

Figura 5.26. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Zungaro jahu* na sub-bacia do alto rio Paraguai utilizando como variáveis o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Zungaro jahu*.

5.2.3. Sub-bacia do rio Cuiabá

5.2.3.1. Distribuição espaço-temporal

Na sub-bacia do rio Cuiabá, o fluxo médio diário de ovos foi significativamente diferente entre os locais ($D = 76,4$; $p < 0,001$), sendo maior no CB2, MJ3, MJ2 (314,85; 151,50 e 101,85 milhões de ovos/dia, respectivamente) e, significativamente menor no MJ1 (0,22 milhões de ovos/dia).

O fluxo médio de larvas, também foi significativamente diferente entre os locais ($D = 49,3$; $p < 0,001$), sendo maior nos pontos CB2, MJ3 e CB1 (24,85; 9,03 e 6,68 milhões de larvas/dia,

respectivamente), em relação ao MJ1 e MJ2 (0,01 e 0,59 milhões de larvas/dia, respectivamente) (Figura 5.27).

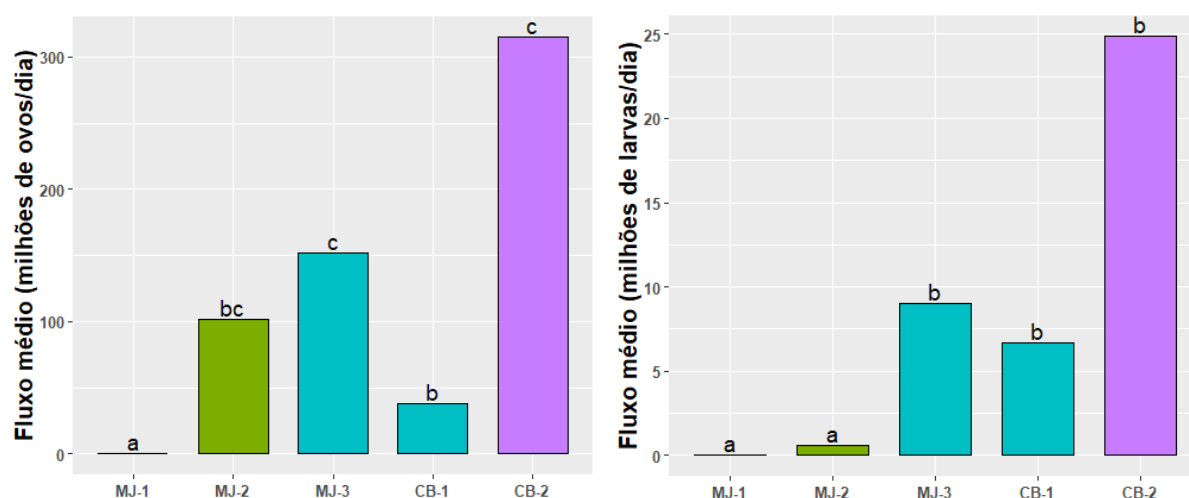


Figura 5.27. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá, entre outubro de 2002 a março de 2004. Letras iguais indicam ausência de diferença significativa.

A variação temporal do fluxo de ovos e larvas na sub-bacia do rio Cuiabá é apresentada nas Figuras 5.28 e 5.29. Dezembro, janeiro e fevereiro foram os meses com maiores fluxos diários de ovos (Figura 5.28). Adicionalmente, não houve interação significativa entre os fatores pontos amostrais e ciclo reprodutivo ($LRT= 3,15$; $p=0,67$), e o ciclo reprodutivo também não foi significativo ($LRT= 0,12$; $p=0,72$), sendo que, o fluxo no segundo ciclo (2003/2004) correspondeu a 108% do fluxo no primeiro (2002/2003).

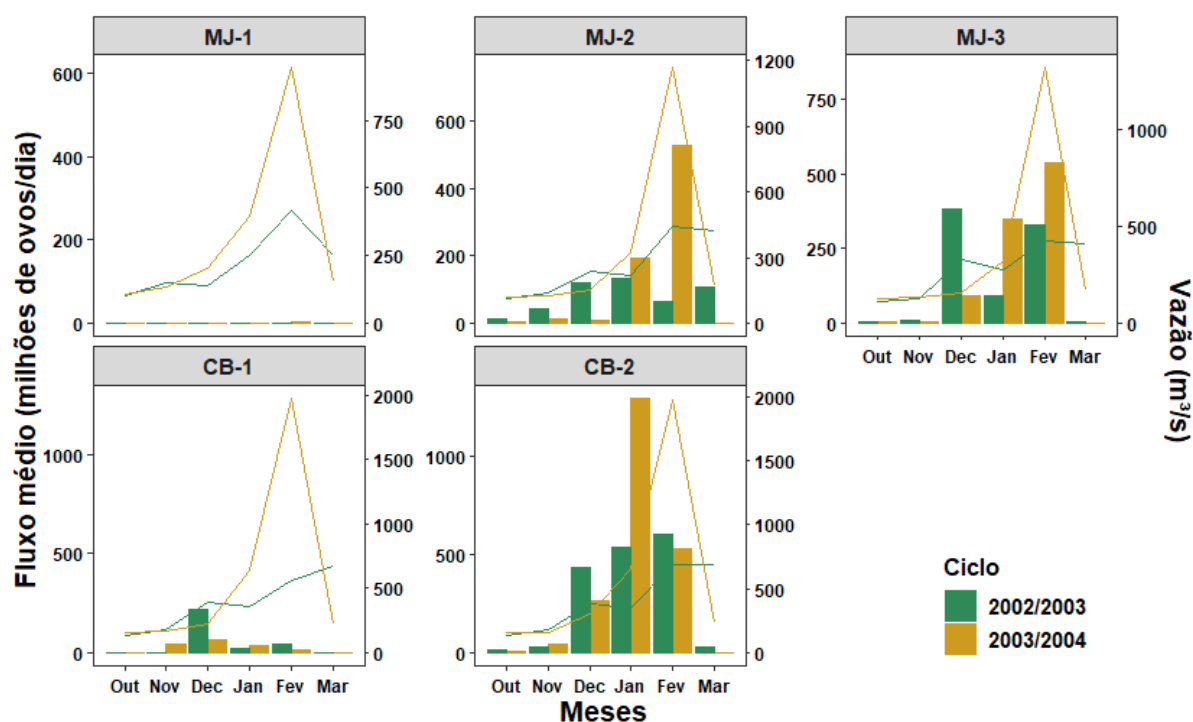


Figura 5.28. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá, entre outubro de 2002 a março de 2004. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Os maiores fluxos de larvas foram verificados entre dezembro e janeiro e, ao contrário do fluxo de ovos, houve interação significativa entre os fatores pontos amostrais e ciclo reprodutivo (LRT= 52,31; $p < 0,01$), de maneira que os pontos amostrais apresentaram diferentes respostas quando considerado o ciclo reprodutivo (Tabela 5.12). Apenas nos pontos MJ3 e CB1 essas diferenças foram significativas, devido aos maiores fluxos observados no ciclo 2002/2003 em comparação ao 2003/2004 (Figura 5.29).

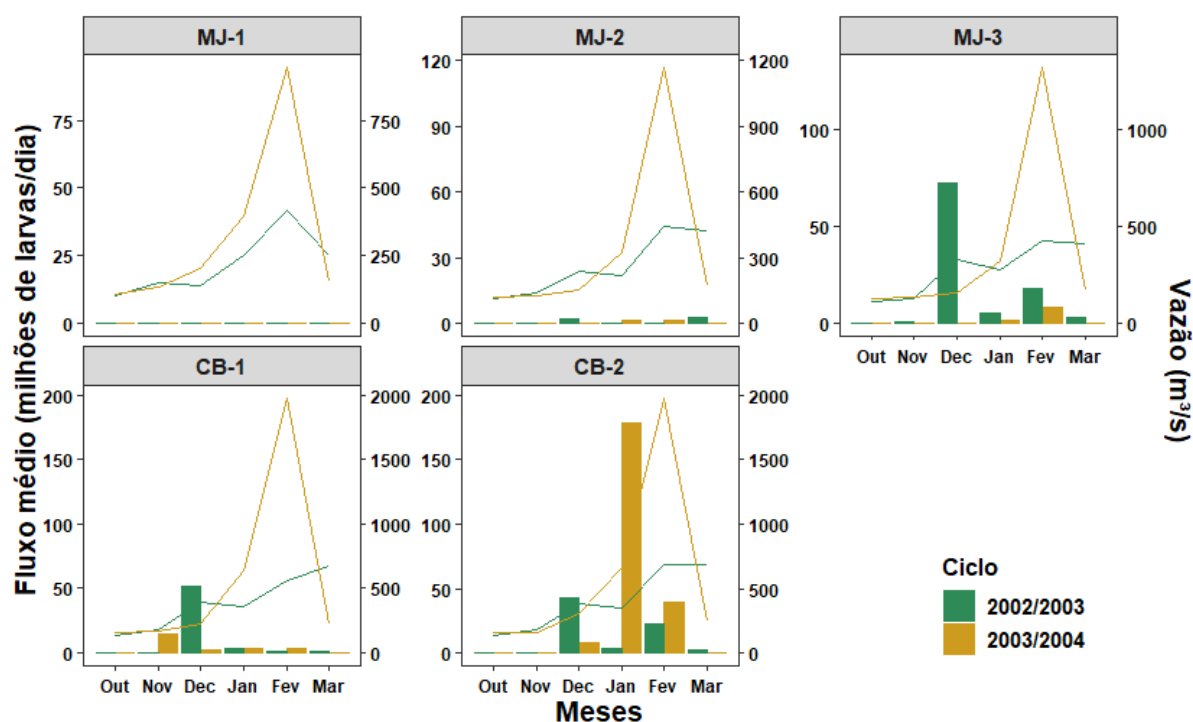


Figura 5.29. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá, entre outubro de 2002 a março de 2004. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Tabela 5.12. Estimativas das razões do fluxo de larvas de peixes entre os ciclos reprodutivos e seus respectivos valores de p, para cada ponto amostral da sub-bacia do rio alto Paraguai. F_{ciclo1} = fluxo no ciclo 2002/2003 e F_{ciclo2} = fluxo no ciclo 2003/2004. Em vermelho valores significativos de p.

Ponto amostral	Fluxo de Larvas	
	F_{ciclo2}/F_{ciclo1}	p
MJ1	<0,01	0,99
MJ2	0,50	0,53
MJ3	0,09	<0,01
CB1	0,41	<0,01
CB2	3,16	0,24

Em relação a variação nictemeral, o fluxo de ovos foi significativamente maior nos horários noturnos, com progressivo decréscimo ao longo do dia ($D= 57,70$; $p<0,01$) (Figura 5.30). Para larvas, no entanto, não houve diferença significativa no fluxo entre os horários ($D= 26,72$; $p=0,63$) (Figura 5.30).

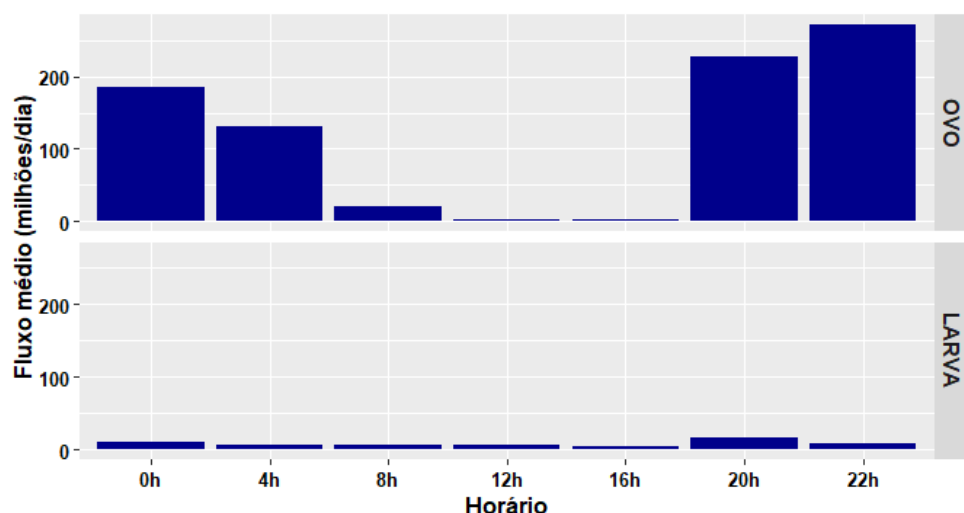


Figura 5.30. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimados para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá entre outubro de 2002 e março de 2004.

5.2.3.2. Composição taxonômica

Na Tabela 5.13 (apêndices) é apresentada a composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do Cuiabá. Cinquenta táxons foram identificados nesta sub-bacia, sendo 34 ao nível de gênero ou espécie. Os pontos CB1 e MJ1 apresentaram o maior e o menor número de táxons, 27 e 2, respectivamente. Os maiores fluxos médios foram para as larvas de Siluriformes e Pimelodidae. A estrutura da assembleia larval diferiu significativamente entre os pontos amostrais desta sub-bacia (Pseudo-F= 11,5; $p < 0,01$), devido à estrutura do agrupamento MJ2 (ponto MJ2) ser significativamente diferente das estruturas do CB2 (ponto CB2) e do MJ3 (pontos CB1 e MJ3) (Tabela 5.14). Os centroides dos pontos da estrutura dos agrupamentos CB2 e MJ3 ficaram separadas, tanto pelo eixo 1 quanto pelo eixo 2, contudo, suas amplas nuvens de pontos, com sobreposições, indicam considerável dissimilaridade entre suas unidades amostrais (Figura 5.31). A nuvem de pontos de MJ2, por outro lado, foi pequena e ficou concentrada em valores positivos do PCoA1 e negativos do PCoA2, sendo facilmente distinguível dos demais, conforme indicado na comparação par-a-par da PERMANOVA (Tabela 5.12). Os táxons que mais estiveram correlacionados à dispersão foram, no eixo 1, Pimelodidae, *R. vulpinus* e *Pseudoplatystoma* spp., todos mais abundantes no agrupamento CB2, e Anostomidae e Serrasalminidae, abundantes no CB2 e MJ3, respectivamente (Figura 5.31).

Tabela 5.14. Valores de comparação par-a-par *a posteriori* da PERMANOVA realizada para testar se existe diferença na estrutura da assembleia de larvas nos agrupamentos de pontos da sub-bacia do rio Cuiabá. Agrupamentos: MJ1= MJ1; MJ2=MJ2; MJ3= CB1, MJ3; CB2 = CB2. Em vermelho valores significativos de p .

Pares	Pseudo-F	Valor de p
CB2 X MJ1	1,38	0,52
CB2 X MJ2	2,63	0,01
CB2 X MJ3	1,43	0,77
MJ1 X MJ2	2,02	1,00
MJ1 X MJ3	1,88	0,48
MJ2 X MJ3	2,83	0,01

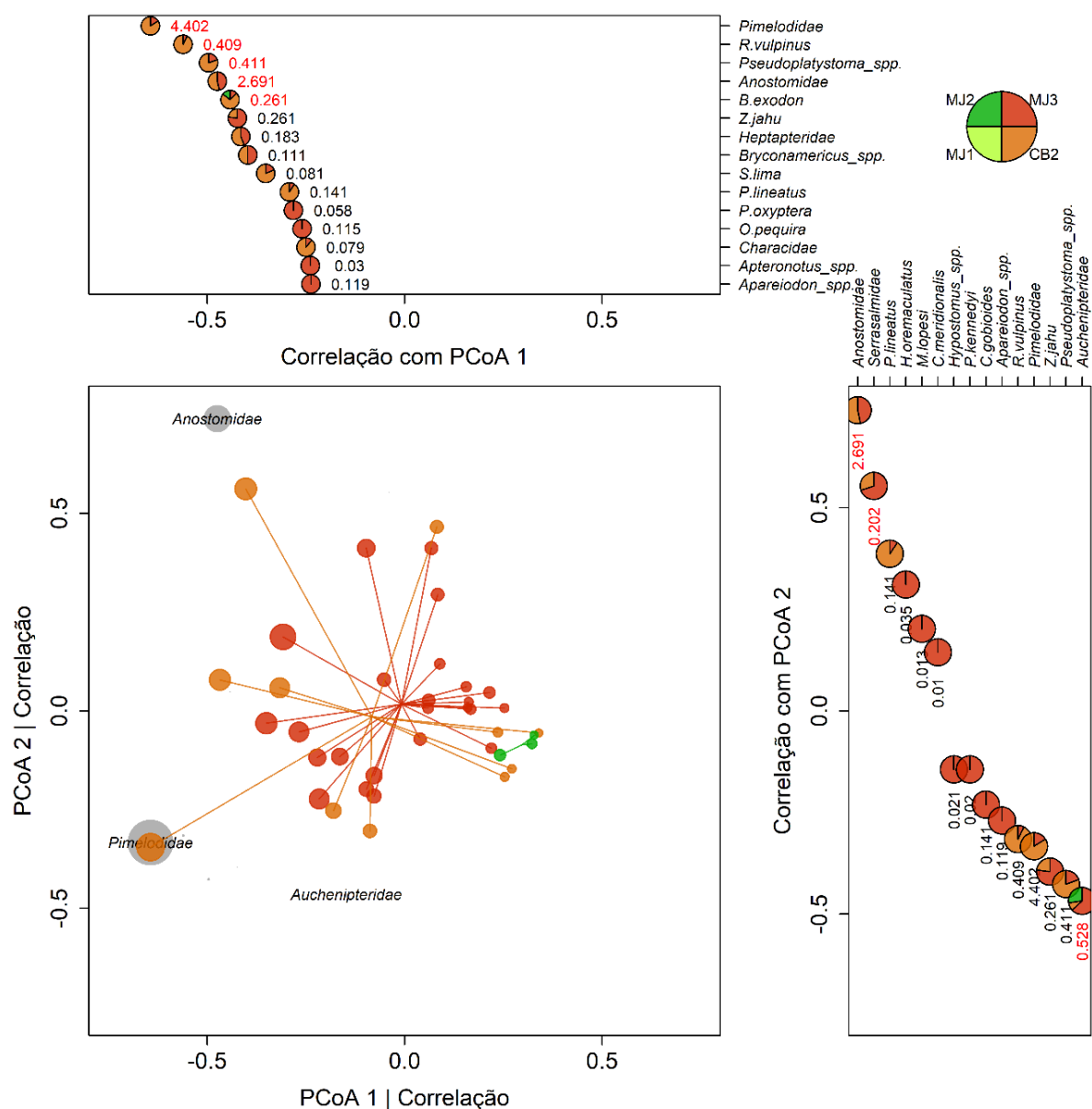


Figura 5.31. Ordenação gerada pela PCoA aplicada à estrutura da assembleia de larvas de peixes (identificada ao menos até o nível de família) nos diferentes agrupamentos dos pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá entre outubro de 2002 e março de 2004. Foram plotados os nomes dos táxons com maior contribuição relativa (em fluxo de larvas/dia). Os gráficos periféricos indicam o valor da correlação do fluxo de táxons que foi significativo com o referido eixo da PCoA. Os setores indicam a proporção dos fluxos médios em cada agrupamento de pontos, sendo o fluxo médio expresso adjacente aos setores. Os valores de fluxo médio plotados em vermelho representam as correlações que foram significativas com o referido eixo. Agrupamentos: MJ1= MJ1; MJ2= MJ2; MJ3= CB1, MJ3; CB2 = CB2.

Nesta sub-bacia foram encontradas larvas de cinco espécies alvo (*P. lineatus*, *Pseudoplatystoma* spp., *S. brasiliensis*, *S. lima* e *Z. jahu*, além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.13 apêndices; Figura 5.32).

O maior fluxo médio de larvas de espécies alvo, incluindo Anostomidae e Pimelodidae, foi observado no ponto CB2, com aproximadamente 15 milhões de larvas/dia, pertencentes principalmente, a Pimelodidae e Anostomidae (Figura 5.32). Nos pontos MJ1 e MJ2 não foram encontradas larvas de nenhuma espécie alvo (Figura 5.32).

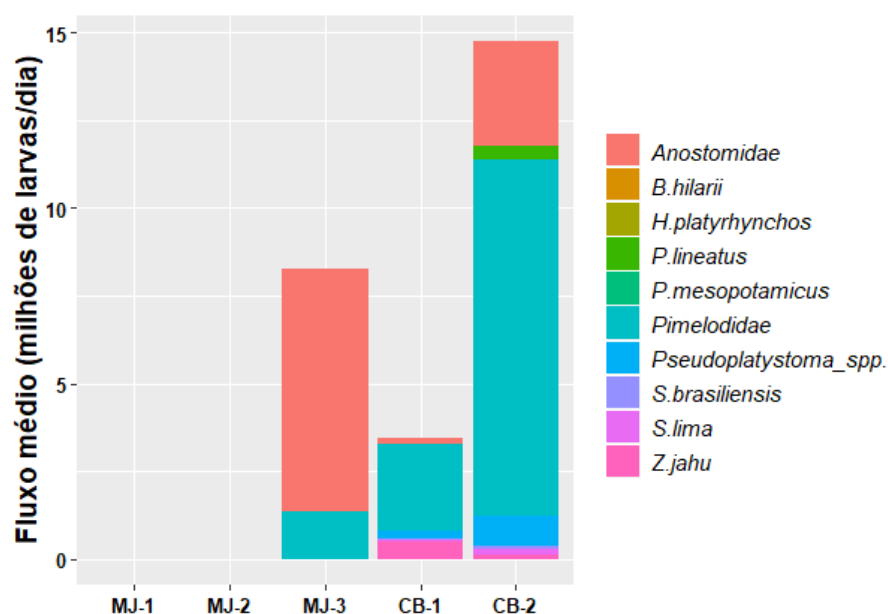


Figura 5.32. Proporção do fluxo médio de larvas de peixes das famílias e espécies alvo (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá entre outubro de 2002 e março de 2004.

5.2.3.3. Rio Mutum

No ponto rio Mutum, o fluxo de ovos não diferiu significativamente entre os ciclos reprodutivos, embora tenha sido quase 25% maior em 2018/2019, quando comparado a 2017/2018 ($p=0,87$) (Figura 5.33). O fluxo de larvas em 2018/2019, por outro lado, equivaleu a menos de 20% do fluxo em 2017/2018 e esta diferença foi estatisticamente significativa ($p<0,01$) (Figura 5.33).

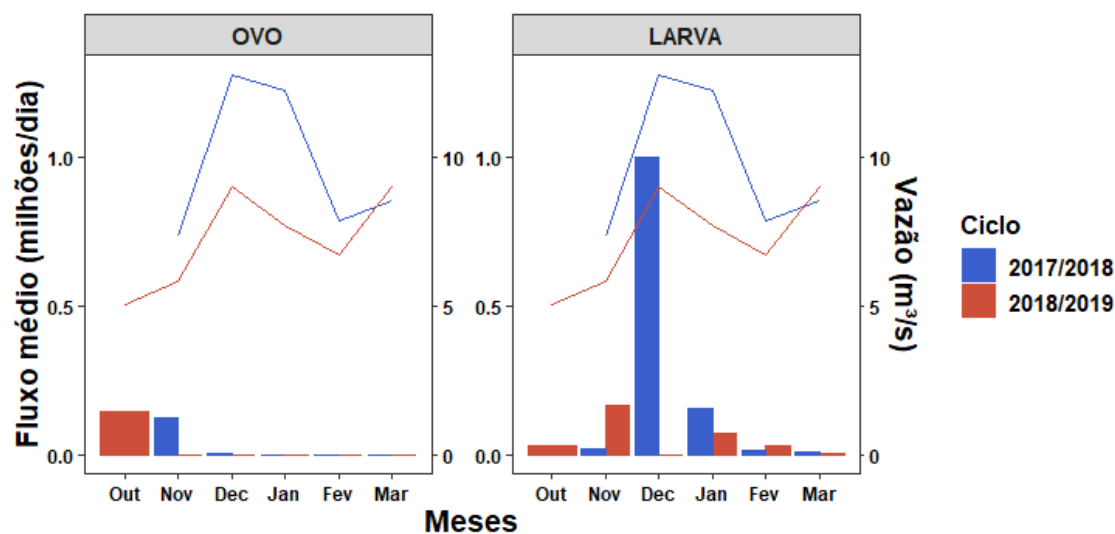


Figura 5.33. Fluxo médio diário de larvas (milhões/dia) de peixes e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos – outubro a março) no rio Mutum, sub-bacia do rio Cuiabá, entre outubro de 2017 a março de 2019.

Neste ponto, o fluxo de ovos não foi significativamente diferente, nem entre os horários ($D=8,03$; $p=0,08$), nem entre os estratos ($D=3,54$; $p=0,14$) (Figura 5.34). Por outro lado, o fluxo de larvas foi significativamente maior às 0:00 horas ($D=21,51$; $p<0,01$), porém não houve diferença significativa entre os estratos ($D=4,20$; $p=0,23$) (Figura 5.34).

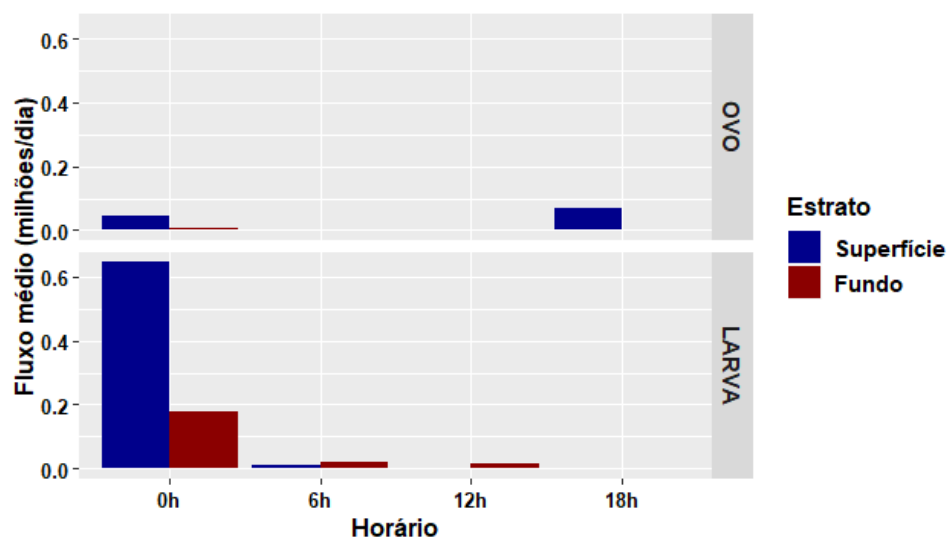


Figura 5.34. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimado para os diferentes estratos e horários no rio Mutum, sub-bacia do rio Cuiabá, entre outubro de 2017 e março de 2019.

Quanto à composição taxonômica, no rio Mutum foram registrados 30 táxons, sendo 15 identificados ao nível de gênero ou espécie (Tabela 5.13 apêndices). Larvas das famílias Characidae e Curimatidae, foram as que apresentaram maiores fluxos médio diários e, entre os táxons, não foram encontradas nenhum pertencente às espécies alvo, somente à família Anostomidae.

Clivagem inicial (CI) e EI foram os únicos estágios do desenvolvimento embrionário registrados para os ovos capturados no rio Mutum, assim como as larvas de Anostomidae, encontradas apenas em estágios de PF e FL (Figura 5.35).

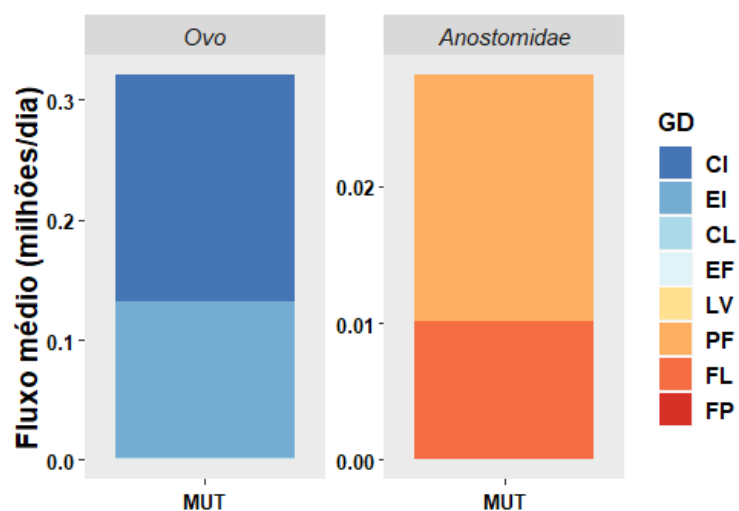


Figura 5.35. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo no rio Mutum, sub-bacia do rio Cuiabá entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV= larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

As estimativas da distância máxima da área de desova, a partir do ponto de amostragem, são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e Figuras 5.36 e 5.37. Analisando os ovos, foi possível estimar uma distância de cerca de até 60 km a montante (Figura 5.36), enquanto os Anostomidae desovaram à aproximadamente 70 km do ponto de amostragem (Figura 5.37).

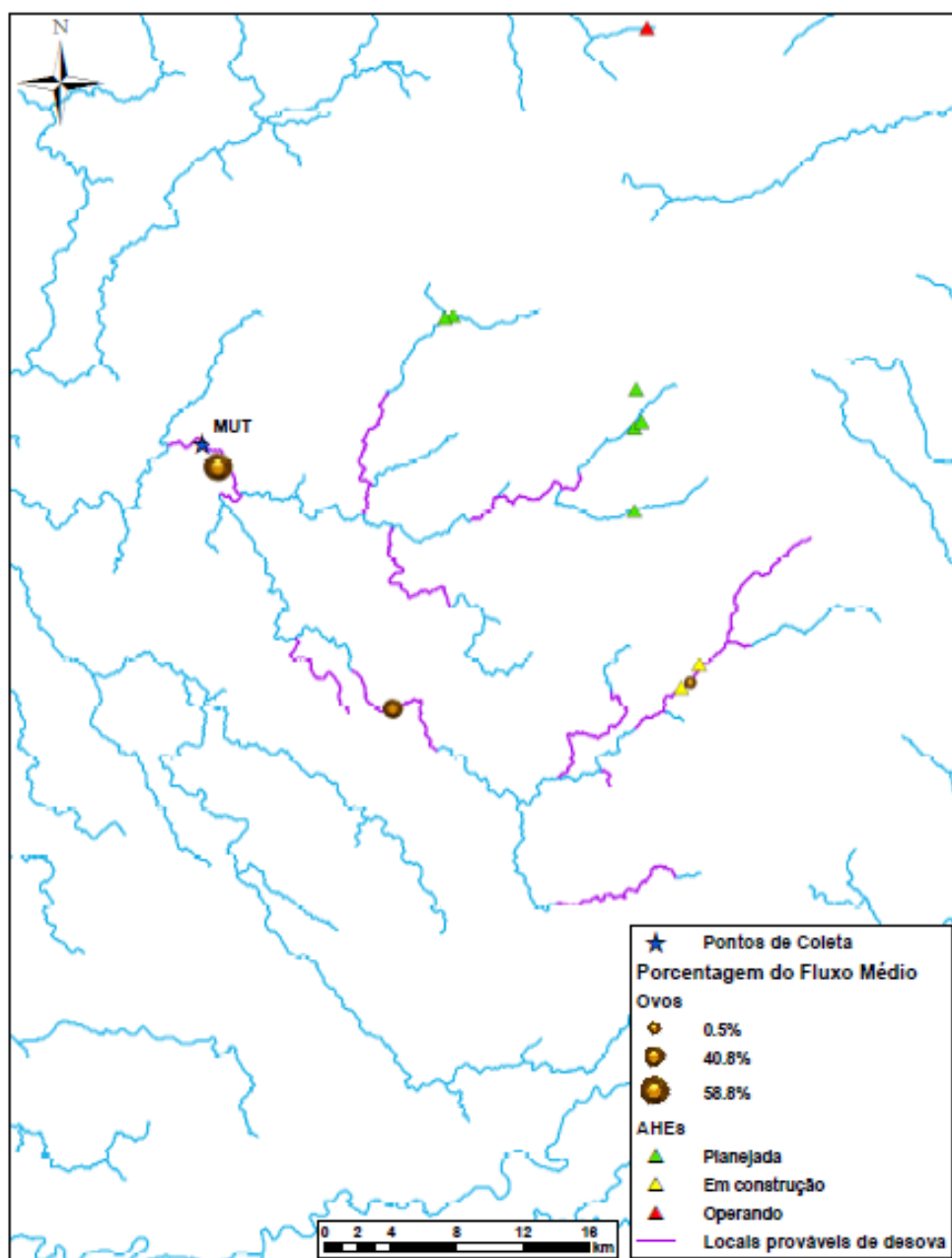


Figura 5.36. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de peixes no rio Mutum, sub-bacia do rio Cuiabá utilizando como variáveis, o fluxo de ovos, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento embrionário e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de ovos de peixes.

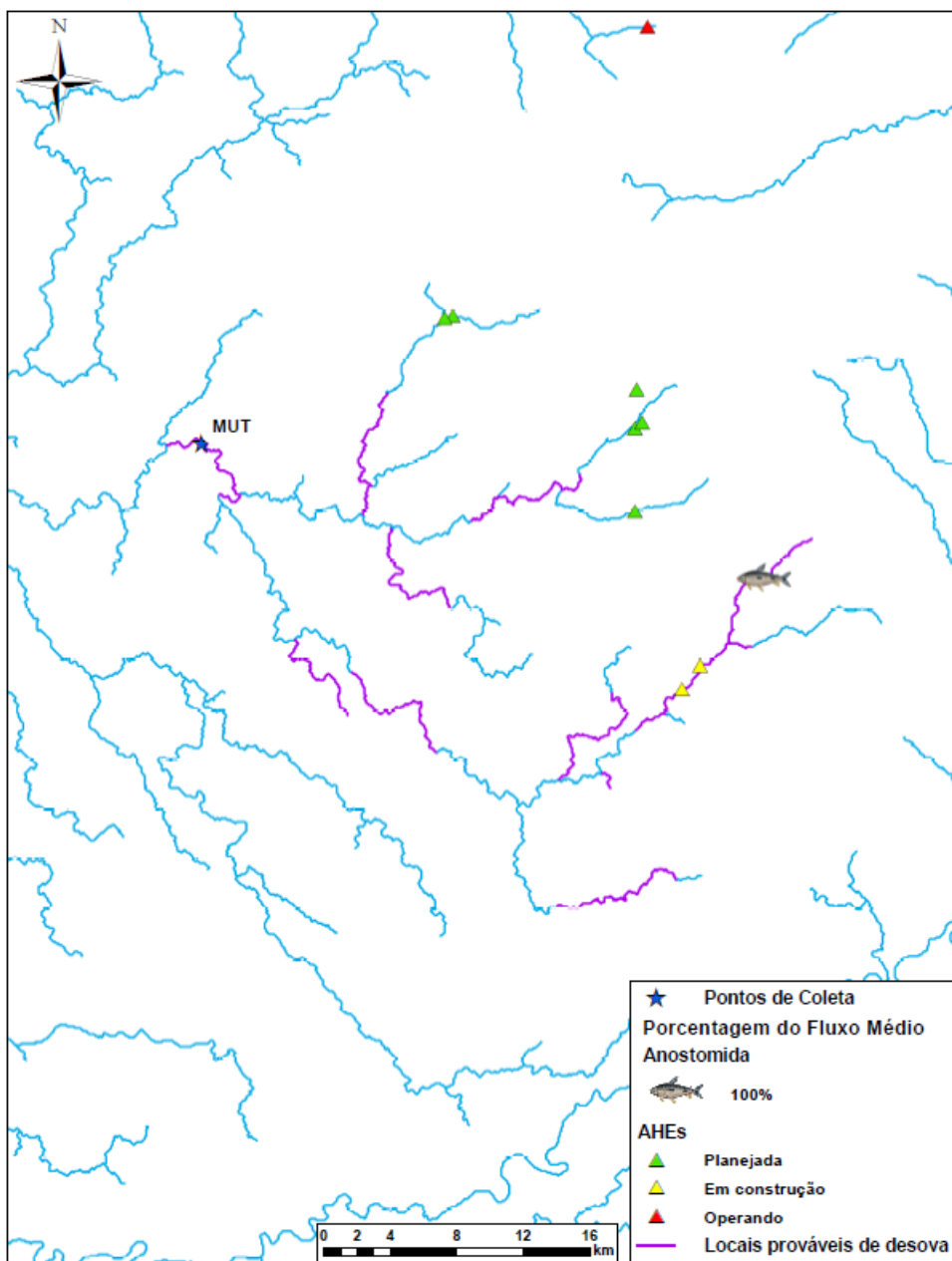


Figura 5.37. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Anostomidae no rio Mutum, sub-bacia do rio Cuiabá utilizando como variáveis o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Anostomidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Anostomidae.

5.2.4. Sub-bacia do rio São Lourenço

5.2.4.1. Distribuição espaço-temporal

O fluxo médio de ovos foi significativamente diferente entre os locais ($D = 653,2$; $p < 0,001$) na sub-bacia do rio São Lourenço (Figura 5.38). O maior fluxo médio diário foi registrado no ponto VER2, com mais de 25 milhões de ovos/dia, seguido de SALO e VER1, com 11,27 e 10,25 milhões ovos/dia, respectivamente. Por outro lado, os pontos PPD e ANHU (0,18 e 0,01 milhões

de ovos/dia) foram os que apresentaram os menores fluxos. No PRAT e no IBO não foi registrada a ocorrência de ovos (Figura 5.38).

Para as larvas, o fluxo médio também foi significativamente diferente entre os locais ($D = 471,4$; $p < 0,001$), com maiores valores no VER1 (11,45 milhões de larvas/dia) e VER2 (5,59 milhões de larvas/dia). Novamente, nos pontos PRAT e IBO não foram registradas nenhuma ocorrência de larvas e os menores fluxos ocorreram no TAM, POP, TAD e ANHU (Figura 5.38).

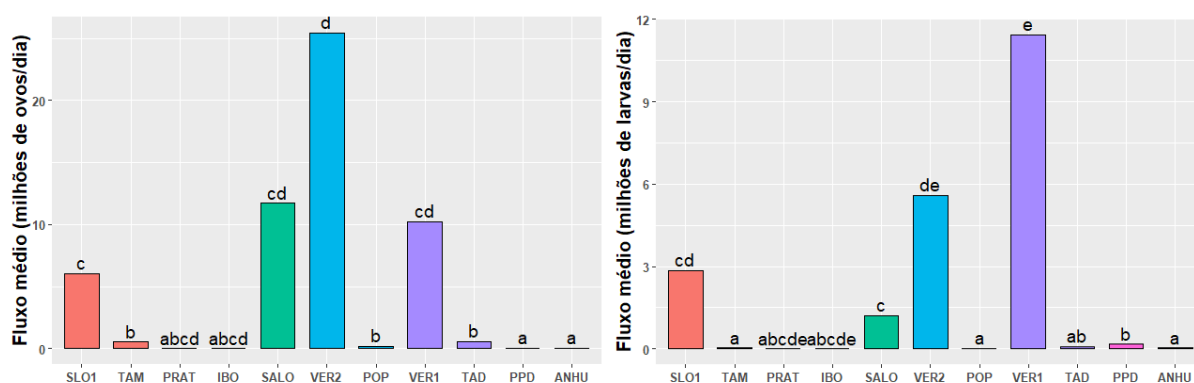


Figura 5.38. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia), nos pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019. Letras iguais indicam ausência de diferença significativa.

Para esta sub-bacia não foi realizada a análise comparativa de fluxos entre os ciclos, pois não há coincidência dos pontos amostrais. Observando a distribuição do fluxo entre os meses, é possível verificar que os ovos e larvas ocorreram, principalmente, entre outubro e fevereiro, com destaque para o mês de novembro (Figuras 5.39 e 5.40).

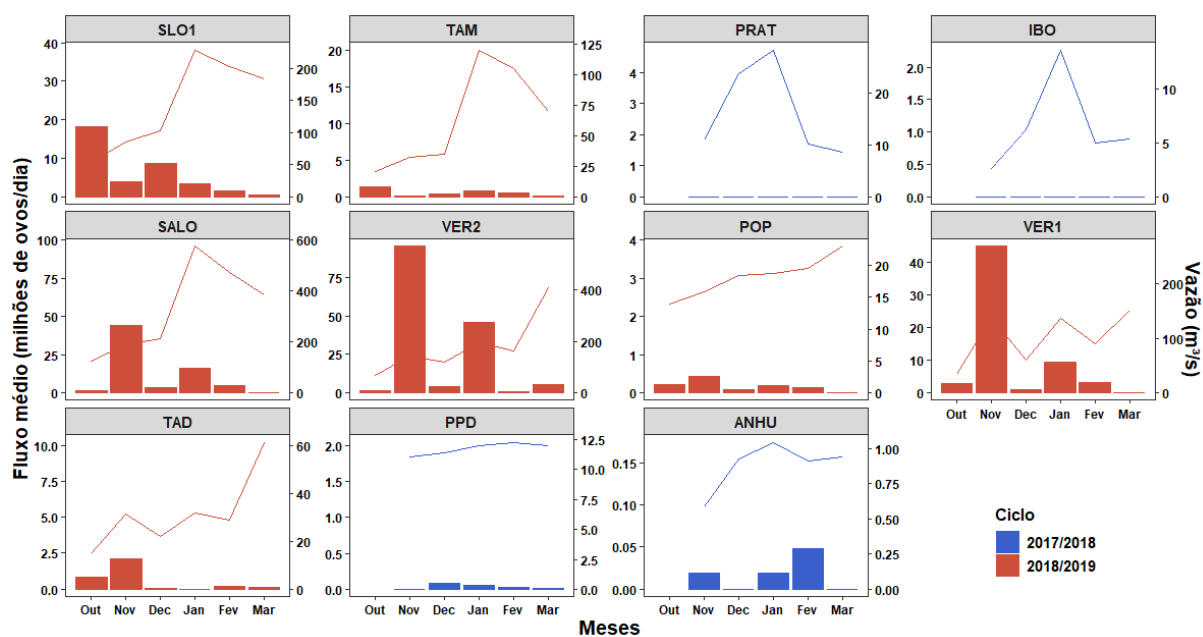


Figura 5.39. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

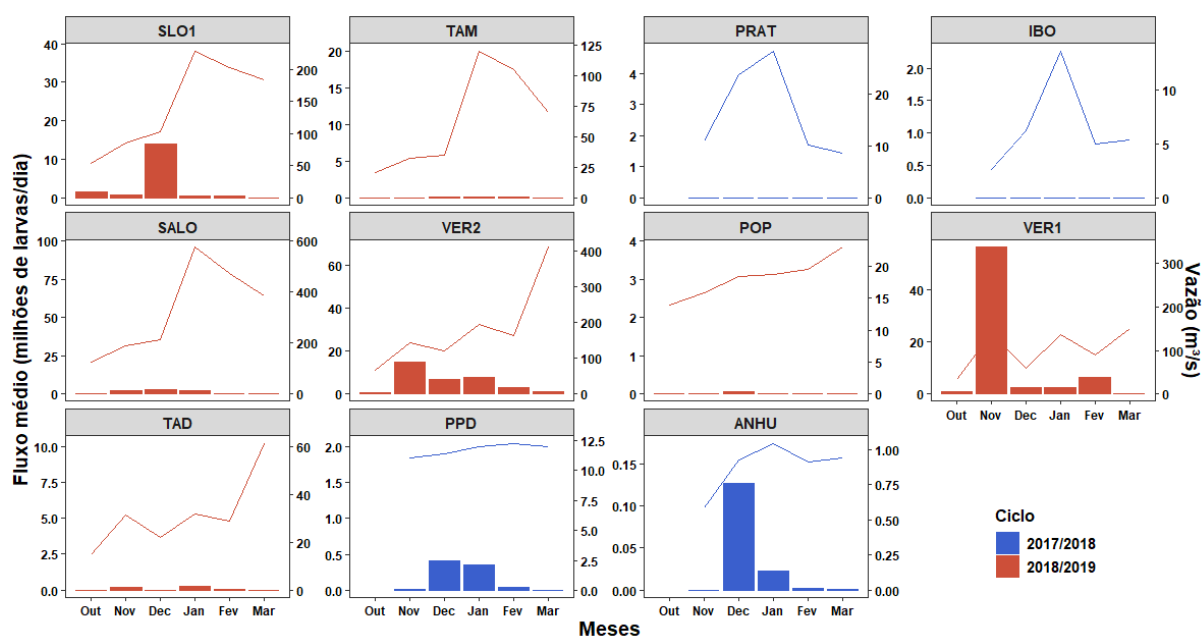


Figura 5.40. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Quanto à variação diária, observa-se que tanto o fluxo de ovos, quanto o fluxo de larvas não diferiram significativamente entre os horários ($D= 100,16$; $p=0,05$ e $D= 86,40$; $p=0,86$, respectivamente), nem entre os estratos ($D= 94,17$; $p=0,20$ e $D= 85,70$; $p=0,90$, respectivamente), ou seja, foram homogeneamente distribuídos ao longo do ciclo nictemeral (Figura 5.41).

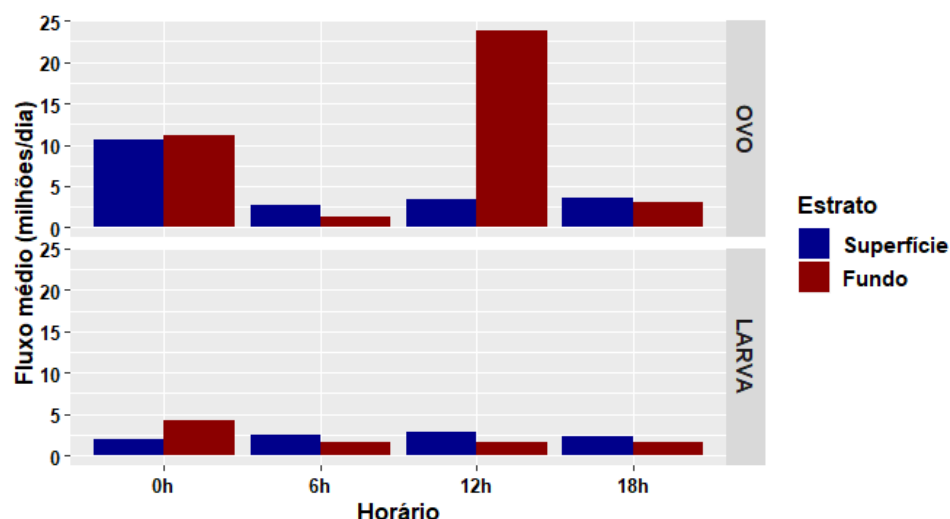


Figura 5.41. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia estimados para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.4.2. Composição taxonômica

Na Tabela 5.15 (apêndices) é apresentada a composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do rio São Lourenço. Foram identificados 33 táxons, dos quais 22 foram identificados ao nível de gênero ou espécie. O ponto SLO1 apresentou o maior número de táxons, 19, enquanto no TAD, apenas quatro foram registrados. Nos pontos dos rios PRAT e IBO, nenhum táxon foi registrado. Larvas de Pimelodidae e Anostomidae foram as que apresentaram maiores fluxos médios diários. A estrutura da assembleia de larvas diferiu significativamente entre os pontos amostrais desta sub-bacia (Pseudo-F= 9,9; $p < 0,01$), especificamente as estruturas do agrupamento Ponte e do Vermelho1 e Vermelho2 (Tabela 5.16).

Tabela 5.16. Valores de comparação par-a-par a posteriori da PERMANOVA realizada para testar se existe diferença na estrutura da assembleia de larvas nos agrupamentos de pontos da sub-bacia do rio São Lourenço. Agrupamentos: TAM= SLO1 e TAM; Ponte= ANHU e PPD; Vermelho2= POP e VER2 ; SALO=SALO; Vermelho1= TAD e VER1. Os pontos amostrais PRAT e IBO não entraram nas análises, pois não apresentaram fluxo de larvas. Em vermelho valores significativos de p.

Pares	Pseudo-F	Valor de p
Ponte X SALO	1,90	0,07
Ponte X TAM	2,47	0,07
Ponte X Vermelho1	3,13	0,04
Ponte X Vermelho2	4,76	0,02
SALO X TAM	0,99	1,00
SALO X Vermelho1	1,35	1,00
SALO X Vermelho2	2,15	0,12
TAM X Vermelho1	0,83	1,00
TAM X Vermelho2	1,53	1,00
Vermelho1 X Vermelho2	0,96	1,00

A PCoA1 separou a centroeide da estrutura dos agrupamentos Ponte e TAM da estrutura do Vermelho1 e Vermelho2 (Figura 5.42). A nuvem de pontos do agrupamento Ponte ficou restrita aos valores negativos deste eixo, ficando visivelmente distinta dos pontos de Vermelho1 e Vermelho2, mas não dos demais, corroborando os resultados da Tabela 5.14. SALO, embora tenha recebido valores positivos da PCoA2, apresentou pontos dispersos, não apresentando segregação clara (Figura 5.42). Os táxons mais correlacionados à ordenação foram, no eixo 1, *Tatia neivai* e *Moenkhausia lopesi*, justamente no agrupamento Ponte e, no eixo 2, Anostomidae. Essa família também foi um dos grupos taxonômicos com maior contribuição em fluxo de larvas (milhões/dia), ficando atrás apenas de Pimelodidae, *H. platyrhynchos*, *R. vulpinus* e *P. lineatus* (Figura 5.42 e Tabela 5.15, apêndices).

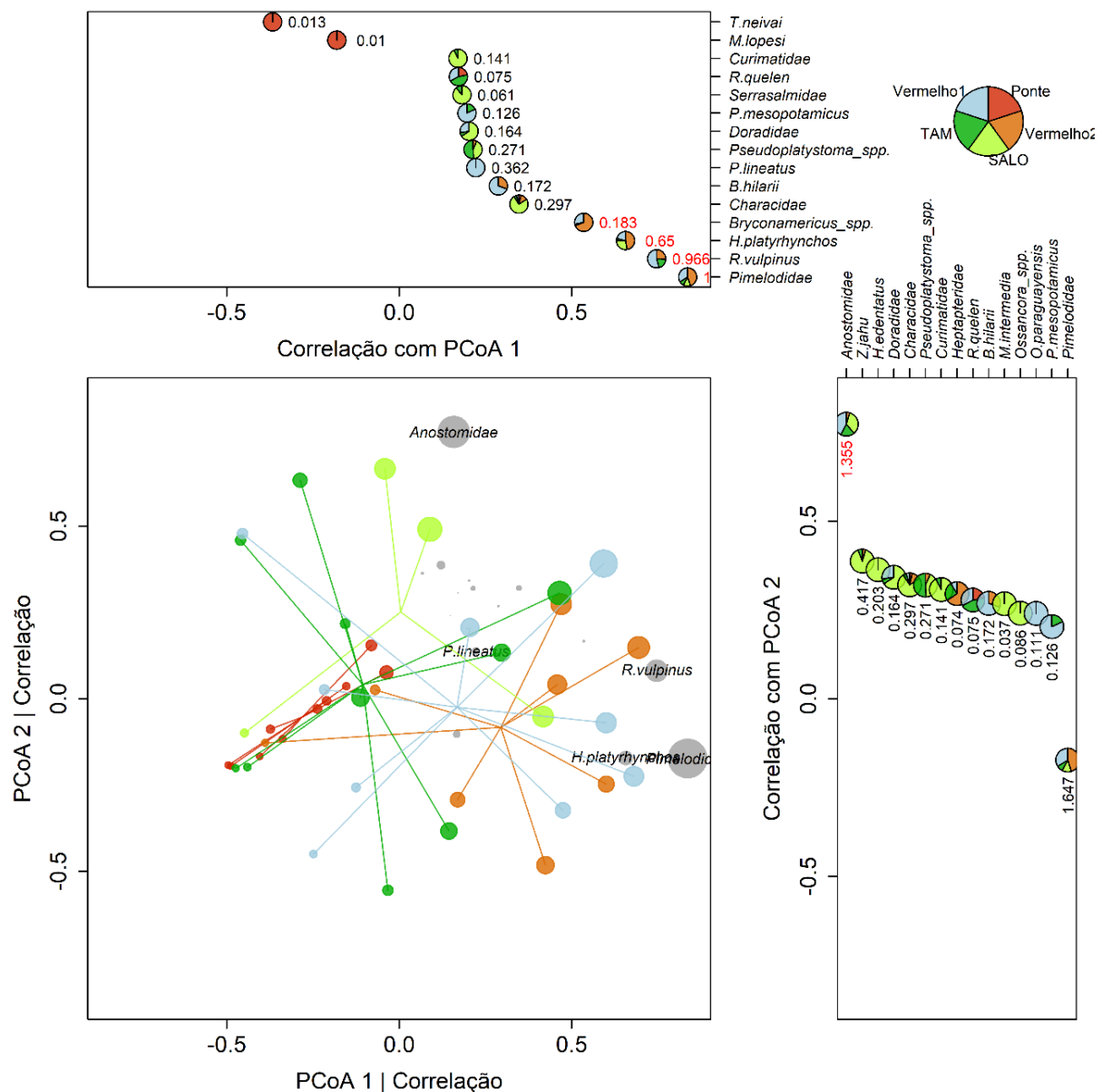


Figura 5.42. Ordenação gerada pela PCoA aplicada à estrutura da assembleia de larvas (identificada ao menos até o nível de família) nos diferentes agrupamentos dos pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço. Foram plotados os nomes dos táxons com maior contribuição relativa (em fluxo de larvas/dia). Os gráficos periféricos indicam o valor da correlação do fluxo de cada táxon com cada eixo da PCoA. Os setores indicam a proporção dos fluxos médios em cada agrupamento de pontos, sendo o fluxo médio expresso adjacente aos setores. Os valores de fluxo médio plotados em vermelho representam as correlações que foram significativas com o referido eixo. Agrupamentos: TAM= SLO1 e TAM; Ponte= ANHU e PPD; Vermelho2= POP e VER2 ; SALO=SALO; Vermelho1= TAD e VER1. Os pontos amostrais PRAT e IBO não entraram na ordenação, pois não possuíram fluxo de larvas.

Entre as larvas capturadas nesta sub-bacia foram encontradas seis de espécies alvo (*B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. mesopotamicus*, *P. lineatus*, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu*), além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.15, apêndices; Figura 5.43).

Os maiores fluxos médios de larvas de espécies alvo, incluindo Anostomidae e Pimelodidae, foram observados nos pontos VER1 e VER2, com mais de 5 milhões de larvas/dia, pertencentes principalmente, a Pimelodidae e Anostomidae, além de *P. lineatus* e *H. platyrhynchos* (Figura 5.43). Consideráveis valores de fluxo médio também foram verificados nos pontos SLO1, com destaque para Anostomidae e *Pseudoplatystoma* spp., e SALO, com Anostomidae, *H. platyrhynchos* e *Z. jahu*. Nos pontos PRAT e IBO não foram encontradas larvas de nenhuma espécie alvo (Figura 5.43).

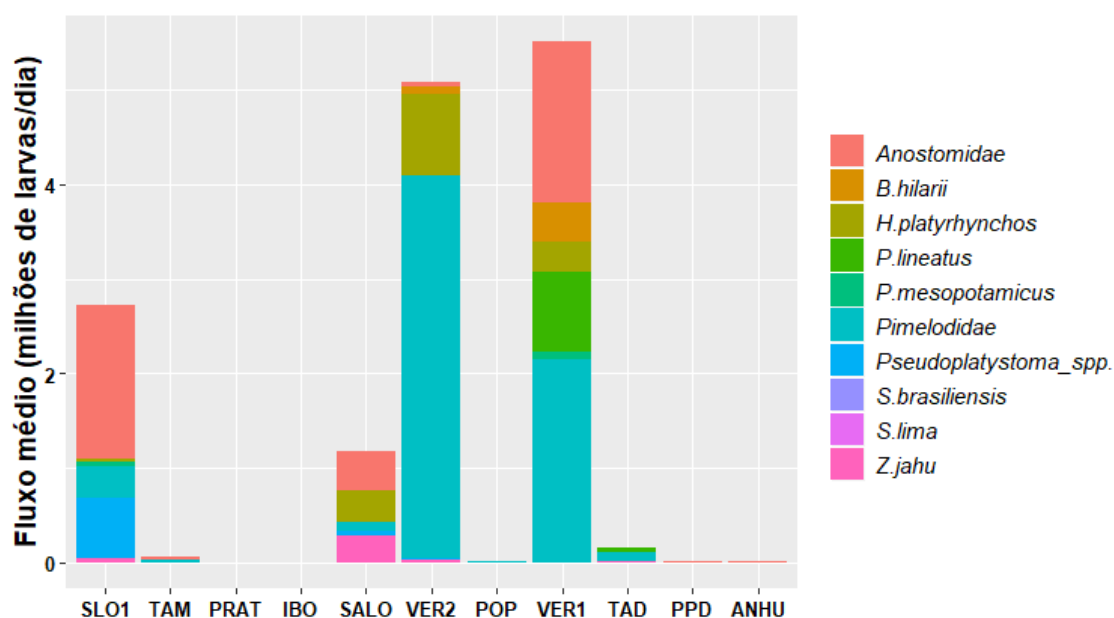


Figura 5.43. Proporção do fluxo médio de larvas das famílias e espécies alvo (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.4.3. Estimativas das áreas de desova

Todos os estágios de desenvolvimento embrionário foram registrados nesta sub-bacia, com destaque para ovos em CI, enquanto para os estágios larvais, não houve ocorrência do estágio FP, e a predominância foi de LV e PF (Figura 5.44). Larvas de *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Z. jahu* foram encontradas em LV, PF e FL, enquanto Anostomidae e *B. hilarii* em LV e PF. *Piaractus mesopotamicus*, *P. lineatus* e *Pseudoplatystoma* spp. ocorreram apenas em LV (Figura 5.44).

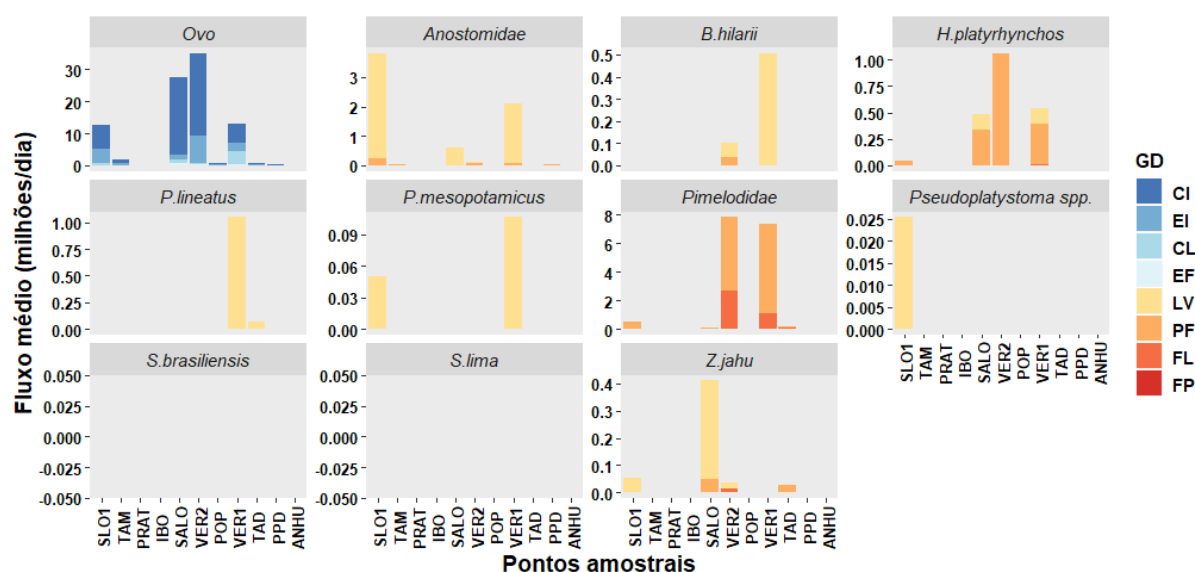


Figura 5.44. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo nos pontos amostrais na sub-bacia do rio São Lourenço, entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV= larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

Para a estimativa das áreas de desova foram consideradas as ocorrências, nos diferentes pontos de amostragem, dos ovos e larvas, nos diferentes estágios de desenvolvimento, conforme apresentado na Figura 5.45. Na Tabela 5.11 (apêndices) são apresentadas as estimativas das distâncias máximas dos pontos de coleta aos potenciais locais de desova.

Ovos. À exceção dos pontos PRAT e IBO, em todos os demais pontos foram encontrados ovos não identificados em diferentes estágios de desenvolvimento (Figura 5.45), sendo assim, uma evidência de que as áreas a montante dos pontos amostrais são locais de desova de várias espécies, incluindo possivelmente as espécies alvo. Considerando os pontos do rio São Lourenço, é possível estimar a distância da desova em 50,5 km a montante do ponto TAM, 60,5 km acima do SLO1 e 60,4 km acima do ponto SALO (Figura 5.45). Nos pontos VER1 e TAD, as distâncias foram de 70,3 e 60,4 km, respectivamente, enquanto no VER2 e POP, essas foram de 60,6 e 30,3 km (Figura 5.45). As menores distâncias foram encontradas a partir dos pontos ANHU (30,2 km) e PPD (10,0 km) (Figura 5.45).

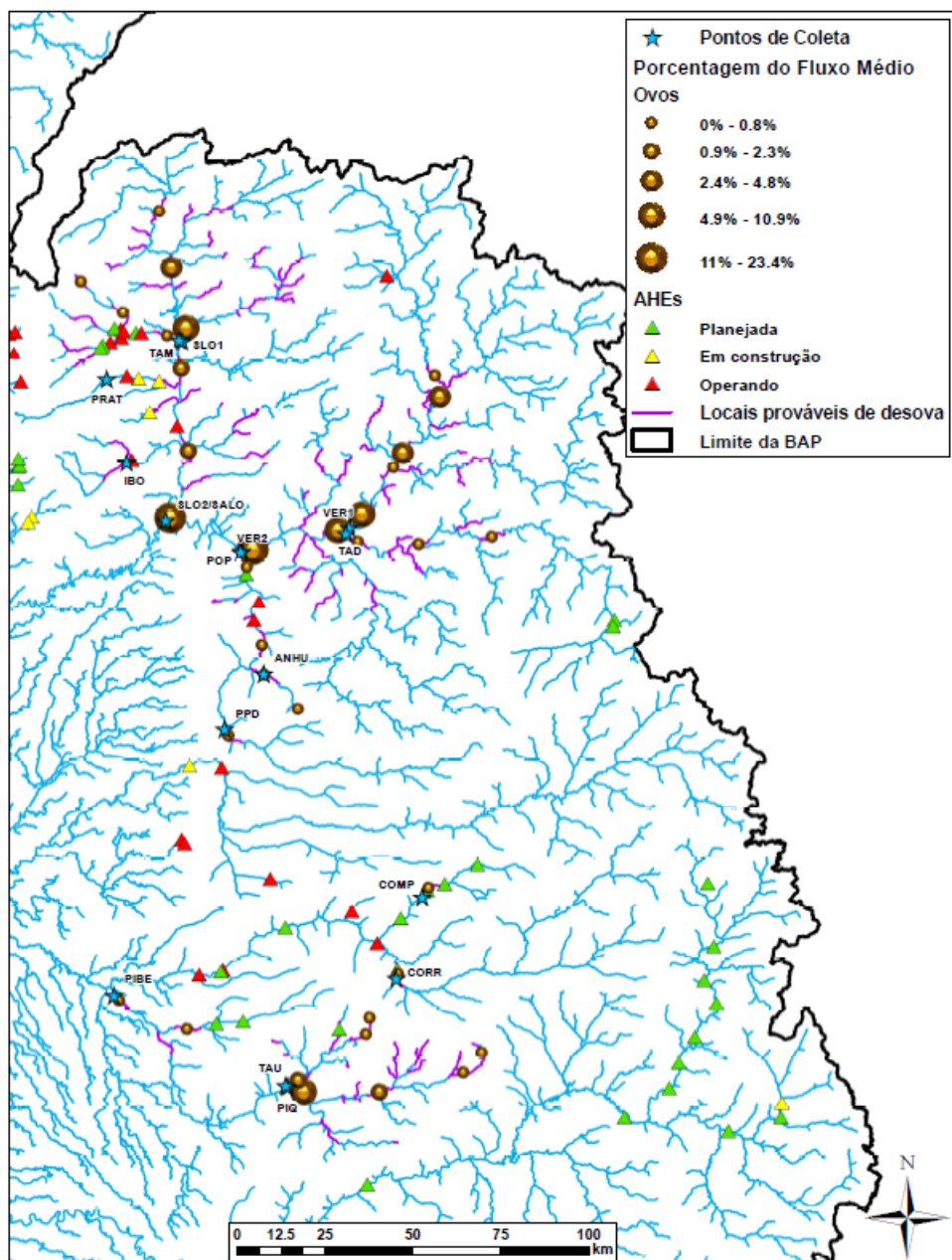


Figura 5.45. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de peixes nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de ovos, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento embrionário e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de ovos de peixes.

Characiformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons Anostomidae, *B. hilarii*, *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* pertencentes a ordem Characiformes são apresentadas na Tabela 5.11 apêndices e nas Figuras 5.46 a 5.49.

Nos pontos TAM e SALO, apenas larvas de Anostomidae foram registradas, e as distâncias máximas estimadas para as potenciais áreas de desova foram de 50,5 km e 80,6 km, respectivamente, enquanto no ponto SLO1 foi estimada à 120,7 Km para Anostomidae e 80,5 km para *P. mesopotamicus*.

A montante do ponto VER1 ocorreram as desovas de Anostomidae a 171 km, *B. hilarii* a 60,4 km e *P. lineatus* e *P. mesopotamicus* a 80,6 km. Em TAD, somente larvas de *P. lineatus* foram analisadas e as estimativas são de 80,5 km a montante. A montante do ponto VER2 foram estimadas as áreas de desova de Anostomidae a 211,4 km e *B. hilarii* a 121 km, enquanto nos pontos POP, ANHU e PPD as desovas de Anostomidae foram estimadas até 160,9, 30,2 e 37,2 km a montante.

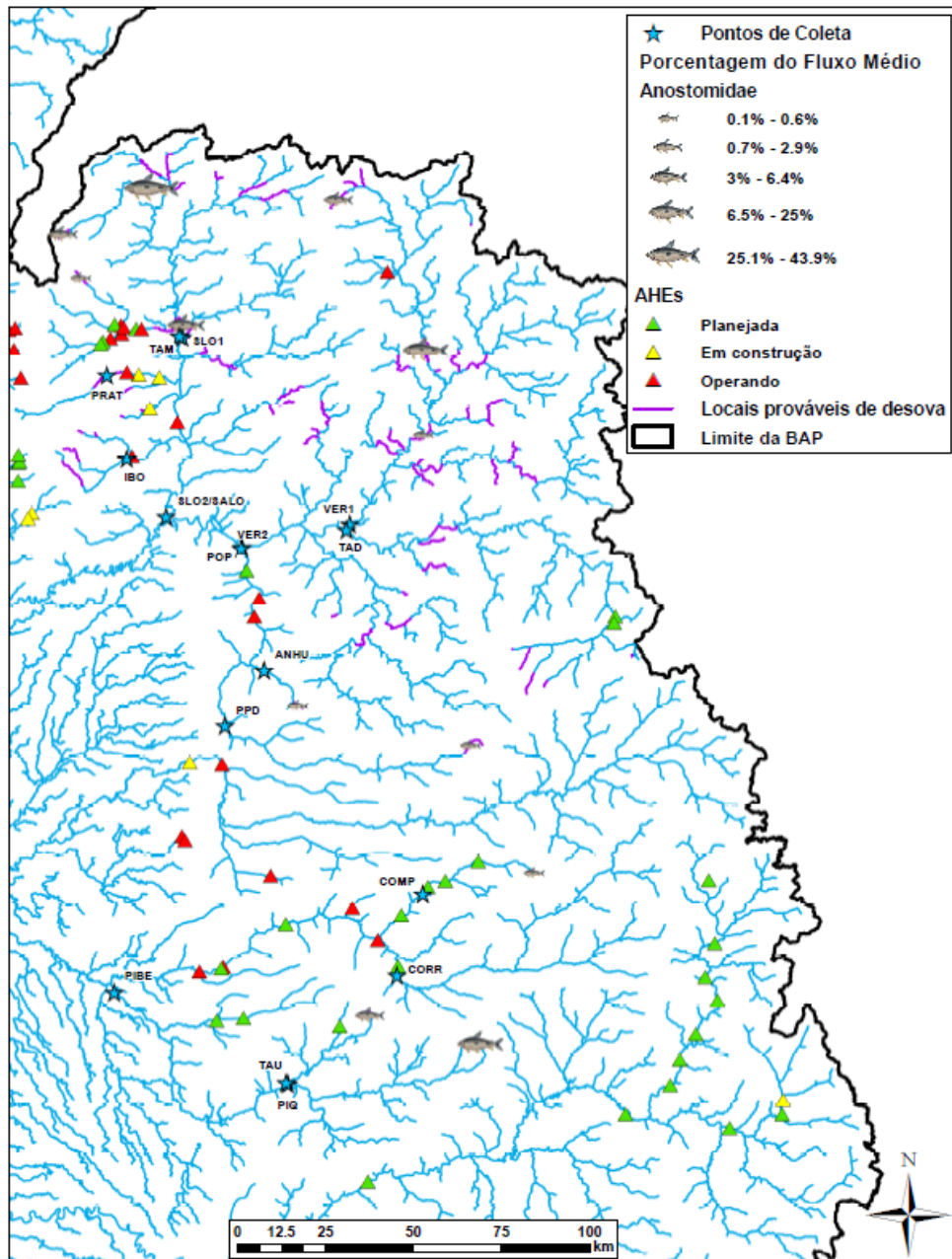


Figura 5.46. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Anostomidae nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Anostomidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Anostomidae.

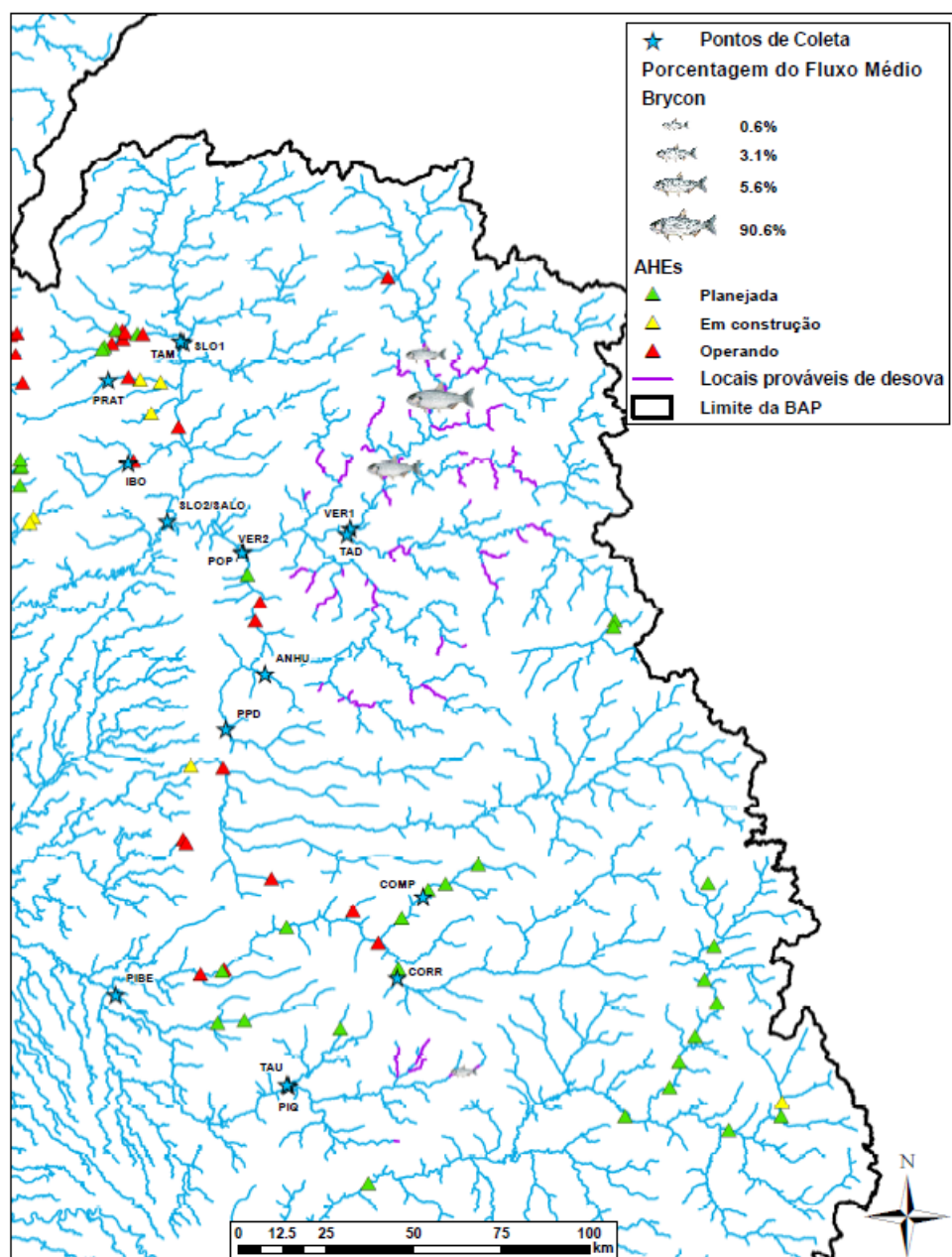


Figura 5.47. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Brycon hilarii* nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Brycon hilarii*.

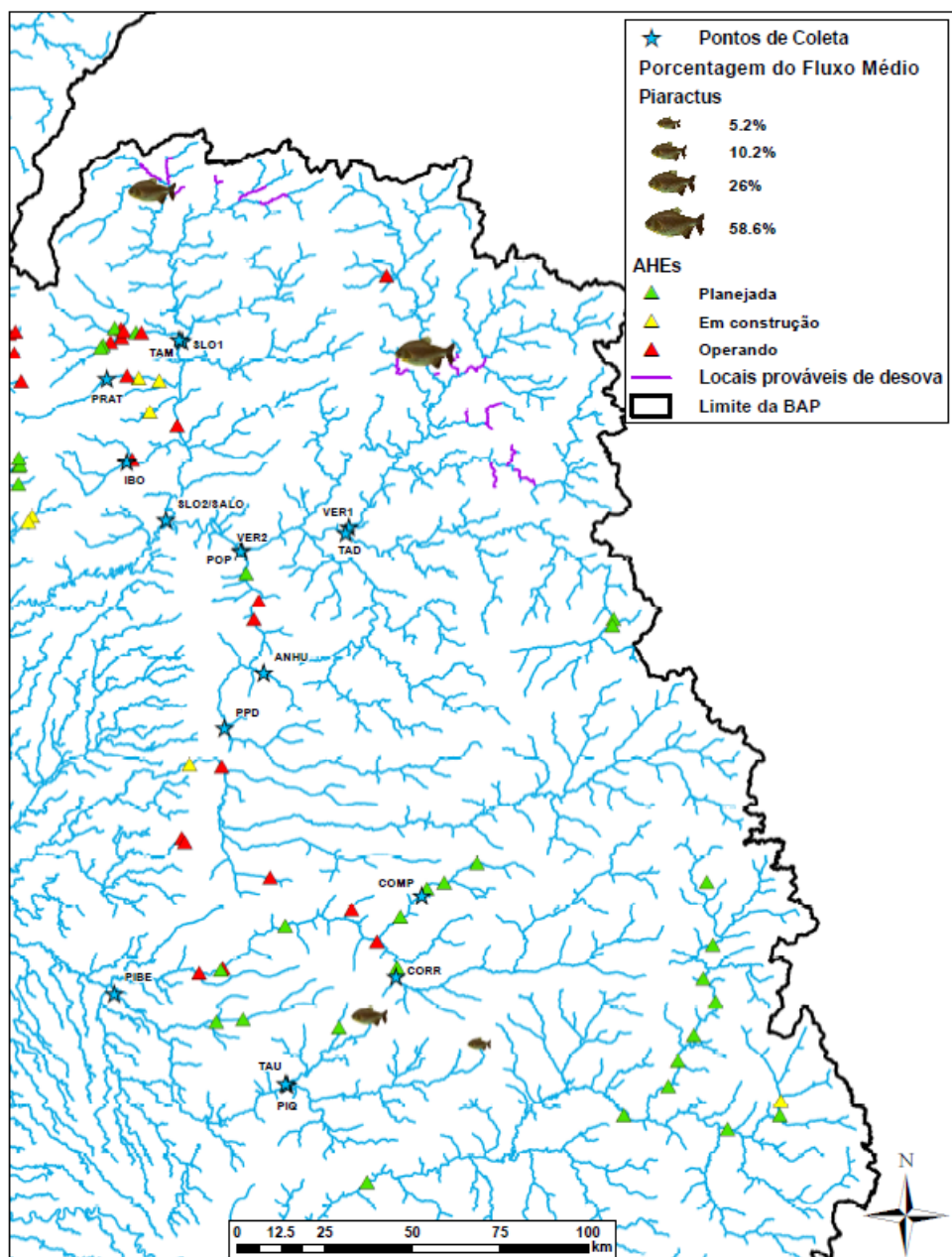


Figura 5.48. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Piaractus mesopotamicus* nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Piaractus mesopotamicus*.

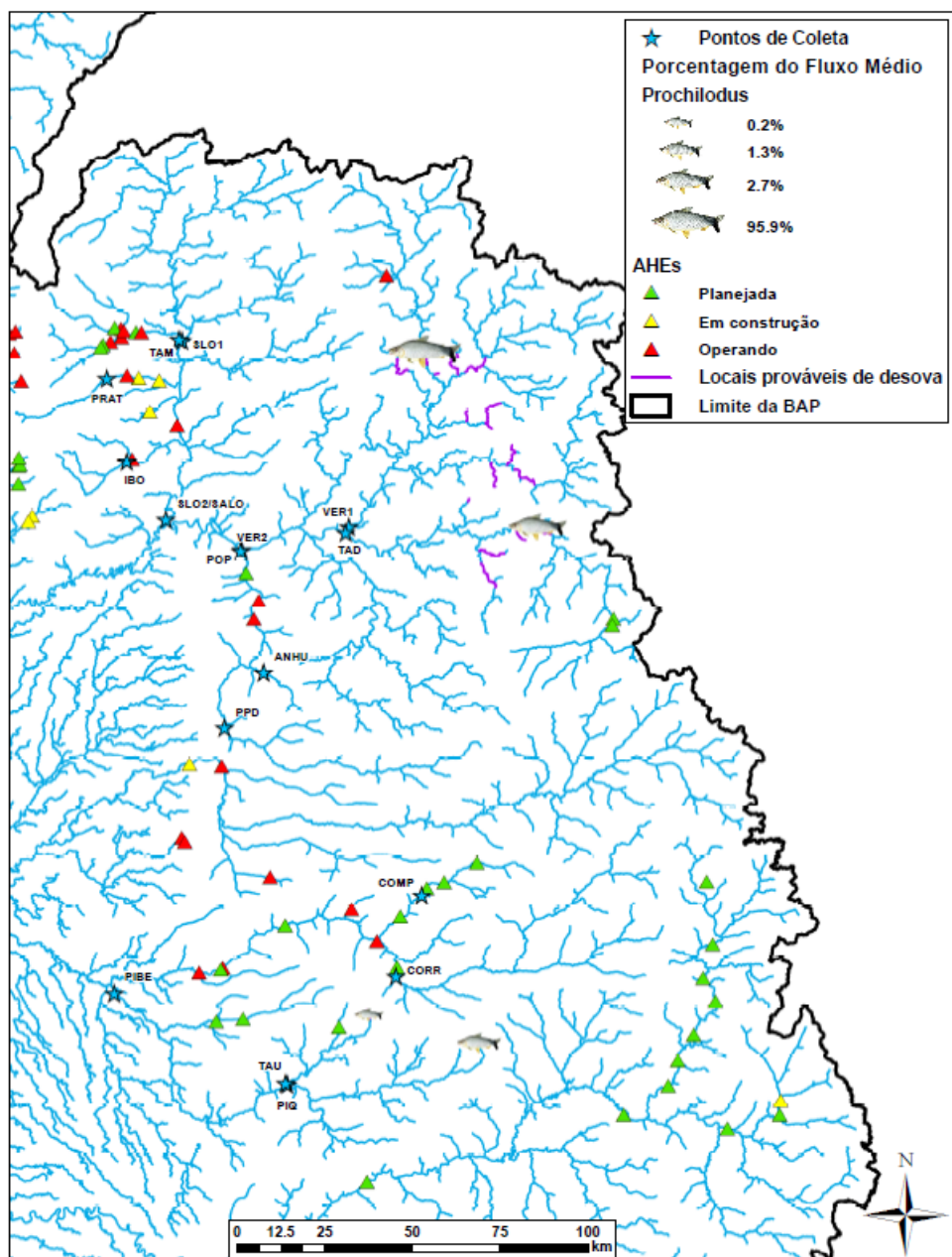


Figura 5.49. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Prochilodus lineatus* nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Prochilodus lineatus*.

Siluriformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes a ordem Siluriformes (*H. platyrhynchos*, Pimelodidae, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu*) são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.50 a 5.53.

Em TAM, a desova de Pimelodidade foi estimada a uma distância máxima de 50,5 km a montante do ponto de coleta. No ponto SLO1 as áreas de desova de *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp., ocorreram em até 120,7 km, enquanto a de *Z. jahu* foi estimada a 70,6 km. Para o ponto SALO, as distâncias foram 141 km para *H. platyrhynchos* e Pimelodidae, 171 km para *Pseudoplatystoma* spp. e 201,1 km para *Z. jahu*.

No ponto VER1, as desovas de *H. platyrhynchos* e Pimelodidae foram estimadas a 171 km, semelhantes às de Pimelodidae e *Z. jahu* no ponto TAD. Em VER2, as áreas de desova de Pimelodidae e *Z. jahu* ocorreram em até 211,2 km a montante do ponto de amostragem, enquanto as de *H. platyrhynchos* e *Pseudoplatystoma* spp., foram 141,2 e 171 km, respectivamente.

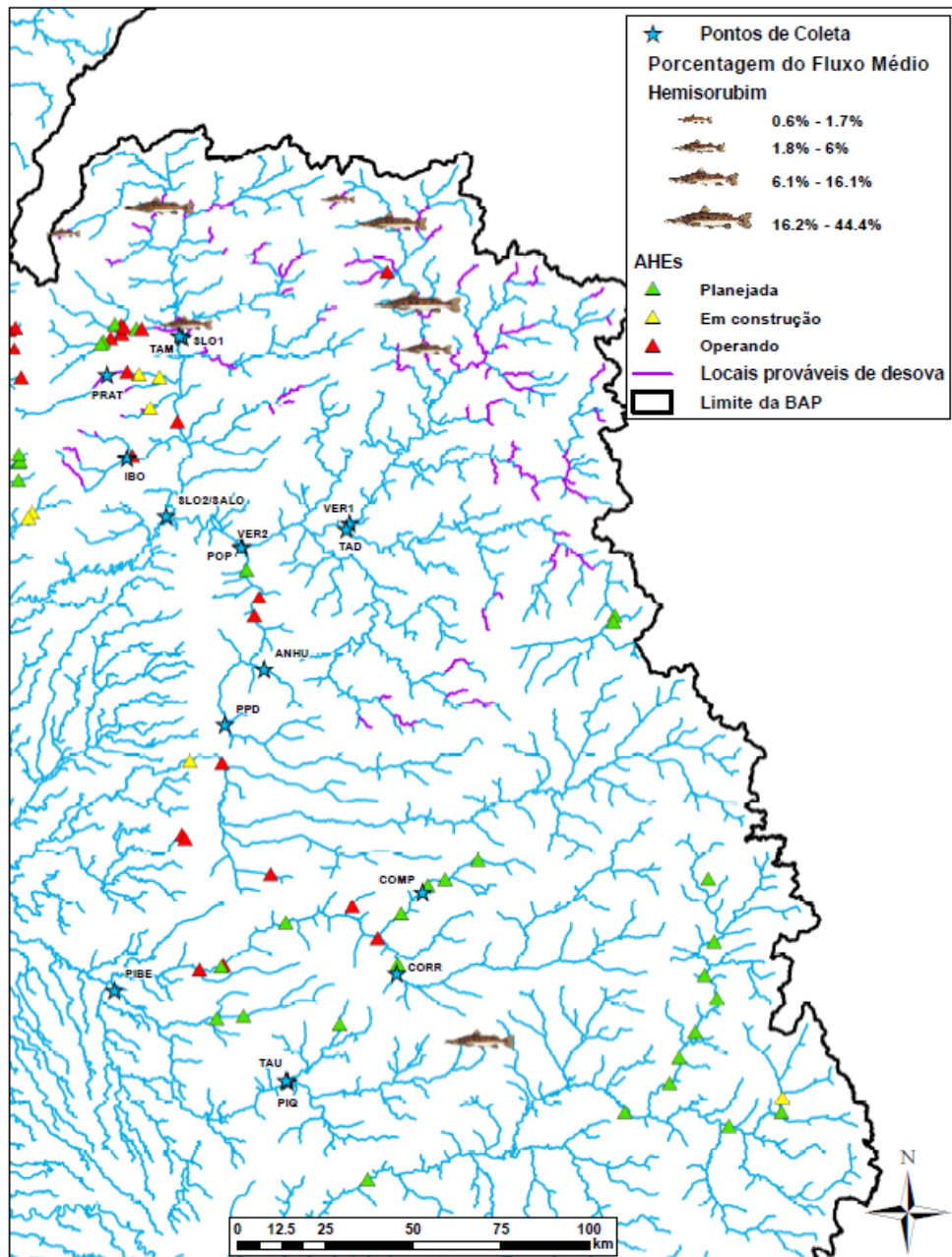


Figura 5.50. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Hemisorubim platyrhynchos* nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Hemisorubim platyrhynchos*.

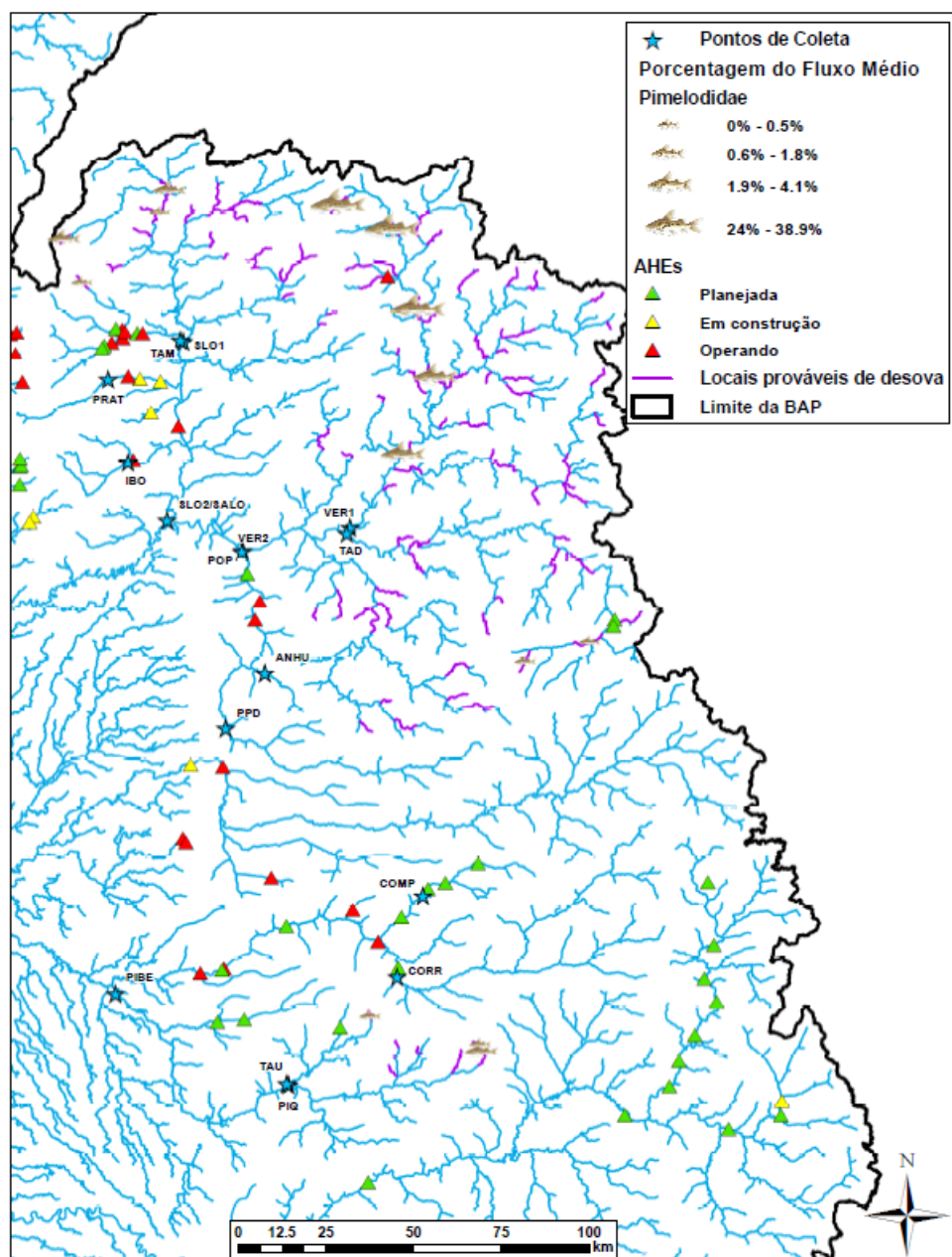


Figura 5.51. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Pimelodidae nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Pimelodidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Pimelodidae.

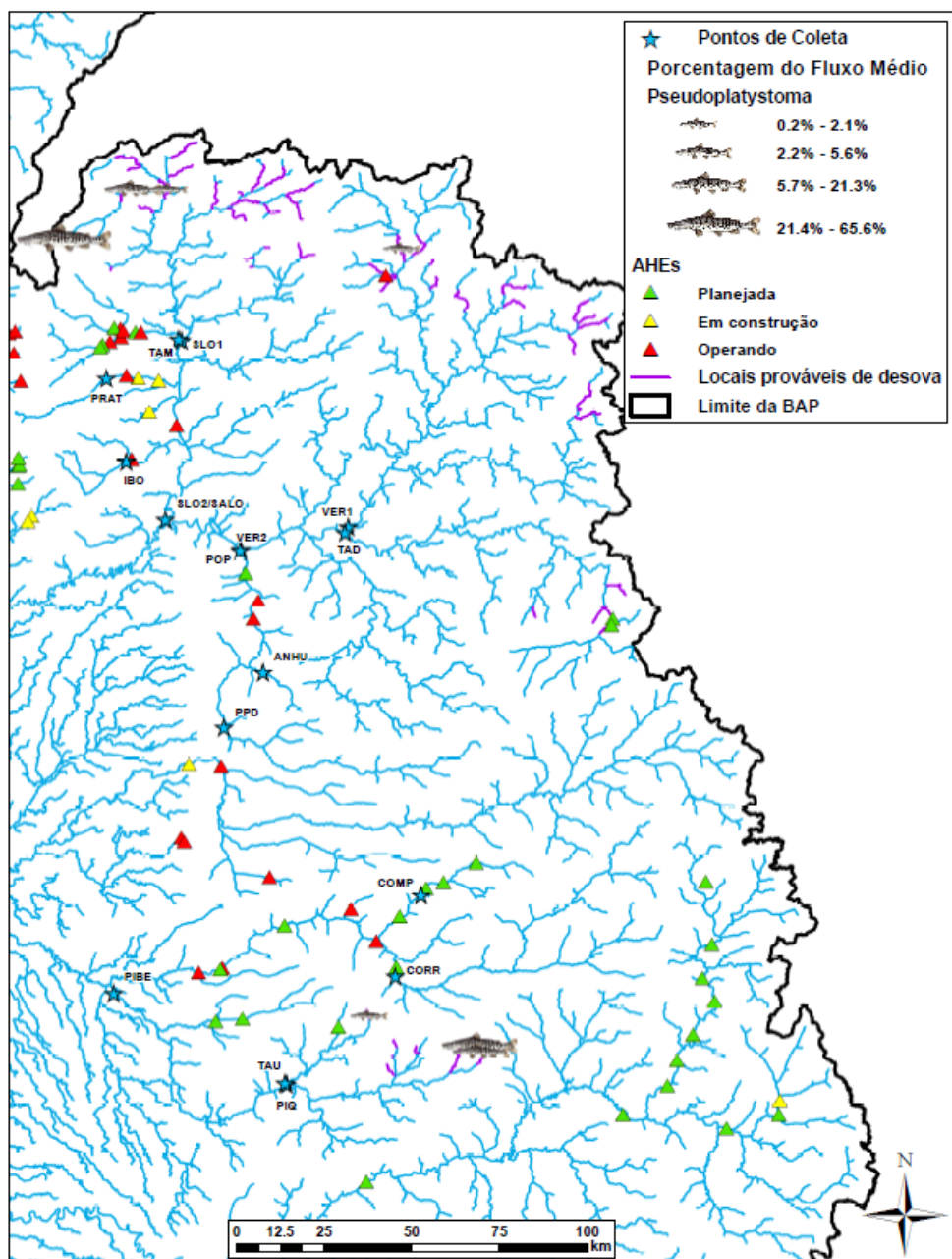


Figura 5.52. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Pseudoplatystoma* spp. nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Pseudoplatystoma* spp.

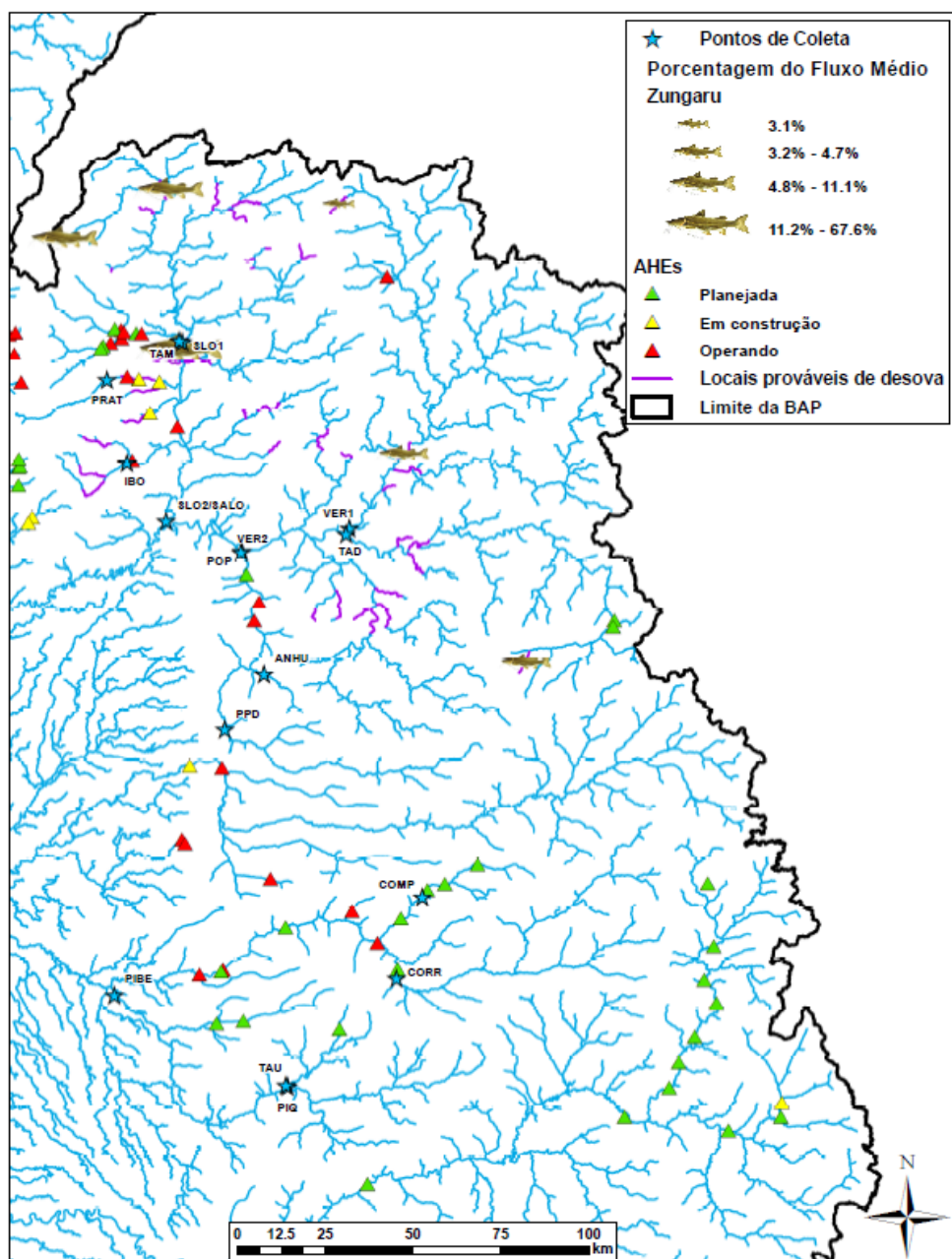


Figura 5.53. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Zungaro jahu*, nas sub-bacias dos rios São Lourenço e Piquiri utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Zungaro jahu*.

5.2.5. Sub-bacia do rio Piquiri

5.2.5.1. Distribuição espaço-temporal

O fluxo médio diário de ovos na sub-bacia do rio Piquiri foi significativamente diferente entre os locais ($D = 284,5$; $p < 0,001$), com os maiores valores no PIQ (4,95 milhões de ovos/dia), seguido do TAU (1,45 milhões de larvas/dia) (Figura 5.54). Para os demais pontos desta sub-bacia, a contribuição em fluxo de ovos foi muito pequena (Figura 5.54).

Diferenças significativas também foram observadas para o fluxo médio diário de larvas entre os locais ($D = 108,1$; $p < 0,001$), seguindo o padrão observado para o fluxo de ovos, em que maiores valores ocorreram no PIQ (1,79 milhões de larvas/dia), seguido do PIBE (0,19 milhões/dia), TAU (0,11 milhões/dia) e COMP (0,09 milhões/dia), sendo que, esses três últimos não diferiram significativamente entre si (Figura 5.54).

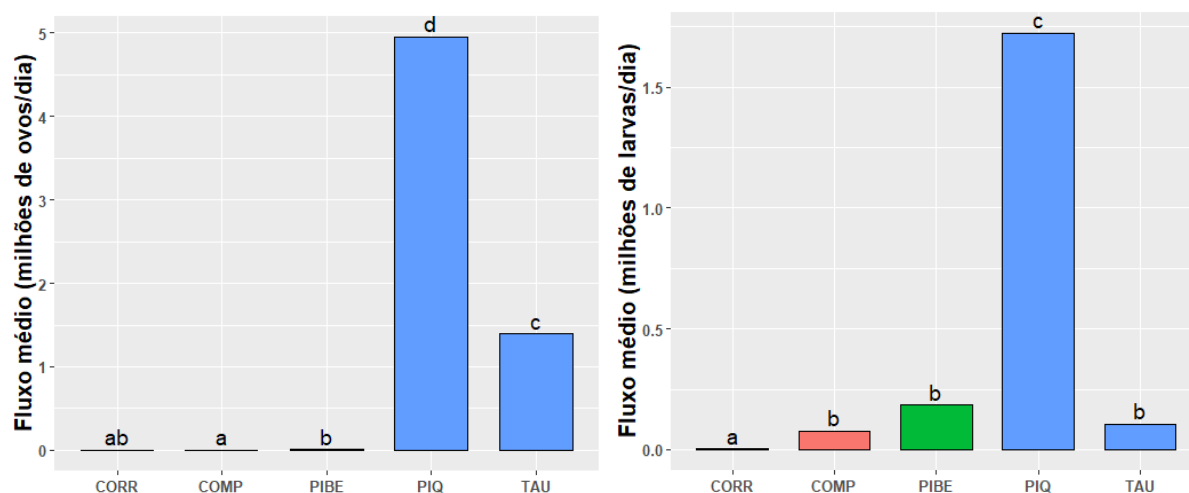


Figura 5.54. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia), nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri, entre outubro de 2017 e março de 2019. Letras iguais indicam ausência de diferença significativa.

Os maiores fluxos médios diários de ovos e larvas foram verificados entre novembro e fevereiro, com destaque para os meses de dezembro e fevereiro (Figuras 5.55 e 5.56). Não houve interação significativa entre os fatores pontos amostrais (TAU e PIQ) e ciclo reprodutivo, para o fluxo de ovos na sub-bacia do rio Piquiri ($LRT = 0,33$; $p = 0,56$), e o ciclo também não foi significativo ($LRT = 0,03$; $p = 0,85$).

Para larvas, contudo, a variação do fluxo nos ciclos reprodutivos foi dependente do ponto amostral considerado (interação entre pontos amostrais e ciclo reprodutivo: $LRT = 18,32$; $p < 0,01$). No PIQ, o fluxo de larvas em 2018/2019 equivaleu a 38% do fluxo em 2017/2018, enquanto no TAU, não houve diferença significativa entre eles ($p = 0,18$).

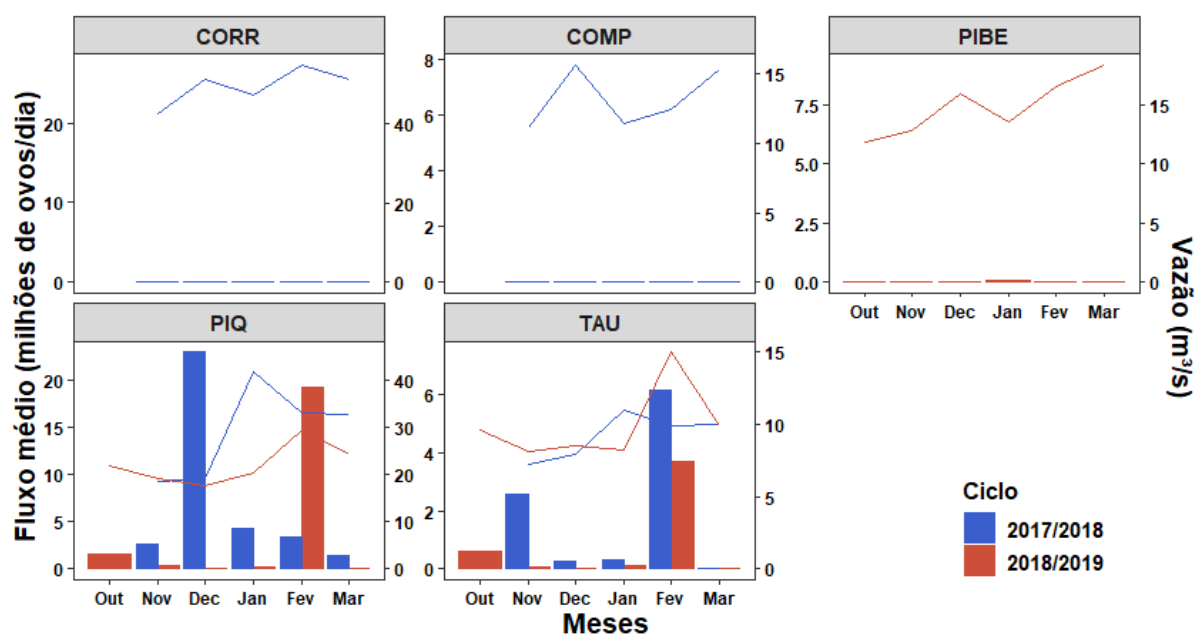


Figura 5.55. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

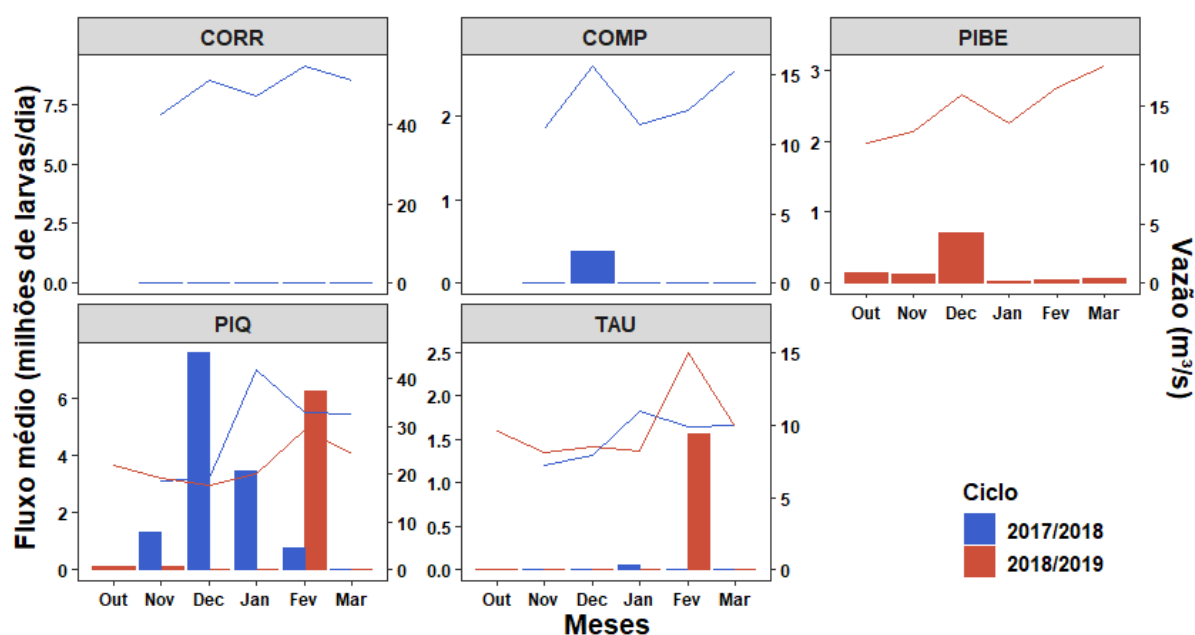


Figura 5.56. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março) nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Nesta sub-bacia, os fluxos de ovos e de larvas não foram significativamente diferentes entre os fatores horários ($D= 42,65$; $p=0,14$ e $D= 42,90$; $p=0,35$, respectivamente) e estratos ($D= 37,84$; $p=0,46$ e $D= 42,15$; $p=0,11$, respectivamente) (Figura 5.57).

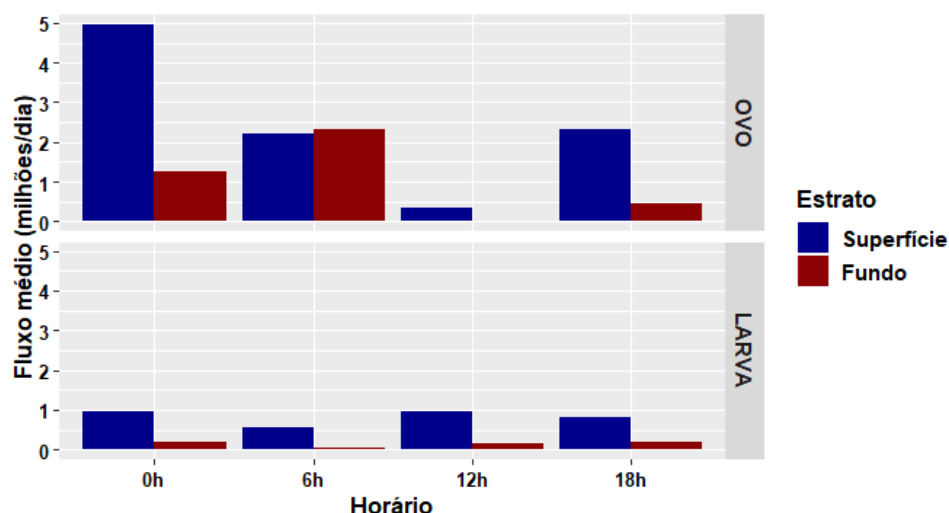


Figura 5.57. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimados para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.5.2. Composição taxonômica

Na Tabela 5.17 (apêndices) é apresentada a composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do rio Piquiri. Trinta e seis táxons foram registrados, dos quais 23 foram identificados ao nível de gênero ou espécie. O maior número de táxons foi observado no ponto PIQ, 19, enquanto no CORR, apenas três foram registrados. Anostomidae e *H. platyrhynchos* foram os táxons com maiores fluxos médios verificados nesta sub-bacia. A estrutura da assembleia de larvas diferiu significativamente entre os pontos amostrais desta sub-bacia (Pseudo-F= 8,9; $p < 0,01$), devido à singularidade da estrutura do agrupamento Piquiri (pontos TAU e PIQ) (Tabela 5.18). O gráfico gerado para a PCoA reforça essa diferenciação da estrutura do agrupamento Piquiri, demonstrando que, a nuvem de pontos gerada para este, ficou concentrada em valores negativos do eixo 1, separadamente de Correntes e PIBE, que ficaram sobrepostos, demonstrando, por outro lado, a similaridade das suas estruturas (Figura 5.58). Os táxons que mais estiveram correlacionados ao eixo 1 foram justamente aqueles abundantes no agrupamento Piquiri, Anostomidae, Pimelodidae e *P. lineatus*, enquanto, no eixo 2 foi *Hoplias* spp., com maior proporção no PIBE, e também *P. lineatus* e Pimelodidae (Figura 5.58). Os táxons com maiores fluxos médios contribuindo nesta ordenação foram, respectivamente, Anostomidae, *H. platyrhynchos*, Pimelodidae, *Pseudoplatystoma* spp., Serrasalminidae e *Gymnotus* spp. (Figura 5.58 e Tabela 5.17, apêndices).

Tabela 5.18. Valores de comparação par-a-par *a posteriori* da PERMANOVA realizada para testar se existe diferença na estrutura da assembleia de larvas nos agrupamentos de pontos da sub-bacia do rio Piquiri. Agrupamentos: Correntes= COMP e CORR; PIBE= PIBE; Piquiri= TAU e PIQ. Em vermelho valores significativos de p.

Pares	Pseudo-F	Valor de p
Correntes X Piquiri	3,03	0,00
Correntes X PIBE	1,80	0,17
Piquiri X PIBE	2,12	0,01

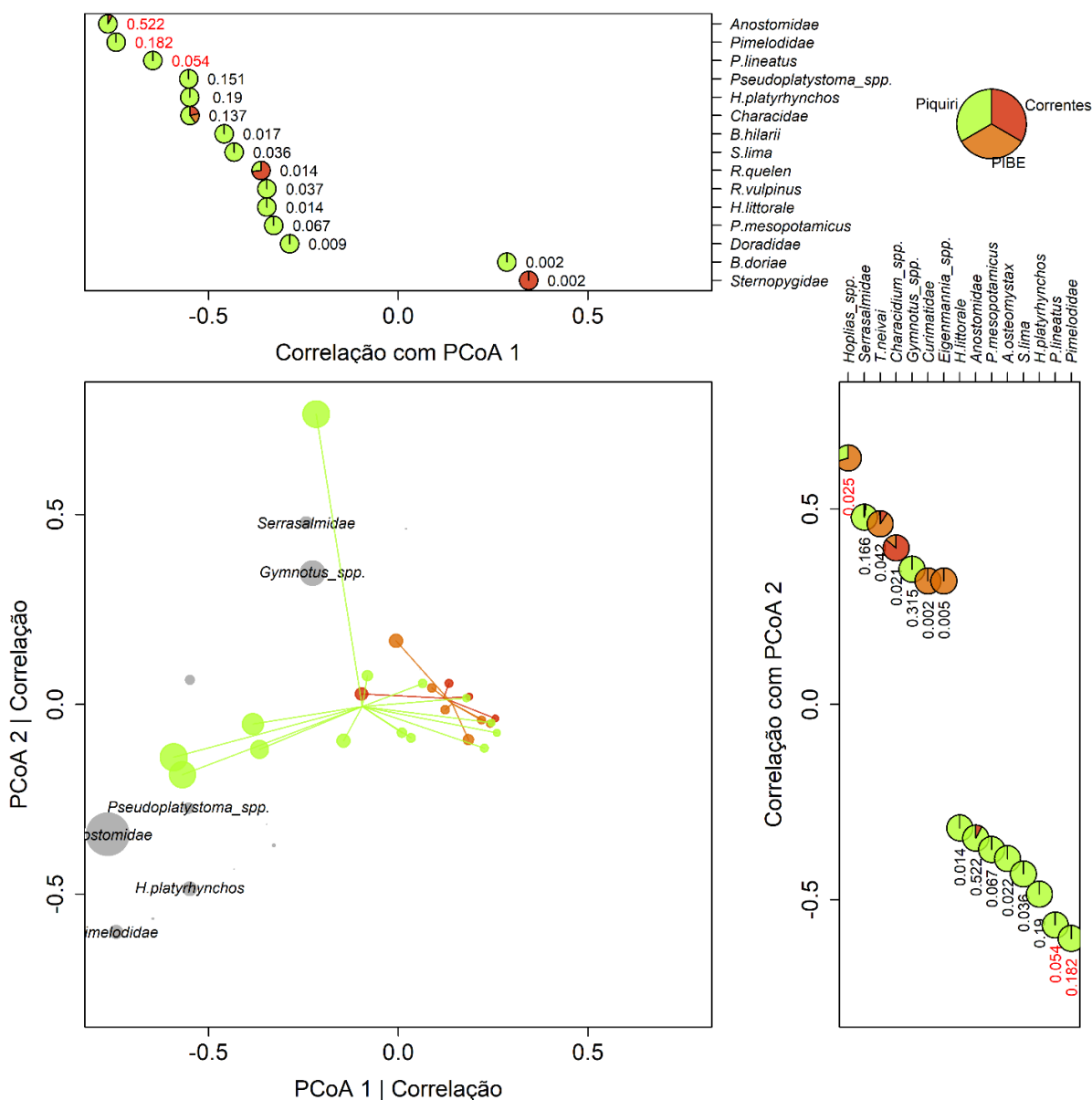


Figura 5.58. Ordenação gerada pela PCoA aplicada à estrutura da assembleia larval (identificada ao menos até o nível de família) nos diferentes agrupamentos dos pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri. Foram plotados os nomes dos grupos taxonômicos com maior contribuição relativa (em fluxo de larvas/dia). Os gráficos periféricos indicam o valor da correlação do fluxo de cada táxon com cada eixo da PCoA. Os setores indicam a proporção dos fluxos médios em cada agrupamento de pontos, sendo o fluxo médio expresso adjacente aos setores. Os valores de fluxo médio plotados em vermelho representam as correlações que foram significativas com o referido eixo. Agrupamentos: Correntes= COMP e CORR; PIBE= PIBE; Piquiri= TAU e PIQ.

Larvas de seis de espécies alvo (*B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. mesopotamicus*, *P. lineatus*, *Pseudoplatystoma* spp. e *S. lima*), além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.17, apêndices; Figura 5.59) foram registradas nesta sub-bacia.

Os maiores fluxos médios de larvas de espécies alvo, incluindo Anostomidae e Pimelodidae, foram observados no ponto PIQ, com cerca de 1,5 milhões de larvas/dia, principalmente de Anostomidae, *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. (Figura 5.59).

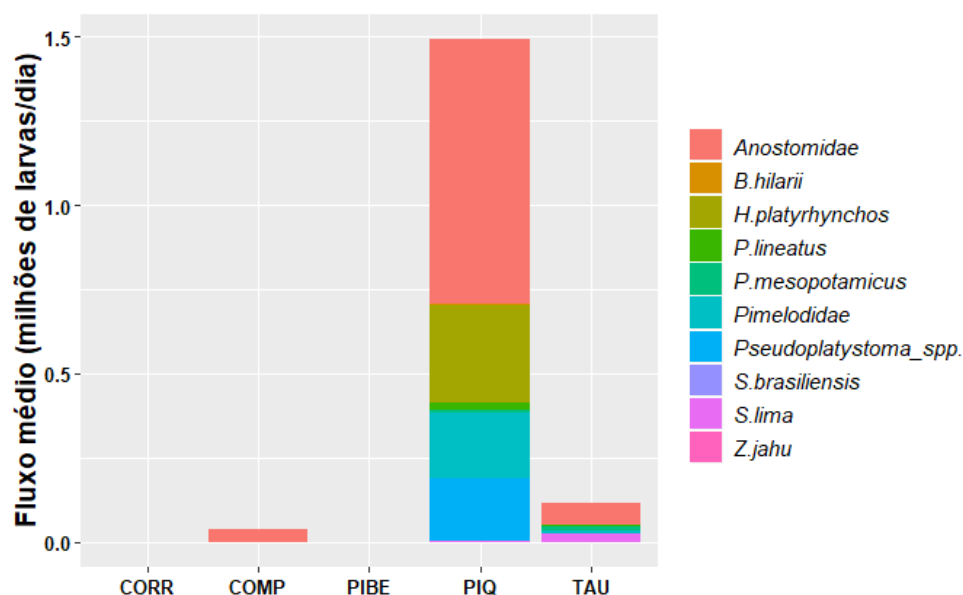


Figura 5.59. Proporção do fluxo médio de larvas das famílias e espécies alvo (milhões/dia), nos pontos amostrais na sub-bacia do rio Piquiri, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.5.3. Estimativas das áreas de desova

Todos os estágios de desenvolvimento embrionário foram registrados nesta sub-bacia, com destaque para ovos em CI, enquanto para os estágios larvais, a predominância foi LV e PF (Figura 5.60). Larvas de *B. hilarii*, *P. lineatus*, *P. mesopotamicus* e *S. lima* foram encontradas apenas em LV, enquanto as de *Anostomidae* e *H. platyrhynchos* ocorreram em LV e PF, as de *Pimelodidae* PF e FL e as de *Pseudoplatystoma* spp. em LV e FL (Figura 5.60).

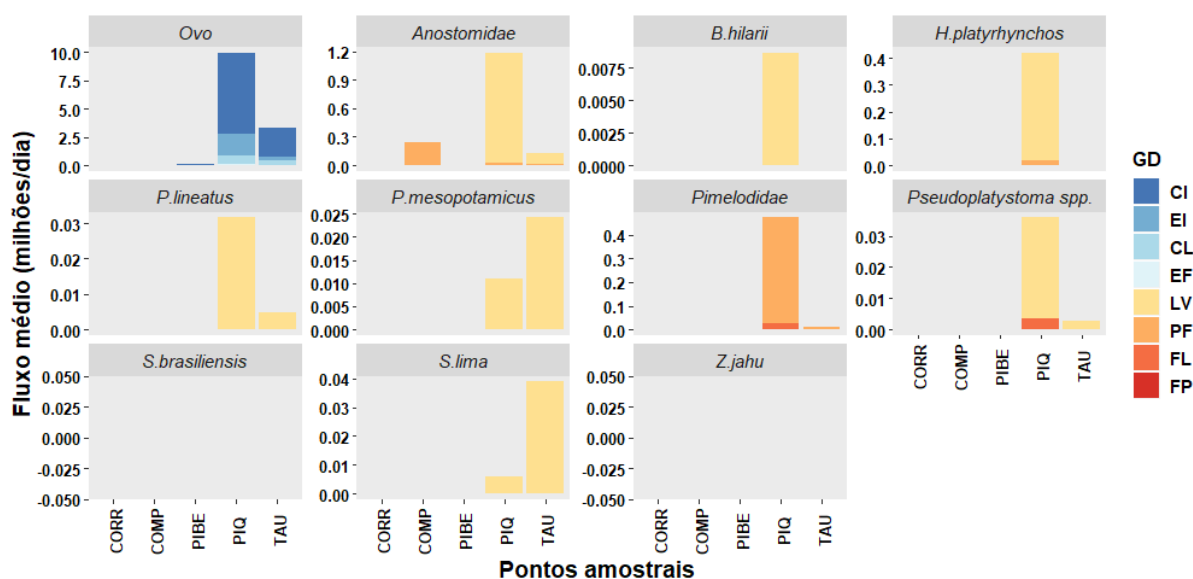


Figura 5.60. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo nos pontos amostrais na sub-bacia do rio Piquiri, entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV= larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

Para a estimativa das áreas de desova foram consideradas as ocorrências, nos diferentes pontos de amostragem, dos ovos e das larvas, nos diferentes estágios de desenvolvimento, conforme apresentado na Figura 5.60. Apesar da ocorrência de larvas de *S. lima*, sua área de desova não foi estimada em função da falta de dados sobre o tempo de desenvolvimento da espécie. Na Tabela 5.11 (apêndices) são apresentadas as estimativas das distâncias máximas dos pontos de coleta aos potenciais locais de desova.

Ovos. Em todos os pontos desta sub-bacia foram encontrados ovos não identificados em diferentes estágios de desenvolvimento (Figura 5.61), sendo então uma evidência de que as áreas a montante dos pontos amostrais são locais de desova de várias espécies, incluindo possivelmente as espécies alvo. Nos pontos COMP e CORR, a distância máxima da área de desova foi de 10 Km, enquanto no PIBE foi de 30,3 km, no TAU 39,8 km e 70,5 km no PIQ (Figura 5.45).

Characiformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons Anostomidae, *B. hilarii*, *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* pertencentes a ordem Characiformes são apresentadas na Tabela 5.11, apêndices e nas Figuras 5.46 a 5.49.

Nos pontos CORR e PIBE não foram registradas larvas de espécies alvo e nem daquelas enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae. No ponto COMP, apenas para Anostomidae foram registradas larvas, e a estimativa da área de desova é de até 37,2 km a montante do ponto amostral. Em TAU, os táxons Anostomidae, *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* desovaram à 39,8 km de distância, enquanto no ponto PIQ, as áreas de desova para Anostomidae, *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* foram a cerca de 78,4 km e a de *B. hilarii*, 60,5 km.

Siluriformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes a ordem Siluriformes (*H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp.) são apresentadas na Tabela 5.11, apêndices e nas Figuras 5.50 a 5.53.

Nenhuma larva de Siluriformes foi registrada nos pontos COMP, CORR e PIBE. No ponto TAU a distância máxima das áreas potenciais de desova de Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp., foi estimada em 39,8 km, enquanto no rio Piquiri foi de 78,4 km para *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp.

5.2.6. Sub-bacia do rio Taquari

5.2.6.1. Distribuição espaço-temporal

Na sub-bacia do rio Taquari, o fluxo médio diário de ovos foi significativamente diferente entre os locais ($D = 394,6$; $p < 0,001$). Os pontos COX1 e COX2, no rio Coxim, se destacaram com os maiores fluxos médios diários (17,68 e 9,53 milhões de ovos/dia), seguidos do TAQ, no rio Taquari, com 4,74 milhões de ovos/dia (Figura 5.61). Fluxos intermediários foram observados no FIG e no COX3 (2,38 e 1,94 milhões de ovos/dia). Todos os demais pontos apresentaram fluxos mais reduzidos, porém não significativamente diferentes entre si (Figura 5.61).

Diferenças significativas também foram observadas para o fluxo médio diário de larvas entre os locais ($D = 1134,0$; $p < 0,001$), com valores significativamente maiores no COX2, COX1 e TAME (6,42; 7,81 e 4,62 milhões de ovos/dia, respectivamente) e menores no ARI, VER, FIG, COX3 e CAM (Figura 5.61).

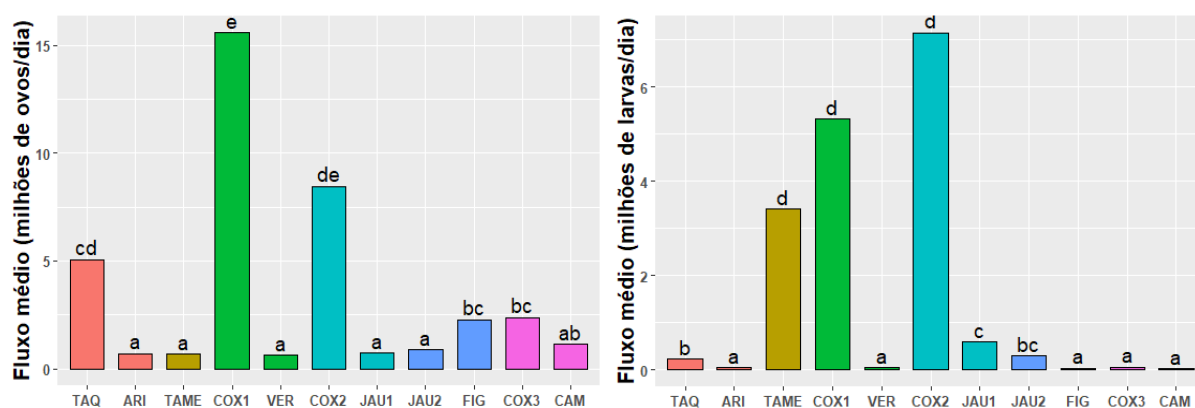


Figura 5.61. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari, entre outubro de 2017 e março de 2019. Letras iguais indicam ausência de diferença significativa.

Os fluxos de ovos e larvas foram maiores entre outubro e fevereiro, porém os picos de abundância nesta sub-bacia aconteceram entre novembro e janeiro (Figuras 5.62 e 5.63). Houve diferença significativa dos fluxos, tanto de ovos quanto de larvas, entre os ciclos reprodutivos, a depender do ponto amostral (interação entre pontos amostrais e ciclo reprodutivo: LRT= 83,86; $p < 0,01$ e LRT= 42,43; $p < 0,01$, respectivamente). Na Tabela 5.19 são apresentados os valores das estimativas desses fluxos entre os ciclos reprodutivos, para cada ponto amostral. Os fluxos de ovos foram significativamente menores no ciclo 2018/2019 em comparação ao 2017/2018 nos pontos JAU2 e FIG, enquanto o fluxo de larvas foi três vezes maior em 2018/2019 em relação a 2017/2018 no COX3 e significativamente inferior neste último ciclo nos pontos TAQ, VER e COX2 (Tabela 5.17).

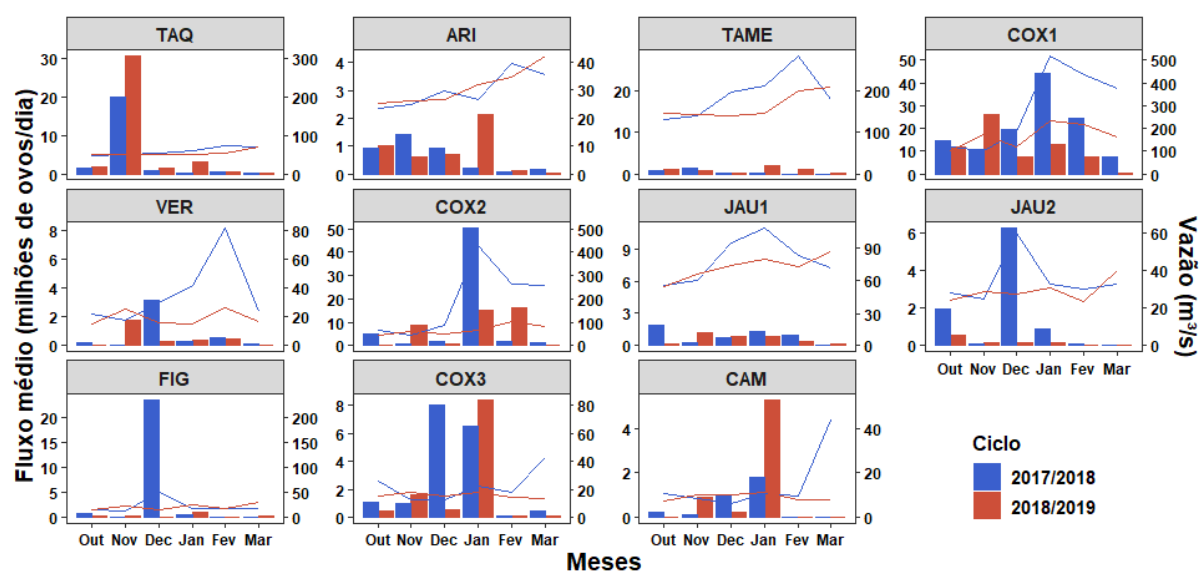


Figura 5.62. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março) nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

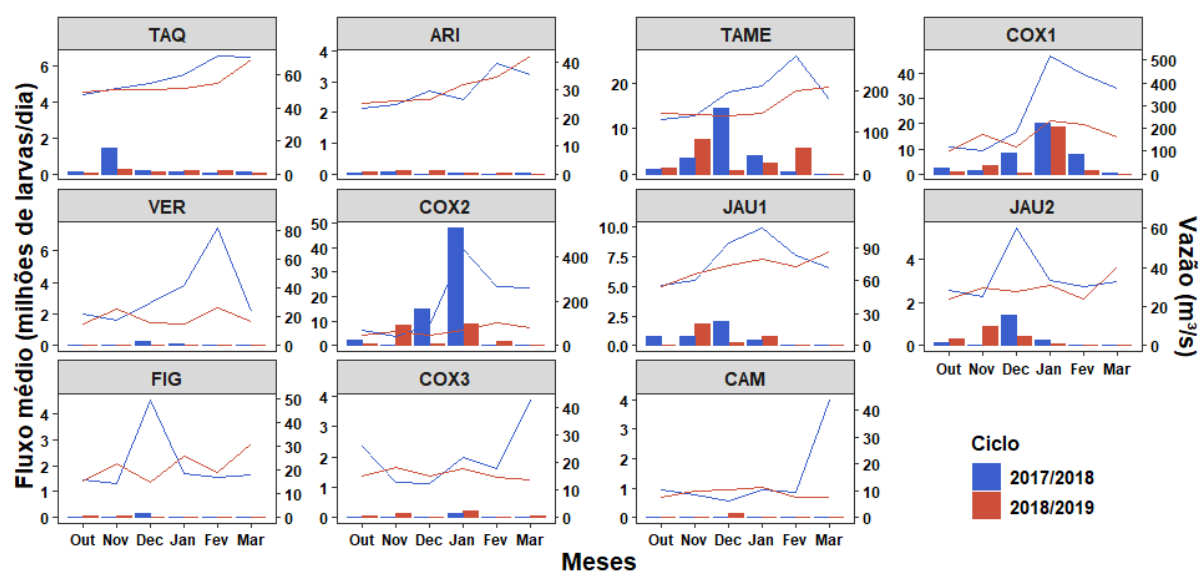


Figura 5.63. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Tabela 5.19. Estimativas das razões dos fluxos de ovos e larvas de peixes entre os ciclos reprodutivos e seus respectivos valores de p, para cada ponto amostral da sub-bacia do rio Taquari. F_{ciclo1} = fluxo no ciclo 2017/2018 e F_{ciclo2} = fluxo no ciclo 2018/2019. Em vermelho valores significativos de p.

Ponto amostral	Fluxo de Ovos		Fluxo de Larvas	
	F_{ciclo2}/F_{ciclo1}	p	F_{ciclo2}/F_{ciclo1}	p
TAQ	1,59	0,18	0,40	0,02
ARI	1,24	0,53	1,64	0,28
TAME	1,85	0,12	0,74	0,37
COX1	0,55	0,08	0,61	0,14
VER	0,70	0,34	0,14	<0,01
COX2	0,68	0,28	0,32	<0,01
JAU1	0,67	0,28	0,74	0,39
JAU2	0,12	<0,01	0,98	0,96
FIG	0,08	<0,01	1,20	0,69
COX3	0,66	0,24	3,45	<0,01
CAM	3,10	0,09	6,71	0,11

Na análise dos dados da variação nictemeral, verifica-se que o fluxo de ovos foi significativamente maior às 0:00 horas, com redução ao avançar dos horários ($D= 137,95$; $p<0,01$), além disso, o estrato fundo teve fluxos ligeiramente maiores, ainda que não significativos ($D= 112,22$; $p=0,06$) (Figura 5.64). O fluxo de larvas, contudo, não diferiu significativamente entre os horários ($D= 114,45$; $p=0,81$) e nem entre os estratos ($D= 115,96$; $p=0,11$) (Figura 5.64).

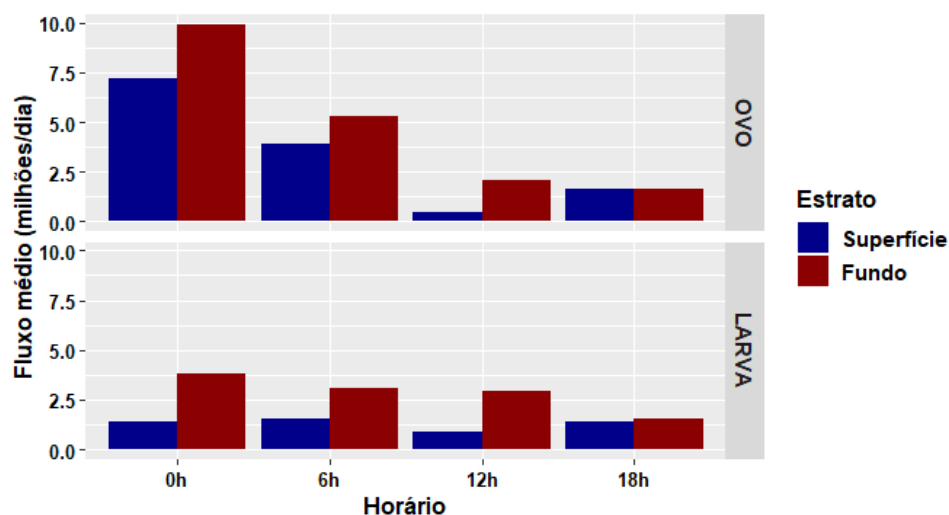


Figura 5.64. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimados para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.6.2. Composição taxonômica

A composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do rio Taquari é apresentada na Tabela 5.20 (apêndices). Foram identificados 31 táxons, sendo 21 ao nível de gênero ou espécie. Os pontos COX2 e TAME foram responsáveis pelo maior número de táxons, 20 cada, e o ponto CAM, pelo menor, apenas três foram registrados. Pimelodidae e *H. platyrhynchos* foram os táxons com maiores fluxos médios verificados nesta sub-bacia. A estrutura da assembleia de larvas diferiu significativamente entre os agrupamentos de pontos desta sub-bacia (Pseudo-F= 21,4; $p < 0,01$) (Tabela 5.21).

O eixo 1 da PCoA separou as nuvens de pontos dos agrupamentos CAM, Taquari e JAU2 dos agrupamentos TAME, Verde e COX2 (Figura 5.65), evidenciando estruturas da assembleia de larvas distintas entre esses dois grupos, porém, similares entre si, conforme apresentado na Tabela 5.19. Observa-se, ainda, que os agrupamentos TAME, Verde e COX2 apresentaram nuvem de pontos mais amplas, indicando maior dissimilaridade entre os seus próprios pontos (Figura 5.65). Os táxons que mais estiveram correlacionados à ordenação observada foram, no eixo 1, Heptapteridae, Characidae e *S. lima*, mais abundantes nos agrupamentos TAME e Verde, e Anostomidae e *P. mesopotamicus* no eixo 2, abundantes também no TAME (Figura 5.65). Os táxons com os maiores fluxos foram Pimelodidae, *H. platyrhynchos* e Anostomidae (Figura 5.65 e Tabela 5.18 apêndices).

Tabela 5.21. Valores de comparação par-a-par *a posteriori* da PERMANOVA realizada para testar se existe diferença na estrutura da assembleia de larvas entre os agrupamentos de pontos da sub-bacia do rio Taquari. Agrupamentos: Taquari= ARI e TAQ; TAME= TAME; JAU2= JAU2 e FIG; COX2= COX2 e JAU1; Verde= COX1 e VER; CAM= COX3 e CAM. Em vermelho valores significativos de p.

Pares	Pseudo-F	Valor de p
CAM X COX2	4,89	0,02
CAM X JAU2	1,79	0,51
CAM X TAME	6,18	0,02
CAM X Taquari	1,98	0,30
CAM X Verde	6,85	0,02
COX2 X JAU2	2,92	0,05
COX2 X TAME	1,91	0,53
COX2 X Taquari	3,13	0,03
COX2 X Verde	1,43	1,00
JAU2 X TAME	4,84	0,02
JAU2 X Taquari	1,34	1,00
JAU2 X Verde	5,64	0,02
TAME X Taquari	5,26	0,02
TAME X Verde	1,78	1,00
Taquari X Verde	5,58	0,02

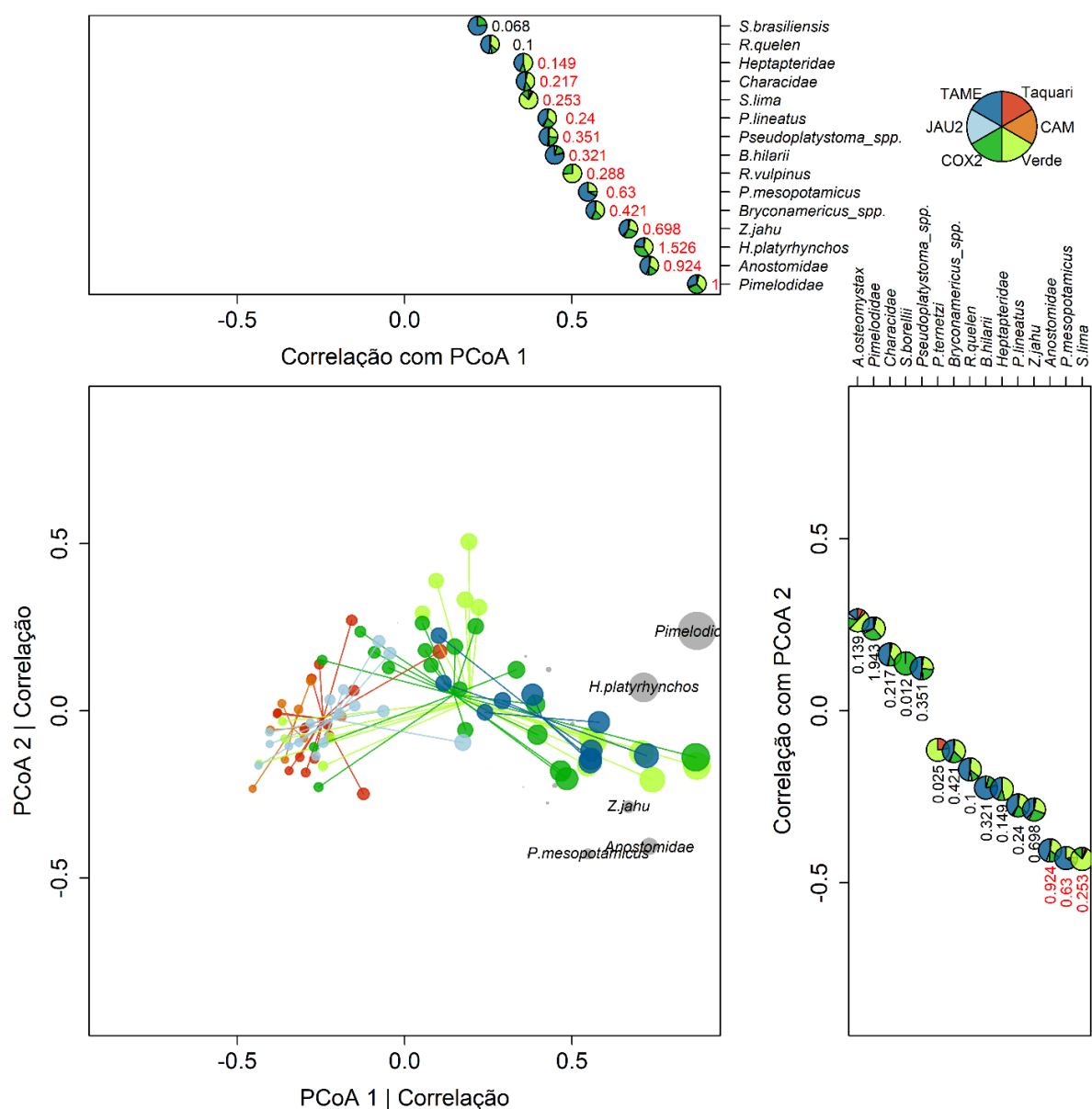


Figura 5.65. Ordenação gerada pela PCoA aplicada à estrutura da assembleia de larvas de peixes (identificada ao menos até o nível de família) nos diferentes agrupamentos dos pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari entre outubro de 2017 e março de 2019. Foram plotados os táxons cuja contribuição relativa (em fluxo de larvas/dia) foi maior ou igual a 3% do total. Os gráficos periféricos indicam o valor da correlação do fluxo de cada táxon que foi significativa com o referido eixo da PCoA. Os setores indicam a proporção dos fluxos médios em cada agrupamento de pontos, sendo o fluxo médio expresso adjacente aos setores. Agrupamentos: Taquari= ARI e TAQ; TAME= TAME; JAU2= JAU2 e FIG; COX2= COX2 e JAU1; Verde= COX1 e VER; CAM= COX3 e CAM.

Nesta sub-bacia foram encontradas nas amostras de ictioplâncton, larvas de oito espécies alvo, *B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. lineatus*, *P. mesopotamicus*, *Pseudoplatystoma* spp., *S. brasiliensis*, *S. lima* e *Z. jahu*, além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.20, apêndices; Figura 5.66).

O maior fluxo médio de larvas de espécies alvo, incluindo Anostomidae e Pimelodidae, foi observado nos pontos COX1 e COX2 com mais de 6 milhões de larvas/dia, destacando-se as de Pimelodidae, *H. platyrhynchos*, Anostomidae e *Z. jahu* (Figura 5.66). Elevados fluxos de larvas

também foram observados no ponto TAME, com larvas de Pimelodidae e *P. mesopotamicus* (Figura 5.66).

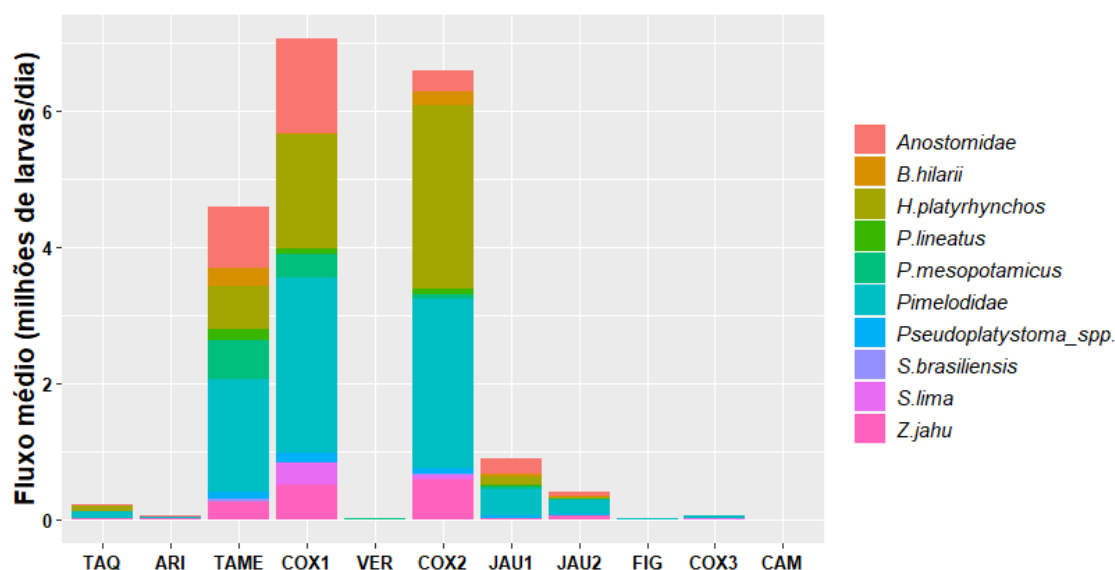


Figura 5.66. Proporção do fluxo médio de larvas das famílias e espécies alvo (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.6.3. Estimativas das áreas de desova

Clivagem inicial e EI foram os estágios de desenvolvimento embrionário predominantes nas capturas de ovos (Figura 5.67). Larvas de Anostomidae, *B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. mesopotamicus* e *Z. jahu* foram capturadas em LV, PF e FL (Figura 5.67). Para os táxons *Prochilodus lineatus*, *S. brasiliensis* e *S. lima* somente larvas em LV e PF, Pimelodidae em PF e FL e *Pseudoplatystoma* spp. em LV e FL (Figura 5.67).

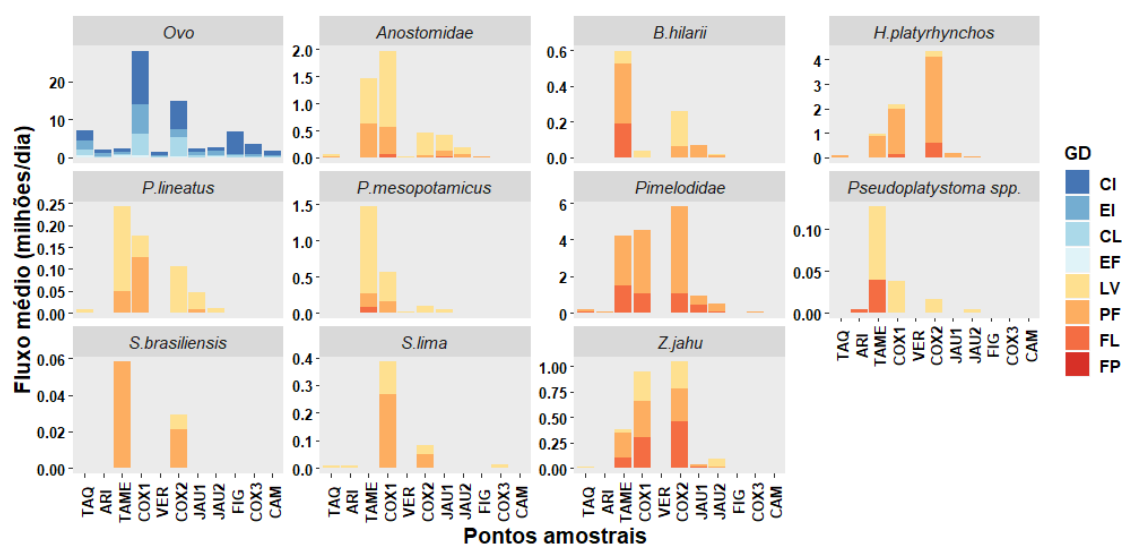


Figura 5.67. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo nos pontos amostrais na sub-bacia do rio Taquari entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV=larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

Para a estimativa das áreas de desova foram consideradas as ocorrências, nos diferentes pontos de amostragem, dos ovos e das larvas, nos diferentes estágios de desenvolvimento, conforme apresentado na Figura 5.67. Apesar da ocorrência de larvas de *S. lima*, sua área de desova não foi estimada em função da falta de dados sobre o tempo de desenvolvimento da espécie. Na Tabela 5.11 (apêndices) são apresentadas as estimativas das distâncias máximas dos pontos de coleta aos potenciais locais de desova.

Ovos. Em todos os pontos desta sub-bacia foram encontrados ovos não identificados em diferentes estágios de desenvolvimento (Figura 5.68), sendo então uma evidência de que as áreas a montante dos pontos amostrais são locais de desova de várias espécies, incluindo possivelmente as espécies alvo. As distâncias máximas estimadas foram de 50,4 km (a partir do ponto COX3) até 70,4 km (pontos COX1, JAU1 e TAME) (Figura 5.68).

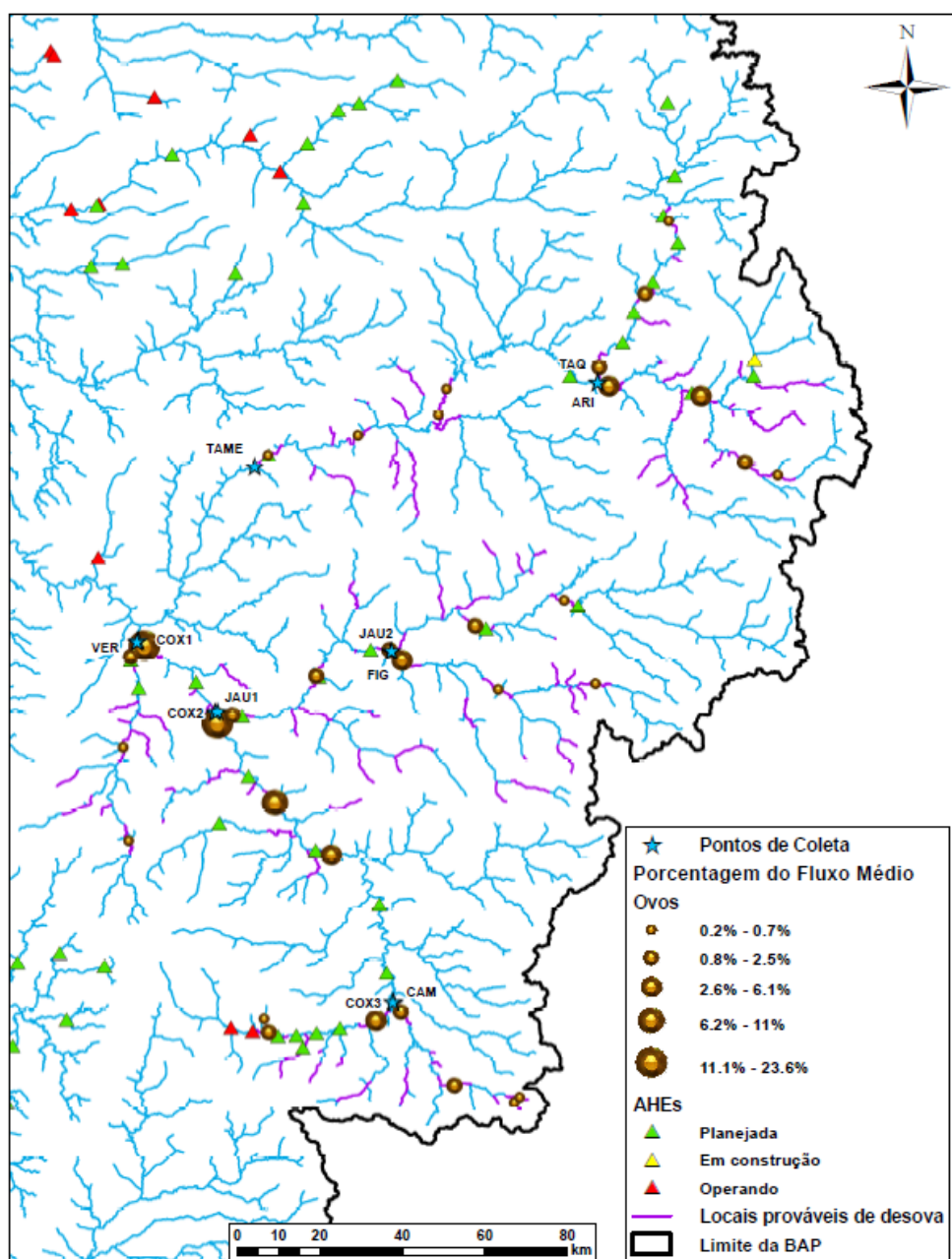


Figura 5.68. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de peixes na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis, o fluxo de ovos, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento embrionário e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de ovos de peixes.

Characiformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes a ordem Characiformes (*Anostomidae*, *B. hylarii*, *P. mesopotamicus*, *P. lineatus* e *S. brasiliensis*) são apresentadas na Tabela 5.11, apêndices e nas Figuras 5.69 a 5.73.

No ponto ARI a distância máxima estimada como área de desova para *Anostomidae* e *B. hylarii*, foi de 80,4 km, e no ponto TAQ foi de 99,9 km para *Anostomidae* e 80,5 km para *P. lineatus*. Em TAME as distâncias máximas foram superiores a 100 km para *P. lineatus* e *S. brasiliensis*, e 200 km para *Anostomidae*, *B. hylarii* e *P. mesopotamicus*.

Para COX1 as distâncias estimadas foram acima de 200 km para Anostomidae e *P. mesopotamicus*, e de 70,4 km para *B. hilarii* e 130,7 km para *P. lineatus*, enquanto para VER estas foram de 100,7 km para Anostomidae e 80,5 km para *P. mesopotamicus*. A partir do ponto COX2 a área de desova de Anostomidae foi estimada a 181,2 km, a de *S. brasiliensis* a 100,8 km, a de *B. hilarii* a 120,8 km e as de *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* a 80,7 km. No ponto JAU1, as áreas de desova de Anostomidae, *B. hilarii*, *P. mesopotamicus* e *P. lineatus* foram estimadas a uma distância de 201, 130,9, 90,6 e 120,8 km a montante.

A partir do ponto JAU2 as distâncias estimadas foram de 140,7 km para Anostomidae, 120,7 km para *B. hilarii*, 80,3 km para *P. mesopotamicus* e *P. lineatus*, enquanto para o ponto FIG, a distância para Anostomidae foi de 90,5 km. Nos pontos COX3 e CAM não foram registradas larvas destes táxons.

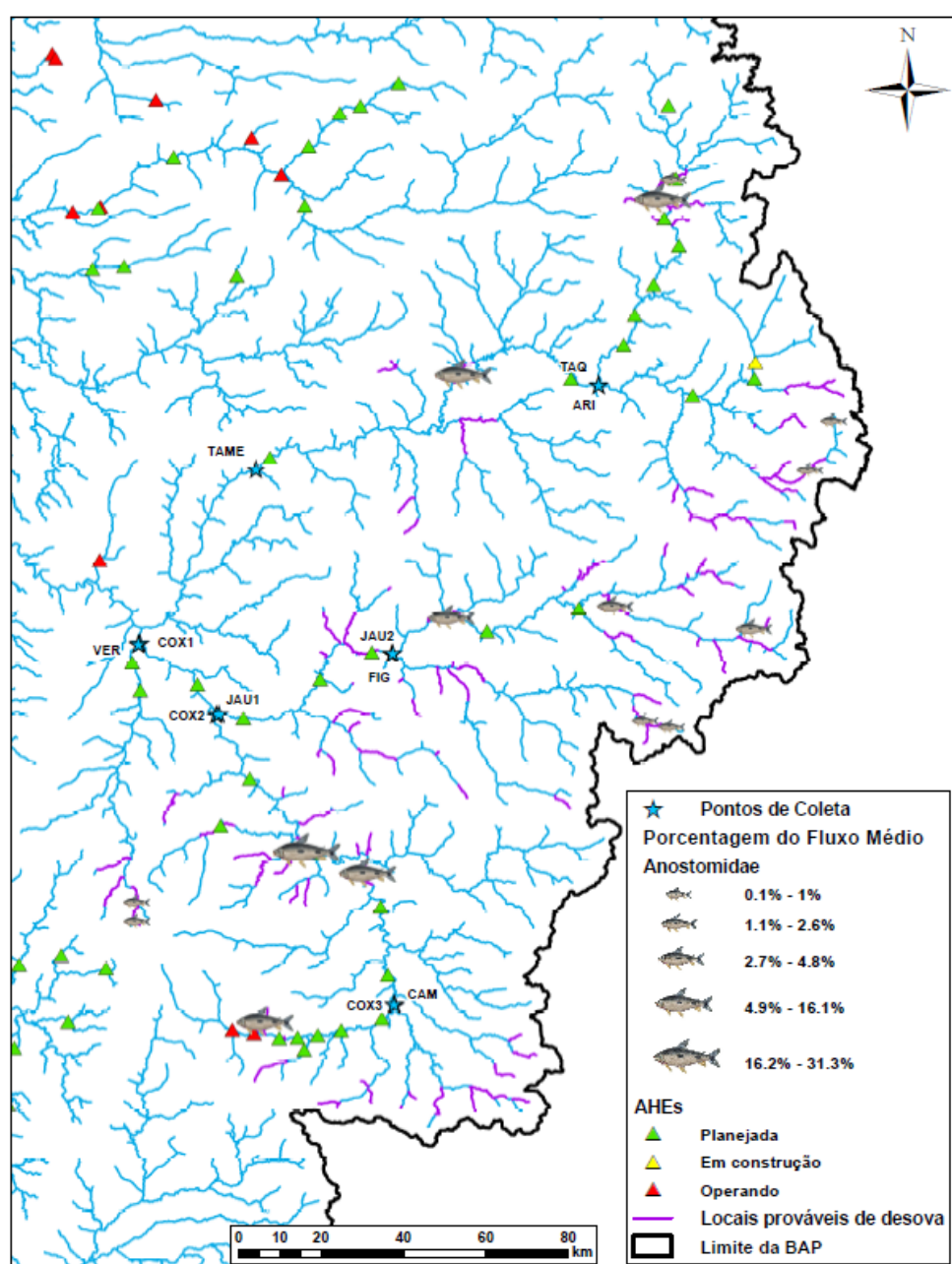


Figura 5.69. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Anostomidae na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Anostomidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Anostomidae.

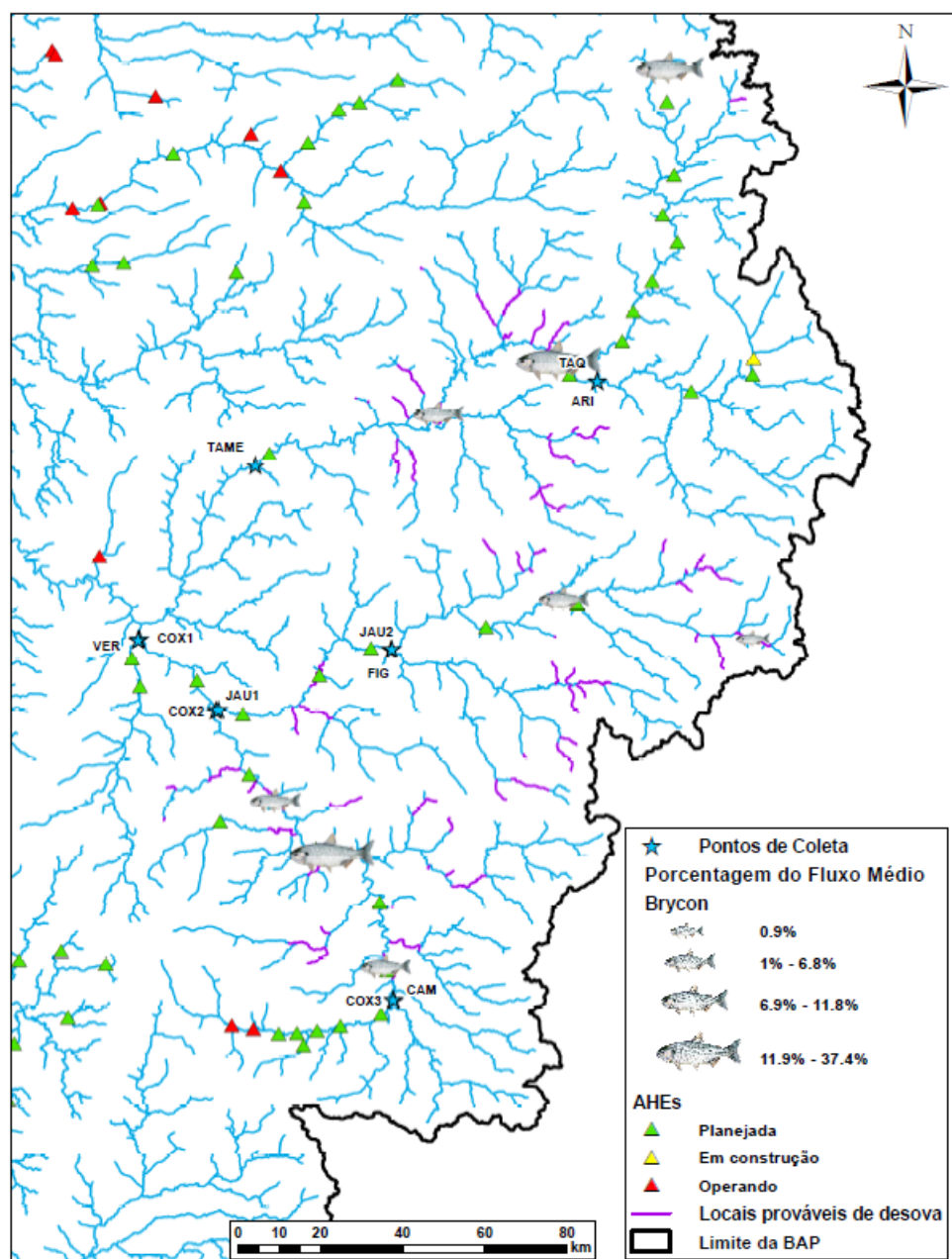


Figura 5.70. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Brycon hilarii* na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Brycon hilarii*.

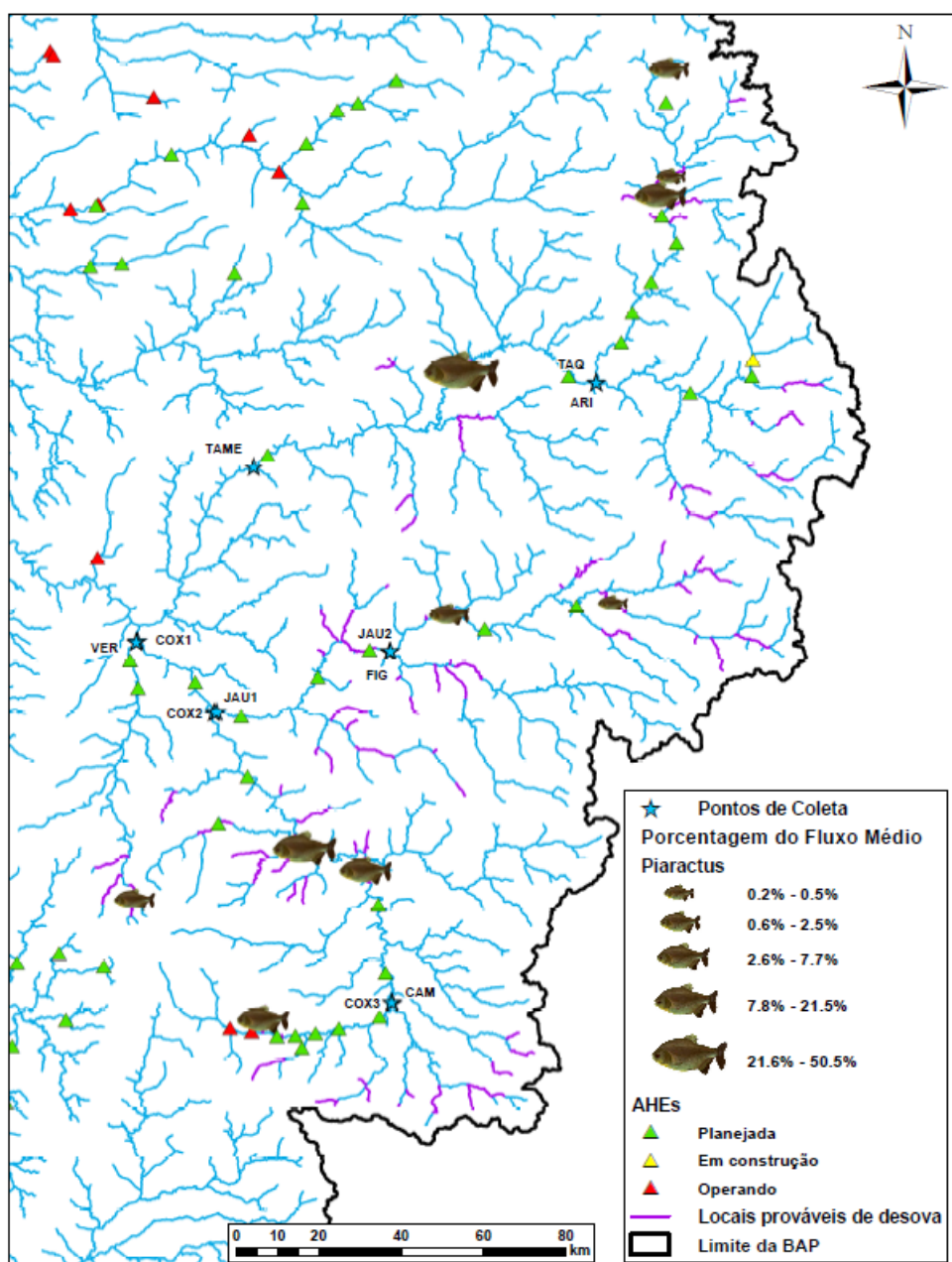


Figura 5.71. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Piaractus mesopotamicus* na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Piaractus mesopotamicus*.

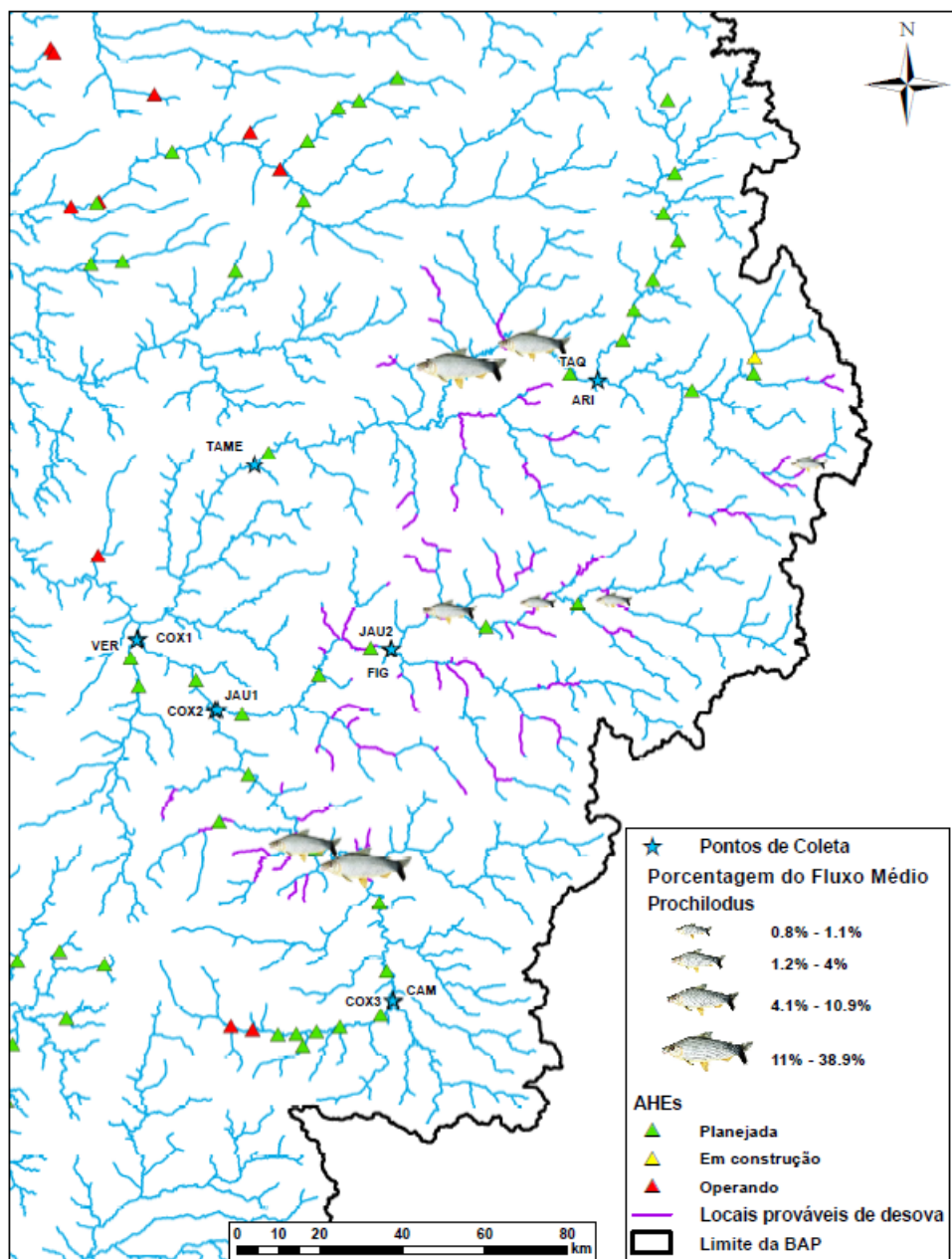


Figura 5.72. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Prochilodus lineatus* na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis o fluxo, de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Prochilodus lineatus*.

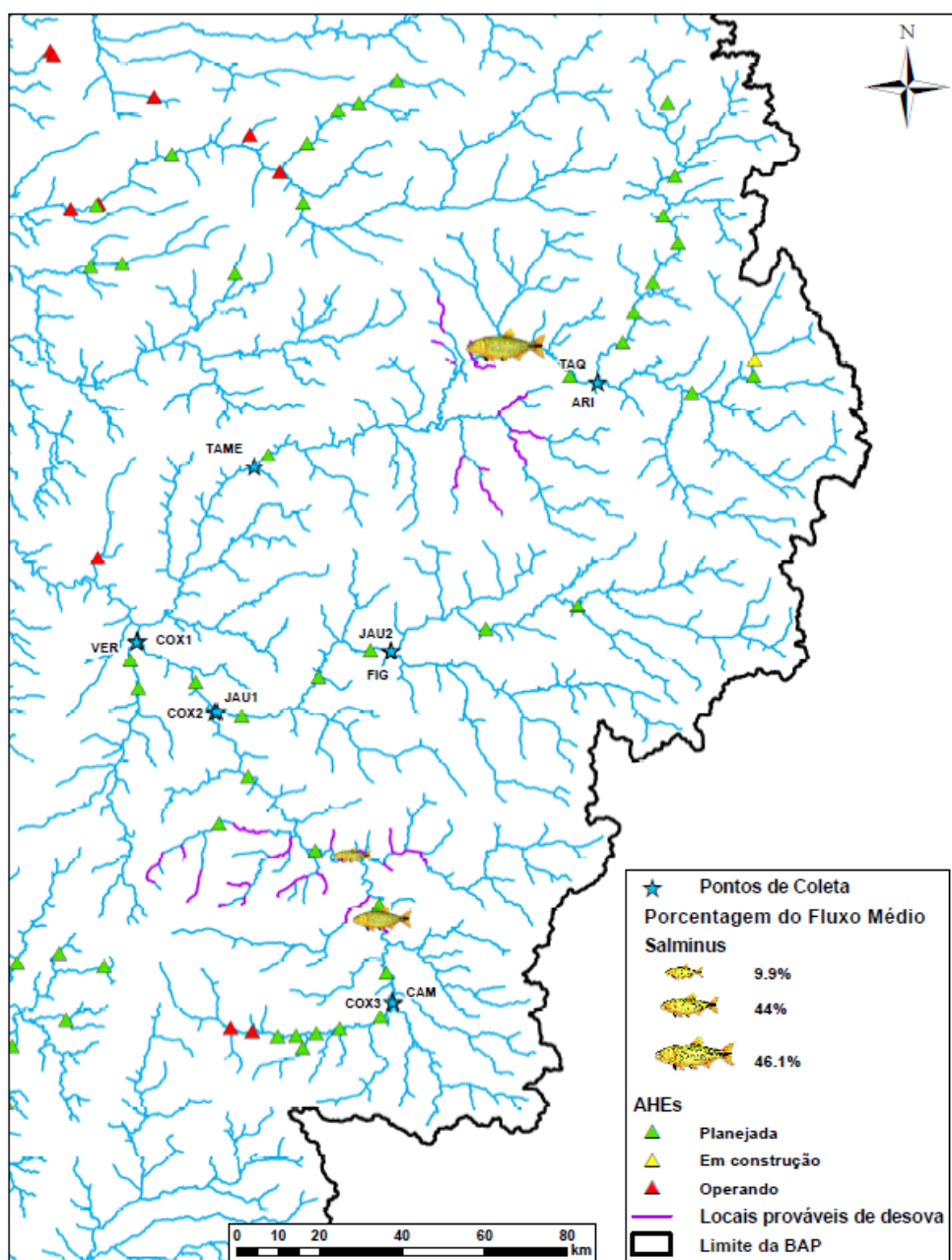


Figura 5.73. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Salminus brasiliensis* na sub-bacia do rio Taquari utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Salminus brasiliensis*.

Siluriformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes a ordem Siluriformes (*H. platyrhynchos*, Pimelodidae, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu*) são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.74 a 5.77.

No ponto ARI a distância máxima das áreas potenciais de desova de Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. foi estimada em 130,9 km e para *Z. jahu* em 70,4 km, enquanto para ponto TAQ esta foi de 99,9 km para *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Z. jahu*. Em TAME a área de desova de Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. foi estimada a 281,6 km a montante do ponto de amostragem, assim como a *H. platyrhynchos* a 150,7 km e *Z. jahu* a 271,4 km.

As distâncias máximas das áreas de desova de *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Z. jahu* foram estimadas à 211,3 e 201 km a montante dos pontos COX1 e JAU1, respectivamente, bem como de *Pseudoplatystoma* spp., a 191,2 e 170,9 km. No ponto VER, *H. platyrhynchos* e Pimelodidae tiveram suas desovas estimadas a cerca de 100 km. Em COX2 a área de desova para *H. platyrhynchos* e Pimelodidae foram estimadas a uma distância de 181,2 km, enquanto a de *Pseudoplatystoma* spp. foi de 171,2 km e a de *Z. jahu*, a 201,3 km.

No ponto JAU2 a área de desova para *H. platyrhynchos*, Pimelodidae, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu* foi estimada a uma distância máxima de pouco mais de 140 km, enquanto no ponto FIG foi de 90,5 km para Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. A partir do ponto COX3 a distância estimada foi de 40,3 km para *H. platyrhynchos*, Pimelodidae, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu*, e 60,4 km para Pimelodidae a partir do ponto CAM.

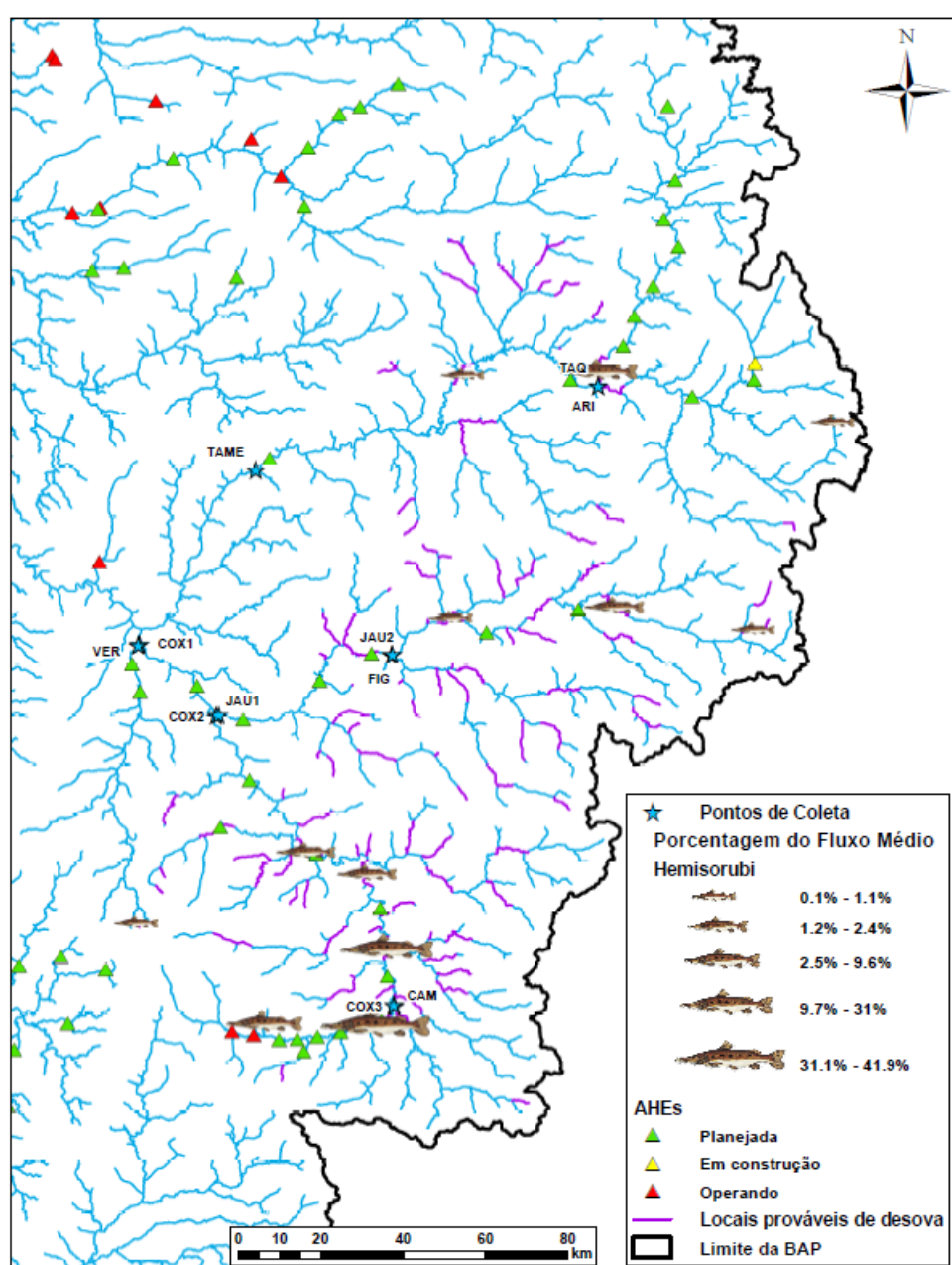


Figura 5.74. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Hemisorubim platyrhynchos* na sub-bacia do rio Taquari, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no

ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Hemisorubim platyrhynchos*.

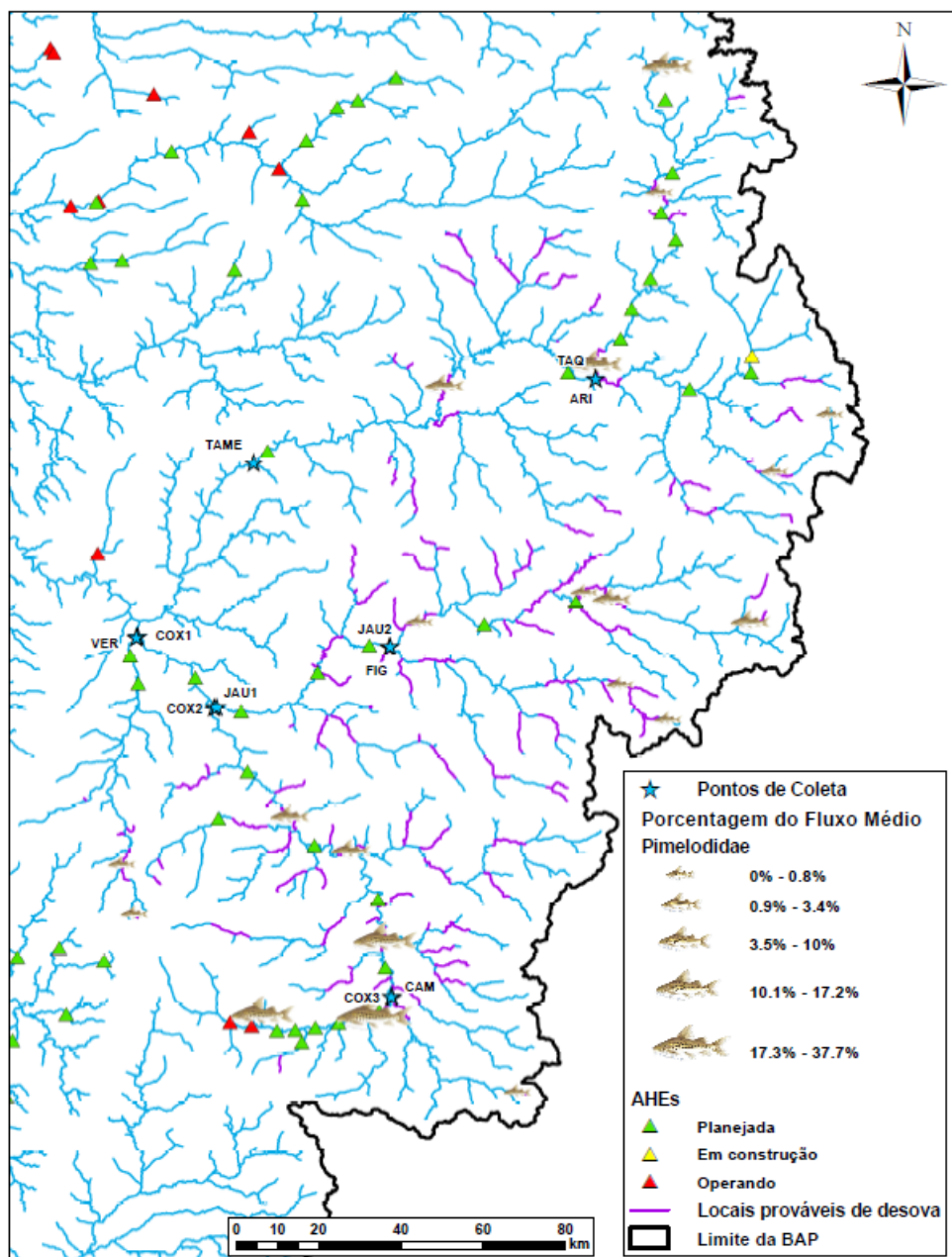


Figura 5.75. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Pimelodidae na sub-bacia do rio Taquari, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Pimelodidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Pimelodidae.

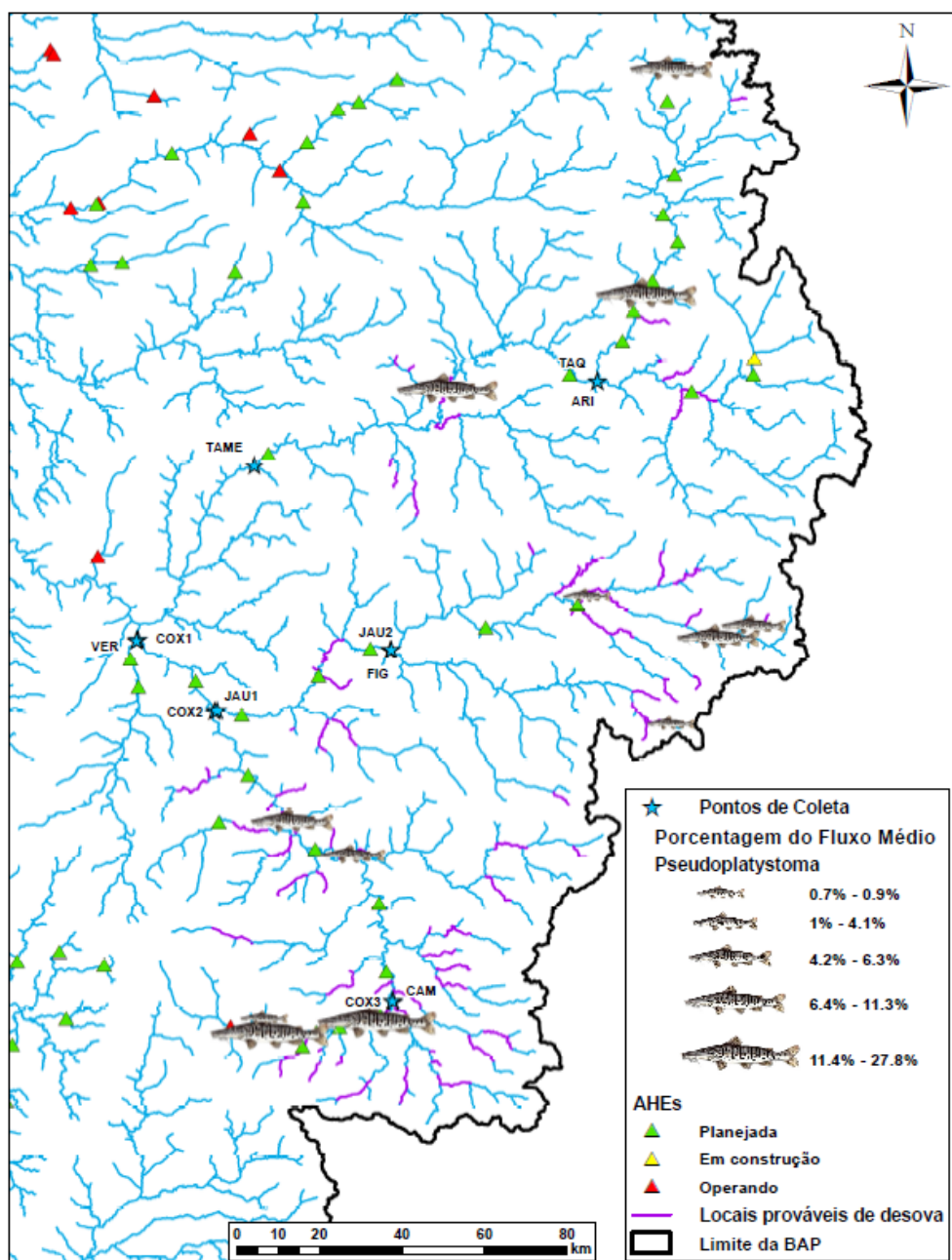


Figura 5.76. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Pseudoplatystoma* spp. na sub-bacia do rio Taquari, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Pseudoplatystoma* spp.

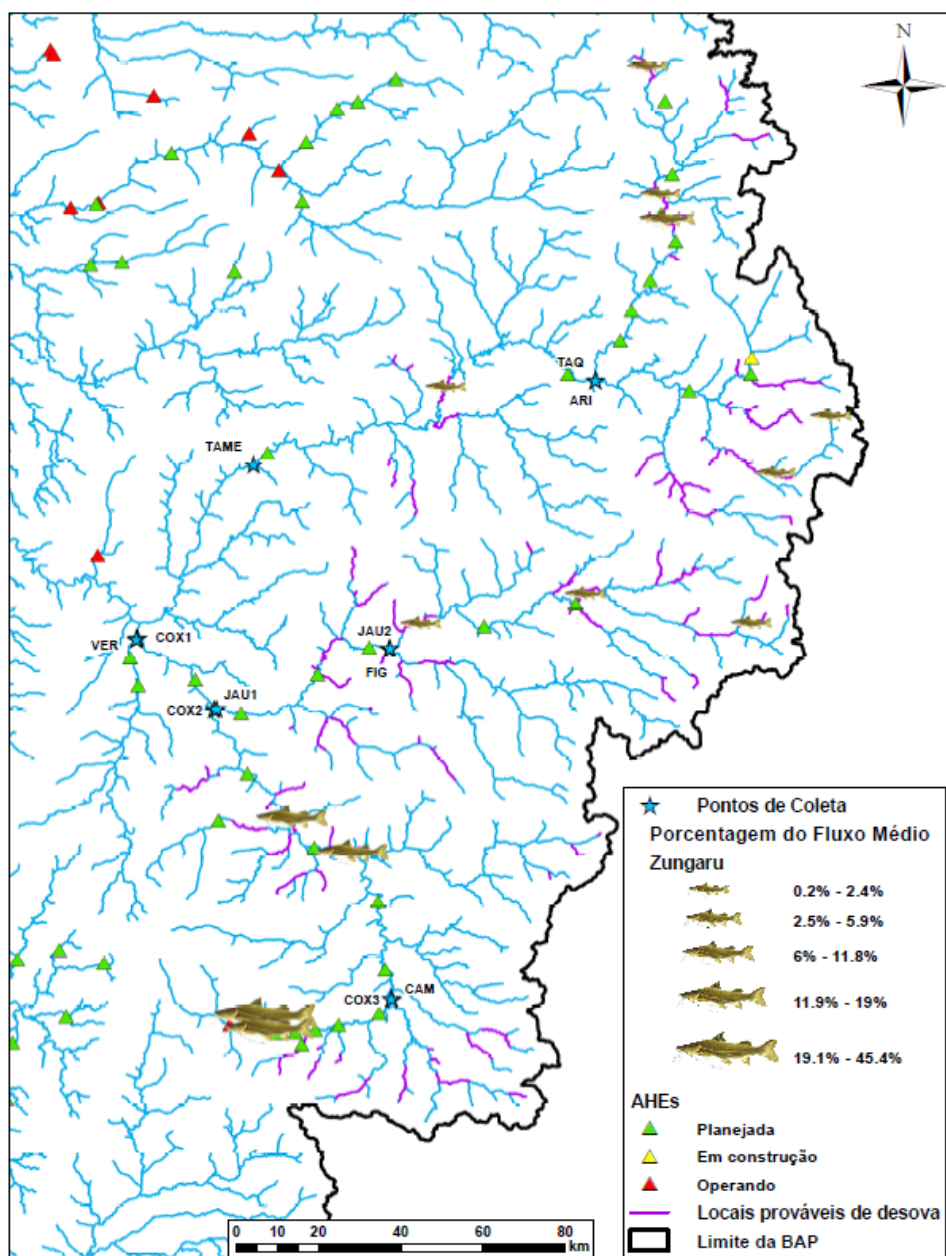


Figura 5.77. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Zungaro jahu* na sub-bacia do rio Taquari, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Zungaro jahu*.

5.2.7. Sub-bacia do rio Negro

5.2.7.1. Distribuição espaço-temporal

O fluxo médio diário de ovos na sub-bacia do rio Negro foi significativamente diferente entre os locais ($D = 34,7$; $p < 0,001$), sendo maior nos pontos RICO e PEIXE (1,06 e 0,80 milhões de ovos/dia, respectivamente) e menor no NEGRI e NEGRO (0,06 e 0,01 milhões de ovos/dia) (Figura 5.78).

Diferenças significativas também foram observadas para o fluxo médio diário de larvas entre os locais ($D = 17,3$; $p < 0,001$), em que o ponto PEIXE, com 0,07 milhões de larvas/dia, apresentou

fluxo significativamente maior que todos os demais, que não diferiram significativamente entre si (Figura 5.78).

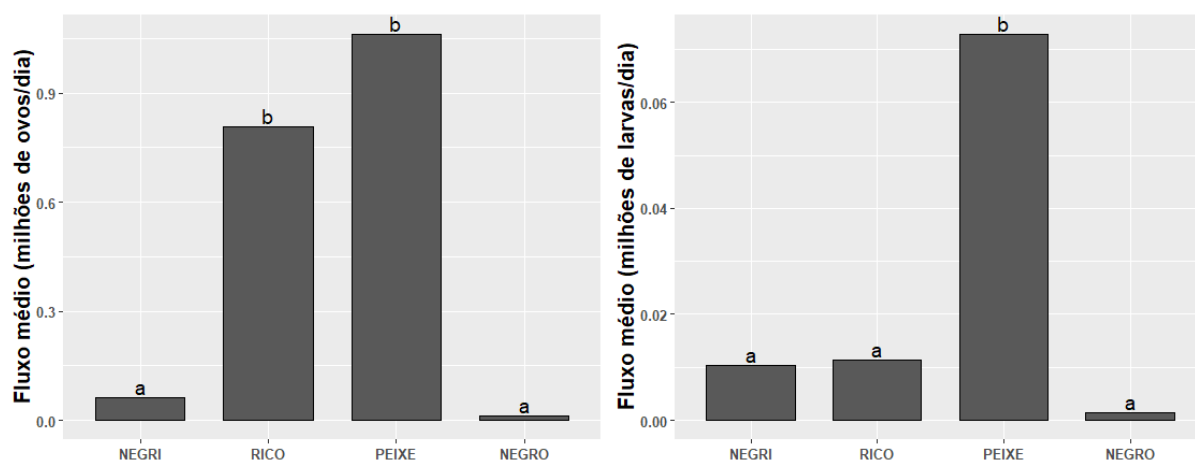


Figura 5.78. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019. Letras iguais indicam ausência de diferença significativa.

Os fluxos de ovos e larvas foram maiores, principalmente nos meses de outubro e novembro (Figuras 5.79 e 5.80). O fluxo de ovos foi significativamente diferente entre os ciclos reprodutivos, a depender do ponto amostral da sub-bacia do rio Negro (interação entre pontos amostrais e ciclo reprodutivo: LRT= 17,86; $p < 0,01$). Esses foram maiores nos pontos RICO e NEGRO no ciclo 2018/2019, em comparação ao ciclo 2017/2018 (Tabela 5.22). Para o fluxo larvas, no entanto, o ciclo reprodutivo não teve influência, independentemente do ponto amostral (interação: LRT= 3,52; $p = 0,47$; fator ciclo reprodutivo: LRT=0,27; $p = 0,59$) (Tabela 5.22).

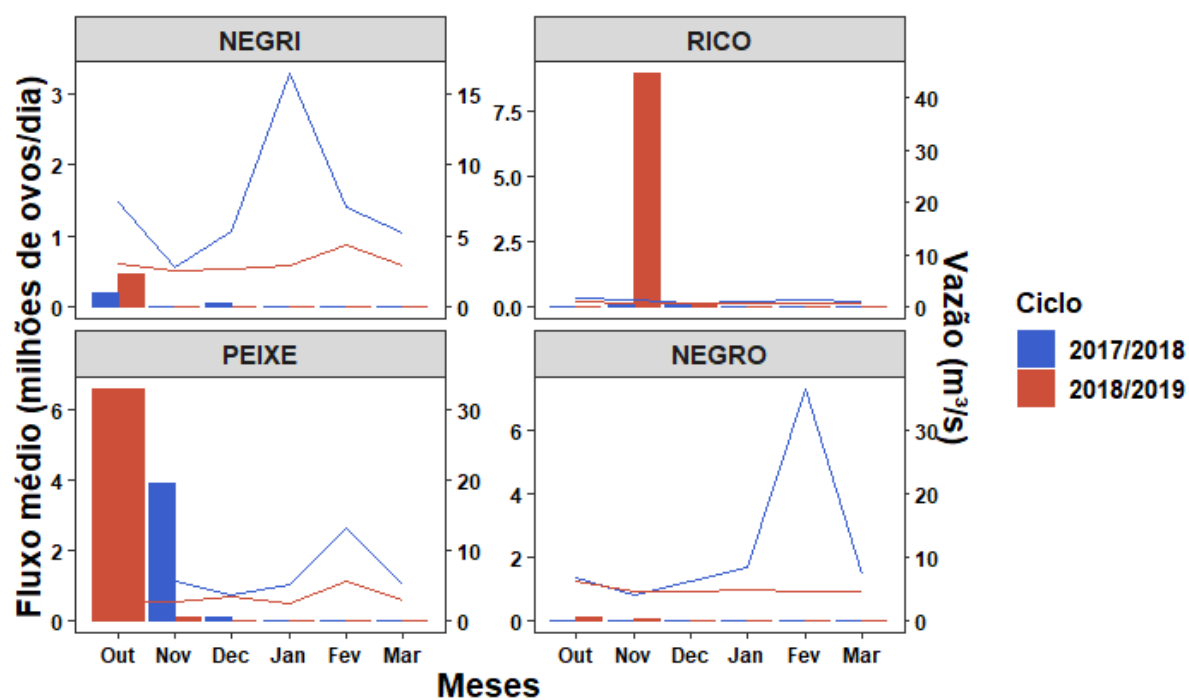


Figura 5.79. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

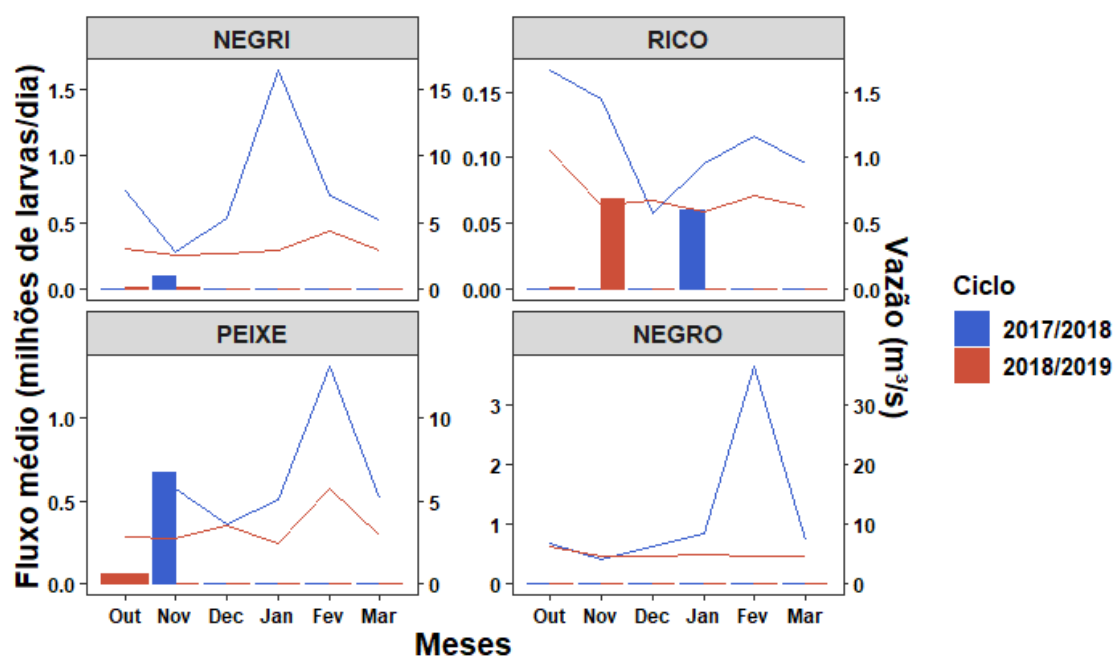


Figura 5.80. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Tabela 5.22. Estimativas das razões do fluxo de ovos entre os ciclos reprodutivos e seus respectivos valores de p, para cada ponto amostral da sub-bacia do rio Negro. F_{ciclo1} = fluxo do ciclo 2017/2018 e F_{ciclo2} = fluxo do ciclo 2018/2019. Em vermelho valores significativos de p.

Ponto amostral	Fluxo de Ovos	
	F_{ciclo2}/F_{ciclo1}	p
NEGRI	1,78	0,54
RICO	53,62	0,01
PEIXE	1,44	0,71
NEGRO	14,65	<0,01

Quanto à variação nictemeral, o fluxo de ovos foi significativamente diferente entre os horários amostrados ($D= 41,43$; $p<0,01$), com os maiores valores às 18:00 horas (Figura 5.81). Para larvas, no entanto, não houve diferença significativa entre eles ($D= 28,92$; $p=0,40$) e, de forma geral, a abundância foi relativamente baixa (Figura 5.81).

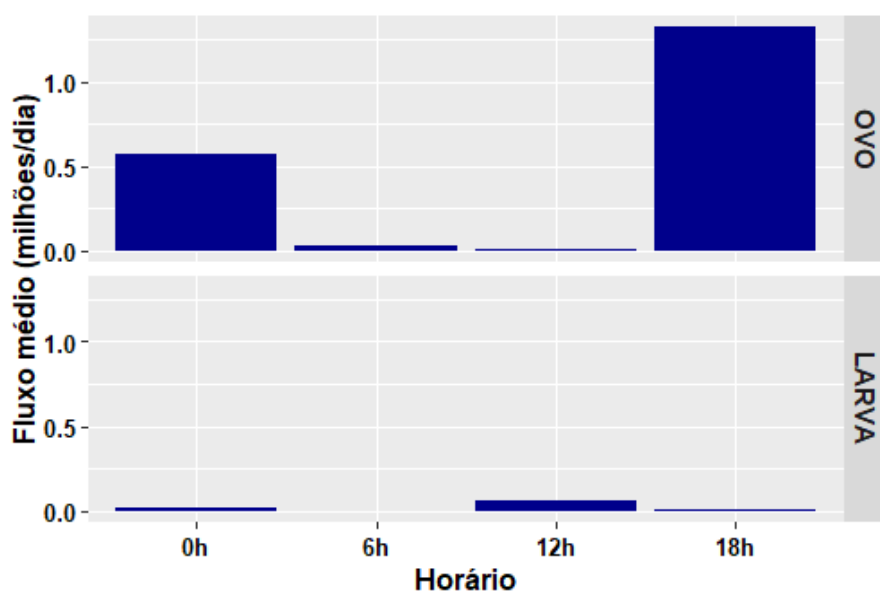


Figura 5.81. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimados para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.7.2. Composição taxonômica

A composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do rio Negro é apresentada na Tabela 5.23 (apêndices). Foram identificados 12 táxons, sendo sete ao nível de gênero ou espécie. No ponto PEIXE, foi registrado o maior número de táxons, nove, e por outro lado, no ponto RICO, somente três táxons foram constatados. Pimelodidae e Characiformes foram os táxons com maiores fluxos médios verificados nesta sub-bacia. A estrutura da assembleia de larvas não foi significativamente diferente entre os pontos amostrais na sub-bacia do rio Negro (Pseudo-F= 7,0; $p=0,11$).

Nesta sub-bacia foram registradas larvas de duas espécies alvo, *H. platyrhynchos* e *P. lineatus*, além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.23, apêndices; Figura 5.82).

O ponto PEIXE apresentou o maior fluxo médio de larvas de espécies alvo, incluindo Anostomidae e Pimelodidae, com cerca 0,100 milhões de larvas/dia, predominantemente pertencente à família Pimelodidae (Figura 5.82). No ponto NEGRI foi registrada apenas larvas de Anostomidae, no RICO somente Pimelodidae e no NEGRO, *H. platyrhynchos* e Pimelodidae (Figura 5.82).

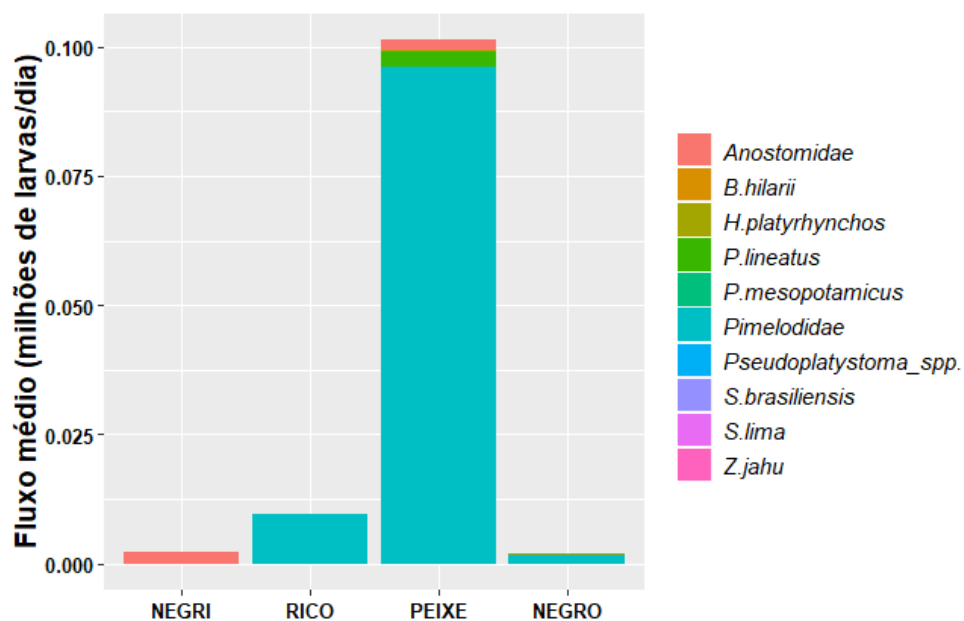


Figura 5.82. Proporção do fluxo médio de larvas das famílias e espécies alvo (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.7.3. Estimativas das áreas de desova

Apenas ovos em CI foram capturados na sub-bacia do rio Negro (Figura 5.83). Larvas de Anostomidae e *P. lineatus* foram encontradas apenas em LV, enquanto *H. platyrhynchos*, apresentou larvas em LV e PF e Pimelodidae em PF e FL (Figura 5.83).

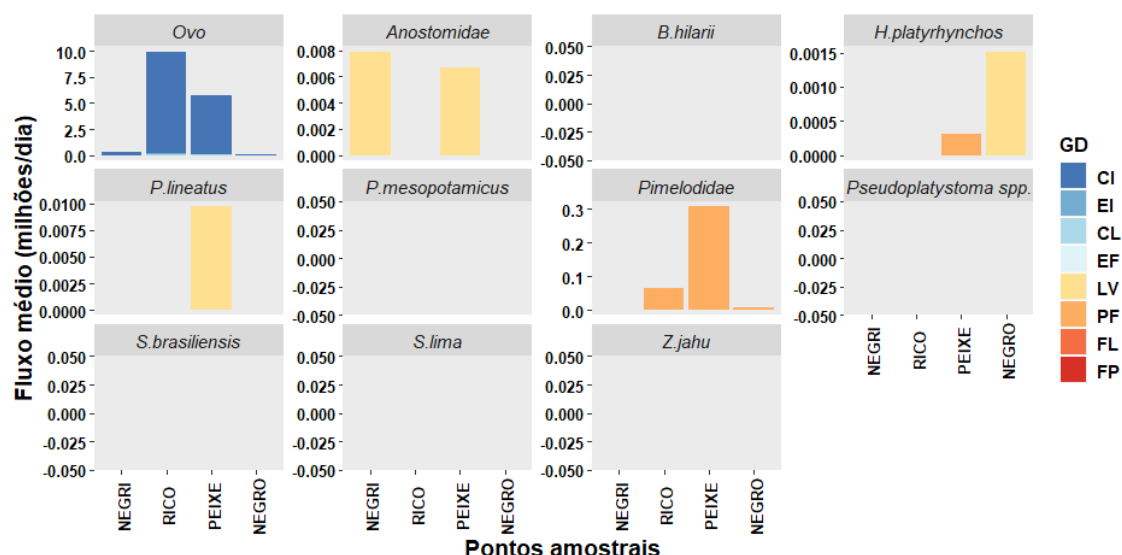


Figura 5.83. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo nos pontos amostrais na sub-bacia do rio Negro, entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV=larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

Para a estimativa das áreas de desova foram consideradas as ocorrências, nos diferentes pontos de amostragem, dos ovos e das larvas, nos diferentes estágios de desenvolvimento, conforme apresentado na Figura 5.84. Na Tabela 5.11 (apêndices) são apresentadas as estimativas das distâncias máximas dos pontos de coleta aos potenciais locais de desova.

Ovos. Em todos os pontos desta sub-bacia foram encontrados ovos não identificados em diferentes estágios de desenvolvimento (Figura 5.84), sendo assim, uma evidência de que as áreas a montante dos pontos amostrais são locais de desova de várias espécies, incluindo possivelmente as espécies alvo. As distâncias máximas estimadas foram de 10 km, a partir do ponto NEGRO, 28,2 Km do ponto RICO, 30,3 km do ponto NEGRI e 50,1 km do ponto PEIXE (Figura 5.84).

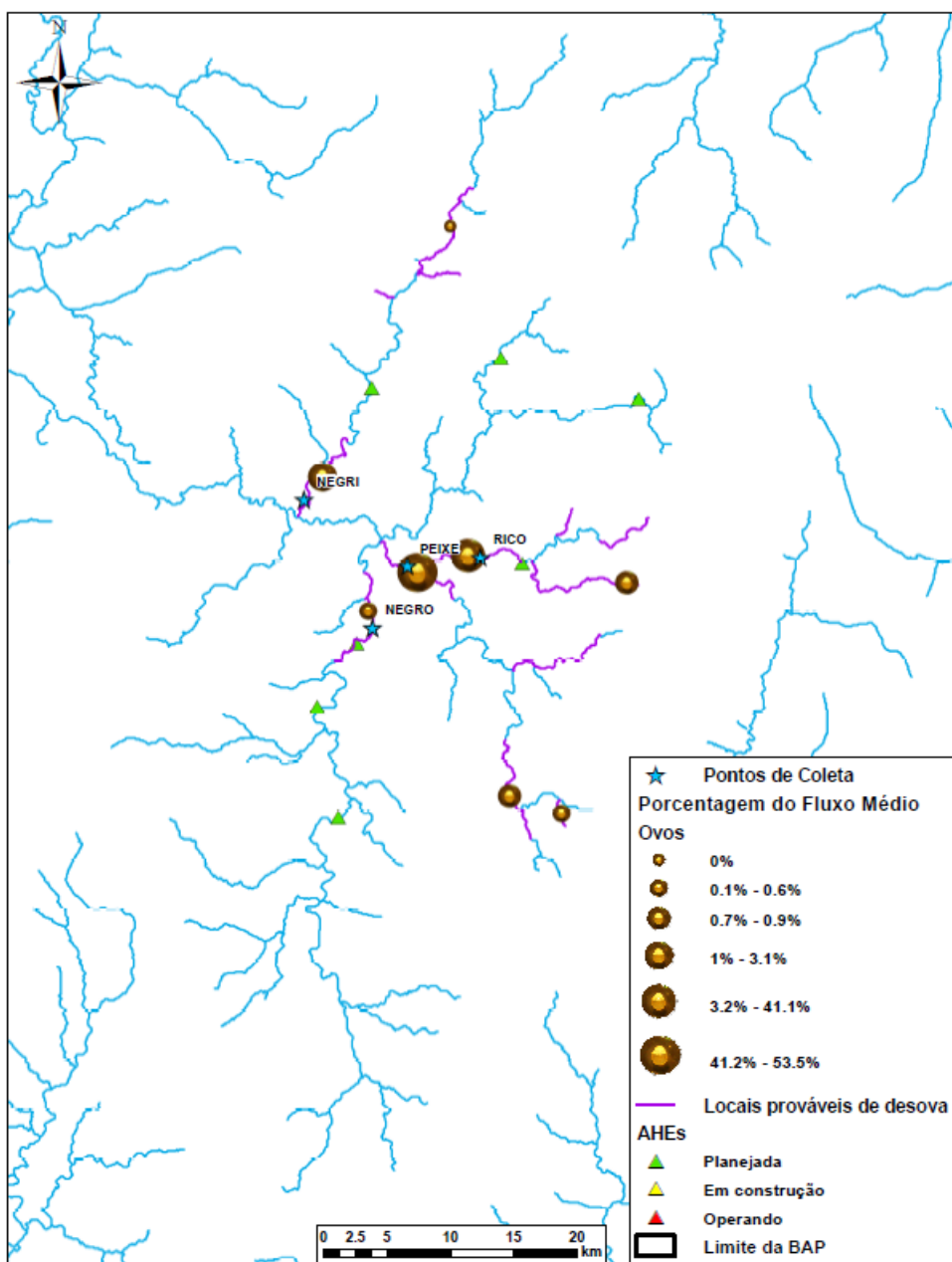


Figura 5.84. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de peixes na sub-bacia do rio Negro, utilizando como variáveis, o fluxo de ovos, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento embrionário e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de ovos de peixes.

Characiformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons Anostomidae e *P. lineatus* pertencentes a ordem Characiformes são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.85 a 5.86

No ponto NEGRI, a distância máxima estimada como área de desova para Anostomidae foi de 50,4 km, enquanto no ponto RICO, a desova de *P. lineatus* aconteceu a uma distância de 50,1 km. A partir do ponto PEIXE, a distância estimada para as áreas de desova para Anostomidae e *P. lineatus* foi de 50,1 km, enquanto para o ponto NEGRO a estimativa foi de 70,6 km para a desova de *P. lineatus*.

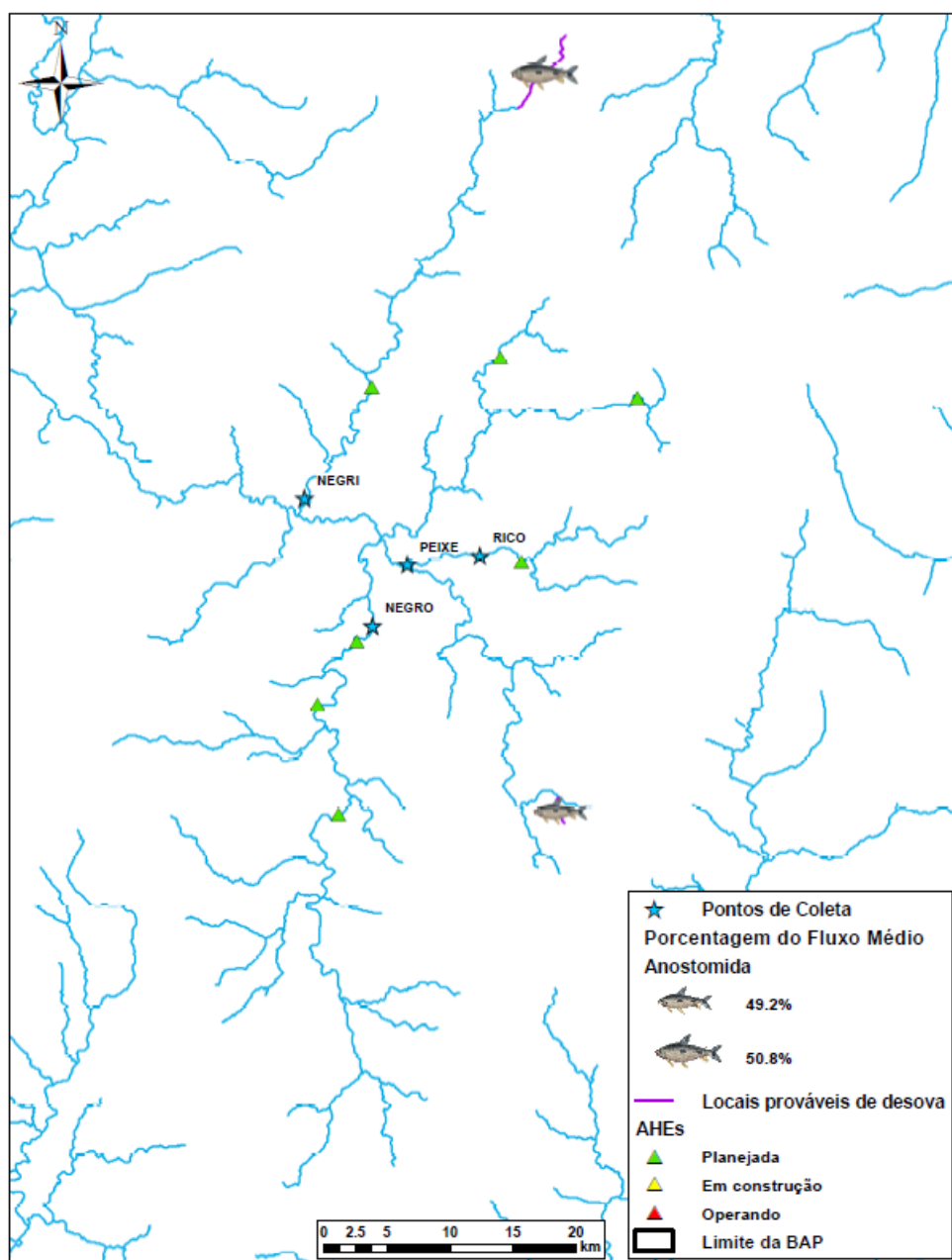


Figura 5.85. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Anostomidae na sub-bacia do rio Negro, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Anostomidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Anostomidae.

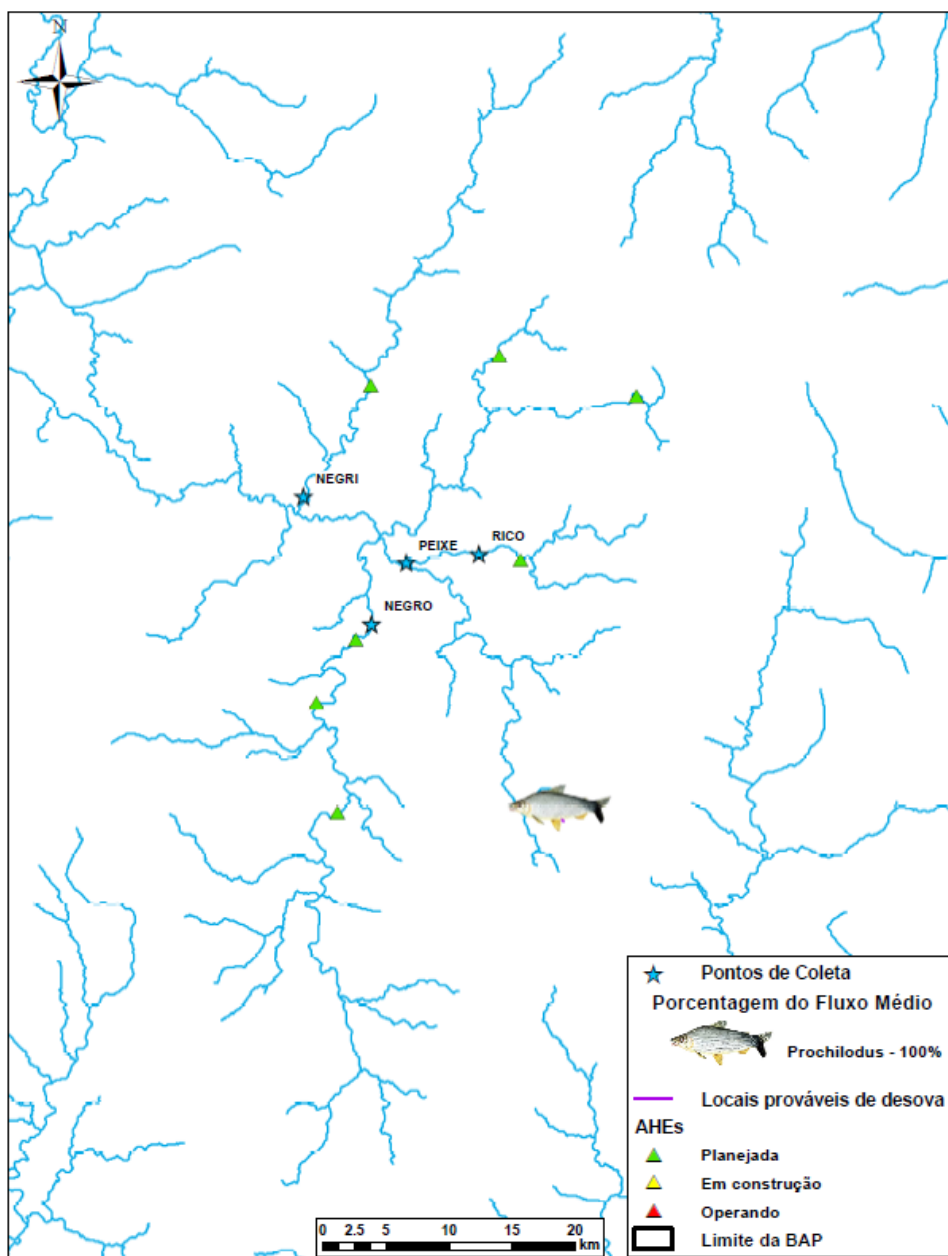


Figura 5.86. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Prochilodus lineatus* na sub-bacia do rio Negro, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Prochilodus lineatus*.

Siluriformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes aos Siluriformes, *H. platyrhynchos* e Pimelodidae são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.87 a 5.88.

A partir do ponto PEIXE, a distância estimada para as áreas de desova para *H. platyrhynchos* e Pimelodidae foi de 50,1 km, enquanto para o ponto NEGRO a estimativa foi de 70,6 km para as desovas de *H. platyrhynchos* e Pimelodidae.

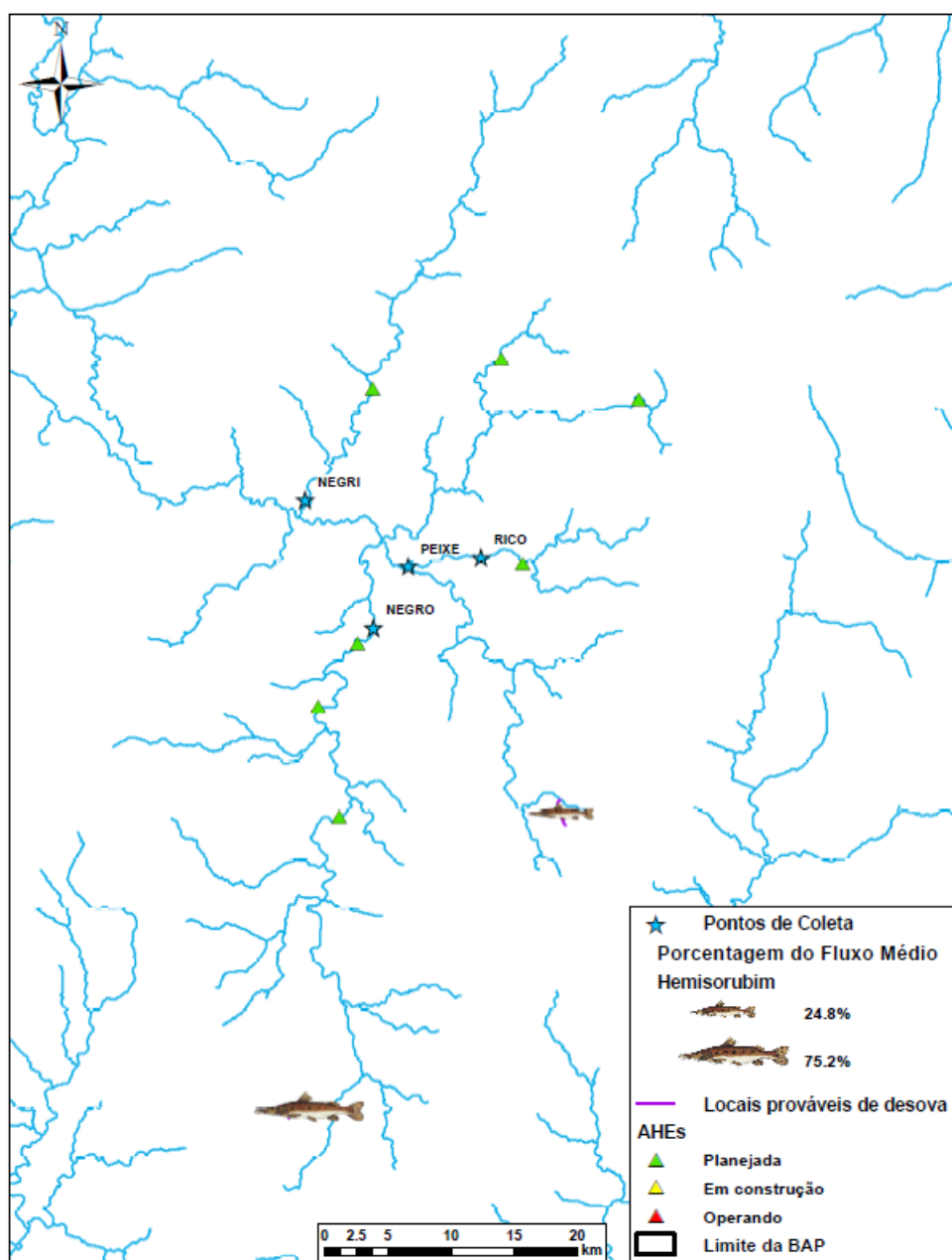


Figura 5.87. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Hemisorubim platyrhynchos* na sub-bacia do rio Negro, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Hemisorubim platyrhynchos*.

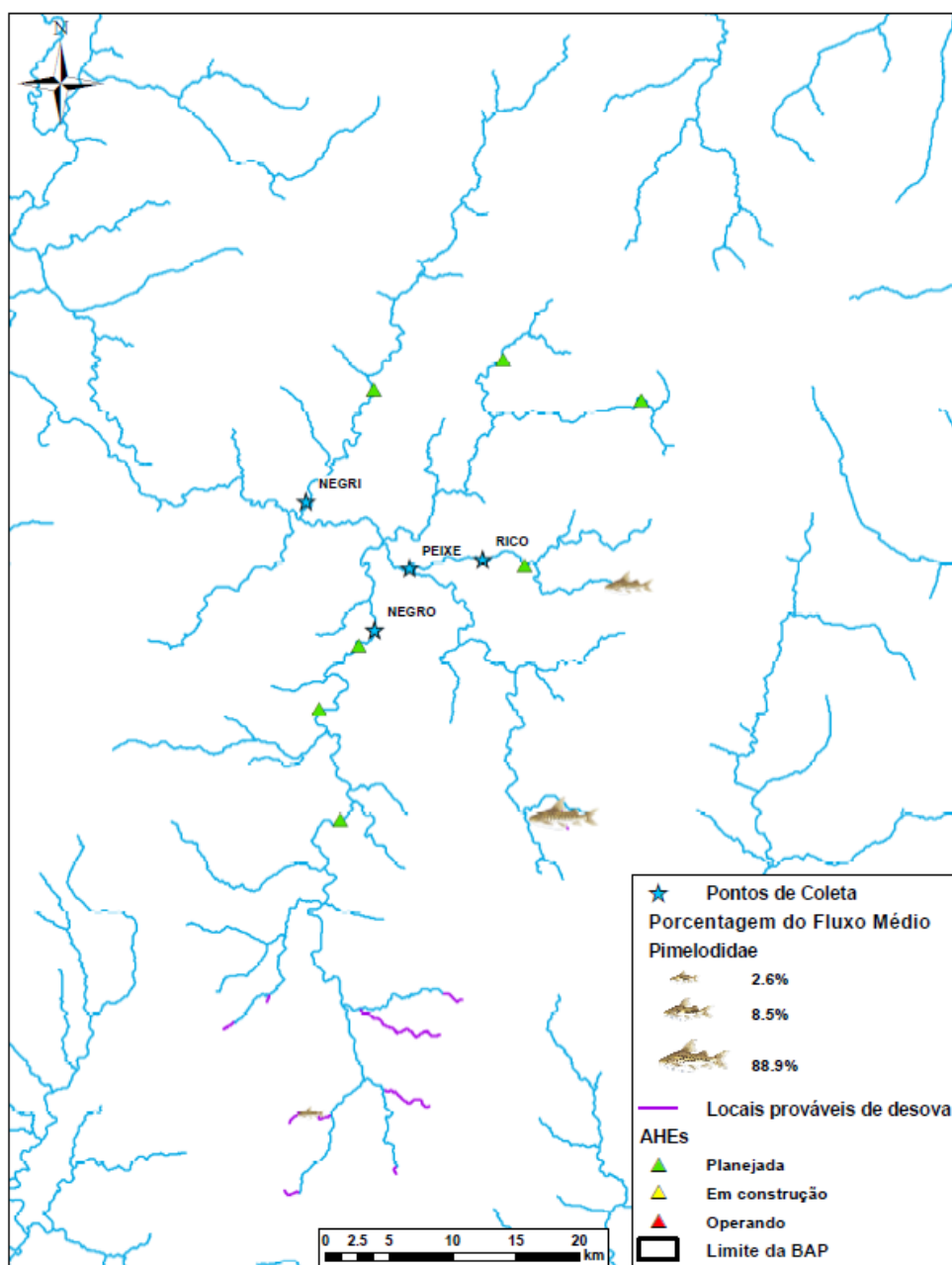


Figura 5.88. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Pimelodidae na sub-bacia do rio Negro, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Pimelodidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Pimelodidae.

5.2.8. Sub-bacia do rio Apa

5.2.8.1. Distribuição espaço-temporal

O fluxo médio, tanto de ovos quanto de larvas, foi significativamente diferente entre os locais ($D = 9,7$; $p=0,001$ e $D = 81,8$; $p<0,001$, respectivamente) e o ponto APA apresentou maiores fluxos médios diários de ovos, 0,34 milhões/dia e de larvas, 0,33 milhões/dia (Figura 5.89).

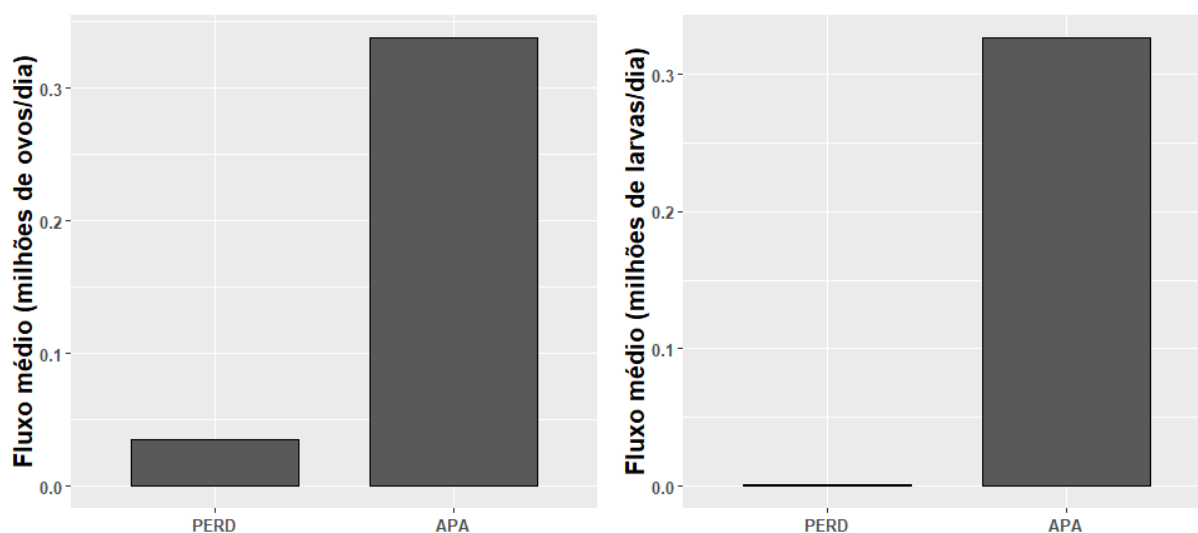


Figura 5.89. Fluxo médio diário de ovos (esquerda) e larvas (direita) de peixes (milhões/dia), nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019.

Os fluxos de ovos e larvas foram maiores principalmente nos meses de outubro e novembro (Figuras 5.90 e 5.91). O fluxo de ovos foi significativamente maior no ciclo reprodutivo 2018/2019, quando comparado ao ciclo 2017/2018 (interação: $LRT=16,05$; $p<0,01$) em ambos os pontos amostrais da bacia do rio Apa (APA: $F_{ciclo2}/F_{ciclo1}=6,56$; $p=0,02$ e PERD: $F_{ciclo2}/F_{ciclo1}=48,47$; $p<0,01$) (Figura 5.90). O fluxo de larvas, por outro lado, não diferiu significativamente em nenhum ponto amostral ($LRT=2,22$; $p=0,32$) (Figura 5.91).

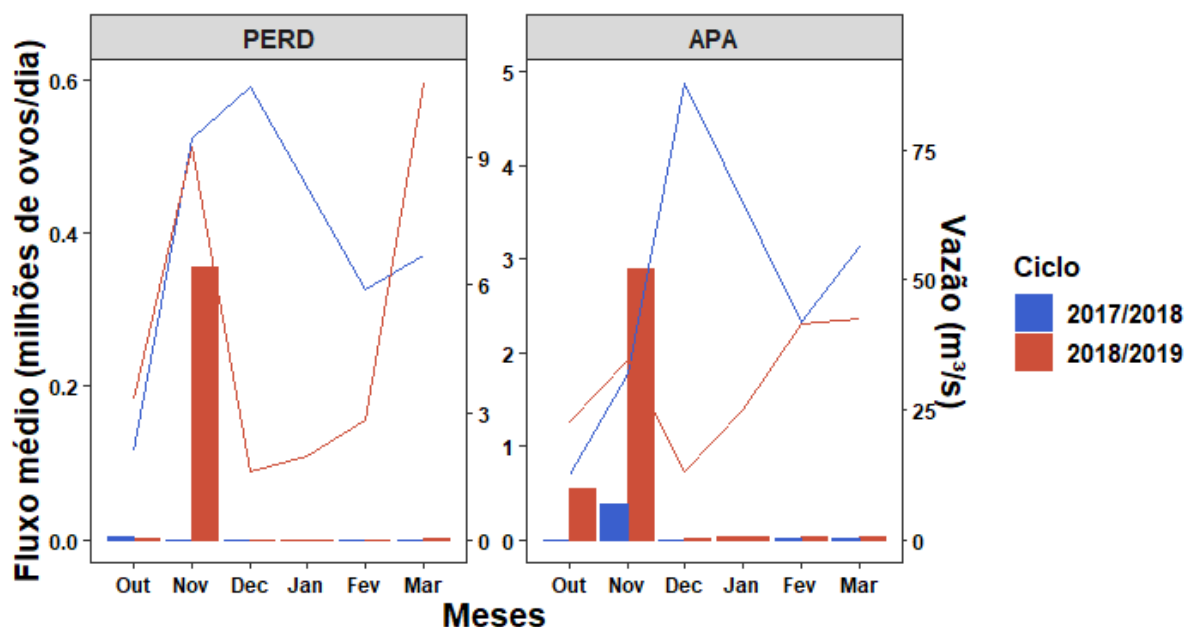


Figura 5.90. Fluxo médio diário de ovos de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

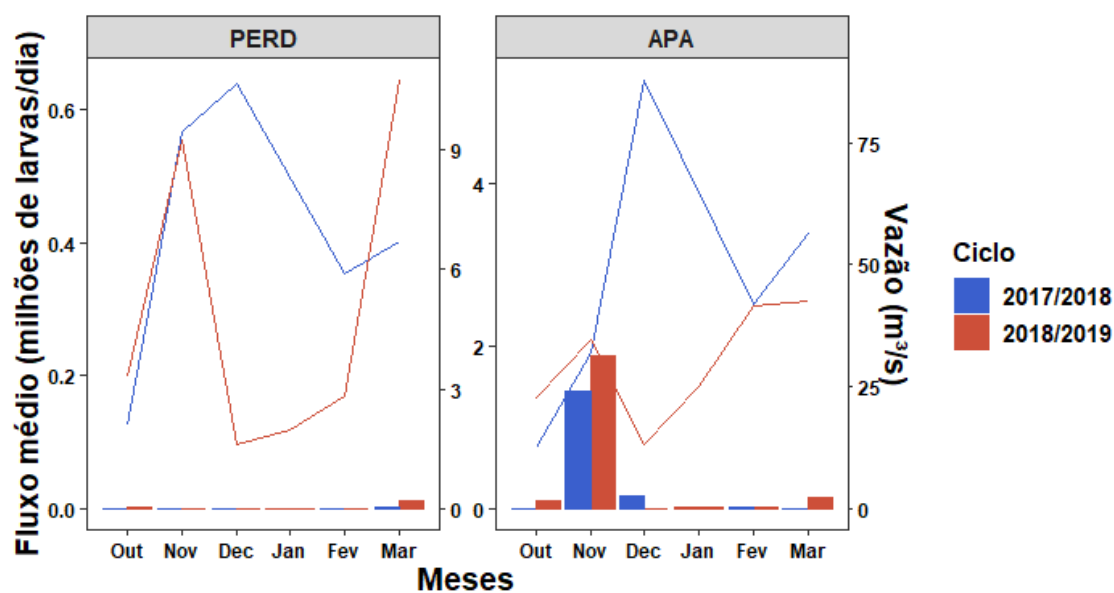


Figura 5.91. Fluxo médio diário de larvas de peixes (milhões/dia) e vazão média estimada (subdividido nos dois ciclos reprodutivos- outubro a março), nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019. Ressalta-se que as escalas dos eixos são distintas entre os gráficos.

Nesta sub-bacia o fluxo de ovos diferiu significativamente entre os horários ($D= 8,52$; $p=0,01$), com destaque para as 0:00 e 6:00 horas, enquanto o fluxo de larvas não foi significativamente diferente entre eles ($D= 29,73$; $p=0,29$) com variação nictemeral sutil (Figura 5.92).

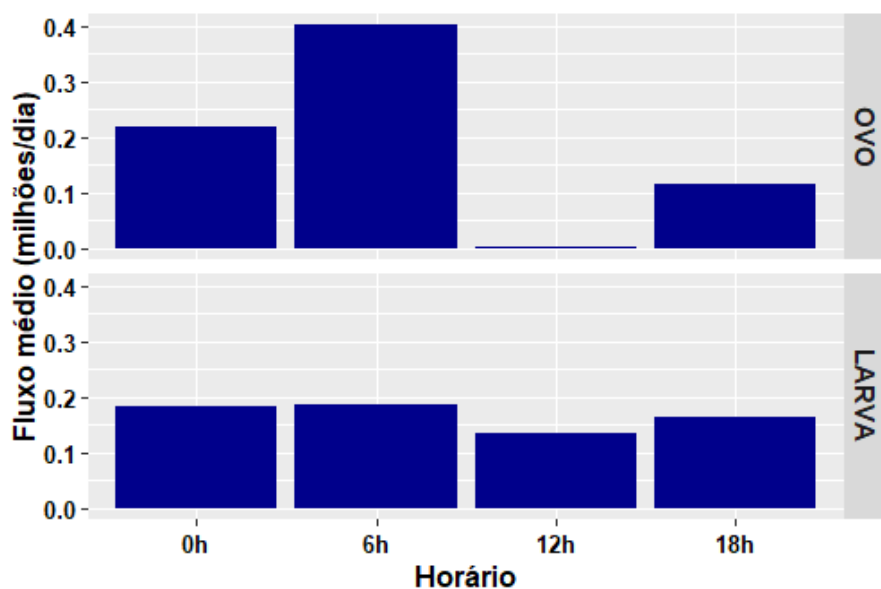


Figura 5.92. Fluxo médio diário de ovos (superior) e larvas (inferior) de peixes (milhões/dia) estimado para os diferentes estratos e horários nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.8.2. Composição taxonômica

Na Tabela 5.24 (apêndices) é apresentada a composição taxonômica da assembleia de larvas de peixes capturada na sub-bacia do rio Apa. Foram identificados 20 táxons, sendo 15 ao nível de gênero ou espécie. O ponto APA foi muito superior ao ponto PERD, em número de táxons, 17 e 6, respectivamente. Anostomidae e *H. platyrhynchos* foram os táxons com maiores fluxos médios verificados nesta sub-bacia.

Foram registradas nesta sub-bacia, larvas de sete espécies alvo, sendo elas *B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. mesopotamicus*, *P. lineatus*, *Pseudoplatystoma* spp., *S. brasiliensis* e *S. lima*, além daquelas que foram enquadradas nas famílias Anostomidae e Pimelodidae (Tabela 5.24, apêndices; Figura 5.93).

O ponto PERD apresentou os menores fluxos de larvas e somente de Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp., enquanto no ponto APA, todos os táxons foram registrados, com destaque para Anostomidae, *H. platyrhynchos* e Pimelodidae, com 0,12, 0,11 e 0,08 milhões de larvas/dia (Figura 5.93).

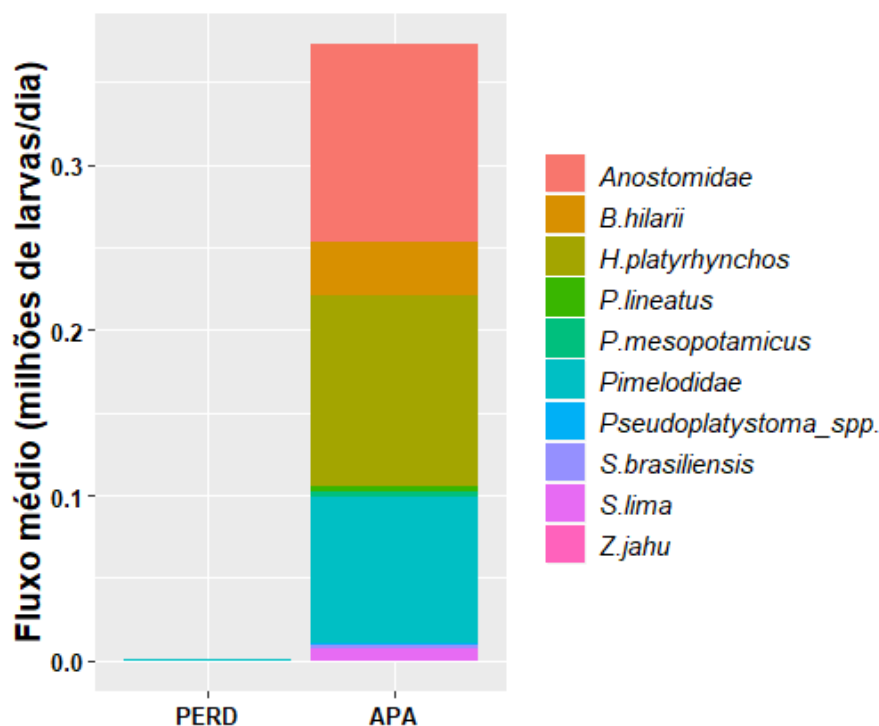


Figura 5.93. Proporção do fluxo médio de larvas das famílias e espécies alvo (milhões/dia) nos pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019.

5.2.8.3. Estimativas das áreas de desova

Todos os estágios de desenvolvimento embrionário foram capturados na sub-bacia do rio Apa (Figura 5.94). Larvas de Anostomidae, *P. lineatus*, *P. mesopotamicus* e *Pseudoplatystoma* spp. foram encontradas apenas em LV, enquanto *B. hilarii*, *H. platyrhynchos* e *S. lima* apresentaram larvas em LV e PF; e Pimelodidae e *S. brasiliensis* em PF e FL (Figura 5.94).

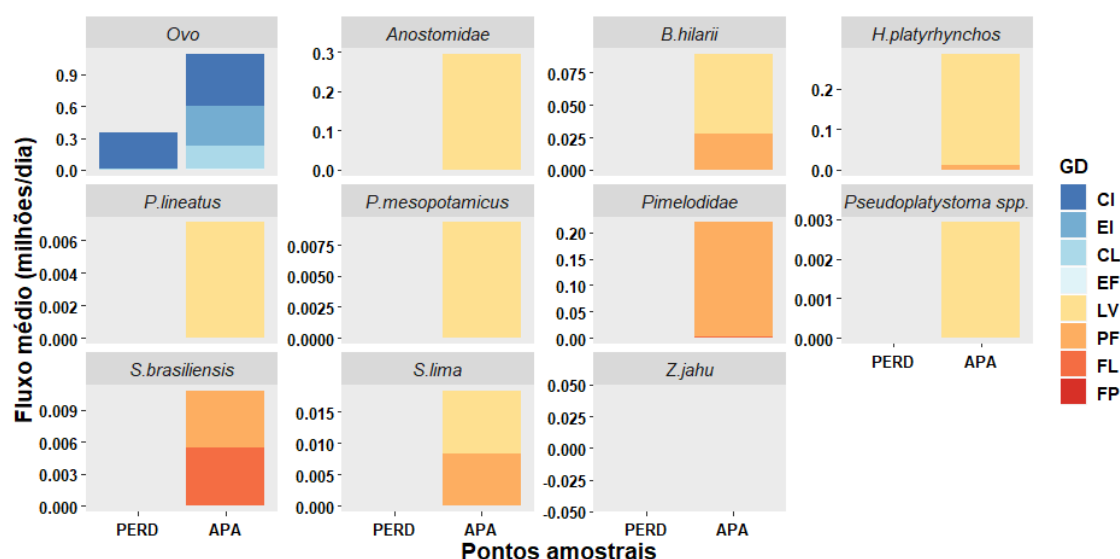


Figura 5.94. Proporção do fluxo médio de estágios de desenvolvimento embrionário e larval de peixes das famílias e espécies alvo nos pontos amostrais na sub-bacia do rio Apa, entre outubro de 2017 e março de 2019. Graus de desenvolvimento (GD): CI=clivagem inicial; EI=embrião inicial; CL=cauda livre; EF=embrião final; LV=larval-vitelínico, PF = pré-flexão, FL= flexão, FP= pós-flexão.

Para a estimativa das áreas de desova foram consideradas as ocorrências, nos diferentes pontos de amostragem, dos ovos e das larvas, nos diferentes estágios de desenvolvimento, conforme apresentado na Figura 5.94. Na Tabela 5.11 (apêndices) são apresentadas as estimativas das distâncias máximas dos pontos de coleta aos potenciais locais de desova.

Ovos. Em todos os pontos desta sub-bacia foram encontrados ovos não identificados em diferentes estágios de desenvolvimento (Figura 5.95), sendo assim, uma evidência de que as áreas a montante dos pontos amostrais são locais de desova de várias espécies, incluindo possivelmente as espécies alvo. As distâncias máximas estimadas foram de 60,6 km, a partir do ponto APA e 50,7 km do ponto PERD (Figura 5.95).

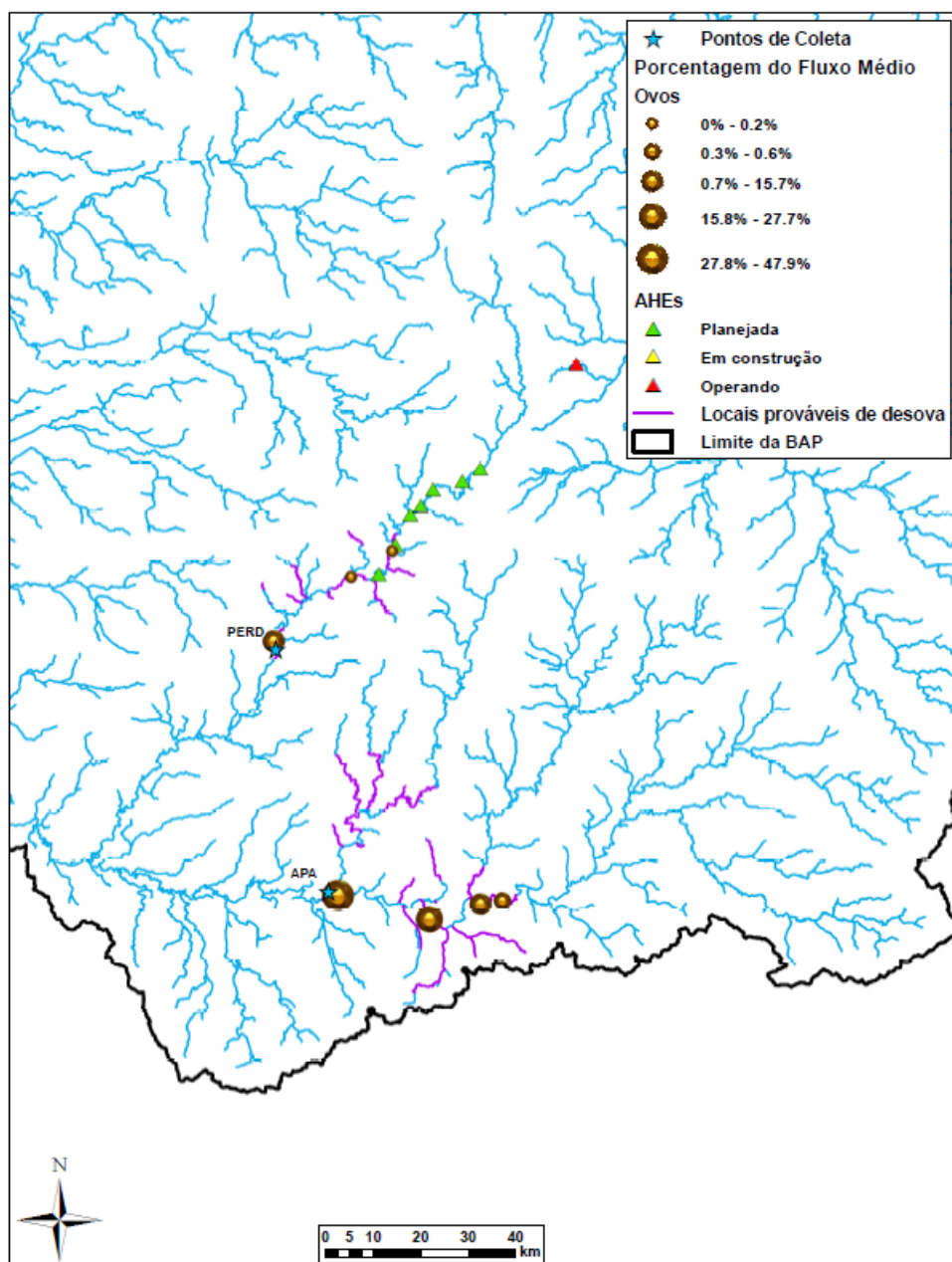


Figura 5.95. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de peixes na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de ovos, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento embrionário e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de ovos de peixes.

Characiformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes a ordem Characiformes (Anostomidae, *B. hilarii*, *P. lineatus*, *P. mesopotamicus* e *S. brasiliensis*) são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.96 a 5.100.

A distância máxima estimada como área de desova no ponto APA para Anostomidae, *P. lineatus* e *P. mesopotamicus* foi de 80,7 km, enquanto para *B. hilarii* foi de 120,9 km e para *S. brasiliensis* de 161 km. No ponto PERD nenhum táxon desta ordem foi registrado.

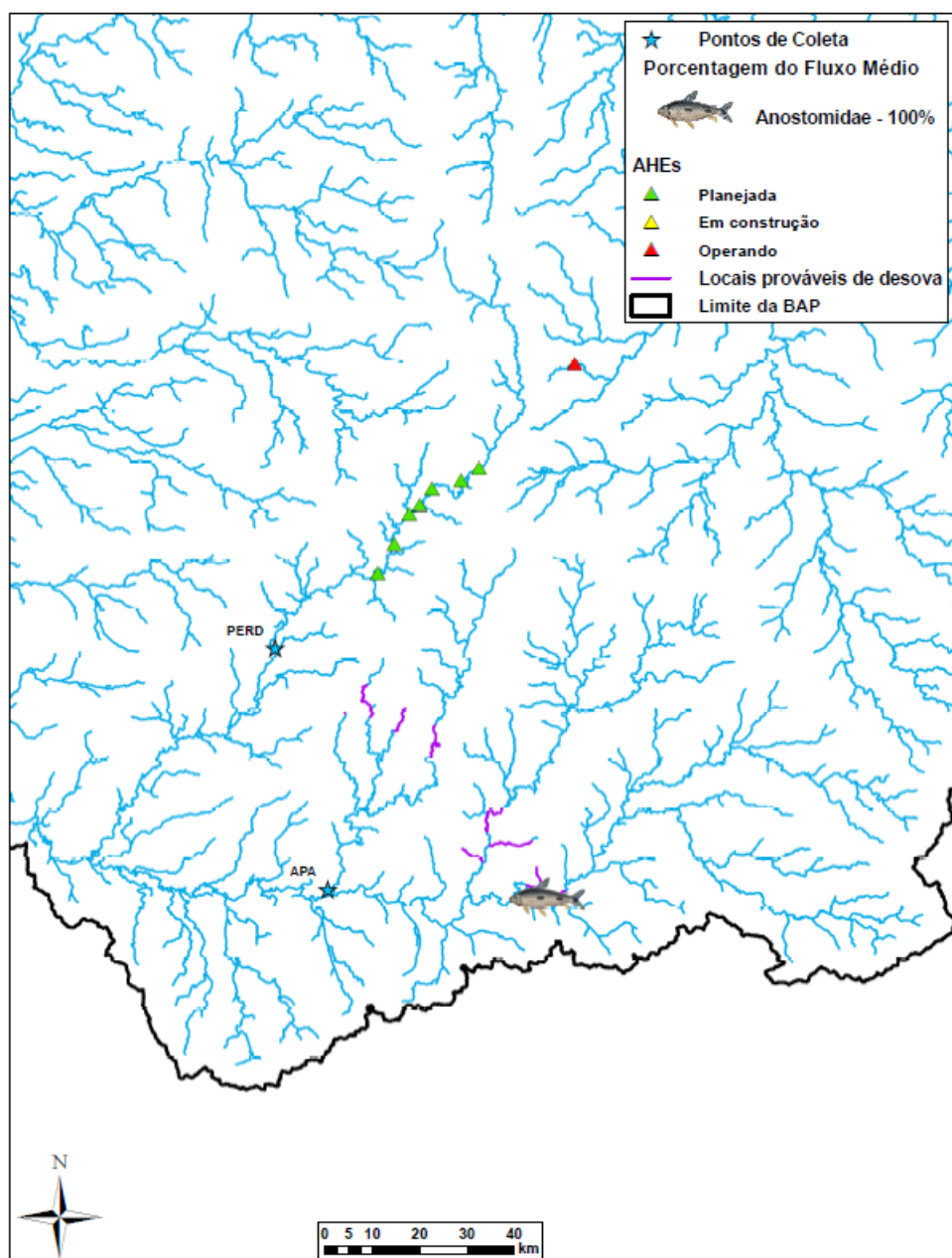


Figura 5.96. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Anostomidae na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Anostomidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Anostomidae.

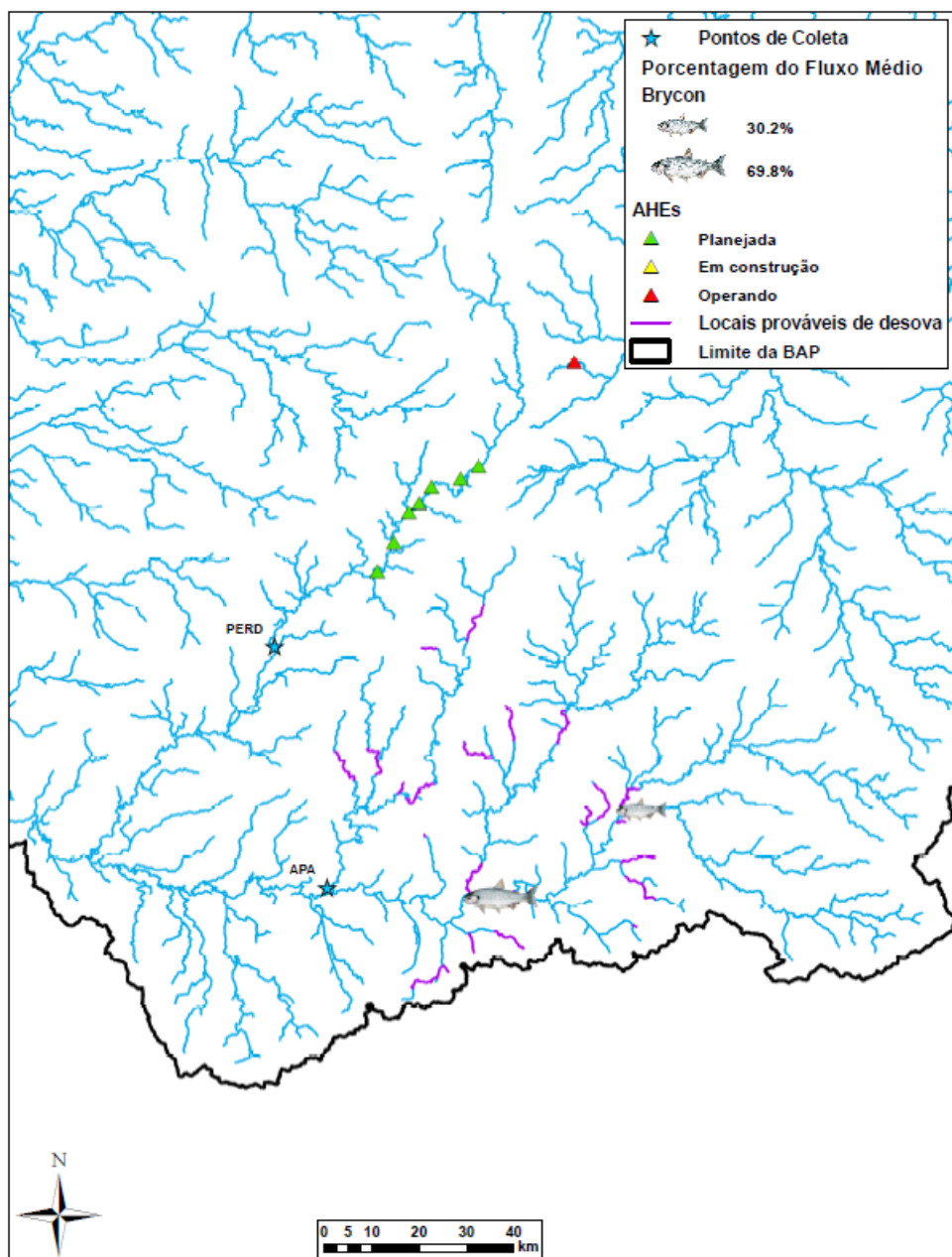


Figura 5.97. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Brycon hilarii* na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Brycon hilarii*.

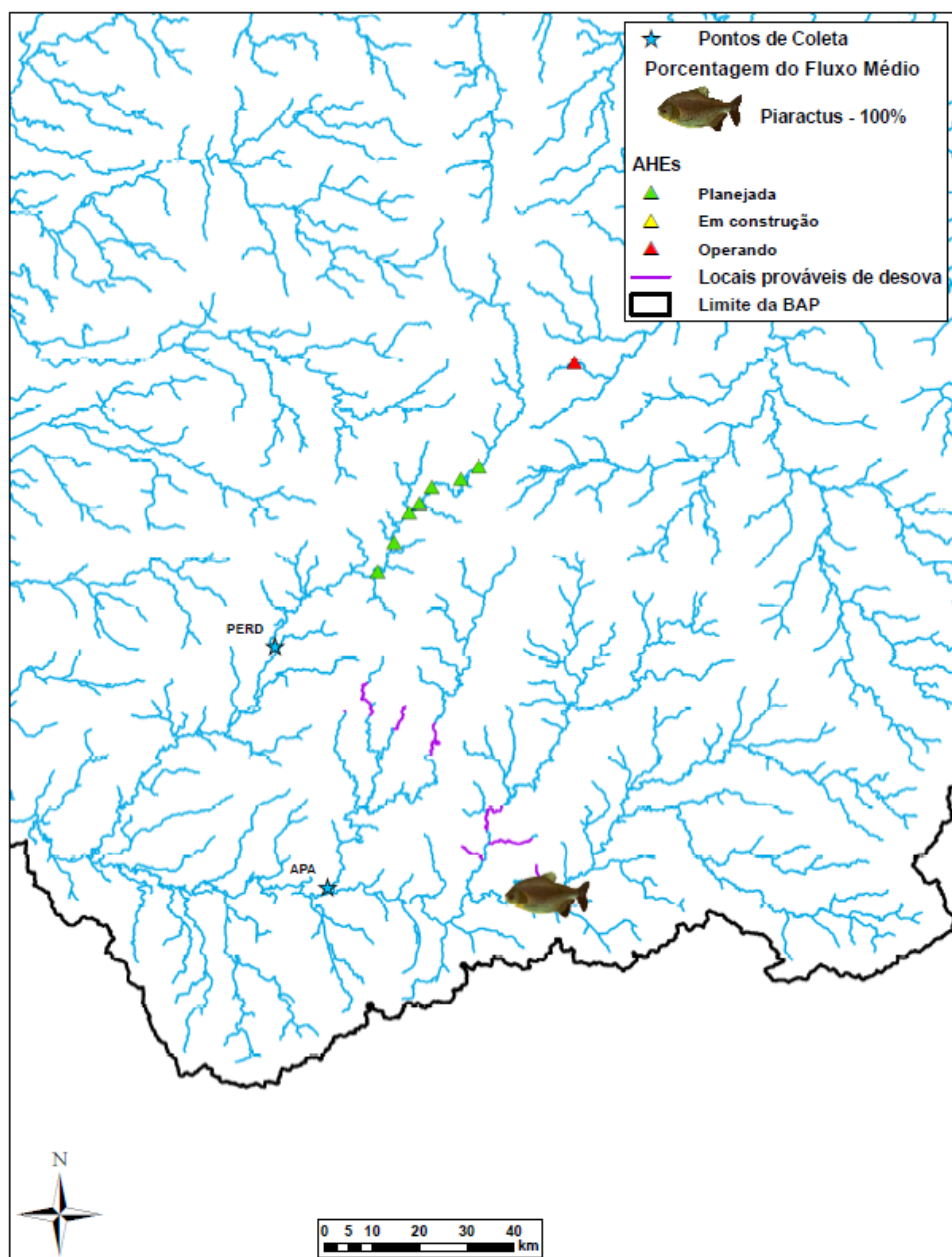


Figura 5.98. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Piaractus mesopotamicus* na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Piaractus mesopotamicus*.

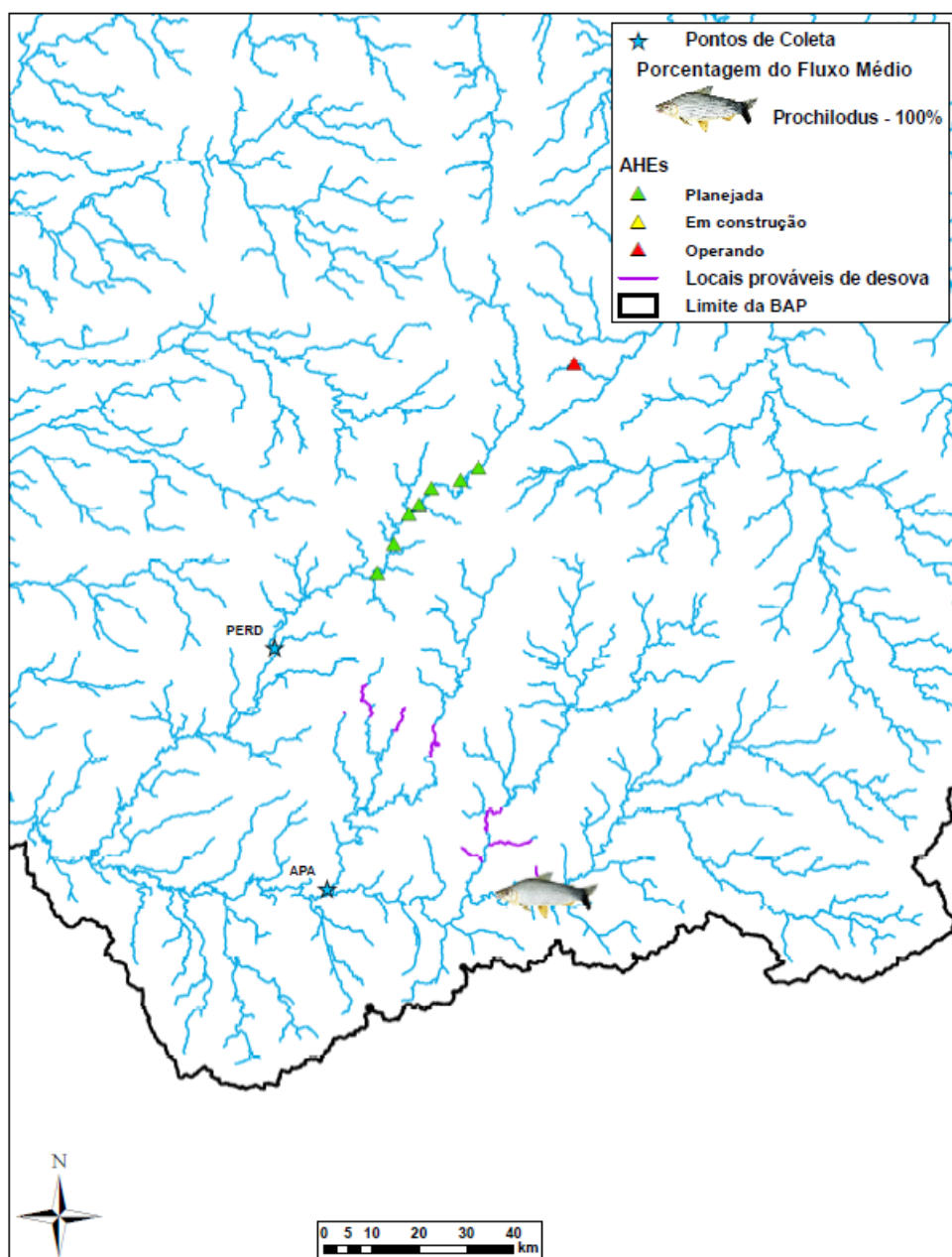


Figura 5.99. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Prochilodus lineatus* na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Prochilodus lineatus*.

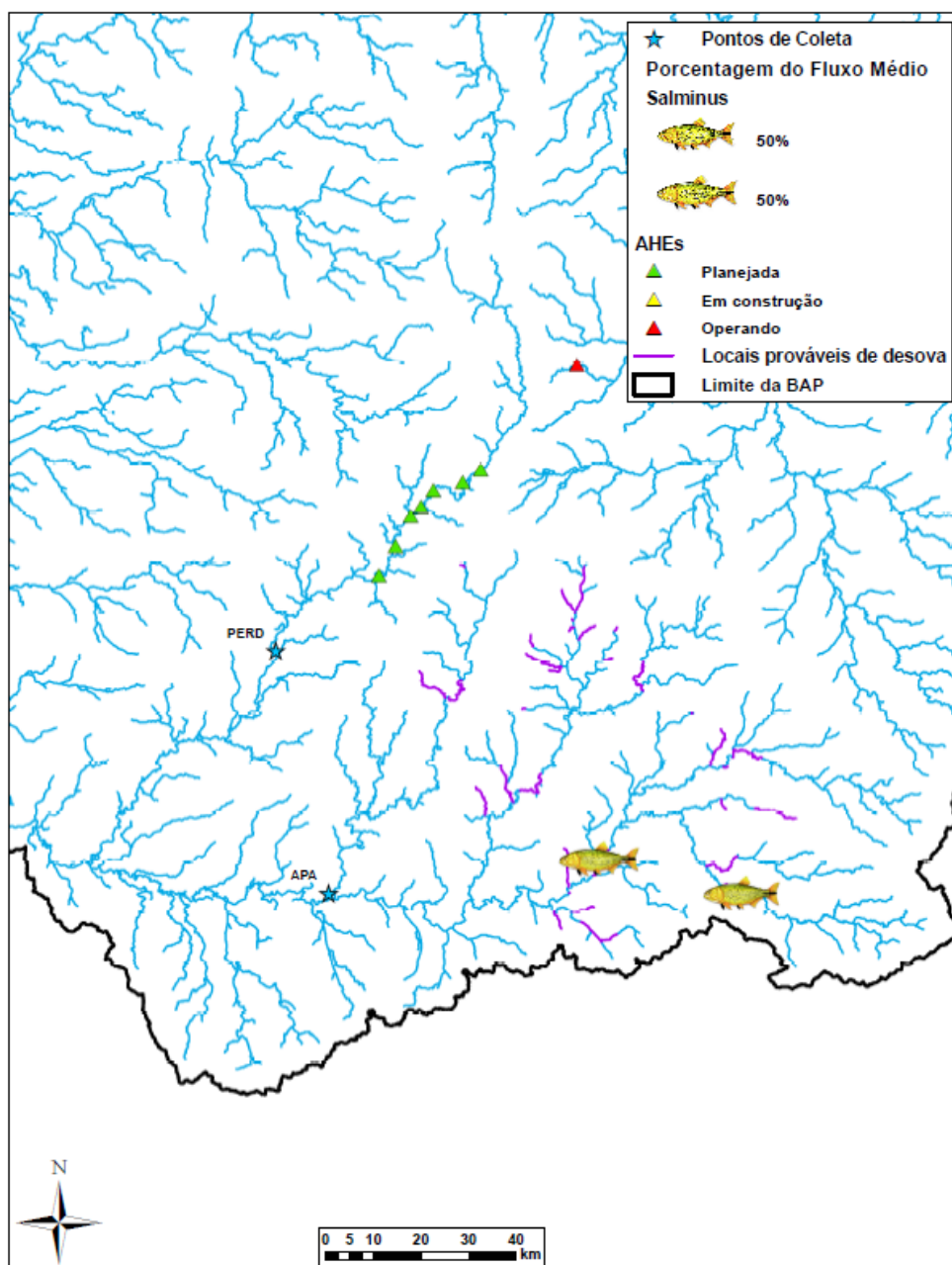


Figura 5.100. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Salminus brasiliensis* na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Salminus brasiliensis*.

Siluriformes. As estimativas das áreas de desova dos táxons pertencentes aos Siluriformes, *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. são apresentadas na Tabela 5.11 (apêndices) e nas Figuras 5.101 a 5.103.

A partir do ponto PER, a distância estimada para as áreas de desova para Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp. foi de 70,4 km e 171,1 km, respectivamente. Para o ponto APA, as distâncias foram para *H. platyrhynchos*, Pimelodidae e *Pseudoplatystoma* spp., 141, 221,5 e 70,5 km, respectivamente.

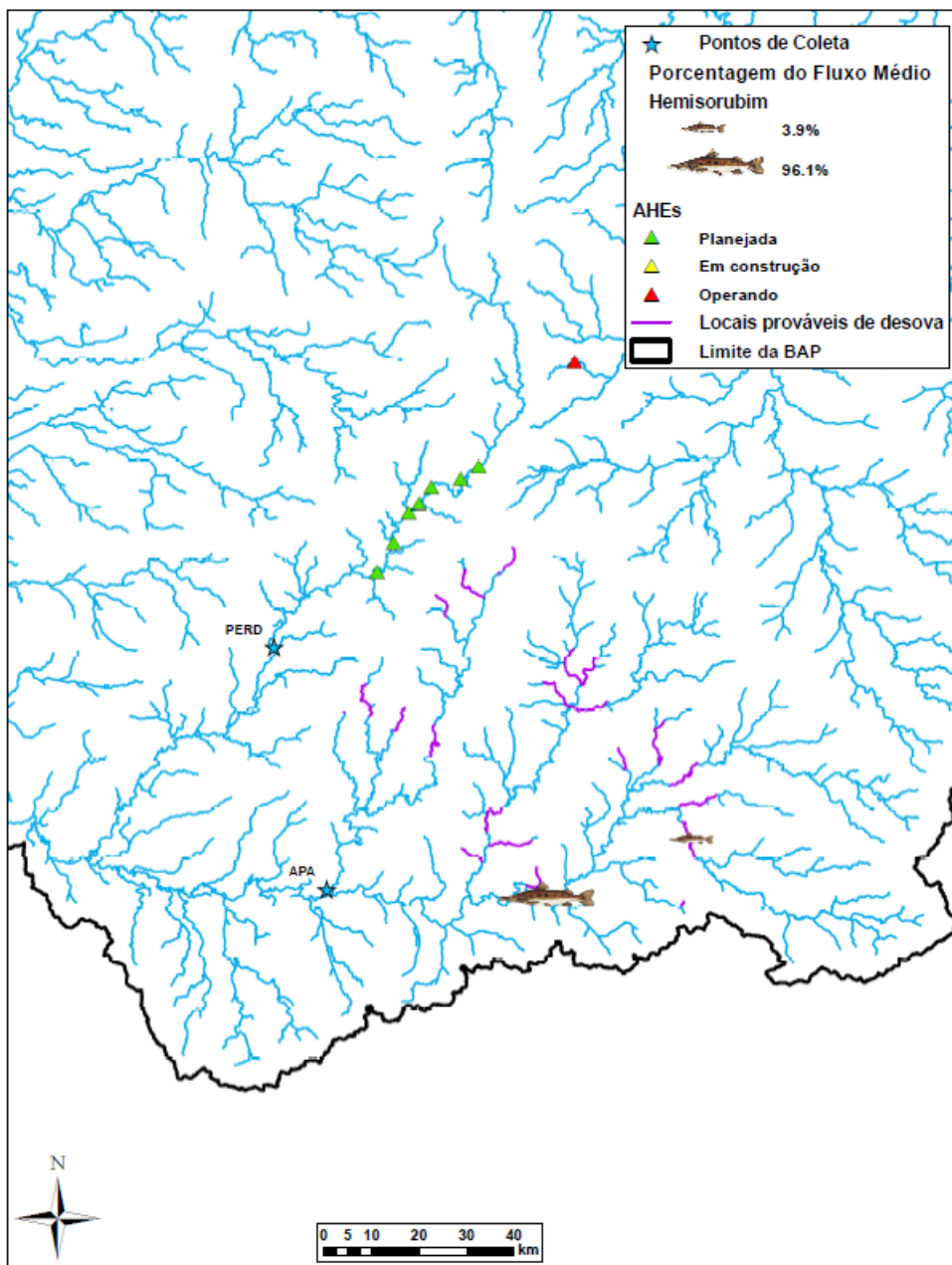


Figura 5.101. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Hemisorubim platyrhynchos* na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Hemisorubim platyrhynchos*.

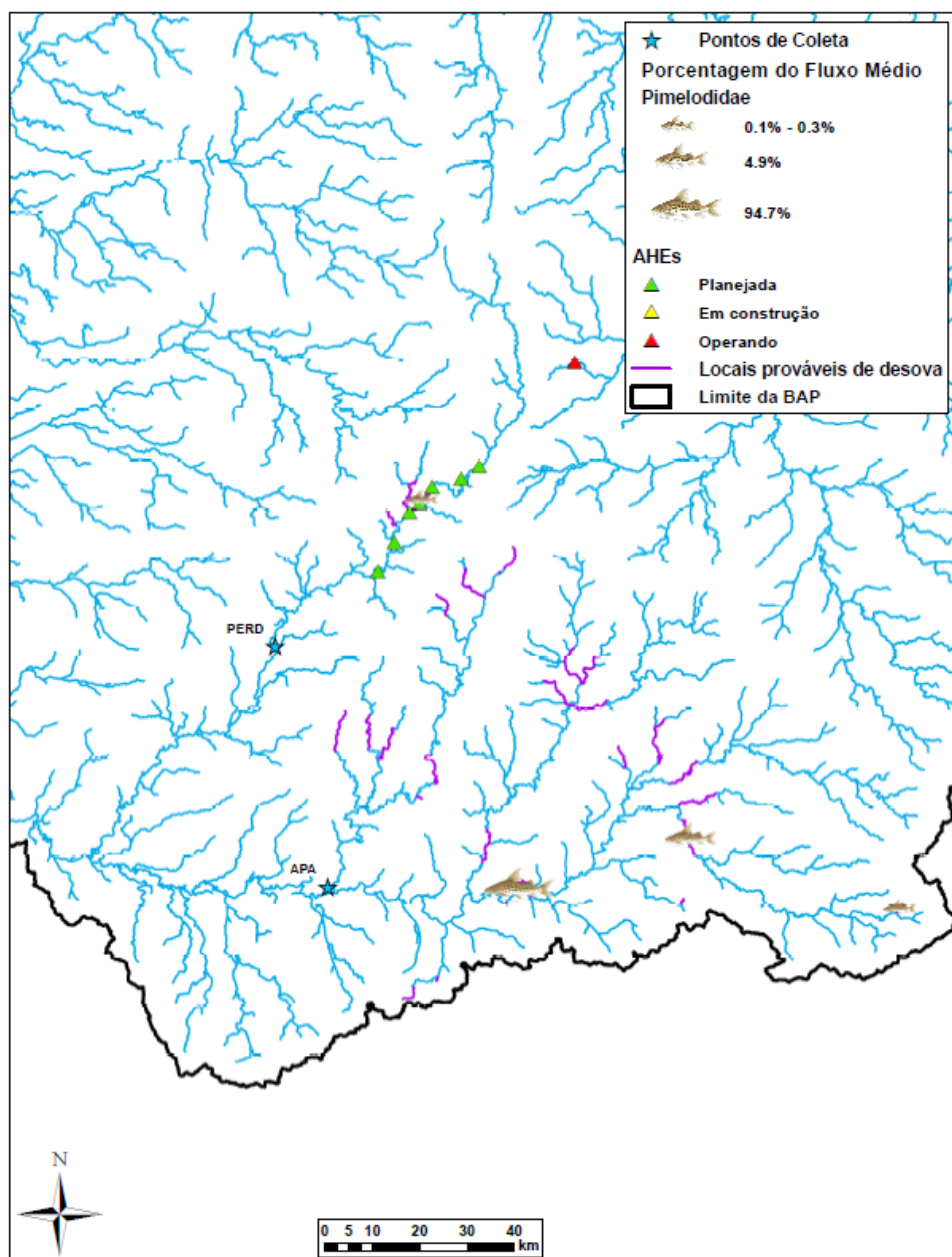


Figura 5.102. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova das espécies de Pimelodidae na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta família, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico das espécies alvo pertencentes a família Pimelodidae. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de Pimelodidae.

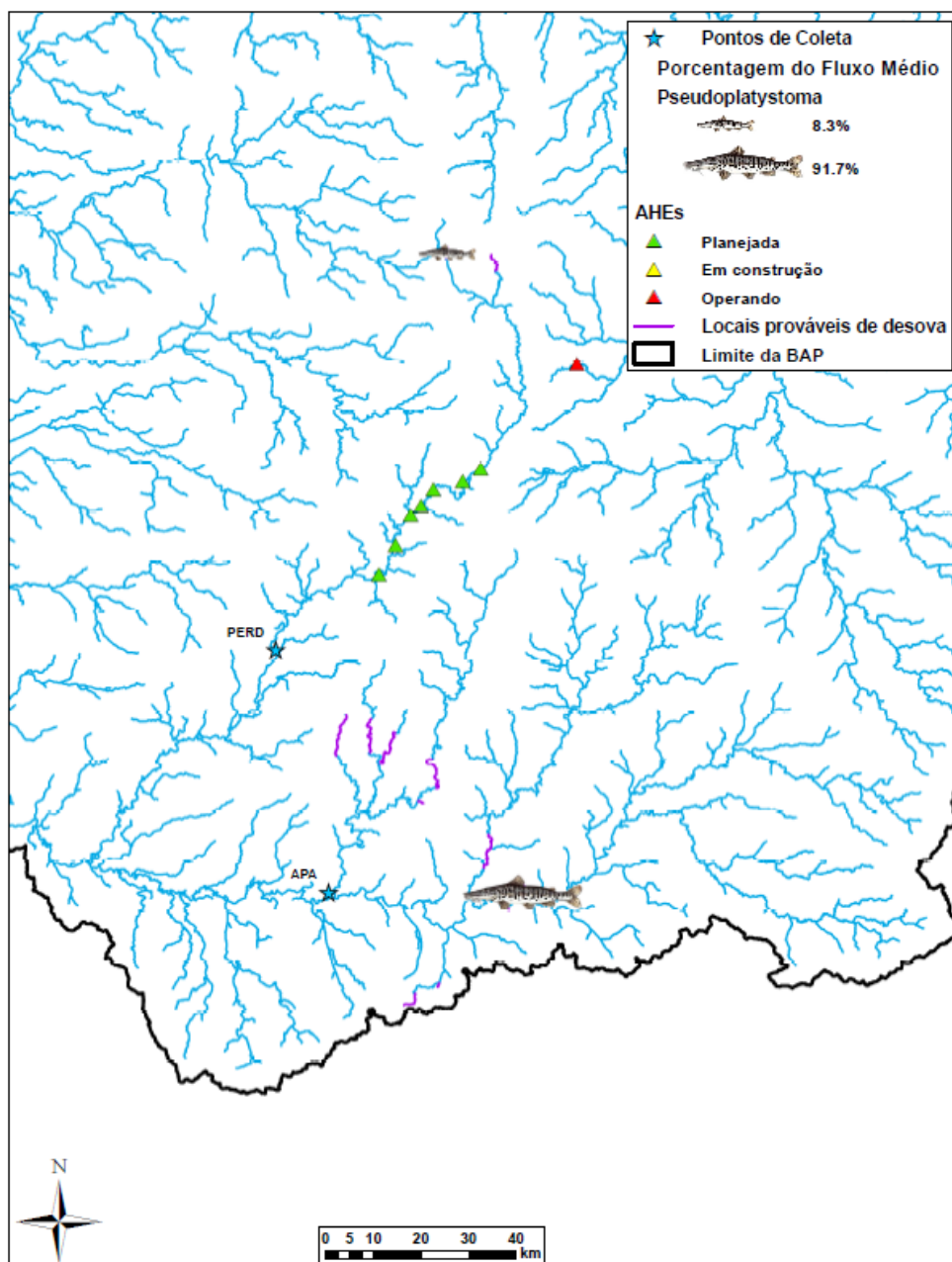


Figura 5.103. Mapa conceitual com a localização estimada das áreas de desova de *Pseudoplatystoma* spp. na sub-bacia do rio Apa, utilizando como variáveis, o fluxo de larvas desta espécie, a velocidade média da água no ponto de amostragem, o grau de desenvolvimento larval e o tempo de desenvolvimento ontogênico da espécie. Marcadores maiores representam pontos com elevada porcentagem de fluxo médio de larvas de *Pseudoplatystoma* spp.

5.2.9. Resumo das áreas de desova da RH Paraguai

Na Figura 5.104 é apresentado o mapa gerado a partir da agregação de todos os trechos de desova estimados para a RH Paraguai. Observa-se que de maneira geral, todas as regiões de planalto das sub-bacias, são potenciais locais de desova para a ictiofauna, especialmente as espécies alvo. Ressaltando que esta metodologia não pode ser aplicada aos dados da sub-bacia do rio Cuiabá, porém os demais dados obtidos demonstram também sua importância na bacia.

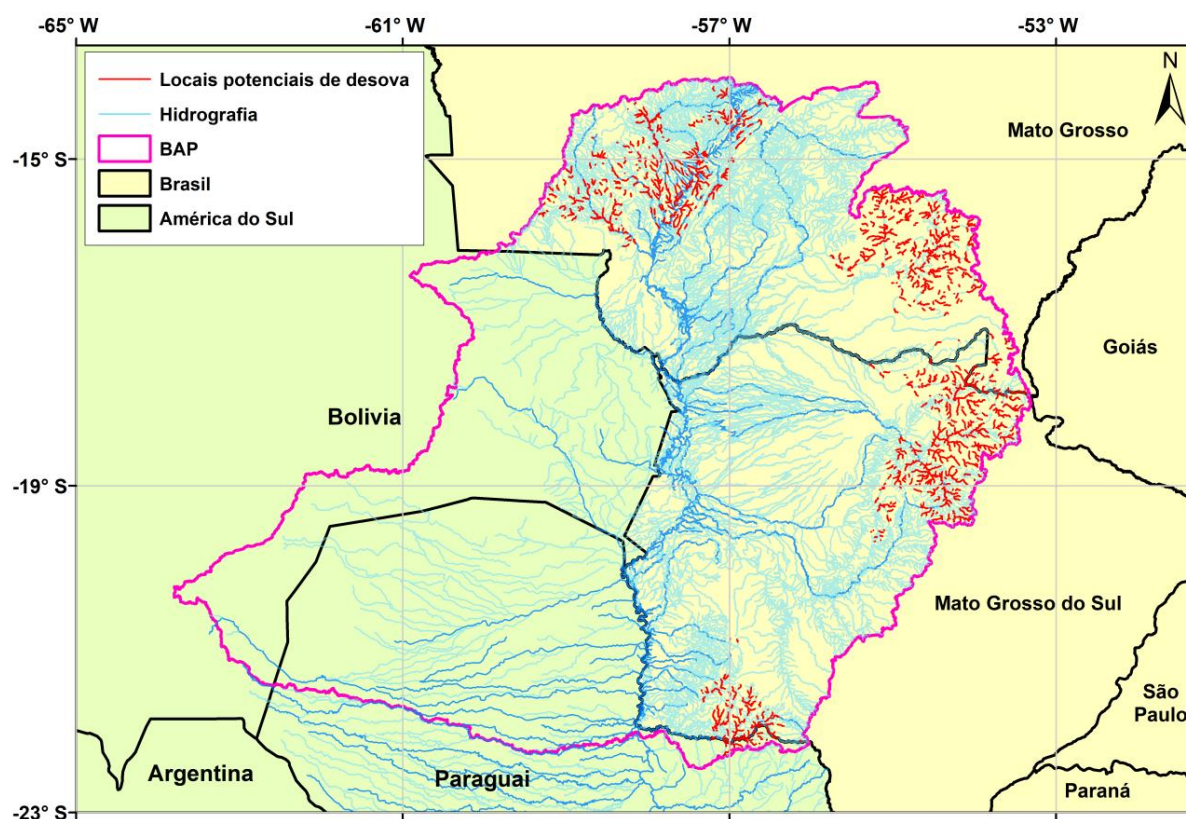


Figura 5.104. Locais potenciais para desova da ictiofauna na RH Paraguai.

5.2.10. MetaDNA

Numa análise preliminar com base no Genbank e no Bold, pode-se identificar ovos e/ou larvas de 57 espécies (Tabela 5.25). Algumas inconsistências taxonômicas foram notadas, como é o caso, por exemplo, da espécie previamente identificada como *Pimelodus blochii*, presente em vários pontos amostrais. Essa espécie é originalmente descrita para o sistema Amazônico, logo, não tendo distribuição relatada para a RH Paraguai. Num primeiro momento, é de se supor que tal incongruência se deve ao fato de que algumas espécies depositadas nos bancos genéticos ainda carecem de uma melhor identificação taxonômica. Essa incongruência não ocorre para os peixes migradores, na qual se incluem as espécies alvo do estudo, uma vez que não apresentam problemas taxonômicos e sua validação nos bancos genéticos é bastante segura. Portanto, pode-se identificar com precisão várias das espécies migradoras presentes nas amostras de ovos e larvas coletadas nos diversos pontos amostrais.

Tabela 5.25. Lista de espécies identificadas através do sequenciamento de DNA de ovos e larvas de peixes obtidos em amostras coletadas na RH Paraguai, entre outubro de 2017 a março de 2019. Em negrito as espécies alvo.

Táxon
<i>Amblydoras gonzalezi</i>
<i>Auchenipterus dentatus</i>
<i>Brachyhypopomus brevirostris</i>
<i>Brachyhypopomus</i> sp. TPC-2015
<i>Bryconamericus stramineus</i>
<i>Characidium</i> sp. BOLD:AAO5269

<i>Characidium zebra</i>
<i>Creagrutus paraguayensis</i>
<i>Curimatella dorsalis</i>
<i>Cyphocharax gillii</i>
<i>Eigenmannia trilineata</i>
<i>Ernstichthys megistus</i>
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>
<i>Hoplerythrinus unitaeniatus</i>
<i>Hoplias intermedius</i>
<i>Hoplias malabaricus</i>
<i>Hoplias misionera</i>
<i>Hypopygus lepturus</i>
<i>Iheringichthys labrosus</i>
<i>Imparfinis mirini</i>
<i>Leporellus vittatus</i>
<i>Leporinus friderici</i>
<i>Leporinus octomaculatus</i>
<i>Luciopimelodus sp. TPL-2014</i>
<i>Metynnis hypsauchen</i>
<i>Otocinclus vittatus</i>
<i>Oxydoras niger</i>
<i>Parastegophilus paulensis</i>
<i>Piaractus mesopotamicus</i>
<i>Pimelodella avanhandavae</i>
<i>Pimelodus blochii</i>
<i>Pimelodus cf. argenteus TPL-2014</i>
<i>Pimelodus maculatus</i>
<i>Pimelodus ornatus</i>
<i>Polynucleobacter necessarius</i>
<i>Potamorhina squamoralevis</i>
<i>Prochilodus lineatus</i>
<i>Psectrogaster curviventris</i>
<i>Pterodoras granulosus</i>
<i>Pygocentrus nattereri</i>
<i>Rhamphichthys hahni</i>
<i>Roeboides descavadensis</i>
<i>Schizodon intermedius</i>
<i>Schizodon intermedius</i>
<i>Serrapinnus piaba</i>
<i>Sorubim lima</i>
<i>Steindachnerina brevipinna</i>
<i>Sternopygus macrurus</i>
<i>Sturisoma nigrirostrum</i>
<i>Tetragonopterus argenteus</i>
<i>Tometes siderocarajensis</i>
<i>Trachelyopterus galeatus</i>
<i>Trichomycterus sp. 6 LHGP-2011</i>
<i>Triportheus nematurus</i>
<i>uncultured Hydrogenophaga sp.</i>
<i>Xyliphius melanopterus</i>
<i>Zungaro zungaro (Zungaro jahu)</i>

Dentre as espécies alvo previamente determinadas neste estudo, cinco foram identificadas nas amostras de ovos *P. mesopotamicus*, *Z. jahu*, *S. lima*, *P. lineatus* e *H. platyrhynchos* (Tabela 5.26).

Dentre os 27 pontos analisados, em 20 foram identificadas a presença de espécies alvo no ictioplâncton.

Ovos de *P. mesopotamicus* foram encontrados nos pontos das sub-bacias do alto rio Paraguai, rios São Lourenço e Taquari, enquanto *Z. jahu* foram encontrados apenas no alto Paraguai e Taquari (Tabela 5.26). Ovos de *P. lineatus* foram encontrados apenas na sub-bacia do São Lourenço e *S. lima* ocorreram no alto Paraguai, rios Piquiri e Taquari. *Sorubim lima* foi a espécie com registro de ovos em um maior número de pontos amostrais, ocorrendo em todas as sub-bacias (Tabela 5.26). Destacam-se ainda os altos valores de sequências obtidas nas amostras de ovos para *P. mesopotamicus* no rio Vermelho (sub-bacia do rio São Lourenço) e *S. lima*, no rio Formoso (sub-bacia do alto rio Paraguai). A forma larval de *P. mesopotamicus* ocorreu apenas no ponto PAR (sub-bacia do alto Paraguai), *S. lima* apenas no PIQ (sub-bacia do rio Piquiri; maiores valores de sequências) e *P. lineatus* em SEPF (sub-bacia do alto Paraguai).

Tabela 5.26. Espécies alvo identificadas por ponto amostral a partir da análise de DNA de ovos e larvas. Os valores indicam a quantidade de sequências obtidas por ponto amostral.

		<i>Piaractus mesopotamicus</i>		<i>Zungaro jahu</i>		<i>Sorubim lima</i>		<i>Prochilodus lineatus</i>		<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	
Sub-bacia	Ponto	Ovos	Larvas	Ovos	Larvas	Ovos	Larvas	Ovos	Larvas	Ovos	Larvas
Alto Paraguai	CAB1	7									
	CAB2								3		
	FOR					1070					
	PAR		27								
	SEPF	2		286					15		
	SEPJ	760									
	SEP3	162									
	VERN					77				8	
São Lourenço	VER2	1817									
	SLO1	104									
	TAD							40			
	VER1					462					
Piquiri	PIQ					510	113			9	
Taquari	ARI					10					
	COX1					191					
	COX2	68				24					
	JAU2					59					
	JAU1									8	
	TAQ			30		111					
	TAU					559					

5.3. Considerações finais

Dentre os vários eventos que ocorrem ao longo do ciclo de vida dos organismos, a atividade reprodutiva é a de maior relevância, pois o sucesso obtido por qualquer espécie é determinado pela sua capacidade de se reproduzir em ambientes variáveis, sobreviver e constituir

populações viáveis, baseado nos requerimentos mínimos para manutenção das espécies (Orsi *et al.*, 2016). Neste contexto, a compreensão da dinâmica reprodutiva da comunidade de peixes e sua relação com o meio ambiente é facilitado pelo conhecimento das áreas e períodos de desova (Bialecki *et al.*, 2004), utilizando como ferramenta o estudo de ovos e larvas de peixes ou ictioplâncton.

Esta ferramenta foi utilizada na RH Paraguai com o objetivo de avaliar as áreas de reprodução da ictiofauna, com enfoque nas espécies alvo, migradoras de longas distâncias e com importância para a pesca regional. Todas as sub-bacias estudadas, resguardando as devidas proporções, são importantes locais de reprodução para as espécies de peixes da região. Desde as mais produtivas, como o alto Paraguai e Cuiabá, até as menos, como Negro e Apa, todas apresentaram seu potencial como área de desova (Figura 5.104) e, desta maneira, contribuem para a renovação dos estoques pesqueiros da região. A dinâmica reprodutiva das espécies da RH Paraguai é descrita por Resende (2003). De acordo com esta autora, a migração ascendente, conhecida como piracema, acontece no final da estação seca e se caracteriza pela movimentação dos peixes migradores em direção as cabeceiras dos rios que compõe o pantanal, onde ocorrem as desovas e, posteriormente, a deriva de ovos e larvas rio abaixo para as áreas de crescimento.

Os resultados aqui obtidos apontam uma grande variação do fluxo de ovos e larvas dentro de cada sub-bacia e entre as sub-bacias analisadas. A medida da produtividade levou em conta a abundância e a vazão do ictioplâncton, permitindo estimar a contribuição de cada tributário durante o período de reprodução das espécies. Assim, os rios de maior porte, em função de uma maior vazão, também são os mais produtivos, a exemplo do Sepotuba, Jauru e Paraguai, localizados à margem direita no alto rio Paraguai; o Cuiabá, na sub-bacia do rio Cuiabá, o São Lourenço e o Vermelho, na sub-bacia do rio São Lourenço; o Piquiri, na sub-bacia do rio Piquiri; o Taquari e o Coxim, na sub-bacia do Taquari e o Apa, na sub-bacia do rio Apa. A exceção, foi o córrego Rico e o rio do Peixe na sub-bacia do rio Negro, que foram produtivamente mais relevantes que o rio principal, o Negro. Importante ressaltar que alguns pontos estão localizados a jusante de outros e, representam a contribuição de toda a bacia, como é o caso dos pontos SEP3 (rio Sepotuba), PAR (rio Paraguai), CB2 (rio Cuiabá), COX1 (rio Coxim).

A menor produtividade, no entanto, deve ser tratada com parcimônia em cada um dos corpos d'água analisados, pois há aqueles localizados em trechos fragmentados e outros em trechos livres. Nos pontos localizados a montante de empreendimentos em operação, como é o caso do IBO, ANHU, PPD, COMP e CORR, o fluxo de ovos e larvas foi muito pequeno ou inexistente, e com exceção de Anostomidae, nenhuma larva de espécie alvo foi registrada. Possivelmente, o processo reprodutivo nestes rios seja influenciado pela fragmentação do habitat. Este impacto, causado pela construção de barragens tem sido apontado como um dos principais fatores responsáveis pela perda de populações inteiras de peixes de água doce (Dynesius & Nilsson, 1994; Nilson, 2005), principalmente as espécies migradoras (Agostinho *et al.*, 2008; Dugan *et al.*, 2010; Santos *et al.*, 2013). A fragmentação do habitat leva também à fragmentação populacional, ou seja, populações isoladas a montante têm tamanho limitado e, portanto, exibem variabilidade genética reduzida (Lopes *et al.*, 2007; Horreo *et al.*, 2011). Além disso, Gosset *et al.* (2006), hipotetizam que a restrição causada pela fragmentação sobre o comportamento migratório e a seleção do local de reprodução pode levar à diminuição do *fitness* da prole (menor sobrevivência e maior risco à predação).

A comparação dos resultados obtidos entre pontos, localizados a montante e a jusante de empreendimentos operantes, como o PPD e POP (rio Ponte de Pedra) e o SLO1 e o SALO (rio

São Lourenço), revela que no rio Ponte de Pedra a reprodução, inclusive das espécies alvo não foi significativa, nem a montante e nem a jusante, e somente larvas de Anostomidae e Pimelodidae, foram encontradas. Por outro lado, no rio São Lourenço, os maiores fluxos de ovos foram observados a jusante do empreendimento e o de larvas, a montante, inclusive com fluxo considerável de larvas de espécies alvo, como *H. platyrhynchos*, *P. mesopotamicus*, *Pseudoplatystoma* spp. e *Z. jahu*. À exceção da primeira, que se encontrava em estágio de pré-flexão, todas as demais espécies se encontravam em estágio de larval vitelino. Ao consideramos que este ponto se localiza a cerca de 12 km do reservatório e que a velocidade estimada no local é de aproximadamente 3,80 Km/h, estas larvas em deriva passiva chegariam ao reservatório em menos de quatro horas, ou seja, existe a possibilidade destas não finalizarem seu desenvolvimento e como consequência, ocorrendo uma falha no recrutamento. Os propágulos à deriva requerem um tempo de desenvolvimento específico para se tornarem aptos a natação e procurarem habitats de crescimento, alimentação e proteção. Neste sentido, a regulação dos rios impede que as larvas adentrem em ambientes apropriados ao seu desenvolvimento durante o processo de deriva (Dudley & Platania, 2007; Pelicice & Agostinho, 2008), influenciando diretamente na sobrevivência dos mesmos (Olden, 2016).

Rios com trechos livres, mas com vazões menores, como Formoso (FOR), Cabaçal (CAB2), Vermelho (VERN), Cuiabazinho (CB1), Tadarimana (TAD), Tauá (TAU), Ariranha (ARI), Vermelho (VER), Jauru (JAU) e Figueirão (FIG), também foram importantes para a reprodução ou apresentam áreas potenciais para a desova para muitas das espécies alvo. Por outro lado, em algumas drenagens, a contribuição efetiva no processo reprodutivo entre os ciclos analisados foi insipiente ou praticamente nula, como é o caso do Juba (JUB) e Tenente Amaral (TAM), ambos com empreendimentos a montante, bem como o Prata (PRA), Piranema (PIBE), Camapuã (CAM) e Perdido (PER). Especificamente nestes casos, as condições ambientais, sejam barreiras físicas (empreendimentos ou cachoeiras, e.g., rios Juba e Tenente Amaral), graves assoreamentos (rios muito rasos, e.g., Camapuã) ou a qualidade da água (alta transparência, e.g., rio Perdido), poderiam explicar a ausência de atividade reprodutiva local.

Os pontos localizados a jusante de empreendimento em operação, mas com extensos trechos livres a jusante, e consequentemente conectados com as áreas de crescimento e alimentação, como o JAUMT, MJ3, CB2 e SALO, apresentaram de modo geral, fluxos consideráveis de ovos e larvas, inclusive de espécies alvo. Porém, não há como inferir se este fluxo é semelhante ao das condições pristinas. Agostinho *et al.* (2008), discutem que embora menos investigado, os impactos a jusante são igualmente ou até mais prejudiciais para a fauna de peixes, dado que os represamentos afetam principalmente a dinâmica do fluxo de água, ou seja, a principal força que rege os ecossistemas fluviais, causam bloqueio das rotas de migração para algumas espécies de peixes, além de causar a retenção de sedimentos e nutrientes.

A região onde foram realizadas as coletas, localizam-se no planalto que corresponde à parte superior do rio principal e dos afluentes, separado do Pantanal por cotas acima de 200 m de altitude. Nesta região as características hidrológicas são diferentes daquelas observadas na planície ou pantanal. Tucci (2004) relata que o período chuvoso na região ocorre entre outubro e abril, contribuindo diretamente para o aumento da vazão local. Estas variáveis influenciaram diretamente a ocorrência do ictioplâncton e, de maneira geral, o padrão de fluxo de ovos e larvas nas sub-bacias é congruente, tendo picos mais concentrados entre novembro e janeiro ou expandidos até fevereiro, enquanto o mês de março parece sinalizar o final do período reprodutivo da ictiofauna na RH Paraguai, devido aos menores valores observados. Estes dados corroboram Resende (2004) que cita que o pico de reprodução da maior parte dos peixes de valor econômico do pantanal, ocorre entre novembro e fevereiro, na cabeceira dos rios,

começando com os peixes de escama (curimatá, pacu, piraputanga, dourado, etc.) e terminando com os peixes de couro (pintado, cachara, jurupensém, jiripoca, etc). Ainda de acordo com o autor, essa sequência tem lógica, uma vez que essas larvas de peixes de couro são predadoras que necessitam encontrar larvas de outros peixes para se alimentarem assim que esgotam os recursos energéticos do vitelo, abrem a boca e iniciam a alimentação externa.

Quanto aos dados temporais, as regiões norte e sul da bacia foram influenciadas diferentemente pela vazão. De modo geral, as sub-bacias do alto Paraguai, rio Mutum, Piquiri e alguns pontos da sub-bacia do rio Taquari apresentaram maiores fluxos de ovos e larvas no primeiro ciclo, enquanto nas sub-bacias do Negro e Apa os maiores fluxos foram registrados no segundo ciclo amostral, porém em ambas regiões as maiores vazões foram observadas no primeiro ciclo. A vazão está diretamente ligada às variações da precipitação (Tucci, 2004). Grandes volumes de chuvas na região centro-oeste foram registrados durante o verão de 2018, influenciados pela Zona de Convergência do Atlântico Sul (ZCAS), que foram consistentes com a predominância de precipitação acima da média histórica na Região Centro-Oeste, principalmente no Mato Grosso e parte sul do Mato Grosso do Sul, onde as chuvas nos meses de dezembro/2017 e janeiro/2018 foram responsáveis pela ocorrência de uma grande cheia no Pantanal, enquanto nos anos de 2018/2019 o verão foi marcado por volumes de chuva abaixo da média histórica em grande parte da região (Instituto Nacional de Meteorologia – INMET, 2018, 2019). Frente à estas mudanças interanuais, os resultados indicam que as populações responderam de forma diferenciada temporal e espacialmente.

Vários autores (Godoy, 1975; Graaf *et al.* 1999; Baumgartner *et al.*, 2004) sugerem que a desova dos peixes tropicais ocorre próximo ao pôr do sol, quando a temperatura da água se encontra elevada e há redução da luminosidade que promove a proteção da prole durante a deriva passiva (Lechner *et al.*, 2016). De forma geral, este padrão foi encontrado na maioria dos locais analisados, porém não tão evidente para as larvas. Segundo (Zacardi *et al.* 2018), diferentemente dos ovos, as larvas permanecem em deriva passiva, somente após a eclosão (larval vitelino) e no estágio de pré-flexão, possuindo capacidade natatória limitada e derivando tanto de dia quanto a noite. A partir do estágio de flexão, já com a formação das nadadeiras, a deriva torna-se ativa e elas são mais abundantes na superfície, principalmente durante o período noturno (Santin *et al.*, 2009).

Entre as mais de trezentas espécies registradas na RH Paraguai (ver capítulo 3), 94 táxons foram registrados nas amostras de ictioplâncton, sendo 72 identificados em gênero ou espécie, correspondendo a aproximadamente 25% das espécies. Considerando que as espécies encontradas na bacia apresentam diferentes estratégias reprodutivas, migradores de longa e curta distâncias, cuidadores de prole e com fecundação interna (Bailly *et al.* 2008), ou seja, nem todas desovam diretamente na coluna d'água ou na região pelágica, onde foram realizadas as amostragens, possivelmente este número de táxons encontrados seja representativo das espécies que utilizam os tributários como área de reprodução. Ademais, larvas de oito das quinze espécies alvo selecionadas foram registradas nas amostras de ictioplâncton (*B. hilarii*, *H. platyrhynchos*, *P. lineatus*, *P. mesopotamicus*, *Pseudoplatystoma* spp., *S. brasiliensis*, *S. lima* e *Z. jahu*), além de outras migradoras, porém sem importância para a pesca regional, como *R. vulpinus*, estando entre os táxons com maiores fluxos. Esses resultados ressaltam a importância dos tributários para a ictiofauna de forma geral, mas especialmente para as espécies alvo, que utilizam estes locais como parte imprescindível para a sua reprodução.

Em todos os pontos amostrais foram registrados ovos, evidência de que as áreas a montante são áreas potenciais de desova, seja para ictiofauna de modo geral, mas também para as

espécies alvo. As estimativas utilizando apenas ovos sugerem reproduções muito próxima (menos de 10 km) até cerca de 80 km. Porém, ao analisar as larvas das espécie alvo, as estimativas das áreas de desova são em média entre 150 e 200 km a jusante do ponto amostral, mas podem chegar a quase 400 km, variando entre sub-bacias e também entre as espécies, indicando a importância de grandes trechos livres para a realização do ciclo reprodutivo das diferentes espécies.

A identificação correta de ovos e larvas se torna uma ferramenta importante para a ecologia e para estratégias de conservação de peixes (Becker *et al.*, 2015), permitindo mapear a distribuição do ictioplâncton e as áreas de desova para espécies migradoras e para espécies geograficamente restritas. No entanto, a identificação de ovos e larvas de peixes ainda é desafiadora. Os caracteres de diagnose para a identificação se baseiam em caracteres morfológicos e meristemáticos (Matarese *et al.*, 2011; Ko *et al.*, 2013), muitos dos quais compartilhados pelas espécies no início do desenvolvimento embrionário (Victor *et al.*, 2009). Para facilitar a discriminação e identificação de espécies animais, Hebert *et al.* (2003) propuseram o código de barras de DNA ou DNA barcoding como metodologia padronizada para diferentes grupos animais. Estudos que exploram a diversidade comunitária ictioplanctônica através do DNA barcoding têm se mostrado eficientes na estimativa de riqueza de espécies (Collet *et al.*, 2017), na identificação de larvas de peixes de água doce (Frantine-Silva *et al.*, 2015, 2016; Maggia *et al.*, 2017; Almeida *et al.*, 2018), de larvas de recifes de corais (Hubert *et al.*, 2010, 2015) e de espécies de difícil identificação morfológica (Ayala *et al.*, 2016). Neste estudo a ferramentas de identificação molecular foi usada para a identificação de ovos e larvas para o estabelecimento dos locais de desova das espécies alvo previamente selecionadas.

A análise resultou na constatação da presença de ovos de cinco das 15 espécie alvo em 20 pontos de amostragem (dos 27 pontos com material sequenciado). A presença dos ovos indica, com alto grau de confiabilidade, que nestes locais ocorreu a desova das espécies. A ferramenta foi bastante eficaz, pois apenas três das espécies alvos identificadas através da análise morfológica não foram encontradas nas amostras de ovos. Considerando que a identificação das larvas só pode ser realizada a partir de estágios desenvolvidos, infere-se que a área de desova das três espécies encontra-se a montante dos pontos analisados. Os resultados permitiram aumentar o grau de certeza acerca da importância dos pontos analisados para a reprodução de espécies migradoras de grande importância para a pesca, como o *P. mesopotamicus*, *S. lima*, *Z. jahu* e *H. plathyrrhynchus*, além de *P. lineatus*. Especificamente para *S. lima*, que não havia sido possível a estimativa da área de desova a partir do retrocálculo baseado no tempo de desenvolvimento das larvas, foi possível, com a identificação genética dos ovos, apontar a importância de pelo menos 10 pontos potenciais para a reprodução da espécie, com destaque para o rio Formoso (sub-bacia do alto Paraguai). Os resultados corroboram o potencial da metodologia para a identificação das áreas de importância para a reprodução dos peixes.

O registro da ocorrência de larvas de uma espécie exótica, *Cichla piquiti*, na sub-bacia do rio Piquiri é um importante resultado encontrado, e indica que possivelmente, esta espécie já se encontra estabelecida localmente. Segundo Froehlich *et al.* (2017), a espécie foi introduzida na bacia de forma accidental, depois que um viveiro de piscicultura, próximo à divisa MT-MS, rompeu-se em 1982, introduzindo a espécie nos rios Itiquira e Piquiri. Resende *et al.* (2008) relatam que essa espécie está estabelecida ao longo da margem esquerda do rio Paraguai, desde a área do seu escape no rio Piquiri para jusante, até as áreas alagadas laterais entre os rios Paraguai Mirim e Negrinho, completando o seu ciclo de vida no Pantanal com populações adultas desovantes.

5.4. Referências

- Allasia DG, da Silva BC, Collischonn W, Tucci CM. Large basin simulation experience in South America. In: Sivapalan, M, Wagener, T, Uhlenbrook S, Zehe, E, Lakshmi V, Liang Xu, Tachikawa Y, Kumar P. editors. Predictions in Ungauged Basins: Promise and Progress (Proceedings of symposium S7 held during the Seventh IAHS Scientific Assembly at Foz do Iguaçu, Brazil, April 2005). IAHS Publ 2006.
- Almeida FS, Frantini-Silva W, Lima SC, Garcia DA, Orsi ML. DNA barcoding as a useful tool for identifying non-native species of freshwater ichthyoplankton in the neotropics. *Hydrobiologia*. 2018; 817(1): 111-119.
- Andrade FF, Lima AF, Assumpção L, Makrakis S, Kasai RI, Makrakis MC. Characterization of the early development of *Pseudoplatystoma reticulatum* Eigenmann & Eigenmann, 1889 (Siluriformes: Pimelodidae) from the Paraguay River Basin. *Neotrop ichthyol*. 2016; 14(2):e150032.
- Andrade FF, Makrakis MC, Lima AD, Assumpção LD, Makrakis S, Pini SF. Desenvolvimento embrionário, larval e juvenil de *Hemisorubim platyrhynchos* (Siluriformes, Pimelodidae) da bacia do rio Paraná. *Iheringia Ser Zool*. 2014; 104:70-80.
- Ayala D, Riemann L, Munk P. Species composition and diversity of fish larvae in the subtropical convergence zone of the Sargasso Sea from morphology and DNA barcoding. *Fish Oceanogr*. 2016; 25: 85–104.
- Bailly D, Agostinho AA, Suzuki HI. Influence of the flood regime on the reproduction of fish species with different reproductive strategies in the Cuiabá River, Upper Pantanal, Brazil. *River Res Appl*. 2008; 24(9): 1218-1229.
- Bates PD, Horritt MS, Fewtrell TJ. A simple inertial formulation of the shallow water equations for efficient two-dimensional flood inundation modeling. *J. Hydrol*. 2010; 387(1-2): 33-45.
- Baumgartner G, Nakatani K, Gomes LC, Bialezki A, Sanches PV. Identification of spawning sites and natural nurseries of fishes in the upper Paraná River, Brazil. *Environ Biol Fish*. 2004; 71(2): 115-125.
- Becker RA, Sales NG, Santos GM, Santos GB, Carvalho DC. DNA barcoding and morphological identification of neotropical ichthyoplankton from the upper Paraná and São Francisco. *J Fish Biol*. 2015; 87: 159-168.
- Betancur-R R, Wiley EO, Arratia G, Acero A, Bailly N, Miya M. *et al*. Phylogenetic classification of bony fishes. *BMC Evol Biol*. 2017; 17(1): 162.
- Bialezki A, Nakatani K, Sanches PV, Baumgartner G. Eggs and larvae of the ‘curvina’ *Plagioscion squamosissimus* (Heckel, 1840) (Osteichthyes, Sciaenidae) in the Baía River, Mato Grosso do Sul State, Brazil. *J Plant Res*. 2004; 26(11): 1327-1336.
- Collet A, Durand JD, Desmarais E, Cerqueira F, Cantinelli T, Valade P *et al*. DNA barcoding post-larvae can improve the knowledge about fish biodiversity: an example from La Reunion, SW Indian Ocean. *MITOCHONDR DNA part A*. 2017; 29(6): 905-918.
- Collischonn W, Tucci CEM. Simulação hidrológica de grandes bacias. *Rev Bras Recur Hídricos* 2001; 6(1): 95-118.

- Dudley RK, Platania SP. Flow regulation and fragmentation imperil pelagic-spawning riverine fishes. *Ecol Appl.* 2007; 17(7): 2074-2086.
- Dugan, PJ, Barlow C, Agostinho AA, Baran E, Cada GF, Chen D *et al.*, Fish migration, dams, and loss of ecosystem services in the Mekong basin. *Ambio* 2010; 39(4): 344-348.
- Dynesius M, Nilsson C. Fragmentation and flow regulation of river systems in the Northern third of the world. *Science* 1994; 266(5186): 753-762.
- Fan FM, Collischonn W, Meller A, Botelho LCM. Ensemble streamflow forecasting experiments in a tropical basin: The São Francisco river case study. *J Hydrol.* 2014b; 519: 2906-2919.
- Fan FM, Collischonn W. Integração do modelo MGB-IPH com sistema de informação geográfica. *Rev Bras Recur Hídricos.* 2014a; 19(1): 243-254.
- Fleischmann A, Siqueira V, Paris A, Collischonn W, Paiva R, Gossett M. *et al.* Coupled hydrologic and hydraulic modeling of Upper Niger River Basin. In: EGU General Assembly Conference Abstracts 2017; 19: 884.
- Fleischmann AS, Siqueira VA, Collischonn W, Fan FM. Desenvolvimento do Módulo de Reservatórios do Modelo Hidrológico MGB-IPH. In: XXI Simpósio Brasileiro de Recursos Hídricos. SBRH. Brasília; 2015.
- Frantine-Silva W, Sofia SH, Orsi ML, Almeida FS. DNA barcoding of freshwater ichthyoplankton in the Neotropics as a tool for ecological monitoring. *Mol Ecol Resour.* 2015; 15(5): 1226-1237.
- Frantine-Silva W, Lima, SC, Orsi, ML, Almeida, FS. DNA barcoding na análise de ictioplâncton: protocolos e métodos. In: Orsi ML, Swarça AC, Claro-García A, Vianna NC, Garcia DAZ, Bialecki A, editors. Ovos, larvas e juvenis dos peixes da bacia do rio Paranapanema: uma avaliação para a conservação. São Paulo: Triunfal Gráfica e Editora; 2016. p.37-45.
- Fricke R, Eschmeyer WN, Van der Laan R. Eschmeyer's catalog of fishes: genera, species, references. 2020.
<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>.
- Froehlich O, Cavallaro M, Sabino J, Suárez YR, Vilela MJA. Checklist da ictiofauna do estado de Mato Grosso do Sul, Brasil. *Iheringia Ser Zool.* 2017; 107(supl): e2017151.
- Godoy MP. Peixes do Brasil, subordem Characoidei: bacia do rio Mogí Guassú (Vol. 1). Piracicaba: Editora Franciscana. 1975.
- Gosset C, Rives J, Labonne J. Effect of habitat fragmentation on spawning migration of brown trout (*Salmo trutta* L.). *Ecol Freshw Fish.* 2006; 15(3): 247-254.
- Graaf GJ, Born AF, Uddin AMK, Huda S. Larval fish movement in the river Lohajang, Tangail, Bangladesh. *Fisheries Manag Ecol.* 1999; 6(2): 109-120.
- Hebert PD, Cywinska A, Ball SL, Dewaard JR. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc Biol Sci B.* 2003; 270, 313-321.
- Horreo JL, Martinez JL, Ayllon F, Pola IG, Monteoliva JA, Héland M. *et al.* Impact of habitat fragmentation on the genetics of populations in dendritic landscapes. *Freshwater Biol.* 2011; 56(12): 2567-2579.

Hubert N, Delrieu-Trottin E, Irisson JO, Meyer C, Planes S. Identifying coral reef fish larvae through DNA barcoding: A test case with the families Acanthuridae and Holocentridae. *Mol Phylogenet Evol.* 2010; 55: 1195-1203.

Hubert N, Espiau B, Meyer C, Planes S. Identifying the ichthyoplankton of a coral reef using DNA barcodes. *Mol Ecol Resour.* 2015; 15: 57-67.

Instituto Nacional de Meteorologia – INMET. Prognóstico climático de outono. Brasília: Coordenação-Geral de Meteorologia Aplicada, Desenvolvimento e Pesquisa Serviço de Pesquisa Aplicada – SEPEA, 2018. Disponível em:
http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=notas_tecnicas

Instituto Nacional de Meteorologia – INMET. Prognóstico climático de outono. Brasília: Coordenação-Geral de Meteorologia Aplicada, Desenvolvimento e Pesquisa Serviço de Pesquisa Aplicada – SEPEA, 2019. Disponível em:
http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=notas_tecnicas

Ko HL, Wang YT, Chiu TS, Lee MA, Leu MY, Chang KZ, Chen WY, Shao KT. Evaluating the accuracy of morphological identification of larval fishes by applying DNA barcoding. *PLoS One.* 2013; 8(1): e53451.

Lechner A, Keckeis H, Humphries P. Patterns and processes in the drift of early developmental stages of fish in rivers: a review. *Rev Fish Biol Fisher.* 2016; 26(3): 471-489.

Lopes CM, Almeida FSD, Orsi ML, Britto SGDC, Sirol RN, Sodré LMK. Fish passage ladders from Canoas Complex-Paranapanema River: evaluation of genetic structure maintenance of *Salminus brasiliensis* (Teleostei: Characiformes). *Neotrop Ichthyol.* 2007; 5(2): 131-138.

Maggia ME, Vigouroux Y, Renno JF, Duponchelle F, Desmarais E, Nunez J *et al.* DNA metabarcoding of amazonian ichthyoplankton swarms. *PLoS ONE.* 2017; 12(1): e0170009.

Matarese AC, Spies IB, Busby MS, Orr JW. Early larvae of *Zesticelus profundorum* (family Cottidae) identified using DNA barcoding. *ICHTHYOL RES.* 2011; 58: 170-174.

Monteiro LR, Fan FM, Collischonn W, Schettini EBC. Simulação da onda superficial provocada pelo fechamento de comportas utilizando uma aproximação inercial da Equação de Saint-Venant. *Rev Bras Recur Hídricos* 2015; 20(4): 927-936.

Nakatani K, Agostinho AA, Baumgartner G, Bialecki A, Sanches PV, Makrakis MC, *et al.* Ovos e larvas de peixes de água doce: desenvolvimento e manual de identificação. Maringá: EDUEM; 2001.

Nilsson C, Reidy CA, Dynesius, M, Revenga C. Fragmentation and flow regulation of the world's large river systems. *Science* 2005; 308(5720): 405-408.

Nogueira LB, Azevedo PG, Canelhas MR, Bedore AG, Lopes JM, Godinho HP. Induced spawning and early ontogeny in hatchery-reared catfish *Zungaro jahu* (Siluriformes: Pimelodidae). *Neotrop Ichthyol.* 2012; 10(1): 89-98.

Olden JD. Challenges and opportunities for fish conservation in dam-impacted water. In: Closs GP, Krkosek M, Olden JD editors. *Conservation of freshwater fishes.* United Kingdom: Cambridge University Press, 2016; p. 107-148.

- Oliveira C, Avelino GS, Abe KT, Mariguela TC, Benine RC, Ortí G. *et al.* Phylogenetic relationships within the speciose family Characidae (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes) based on multilocus analysis and extensive ingroup sampling. *BMC Evol Biol.* 2011; 11(1): 275.
- Orsi ML, Almeida FS, Swarça AC, Garcia AC, Garcia DAZ, Vianna NC. *et al.* Ovos, larvas e juvenis dos peixes da Bacia do Rio Paranapanema uma avaliação para a conservação. Assis: Triunfal Gráfica e Editora; 2016.
- Ota RR, Deprá GDC, Graça WJ, Pavanelli CS. Peixes da planície de inundação do alto rio Paraná e áreas adjacentes: revised, annotated and updated. *Neotrop Ichthyol.* 2018; 16(2): e170094.
- Paiva RC, Collischonn W, Tucci CE. Large scale hydrologic and hydrodynamic modeling using limited data and a GIS based approach. *J Hydrol.* 2011; 406(3): 170-181.
- Paiva RCD, Buarque DC, Collischonn W, Bonnet MP, Frappart F, Calmant S. *et al.* Large-scale hydrologic and hydrodynamic modeling of the Amazon River basin. *Water Resour Res.* 2013; 49(3): 1226-1243.
- Pelicice FM, Agostinho AA. Fish-passage facilities as ecological traps in large neotropical rivers. *Conserv Biol.* 2008; 22(1): 180-188.
- Pontes PR, Collischonn W, Fan FM, Paiva RC, Buarque DC. Modelagem hidrológica e hidráulica de grande escala com propagação inercial de vazões. *Rev Bras Recur Hídricos* 2015; 20(4): 888-904.
- Pontes, P, Fan FM, Fleischmann AS, Paiva R, Buarque DC, Siqueira VA. *et al.* MGB-IPH model for hydrological and hydraulic simulation of large floodplain river systems coupled with open source GIS. *Environ Modell Softw.* 2017; 94: 1-20.
- Resende EK, Marques DKS, Ferreira LKSG. A successful case of biological invasion: the fish *Cichla piquiti*, an Amazonian species introduced into the Pantanal, Brazil. *Braz J Biol.* 2008; 68(4): 799-805.
- Resende EK. Considerações para definição de períodos de defeso de reprodução: o caso do Pantanal. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2004. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/15432797.pdf>
- Resende EK. Migratory fishes of the Paraguay-Paraná Basin, excluding the Upper Paraná Basin. In: Carolsfeld J, Harvey B, Ross C, Baer A. editors. *Migratory fishes of South America: biology, fisheries, and conservation status.* Victoria: World Fisheries Trust/IDRC/World Bank; 2003. p. 99-155.
- Reynalte-Tataje D, Zaniboni-Filho E, Muelbert B. Stages of the embryonic development of the piavuçu *Leporinus macrocephalus* (Garavello & Britski, 1988). *Acta Scientiarum* 2001; 23(4): 823-827.
- Santin M, Bialetzki A, Assakawa LF, Taguti TL. Abundância e distribuição temporal de larvas de *Pachyurus bonariensis* Steindachner, 1879 (Perciformes, Sciaenidae), em uma baía do pantanal matogrossense. *Acta Sci Biol Sciences* 2009; 31(1): 65-71.
- Santos AI, Albieri RJ, Araújo FG. Seasonal response of fish assemblages to habitat fragmentation caused by an impoundment in a Neotropical river. *Environ Biol Fish.* 2013; 96(12): 1377-1387.

Siqueira VA, Fleischmann A, Jardim PF, Fan FM, Collischonn W. IPH-Hydro Tools: a GIS coupled tool for watershed topology acquisition in an open-source environment. *Rev Bras Recur Hídricos* 2016; 21(1): 274-287.

Tagliacollo VA, Souza-Lima R, Benine RC, Oliveira C. Molecular phylogeny of Aphyocharacinae (Characiformes, Characidae) with morphological diagnoses for the subfamily and recognized genera. *Mol Phylogenet Evol.* 2012; 64(2): 297-307.

Thomaz AT, Arcila D, Ortí G; Malabarba LR. Molecular phylogeny of the subfamily Stevardiinae Gill, 1858 (Characiformes: Characidae): classification and the evolution of reproductive traits. *BMC Evol Biol.* 2015; 15(1): 146.

Tucci CE. Recursos hídricos e conservação do alto Paraguai. Porto Alegre: Instituto de Pesquisas Hidráulicas—Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2004. Disponível em: http://www.mpf.mp.br/atuacao-tematica/ccr4/importacao/institucional/grupos-de-trabalho/encerrados/residuos/documentos-diversos/outros_documentos_tecnicos/curso-gestao-do-territorio-e-manejo-integrado-das-aguas-urbanas/revparagua.PDF

Victor BC, Hanner R, Shivji M, Hyde J, Caldow C. Identification of the larval and juvenile stages of the Cubera Snapper, *Lutjanus cyanopterus*, using DNA barcoding. *Zootaxa.* 2009; 2215, 24-36.

Zacardi DM, Ponte SCS, Chaves CS, Oliveira LS, Cajado RA. Variação interanual no recrutamento de larvas de *Mylossoma* (Characidae; Characiformes) no Baixo Amazonas, Pará, Brasil. *Acta Fish Aqua Resour.* 2018; 6(1): 17-28.

Tabela 5.4. Fluxo médio de juvenis e adultos (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nas diferentes sub-bacias da RH Paraguai entre outubro de 2002 e março de 2004 (dados secundários da sub-bacia do rio Cuiabá) e outubro de 2017 e março de 2019.

280

Tabela 5.6. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nas diferentes sub-bacias da RH Paraguai entre outubro de 2002 e março de 2004 (dados secundários da sub-bacia do rio Cuiabá) e outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de sub-família; ***larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	Alto Paraguai	Cuiabá	Mutum	São Lourenço	Piquiri	Taquari	Negro	Apa
<i>Acestrorhynchus pantaneiro</i>	0,00040							
<i>Ageneiosus inermis</i>	0,00020							
<i>Ageneiosus</i> spp.		0,01219						
Anostomidae*	3,64256	2,96566	0,00388	0,43083	0,30112	0,28376	0,00111	0,06078
<i>Apareiodon</i> spp.		0,00481						0,00170
Aphyocharacinae**		0,00154	0,00034	0,00156				
<i>Aphyocharax</i> spp.	0,00024							
Aplocheilidae*					0,00009			
<i>Apteronotus</i> spp.		0,00914						
<i>Astyanax lacustris</i>						0,00172		
<i>Astyanax</i> spp.				0,00016				
Auchenipteridae*	0,04291	0,42872						
<i>Auchenipterus osteomystax</i>	0,01046			0,04873	0,00219	0,01357	0,00002	0,00579
<i>Auchenipterus</i> spp.	0,01194	0,02566						
<i>Brachyhypopomus</i> spp.	0,00390	0,00994	0,00034					
<i>Brycon hilarii</i>	0,28079			0,05473	0,00212	0,05367		0,01624
<i>Bryconamericus exodon</i>	0,00345							
<i>Bryconamericus</i> spp.	0,13445	0,04277		0,02028		0,04751	0,00002	0,00542
Bryconidae*	0,00457							
<i>Bryconops melanurus</i>					0,00296			
<i>Bunocephalus doriae</i>					0,00017			
Callichthyidae*	0,00106		0,00088		0,00007			
<i>Callichthys callichthys</i>	0,00003							
<i>Cetopsis gobioides</i>				0,00019		0,00144		
Characidae*	0,67153	0,02451	0,03023	0,03943	0,01965	0,02779		0,00727
<i>Characidium laterale</i>					0,00011			
<i>Characidium</i> spp.	0,00322		0,00179	0,00076	0,00716			
Characiformes***	0,35556	0,41267	0,00173	0,05158	0,00527	0,03921	0,00441	0,01506
Characinae**	0,00554	0,01738	0,00098					
<i>Cichla</i> spp.					0,00023			
<i>Crenicichla</i> spp.		0,00239						
Curimatidae*	0,08976		0,00954	0,02452	0,00015	0,00045		

<i>Cyphocharax gillii</i>	0,00895							
Doradidae*	0,06851	0,00427	0,00647	0,01563	0,00093	0,00054		
<i>Eigenmannia</i> spp.	0,08924		0,00539	0,00537	0,00046	0,00412	0,00001	
<i>Engraulisoma taeniatum</i>	0,00075							0,00020
Erythrinidae*	0,00002		0,00039	0,00346		0,00069		
Gymnotiformes***	0,01428	0,02520	0,00040					
<i>Gymnotus</i> spp.	0,02407	0,01537	0,00073	0,00016	0,03151			
<i>Hemigrammus</i> spp.	0,00942		0,00040					
<i>Hemigrammus tridens</i>	0,00034				0,00027			
<i>Hemiodus</i> spp.	0,22410							
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	0,29996			0,17086	0,10287	0,50412	0,00010	0,05881
Heptapteridae*	0,01621	0,07832	0,00154	0,01442	0,00194	0,04329	0,00401	
<i>Hoplias</i> spp.	0,06476	0,05396	0,00660	0,01675	0,00246	0,00325	0,00313	0,00003
<i>Hoplosternum littorale</i>	0,00231			0,00249	0,00144	0,00052		
<i>Hyphessobrycon eques</i>	0,00417							
<i>Hyphessobrycon</i> spp.	0,02257		0,00036					
<i>Hypophthalmus oremaculatus</i>		0,01085		0,01927				
<i>Iheringichthys labrosus</i>		0,00711						
<i>Ituglanis</i> spp.	0,00010							
<i>Leporinus friderici</i>	0,02257							
<i>Leporinus</i> spp.	0,01019							
<i>Loricaria</i> spp.	0,00038			0,00025				
Loricariidae*	0,00918	0,01779	0,00103					
<i>Moenkhausia</i> spp.	0,00240		0,00018					
<i>Ossancora</i> spp.				0,00816				
<i>Paravandellia oxyptera</i>			0,00073		0,00018			
<i>Phenacorhamdia hoehnei</i>					0,00014			
<i>Piabarchus stramineus</i>	0,00004							
<i>Piaractus mesopotamicus</i>	0,22954			0,01389	0,00672	0,09792		0,00193
Pimelodidae*	0,31683	2,30494		0,74230	0,07033	0,72735	0,02612	0,04450
<i>Pimelodus</i> spp.	0,25892	0,00385				0,00375		
<i>Plagioscion ternetzi</i>						0,00373		
<i>Poptella paraguayensis</i>	0,00162							
<i>Prochilodus lineatus</i>	1,28918	0,04368		0,09622	0,00858	0,03496	0,00074	0,00147
<i>Psellogrammus kennedyi</i>	0,00275	0,00608						
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.	0,06240	0,15652		0,07952	0,06553	0,03671		0,00066

<i>Pseudotylosurus angusticeps</i>	0,00094	0,00432						
<i>Pterodoras granulatus</i>	0,00023							
<i>Pyrrhulina australis</i>			0,00080					
<i>Rhamdia quelen</i>	0,00928			0,01215	0,00412	0,00974		
<i>Rhamphichthys hahni</i>	0,00093							
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	0,17048	0,13192		0,20194	0,00374	0,02946		0,00087
<i>Salminus brasiliensis</i>	0,04089	0,01341				0,00581		0,00112
<i>Satanoperca pappaterra</i>	0,00050							
<i>Schizodon borellii</i>						0,00252		
Sciaenidae*		0,00145						
<i>Serrapinnus calliurus</i>	0,00001							
<i>Serrapinnus</i> spp.								0,00240
Serrasalminae*	0,13325	0,08460	0,00454	0,00576	0,03295	0,00072		
<i>Serrasalmus</i> spp.	0,01606		0,00034					
Siluriformes***	0,07508	3,50188	0,00073	0,12636	0,08733	0,06646	0,00007	0,00756
<i>Sorubim lima</i>	0,00564	0,03938			0,00790	0,03863		0,00381
Sternopygidae*	0,00783				0,00027			
<i>Tatia neivai</i>	0,00266		0,00611	0,00155	0,00434	0,00024		
<i>Tetragonopterus argenteus</i>	0,00109							
<i>Trachelyopterus galeatus</i>	0,00146		0,00778		0,00009			
<i>Trachelyopterus</i> spp.	0,11915		0,00069	0,00492			0,00003	0,00020
Trichomycteridae*	0,00023				0,00104			
Triporthidae*			0,00070					
<i>Triporthus</i> spp.	0,00309		0,00720					
<i>Xenobrycon macropus</i>	0,00796			0,00186				
<i>Zungaro jahu</i>	0,01679	0,17407		0,03963		0,13923		

Tabela 5.9. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do alto rio Paraguai entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de ordem; ***larvas identificadas somente ao nível de sub-família.

Táxon	JAUMT	CAB1	VERN	CAB2	SEPJ	JUB	SEPF	FOR	SEP3	PAR
<i>Acestrorhynchus pantaneiro</i>				0,00398						
<i>Ageneiosus inermis</i>				0,00202						
Anostomidae*	12,29819		0,10202	2,52926	0,16053	0,01833	0,05255	0,00161	19,45602	1,82573
<i>Aphyocharax</i> spp.			0,00243							
Auchenipteridae*	0,18079			0,00838					0,24037	
<i>Auchenipterus osteomystax</i>				0,01182					0,07805	0,01465
<i>Auchenipterus</i> spp.	0,01903								0,07833	0,02192
<i>Brachyhypopomus</i> spp.			0,0002	0,00639					0,00824	0,02394
<i>Brycon hilarii</i>									1,0291	1,76195
<i>Bryconamericus exodon</i>				0,02359						0,01078
<i>Bryconamericus</i> spp.	1,31551			0,00348	0,00286					0,02383
Bryconidae*										0,04528
Callichthyidae*	0,00731	0,00057			0,00267					
<i>Callichthys callichthys</i>		0,00029								
Characidae*	1,64634		0,00067	2,61602			0,03161		1,88511	0,53708
<i>Characidium</i> spp.									0,00963	0,02234
Characiformes**	0,84582		0,00048	0,62832			0,00802	0,00288	1,31938	0,74627
Characinae***	0,04401								0,00963	0,00184
Curimatidae*	0,16134		0,00154	0,01207					0,61711	0,10537
<i>Cyphocharax gillii</i>	0,00496			0,00249						0,08119
Doradidae*	0,10096			0,0046					0,50928	0,07025
<i>Eigenmannia</i> spp.	0,1752	0,0014	0,00105	0,07326	0,00276				0,3706	0,26607
<i>Engraulisoma taeniatum</i>	0,00398			0,00353						
Erythrinidae*			0,00018							
Gymnotiformes**									0,1227	0,02007
<i>Gymnotus</i> spp.	0,01571		0,00021	0,12823					0,00929	0,08654
<i>Hemigrammus</i> spp.									0,09435	
<i>Hemigrammus tridens</i>				0,00342						
<i>Hemiodus</i> spp.	0,01642		0,0902	0,00711					1,69588	0,42907
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	0,00226		0,13358	0,00711					1,79345	1,05463
Heptapteridae*	0,0107		0,0004			0,00111	0,04584	0,00145		0,10158
<i>Hoplias</i> spp.	0,45997	0,00018	0,00505	0,03985	0,00368	0,00089		0,00216	0,1152	0,02102
<i>Hoplosternum littorale</i>	0,01737			0,00572						

<i>Hyphessobrycon eques</i>										0,04127
<i>Hyphessobrycon</i> spp.									0,22599	
<i>Ituglanis</i> spp.						0,00097				
<i>Leporinus friderici</i>									0,22599	
<i>Leporinus</i> spp.										0,10085
<i>Loricaria</i> spp.				0,0038						
<i>Loricariidae</i> *	0,0309	0,00044		0,01684					0,02751	0,01605
<i>Moenkhausia</i> spp.	0,02407									
<i>Piabarchus stramineus</i>			0,00035							
<i>Piaractus mesopotamicus</i>	1,01247			0,02071	0,0044		0,03754		1,04364	0,17718
<i>Pimelodidae</i> *	0,11996	0,00028	0,53899	0,30252	0,18734		0,01862	0,00076	1,15297	0,83884
<i>Pimelodus</i> spp.				0,41383					0,86424	1,2993
<i>Poptella paraguayensis</i>			0,00027							0,01574
<i>Prochilodus lineatus</i>	7,58687			0,29785					1,80336	3,18217
<i>Psellogrammus kennedyi</i>									0,02751	
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.		0,00101	0,00027	0,00431					0,46866	0,14879
<i>Pseudotylorus angusticeps</i>										0,0093
<i>Pterodoras granulosus</i>				0,0023						
<i>Rhamdia quelen</i>	0,00496		0,00048					0,02798	0,05945	
<i>Rhamphichthys hahni</i>									0,00929	
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	0,00727	0,00617		1,50335					0,12629	0,06303
<i>Salminus brasiliensis</i>	0,0932						0,00802		0,00916	0,29566
<i>Satanoperca pappaterra</i>	0,00496									
<i>Serrapinnus calliurus</i>			0,00013							
<i>Serrasalminae</i> *	0,32477		0,0002	0,08561					0,68568	0,2351
<i>Serrasalmus</i> spp.	0,16076									
<i>Siluriformes</i> **	0,02512	0,00307	0,01113	0,02868	0,04366	0,00718	0,19189	0,00098	0,31305	0,12497
<i>Sorubim lima</i>									0,04593	0,01039
<i>Sternopygidae</i> *	0,04401								0,03442	
<i>Tatia neivai</i>			0,00166			0,00054	0,02443			
<i>Tetragonopterus argenteus</i>										0,01078
<i>Trachelyopterus galeatus</i>	0,01462									
<i>Trachelyopterus</i> spp.	0,15678		0,00015	0,02483					0,87699	0,13257
<i>Trichomycteridae</i> *						0,00231				
<i>Triportheus</i> spp.	0,01931			0,01159						
<i>Xenobrycon macropus</i>				0,07964						

<i>Zungaro jahu</i>					0,04812		0,00333		0,11608	
---------------------	--	--	--	--	---------	--	---------	--	---------	--

Tabela 5.11. Estimativas das distâncias máximas dos pontos de coletas da RH Paraguai aos potenciais locais de desova (km) a partir da ocorrência de ovos não identificados e de larvas de táxons pertencentes a espécies alvo. nc=sem registro.

Sub-bacia	Ponto amostral	Distâncias máximas dos pontos de coletas aos potenciais locais de desova (km)									
		Ovos	Anostomidae	<i>Brycon hilarii</i>	<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Pimelodidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	<i>Pseudoplatystoma spp.</i>	<i>Salminus brasiliensis</i>	<i>Zungaro jahu</i>
Alto Paraguai	JAUMT	70,4	322,1	nc	150,9	211,4	301,9	110,7	nc	171,1	nc
	CAB1	70,4	nc	nc	nc	nc	118,0	nc	118,0	nc	nc
	VERN	49,2	49,2	nc	49,2	nc	49,2	nc	49,2	nc	nc
	CAB2	70,4	211,3	nc	150,9	211,3	248,8	248,8	248,8	nc	nc
	SEPF	60,3	170,8	nc	nc	170,8	170,8	nc	nc	100,4	170,8
	FOR	59,2	59,2	nc	nc	nc	59,2	nc	nc	nc	nc
	SEPJ	70,4	80,4	nc	nc	80,4	221,1	nc	nc	nc	221,1
	JUB	60,3	128,7	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	SEP3	70,5	211,1	291,4	301,4	211,1	301,4	110,6	321,5	70,5	201,0
	PAR	70,4	341,6	412,3	301,4	211,0	301,4	412,3	321,5	392,0	nc
Cuibá	MUT	60,5	70,7	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
São Lourenço	TAM	50,5	50,5	nc	nc	nc	50,5	nc	nc	nc	nc
	SLO1	60,5	120,7	nc	120,7	80,5	120,7	nc	120,7	nc	70,6
	PRAT	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	IBO	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	SLO2/SALO	60,4	80,6	nc	141,0	nc	141,0	nc	171,0	nc	201,1
	VER1	70,3	171,0	60,4	171,0	80,6	171,0	80,6	nc	nc	nc
	TAD	60,4	nc	nc	nc	nc	171,1	80,5	nc	nc	171,1
	VER2	60,6	211,4	121,0	141,2	nc	211,2	nc	171,0	nc	211,2
	POP	30,3	160,9	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	PPD	10,0	90,5	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	ANHU	30,2	30,2	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
Piquiri	COMP	10,0	37,2	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	CORR	10,0	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	PIBE	30,2	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
	PIQ	70,5	78,4	60,5	78,4	78,4	78,4	78,4	78,4	nc	nc
	TAU	39,8	39,8	nc	nc	39,8	39,8	39,8	39,8	nc	nc
	ARI	60,3	80,4	nc	nc	80,4	130,9	nc	130,9	nc	70,4
	TAQ	70,3	99,9	nc	99,9	nc	99,9	80,5	nc	nc	99,9
	TAME	70,4	221,1	281,6	150,7	281,6	281,6	110,7	281,6	100,7	271,4
	COX1	70,4	221,1	70,4	211,3	221,1	211,3	130,7	191,2	nc	211,3

Taquari	VER	60,5	100,7	nc	100,7	80,5	100,7	nc	nc	nc	nc
	COX2	60,4	181,2	120,8	181,2	80,7	181,2	80,7	171,2	100,8	201,3
	JAU1	70,4	201,0	130,9	201,0	90,6	201,0	120,8	170,9	nc	201,0
	JAU2	60,4	140,7	120,7	140,7	80,3	140,7	80,3	140,7	nc	140,7
	FIG	60,5	90,5	nc	nc	nc	90,5	nc	90,5	nc	nc
	COX3	50,4	nc	nc	40,3	nc	40,3	nc	40,3	nc	40,3
	CAM	60,4	nc	nc	nc	nc	60,4	nc	nc	nc	nc
Negro	PEIXE	50,1	50,1	nc	50,1	nc	50,1	50,1	nc	nc	nc
	RICO	28,2	nc	nc	nc	nc	28,2	nc	nc	nc	nc
	NEGRO	10,0	nc	nc	70,6	nc	70,6	nc	nc	nc	nc
	NEGRI	30,3	50,4	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc
Apa	APA	60,6	80,7	120,9	141,0	80,7	221,5	80,7	70,5	161,0	nc
	PERD	50,4	nc	nc	nc	nc	70,4	nc	171,1	nc	nc

Tabela 5.13. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Cuiabá. Os pontos MJ1, MJ2, MJ3, CB1, CB2 foram amostrados entre outubro de 2002 a março de 2004 e o ponto MUT (rio Mutum) entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de sub-família; ***larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	MJ1	MJ2	MJ3	CB1	CB2	MUT
<i>Ageneiosus</i> spp.				0,03656		
Anostomidae*			6,89427	0,16023	3,00157	0,00388
<i>Apareiodon</i> spp.				0,01442		
Aphyocharacinae**	0,01613					0,00034
<i>Apteronotus</i> spp.			0,01405	0,01137		
Auchenipteridae*		0,08243	0,0524	1,17304	0,10391	
<i>Auchenipterus</i> spp.				0,07698		
<i>Brachyhypopomus</i> spp.			0,00911	0,01941		0,00034
<i>Bryconamericus</i> spp.			0,01157	0,08296	0,11251	
Callichthyidae*						0,00088
Characidae*			0,00346	0,01142	0,20359	0,03023
<i>Characidium</i> spp.						0,00179
Characiformes***		0,10749	0,8205	0,09681	0,60478	0,00173
Characinae**	0,01613			0,04752		0,00098
<i>Crenicichla</i> spp.			0,00627			
Curimatidae*						0,00954
Doradidae*			0,01121			0,00647
<i>Eigenmannia</i> spp.						0,00539
Erythrinidae*						0,00039
Gymnotiformes***			0,01158	0,06235		0,0004
<i>Gymnotus</i> spp.			0,03235	0,00916		0,00073
<i>Hemigrammus</i> spp.						0,0004
Heptapteridae*				0,17274	0,21773	0,00154
<i>Hoplias</i> spp.		0,1752	0,05394	0,05018		0,0066
<i>Hyphessobrycon</i> spp.						0,00036
<i>Hypophthalmus oreomaculatus</i>			0,02848			
<i>Iheringichthys labrosus</i>				0,02132		
Loricariidae*			0,00689	0,04551		0,00103
<i>Moenkhausia</i> spp.						0,00018
<i>Paravandellia oxyptera</i>						0,00073
Pimelodidae*			1,34939	2,47773	10,13231	
<i>Pimelodus</i> spp.				0,01156		

<i>Prochilodus lineatus</i>			0,02082		0,37534	
<i>Psellogrammus kennedyi</i>				0,01823		
<i>Pseudoplatystoma spp.</i>				0,21986	0,87399	
<i>Pseudotyllosurus angusticeps</i>			0,01135			
<i>Pyrrhulina australis</i>						0,0008
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>				0,07013	1,13971	
<i>Salminus brasiliensis</i>				0,0149	0,08862	
Sciaenidae*			0,0038			
Serrasalminidae*			0,17489	0,02276	0,10909	0,00454
<i>Serrasalmus spp.</i>						0,00034
Siluriformes***		0,5736	3,29436	2,98146	12,58357	0,00073
<i>Sorubim lima</i>				0,0675	0,17724	
<i>Tatia neivai</i>						0,00611
<i>Trachelyopterus galeatus</i>						0,00778
<i>Trachelyopterus spp.</i>						0,00069
Triportheidae*						0,0007
<i>Triportheus spp.</i>						0,0072
<i>Zungaro jahu</i>				0,49301	0,10224	

Tabela 5.15. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio São Lourenço entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de sub-família; ***larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	TAM	SLO1	PRAT	IBO	SALO	VER1	TAD	VER2	POP	PPD	ANHU
Anostomidae*	0,0302	1,63925			0,42472	1,71017		0,05119	0,00249	0,00759	0,00557
Aphyocharacinae**										0,01679	
<i>Astyanax</i> spp.										0,00169	
<i>Auchenipterus osteomystax</i>	0,00751	0,29329				0,02946		0,10732			
<i>Brycon hilarii</i>						0,40968		0,08171			
<i>Bryconamericus</i> spp.	0,00457					0,04789		0,12962			
Characidae*		0,02349			0,20464	0,0199		0,03964	0,00857	0,06925	0,0001
<i>Characidium</i> spp.										0,00819	
Characiformes***		0,01862				0,26699		0,177		0,00067	
Curimatidae*		0,02013			0,2						
Doradidae*		0,01651			0,06404	0,05981					
<i>Eigenmannia</i> spp.		0,00329			0,03974				0,00523		
Erythrinidae*					0,02882					0,00273	
<i>Gymnotus</i> spp.										0,00171	
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>		0,03218			0,33212	0,31266		0,85726			
Heptapteridae*	0,00544	0,04124					0,02342	0,0768			0,00026
<i>Hoplias</i> spp.		0,12481								0,02973	0,0011
<i>Hoplosternum littorale</i>										0,0268	
<i>Hypophthalmus oremaculatus</i>					0,17306						
<i>Loricaria</i> spp.									0,00222		
<i>Ossancora</i> spp.					0,07327						
<i>Piaractus mesopotamicus</i>		0,03836				0,08633					
Pimelodidae*	0,0271	0,3355			0,08842	2,14198	0,09027	4,04667	0,00296		
<i>Prochilodus lineatus</i>						0,85206	0,0475				
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.		0,64391			0,05376			0,01636			
<i>Rhamdia quelen</i>	0,00324	0,02664				0,01939				0,03761	0,03797
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>		0,1862				1,14811		0,47892			
Serrasalminidae*		0,01202			0,03974						
Siluriformes***		0,12598			0,01274	0,3634		0,62231	0,00321		0,00934
<i>Tatia neivai</i>										0,01014	0,0073
<i>Trachelyopterus</i> spp.					0,04421						
<i>Xenrobrycon macropus</i>		0,01671									
<i>Zungaro jahu</i>		0,04109			0,28223		0,01739	0,0282			

Tabela 5.17. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Piquiri entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	CORR	COMP	PIBE	PIQ	TAU
Anostomidae*		0,03641		0,78419	0,06595
Aplocheilidae*					0,00034
<i>Auchenipterus osteomystax</i>				0,00562	0,00075
<i>Brycon hilarii</i>				0,00599	
<i>Bryconops melanurus</i>			0,05919		
<i>Bunocephalus doriae</i>					0,00066
Callichthyidae*		0,00042			
Characidae*	0,00156	0,03688	0,02964	0,03263	0,0008
<i>Characidium laterale</i>		0,00066			
<i>Characidium</i> spp.		0,04043	0,00842		
Characiformes**				0,00634	0,01151
<i>Cichla</i> spp.			0,00461		
Curimatidae*			0,0031		
Doradidae*				0,00263	
<i>Eigenmannia</i> spp.			0,0093		
<i>Gymnotus</i> spp.				0,08896	
<i>Hemigrammus tridens</i>			0,00532		
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>				0,29046	
Heptapteridae*				0,00394	0,00208
<i>Hoplias</i> spp.			0,02479	0,00322	0,00033
<i>Hoplosternum littorale</i>				0,00408	
<i>Paravandellia oxyptera</i>					0,0007
<i>Phenacorhamdia hoehnei</i>	0,00084				
<i>Piaractus mesopotamicus</i>				0,00759	0,01534
Pimelodidae*				0,19468	0,00526
<i>Prochilodus lineatus</i>				0,02196	0,00307
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.				0,18363	0,00187
<i>Rhamdia quelen</i>		0,01861		0,0018	0,00147
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>				0,01056	
Serrasalminidae*			0,0031	0,09259	
Siluriformes**				0,24468	0,00258
<i>Sorubim lima</i>				0,00405	0,02464
Sternopygidae*		0,00164			

<i>Tatia neivai</i>	0,00156		0,07636		0,00102
<i>Trachelyopterus galeatus</i>					0,00034
Trichomycteridae*				0,00294	

Tabela 5.20. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Taquari entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	ARI	TAQ	TAME	COX1	VER	COX2	JAU1	JAU2	FIG	COX3	CAM
Anostomidae*	0,0054	0,03219	0,89191	1,37856	0,00647	0,31884	0,22683	0,06405	0,01232		
<i>Astyanax lacustris</i>			0,01781								
<i>Auchenipterus osteomystax</i>	0,00634	0,00442	0,01179	0,06508		0,017	0,01542		0,01689	0,00313	
<i>Brycon hilarii</i>			0,28137	0,03098		0,18967	0,04286	0,01081			
<i>Bryconamericus</i> spp.		0,00441	0,11275	0,17314	0,00163	0,18128	0,01254	0,0047	0,00129		
<i>Cetopsis gobioides</i>	0,00231		0,01251								
Characidae*		0,0052	0,12902	0,10326	0,00265	0,03369	0,0105	0,00217			0,00377
Characiformes**	0,00308		0,12941	0,18744	0,00382	0,05097	0,0175	0,01226		0,00136	
Curimatidae*								0,00298	0,00168		
Doradidae*								0,00559			
<i>Eigenmannia</i> spp.			0,04263								
Erythrinidae*							0,0055			0,00162	
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>		0,06726	0,63036	1,67917	0,00226	2,69398	0,11505	0,02721		0,00165	
Heptapteridae*			0,09166	0,32855		0,028					
<i>Hoplias</i> spp.			0,03156						0,00206		
<i>Hoplosternum littorale</i>								0,0054			
<i>Piaractus mesopotamicus</i>	0,0023		0,56469	0,33519	0,01028	0,06737	0,02887	0,00513			
Pimelodidae*	0,0221	0,10225	1,65954	2,58615	0,00303	2,48607	0,40487	0,22041	0,00686	0,03372	0,00347
<i>Pimelodus</i> spp.						0,0388					
<i>Plagioscion ternetzi</i>		0,00476		0,03361							
<i>Prochilodus lineatus</i>		0,00441	0,15915	0,08198		0,08098	0,02986	0,0054			
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.	0,00461		0,10919	0,13918		0,08467	0,02509	0,01184	0,00376	0,00162	
<i>Rhamdia quelen</i>			0,03207	0,03644		0,00806	0,0178	0,00544			0,00377
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>				0,19597		0,10911					
<i>Salminus brasiliensis</i>			0,03801			0,02218					
<i>Schizodon borellii</i>						0,02608					
Serrasalminidae*								0,0054	0,00206		
Siluriformes**	0,00919	0,04729	0,13178	0,22754		0,20916	0,03486	0,01609		0,00982	
<i>Sorubim lima</i>	0,00602	0,00475		0,31573		0,06335				0,00971	
<i>Tatia neivai</i>								0,00253			
<i>Zungaro jahu</i>	0,00422	0,01051	0,25371	0,51061		0,58559	0,02001	0,05467		0,00165	

Tabela 5.23. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Negro entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	NEGRI	RICO	PEIXE	NEGRO
Anostomidae*	0,00238		0,00211	
<i>Auchenipterus osteomystax</i>		0,00008		
<i>Bryconamericus</i> spp.			0,0001	
Characiformes**	0,00012		0,018	0,00016
<i>Eigenmannia</i> spp.				0,00005
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>			0,0001	0,00032
Heptapteridae*	0,01585			0,0001
<i>Hoplias</i> spp.	0,0009	0,0109	0,00034	
Pimelodidae*		0,00963	0,0961	0,00173
<i>Prochilodus lineatus</i>			0,00305	
Siluriformes**			0,00028	
<i>Trachelyopterus</i> spp.			0,00011	

Tabela 5.24. Fluxo médio de larvas (milhões/dia) dos táxons de peixes capturados nos diferentes pontos amostrais da sub-bacia do rio Apa entre outubro de 2017 e março de 2019. *Larvas identificadas somente ao nível de família; **larvas identificadas somente ao nível de ordem.

Táxon	APA	PERD
Anostomidae*	0,11984	
<i>Apareiodon</i> spp.	0,00335	
<i>Auchenipterus osteomystax</i>	0,01142	
<i>Brycon hilarii</i>	0,03201	
<i>Bryconamericus</i> spp.	0,01069	
Characidae*	0,01329	0,00109
Characiformes**	0,02969	
<i>Engraulisoma taeniatum</i>		0,00041
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	0,11597	
<i>Hoplias</i> spp.		0,00006
<i>Piaractus mesopotamicus</i>	0,0038	
Pimelodidae*	0,08759	0,00016
<i>Prochilodus lineatus</i>	0,0029	
<i>Pseudoplatystoma</i> spp.	0,00119	0,00011
<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	0,00172	
<i>Salminus brasiliensis</i>	0,00222	
<i>Serrapinnus</i> spp.	0,00474	
Siluriformes**	0,01492	
<i>Sorubim lima</i>	0,00752	
<i>Trachelyopterus</i> spp.		0,00041

SISTEMA DE MONITORAMENTO DA PESCA ARTESANAL

RH PARAGUAI



Início



Pesqueiros



Filhos da Pesca



Configurações



Sessão



Sair



Capítulo 6

6. Estatística pesqueira

6.1. Análise dos dados

6.1.1. Sistema de Monitoramento da Pesca Artesanal da RH-Paraguai – SIMPA

O aplicativo “Sistema de Monitoramento da Pesca Artesanal da RH-Paraguai – SIMPA” foi desenvolvido pelo Núcleo de Tecnologia de Informação da Embrapa Pantanal, para atender aos propósitos deste estudo em relação ao gerenciamento dos dados de pesca coletados. O aplicativo utilizou uma plataforma Web na linguagem de programação PHP para o gerenciador de banco de dados MySQL. Ambos são livres e não necessitam de licença para uso. O sistema encontra-se hospedado nos servidores da Embrapa Pantanal em Corumbá, MS, atendendo, simultaneamente, via internet, os trabalhos na Unidade e na SEMA/MT em Cuiabá. No Produto 4 foram descritas as fases de construção do SIMPA e no Produto 9 foi apresentada uma descrição detalhada da estrutura e funcionamento dos módulos de digitação, atualização, conferência e correção de dados e emissão de relatórios. O Sistema revelou-se uma ferramenta segura e eficiente, atendendo plenamente aos objetivos propostos. Como o sistema foi desenvolvido na Embrapa Pantanal, o acesso aos analistas que o desenvolveram agilizou as atualizações e ajustes que se fizeram necessários.

A título de ilustração, observa-se na Figura 6.1 a etapa de digitação dos dados pelas Assistentes de coordenação em Cuiabá-MT e Corumbá-MS; na Figura 6.2 encontram-se as telas de abertura e de digitação de dados de cadastro dos pescadores; na Figura 6.3 as telas de conferência e correção das Fichas de Cadastro e Fichas de Registro de Pesca e na Figura 6.4 as telas de emissão de relatórios.



Figura 6.1. Digitação dos dados de pesca no SIMPA em Cuiabá-MT e Corumbá-MS, respectivamente.



Figura 6.2. Telas de visualização de início e cadastro do "Sistema de Monitoramento da Pesca Artesanal da RH-Paraguai" e tela para digitação de dados de cadastro dos pescadores.