\pm 0,222$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0024 ($\pm 0,0021$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,499% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 19,9; C = 25,3; A = 28,9; G = 25,9. Foram encontrados quatro sítios variáveis, dos quais, nenhum foi parcimoniosamente informativo e quatro foram *singletons*. Também não encontramos significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u ($0,133$, $p = 0,320$) e D de Tajima ($-0,780$, $p = 0,205$).

Tamanho máximo: 40 mm (LUCINDA, 2003).

Habitat: Habitam margens de rios e lagos, com vegetação abundante, encontrados também em estuários.

Hábito alimentar: Onívoro, alimentando-se preferencialmente de algas e detritos (ARANHA; CARAMASCHI, 1999; ARAÚJO et al. 2009). Espécimes coletados pelo Anexo 7 possuem hábito alimentar bentóforo, consumindo principalmente detrito, algas e insetos aquáticos de fundo.

Reprodução: Foram coletados 1.398 indivíduos sendo 370 machos e 1028 fêmeas.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuído no leste da América do Sul.

Figura 48: *Elops saurus* (Linnaeus 1766) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Elopiformes

Família: Elopidae

Espécie: *Elops saurus* (Linnaeus 1766)

Nome popular: ubarana

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie apresenta um corpo alongado, boca ampla com poucos dentes, nadadeiras sem espinhos, e coloração prateada em todo o corpo (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). As nadadeiras peitorais estão em posição mais ventral em relação ao eixo do corpo, nadadeira caudal bifurcada e nadadeiras pélvicas sob a região anterior da base da nadadeira dorsal (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). O seu desenvolvimento envolve profundas mudanças, sendo que em uma delas existe um estágio de larva chamada larva lepidocéfala (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). Essas larvas são transparentes e apresentam uma cabeça muito pequena em relação ao restante do corpo.

DNA barcode: Apenas uma amostra proveniente do rio Doce foi sequenciada para essa espécie, portanto, uma única linhagem foi delimitada pelas análises.

Tamanho máximo: 900 mm (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980).

Habitat: Habita águas costeiras (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). Foi coletado pelo Anexo 7, somente um espécime no ponto 3, na calha do rio Doce, próximo à cidade de Linhares.

Hábito alimentar: Alimenta-se de pequenos peixes e crustáceos, além disso, os jovens também consomem larvas de insetos (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). Apenas um estômago foi analisado pelo Anexo 7, este continha grandes proporções de peixe e itens vegetais.

Reprodução: Foi coletado um indivíduo macho M1 na estação chuvosa.

Grau de ameaça: LC- Pouco preocupante (ADAMS et al., 2012).

Distribuição: Essa espécie se distribui da Nova Inglaterra, no nordeste dos Estados Unidos até o sudeste do Brasil, sendo comumente encontrada no norte e nordeste brasileiro (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980).

Figura 49: *Microphis lineatus* (Kaup 1856) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Gasterosteiformes

Família: Syngnathidae

Espécie: *Microphis lineatus* (Kaup 1856)

Nome popular: peixe-cachimbo, peixe-agulha

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui corpo alongado e fino (semelhante a um graveto), nadadeira dorsal, peitoral e caudal presente. Tronco e cauda marrom uniforme, cabeça com manchas e estrias arredondadas escuras e nadadeira caudal enegrecida. Focinho longo, bolsa incubadora localizada no abdome (VIEIRA et al., 2014).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie ocorrendo na bacia do rio Doce.

Contagens: Corpo com 41-45 anéis (VIEIRA et al., 2014).

Tamanho máximo: 131,38 mm.

Habitat: Encontrado em regiões estuarinas e no baixo curso dos rios, em ambientes típicos de água doce (VIEIRA et al., 2014).

Hábito alimentar: A espécie apresentou hábito alimentar insetívoro aquático, ingerindo principalmente imaturos de Ephemeroptera. Apenas um dos 13 indivíduos analisados pelo Anexo 7 apresentou um consumo em grande volume de peixe, porém esse dado deve ser interpretado como um item ocasional.

Reprodução: Foram coletados 12 indivíduos, destes 8% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 94,06 mm. Dos animais maduros foram encontrados cinco machos (Chuvosa –5 M1) e seis fêmeas (Chuvosa – 1 F1; 2F2 e 1 F3 e Seca -1 F1 e 1 F2).

Grau de ameaça: Não avaliada.

Distribuição: Essa espécie ocorre nos rios da América do Norte, Sul e Central, assim como nas ilhas do Caribe e em rios do México até o Brasil (FRICKE et al., 2019).

Figura 50: *Gymnotus cf. sylvius* (Albert & Fernandes-Matioli 1999) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Gymnotiformes

Família: Gymnotidae

Espécie: *Gymnotus cf. sylvius* (Albert & Fernandes-Matioli 1999)

Nome popular: sarapó, peixe faca

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui, em vida, 21 a 22 pares de bandas de pigmentação oblíquas com margens onduladas, com as bandas escuras sendo mais estreitas em relação às claras, apresentando corpo serpentiforme alongado com duas nadadeiras peitorais curtas e de coloração escura podendo atingir até 30 centímetros de comprimento, além de apresentar uma região de cor clara na porção terminal da nadadeira anal (ALBERT et al., 1999). Se diferencia das demais espécies de *Gymnotus* por possuir menos cromossomos ($2n = 40$ vs 52-54) e menos repetições de DNA de microssatélites (2 vs 7-16) do que seus congêneres do sudeste do Brasil e apresentam, na margem posterior do cinto

peitoral, corpo mais largo que o de *Gymnotus inaequilabiatatus* e mais estreito que o de *Gymnotus carapo* (ALBERT et al., 1999).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas seis sequências de *G. aff. carapo* e nove sequências de *Gymnotus* sp. baixadas do Bold, provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). As análises delimitaram três linhagens ocorrendo na bacia do rio Doce. Duas linhagens incluíram apenas sequências identificadas como *Gymnotus* sp. do trabalho de Sales et al. (2018), e a terceira linhagem foi composta pelas sequências geradas nesse trabalho e por sequências de *Gymnotus* sp. e *G. aff. carapo* do trabalho de Sales et al. (2018). Das nove sequências de *Gymnotus* sp., três são mais similares (Blast) a *Gymnotus carapo* do Genbank (acima de 99% de similaridade), outras três são mais similares a uma sequência identificada apenas como *Gymnotus* sp. no Genbank, no entanto a similaridade com essa sequência é de apenas 94%. As três sequências restantes são similares a *G. sylvius* com similaridade acima de 99%. As seis sequências identificadas como *G. aff. carapo* também são mais similares a *G. sylvius* (similaridade acima de 99%), portanto podemos inferir que as amostras identificadas por Sales et al. (2018) como *G. aff. carapo* são na verdade *G. sylvius*.

Tamanho máximo: 271 mm (ALBERT et al., 1999).

Habitat: Habitam pequenos córregos turvos e de correnteza fraca com aproximadamente 50 cm de profundidade e margens com solo escuro amplamente coberto por gramíneas (ALBERT et al., 1999)

Hábito alimentar: Se alimentam de uma variedade de animais aquáticos de pequeno porte, incluindo larvas de besouros, camarão e pequenos peixes (ALBERT et al., 1999). Sete exemplares foram analisados pelo Anexo 7 identificando que os indivíduos consumiram predominantemente insetos aquáticos.

Reprodução: Foram analisados dois indivíduos, sendo um macho M4B na estação chuvosa e uma fêmea F4B na estação seca.

Grau de ameaça: LC-menos ameaçado (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Conhecidos em várias bacias do Brasil, incluindo a bacia do rio Doce, Alto Tietê e Mogi Guaçu, se estendendo também ao rio Paranapanema e rio Paraíba do Sul (FERNANDES-MATIOLI, 2000).

Figura 51: *Mugil curema* (Valenciennes 1836) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Mugiliformes

Família: Mugilidae

Espécie: *Mugil curema* (Valenciennes 1836)

Nome popular: tainha

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie é caracterizada por ter o corpo fusiforme e robusto, boca pequena e terminal com 1-3 fileiras de dentes finos (FISCHER et al., 2011). Em vida, possui o dorso oliváceo a azulado e laterais do corpo prateados e uma mancha negra pequena na base das nadadeiras peitorais (FISCHER et al., 2011). As nadadeiras dorsais bem separadas e curtas, sendo a segunda dorsal e a anal quase totalmente escamadas (FISCHER et al., 2011). *Mugil curema* vive em grandes cardumes, assim como outras espécies da família, mas são particularmente abundantes em estuários (MENEZES, 1983).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem para essa espécie.

Tamanho máximo: 910 mm (HARRISON, 2002).

Habitat: Habita águas costeiras, manguezais e estuários. Os juvenis podem ser encontrados em lagoas costeiras e águas rasas ao longo das praias (FISCHER et al., 2011). Esta espécie foi coletada em todos os pontos de coleta do Anexo 7, com exceção do ponto 5, na Lagoa do Limão.

Hábito alimentar: Esta espécie apresenta um hábito alimentar iliófago consumindo principalmente sedimento (como areia), detrito e algas (FISCHER et al., 2011). A espécie pode ser considerada

iliófaga por consumir principalmente sedimento (areia) e detrito nos exemplares analisados pelo Anexo 7.

Reprodução: Formam cardumes para desovar em águas marinhas, em alto mar (FISCHER et al., 2011). Após alcançarem motilidade suficiente, nadam até as áreas estuarinas, entrando em rios e lagoas adjacentes, onde vivem até a maturidade sexual quando voltam para o mar (MENEZES, 1983). Foram coletados 315 indivíduos, destes 98% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 37,11 mm – 332,00 mm. Dentre os animais maduros, foram encontrados cinco machos (Chuvosa – 1 M2; 1 M3 e 1 M4A e Seca - 2 M1) e duas fêmeas (Seca - 1 F2 e 1 F4A).

Categoria: DD- dados insuficientes (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Ocorre do estado de Massachusetts, nos Estados Unidos até o sul do Brasil (FISCHER et al., 2011). A espécie também é reportada para o leste do Oceano Atlântico ocorrendo do Senegal e Ilhas de Cabo Verde até a Namíbia (HARRISON, 2002).

Figura 52: *Awaous tajasica* (Lichtenstein 1822) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Gobiidae

Espécie: *Awaous tajasica* (Lichtenstein 1822)

Nome popular: peixe-flor

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

As espécies desse gênero possuem corpo variando de castanho escuro ao marrom claro, com manchas castanhas escuras, pequenas e numerosas. Possui boca subterminal ampla e os lábios grossos. Os olhos estão posicionados na parte superior da cabeça. A nadadeira pélvica é unida formando um disco adesivo (VIEIRA et al., 2014). O gênero difere dos demais da família por

apresentar uma série de projeções cônicas, carnosas, localizadas na região anterior à base da nadadeira peitoral, abaixo do opérculo (SANTOS, 2016).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie.

Tamanho máximo: 160 mm (VIEIRA et al., 2014).

Habitat: Ocorre em ambientes com fundo de areia e pode escalar paredões rochosos de cachoeiras (VIEIRA et al., 2014).

Hábito alimentar: Espécimes coletados na porção baixa do rio Doce apresentam hábito alimentar bentófago, consumindo um amplo espectro de itens, como insetos aquáticos, algas, sedimento, matéria orgânica e detrito.

Reprodução: Foram coletados 1.133 indivíduos, destes 71% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 18,69 mm – 136,54 mm. Dos animais maduros foram encontrados 96 machos (Chuvosa – 3 M1; 26 M2; 38 M3; 2 M4A e 2 M4B e Seca - 6 M1; 14 M2; 1 M3 e 4 M4B) e 230 fêmeas (Chuvosa – 4 F1; 35 F2; 136 F3; 5 F4A e 3 F4B e Seca - 2 F1; 26 F2 e 8 F3; 2 F4A e 9 F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: São conhecidos dos rios em todo o Atlântico Leste, da Flórida (EUA) até Santa Catarina (Brasil) (FRICKE et al., 2019).

Figura 53: *Caranx bartholomaei* (Cuvier 1833) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Carangidae

Espécie: *Caranx bartholomaei* (Cuvier 1833)

Nome popular: xaréu, carapau, guarajuba

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Possui corpo fusiforme e achado lateralmente, dorso com coloração variando de azul metálica à tons amarelados, assim como as nadadeiras. Quando juvenis apresentam 5 faixas verticais escuras (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980). Possui olhos dispostos posteriormente ao maxilar, linha lateral com 22 a 36 escudos, ramo inferior do primeiro arco branquial com 18 a 21 rastros, incluindo rudimentos (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980; LESSA; NÓBREGA, 2000).

DNA barcode: Apenas uma amostra proveniente do rio Doce foi sequenciada para essa espécie, portanto, uma única linhagem foi delimitada pelas análises.

Tamanho máximo: 900 mm (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).

Habitat: Vivem em recifes afastados da costa, em pequenos grupos (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980). Nas coletas do Anexo 7, foram coletados 4 espécimes em dois pontos do rio Doce, próximos ao município de Linhares.

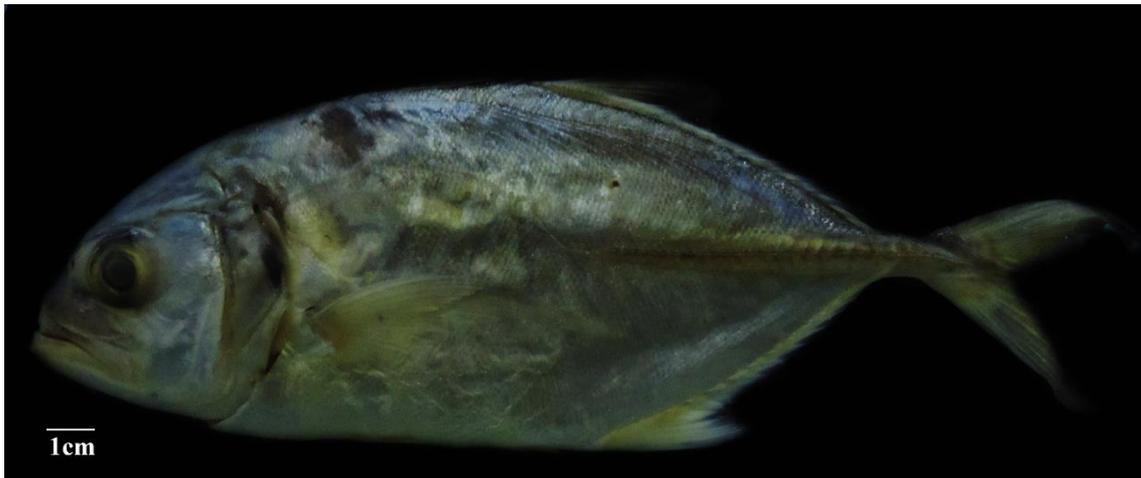
Hábito alimentar: Alimentam-se de peixes de fundo (Actinopterygii) (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980; SANTOS, 2012). Os quatro exemplares coletados pelo Anexo 7 consumiram exclusivamente peixes, podendo ser considerados piscívoros.

Reprodução: O período de reprodução da espécie ocorre no início do período seco e no início do período chuvoso (SANTOS, 2012). Foram coletados quatro indivíduos imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 60,28 mm – 97,44 mm.

Grau de ameaça: LC- Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Ocorre de Massachussets, nos Estados Unidos até o estado de São Paulo (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).

Figura 54: *Caranx latus* (Agassiz 1831) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Carangidae

Espécie: *Caranx latus* (Agassiz 1831)

Nome popular: xaréu, xarelete, araximboia

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie tem o corpo fusiforme e lateralmente comprimido. Possui o dorso azulado, laterais e ventre prateados ou dourados, nadadeira caudal amarelada e uma pequena mancha escura na margem do opérculo (FISCHER et al., 2011). Apresenta boca terminal, olhos recobertos por uma pálpebra adiposa, nadadeiras peitorais falcadas de comprimento maior que a cabeça (FISCHER et al., 2011). Possuem linha lateral curvada anteriormente, sendo sua parte posterior recoberta por uma série de 30-50 escudos dispostos ao longo de duas quilhas em cada lado do pedúnculo caudal (FISCHER et al., 2011).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene COI.

Tamanho máximo: 75 cm (FISCHER et al., 2011).

Habitat: Habitam recifes, aos arredores de ilhas, mar aberto e ao longo de praias arenosas, nessa última, juvenis podem ser encontrados em zonas de arrebentação, além de águas de baixa salinidade (FISCHER et al., 2011). Um único espécime foi coletado pelo Anexo 7, no rio Doce, no município de Marilândia.

Hábito alimentar: Alimenta-se principalmente de peixes e em menor proporção, de camarões e outros invertebrados (FISCHER et al., 2011). O espécime analisado pelo Anexo 7 apresentou hábito alimentar piscívoro.

Reprodução: Foi coletado um indivíduo macho M2 na estação seca.

Grau de ameaça: LC- Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Ocorre no Oceano Atlântico, desde a costa de Nova Jersey, nos Estados Unidos até o Rio Grande do Sul (FISCHER et al., 2011).

Figura 55: *Centropomus parallelus* (Poey 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Centropomidae

Espécie: *Centropomus parallelus* (Poey 1860)

Nome popular: robalo, robalo-peva

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie apresenta porte médio, corpo alto e alongado com perfil dorsal curvo-acentuado, maxila inferior ultrapassando nitidamente a superior (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). A espécie possui coloração prateada, nadadeiras castanhas amareladas, linha lateral menos pigmentada do que *C. undecimalis* (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980). Outras características que diferem das outras espécies do gênero é a nadadeira pélvica que atinge ou ultrapassa o ânus e o terceiro espinho da nadadeira dorsal maior do que o quarto, quando ereto (ORRELL, 2003).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie no rio Doce.

Tamanho máximo: 630 mm (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980).

Habitat: Habitam águas costeiras, estuários, lagos, registrados também em água doce. Normalmente, prefere água salobra ou fresca, mas com baixa salinidade (ORRELL, 2003). Nas coletas do Anexo 7, foram coletados 14 espécimes em 5 pontos de coletas na calha do rio Doce, nos municípios de Baixo Guandu, Marilândia, Linhares e Colatina, e um único espécime na Lagoa do Óleo, próximo ao município de Marilândia.

Hábito alimentar: Alimentam-se principalmente de pequenos peixes, e também de crustáceos (ORRELL, 2003; TONINI et al., 2007). Os sete espécimes coletados pelo Anexo 7 consumiram quase que exclusivamente camarão, indicando assim, um hábito alimentar carnívoro.

Reprodução: As desovas são realizadas próximas a foz dos rios, não necessitando de migrações longas (ORRELL, 2003). Foram coletados 14 indivíduos, destes 21% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 144,13 mm – 178,57 mm. Dos animais maduros foram encontrados 10 machos (Chuvosa – 1 M1; 1 M2; 1 M3 e 1 M4A e Seca - 3 M2; 1 M3; 1F4A e 1 F4B) e uma fêmea (Chuvosa – 1 F4A).

Categoria: LC- Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Se distribui do sul da Flórida, nos Estados Unidos ao sul do estado de Santa Catarina, Brasil (FIGUEIREDO; MENEZES, 1980; ORRELL, 2003).

Figura 56: *Eucinostomus argenteus* (Baird & Girard, 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Gerreidae

Espécie: *Eucinostomus argenteus* (Baird & Girard, 1855)

Nome popular: Carapicu

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie é diagnosticada das demais congêneres por possuir o sulco do pré-maxilar contínuo, não interrompido anteriormente por escamas (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980). Corpo alongado, fusiforme e com maior altura no terço anterior da nadadeira peitoral. Segundo raio da nadadeira anal, robusto, menor que o terceiro e menor que o diâmetro orbital. Pontas da nadadeira dorsal enegrecida, nadadeiras peitorais, pélvicas e anal claras, caudal mais escura que as demais. Juvenis apresentam manchas e barras diagonais na parte dorsal do corpo (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene COI.

Tamanho máximo: 300 mm (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).

Habitat: A espécie é comumente encontrada no litoral brasileiro, habitando principalmente águas rasas de praias arenosas e lagoas salobras em regiões costeiras (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980).

Hábito alimentar: A espécie alimenta-se de algas e pequenos invertebrados (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980). Em ambiente marinho apresenta uma dieta baseada em Cephalochordata, Teleósteos e Poliquetas (LEÃO, 2016). O único exemplar coletado pelo Anexo 7 ingeriu em maior proporção larvas de Chironomidae.

Reprodução: sem dados.

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Pacífico leste e Atlântico, estendendo-se de Nova Jersey até o sul do Brasil (FRICKE et al., 2019).

Figura 57: *Pachyurus adpersus* (Steindachner 1879) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Sciaenidae

Espécie: *Pachyurus adspersus* (Steindachner 1879)

Nome popular: curvina

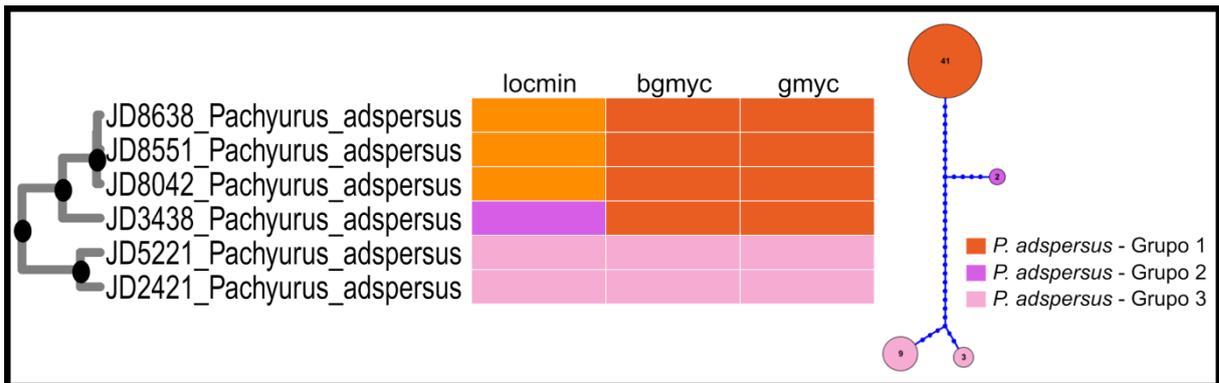
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie possui corpo alongado e coberto por escamas, com a maior altura no início da nadadeira dorsal (CASSATI, 2001). Possui o focinho muito proeminente, sendo a boca subterminal. Os dentes maxilares estão dispostos em bandas e os rastros do primeiro arco branquial são pouco desenvolvidos. Possuem 3 pares de barbilhões mentais, característica única entre as espécies do gênero *Pachyurus* (CASSATI, 2001). A nadadeira dorsal é longa, com um entalhe separando a parte anterior da posterior e a linha lateral se estende até o final da nadadeira caudal (CASSATI, 2003). O corpo é prateado tanto em vida quanto após fixação, coberto por manchas escuras desde a região pós-orbital até a base da nadadeira caudal, estando distribuídas pelo dorso, flancos, nadadeiras dorsal e anal, característica única desta espécie. Os peixes da família Sciaenidae são explorados no Brasil como recurso pesqueiro, por pesca tanto artesanal quanto comercial, representando 22% dos desembarques marinhos e 9% dos continentais (CHAO et al., 2015). *Pachyurus adspersus* é explorado artesanalmente nas áreas de sua ocorrência (CHAO et al., 2015). Em uma avaliação considerando os critérios da IUCN, Chao e colaboradores (2015) classificaram a espécie como DD (dados insuficientes), ou seja, a espécie possui dados insuficientes para aplicar os critérios da lista vermelha da IUCN. Ainda segundo esses autores essa espécie é pescada incidentalmente ou artesanalmente.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 55 indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram três linhagens desta espécie ocorrendo no rio Doce. A distância intraespecífica para *P. adspersus* foi de 4,8% o que indica uma diversidade subestimada dentro desse táxon.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 55 indivíduos para o gene mitocondrial COI para as análises de genética de populações, e a partir dessas sequências foram encontrados três grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 58), que indica que eles apresentam divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais. As análises de delimitação (Figura 58) identificaram três grupos pelo método de locmin, e apenas dois grupos pelos métodos de bgmyc e gmyc, devido possivelmente a que o grupo 1 e 2 são mais próximos genealogicamente. Isso nos leva a interpretar que esse haplogrupos representam subgrupos geneticamente estruturados de uma mesma linhagem.

Figura 58: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Pachyurus adspersus* delimitados.



P. adspersus -Grupo 1. Inclui 41 seqüências de COI do projeto, a partir das quais foi encontrado um único haplótipo, pelo que as diversidades haplotípica e nucleotídica foram zero, assim como a distância intraespecífica. As frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 27,0; C = 31,2; A = 24,7; G = 17,1. Não foram encontrados sítios variáveis, nem sítios parcimoniosamente informativos e nenhum *singleton*. Não foi possível realizar as análises demográficas Fs de Fu e D de Tajima devido à falta de diversidade haplotípica.

P. adspersus -Grupo 2. Inclui duas seqüências de COI do projeto, a partir das quais foi encontrado um único haplótipo. Os índices de diversidade haplotípica e nucleotídica, assim como os testes demográficos Fs de Fu e D de Tajima, não foram calculados devido ao baixo número amostral deste grupo. A distância intraespecífica foi de zero e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 26,5; C = 31,7; A = 24,7; G = 17,1. Não foram encontrados sítios variáveis nem parcimoniosamente informativos e nenhum *singleton*.

P. adspersus -Grupo 3. Inclui 12 seqüências de COI do projeto, a partir das quais foram encontrados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,409 ($\pm 0,133$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0038 ($\pm 0,0024$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,95% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 26,9; C = 31,4; A = 23,9; G = 17,7. Foram encontrados sete sítios variáveis, dos quais, sete foram parcimoniosamente informativos e nenhum foi *singleton*. Não encontramos significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (5,698, $p = 0,986$) e D de Tajima (0,921, $p = 0,832$).

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de 54 indivíduos do gene nuclear Myh6. Ao todo foram encontrados dois haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,105 ($\pm 0,066$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0001 ($\pm 0,0003$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,30% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 20,7; C = 26,0; A = 28,7; G = 24,5. Foram encontrados dois sítios variáveis, dos quais, dois foram parcimoniosamente informativos e nenhum foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas Fs de Fu (-0,620, $p = 0,118$) e D de Tajima (-0,819, $p = 0,216$).

Tamanho máximo: 264 mm (CASSATI, 2003).

Habitat: A espécie habita lagos e calha de rios de médio a grande porte, sendo registrada tanto em ambientes encachoeirados quanto de águas mais lentas, com substrato diversificado.

Hábito alimentar: De acordo com Vieira et al. (2015), a dieta é constituída por invertebrados aquáticos (larvas de insetos e camarões). A dieta dos espécimes coletados pelo Anexo 7 permitiram classificar a espécie como insetívora aquática, ingerindo principalmente larvas e pupas de Diptera, como Chironomidae, imaturos de Ephemeroptera e de Odonata.

Reprodução: De acordo com Vieira et al. (2015), exemplares em maturação gonadal avançada foram registrados em setembro e dezembro nos rios do quadrilátero ferrífero. Foram coletados 1.039 indivíduos, destes 80% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 8,45 mm – 155,00 mm. Dos animais maduros foram encontrados 122 machos (Chuvosa – 15 M1; 34 M2; 38 M3; 18 M4A e 1 M4B e Seca - 3 M1; 9 M2 e 17 M4B) e 87 fêmeas (Chuvosa – 10 F1; 27 F2; 1 F3 e 25F4A e Seca - 12 F2; 6 F3 e 6 F4B).

Grau de ameaça: DD (dados insuficientes).

Distribuição: A localidade tipo da espécie é o rio Santo Antônio, afluente do rio Doce, na região leste de Minas Gerais (FRICKE et al., 2019). É amplamente distribuída em bacias costeiras do leste do Brasil, ocorrendo em afluentes e cursos principais entre os rios Mucuri e Paraíba do Sul, região costeira do leste do Brasil.

Figura 59: *Pomadasys ramosus* (Poey 1860) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Perciformes

Família: Haemulidae

Espécie: *Pomadasys ramosus* (Poey 1860)

Nome popular: corcoroca, coró

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie apresenta focinho cônico e longo, o que a difere de outros congêneres (BANDEIRA, 2002). A coloração é acinzentada com reflexos metálicos, sendo a parte superior mais escura com 3 a 4 estrias longitudinais indistintas e nadadeiras castanho amareladas (BANDEIRA, 2002). A extremidade posterior da boca não alcança a vertical que passa pela margem anterior da órbita (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980; BANDEIRA, 2002).

DNA barcode: O sequenciamento da única amostra coletada não funcionou.

Tamanho máximo: 400 mm (BANDEIRA, 2002).

Habitat: Habita áreas estuarinas e de manguezais, chegando a alcançar água doce (MENEZES; FIGUEIREDO, 1980). No Anexo 7, foi coletado apenas um exemplar no rio Doce, no município de Linhares.

Hábito alimentar: Apenas um estômago analisado; consumo exclusivo de insetos aquáticos (Trichoptera). Além disso, têm preferência por pequenos camarões de água doce (BANDEIRA, 2002).

Reprodução: As fêmeas de 17 cm CP já apresentam ovários bem desenvolvidos (BANDEIRA, 2002). Foi coletado um indivíduo imaturo.

Grau de ameaça: LC- Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Ocorre na América Central até São Paulo (BANDEIRA, 2002).

Figura 60: *Achirus* cf. *mucuri* (Ramos, Ramos & Lopes 2009) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Pleuronectiformes

Família: Achiridae

Espécie: *Achirus cf. mucuri* (Ramos, Ramos & Lopes 2009)

Nome popular: linguado, solha

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie possui um corpo em formato ovalado recoberto por escamas e olhos voltados para a região dorsal (ou lado ocular), apresenta uma coloração marrom claro a cinza claro (RAMOS et al., 2009). Difere dos seus congêneres, exceto *A. novoe*, por possuir uma conexão entre a membrana branquiostegal e o istmo, pela forma e tamanho das fímbrias labiais e padrão de canais sensoriais cefálicos (RAMOS et al., 2009). Esta espécie é classificada como vulnerável, devido ao seu restrito local de ocorrência, apenas na porção baixa do rio Mucuri no estado da Bahia, sendo essa área impactada pela indústria de celulose e usinas hidrelétricas (ICMBIO, 2018). Além disso, essa espécie pode ser incidentalmente capturada por pesca usando redes de arrasto (ICMBIO, 2018). O primeiro registro dessa espécie na porção baixa do rio Doce ocorreu durante as expedições do Anexo 7 da RRDM.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce.

Tamanho máximo: 90,3 mm (RAMOS et al., 2009).

Habitat: Habitam águas salobras e regiões estuarinas, sendo considerados bentopelágicos (RAMOS et al., 2009). Foram coletados três exemplares pelo Anexo 7 em dois pontos ao longo do rio Doce próximo a cidade de Linhares.

Hábito alimentar: Os dois exemplares analisados pelo Anexo 7 demonstraram uma dieta insetívora aquática.

Reprodução: Desconhecido.

Grau de ameaça: VU- Vulnerável.

Distribuição: *Achirus cf. mucuri* era conhecida somente do estuário do rio Mucuri, situado entre os rios Jequitinhonha e Doce, na drenagem costeira do sul do estado da Bahia. Sua captura no rio Doce representa o primeiro registro para essa área.

Figura 61: *Genidens genidens* (Cuvier 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Ariidae

Espécie: *Genidens genidens* (Cuvier 1829)

Nome popular: bagre-estuarino, bagre-guri

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie é um bagre com o corpo alongado de coloração cinza escuro no dorso e laterais mais claras, sendo a região ventral branca (FISCHER et al., 2011). Difere dos outros congêneres por possuir boca pequena com duas protuberâncias carnosas, nos dois lados do céu da boca onde se inserem dentes palatinos (FISCHER et al., 2011). As nadadeiras dorsais e peitorais apresentam um acúleo forte e serrilhado, corpo sem escamas e possui linha lateral (FISCHER et al., 2011). Os machos dessa espécie incubam os ovos e filhotes na boca, até completarem o desenvolvimento (FISCHER et al., 2011).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie na bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 350 mm (FISCHER et al., 2011).

Habitat: Habita os estuários e lagoas estuarinas e eventualmente pode ser encontrado em águas marinhas próximos à costa, vivendo em fundos de areia e lama (FISCHER et al., 2011). Nas campanhas do Anexo 7, foram coletados ao longo do rio Doce, próximos aos municípios de Marilândia e Linhares.

Hábito alimentar: Alimentam-se de restos orgânicos e organismos de fundo (FISCHER et al., 2011). Os espécimes coletados pelo Anexo 7 foram considerados carnívoros por consumirem principalmente peixes, matéria orgânica (peixes já decompostos), camarão e ingestão acidental de sedimento.

Reprodução: As fêmeas de *G. genidens* atingem maturidade sexual antes dos machos, observado geralmente pelo tamanho das nadadeiras pélvicas que são maiores nas fêmeas da família Ariidae (BARBIERI et al., 1992). Os machos ao atingirem a maturidade sexual são maiores que as fêmeas, o que pode ser explicado pelo cuidado parental dos mesmos, que são responsáveis pela incubação dos ovos (BARBIERI et al., 1992; MAZZONI et al., 2000).

Grau de ameaça: LC- Menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: A espécie ocorre na costa leste da América do Sul, da Guiana até o rio de La Plata, na Argentina (BARBIERI et al., 1992).

Figura 62: *Pseudauchenipterus affinis* (Steindachner 1877) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Auchenipteridae

Espécie: *Pseudauchenipterus affinis* (Steindachner 1877)

Nome popular: ferrolho, cumbaca

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui corpo afilado sem escamas. Possui coloração acinzentada, especialmente no dorso, e os indivíduos em vida têm as nadadeiras anal e caudal amareladas. Os seis raios ramificados da nadadeira peitoral são característicos da espécie (AKAMA, 1999).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. Foram adicionadas ao banco de dados seis sequências identificadas como *P. affinis* baixadas do Bold e provenientes do trabalho de Sales et al. (2018). As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce, a qual incluiu todas as sequências analisadas.

Tamanho máximo: 120 mm (FERRARIS, 2003).

Habitat: Habitam ambientes lóticos com correnteza variável (de rápida à quase parada). O substrato também varia.

Hábito alimentar: Cinco estômagos foram analisados pelo Anexo 7, demonstrando um hábito alimentar onívoro da espécie, consumindo principalmente restos de plantas de origem terrestre e insetos aquáticos.

Reprodução: Foram coletados sete indivíduos, sendo um imaturo e seis machos (Chuvosa – 1 M2; 3 M3 e 1 M4A e Seca - 1 M2; 1 M3 e 1 M3).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Os síntipos utilizados para a descrição da espécie foram coletados nos rios Mucuri e São Mateus. A espécie ocorre do rio Doce ao rio Jucuruçu, na calha principal de grandes rios, nos trechos médio e baixo (FRICKE et al., 2019).

Figura 63: *Trachelyopterus striatulus* (Steindachner 1877) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Auchenipteridae

Espécie: *Trachelyopterus striatulus* (Steindachner 1877)

Nome popular: cumbaca

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Trachelyopterus striatulus possui o corpo nu, completamente desprovido de placas ósseas ou escamas. O epíteto *Trachelyopterus* significa “nadadeira no pescoço”, fazendo menção ao fato de que esses peixes possuem a nadadeira peitoral inserida anteriormente ao final do opérculo. O corpo é alongado e a cabeça deprimida, nadadeira dorsal inicia-se imediatamente após o occipital. Possui boca levemente prognata com dentes diminutos. Possui nadadeira adiposa e a nadadeira caudal é truncada. Os machos possuem a nadadeira anal modificada em um órgão copulador para possibilitar a fecundação interna (VIEIRA et al., 2014). Barbilhões curtos, sendo que o maxilar não ultrapassa a extremidade final da nadadeira peitoral. A coloração em vida varia de castanho claro, acinzentado a marrom escuro, tornando-se mais clara em direção à região ventral. Possuem inúmeras manchas negras horizontalmente alongadas nas laterais do corpo e nas nadadeiras.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de sete indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold, também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie para a bacia, sendo composta por todas as sequências geradas neste trabalho mais aquelas depositadas no Bold.

Tamanho máximo: 270 mm (ALBIERI et al., 2014).

Habitat: A espécie habita preferencialmente trechos lênticos, apesar de ser registrada em diversos ambientes (VIEIRA et al., 2014).

Hábito alimentar: De acordo com Vieira et al. (2014), a espécie é carnívora, alimentando-se de uma gama variada de itens, incluindo invertebrados aquáticos, terrestres e ocasionalmente peixes. Para a porção baixa do rio Doce, a espécie foi classificada como insetívora terrestre, consumindo principalmente Hymenoptera (formigas).

Reprodução: Possuem fecundação interna, com os machos apresentando a nadadeira anal modificada em órgão copulador (VIEIRA et al., 2014). Foram coletados pelo Anexo 7, 18 indivíduos, destes 6% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 28,27 mm – 45,82 mm. Dos animais maduros foram encontrados 12 machos (Chuvosa – 2 M2 e 8 M3 e Seca - 2 M4A) e cinco fêmeas (Chuvosa – 1 F2 e 1 F4A e Seca - 3F4A).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Síntipos da espécie foram coletados na bacia do rio Paraíba do Sul, próximo à Campos no Rio de Janeiro, no rio Doce em Linhares e no rio Mucuri. Amplamente distribuída nas bacias costeiras brasileiras e na bacia do rio Paraná (FRICKE et al., 2019).

Figura 64: *Corydoras aeneus* (Gill 1858) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Corydoradinae

Espécie: *Corydoras aeneus* (Gill 1858)

Nome popular: coridora

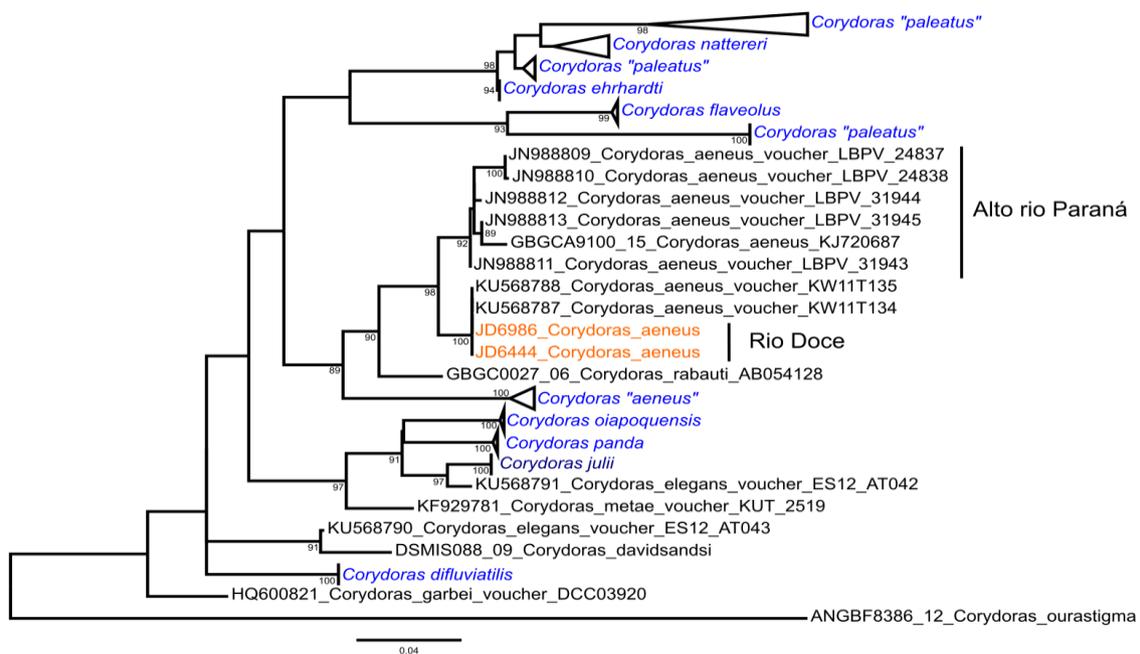
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

As espécies do gênero possuem corpo com um grande ponto regular preto ou cinza escuro na região anterior aos flancos (OTA et al., 2018). O barbilhão mentoniano é curto, medindo metade do diâmetro orbital, maxilar ramificado ultrapassando, lateralmente, a linha da posição do olho. A porção posterior do espinho da peitoral apresenta serras em todo comprimento, a região dorsal possui coloração castanho escura região ventral castanho clara. Uma característica marcante de *C. aeneus* é a faixa

longitudinal escura nas laterais do corpo que se estende do opérculo até a nadadeira caudal. Na altura da base da nadadeira dorsal essa faixa pode ser mais grossa (THEREZA, 2018).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de dois indivíduos dessa espécie para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem ocorrendo na bacia do rio Doce. Entretanto essa linhagem é endêmica do rio Doce, e grupo irmão de *C. aeneus* do rio Paraná. A divergência entre as duas linhagens é de ~3% indicando que a linhagem do rio Doce potencialmente é uma nova espécie (Figura 65).

Figura 65: Árvore filogenética mostrando as relações entre amostras de *Corydoras aeneus* provenientes do rio Doce e demais espécies de *Corydoras* disponíveis no GenBank.



Tamanho máximo: 52 mm (GRAÇA; PAVANELLI, 2007).

Habitat: Encontrados principalmente em águas calmas e rasas, com fundos macios (BURGESS, 1992). Também habitando águas correntes (KENNY, 1995), sendo considerados bentônicos (MUNDY, 2005).

Hábito alimentar: Os dois exemplares analisados pelo Anexo 7 apresentaram grandes proporções de insetos aquáticos e terrestres no estômago, indicando um hábito alimentar insetívoro.

Reprodução: Foram coletados três indivíduos, destes 67% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 52,1 mm – 60,17 mm e uma fêmea F3 na estação seca.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Possui ampla distribuição na América do Sul (Argentina, Bolívia, Brasil, Equador, Colômbia, Guiana Francesa, Guiana, Paraguai, Peru, Suriname, Trinidad e Tobago, Uruguai e Venezuela), também ocorrendo nas drenagens da bacia do rio de la Plata, Colombia (OTA et al., 2018; FRICKE et al., 2019).

Figura 66: *Hoplosternum littorale* (Hancock 1828) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Callichthyidae

Espécie: *Hoplosternum littorale* (Hancock 1828)

Nome popular: peixe pedra

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo coberto por placas ósseas, com 26 a 27 na série superior e 23 a 24 na inferior. Coloração variando de marrom a cinza mais escuro na região dorsal do corpo. Nadadeiras nas mesmas cores que o restante do corpo. Cabeça larga, corpo achatado lateralmente, mais alto na região da base da nadadeira dorsal. Ossos coracoides expostos revestindo o ventre. Olhos pequenos e posicionados nos flancos da cabeça, boca subterminal. Barbilhão maxilar superior alcança a origem da nadadeira peitoral e inferior alcança a origem da nadadeira pélvica. Espinho no primeiro raio das nadadeiras dorsal, peitoral e adiposa. Machos maiores do que as fêmeas. Realizam respiração aérea, assim possuem certa tolerância a viver em ambientes com pouca oferta de oxigênio. Machos constroem ninhos para que as fêmeas ovopositem.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI. Foram adicionadas duas amostras do Bold provenientes do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie nessa bacia.

Tamanho máximo: 157 mm (REIS, 1997).

Habitat: Habitam ambientes lênticos, com vegetação abundante.

Hábito alimentar: De acordo com dados de literatura, alimentam-se de microcrustáceos, rotíferos e larvas de insetos. Com os dados coletados pelo Anexo 7 a espécie pode ser considerada bentófaga, ingerindo principalmente invertebrados de corpo mole, peixes e matéria orgânica.

Reprodução: Foram coletados 69 indivíduos, destes 19% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 86,87 mm – 170,73 mm. Dos animais maduros foram encontrados 24 machos (Chuvosa – 2 M2; 1 M3; 1 M4A e 1M4B e Seca - 6 M2; 1 M4A e 12 M4B) e 32 fêmeas (Chuvosa – 1F3 e 1 F4A e Seca - 9F2; 4 F3; 6 F4A; 11 F4B).

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuída em rios e lagoas aquém da região dos Andes.

Figura 67: *Clarias gariepinus* (Burchell 1822) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Clariidae

Espécie: *Clarias gariepinus* (Burchell 1822)

Nome popular: bagre africano

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui o corpo alongado e cilíndrico sem escamas, cabeça grande e plana com olhos pequenos localizados lateralmente. O primeiro arco branquial possui de 24 a 100 rastros, o que o diferencia de outras espécies do gênero *Clarias* (TEUGELS, 1986). Possui o cleitro protuberante, boca grande e terminal, quatro pares de barbilhões. As nadadeiras dorsal e anal são longas, espinho dorsal e nadadeira adiposa ausentes. Borda anterior do espinho peitoral serrilhada. Nadadeira caudal arredondada. Coloração em vida varia de cinza a marrom claro, geralmente com manchas em tons de verde-oliva ou cinza, com abdômen branco. Possui pseudo pulmões (órgãos arborescentes) e grande capacidade de produção de muco que permitem seu deslocamento fora da água (DONNELLY, 1973).

DNA barcode: Apenas uma amostra dessa espécie foi sequenciada para o gene mitocondrial COI. Uma sequência do Bold proveniente do trabalho de SALES et al. (2018) foi adicionada às análises. A delimitação mostrou apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce.

Tamanho máximo: 700 mm (TEUGELS et al., 2007).

Habitat: Adultos habitam principalmente águas calmas rasas e lagoas, mas também podem ocorrer em corredeiras.

Hábito alimentar: Onívoros, se alimentam geralmente a noite, no fundo e ocasionalmente na superfície (TEUGELS, 1986). São generalistas e, portanto, se alimentam de uma grande variedade de itens como invertebrados, peixes e plantas (BURGESS, 1989). Neste projeto apenas um estômago foi analisado, o indivíduo ingeriu maiores proporções de item vegetal, sedimento e peixe, corroborando os dados de literatura.

Reprodução: São ovíparos e a desova ocorre durante a estação chuvosa, em áreas de planície de inundação. Foi encontrado durante as campanhas do Anexo 7 apenas um indivíduo, F3 na estação Chuvosa.

Grau de ameaça: Não ameaçado.

Distribuição: Sua distribuição nativa é pan-africana (TEUGELS et al., 2007), abrangendo do Nilo até o oeste africano e da Argélia até o sul da África. Amplamente introduzido no Brasil para aquicultura. O primeiro registro na bacia do rio Doce foi feito por Alves et al. (1999).

Figura 68: *Pimelodella* sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Heptapteridae

Espécie: *Pimelodella* sp.

Nome popular: mandi

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Possui corpo alongado, sem escamas. Três pares de barbilhões bem desenvolvidos, nadadeira adiposa longa, nadadeira caudal profundamente bifurcada. Raios das nadadeiras dorsal e peitorais pontiagudos e serrilhados em ambas as margens. O corpo possui coloração que varia de castanho claro à escuro e amarelo-claro. Possui uma listra longitudinal negra acompanhando a linha lateral.

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram uma linhagem para a bacia.

Tamanho máximo: 150 mm.

Habitat: Habita águas claras de rios. Foram coletados 22 exemplares, tanto em ambiente de riacho quanto na calha principal do rio Doce.

Hábito alimentar: Na amostragem realizada pelo Anexo 7, a espécie apresentou um hábito alimentar insetívoro, ingerindo principalmente insetos de origem aquática (como Chironomidae e Ephemeroptera), secundariamente insetos de origem terrestre (como Coleoptera).

Reprodução: Foram coletados 22 indivíduos, destes 23% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 38,14 mm – 70,53 mm. Dos animais maduros foram encontrados seis machos (Chuvosa – 1 M2 e 4 M3 e Seca - 1 M3) e 11 fêmeas (Chuvosa – 4 F2 e 7 F3).

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: Rios costeiros do leste brasileiro.

Figura 69: *Rhamdia quelen* (Quoy & Gaimard 1824) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Heptapteridae

Espécie: *Rhamdia quelen* (Quoy & Gaimard 1824)

Nome popular: jundiá, bagre

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

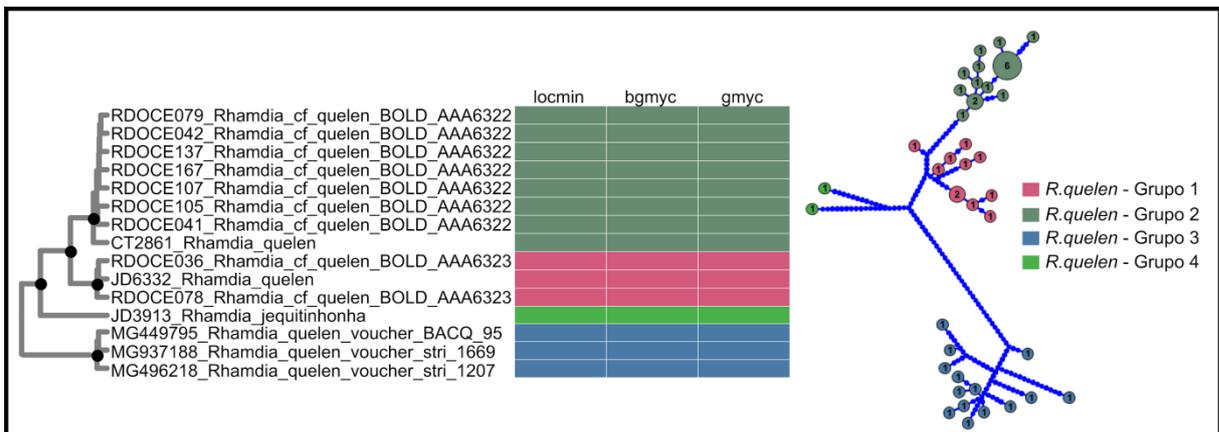
Corpo alongado, sem escamas. Espinho da nadadeira peitoral serrilhado em ambos os lados, nadadeira caudal com lóbulos desiguais e nadadeira adiposa longa. Barbilhões maxilares não ultrapassam o pedúnculo caudal, olhos de tamanho médio. Possui de 5 a 16 arcos branquiais (SILFVERGRIP, 1996). Sua coloração varia de marrom-avermelhado claro a cinza ardósia, com ou sem padrão de manchas.

DNA barcode: Foram sequenciadas três amostras para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas nove sequências de *R. cf. quelen* e uma de *R. jequitinhonha* depositadas no Bold e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram três linhagens ocorrendo no rio Doce, sendo duas delas compostas por sequências geradas neste trabalho e sequências do Bold, e a terceira composta apenas pela sequência de *R. jequitinhonhae*.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de três indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas 43 sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 46 sequências foram encontrados quatro grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 70), que indica que eles apresentam divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais, variando de 13 a 56. É importante destacar que a árvore apresentou muitos haplótipos que permanecem em baixa frequência na população, isso indica que a diversidade

genética é muito alta e conseqüentemente a população possui um tamanho efetivo grande. Em vista disso, o número de seqüências amostradas precisa ser maior para que a diversidade genética estimada da espécie seja mais próxima do valor real e para que se possa definir com maior nível de precisão o real número de grupos biológicos. Os quatro grupos foram confirmados pela análise de delimitação de espécies (Figura 70) como entidades diferentes, pelos três métodos utilizados.

Figura 70. Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Rhamdia quelen* delimitados.



R. quelen -Grupo 1. Inclui duas seqüências de COI do projeto e nove seqüências do BOLD. A partir dessas 11 foram encontrados 10 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,982 ($\pm 0,046$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0116 ($\pm 0,0066$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 2,21% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,2; C = 27,8; A = 23,6; G = 19,4. Foram encontrados 23 sítios variáveis, dos quais, 13 foram parcimoniosamente informativos e 10 foram singletons. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-3.083, $p = 0,052$) e D de Tajima (-0,210, $p = 0,462$).

R. quelen -Grupo 2. Inclui uma seqüência de COI do projeto e 17 seqüências do BOLD. A partir dessas 18 foram encontrados 12 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,985 ($\pm 0,065$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0046 ($\pm 0,0028$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,41% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,4; C = 27,5; A = 23,5; G = 19,6. Foram encontrados 16 sítios variáveis, dos quais, quatro foram parcimoniosamente informativos e 12 foram singletons. Foi encontrada significância estatística na análise demográfica F_s de F_u (-5.934, $p = 0,002$), porém não foi encontrada para o D de Tajima (-1,345, $p = 0,078$).

R. quelen -Grupo 3. Inclui 14 seqüências do BOLD, a partir das quais foram encontrados 14 haplótipos, uma diversidade haplotípica de 1,000 ($\pm 0,027$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0235 ($\pm 0,0126$). A distância intraespecífica variou de 0,16% a 4,51% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,9; C = 27,5; A = 23,4; G = 19,2. Foram encontrados 67 sítios variáveis, dos quais, 24 foram parcimoniosamente informativos e 43 foram singletons. Foi encontrada

significância estatística na análise demográfica F_s de F_u (-4,726, $p = 0,014$), porém não foi encontrada para o D de Tajima (-1,232, $p = 0,098$).

R. quelen -Grupo 4. Inclui duas sequências de *R. quelen* e uma de *R. jequitinhonha* do BOLD. A partir dessas três foram encontrados três haplótipos. Os índices de diversidade haplotípica e nucleotídica, assim como os testes demográficos F_s de F_u e D de Tajima, não foram calculados devido ao baixo número amostral deste grupo. A distância intraespecífica variou de 4,77% a 7,61% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,0; C = 27,3; A = 23,3; G = 19,4. Foram encontrados 55 sítios variáveis, dos quais, nenhum foi parcimoniosamente informativo e 55 foram *singletons*.

Para essa espécie também foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos do gene nuclear *Myh6*. Ao todo foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,700 ($\pm 0,218$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0132 ($\pm 0,0085$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 3,17% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 23,7; C = 21,7; A = 31,7; G = 22,9. Foram encontrados 23 sítios variáveis, dos quais, um foi parcimoniosamente informativo e 22 foram *singletons*. Também não encontramos significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (3,660, $p = 0,935$) e D de Tajima (-1,103, $p = 0,106$).

Tamanho máximo: 474 mm (ZANIBONI FILHO et al., 2004).

Habitat: Habitam lagos e poços fundos dos rios, em ambientes de água calma com fundo arenoso ou lama, próximo às margens e vegetação.

Hábito alimentar: Onívoro e generalista, seus itens alimentares incluem peixes, crustáceos, insetos, restos vegetais e detritos orgânicos (GOMES et al., 2000). O único exemplar coletado pelo Anexo 7 possuía o estômago vazio.

Reprodução: A desova é parcelada e ocorre ao longo de quase todo o ano.

Grau de ameaça: Não ameaçada.

Distribuição: Amplamente distribuída na América do Sul cis-Andina: Venezuela, Colômbia, Peru e do Brasil até a Argentina (FRICKE et al., 2019).

Figura 71: *Hypostomus affinis* (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Hypostomus affinis* (Steindachner 1876)

Nome popular: cascudo-pintado

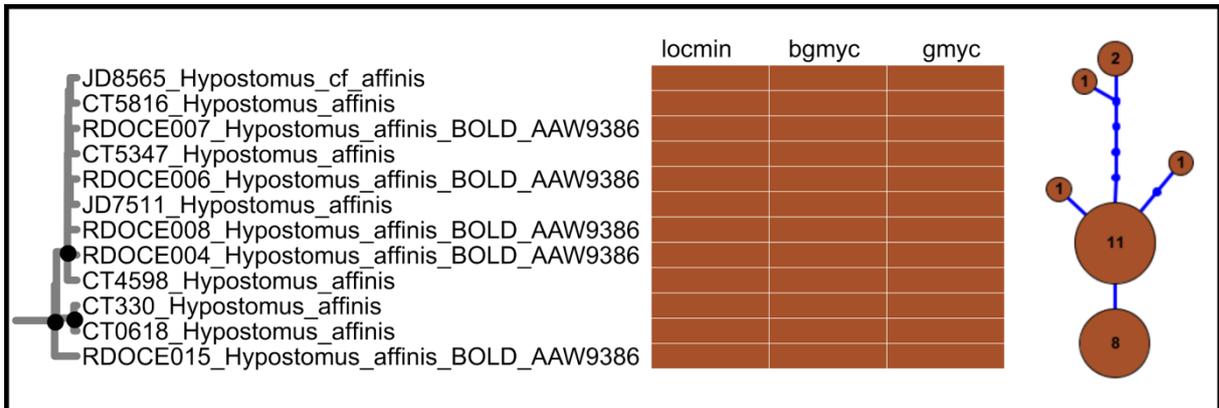
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é alongado, ligeiramente achatado dorso ventralmente, marrom-escurecido, sem escamas e coberto por pequenas placas dérmicas, exceto na região abdominal. O padrão de coloração é caracterizado pela presença de pequenas manchas arredondadas e enegrecidas distribuídas ao longo de todo o corpo do animal, incluindo a cabeça e as nadadeiras. A boca é ventral, possui numerosos dentes pequenos e filiformes. Após a fixação, o padrão de cor é semelhante ao espécime com vida, variando apenas na intensidade do padrão de cores descrito acima (MAZZONI, 1994).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de 16 indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold, provenientes do rio Doce. As análises delimitaram uma linhagem para a bacia incluindo todas as sequências analisadas.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 16 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas oito sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 24 sequências foi encontrado apenas um grupo. A relação genealógica dos haplótipos (Figura 72) indica que a população amostrada apresenta divergência genética rasa, pois estes estão separados por um ou nenhum passo mutacional, de modo que existem dois haplótipos mais frequentes e alguns haplótipos menores separados. A análise de delimitação de espécies se mostrou consistente entre diferentes métodos (Figura 72) e esses resultados indicam apenas uma baixa estruturação genética intraespecífica.

Figura 72: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas *Hypostomus affinis*.



H. affinis. Inclui 14 sequências de COI do projeto e 10 sequências do BOLD. A partir destas 24 foram encontrados seis haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,695 ($\pm 0,067$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0028 ($\pm 0,0018$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,08% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,9; C = 24,9; A = 25,2; G = 17,9. Foram encontrados 10 sítios variáveis, dos quais, seis foram parcimoniosamente informativos e 4 foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-0,152, $p = 0,489$) e D de Tajima (-1,007, $p = 0,160$).

Para essa espécie não foram sequenciadas amostras do gene nuclear Myh6.

Tamanho máximo: 430 mm (COSTA et al., 2014).

Habitat: A espécie é comumente encontrada trechos de águas lânticas e nas corredeiras do rio, geralmente estão associados à ambientes rochosos e substratos arenosos. A boca é usada como uma ventosa para manter o animal fixo no substrato rochoso. Espécimes jovens preferem habitar águas rasas e se escondem em meio à vegetação aquática próxima às margens dos rios (MAZZONI, 1994; MENEZES et al., 2007; SOUZA, 2010; DUARTE et al., 2011).

Hábito alimentar: Hábito alimentar detritívoro. A espécie obtém a maior parte do seu alimento ao usar sua boca para raspar os biofilmes do substrato rochoso (DUARTE; ARAÚJO, 2000; MAZZONI et al., 2010; DUARTE et al., 2011). Nas análises do Anexo 7, a espécie demonstrou ser detritívora, consumindo principalmente detrito (matéria orgânica altamente decomposta).

Reprodução: A reprodução ocorre durante todo o ano com picos durante as cheias. Atingem maturidade sexual com aproximadamente 15 cm de comprimento padrão e não é possível observar dimorfismo sexual na espécie. A espécie é conhecida por possuir cuidado parental dos ovos (BRUSCHI JR et al., 1997; MAZZONI; CARAMASCHI, 1997a; SOUZA, 2010; DUARTE et al., 2011). Foram coletados 9 indivíduos durante as coletas do Anexo 7, destes 22% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 178,93 mm – 231,21 mm. Dos animais

maduros foram encontrados cinco machos (Chuvosa – 1 M1; 1 M2 e 1 M3 e Seca - 2 M2) e duas fêmeas (Chuvosa – 1 F4A e Seca - 1 F4B).

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Rio Paraíba do Sul e demais bacias do Sudeste brasileiro, por exemplo, no rio Doce e Mucuri (MAZZONI, 1994; POMPEU; MARTINEZ, 2006; VIEIRA, 2006; COSTA et al., 2014).

Figura 73: *Hypostomus commersoni* (Valenciennes, 1836) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Hypostomus commersoni* (Valenciennes, 1836)

Nome popular: pira-tatu

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Esta espécie possui o corpo coberto por placas ósseas, com quilhas conspícuas na lateral do corpo. O corpo achatado dorsoventralmente, alto e alongado. O colorido dos espécimes varia de marrom à acinzentado quando em vida. Manchas arredondadas e escurecidas estão distribuídas por toda extensão do corpo, incluindo as nadadeiras, sendo mais esparças na região da cabeça e menos evidentes na nadadeira caudal (MALABARBA et al., 2013). Após a fixação, o padrão de cor é semelhante ao espécime em vida.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene COI.

Tamanho máximo: 425 mm (WEBER et al., 2003).

Habitat: A espécie é comumente encontrada em rios de correnteza fraca e ambientes lênticos (MALABARBA et al., 2013).

Hábito alimentar: A espécie alimenta-se de detritos e perífiton raspado do substrato (MALABARBA et al., 2013). O único exemplar coletado pelo Anexo 7 estava com trato digestivo vazio.

Reprodução: Os picos de reprodução ocorrem nos meses quentes de primavera e verão. É ovulípara com fecundação externa, sendo a desova total. Os ovos são depositados em tocas ou protuberâncias abertas no substrato (AGOSTINHO et al., 1991).

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Rios Paraná e Uruguai, ocorrendo também em rios costeiros do sul do Brasil (MALABARBA et al., 2013).

Figura 74: *Hypostomus luetkeni* (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Hypostomus luetkeni* (Steindachner 1876)

Nome popular: cascudo-vermiculado, cascudo-lajeiro

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é alongado, ligeiramente achatado dorsoventralmente, marrom-claro, sem escamas e coberto por pequenas placas dérmicas, exceto na região abdominal. O pedúnculo caudal é arredondado em secção transversal. O padrão de coloração é caracterizado pela presença de

pequenas manchas irregulares que se fundem na região superior da cabeça, o padrão destas manchas é semelhante à vermiculações. Esta espécie é distinguida de *H. affinis* pela ausência das pequenas manchas arredondadas e enegrecidas ao longo de todo o corpo do animal, incluindo a cabeça e as nadadeiras. A boca é ventral, possui numerosos dentes pequenos e filiformes. Após a fixação, o padrão de cor é semelhante ao espécime com vida, variando apenas na intensidade do padrão de cores descrito acima (MAZZONI et al., 1994).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de quatro indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas sete sequências de *H. auroguttatus*, duas sequências de *Hypostomus* sp. baixadas do Bold e também provenientes do rio Doce e todas as sequências de *H. affinis* deste estudo. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie, a qual incluiu também as sequências de *H. auroguttatus* e *Hypostomus* sp.

Tamanho máximo: 250 mm (FREITAS et al., 2017).

Habitat: A espécie é comumente encontrada nas corredeiras dos rios, geralmente estão associados à ambientes rochosos. A boca é usada como uma ventosa para manter o animal fixo no substrato rochoso (MAZZONI et al., 1994; MAZZONI; CARAMASCHI, 1995; MENEZES et al., 2007; SOUZA, 2010).

Hábito alimentar: Hábito alimentar detritívoro. A espécie obtém a maior parte do seu alimento ao usar sua boca para raspar os biofilmes do substrato rochoso (MAZZONI et al., 1994; MAZZONI et al., 2010). Espécimes analisados pelo Anexo 7 foram classificados como detritívoros, consumindo principalmente detrito (matéria orgânica altamente decomposta).

Reprodução: A reprodução ocorre durante todo o ano com picos durante as cheias. Atingem maturidade sexual com aproximadamente 12 centímetros de comprimento padrão, os machos e fêmeas adultos possuem tamanhos aproximados e não é possível observar dimorfismo sexual na espécie (MAZZONI; CARAMASCHI, 1995; BRUSCHI JR et al., 1997; MAZZONI; CARAMASCHI, 1997; SOUZA, 2010). Foram coletados dois indivíduos, um imaturo e uma fêmea F2 na estação chuvosa.

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: Drenagens do rio Paraíba do Sul, Mucuri e Doce (rio Santo Antônio) (MAZZONI, 1994; POMPEU; MARTINEZ, 2006; VIEIRA, 2006; FREITAS et al., 2017).

Figura 75: *Loricariichthys castaneus* (Castelnau 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Loricariichthys castaneus* (Castelnau 1855)

Nome popular: cascudo

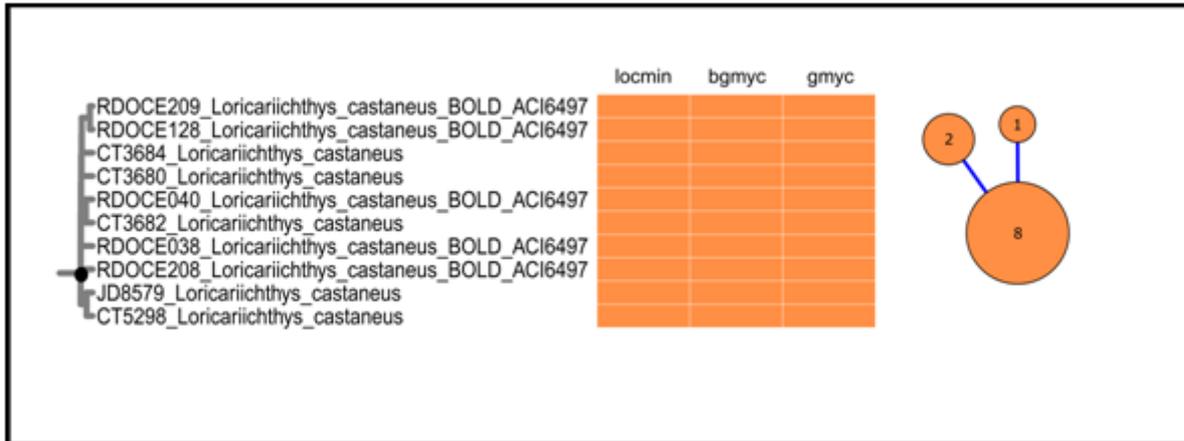
Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A espécie possui lábio superior estreito com maxila sem franjas, dentes superiores imperceptíveis, abdômen completamente revestido, placas laterais quilhadas. Se diferencia das demais congêneres por apresentar plaquetas do focinho antroventral formando uma borda moderadamente desenvolvida (4,2-9,2% do comprimento da cabeça) e abdome com uma série de placas entres as placas torácicas. Coloração marrom claro a escura quando em vida, quando fixado apresenta coloração amarelada pálida ventralmente (REIS; PEREIRA, 2004).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold e também provenientes do rio Doce. As análises delimitaram uma linhagem para a bacia.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de seis indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescidas sete sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. Com a análise das 11 sequências foi encontrado apenas um grupo. A relação genealógica dos haplótipos (Figura 76) indica que a população amostrada apresenta divergência genética rasa, pois estes estão separados por nenhum passo mutacional, de modo que existe um haplótipo mais frequente e dois haplótipos menores separados.

Figura 76: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Loricariichthys castaneus*.



L. castaneus. Inclui seis sequências de COI do projeto e cinco sequências do BOLD. A partir dessas 11 sequências foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,423 ($\pm 0,162$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0007 ($\pm 0,0007$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,29% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,8; C = 26,4; A = 27,3; G = 16,5. Foram encontrados dois sítios variáveis, dos quais, um foi parcimoniosamente informativo e um foi *singleton*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-0,658, $p = 0,101$) e D de Tajima (-0,778, $p = 0,252$).

Para essa espécie não foram sequenciadas amostras do gene nuclear *Myh6*.

Tamanho máximo: 396 mm (MENDONÇA et al., 2015).

Habitat: Encontra-se em regiões de remanso com profundidades maiores do que 6 metros, em águas de fluxo lento com substrato de areia e cascalho mais grossos (RODRIGUES DA COSTA, 2013).

Hábito alimentar: De acordo com a literatura é iliófago. Espécimes coletados pelo Anexo 7 apresentam hábito alimentar bentófago, consumindo proporções similares de detrito, insetos aquáticos de fundo e vegetal (já em decomposição).

Reprodução: A desova ocorre durante a maior parte do ano, atingindo o pico em agosto-setembro e atingindo uma baixa em abril-maio, de acordo com as variações nas frequências dos estágios do desenvolvimento gonadal. Apresentam cuidado parental (GOMES, 2011). Nos machos nupciais o lábio se torna mais protuberante e liso coberto por papilas que é utilizado proteger os ovos da predação (REIS; PEREIRA, 2004). Foram coletados 13 indivíduos, destes 31% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 69,31 mm – 238,6 mm. Dos animais maduros foram encontrados seis machos (Chuvosa – 10 M1; 1 M2; 3 M3 e 2M4A) e três fêmeas (Seca – 2 F2 e 1 F3).

Grau de ameaça: LC-menos ameaçado (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Habita as bacias costeiras do sudeste do Brasil entre o sul do estado de São Paulo (rio Ribeira do Iguape) e rio Doce, bem como rio Mateus no norte do Espírito Santo (REIS; PEREIRA, 2004).

Figura 77: *Pterygoplichthys etentaculatus* (Spix & Agassiz 1829) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Pterygoplichthys etentaculatus* (Spix & Agassiz 1829)

Nome popular: cascudo abacaxi

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Apresentam a parte posterior da cabeça com três quilhas, abdome e parte inferior da cabeça coberta por placas em indivíduos em fases de desenvolvimento medianas, base da dorsal longa, um pouco mais curta que a distância pré-dorsal, linha longitudinal com 27 a 28 placas. O corpo apresenta coloração escura com manchas claras também nas nadadeiras, nadadeira adiposa negra e caudal apresentando barras sobre os raios mais externos (BRITSKI et al., 1988). Diferencia-se das demais congêneres por apresentar odontódeos desenvolvidos no opérculo.

DNA barcode: Foram sequenciados dois indivíduos para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem desta espécie ocorrendo na bacia do rio Doce.

Tamanho máximo: 350 mm (VASCONCELLOS, 2007).

Habitat: Habitam rios e lagos profundos com substrato limpo de cascalho, areia ou lama.

Hábito alimentar: Grande plasticidade alimentar, sendo onívoros-detrítivos (VASCONCELLOS, 2007; PAIXÃO et al., 2014). Apenas um estômago Anexo 7, a espécie parece ter um hábito alimentar detritívoro, ingerindo detrito e mais esporadicamente sedimento.

Reprodução: O gênero apresenta cuidado parental onde os machos protegem os ovos da predação comumente cavando buracos no leito de lama (ARMBRUSTER, 1997). Foram coletados quatro indivíduos, destes um era imaturo. Dos animais maduros foram encontrados dois machos (Chuvosa – 1 M4B e Seca - 1 M2) e uma fêmea (Chuvosa – 1 F3).

Grau de ameaça: LC-menos ameaçado (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Conhecido nas bacias do rio Orinoco, Amazônica, Paraná, São Francisco e Maracaibo.

Figura 78: *Pterygoplichthys pardalis* (Castelnau 1855) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Loricariidae

Espécie: *Pterygoplichthys pardalis* (Castelnau 1855)

Nome popular: cascudo abacaxi

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

A característica que define o gênero é a presença de uma nadadeira dorsal formada por 13 a 14 raios, o inter opérculo é provido de acúleos curtos e as placas laterais têm carenas centrais que formam uma espécie de quilha lateral que vai da cabeça ao final da nadadeira dorsal. A coloração geral do corpo é verde escura com manchas brancas. No jovem, as manchas são grandes e arredondadas e à medida que o peixe cresce, elas se fragmentam, passando a máculas puntiformes (SANTOS et al., 1984). Se diferencia de outras espécies por apresentar manchas discretas no abdômen, não passando de cinco, que se fundem formando vermiculações.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 490 mm (JUMAWAN et al., 2017).

Habitat: A espécie habita águas profundas de rios e lagos, se mantendo no substrato de areia, cascalho e lama, tendo alta tolerância a variações de temperatura e turbidez da água.

Hábito alimentar: Raspador de algas, pequenos organismos bentônicos e detritos (SIMONOVIĆ et al., 2010). Dois exemplares analisados pelo Anexo 7 apresentaram alto consumo de detrito e matéria orgânica.

Reprodução: O gênero apresenta cuidado parental dos ovos ou dos jovens por parte do macho que pode cavar buracos para proteger os mesmos contra a predação (ARMBRUSTER, 1997).

Grau de ameaça: LC-menos ameaçado (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Abrangente na bacia do rio Amazonas (inferior, média e alta) e rio Doce.

Figura 79: *Pimelodus cf. britskii* (Garavello & Shibatta 2007) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Pimelodidae

Espécie: *Pimelodus cf. britskii* (Garavello & Shibatta 2007)

Nome popular: mandi-pintado

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Possui o corpo com manchas marrom escuras circulares, regularmente distribuídas em três (raramente quatro) séries longitudinais, nadadeiras acinzentadas com manchas pretas menores do que as do corpo. A coloração em exemplares fixados é acinzentada na região dorsal e marrom claro

na região ventral. Profundidade corporal no pós-cleito é maior que o comprimento da cabeça. Lábios não proeminentes e barbilhão maxilar alcançando ou ultrapassando a porção mediana da nadadeira adiposa. Nadadeira anal ligeiramente triangular e mais curta que o comprimento da cabeça. Nadadeira caudal bifurcada, com o lobo superior mais comprido. Raio da nadadeira dorsal alongado com a margem anterior lisa e a posterior coberta de ganchos. Possui de 20 a 24 rastros no primeiro arco branquial (GARAVELLO; SHIBATTA, 2007).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 360 mm (GUBIANI; HORLANDO, 2014).

Habitat: A espécie habita o fundo de grandes rios.

Hábito alimentar: Os três exemplares analisados pelo Anexo 7, apresentaram alta proporção de matéria orgânica indeterminada, muito provavelmente de origem animal (peixe).

Reprodução: Foram coletadas nove fêmeas na estação seca sendo 1 F2; 4 F4A e 4 F4B.

Grau de ameaça: Fora de perigo.

Distribuição: Amplamente distribuída na bacia do rio Iguaçu, no Brasil e Argentina (GARAVELLO; SHIBATTA, 2007). Introduzida na bacia do rio Doce.

Figura 80: *Pimelodus maculatus* (Lacepède 1803) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Pimelodidae

Espécie: *Pimelodus maculatus* (Lacepède 1803)

Nome popular: mandi-amarelo

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo alongado sem escamas e com a superfície dorsal da cabeça coberta com uma pele fina e enrugada. Boca terminal, possui três pares de barbilhões, sendo que o par maxilar não se estende além da base na nadadeira caudal em indivíduos com mais de 15 cm. A nadadeira adiposa é curta. Possui de três a cinco conjuntos de manchas grandes ao longo do corpo, e uma mácula mais escura é geralmente presente nas nadadeiras dorsal, adiposa e caudal, esporadicamente ocorrendo também nas nadadeiras peitoral, ventral e anal (BRITSKI et al., 1999).

DNA barcode: Foram sequenciadas amostras de cinco indivíduos para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas duas sequências depositadas no Bold e também provenientes do rio Doce e uma sequência de *Pimelodus* sp. desse estudo. As análises delimitaram apenas uma linhagem para a bacia a qual incluiu todas as sequências analisadas.

Tamanho máximo: 510 mm (ZANIBONI FILHO et al., 2004).

Habitat: Habita riachos, rios e ambientes lânticos, como reservatórios (RAMOS et al., 2011).

Hábito alimentar: Os indivíduos desta espécie, coletados pelo Anexo 7, apresentaram um alto consumo de matéria orgânica, tanto de origem vegetal quanto animal, e um volume menor de ingestão de peixes. Porém, a matéria orgânica provavelmente refere-se a peixes e plantas de origem terrestre. Assim, a espécie pode ser classificada como onívora.

Reprodução: Foram coletados 194 indivíduos, destes 10% eram imaturos que apresentavam uma variação no comprimento total de 106,95 mm – 272,00 mm. Dos animais maduros foram encontrados 83 machos (Chuvosa – 1 M1; 16 M2; 13 M3; 6 M4A e 3 M4B e Seca - 1 M1; 31 M2; 3 M3; 7 M4A e 2 M4B) e 91 fêmeas (Chuvosa – 2 F2; 26 F3; 7 F4A e 2 F4B e Seca - 3 F3; 8 F4A e 43 F4B).

Grau de ameaça: Não ameaçada.

Distribuição: Sua distribuição nativa é ampla na América do Sul, ocorrendo nas bacias dos rios Paraná e São Francisco (LUNDBERG; LITTMANN, 2003). Introduzida na bacia do rio Doce.

Figura 81: *Pimelodus* sp. coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Pimelodidae

Espécie: *Pimelodus* sp.

Nome popular: mandi

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Corpo alongado, sem escamas. Raios da nadadeira dorsal ramificados de tamanhos diferentes, com o primeiro medindo aproximadamente o dobro do último. Coloração lisa, sem manchas.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras dessa espécie para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 175 mm.

Habitat: Foi coletado apenas um exemplar, na calha principal do rio Doce.

Hábito alimentar: Apenas um estômago analisado, consumo principal de vegetal de origem terrestre e em menor proporção, ingestão de camarão.

Reprodução: Foi coletado um macho M2 na estação seca.

Grau de ameaça: Não avaliado.

Distribuição: Não se sabe.

Figura 82: *Lophiosilurus alexandri* (Steindachner 1876) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Pseudopimelodidae

Espécie: *Lophiosilurus alexandri* (Steindachner 1876)

Nome popular: pacamã, pacumão, pacumã

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é achatado dorsoventralmente e mais largo na região da cabeça, a coloração varia do marrom-claro ao cinza-escurecido. Não possui escamas e a pele é rugosa em comparação com os demais Siluriformes. A cabeça é muito achatada, com algumas cristas ósseas no topo. A boca é grande e posicionada superior. Os dentes são filiformes, pequenos e numerosos. Após a fixação, a coloração torna-se predominantemente cinza-escurecido (BRITSKI et al., 1988).

DNA barcode: Foi sequenciada uma amostra para o gene mitocondrial COI. Uma sequência depositada no Bold foi adicionada às análises, e a delimitação mostrou apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo no rio Doce.

Tamanho máximo: 50 mm (ASSEGA et al., 2016).

Habitat: É uma espécie considerada sedentária. Habita os fundos dos rios, geralmente, se enterram nos fundos arenosos, de onde espreitam suas presas (CARDOSO et al., 1996; GODINHO, 2007; KITAGAWA et al., 2015; ASSEGA et al., 2016).

Hábito alimentar: Esta espécie possui o hábito alimentar carnívoro, preferindo se alimentar de pequenos peixes e invertebrados bentônicos (ALVES; LEAL, 2010; ASSEGA et al., 2016). Apenas um indivíduo foi coletado pelo Anexo 7 RRDM e o mesmo consumiu somente peixe.

Reprodução: As atividades reprodutivas ocorrem durante os meses de setembro e fevereiro. Esta espécie não é migradora. A fêmea constrói seus ninhos, nas regiões mais rasas, em forma de uma depressão circular nos fundos arenosos e os ovos depositados são protegidos pelo macho (SATO; GODINHO, 1999; GODINHO; GODINHO, 2003; ASSEGA et al., 2016). Foi encontrado apenas um indivíduo durante as coletas do Anexo 7 RRDM.

Grau de ameaça: VU – Vulnerável. Atualmente, esta espécie enfrenta um alto risco de extinção na bacia do rio São Francisco, devido à atividade pesqueira intensa (BARBOSA; SOARES, 2009; ICMBIO, 2018). Na bacia do rio Doce, é exótica.

Distribuição: Esta espécie era restrita apenas à bacia do rio São Francisco. Atualmente, encontra-se introduzida em algumas bacias do sudeste brasileiro, por exemplo, no rio Doce (ROSA et al., 2003; ALVES; LEAL, 2010; VIEIRA, 2006; VIEIRA, 2010; MARQUES et al., 2013; SILVA et al., 2017).

Figura 83: *Microcambeva* cf. *barbata* (Costa & Bockmann 1994) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Trichomycteridae

Espécie: *Microcambeva* cf. *barbata* (Costa & Bockmann 1994)

Nome popular: cambeva

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

As espécies do gênero *Microcambeva* distinguem-se de todos os outros Sarcoglanidinae por possuírem uma placa hipural inferior retangular. A nadadeira anal origina-se sob a base do último raio da barbatana dorsal, a caudal é bifurcada e o primeiro raio da nadadeira peitoral é alongado e filamentososo (COSTA; BOCKMANN, 1994). É translúcido quando em vida e após fixação assume uma coloração esbranquiçada, leitosa.

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 26,1 mm.

Habitat: As espécies ocorrem em rios com fundo arenoso e sem vegetação aquática ou costeira (COSTA et al., 2004).

Hábito alimentar: sem dados.

Reprodução: Desconhecido.

Grau de ameaça: NT – Quase ameaçada.

Distribuição: As espécies do gênero *Microcambeva* ocorrem apenas em bacias costeiras isoladas do sudeste do Brasil. É uma espécie rara, conhecida apenas da localidade tipo no rio São João, no estado do Rio de Janeiro e de drenagens costeiras no sul do Espírito Santo (COSTA; BOCKMANN, 1994). Esta espécie foi coletada na calha do rio Doce, mas na literatura é citada apenas para ambientes de riachos.

Figura 84: *Trichomycterus* cf. *alternatus* (Eigenmann 1917) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Trichomycteridae

Espécie: *Trichomycterus* cf. *alternatus* (Eigenmann 1917)

Nome popular: cambeva, bagrinho-das-pedras

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

O corpo é alongado e sem escamas. A coloração é marrom claro, com algumas manchas escurecidas ao longo do corpo, exceto na região ventral. Possui uma faixa mais escura, proeminente e em padrão alternado ao longo do corpo e padrão de colorido sem barras cinzas na nadadeira caudal. A boca é pequena e subterminal, com minúsculos dentes filiformes, formando placas dentárias. A cabeça possui formato trapezoidal em vista dorsal. Possui três pares de barbilhões na região da cabeça e próximo à boca. O barbilhão maxilar atinge a base da nadadeira peitoral. O primeiro raio da nadadeira peitoral é prolongado na forma de um filamento. As nadadeiras, dorsal e caudal, são amareladas e possuem pontuações escuras. Após a fixação, o contraste entre as cores é perdido, porém, o arranjo característico das grandes manchas irregulares ao longo do corpo ainda é bem evidente (VIANNA, 2004; LEZAMA et al., 2012; VIEIRA et al., 2015; REIS; PINNA, 2019).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 150 mm (VIEIRA et al., 2005).

Habitat: Ocorrem em córregos e riachos de águas claras e de fluxo rápido, desde logo acima do nível do mar até mais de 1.000 m de altitude. Geralmente, estão associados aos substratos rochosos e arenosos (VIEIRA et al., 2015; REIS; PINNA, 2019).

Hábito alimentar: Como a grande maioria das espécies do gênero, se alimenta de invertebrados aquáticos e terrestres que caem na água ou são levados ao curso d'água durante as chuvas

(ANDRADE, 2004; VIEIRA et al., 2015). O exemplar coletado pelo Anexo 7 ingeriu grande proporção de escamas, mas isso ainda não é suficiente para determinar o hábito alimentar da espécie.

Reprodução: Foi coletada uma fêmea F1 na estação seca.

Grau de ameaça: LC – menos preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Rios costeiros do sudeste do Brasil (Rio de Janeiro, São Paulo, Espírito Santo e Minas Gerais), incluindo as drenagens do rio Doce e Mucuri (ANDRADE, 2004; VIEIRA et al., 2005; POMPEU; MARTINEZ, 2006; VIEIRA, 2006; VIEIRA et al., 2015; REIS; PINNA, 2019).

Figura 85: *Synbranchus marmoratus* (Bloch 1795) coletado durante as expedições de coleta do Anexo 7 Dulcícola. O exemplar encontra-se tombado na coleção MZUFV.



Ordem: Synbranchiformes

Família: Synbranchidae

Espécie: *Synbranchus marmoratus* (Bloch 1795)

Nome popular: mussum, enguia-d'água-doce

Características gerais (descrição: forma do corpo, coloração fixado e em vida):

Essa espécie possui um corpo serpentiforme, cilíndrico e alongado, revestido de uma pele espessa e sem escamas (MALABARBA et al., 2013). A coloração em vida é predominante amarelada, com pequenas manchas distribuídas ao longo do corpo e dorso mais escurecido (MALABARBA et al., 2013). As nadadeiras pélvicas e peitorais são ausentes, sendo as outras atrofiadas (MALABARBA et al., 2013). A respiração é feita através de uma única abertura branquial localizada na porção ventral da cabeça, e são classificados como respiradores aéreos facultativos, podendo fazer suas trocas gasosas pela garganta que é altamente vascularizada (MALABARBA et al., 2013). Nos túneis e galerias onde habitam são encontrados ninhos com ovos e larvas em desenvolvimento, que são cuidados pelo macho que faz o cuidado parental (MALABARBA et al., 2013).

DNA barcode: Não foram sequenciadas amostras para o gene mitocondrial COI.

Tamanho máximo: 857 mm (MALABARBA et al., 2013).

Habitat: Habitam rios, riachos, lagoas, lagos e áreas alagadas, como banhados (MALABARBA et al., 2013). Os espécimes podem ser encontrados nas margens de corpos d'água, em ambientes associados com vegetação, onde vivem entocados em túneis e galerias (MALABARBA et al., 2013). Sobrevivem em ambientes com pouco oxigênio, podendo sobreviver a longos períodos de seca em galerias, com o corpo envolvido por em lodo e muco, em um estado de semi-estivação (MALABARBA et al., 2013). O Anexo 7 coletou um único indivíduo, utilizando a pesca elétrica, no Ribeirão Palmas, próximo ao município de Linhares.

Hábito alimentar: Apenas um estômago analisado; espécime consumiu peixe (Characiformes). Além disso, podem se alimentar de insetos aquáticos (MALABARBA et al., 2013).

Reprodução: A maturação sexual nas fêmeas ocorre antes dos machos, que podem ser classificados em dois tipos: os machos primários, que se desenvolvem a partir dos ovos e os secundários, que se originam por reversão sexual das fêmeas, sendo portanto uma espécie hermafrodita (LO NOSTRO; GUERRERO, 1996; MALABARBA et al., 2013). Foi coletado apenas um indivíduo imaturo.

Grau de ameaça: LC- Pouco preocupante (ICMBIO, 2018).

Distribuição: Ocorrem nas bacias de água doce, do México a Argentina (MALABARBA et al., 2013). Foi introduzida na bacia do rio Doce na década de 1990 (DERGAM, J. A., obs. pess.).

3.1.1.2 Análises genéticas de espécies exclusivas do alto Rio Doce

Figura 86: *Brycon dulcis* (Lima & Vieira 2017). Exemplar da coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Bryconidae

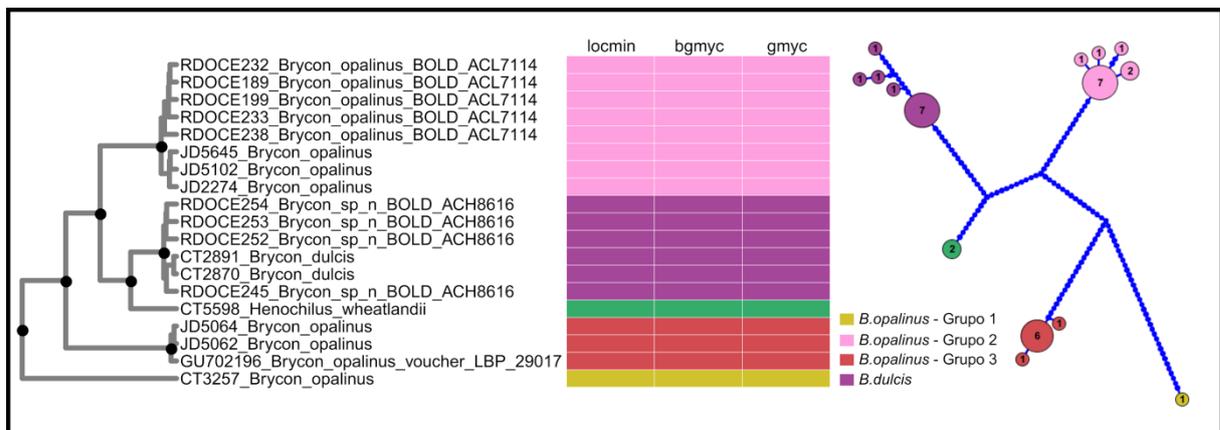
Nome popular: piabanha

Espécie: *Brycon dulcis* (Lima & Vieira 2017)

DNA barcode: Foram sequenciadas sete amostras para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas quatro sequências de *Brycon* sp. depositadas no Bold, provenientes também da bacia do rio Doce. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie ocorrendo nessa bacia, a qual incluiu todas as sequências analisadas.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de sete indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas quatro sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 11 sequências foi encontrado um único grupo. A relação genealógica entre haplótipos (Figura 87) mostra um haplótipo mais frequente e outros menores separados por alguns passos mutacionais. Este grupo apresenta uma divergência profunda em relação aos grupos de *Brycon opalinus*, separado por muitos passos mutacionais. A análise de delimitação de espécies corrobora a existência de um grupo independente (Figura 87).

Figura 87: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) e rede de haplótipos mostrando as relações genealógicas entre os grupos de *Brycon dulcis* e *Brycon opalinus* delimitados.



B. dulcis. Inclui sete sequências de COI do projeto e quatro sequências do BOLD. A partir dessas 11 foram encontrados cinco haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,618 ($\pm 0,164$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0051 ($\pm 0,0031$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 1,49% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,5; C = 25,7; A = 25,6; G = 18,2. Foram encontrados 12 sítios variáveis, dos quais, cinco foram parcimoniosamente informativos e sete foram *singletons*. Não foi encontrada significância estatística nas análises demográficas F_s de Fu (0,907, $p = 0,695$) e D de Tajima (-0,680, $p = 0,263$).

Para essa espécie foi sequenciada somente uma amostra do gene nuclear Myh6 e por isso nenhuma análise com esse gene foi realizada.

Figura 88: *Brycon opalinus* (Cuvier, 1819). Exemplar da coleção MZUFV.



Ordem: Characiformes

Família: Bryconidae

Nome popular: piabanha

Espécie: *Brycon opalinus* (Cuvier, 1819)

DNA barcode: Foram sequenciadas 13 amostras para o gene mitocondrial COI. Ao banco de dados foram adicionadas cinco sequências depositadas no Bold, provenientes também da bacia do rio Doce e duas sequências depositadas no Genbank, provenientes do rio Paraíba do Sul. As análises delimitaram três linhagens desta espécie ocorrendo no rio Doce: uma delas composta por sete sequências geradas nesse estudo mais as cinco sequências do Bold; outra com cinco sequências geradas no presente estudo mais duas sequências do Genbank, e a terceira composta apenas por uma sequência gerada neste estudo.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de 13 indivíduos para o gene mitocondrial COI e foram acrescentadas oito sequências depositadas em bancos de dados públicos para as análises de genética de populações. A partir dessas 21 sequências foram encontrados três grupos. A relação genealógica dos haplogrupos pode ser observada na rede de haplótipos (Figura 87) que indica que eles apresentam divergência genética profunda, pois estão separados por muitos passos mutacionais, variando de 46 a 120. As análises de delimitação de espécies foram consistentes com o anterior resultado (Figura 87).

B. opalinus -Grupo 1. Inclui uma sequência de COI do projeto, correspondente a um único haplótipo. As frequências de cada base nucleotídica foram: T(U) = 29,4; C = 27,6; A = 25,3; G = 17,7.

B. opalinus -Grupo 2. Inclui sete sequências de COI do projeto e cinco sequências do BOLD. A partir dessas 12 foram encontrados oito haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,848 ($\pm 0,104$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0035 ($\pm 0,0022$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,98% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 31,3; C = 25,7; A = 25,1; G = 17,9. Foram encontrados 10 sítios variáveis, dos quais, três foram parcimoniosamente informativos e sete foram *singletons*. Foi encontrada significância estatística na análise demográfica F_s de F_u (-3,142, $p = 0,019$), mas não para o D de Tajima (-0,970, $p = 0,176$).

B. opalinus -Grupo 3. Inclui cinco sequências de COI do projeto e três sequências do BOLD. A partir dessas oito foram encontrados três haplótipos, uma diversidade haplotípica de 0,464 ($\pm 0,200$) e uma diversidade nucleotídica de 0,0010 ($\pm 0,0009$). A distância intraespecífica variou de 0,00% a 0,42% e as frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 30,3; C = 26,1; A = 26,8; G = 16,9. Foram encontrados três sítios variáveis, dos quais, nenhum foi parcimoniosamente informativo e três foram *singletons*. Não encontramos significância estatística nas análises demográficas F_s de F_u (-0,304, $p = 0,187$) e D de Tajima (-1,447, $p = 0,063$).

Para essa espécie foram sequenciadas amostras de três indivíduos do gene nuclear *Myh6* e, por isso, as análises realizadas com esse gene são inconclusivas.

Figura 89: *Steindachneridion doceanum* (Eigenmann & Eigenmann 1889). Exemplar da coleção MZUFV.



Ordem: Siluriformes

Família: Pimelodidae

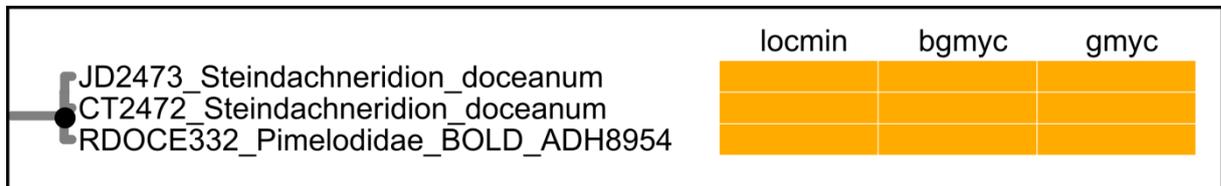
Nome popular: surubim-do-Rio-Doce

Espécie: *Steindachneridion doceanum* (Eigenmann & Eigenmann 1889)

DNA barcode: Foram sequenciadas duas amostras desta espécie para o gene mitocondrial COI. As análises delimitaram apenas uma linhagem dessa espécie no rio Doce, no entanto essa linhagem incluiu uma sequência baixada do Bold identificada apenas como Pimelodidae. Quando comparada com sequências do Genbank (Blast), essa sequência apresenta uma similaridade de 94,85% com *S. parahybae*. Consideramos, portanto que se trata na verdade de uma sequência de *S. doceanum*, uma vez que em todas as análises ela agrupou com as duas sequências de *S. doceanum* geradas neste estudo.

Genética de populações: Foram sequenciadas amostras de dois indivíduos para o gene mitocondrial COI, a partir das quais foi encontrado um único grupo. A relação genealógica entre haplogrupos não foi estimada devido ao baixo número amostral, mas a análise de delimitação de espécies mostrou uma linhagem única (Figura 90).

Figura 90: Árvore filogenética com delimitação de espécies por diferentes métodos (locmin, bgmyc e gmyc) de *Steindachneridion doceanum*.



S. doceanum. Inclui duas sequências de COI do projeto. Por esse motivo não foi possível estimar o número de haplótipos, nem calcular a diversidade haplotípica, nucleotídica e a distância intraespecífica. As frequências médias de cada base nucleotídica foram: T(U) = 28,9; C = 26,9; A = 27,2; G = 16,9. Devido a falta de polimorfismo, não foi encontrado nenhum sítio variável e nem ao menos foi possível estimar os índices demográficos F_s de Fu e D de Tajima.

Para essa espécie não foi possível sequenciar nenhuma amostra do gene nuclear Myh6 e por isso nenhuma análise com esse gene foi realizada.

3.1.2 Estrutura de comunidades

A curva do coletor para cada petrecho demonstra que o número acumulado de espécies por petrecho ainda não estabilizou, pois, a cada campanha observou-se um incremento no número de espécies coletadas (Figura 91Figura 92Figura 93).

Figura 91: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com rede de arrasto ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.

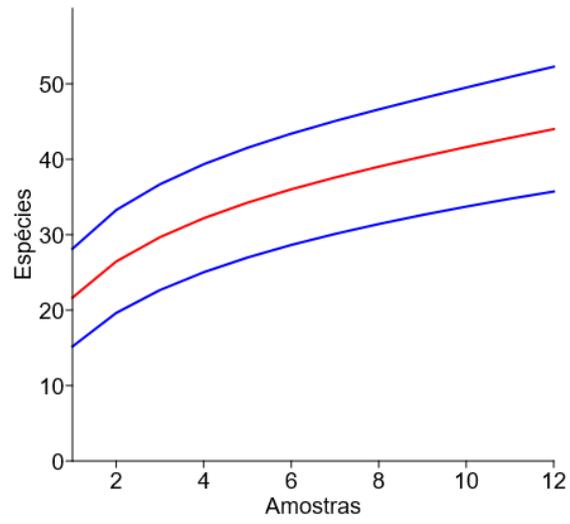


Figura 92: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com rede de espera ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.

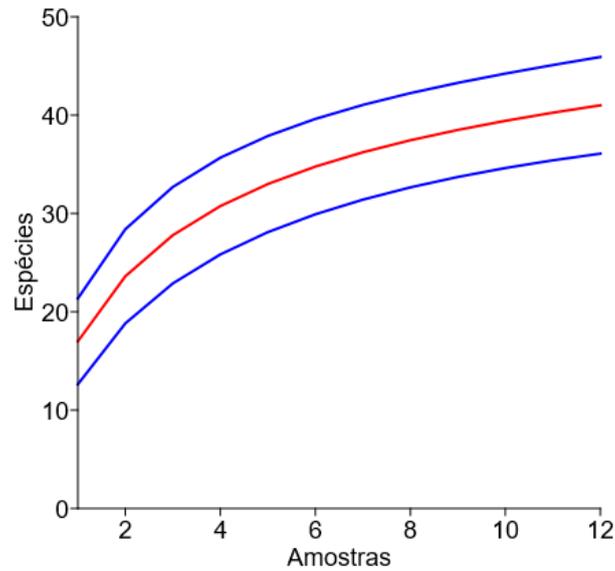
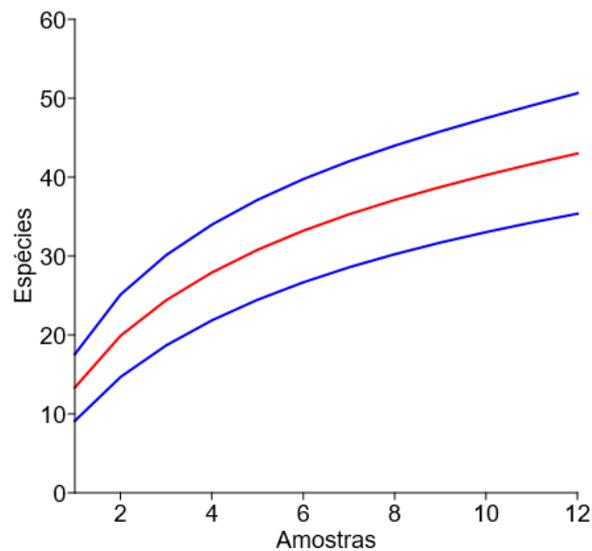


Figura 93: Curva de rarefação de espécies (curva do coletor) calculada pelo método de Mao Tau para as coletas realizadas com tarrafa ao longo das 12 campanhas amostrais. Linhas azuis representam o intervalo de confiança de 95%.



Foram calculados os estimadores de riqueza Jackknife 1 e 2, Chao 2 e *Bootstrap* (COLWELL; CODDINGTON, 1994). Todos os estimadores utilizados estimam uma riqueza total de mais de 75

espécies (Tabela 3). O estimador Jackknife 1 apresentou menor erro e, portanto, parece ser a estimativa mais razoável da riqueza total da ictiofauna do baixo rio Doce.

Tabela 3: Estimadores de riqueza total calculados com base nos dados coletados ao longo de 12 campanhas amostrais.

Estimador	Riqueza estimada	Erro padrão
Jackknife 1	86,50	4,38
Jackknife 2	95,07	NA
Chao 2	84,11	9,06
Bootstrap	76,9927	NA

Dentre as espécies amostradas, *Poecilia vivipara* foi a que apresentou maior abundância, com 9.718 indivíduos coletados no total, seguida por *Pachyurus adspersus* com 6.985 espécimes e *Oreochromis niloticus* com 6.385. Juntas estas espécies representam mais da metade do total de espécimes coletados (53,3%) (Figura 94). Em relação ao peso, também fica evidente que aproximadamente metade das espécies contribui com a maioria do peso coletado (Figura 95).

Figura 94. Abundância relativa em número de indivíduos das 69 espécies coletadas ao longo de 12 campanhas amostrais.

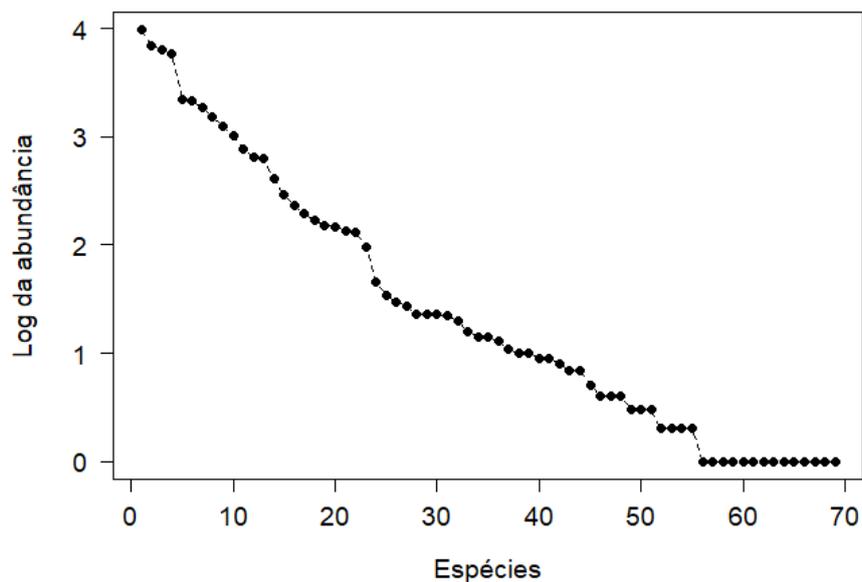
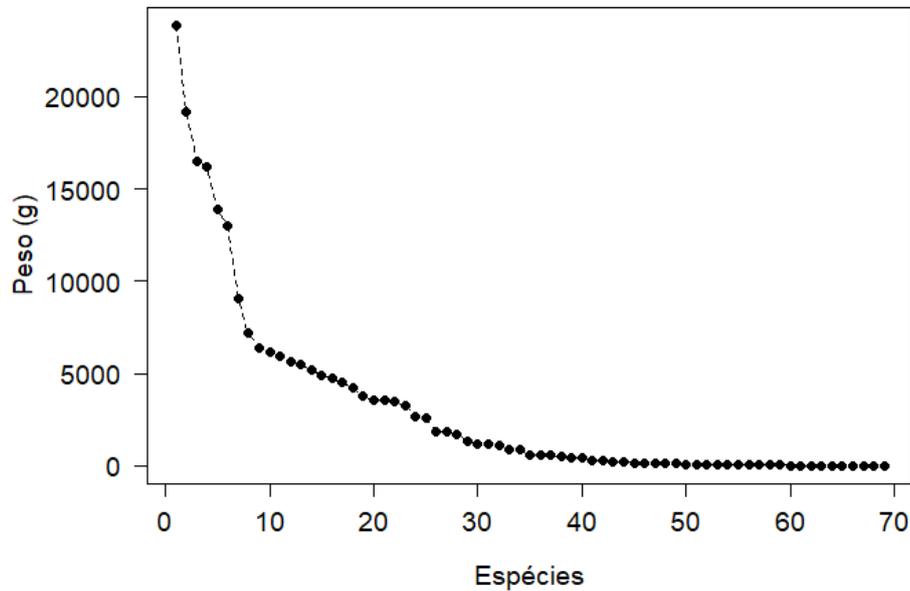


Figura 95. Abundância relativa em peso das 69 espécies coletadas ao longo de 12 campanhas amostrais.



A constância de ocorrência calculada de acordo com Dajoz (1978) classifica as espécies em Constantes (ocorrem em mais de 50% das amostras), Acessórias (ocorrem em 25 a 50% das amostras) e Acidentais (ocorrem em menos de 25% das amostras). Neste caso, cada campanha de coleta foi considerada uma amostra. Ao todo, 27 espécies foram consideradas Constantes e destas, 16 foram coletadas em todas as campanhas amostrais (Tabela 4). Dezoito espécies foram classificadas como Acessórias. As 24 espécies classificadas como Acidentais foram coletadas em uma ou duas campanhas amostrais.

Tabela 4: Constância de ocorrência das 69 espécies coletadas no trecho do baixo rio Doce, ao longo de 12 campanhas amostrais.

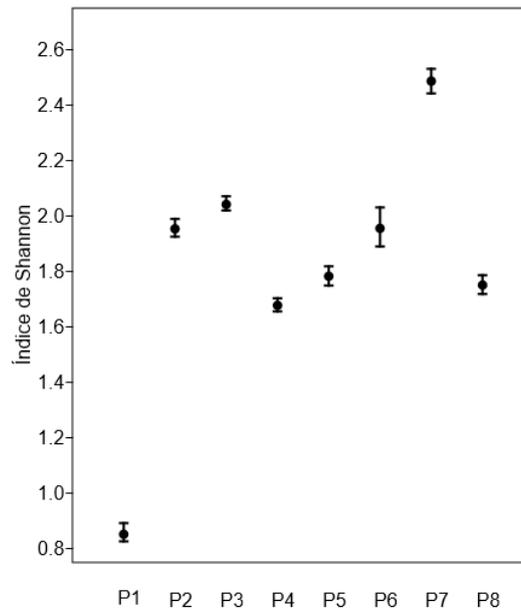
Espécie	CO%	CO
<i>Achirus cf. mucuri</i>	17	Acidental
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	67	Constante
<i>Astronotus ocellatus</i>	8	Acidental
<i>Astyanax aff. fasciatus</i>	8	Acidental
<i>Astyanax cf. giton</i>	50	Acessória
<i>Astyanax intermedius</i>	100	Constante
<i>Astyanax lacustris</i>	100	Constante
<i>Astyanax sp. 1</i>	33	Acessória
<i>Australoheros sp.</i>	8	Acidental
<i>Awaous tajasica</i>	100	Constante
<i>Caranx bartholomaei</i>	17	Acidental
<i>Caranx latus</i>	8	Acidental

Espécie	CO%	CO
<i>Centropomus parallelus</i>	83	Constante
<i>Cichla cf. kelberi</i>	33	Acessória
<i>Cichla cf. monoculus</i>	83	Constante
<i>Cichla cf. ocellaris</i>	25	Acessória
<i>Clarias gariepinus</i>	17	Acidental
<i>Coptodon rendalli</i>	100	Constante
<i>Corydoras aeneus</i>	25	Acessória
<i>Crenicichla lepidota</i>	100	Constante
<i>Elops saurus</i>	8	Acidental
<i>Eucinostomus cf. argenteus</i>	8	Acidental
<i>Genidens genidens</i>	75	Constante
<i>Geophagus brasiliensis</i>	100	Constante
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	8	Acidental
<i>Gymnotus cf. sylvius</i>	25	Acessória
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	33	Acessória
<i>Hoplias intermedius</i>	83	Constante
<i>Hoplias malabaricus</i>	100	Constante
<i>Hoplosternum littorale</i>	75	Constante
<i>Hyphessobrycon eques</i>	100	Constante
<i>Hypostomus affinis</i>	58	Constante
<i>Hypostomus cf. commersonii</i>	8	Acidental
<i>Hypostomus luetkeni</i>	25	Acessória
<i>Knodus sp.</i>	100	Constante
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	17	Acidental
<i>Loricariichthys castaneus</i>	58	Constante
<i>Lycengraulis grossidens</i>	42	Acessória
<i>Megaleporinus conirostris</i>	83	Constante
<i>Metynnis lippincottianus</i>	100	Constante
<i>Microcambeva cf. barbata</i>	8	Acidental
<i>Microphis lineatus</i>	50	Acessória
<i>Moenkhausia vittata</i>	33	Acessória
<i>Mugil curema</i>	100	Constante
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	8	Acidental
<i>Oligosarcus argenteus</i>	25	Acessória
<i>Oreochromis niloticus</i>	100	Constante
<i>Pachyurus adspersus</i>	100	Constante
<i>Pimelodella sp.</i>	42	Acessória
<i>Pimelodus cf. britskii</i>	17	Acidental
<i>Pimelodus maculatus</i>	100	Constante
<i>Pimelodus sp.</i>	8	Acidental
<i>Poecilia reticulata</i>	8	Acidental

Espécie	CO%	CO
<i>Poecilia vivipara</i>	100	Constante
<i>Pomadasys ramosus</i>	8	Acidental
<i>Prochilodus argenteus</i>	42	Acessória
<i>Prochilodus costatus</i>	33	Acessória
<i>Prochilodus vimboides</i>	8	Acidental
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	42	Acessória
<i>Pterygoplichthys etentaculatus</i>	25	Acessória
<i>Pterygoplichthys pardalis</i>	8	Acidental
<i>Pygocentrus nattereri</i>	100	Constante
<i>Pygocentrus piraya</i>	42	Acessória
<i>Rhamdia quelen</i>	8	Acidental
<i>Salminus cf. brasiliensis</i>	17	Acidental
<i>Serrapinnus heterodon</i>	83	Constante
<i>Synbranchus marmoratus</i>	8	Acidental
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	67	Constante
<i>Trichomycterus cf. alternatus</i>	8	Acidental

O índice de diversidade de Shannon-Wiener (H') foi determinado para cada ponto amostral, juntamente com o intervalo de confiança calculado através de estimador *bootstrap* ($n = 9999$), considerando a abundância das espécies ao longo das 12 campanhas amostrais (Figura 96). Os pontos 7 e 1 apresentam o maior e o menor índice de diversidade, respectivamente (Tabela 5). Quando consideramos a riqueza de espécies coletadas por ponto, o ponto com maior riqueza é o ponto 3, onde foram coletadas 45 espécies no total, porém muitas das espécies coletadas são consideradas acidentais e algumas tiveram apenas um espécime coletado ao longo das 12 campanhas (e.g. *Elops saurus*, *Lophiosilurus alexandri*, *Pomadasys ramosus* e *Trichomycterus cf. alternatus*). Já os pontos com menor riqueza são os pontos de lagoa (P5 e 6).

Figura 96: Índice de diversidade de Shannon-Wiener (H') e intervalo de confiança, para cada ponto amostral.



A equitabilidade (E_{var}) foi calculada de acordo com o proposto por Smith e Wilson (1996). Este índice baseia-se na variância de abundância entre as espécies, com valor máximo igual a 1 (todas as espécies têm a mesma abundância) e mínimo igual a 0. Todos os pontos apresentaram equitabilidade baixa, o que indica que poucas espécies do total são muito abundantes e a maioria das espécies possui baixa abundância (Tabela 5).

Tabela 5: Riqueza de espécies, abundância e biomassa total observada por ponto ao longo das 12 campanhas amostrais, índice de diversidade de Shannon-Wiener (H'), equitabilidade (E_{var}) e índice de dominância. Ecossistema da calha em azul; ecossistema de lagoa em rosa e ecossistema de córrego em verde.

Ponto	Riqueza (S)	Abundância (n)	Biomassa (g)	Índice de Diversidade Shannon-Wiener (H')	Equitabilidade (E_{var})	Dominância
P1	30	5.403	12851,69	0,85	0,14	0,89
P2	41	5.151	23653,788	1,95	0,13	0,54
P3	45	8.929	28553,18	2,04	0,11	0,58
P4	34	1.0104	27297,68	1,67	0,10	0,73
P5	19	4.062	34878,19	1,78	0,12	0,64
P6	24	990	20882,469	1,95	0,18	0,55
P7	33	2.689	25573,757	2,48	0,17	0,45
P8	39	5.990	38334,779	1,75	0,13	0,70

O Índice de Dominância (MCNAUGHTON, 1968) evidenciou que, em todos os pontos, uma ou duas espécies são dominantes representando mais do que 50% da abundância total capturada naquele ponto, exceto o ponto 7 (Tabela 5).

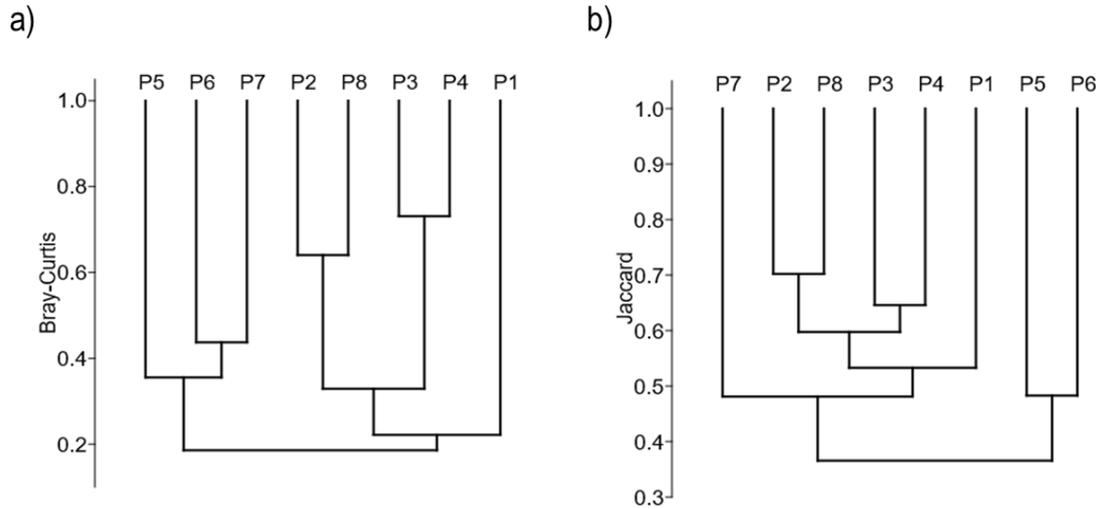
A partição da diversidade beta total obtida entre todos os locais de coleta ($\beta_{JAC}=0,77$), calculada pelo método de Jaccard, indica que 84% da diferença na composição de espécies entre os pontos é explicada pela substituição de espécies ($\beta_{JTU}=0,65$) e 16% é explicada pelo aninhamento ($\beta_{JNE}=0,12$). A diversidade beta calculada para cada par de locais é apresentada na Tabela 6.

Tabela 6: Diversidade beta par-a-par entre os oito pontos amostrais, calculada pelo método de Jaccard.

	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7
P2	0,4565						
P3	0,4694	0,4074					
P4	0,4762	0,4375	0,3542				
P5	0,6757	0,6667	0,6939	0,7381			
P6	0,6154	0,5556	0,6200	0,5854	0,5172		
P7	0,6000	0,5490	0,5000	0,5111	0,6667	0,6098	
P8	0,4667	0,2979	0,3529	0,4130	0,6512	0,5349	0,4348

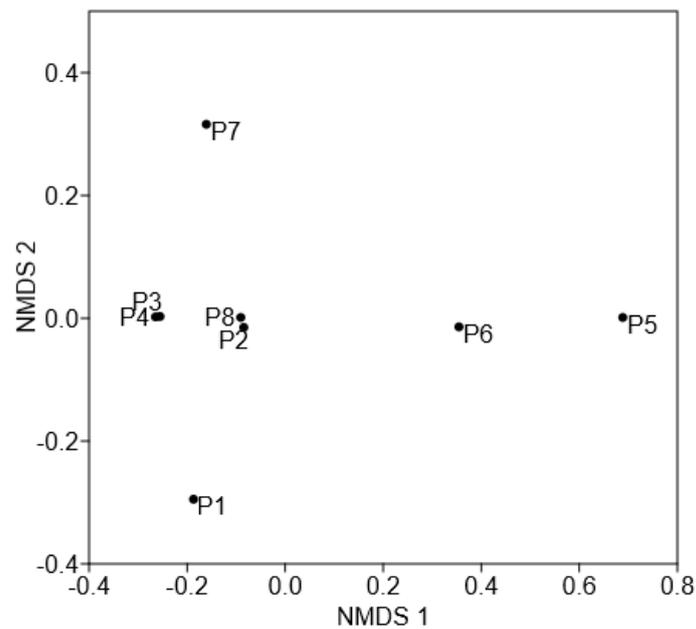
Os coeficientes de similaridade de Bray-Curtis e Jaccard, foram calculados entre os locais de amostragem. Para cada índice foi criado um dendrograma por UPGMA para visualização dos agrupamentos de pontos (Figura 97) de acordo com a composição de espécies. O índice de Bray-Curtis separou os pontos amostrais em dois grandes grupos, um contendo os pontos 5, 6 e 7 e outro contendo os demais pontos. O índice de Jaccard também separou os pontos em dois grandes grupos, um formado pelos ambientes de lagoa (pontos 5 e 6) e outro pelos pontos da calha, com o ponto 7 (Córrego Palmas) não se agrupando a nenhum outro ponto. Dentro do agrupamento dos pontos da calha os pontos 2 e 8, e 3 e 4, foram mais semelhantes entre si, enquanto o ponto 1 não se agrupou com nenhum outro ponto.

Figura 97: Dendrogramas de similaridade de Bray-Curtis (a) e Jaccard (b) entre os pontos de coleta ao longo das 12 campanhas amostrais.



O ordenamento dos pontos de acordo com o índice de similaridade de Jaccard foi realizado através de um Escalonamento Multidimensional Não Métrico – NMDS (Figura 98). É possível perceber claramente o agrupamento dos pontos de coleta na calha principal (P1, 2, 3, 4 e 8), e a separação dos pontos que representam os ambientes de lagoa (P5 e 6) e córrego (P7).

Figura 98: Ordenamento dos pontos amostrais por NMDS, baseado no índice de similaridade de Jaccard.



As espécies exóticas perfizeram um total de 41% da composição das espécies encontradas nos trechos amostrados. Em número de indivíduos, as espécies nativas superam as exóticas (31.976 e 11.345, respectivamente), porém, a biomassa de espécies exóticas é maior. Observou-se um aumento da biomassa de exóticos nas coletas realizadas na estação seca (campanha 7 a 12) (Figura 99), e no total, a biomassa de exóticas supera a biomassa de nativas em todos os pontos localizados na calha principal do rio Doce, exceto no ponto 4 (Figura 100). As espécies exóticas que mais contribuem em biomassa são *Pimelodus maculatus* e *Prochilodus argenteus*, porém as mais abundantes são *Oreochromis niloticus* e *Hyphessobrycon eques* (Figura 101).

Figura 99: Biomassa acumulada de espécies nativas e exóticas ao longo das 12 campanhas amostrais.

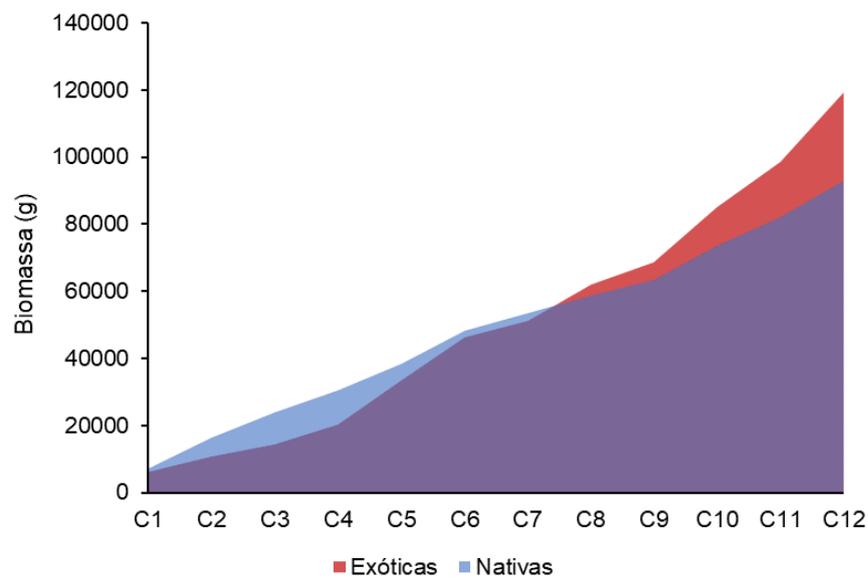


Figura 100: Biomassa de espécies nativas e exóticas coletadas em cada ponto amostral, ao longo das 12 campanhas. O código dos locais de coleta segue a Tabela 5.

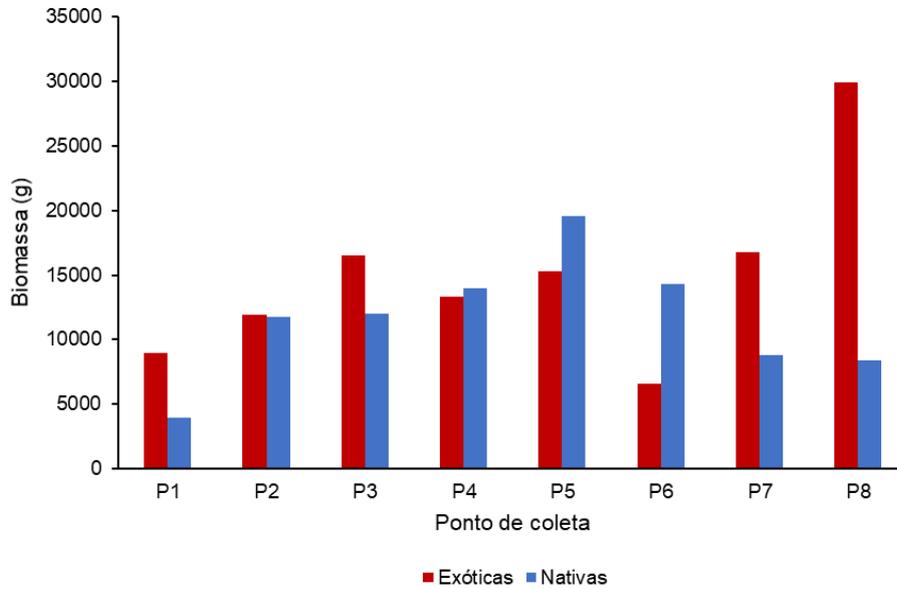
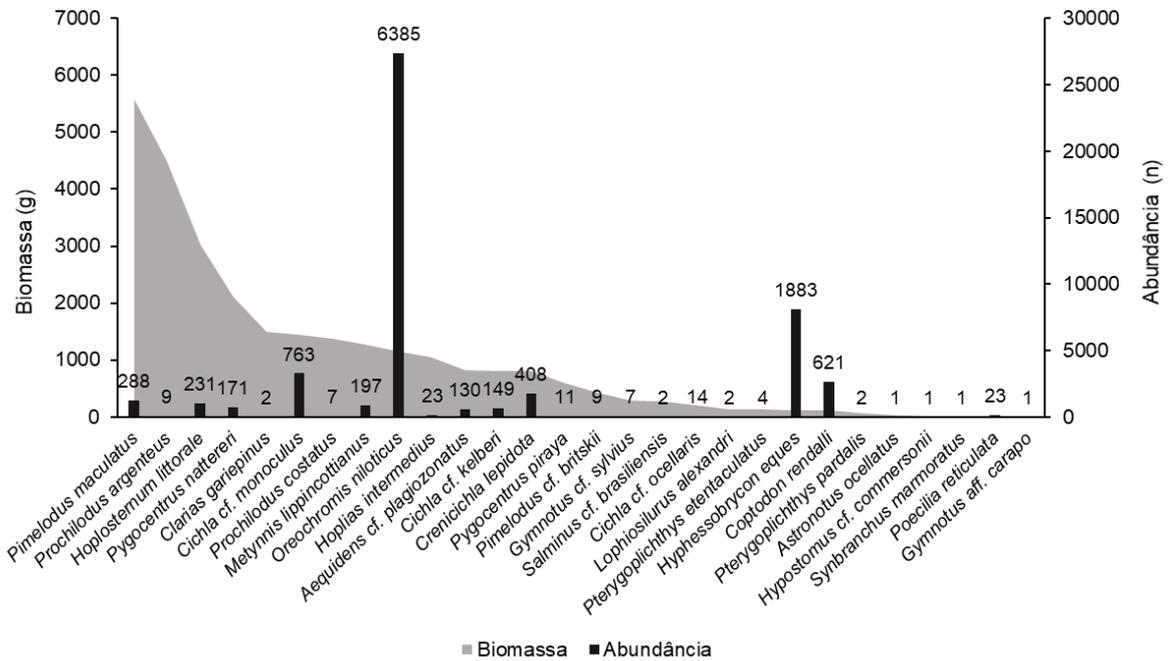


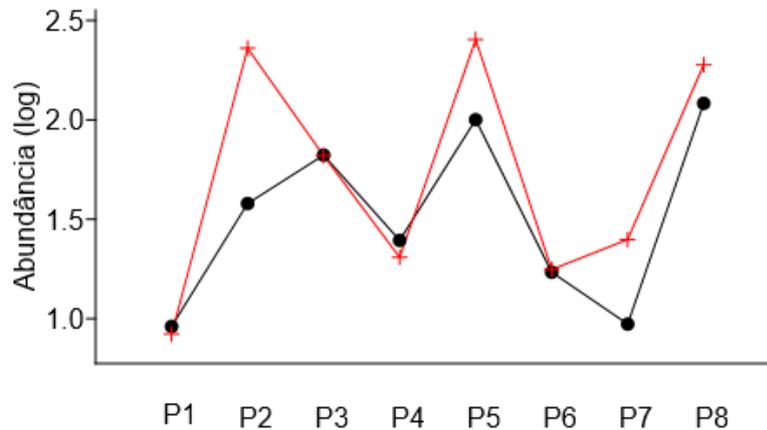
Figura 101: Biomassa e abundância das 28 espécies exóticas coletadas nas 12 campanhas amostrais.



A abundância de espécies exóticas difere entre os pontos ($F = 10,88$; $p < 0,001$) e entre as estações seca e chuvosa ($F = 4,05$; $p < 0,05$). Os pontos 8 e 5 destacam-se como os mais abundantes em

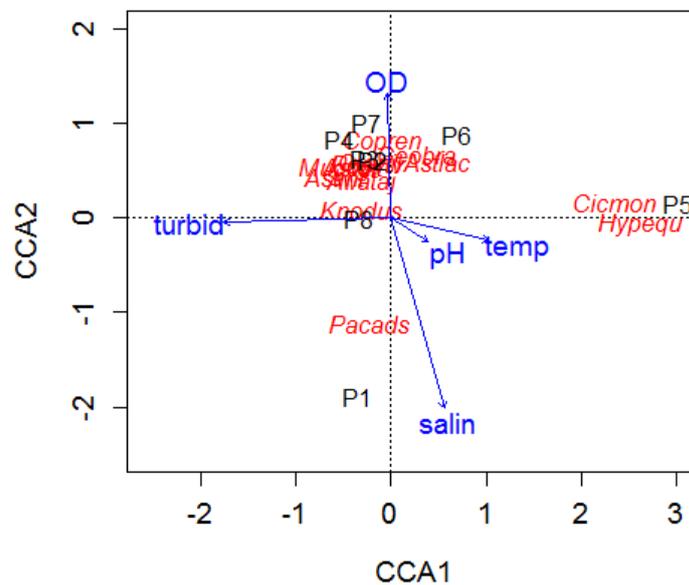
termos de espécies exóticas no período chuvoso, e na estação seca o ponto 2 também se destaca neste sentido (Figura 102).

Figura 102: Abundância de espécies exóticas nos oito pontos de coleta, ao longo das 12 campanhas amostrais. O traço preto representa a estação chuvosa (Out/2018 a Mar/2019) e em vermelho a estação seca (Abr/2019 a Set/2019).



O modelo resultante da análise CCA não foi significativo para explicar a influência das variáveis ambientais na distribuição das espécies, porém, pode-se inferir que a turbidez seja um parâmetro importante para a composição diferencial das comunidades entre os pontos da calha principal, lagoas e córrego (Figura 103).

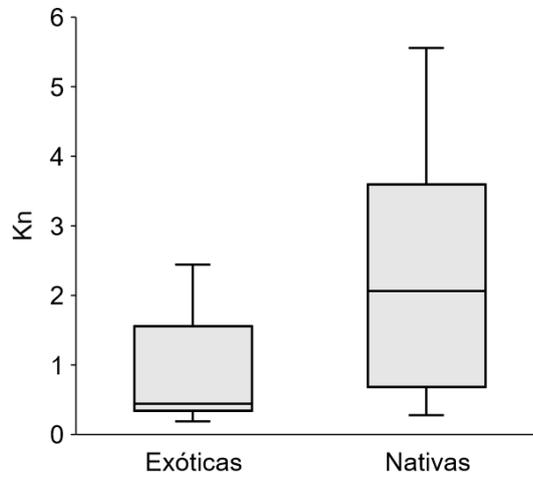
Figura 103: Análise de Correspondência Canônica (CCA) das variáveis ambientais e da abundância das espécies coletadas nas campanhas 6 a 9 e na 12ª, nos oito pontos amostrais. OD = oxigênio dissolvido, turbid = turbidez, temp = temperatura, salin = salinidade, Astgit = *Astyanax cf. giton*, Astint = *Astyanax intermedius*, Astlac = *Astyanax lacustris*, Awataj = *Awaous tajasica*, Cicmon = *Cichla cf. monoculus*, Copren = *Coptodon rendalli*, Geobra = *Geophagus brasiliensis*, Hypequ = *Hyphessobrycon eques*, Knodus = *Knodus sp.*, Mugcur = *Mugil curema*, Orenil = *Oreochromis niloticus*, Pacads = *Pachyrurus adspersus*, Poeviv = *Poecilia vivipara*.



3.1.3 Aspectos reprodutivos

Para avaliar se as espécies exóticas possuem maior biomassa devido a um melhor desempenho reprodutivo, o fator de condição das espécies foi avaliado. O fator de condição relativo (Kn) das espécies coletadas ao longo das 12 campanhas amostrais foi calculado para aquelas que apresentaram mais de 10 indivíduos maduros. O fator de condição dos peixes exóticos mostrou-se numericamente menor que o dos nativos (Figura 104).

Figura 104: Fator de condição relativo (Kn) das espécies nativas e exóticas coletadas ao longo das 12 campanhas amostrais. Valores representam a média das espécies por grupo.



Na análise do índice gonadossomático (IGS), não se observou padrão claro entre espécies nativas e exóticas ou entre as estações seca e chuvosa (Figura 105). A proporção de animais imaturos coletados é maior entre as espécies exóticas (Figura 106).

Figura 105: Índice gonadossomático de fêmeas (a) e machos (b), por estágio de desenvolvimento gonadal. C: estação chuvosa; S: estação seca.

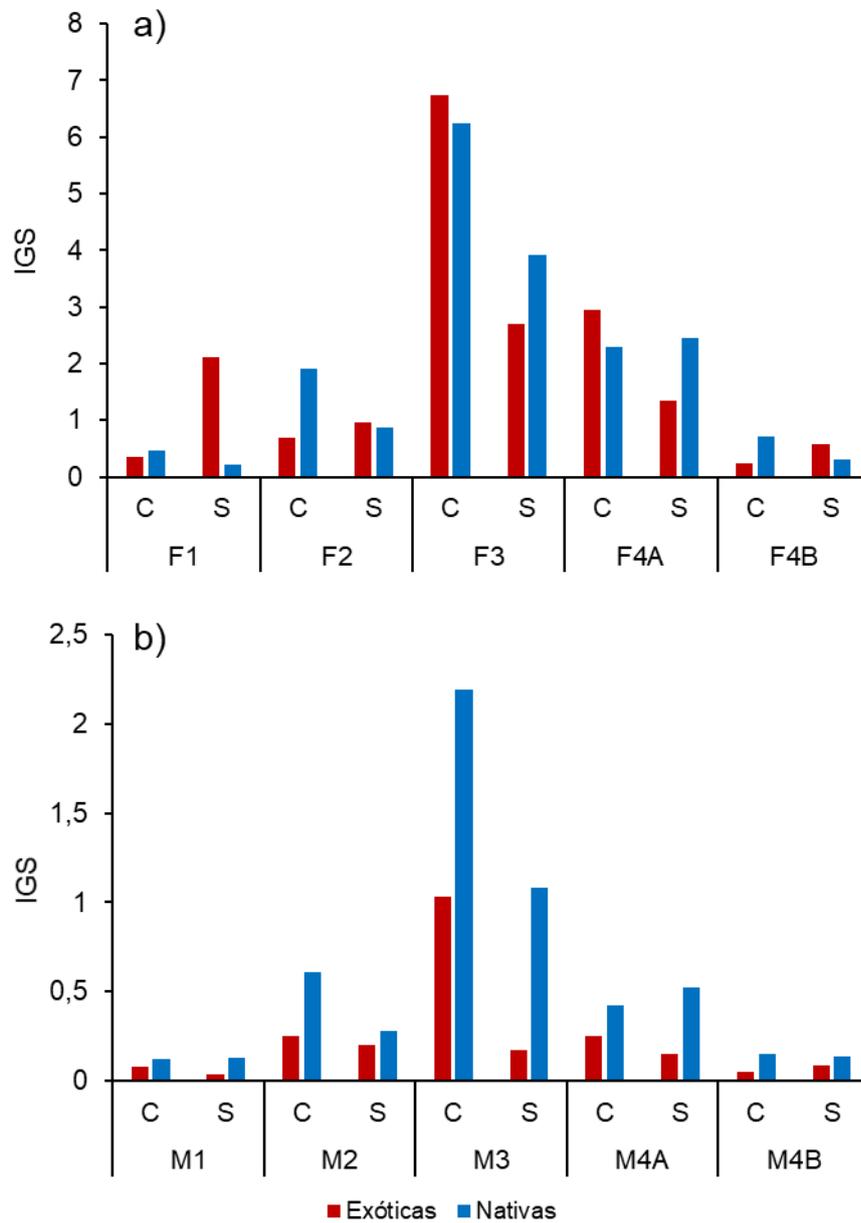
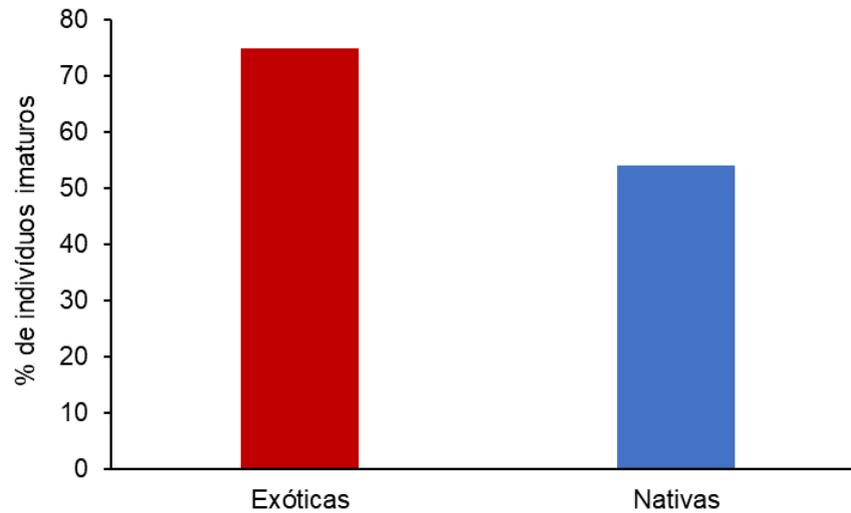


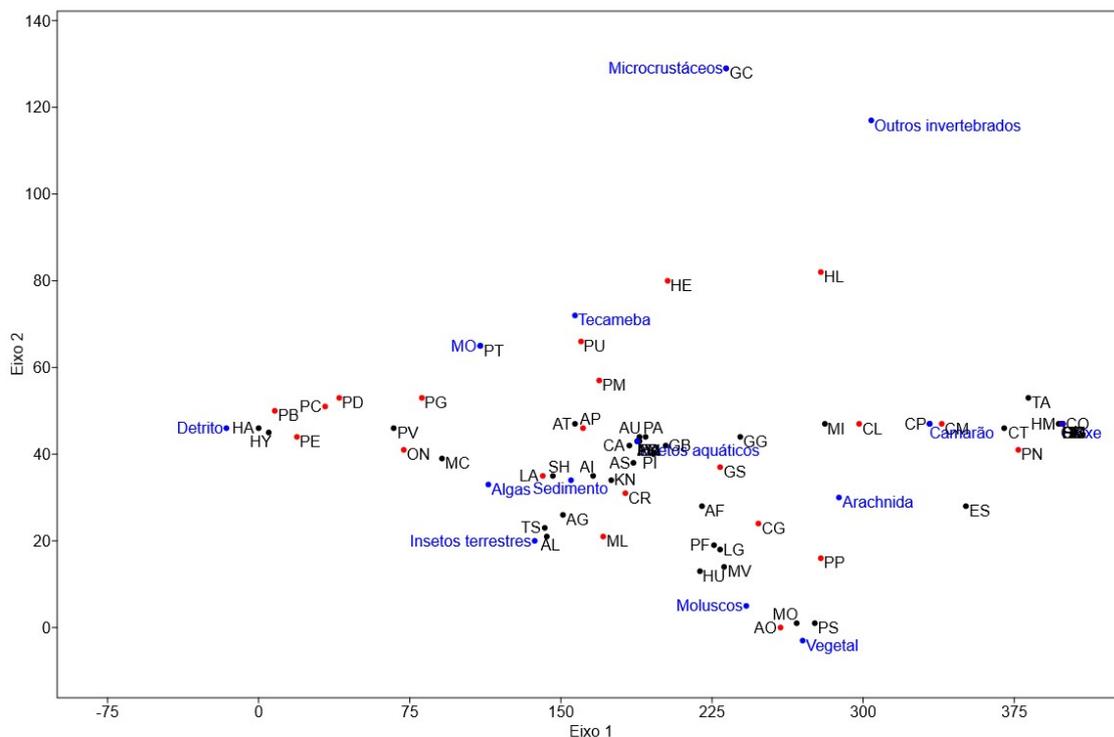
Figura 106: Percentual de animais imaturos coletados ao longo das 12 campanhas amostrais, comparando espécies nativas e exóticas.



3.1.4 Dieta

Quanto às análises estomacais, a caracterização e classificação em guildas tróficas consta na ficha de caracterização de cada espécie, na seção 3.1.1.1. Através da análise DCA observou-se que no eixo 1 não há uma divisão bem clara das espécies, mas *Megaleporinos conirostris* (MO), *Astronotus ocellatus* (AO) e *Pimelodus* sp. são as espécies que fazem uso quase exclusivo de itens de origem vegetal, já as demais espécies consomem, normalmente, um número maior de itens alimentares (Figura 107). No eixo 2 constata-se a tendência de uma separação das espécies que apresentam um hábito alimentar mais diverso daquelas espécies que consomem poucos itens, como detrito (Figura 107).

Figura 107: Análise de Correspondência Destendenciada (DCA) das espécies coletadas nas 12 campanhas do Anexo 7. AM: *Aequidens cf. mucuri*; AF: *Astyanax aff. fasciatus*; AG: *Astyanax giton*; AI: *Astyanax intermedius*; AL: *Astyanax lacustris*; AO: *Astronotus ocellatus*; AP: *Aequidens cf. plagiozonatus*; AS: *Astyanax sp.*; AT: *Awaous tajasica*; AU: *Australoheros sp.*; CP: *Centropomus parallelus*; CB: *Caranx bartholomaei*; CT: *Caranx latus*; CG: *Clarias gariepinus*; CK: *Cichla cf. kelberi*; CM: *Cichla cf. monoculus*; CO: *Cichla cf. ocellaris*; CL: *Crenicichla lepidota*; CR: *Coptodon rendalli*; EA: *Eucinostomus cf. argenteus*; ES: *Elops saurus*; GC: *Gymnotus aff. carapo*; GS: *Gymnotus cf. sylvius*; GB: *Geophagus brasiliensis*; GG: *Genidens genidens*; HE: *Hyphessobrycon eques*; HL: *Hoplosternum littorale*; HU: *Hoplerythrinus unitaeniatus*; HI: *Hoplias intermedius*; HM: *Hoplias malabaricus*; HA: *Hypostomus affinis*; HY: *Hypostomus luetkenii*; KN: *Knodus sp.*; LA: *Loricariichthys castaneus*; LI: *Lophiosilurus alexandri*; LG: *Lycengraulis grossidens*; MC: *Mugil curema*; MI: *Microphis lineatus*; ML: *Metynnis lippincottianus*; MO: *Megaleporinus conirostris*; MV: *Moenkhausia vittata*; O A: *Oligosarcus acutirostris*; OG: *Oligosarcus argenteus*; ON: *Oreochromis niloticus*; PA: *Pachyurus adpersus*; PI: *Pimelodella sp.*; PM: *Pimelodus maculatus*; PT: *Pimelodus cf. britskii*; PN: *Pygocentrus nattereri*; PP: *Pygocentrus piraia*; PR: *Pomadasys ramosus*; PV: *Poecilia vivipara*; PU: *Poecilia reticulata*; PG: *Prochilodus argenteus*; PC: *Prochilodus costatus*; PB: *Prochilodus vimboides*; PE: *Pterygoplichthys etentaculatus*; PF: *Pseudauchenipterus affinis*; PD: *Pterygoplichthys cf. pardalis*; P S: *Pimelodus sp.*; SB: *Salminus cf. brasiliensis*; SH: *Serrapinnus heterodon*; SM: *Symbranchus marmoratus*; TA: *Trichomycterus cf. alternatus*; TS: *Trachelyopterus striatulus*.



3.2 GENÉTICA DE PEIXES DULCÍCOLAS

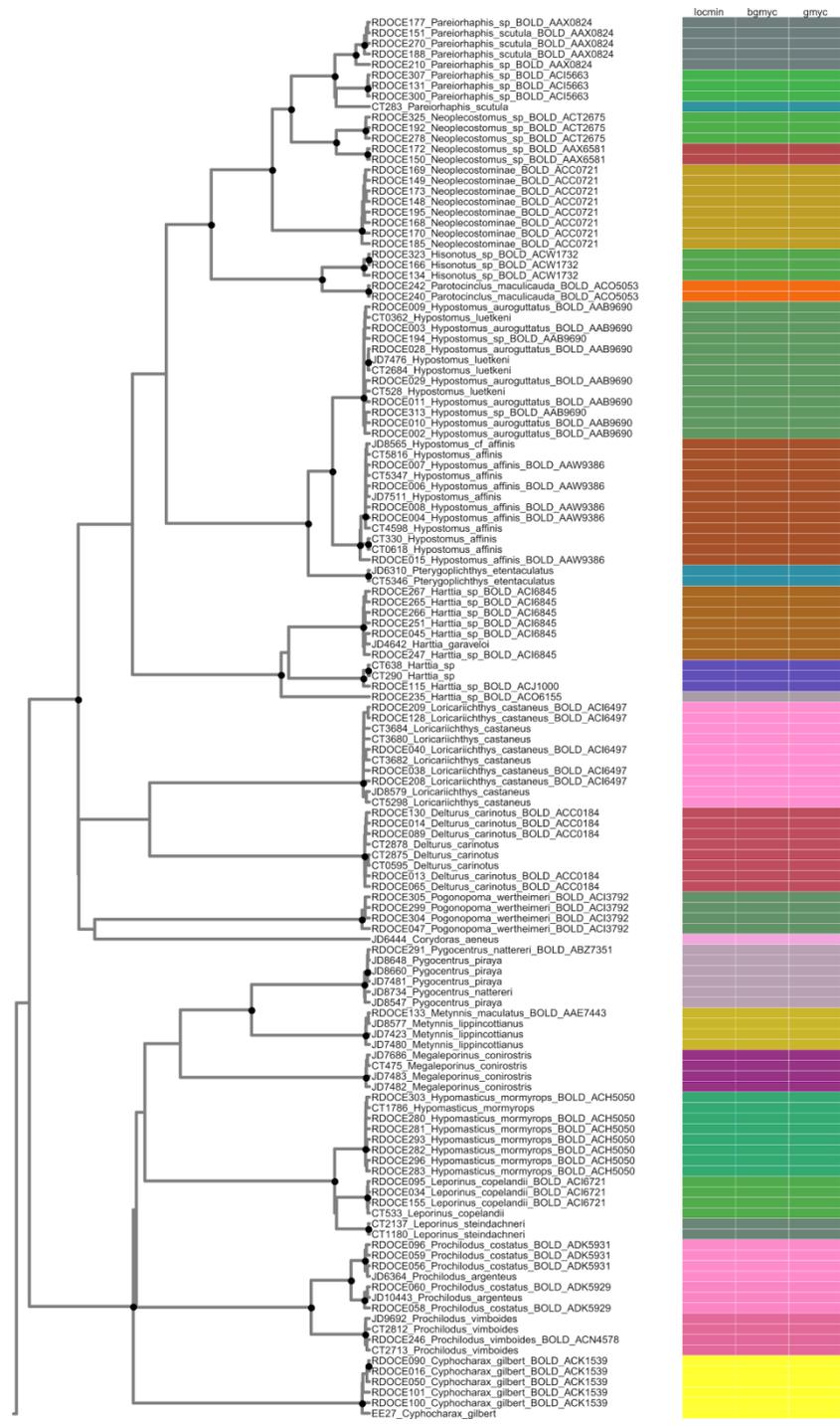
3.2.1 Delimitação de espécies e distâncias genéticas

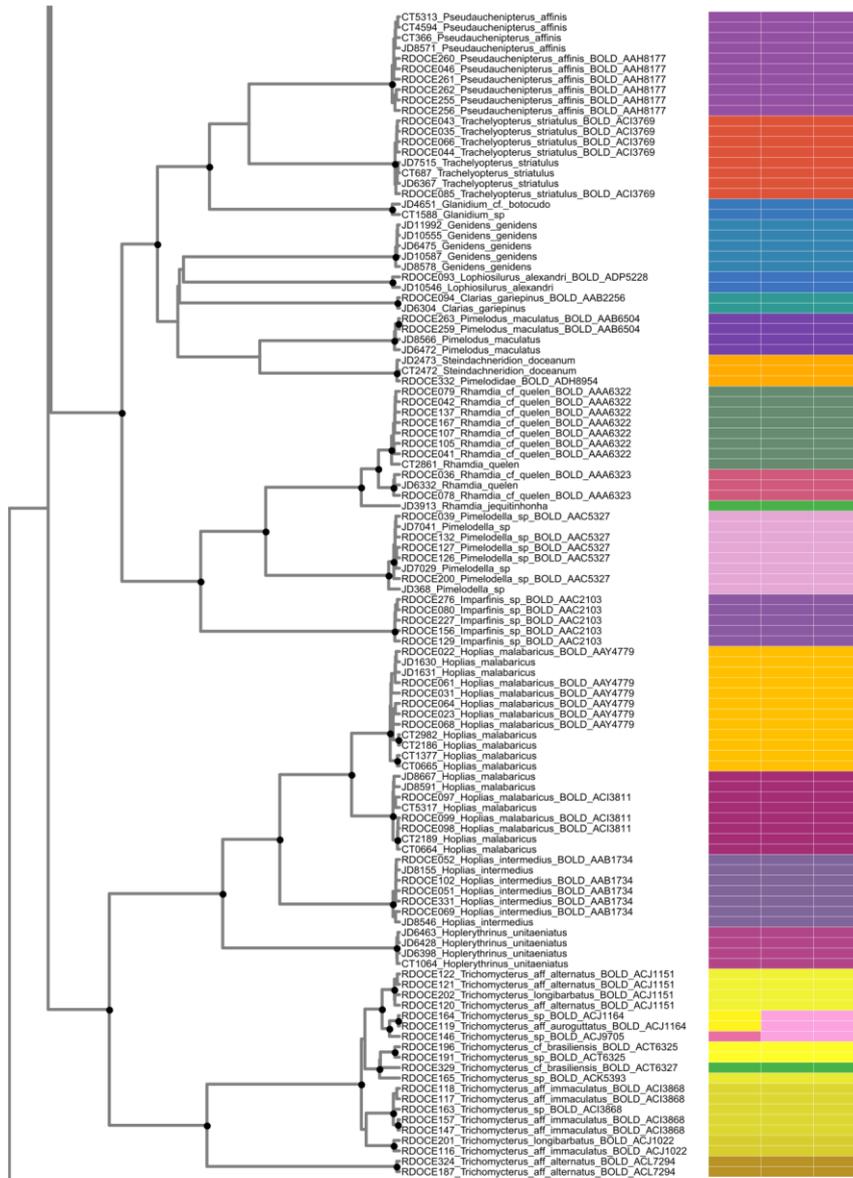
Para as análises de *barcode* foram analisados 89 táxons os quais incluíram 66 espécies das 69 amostradas, mais as espécies adicionais da parte alta e média do rio Doce. Foram delimitadas 108 linhagens/espécies. Em alguns casos, táxons identificados morfologicamente como uma espécie nominal apresentaram várias linhagens/espécies, por exemplo, *Geophagus brasiliensis* que apresentou uma linhagem ocorrendo nos ambientes lóticos do rio e outra ocorrendo nos ambientes lênticos do baixo rio Doce. Também foram encontradas linhagens endêmicas do rio Doce como, por exemplo, *Corydoras aeneus*. Entretanto, em alguns casos como, por exemplo, dentro do gênero *Astyanax* foram delimitadas várias linhagens/espécies compostas por várias espécies identificadas morfologicamente.

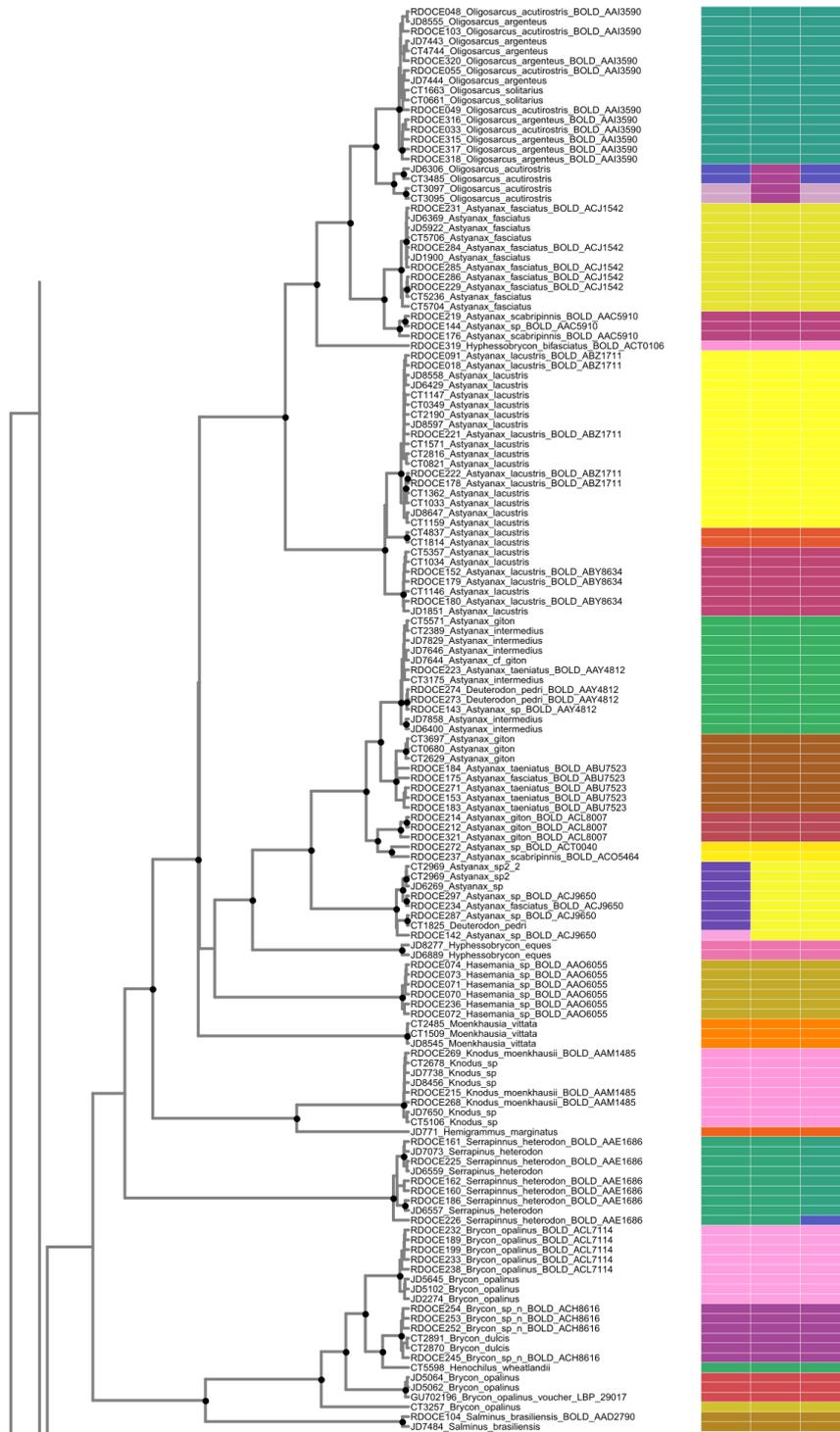
Um total de 918 sequências de peixes provenientes da bacia do rio Doce foram analisadas. Seiscentas e nove sequências geradas nesse trabalho mais 309 sequências do trabalho de Sales et al. (2018).

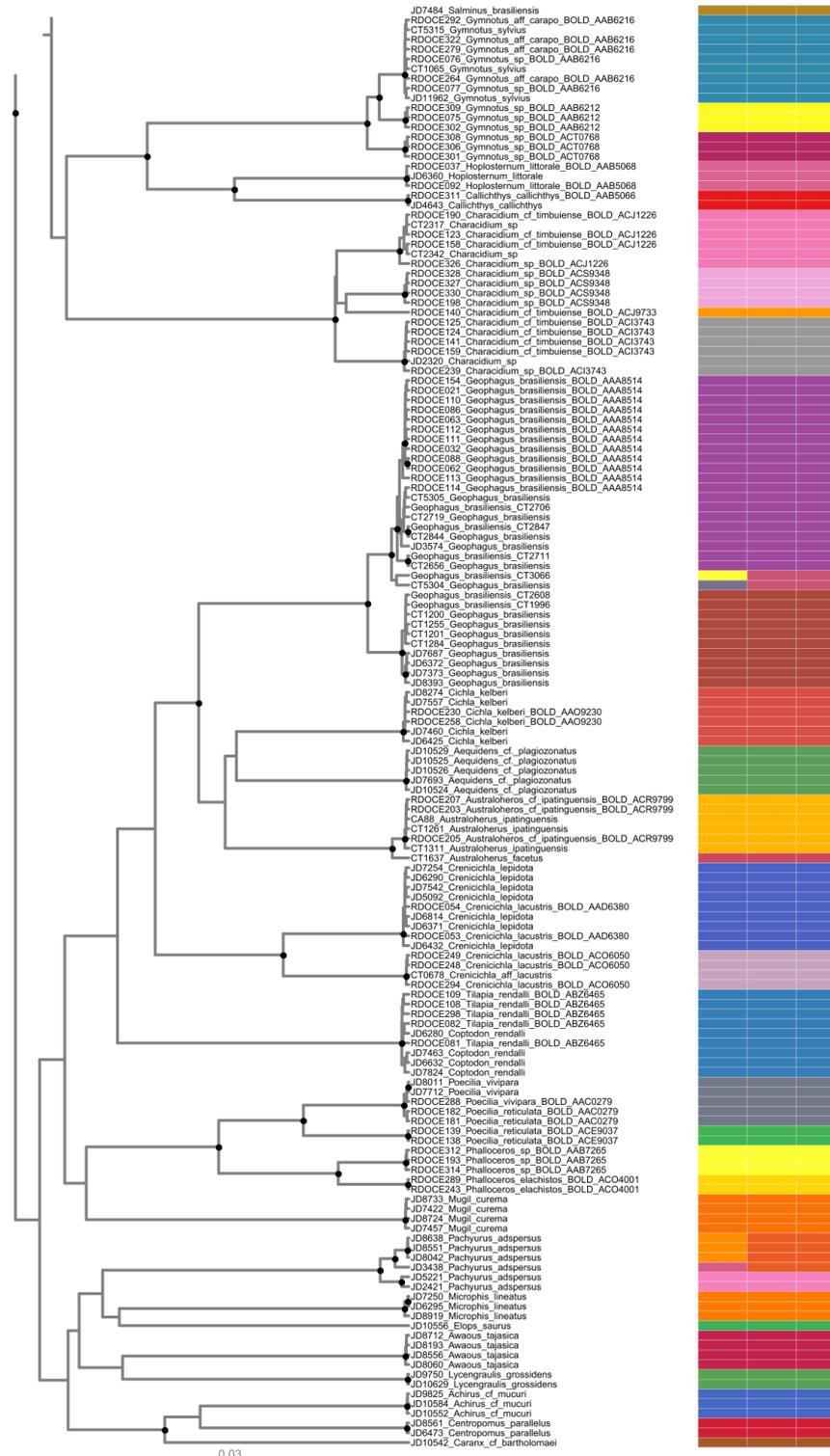
Os resultados das análises mostram que a maioria das espécies sequenciadas formaram grupos monofiléticos, indicando a correta identificação taxonômica das amostras através das análises do DNA *barcode* (Figura 108). Entre os métodos de delimitação de espécies, locMin foi aquele que identificou um maior número de linhagens/clusters enquanto bGMYC foi mais conservador delimitando um menor número de linhagens.

Figura 108: Delimitação de espécies baseados em DNA barcode-COI (705 pb) das espécies sequenciadas no Laboratório de Evolução e Genética Animal/UFAM. Cores iguais representam a mesma espécie.





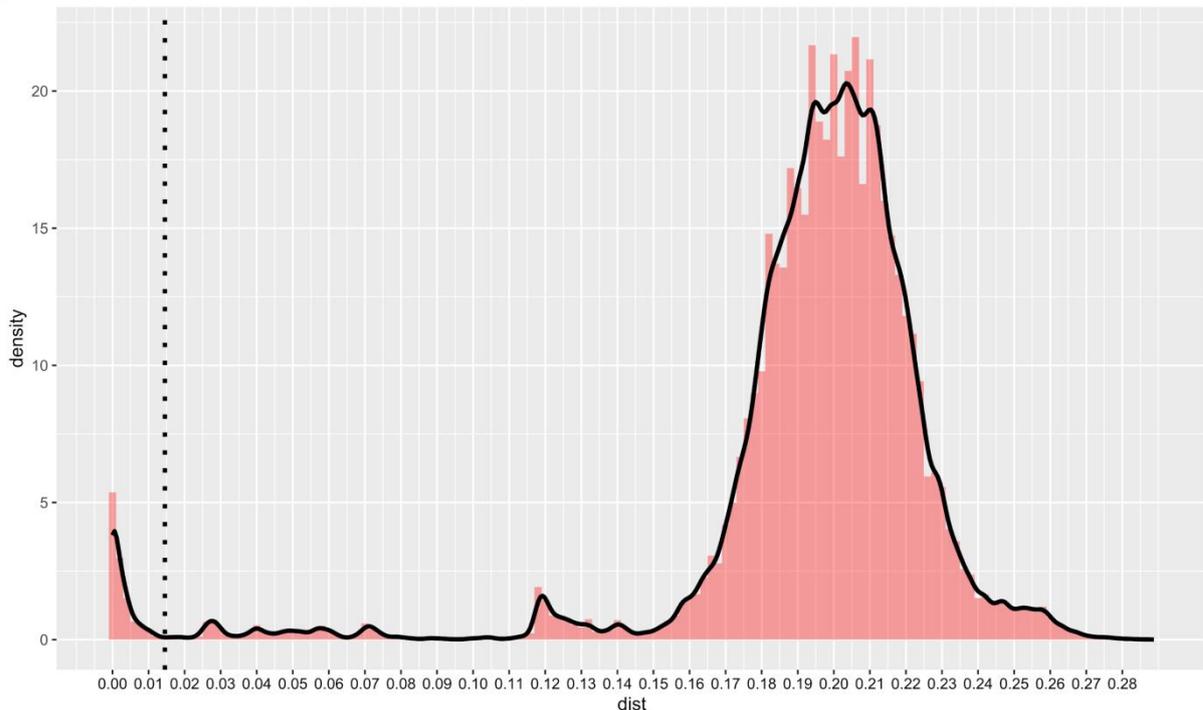




As análises de delimitação usando dados sequenciados no laboratório e sequências do alto rio Doce obtidos de Sales et al. (2018) revelaram a existência de diversos complexos de espécies dentro da bacia do rio Doce. Alguns gêneros nos quais foram identificados complexos de espécies foram:

Astyanax, *Hoplias*, *Rhamdia*, entre outros (Figura 108). As análises de distâncias genéticas intra e interespecíficas mostram que esses complexos apresentam altas distâncias genéticas (Figura 109).

Figura 109: Divergências entre espécies usando sequências genéticas do gene COI de espécimes de peixes coletados no Rio Doce.



3.2.2 Espécies para reanálise morfológica

Para algumas espécies a identificação molecular não foi concordante com a morfológica, não sendo possível, portanto, a delimitação desses táxons. Para essas espécies se faz necessária uma reanálise morfológica para a confirmação ou não da identificação taxonômica. Espécies que não puderam ser delimitadas corretamente foram: *Pygocentrus nattereri* + *P. piraya*; *Astyanax intermedius* + *A. giton*; *Oligosarcus argenteus* + *O. solitarius*.

3.2.3 Distância e diversidade genética

As análises de distância e diversidade genética mostraram variáveis níveis de distância genética interespecífica (de 0 até 20,29%) (Tabela 7). Dentro das espécies a diversidade genética variou de 0,0 a 18,15%, indicando alta variabilidade dentro de algumas delas, como *Astyanax fasciatus*, *Brycon opalinus*, *Crenicichla lepidota* entre outras. No entanto, a alta variabilidade genética observada em algumas espécies se deve a diversidade críptica não detectada em estudos anteriores. Não levando em conta espécies com um único espécime, particularmente baixos níveis de diversidade intraespecífica foram encontrados em *Hoplerythrinus unitaeniatus*, *Pygocentrus piraya*, *Poecilia*

vivipara, *Mugil curema*, *Hoplosternum littorale* e *Pimelodus maculatus*. Enquanto outras espécies como *Astyanax intermedius*, *Hoplias malabaricus* e *Oligosarcus acutirostris* mostraram altos níveis de diversidade genética intraespecífica (Tabela 7).

As análises mostraram que mais de 40% das espécies apresentaram distâncias genéticas intraespecíficas variando entre 0,0 e 18,15% (Figura 109). Estes resultados sugerem divergências genéticas relativamente elevadas entre populações da mesma espécie na bacia do rio Doce.

Tabela 7: Distâncias genéticas inter e intraespecíficas das espécies de peixes do rio Doce analisadas neste estudo.

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inte (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
<i>Achirus cf. mucuri</i>	3	678	0	18.357	<i>Megaleporinus conirostris</i>	SIM
<i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	9	678	0.169	15.015	<i>Cichla kelberi</i>	SIM
<i>Astyanax cf. giton</i>	1	721	0	0	<i>Astyanax giton</i> ; <i>A. intermedius</i> ; <i>Astyanax sp.2</i>	Singleton
<i>Astyanax fasciatus</i>	16	678	18.003	0.15	<i>Astyanax taeniatus</i> ; <i>Astyanax sp.</i> ; <i>A. scabripinnis</i>	NÃO
<i>Astyanax giton</i>	14	721	7.68	0	<i>Astyanax sp.2</i> ; <i>A. intermedius</i> ; <i>A. cf. giton</i> ; <i>A. scabripinnis</i>	NÃO
<i>Astyanax intermedius</i>	14	739	0.762	0	<i>Astyanax giton</i> ; <i>A. cf. giton</i> ; <i>Astyanax sp.2</i>	NÃO
<i>Astyanax lacustris</i>	88	761	4	11.189	<i>Oligosarcus argenteus</i> ; <i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	SIM
<i>Astyanax scabripinnis</i>	5	678	17.288	0.341	<i>Astyanax sp.</i>	NÃO
<i>Astyanax sp.</i>	7	721	18.01	0	<i>Deuterodon pedri</i> ; <i>Astyanax scabripinnis</i> ; <i>Astyanax sp.2</i> ; <i>A. fasciatus</i>	NÃO
<i>Astyanax sp.2</i>	6	739	11.236	0	<i>Astyanax giton</i> ; <i>A. cf. giton</i> ; <i>A.</i>	NÃO

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inters (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
					<i>intermedius</i> ; <i>Astyanax</i> sp.	
<i>Astyanax taeniatus</i>	5	678	3.802	0.153	<i>Astyanax giton</i> ; <i>Astyanax</i> sp.2; <i>A. fasciatus</i> ; <i>A. cf. giton</i> ; <i>A. intermedius</i>	NÃO
<i>Australoheros cf. ipatinguensis</i>	5	584	0	0	<i>Australoheros ipatinguensis</i>	SIM
<i>Australoheros facetus</i>	1	663	0	2.413	<i>Australoheros ipatinguensis</i>	Singleton
<i>Australoheros ipatinguensis</i>	3	677	0.453	0	<i>Australoheros cf. ipatinguensis</i>	SIM
<i>Awaous tajasica</i>	5	654	0.459	16.72	<i>Pimelodus maculatus</i>	SIM
<i>Brycon dulcis</i>	7	717	0	0.182	<i>Brycon</i> sp. n.	NÃO
<i>Brycon opalinus</i>	20	738	10.177	4.603	<i>Brycon dulcis</i> ; <i>Brycon</i> sp. n.; <i>Henochilus wheatlandii</i>	NÃO
<i>Brycon</i> sp. n.	4	678	1.327	0.182	<i>Brycon dulcis</i>	NÃO
<i>Callichthys callichthys</i>	2	655	0	18.321	<i>Hoplosternum littorale</i> ; <i>Hypomasticus mormyrops</i>	SIM
<i>Caranx cf. bartholomaei</i>	1	678	0	17.656	<i>Loricariichthys castaneus</i>	Singleton
<i>Centropomus parallelus</i>	5	678	0.147	17.682	<i>Cichla kelberi</i>	SIM
<i>Characidium cf. timbuiense</i>	8	668	8.961	0	<i>Characidium</i> sp.	NÃO
<i>Characidium</i> sp.	9	678	9.145	0	<i>Characidium cf. timbuiense</i>	NÃO
<i>Cichla kelberi</i>	8	673	0.738	15.007	<i>Geophagus brasiliensis</i> ; <i>Aequidens cf. plagiozonatus</i>	SIM
<i>Clarias gariepinus</i>	2	678	0.164	15.338	<i>Genidens genidens</i>	SIM
<i>Coptodon rendalli</i>	5	678	0.522	0	<i>Tilapia rendalli</i>	SIM

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inter (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
<i>Corydoras aeneus</i>	2	678	0	16.766	<i>Loricariichthys castaneus</i>	SIM
<i>Crenicichla aff lacustris</i>	1	655	0	0.153	<i>Crenicichla lacustris</i>	Singleton
<i>Crenicichla lacustris</i>	6	678	18.153	0	<i>Crenicichla lepidota</i> ; <i>C. aff lacustris</i>	NÃO
<i>Crenicichla lepidota</i>	9	678	0.158	0	<i>Crenicichla lacustris</i>	NÃO
<i>Cyphocharax gilbert</i>	7	678	1.154	15.192	<i>Hypomasticus mormyrops</i> ; <i>Rhamdia jequitinhonha</i>	SIM
<i>Delturus carinotus</i>	9	678	0.486	0	<i>Delturus carinotus</i> ; <i>Delturus sp.</i>	SIM
<i>Delturus sp.</i>	2	678	0	0	<i>Delturus carinotus</i>	SIM
<i>Deuterodon pedri</i>	4	678	11.374	0	<i>Astyanax sp.</i>	NÃO
<i>Elops saurus</i>	1	678	0	17.209	<i>Parotocinclus maculicauda</i>	Singleton
<i>Genidens genidens</i>	6	678	0.302	13.985	<i>Steindachneridion doceanum</i> ; <i>Trachelyopterus striatulus</i>	SIM
<i>Geophagus brasiliensis</i>	60	756	6.529	15.007	<i>Australoherus ipatinguensis</i> ; <i>Cichla kelberi</i>	SIM
<i>Glanidium cf. botocudo</i>	1	556	0	1.079	<i>Glanidium sp.</i>	Singleton
<i>Glanidium sp.</i>	1	678	0	1.079	<i>Glanidium cf. botocudo</i>	Singleton
<i>Gymnotus aff. carapo</i>	6	678	0.388	0	<i>Gymnotus sylvius</i> ; <i>Gymnotus sp.</i>	NÃO
<i>Gymnotus sp.</i>	9	678	5.789	0	<i>Gymnotus sylvius</i> ; <i>G. aff. carapo</i>	NÃO
<i>Gymnotus sylvius</i>	3	572	0	0	<i>Gymnotus aff. carapo</i> ; <i>Gymnotus sp.</i>	NÃO
<i>Harttia garaveloi</i>	2	678	0	0	<i>Harttia sp.</i>	NÃO
<i>Harttia sp.</i>	11	678	11.248	0	<i>Harttia garaveloi</i>	NÃO

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inter (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
<i>Hasemania</i> sp.	6	678	0.831	15.64	<i>Astyanax fasciatus</i> ; <i>Deuterodon pedri</i> ; <i>Astyanax</i> sp.; <i>A. taeniatus</i>	SIM
<i>Hemigrammus marginatus</i>	1	623	0	12.02	<i>Knodus moenkhausii</i>	Singleton
<i>Henochilus wheatlandii</i>	2	678	0	3.982	<i>Brycon dulcis</i>	SIM
<i>Hisonotus</i> sp.	3	657	0.825	6.573	<i>Parotocinclus maculicauda</i>	SIM
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>	6	678	0.158	14.897	<i>Hoplias malabaricus</i>	SIM
<i>Hoplias intermedius</i>	8	678	0.737	11.296	<i>Hoplias malabaricus</i>	SIM
<i>Hoplias malabaricus</i>	61	765	6.478	11.296	<i>Hoplias intermedius</i>	NÃO
<i>Hoplosternum littorale</i>	5	678	0.152	18.198	<i>Hypostomus auroguttatus</i>	SIM
<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	1	638	0	9.677	<i>Oligosarcus argenteus</i>	Singleton
<i>Hyphessobrycon eques</i>	2	678	1.017	15.292	<i>Astyanax intermedius</i> ; <i>A. cf. giton</i> ; <i>A. giton</i> ; <i>Astyanax</i> sp.2	SIM
<i>Hypomasticus mormyrops</i>	8	678	0.196	3.281	<i>Leporinus steindachneri</i>	SIM
<i>Hypostomus affinis</i>	20	718	5.382	0	<i>Hypostomus</i> cf. <i>affinis</i> ; <i>H. luetkeni</i> ; <i>Hypostomus</i> sp.; <i>H. auroguttatus</i>	NÃO
<i>Hypostomus auroguttatus</i>	7	678	0.53	0	<i>Hypostomus luetkeni</i> ; <i>H. affinis</i> ; <i>Hypostomus</i> sp.	NÃO
<i>Hypostomus</i> cf. <i>affinis</i>	1	678	0	0	<i>Hypostomus affinis</i>	Singleton
<i>Hypostomus luetkeni</i>	2	667	0.167	0	<i>Hypostomus affinis</i> ; <i>H. auroguttatus</i> ; <i>Hypostomus</i> sp.	NÃO

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inter (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
<i>Hypostomus</i> sp.	2	616	0	0	<i>Hypostomus luetkeni</i> ; <i>Hypostomus affinis</i> ; <i>Hypostomus auroguttatus</i>	SIM
<i>Imparfinis</i> sp.	5	678	0.737	15.206	<i>Pimelodella</i> sp.	SIM
<i>Knodus moenkhausii</i>	5	644	0.466	0	<i>Knodus</i> sp.	SIM
<i>Knodus</i> sp.	37	750	0.442	0	<i>Knodus moenkhausii</i>	SIM
<i>Leporinus copelandii</i>	6	678	0	4.404	<i>Hypomasticus mormyrops</i>	SIM
<i>Leporinus steindachneri</i>	4	677	0	3.281	<i>Hypomasticus mormyrops</i>	SIM
<i>Lophiosilurus alexandri</i>	2	640	1.01	14.991	<i>Pimelodidae</i> ; <i>Steindachneridion doceanum</i>	SIM
<i>Loricariichthys castaneus</i>	11	697	0.574	13.469	<i>Pterygoplichthys etentaculatus</i>	SIM
<i>Lycengraulis grossidens</i>	3	678	0	18.045	<i>Genidens genidens</i>	SIM
<i>Megaleporinus</i> cf. <i>elongatus</i>	1	670	0	0	<i>Megaleporinus conirostris</i>	Singleton
<i>Megaleporinus conirostris</i>	7	670	0.338	0	<i>Megaleporinus</i> cf. <i>elongatus</i>	SIM
<i>Metynnis lippincottianus</i>	5	673	0.326	0	<i>Metynnis maculatus</i>	SIM
<i>Metynnis maculatus</i>	1	671	0	0	<i>Metynnis lippincottianus</i>	Singleton
<i>Microphis lineatus</i>	3	678	0.476	20.299	<i>Lycengraulis grossidens</i> ; <i>Hypomasticus mormyrops</i> ; <i>Megaleporinus conirostris</i> ; <i>M.</i> cf. <i>elongatus</i>	SIM
<i>Moenkhausia vittata</i>	5	673	0	16.048	<i>Oligosarcus argenteus</i> ; <i>O. acutirostris</i> ; <i>O.</i>	SIM

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inter (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
					<i>solitarius</i> ; <i>Astyanax fasciatus</i>	
<i>Mugil curema</i>	5	678	0.295	17.365	<i>Pygocentrus piraya</i>	SIM
<i>Neoplecostominae</i>	9	678	0.954	9.735	<i>Pareiorhaphis scutula</i> ; <i>Pareiorhaphis</i> sp.	SIM
<i>Neoplecostomus</i> sp.	5	672	5.754	7.944	<i>Pareiorhaphis</i> sp.	SIM
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	11	751	5.015	0	<i>Oligosarcus solitarius</i> ; <i>O. argenteus</i>	NÃO
<i>Oligosarcus argenteus</i>	39	748	5.649	0	<i>Oligosarcus solitarius</i> ; <i>O. acutirostris</i>	NÃO
<i>Oligosarcus solitarius</i>	16	757	0.533	0	<i>Oligosarcus argenteus</i> ; <i>O. acutirostris</i>	SIM
<i>Pachyurus adspersus</i>	55	760	4.819	16.372	<i>Trichomycterus aff alternatus</i> ; <i>Serrapinus heterodon</i>	SIM
<i>Pareiorhaphis scutula</i>	4	678	4.277	0.149	<i>Pareiorhaphis</i> sp.	NÃO
<i>Pareiorhaphis</i> sp.	5	674	4.248	0.149	<i>Pareiorhaphis scutula</i>	NÃO
<i>Parotocinclus maculicauda</i>	2	645	0	6.573	<i>Hisonotus</i> sp.	SIM
<i>Phalloceros elachistos</i>	3	662	0	9.091	<i>Phalloceros</i> sp.	SIM
<i>Phalloceros</i> sp.	3	627	0.36	9.091	<i>Phalloceros elachistos</i>	SIM
<i>Pimelodella</i> sp.	12	736	3.982	11.581	<i>Rhamdia jequitinhonha</i>	SIM
<i>Pimelodidae</i>	1	587	0	0	<i>Steindachneridion doceanum</i>	Singleton
<i>Pimelodus maculatus</i>	7	678	0.737	12.979	<i>Steindachneridion doceanum</i>	SIM
<i>Poecilia reticulata</i>	4	678	12.706	0.165	<i>Poecilia vivipara</i>	NÃO
<i>Poecilia vivipara</i>	6	678	0.157	0.165	<i>Poecilia reticulata</i>	SIM
<i>Pogonopoma wertheimeri</i>	4	662	1.067	17.17	<i>Hypostomus auroguttatus</i> ;	SIM

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_inter (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
					<i>Parotocinclus maculicauda</i>	
<i>Prochilodus argenteus</i>	3	678	1.917	0	<i>Prochilodus costatus</i> ; <i>P. lineatus</i>	NÃO
<i>Prochilodus costatus</i>	7	678	2.551	0	<i>Prochilodus argenteus</i> ; <i>P. lineatus</i>	NÃO
<i>Prochilodus lineatus</i>	2	725	0.139	0	<i>Prochilodus argenteus</i> ; <i>P. costatus</i>	NÃO
<i>Prochilodus vimboides</i>	6	687	0.45	6.696	<i>Prochilodus argenteus</i> ; <i>P. costatus</i> ; <i>P. lineatus</i>	SIM
<i>Pseudauchenipterus affinis</i>	11	678	1.032	14.012	<i>Trachelyopterus striatulus</i>	SIM
<i>Pterygoplichthys etentaculatus</i>	2	678	0	6.635	<i>Hypostomus affinis</i>	SIM
<i>Pygocentrus nattereri</i>	5	678	0.474	0	<i>Pygocentrus piraya</i>	NÃO
<i>Pygocentrus piraya</i>	4	678	0.299	0	<i>Pygocentrus nattereri</i>	NÃO
<i>Rhamdia cf. quelen</i>	9	644	3.614	0.325	<i>Rhamdia quelen</i>	NÃO
<i>Rhamdia jequitinhonha</i>	1	639	0	3.912	<i>Rhamdia quelen</i> ; <i>R. cf. quelen</i>	Singleton
<i>Rhamdia quelen</i>	3	730	2.507	0.325	<i>Rhamdia cf. quelen</i>	NÃO
<i>Salminus brasiliensis</i>	2	678	1.032	18.142	<i>Brycon opalinus</i>	SIM
<i>Serrapinnus heterodon</i>	10	678	2.41	0.303	<i>Serrapinnus heterodon</i>	SIM
<i>Steindachneridion doceanum</i>	2	719	0.15	0	<i>Pimelodidae</i>	SIM
<i>Tilapia rendalli</i>	5	670	0.756	0	<i>Coptodon rendalli</i>	SIM
<i>Trachelyopterus striatulus</i>	12	678	0.399	14.012	<i>Pseudauchenipterus affinis</i> ; <i>Genidens genidens</i>	SIM

Espécies	Indivíduos	Tamanho	Max_intra (%)	Min_interno (%)	Espécies mais próximas	Monofilético ?
<i>Trichomycterus aff. alternatus</i>	5	678	16.118	0.322	<i>Trichomycterus longibarbatus</i> ; <i>T. aff. immaculatus</i>	NÃO
<i>Trichomycterus aff. auroguttatus</i>	1	670	0	0	<i>Trichomycterus sp.</i>	Singleton
<i>Trichomycterus aff. immaculatus</i>	5	678	5.42	0.599	<i>Trichomycterus longibarbatus</i> ; <i>Trichomycterus sp.</i>	NÃO
<i>Trichomycterus cf. brasiliensis</i>	2	597	2.588	0.372	<i>Trichomycterus sp.</i>	NÃO
<i>Trichomycterus longibarbatus</i>	2	622	5.085	0.322	<i>Trichomycterus aff. immaculatus</i> ; <i>T. aff. alternatus</i>	NÃO
<i>Trichomycterus sp.</i>	5	674	5.838	0	<i>Trichomycterus aff. immaculatus</i> ; <i>T. aff. auroguttatus</i> ; <i>T. cf. brasiliensis</i>	NÃO

3.2.4 Análises genético populacionais

Para as espécies-alvo selecionadas, foram sequenciados: o gene mitocondrial COI (~700pb) de 399 indivíduos e o gene nuclear Myh6 (~750pb) de 255 indivíduos. O número de indivíduos sequenciados por espécie e por gene são apresentados na Tabela 8. Além disso, 159 sequências do gene mitocondrial COI de espécies provenientes da bacia do rio Doce disponíveis no GenBank (SALES et al., 2018), foram acrescentadas às 399 sequências obtidas neste trabalho, para um total de 558, com o intuito de aumentar o N amostral por espécie e possibilitar análises de diversidade e estrutura genética intraespecífica para algumas das espécies-alvo.

Das 20 espécies selecionadas para as análises genético populacionais, foram desenhados e comprados 30 pares de primers para seis espécies (*Poecilia vivipara*, *Astyanax giton*, *Astyanax lacustris*, *Astyanax intermedius*, *Astyanax sp1* e *Astyanax sp2*). Esses primers atualmente estão sendo utilizados para gerar os dados de microssatélites dessas espécies. Para as demais 14 espécies (*Prochilodus vimboides*, *Hoplias malabaricus*, *Geophagus brasiliensis*, *Hypostomus affinis*, *Loricariichthys castaneus*, *Rhamdia quelen*, *Knodus sp.*, *Pachyurus adspersus*, *Brycon dulcis*, *Brycon opalinus*, *Oligosarcus solitarius*, *Oligosarcus acutirostris*, *Oligosarcus argenteus* e *Steindachneridion doceanum*) estamos na fase de triagem dos dados genômicos enriquecidos para elementos repetitivos e desenho de primers. Também foi testado o pipeline de bioinformática que processa os dados de genotipagem gerados via NGS usando tanto dados simulados quanto dados reais. Em ambos os casos, o pipeline funcionou conforme as expectativas.

A geração dos dados de microssatélites está atrasada, porém esse atraso se deve a uma junção de vários fatores. Primeiro fator importante foi a dificuldade de obtenção das amostras em campo devido à baixa densidade das espécies nativas que seriam as espécies alvos para as análises genético populacionais, o que conseqüentemente levou mais tempo do que o previsto para identificar as espécies que seriam usadas para essas análises. Uma vez que as espécies foram escolhidas, levou tempo adicional para coletar o número adequado para as análises, e essas amostras só chegaram em nosso laboratório no final de julho. Após a chegada das amostras no laboratório as mesmas tiveram que ser confirmadas usando DNA barcoding. Adicionalmente, devido à desvalorização do real em relação ao dólar, tivemos que mudar a estratégia do desenvolvimento dos microssatélites, buscando alternativas de serviços de terceiros no Brasil e realizando a maior parte desse trabalho no nosso próprio laboratório.

Tabela 8: Número de seqüências dos genes COI (GenBank / presente trabalho) e Myh6 obtidas até o momento para cada uma das espécies de interesse, provenientes da bacia do rio Doce.

Espécies	Seq COI GenBank	Seq COI presente trabalho	Seq nuDNA Myh6
<i>Astyanax giton</i>	10	8	7
<i>Astyanax intermedius</i>	5	21	19
<i>Astyanax lacustris</i>	15	81	73
<i>Brycon dulcis</i>	4	7	1
<i>Brycon opalinus</i>	8	13	3
<i>Geophagus brasiliensis</i>	28	32	-
<i>Hoplias malabaricus</i>	9	52	36
<i>Hypostomus affinis</i>	8	16	-
<i>Knodus sp.</i>	5	37	23
<i>Loricariichthys castaneus</i>	7	6	-
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	0	7	5
<i>Oligosarcus argenteus</i>	10	33	19
<i>Oligosarcus solitarius</i>	0	16	6
<i>Pachyurus adspersus</i>	0	55	54
<i>Poecilia vivipara</i>	1	5	4
<i>Prochilodus vimboides</i>	4	5	-
<i>Rhamdia quelen</i>	43	3	5
<i>Steindachneridion doceanum</i>	0	2	-
TOTAL	159	399	255

As estatísticas sumárias de diversidade genética e polimorfismo foram estimadas para todas as espécies com base no gene mitocondrial COI (n = 558). Os resultados das análises realizadas no programa MEGA são apresentados na Tabela 9 e na Tabela 10 e daquelas realizadas no programa Arlequin nas Tabela 11 Tabela 12. É possível identificar que algumas espécies (*Astyanax*

intermedius, *Astyanax lacustris* G1 e G3, *Brycon dulcis*, *Geophagus brasiliensis* G1 e G3, *Hoplias malabaricus* G2, *Hypostomus affinis*, *Oligosarcus argenteus/solitarius* e *Rhamdia quelen* G1, G2 e G3) apresentam altos níveis de divergência genética intraespecífica, variando de 1,08% até 4,5% (Tabela 10). A maioria dessas espécies ou linhagens também apresentaram números elevados de sítios informativos para parcimônia, ou seja, indicativo de que existe uma alta variabilidade genética. Esse resultado reforça aqueles encontrados na análise do DNA *Barcode*.

A espécie com maior número de haplótipos (hap), maior diversidade gênica (*H*) e diversidade nucleotídica do gene COI foi *R. quelen* G1, G2 e G3 (Tabela 11). As espécies *A. giton* G1, *A. intermedius*, *A. lacustris* G2 e G3, *B. opalinus* G2, *G. brasiliensis* G2, *H. malabaricus* G2 e *P. vimboides* apresentaram alta diversidade haplotípica, porém níveis baixos de diversidade nucleotídica. (Tabela 11). Isso indica que os haplótipos não estão distantes muitos passos mutacionais uns dos outros, mas sim que existe uma alta variabilidade genética dentro de cada grupo. Já espécies que apresentam baixa diversidade genética estão mais vulneráveis do ponto de vista da conservação, pois possuem menor capacidade de adaptação a mudanças, como variações ambientais, desastres naturais ou ações antrópicas.

Em geral, o gene nuclear *Myh6* apresentou menor nível de polimorfismo em comparação com o gene mitocondrial COI, como esperado. Para algumas espécies, não foi possível estimar os índices de diversidade devido a falta de sequências (Tabela 10 Tabela 12).

Tabela 9: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene mitocondrial COI para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Mega. *PI – Sítios parcimoniosamente informativos.

Espécies	Gene mtDNA COI					Frequência média dos nucleotídeos			
	N	Distância intraespecífica (%)	Sítios variáveis	PI*	Singletons	T(U)	C	A	G
<i>Astyanax giton</i> G1	15	0,000-0,979	11	3	8	33,5	23,7	25,3	17,5
<i>Astyanax giton</i> G2	03	0,000-0,831	5	0	5	34,1	23,1	24,7	18,0
<i>Astyanax intermedius</i>	26	0,000-1,145	12	7	5	33,5	23,5	24,9	18,1
<i>Astyanax lacustris</i> G1	08	0,000-0,134	1	1	0	32,0	26,5	23,9	17,7
<i>Astyanax lacustris</i> G2	12	0,000-0,844	10	6	4	32,1	26,2	24,6	17,1
<i>Astyanax lacustris</i> G3	74	0,000-1,233	17	10	7	31,5	27,0	23,5	18,0
<i>Astyanax sp2</i>	02	0,142	1	0	0	32,3	25,0	25,5	17,3
<i>Brycon dulcis</i>	11	0,000-1,491	12	5	7	30,5	25,7	25,6	18,2
<i>Brycon opalinus</i> G1	01	NA	NA	NA	NA	29,4	27,6	25,3	17,7

Espécies	Gene mtDNA COI					Frequência média dos nucleotídeos			
	N	Distância intraespecífica (%)	Sítios variáveis	PI*	Singletons	T(U)	C	A	G
<i>Brycon opalinus</i> G2	12	0,000-0,983	10	3	7	31,3	25,7	25,1	17,9
<i>Brycon opalinus</i> G3	08	0,000-0,421	3	0	3	30,3	26,1	26,8	16,9
<i>Geophagus brasiliensis</i> G1	03	0,000-1,862	11	0	11	30,6	28,2	23,1	18,2
<i>Geophagus brasiliensis</i> G2	19	0,000-0,927	7	6	1	30,6	28,0	23,2	18,2
<i>Geophagus brasiliensis</i> G3	38	0,000-1,532	13	13	0	30,2	28,7	22,8	18,2
<i>Hoplias malabaricus</i> G1	40	0,000-0,838	8	2	6	30,2	28,2	22,4	19,2
<i>Hoplias malabaricus</i> G2	21	0,000-1,126	14	4	10	29,6	29,0	23,4	18,0
<i>Hypostomus affinis</i>	24	0,000-1,079	10	6	4	31,9	24,9	25,2	17,9
<i>Knodus sp.</i>	42	0,000-0,549	6	4	2	28,2	28,8	25,4	17,6
<i>Loricariichthys castaneus</i> G1	13	0,000-0,288	2	1	1	29,8	26,4	27,3	16,5
<i>Loricariichthys castaneus</i> G2	2	0,432	3	0	0	29,1	27,1	26,5	17,3
<i>Oligosarcus acutirostris</i> G1	04	0,000-0,272	2	0	2	30,4	27,4	23,3	18,9
<i>Oligosarcus acutirostris</i> G2	03	0,136-0,683	5	0	5	30,8	27,2	23,0	19,0
<i>Oligosarcus argenteus</i> + <i>Oligosarcus solitarius</i>	59	0,000-1,950	25	7	18	31,0	27,0	23,8	18,3
<i>Pachyurus adspersus</i> G1	41	0,000-0,000	0	0	0	27,0	31,2	24,7	17,1
<i>Pachyurus adspersus</i> G2	02	0,000-0,000	0	0	0	26,5	31,7	24,7	17,1
<i>Pachyurus adspersus</i> G3	12	0,000-0,950	7	7	0	26,9	31,4	23,9	17,7
<i>Poecilia vivipara</i>	06	0,000-0,148	1	0	1	31,8	25,7	25,5	17,0
<i>Prochilodus vimboides</i>	09	0,000-0,879	8	3	5	30,3	27,4	24,0	18,4

Espécies	Gene mtDNA COI					Frequência média dos nucleotídeos			
	N	Distância intraespecífica (%)	Sítios variáveis	PI*	Singletons	T(U)	C	A	G
<i>Rhamdia quelen</i> G1	11	0,000-2,213	23	13	10	29,2	27,8	23,6	19,4
<i>Rhamdia quelen</i> G2	18	0,000-1,409	16	4	12	29,4	27,5	23,5	19,6
<i>Rhamdia quelen</i> G3	14	0,155-4,509	67	24	43	29,9	27,5	23,4	19,2
<i>Rhamdia quelen</i> G4	02	0,048	28	0	0	30,2	27,0	22,9	20,0
<i>Steindachneridion doceanum</i>	02	0,000-0,000	0	0	0	28,9	26,9	27,2	16,9

É importante ressaltar que algumas estatísticas sumárias de diversidade genética e polimorfismo não puderam ser estimadas, tanto devido ao menor polimorfismo dos genes nucleares, como também devido ao baixo número de amostras analisadas por espécie na atual fase do projeto. Em etapas subsequentes, quando houver maior número de indivíduos sequenciados por local de coleta e por espécie, será possível estimar níveis de estruturação genética entre as populações locais e novos grupos intraespecíficos poderão ser identificados, permitindo desvendar a distribuição espacial da diversidade genética dessas espécies, conforme proposto no plano de trabalho inicial.

Tabela 10: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene nuDNA Myh6 para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Mega. *PI – Sítios parcimoniosamente informativos.

Espécies	Gene nuDNA Myh6					Frequência média dos nucleotídeos			
	N	Distância intraespecífica (%)	Sítios variáveis	PI*	Singletons	T(U)	C	A	G
<i>Astyanax giton</i>	07	0,000-0,942	8	2	6	24,9	22,7	30,2	22,2
<i>Astyanax intermedius</i>	19	0,000-4,084	28	10	18	24,5	23,1	30,2	22,2
<i>Astyanax lacustris</i>	73	0,000-0,163	1	0	1	24,3	22,8	30,0	22,9
<i>Brycon dulcis</i> + <i>Brycon opalinus</i>	04	0,000-0,782	5	0	5	23,5	22,8	30,6	23,0
<i>Geophagus brasiliensis</i>	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Espécies	Gene nuDNA Myh6					Frequência média dos nucleotídeos			
	N	Distância intraespecífica (%)	Sítios variáveis	PI*	Singletons	T(U)	C	A	G
<i>Hoplias malabaricus</i>	36	0,000-0,555	4	2	2	27,0	20,6	30,1	22,3
<i>Hypostomus affinis</i>	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
<i>Knodus sp.</i>	23	0,000-0,149	1	1	0	23,7	21,8	30,4	24,0
<i>Loricariichthys castaneus</i>	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	05	0,000-0,749	6	3	3	25,2	21,4	30,0	23,4
<i>Oligosarcus argenteus + Oligosarcus solitarius</i>	25	0,000-22,303	134	127	7	23,9	22,6	29,8	23,7
<i>Pachyurus adspersus</i>	54	0,000-0,303	2	2	0	20,7	26,0	28,7	24,5
<i>Poecilia vivipara</i>	04	0,000-0,499	4	0	4	19,9	25,3	28,9	25,9
<i>Prochilodus vimboides</i>	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
<i>Rhamdia quelen</i>	05	0,000-3,169	23	1	22	23,7	21,7	31,7	22,9
<i>Steindachneridion doceanum</i>	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Tabela 11: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene mitocondrial COI para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Arlequin. *Nº Hap – número de haplótipos; **SD – Desvio Padrão (*Standard deviation*).

Espécies	Gene mtDNA COI				Fu's Fs (p)	Tajima's D (p)
	N	Nº Hap*	Diversidade haplotípica (SD**)	Diversidade nucleotídica (SD**)		
<i>Astyanax giton</i> G1	15	7	0,781 (0,101)	0,0035 (0,0022)	-1,156 (0,239)	-0,946 (0,186)
<i>Astyanax giton</i> G2	03	2	0,666 (0,314)	0,0055 (0,0047)	2,356 (0,809)	0,000 (1,000)
<i>Astyanax intermedius</i>	26	11	0,775 (0,078)	0,0031 (0,0019)	-4,301 (0,009)	-1,014 (0,165)

Espécies	Gene mtDNA COI				Fu's Fs (p)	Tajima's D (p)
	N	Nº Hap*	Diversidade haplotípica (SD**)	Diversidade nucleotídica (SD**)		
<i>Astyanax lacustris</i> G1	08	2	0,535 (0,123)	0,0007 (0,0007)	0,866 (0,567)	1,166 (0,928)
<i>Astyanax lacustris</i> G2	12	6	0,818 (0,095)	0,0034 (0,0022)	-0,769 (0,289)	-1,026 (0,159)
<i>Astyanax lacustris</i> G3	74	16	0,674 (0,057)	0,0027 (0,0017)	-6,430 (0,008)	-1,205 (0,098)
<i>Astyanax sp2</i>	02	2	NA	0,0014 (0,0020)	NA	NA
<i>Brycon dulcis</i>	11	5	0,618 (0,164)	0,0051 (0,0031)	0,907 (0,695)	-0,680 (0,263)
<i>Brycon opalinus</i> G1	01	1	NA	NA	NA	NA
<i>Brycon opalinus</i> G2	12	8	0,848 (0,104)	0,0035 (0,0022)	-3,142 (0,019)	-0,970 (0,176)
<i>Brycon opalinus</i> G3	08	3	0,464 (0,200)	0,0010 (0,0009)	-0,304 (0,187)	-1,447 (0,063)
<i>Geophagus brasiliensis</i> G1	03	2	0,667 (0,314)	0,0122 (0,0098)	NA	NA
<i>Geophagus brasiliensis</i> G2	19	7	0,760 (0,089)	0,0029 (0,0019)	-1,498 (0,173)	-0,199 (0,462)
<i>Geophagus brasiliensis</i> G3	38	6	0,779 (0,034)	0,0060 (0,0034)	3,610 (0,919)	0,928 (0,846)
<i>Hoplias malabaricus</i> G1	40	6	0,575 (0,058)	0,0017 (0,0012)	-0,662 (0,361)	-0,982 (0,178)
<i>Hoplias malabaricus</i> G2	21	7	0,614 (0,116)	0,0024 (0,0016)	-1,512 (0,163)	-1,987 (0,009)
<i>Hypostomus affinis</i>	24	6	0,695 (0,067)	0,0028 (0,0018)	-0,152 (0,489)	-1,007 (0,160)
<i>Knodus sp.</i>	42	6	0,590 (0,078)	0,0015 (0,0011)	-0,889 (0,311)	-0,518 (0,352)
<i>Loricariichthys castaneus</i> G1	11	3	0,423 (0,162)	0,0007 (0,0007)	-0,658 (0,101)	-0,778 (0,252)
<i>Loricariichthys castaneus</i> G2	2	2	NA	NA	NA	NA
<i>Oligosarcus acutirostris</i> G1	04	2	NA	NA	NA	NA
<i>Oligosarcus acutirostris</i> G2	03	3	NA	NA	NA	NA
<i>Oligosarcus argenteus</i> +	59	12	0,513 (0,078)			

Espécies	Gene mtDNA COI				Fu's Fs (p)	Tajima's D (p)
	N	Nº Hap*	Diversidade haplotípica (SD**)	Diversidade nucleotídica (SD**)		
<i>Oligosarcus solitarius</i>				0,0023 (0,0015)	-4,233 (0,027)	-2,189 (0,002)
<i>Pachyurus adspersus</i> G1	41	1	0,000 (0,000)	0,0000 (0,0000)	NA	NA
<i>Pachyurus adspersus</i> G2	02	1	NA	NA	NA	NA
<i>Pachyurus adspersus</i> G3	12	2	0,409 (0,133)	0,0038 (0,0024)	5.698 (0,986)	0,921 (0,832)
<i>Poecilia vivipara</i>	06	2	0,333 (0,215)	0,0005 (0,0006)	-0,003 (0,251)	-0,933 (0,265)
<i>Prochilodus vimboides</i>	09	7	0,916 (0,092)	0,0038 (0,0025)	-2,952 (0,019)	-0,512 (0,343)
<i>Rhamdia quelen</i> G1	11	10	0,982 (0,046)	0,0116 (0,0066)	-3,083 (0,052)	-0,210 (0,462)
<i>Rhamdia quelen</i> G2	18	12	0,895 (0,065)	0,0046 (0,0028)	-5,934 (0,002)	-1,345 (0,078)
<i>Rhamdia quelen</i> G3	14	14	1,000 (0,027)	0,0235 (0,0126)	-4,726 (0,014)	-1,232 (0,098)
<i>Rhamdia quelen</i> G4	02	2	NA	NA	NA	NA
<i>Steindachneridion doceanum</i>	02	1	NA	NA	NA	NA

A partir dos resultados desse trabalho é possível identificar que algumas espécies são compostas por dois ou mais grupos separados por altos níveis de divergência genética (ex. *Astyanax lacustris*, *Hoplias malabaricus*, *Rhamdia quelen*), variando de 4,5% até 20,5% no gene COI. Utilizando os genes nucleares, cuja taxa de substituição nucleotídica é mais baixa, os mesmos grupos geneticamente estruturados no mtDNA foram detectados, confirmando a diversidade críptica nessas espécies. Assim como foi visto com as análises de DNA *barcode*, esses resultados evidenciam que existem altos níveis de estruturação genética intraespecífica, ou mesmo níveis consideráveis de diversidade críptica nas espécies avaliadas.

Tabela 12: Estatísticas sumárias de diversidade gênica e polimorfismo do gene nuDNA Myh6 para cada uma das espécies-alvo estimadas no programa Arlequin. *Nº Hap – número de haplótipos; **Sítios polym – sítios polimórficos; Heter. Esperada – Heteroziguidade esperada; SD – Desvio Padrão (*Standard deviation*).

Espécies	Gene nuDNA Myh6				Fu's Fs (p)	Tajima's D (p)
	Grupos	Nº Hap*	Diversidade haplotípica (SD**)	Diversidade nucleotídica (SD**)		
<i>Astyanax giton</i>	3	5	0,857 (0,137)	0,0036 (0,0026)	1,642 (0,809)	-1,499 (0,036)*
<i>Astyanax intermedius</i>	2	14	0,964 (0,027)	0,0073 (0,0044)	2,067 (0,847)	-1,547 (0,037)*
<i>Astyanax lacustris</i>	4	3	0,080 (0,043)	0,0000 (0,0001)	-1,953 (0,025)*	-1,062 (0,114)
<i>Brycon dulcis</i> + <i>Brycon opalinus</i>	4	2	0,500 (0,265)	0,0038 (0,0031)	2,598 (0,861)	-0,796 (0,165)
<i>Geophagus brasiliensis</i>	4					
<i>Hoplias malabaricus</i>	3	3	0,494 (0,058)	0,0015 (0,0012)	1,707 (0,836)	0,762 (0,799)
<i>Hypostomus affinis</i>	3					
<i>Knodus sp.</i>	2	2	0,403 (0,091)	0,0005 (0,0006)	1,088 (0,600)	0,834 (0,831)
<i>Loricariichthys castaneus</i>	2					
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	2	4	0,900 (0,161)	0,0044 (0,0032)	-0,331 (0,293)	0,286 (0,645)
<i>Oligosarcus argenteus</i> + <i>Oligosarcus solitarius</i>	1	10	0,686 (0,101)	0,0795 (0,0396)	21,015 (1,000)	2,023 (0,987)
<i>Pachyurus adspersus</i>	2	2	0,105 (0,066)	0,0001 (0,0003)	-0,620 (0,118)	-0,819 (0,216)
<i>Poecilia vivipara</i>	1	3	0,833 (0,222)	0,0024 (0,0021)	0,133 (0,320)	-0,780 (0,205)
<i>Prochilodus vimboides</i>	2					
<i>Rhamdia quelen</i>	4	3	0,700 (0,218)	0,0132 (0,0085)	3,660 (0,935)	-1,103 (0,106)
<i>Steindachneridion doceanum</i>	1	1	NA	NA	NA	NA

Os resultados parciais de microssatélites são apresentados na Tabela 13.

Tabela 13: Resultados parciais do sequenciamento genômico e desenvolvimento de microssatélites.

Espécie alvo	Tamanho do genoma disponível para análise (pb)	Número de microssatélites encontrados	Número de loci selecionados
<i>Astyanax lacustris</i>	1.20x10 ⁹	1.55x10 ⁵	30
<i>Astyanax giton</i>	1.20x10 ⁹	1.55x10 ⁵	30
<i>Astyanax intermedius</i>	1.20x10 ⁹	1.55x10 ⁵	30
<i>Astyanax</i> sp1	1.20x10 ⁹	1.55x10 ⁵	30
<i>Astyanax</i> sp2	1.20x10 ⁹	1.55x10 ⁵	30
<i>Prochilodus vimboides</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Hoplias malabaricus</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Geophagus brasiliensis</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Hypostomus affinis</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Loricariichthys castaneus</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Poecilia vivipara</i>	0.69x10 ⁹	0.36x10 ⁵	30
<i>Rhamdia quelen</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Knodus</i> sp.	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Pachyurus adspersus</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Brycon dulcis</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Brycon opalinus</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Oligosarcus solitarius</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Oligosarcus acutirostris</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Oligosarcus argenteus</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise
<i>Steindachneridion doceanum</i>	~0.1x10 ⁹	Em análise	Em análise

4 DISCUSSÃO INTEGRADA

Em escala global, a saúde dos ecossistemas aquáticos continentais (um dos mais ameaçados no planeta) (BARLETTA et al., 2010) e as expectativas de sobrevivência da fauna nativa de peixes, podem ser estimadas com base em três parâmetros: os impactos antrópicos, as espécies exóticas

(neste texto chamamos “exóticas” tanto as espécies de outros continentes, quanto as alóctones, originárias de outras bacias brasileiras) e as perspectivas no cenário do aquecimento global. A bacia do rio Doce é uma bacia periférica (sensu ALBERT; REIS, 2011), com uma riqueza relativamente pequena de espécies, mas com alto grau de endemismo. Diversos estudos realizados por nossa equipe permitiram, ao longo dos anos, uma caracterização mais objetiva da biodiversidade dentro da bacia, assim como a relação histórica de algumas espécies de peixes com populações de bacias vizinhas (ALVES-SILVA; DERGAM, 2014; BARROS et al., 2012; COUTINHO-SANCHES; DERGAM, 2015; CUNHA et al., 2016; CUNHA et al., 2018; DERGAM et al., 2002; JACOBINA et al., 2011; PAIVA et al., 2006; PEREIRA et al., 2012; SANTOS et al., 2009; SILVA et al., 2012; TRAVENZOLI et al., 2015).

As 69 espécies coletadas durante um ano de monitoramento parecem representar apenas uma amostra da riqueza total da região, visto que, a curva do coletor não estabilizou, indicando insuficiência amostral. Além disso, baseado em nossos dados, os estimadores de riqueza estimam mais do que 75 espécies para a região. Desta forma, é importante que o esforço de coleta continue mensal, para que a amostragem de espécies seja completa. Considerando que não existem dados históricos anteriores ao derramamento de rejeito de minério na região de amostragem, foi assumido que a assembleia de peixes antes do evento incluía espécies de ampla distribuição na bacia, totalizando 89 espécies, das quais 53 nativas e 36 exóticas (DERGAM et al., 2018). Mais de 40% das espécies nativas de ampla distribuição que esperávamos encontrar no trecho baixo do rio Doce não foram registradas neste primeiro ano de monitoramento. No trecho capixaba, a ausência de algumas espécies mais intolerantes, como a piabanha *Brycon dulcis* e o surubim-do-rio-doce *Steindachneridion doceanum*, é conhecida na região desde a década de 1960 e até o momento não foram registradas pelo Anexo 7.

Apenas uma das espécies coletadas encontra-se na lista vermelha das espécies ameaçadas do Brasil (ICMBIO, 2019): *Prochilodus vimboides* (vulnerável). A tendência é de que as ameaças à espécie se intensifiquem com a construção de novas barragens, perda de qualidade de água devido à efluentes domésticos e industriais, bem como assoreamento.

Dos sete novos primeiros registros de espécies nativas para a bacia do rio Doce (com base em DERGAM et al., 2018) destacam-se três espécies: um exemplar de *Microcambeva* (identificada provisoriamente como *M. cf. barbata*), três espécimes de linguado do gênero *Achirus* (identificado provisoriamente como *A. mucuri*) e um espécime de *Elops saurus*. *Microcambeva barbata* é uma espécie rara, conhecida apenas da localidade tipo no rio São João, no estado do Rio de Janeiro e de drenagens costeiras no sul do Espírito Santo. Esta espécie foi coletada na calha do rio Doce, mas na literatura é citada apenas para ambientes de riachos. O linguado *A. mucuri* é considerado endêmico da bacia do rio Mucuri. Já a espécie *Elops saurus* é tipicamente marinha, sendo este o primeiro registro na calha do rio Doce. Espécies marinhas ou de origem marinha, como membros das famílias Gobiidae e Carangidae, são esperadas em regiões próximas à foz de rios costeiros (WINEMILLER; LESLIE, 1992).

Poecilia vivipara foi a espécie mais abundante considerando todos os meses de coleta, seguido de *Pachyurus adspersus*. A grande abundância do barrigudinho *Poecilia vivipara* em termos de indivíduos, pode ser um indicativo do ambiente alterado. Peixes da família Poeciliidae em geral, como *Poecilia reticulata*, são comumente encontrados como sendo muito abundantes em ambientes alterados, pois são resistentes a altas temperaturas, salinidade e baixas concentrações de oxigênio dissolvido (MOYLE; CECH JR, 1996; KENNARD et al., 2005; VIEIRA; SHIBATTA, 2007). Sua abundância, portanto, pode ser utilizada como indicador de qualidade ambiental (FERREIRA; CASATTI, 2006). Desta forma, por *P. vivipara* partilhar com *P. reticulata* características ecológicas como oportunismo trófico, viviparidade e pouca exigência de habitat para reprodução, a abundância elevada desta espécie no trecho baixo da bacia do rio Doce pode ser um indicativo da degradação ambiental que a bacia vem sofrendo. Já *Pachyurus adspersus* é uma espécie reofílica que, portanto, varia sua abundância em determinados locais, de acordo com seu período reprodutivo (ARAÚJO; NUNAN, 2005). Em lagos naturais do Parque Estadual do Rio Doce esta espécie apareceu em baixa frequência (LATINI; PETRERE, 2004), porém outros estudos em áreas afetadas por barragens evidenciaram a baixa abundância desta espécie em trechos próximos a barragens e maior abundância em trechos sem influência da barragem, principalmente no seu período reprodutivo (estação seca) (AGUIAR, 2008). Em relação a biomassa, a espécie *Pimelodus maculatus* apresentou a maior contribuição em peso, seguido de *Prochilodus argenteus*. *Prochilodus argenteus* é uma espécie de grande porte, apenas nove indivíduos foram coletados, porém, eles apresentam peso médio de 2,1 kg, e por isso são a segunda espécie que mais contribui em biomassa.

A diversidade beta mede o quanto duas comunidades diferem em relação a sua composição de espécies, e essa diferença pode ocorrer através de dois processos distintos: o componente *turnover* que representa a substituição de espécies (uma espécie que ocorre em uma comunidade e não em outra, é substituída por outra espécie), já *nestness* é o aninhamento (a espécie que ocorre em apenas uma comunidade não é substituída por outra espécie na outra comunidade). Para entender os processos ecológicos, históricos e geográficos que influenciam na composição das comunidades é importante separar a medida da diversidade beta em seus dois componentes, uma vez que cada situação requer estratégias de conservação distintas (BASELGA et al., 2010). Os nossos dados demonstram que mais de 80% da diversidade beta é explicada pelo componente *turnover*, ou seja, a diferença na composição de espécies entre os locais é dada por diferentes espécies presentes em cada ponto, o que justifica a necessidade de preservação de todos os locais para a conservação da biodiversidade na região. Os pontos que apresentam maiores índices de beta diversidade par-a-par podem ser considerados como prioritários para conservação, como as lagoas (P5 e P6), o riacho (P7) e os pontos da calha mais próximos à foz do rio Doce (P3 e P4).

Em relação a espacialidade, os pontos amostrais são diferentes tanto em termos de número de espécies quanto abundância e biomassa. Isso ocorre porque as características fisiográficas dos pontos de coleta são distintas, há pontos na calha, pontos em riacho e lagoas. Ambientes de riacho são altamente variáveis possuindo trechos lênticos e lóticos, diferentes substratos, diferentes locais

para abrigo, alimentação e reprodução de peixes, o que permite o estabelecimento de uma diversidade maior de espécies que são especialistas a um tipo específico de habitat (GORMAN; KARR, 1978). Já as lagoas podem representar uma sub-amostra da riqueza encontrada nos rios, devido a características específicas de espécies que conseguem viver em ambiente lênticos, à composição histórica da bacia e ao seu relativo isolamento (BARBOUR; BROWN, 1974).

A diferença na abundância de espécies exóticas entre os pontos amostrais também indica uma heterogeneidade na composição e qualidade do habitat ao longo dos pontos da calha e áreas adjacentes. Alguns pontos destacam-se com uma maior abundância de exóticas, provavelmente relacionada a impactos antrópicos. Não é possível observar um padrão claro, portanto, sugere-se que mais pontos amostrais sejam adicionados em áreas controle, para uma comparação eficaz do efeito direto da lama na composição de espécies.

A grande biomassa de exóticas pode ainda ser um indicador da qualidade do ambiente, visto que espécies exóticas são geralmente mais tolerantes a ambientes alterados, enquanto espécies nativas são mais sensíveis (GROOM et al., 2006; DE MIGUEL et al., 2016a, b; BUNN; ARTHINGTON, 2002; CLAVERO et al., 2004). O ponto amostral 1, é um exemplo claro da influência da qualidade do ambiente sob a composição das espécies, visto que é o ponto mais próximo a UHE Mascarenhas e o que apresenta menor diversidade e biomassa coletada. O ponto 8 que é o segundo mais próximo ao barramento também é o ponto que apresenta a maior biomassa de exóticos dentre todos. Há um padrão já descrito de diminuição na riqueza de espécies em direção a reservatórios (AGOSTINHO et al., 2007). Além das espécies exóticas, espécies nativas e generalistas, tendem a ser favorecidas pela alteração do habitat (BUNN; ARTHINGTON, 2002; CLAVERO et al., 2004).

Alguns fatores explicam por que espécies exóticas são bem sucedidas em relação às nativas: as exóticas apresentam alta pressão de propágulos, cuidado parental, alta tolerância fisiológica, tempo de vida longo, além de geralmente serem espécies ecologicamente generalistas e de interesse para humanos (MARCHETTI et al., 2004). Nossos dados demonstram que as fêmeas de espécies exóticas apresentam condições reprodutivas mais eficientes que as espécies nativas e maior número de indivíduos imaturos. Os impactos das espécies exóticas podem ocorrer em todos os níveis ecológicos, desde impactos genéticos até ecossistêmicos (VITULE; SIMBERLOFF, 2009; CUCHEROUSET; OLDEN, 2010).

Um distúrbio que remove as espécies nativas de uma região, tal qual o derramamento de rejeitos de minério no rio Doce, ou que altera as características do ambiente para condições sub-ótimas para as espécies nativas irá promover o estabelecimento e a dominância de espécies exóticas (MOYLE; LIGHT, 1996; LOCKWOOD et al., 2013). A abundância de exóticas pode crescer com a alteração de habitat, possivelmente levando a um maior impacto às espécies nativas em áreas perturbadas (DIDHAM et al., 2007). Esse parece ser o caso do rio Doce, o impacto do derramamento de rejeitos de minério soma-se ao impacto que este rio já sofria com as barragens ao longo de sua extensão, incluindo a presença de espécies exóticas, e fica difícil determinar o quanto cada fator está influenciando na biodiversidade. A dominância de espécies exóticas no local afetado pelo

derramamento de minério, e a alta abundância de espécies hiper-tolerantes também foi observado até oito anos após o evento no rio Guadiamar na Espanha em 1998 (DE MIGUEL et al., 2014, 2016a, b).

O melhor desempenho das espécies exóticas em ambientes impactados, também, pode ser avaliado com dados reprodutivos, pois a alta biomassa destas espécies estaria relacionada a um melhor desempenho reprodutivo. O fator de condição é um importante indicador do bem estar de um indivíduo e seu valor reflete as condições nutricionais recentes e/ou gastos das reservas em atividades cíclicas, desta forma, é possível relacioná-lo às condições ambientais e aos aspectos comportamentais das espécies (VAZZOLER, 1996). Para os dados obtidos no presente estudo, os menores valores do fator de condição das espécies exóticas podem estar relacionados a mobilização de reservas energéticas durante a atividade reprodutiva (LIMA-JUNIOR; GOITEIN, 2005), visto que existe um aumento da biomassa de peixes exóticos coletada ao longo das campanhas. O percentual de animais imaturos coletados foi maior entre as espécies exóticas, o que também pode sugerir que estas estejam se reproduzindo de maneira mais eficiente.

O investimento em reprodução pode ser confirmado pela análise do índice gonadossomático (IGS) que é o valor que expressa a porcentagem do peso corporal alocada nas gônadas. Esse índice reflete o investimento energético que o indivíduo destina às gônadas. No presente estudo, porém, não foi possível verificar um padrão claro do IGS em relação as espécies nativas vs. exóticas. Isso pode ocorrer devido a diferença no número amostral entre as espécies. Para o próximo ano de monitoramento também será importante confirmar os estádios de desenvolvimento gonadal com cortes histológicos para aumentar a acurácia destas análises.

Em relação aos dados abióticos, nenhuma influência significativa foi encontrada para explicar a distribuição das espécies. Talvez isso tenha ocorrido devido ao restrito número de campanhas em que os parâmetros puderam ser medidos, devido ao atraso no recebimento do aparelho multiparâmetro e posterior avaria de uma das sondas. Outros estudos, como o de Melo et al. (2006) também demonstram a não influência de fatores abióticos, que podem não ser suficientes para causar mudanças na conformação das assembleias de peixes ou mesmo não serem as medidas ideais para responder às mudanças. Porém, observou-se que a turbidez possa ser um parâmetro importante para a composição diferencial das comunidades entre os pontos da calha principal e lagoas mais córrego, portanto, deverá ser melhor explorados nos próximos anos de acompanhamento do projeto.

O que se observou em relação a dieta das espécies é que houveram algumas alterações nas guildas tróficas, visto que o número de estômagos analisados aumentou durante as coletas na estação seca e a dieta vai se definindo melhor para cada espécie. Como já discutido no relatório anterior, em geral, espera-se que ao longo do curso montante-jusante dos sistemas aquáticos, ocorram diferenças nas estruturas tróficas desses ambientes. Em sistemas aquáticos naturais, comunidades biológicas são caracterizadas como uma formação contínua temporal de realocação sincronizada de espécies, uma vez que existe um gradiente de microhabitats da cabeceira até a foz, da superfície a profundidade do

rio (VANNOTE et al., 1980). Porém, no estudo realizado pelo Anexo 7, persiste o padrão de existirem mais espécies compondo as guildas de insetívoros, carnívoros, piscívoros do que espécies com hábito alimentar detritívoro ou iliófago, que seriam esperadas em maior proporção na parte baixa da bacia. Espécies detritívoras são muito importantes para o funcionamento do ecossistema (BURRESS et al., 2012), podendo modificar o habitat e consumir recursos que não podem ser aproveitados por outras espécies, muitas vezes por estas espécies não possuírem características morfo e fisiológicas para o consumo de itens como madeira e macrófitas (LUJAN, 2009). LOweMcConnell (1975), observou que embora detrito orgânico esteja presente em todos os transectos de um rio, peixes detritívoros geralmente são abundantes somente nas porções média e baixa onde as partículas finas se depositam. Com o transporte do detrito ao longo do rio, este é continuamente modificado por agentes físicos, químicos e biológicos que alteram a qualidade deste item alimentar (BOWEN, 1983). Estudos em lagos da África e Venezuela mostraram que o uso de detritos de alta qualidade é um fator determinante no sucesso de espécies como *S. mossambicus* (BOWEN, 1979 a, b). Bowen, (1983) ainda comenta que espécies como as do gênero *Prochilodus* são comumente vistos alimentando-se em áreas rasas, e isto poderia estar relacionado ao fato destes locais possuírem detrito com valor nutricional maior.

Em comunidades aquáticas, a entrada de energia autóctone é proporcionada pela fotossíntese de plantas, algas e por fitoplâncton que influenciam e são influenciados pelos parâmetros físicos da água. Neste contexto, a turbidez pode interferir na cadeia trófica, regulando a entrada de luz e conseqüentemente a produção primária. Níveis muito elevados de turbidez ocorreram após o derramamento do rejeito de minério. Entretanto, uma parte substancial da matéria orgânica em comunidades aquáticas provém do material alóctone que chega aos rios, via escoamento ou carregada pelo vento (BEGON et al., 2007). Desta forma, a passagem da lama pode ter prejudicado a produção primária, suprimindo itens alimentares como algas e tornado o detrito restante pouco nutritivo, desfavorecendo, assim, o restabelecimento das espécies detritívoras/algívoras na calha.

A análise da dieta das espécies mostrou que o maior número de espécies exóticas pertence à guilda dos carnívoros/piscívoros e um menor número compõem a guilda dos bentófagos, iliófagos ou detritívoros. Uma espécie é considerada invasora quando é introduzida em um ambiente, fora dos seus limites naturais se tornando capaz de se estabelecer e se reproduzir, aumentando a abundância da população ao longo do tempo (REJMÁNEK, 1999; BLOSSEY, 1993). Segundo Tonella e colaboradores (2018) não há consenso sobre qual estratégia alimentar seria mais favorável às espécies invasoras. No entanto estudos indicam que espécies piscívoras, onívoras e detritívoras tenham mais chances de sucesso, pois os recursos consumidos por estas espécies são abundantes e ou advém não somente do sistema aquático (GIDO; FRANSSEN, 2007; AGOSTINHO et al., 2015), como é o caso das espécies que consomem detrito.

As análises de diversidade genética e estruturação populacional são e serão úteis para identificar a diversidade íctica da bacia do rio Doce, assim como diagnosticar as espécies mais vulneráveis aos impactos gerados pelo rompimento da barragem de mineração que resultou na contaminação da

bacia do rio Doce. Porém, na fase atual do projeto de avaliação de impacto utilizando as ferramentas genético-populacionais, as estimativas apresentadas neste relatório ainda são preliminares e não permitem que uma discussão aprofundada seja feita, pois o número amostral por localidade foi baixo para algumas espécies, e a abrangência geográfica das amostras analisadas não foi representativa da bacia. Apesar disso, foi possível detectar espécies com fortes indícios de diversidade críptica, apresentando distâncias genéticas compatíveis com níveis interespecíficos. *Geophagus brasiliensis*, por exemplo, apresentou três linhagens ocorrendo na bacia do rio Doce com uma divergência de 6,5% entre elas. Recentemente Mattos & Costa (2018) descreveram três novas espécies do complexo *G. brasiliensis*. Baseado nas análises filogenéticas incluindo todas as espécies do complexo *G. brasiliensis*, o grupo lacustre do baixo rio Doce é grupo irmão de *G. santosi*, ou é a espécie *G. santosi*. Caso esse grupo lacustre seja grupo irmão de *G. santosi*, esse seria uma nova espécie de *Geophagus* com ocorrência restrita ao baixo rio Doce. Caso seja confirmado que o grupo lacustre seja *G. santosi*, isso representaria o segundo registro de ocorrência dessa espécie que atualmente é conhecida somente da localidade tipo (rio Mariana) um pequeno rio no litoral do estado da Bahia.

Corydoras aeneus apresentou apenas uma linhagem para a bacia do rio Doce. Entretanto quando comparada com *C. aeneus* de outras bacias, essa linhagem aparece como endêmica do rio Doce, e grupo irmão de *C. aeneus* do rio Paraná. A divergência entre as duas linhagens é de ~3% indicando que a linhagem do rio Doce potencialmente é uma nova espécie. De acordo com observações em campo, essa linhagem parece ter um habitat específico e distribuição muito restrita.

Hoplias malabaricus também apresentou duas linhagens divergentes dentro da bacia com distância genética entre elas de 6,8%, um forte indicativo da existência de duas espécies do complexo *H. malabaricus* no rio Doce. Essas espécies já foram identificadas como complexos de espécies ou fazem parte de grupos de espécies reconhecidamente em processo de especiação por radiação adaptativa (GURGEL, 2004; VICARI et al., 2006) , mas para diferentes bacias hidrográficas. Os resultados desse trabalho, portanto, indicam possíveis eventos de especiação em curso ou concretizadas ocorrendo em uma mesma bacia hidrográfica. Isso evidencia a singularidade da região estudada e conseqüentemente agrava os impactos gerados pelo desastre ambiental sobre a ictiofauna.

Tiveram ainda outros casos, como por exemplo da *Crenicichla lacustris* e *C. lepidota*, cuja divergência genética alta entre as amostras foi interpretada como diversidade críptica e existência de mais de um táxon de *C. lacustris* no rio Doce (SALES et al., 2018). No entanto, além de *C. lacustris*, também há a ocorrência de *C. lepidota* na bacia do rio Doce, uma espécie introduzida do rio São Francisco, a qual é facilmente confundida com a espécie nativa do rio Doce (*Crenicichla lacustris*).

Uma vez que as linhagens não são reconhecidas taxonomicamente como espécies elas são ignoradas do ponto de vista da conservação, pois permanecem ocultas sob o mesmo epíteto

específico. Os resultados das análises moleculares dão uma ideia da diversidade críptica presente na ictiofauna do rio Doce e evidenciam a importância de estudos que investiguem essa diversidade e também a necessidade de investimentos em revisões taxonômicas desses grupos para descrição formal desses táxons endêmicos do rio Doce.

Espécies geneticamente estruturadas são mais suscetíveis a eventos de extinção local devido a fragmentação na variabilidade genética e menor tamanho efetivo populacional. Ainda que esses grupos estruturados não venham a ser conhecidos taxonomicamente como espécies novas, sua importância ecológica e contribuição genética única para a espécie nominal que a “abriga” devem ser consideradas em futuras ações de mitigação dos impactos, como planos de manejo e conservação. Portanto, recomendamos que para os próximos relatórios os níveis de diversidade genética sejam apresentados para cada linhagem evolutiva.

Para as análises genético populacionais intraespecíficas e intra-linhagens identificadas pelo DNA barcode, não foram encontradas diferenças entre os pontos da coleta na parte Capixaba do rio Doce. As análises de microssatélites, genotipados a partir de NGS envolvendo *Astyanax lacustris*, uma das espécies com a melhor amostragem no baixo rio Doce, não detectaram estruturação genética populacional entre nenhuma das localidades, indicando que a maior parte da variância genética está distribuída entre indivíduos dentro das localidades estudadas e não entre localidades como hipotetizado previamente. Além disso, os índices de diversidade genética (H_e) das localidades fora da calha do rio Doce (lagoas e afluentes/riachos), não foram diferentes daqueles das localidades da calha, portanto, a hipótese dessas áreas funcionarem como sumidouros após o impacto foi rejeitada para *A. lacustris*. Entretanto, a diversidade genética (H_e) foi relativamente baixa quando comparada com literatura (BRADIC et al., 2012; ZAGANINI et al., 2014). As análises genético populacionais envolvendo comparações entre as localidades do baixo rio Doce e amostras históricas do alto rio Doce mostraram maior grau de diferenciação do que entre as localidades do baixo rio doce, e essa diferenciação provavelmente é associada com a distância geográfica separando esses pontos de coleta. Baseado nesses resultados preliminares, reintroduções feitas de localidades geograficamente próximas e até de ambientes diferentes, do ponto visto genético, podem ser feitas. Já para introduções de localidades distantes, recomendamos cautela, e estudos específicos dirigidos para cada espécie, antes de tomar decisões de manejo.

A falta de dados pretéritos confiáveis em relação a composição da comunidade e da estrutura populacional das espécies presentes anteriormente ao desastre dificulta a quantificação do impacto causado pelo derramamento de rejeitos. Além disso, não há registros de um evento desta magnitude em um ambiente tropical, que é altamente diverso, portanto, comparações com outros eventos similares são difíceis de serem realizadas. A literatura científica disponível prevê que um rio de grande porte leva de 20 a 25 anos para recuperar sua estrutura anterior ao distúrbio (SCHLOSSER, 1990). A recuperação da comunidade após um evento como esse pode variar em função de muitos fatores, desde o isolamento por barreiras físicas de populações que poderiam recolonizar o rio até características biológicas, como a guilda reprodutiva das espécies e seu tamanho de primeira

maturação (DETENBECK et al., 1992). Um estudo feito após um derramamento de lama alcalina na Hungria, indicou que a assembleia de peixes pode se regenerar em termos taxonômicos e estruturais, até rapidamente, se existir a possibilidade de recolonização a partir de tributários e de áreas de origem a montante e a jusante, pois as espécies mais abundantes encontradas após o distúrbio também eram as mais abundantes nos tributários (EROS et al. 2015).

Outra problemática do atual estudo é a distância temporal em relação ao evento do derramamento. Para uma completa compreensão do processo de sucessão, dados após um ano do distúrbio seriam importantes para testar teorias ecológicas. Muitas informações foram perdidas durante estes quatro anos em que não houve monitoramento na região, dificultando a compreensão da dinâmica de recolonização da calha. Diversos autores preveem que espécies oportunistas de ciclo de vida curto são as primeiras a colonizarem uma região afetada por distúrbio, bem como espécies onívoras que tem pouca especificidade alimentar (WINEMILLER, 1995; EROS et al. 2005). Porém, como nossos dados representam um cenário após cinco anos do acontecimento do distúrbio não podemos traçar paralelos com essas previsões, pois não sabemos em que estágio sucessional a comunidade se encontra. Desta forma, o monitoramento da região deve continuar para detecção da estabilidade deste sistema, para que então possamos subsidiar a proposição de medidas mitigadoras.

5 RESUMO DO ANEXO

As coletas do Anexo 7 Dulcícola, referentes ao ano 1, foram iniciadas em outubro de 2018 e finalizadas em setembro de 2019. Ao todo, foram coletados 43.318 espécimes e uma biomassa total de 212 kg. Foram amostradas 69 espécies, representadas por 12 ordens, pertencentes a 30 famílias, destas, 28 espécies são exóticas e 41 são nativas. Dados pretéritos levantados com base em literatura, pela equipe do Anexo 7, indicam o registro de 139 espécies para a bacia, das quais 51 foram amostradas durante as coletas do Anexo 7. Todavia, foram amostradas 17 espécies que ainda não tinham registro na bacia do rio Doce.

As espécies exóticas dominam em termos de biomassa, porém, em relação ao número de indivíduos as espécies nativas estão em maior número, sendo a espécie *Poecilia vivipara* a mais abundante. Apesar desta espécie ser nativa, ela é considerada uma espécie hiper-tolerante e indicadora potencial de ambientes alterados. A grande proporção de biomassa de espécies exóticas nos pontos da calha do rio pode ser considerada um indicador da qualidade do ambiente e do impacto da lama, visto que estas espécies são resistentes a ambientes alterados.

Em relação a espacialidade, os pontos de lagoa e riacho apresentaram diferenças na composição da comunidade quando comparados aos pontos da calha do rio. Isso é esperado por se tratarem de ambientes diferentes, porém também pode indicar um grau de impacto do derramamento da lama, uma vez que lagoas e riachos não foram diretamente atingidos, o que preservou as espécies residentes e possibilitou que as mesmas iniciassem o processo de recuperação da calha. O ponto 1, localizado na calha principal do rio, é o ponto com menor riqueza e biomassa de espécies, sendo

um exemplo claro da influência das barragens, visto que, é o ponto mais próximo a UHE Mascarenhas.

Em relação a dieta, a maioria das espécies pertencem a guildas que consomem itens de origem animal. Apenas três espécies foram classificadas como detritívoras e quatro espécies foram classificadas como iliófagas. Constatou-se que a maior parte das espécies exóticas possui um hábito alimentar carnívoro/piscívoro ou hábito generalista. Isto é consistente com teorias que predizem que espécies com alto poder de se tornarem invasoras são aquelas que consomem os itens mais abundantes no sistema após um distúrbio (i.e., peixes e detrito). Aliado a isto, as espécies exóticas apresentaram um menor fator de condição relativo indicando que estão alocando mais energia para reprodução do que para crescimento do corpo. Isto reflete na maior proporção de indivíduos imaturos encontrados para estas.

Após as 12 campanhas amostrais mensais, observa-se que a assembleia de peixes está ameaçada pelos efeitos conjuntos das alterações de ambiente (barragens), espécies exóticas e derramamento da lama. A coleta de espécies que não tinham registrado para a bacia demonstra que ainda não conhecemos a ictiofauna desta região em sua totalidade. Além disso, as espécies coletadas representam menos da metade da fauna esperada para o rio Doce de acordo com dados pretéritos levantados pela equipe do Anexo 7. Desta forma, é importante a continuidade das amostragens mensais para comprovar se as demais espécies não ocorrem na parte capixaba do rio Doce ou se ainda não foram amostradas.

6 REFERÊNCIAS

ABE, K. T. et al. Systematic and historical biogeography of the Bryconidae (Ostariophysi: Characiformes) suggesting a new rearrangement of its genera and an old origin of Mesoamerican ichthyofauna. **BMC Evolutionary Biology**, v. 14, p. 1-15, 2014.

ABELL, R. et al. Freshwater ecoregions of the world: a new map of biogeographic units for freshwater biodiversity conservation. **BioScience**, v. 58, n. 5, p. 406-414, 2008.

ADAMS, A. et al. ***Elops saurus***. The IUCN Red List of Threatened Species 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2012.RLTS.T191822A2006513.en>. Acesso em: 30 agosto 2019.

AGOSTINHO, A. A. et al. Ecological and life history traits of *Hemiodus orthonops* in the invasion process: looking for clues at home. **Hydrobiologia**, v. 746, p. 415-430, 2015.

AGOSTINHO, A. A.; GOMES, L. C.; PELICICE, F. M. **Ecologia e Manejo de Recursos Pesqueiros em Reservatórios do Brasil**. Maringá: Eduem, 2007.

AGUIAR, Kelly Dayane. **Influência de uma barragem sobre atributos ecológicos da comunidade e biologia reprodutiva de peixes do Rio Paraíba do Sul, UHE Ilha dos Pombos, Rio de Janeiro**,

Brasil. 2008. 107f. Dissertação de Mestrado (Ecologia) - Setor de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação, Universidade Federal do Paraná, 2008.

AKAMA, Alberto. **Sistemática do gênero *Pseudauchenipterus*, Bleeker, 1862 (Siluriformes, Auchenipteridae).** 1999. 123f. Dissertação de Mestrado - Universidade de São Paulo, 1999.

ALAVES-SILVA, A. P.; DERGAM, J. A. Cryptic speciation within the neotropical cichlid *Geophagus brasiliensis* (Quoy & Gaimard, 1824) (Teleostei Cichlidae): a new paradigm in karyotypical and molecular evolution. **Zebrafish**, 12:141211075322008, 2014.

ALBERT, J. S.; FERNANDES-MATIOLI, F. M.; DE ALMEIDA-TOLEDO, L. F. New species of *Gymnotus* (Gymnotiformes, Teleostei) from southeastern Brazil: toward the deconstruction of *Gymnotus carapo*. **Copeia**, v. 2, p. 410-421, 1999.

ALBERT, J. S.; REIS, R. E. **Historical Biogeography of Neotropical Freshwater Fishes.** Berkeley, Los Angeles, London: University of California Press, 2011.

ALBIERI, R. J. et al. Weight-length relationships of 22 fish species from the Paraíba do Sul River in Rio de Janeiro State, southeastern Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 30, p. 431-433, 2014.

ALCARAZ, C.; VILA-GISPERT, A.; GARCÍA-BERTHOU, E. Profiling invasive fish species: the importance of phylogeny and human use. **Diversity and Distributions**, v. 11, p. 289-298, 2015.

ALVES, C. B. M. et al. **Impacts of non-native fish species in Minas Gerais, Brazil: present situation and prospects.** In: Bert, T.M. (Ed) Ecological and Genetic Implications of Aquaculture Activities. Dordrecht: Springer, 2007.

ALVES, C. B. M.; LEAL, C. G. Aspectos da conservação da fauna de peixes da bacia do rio São Francisco em Minas Gerais. **MG Biota**, v. 2, n. 6, p. 26-56, 2010.

ALVES, C. B. M.; VONO, V.; VIEIRA, F. Presence of the walking catfish *Clarias gariepinus* (Burchell) (Siluriformes, Clariidae) in Minas Gerais state hydrographic basins, Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 16, n. 1, p. 259-263, 1999.

ANA - Agência Nacional de Águas. **Bacias Hidrográficas do Atlântico Sul - Trecho Leste. Sinopse de informações do Rio de Janeiro, Espírito Santo, Bahia e Sergipe, CD Nº4. Série: Sistema Nacional de informações sobre Recursos Hídricos - Documentos.** ANA. Agência Nacional de Águas, Brasília, 2001.

ANDRADE, Pedro de Moraes. **Distribuição, dieta e ecomorfologia das espécies de peixes no sistema do ribeirão Grande, no município de Pindamonhangaba, SP.** 2004. 171f. Tese de Doutorado (Ciências Biológicas) - Instituto de Biociências da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Universidade Estadual Paulista. 2004.

ANTONETTI, D. A.; LEAL, M. E.; SCHULZ, U. H. Length-weight relationships of 19 fish species from the Jacuí Delta, RS, Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 30, p. 259-260, 2013.

ARANHA, J. M. R.; CARAMASCHI, E. P. Estrutura populacional, aspectos da reprodução e alimentação dos Cyprinodontiformes (Osteichthyes) de um riacho do sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 16, p. 637-651, 1999.

ARAÚJO, F. G.; PINTO, B. C. T.; TEIXEIRA, T. P. Longitudinal patterns of fish assemblages in a large tropical river in southeastern Brazil: evaluating environmental influences and some concepts in river ecology. **Hydrobiologia**, v. 618, p. 89-107, 2009.

ARAÚJO, J. R. S.; NUNAN, G. W. **Ictiofauna do rio Paraíba do Sul: danos ambientais e sociais causados por barragens, hidrelétricas e poluição no trecho fluminense**. Rio de Janeiro: CPDMA-ALERJ, 2005. 59p.

ARAÚJO-LIMA, C. A. R. M. et al. Energy sources for detritivorous fishes in the Amazon. **Science**, v. 234, p.1256-1258, 1986.

ARMBRUSTER, J. W. **Phylogenetic relationships of the sucker-mouth armored catfishes (Loricariidae) with particular emphasis on the Ancistrinae, Hypostominae, and Neoplecostominae**. 1997. Tese de Doutorado, University of Illinois. 1997.

ASSEGA, F. M. et al. External morphology of *Lophiosilurus alexandri* Steindachner, 1876 during early stages of development, and its implications for the evolution of Pseudopimelodidae (Siluriformes). **PLoS ONE**, v. 11, n. 4, p. 1-20, 2016.

BANDEIRA, Wagner Desidério. **Revisão taxonômica das espécies brasileiras do gênero Pomadasys Lacépède, 1802 (Teleostei: Haemulidae)**. 2002. 87f. Dissertação de Mestrado (Ciência Biológicas) - Pós-graduação em Zoologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, 2002.

BARBIERI, L. R.; DOS SANTOS, R. P.; ANDREATA, J. V. Reproductive biology of the marine catfish, *Genidens genidens* (Siluriformes, Ariidae), in the Jacarepaguá Lagoon system, Rio de Janeiro, Brazil. **Environmental Biology of Fishes**, v. 35, n. 1, p. 23-35, 1992.

BARBOSA, J. M.; SOARES, E. C. Perfil da ictiofauna da bacia do São Francisco: estudo preliminar. **Revista Brasileira de Engenharia de Pesca**, v. 4, n. 1, p. 155-172, 2009.

BARBOUR, C. D.; BROWN, J. H. Fish species diversity in lakes. **The American Naturalist**, v. 108, n. 962, p. 473-489, 1974.

BARLETTA, M. et al. Fish and aquatic habitat conservation in South America: a continental overview with emphasis on neotropical systems. **Journal of Fish Biology**, v. 76, p. 2118-2176, 2010.

BARROS, L. C. et al. *Plagioscion squamosissimus* (Sciaenidae) and *Parachromis managuensis* (Cichlidae): a threat to native fishes of the Doce River in Minas Gerais, Brazil. **PLoS One**, v. 7, n. 6, e39138, 2012.

BASELGA, A. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. **Global Ecology and Biogeography**, v. 19, p. 134-143, 2012.

BAUMGARTNER, G. et al. **Peixes do Baixo Rio Iguaçu**. Maringá: EDUEM, 2012.

BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. **Ecologia: de indivíduos a ecossistemas**. Artmed: Porto Alegre, 2007.

BERTACO, V. A. et al. Inventory of the freshwater fishes from a densely collected area in South America – a case study of the current knowledge of Neotropical fish diversity. **Zootaxa**, v. 4138, n. 3, p. 401-440, 2016.

BITTENCOURT, M. M. **Aspectos da demografia e do ciclo de vida de *Pygocentrus nattereri* Kner, 1860 num lago de várzea da Amazônia central (Lago do Rei-Ilha do Careiro)**. 1994. 194f. Tese de Doutorado - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Universidade Federal da Amazônia, 1994.

BLOSSEY, B. Herbivory below ground and biological weed control: life history of a root-boring weevil on purple loosestrife. **Oecologia**, v. 94, p. 380-387, 1993.

BOWEN, S. H. A nutritional constraint in detritivory by fishes: The stunted populations of *Sarotherodon mossambicus* in Lake Sibaya, South Africa. **Ecological Monographs**, v.49, p. 17-31, 1979a.

BOWEN, S. H. Determinants of the chemical composition of periphytic detrital aggregate in a tropical lake (Lake Valencia, Venezuela). **Archiv für Hydrobiologie**, v. 87, p. 166-177, 1979b.

BOWEN, S. H. Detritivor in Neotropical fish communities. **Environmental Biology of Fishes**, v. 9, n. 2, p. 137-144, 1983.

BRADIC, M. et al. Gene flow and population structure in the Mexican blind cavefish complex (*Astyanax mexicanus*). **BMC Evolutionary Biology**, v. 12, n. 9, 2012.

BRAMBILLA, E. M. et al. Length-weight relationships of the main commercial fish species of Tucuruí reservoir (Tocantins/Araguaia basin, Brazil). **Boletim do Instituto de Pesca**, v. 41, n. 3, p. 665-670, 2015.

BREDER, C. M.; ROSEN, D. E. **Modes of Reproduction in Fishes**. Neptune City, New Jersey: T.F.H. Publications, Inc., 1966.

BRITSKI H. A.; SATO Y.; ROSA A. B. S. **Manual de Identificação de Peixes da Região de Três Marias**. Brasília: CODEVASF., 1988.

BRITSKI, H. A.; SILIMON, K. Z. S.; LOPES, B. S. **Peixes do Pantanal: Manual de Identificação**. Brasília: EMBRAPA, 1999.

BROWER, A.; REEDY, C.; YELIN-KEFER, J. Consensus versus conservation in the Upper Colorado River Basin recovery implementation program. **Conservation Biology**, v. 15, n. 4, p. 1001-1007, 2001.

- BRUSCHI-JR, W. et al. Reprodução de *Loricariichthys anus* (Valenciennes, 1840) da lagoa Emboaba, Osório, RS, Brasil. **Revista Brasileira de Biologia**, v. 57, p. 677-685, 1997.
- BUNN, S. E.; ARTHINGTON, A. H. Basic Principles and ecological consequences of altered flow regimes for aquatic biodiversity. **Environmental Management**, v. 30, n. 4, p. 492-507, 2002.
- BURGER, R.; ZANATA, A. M.; CAMELIER, P. Taxonomic study of the freshwater ichthyofauna from Recôncavo Sul basin, Bahia, Brazil. **Biota Neotropica**, v. 11, n. 4, p. 273-290, 2011.
- BURGESS, W. E. **An atlas of freshwater and marine catfishes. A preliminary survey of the Siluriformes**. Neptune City, New Jersey: T.F.H. Publications, Inc., 1989.
- BURGESS, W. E. **Colored atlas of miniature catfish. Every species of Corydoras, Brochis and Aspidoras**. Neptune City, New Jersey: T.F.H. Publications, Inc., 1992.
- BURRES, E. D. et al. Isotopic trophic guild structure of a diverse subtropical South American fish Community. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 2013, n. 22, p. 66-72, 2013.
- CALDEIRA, F. C. et al. Atividade reprodutiva de *Prochilodus marggravii* (Pisces: Prochilodontidae) no rio São Francisco, à jusante do reservatório de Três Marias. **MG. Bios**, v. 10, p. 81, 2002.
- CAMARGO, S. A. F.; PETRERE JR, M. Aspectos sociais e financeiros da pesca artesanal do Médio São Francisco, Minas Gerais, Brasil. **Fisheries Management and Ecology**, v. 8, p. 163-171, 2001.
- CAMPOS-DA-PAZ, R. **Family Gymnotidae (Naked-back knifefishes)**. In: Reis, R.E., Kullander, S.O., Ferraris C.F. (eds.). Check List of the Freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre, EDIPUCRS, 2003.
- CARDOSO, E. L. et al. Morphological changes in the gills of *Lophiosilurus alexandri* exposed to unionized ammonia. **Journal of Fish Biology**, v. 49, n. 5, p. 778-787, 1996.
- CARVALHO, F. R.; SARMENTO-SOARES, L. M.; MARTINS-PINHEIRO, R. F. Redescription of *Moenkhausia doceana* (Steindachner, 1877) (Ostariophysi: Characiformes): a characid from the Northeastern Mata Atlântica ecoregion, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 12, n. 2, p. 377-388, 2014.
- CARVALHO, L. N.; DEL-CLARO, K. Effects of predation pressure on the feeding behaviour of the serpa tetra *Hyphessobrycon eques* (Ostariophysi, Characidae). **Acta Ethologica**, v. 7, p. 89, 2004.
- CASATTI, L. **Sciaenidae (Drums or croakers)**. In: Reis, R.E., Kullander, S.O., Ferraris Jr, C.J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.
- CASATTI, L. Taxonomia do gênero Sul-Americano *Pachyurus* Agassiz, 1831 (Teleostei: Perciformes: Sciaenidae) e descrição de duas novas espécies. **Comunicações do Museu de Ciências da PUCRS**, v. 14, n. 2, p. 133-178, 2001.

CASCIOTTA, J. R.; ALMIRÓN, A. E.; GÓMEZ., S. E. A new species of *Australoheros* (Teleostei: Perciformes: Cichlidae) from the río Iguazú basin, Argentina. **Zoologische Abhandlungen**, v. 55, p. 77-83, 2006.

CASCIOTTA, J. R.; GÓMEZ, S. E.; TORESANI, N. L. "*Cichlasoma*" *tembe*, a new cichlid species from the rio Paraná basin, Argentina (Osteichthyes: Labroidei). **Ichthyological Exploration Freshwaters**, v. 6, p. 193-200, 1995.

CASTRO, R. M. C.; VARI, R. P. Detritivores of the South American fish Family Prochilodontidae (Teleostei: Ostariophysi; Characiformes). A phylogenetic and revisionary study. **Smithsonian Contributions to Zoology**, v. 622, n. i-v, p. 1-189, 2004.

CASTRO, R. M. C.; VARI, R. P. **Prochilodontidae**. In: Reis, R.E., Kullander, S. O.; Ferraris Jr.; C. J. (eds.) Check List of the Freshwaters of South and Central America, Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

CETEC - Centro Tecnológico de Minas Gerais. **Diagnóstico Ambiental do Estado de Minas Gerais**. Belo Horizonte, 1983.

CHAO, N. L. A popular and potentially sustainable fishery resource under pressure—extinction risk and conservation of Brazilian Sciaenidae (Teleostei: Perciformes). **Global Ecology and Conservation**, v. 4, p. 117-126, 2015.

CHELLAPPA, S. Reproductive ecology of a neotropical cichlid fish, *Cichla monoculus* (Osteichthyes: Cichlidae). **Brazian Journal of Biology**, v. 63, n. 1, p. 17-26, 2003.

CLAVERO, M.; BLANCO-GARRIDO, F.; PRENDA, J. Fish fauna in Iberian Mediterranean river basins: Biodiversity, introduced species and damming impacts. **Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems**, v. 14, n. 6, p. 575-585, 2004.

COGNATO, D.P.; FIALHO, C.B. Reproductive biology of a population of *Gymnotus* aff. *carapo* (Teleostei: Gymnotidae) from southern Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 4, p. 339-348, 2006.

COLE, B.; HARING, M. Spawning and production of the serpae tetra, *Hyphessobrycon serpae*. **Aquaculture Publication**, v. 138, p. 7, 1999.

COLWELL, R. K.; CODDINGTON, J. A. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 345, n. 1311, p. 101-118, 1994.

COPP, G. H. To be, or not to be, a non-native freshwater fish? **Journal of Applied Ichthyology**, v. 21, p. 242-262, 2005.

COSTA, M. R.; MORETI, T.; ARAÚJO, F. G. Length-weight relationships of 20 fish species in the Guandu River, Rio de Janeiro State, Southeastern Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 30, p. 200-201, 2014.

COSTA, W. J. E. M.; BOCKMANN, F. A. A new genus and species of Sarcoglanidinae (Siluriformes: Trichomycteridae) from southeastern Brazil, with a reexamination of subfamilial phylogeny. **Journal of Natural History**, v. 28, p. 715-730, 1994.

COSTA, W. J. E. M.; LIMA, S. M. Q.; BIZERRIL, C. R. S. F. *Microcambeva ribeirae* sp. n. (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae): a new sarcoglanidinae catfish from the Rio Ribeira do Iguape basin, southeastern Brazil. **Zootaxa**, v. 563, p. 1-10, 2004.

COUTINHO-SANCHES, N.; DERGAM, J. A. Cytogenetic and molecular data suggest Eigenmann, 1907 (Teleostei: Characidae) is a member of an ancient coastal group. **Zebrafish**, v. 12, p. 357-365, 2015.

CUCHEROUSSET, J.; OLDEN, J. D. Ecological impacts of nonnative freshwater fishes. **Fisheries**, v. 36, n. 5, p. 215-230, 2011.

CUNHA, M. S. et al. Phylogeography and historical biogeography of the *Astyanax bimaculatus* species complex (Teleostei: Characidae) in coastal southeastern South America. **Zebrafish**, v. 16, n. 1, p. 115-127, 2019.

CUNHA, M. S.; REIS, V. J. C.; DERGAM, J. A. Closely related syntopic cytotypes of *Astyanax taeniatus* (Jenyns, 1842) from the Upper Piranga River, Upper Doce Basin in Southeastern Brazil. **Zebrafish**, v. 13, p. 112-117, 2016.

DAJOZ, R. **Ecologia Geral**. Rio de Janeiro: Editora Vozes, 1978.

DE MIGUEL, R. J. et al. Disturbance accumulation hampers fish assemblage recovery long after the worst mining spill in the Iberian Peninsula. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 32, n. 1, p. 180-189, 2016b.

DE MIGUEL, R. J. et al. Recolonization process and fish assemblage dynamics in the Guadiamar River (SW Spain) after the Aznalcóllar mine toxic spill. **River Research and Applications**, v. 32, n. 6, p. 1196-1206, 2016a.

DE MIGUEL, R. J. Fish composition in the Guadiamar River basin after one of the worst mining spills in Europe. **Limnetica**, v. 33, n. 2, p. 375-384, 2014.

DE QUEIROZ, Victor. **Redescrição de *Astyanax giton* Eigenmann 1908**. 2019. Monografia, Universidade Federal de Viçosa.

DERGAM, J. A. et al. Phylogeography and RAPD-PCR variation in *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Pisces, Teleostei) in southeastern Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 4, p. 379-387, 2002.

DERGAM, J. A.; FERREIRA, F. F.; PINHO, F. M. **Primeiro levantamento de ictiofauna da bacia do Rio Doce após o rompimento da barragem de rejeito da Samarco, em Mariana-MG**. Relatório projeto GIAIA, Viçosa, 2017.

DERGAM, J. A.; SILVA, P. C.; GOMES, J. P.; BARROS, L.; BONATO, K. O. **Relatório de dados pretéritos: Anexo 7 – Ictiofauna dulcícola. Fundação Renova**, 2018

DETENBECK, N. E. et al. Recovery of temperate-stream fish communities from disturbance: a review of case studies and synthesis of theory. **Environmental Management**, v. 16, n. 1, p. 33-53, 1992.

DIDHAM, R. K. et al. Interactive effects of habitat modification and species invasion on native species decline. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 22, n. 9, p. 489-496, 2007.

DONLAN, C. J. et al. Research for requiems: the need for more collaborative action in eradication of invasive species. **Conservation Biology**, v. 17, n. 6, p. 1850-1851, 2003.

DONNELLY, B. G. Aspects of behaviour in the catfish *Clarias gariepinus* (Pisces: Clariidae) during periods of habitat desiccation. **Arnoldia**, v. 6, n. 9, p. 1-8, 1973.

DRUMMOND, G. M. et al. **Biodiversidade em Minas Gerais**. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 2005.

DUARTE, S.; ARAÚJO, F. G. Distribuição espacial e temporal de *Hypostomus affinis* na Represa de Ribeirão das Lajes. **Acta Biologica Leopoldensia**, v. 22, p. 261-276, 2000.

DUARTE, S.; ARAÚJO, F. G.; BAZZOLI, N. Reproductive plasticity of *Hypostomus affinis* (Siluriformes: Loricariidae) as a mechanism to adapt to a reservoir with poor habitat complexity. **Sociedade Brasileira de Zoologia**, v. 28, n. 5, p. 577-586, 2011.

EIGENMANN, C. H. Preliminary descriptions of new genera and species of tetragonopterid characins (Zoölogical Results of the Thayer Brazilian expedition). **Bulletin of the Museum of Comparative Zoology**, v. 52, p. 91-106, 1908.

EIGENMANN, C. H. The American Characidae. **Memoirs of the Museum of Comparative Zoology**, v. 43, p. 209-310, 1921.

EROS, T. et al. Taxonomic- and trait-based recolonization dynamics of a riverine fish assemblage following a large-scale humanmediated disturbance: the red mud disaster in Hungary. **Hydrobiologia**, v. 758, p. 31–45, 2015.

ESPINDOLA, H. S. **Sertão do Rio Doce**. Bauru: EDUSC, 2005.

ESTEVES, K. E.; PINTO-LOBO, A. V. Feeding pattern of *Salminus maxillosus* at Cachoeiras de Emas, Mogi Guaçu river (São Paulo State Southeast Brazil). **Revista Brasileira de Biologia**, v. 61, n. 2, p. 267-276, 2001.

FABREGAT, T. E. H. P. et al. Caracterização das proporções anatômicas e tempo de trânsito gastrointestinal do apaiari e do acará-bandeira. **Boletim do Instituto de Pesca**, São Paulo, v. 41, n. 3, p.671-676, 2015.

FERNANDES-MATIOLI, F. M. C. Species diversity and geographic distribution of *Gymnotus* (Pisces: Gymnotiformes) by nuclear (GGAC)_n microsatellite analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 803-807, 2000.

FERRARIS, JR, C. J. **Auchenipteridae (Driftwood catfishes)**. In: Reis, R. E.; Kullander, S. O.; Ferraris Jr, C. J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

FERREIRA, C. P.; CASATTI, L. Integridade biótica de um córrego na bacia do Alto Rio Paraná avaliada por meio da comunidade de peixes. **Biota Neotropica**, v. 6, n. 3, p. 1-25, 2006.

FERREIRA, R. M. A. Aspectos reprodutivos da piranha *Pygocentrus piraya* (Teleostei, Characiformes), espécie nativa da bacia do Rio São Francisco. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 48, n. 1, p. 71-76, 1996.

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.

FISCHER, L. C.; PEREIRA, L. E. D.; VIEIRA, J. D. **Peixes Estuarinos e Costeiros**. Rio Grande: Luciano Gomes Fischer, 2011.

FLECKER, A. S. Engenharia de ecossistemas por detritívoro dominante em um riacho tropical diversificado. **Ecology**, v. 77, p. 1845-1854, 1996.

FLORA, M. A. D. et al. Biologia e cultivo do dourado (*Salminus brasiliensis*). **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 4, n. 1, p. 7-14, 2010.

FREITAS, T. M. S.; DUTRA, G. M.; SALVADOR, G. N. Length-weight relationships of 18 fish species from Paraíba do Sul basin, Minas Gerais. **Brazilian Journal of Applied Ichthyology**, v. 33, p. 652-654, 2017.

FRICKE, R.; ESCHMEYER, W. N.; VAN DER LAAN, R. (eds.). **Eschmeyer's Catalog of fishes: genera, species, references**. Disponível em: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>. Acesso em: várias datas. 2019

FUNDAÇÃO BIODIVERSITAS. <https://www.biodiversitas.org.br>. Acesso em: 20 julho 2018.

GARAVELLO, J. C.; SHIBATTA, O. A. A new species of the genus *Pimelodus* La Cépède, 1803 from the rio Iguçu basin and a reappraisal of *Pimelodus ortmanni* Haseman, 1911 from the rio Paraná system, Brazil (Ostariophysi: Siluriformes: Pimelodidae). **Neotropical Ichthyology**, v. 5, n. 3, p. 285-292, 2007.

GARUTTI, V.; LANGEANI, F. Redescription of *Astyanax goyacensis* Eigenmann, 1908 (Ostariophysi: Characiformes: Characidae). **Neotropical Ichthyology**, v. 7, p. 371-376, 2009.

GASQUES, L. S. et al. A introdução do gênero *Cichla* (Block e Schneider, 1801) na planície de inundação do Alto Rio Paraná. **Arquivos Ciências Veterinária Zoologia UNIPAR**, v. 17, n. 4, p. 261-266, 2014.

GIDO, K. B.; FRANSSEN, N. R. Invasion of stream fishes into low trophic positions. **Ecology Freshwater Fish**, v. 16, p. 457-464, 2007.

GODINHO, A. L.; FONSECA, M. T.; ARAÚJO, L. M. **The Ecology of Predator Fish Introductions: The case of Rio Doce Valley Lakes**. In: Giani, R.M., von Sperling, A. (eds.) Ecology and Human Impact on Lakes and Reservoirs in Minas Gerais. Belo Horizonte: SEGRAC, 1994.

GODINHO, H. P. Estratégias reprodutivas de peixes aplicadas à aquicultura: bases para o desenvolvimento de tecnologias de produção. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 31, n. 3, p. 351-360, 2007.

GODINHO, H. P.; GODINHO, A. L. **Águas, Peixes e Pescadores do São Francisco das Minas Gerais**. Belo Horizonte: PUC Minas, 2003.

GOMES L. C. et al. Biologia do jundiá *Rhamdia quelen* (Teleostei, Pimelodidae). **Ciência Rural**, v. 30, p. 179-185, 2000.

GOMES, I. D. et al. Reproductive biology of the armoured catfish *Loricariichthys castaneus* (Castelnau, 1855) in Lajes reservoir, southeastern Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 27, n. 6, p. 1322-1331, 2011.

GOMIERO, L. M.; VILLARES, G. A. J.; NAOUS, F. Reproduction of *Cichla kelberi* Kullander and Ferreira, 2006 introduced into an artificial lake in southeastern Brazil. **Brazilian Journal Biology**, v. 69, n. 1, p. 175-183, 2009.

GONÇALVES, C. S.; SOUZA, U. P.; BRAGA, F. M. S. Population structure, feeding and reproductive aspects of *Serrapinnus heterodon* (Characidae, Cheirodontinae) in a Mogi Guaçu reservoir (SP), upper Paraná River basin. **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 23, n. 1, p. 13-22, 2011.

GORMAN, O. T.; KARR, J. R. Habitat structure and stream fish communities. **Ecology**, v. 59, n. 3, p. 507-515, 1978.

GRAÇA, W. J.; PAVANELLI, C. S. **Peixes da Planície de Inundação do Alto Rio Paraná e Áreas Adjacentes**. Maringá: EDUEM. 2007.

GROOM, M.; MEFFE, G. K.; CARROLL, C. R. **Principles of Conservation Biology**. Massachusetts: Sinauer Associates, 2006.

GUBIANI, E. A.; HORLANDO, S. S. Length-weight and length-length relationships and length at first maturity for freshwater fish species of the Salto Santiago Reservoir, Iguazu River Basin, Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 30, p. 1087-1091, 2014.

GURGEL, H. C. B. Dieta de *Crenicichla lepidota* Heckel, 1840 (Perciformes, Cichlidae) da lagoa Redonda, Nísia Floresta/RN. **Acta Scientiarum**, v. 20, n. 2, p. 191-194, 1998.

HALLETT, L. et al., M. **codyn**: Community Dynamics Metrics. R package version 2. doi: 10.5063/F1N877Z6, 2019.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica**, v. 4, n. 1, p. 1-9, 2001.

HARRISON, I. J. **Mugilidae**. In: Karpenter, K. (Ed) FAO Species Identification Guide for Fisheries Purposes. The Living Marine Resources of the Western Central Atlantic. Vol. 2. Bony Fishes, part 1 (Acipenseridae to Grammatidae). Rome: FAO, 2002.

HARTZ, Sandra Maria. **Alimentação e estrutura da comunidade de peixes da lagoa Caconde, litoral norte do Rio Grande do Sul**. 1997. 282f. Tese de Doutorado - Universidade Federal de São Carlos, 1997.

HONJI, R. M. et al. Biodiversidade e conservação da ictiofauna ameaçada de extinção da bacia do rio Paraíba do Sul. **Revista da Biologia**, v. 17, n. 2, p. 18-30, 2017.

ICMBio **Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção**. Disponível em: <http://icmbio.gov.br/portal/images/stories/comunicacao/publicacoes/publicacoes-diversas/livro_vermelho_2018_vol1.pdf>. Acesso em: 3 agosto 2019.

IGAM. **Instituto Mineiro de Gestão das Águas**. Bacia hidrográfica do Rio Doce. Disponível em: <<http://www.igam.mg.gov.br/component/content/155?task=view>>. Acesso em: 25 setembro 2019.

INGENITO, L. F. S. First records of Cheirodontinae (Actinopterygii: Characiformes: Characidae) from drainages of Espírito Santo state, southeastern Brazil. **Checklist**, v. 4, n. 2, p. 1-6, 2016.

JACOBINA, U. P. et al. Chromosome mapping of repetitive sequences in *Rachycentron canadum* (Perciformes: Rachycentridae): implications for karyotypic evolution and perspectives for biotechnological uses. **Journal Biomed Biotechnology**, v. 2011, p. 218-231, 2011.

JESCHKE, J. M. et al. Defining the impact of non-native species. **Conservation Biology**, v. 28, n. 5, p. 1188-1194, 2014.

JUMAWAN, J. C.; SERONAY, R. A. Length-weight relationships of fishes in eight floodplain lakes of Agusan Marsh, Philippines. **Philippine Journal of Science**, v. 146, n. 1, p. 95-99, 2017.

KEITH, P.; LE BAIL, P. Y.; PLANQUETTE, P. **Atlas des Poissons d'Eau Douce de Guyane**. Tome 2, Fascicule I: Batrachoidiformes, Mugiliformes, Beloniformes, Cyprinodontiformes, Synbranchiformes, Perciformes, Pleuronectiformes, Tetraodontiformes. Paris: Publications scientifiques du Muséum national d'Histoire naturelle, 2000.

KENAGY, G.J., TROMBULAK, S.C. Size and function of mammalian testes in relation to body size. **Journal of Mammalogy**, v.67, p. 1-22, 1986.

KENNARD; M. J. et al. Are alien fish a reliable indicator of river health? **Freshwater Biology**, v. 50, n. 1, p. 174-193, 2005.

KENNY, J. S. **Views from the bridge**: a memoir on the freshwater fishes of Trinidad. Maracas, St. Joseph: Trinprint, 1995.

KIRSCHBAUM, F.; SCHUGARDT, C. Reproductive strategies and developmental aspects in mormyrid and gymnotiform fishes. **Journal of Physiology**, v. 96, p. 557-566, 2003.

KITAGAWA, A. T. et al. Feeding behavior and the effect of photoperiod on the performance and hematological parameters of the pacamã catfish (*Lophiosilurus alexandri*). **Applied Animal Behaviour Science**, v. 171, p. 211-218, 2015.

KOSTOV, V. et al. Red-bellied piranha *Pygocentrus nattereri* Kner, 1858 (Characiformes: Serrasalminidae) in open waters in R. Macedonia. **Ecologica Montenegrina**, v. 8, p. 64-71, 2016.

KULLANDER, S. O. Cichlid fishes from the La Plata basin. Part V. Description of *Aequidens plagiozonatus* sp. n. (Teleostei, Cichlidae) from the Paraguay River system. **Zoologica Scripta**, v. 13, n. 2, p. 155-159, 1984.

KULLANDER, S. O. **Cichlid Fishes of the Amazon River Drainage of Peru**. Estocolmo: Swedish Museum of Natural History, 1986.

KULLANDER, S. O. **Family Cichlidae**. In: Reis, R. E.; Kullander, S. O.; Ferraris Jr, C. J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

KULLANDER, S. O.; LUCENA, C. A. A review of the species of *Crenicichla* (Teleostei: Cichlidae) from the Atlantic coastal rivers of southeastern Brazil from Bahia to Rio Grande do Sul States, with descriptions of three new species. **Neotropical Ichthyology**, v. 4, n. 2, p. 127-146, 2006.

LAMBERTZ, M.; DERGAM, J. A. Mining disaster: huge species impact. **Nature**, v. 528, n. 7580, p. 39, 2015.

LESSA, R.; NÓBREGA, M. F. **Guia de identificação de peixes marinhos da Região Nordeste**. Programa REVIZEE, Score-NE: 128, 2000.

LEZAMA, A. Q.; TRIQUES, M. L.; SANTOS, P. S. *Trichomycterus argos* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae), a new species from the Doce River Basin, Eastern Brazil. **Zootaxa**, v. 3352, p. 60-68, 2012.

LIEM, K.F.; ECLANCHER B.; FINK, W. L. Aerial respiration in the banded knife fish *Gymnotus carapo* (Teleostei: Gymnotoidei). **Physiological Zoology**, v. 57, p. 185-195, 1984.

LIMA, F. C. T.; BRITSKI, H. A. *Salminus franciscanus*, a new species from the rio São Francisco basin, Brazil (Ostariophysi: Characiformes: Characidae). **Neotropical Ichthyology**, v. 5, n. 3, p. 237-244, 2007.

LIMA-JUNIOR, S. E.; GOITEIN, R. Fator de condição e ciclo gonadal de fêmeas de *Pimelodus maculatus* (Osteichthyes, Pimelodidae) no rio Piracicaba (SP, Brasil). **Boletim do Instituto de Pesca**, v. 32, n. 1, p. 87-94, 2006.

LO NOSTRO, F. L.; GUERRERO, G. A. Presence of primary and secondary males in a population of the protogynous *Synbranchus marmoratus*. **Journal of Fish Biology**, v. 49, n. 5, p. 788-800, 1996.

LOCKWOOD, J. L.; HOOPES, M. F.; MARCHETTI, M. P. **Invasion Ecology**. Chichester: John Wiley, Sons, 2013.

LOTRICH, V.A. Growth, production, and community composition of fishes inhabiting a first-second, and third-order stream of eastern Kentucky. **Ecological Monographs**, v. 43, n. 3, p. 377-397, 1973.

LOWE-MCCONNELL, R. H. **Fish communities in tropical freshwaters**. Nova Iorque: Longman, New York, 1975. 337 pp.

LUCENA, C. A. S.; KULLANDER, S. O. The *Crenicichla* (Teleostei: Cichlidae) species of the Uruguai River drainage in Brazil. **Ichthyological Exploration of Freshwaters**, v. 3, p. 97-160, 1992.

LUCENA, C. A. S.; SOARES, H. G. Review of species of the *Astyanax bimaculatus* "caudal peduncle spot" subgroup sensu Garutti e Langeani (Characiformes, Characidae) from the Rio La Plata and Rio São Francisco drainages and coastal systems of southern Brazil and Uruguay. **Zootaxa**, v. 4072, n. 1, p. 101-125, 2016.

LUCINDA, P. H. F. **Family Poeciliidae**. In: Reis, R. E.; Kullander, S. O.; Ferraris Jr, C. J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

LUJAN, N. K. Jaw morpho-functional diversity, trophic ecology and historical biogeography of the Neotropical suckermouth armored catfishes (Siluriformes, Loricariidae). Dissertation, Auburn University, 2009.

LUNDBERG, J. G.; LITTMANN, M. W. **Family Pimelodidae (Long-whiskered catfishes)**. In: Reis, R. E.; Kullander, S. O.; Ferraris Jr, C. J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

MACHADO, V. N. et al. One thousand DNA barcodes of piranhas and pacus reveal geographic structure and unrecognised diversity in the Amazon. **Scientific Reports**, v. 8, n. 8387, 2018.

MAI, A. C. G.; VIEIRA, J. P. Review and consideration on habitat use, distribution and life history of *Lycengraulis grossidens* (Agassiz, 1829) (Actinopterygii, Clupeiformes, Engraulididae). **Biota Neotropica**, v. 13, p. 121-130, 2013.

MALABARBA, L. R. et al. **Guia de Identificação dos Peixes da Bacia do Rio Tramandaí**. Porto Alegre: Via Sapiens, 2013.

MALABARBA, L. R. **Família Characidae: Cheirodontinae**. In: Buckup, P. A.; Menezes, N. A.; Ghazzi, M. S. (eds.) *Catálogo das Espécies de Peixes de Água Doce do Brasil*. Rio de Janeiro: Museu Nacional, 2007.

MALABARBA, L. R. **Monophyly of Cheirodontinae, characters and major clades (Ostariophysi: Characidae)**. In: Malabarba, L. R.; Reis, R. E.; Vari, R. P.; Lucena, Z. M. S.; Lucena, C. A. S. (eds.) *Phylogeny and Classification of Neotropical fishes*. Porto Alegre: EDIPUCRS, 1998.

MALABARBA, L. R. **Subfamily Cheirodontinae**. In: Reis, R. E.; Kullander, S. O.; Ferraris Jr, C. J. (eds.) *Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America*. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

MALABARBA, L. R.; JEREP, F. C. Review of the species of *Serrapinnus* Malabarba, 1998 (Teleostei: Characidae: Cheirodontinae) from the rio Tocantins-Araguaia basin, with description of three new species. **Zootaxa**, v. 3847, n. 1, p. 57-79, 2014.

MARCHETTI, M. P.; MOYLE, P. B.; LEVINE, R. Invasive species profiling? Exploring the characteristics of non-native fishes across invasion stages in California. **Freshwater Biology**, v. 49, n. 5, p. 646-661, 2004.

MARKS, J. C. et al. Effects of flow restoration and exotic species removal on recovery of native fish: lessons from a dam decommissioning. **Restoration Ecology**, v. 18, n. 6, p. 934-943, 2010.

MARQUES, B. S.; BELEI, F.; MARTINS, W. S. S. Ictiofauna do baixo rio Manhuaçu (bacia do médio Rio Doce). **Evolução e Conservação da Biodiversidade**, v. 4, n. 1, p. 32-41, 2013.

MATEUSSI, N.T. et al. Molecular data reveal multiple lineages in piranhas of the genus *Pygocentrus* (Teleostei, Characiformes). **Genes**, v. 10, n. 5, p. 371, 2019.

MAZZONI, R.; CARAMASCHI, E. P. Observations on the reproductive biology of female *Hypostomus luetkeni* Lacèpède 1803. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 6, p. 53-56, 1997.

MAZZONI, R.; CARAMASCHI, E. P. Size structure, sex ratio and onset of sexual maturity of two species of *Hypostomus* Lacepede, 1803 (Osteichthyes, Loricariidae). **Journal of Fish Biology**, v. 47, p. 841-849, 1995.

MAZZONI, R.; CARAMASCHI, E. P. Spawning season, ovarian development and fecundity of *Hypostomus affinis* (Osteichthyes, Loricariidae). **Revista Brasileira de Biologia**, v. 57, n.3, p. 455-462, 1997a.

MAZZONI, R.; CARAMASCHI, U.; WEBER, C. Taxonomical revision of the species of *Hypostomus* Lacépède, 1803 (Siluriformes, Loricariidae) from the Lower Rio Paraíba do Sul, State of Rio de Janeiro, Brazil. **Revue Suisse de Zoologie**, v. 101, n. 1, p. 3-18, 1994.

MAZZONI, R.; PETITO, J.; MIRANDA, J.C. Reproductive biology of *Genidens genidens*, a catfish from Maricá lagoon, RJ. **Ciência e Cultura**, v. 52, n. 2, p. 121-126, 2000.

MAZZONI, R.; REZENDE, C. F.; MANNA, L. R. Feeding ecology of *Hypostomus punctatus* Valenciennes, 1840 (Osteichthyes, Loricariidae) in a costal stream from Southeast Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 70, p. 569-574, 2010.

MCNAUGHTON, S. J. Structure and function in California grasslands. **Ecology**, v. 49, p. 962-972, 1968.

MELO, F. A. G.; BUCKUP, P. A. *Astyanax henseli*, a new name for *Tetragonopterus aeneus* Hensel, 1870 from southern Brazil (Teleostei: Characiformes). **Neotropical Ichthyology**, v. 41, n.1, p. 45-52, 2006.

MELO, F. C. S. A. et al. Ictiofauna do rio Carangola, bacia do rio Paraíba do Sul, no município de Carangola, Minas Gerais, Brasil. **Lundiana**, v. 7, n. 2, p. 133-140, 2006.

MENDONÇA, H. S. et al. Length-weight relationships of 14 fish species from a lowland tropical reservoir in southeastern Brazil. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 31, n. 5, p. 970-972, 2015.

MENEZES, N. A. et al. **Peixes de Água Doce da Mata Atlântica: Lista preliminar das espécies e comentário sobre conservação de peixes de água doce neotropicais**. São Paulo: Museu de Zoologia – Universidade de São Paulo, 2007.

MENEZES, N. A. Guia prático para conhecimento e identificação das tainhas e paratis (Pisces, Mugilidae) do litoral brasileiro. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 2, n. 1, p. 1-12, 1983.

MENEZES, N. A.; FIGUEIREDO, J. L. **Manual de peixes marinhos do sudeste do Brasil**. IV Teleostei. São Paulo: Museu de Zoologia da Universidade São Paulo, 1980.

MILLS, D.; VEVERS, G. **The Tetra Encyclopedia of Freshwater Tropical Aquarium Fishes**. New Jersey: Tetra Press, 1989.

MOTA, T. G., COELHO, R. **Peixes Encontrados na Bacia do Médio Rio Doce**. Disponível em: <http://www.rmpcecolgia.com/projetos/riodoce/peixes.htm>. Acesso em: 20 julho 2018.

MOYLE, P. B.; CECH JR., J. J. **Fishes: An Introduction to Ichthyology**. New Jersey: Prentice Hall, 1996.

MOYLE, P. B.; LIGHT, T. Biological invasions of fresh water: empirical rules and assembly theory. **Biological Conservation**, v. 78, p. 149-161, 1996.

MUNDY, B. C. **Checklist of the fishes of the Hawaiian Archipelago**. Honolulu: Bishop Museum Bulletin in Zoology, 2005.

MURARI, Daniela Andrade Vianna. **Alimentação da piranha *Pygocentrus nattereri* (Characidae, Serrasalminae) no Rio Araguaia, Bacia Amazônica, Brasil**. 2003. 16 f. Trabalho de Conclusão de Curso - Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Uberlândia, 2003.

NASCIMENTO, F. L.; CATELLA, A. C.; MORAES, A.S. **Distribuição espacial do tucunaré, *Cichla* sp. (Pisces, Cichlidae), peixe amazônico introduzido no Pantanal, Brasil**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2001.

NOGUEIRA, C. et al. Restricted-range fishes and conservation of brazilian freshwaters. **PloS One**, v. 5, n. 6, p. 1-10, 2010.

OKSANEN, J. et al. **vegan**: Community Ecology Package. R package version 2.5.5. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>. 20 out. 2019.

ORRELL, T. M. **Centropomidae**. In Carpenter, K. E. (Ed) The living marine resources of the Western Central Atlantic. Vol. 2. Bony fishes part 1 (Acipenseridae to Grammatidae). FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes an American Society of Ichthyologists and Herpetologists Special Publication No. 5. Rome: FAO, 2003.

OTA, R. R. et al. Peixes da planície de inundação do alto rio Paraná e áreas adjacentes: revised, annotated and updated. **Neotropical Ichthyology**, v. 16, n. 2, p. e170094, 2018.

OTA, Rafaela Priscila. **Revisão taxonômica e análise filogenética das espécies do gênero *Metynnís Cope, 1878* (Characiformes: Serrasalminidae)**. 2015. 150 f. Tese de Doutorado - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Universidade Federal do Amazonas, 2015.

OTTONI, F. P.; COSTA, W. J. E. M. Taxonomic revision of the genus *Australoheros* Rícan, Kullander, 2006 (Teleostei: Cichlidae) with descriptions of nine new species from south-eastern Brazil. **Vertebrate Zoology**, v. 58, n. 2, p. 207-232, 2008.

OYAKAWA, O. T. **Family Erythrinidae**. In: Reis, R.E., Kullander, S.O., Ferraris Jr, C.J. (eds.) Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

OYAKAWA, O. T.; MATTOX, G. M. T. Revision of the Neotropical trahiras of the *Hoplias lacerdae* species group (Ostariophysi: Characiformes: Erythrinidae) with descriptions of two new species. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, n. 2, p. 117-140, 2009.

PAIVA, S. R.; DERGAM, J. A.; ANDRADE, F. M. Determining management units in southeastern Brazil: the case of *Astyanax bimaculatus* (Linnaeus, 1758) (Teleostei:Ostariophysi:Characidae). **Hydrobiologia**, v. 560, n.1, p. 393-404, 2006.

PAIXÃO, P. E. et al. **Preferência alimentar do *Hypancistrus zebra* e do *Pterygoplichthys etentaculatus* (Loricaridae)**. Artigo em anais de congresso. Brasília, DF: Embrapa, 2014.

PEREIRA, T. L. et al. Dispersal and vicariance of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Teleostei, Erythrinidae) populations of the Brazilian continental margin. **Journal of Biogeography**, v. 40, p. 905-914, 2012.

POMPEU, P. S.; MARTINEZ, C.B. Variações temporais na passagem de peixes pelo elevador da Usina Hidrelétrica de Santa Clara, rio Mucuri, leste brasileiro. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 23, n. 2, p. 340-349, 2006.

POPMA, T. J.; LOVSHIN, L. L. **Worldwide Prospects for Commercial Production of Tilapia, International Center for Aquaculture and Aquatic Environments**. Alabama: International Center for Aquaculture and Aquatic Environments, 1996.

R CORE TEAM, R. **A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Viena, Áustria, 2019.

RAMIREZ, J. L. et al. Testing monophyly of the freshwater fish *Leporinus* (Characiformes, Anostomidae) through molecular analysis. **Journal of Fish Biology**, v. 88, n. 3, p. 1204-1214, 2016.

RAMOS, I. P. et al. Feeding, reproduction and population structure of *Pimelodus maculatus* Lacépède, 1803 (Teleostei, Siluriformes, Pimelodidae) from Paraná basin: a review. **Boletim da Sociedade Brasileira de Limnologia**, v. 39, n. 2, p.1-15, 2011.

RAMOS, R. T. C.; RAMOS, T. P. A.; LOPES, P. R. D. New species of *Achirus* (Pleuronectiformes: Achiridae) from northeastern Brazil. **Zootaxa**, v. 2113, p. 55-62, 2009.

REIS, R. E. Revision of the neotropical catfish genus *Hoplosternum* (Ostariophysi: Siluriformes: Callichthyidae), with the description of two new genera and three new species. **Ichthyological Exploration of Freshwaters**, v. 7, p. 299-326, 1997.

REIS, R. E.; PEREIRA, E. H. L. Three new species of the loriciid catfish genus *Loricariichthys* (Teleostei: Siluriformes) from Southern South America. **Copeia**, v. 2000, n. 4, p. 1029-1047, 2004.

REIS, V. J. C.; PINNA, M. The type specimens of *Trichomycterus alternatus* (Eigenmann, 1917) and *Trichomycterus zonatus* (Eigenmann, 1918), with elements for future revisionary work (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae). **Zootaxa**, v. 4585, n.1, p. 100-120, 2019.

REJMANEK, M. **Invasive Plants and Invasible Ecosystems**. In: Sandlund, T.O., Schei, P.J., Vilken, A. (eds.) *Invasive Species and Biodiversity Management*. Dordrecht: Kluwer, 1999.

RÍCAN, O.; KULLANDER, S. O. The *Australoheros* (Teleostei: Cichlidae) species of the Uruguay and Paraná River drainages. **Zootaxa**, v. 1724, p. 1-51, 2008.

RODRIGUES DA COSTA, M. et al. Habitat preferences of common native fishes in a tropical river in Southeastern Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 11, n. 4, p. 871-880, 2013.

ROSA, R. S. et al. **Diversidade, padrões de distribuição e conservação dos peixes da caatinga.** In: Leal, I.; Tabarelli, M.; Silva, J. M. C. (eds.) Ecologia e Conservação da Caatinga. Recife: Editora Universitária UFPE, 2003.

RUSCHI, A. Lista dos tubarões, raias e peixes de água doce e salgada do estado do Espírito Santo e uma observação sobre a introdução do dourado no rio Doce. **Boletim do Museu de Biologia Mello Leitão**, v. 25, p.1-23, 1965.

SACCOL-PEREIRA, Adriana. **Variação sazonal e estrutura trófica da assembleia de peixes do Delta do rio Jacuí, RS, Brasil.** 2008. 142 f. Tese de Doutorado (Biologia Animal) – Instituto de Biociência, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2008.

SALES, N. G. et al. Hidden diversity hampers conservation efforts in a highly impacted neotropical river system. **Frontiers In Genetics**, v. 9, n. 271, 1-1, 2018.

SANTOS, G. M.; FERREIRA, E. J. G.; ZUANON, J. A. S. **Peixes Comerciais de Manaus.** Manaus: IBAMA/AM, Provárzea, 2006.

SANTOS, G. M.; JEGU, M.; MERONA, B. **Catálogo de Peixes Comerciais do Baixo Rio Tocantins, Projeto Tucuruí.** Manaus: Eletronorte; CNPq; INPA, 1984.

SANTOS, J. C. E.; LUZ, R. K. Effect of salinity and prey concentrations on *Pseudoplatystoma corruscans*, *Prochilodus costatus* and *Lophiosilurus alexandri* larviculture. **Aquaculture**, v. 287, p. 324-328, 2009.

SANTOS, João Pedro Trevisan. **Revisão taxonômica e anatomia de *Awaous tajasica* (Liechtenstein, 1822) (Perciformes: Gobiidae).** 2016. 83 f. Monografia - Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (FFCLRP). Universidade de São Paulo (USP), 2016.

SANTOS, Máira Nanashara Silva. **Reprodução e alimentação da guarajuba *Carangoides bartholomaei* (Cuvier, 1833) (Perciformes: Carangidae) na plataforma continental de Pernambuco, Brasil.** 2012. 68 f. Dissertação de Mestrado (Biologia Animal), Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Universidade Federal de Pernambuco, 2012.

SARMENTO-SOARES, L. M.; MARTINS-PINHEIRO, R. F.; RODRIGUES, L. N. Peixes do rio Doce segundo as coleções. **Boletim da Sociedade Brasileira de Ictiologia**, v. 123, p. 9-25, 2017.

SATO, Y. et al. **Padrões Reprodutivos de Peixes da Bacia do São Francisco.** In: Godinho, H.P., Godinho, A.L. (eds.) Águas, Peixes e Pescadores do São Francisco das Minas Gerais. Belo Horizonte: PUCMinas, 2003.

SATO, Y.; GODINHO, H. P. **Peixes da Bacia do Rio São Francisco.** São Paulo: Edusp, 1999.

SAZIMA, I. Similarities in feeding behaviour between some marine and freshwater fishes in two tropical communities. **Journal of Fish Biology**, v. 29, p. 53-65, 1986.

SCHLOSSER, I.J. Environmental variation, life history attributes, and community structure in stream fishes: implications for environmental management and assessment. **Environmental Management**, v. 14, n. 5, p. 621-628, 1992.

SILFVERGRIP, A. M. C. **A systematic revision of the neotropical catfish genus *Rhamdia* (Teleostei, Pimelodidae)**. Estocolmo: Swedish Museum of Natural History, 1996.

SILVA, A. M. et al. Estado de Conservação da ictiofauna do rio Guandu, afluyente do baixo Rio Doce, ES. **Evolução e Conservação da Biodiversidade**, v. 4, n. 1, p. 8-13, 2013.

SILVA, G. M. N. et al. **O período de defeso na bacia do rio São Francisco**. In: I Simpósio da Bacia Hidrográfica do Rio São Francisco, Juazeiro-BA, 2016.

SILVA, J. M. C. **The Caatinga: Understanding the Challenges**. In: Silva, J. M. C.; Leal, I. R.; Tabarelli, M. (eds.) *Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America*. Cham: Springer International Publishing, 2017.

SILVA, P. C. et al. The unique karyotype of *Henochilus wheatlandii*, a critically endangered fish living in a fast-developing region in Minas Gerais State, Brazil. **PLoS One**, v. 7, n. 7, p. e42278, 2012.

SILVA, P. C.; MALABARBA, L. R. Rediscovery of the holotype of *Tetragonopterus vittatus* Castelnau 1855, a senior synonym of *Moenkhausia doceana* (Steindachner 1887) [sic, 1877] (Characiformes: Characidae). **Zootaxa**, v. 4132, n. 2, p. 269-271, 2016.

SILVA, P. C.; MALABARBA, M. C.; MALABARBA, L. R. Integrative taxonomy: morphology and ancient DNA barcoding reveals the true identity of *Astyanax taeniatus*, a tetra collected by Charles Darwin during the Beagle's Voyage. **Zoologischer Anzeiger**, v. 278, p. 110-120, 2019.

SILVA, P. C.; MALABARBA, M. C.; MALABARBA, L. R. Using ancient DNA to unravel taxonomic puzzles: the identity of *Deuterodon pedri* (Ostariophysi: Characidae). **Neotropical Ichthyology**, v. 15, n. 1, p. 1-11, 2017.

SILVA, Priscilla Caroline. **Sistemática integrativa – diversidade e relações de *Deuterodon Eigenmann 1907* (Teleostei: Characidae) e gêneros afins**. 2017. 200 f. Tese de Doutorado (Biologia Animal) - Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2017.

SIMONOVIC, P.; NIKOLIC, V.; GRUJIC, S. Amazon sailfin catfish *Pterygoplichthys pardalis* (Castelnau, 1855) (Loricariidae, Siluriformes), a new fish species recorded in the Serbian section of the Danube River. **Biotechnology, Biotechnological Equipment**, v. 24, n.1, p. 655-660, 2010.

SMITH, H. B.; WILSON, J. A. Consumers' guide to evenness indices. **Oikos**, v. 76, n. 1, p. 70-82, 1996.

SOS Mata Atlântica. Disponível em: <https://www.sosma.org.br>. Acesso em: 29 julho 2019.

SOUZA, Tinoco de Souza. **Biologia reprodutiva de *Hypostomus affinis* (STEINDACHNER, 1877) e *Hypostomusluetkeni* (LACÈPÈDE, 1803) no município de Itaperuna, Rio de Janeiro**. 2010. 174 f. Dissertação de Mestrado (Ciência Animal) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2010.

STEFANI, Patrícia Monte. **Ecologia trófica de espécies alóctones (*Cichla cf. ocellaris* e *Plagioscion squamosissimus*) e nativa (*Geophagus brasiliensis*) nos reservatórios do rio Tietê**. 2006. 117 f. Dissertação de Mestrado (Ciências da Engenharia Ambiental) – Escola de Engenharia de São Carlos, Programa de Pós-Graduação em Ciências da Engenharia Ambiental, Universidade de São Paulo, 2006.

STOHLGREN, T. J. et al. Species richness and patterns of invasion in plants, birds and fishes in the United States. **Biological Invasions**, v. 8, p. 427-447, 2006.

SUZUKI, H. I. et al. **Reproductive Ecology of the Fish Assemblages**. In: Thomaz, S. M.; Agostinho, A. A.; Hahn, N. S. (eds.) The Upper Paraná River and its Floodplain: Physical Aspects, Ecology and Conservation. Leiden: Backhuys Publishers, 2004.

TERESA, F. B. et al. Fish as indicators of disturbance in streams used for snorkeling activities in a tourist region. **Environment Management**, v. 47, p. 960-968, 2011.

TEUGELS, G. G. A systematic revision of the African species of the genus *Clarias* (Pisces, Clariidae). **Annales Musee Royal de l'Afrique Centrale**, v. 247, 1986.

TEUGELS, G. G. et al. **Clariidae**. In: Stiassny, M.L.J., Teugels, G.G., Hopkins, C.D. (eds.) The Fresh and Brackish Water Fishes of Lower Guinea, West-Central Africa. Vol. I. Paris: IRD Éditions, 2007.

THEREZA, Mariana Ribeiro. **Guia de identificação dos peixes Siluriformes (Teleostei: Ostariophysi) da bacia do rio Grande, alto rio Paraná**. 2018.105 f. Dissertação de Mestrado (Biologia Animal) - Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, 2018.

TONELLA, L. H. et al. Importance of feeding strategies on the long-term success of fish invasions. **Hydrobiologia**, v. 817, p. 239-252, 2018.

TONINI, W. C. T.; BRAGA, L. G. T.; VILA NOVA, D. L. D. B. Dieta de juvenis do robalo *Centropomus parallelus* Poey, 1860 no sul da Bahia, Brasil. **Boletim do Instituto de Pesca**, v. 33, n.1, p.85-91, 2007.

TRAVENZOLI, N. M. et al. Cytogenetic and molecular data demonstrate that the Bryconinae (Ostariophysi, Bryconidae) species from southeastern Brazil form a phylogenetic and phylogeographic unit. **PLoS One**, v. 10, p. e0137843, 2015.

TRINDADE, M. E. J.; JUCÁ-CHAGAS, R. Diet of two serrasalmin species, *Pygocentrus piraya* and *Serrasalmus brandtii* (Teleostei: Characidae), along a stretch of the rio de Contas, Bahia, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 6, n. 4, p. 645-650, 2008.

VANNOTE, R. L. et al. The river continuum concept. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 37, p. 130-137, 1980.

VASCONCELLOS, Marcelo Grombone. **Atributos reprodutivos de peixes da Bacia do Rio São Francisco e implicações filogenéticas**. 2007. 159 f. Tese de Doutorado (Ecologia e Recursos Naturais) - Universidade Federal de São Carlos, 2007.

VAZZOLER, A. E. A. M. **Biologia da Reprodução de Peixes Teleósteos: Teoria e Prática**. Maringá: Nupélia, 1996.

VAZZOLER, A. E. A. M.; MENEZES, N. A. Síntese de conhecimentos sobre o comportamento reprodutivo dos Characiformes da América do Sul (Teleostei, Ostariophysi). **Revista Brasileira de Biologia**, v. 52, n. 4, p.627-640, 1992.

VIANNA, Maria Anais Barbosa Segadas. **Revisão Sistemática do gênero *Trichomycterus Valenciennes* do Sudeste do Brasil (Siluriformes: Loricarioidea: Trichomycteridae)**. 2004. 304 f. Tese de Doutorado (Zoologia) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Zoologia), Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro, 2004.

VIEIRA, D. B.; SHIBATTA, O. A. Peixes como indicadores da qualidade ambiental do ribeirão Esperança, município de Londrina, Paraná, Brasil. **Biota Neotropica**, v. 7, n. 1, p.57-65, 2007.

VIEIRA, F. Distribuição, impactos ambientais e conservação da fauna de peixes da bacia do Rio Doce. Belo Horizonte. **MG Biota**, v. 2, p. 5-22, 2010.

VIEIRA, F.; GASPARINI, J. L.; MACIEIRA, R. M. **Guia Ilustrado dos Peixes da Bacia do Rio Benevente - ES**. Vitória: ACQUA Consultoria e Recuperação de Ambientes Aquáticos Ltda/São Joaquim Energia S. A, 2014.

VIEIRA, F.; GOMES, J. P. C.; MAIA, B. P. **Peixes do Quadrilátero Ferrífero: Guia de Identificação**. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 2015.

VIEIRA, F.; SANTOS, G. B.; ALVES, C. B. M. A ictiofauna do Parque Nacional da Serra do Cipó (Minas Gerais, Brasil) e áreas adjacentes. **Lundiana**, v. 6, p. 77-87, 2005.

VIEIRA, Fábio. **A ictiofauna do rio Santo Antônio, bacia do Rio Doce, MG: proposta de conservação**. 2006. 101 f. Tese de Doutorado (Ecologia) - Instituto de Ciências Biológicas Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Conservação e Manejo de Vida Silvestre, Universidade Federal de Minas Gerais, 2006.

VITULE, J. R. S.; FREIRE, C. A.; SIMBERLOFF, D. Introduction of non-native freshwater fish can certainly be bad. **Fish and Fisheries**, v. 10, n. 1, p. 98-108, 2009.

WEBER, C. **Subfamily Hypostominae (armored catfishes)**. In: Reis, R.E., Kullander, S.O., Ferraris, C.F. (eds.). Check List of the Freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre; EDIPUCRS, 2003.

WEITZMAN, S. H.; PALMER, L. Phantom tetras: a brief account of their ichthyological and aquarium history. **Tropical Fish Hobbyist**, v. XLVI, p. 124-132, 1998.

WINEMILLER, K. O. **Fish ecology**. In: Nierenberg, W.A. (ed.). Encyclopedia of Environmental Biology. San Diego: Academic Press, 1995.

WINEMILLER, K. O.; LESLIE, M. A. Fish assemblages across a complex, tropical freshwater/marine ecotone. **Environmental Biology of Fishes**, v. 34, p. 29-50, 1992.

YU, G. et al. ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. **Methods in Ecology and Evolution**, v.8, n.1, p. 28-36, 2017.

ZAGANINI, R. L. et al. Isolation and characterization of microsatellite loci in the Neotropical fish *Astyanax altiparanae* (Teleostei: Characiformes) and cross-species amplification. **Journal of Genetics**, v. 93, p. 24-27, 2014.

ZANIBONI FILHO, E. et al. **Catálogo Ilustrado de Peixes do Alto Rio Uruguai**. Florianópolis: Editora da UFSC/Tractebel Energia, 2004.