



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ - UESC
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - DCB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E CONSERVAÇÃO DA
BIODIVERSIDADE - PPGEGB

STEFÂNIA PEREIRA SANTOS

ILHÉUS – BAHIA

2024

STEFÂNIA PEREIRA SANTOS

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PEIXES COSTEIROS EM ÁREAS
CONTAMINADAS POR RESÍDUOS DA MINERAÇÃO**

Tese apresentada à Universidade Estadual de Santa Cruz, como requisito obrigatório para obtenção do título de Doutor em Ecologia e Conservação da Biodiversidade. Área de concentração: Ecologia e Conservação da Biodiversidade.

Oorientador: Prof. Dr. Carlos Hackradt

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Fabiana Félix-Hackradt

Coorientadora: Dr^a. Juliana Beltramin de Biasi

ILHÉUS – BAHIA

2024

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PEIXES EM ÁREAS CONTAMINADAS POR RESÍDUOS DA MINERAÇÃO

Ilhéus, 02 de fevereiro de 2025.

Tese apresentada à Universidade Estadual de Santa Cruz, como requisito obrigatório para obtenção do título de Doutor em Ecologia e Conservação da Biodiversidade. Área de concentração: Ecologia e Conservação da Biodiversidade.

Dedicatória

Dedico esta tese à minha mãe e a todos àqueles que me incentivaram até aqui.

Agradecimentos

A conclusão deste doutorado representa não apenas a realização de um objetivo acadêmico e profissional, mas principalmente um anseio pessoal por viver experiências desafiadoras. Muito antes de chegar até aqui, já havia vivenciado em meu pensamento experiências que, eventualmente, se tornaram realidade. Esta etapa, repleta de desafios e conquistas, simboliza a dedicação, o aprendizado e o crescimento que me guiaram ao longo do caminho. A jornada até aqui foi marcada por momentos de incertezas e superação, mas cada passo me aproximou mais do meu objetivo. Esta conquista é um testemunho não apenas do esforço em superar os desafios propostos, mas também um reflexo do apoio incondicional de familiares, amigos e mentores que estiveram ao meu lado durante todo este período - afinal, 'uma andorinha só não faz verão' -.

Sendo assim, gostaria de externar a minha eterna gratidão à minha mãe, Solange. Mainha, a sua dedicação, força, resistência, determinação e amor mais do que incondicional me guiaram desde o ventre até aqui. Não há ninguém neste mundo a quem eu admire ou que me inspire mais do que a senhora. Somos uma pela outra, sempre.

A toda minha família, sou imensamente grata pelo amor e apoio. Nos (des) caminhos da vida, enfrento desafios e tropeços, mas a certeza de que o meu jeito de viver inspira admiração e amor em todos vocês me fortalece. Agradeço aos meus irmãos, Cristiano (meu maior bajulador/admirador) e Cleia (quem me denga mais que tudo), aos meus padrinhos (e pais), sobrinhos, minhas primas, Davizinho, sogros e ao meu cunhado, Van, por todo o carinho e cuidado que me dedicam. Eu posso caminhar por todos os cantos do mundo, mas vocês são o meu lar.

Ao Leo, meu amado companheiro de todas as jornadas, agradeço pela confiança, amor e carinho. Sua dedicação, presença constante e apoio a todas as minhas decisões são fundamentais para que eu alcance o que almejo. Obrigada por atravessar estradas e até um oceano para estar um pouquinho ao meu lado. Você é luz, abrigo, colo e paz em minha vida.

À memória de quem amo e que agora não está mais aqui – meu paizinho (meu amigo), Nitinha, titia Simone e meu primo Vavá – sinto saudade e amarei vocês até depois do fim.

Ao meu cunhado e irmão de coração, Jeovane, agradeço por me receber de braços abertos (e cheio de agasalhos na mochila), me alegrar e cuidar de mim nos dias gélidos da Inglaterra. Obrigada pelos lanchinhos, pelos vinhos e pelo carinho que me proporcionou. Obrigada por, mesmo à distância, continuar se fazendo presente, literalmente, todos os dias.

Aos meus amigos, que também são minha família, sinto o amor que emanam, mesmo à distância. Nunca esquecerei que, mesmo quando estou ausente, vocês permanecem ao meu lado, insistindo e se esforçando para estarem presentes. Obrigada pelas comidinhas que sabem que eu gosto, pelos presentes, e pela força e preocupação que sempre demonstram. Vocês são uma das certezas de que nunca estou sozinha. Sou profundamente grata a cada um de vocês: Mailli, Nanessa, Mayra, Erika, Saulinha, Thaynara, Rafael, Adriano, Aécio, Arlinho, Tatila, Bruna, Renato, Bia, LP, Thaise, Nay e todos os demais.

Meu querido amigo Luigi, agradeço por abrir seu coração e sua casa, por me fazer rir nas manhãs frias da Inglaterra e por manter nossa amizade viva, mesmo à distância. Adoro acordar todos os dias e ouvir seus áudios cheios de fofocas. Sua presença, mesmo que virtual, traz um calor especial aos meus dias.

À minha amiga Dra Fernanda Dandaro e à Beatrice Dreck e família, que foram meu abrigo em Exeter, meu agradecimento especial. Nanda, você é incrível! Sou grata por cada momento que passamos juntas, por gastar seu inglês comigo, pelos vinhos e por me apresentar à deliciosa lasanha da Zizi. Obrigada pela visita recente e pelos planos de novas aventuras! Beatrice, suas comidinhas francesas, os croissants quentinhos todas as manhãs de sábado, seus abraços e carinho foram um verdadeiro conforto. Ao Igor, que trouxe mais cor aos meus dias, também agradeço com todo o meu coração. Foi um prazer compartilhar desses momentos inesquecíveis com vocês!

A todos do barco Lecomar (Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha), também expresso a minha gratidão. Aos meus orientadores, Dra. Fabiana, Dra. Juliana e Dr. Carlos. - Carlos e Fabi, agradeço imensamente por

abrirem as portas do Lecomar para mim, proporcionando a realização deste trabalho. O quanto eu aprendi desde o dia que entrei no laboratório, - 'não entra no gibi, (risos)'. Sou muito feliz e orgulhosa por fazer parte dessa equipe. Fabi, agradeço por sua sabedoria, paciência e apoio em todas as vezes que te procurei querendo chorar. Você nos inspira! Ju, sou grata por me receber em meio ao caos da Pandemia, quando éramos nós duas tentando desesperadamente encontrar primers de peixes e fugindo das chuvas torrenciais. Agradeço também por me acompanhar até o aqui, por ter encontrado aquele último kit de PCR perdido (risos) e pela experiência compartilhada.

Estendo meus agradecimentos à Dra. Carolina Machado, uma luz radiante que brilhou no Lecomar. Carol, sou imensamente grata pela sua generosidade e apoio constante. Obrigada por me ajudar mesmo antes de nos conhecermos. Seus ensinamentos foram fundamentais, e sempre que você dizia: "Miga, você está livre aí? Deixa eu te ensinar a trabalhar uma análise", trazia uma nova perspectiva e mais inspiração para continuar o meu trabalho. Você fugiu para o Peru, mas não me abandonou. Veio comigo até o fim. Muito obrigada. Ahhhh... claro, sou muito grata também pelas muitas cervejinhas compartilhadas! Você é maravilhosa!

A todos os amigos que o Lecomar me presenteou: Deborah (minha companheira e amiga de todos os dias e momentos), Munique (a Paty), Herick, Ju Firmo, Ricardo, Karis, Thiago, André, Fran e todos os demais, todinhos mesmo... foi bom demais aprender e compartilhar essa fase da minha vida com vocês.

Aos amigos que contribuíram com as minhas coletas, em especial, Kenz, Braúna e Victor Montargil. Vocês me salvaram!

Agradeço ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade (PPGECB) pelas oportunidades oferecidas e por todas as vezes que atenderam às minhas solicitações. Sim, em meus melhores sonhos eu visualizei as oportunidades que vocês me concederam. Amábile e Mayra, meu abraço especial. Até a voz de vocês me acalma.

Meus sinceros agradecimentos aos professores Dr. Jamie Stevens e Dr. Andrew King por me receberem na Universidade de Exeter. Sou grata pela

dedicação em marcar reuniões e por se sentarem comigo para revisar minhas planilhas, analisando cada resultado com atenção para identificar os problemas do meu trabalho e me ajudar a aprimorá-lo. Essa orientação foi fundamental para o meu desenvolvimento profissional.

Expresso minha sincera gratidão aos membros da banca de examinadores desta tese: Dra. Patrícia Belini, Dra. Josiane Ribolli, Dra. Rosane Santos, Dr. Rodrigo Torres, Dr. Luiz Felipe e Dra. Fernanda Gaitto. Agradeço pela sua disposição e pelas valiosas contribuições ao meu trabalho.

Finalmente, agradeço à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo financiamento das minhas bolsas de doutorado e doutorado-sanduíche.

SUMÁRIO

Introdução Geral	12
Referências	15
CAPÍTULO 1: OS CUSTOS GENÉTICOS OCULTOS DA MINERAÇÃO: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA SOBRE POPULAÇÕES DE PEIXES.	21
Resumo	21
1. Introdução	22
2. Estratégia de pesquisa	25
3. Principais vias de respostas adaptativas moleculares da exposição crônica a metais em peixes e como essas respostas influenciam as características fisiológicas.	30
3.1 Abordagens transcriptômicas	31
3.1.1 Estresse oxidativo	31
3.1.2 Indução às Metalotioneínas	34
3.1.3 Metabolismo energético	35
3.1.4 Metabolismo vitamínico	37
3.1.5 Metabolismo do ferro, cálcio e coagulação sanguínea	39
3.1.6 Resposta Imunológica	40
3.1.7 Metabolismo Proteico	42
3.1.8 Fator de condição, eficiência de crescimento e reprodução	43
3.1.9 Danos às funções sensoriais	44
4. Abordagem Epigenética	45
5. Variações populacionais	47
5.1 Viabilidade Genética	47
5.2 Potencial Evolutivo	50
6. Contribuições para a conservação e considerações finais.	54
Referências	57

CAPÍTULO 2: Diversidade e Conectividade Genética em Ambientes Costeiros: Estudo das Populações de Duas Espécies de Peixes Costeiras Afetadas pelo Colapso da Barragem de Mineração do Fundão.

	68
Resumo	68
1. Introdução	69
2. Material e Métodos	72
2.1 Espécies-alvo	72
2.2 Área do estudo e Amostragem	73
2.3 Extração do DNA, Amplificação e Genotipagem	75
2.4 Qualidade dos dados, diversidade genética e estrutura genética populacional	76
3. Resultados	79
3.1 Qualidade dos dados	79
3.2 <i>Isopisthus parvipinnis</i>	79
3.2.1 Estrutura e Conectividade Genética	79
3.2.2 Diversidade Genética	83
3.3 <i>Conodon nobilis</i>	84
3.3.1 Estrutura e Conectividade Genética	84
3.3.2 Diversidade Genética	88
4. Discussão	89
4.1 Estrutura e Conectividade Genética	90
4.2 Diversidade Genética	94
5. Impacto da Barragem do Fundão	98
6. Conclusões	99
Referências	101
Material Suplementar	123
CAPÍTULO 3. Viabilidade Genética em Tempos De Crise: Avaliando O Futuro de <i>Isopisthus parvipinnis</i> e <i>Conodon nobilis</i>	
Resumo	141
1. Introdução	142
2. Materiais e Métodos	144
2.1 Modelagem Preditiva: Perda de Variação nas Populações Futuras	145

3.	Resultados	148
4.	Discussão	155
5.	Conclusões	159
	Referências	161
	Conclusões Finais	169

Introdução Geral

A época atual, frequentemente denominada antropoceno, é marcada por um declínio acelerado e sem precedentes da biodiversidade, afetando tanto os ecossistemas terrestres quanto os marinhos (Ceballos et al., 2017; Halpern et al., 2008; McCauley et al., 2015). Nesse cenário, avaliações globais revelam que no ecossistema marinho, os habitats costeiros são os mais vulneráveis, apresentando impactos mais severos em comparação com os ecossistemas de águas profundas ou pelágicos (Mora et al., 2011; Halpern et al., 2019).

A maior vulnerabilidade das zonas costeiras se deve à facilidade de acesso e à intensa ocupação e exploração dessas áreas, resultando em níveis acentuados de defaunação (McCauley et al., 2013). Esse fenômeno é particularmente evidente nas populações de fauna marinha localizadas próximas a redes de comércio e centros urbanos (Halpern et al., 2008; Crain et al., 2009; McCauley et al., 2013). Apesar de as zonas costeiras serem consideradas algumas das regiões mais produtivas do mundo (Costanza et al., 1997), as espécies costeiras enfrentam uma série de ameaças decorrentes de influências antropogênicas. Entre essas ameaças, destacam-se a degradação e perda de habitats, a poluição, a sobre-exploração de recursos, especialmente recursos pesqueiros, espécies invasoras e as alterações climáticas, que resultam em declínios significativos no número e na dimensão das populações de espécies selvagens (Halpern et al., 2008; Ceballos et al., 2017; Chapman, 2017; McCauley et al., 2015).

Um exemplo notável da magnitude dessas ameaças ao ecossistema costeiro brasileiro é o desastre da barragem de mineração conhecida como barragem do Fundão, ocorrido em 2015 (Sánchez et al., 2018). O colapso da barragem, que armazenava rejeitos da atividade de mineração de ferro operada pela Samarco, desencadeou um dos maiores desastres ambientais do Brasil (Pereira et al., 2024; Vergilio et al., 2021; Sánchez et al., 2018). Esse evento catastrófico resultou no despejo de uma lama contendo aproximadamente 50 milhões de metros cúbicos de rejeitos no rio Doce, que percorreu 663 km até atingir o oceano Atlântico, contaminando a foz do rio e áreas marinhas

adjacentes, incluindo várias unidades de conservação (Aguiar et al., 2020; Gabriel et al., 2020; Sánchez et al., 2018).

As consequências desse desastre foram severas, causando não apenas a poluição e degradação dos habitats ribeirinhos e zonas costeiras próximas, mas também profundas implicações sociais (Fernandes et al., 2016; Gomes et al., 2017; Mazzei et al., 2017; Queiroz et al., 2018; Magris et al., 2019; Valeriano et al., 2019). Os impactos sobre a biota aquática foram abrangentes, afetando desde bactérias resistentes a metais pesados até grandes vertebrados, resultando na morte de diversas comunidades naturais e comprometendo atividades econômicas essenciais, como a pesca e o turismo (Fernandes et al., 2022; Nascimento et al., 2022; Cardoso et al., 2022; Conдини et al., 2022; Manhães et al., 2022; Bonecker et al., 2019; Sánchez et al., 2018). Além disso, esses efeitos prejudicaram processos ecológicos fundamentais ao longo do rio, assim como nos ambientes estuarinos, costeiros e marinhos, evidenciando o potencial risco a que foram submetidas as populações e o ecossistema (Queiroz et al., 2021; Longhini et al., 2022; Fernandes et al., 2022; Kutter et al., 2023; Barrilli et al., 2024).

É crucial ressaltar que, apesar da magnitude do desastre da barragem de Fundão, ele não é o único fator que ameaça as espécies e ecossistemas costeiros brasileiros. A complexa dinâmica de interações entre diversos impactos, como aqueles provocados pela pesca, especialmente a pesca de arrasto (Passarone et al., 2024; Gallardo et al., 2021), a presença de espécies invasoras (Ferreira et al., 2009; Ferreira et al., 2015), a poluição por resíduos sólidos (Santos et al., 2024; Videla & Araújo, 2021), as mudanças climáticas (Leão et al., 2016; Bernardino et al., 2015; Godoy & Lacerda, 2015; da Silva, 2004), dentre outras ameaças, torna as espécies costeiras do Brasil ainda mais vulneráveis ao risco de depleção (Halpern et al., 2008).

Diante desse cenário de múltiplas ameaças, que evidenciam o declínio da biodiversidade, é imperativo compreender a potencial ameaça desses impactos sobre a capacidade adaptativa e a viabilidade populacional das espécies. Isso envolve a identificação das áreas prioritárias e das espécies vulneráveis, além da busca por estratégias de mitigação e utilização sustentável dos recursos

naturais. Entre as várias ferramentas científicas disponíveis, aquelas relacionadas à genética têm sido desenvolvidas e aplicadas para avaliar os impactos provocados, por exemplo, pela mineração e pela pesca (Osmond et al., 2024; Paris et al., 2024; Paris et al., 2015; Ovenden et al., 2013; Guinand et al., 2011).

A identificação dos impactos pode ser realizada por meio da análise da distribuição fenotípica e da diferenciação da diversidade genética, bem como da identificação de grupos populacionais e dos fatores evolutivos que moldam as espécies. A conservação da biodiversidade é, cada vez, mais reconhecida como uma tarefa que vai além da mera proteção de espécies e grupos funcionais; é fundamental também preservar a diversidade genética dentro das populações (Hoban et al., 2021). Essa abordagem mais abrangente é crucial para garantir a resiliência e a adaptabilidade das espécies diante das mudanças ambientais, pois a diversidade genética é um componente vital para a sobrevivência e a evolução das populações (Hoban et al., 2021). Assim, a conservação deve incorporar estratégias que assegurem não apenas a existência das espécies, mas também a manutenção de sua variabilidade genética.

Esses estudos são, portanto, essenciais para compreender o sucesso ecológico relativo e a viabilidade genética das populações naturais frente a restrições ambientais. Além disso, as investigações genéticas contribuem para a compreensão da ecologia e da biogeografia, sendo fundamentais para o manejo sustentável dos recursos pesqueiros (Melo et al., 2008; Cadrin et al., 2014) e para a conservação da integridade dos ecossistemas como um todo (Torres-Florez et al., 2018).

Diante da complexidade das ameaças que assolam os ecossistemas costeiros brasileiros, a presente tese propõe investigar a diversidade genética e as respostas adaptativas de espécies de peixes frente aos impactos ambientais que afetam nossa área amostral. A seguir, apresentaremos a estrutura da tese, que se divide em três capítulos principais: o primeiro aborda, através de uma revisão sistemática, as principais respostas genéticas induzidas por metais provenientes da mineração em espécies de peixes; o segundo foca na caracterização genética das populações de *Isopisthus parvipinnis* (Cuvier, 1830)

e *Conodon nobilis* (Linnaeus, 1758) ao longo de um gradiente de impacto ambiental a partir do estuário do rio Doce; e o terceiro prevê a viabilidade genética dessas espécies em diferentes cenários futuros de declínios populacionais. A implementação de políticas eficazes de conservação e a continuidade da pesquisa são essenciais para garantir um futuro sustentável para essas espécies e seus ecossistemas.

Referências

Aguiar, V. M., Neto, J. A. B., Quaresma, V. S., Bastos, A. C., & Athayde, J. P. M. (2020). Bioavailability and ecological risks of trace metals in bottom sediments from Doce River continental shelf before and after the biggest environmental disaster in Brazil: The collapse of the Fundão Dam. *Journal of Environmental Management*, 272, 111086. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111086>

Barrilli, G.H.C., Tatsumi, S., De Biasi, J.B., Cruz, A.R.S., Oliveira, T.C.T., Hostim-Silva, M., Hackradt, C.W. & Félix-Hackradt, F.C. (2024) Simplified fish larval supply in coastal areas after a dam burst in Brazil. *Marine Pollution Bulletin*, 205, 116615. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116615>

Bernardino, A. F., Netto, S. A., Pagliosa, P. R., Barros, F., Christofolletti, R. A., Rosa Filho, J. S., Lana, P. C. (2015). Predicting ecological changes on benthic estuarine assemblages through decadal climate trends along Brazilian Marine Ecoregions. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 166, 74–82. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2015.05.021>

Bonecker, A. C. T.; de Castro, M. S.; Gomes, P. C.; Bianchini, A.; Bonecker, S. L. C. 2019. Larval fish assemblages of the coastal area affected by the tailings of the collapsed dam in southeast Brazil. *Regional Studies in Marine Science* v. 32. 1008-48 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.rsma.2019.100848>.

Cadrin SX, Friedland KD, Waldman J (2014) Stock identification methods: applications in fishery science. In: Cadrin SX, Karr LA, Mariani S (eds) *Stock identification methods: an overview*, 2nd edn. Academic Press, Cambridge, pp 1–5

Cardoso, G. O., Falsarella, L. N., Chiroque-Solano, P. M., Porcher, C. C., Leitzke, F. P., Wegner, A. C., Carelli, T., Salomon, P. S., Bastos, A. C., Sá, F., Fallon, S., Salgado, L. T., & Moura, R. L. (2022). Coral growth bands recorded trace elements associated with the Fundão dam collapse. *Science of The Total Environment*, 807(Part 2), 150880. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150880>

Ceballos, G., Ehrlich, P. R., & Dirzo, R. (2017). Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by vertebrate population losses and

declines. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(30), E6089-E6096. <https://doi.org/10.1073/pnas.1704949114>

Chapman, P. M. (2017). Assessing and managing stressors in a changing marine environment. *Marine Pollution Bulletin*, 124, 587–590. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.10.039>

Condini, M. V., Pichler, H. A., de Oliveira-Filho, C., Cattani, A. P., Andrades, R., Vilar, C. C., & Hostim-Silva, M. (2022). Marine fish assemblages of eastern Brazil: An update after the world's largest mining disaster and suggestions of functional groups for biomonitoring long-lasting effects. *Science of The Total Environment*, 807, 150987. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150987>

Costanza, R., d'Arge, R., de Groot, R., et al. (1997). The value of the world's ecosystem services and natural capital. *Nature*, 387, 253–260. <https://doi.org/10.1038/387253a0>

Crain, C. M., Halpern, B. S., Beck, M. W., & Kappel, C. V. (2009). Understanding and managing human threats to the coastal marine environment. *The Year in Ecology and Conservation Biology, 2009, Annals of the New York Academy of Sciences*, 1162, 39–62. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.04496.x>

da Silva, V. P. R. (2004). On climate variability in Northeast of Brazil. *Journal of Arid Environments*, 58(4), 575–596. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2003.12.002>

Fernandes, G. W.; Goulart, F. F.; Bernardo, D. R.; Coelho, M. S.; Dales, K.; Boesche, N. Bustamante, M.; Carvalho, F. A.; Carvalho, D. C.; Dirzo, R.; Fernandes, S.; Galetti Jr., Millan, V. E. G.; Mielke, C.; Ramirez, J. L.; Neves, A.; Ribeiró, C. S. P. R.; Scariot, A.; Soares-Filho; B. (2016). Deep into the mud: ecological and socio-economic impacts of the dam breach in Mariana, Brazil. *Natureza e Conservação* v. 14 (2): 35-45. <https://doi.org/10.1016/j.ncon.2016.10.003>

Fernandes, L., Jesus, H., Almeida, P., Sandrini, J., Bianchini, A., & Santos, H. 2022. The influence of the Doce River mouth on the microbiome of nearby coastal areas three years after the Fundão Dam failure, Brazil. *Science of The Total Environment*, 807(Part 2), 151777. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.151777>

Ferreira, C. E. L., de Oliveira Ribeiro Junqueira, A., Villac, M. C., & Lopes, R. M. (2009). Marine bioinvasions in the Brazilian coast: Brief report on history of events, vectors, ecology, impacts and management of non-indigenous species. In G. Rilov & J. A. Crooks (Eds.), *Biological invasions in marine ecosystems* (pp. 27–46). Ecological Studies, vol. 204. Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-540-79236-9_27

Ferreira, C. E. L., Luiz, O. J., Floeter, S. R., Lucena, M. B., Barbosa, M. C., Rocha, C. R., & Rocha, L. A. (2015). First record of invasive lionfish (*Pterois volitans*) for the Brazilian coast. *PLOS ONE*, 10(4), e0123002. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0123002>

Gabriel, F. Â., et al. (2020). Contamination and oxidative stress biomarkers in estuarine fish following a mine tailing disaster. *PeerJ*, 8. <https://doi.org/10.7717/peerj.10266>

Gallardo, S. S., Fossile, T., Herbst, D. F., Begossi, A., Silva, L. G., & Colonese, A. C. (2021). 150 years of anthropogenic impact on coastal and ocean ecosystems in Brazil revealed by historical newspapers. *Ocean and Coastal Management*, 209, 105662. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2021.105662>

Godoy, M. D. P., & Lacerda, L. D. de. (2015). Mangroves response to climate change: A review of recent findings on mangrove extension and distribution. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 87(2), 651–667. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201520150055>

Gomes, L. E., Correa, L., Sá, F., Neto, R., & Bernardino, A. (2017). The impacts of the Samarco mine tailing spill on the Rio Doce estuary, Eastern Brazil. *Marine Pollution Bulletin*, 120. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.04.056>

Guinand, B.; Durieux, E. D.; Dupuy, C.; Cerqueira, F.; Bégout, M. L. 2011. Phenotypic and genetic differentiation in young-of-the-year common sole (*Solea solea*) at differentially contaminated nursery grounds. *Marine environmental research* v. 71 (3), 195-206. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2011.01.003>.

Halpern, B. S., McLeod, K. L., Rosenberg, A. A., & Crowder, L. B. (2008). Managing for cumulative impacts in ecosystem-based management through ocean zoning. *Ocean & Coastal Management*, 51(3), 203–211. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2007.08.002>

Halpern, B. S., Frazier, M., Afflerbach, J., Lowndes, J. S., Micheli, F., O'Hara, C., Scarborough, C., & Selkoe, K. A. (2019). Recent pace of change in human impact on the world's ocean. *Scientific Reports*, 9(1), 11609. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47201-9>

Hoban, S., Bruford, M. W., Funk, W. C., Galbusera, P., Griffith, M. P., Grueber, C. E., Heuertz, M., Hunter, M. E., Hvilsom, C., Stroil, B. K., Kershaw, F., Khoury, C. K., Laikre, L., Lopes-Fernandes, M., MacDonald, A. J., Mergeay, J., Meek, M., Mittan, C., Mukassabi, T. A., & Vernesi, C. (2021). Global commitments to conserving and monitoring genetic diversity are now necessary and feasible. *Bioscience*, 71, 964–976. <https://doi.org/10.1093/biosci/biab054>

Kutter, V. T., Martins, G. S., Brandini, N., Cordeiro, R. C., Almeida, J. P. A., & Marques, E. D. (2023). Impacts of a tailings dam failure on water quality in the Doce River: The largest environmental disaster in Brazil. *Journal of Trace Elements and Minerals*, 5, 100084. <https://doi.org/10.1016/j.jtemin.2023.100084>

Leão, Z. M. A. N., Kikuchi, R. K. P., Ferreira, B. P., Neves, E. G., Sovierzoski, H. H., Oliveira, M. D. M., ... Johnsson, R. (2016). Brazilian coral reefs in a period of global change: A synthesis. *Brazilian Journal of Oceanography*, 64(spe2), 97–116. <https://doi.org/10.1590/S1679-875920160916064sp2>

Longhini, C. M., Rodrigues, S. K., Costa, E. S., da Silva, C. A., Cagnin, R. C., Gripp, M., Lehrback, B. D. C., Mill, G. N., Oliveira, E. M. C. de, Hermogenes, C. de C. M., Rodrigues, D. G. F., David, A. M., Gramlich, K. C., Bisi Júnior, R. da C., Gomes, A. A. P., da Silva Filho, J. P., Almeida, J. F., Freitas de Souza, K., Luz Junior, W. A. R., & Poleze, L. M. B. (2022). Environmental quality assessment in a marine coastal area impacted by mining tailing using a geochemical multi-index and physical approach. *Science of The Total Environment*, 803, 149883. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149883>

McCauley, D. J., Power, E. A., Bird, D. W., McInturff, A., Dunbar, R. B., Durham, W. H., Micheli, F., & Young, H. S. (2013). Conservation at the edges of the world. *Biological Conservation*, 165, 139-145. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2013.05.026>

McCauley, D. J., Pinsky, M. L., Palumbi, S. R., Estes, J. A., Joyce, F. H., & Warner, R. R. (2015). Marine defaunation: Animal loss in the global ocean. *Science*, 347(6219). <http://dx.doi.org/10.1126/science.1255641>

Magris, R. A.; Marta-Almeida, M.; Monteiro, J. A. F.; Ban, N. C. 2019. A modelling approach to assess the impact of land mining on marine biodiversity: Assessment in coastal catchments experiencing catastrophic events (SWBrazil). *Science of the Total Environment* v. 659, 828–840. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.12.238>.

Manhães, B. M. R., Vannuci-Silva, M., Brião, J. A., Guari, E. B., Botta, S., Colosio, A. C., Ramos, H. G. C., Barbosa, L. A., Cunha, I. A. G., Azevedo, A. F., Cunha, H. A., & Bisi, T. L. (2022). Temporal trends of trace elements bioaccumulation by a vulnerable cetacean (*Pontoporia blainvillei*) before and after one of the largest mining disasters worldwide. *Science of The Total Environment*, 804, 150196. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150196>

Mazzei, E. F., Bertocini, A. A., Pinheiro, H. T., Machado, L. F., Vilar, C. C., Guabiroba, H. C., Costa, T. J. F., Bueno, L. S., Santos, L. N., Francini-Filho, R. B., Hostim-Silva, M., & Joyeux, J. C. (2017). Newly discovered reefs in the southern Abrolhos Bank, Brazil: Anthropogenic impacts and urgent conservation needs. *Marine Pollution Bulletin*, 114(1), 123-133. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.08.059>

Melo, D. C.; Oliveira, D. A. A.; Seerig, A. de Carvalho, D. C. 2008. Aplicações práticas de marcadores microssatélites na caracterização genética e identificação de plantéis de tilápia. *Revista Brasileira Reprodução Animal*. v.32 (4), 220-224. Disponível em www.cbpa.org.br

Mora C, Aburto-Oropeza O, Ayala Bocos A, Ayotte PM, Banks S, Bauman AG, et al. (2011) Global Human Footprint on the Linkage between Biodiversity and Ecosystem Functioning in Reef Fishes. *PLoS Biol* 9(4): e1000606. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1000606>

Nascimento, R. L., Alves, P. R., Di Domenico, M., Braga, A. A., de Paiva, P. C., D'Azeredo Orlando, M. T., Cavichini, A. S., Longhini, C. M., Martins, C. C., Rodrigues Neto, R., Grilo, C. F., Santos Oliveira, K. S., Quaresma, V. da S.,

Costa, E. S., Cagnin, R. C., da Silva, C. A., Sá, F., & Longo, L. de L. (2022). The Fundão dam failure: Iron ore tailing impact on marine benthic macrofauna. *Science of The Total Environment*, 838(Part 3), 156205. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.156205>

Osmond, D. R., King, R. A., Russo, I.-R. M., Bruford, M. W., & Stevens, J. R. 2024. Living in a post-industrial landscape: Repeated patterns of genetic divergence in brown trout (*Salmo trutta* L.) across the British Isles. *Diversity and Distributions*. <https://doi.org/10.1111/ddi.13854>

Ovenden, J. R., Berry, O., Welch, D. J., Buckworth, R. C., & Dichmont, C. M. (2015). Ocean's eleven: A critical evaluation of the role of population, evolutionary and molecular genetics in the management of wild fisheries. *Fish and Fisheries*, 16(1), 125-159. <https://doi.org/10.1111/faf.12052>

Paris, J. R., King, R. A., Shaw, S., Lange, A., Bourret, V., Ferrer Obiol, J., Hamilton, P. B., Rowe, D., Laing, L. V., Farbos, A., Moore, K. A., Urbina, M. A., Catchen, J. M., Wilson, R. W., Bury, N. R., Santos, E. M., & Stevens, J. R. (2024). Combining population genomics and transcriptomics to identify signatures of metal tolerance in brown trout inhabiting metal-polluted rivers [Preprint]. bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2024.05.30.595956>

Paris, J. R.; King, R.A.; Stevens, J.R. 2015. Human mining activity across the ages determines the genetic structure of modern brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Evolutionary applications* 8 (6). <https://doi.org/10.1111/eva.12266>.

Passarone, R., Frédou, T., Lira, A. S., Pelage, L., Eduardo, L. N., Santos, L., Craveiro, C., Silva, E. F., & Lucena-Frédou, F. (2024). Impacts of bycatch from beach seining: A case study of a shrimp fishery in Brazil. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 96(2), e20220703. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202420220703>

Pereira, C.C., Fernandes, S., Fernandes, G.W. & Goulart, F.F. (2024) Eight years after the Fundão tailings dam collapse: chaos on the muddy banks. *Nature Conservation*, 56, 77–82. <https://doi.org/10.3897/natureconservation.56.133441>

Queiroz, H. M.; Nóbrega, G.N.; Ferreira, T. O.; Almeida, L. S.; Romero, T. B; Santaella, S. T.; Bernardino, A. F.; Otero, X. L. 2018. The Samarco mine tailing disaster: A possible time-bomb for heavy metals contamination? *The Science of the total environment* v. 637-638, 498–506. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.04.370>

Queiroz, H. M., Ying, S. C., Abernathy, M., Barcelos, D., Gabriel, F. A., Otero, X. L., Nóbrega, G. N., Bernardino, A. F., & Ferreira, T. O. (2021). Manganese: The overlooked contaminant in the world largest mine tailings dam collapse. *Environmental International*, 146, 106284. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.106284>

Sánchez, L. E., Alger, K., Alonso, L., Barbosa, F. A. R., Brito, M. C. W., Laureano, F. V., May, P., Roeser, H., & Kakabadse, Y. (2018). *Impacts of the Fundão dam failure: A pathway to sustainable and resilient mitigation*. Rio Doce Panel

Thematic Report No. 1. Gland, Switzerland: IUCN.
<https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2018.18.en>

Santos, S. P., Rodrigues, F. L., de Alcântara Santos, A. C., & Moraes, L. E. (2024). Spatial and temporal patterns of floating litter in shallow habitats: Insights from high-tourism tropical areas in Northeastern Brazil. *Regional Studies in Marine Science*, 78, 103782. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2024.103782>

Torres-Florez, J. P., Johnson, W. E., Nery, M. F., et al. (2018). The coming of age of conservation genetics in Latin America: What has been achieved and what needs to be done. *Conservation Genetics*, 19, 1–15. <https://doi.org/10.1007/s10592-017-1006-y>

Valeriano, C. M.; Neumann, R.; Alkmim, A. R.; Evangelista; H.; Heilbron, M.; Neto, C. C. A.; de Souza, G. P. 2019. Sm–Nd and Sr isotope fingerprinting of iron mining tailing deposits spilled from the failed SAMARCO Fundão dam 2015 accident at Mariana, SE-Brazil. *Applied Geochemistry* v. 106, 34–44. <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2019.04.021>

Vergilio, C. dos S., Lacerda, D., Souza, T. da S., Vaz de Oliveira, B. C., Fioresi, V. S., Ventura de Souza, V., Rodrigues, G. da R., Barbosa, M. K. de A. M., Sartori, E., Rangel, T. P., Ribeiro de Almeida, D. Q., Almeida, M. G. de, Thompson, F., & Rezende, C. E. (2021). Immediate and long-term impacts of one of the worst mining tailing dam failures worldwide (Bento Rodrigues, Minas Gerais, Brazil). *Science of the Total Environment*, 756, 143697. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143697>

Videla, E. da S., & Araujo, F. V. (2021). Marine debris on the Brazilian coast: Which advances in the last decade? A literature review. *Ocean & Coastal Management*, 199, 105400. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2020.105400>

WWF-Brasil. (2016). Situação atual e tendências da pesca marinha no brasil e o papel dos subsídios. São Paulo. chrome-extension://efaidnbnmnnibpcajpcgicfindmkaj/https://wwfbrnew.awsassets.panda.org/downloads/subsidios_da_pesca_no_brasil.pdf (acesso em outubro de 2024).

CAPÍTULO 1

Os custos genéticos ocultos da mineração: Uma revisão sistemática sobre populações de peixes

Stefânia Pereira Santos^{a, b, *}; Juliana Beltramin De Biasi^b, Carolina Barros Machado^b, Carlos Werner Hackrad^b, Fabiana César Félix-Hackrad^b

^a Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade, Universidade Estadual de Santa Cruz, Rodovia Jorge Amado, km 16, Salobrinho, Ilhéus, BA 45662-900, Brazil.

^b Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha, Centro de Ciências Ambientais, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brazil.

*Autor correspondente: stefaniaps.bio@gmail.com (SPS). Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha, Centro de Ciências Ambientais, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brazil.

Resumo

A mineração e seus rejeitos são responsáveis pela entrada de elevados níveis de sedimentos em suspensão e metais perigosos em ecossistemas aquáticos, estando, inclusive, entre os principais fatores de extinção de espécies de peixes. Dependendo da intensidade, da duração da exposição e das características genéticas das populações, os efeitos destes processos podem ser revelados usando uma abordagem genética através da detecção de mudanças na diversidade genética e em respostas plásticas, por exemplo, e têm implicações importantes na persistência populacional. Desta maneira, o objetivo desta revisão foi compilar e discutir dados da literatura que relatam as principais respostas genéticas induzidas por contaminantes oriundos da mineração em populações de peixes. A coleta dos dados foi realizada utilizando strings de buscas em duas bases de dados: Web of Science e Scopus. Os processos de seleção e duas etapas de extração contaram com o suporte do programa START. Os resultados preliminares identificaram 279 artigos e após a última etapa de extração, 29 artigos foram selecionados. Desse total apenas três não identificaram respostas genéticas diferenciais à ocorrência dos contaminantes. Identificamos e descrevemos as principais vias de respostas genéticas em estudos transcriptômicos, epigenéticos e genômicos em diferentes espécies de diferentes habitats. A exposição a ambientes contaminados, especialmente devido à mineração, induz alterações metabólicas, bioquímicas e fisiológicas nos organismos, que demonstram respostas plásticas e evolutivas essenciais para a sobrevivência em condições adversas. Destacamos que o número de pesquisas que abordam o impacto direto da mineração na genética dos peixes é pequeno em comparação com o tamanho do impacto e, por fim, encorajamos mais estudos que forneçam dados para melhor gerenciar as espécies e ecossistemas aquáticos afetados.

Palavras-chave: Contaminação aquática, efeitos da mineração, contaminação por metais, respostas transcriptômicas, diversidade genética, peixes.

1. Introdução

O setor de mineração destaca-se por produzir grandes volumes de resíduos devido à crescente demanda por recursos minerais em aplicações industriais e produção de energia (World Bank, 2017; Lèbre et al., 2017). No entanto, essa atividade tem impactos diretos e indiretos nos ecossistemas terrestres e aquáticos, incluindo a destruição da paisagem, o desflorestamento e a contaminação da água e dos sedimentos (Rodrigues et al., 2013; Asner & Tupayachi, 2017; Sánchez et al., 2018).

Um exemplo notável dos impactos da mineração é o desastre da barragem de Fundão, ocorrido em 2015 no Brasil, que resultou no lançamento de aproximadamente 50 milhões de metros cúbicos de rejeitos de mineração no rio Doce (Sánchez et al., 2018). Esse evento não apenas causou graves consequências sociais, mas também poluiu o rio e áreas costeiras próximas à sua foz, incluindo áreas marinhas de proteção ambiental (Fernandes et al., 2016; Gomes et al., 2017; Mazzei et al., 2017; Queiroz et al., 2018; Magris et al., 2019; Valeriano et al., 2019; Aguiar et al., 2020). Os efeitos sobre a biota aquática foram profundos, afetando desde bactérias resistentes a metais pesados até grandes vertebrados, comprometendo atividades econômicas como a pesca e o turismo, além de impactar processos ecológicos fundamentais (Fernandes et al., 2022; Longhini et al., 2022; Cardoso et al., 2022; Nascimento et al., 2022; Kutter et al., 2023; Barrilli et al., 2024).

Casos como o estuário de Gironde, na França, e a região de Sudbury, em Ontário, Canadá, também ilustram a gravidade da contaminação por metais pesados. Ambas as regiões enfrentam problemas históricos sérios e com consequências crônicas para ambientes terrestres e aquáticos (Bourret et al., 2008; Pierron et al., 2009; Couture & Pyle, 2011; Azizishirazi et al., 2014; Schafer et al., 2022). Esses exemplos evidenciam que o acúmulo acelerado de resíduos tóxicos gera não apenas efeitos imediatos, mas também consequências persistentes e prejudiciais à biodiversidade local e às áreas adjacentes (Bourret et al., 2008; Larrose et al., 2010; Schafer et al., 2022).

Os ecossistemas aquáticos são particularmente vulneráveis à contaminação química e às alterações físicas provocadas pela mineração

(Tarras-Wahlberg et al., 2001; Affandi & Ishak, 2019; Valeriano et al., 2019). A alta persistência e as características não biodegradáveis dos metais, combinadas com sua capacidade de dispersão em ambientes aquáticos, tornam a poluição por metais uma das mais perigosas para esses ecossistemas (Sánchez et al., 2018). Isso resulta em acúmulos tóxicos em organismos e no ecossistema como um todo (Medina et al., 2007; Veldhoen et al., 2014; Hu et al., 2021; Schafer et al., 2022).

No curto prazo, os impactos da mineração incluem o aumento do transporte e da deposição de sedimentos, bem como o aumento da turbidez da água (Kossoff et al., 2014; Gomes et al., 2017; Queiroz et al., 2018; Quadra et al., 2019). Esses fatores reduzem a penetração de luz necessária para a fotossíntese (Coimbra et al., 2019) e a disponibilidade de oxigênio (O₂) (Pierron et al., 2007; Singh et al., 2016; Coimbra et al., 2020) e contribuem para a desarticulação da estrutura da teia alimentar (Sherwood et al., 2002; Pierron et al., 2009). A acumulação de sedimentos pode, por sua vez, soterrar habitats aquáticos e ribeirinhos essenciais para a reprodução e o desenvolvimento de várias espécies (Tarras-Wahlberg et al., 2001; Kossoff et al., 2014; Sánchez et al., 2018; Bonecker et al., 2019).

A longo prazo, essas mudanças comprometem a estrutura da comunidade e a capacidade regenerativa dos ecossistemas aquáticos, uma vez que podem diminuir a diversidade de espécies através da eliminação de espécies sensíveis (Damseth et al., 2024; Simonin et al., 2021) e favorecer a abundância de espécies oportunistas, além de facilitar a disseminação de espécies invasoras em comparação com ambientes não impactados (Tarras-Wahlberg et al., 2001; Fernandes et al., 2016; Coimbra et al., 2019).

Dentre os organismos aquáticos, os peixes, especialmente as espécies costeiras, enfrentam sérias ameaças devido às atividades de mineração, que impactam significativamente seu habitat. Esses organismos aquáticos são particularmente sensíveis a alterações no ambiente, uma vez que possuem requisitos específicos para reprodução e desova (Moyle & Leidy, 1992). Sua capacidade de bioacumular metais pesados aumenta essa vulnerabilidade (Segura et al., 2016; Ferreira et al., 2020; Gabriel et al., 2020). A bioacumulação, que ocorre principalmente pelo trato digestivo e brânquias, resulta em efeitos

sub-letais significativos, incluindo estresse genético, alterações morfológicas e fisiológicas (Craig et al., 2007; Bourret et al., 2008; Pierron et al., 2009; Hamilton et al., 2016; Gabriel et al., 2020).

Além disso, a bioacumulação em espécies de peixes comerciais, essenciais à dieta humana, representa riscos substanciais à saúde e à economia (M'kandawire et al., 2017; Andrades et al., 2020; Oliveira et al., 2020). Esses impactos ressaltam a urgência de abordagens de gestão que integrem a saúde dos ecossistemas aquáticos e a segurança alimentar, a fim de mitigar os riscos associados à contaminação por metais pesados.

Embora os impactos da mineração sejam amplamente reconhecidos, os mecanismos evolutivos que os sustentam permanecem pouco compreendidos (Bélanger-Deschênes et al., 2013). Compreender esses mecanismos é crucial para avaliar os efeitos dos poluentes tóxicos nas populações de peixes e, conseqüentemente, na qualidade dos ecossistemas. Nesse contexto, a análise dos impactos antropogênicos da mineração na viabilidade das espécies é fundamental em uma era de declínio acentuado da biodiversidade.

Diante desse panorama, surgem questões-chave que orientam este trabalho: (i) quais as principais respostas adaptativas moleculares da exposição crônica a metais provenientes da mineração em peixes, e como essas respostas influenciam as características fisiológicas e metabólicas dessas populações? (ii) como os impactos da contaminação influenciam a viabilidade genética das populações a longo prazo? (iii) como os impactos da contaminação por metais de mineração afetam o potencial evolutivo das espécies de peixes? Compreender essas questões é vital para orientar práticas de conservação que assegurem a sobrevivência das espécies em ambientes severamente perturbados.

Assim, o principal objetivo desta revisão sistemática é compilar dados da literatura sobre as respostas genéticas induzidas por metais provenientes das atividades de mineração em espécies de peixes, buscando esclarecer as interações entre mineração, contaminação, respostas plásticas e a viabilidade das populações de peixes expostas.

2. Estratégia de pesquisa

Esta revisão sistemática foi conduzida de acordo com o protocolo PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) (Moher et al., 2009). O escopo e os objetivos da revisão foram definidos na fase de planejamento utilizando o software START (Zamboni et al., 2010). Pesquisamos todas as bases de dados a partir de buscas no Web of Science e Scopus para artigos científicos publicados até agosto de 2021, utilizando as seguintes palavras-chave e combinações de comandos booleanos: “genetic diversity” AND “aquatic ecosystems” AND “mining” OR “heavy metals”; “genetic diversity” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “genetic variation” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “population structure” AND/OR “genetic structure” AND “fishes” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “gene flow” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “gene expression” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “gene transcription” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”; “DNA” AND “fish” AND “mining” AND/OR “heavy metals”. As palavras-chave foram combinadas de forma estratégica, utilizando conectores "e/ou" para maximizar a abrangência das pesquisas e assegurar a inclusão de um conjunto diversificado de estudos relevantes.

A eficiência da estratégia de busca foi testada por meio da utilização de artigos sentinela —Paris et al., 2015 ou Bougas et al., 2016 — devido à sua relevância e contribuição significativa para o escopo da pesquisa. Esse teste garantiu que as palavras-chave selecionadas fossem capazes de recuperar com sucesso os artigos sentinela, validando a robustez da estratégia de busca adotada. Foram selecionados artigos que exclusivamente focaram nas respostas genômicas, transcriptômicas ou epigenéticas relacionadas aos impactos das atividades mineradoras em populações de peixes e que estivessem disponíveis nas bases de dados Scopus e Web of Science. Após a busca inicial, as referências foram exportadas para o software START (Zamboni et al., 2010), onde foi realizada a gestão dos dados e a leitura dos títulos e resumos, para assegurar que apenas os estudos relevantes fossem incluídos na etapa de extração e síntese de dados.

Os resultados preliminares identificaram 279 artigos, dentre os quais 114 foram encontrados nas buscas pelo Web of Science e 165 foram encontrados no

Scopus. Vários desses artigos estavam fora dos parâmetros alvo. Para detalhar a análise desses artigos, foram extraídas as seguintes informações de cada um deles: autor, ano, título, periódico, idioma, país de realização da pesquisa, tipo de atividade mineradora, ambiente de estudo (rios, lagos, estuários, recifes, oceano), tipo de contaminação da água e as respostas genéticas observadas nos peixes. Resumos de conferências; trabalhos de técnica e artigos sobre outros táxons ou que não estivessem relacionados à mineração foram rejeitados. Na primeira etapa de extração, 185 artigos foram rejeitados, 58 estavam duplicados e 36 foram aceitos. Após uma segunda extração 29 artigos foram aceitos, 5 foram rejeitados e 2 estavam duplicados. Os artigos selecionados estão descritos na tabela 1.

Tabela 1. Resumo dos estudos que investigaram os efeitos da contaminação por metais em espécies aquáticas. A tabela inclui informações sobre a espécie estudada, o ambiente de coleta, os metais analisados, os genes, enzimas ou loci investigados, a abordagem utilizada (transcriptômica, genômica ou epigenética) e o método de abordagem molecular empregado em cada estudo. Siglas dos tipos de metal: Fe = Ferro; Mg = Magnésio; Zn = Zinco; Cd = Cádmio; Ni = Níquel; Cu = Cobre; Cr = Cromo; Pb = Chumbo. Siglas métodos de abordagem - NGS = Sequenciamento de próxima geração; RT-PCR = Reação em cadeia da polimerase com transcrição reversa; RT-qPCR = Reação em cadeia da polimerase em tempo real quantitativo (uma técnica usada para quantificar a expressão de RNA; HPLC = Cromatografia líquida de alta eficiência; SNPs = Polimorfismos de nucleotídeo único; RNA-seq = Sequenciamento de RNA; DNA-seq = Sequenciamento de DNA.

Referências	Espécies	Ambiente	Tipo de Metal	Genes/Loci/Enzimas	Abordagem	Método de abordagem molecular
Azizishirazi et al. (2014)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	Fe, Mg, Zn	-	Transcriptômica	Microarranjos de DNA
Bélanger-Deschênes et al. (2013)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	Cd* - Cu	Cyclin G1, Cytb e ND2	Transcriptômica; Genômica	NGS; Genotipagem de SNPs
Bougas et al. (2013)	<i>Perca flavescens</i>	Laboratório	Cd - Ni	SOD; GST; Calmodulina; Serina hidroximetiltransferase; Ferritina; Transferrina	Transcriptômica	Microarranjos de DNA
Bougas et al. (2016)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	*Cd - *Cu - Zn	SOD; GST; HSP; CYP; CD59; C3; C9	Transcriptômica	Microarranjos de DNA
Bourdineaud et al. (2006)	<i>Danio rerio</i>	Rios	Cd* - Zn	MT	Transcriptômica	RT-PCR
Bourret et al. (2008)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	Ca* - Cu	Loci microssatélites	Genômica	Genotipagem
Defo et al. (2012)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	*Cd - *Cu - Zn	Rdh-2 - Dehidroretinol (biomarcador)	Transcriptômica	HPLC
Defo et al. (2015)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	*Cd - *Cu - Zn	β -actin; rdh-2; cat; mgst-3; g6pdh; sod	Transcriptômica	RT-qPCR
Durrant et al., (2011)	<i>Salmo trutta</i>	Rios	Cu - Zn	Microssatélites	Genômica	Genotipagem

Continuação tabela 1

Referências	Espécies	Ambiente	Tipo de Metal	Genes/Loci/Enzimas	Abordagem	Método de abordagem molecular
Guinand et al. (2011)	<i>Solea solea</i>	Estuaries	*Cd - Cu - Zn	Locus intronico MT Microsatelites	Genômica	Eletroforese
Hu et al. (2021)	<i>Danio rerio</i>	Rios	Cd* - Cr -Pb- Mg - Cu - Zn	Genes: rad51; p53; bax; c- jun; gadd	Transcriptômica; Epigenética	RT-PCR; methylation-specific PCR
Klerks et al. (1997)	<i>Gobionellus boleosoma</i>	Pantanos		Locus intrônico MT e Amilase pancreática	Transcriptômica; Genômica	Eletroforese
M'kandawire et al. (2017)	<i>Clarias gariepinus</i>	Rios	Cu -Zn	MT	Transcriptômica	RT-qPCR; Clonagem e Expressão Recombinante; ESI-MS
Marchand et al. (2004)	<i>Platichthys flesus</i>	Estuários	Cd* e outros	Aloenzimas Loci sob seleção: AAT e GPI	Genômica	Eletroforese
Marques et al. (2012)	<i>Pomatoschistus microps</i>	Estuários	Cd, Cu, Cr	Aloenzimas	Genômica	Eletroforese
Paris et al. (2015)	<i>Salmo trutta L</i>	Rios	Cobre; Zinco	Microsatélites	Genômica	Genotipagem
Pierron et al. (2009)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	Cd* - Cu - Zn	cco-1; igf-1; sod-1; hsp-70; MT	Transcriptômica; Epigenética	RT-PCR Quantitativo
Pierron et al. (2011)	<i>Perca flavescens</i>	Lagos	Cd* - Cu - Zn	Acetil-CoA Synthetase; C3; C9; SBCFR-1; HSP10	Transcriptômica	NGS
Pierron et al. (2021)	<i>Danio rerio</i>		Cd*	cyp19a1; foxl2a/dmrt1 MT, sod, gadd45a;	Epigenética	
Pradhan et al. (2017)	<i>Danio rerio</i>	Rios	Ca - Zn - Cu - Ni	gadd45g; rad51; mgst1; sult4a1; sult6b1;	Transcriptômica	RT-qPCR

Referências	Espécies	Ambiente	Tipo de Metal	Genes/Loci/Enzimas	Abordagem	Método de abordagem molecular
Olsvik et al. (2001)	<i>Salmo trutta</i>	Rios	Cd - Cu	Aloenzimas Loci sob seleção: AAT e GPI	Genômica	Eletroforese
Roark; Brown (1996)	<i>Gambusia affinis</i> , <i>Pimephales notatus</i> <i>Fundulus notatus</i>	Rios	Zn	Aloenzimas; Loci sob seleção: GPI e PGHD	Genômica	Eletroforese
Truter et al. (2014)	<i>Oreochromis mossambicus</i>	Rios	Ni, Co, Mn	Genes: gr1, gr2, mr, trα, trβ e ar1	Transcriptômica	RT-qPCR
Uren Webster et al. (2013)	<i>Salmo trutta</i>	Rios	Cu - Zn - Fe	slc11a2; slc40a1; slc24a6; PPARα; LDL receptor; Apoliiproteínas; NADH desidrogenases	Transcriptômica	RNA-seq; RT-PCR Quantitativo; DNA-seq
Veldhoen et al. (2014)	<i>Thymallus arcticus</i>	Rios	Cd* - Zn* - Pb	MTa; MTb; Hsp70	Transcriptômica	RT-qPCR
Walter et al. (2011)	<i>Paratherina sailfin silversides</i>	Lagos	Microsatellites	Mistura de Elementos	Genômica	Genotipagem

3. Principais vias de respostas adaptativas moleculares da exposição crônica a metais em peixes e como essas respostas influenciam as características fisiológicas.

A exposição crônica a metais pesados provenientes de atividades de mineração resulta em bioacumulação e desencadeia respostas moleculares em peixes, que podem envolver adaptações plásticas e, em alguns casos, evolutivas nas populações expostas (Weber et al., 2020; Bélanger-Deschênes et al., 2013). O avanço das abordagens moleculares, como o sequenciamento de nova geração (RNA-seq), tem permitido uma detecção mais precisa dos efeitos de estressores ambientais a nível de transcriptoma, revelando mecanismos de resposta à toxicidade anteriormente pouco explorados (Pierron et al., 2011; Bougas et al., 2016; Paris et al., 2024). Essas novas metodologias oferecem uma perspectiva mais profunda sobre os efeitos dos metais em populações de peixes selvagens expostas a contaminação metálica crônica.

Um exemplo disso é a análise realizada por Webster et al. (2013), que identificou 792 genes diferencialmente expressos nos rins, 288 no intestino e 183 nas brânquias de *Salmo trutta* expostos à contaminação gerada por atividades de mineração no Reino Unido. Da mesma forma, Pierron et al. (2011) investigaram os efeitos dos metais em *Perca flavescens* expostos em rios canadenses e observaram que 196 genes apresentaram expressão diferencial e especificidades quanto a espécie de metal. Curiosamente, 71% desses genes mostraram uma correlação negativa com a presença dos metais, sugerindo uma possível adaptação metabólica das populações de peixes às condições tóxicas.

Esses estudos transcriptômicos, incluindo os de Pierron et al. (2011), Bougas et al. (2013, 2016), Defo et al. (2015), em *Perca flavescens* de lagos canadenses, e Uren Webster et al. (2013), em *S. trutta* no Reino Unido, por exemplo, demonstraram que, além das vias de resposta adaptativas convencionalmente exploradas, como aquelas relacionadas ao estresse oxidativo (por exemplo, a expressão da superóxido dismutase, SOD), processos de desintoxicação (como metalotioneínas) e respiração aeróbica (como citocromo c oxidase, CCO), a exposição a metais afeta também vias cruciais para a homeostase celular. Entre essas, destacam-se os genes envolvidos no metabolismo energético (glicólise, gliconeogênese e metabolismo lipídico), no

sistema imunológico, no metabolismo vitamínico (incluindo retinol, ácido fólico e ácidos biliares), na síntese proteica, envolvidos no crescimento e reprodução, reparo celular e de DNA, além de processos como apoptose e coagulação sanguínea.

Mais recentemente, a epigenética tem sido abordada como uma ferramenta adicional para compreender as respostas moleculares a metais. Essa linha de pesquisa sugere que a exposição crônica a metais pesados pode induzir uma reprogramação molecular abrangente, que envolve não apenas adaptações genéticas, mas também alterações epigenéticas. Tais modificações podem ter implicações significativas para a fisiologia e a sobrevivência das populações expostas, afetando sua capacidade de adaptação a condições ambientais mutáveis, conforme discutiremos nos tópicos deste estudo.

3.1 Abordagens transcriptômicas

3.1.1 Estresse oxidativo

A bioacumulação de metais pesados em ecossistemas aquáticos é uma preocupação crescente devido aos impactos fisiológicos e bioquímicos que pode causar. A exposição a metais, como o cádmio, o chumbo e o níquel, resulta frequentemente em estresse oxidativo, mediado pelo aumento de espécies reativas de oxigênio (ROS), que podem danificar estruturas celulares vitais, como lipídios, proteínas e o DNA (Bergamini et al., 2005; Bougas et al., 2013; Bougas et al., 2016).

Para neutralizar esses danos, os organismos ativam sistemas antioxidantes, como as enzimas superóxido dismutase (SOD) e catalase (CAT), essenciais para mitigar os efeitos das ROS (Maldonado et al., 2023; Valko et al., 2006). Contudo, esses mecanismos de defesa, apesar de essenciais, são energeticamente custosos, o que pode levar a adaptações metabólicas que priorizam a proteção contra danos celulares em detrimento de outras funções vitais, como a atividade imunológica (Bougas et al., 2016). Esse custo energético pode comprometer a saúde a longo prazo, tornando o organismo vulnerável a outras doenças, como câncer e doenças neurodegenerativas (Bergamini et al., 2005; Valko et al., 2006).

Diversos estudos, especialmente em áreas impactadas por atividades de mineração, revelam a complexidade das respostas dos peixes ao estresse induzido pela bioacumulação de metais. Pesquisas com espécies como *Danio rerio* (Hu et al., 2021), *Hoplias intermedius* e *Hypostomus affinis* (Weber et al., 2020), *Astyana lacustres* (Macedo et al., 2020) e *Perca flavescens* (Pierron et al., 2009; Bougas et al., 2013; Defo et al., 2015) destacam as vias de resposta ao estresse oxidativo mediadas pela ativação de sistemas antioxidantes e proteínas de choque térmico (HSP). Essas respostas visam mitigar os danos causados pelo acúmulo de ROS, mas sua atividade pode variar de acordo com a espécie, o metal e a duração da exposição.

Weber et al. (2020) e Macedo et al. (2020), ao estudarem os impactos do rompimento da barragem da Samarco no Rio Doce, no Brasil, observaram uma ativação significativa de biomarcadores de estresse, como SOD e CAT, e do gene CYP (citocromo P450), sugerindo uma resposta adaptativa frente aos contaminantes. No entanto, em locais com alta concentração de cromo, a inibição das HSP indicou que certos metais podem interferir nos mecanismos de defesa, tornando os organismos mais vulneráveis.

A estratégia de adaptação rápida observada em *Perca flavescens* após 4 semanas de exposição a lagos contaminados também ilustra essa complexidade (Bougas et al. 2016; Defo et al. 2015). Bougas et al. (2016) identificaram uma priorização da proteção imediata contra o estresse celular, evidenciada pela superexpressão de HSP, em detrimento da ativação de vias de desintoxicação, como o gene CYP. Embora eficaz a curto prazo, essa estratégia pode limitar a capacidade de eliminar toxinas acumuladas ao longo do tempo, o que pode prejudicar a saúde do peixe ao longo prazo. A ativação de CYP, fundamental para a metabolização de metais pesados, também pode afetar outras vias de desintoxicação, tornando o organismo mais suscetível a novos estressores ambientais (Hamilton et al., 2017). Além disso, a intensidade da resposta antioxidante, medida pela expressão de genes como SOD, GST (glutathione S-transferase) e G6PDH (glicose-6-fosfato desidrogenase) em resposta mais intensa ao cádmio que ao cobre, indica, mais uma vez, que a adaptabilidade dos peixes pode ser moldada pelas características do contaminante, conforme descrito por Defo et al., (2015) e Bougas et al., (2016).

Porém, nem todas as respostas observadas indicam a ativação dos marcadores mais comuns. Pierron et al. (2009) relataram uma redução na expressão de SOD em peixes expostos cronicamente ao cádmio, o que contraria a expectativa de um aumento na expressão desse gene em resposta ao estresse. Essa diminuição pode ser interpretada como um ajuste fisiológico a um estresse crônico, onde os peixes, ao priorizarem outras funções metabólicas, reduzem a produção de antioxidantes. Essa estratégia pode ser vantajosa em termos de economia energética, mas pode comprometer a capacidade de resposta a danos celulares, prejudicando a saúde e a expectativa de vida dos organismos a longo prazo.

O processo de adaptação em populações de peixes também reflete um processo evolutivo. Paris et al., (2014), por exemplo, observaram que a maioria dos loci candidatos a seleção em *S. trutta*, no Reino Unido, estavam associados a características de estresse oxidativo e resposta à exposição química na adaptação local ao metal. Assim, a exposição prolongada a ambientes contaminados pode reduzir a plasticidade fenotípica, levando a uma adaptação mais fixa, como observado por Bougas et al. (2016) e Defo et al. (2015) em *P. flavescens*, onde peixes transferidos de ambientes contaminados para controles mostraram respostas transcricionais pouco pronunciadas. Embora essa adaptação sugira um mecanismo de resistência ao estresse, ela pode ter um custo significativo, tornando os peixes menos flexíveis a mudanças rápidas no ambiente e em novos desafios.

Por fim, a utilização de biomarcadores moleculares, como SOD e GST, é uma ferramenta consolidada em estudos de ecotoxicologia e biomonitoramento. No entanto, esses biomarcadores apresentam limitações importantes, pois fatores ambientais, como temperatura e condições de cativeiro, podem influenciar sua expressão, distorcendo a interpretação dos efeitos reais da exposição aos metais pesados, conforme observado por Bougas et al., 2013 e Bougas et al., 2016. A interação entre esses fatores ambientais e a expressão de biomarcadores destaca a necessidade de cautela ao utilizar esses indicadores em estudos de campo, pois a complexidade das respostas biológicas deve ser considerada para uma avaliação mais precisa dos impactos da contaminação por metais.

3.1.2 Indução às Metalotioneínas

O estudo das metalotioneínas (MTs) é fundamental para entender a contaminação por metais pesados em peixes, pois essas proteínas atuam como marcadores de exposição, ligando-se a metais pesados e formando complexos metaloproteicos (Giguère et al., 2006; Wood, 2012). Elas desempenham um papel essencial na regulação dos níveis de metais essenciais e na redução da biodisponibilidade de metais não essenciais dentro das células (Giguère et al., 2006; Wood, 2012). Em organismos aquáticos, como os peixes, a produção de metalotioneínas é uma resposta adaptativa à exposição a ambientes contaminados, contribuindo para mitigar os efeitos tóxicos desses metais e protegendo as células contra o estresse oxidativo (Craig et al., 2007; M'kandawire et al., 2017; Pierron et al., 2009; Weber et al., 2020). No entanto, a exposição crônica pode sobrecarregar esse sistema de defesa, comprometendo a saúde dos organismos ao longo do tempo (Bougas et al. 2016).

Estudos em peixes expostos à contaminação por metais revelam que o aumento na expressão dos genes das metalotioneínas (MTs) está fortemente correlacionado com os níveis de metais pesados, como cádmio, cobre, zinco, arsênio, chumbo e níquel, nos tecidos (Pierron et al., 2009; Roy; Bhattacharya, 2006; Weber et al., 2020). Pierron et al. (2009), ao estudar *P. flavescens*, observaram uma resposta adaptativa à toxicidade do cádmio, com correlações positivas mais pronunciadas entre os níveis desse metal e a expressão das MTs no fígado, em comparação com o músculo. Embora também tenha sido observada uma correlação com o cobre, ela foi menos expressiva, sugerindo que a toxicidade do cobre pode ser menos impactante. De maneira semelhante, Weber et al. (2020) documentaram o aumento na expressão de MT hepática em *Hoplias intermedius* e *Hypostomus affinis* no Rio Doce, Brasil, após a contaminação causada pela lama da barragem de mineração do Fundão. Esses estudos confirmam que o fígado é um órgão fortemente afetado pela contaminação, ressaltando sua importância crucial na defesa contra o estresse metalúrgico.

Guinand et al. (2011) investigaram a expressão e diversidade genética do gene MTs em *Solea solea*, encontrando uma perda de diversidade genética nesse gene após a exposição aos contaminantes. Além disso, os autores

também observaram que a ativação do gene estava relacionada à diminuição da condição física e do crescimento dos indivíduos, sugerindo que os recursos energéticos estavam sendo direcionados para a detoxificação em vez de para o desenvolvimento. Isso indica que a variação na expressão do gene metalotioneína pode refletir a adaptação das populações a diferentes níveis de contaminação.

3.1.3 Metabolismo energético

A exposição de peixes a metais pesados está associada a alterações significativas no metabolismo energético, resultando em uma reprogramação dos processos metabólicos, que pode ser observada em vias moleculares. Bougas et al. (2013) observaram, por exemplo, uma redução significativa na atividade mitocondrial devido ao aumento do estresse oxidativo e à inibição da cadeia respiratória, o que resultou em uma diminuição na produção de moléculas energéticas de ATP (adenosina trifosfato), após 45 dias de exposição ao níquel e ao cádmio na espécie *P. flavescens*.

O acúmulo de metais pesados em áreas de mineração também foi associado a alterações na expressão do gene que codifica a CCO (citocromo c oxidase), com diferentes respostas dependendo do metal. Pierron et al. (2009) observaram que a exposição crônica ao cádmio reduziu significativamente a expressão desse gene, indicando um comprometimento na capacidade dos peixes de realizar a respiração celular e gerar ATP, levando ao aumento do estresse oxidativo. Em contraste, a exposição ao cobre foi associada a um aumento na expressão do gene da CCO, sugerindo uma tentativa de adaptação ao metal para manter a produção de energia.

Em experimentos com *S. trutta* no rio Hayle, Uren Webster et al., (2013) também observou aumento na expressão de genes relacionados a CCO, provavelmente em uma resposta compensatória a inibição na expressão de vários genes relacionados à fosforilação oxidativa, incluindo os genes que codificam para as NADH desidrogenases. Esses resultados indicam uma relação complexa entre a toxicidade dos metais e a função mitocondrial, com a CCO servindo como um marcador sensível das alterações energéticas induzidas por contaminantes ambientais.

As modificações também incluem vias metabólicas essenciais para a produção e utilização de energia, resultando em impactos diretos na homeostase fisiológica em processos vitais, como na síntese proteica, na expressão gênica, e na aptidão dos organismos expostos. Na espécie *P. flavescens*, por exemplo, a exposição ao cádmio e cobre foi relacionada a mudanças na expressão de genes-chave no metabolismo de carboidratos. O estudo de Bougas et al. (2016) mostrou uma redução na expressão de genes envolvidos na glicólise, gliconeogênese, ciclo do ácido cítrico e β -oxidação após 4 semanas de exposição, sugerindo que os peixes diminuem a atividade dessas vias metabólicas para conservar energia. Já em populações com exposição prolongada, Pierron et al. (2011) observaram a redução na expressão do gene GTP (fosfoenolpiruvato carboxiquinase), comprometendo a capacidade de produzir glicose a partir de precursores não carboidratos. Além disso, Pierron et al., (2011) também identificaram reduções na expressão de glucose-1-fosfato uridiltransferase (UTP), prejudicando a glicogênese e o armazenamento de glicose. Essas alterações indicam que a exposição crônica a metais interfere na capacidade dos peixes de sintetizar e armazenar glicose, refletindo uma adaptação para conservar recursos energéticos de maneira eficiente.

No metabolismo lipídico, Pierron et al. (2011) observaram que a exposição ao cobre resultou em uma regulação negativa de genes envolvidos na síntese e transporte de lipídios, como a acetil-CoA sintetase e as apolipoproteínas B e A-IV. Essa redução compromete as reservas energéticas dos peixes, dificultando a absorção de lipídios e afetando o metabolismo lipídico de forma geral. Por outro lado, Uren Webster et al. (2013) relataram um aumento na expressão de diversos genes relacionados a processos lipídicos essenciais, como síntese e transporte de lipídios, além do metabolismo de ácidos graxos e esteroides. Esse aumento foi interpretado como uma resposta adaptativa ao estresse induzido pelos metais, permitindo a compensação dos prejuízos energéticos causados pelo estresse metabólico em *S. trutta*, ao mesmo tempo que apoia os processos reprodutivos nas fêmeas. Essa discrepância aponta para a plasticidade das respostas metabólicas dos peixes, sugerindo que diferentes espécies podem adotar estratégias distintas para lidar com a toxicidade metálica,

dependendo de fatores como os tipos de genes ativados e as condições ambientais.

A compreensão dessas diferenças em uma ampla gama de espécies, especialmente em habitats variados e sob a influência de outros metais pesados, é fundamental uma vez que a maioria dos estudos demonstraram prejuízos relacionados ao metabolismo energético que é uma via essencial para garantia da aptidão das populações, já que, especialmente em áreas contaminadas, processos como o metabolismo antioxidante e a excreção de poluentes, o reparo de tecidos e moléculas, a substituição de células danificadas, a manutenção de atividades vitais e reprodutivas incorrerão em custos metabólicos. Portanto, as adaptações que envolvem esses processos provavelmente também serão energeticamente dispendiosas.

3.1.4 Metabolismo vitamínico

A exposição crônica a metais pesados, como o cádmio, pode provocar significativas alterações no metabolismo vitamínico de peixes, afetando a homeostase e comprometendo o funcionamento fisiológico dos organismos. Em *Perca flavescens*, a exposição ao cádmio aumentou a transcrição de genes envolvidos no metabolismo do ácido fólico, como a serina hidroximetiltransferase e a formimidoyltransferase-ciclodeaminase, sugerindo uma resposta adaptativa ao estresse oxidativo. O aumento na produção de 5-metiltetrahidrofolato, forma ativa do ácido fólico, pode ajudar a neutralizar espécies reativas de nitrogênio, promovendo a proteção celular contra os danos causados pelos metais (Bougas et al., 2013). Contudo, essa adaptação pode ser um mecanismo de curto prazo, sem garantia de que outras funções fisiológicas não sejam comprometidas a longo prazo.

Além disso, a exposição ao cádmio também interfere no metabolismo da vitamina A. Em um estudo com *P. flavescens* exposta a cádmio por cerca de 80 anos (Defo et al., 2012), foi observado o acúmulo de retinoides, como dehidroretinol, nos tecidos, mas com redução da forma ativa da vitamina A no fígado, indicando que o metal interfere nas enzimas reguladoras da homeostase dessa vitamina, prejudicando sua utilização. Por outro lado, Defo et al., (2015) observou como os peixes respondem a primeira exposição em lagos

contaminados, e após 4 semanas identificaram uma diminuição na expressão do gene *rdh-2*, que está envolvido na metabolização da vitamina A, e a uma redução nas concentrações de retinoides hepáticos, incluindo a forma de armazenamento, o dehidroretinil palmitato. Sendo assim, ambas as condições sugerem que os metais pesados afetam negativamente o metabolismo e armazenamento da vitamina A, mas com intensidades distintas: um aponta para a inibição do uso eficaz dos retinoides acumulados, e o outro para uma redução global na disponibilidade da vitamina. No entanto, independente do tempo de exposição, a exposição ao cádmio compromete a capacidade de os peixes utilizarem essas vitaminas de maneira eficaz.

De maneira complementar, Pierron et al. (2011), também estudando populações cronicamente impactadas, observaram que o cádmio afeta o metabolismo dos ácidos biliares, essenciais para a absorção de retinol. Os autores explicam que a inibição do transporte biliar no fígado, devido à redução da atividade do gene *BSEP* e ao aumento da expressão do *OSTA*, resulta em colestase e dificulta a absorção de retinol. Como compensação, ocorre um aumento na expressão de genes de transporte de retinol, mas isso não parece ser suficiente para restaurar os níveis ideais da vitamina A. Esse impacto duplo no metabolismo dos ácidos biliares e do retinol, traz uma segunda explicação para o metabolismo da vitamina A, e evidencia como o cádmio pode afetar a homeostase de nutrientes essenciais de forma interdependente, com possíveis consequências para a saúde dos peixes.

Embora as alterações no metabolismo vitamínico tenham sido amplamente observadas em *P. flavescens*, outras espécies também apresentam respostas semelhantes à exposição a metais pesados. Defo et al. (2014) destacaram que metais como ferro, manganês, cobre, selênio, alumínio e arsênio alteram as concentrações de retinóides em diversas espécies, como *Salvelinus namaycush*, *Danio rerio* e *Oncorhynchus mykiss*. Esses resultados, observados tanto em experimentos laboratoriais quanto em ambientes naturais, sugerem que os efeitos sobre o metabolismo vitamínico dependem não só do tipo de metal, mas também da forma e da intensidade da exposição.

3.1.5 Metabolismo do ferro, cálcio e coagulação sanguínea

Além das alterações no metabolismo das vitaminas, estudos indicam que a exposição a metais pesados pode prejudicar os mecanismos de transcrição de genes relacionados ao metabolismo do ferro, à coagulação sanguínea e ao transporte de cálcio, impactando a homeostase fisiológica de peixes, conforme observado por Bougas et al., 2013, ao avaliar as respostas na expressão gênica em organismos de *P. flavescens*, após 45 dias de exposição ao níquel e ao cádmio.

O estudo de Bougas et al. (2013) mostrou que o níquel interfere no metabolismo do ferro de diversas maneiras, comprometendo a absorção e o transporte desse nutriente. Primeiramente, o níquel compete com o ferro pelo transporte nas células, utilizando o transportador de íons metálicos divalentes (DMT1), o que resulta na redução da absorção de ferro, especialmente no fígado. Além disso, o níquel diminui a expressão dos genes responsáveis pelos receptores de transferrina, proteínas essenciais para o transporte do ferro circulante para dentro das células. Essa diminuição na captação de ferro é ainda mais agravada pela redução na expressão dos genes da ferritina, a principal proteína de armazenamento de ferro, e dos genes da heme oxigenase 1, responsável pela reciclagem de ferro a partir dos grupos heme. Como consequência, o organismo desenvolve um quadro de deficiência de ferro. Em resposta a esse déficit, foi observada a superexpressão do gene da transferrina, sugerindo uma tentativa do organismo de aumentar o transporte de ferro para as células, apesar da disponibilidade reduzida desse elemento. No caso do cádmio, Bougas et al., (2013) revelou que os seus efeitos diretos sobre o metabolismo do ferro foram pouco evidentes. Esses resultados evidenciam que a exposição ao níquel provoca distúrbios no metabolismo do ferro, com consequências para a saúde e o funcionamento fisiológico dos peixes, como o comprometimento do transporte de oxigênio, comprometendo o metabolismo energético, a resposta imunológica e antioxidante, por exemplo.

No que diz respeito ao cálcio, Bougas et al., (2013) discutem que o níquel compete com este íon, prejudicando sua absorção e regulação. Essa interferência na homeostase do cálcio pode levar à ativação anormal da calmodulina, uma proteína reguladora de processos celulares dependentes de

cálcio. A superativação da calmodulina pode resultar na proliferação celular descontrolada, o que tem implicações fisiológicas, como distúrbios na coagulação sanguínea e na resposta imune. Além disso, como o níquel, o cádmio também interfere na regulação do cálcio, competindo com esse íon e alterando a expressão de proteínas envolvidas na sinalização do cálcio. Isso pode resultar em uma resposta inflamatória exacerbada e na ativação prematura de mecanismos de coagulação.

Adicionalmente, Pierron et al., (2011), e Bougas et al., (2013) também observaram super-transcrição de genes envolvidos no metabolismo da coagulação sanguínea. Bougas et al., (2013) discute que o cádmio induz a expressão de genes relacionados à coagulação sanguínea, sugerindo a ativação do sistema de coagulação em resposta ao estresse tóxico, enquanto o níquel ativa diretamente a cascata de coagulação, podendo induzir uma resposta inflamatória excessiva.

As observações destacam que embora ambos os metais desregulem processos fisiológicos críticos, a ideia de que respostas específicas são diferentes entre os metais é reforçada. Além disso, a exposição crônica a esses metais pesados pode resultar não apenas em deficiências nutricionais, mas também em danos celulares devido à alteração nos processos redox dependentes de ferro, comprometendo, assim, a homeostase celular e o metabolismo de diversas funções fisiológicas, como a formação de hemoglobina, a respiração celular, a função cardíaca e a contração muscular, por exemplo.

3.1.6 Resposta Imunológica

A exposição a metais pesados tem demonstrado impactos significativos nas respostas imunológicas dos peixes, como evidenciado pelos estudos de Bougas et al. (2016) e Pierron et al. (2011). Bougas et al. (2016) observaram que a exposição a altas concentrações de metais, como cádmio, cobre e zinco, alterou a resposta imunológica de indivíduos da espécie *P. flavescens* transplantados de um lago limpo para um lago contaminado. Nesse estudo, as principais vias moleculares envolvidas na resposta imunológica foram modificadas, incluindo a sub-transcrição de genes, como o C5-1, que codificam proteínas dos sistemas imunológicos inato e adaptativo. Além disso, houve

super-transcrição do gene que codifica a proteína CD59, responsável por inibir a ação do sistema complemento. De forma semelhante, Pierron et al. (2011) relataram a sub-transcrição de genes, como os C3 e C9, que também fazem parte do sistema complemento, em peixes da mesma espécie expostos aos metais, com uma resposta mais pronunciada ao cádmio do que ao cobre, além disso a inibição do sistema complemento também foi observado em *S. trutta* no rio Hayle, por Uren Webster et al., (2013). Esses resultados indicam um comprometimento da função imunológica, o que pode aumentar a vulnerabilidade dos peixes a infecções e doenças.

O sistema imunológico inato é a primeira linha de defesa contra patógenos e inclui o sistema complemento, um conjunto de proteínas plasmáticas que atuam em cascata para combater infecções. As alterações transcricionais observadas nos estudos revisados sugerem uma possível inibição dessa defesa imunológica pela acumulação de metais. Bougas et al. (2016) indicaram que fatores ambientais, como variações de temperatura, podem contribuir para modular as respostas imunológicas dos peixes, destacando a complexidade de se estabelecer uma relação de causa e consequência aos efeitos dos metais. No entanto, os autores sugerem que a exposição ao estresse metálico pode levar os peixes a priorizarem a alocação de energia para processos de sobrevivência e proteção celular, em vez de manter uma resposta imunológica robusta.

Por outro lado, Pierron et al. (2011) propuseram uma hipótese alternativa: em ambientes altamente poluídos por metais, a prevalência de doenças infecciosas poderia diminuir, seja pela eliminação direta dos patógenos ou pela remoção de hospedeiros intermediários dos parasitas. Isso resultaria na inibição das vias de ativação da resposta imunológica, o que poderia complementar a ideia de que é mais vantajoso priorizar o gasto energético para a proteção contra os efeitos prejudiciais da acumulação de metais. Além disso, Pierron et al. (2011) sugerem que as perturbações na expressão de genes relacionados a outras vias metabólicas, como a metabolismo do retinol, que regula a expressão do complemento C3, podem contribuir para a diminuição da expressão de genes imunológicos, destacando a interação entre as vias metabólicas em resposta ao estresse.

Esses achados ressaltam a complexidade dos efeitos dos metais pesados no sistema imunológico dos peixes, indicando que a exposição crônica a esses poluentes pode acarretar consequências multifacetadas para os organismos aquáticos. Os estudos revisados destacam a necessidade de uma abordagem holística para compreender esses impactos, que leve em consideração não apenas a natureza da exposição crônica aos metais pesados, mas também os fatores ambientais que podem influenciar a gravidade desses efeitos. Assim, é fundamental adotar uma perspectiva integradora, que considere as interações entre poluentes e o ambiente, para entender melhor os danos ao sistema imunológico e, conseqüentemente, à saúde dos ecossistemas aquáticos.

3.1.7 Metabolismo Proteico

A exposição a metais pesados provoca alterações significativas nas respostas ribossomais e síntese proteica em peixes, conforme demonstrado na espécie *P. flavescens* no experimento de transplante realizado por Bougas et al. (2016). O estudo revela que genes envolvidos na biogênese ribossomal, como os que codificam para proteínas ribossomais, apresentam subtranscrição em peixes expostos a ambientes contaminados. Essa subtranscrição sugere uma desaceleração na produção de ribossomos, o que pode comprometer a síntese proteica e, conseqüentemente, a capacidade de manter processos vitais dependentes de proteínas nos organismos.

Além disso, o estudo destaca que genes codificadores de fatores de iniciação da tradução, como o fator de iniciação eIF4E, também foram subtranscritos, refletindo uma diminuição na eficiência da tradução de mRNA em proteínas. Essa combinação de subtranscrição de genes ribossomais e de fatores de iniciação da tradução sugere que a exposição a metais não apenas afeta a biogênese ribossomal, mas também a capacidade do organismo de traduzir eficientemente as proteínas necessárias para a manutenção da homeostase celular. Assim, a interação entre a exposição a metais e as respostas ribossomais e proteicas revela um panorama complexo de adaptações metabólicas que, embora possam economizar energia para priorizar a proteção celular, podem resultar em uma maior vulnerabilidade a disfunções fisiológicas e imunológicas.

3.1.8 Fator de condição, eficiência de crescimento e reprodução

A relação entre o condicionamento morfométrico (fator de condição), fecundidade, eficiência de crescimento e longevidade de peixes expostos a metais pesados tem sido amplamente estudada em ecotoxicologia, trazendo à tona aspectos importantes sobre como os contaminantes podem influenciar a saúde geral e a aptidão dos organismos, e expondo as compensações fisiológicas que eles fazem em resposta à poluição química. Em ambientes com alta mortalidade devido à poluição, características como crescimento rápido e reprodução precoce podem ser favorecidas pela seleção natural, já que esses peixes priorizam a reprodução, em vez de investir em processos de tolerância que exigem altos custos metabólicos (Sibly; Calow, 1989).

Por exemplo, estudos realizados Guinand et al. (2011) com *Solea solea* demonstraram que adaptações fisiológicas a exposição pode prejudicar o crescimento e o condicionamento morfométrico, comprometendo a saúde geral dos organismos. Além disso, Guinand et al., (2011) também encontrou evidências de custos para a longevidade, quando observou a escassez de juvenis e a predominância de adultos em ambientes poluídos indicando uma redução na taxa de recrutamento.

Em ambientes contaminados no Canadá, estudos com *P. flavescens* demonstraram que a espécie adota uma estratégia adaptativa focada no crescimento acelerado e na reprodução precoce, mas que também apresentaram custos para a longevidade (Couture e Pyle, 2008; Bourret et al. 2008 e Bélanger-Deschênes et al. 2013). Nesse cenário, Bélanger-Deschênes et al. (2013) identificaram assinaturas de seleção em componentes da via p53 e mutações no gene cyclin G1, possivelmente associadas ao crescimento rápido e à maturidade sexual precoce, que favorecem a reprodução, mas sacrificam processos como detoxificação e reparação celular, resultando em uma longevidade potencialmente reduzida. Esse padrão é corroborado pelos achados de Pierron et al. (2009), que relataram uma maior expressão do gene IGF-1 nessa espécie, indicando uma adaptação para maximizar a eficiência do crescimento. No entanto, essa adaptação também resultou em um fator de condição reduzido, refletindo o impacto negativo na saúde geral dos peixes.

A diversidade genética também pode desempenhar um papel importante na capacidade dos peixes de se adaptar a ambientes poluídos. O trabalho de Olsvik et al. (2001) em trutas (*Salmo trutta*) mostrou que trutas com menor heterozigose, em ambientes mais contaminados, apresentaram menor crescimento e fator de condição. Este padrão foi também observado por Marchand et al. (2004), que investigaram *Platichthys flesus* e observaram que os peixes com genótipos resistentes à contaminação mostraram um crescimento mais lento, mas uma fecundidade relativa aumentada.

Em conclusão, a exposição a metais pesados induz respostas adaptativas em peixes, geralmente associadas a trocas entre crescimento, reprodução e longevidade, com o objetivo de otimizar o sucesso reprodutivo ao longo da vida. A priorização da reprodução precoce e do crescimento acelerado em ambientes contaminados pode ser vantajosa para a manutenção da população. No entanto, essa estratégia pode acarretar custos, como a produção de ovos menores ou a redução na sobrevivência da prole (Barot et al. 2004), o que comprometeria o sucesso reprodutivo a longo prazo e impactaria negativamente o crescimento populacional.

3.1.8 Danos às funções sensoriais

A exposição a metais, como o cobre, pode causar perda temporária ou permanente das habilidades quimiossensoriais olfativas, prejudicando a comunicação química em peixes, especialmente durante estágios embrionários. Isso foi observado em experimentos morfológicos realizados com *Pimephales promelas* por Carreau e Pyle (2005) e Dew et al. (2012). Esses estudos demonstraram que a presença de metais em ambientes aquáticos pode afetar diretamente as funções sensoriais de peixes, comprometendo sua capacidade de detectar e responder a estímulos químicos essenciais para a sobrevivência.

No contexto das respostas genéticas resultantes da exposição a contaminantes da mineração, Azizishirazi et al. (2014) investigaram os efeitos da exposição crônica a metais na função olfativa de *P. flavescens* coletados de lagos contaminados, comparando-os com peixes de um lago limpo. Os resultados indicaram que os peixes dos lagos contaminados apresentaram um comprometimento significativo em suas respostas comportamentais a sinais

químicos, como a evitação de extratos de pele, quando comparados aos peixes de um ambiente não contaminado. Isso sugeriu uma perda na função olfativa dos peixes expostos a metais.

Contudo, apesar da análise de transcrição gênica realizada com um microarray de 1000 genes, que revelou 109 genes com expressão diferencial em peixes dos lagos contaminados, não foi possível estabelecer uma correlação clara entre essas alterações genéticas e a perda de função olfativa. Essa falta de correlação sugere que as mudanças comportamentais observadas podem não ser diretamente refletidas em alterações na expressão gênica nas rosetas olfativas, o que destaca a complexidade dos mecanismos de toxicidade em ambientes naturais.

Além disso, o estudo de Azizishirazi et al. (2014) sublinhou que a exposição contínua a contaminantes ao longo de toda a vida dos peixes, incluindo estágios críticos de desenvolvimento como a fase embrionária, pode ter impedido a recuperação da função olfativa durante o estudo. Esse resultado é consistente com os achados de Carreau e Pyle (2005), que também observaram efeitos negativos da exposição a metais nas funções sensoriais de peixes em condições de laboratório, especialmente em fases sensíveis do desenvolvimento.

4. Abordagem Epigenética

A epigenética é o campo da ciência que investiga as variações hereditárias na função dos genes que não envolvem alterações na sequência do DNA (Waddington, 1957). Essas modificações epigenéticas atuam como reguladores moleculares, influenciando a expressão gênica e promovendo a plasticidade fenotípica, o que permite que os organismos desenvolvam tolerâncias e adaptação a mudanças no ambiente (Makvandi-Nejad e Moghadam, 2023).

No contexto da poluição, a epigenética tem se mostrado fundamental na mediação das respostas transcricionais a diferentes estressores ambientais, como os metais pesados (Bian & Gao, 2021). Isso acontece porque em vez de causar desregulação gênica e acumular mutações genéticas, os metais pesados podem induzir alterações anormais nas modificações de proteínas histonas e na

metilação do DNA, resultando em alterações na expressão gênica que podem ter efeitos duradouros e prejudiciais à saúde das populações aquáticas (Hu et al., 2021; Pierron et al., 2022). Um exemplo, são os resultados do estudo de Pierron et al. (2021) que demonstrou que a exposição ao cádmio alterou o nível de metilação dos genes *foxl2a / dmrt1* e provocou a feminização da prole em populações de *Danio rerio* por até 4 gerações, onde apenas uma geração foi exposta ao cádmio, sugerindo uma possível herança transgeracional.

No contexto da mineração, Pierron et al., (2009) observaram que genes envolvidos na regulação das histonas, como a polí (ADP-ribose) polimerase (PARP) e a biotinidase (BTD), apresentaram correlações positivas com as concentrações de metais no fígado de *P. flavescens*. O trabalho discute que a PARP catalisa a adição de unidades de ADP-ribose a determinadas proteínas, incluindo as histonas. Esse processo pode alterar a estrutura da cromatina e induzir o silenciamento gênico por meio da condensação da cromatina. Já a BTD tem um papel nas modificações de histonas via biotinilação, processo que pode impactar a expressão gênica ao modificar a acessibilidade do DNA. Essas modificações epigenéticas, em resposta à exposição crônica a metais, resultam na formação de um estado de cromatina mais compactada, que inibe a transcrição de genes essenciais, incluindo aqueles envolvidos na biossíntese de proteínas, o que pode ser uma adaptação a restrições energéticas impostas pela contaminação de longo prazo, mas também apresenta riscos para a saúde genética a longo prazo, prejudicando a resposta celular, homeostase e a saúde geral dos organismos (Pierron et al., 2009).

Adicionalmente, o estudo de Hu et al. (2021) mostrou que a exposição de *Danio rerio* (peixe-zebra) à água contaminada do rio Le'na, na China, induziu alterações significativas na metilação do DNA, especialmente nas regiões promotoras de genes relacionados à reparação de DNA e à apoptose. Genes como p53, Bax e Bcl-2, essenciais para a resposta ao estresse celular e a regulação da morte celular programada, tiveram sua expressão desregulada. Além disso, a acetilação e metilação das histonas também foi observada como um mecanismo epigenético afetado pela contaminação por metais, o que impacta diretamente a regulação da expressão gênica.

Hu et al. (2021) discutem que o aumento na metilação global do DNA e nas modificações das histonas em resposta ao estresse oxidativo sugerem que essas modificações epigenéticas são uma resposta adaptativa ao dano celular e ao estresse energético induzido pela poluição, no entanto, podem também contribuir para a desregulação de processos celulares essenciais, como a biossíntese de proteínas. Além disso, a modificação epigenética do p53 e outros genes relacionados à reparação e morte celular pode levar a uma disfunção nas respostas de reparo de DNA e na regulação do ciclo celular, aumentando o risco de tumores e outras doenças celulares.

Esses achados destacam a magnitude das interações entre a poluição ambiental, as modificações epigenéticas e os efeitos adversos na saúde dos peixes. A metilação do DNA e as modificações nas histonas são mecanismos críticos na adaptação à contaminação, que a longo prazo podem também apresentar consequências negativas, afetando a saúde celular, a capacidade de adaptação das populações e, possivelmente, a biodiversidade e a evolução das espécies em ambientes contaminados.

5. Variações populacionais

5.1 Viabilidade Genética

A exposição a metais pesados em ambientes aquáticos tem o potencial de desencadear respostas evolutivas em populações de peixes, como variações nas frequências alélicas, que podem resultar em alterações na diversidade genética, adaptação a novos estressores ambientais, e até mesmo em isolamento genético entre populações (Durrant et al., 2011; Bélanger et al., 2013; Paris et al., 2015). Essas mudanças refletem processos de adaptação que podem variar dependendo do tipo de metal, da intensidade e duração da exposição, das características biológicas das espécies afetadas, das condições ambientais e das técnicas moleculares utilizadas, conforme observado em diferentes estudos, como Marchand et al. (2004) e Bourret et al. (2008) que serão discutidos neste tópico.

No passado, os estudos genéticos se concentravam nas aloenzimas como marcadores de diversidade genética (Roark & Brown, 1996; Klerks et al., 1997). No entanto, essa abordagem apresentava limitações, como baixo grau de

polimorfismo e alta sensibilidade à inibição por íons metálicos, o que comprometia sua aplicabilidade em estudos de impacto ambiental (Turchetto-Zolet et al., 2017). Apesar dessas limitações, alguns estudos conseguiram correlacionar a exposição a metais em peixes de áreas impactadas pela mineração com alterações genóticas, resultando em variabilidade negativa, como a perda de heterozigosidade (e.g. Olsvik et al., 2001; Gale et al., 2003; Marchand et al., 2004), ou variabilidade positiva, como o aumento da proporção de heterozigotos (e.g. Roark & Brown, 1996).

Por exemplo, Olsvik et al. (2001) investigaram duas populações de *Salmo trutta* nos rios noruegueses Rugla e Naustebekken, observando que a população do Naustebekken, exposta a altas concentrações de cádmio e zinco, apresentou uma redução significativa na heterozigosidade. De maneira similar, Gale et al. (2003), em área afetadas pela drenagem ácida de minas de urânio e cobre, na Austrália, observaram uma redução na proporção de loci heterozigotos em *Melanotaenia nigrans* expostos à contaminação por cobre. Marchand et al. (2004) também encontraram alta diferenciação genética e redução de heterozigosidade nas populações de *Platichthys flesus* em três estuários franceses poluídos, em especial no estuário de Gironde, contaminado por cádmio de atividades de mineração. Esses estudos indicam que a contaminação por metais pesados pode ter levado à fixação de alelos, reduzindo a variabilidade genética das populações de peixes e possivelmente comprometendo sua capacidade de adaptação a mudanças ambientais futuras.

Entretanto, o estresse causado pela presença de metais também pode gerar variabilidade positiva, como sugerido por Roark & Brown (1996), que observaram que a exposição crônica a metais pesados levou ao aumento da proporção de heterozigotos em populações de *Gambusia affinis* e *Pimephales notatus* em um afluente contaminado em Willow, nos Estados Unidos. Esse resultado sugere uma possível adaptação genética às condições adversas, contrastando com estudos que identificaram redução da diversidade genética. Esse aumento da variabilidade genética pode ser visto como uma resposta ao estresse ambiental, refletindo em variabilidade positiva devido à seleção de alelos heterozigotos.

Além disso, em alguns dos estudos com aloenzimas, a pressão seletiva induzida pelos metais favoreceu alelos resistentes. Por exemplo, os loci *GPI* e *PGHD* (Roark & Brown, 1996), *PGM 85* e *AAT-1 95* (Gale et al., 2003), e *AAT* e *GPI* (Marchand et al., 2004) foram associados à resistência aos metais, sugerindo que os contaminantes poderiam ter selecionado genótipos mais resistentes. Embora essa adaptação ofereça benefícios em termos de resistência ao metal, ela também levanta preocupações sobre o comprometimento da capacidade adaptativa das populações a outras pressões ambientais no futuro.

A transição dos marcadores enzimáticos, como as aloenzimas, para marcadores moleculares de DNA, como microsatélites, polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs) e sequenciamento de DNA Polimórfico Amplificado Aleatoriamente (RAD-seq), trouxe avanços importantes para a ecotoxicologia genética (Turchetto-Zolet et al., 2017). Os marcadores de DNA oferecem maior variabilidade genética, proporcionando uma análise mais precisa da estrutura genética populacional e permitindo uma investigação mais eficaz dos efeitos da contaminação no processo de adaptação evolutiva frente a estressores ambientais (Bourret et al., 2008; Bélanger-Deschênes et al., 2013; Xue et al., 2014; Turchetto-Zolet et al., 2017).

Estudos como os de Durrant et al. (2011) e Paris et al. (2015) sobre *Salmo trutta* no Reino Unido, e de Bourret et al. (2008) e Bélanger-Deschênes et al. (2013) sobre *P. flavescens* em áreas de mineração no Canadá, forneceram evidências sobre as respostas genéticas de populações expostas a diferentes níveis de poluição por metais da mineração, utilizando marcadores moleculares de DNA. Esses estudos mostram três principais consequências da poluição: a formação de grupos genéticos diferenciados, a perda de variabilidade genética e sinais de adaptação evolutiva associada ao estresse da contaminação.

Durrant et al. (2011) e Paris et al. (2015), por exemplo, investigaram populações de *S. trutta* em rios do Reino Unido, revelando cenários semelhantes, mas com interpretações contrastantes sobre a estrutura genética e o fluxo gênico da espécie. No estudo de Durrant et al. (2011) no Rio Hayle, foi observada diferenciação genética entre populações com diferentes níveis de exposição à poluição proveniente da mineração de Godolphin. Os autores

sugerem que, embora a poluição represente uma barreira química, a distinção populacional e as limitações no fluxo gênico seriam melhor explicadas pelos comportamentos instintivos da espécie, como o retorno ao local de nascimento para desova (*natal homing*), do que pela barreira formada pela contaminação por metais no rio.

Em contraste, o estudo mais abrangente de Paris et al. (2015), realizado com 15 populações de *Salmo trutta* em cinco rios ingleses, incluindo o Rio Hayle, revelou um cenário mais alarmante. Os resultados indicaram que a poluição por metais funcionou como uma barreira química efetiva, prejudicando o fluxo gênico entre as populações. Isso resultou em um aumento da diferenciação genética e na redução da diversidade genética, mesmo em populações localizadas em áreas geograficamente próximas e sem evidência de barreiras físicas aparentes. Além disso, a análise de gargalos populacionais associou a redução da variabilidade genética ao início das atividades de mineração na região, sugerindo que a poluição por metais desempenhou um papel central nesse processo de isolamento genético.

As observações de Paris et al. (2015) foram corroboradas por estudos subsequentes, como os de Osmond et al. (2024) e Paris et al. (2024), que, utilizaram marcadores SNPs e RAD-seq como abordagens metodológicas, respectivamente. Assim, enquanto Durrant et al. (2011) enfatizam o papel do *natal homing* na estruturação das populações de *S. trutta*, os resultados de Paris et al. (2015) e outros estudos indicam que os efeitos da poluição não podem ser subestimados, pois a contaminação por metais pode, de fato, criar barreiras químicas ao fluxo gênico e promover o isolamento genético. Portanto, esses estudos indicam que, a longo prazo, a contaminação por metais pesados representa uma ameaça significativa à integridade genética das populações de *S. trutta*.

5.2 Potencial Evolutivo

A ecotoxicologia genética também tem fornecido importantes contribuições sobre os processos de adaptação evolutiva em populações expostas à mineração. Bourret et al. (2008) avaliaram 20 populações de *P. flavescens* afetadas pela mineração e observaram que a correlação negativa

entre diversidade genética e níveis de cádmio sugere uma forte pressão seletiva desse metal, induzindo processos adaptativos. Em contraste, a contaminação por cobre afetou apenas um locus específico, sem comprometer a diversidade genética global, apontando efeitos mais localizados. Adicionalmente, foram identificadas nessas mesmas populações mutações específicas em genes como *cyclin G1* e *NADH desidrogenase*, associadas aos níveis de cádmio, que promovem crescimento acelerado e mitigação de danos fisiológicos (Bélanger-Deschênes et al., 2013). Esses achados indicam que a adaptação a metais pesados está em curso, com a seleção favorecendo indivíduos mais tolerantes, e ressaltam a importância de investigar os efeitos diferenciados dos metais na dinâmica de adaptação e seleção natural.

Além disso, diversas evidências em outras espécies reforçam a hipótese de adaptação evolutiva em ambientes contaminados (Roark; Brown, 1996; Olsvik et al., 2003; Marchand et al., 2004). No caso de *S. trutta* nas áreas contaminadas do rio Hayle, por exemplo, a tolerância a altas concentrações de metais em uma espécie tradicionalmente sensível sugere que as populações podem ter desenvolvido, ao longo do tempo, adaptações genéticas ou plasticidade que lhes permitiram sobreviver em ambientes severamente impactados (Durrant et al., 2011; Paris et al., 2015). Paris et al. (2024) reforça a ideia de adaptação evolutiva nessas populações ao associar a super-expressão de genes envolvidos no metabolismo antioxidante, no transporte de metais e na produção de energia às populações expostas a altos níveis de metais, inclusive no rio Hayle. Embora inicialmente essa resposta gênica tenha sido interpretada como uma adaptação plástica, os resultados sugerem uma transição para uma expressão constitutiva desses genes, indicando uma adaptação genética duradoura. Essa mudança na expressão genética aponta para uma seleção natural em favor de características que conferem resistência ao ambiente contaminado, alinhando-se com a ideia de adaptação evolutiva e não apenas respostas temporárias ao estresse ambiental.

Contudo, embora a seleção de genótipos tolerantes ofereça uma solução a longo prazo para a sobrevivência em ambientes contaminados, ela traz consigo importantes custos que podem comprometer a capacidade das populações de responder a mudanças ambientais futuras (Gillespie & Guttman, 1993 – pegar

de gale 2003). A redução da diversidade genética, observada em várias populações expostas ao cádmio e a outros metais pesados (Marchand et al., 2004; Bourret et al., 2008; Bélanger-Deschênes et al., 2013), é uma das principais limitações desse processo.

A fixação de alelos específicos pode restringir a variabilidade genética necessária para que as populações se adaptem a novos estressores, tornando-as mais vulneráveis a mudanças ambientais inesperadas, especialmente quando esses estressores não estão relacionados à contaminação. Como destacado por Marchand et al. (2004) e Olsvik et al. (2001), essa resistência pode comprometer o crescimento, a fecundidade e as condições gerais de saúde dos indivíduos de algumas espécies. Esses custos podem afetar a aptidão reprodutiva das populações e, conseqüentemente, limitar sua capacidade de expansão populacional. Esse efeito é crucial, pois uma população que se adapta aos metais pesados pode sofrer uma queda na dinâmica populacional, dificultando sua manutenção e sustentabilidade.

Outro custo importante, que muitas vezes é negligenciado, é a perda de plasticidade adaptativa. Como sugerido por Bougas et al. (2016) e Defo et al. (2015), uma vez que as populações se adaptam geneticamente aos contaminantes, elas perdem a capacidade de gerar respostas plásticas rápidas. A plasticidade genética permite que as populações se ajustem rapidamente a novos desafios ambientais, mas com a adaptação genética e a perda de variabilidade genética, essa flexibilidade pode diminuir. Esse processo reduz a capacidade das populações de responderem rapidamente a mudanças inesperadas no ambiente, tornando-as ainda mais vulneráveis a novos estressores não previstos pela adaptação evolutiva anterior.

Por fim, os artigos revisados trazem evidências concisas de que a exposição a metais pesados em ambientes aquáticos tem o potencial de desencadear respostas evolutivas em populações de peixes, como variações nas frequências alélicas, que podem resultar em alterações na diversidade genética, adaptação a novos estressores ambientais, e até mesmo em isolamento genético entre populações (Durrant et al., 2011; Bélanger et al., 2013; Paris et al., 2015). No entanto, essas mudanças refletem processos de adaptação que podem variar dependendo do tipo de metal, da intensidade e

duração da exposição, das características biológicas das espécies afetadas, das características ambientais e das técnicas moleculares utilizadas, conforme observado em diferentes estudos, como Marchand et al. (2004) e Bourret et al. (2008).

A análise dos estudos revisados neste tópico revela que a exposição a metais pesados pode desencadear respostas evolutivas nas populações de peixes, com variações nas frequências alélicas e impactos na diversidade genética. Alguns dos estudos mais relevantes, de Bourret et al. (2008) e Bélanger-Deschênes et al. (2013), indicam que 80 anos da exposição de *Percas flavescens* a metais pesados de atividades de mineração, que ocorre há pelo menos 100 anos na região, foi o tempo médio observado para que as mudanças genéticas fossem observadas de maneira significativa. Esses estudos evidenciam que, após um período de exposição prolongada, as populações podem apresentar adaptações a contaminantes específicos, mas também uma diminuição na variabilidade genética.

Além disso, como discutido em Hamilton et al. (2017), a variação na intensidade dos impactos da poluição em diferentes tipos de habitats aquáticos é crucial para entender os efeitos evolutivos da contaminação. Hamilton et al. (2017) resumem que, em ambientes de água doce, o tamanho do sistema, a capacidade limitada de diluição dos contaminantes e a presença de barreiras físicas e biológicas que dificultam o fluxo gênico entre as populações são fatores potenciais que favorecem a perda de variabilidade genética e reduzem a viabilidade genética a longo prazo. Esses fatores também podem contribuir para adaptações evolutivas, como vimos em alguns estudos aqui discutidos, mas também podem resultar em extinções antes que adaptações significativas ocorram já que populações menores podem não ter tempo suficiente para se adaptar.

Já em ambientes marinhos, a ausência de barreiras físicas ao fluxo gênico e a alta migração genética entre locais contaminados e não contaminados tendem a atenuar a pressão seletiva, diminuindo a possibilidade de isolamento genético e, na maioria das situações, permitindo o fluxo gênico, mesmo que limitado. Contudo, mesmo em cenários marinhos, a pressão seletiva ainda pode ocorrer localmente devido à alta concentração de metais em áreas específicas,

bem como à potencial probabilidade de gargalos populacionais e impactos na saúde e aptidão da população. O avanço das técnicas moleculares, como o uso de técnicas de genotipagem e sequenciamento de DNA, tem proporcionado uma análise mais detalhada dessas alterações genéticas e podem trazer grandes contribuições para este tema em breve. Todos esses fatores, portanto, devem ser cuidadosamente considerados ao avaliar os impactos a longo prazo para se evitar conclusões equivocadas.

6. Contribuições para a conservação e considerações finais.

A compreensão de como as populações selvagens se adaptam a ambientes contaminados é essencial para a ecologia da conservação. O potencial evolutivo das populações desempenha um papel fundamental em sua adaptação e viabilidade frente às mudanças ambientais. Assim, ao planejar estratégias de conservação, é necessário preservar não apenas os habitats, mas também o potencial evolutivo, que garante a resiliência e a viabilidade das espécies a longo prazo. Esse entendimento é especialmente relevante para as espécies expostas à poluição por metais provenientes de atividades de mineração, uma indústria em expansão que tem causado impactos ambientais significativos e duradouros.

Os artigos citados nesta revisão, mostraram a importância da avaliação a nível molecular para compreensão dos efeitos dos contaminantes em populações selvagens. As abordagens utilizadas para estudar os efeitos genéticos de contaminantes em peixes, revisadas aqui, mostram que, no geral, as mudanças genéticas podem, de fato, ocorrer. Esta revisão sintetiza as principais descobertas dessas abordagens e descreve alguns estudos específicos como exemplo. A exposição a contaminantes pode resultar em adaptações plásticas, tolerância, mutações e gargalos genéticos. Técnicas como a análise do transcriptoma, epigenética e o uso de marcadores neutros polimórficos têm sido amplamente aplicadas para identificar essas alterações, sendo as adaptações plásticas e os gargalos genéticos os padrões mais frequentemente estudados. Contudo, outras abordagens estão em desenvolvimento para investigar a seleção natural e as mutações induzidas por contaminantes (Bélanger-Deschênes et al., 2013).

Nesse sentido, a identificação de genes sob seleção, conforme pode ser observado na tabela 1, oferece informações essenciais sobre as adaptações fisiológicas e metabólicas das populações expostas a metais, ajudando a prever como essas populações poderão reagir a futuras pressões ambientais. Estudos como os de Bélanger-Deschênes et al. (2013) e Paris et al. (2024) têm identificado vias genéticas associadas à adaptação a metais que foram identificadas nesta revisão, contribuindo para o entendimento dos processos evolutivos em ambientes contaminados. Esses avanços em genômica e transcriptômica são fundamentais para o monitoramento da integridade genética das populações selvagens e para avaliar sua resiliência em habitats degradados. O uso de marcadores genéticos específicos para avaliar a tolerância a metais não apenas permite monitorar os impactos ambientais, mas também orienta o manejo das populações e as estratégias de reabilitação de habitats.

Um outro ponto relevante para as análises ecotoxicológicas, e aparente em nossa revisão, é que grande parte dos estudos apontam para a especificidade das respostas para diferentes tipos de metais (e.g. Pierron et al., 2011; Bougas et al., 2013; Bougas et al., 2016, Pradham et al., 2017). Essas informações são essenciais para os esforços de restauração de ecossistemas afetados e reintrodução de espécies em áreas contaminadas.

À medida que o conhecimento em genética da conservação avança, fica claro que a adaptação local à exposição a contaminantes é crucial para a sobrevivência das espécies. Ressaltamos, finalmente, que para obter conclusões mais aprofundadas e desenvolver estratégias de conservação eficazes, torna-se necessário realização de estudos mais abrangentes em diversas espécies de peixes, considerando suas características ecológicas, diferentes tipos de habitats e os diferentes tipos de poluentes em seus habitats. Esses estudos são essenciais para o manejo das populações selvagens e para o resgate de espécies ameaçadas pela contaminação por metais e outros estressores ambientais.

Conflitos de interesse: Os autores declaram que não há conflitos de interesses nos dados submetidos.

Agradecimentos: Agradecemos aos primeiros revisores deste trabalho Dr. Rodrigo Augusto Torres, Dr^a Patrícia Belini Nishiyama, Dr^a Josiane Ribolli, Dr^a Rosane Santos, Dr^a Fernanda Gaiotto e Dr. Luiz Felipe pela contribuição valiosa na revisão do trabalho. Por fim, expressamos nossos sinceros agradecimentos à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pelo suporte financeiro à autora Stefânia Pereira Santos.

Declaração de contribuição de autoria. Stefânia Pereira Santos: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Investigação, Curadoria de dados, Análise formal, Redação - Rascunho Original. Juliana Beltramin De Biasi: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. Carolina Barros Machado: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. Carlos Werner Hackradt: Supervisão, Administração de projetos, Validação, Redação - revisão e edição. Fabiana César Félix-Hackradt: Idealização, Conceitualização, Administração de projetos, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição.

Declarações conflitantes de interesses. Os autores declaram não haver conflitos de interesse em relação aos dados apresentados.

Financiamento. O presente estudo foi realizado como parte do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática (PMBA), estabelecido pelo Acordo Técnico-Científico (001/2018) entre a UFES, a FEST e a Fundação Renova. Além disso, contou com o suporte de uma bolsa de doutorado financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB).

Referências

- Abdelnour, Sameh A., Fahd A. Nasr, Mohammed A. E. Naiel, Amin A. Al-Doaiss, Mourad Ben Said, Zeinab M. H. Mahasneh, Afnan M. Alnajeebi, and Ahmed E. Noreldin. "Environmental Epigenetics: Exploring Phenotypic Plasticity and Transgenerational Adaptation in Fish." *Environmental Research* 252 (2024): 118799. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.118799>.
- Affandi, F. A.; Ishak, M. Y. 2019. "Impacts of suspended sediment and metal pollution from mining activities on riverine fish population—a review." *Environmental Science and Pollution Research* 26 (17): 16939-16951. <https://doi.org/doi:10.1007/s11356-019-05137-7>
- Andrades, R.; Guabiroba, H. C.; Hora, M.S.C., Martins, R.F.; Rodrigues, V.L.A.; Vilar, C.C.; Giarrizzo, T.; Joyeux, J-C. 2020. Early evidences of niche shifts in estuarine fishes following one of the world's largest mining dam disasters. *Marine Pollution Bulletin* v. 154, 1110-73 <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111073>
- Andre, J., Stürzenbaum, S. R., Kille, P., Morgan, A. J., & Hodson, M. E. (2010). Metal bioaccumulation and cellular fractionation in an epigeic earthworm (*Lumbricus rubellus*): The interactive influences of population exposure histories, site-specific geochemistry and mitochondrial genotype. *Soil Biology and Biochemistry*, 42(9), 1566–1573. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.05.029>
- Asner, G. P., & Tupayachi, R. (2017). Accelerated losses of protected forests from gold mining in the Peruvian Amazon. *Environmental Research Letters*, 12(9), 094004. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/aa7dab>
- Azizishirazi, A.; Dew, W.A., Bougas, B.; Dashtban, M.; Bernatchez, L., & Pyle, G.G. 2014. Chemosensory mediated behaviors and gene transcription profiles in wild yellow perch (*Perca flavescens*) from metal contaminated lakes. *Ecotoxicology and environmental safety* v.106, 239–245. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.04.045> .
- Barrilli, G.H.C., Tatsumi, S., De Biasi, J.B., Cruz, A.R.S., Oliveira, T.C.T., Hostim-Silva, M., Hackradt, C.W. & Félix-Hackradt, F.C. (2024) Simplified fish larval supply in coastal areas after a dam burst in Brazil. *Marine Pollution Bulletin*, 205, 116615. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116615>
- Bélanger-Deschênes, S.; Couture, P.; Campbell, P.G.; Bernatchez, L.; 2013. Evolutionary change driven by metal exposure as revealed by coding SNP genome scan in wild yellow perch (*Perca flavescens*). *Ecotoxicology (London, England)* v. 22 (5). <https://doi.org/10.1007/s10646-013-1083-8> .
- Bickham, J.W; Sandhu, S.; Hebert, P.D.; Chikhi, L; Athwal, R. 2000. "Effects of chemical contaminants on genetic diversity in natural populations: implications for biomonitoring and ecotoxicology." *Mutation research* 463 (1), 33-51. [https://doi.org/10.1016/s1383-5742\(00\)00004-1](https://doi.org/10.1016/s1383-5742(00)00004-1).
- Bonecker, A. C. T.; de Castro, M. S.; Gomes, P. C.; Bianchini, A.; Bonecker, S. L. C. 2019. Larval fish assemblages of the coastal area affected by the tailings of

the collapsed dam in southeast Brazil. *Regional Studies in Marine Science* v. 32. 1008-48 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.rsma.2019.100848>.

Bonecker, A. C. T., Oliveira, A. A., Araújo, P. P., & Lopes, R. M. (2022). Monitoring of ichthyoplanktonic community at the Doce River mouth and adjacent marine region in Southeast Brazil after Fundão dam collapse. *Journal of Sea Research*, 189, 102284. <https://doi.org/10.1016/j.seares.2022.102284>

Bougas, B.; Normandeau, E.; Pierron, F.; Campbell, P.G.C.; Bernatchez, L.; Couture, P. 2013. How does exposure to nickel and cadmium affect the transcriptome of yellow perch (*Perca flavescens*) – Results from a 1000 candidate-gene microarray, *Aquatic Toxicology* v. 142– 143, 355– 364 <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquatox.2013.09.009>

Bougas, B.; Grasset, J.; Defo, M.A.; Campbell, P.G.C.; Couture, P.; Bernatchez, L. 2016. Transcriptional response of yellow perch to changes in ambient metal concentrations-A reciprocal field transplantation experiment. *Aquatic toxicology* v 173, 132–142. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2015.12.014>

Bourret, V., Couture, P., Campbell, P. G.; Bernatchez, L. 2008. Evolutionary ecotoxicology of wild yellow perch (*Perca flavescens*) populations chronically exposed to a polymetallic gradient. *Aquatic toxicology* v. 86 (1), 76–90. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2007.10.003>.

Breitwieser, M.; Viricel1, A.; Graber, M.; Murillo, L. Becquet1, V.; Churlaud, C.; Fruitier-Arnaudin, I.; Huet1, V.; Lacroix, C.; Pante, E. Le Floch, S.; Thomas-Guyon, H. 2016. Short-Term and Long-Term Biological Effects of Chronic Chemical Contamination on Natural Populations of a Marine Bivalve. *Plos One*. v. 11(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0150184>

Caetano, A. R. (2009). Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38(supl. especial), 64-71. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009001300008>

Cardoso, G. O., Falsarella, L. N., Chiroque-Solano, P. M., Porcher, C. C., Leitzke, F. P., Wegner, A. C., Carelli, T., Salomon, P. S., Bastos, A. C., Sá, F., Fallon, S., Salgado, L. T., & Moura, R. L. (2022). Coral growth bands recorded trace elements associated with the Fundão dam collapse. *Science of The Total Environment*, 807(Part 2), 150880. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150880>

Carreau, N. D.; Pyle, G.G. 2005. Effect of copper exposure during embryonic development on chemosensory function of juvenile fathead minnows (*Pimephales promelas*). *Ecotoxicology and Environmental Safety*, v. 61(1), 1-6. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2004.10.008>

Coimbra, K. T. O.; Alcântara, E.; Filho, C. R. S. 2019. An assessment of natural and manmade hazard effects on the underwater light field of the Doce River continental shelf. *Science of the Total Environment* v. 685, 1087–1096 <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.06.127> .

Coimbra, K. T. O.; Alcântara, E.; Filho, C. R. S. 2020. Possible contamination of the Abrolhos reefs by Fundao dam tailings, Brazil – New constraints based on

satellite data. *Science of the Total Environment* v. 733 1381-01
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138101>.

Couture P; Pyle G (2008) Live fast and die young: metal effects on condition and physiology of wild yellow perch from along two metal contamination gradients. *Hum Ecol Risk Assess Int J* 14:73–96.
<https://doi.org/10.1080/10807030701790322>

Couture, P.; Pyle, G. 2011. Field studies on metal accumulation and effects in fish. *Fish Physiology* v. 31, 417-473.
[https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1546-5098\(11\)31009-6](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1546-5098(11)31009-6) .

Craig, P.M.; Wood, C. M.; McClelland, G.B. 2007. Oxidative stress response and gene expression with acute copper exposure in zebrafish (*Danio rerio*). *American journal of physiology. Regulatory, integrative and comparative physiology* 293 (5). <https://doi.org/10.1152/ajpregu.00383.2007>.

Damseth, S., Thakur, K., Kumar, R., Kumar, S., Mahajan, D., Kumari, H., Sharma, D., & Sharma, A. K. (2024). Assessing the impacts of river bed mining on aquatic ecosystems: A critical review of effects on water quality and biodiversity. *HydroResearch*, 7, 122-130.
<https://doi.org/10.1016/j.hydres.2024.01.004>

De Biasi, J. B., Dias, R. M., Santos, V. C., Mantellato, A. M. B., Farro, A. P. C., Hostim-Silva, M., Hackradt, C. W., & Félix-Hackradt, F. C. (2023). The effect of a mining dam failure on the genetic diversity and population resilience of marine fishes along the eastern Brazilian coast. *Marine Coastal and Shelf Science*, 68, 103239. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.103239>

Defo, M.A., Pierron, F., Spear, P.A., Bernatchez, L., Campbell, P.G.C., Couture, P., 2012. Evidence for metabolic imbalance of vitamin A2 in wild fish chronically exposed to metals. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* V. 85, 88–95.
<https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2012.08.017>

Defo, M.A., Spear, P.A., Couture, P., 2014. Consequences of metal exposure on retinoid metabolism in vertebrates: a review. *Toxicol. Lett.* v. 225, 1–11.
<https://doi.org/10.1016/j.toxlet.2013.11.024>

Defo, M. A.; Bernatchezb, L.; Peter G.; Campbella, C.; Couture, P. 2015. Transcriptional and biochemical markers in transplanted *Perca flavescens* to characterize cadmium- and copper-induced oxidative stress in the field. *Aquatic Toxicology* v. 162, 39–53. <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquatox.2015.02.014> .

Dew, W.A., Wood, C.M., Pyle, G.G., 2012. Effects of continuous copper exposure and calcium on the olfactory response of fathead minnows. *Environ. Sci. Technol.* v.46, 9019–9026. <https://doi.org/10.1021/es300670p>

De Wolf, H., Blust, R., & Backeljau, T. (2004). The use of RAPD in ecotoxicology. *Mutation Research*, 566(1), 249–262.
<https://doi.org/10.1016/j.mrrev.2003.10.003>

Durrant, C.J.; Stevens, J.R.; Hogstrand, C. Bury, N.R. 2011. The effect of metal pollution on the population genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) residing in the River Hayle, Cornwall, UK. *Environmental pollution* v. 159 (12), 3595-3603. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2011.08.005>.

Ewers, R. M., & Didham, R. (2006). Confounding factors in the detection of species response to habitat fragmentation. *Biological Reviews*, 81(1), 117–142. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006949>

Fernandes, G. W.; Goulart, F. F.; Bernardo, D. R.; Coelho, M. S.; Dales, K.; Boesche, N. Bustamante, M.; Carvalho, F. A.; Carvalho, D. C.; Dirzo, R.; Fernandes, S.; Galetti Jr., Millan, V. E. G.; Mielke, C.; Ramirez, J. L.; Neves, A.; Ribeirol, C. S. P. R.; Scariot, A.; Soares-Filho; B. 2016. Deep into the mud: ecological and socio-economic impacts of the dam breach in Mariana, Brazil. *Natureza e Conservação* v. 14 (2): 35-45. <https://doi.org/10.1016/j.ncon.2016.10.003>

Fernandes, L., Jesus, H., Almeida, P., Sandrini, J., Bianchini, A., & Santos, H. 2022. The influence of the Doce River mouth on the microbiome of nearby coastal areas three years after the Fundão Dam failure, Brazil. *Science of The Total Environment*, 807(Part 2), 151777. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.151777>

Ferreira, F. F.; de Freitas, M. B. D.; Szinwelski, N. S.; Vicente; N.; Medeiros, L. C. C.; Schaefer, C. E. G. R.; Dergam, J. A. 2020. Manuscript title: Impacts of the Samarco tailing dam collapse on metals and arsenic concentration in freshwater fish muscle from Doce River, southeastern Brazil. *Integrated Environmental Assessment and Management*. v. 16 (5), 622-630 <https://doi.org/10.1002/ieam.4289> .

Gabriel, F. Â.; Hauser-Davis, R. A.; Soares. L., Mazzuco; A. C. A.; Rocha, R. C. C, Saint Pierre, T. D.; Saggiaro, E., Correia, F. V.; Ferreira, T. O.; Bernardino, A. F. 2020. Contamination and oxidative stress biomarkers in estuarine fish following a mine tailing disaster. *PeerJ* 8. <https://doi.org/10.7717/peerj.10266>.

Gale, S. A.; Smith, S. V.; Lim, R. P.; Jeffree, R. A; Petocz, P. 2003. Insights into the mechanisms of copper tolerance of a population of black-banded rainbowfish (*Melanotaenia nigra*) (Richardson) exposed to mine leachate, using ⁶⁴/₆₇Cu. *Aquatic toxicology* v.62 (2). [https://doi.org/10.1016/s0166-445x\(02\)00081-4](https://doi.org/10.1016/s0166-445x(02)00081-4).

Garza, J. C., & Williamson, E. G. (2001). Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 10, 305–318. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2001.01190.x>

Gomes, L. E. O.; Correa, L. B.; Sá, F.; Neto, R. R.; Bernardino, A. F. 2017. The impacts of the Samarco mine tailing spill on the Rio Doce estuary, Eastern Brazil. *Marine Pollution Bulletin* v. 120, 28–36. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.04.056> .

Giguère, A.; Campbell, P.G.C.; Hare, L.; McDonald, D.G.; Rasmussen, J.B., 2004. Influence of lake chemistry and fish age on cadmium, copper, and zinc concentrations in various organs of indigenous yellow perch (*Perca flavescens*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. v. 61(9), 1702-1716. <https://doi.org/10.1139/f04-100>

Gillespie, R. B., & Guttman, S. I. (1993). Correlations between water quality and frequencies of allozyme genotypes in spotfin shiner (*Notropis spilopterus*)

populations. *Environmental Pollution*, 81(1), 147-150.
[https://doi.org/10.1016/0269-7491\(93\)90079-4](https://doi.org/10.1016/0269-7491(93)90079-4)

Gottlieb, L.D. Gene number in species of Astereae that have different chromosome numbers. 1981. Proceedings of the National Academy of Science, USA, v.78, n.6, p.3726-3729. <https://doi.org/10.1073/pnas.78.6.3726>

Guinand, B.; Rolland, J.L.; Bonhomme, F. 2008. Genetic structure of the common sole (*Solea solea*) in the Bay of Biscay: Nurseries as units of selection? *Estuarine, Coastal and Shelf Science* v. 78, 316- 326.
<https://doi.org/10.1016/j.ecss.2007.12.005>

Guinand, B.; Durieux, E. D.; Dupuy, C.; Cerqueira, F.; Bégout, M. L. 2011. Phenotypic and genetic differentiation in young-of-the-year common sole (*Solea solea*) at differentially contaminated nursery grounds. *Marine environmental research* v. 71 (3), 195-206. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2011.01.003>.

Hamilton, P. B.; Cowx, I.G.; Oleksiak, M. F.; Griffiths, A. M.; Grahn, M.; Stevens, J.R.; Carvalho G. R.; Nicol, E.; Tyler, C.R. 2016. Population-level consequences for wild fish exposed to sublethal concentrations of chemicals – a critical review. *Fish and Fisheries*, v. 17, 545–566. <https://doi.org/10.1111/faf.12125>

Hamilton, P. B., Rolshausen, G., Uren Webster, T. M., & Tyler, C. R. (2017). Adaptive capabilities and fitness consequences associated with pollution exposure in fish. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372(1725), 20160042. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0042>

He, Z.; Duan, H.; Zhang, B.; Li, M.; Chen, L. Zhang, B.; Zhu, X.; Gao, Chen.; Jie, L.; Xiao, Z.; Zhang, J.; Shan, W.; Xiaowen, Z.; Daochuan, L.; Xiumei, X.; Zhang, Z.; Ma, L.; Bai, Q.; Liu, C.; Xiao, Y.; Zheng, Y.; Chen, Wen. 2015. CpG site-specific RASSF1a hypermethylation is associated with occupational PAH exposure and genomic instability. *Toxicology Research* 4 (4): 848-857.
<https://doi.org/10.1039/C5TX00013K>

Hu, J.; Liu, J., Li, J.; X Lv; L Yu, K Wu; Y Yang. 2021. "Metal contamination, bioaccumulation, ROS generation, and epigenotoxicity influences on zebrafish exposed to river water polluted by mining activities." *Journal of hazardous materials* 405. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124150>.

Klerks, P. L.; Leberg, P. L.; Lance, R. F.; McMillin, D. J.; Mean, J. C. 1997. Lack of Development of Pollutant-Resistance or Genetic Differentiation in Darter Gobies (*Gobionellus boleosoma*) Inhabiting a Produced-Water Discharge Site. *Marine Environmental Research*, v. 44, (4), 317-395.
[https://doi.org/10.1016/S0141-1136\(97\)00014-7](https://doi.org/10.1016/S0141-1136(97)00014-7)

Kossoff, D.; Dubbin, W. E.; Alfredsson, M.; Edwards, S. J.; Macklinef, M.G.; Hudson-Edwards, K. A. 2014. "Mine tailings dams: Characteristics, failure, environmental impacts, and remediation." *Applied Geochemistry* v. 51, 229-245.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2014.09.010>

Kutter, V. T., Martins, G. S., Brandini, N., Cordeiro, R. C., Almeida, J. P. A., & Marques, E. D. (2023). Impacts of a tailings dam failure on water quality in the Doce River: The largest environmental disaster in Brazil. *Journal of Trace Elements and Minerals*, 5, 100084. <https://doi.org/10.1016/j.jtemin.2023.100084>

Lande, R. (1988). Genetics and demography in biological conservation. *Science*, 241, 1455–1460. <https://doi.org/10.1126/science.3420403>

Larrose, A., Coynel, A., Schäfer, J., Blanc, G., Massé, L., & Maneux, E. (2010). Assessing the current state of the Gironde estuary by mapping priority contaminant distribution and risk potential in surface sediment. *Applied Geochemistry*, 25(12), 1912-1923. <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2010.10.007>

Lèbre, É., Corder, G., & Golev, A. (2017). The role of the mining industry in a circular economy: A framework for resource management at the mine site level. *Journal of Industrial Ecology*, 21(3), 588-599. <https://doi.org/10.1111/jiec.12596>

Li, Y.C.; Korol, A. B.; Fahima, T.; Beiles, A.; Nevo, E. 2002. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular Ecology* 11: 2453– 2465. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01643.x>.

Luoma, S. N., and Rainbow, P. S. (2005). Why is metal bioaccumulation so variable? Biodynamics as a unifying concept. *Environ. Sci. Technol.* 39, 1921–1931. <https://doi.org/10.1021/es048947e> .

Ma, X. L., Cowles, D. L.; Carter, R.L. 2000. Effect of pollution on genetic diversity in the bay mussel *Mytilus galloprovincialis* and the acorn barnacle *Balanus glandula*. *Marine Environmental Research* 50 (2000) 559- 563. [https://doi.org/10.1016/S0141-1136\(00\)00109-4](https://doi.org/10.1016/S0141-1136(00)00109-4)

Madduppa, H., Timm, J., & Kochzius, M. 2018. Reduced genetic diversity in clown anemonefish (*Amphiprion ocellaris*) in exploited reefs of the Spermonde Archipelago, Indonesia. *Frontiers in Marine Science*, 5, 80. <https://doi.org/10.3389/fmars.2018.00080>

Maes, G.E.; Raeymaekers, J. A.; Pampoulie, C.; Seynaeve, A.; Goemans, G; Belpaire, C.; Volckaert, F. A. 2005. The catadromous European eel *Anguilla anguilla* (L.) as a model for freshwater evolutionary ecotoxicology: relationship between heavy metal bioaccumulation, condition and genetic variability. *Aquatic toxicology*. v. 73 (1). <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2005.01.010>.

Magris, R. A.; Marta-Almeida, M.; Monteiro, J. A. F.; Ban, N. C. 2019. A modelling approach to assess the impact of land mining on marine biodiversity: Assessment in coastal catchments experiencing catastrophic events (SWBrazil). *Science of the Total Environment* v. 659, 828–840. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.12.238>.

Manhães, B. M. R., Vannuci-Silva, M., Brião, J. A., Guari, E. B., Botta, S., Colosio, A. C., Ramos, H. G. C., Barbosa, L. A., Cunha, I. A. G., Azevedo, A. F., Cunha, H. A., & Bisi, T. L. (2022). Temporal trends of trace elements bioaccumulation by a vulnerable cetacean (*Pontoporia blainvillei*) before and after one of the largest mining disasters worldwide. *Science of The Total Environment*, 804, 150196. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150196>

Marques, J.F.; Fonseca, V. F. Shao, Z. Cabral, H.; N. Tougard, C.; Berrebi, P. 2012. Genetic diversity of *Pomatoschistus microps* (Perciformes: Gobiidae) in ecologically differentiated estuarine systems. *Folia Zoologica*, 61(2), 106-117 <https://doi.org/10.25225/fozo.v61.i2.a3.2012>.

Marchand, J.; Quiniou, L.; Riso, R.; Thebaut, M. T.; Laroche, J. 2004. Physiological cost of tolerance to toxicants in the European flounder *Platichthys flesus*, along the French Atlantic Coast. *Aquatic toxicology* v.70 (4). <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2004.10.001>.

Marta-Almeida, M.; Mendes, R.; Amorim, F.N.; Cirano, M.; Dias, J. M. 2016. Fundão Dam collapse: Oceanic dispersion of River Doce after the greatest Brazilian environmental accident. *Marine pollution bulletin* v. 112 (1-2). <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.07.039>.

Mazzei, E.F.; Bertoncini, A.A.; Pinheiro, H.T.; Machado, L.F.; Vilar, C.C.; Guabiroba, H.C.; Costa, T.J.F.; Bueno, L.S.; Santos, L.N.; Francini-Filho, R.B.; Hostim-Silva, M.; Joyeux Newly, J.-C. 2017. Newly discovered reefs in the southern Abrolhos Bank, Brazil: Anthropogenic impacts and urgent conservation needs. *Marine Pollution Bulletin* v. 114, 123–133. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.08.059>

M'kandawire, E.; Mierek-Adamska, A.; Stürzenbaum, S. R.; Choongo, K.; Yabe, J.; Mwase, M.; Saasa, N.; Blindauer, C. A. 2017. Metallothionein from Wild Populations of the African Catfish *Clarias gariepinus*: From Sequence, Protein Expression and Metal Binding Properties to Transcriptional Biomarker of Metal Pollution. *Int. J. Mol. Sci.* v. 18, 1548. <https://doi.org/10.3390/ijms18071548>

Moher, D.; Liberati, A.; Tetzlaff, J.; Altman, D.G. 2009. Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses: the PRISMA statement. *PLoS medicine* v. 6 (7). <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1000097>.

Moyle, P. B., & Leidy, R. A. (1992). Loss of biodiversity in aquatic ecosystems: Evidence from fish faunas. In P. L. Fiedler & S. K. Jain (Eds.), *Conservation biology: The theory and practice of nature conservation, preservation, and management* (pp. 129–169). Chapman and Hall. https://doi.org/10.1007/978-1-4684-6426-9_6

Nascimento, R. L., Alves, P. R., Di Domenico, M., Braga, A. A., de Paiva, P. C., D'Azeredo Orlando, M. T., Cavichini, A. S., Longhini, C. M., Martins, C. C., Rodrigues Neto, R., Grilo, C. F., Santos Oliveira, K. S., Quaresma, V. da S., Costa, E. S., Cagnin, R. C., da Silva, C. A., Sá, F., & Longo, L. de L. (2022). The Fundão dam failure: Iron ore tailing impact on marine benthic macrofauna.

Science of The Total Environment, 838(Part 3), 156205.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.156205>

Oliveira, E.J.; Pádua, J. G.; Zucchi, M. I.; Vencovsky, R., Vieira, M. L. C. 2006. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology* v. 29, 294–307. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000200018>

Oliveira, P. C.; Di Benedetto, A. P. M.; Quaresma, V. S.; Bastos, A. C.; Zappes, C. A. 2020. Traditional knowledge of Fishers versus an environmental disaster from mining waste in Central Brazil. *Marine Policy* v. 120, 104129. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2020.104129>

Olsvik, N.P. A.; Hindar, K.; Zachariassen, K. E.; Andersen, R. A. 2001. Brown trout (*Salmo trutta*) metallothioneins as biomarkers for metal exposure in two Norwegian rivers." *Biomarkers: biochemical indicators of exposure, response, and susceptibility to chemicals* v. 6 (4) 274-288 <https://doi.org/10.1080/13547500010014522>.

Osmond, D. R., King, R. A., Russo, I.-R. M., Bruford, M. W., & Stevens, J. R. 2024. Living in a post-industrial landscape: Repeated patterns of genetic divergence in brown trout (*Salmo trutta* L.) across the British Isles. *Diversity and Distributions*. <https://doi.org/10.1111/ddi.13854>

Paris, J. R.; King, R.A.; Stevens, J.R. 2015. Human mining activity across the ages determines the genetic structure of modern brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Evolutionary applications* 8 (6). <https://doi.org/10.1111/eva.12266>.

Paris, J. R., King, R. A., Shaw, S., Lange, A., Bourret, V., Ferrer Obiol, J., Hamilton, P. B., Rowe, D., Laing, L. V., Farbos, A., Moore, K. A., Urbina, M. A., Catchen, J. M., Wilson, R. W., Bury, N. R., Santos, E. M., & Stevens, J. R. (2024). *Combining population genomics and transcriptomics to identify signatures of metal tolerance in brown trout inhabiting metal-polluted rivers*. bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2024.05.30.595956>

Pierron, F.; Baudrimont, M.; Gonzalez, P.; Bourdineaud, J-P.; Elie, P.; Massabuau, J-C.; 2007 Common pattern of gene expression in response to hypoxia or cadmium in the gills of the European glass eel (*Anguilla anguilla*). *Environ Sci Technol* v. 41, 3005– 3011. <https://doi.org/10.1021/es062415b>

Pierron, F.; Bourret, V.; Campbell, P. G.; Bernatchez, L.; Couture, P. 2009. Transcriptional responses to environmental metal exposure in wild yellow perch (*Perca flavescens*) collected in lakes with differing environmental metal concentrations (Cd, Cu, Ni). *Ecotoxicology* v. 18 (5). 620-631. <https://doi.org/10.1007/s10646-009-0320-7>.

Pierron, F., Normandeau, E., Defo, M. A., Campbell, P. G. C., Bernatchez, L., & Couture, P. 2011. Effects of chronic metal exposure on wild fish populations revealed by high-throughput cDNA sequencing. *Ecotoxicology*, 20(8), 1388–1399. <https://doi.org/10.1007/s10646-011-0696-z>

Pierron, F., Lorioux, S., Héroin, D., Daffe, G., Etcheverria, B., Cachot, J., Morin, B., Dufour, S., & Gonzalez, P. 2021. Transgenerational epigenetic sex determination: Environment experienced by female fish affects offspring sex ratio. *Environmental Pollution*, 277, 116864. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.116864>

Pierron, F., Héroin, D., Daffe, G., Daramy, F., Barré, A., Bouchez, O., Romero-Ramirez, A., Gonzalez, P., & Nikolski, M. (2022). Genetic and epigenetic interplay allows rapid transgenerational adaptation to metal pollution in zebrafish. *Environmental Epigenetics*, 00(00). <https://doi.org/10.1093/eep/dvac022>

Pradhan, A.; Ivarsson, P.; Ragnvaldsson D.; Berg H.; Jass J.; Olsson P. E.; 2017. Transcriptional responses of zebrafish to complex metal mixtures in laboratory studies overestimates the responses observed with environmental water. *The Science of the total environment*. 584-585. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.01.174>

Quadra, G. R.; Roland, F.; Barros, N.; Malm, O.; Lino, A.S.; Azevedo, G.M.; Thomaz, J.R.; Andrade-Vieira, L.F.; Praça-Fontes, M.M, Almeida, R.M.; Mendonça, R.F.; Cardoso, S.J.; Guida, Y.S.; Campos, J.M.S. 2019. Far-reaching cytogenotoxic effects of mine waste from the Fundão dam disaster in Brazil. *Chemosphere* v. 215, 753-757. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2018.10.104>.

Queiroz, H. M.; Nóbrega, G.N.; Ferreira, T. O.; Almeida, L. S.; Romero, T. B; Santaella, S. T.; Bernardino, A. F.; Otero, X. L. 2018. The Samarco mine tailing disaster: A possible time-bomb for heavy metals contamination? *The Science of the total environment* v. 637-638, 498–506. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.04.370>

Rajotte, J.W., Couture, P., 2002. Effects of environmental metal contamination on the condition, swimming performance, and tissue metabolic capacities of wild yellow perch (*Perca flavescens*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* V. 59, 1296–1304. <https://doi.org/10.1139/f02-095>

Roark, S.; Brown, K. 1996. "Effects of metal contamination from mine tailings on allozyme distributions of populations of great plains fishes. *Environmental Toxicology and Chemistry* - Wiley Online Library." *Environmental Toxicology and Chemistry*. V. 15 (6), 921-927. <https://doi.org/10.1002/etc.5620150614>

Rodrigues, A. S. L., Malafaia, G., Costa, A. T., & Nalini, H. A. 2013. Evaluation of the mineral exploration influence on sediment composition in the Gualaxo do Norte River Basin (MG-Brazil) based on geochemical and stratigraphic data. *Environmental Earth Sciences*, 68(4), 965–974. <https://doi.org/10.1007/s12665-012-1998-5>

Sanders, A.; Smeester, L.; Rojas, D.; De Bussycher, T.; Wu, M.; Wright, F.; Zhou, Yi-H.; Laine, J., Rager, J.; Swamy, G.; Ashley-Koch, A.; Miranda; M. L.; Fry, R. 2013. Cadmium exposure and the epigenome: Exposure-associated patterns of

DNA methylation in leukocytes from mother-baby pairs. *Epigenetics*, 9:2, 212-221. <https://doi.org/10.4161/epi.26798>

Schafer, J., Coynel, A., & Blanc, G. (2022). Impact of metallurgy tailings in a major European fluvial-estuarine system: Trajectories and resilience over seven decades. *Science of The Total Environment*, 805, 150195. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150195>

Segura, F. R.; Nunes, E. A.; Paniz, F.P.; Paulelli, A. C.C.; Rodrigues, G. B.; Braga, G. Ú.L.; Dos Reis Pedreira Filho, W.; Barbosa, F.; Cerchiaro, G.; Silva, F.F.; Batista, B.L. 2016. Potential risks of the residue from Samarco's mine dam burst (Bento Rodrigues, Brazil). *Environmental pollution v.* 218, 813-825. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.08.005>.

Selander, R. K., & Kaufman, D. W. 1975. Genetic population structure and breeding systems. In D. W. Kaufman & R. K. Selander (Eds.), *Isozymes* (pp. 9-4). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-472704-5.50009-4>

Sherwood, G. D.; Rasmussen, J. B.; Rowan, D.J.; Brodeur, J.; Hontela, A. 2000. Bioenergetic costs of heavy metal exposure in yellow perch (*Perca flavescens*): in situ estimates with a radiotracer (¹³⁷Cs) technique. *Can J Fish Aquat Sci v.* 57, 441–450. <https://doi.org/10.1139/f99-268>.

Sherwood GD, Kovacs J, Hontela A, Rasmussen JB. 2002. Simplified food webs lead to energetic bottlenecks in polluted lakes. *Can J Fish Aquat Sci* 59:1–5. <https://doi.org/10.1139/f01-213>

Simonin, M., Rocca, J. D., Gerson, J. R., Moore, E., Brooks, A. C., Czaplicki, L., Ross, M. R. V., Fierer, N., Craine, J. M., & Bernhardt, E. S. (2021). Consistent declines in aquatic biodiversity across diverse domains of life in rivers impacted by surface coal mining. *Ecological Applications*, 31(6), e02389. <https://doi.org/10.1002/eap.2389>

Singh, R., Rishi, M. S., & Sidhu, N. (2016). An overview of environmental impacts of riverbed mining in Himalayan terrain of Himachal Pradesh. *Journal of Applied Geochemistry*, 18(4), 473–479.

Tarras-Wahlberg, N. H.; Flachier, A.; Lane, S.N.; Sangfors, O. (2001). Environmental impacts and metal exposure of aquatic ecosystems in rivers contaminated by small scale gold mining: the Puyango River basin, southern Ecuador." *The Science of the total environment*. V. 278 (1-3), 239-261. [https://doi.org/10.1016/s0048-9697\(01\)00655-6](https://doi.org/10.1016/s0048-9697(01)00655-6).

Truter, J. C.; va-Wyk, J.H.; Oberholster, P.J.; Botha, A.M. 2014. The impacts of neutralized acid mine drainage contaminated water on the expression of selected endocrine-linked genes in juvenile Mozambique tilapia *Oreochromis mossambicus* exposed in vivo. *Ecotoxicology and environmental safety v.* 100. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2013.11.005>.

Turchetto-Zolet, A. C.; Zanella, C. M.; Passaia, G. 2017. Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. Sociedade Brasileira de Genética. ISBN 978-85-89265-26-3.

Uren Webster, T. M., Bury, N., van Aerle, R., & Santos, E. M. (2013). Global transcriptome profiling reveals molecular mechanisms of metal tolerance in a chronically exposed wild population of brown trout. *Environmental Science & Technology*, 47(16), 8869–8877. <https://doi.org/10.1021/es401380p>

Valeriano, C. M.; Neumann, R.; Alkmim, A. R.; Evangelista, H.; Heilbron, M.; Neto, C. C. A.; de Souza, G. P. 2019. Sm–Nd and Sr isotope fingerprinting of iron mining tailing deposits spilled from the failed SAMARCO Fundão dam 2015 accident at Mariana, SE-Brazil. *Applied Geochemistry* v. 106, 34–44. <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2019.04.021>

Veldhoen, N.; Beckerton, J. E.; Mackenzie-Grieve, J.; Stevenson, M.I.R., Truelson, R.L.; Helbing, C. C. 2014. Development of a non-lethal method for evaluating transcriptomic end points in Arctic grayling (*Thymallus arcticus*). *Ecotoxicology and Environmental Safety* v. 105, 43–50. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.03.030>

Xue, D. X., Wang, H. Y., Zhang, T., & Liu, J. X. (2014). Population genetic structure and demographic history of *Atrina pectinata* based on mitochondrial DNA and microsatellite markers. *PLoS ONE*, 9(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095436>

Walter, R. P.; Hogan, J. D.; G. Haffner, D; Heath D. D. 2011. Genetic structure and connectivity among lake populations of threatened Paratherina sailfin silversides from Sulawesi, Indonesia. *Conservation Genetics* v. 12 (5), 1387-1393. <https://doi.org/doi:10.1007/s10592-011-0238-5>.

World Bank. (2017). *The growing role of minerals and metals for a low carbon future*. Washington, D.C.: World Bank. Disponível em: <https://documents1.worldbank.org/curated/ar/207371500386458722/pdf/117581-WP-P159838-PUBLIC-ClimateSmartMiningJuly.pdf>

Zamboni, AB; Thommazo, A. D.; Hernandez, E. C. M.; Fabbri, S.C.P.F. 2010. StArt Uma Ferramenta Computacional de Apoio à Revisão Sistemática. In: Conferência Brasileira de Software: Teoria e Prática - Sessão de Ferramentas. UFBA.

CAPÍTULO 2

Diversidade e Conectividade Genética em Ambientes Costeiros: Estudo das Populações de Duas Espécies de Peixes Costeiras Afetadas pelo Colapso da Barragem de Mineração do Fundão.

Stefânia Pereira Santos ^{a b, *}, Juliana Beltramin De Biasi^b, Carolina Barros Machado^b, Carlos Werner Hackrad^t, Fabiana César Félix-Hackrad^t

^a Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade, Universidade Estadual de Santa Cruz, Rodovia Jorge Amado, km 16, Salobrinho, Ilhéus, BA 45662-900, Brazil.

^b Laboratório de Ecologia Marinha e Conservação, Centro de Ciências Ambientais, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brasil.

*Corresponding author: stefaniaps.bio@gmail.com (SPS). Laboratório de Ecologia Marinha e Conservação, Centro de Ciências Ambientais, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brasil.

Sugestão de revista para submissão: Journal of Biology Fish

Resumo

O conhecimento da diversidade genética e da conectividade populacional é crucial para o manejo sustentável e a conservação dos recursos aquáticos, além de ajudar a entender o impacto potencial de fatores antropogênicos. Este estudo investigou a diversidade e a conectividade genética das espécies costeiras *I. parvipinnis* e *C. nobilis* ao longo de 850 km entre as sub-províncias Nordeste e Sudeste do Brasil, utilizando genotipagem de microssatélites. O objetivo foi: (1) caracterizar a variabilidade genética de *I. parvipinnis* e *C. nobilis* nas populações da foz do Rio Doce e áreas adjacentes, proporcionando a primeira caracterização genética dessas espécies; (2) identificar a estrutura genética populacional e estimar os níveis de diferenciação entre as populações estudadas. Identificamos padrões genéticos distintos entre as espécies amostradas. *I. parvipinnis* mostrou baixa diversidade genética e significativa diferenciação entre populações do Nordeste e Sudeste. Em contraste, *C. nobilis* exibiu diversidade populacional moderada, baixa estruturação e evidências de alterações significativas em seu pool gênico ao longo da área de estudo, sem correlação com a distribuição geográfica. Esses padrões parecem refletir a interação entre variáveis ambientais, físicas e ecológicas que caracterizam a distribuição de muitos táxons entre as sub-províncias brasileiras. Observamos gargalos genéticos em ambas as espécies, mas não identificamos diferenças marcantes na diversidade genética entre amostras da área impactada pela lama e áreas adjacentes. A hipótese de provocada pelo impacto ainda não é evidente, possivelmente devido ao tempo insuficiente para a fixação das novas frequências alélicas. Este estudo é pioneiro na caracterização genética dessas espécies, e traz contribuições para o manejo e conservação das espécies e da

área impactada pela mineração a longo prazo. Recomendamos a continuidade do monitoramento e a ampliação da área de estudo para aprofundar o entendimento das variáveis envolvidas.

1. Introdução

No ambiente marinho, a ausência de barreiras físicas e o grande tamanho populacional geralmente sugerem alta conectividade entre populações. No entanto, a estrutura genética das espécies e sua história de vida podem gerar variações locais, desafiando a ideia de uma conectividade uniforme (Coimbra et al., 2023; Martins et al., 2022; Morrison & Sandin, 2011; Wirgin & Waldman, 2005). Nesse contexto, a conectividade genética nos oceanos pode ser influenciada por fatores físicos, ambientais, ecológicos e históricos, podendo resultar em homogeneização ou diferenciação genética, dependendo das condições locais e das pressões ambientais, além das influências antrópicas recentes (Damascena et al., 2015; Gandra et al., 2021; Martins et al., 2022; Mazzei et al., 2021; Palumbi, 1994; von der Heyden, 2023).

Na província atlântica brasileira, por exemplo, estudos têm identificado descontinuidades nos padrões genéticos de diversos táxons, associando-as a barreiras físicas, como a pluma e a descarga de sedimentos de grandes rios, a divisão da Corrente Equatorial Sul, sistemas de ressurgência e a barreiras históricas, como a cadeia Vitória-Trindade e o Arquipélago dos Abrolhos, que funcionaram como barreiras significativas durante os máximos glaciais (Cortinhas et al., 2016; Floeter et al., 2008; Lazoski et al., 2011; Mai et al., 2014; Martins et al., 2022; Pinheiro et al., 2018; Rodrigues et al., 2024; Vilasboa de Vasconcellos et al., 2015). Além dessas barreiras naturais, fatores antropogênicos, como poluição inorgânica (Mussali-Galante et al., 2013; Osmond et al., 2024; Paris et al., 2015; Paris et al., 2024), perda e fragmentação de habitat (Lino et al., 2019; Machado et al., 2022; Pinto et al., 2024; Ribolli et al., 2021; Silva-Oliveira et al., 2008) e a superexploração pesqueira (Allendorf et al., 2014; Damascena et al., 2015; Gandra et al., 2021; Hauser et al., 2002; Pinsky & Palumbi, 2014; Rodrigues et al., 2008), também desempenham um papel crucial na definição da diversidade genética e estrutura populacional nos ecossistemas aquáticos.

Diante da tendência global de perda de diversidade genética, que atualmente afeta 2/3 das espécies (Shaw et al., 2025), é essencial quantificar o impacto dos estressores antropogênicos na viabilidade das populações, visando o manejo sustentável dos estoques pesqueiros (Cadrin et al., 2014; von der Heyden, 2023) e a conservação das espécies e ecossistemas (Kennish, 2021; Torres-Florez et al., 2018). Embora o declínio da biodiversidade, causado pela intensificação das pressões antrópicas, seja amplamente documentado, as populações naturais ainda enfrentam ameaças catastróficas que comprometem sua integridade genética (De Biasi et al., 2023; Sánchez et al., 2018; Segura et al., 2016).

Um exemplo de evento de ampla magnitude no Brasil, foi o colapso da barragem de mineração do Fundão, operada pela mineradora Samarco, que desencadeou um dos maiores desastres ambientais do país (Pereira et al., 2024; Vergilio et al., 2021; Sánchez et al., 2018). Aproximadamente 50 milhões de metros cúbicos de lama contaminada por metais percorreram 663 quilômetros ao longo do Rio Doce até atingir o oceano Atlântico (Kutter et al., 2023; Macêdo et al., 2023; Queiroz et al., 2021a, b;). A lama densa de resíduos da barragem se dispersou pelo oceano devido à ação dos ventos e correntes, atingindo ao sul, a costa do estado do Rio de Janeiro, e ao norte, o Parque Nacional Marinho dos Abrolhos. Além deste último, outras unidades de conservação como a Área de Proteção Ambiental (APA) Ponta da Baleia, APA Costa das Algas, Reserva Biológica de Comboios e Reserva Extrativista de Cassurubá foram afetadas pela lama de rejeitos (Aguiar et al., 2020; Gabriel et al., 2020; Marta-Almeida et al., 2016; Mazzei et al., 2017).

O avanço da lama enriquecida com metais tóxicos inicialmente causou a morte das comunidades biológicas por soterramento (Sánchez et al., 2018), afetando não apenas a fauna dos cursos d'água, mas também os ambientes estuarinos, costeiros e marinhos (Carmo et al., 2017; Gabriel et al., 2020; Macêdo et al., 2020; Queiroz et al., 2021b). Esse evento provocou impactos múltiplos na biodiversidade aquática, abrangendo desde alterações celulares e fisiológicas até efeitos genômicos, populacionais e ecossistêmicos (Barrilli et al., 2024; Bonecker et al., 2022; Lines et al., 2023; Macêdo et al., 2023; Sánchez et al., 2018; Segura et al., 2016; Vergílio et al., 2021; Vilar et al., 2023). Em

ambientes estuarinos e costeiros, estudos correlacionaram o impacto provocado pela lama com modificações na composição, diversidade e estrutura das assembléias da macrofauna bêntica e ictioplâncton (Gomes et al., 2017; Bonecker et al., 2021), além de danos físicos e fisiológicos ao zooplâncton, da diminuição da abundância de ovos e larvas de peixes, e da redução da diversidade de espécies de pós-larvas, assim como da abundância e biomassa no estuário do Rio Doce (Barrilli et al., 2024; Bonecker et al., 2019). Tais efeitos estão também diretamente correlacionados à presença de metais, como demonstrado em respostas celulares, danos nos tecidos e ativação de vias de desintoxicação devido ao estresse induzido pelos metais em três espécies de peixes (Macêdo et al., 2020; Weber et al., 2020).

A exposição a contaminantes, especialmente em um evento dessa magnitude, interfere na dinâmica natural das populações, exercendo pressões de seleção que podem afetar a aptidão e o sucesso reprodutivo dos indivíduos (Ribeiro & Lopes, 2013; Bonecker et al., 2022; Gollner et al., 2017). Como resultado, espera-se que as populações expostas estejam suscetíveis à modificações na diversidade genética e ao potencial aumento das taxas de mutação, gargalos genéticos populacionais e/ou à seleção direcional com mortalidade diferencial de certos genótipos (Bourret et al., 2008; Marchand et al., 2004; Osmond et al., 2024; Paris, 2015; Paris et al., 2024).

A escassez de estudos genéticos na região antes do rompimento da barragem do Fundão dificulta a compreensão completa dos efeitos pós-acidente. Embora haja um crescente interesse em utilizar a diversidade genética como um bioindicador robusto de impactos ambientais (Medina et al., 2007), ainda há uma significativa lacuna no conhecimento dos efeitos dos rejeitos de minério sobre populações genéticas em ambientes marinhos. A maioria dos incidentes com barragens de mineração ocorreu em áreas terrestres, tornando o desastre da barragem brasileira um dos raros casos documentados de impacto severo em áreas marinhas (Sonter et al., 2018; Bonecker et al., 2022). Além disso, faltam dados consistentes da caracterização genética das espécies costeiras, especialmente às que serão avaliadas neste estudo.

Esta pesquisa visa caracterizar a estrutura e a diversidade genética das populações de peixes costeiros *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis* ao

longo de um gradiente de impacto ambiental no estuário do Rio Doce, considerando os efeitos combinados de barreiras geográficas, diferentes tipos de habitats, pressão antrópica e as histórias de vida das espécies. Utilizando microssatélites, os objetivos principais são: (1) caracterizar a variabilidade genética de *I. parvipinnis* e *C. nobilis* nas populações da foz do Rio Doce e áreas adjacentes, proporcionando a primeira caracterização genética dessas espécies; e (2) identificar a estrutura genética populacional e estimar os níveis de diferenciação entre as populações estudadas. Além disso, buscamos identificar sinais iniciais de erosão genética nas populações das áreas impactadas pela lama, comparando-as com aquelas em regiões que não foram diretamente afetadas, o que pode indicar os efeitos da contaminação por metais pesados, mesmo sem fixações genéticas evidentes. Esses objetivos visam fornecer dados essenciais para o manejo e a conservação das espécies e da área impactada, considerando as mudanças ambientais.

2. Material e Métodos

2.1 Espécies-alvo

O presente estudo focou em duas espécies de peixes costeiros de relevância ecológica e econômica local: *Isopisthus parvipinnis* (pescada dentuça) e *Conodon nobilis* (roncador). Ambas são espécies que predominam nas zonas demersais da plataforma continental do Oceano Atlântico ocidental (Andrade-Tubino et al., 2008; Carvalho-Filho, 1999; Cervigón et al., 1992). Elas desempenham papéis-chave nas cadeias alimentares, contribuem para o fluxo de nutrientes e matéria orgânica entre ambientes estuarinos e marinhos, e são essenciais para a transferência de energia nos habitats costeiros (Ferreira et al., 2019; Lira et al., 2019; Passos et al., 2013; Romero et al., 2008; Silva et al., 2019). Essas espécies são consideradas migrantes por sua associação direta com estuários e zonas de marés, ingressando nesses locais como larvas e juvenis e migrando posteriormente para regiões costeiras adjacentes e mar aberto (Favero, 2019).

Embora as espécies *I. parvipinnis* e *C. nobilis* sejam atualmente classificadas como "Pouco Vulneráveis" pela IUCN (União Internacional para a Conservação da Natureza) (IUCN, 2022), estudos sugerem que essa avaliação

pode não refletir adequadamente sua real vulnerabilidade (Freitas et al., 2023; Lira et al., 2022). Isso porque, além da degradação contínua de seus habitats, essas espécies são historicamente associadas a captura acidental nas pescarias de arrasto de camarão, o que as tornam cada vez mais suscetíveis ao declínio (Barreto et al., 2018; Branco & Verani, 2006; Coelho et al., 1988; Freitas et al., 2023; Graça-Lopes et al., 2002; Lira et al., 2022; Silva-Júnior et al., 2013; Soares, 1989).

A escolha das espécies *I. parvipinnis* e *C. nobilis* para o estudo de impacto no estuário do Rio Doce se justifica pela estreita associação ecológica dessas espécies com o estuário, onde os impactos à ictiofauna e ao ictioplâncton são claramente evidentes (e.g., Barrilli et al., 2024; Bonecker et al., 2019; Bonecker et al., 2021, Bonecker et al., 2022; Gomes et al., 2017). O estudo busca, assim, caracterizar a diversidade genética e a dinâmica populacional dessas espécies, com o objetivo de avaliar o estado atual de suas populações e fornecer dados essenciais para a gestão e conservação dos ecossistemas costeiros afetados pela poluição por metais pesados.

2.2 Área do estudo e Amostragem

As amostras foram coletadas em oito localidades estuarinas, ao longo de cerca de 850 km, entre o litoral sul da Bahia e norte do Rio de Janeiro, a saber: i. Ilhéus (IOS - limite norte); ii. Porto Seguro (PS); iii. Caravelas (CA); iv. São Mateus (SM); v. Barra Seca (BS); vi. Doce (DO - área diretamente afetada pelo rompimento da barragem de mineração do Fundão); vii. Aracruz (AR); viii. São João da Barra (SJB - limite sul) (Figura 1). Foram coletadas 227 amostras da espécie *Isopisthus parvipinnis*, obtidas em sete localidades, enquanto 221 espécimes de *Conodon nobilis* foram coletadas ao longo de 8 localidades. A tabela 1 mostra os detalhes sobre os tamanhos amostrais para cada uma das espécies.

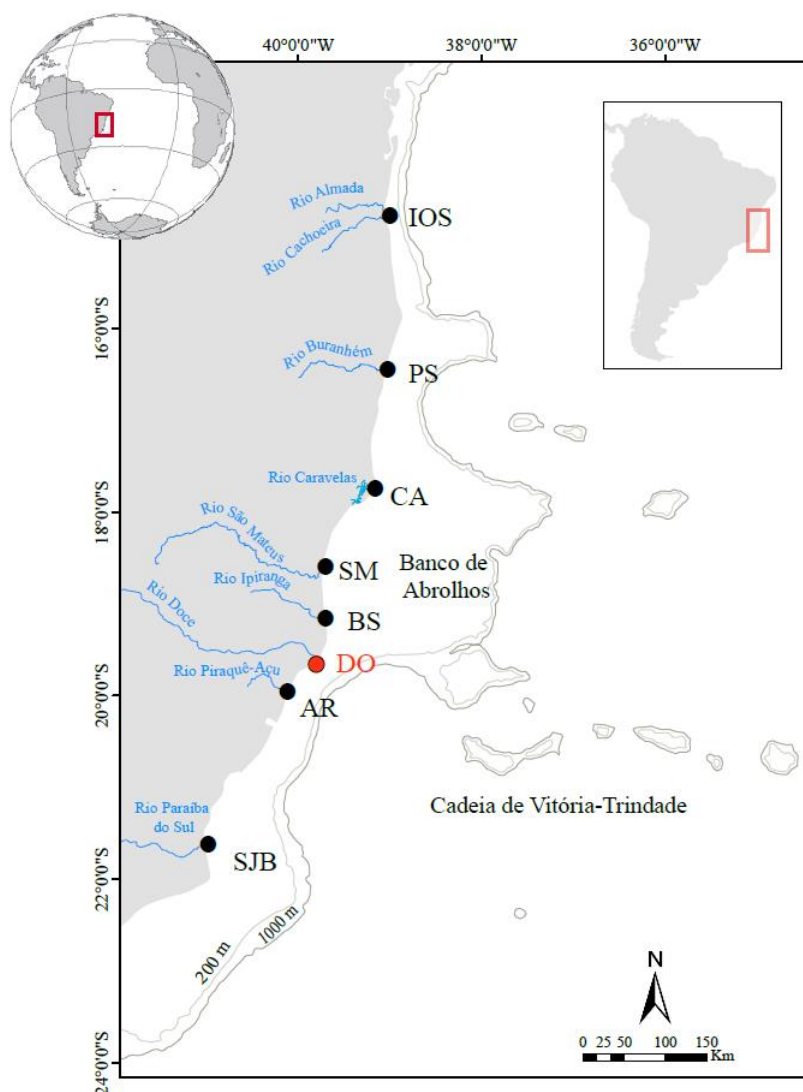


Figura 1. Mapa exibindo os 8 pontos de amostragem de *C. nobilis* e os 7 pontos de amostragem de *I. parvipinnis* (exceto São João da Barra). Ilhéus = IOS (limite norte); Porto Seguro = PS; Caravelas = CA; São Mateus = SM; Barra Seca = BS; Doce = DO (área diretamente afetada pelo rompimento da barragem de mineração do Fundão; destacado em vermelho); Aracruz = AR; São João da Barra = SJB (limite sul, ponto representado apenas por *C. nobilis*).

Tabela 1. Número de amostras coletadas de cada espécie estudada nas 8 localidades localizadas entre a Bahia e o Espírito Santo. Ilhéus = IOS (limite norte); Porto Seguro = PS; Caravelas = CA; São Mateus = SM; Barra Seca = BS; Doce = DO (área diretamente afetada pelo rompimento da barragem de mineração do Fundão); Aracruz = AR; São João da Barra = SJB (limite sul).

Espécies/Locais	IOS	PS	CA	SM	BS	DO	AR	SJB	Total
<i>C. nobilis</i>	32	30	30	30	29	33	12	25	221
<i>I. parvipinnis</i>	30	37	31	33	32	33	31	-	227

As coletas ocorreram entre outubro de 2018 e maio de 2024. As amostras de peixes das regiões estuarinas no estado do Espírito Santo foram obtidas por

pesquisadores do Laboratório de Genética e Conservação Animal (LGCA) da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), enquanto as amostras provenientes do Sul da Bahia foram coletadas por pesquisadores do Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha (LECOMar) em visitas a desembarques costeiros ou com o auxílio de colaboradores locais. As amostras consistem em porções de tecido, medindo em média 5 cm², obtidas das nadadeiras ou músculos abdominais. Os tecidos foram armazenados em criotubos, devidamente identificados, contendo álcool 100%, e mantidos refrigerados (-80°C), no laboratório, até o momento do processamento e extração do DNA. O material biológico excedente utilizado neste estudo está armazenado na coleção do LECOMar na Universidade Federal do Sul da Bahia (UFSB), campus Sosígenes Costa, em Porto Seguro - BA.

2.3 Extração do DNA, Amplificação e Genotipagem

O DNA foi extraído seguindo o protocolo PureLink Genomic DNA Mini Kit Invitrogen seguindo o protocolo do fabricante ou através do extrator e purificador de DNA e RNA Extracta® 16. Para verificar a quantidade e a qualidade do DNA, utilizamos o Qubit 1.4 e o espectrofotômetro NanoDrop da Thermo Scientific.

Devido à inexistência de marcadores microssatélites previamente descritos na literatura para as espécies de interesse, os loci necessários foram desenvolvidos especificamente para este estudo pela empresa AllGenetics. Um total de 12 loci foi selecionado para cada espécie, com o intuito de analisar sua diversidade genética e características populacionais, conforme descrito nas Tabelas S1-A e S1-B.

As soluções de primers foram preparadas utilizando combinações multiplex ou primers únicos contendo respectivamente 1 µl de *primer-Forward*, 0,1 µl de *primer-Reverse*, 1 µl de fluorescência específica (FAM, HEX ou NED) e água ultrapura para completar uma diluição de 50 µl. A amplificação por PCR foi realizada usando um Termociclador Veriti 96 (Applied Biosystems) em um volume final de reação de 13,0 µL, contendo 1,5 µL de DNA, 6,25 µL do Type-it Microsatellite PCR Kit (Qiagen), 4 µL de água de grau PCR e 1,25 µL da mistura de primers. O protocolo de PCR considerou uma etapa inicial de desnaturação a 95 °C por 5 min, seguida por 30 ciclos de 95 °C por 30 s, 57 °C por 90 s, 72 °C

por 30 s; 8 ciclos de 95 °C por 30 s, 53 °C por 90 s, 72 °C por 30 s; e uma etapa final de extensão a 58 °C por 30 min, conforme sugerido pela empresa AllGenetics.

Para preparar a genotipagem, foram diluídos 2,0 µl do produto de PCR em 0,2 µl de ROX 500 e 8,3 µl de formamida. Os processos de genotipagem das fitas de DNA amplificadas foram realizados em um sequenciador automático, modelo SeqStudio Genetic Analyzer (Thermo Fisher Scientific) usando o padrão de tamanho GeneScan-600 Liz ou GeneScan-500 Rox e a leitura dos genótipos foi realizada utilizando o programa Geneious 7.1.9.9 (Biomatters, 2014).

2.4 Qualidade dos dados, diversidade genética e estrutura genética populacional

Para verificar a qualidade dos microssatélites selecionados, foram avaliadas a porcentagem de dados ausentes, genótipos únicos e a presença de loci monomórficos. Conforme sugerido por Moraes et al., (2017), loci e indivíduos com mais de 20% de valores ausentes, bem como loci monomórficos foram excluídos das análises. A probabilidade de erros de genotipagem ou de alelos nulos foi examinada com o software MicroChecker, versão 2.2.3 (Van Oosterhout et al., 2004). A checagem de clones foi realizada através do pacote 'poppr' (Kamvar et al., 2014). O polimorfismo dos loci foi verificado através do cálculo do Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) através dos pacotes R *pegas*, *polysat*, *Tidyverse* e *poppr* (Kamvar et al., 2014) no R software (R Development Core Team, 2024).

Para avaliar a estrutura genética das populações entre os locais amostrados, utilizamos: STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard et al., 2000) e a Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC). A análise do STRUCTURE executa o agrupamento levando em consideração os locais de amostragem na probabilidade de endereçamento de cada indivíduo a um cluster populacional. No STRUCTURE o número adequado de grupos (K) foi determinado utilizando o método ΔK (Evanno et al., 2005) e o K com a maior log-verossimilhança (Pritchard et al., 2000). A escolha final do número de clusters foi apoiada pelos resultados do teste *Fst* e da análise de variância molecular (AMOVA). Para cada valor de K (valores de K = número de pontos amostrais para cada espécie mais

um), realizamos 10 simulações (Markov chain Monte Carlo [MCMC] = 800.000 gerações, burn-in = 200.000 interações, modelo de ancestralidade mista e local de amostragem como informação prévia) para obter o desvio padrão (DP) necessário para calcular ΔK . As execuções para o melhor K foram resumidas utilizando o servidor web Structure Selector (Li & Liu, 2018).

Para executar a DAPC, a estimativa do número ideal de clusters (K) foi realizada através da técnica do Critério de Informação Bayesiano (BIC) com a função `find.clusters()` do pacote R "adegenet" (Jombart, 2008; Jombart et al., 2010; Jombart & Ahmed, 2011). A execução e a avaliação visual destes resultados foram realizadas utilizando os pacotes "factoextra" e "ade4" (Chessel et al., 2004). Ao contrário de STRUCTURE, o DAPC se concentra principalmente na variabilidade entre grupos e não no componente dentro do grupo (Jombart et al., 2010).

Para estimar os valores de diferenciação genética entre os grupos genéticos e entre os pontos amostrados utilizamos dois estimadores: F_{st} (Wright, 1965) e índice D de Jost (Dest) (Jost et al., 2018). O F_{st} foi estimado usando o Arlequin v3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) e testado usando 10.000 permutações. O estimador de Dest foi calculado no pacote DEMEtics 0.8-2 (Gerlach et al., 2010) implementado na plataforma R, utilizando 10.000 reamostragens para obter valores de significância. Este estimador foi adicionado devido ao seu menor viés para marcadores altamente polimórficos como os microssatélites (Jost, 2008).

Análises hierárquicas de variância molecular (AMOVA) também foram realizadas usando o pacote R "poppr" (Kamvar et al., 2014), com base em 999 eventos de permutações. Esta análise foi realizada para avaliar a distribuição da variação genética dentro e entre as populações genéticas, respeitando os resultados obtidos nas populações atribuídas pelo STRUCTURE. Adicionalmente, utilizou-se o teste de Mantel para testar a hipótese de isolamento por distância (IBD), usando 9999 permutações no pacote R "ade4" (Chessel et al., 2004).

Para comparar a diversidade genética populacional de ambas as espécies, entre a foz do Rio Doce e áreas adjacentes, nós agrupamos

artificialmente as populações por ponto de amostragem (IOS, PS, CA, SM, BS, DO, AR, SJB). Os parâmetros de diversidade genética avaliados incluíram o número total de alelos (N_a), o número de alelos efetivos (N_e), o número de alelos privados (P_a), a riqueza alélica (A_r), a heterozigosidade observada (H_o), e heterozigosidade esperada (H_e) e o equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). Esses índices, juntamente com o coeficiente de endogamia (F_{is}) e os intervalos de confiança de 95% para F_{is} por locus e por local de coleta, foram calculados usando a função `divBasic` dos pacotes "diveRsity" (Keenan et al., 2013) e "poppr" (Kamvar et al., 2014) no software R (R Development Core Team, 2024).

As análises de diversidade genética foram conduzidas para comparar as heterozigosidades observada (H_o) e esperada (H_e) nas populações. A diferença entre as médias de H_o e H_e foi testada utilizando o teste t pareado (Student, 1908), que avaliou a hipótese nula de que as médias das duas variáveis eram iguais. Para comparar as diferenças nas heterozigosidades entre as populações, foi realizada uma ANOVA de uma via (Fisher, 1925), seguida de um teste post-hoc de Tukey (Tukey, 1949), caso a ANOVA indicasse significância. Todos os testes foram conduzidos no software R (R Core Team, 2022), utilizando os pacotes `stats:t.test`, `stats::aov`, e `stats::TukeyHSD`.

O tamanho populacional efetivo (N_e) para cada localidade foi estimado a partir de dados sobre o LD utilizando o software Ne-Estimator 1.31 (Do et al., 2014), presumindo acasalamento aleatório e um corte de alelos com frequência inferior a 0,1. Os valores de N_e se referem ao número de indivíduos que contribuem geneticamente para a próxima geração. Além disso, para identificar possíveis gargalos genéticos recentes nas populações dos pontos de amostragem de cada espécie, foi calculado o *M-ratio* (Garza & Williamson, 2001) através do Arlequin v3.5 (Excoffier & Lischer, 2010). O *M-ratio* é baseado na razão entre o número de alelos observados e o número total de alelos possíveis dentro do intervalo de tamanhos de alelos. Resultados de *M-ratio* inferiores a 0,68 indicam redução recente no tamanho efetivo populacional (Garza & Williamson, 2001).

As taxas de migração atuais (m), que representam a probabilidade de um indivíduo de uma população ser descendente de uma população vizinha em uma geração, e a direção do fluxo gênico (unidirecional ou bidirecional), foram

estimadas entre as populações artificiais utilizando o BayesAss v3.0.4 (Wilson & Rannala, 2003). As corridas foram realizadas utilizando números aleatórios de sementes iniciais, com 6×10^7 interações MCMC, amostradas em intervalos de 6.000 etapas, com 10% descartados como burn-in. Os melhores parâmetros para taxas de migração, frequência alélica e coeficiente de endogamia foram definidos em 0,5 e 0,6 e 0,6, respectivamente, para ambas as espécies. Esses valores foram escolhidos após verificar a variância bayesiana para todas as execuções MCMC testadas. Um valor baixo de desvio bayesiano indica um bom ajuste dos dados ao modelo (Faubet et al., 2007).

3. Resultados

3.1 Qualidade dos dados

Dentre os 12 loci selecionados para cada uma das espécies, não foram detectados erros de genotipagem ou presença de alelos nulos em nenhum dos loci e nenhum loci foi excluído devido ao excesso de dados ausentes. Os resultados obtidos a partir desses loci mostram que o conteúdo de informação polimórfica (PIC) para *I. parvipinnis* variou de 0,45, no locus L252 a 0,89, no locus L214. O valor médio do PIC nessa espécie foi aproximadamente 0,61 (ver Tabela 2 e Tabela S2-A). Em *C. nobilis*, os valores de PIC dos loci individuais variaram entre 0,37, no locus L030 e 0,76, nos loci L046 e L373. O valor médio do PIC para *C. nobilis* foi de 0,55 (ver Tabela 3 e Tabela S2-B).

3.2 *Isopisthus parvipinnis*

3.2.1 Estrutura e Conectividade Genética

Com base nos resultados de agrupamentos bayesianos realizados com o software STRUCTURE, observou-se que os maiores valores dos índices de avaliação ($\Delta K = 36,2$ e $\text{LnP}(K) = -4877,49$) indicam $K=3$ para explicar a estrutura dos dados (Figura 2; Figura S1). De acordo com esses resultados, as seguintes populações foram atribuídas a cada cluster: Os indivíduos de IOS e PS foram atribuídos majoritariamente a um cluster (Predominantemente verde claro); A população SM apresentou indivíduos pertencentes a três clusters (Predominantemente laranja); os indivíduos de CA, BS, DO, AR foram predominantemente atribuídos a um terceiro cluster (Predominantemente verde escuro) (Figura 2).

Os resultados da DAPC mostraram que, embora haja algumas sobreposições entre as nuvens de pontos, é possível identificar pelo menos três clusters distintos nos dois primeiros eixos. O cluster mais distinto é formado por IOS e PS, que se afastam claramente dos demais, além disso, a população de AR também se afasta dos demais grupos, embora de forma menos pronunciada, um ponto contrastante com a análise anterior (Figura 2). O teste de Mantel não encontrou uma correlação significativa entre as diferenças genéticas e as distâncias geográficas ($p = 0,4858$).

As análises par-a-par de F_{st} e $Dest$ indicaram uma diferenciação genética significativa entre todas as áreas comparadas. Áreas geograficamente próximas apresentaram valores de diferenciação menores. Na diagonal inferior da Tabela 2, podem ser observadas variações que vão de baixa diferenciação ($F_{st} = 0,04$ entre IOS e PS) a alta diferenciação ($F_{st} = 0,38$ entre IOS e AR). Já na diagonal superior ($Dest$), os valores variaram de 0,02 (CA e SM) a 0,45 (IOS e DO). Além disso, ao analisar a diferenciação entre os clusters genéticos, encontramos uma maior diferenciação entre as áreas majoritariamente atribuídas ao cluster 1 e o cluster 3 do Structure ($F_{st} = 0,25$) (Tabela S3). Finalmente, a análise de variância molecular (AMOVA), realizada para as localidades atribuídas aos clusters de $K = 3$ do Structure, indicou que 28,09% da variação genética total ocorre entre os clusters, enquanto a maior parte (41,17%) se concentra dentro dos clusters (Tabela 3).

As análises de migração realizadas pelo BayesAss estimaram que uma proporção entre 8% e 19% dos indivíduos nas populações de PS, CA e SM originam-se da população de IOS, indicando um fluxo de migração considerável entre essas áreas. No entanto, nas populações mais ao sul, como SM, BS e AR, a área do estuário do Rio Doce (DO) foi identificada como a principal fonte de indivíduos migrantes, com mais de 20% dos indivíduos dessas populações originando-se de DO. Esses resultados são baseados nas estimativas probabilísticas da origem dos indivíduos nas populações, conforme ilustrado na Figura 2 e na Tabela S4.

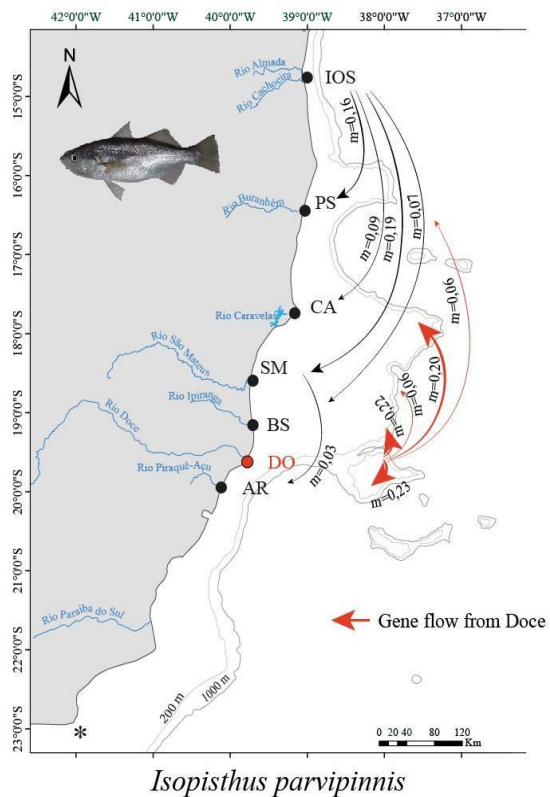
Tabela 2. Métricas de diferenciação genética para as populações de *Isopisthus parvipinnis*. As estimativas de *Fst* estão apresentadas na diagonal inferior, enquanto as estimativas de *Dest* estão na diagonal superior. Áreas: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto), AR = Aracruz. Os valores consideram as populações genéticas artificiais, segundo nosso desenho de impacto ambiental. Os valores entre os pares de populações representam as distâncias genéticas, refletindo o nível de estruturação genética. Todos os valores são estatisticamente significativos (*).

<i>Isopisthus parvipinnis</i>							
	IOS	PS	CA	SM	BS	DO	AR
IOS		0.04*	0.24*	0.07*	0.20*	0.31*	0.24*
PS	0.08*		0.12*	0.03*	0.09*	0.17*	0.11*
CA	0.36*	0.20*		0.08*	0.02*	0.02*	0.03*
SM	0.12*	0.06*	0.15*		0.07*	0.15*	0.11*
BS	0.32*	0.17*	0.04*	0.14*		0.03*	0.04*
DO	0.45*	0.28*	0.04*	0.25*	0.07*		0.03*
AR	0.38*	0.21*	0.07*	0.20*	0.08*	0.07*	

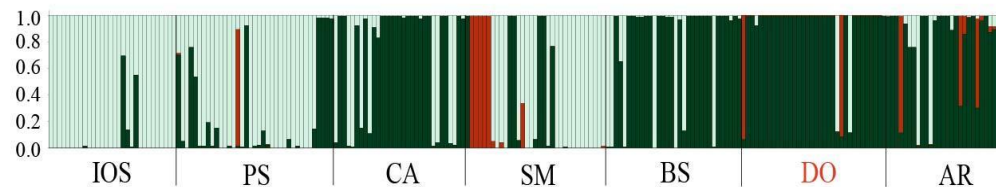
Tabela 3. Análise de variância molecular (AMOVA) do particionamento da variação genética de *Isopisthus parvipinnis*. Cenário testado entre as populações atribuídas aos clusters genéticos sugeridos na análise de estrutura populacional (STRUCTURE), K = 3. Os resultados estão representados no percentual de diferenciação e no valor da variância (*sigma*). Todos os valores são significativos (*).

<i>Isopisthus parvipinnis</i>			
AMOVA			
	<i>Sigma</i>	Percent (%)	<i>p</i> -valor
Varição entre populações	1.27	28.09	0.001*
Varição entre Indivíduos dentro das populações	1.86	41.17	0.001*
Varição dentro dos indivíduos	1.39	30.72	0.001*
Varição Total	4.53	100	

A) Gene flow



B) Structure



C) DAPC

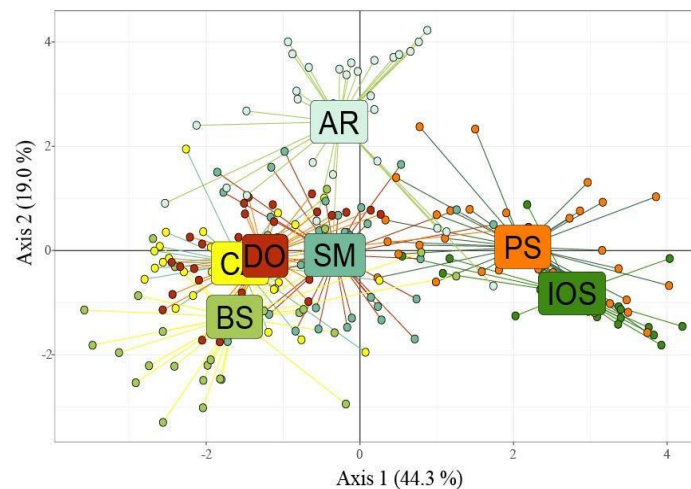


Figura 2. O mapa ilustra as áreas do estudo realizado para a pesquisa de *Isopisthus parvipinnis* em pontos da costa nordeste e sudeste do Brasil. Os pontos “•” identificam os locais de coleta dos indivíduos: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (estuário do Rio Doce, afetado diretamente pela lama da barragem; destacado em vermelho), AR = Aracruz, SJB = São João da Barra. Os principais rios da região também estão destacados. A) Fluxo gênico: Percentual de indivíduos de uma população “b” cuja origem é de uma população vizinha “a”, estimado no software BayesAss v3.04. Apenas as taxas e a direção da migração que foram significativas (com intervalos de confiança acima de zero) estão sendo evidenciadas. A intensidade da seta indica taxa de migração entre as populações sendo classificada de baixa ($<0,1$), moderada ($0,1 \leq x \leq 0,2$) e alta ($>0,2$). B) Os gráficos de

barras mostram a estrutura genética de *I. parvipinnis* com base no STRUCTURE ($K = 3$). As barras horizontais indicam a proporção de cada espécime atribuída a diferentes clusters genéticos. C) O gráfico apresenta a distribuição das populações amostradas ao longo dos dois primeiros eixos da DAPC, que representam a maior parte da variação genética explicada pelos dados. Os pontos no gráfico correspondem aos indivíduos amostrados, com diferentes cores de acordo com a população.

3.2.2 Diversidade Genética

As análises de diversidade genética estimadas para as populações artificiais e genéticas de *I. parvipinnis* estão descritas nas tabelas 4 e S5, respectivamente. No geral a H_o foi menor em SM (0,22), DO (0,25) e IOS (0,27) quando comparada com as demais áreas. Observamos que o número médio de alelos variou entre 4,7 em IOS e 7,6 em PS. As estimativas de riqueza alélica (A_r), alelos privados (P_a) e heterozigosidade esperada (H_e) também foram maiores na localidade PS (A_r : 6,2; P_a : 1,2; H_e : 0,6) e menores em IOS (A_r : 4,1; P_a : 0,1; H_e : 0,36) (Tabela 4; Tabela S6). O teste t pareado indicou uma diferença significativa entre a H_o e H_e nas populações (valor-p = 0,0005), enquanto as comparações de H_o e H_e entre as diferentes populações não apresentaram diferenças significativas.

Após correção de Bonferroni, foram observados desequilíbrios de ligação (LD) entre os loci IPA492 – IPA150, IPA492 – IPA357, IPA478 – IPA139 e os testes para o equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) indicaram que os loci IPA492, IPA214, IPA139 e IPA478 estão significativamente fora do e HWE em todas as populações, conforme mostrados na figura S2 e tabela S6, respectivamente.

Os coeficientes de endogamia (F_{is}) apresentaram variações entre os loci e podem ser vistos na tabela S6. Os valores médios e positivos oscilaram entre 0,24 (IC = 0,1 - 0,36) e 0,65 (IC = 0,55 - 0,72) nas populações artificiais, indicando um déficit de heterozigotos. Quanto às análises demográficas, foram observados tamanhos populacionais efetivos entre $2 <N_e> 8$ e o índice M -ratio para todas as localidades possuem valores abaixo do valor crítico de 0,68, indicando populações com reduções do tamanho populacional (Garza e Williamson, 2001) (Tabela 4).

Tabela 4: Médias dos indicadores de diversidade genética estimados para todas as populações artificiais de *Isopisthus parvipinnis*. Número de indivíduos analisados (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ae), riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Pa), heterozigosidades observada (Ho) e esperada (He), coeficiente de endogamia (Fis), índice de Garza-Williamson (*M-ratio*), tamanho populacional efetivo (Ne) e Conteúdo de informação polimórfica (PIC). Os intervalos de confiança (IC) para as análises de Fis e Ne é de 95%, Populações artificiais: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto) e AR = Aracruz.

<i>Isopisthus parvipinnis</i>											
Área	N	Na	Ae	Ar	Pa	Ho	He	Fis (95% IC)	<i>M-ratio</i>	Ne (95% IC)	
IOS	30	4,7	2,6	4,1	0,1	0,27	0,36	0,24 (0,1 - 0,36)	0,13	8,2 (3,1-17,4)	
PS	37	7,6	3,9	6,2	1,2	0,35	0,59	0,40 (0,31 - 0,49)	0,13	7,0 (3,9-10,0)	
CA	31	5,3	2,6	4,6	0,2	0,31	0,56	0,44 (0,33 - 0,52)	0,18	2,8 (2,0-5,9)	
SM	33	6,3	3,3	5,4	0,5	0,22	0,64	0,65 (0,55 - 0,72)	0,01	8,2 (3,1-17,4)	
BS	32	5,4	2,7	4,6	0,4	0,31	0,55	0,44 (0,32 - 0,53)	0,04	2,9 (2,2-5,6)	
DO	33	5,8	2,2	4,7	0,2	0,25	0,48	0,49 (0,35 - 0,59)	0,15	2,2 (1,6-3,0)	
AR	31	5,6	2,3	4,8	0,2	0,3	0,52	0,43 (0,27 - 0,57)	0,15	4,1 (2,2-9,7)	
Total	227	5,8	2,8	-	-	0,29	0,53	-	-		
	PIC	0,62									

3.3 *Conodon nobilis*

3.3.1 Estrutura e Conectividade Genética

A análise de estrutura populacional realizada com o software STRUCTURE indicou valores próximos para os índices ΔK e $\text{LnP}(K)$ tanto para $K = 2$ ($\Delta K = 4,40$ e $\text{LnP}(K) = -6432,81$) quanto para $K = 4$ ($\Delta K = 4,74$ e $\text{LnP}(K) = -6411,02$), sendo que $K = 4$ apresentou índices ligeiramente superiores, como ilustrado nos gráficos da Figura S3.

Os resultados da análise de DAPC suportam a presença de dois clusters genéticos distintos, a partir do agrupamento das populações em duas nuvens principais, embora algumas sobreposições entre os pontos das nuvens de cada cluster ainda sejam visíveis (Figura 3). A AMOVA também corroborou esses achados, indicando que, no modelo $K = 2$, a variação genética entre as populações genéticas foi de 3,86%, valor ligeiramente superior ao observado

para $K = 4$ (3,47%) (Tabela 5, tabela S7). Por fim, as análises de F_{st} e $Dest$, calculadas com base nas populações artificiais, revelaram valores significativos que indicam a diferenciação genética entre as populações de *C. nobilis*. Os valores de F_{st} variaram de 0,004 (entre IOS e PS) a 0,088 (entre SM e AR), e os valores de $Dest$ variaram de 0,002 (entre IOS e PS) a 0,05 (entre SM e AR) (Tabela 6). A comparação entre as populações atribuídas a cada cluster revelou uma baixa, mas significativa, diferenciação genética, com $F_{st} = 0,005$ ($p < 0,05$) (Tabela S7).

Com base nesses resultados, o modelo $K = 2$ sugere a formação de dois clusters genéticos distintos: Cluster 1 (predominantemente associado ao verde claro) e Cluster 2 (predominantemente associado ao laranja). Não há uma correspondência geográfica clara entre os clusters, mas observou-se que os indivíduos amostrados em IOS, PS, AR e SJB é majoritariamente influenciado pelo Cluster 1, enquanto os indivíduos amostrados em CA, SM, BS e DO tendem a apresentar maior influência do Cluster 2 (Figura 2).

Tabela 5. Análise de variância molecular (AMOVA) do particionamento da variação genética de *Conodon nobilis*. Cenário testado entre as populações genéticas sugeridas na análise de estrutura populacional (STRUCTURE), considerando $K=2$. Os resultados estão representados no percentual de diferenciação e no valor da variância (*sigma*). Todos os valores são significativos (*).

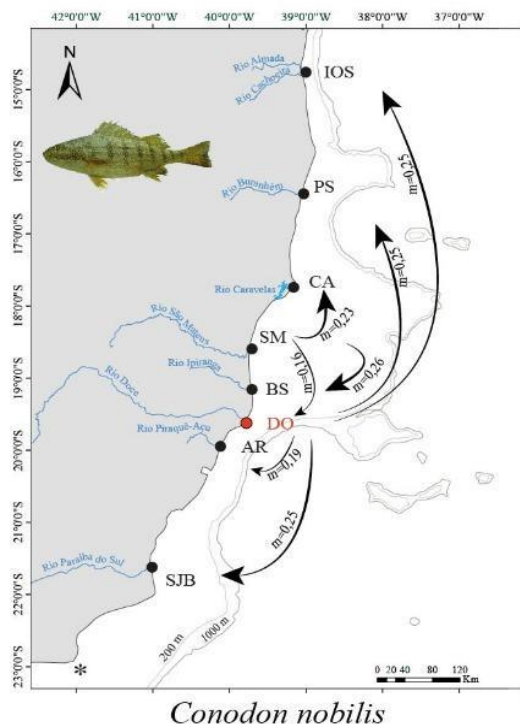
<i>Conodon nobilis</i>			
AMOVA			
	<i>Sigma</i>	<i>Percent (%)</i>	<i>p-valor</i>
Varição entre as populações	0,19	3,86	0,001*
Varição entre Indivíduos dentro das populações	0,24	5,02	0,006*
Varição dentro dos Indivíduos	4,51	91,11	0,001*
Varição Total	4,91	100	

Tabela 6. Métricas de diferenciação genética para as populações de *Conodon nobilis*. As estimativas de F_{st} estão apresentadas na diagonal inferior, enquanto as estimativas de D_{est} estão na diagonal superior. Áreas: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto), AR = Aracruz, SJB = São João da Barra. Os valores entre os pares de populações representam as distâncias genéticas, refletindo o nível de estruturação genética. As combinações destacadas com asteriscos (*) indicam que a diferenciação genética observada entre essas populações é estatisticamente relevante.

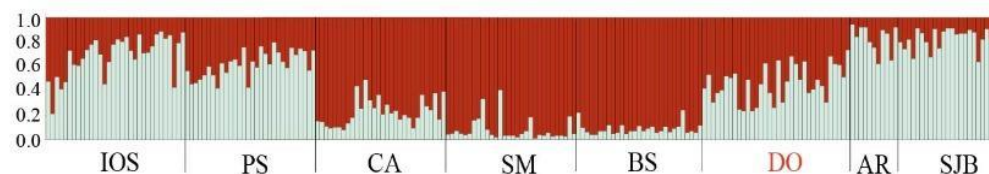
<i>Conodon nobilis</i>								
	IOS	PS	CA	SM	BS	DO	AR	SJB
IOS		0.002	0.009*	0.019*	0.015*	0.009*	0.033*	0.012*
PS	0.004		0.010*	0.017*	0.013*	0.014*	0.020*	0.006*
CA	0.020*	0.020*		0.003	0.005	0.008*	0.041*	0.021*
SM	0.041*	0.037*	0.007		0.001	0.013*	0.050*	0.039*
BS	0.034*	0.028*	0.011	0.005		0.012*	0.036*	0.030*
DO	0.018*	0.029*	0.017*	0.032*	0.029*		0.040*	0.025
AR	0.052*	0.036*	0.066*	0.088*	0.060*	0.068*		0.009*
SJB	0.022*	0.015*	0.041*	0.080*	0.063*	0.049*	0.016	

A análise do fluxo gênico, realizada no software BayesAss, revelou um padrão de migração notável, com destaque para as populações de SM e DO como fontes importantes de migrantes para outros estuários. Especificamente, observou-se que a emigração de indivíduos de SM contribui de forma significativa para a formação das populações de BS e CA (Figura 3; Tabela S8). Por outro lado, DO também apresentou taxas de emigração significativas, especialmente para as populações de AR, SJB, IOS e PS, sendo responsável por mais de 20% dos indivíduos que compõem essas áreas (Figura 3; Tabela S8). Finalmente, o teste de Mantel não indicou uma correlação significativa entre a estrutura genética das populações e sua distribuição geográfica ($p = 0,1065$).

A) Gene flow



B) Structure



C) DAPC

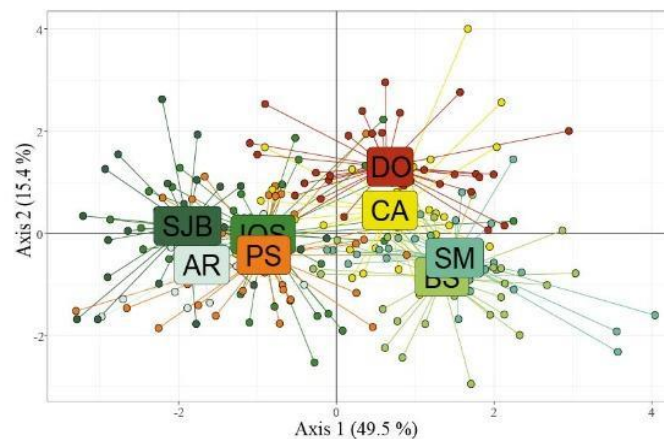


Figura 3. Mapa do estudo, padrões de estrutura genética e fluxo gênico de *Conodon nobilis*. O mapa ilustra as áreas do estudo realizado em pontos da costa nordeste e sudeste do Brasil. Os pontos “•” identificam os locais de coleta dos indivíduos: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (estuário do Rio Doce, afetado diretamente pela lama da barragem; destacado em vermelho), AR = Aracruz, SJB = São João da Barra. Os principais rios da região também estão destacados. A) Fluxo gênico: Percentual de indivíduos de uma população “b” cuja origem é de uma população vizinha “a”, estimado no software BayesAss v3.04. Apenas as taxas e a direção da migração que foram significativas (com intervalos de confiança acima de zero) estão sendo evidenciadas. A intensidade da seta indica taxa de migração entre as populações sendo classificada de baixa ($<0,1$), moderada ($0,1 \leq x \leq 0,2$) e alta ($>0,2$). B) os gráficos de barras mostram a estrutura genética de *C. nobilis* com base no STRUCTURE ($K = 2$). As barras horizontais indicam a proporção de cada espécime atribuída a diferentes clusters genéticos. C) O gráfico apresenta a distribuição das populações amostradas ao longo dos dois primeiros eixos da DAPC, que representam a maior parte da variação genética explicada pelos dados. Os pontos no gráfico correspondem aos indivíduos amostrados, com diferentes cores de acordo com a população.

3.3.2 Diversidade Genética

Em *C. nobilis* os índices médios de diversidade genética tanto para as artificiais quanto para as populações genéticas podem ser vistos nas tabelas 7 e S9, respectivamente. Os resultados mostraram uma média de 5,3 alelos por locus, com grande variação observada entre os loci e entre as áreas (Tabela 7; Tabela S10). O número médio de alelos variou entre 3,7 em Aracruz e 6,2 em IOS. Um número médio de A_e menor do que o número médio do N_a , foi observado em todas as áreas. Os índices P_a , H_o e H_e foram também mais elevados em IOS ($P_a = 0,92$, $H_o = 0,60$ e $H_e = 0,62$) e mais baixos em AR ($P_a = 0,17$, $H_o = 0,43$ e $H_e = 0,52$) (Tabela 7; Tabela S10). Nesta espécie, tanto os valores de H_o quanto de H_e foram considerados moderados ($0,5 < x < 0,8$). Os resultados das comparações de H_o e H_e entre as populações não foram significativos, além disso também não foram encontradas diferenças significativas entre as médias de H_o e H_e ($p\text{-value} = 0,7505$).

Após as correções de Bonferroni, foi observado um desequilíbrio de ligação (LD) estatisticamente significativo entre os loci CNO373 – CNO437 (Figura S4). Desvios marginais do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram detectados no locus CNO046 em todas as áreas, enquanto os loci CNO465, CNO110, CNO014 estão dentro do equilíbrio em todas elas (Tabela S10). Os coeficientes de endogamia (F_{is}) apresentaram variações entre os loci (Tabela S10). *Conodon nobilis* apresentou os menores valores de F_{is} com intervalos de confiança (IC) que incluem valores negativos, como em SM, onde foi registrado -0,03 (IC = -0,05 - 0,11), indicando baixa endogamia. Os valores mais altos foram observados em SJB (0,17; IC = 0,08 - 0,25) e AR (0,18; IC = 0,15 - 0,33) (Tabela 7).

Quanto às análises demográficas, foram observados tamanhos populacionais efetivos com limites superiores infinitos nas localidades IOS, PS, SM, BS, DO e SJB. O índice $M\text{-ratio}$ para todas as localidades possui valores muito abaixo do valor crítico de 0,68 (Garza e Williamson, 2001) (Tabela 7).

Tabela 7: Indicadores de Diversidade Genética de *Conodon nobilis*. Número de indivíduos analisados (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ae), riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Pa), heterozigosidades observada (Ho) e esperada (He), coeficiente de endogamia (Fis), índice de Garza-Williamson (M-ratio), tamanho populacional efetivo (Ne) e Conteúdo de informações polimórficas (PIC). Os intervalos de confiança (IC) para as análises de Fis e Ne é de 95%. Populações artificiais: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto), AR = Aracruz e SJB = São João da Barra.

<i>Conodon nobilis</i>											
Área	N	Na	Ae	Ar	Pa	Ho	He	Fis (95% IC)	M-ratio	Ne (95% IC)	
IOS	32	6,2	2,8	4,3	0,9	0,6	0,62	0,04 (-0,02 – 0,1)	0,28	Inf (97,5–Inf)	
PS	30	5,2	2,7	3,8	0,5	0,55	0,59	0,06 (-0,02 – 0,13)	0,18	209,7 (59,9–Inf)	
CA	30	5,2	2,8	3,7	0,2	0,58	0,6	0,03 (-0,06 – 0,11)	0,15	43,0 (20,5–247,2)	
SM	30	5,8	2,7	3,9	0,4	0,58	0,6	-0,03 (-0,05 – 0,11)	0,14	121,2 (46,7–Inf)	
BS	29	5,8	2,8	4,0	0,5	0,52	0,6	0,13 (0,07 – 0,19)	0,18	Inf (10216,0–Inf)	
DO	33	6,1	2,7	4,0	0,5	0,57	0,6	0,07 (-0,01 – 0,14)	0,22	172 (71,1–Inf)	
AR	12	3,7	2,6	3,3	0,2	0,43	0,52	0,18 (0,15 – 0,33)	0,25	11,9 (4,3–60,9)	
SJB	25	4,8	2,4	3,6	0,5	0,5	0,55	0,17 (0,08 – 0,25)	0,08	118,6 (38,7 –Inf)	
Total	221	5,3	2,7	-	-	0,55	0,58	-	-		
		PIC	0,55								

4. Discussão

Este é o primeiro estudo a investigar a diversidade e a estrutura genética populacional de *I. parvipinnis* e *C. nobilis*, especialmente em áreas afetadas por ameaças antropogênicas, incluindo poluição, degradação de habitats e pesca. Uma das perguntas deste trabalho é se o rompimento da barragem da Samarco, que resultou na morte de milhares de peixes, na bioacumulação de metais pesados e na degradação ecológica dos habitats costeiros (Sánchez et al., 2018; Macêdo et al., 2020; Weber et al., 2020) pode, ao longo das gerações, induzir a erosão da diversidade genética nas populações das áreas impactadas, em comparação com aquelas situadas em regiões menos ou não afetadas diretamente por esse evento.

Em nossos resultados, não foram observadas diferenças significativas nos índices de diversidade genética entre as populações analisadas de ambas as espécies, nem em relação à área impactada pela lama da barragem. Isso

sugere que, até o momento, não há evidências claras de alterações na variabilidade genética detectáveis pela metodologia utilizada em resposta ao impacto ambiental. Contudo, os dados genéticos obtidos fornecem informações valiosas sobre as características genéticas das populações contemporâneas ao evento, além de serem essenciais para o monitoramento contínuo dessas espécies. Esses dados também são importantes para a compreensão dos fatores que influenciam suas características evolutivas e para a avaliação de possíveis mudanças genéticas no futuro. A combinação de gargalos genéticos recentes, tamanhos populacionais efetivos reduzidos, baixa variabilidade genética, elevados coeficientes de endogamia e padrões de estrutura populacional, em conjunto com a forte pressão antropogênica, aponta para um comprometimento no potencial evolutivo dessas populações, limitando sua capacidade de adaptação a mudanças ambientais futuras.

4.1 Estrutura e Conectividade Genética

As análises genéticas de *I. parvipinnis* revelaram uma estrutura populacional significativa, com diferenciação genética de moderada a alta entre as populações. Esse padrão foi confirmado pelos resultados da AMOVA, por valores de F_{st} e D_{est} significativos e pela identificação de três clusters genéticos bem definidos pelo STRUCTURE. As maiores diferenças genéticas foram observadas entre as populações dos extremos norte (IOS) e sul (DO, AR), com F_{st} de 0,45 (IOS-DO) e 0,38 (IOS-AR). Além disso, a diferenciação considerando as populações genéticas dos clusters 1 e 3, foi de $F_{st} = 0,25$ (Tabela S3). Esses índices sugerem uma elevada estrutura genética, especialmente quando comparados aos valores de F_{st} em outros estudos populacionais, como em *Micropogonias furnieri* que possui populações genéticas distintas entre o Norte do Brasil e o Uruguai, por exemplo ($0,1 < F_{st} < 0,26$; D'Anatro, Pereira & Lessa, 2011; Vilasboa de Vasconcellos et al., 2015).

O padrão de estruturação observado entre as populações norte e sul de *I. parvipinnis* pode ter influência tanto de fatores históricos quanto contemporâneos, que afetam a conectividade das populações marinhas ao longo da costa brasileira (Coelho-Souza et al., 2012; Martins et al., 2022). A região estudada abrange duas sub-províncias do Atlântico Sudoeste: Nordeste (de IOS a CA) e Sudeste (de SM a AR) (Floeter et al., 2008; Machado et al., 2017; Martins

et al., 2022; Pinheiro et al., 2018). A diferenciação observada entre as populações pode ser atribuída a barreiras históricas reconhecidas nessa região, como a Bacia do Arquipélago de Abrolhos e a cadeia de montes submarinos Vitória–Trindade, que, durante os máximos glaciais do Pleistoceno, isolaram populações e promoveram a divergência genética entre as províncias. Esse isolamento histórico, aliado às características biológicas da espécie e às possíveis adaptações às variações na paisagem costeira, pode ter consolidado as diferenças genéticas entre as populações de *I. parvipinnis* até os dias atuais.

Adicionalmente, a correspondência entre a diferenciação geográfica e as unidades genéticas foi apenas parcial, conforme sugerido pela AMOVA e pela intensidade do fluxo gênico. Embora a análise genética tenha identificado três clusters distintos, eles estão parcialmente sobrepostos nas áreas centrais (CA e SM). A falta de correlação significativa entre a diferenciação genética e a distância geográfica indica que o fluxo gênico, especialmente aquele proveniente dos eixos norte (IOS) e sul (DO) para as populações centrais (CA e SM) pode estar impedindo o isolamento por distância, permitindo a conectividade genética através das populações centrais, que funcionam como zonas de transição. Nessa região central, a reconhecida interação entre a presença de características ambientais diferenciadas, como a extensão da plataforma continental e os diferentes tipos de habitat, como estuários, bancos de macroalgas e recifes rochosos e biogênicos (Costa et al., 2017; Ghisolfi et al., 2014; Martins et al., 2022), por exemplo, podem atualmente favorecer a migração entre as populações, destacando a importância dessa região, que é parte do Banco dos Abrolhos, para a conectividade contemporânea de *I. parvipinnis*.

Além disso, a DAPC propôs três nuvens de agrupamentos populacionais, destacando AR como um grupo afastado das demais áreas, mas os índices *F_{st}*, *Dest*, e a análise do STRUCTURE revelaram que a população de SM apresenta uma concentração de indivíduos com um pool gênico distinto, resultando em uma maior diferenciação em relação às demais populações. Esse padrão também pode ser reflexo do intenso fluxo gênico de outras populações para essa área, associado às características ecológicas locais, como diferenças de habitat, que podem ter alterado as dinâmicas populacionais ao longo do tempo. Por exemplo, D'Anatro, Pereira & Lessa., (2011), discutiram que uma possível adaptação local

a características ambientais distintas, como salinidade, temperatura e profundidade da água que modificam todo o ecossistema, pode ter desempenhado um papel fundamental na diferenciação das populações de *M. furnieri* no estuário do rio da Prata, no Uruguai, com relação às áreas próximas. Pressões antrópicas também podem provocar adaptações locais, conforme demonstrado por Hoff et al. (2020), que baseados nas diferenças da morfologia corporal e de otólitos de *I. parvipinnis*, apontou para a transição de uma população panmítica para uma metapopulação entre áreas do Sudeste e Sul do Brasil, provavelmente devido a mudanças ambientais e ao aumento da pressão de pesca ao longo de 45 anos.

Em suma, embora a estruturação genética de *I. parvipinnis* seja evidente, os fatores que a geram ainda são indefinidos. A interação entre barreiras geográficas históricas, dinâmica oceanográfica, biologia reprodutiva e pressões ambientais e pesqueiras pode explicar a diferenciação observada, mas mais estudos são necessários para entender em detalhe os mecanismos que modelam essa estruturação. A inclusão de amostras de regiões geográficas mais amplas ou a utilização de marcadores capazes de detectar processos evolutivos históricos, como DNA mitocondrial (mtDNA), e dados ambientais mais profundos seria fundamental para esclarecer a dinâmica do fluxo gênico ao longo da costa brasileira e os processos evolutivos que moldaram a estrutura genética desta espécie.

Em contrapartida, as análises de agrupamentos genéticos de *C. nobilis* revelaram a presença de dois clusters genéticos bem distribuídos de maneira sobreposta por toda a área do estudo. A análise DAPC, que maximiza as diferenças entre os grupos observados, agrupou os dados em duas nuvens principais com pontos sobrepostos. Esse padrão explica a ausência de uma relação significativa entre as diferenças genéticas e a distribuição geográfica da espécie ao longo da área analisada. Além disso, também foi observada uma diferenciação genética baixa, mas significativa, entre as populações amostradas. Essa diferenciação foi evidenciada por comparações pareadas de F_{st} ($0,004 < F_{st} < 0,08$) e D_{est} ($0,002 < D_{est} < 0,05$), bem como pelas análises da AMOVA, sugerindo que existem variações genéticas detectáveis entre as populações.

Valores baixos de diferenciação genética em marcadores polimórficos são frequentemente observados em peixes marinhos, incluindo peixes da família haemulidae, que como *C. nobilis*, apresentaram ampla distribuição geográfica, grandes tamanhos populacionais efetivos e alta capacidade de migração (González-Salas et al., 2021; O'Reilly et al., 2004;). Contudo, entre populações geograficamente próximas, como as de CA, SM e BS, não apenas não foram observadas diferenciações significativas entre si, mas também uma grande semelhança nas proporções dos perfis genéticos dentro dos indivíduos. Além disso, foi identificada uma dispersão gênica significativa entre essas populações a partir de SM, o que contribui para a formação de uma subestrutura genética possivelmente associada a dinâmicas locais.

No caso de *C. nobilis*, a baixa estrutura genética populacional pode estar associada às variações sazonais das correntes marinhas, que promovem ciclos contínuos de mistura (Ghisolfi et al., 2015) e podem favorecer o transporte das larvas e indivíduos adultos para áreas distantes. Esse movimento constante das águas é complementado pela sua atividade reprodutiva ao longo do ano e pela habilidade de rafting da espécie (Favero, 2019; Silva et al., 2019). Além disso, *C. nobilis* é uma espécie migrante marinha oportunista que utiliza habitats costeiros como berçários (Elliot et al., 2007; Favero, 2019; Silva et al., 2019), e possui capacidade de explorar diferentes ambientes, como recifes rochosos, praias e estuários. Sua flexibilidade ecológica garante que a espécie se adapte a condições ambientais variadas (Silva et al., 2019; Lira et al., 2019; Romero et al., 2008; Favero, 2019). Esse comportamento dispersivo pode explicar a ampla distribuição de seu pool gênico por toda a área do estudo, resultando em uma estrutura genética com pouca diferenciação entre populações geograficamente distantes.

Por fim, em contraste com a estruturação observada através dos microsatélites em nossa pesquisa, Verba et al. (2019 – dados não publicados) indicaram a ausência de estrutura genética em *C. nobilis* ao investigarem cinco áreas entre os litorais norte e sul do Brasil (Pará, Alagoas, Rio de Janeiro, São Paulo e Santa Catarina) utilizando marcadores moleculares mitocondriais (mtDNA). Padrões contrastantes de estrutura populacional entre diferentes marcadores refletem suas respostas diferenciais aos processos evolutivos

(Piñeros & Gutiérrez-Rodríguez, 2017). Os microssatélites, sendo marcadores de alta taxa de mutação, evoluem mais rapidamente e fornecem informações sobre a estrutura populacional recente. Em contrapartida, a menor taxa de mutação do mtDNA, somada à sua herança materna, reflete processos evolutivos históricos (Avise, 2000). Dessa forma, a homogeneidade genética de *C. nobilis* observada no mtDNA pode sugerir que a diferenciação entre populações é um fenômeno recente na história evolutiva de *C. nobilis*.

A divergência nos resultados de diferentes tipos de marcadores genéticos é característica de populações que passaram por gargalos populacionais seguidos por expansões recentes (Ellegren, 2004; Piñeros e Gutiérrez-Rodríguez, 2017) e pode estar indicando mudanças recentes na dinâmica populacional da espécie. Dessa forma, considerando a influência dos eventos históricos em nossa região de estudo, que representa uma importante área de descontinuidade genética para diversas espécies marinhas devido a variações no nível do mar no passado (Martins et al., 2022), e das ameaças contemporâneas às quais as populações estão expostas (e.g. poluição, degradação de habitat, pressão de pesca e mudanças climáticas), ressaltamos a que a interação entre fatores pode ser uma resposta para as diferenças entre essas comparações, no entanto, destacamos a necessidade de novos estudos. Esses estudos são fundamentais para elucidar os padrões evolutivos passados de *C. nobilis* e para fornecer previsões sobre a viabilidade genética dessa espécie a longo prazo.

4.2 Diversidade Genética

Observamos índices de diversidade genética notavelmente baixos em todas as áreas analisadas para *I. parvipinnis*. Nessa espécie, o número médio de alelos (N_a) foi de 5,8, enquanto a heterozigosidade observada média (H_o) foi de 0,29. Por outro lado, para *C. nobilis*, o valor médio de N_a foi de 5,3 e a H_o média foi de 0,55. De maneira geral, as médias encontradas para ambas as espécies ficaram abaixo das expectativas, se comparadas às médias descritas por DeWoody e Avise (2000) para peixes marinhos ($H_o = 0,79$ e $N_a = 20$). Embora comparações diretas entre diferentes painéis de microssatélites não sejam ideais (Pastor et al., 2004), os padrões gerais de diversidade genética observados sugerem que as populações de *I. parvipinnis* apresentam

variabilidade genética baixa, enquanto as de *C. nobilis* possuem variabilidade genética moderada. Esses padrões podem indicar um baixo potencial adaptativo em face de futuras mudanças e pressões ambientais.

A variabilidade genética de uma população está intimamente associada ao fluxo gênico e ao seu tamanho populacional efetivo (N_e) (Lowe & Allendorf, 2010; Hague & Routman, 2016). Embora tenha sido observado um fluxo gênico significativo entre as populações de *I. parvipinnis*, especialmente entre aquelas mais próximas às principais populações fonte (IOS – Norte / DO – Sul), esse fluxo diminui com a distância e pode não ser suficiente para homogeneizar a estrutura genética das populações em áreas amplas, conforme discutido por Green et al. (2015), Palumbi (2003) e Simpson et al. (2014).

As estimativas de N_e em *I. parvipinnis* ($N_e < 20$) foram significativamente inferiores ao limite mínimo de 500 indivíduos sugerido por Frankham et al. (2010) para populações selvagens, um valor que é especialmente relevante para evitar a perda de diversidade genética e os efeitos da endogamia, como corroborado por estudos em peixes marinhos, como os de Riccioni et al. (2010) e Ruggeri et al. (2012). O N_e é uma medida que reflete o tamanho de uma população idealizada, que experimentaria as mesmas taxas de deriva genética por geração que a população natural em estudo (Wright, 1931). Dessa forma, quando N_e é baixo ($N_e < 50$), como no caso de *I. parvipinnis*, a população está mais sujeita a deriva genética, que pode reduzir ainda mais a diversidade genética e o potencial adaptativo da população, tornando-a vulnerável a extinção, tanto por pressões seletivas quanto por eventos estocásticos (Frankham et al., 2014).

O baixo N_e em nossas populações de *I. parvipinnis*, pode ter sido exacerbado por gargalos genéticos recentes, detectados pelo índice *M-ratio*. Embora o tempo exato desse gargalo genético não possa ser precisado, Garza & Williamson (2001) e Swatdipong et al., (2010) sugerem que o índice *M-ratio* seja sensível a gargalos genéticos iniciados entre pelo menos 5 e 100 gerações passadas. Considerando que *I. parvipinnis* atinge a maturidade sexual em torno de 1,4 anos de idade (Silva-Júnior et al., 2015; Coelho, 1988), esses gargalos podem ter ocorrido entre 7 e 200 anos antes da coleta das nossas amostras, o que indica que o início desses eventos é anterior ao rompimento da barragem da Samarco, ocorrido em 2015. No entanto, eles podem ser atribuídos a outras

pressões antropogênicas, como a sobrepesca e a degradação do habitat, que frequentemente estão associadas à perda de variabilidade genética, gargalos populacionais e redução dos estoques pesqueiros (Allendorf et al., 2014; Damascena et al., 2015; Gandra et al., 2021; Hauser et al., 2002; Pinsky & Palumbi, 2014; Rodrigues et al., 2008).

Para *C. nobilis*, identificamos um fluxo gênico significativo em várias direções, sendo que as principais fontes doadoras são as populações de SM e DO. O fluxo gênico é conhecido por diminuir a variação genética entre subpopulações e aumentar a variação genética dentro delas (Lowe & Allendorf, 2010), o que foi claramente evidenciado pelas análises da AMOVA nessa espécie. Nesse contexto, a migração parece ter desempenhado um papel fundamental na distribuição da diversidade genética para áreas mais distantes, o que, por sua vez, pode ter resultado em uma maior variabilidade dentro das populações e na redução das taxas de endogamia.

Notavelmente, em *C. nobilis*, as estimativas de N_e atingiram valores infinitos em 6 das 8 populações analisadas, um fenômeno frequentemente observado em populações grandes com fluxo gênico moderado a alto (Hare et al., 2011), como é o caso nesta pesquisa. Além disso, como ocorre em outros haemulídeos, *C. nobilis* apresenta características reprodutivas e de dispersão que se alinham com o perfil de espécies de grandes tamanhos efetivos de população. Por exemplo, estudos sobre *Haemulon flavolineatum* estimaram tamanhos de censo entre 20 e 100 milhões de indivíduos em uma vasta área do Caribe (Purcell et al., 2006), reforçando a ideia de que grandes populações com alto fluxo gênico podem sustentar a diversidade genética e estimativas de N_e elevadas.

Os gargalos populacionais observados em todas as populações de *C. nobilis* analisadas, tanto nas populações artificiais quanto nas populações genéticas (tabela 3; tabela S9), podem ser um reflexo de eventos históricos, como indicado pela comparação dos nossos resultados de microssatélites com os resultados da análise de mtDNA, realizada por Verba et al. (2019). Além disso, ao considerar os gargalos genéticos observados em *C. nobilis*, com os de *I. parvipinnis*, em nosso estudo, e em *Trinectes paulistanus*, *Pellona harroweri*, *Lutjanus analis* e *Cephalopholis fulva* por De Biasi et al. (2023) amostrados entre

o Rio Doce, SM, BS e CA, podemos reforçar a ideia de que eventos passados nessa área, aliados às pressões contemporâneas, como as pressões de pesca, que essas espécies enfrentam, podem contribuir para os gargalos populacionais.

No caso de *I. parvipinnis* e *C. nobilis*, a vulnerabilidade a pressões ambientais é exacerbada por sua exposição à pesca acidental (*bycatch*) (Lira et al., 2022; Freitas et al., 2023; Barreto et al., 2018; Graça-Lopes et al., 2002; Coelho et al., 1988), especialmente devido à sua natureza costeira e à dependência de estuários (Favero, 2019; Ferreira et al., 2019; Elliot et al., 2007; Passos et al., 2013; Chaves e Boucherau, 2000). Devido a essas características, tanto os adultos quanto os juvenis das espécies se tornam suscetíveis à captura acidental, o que prejudica diretamente a renovação da população e amplifica os efeitos da perda de diversidade genética. Esse ciclo de captura e declínio da diversidade genética dificulta a recuperação da população, tornando-a ainda mais suscetível aos efeitos de deriva genética e da endogamia, comprometendo seu potencial adaptativo a longo prazo.

A soma dessas observações nos leva a sugerir, no momento em que a enxurrada de lama, contendo metais tóxicos, chegou ao estuário do Rio Doce (DO), as populações de ambas as espécies, mais especialmente de *I. parvipinnis*, já estavam enfrentando efeitos de gargalos genéticos populacionais. Isso implica que essas populações já tinham seu potencial adaptativo comprometido, devido à baixa diversidade genética, pequenos tamanhos populacionais e altas taxas de endogamia. Além disso, é importante destacar que para ambas as espécies, DO é a principal fonte de indivíduos migrantes para outras áreas, desempenhando um papel crucial na distribuição da diversidade genética e na contenção da diferenciação entre as populações estudadas. Assim, é razoável concluir que a depender da intensidade do evento sobre as populações dessas espécies em DO, a longo prazo, a degradação do Ne e da viabilidade genética das populações desta área poderá impactar negativamente o potencial evolutivo das populações adjacentes, inclusive aquelas que não foram diretamente atingidas pela lama tóxica.

4.4 Impacto da Barragem do Fundão

Vários estudos têm investigado a relação entre a exposição à contaminação por metais pesados e as alterações nas frequências alélicas e variabilidade genética (e.g., De Biasi et al., 2023; Osmond et al., 2024; Paris et al., 2015; Paris et al., 2024). Embora não tenhamos observado uma diferenciação genética clara entre as áreas analisadas e a região diretamente impactada pela lama de rejeitos da barragem do Fundão, não podemos descartar a possibilidade de que essas mudanças ainda estejam em processo de desenvolvimento.

Apesar de os marcadores microssatélites apresentarem taxas de mutação aceleradas, as variações genéticas tendem a se fixar nas populações apenas após um período de 10 a 100 gerações (Selkoe & Toonen, 2006). Como as amostras foram coletadas entre três e sete anos após o evento, e considerando que as espécies estudadas atingem a maturidade reprodutiva entre um e dois anos (Coelho et al., 1988; Lira et al., 2019; Queirós et al., 2024; Silva et al., 2019), é sugestivo que o tempo transcorrido desde o desastre ainda não tenha sido suficiente para que alterações significativas nas frequências alélicas se fixassem e fossem detectadas. Além disso, devido à maior intensidade do fluxo gênico em peixes marinhos, comparados, por exemplo, a peixes de água doce, a perda de alelos raros pode ser mais gradual.

No entanto, os impactos da lama da barragem do Fundão indicam que as populações aquáticas afetadas estão sob intensa pressão de seleção. O desastre causou soterramento, degradação de habitats e mortalidade em massa na foz do Rio Doce e áreas marinhas adjacentes (Sánchez et al., 2018). A exposição prolongada aos contaminantes, somada à pressão da exploração pesqueira (Lira et al., 2021; Passarone et al., 2020) e ao baixo potencial evolutivo observado em nosso estudo, aumentam a vulnerabilidade dessas espécies. Esses fatores podem acentuar os gargalos populacionais e a perda do tamanho populacional efetivo observados, o que, segundo Frankham et al. (2012), compromete a diversidade genética e a viabilidade das populações. Esses impactos devem ser monitorados a longo prazo, e podem ter por base a presente pesquisa. Contudo, estudos utilizando metodologias de abordagens

transcriptômicas, epigenéticas e/ou de danos diretos ao DNA, conforme realizados por Bougas et al., (2016); Pierron et al., (2022); Paris et al., (2024) são importantes para trazer respostas diretas, complementares e em curto prazo.

5. Conclusões

Em conclusão, este estudo, utilizando marcadores microssatélites, fornece a primeira evidência da existência de grupos genéticos populacionais distintos de *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis* ao longo da costa brasileira. Em *I. parvipinnis*, foi detectada uma forte diferenciação entre três populações genéticas identificadas ao longo da área amostrada. Embora exista uma separação geral entre as regiões norte e sul do estudo, essa diferenciação não está necessariamente associada à localização geográfica. No caso de *C. nobilis*, foram identificados dois clusters genéticos com sobreposições geográficas, e embora a diferenciação populacional seja fraca, ela é estatisticamente significativa. A identificação de uma barreira histórica ao fluxo gênico em nossa área de estudo sugere que a estrutura genética dessas espécies é influenciada tanto por fatores históricos quanto contemporâneos, oferecendo uma base importante para compreender melhor as características das suas histórias de vida.

Embora não tenhamos encontrado relação significativa de causa e efeito entre o impacto provocado pelo rompimento da barragem do Fundão sobre o estuário do Rio Doce e áreas menos ou não diretamente afetadas, observamos que ambas as espécies demonstraram vulnerabilidade às perturbações ambientais. A diversidade genética identificada para as espécies neste estudo variou entre baixa para *I. parvipinnis* a moderada para *C. nobilis*, e pode ser insuficiente para garantir a adaptabilidade a longo prazo frente às intensas pressões de seleção a que as espécies estão expostas. Diante disso, a continuidade do monitoramento e a realização de estudos de viabilidade genética são essenciais para avaliar potenciais prejuízos populacionais em gerações futuras, especialmente considerando os impactos do rompimento da barragem. Ainda que não tenhamos encontrado evidências claras de mudanças até o momento, não podemos descartar essa possibilidade a longo prazo e sugerimos que abordagens utilizando metodologias diretas, como

transcriptômicas e epigenéticas, sejam importantes para complementar as investigações.

Finalmente, ressaltamos que esta pesquisa fornece subsídios para a formulação de políticas efetivas de conservação que garantam a viabilidade dessas espécies a longo prazo. Compreender as dinâmicas de conectividade genética e os impactos das atividades antrópicas, como a degradação do habitat e a poluição, permite que gestores e formuladores de políticas identifiquem áreas e espécies críticas que necessitam de proteção e monitoramento. A identificação de populações vulneráveis, juntamente com a necessidade de um monitoramento contínuo das variações genéticas, deve orientar a implementação de estratégias de manejo adaptativas, como a criação de zonas de recuperação, proteção e a promoção de práticas pesqueiras sustentáveis.

Em nosso estudo, por exemplo, identificamos que, especialmente as populações de *I. parvipinnis* estão sob prováveis efeitos de deriva genética, gargalos populacionais e forte endogamia entre populações estruturadas e identificamos que áreas como SM e CA são essenciais para a manutenção do fluxo gênico entre essas populações. Portanto, essas áreas devem ser consideradas como prioritárias para gestão e monitoramento das atividades de pesca. Acreditamos que mais estudos sejam necessários para compreender a biologia reprodutiva da espécie e buscar alinhar essas informações com o gerenciamento da pesca do camarão na região.

Além disso, identificamos um possível processo recente de diferenciação populacional entre populações de *C. nobilis*, acompanhado de gargalos populacionais, que levanta um alerta para a promoção de novos estudos que busquem integrar as informações das características genéticas da espécie, com padrões históricos e futuros. Ao integrar esses dados em um arcabouço de políticas públicas, é possível não apenas preservar a biodiversidade marinha, mas também promover a resiliência das populações diante das pressões ambientais, assegurando um futuro sustentável para essas espécies e seus ecossistemas.

Agradecimentos: Agradecemos aos coletores locais pela valiosa assistência durante as campanhas de amostragem realizadas no Espírito Santo

e na Bahia, especialmente aos amigos Kenz, Baraúna e Victor Montargil pela colaboração. Agradecemos também ao Programa Monitoramento da Área Ambiental I, estabelecido pelo Acordo de Cooperação Técnico-Científica (001/2018) entre a Fundação de Tecnologia do Espírito Santo (FEST) e a Fundação Renova. Nossa gratidão se estende aos revisores Dr. Rodrigo Augusto Torres, Dr^a Patrícia Belini, Dr^a Josiane Ribolli, Dr^a Rosane Santos pela contribuição valiosa na revisão do trabalho. Por fim, expressamos nossos sinceros agradecimentos à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pelo suporte financeiro à autora Stefânia Pereira Santos.

Declaração de contribuição de autoria. Stefânia Pereira Santos: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Investigação, Curadoria de dados, Análise formal, Redação - Rascunho Original. Juliana Beltramin De Biasi: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. Carolina Barros Machado: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. Carlos Werner Hackradt: Supervisão, Administração de projetos, Validação, Redação - revisão e edição. Fabiana César Félix-Hackradt: Idealização, Conceitualização, Administração de projetos, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição.

Declarações conflitantes de interesses. Os autores declaram não haver conflitos de interesse em relação aos dados apresentados.

Financiamento. O presente estudo foi realizado como parte do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática (PMBA), estabelecido pelo Acordo Técnico-Científico (001/2018) entre a UFES, a FEST e a Fundação Renova. Além disso, contou com o suporte de uma bolsa de doutorado financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB).

Referências bibliográficas

- Aguiar, V. M., Neto, J. A. B., Quaresma, V. S., Bastos, A. C., & Athayde, J. P. M. (2020). Bioavailability and ecological risks of trace metals in bottom sediments from Doce River continental shelf before and after the biggest environmental disaster in Brazil: The collapse of the Fundão Dam. *Journal of Environmental Management*, 272, 111086. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111086>
- Allendorf, F. W., Berry, O., & Ryman, N. (2014). So long to genetic diversity, and thanks for all the fish. *Molecular Ecology*, 23(1), 23–25. <https://doi.org/10.1111/mec.12574>
- Almeida, R., Mateus, C. S., Alves, M. J., Marques, J. P., Pereira, J., Prista, N., Cabral, H., Almeida, P. R., & Quintella, B. R. (2022). Evidence of genetic segregation among meagre (*Argyrosomus regius*) Atlantic spawning areas. *Journal of Marine Science and Engineering*, 10, 1843. <https://doi.org/10.3390/jmse10121843>
- Andrade-Tubino, M. F., Ribeiro, A. L. R., & Vianna, M. (2008). Organização espaçotemporal das ictiocenoses demersais nos ecossistemas estuarinos brasileiros: Uma síntese. *Oecologia Brasiliensis*, 12(4), 640–661. <https://doi.org/10.4257/oeco.2008.1204.05>
- Andrades, R., Guabiroba, H. C., Hora, M. S. C., Martins, R. F., Rodrigues, V. L. A., Vilar, C. C., Giarrizzo, T., & Joyeux, J.-C. (2020). Early evidences of niche shifts in estuarine fishes following one of the world's largest mining dam disasters. *Marine Pollution Bulletin*, 154, 111073. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111073>
- Arce-Valdés, L. R., Abadía-Cardoso, A., Arteaga, M. C., Peñaranda-Gonzalez, L. V., Ruiz-Campos, G., & Enríquez-Paredes, L. M. (2023). No effects of fishery collapse on the genetic diversity of the Gulf of California Corvina, *Cynoscion othonopterus* (Perciformes: Sciaenidae). *Fisheries Research*, 261, 106608. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2023.106608>
- Avise, J. C. (2000). *Phylogeography: The history and formation of species*. Harvard University Press. <https://doi.org/10.2307/j.ctv1nzfj7>
- Balk, D., Montgomery, M. R., McGranahan, G., Kim, D., Mara, V., Todd, M., ... & Montgomery, M. (2009). Mapping urban settlements and the risks of climate change in Africa, Asia and South America. In J. M. Guzmán, G. Martine, G. McGranahan, D. Schensul, & C. Tacoli (Eds.), *Population dynamics and climate change* (pp. 80-103). United Nations Population Fund (UNFPA); International Institute for Environment and Development (IIED).
- Barreto, T. M. R. R., Freire, K. M. F., Reis-Júnior, J. J. C., Rosa, L. C., Carvalho-Filho, A., & Rotundo, M. M. (2018). Fish species caught by shrimp trawlers off the coast of Sergipe, in North-Eastern Brazil, and their length–weight relations. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 48(3), 277–283. <https://doi.org/10.3750/AIEP/02334>
- Barrilli, G.H.C., Tatsumi, S., De Biasi, J.B., Cruz, A.R.S., Oliveira, T.C.T., Hostim-Silva, M., Hackradt, C.W. & Félix-Hackradt, F.C. (2024) Simplified fish larval

supply in coastal areas after a dam burst in Brazil. *Marine Pollution Bulletin*, 205, 116615. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116615>

Beck, M.W., Heck Jr., K.L., Able, K.W., Childers, D.L., Eggleston, D.B., Gillanders, B.M., Halpern, B., Hays, C.G., Hoshino, K., Minello, T.J., Orth, R.J., Sheridan, P.F. & Weinstein, M.P. (2001) The identification, conservation, and management of estuarine and marine nurseries for fish and invertebrates. *Bioscience*, 51(8), 633–641. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2001\)051\[0633:TICAMO\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2001)051[0633:TICAMO]2.0.CO;2)

Bernardino, A. F., Pagliosa, P. R., Lana, P. C., & Netto, S. A. (2016). Benthic estuarine communities in Brazil: Moving forward to long term studies to assess climate change impacts. *Brazilian Journal of Oceanography*, 64(special issue), 27–35. <https://doi.org/10.1590/S1679-875920160849064sp2>

Biomatters. (2014). Geneious 7.1.9.9. [Software]. <https://www.geneious.com>

Bonecker, A. C. T., Costa, P. G., Bianchini, A., & Bonecker, S. L. C. (2019). Larval fish assemblages of the coastal area affected by the tailings of the collapsed dam in southeast Brazil. *Regional Studies in Marine Science*, 32, 100848. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2019.100848>

Bonecker, A. C. T., Gomes, M. P., Nascimento, P. D., Menezes, N., & Silva, G. (2021). An integrated study of the plankton community after four years of Fundão dam disaster. *Science of the Total Environment*, 781, 150613. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150613>

Bonecker, A. C. T., Oliveira, A. A., Araújo, P. P., & Lopes, R. M. (2022). Monitoring of ichthyoplanktonic community at the Doce River mouth and adjacent marine region in Southeast Brazil after Fundão dam collapse. *Journal of Sea Research*, 189, 102284. <https://doi.org/10.1016/j.seares.2022.102284>

Bougas, B.; Grasset, J.; Defo, M.A.; Campbell, P.G.C.; Couture, P.; Bernatchez, L. 2016. Transcriptional response of yellow perch to changes in ambient metal concentrations-A reciprocal field transplantation experiment. *Aquatic toxicology* v 173, 132–142. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2015.12.014>

Branco, J. O., & Verani, J. R. (2006). Quali-quantitative analysis of sea-bob shrimp's ichthyofauna bycatch, at Armação do Itapocoroy, Penha, Santa Catarina. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 49(2), 223–232. <https://doi.org/10.1590/S0101-81752006000200011>.

Braga, R. T., Rodrigues, J. F. M., Diniz-Filho, J. A. F., & Rangel, T. F. (2019). Genetic population structure and allele surfing during range expansion in dynamic habitats. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 91, e20180179. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201920180179>

Briggs, J. C., & Bowen, B. W. (2012). A realignment of marine biogeographic provinces with particular reference to fish distributions. *Journal of Biogeography*, 39(1), 12–30. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2011.02613.x>

Cadrin, S.X., Friedland, K.D. & Waldman, J. (2014) Stock identification methods: applications in fishery science. In: Cadrin, S.X., Karr, L.A. & Mariani, S. (eds.), *Stock identification methods: an overview*, 2nd edn. Academic Press, Cambridge, pp. 1–5.

Carmo, F. F., Yoshino Kamino, L. H., Tobias Junior, R., de Campos, I. C., Fonseca do Carmo, F., Silvino, G., Silva Xavier de Castro, K. J., Leite Mauro, M., Uchoa Alonso Rodrigues, N., Miranda, M. P. de S., & Pinto, C. E. F. (2017). Fundão tailings dam failures: The environmental tragedy of the largest technological disaster of Brazilian mining in global context. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 15(4), 145–151. <https://doi.org/10.1016/j.pecon.2017.06.002>

Carvalho-Filho, A. (1999). *Peixes: costa brasileira* (3rd ed.). Melro.

Cattani, A. P., Santos, L. de O., Spach, H. L., Budel, B. R., & Guanais, J. H. D. (2011). Avaliação da ictiofauna da fauna acompanhante da pesca do camarão sete-barbas do município de Pontal do Paraná, litoral do Paraná, Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca*, 37(2), 247–260.

Cervigón, F., Cipriani, R., Fischer, W., Garibaldi, L., Hendrickx, M., Lemus, A. J., Márquez, R., Poutiers, J. M., Robaina, G., & Rodriguez, B. (1992). *Fichas FAO de identificación de especies para los fines de la pesca: guía de campo de las especies comerciales marinas y de aguas salobres de la costa septentrional de Sur América*. FAO.

Chaves de Tarso, P., Rickli, A., & Bouchereau, J.-L. (1998). Stratégie d'occupation de la mangrove de la baie de Guaratuba (Brésil) par le Sciaenidae prédateur *Isopisthus parvipinnis* (Teleostei, Pisces). *Cahiers de Biologie Marine*, 39, 63–71.

Chaves, P., & Bouchereau, J.-L. (2000). Use of mangrove habitat for reproductive activity by the fish assemblage in the Guaratuba Bay, Brazil. *Oceanologica Acta*, 23(3), 273–280.

Chessel, D., Dufour, A., & Thioulouse, J. (2004). The ade4 Package – I: One-Table Methods. *R News*, 4(1), 5-10. <https://cran.r-project.org/doc/Rnews/>

Chen, C.-T., Robitzch, V., Sturaro, N., Lepoint, G., Berumen, M. L., & Frédérick, B. (2019). 'Homemade': The phenotypic diversity of coral reef damselfish populations is driven by the local environment. *Biological Journal of the Linnean Society*. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blz049>

Coelho, A. P., Puzzi, J., Lopes, A. G., Rodrigues, R. S., & Pietro, E. J. (1986). Análise da rejeição de peixes na pesca artesanal dirigida ao camarão sete-barbas (*Xiphopenaeus kroyeri*) no litoral do estado de São Paulo. *Boletim do Instituto de Pesca*, 13(2), 51–61.

Coelho, A. P., Lopes, J. G., Rodrigues, R. S., Puzzi, E., & Puzzi, A. (1988). Aspectos biológicos e pesqueiros do sciaenidae *Isopisthus parvipinnis* (Cuvier, 1830), Teleostei, Perciformes, Sciaenidae presente no rejeitado da pesca

artesanal dirigida ao camarão-sete-barbas (São Paulo, Brasil). *Boletim do Instituto de Pesca*, 15(1), 85–94.

Coelho-Souza, S. A., López, M. S., Guimarães, J. R. D., Coutinho, R., & Candella, R. N. (2012). Biophysical interactions in the Cabo Frio upwelling system, southeastern Brazil. *Brazilian Journal of Oceanography*, 60(3), 353–365. <https://doi.org/10.1590/S1679-87592012000300008>

Coimbra, M. R. M., Benevides, E., Farias, R. da S., da Silva, B. C. N. R., Cloux, S., Pérez-Muñuzuri, V., Vera, M., & Torres, R. (2023). Restricted connectivity for cobia *Rachycentron canadum* (Perciformes: Rachycentridae) in the Western Atlantic Ocean. *Fish and Fisheries*. <https://doi.org/10.1111/fog.12642>

Cortinhas, M. C. da S., Kersanach, R., Proietti, M., Dumont, L. F. C., D’Incao, F., Lacerda, A. L. F., Prata, P. S., Matoso, D. A., Noletto, R. B., Ramsdorf, W., Aiex Boni, T., Prioli, A. J., & Cestari, M. M. (2016). Genetic structuring among silverside fish (*Atherinella brasiliensis*) populations from different Brazilian regions. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 178, 148–157. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2016.06.007>

Costa, T. L. A., Pennino, M. G., & Mendes, L. F. (2017). Identifying ecological barriers in marine environment: The case study of *Dasyatis marianae*. *Marine Environmental Research*, 125, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2016.12.005>

Cowen, R. K., & Sponaugle, S. (2009). Larval dispersal and marine population connectivity. *Annual Review of Marine Science*, 1, 443–466. <https://doi.org/10.1146/annurev.marine.010908.163757>

Dahlgren, C. P., Kellison, G. T., Adams, A. J., Gillanders, B. M., Kendall, M. S., Layman, C. A., Ley, J. A., Nagelkerken, I., & Serafy, J. E. (2006). Marine nurseries and effective juvenile habitats: Concepts and applications. *Marine Ecology Progress Series*, 312, 291-295. <https://doi.org/10.3354/meps312291>

Damascena, J. S., Siccha-Ramirez, R., Morales, M. J. A., Oliveira, C., Torres, R. A., Costa, E. N., Silva-Oliveira, G. C., Vallinoto, M., Machado, L. F., Tosta, V. C., Farro, A. P. C., & Hostim-Silva, M. (2015). Mitochondrial DNA evidences reflect an incipient population structure in Atlantic goliath grouper (*Epinephelus itajara*, Epinephelidae) in Brazil. *Scientia Marina*, 79(4), 000-000. <https://doi.org/10.3989/scimar.04203.20A>

D’Anatro, A., Pereira, AN & Lessa, EP Genetic structure of the white croaker, *Micropogonias furnieri* Desmarest 1823 (Perciformes: Sciaenidae) along Uruguayan coasts: contrasting marine, estuarine, and lacustrine populations. *Environ Biol Fish* 91, 407–420 (2011). <https://doi.org/10.1007/s10641-011-9799-x>

De Biasi, J. B., Dias, R. M., Santos, V. C., Mantellato, A. M. B., Farro, A. P. C., Hostim-Silva, M., Hackrad, C. W., & Félix-Hackrad, F. C. (2023). The effect of a mining dam failure on the genetic diversity and population resilience of marine

fishes along the eastern Brazilian coast. *Marine Coastal and Shelf Science*, 68, 103239. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.103239>

DeWoody, J. A., & Avise, J. C. (2000). Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *Journal of Fish Biology*, 56, 461–473. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2000.tb00748.x>

Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. (2014). Ne Estimator V2: Re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 14(1), 209–214. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>

Dunlop, E. S., Eikeset, A. M., & Stenseth, N. C. (2015). From genes to populations: How fisheries-induced evolution alters stock productivity. *Ecological Applications*, 25(6), 1580–1596. <https://doi.org/10.1890/14-1862.1>

Durrant, C. J., Stevens, J. R., Hogstrand, C., & Bury, N. R. (2011). The effect of metal pollution on the population genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) residing in the River Hayle, Cornwall, UK. *Environmental Pollution*, 159(12), 3595–3603. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2011.08.005>

Ellegren, H. (2004). Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5(6), 435–445. <https://doi.org/10.1038/nrg1348>

Elliott, M., Whitfield, A. K., Potter, I. C., Blaber, S. J. M., Cyrus, D. P., Nordlie, F. G., & Harrison, T. D. (2007). The guild approach to categorizing estuarine fish assemblages: a global review. *Diversity and Distribution*, 13(5), 559–570. <https://doi.org/10.1111/j.1467-2679.2007.00253.x>

Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>

Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite v. 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

Faubet, P., Waples, R., & Gaggiotti, O. E. (2007). Evaluating the performance of a multilocus Bayesian method for the estimation of migration rates. *Molecular Ecology*, 16, 1149–1166. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03218.x>

Favero, F. d. L. T. (2019). *Diversidade funcional da ictiofauna da zona de arrebentação de Jaguaribe, Itamaracá, litoral norte de Pernambuco* (Dissertação). Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil.

Ferreira, V., Le Loc'h, F., Ménard, F., Frédou, T., & Frédou, F. L. (2019). Composition of the fish fauna in a tropical estuary: The ecological guild approach. *Scientia Marina*, 83(2), 000–000. <https://doi.org/10.3989/scimar.04855.25A>

- Francis, R. M. (2017). pophelper: An R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular Ecology Resources*, 17(1), 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>
- Frankham, R. (1995). Conservation genetics. *Annual Review of Genetics*, 29, 305–327. <https://doi.org/10.1146/annurev.ge.29.120195.001513>
- Frankham, R. (2002). Predicting extinction risk. *Nature*, 419, 018. <https://doi.org/10.1038/419018a>
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2010). Effects of population size reduction. In *Introduction to conservation genetics* (2nd ed., pp. 229–230). Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511809002.014>
- Frankham, R., Ballou, J. D., Dudash, M. R., & et al. (2012). Implications of different species concepts for conserving biodiversity. *Biological Conservation*, 153, 25–31. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.04.034>
- Frankham, R., Bradshaw, C. J. A., & Brook, B. W. (2014). Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, red list criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170, 56–63. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2013.12.036>
- Franklin, I. R., & Frankham, R. (1998). How large must populations be to retain evolutionary potential? In *Animal Conservation Forum* (Vol. 1, pp. 69–70). Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.1998.tb00228.x>
- Fraser, D. J., Hansen, M. M., Østergaard, S., Tessier, N., Legault, M., & Bernatchez, L. (2007). Comparative estimation of effective population sizes and temporal gene flow in two contrasting population systems. *Molecular Ecology*, 16(18), 3866–3889. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03453.x>
- Freitas, A. J. R. de, Passarone, R., Lira, A. S., Pelage, L., & Lucena-Frédou, F. (2023). Vulnerability assessment of species caught by the shrimp trawl fishery in northeastern Brazil. *Regional Studies in Marine Science*, 61, 102949. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.102949>
- Fernandes, G. W., et al. (2016). Deep into the mud: Ecological and socio-economic impacts of the dam breach in Mariana, Brazil. *Natureza e Conservação*, 14(2), 35–45. <https://doi.org/10.1016/j.ncon.2016.10.003>
- Fisher, R.A. (1925). *Statistical methods for research workers* (11th ed. rev.). Oliver and Boyd: Edinburgh.
- Floeter, S. R., Rocha, L. A., Robertson, D. R., Joyeux, J. C., Smith-Vaniz, W. F., Wirtz, P., Edwards, A. J., Barreiros, J. P., Ferreira, C. E. L., Gasparini, J. L., Brito, A., Falco'n, J. M., Bowen, B. W., & Bernardi, G. (2008). Atlantic reef fish biogeography and evolution. *Journal of Biogeography* (*J. Biogeogr.*), 35(1), 22–47. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2007.01790.x>

Gabriel, F. Â., et al. (2020). Contamination and oxidative stress biomarkers in estuarine fish following a mine tailing disaster. *PeerJ*, 8. <https://doi.org/10.7717/peerj.10266>

Gama-Maia, D. de J., Calado, L. L., Bitencourt, J. de A., Affonso, P. R. A. de M., Souza, G., Torres, R. A., & Jacobina, U. P. (2024). Multispecies genetic approach reveals divergent connectivity patterns in marine fish from Western Atlantic. *Marine Biodiversity*, 54(4). <https://doi.org/10.1007/s12526-023-01399-0>

Gandra, M., Assis, J., Martins, M. R., & Abecasis, D. (2021). Reduced global genetic differentiation of exploited marine fish species. *Molecular Biology and Evolution*, 38(4), 1402–1412. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa299>

Garcia, J. Jr., L. F., Sampaio, C. L. S., & Lins, J. E. (2010). *Biodiversidade marinha da Bacia Potiguar: Ictiofauna* (Série Livros 38). Museu Nacional.

Gary, S. F., Fox, A. D., Biastoch, A., Roberts, J. M., & Cunningham, S. A. (2020). Larval behaviour, dispersal and population connectivity in the deep sea. *Scientific Reports*, 10, 10675. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67503-7>

Garza, J. C., & Williamson, E. G. (2001). Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 10, 305–318. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2001.01190.x>

Gerlach, G., Jueterbock, A., Kraemer, P., Deppermann, J., & Harmand, P. (2010). Calculations of population differentiation based on GST and D: Forget GST but not all of statistics! *Molecular Ecology*, 19(18), 3845–3852. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2010.04784.x>

Ghisolfi, R. D., Pereira da Silva, M., Thomaz dos Santos, F., Servino, R. N., Cirano, M., & Thompson, F. L. (2015). Physical forcing mechanisms controlling the variability of chlorophyll-a over the Royal-Charlotte and Abrolhos Banks—Eastern Brazilian Shelf. *PLOS ONE*, 10(2), e0117082. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117082>

Gold, J. R., & Richardson, L. R. (1998). Mitochondrial DNA diversification and population structure in fishes from the Gulf of Mexico and Western Atlantic. *Journal of Heredity*, 89(5), 404–414. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.404>

Gollner, S., Kaiser, S., Menzel, L., Jones, D. O. B., Brown, A., Mestre, N. C., Oevelen, D., Menot, L., Colaço, A., Canals, M., Cuvelier, D., Durden, J. M., Gebruk, A., Egho, G. A., Haeckel, M., Marcon, Y., Mevenkamp, L., Morato, T., Pham, C. K., Purser, A., Sanchez-Vidal, A., Vanreusel, A., Vink, A., & Arbizu, P. M. (2017). Resilience of benthic deep-sea fauna to mining activities. *Marine Environmental Research*, 129, 76–101. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2017.04.010>

Gomes, L. E., Correa, L., Sá, F., Neto, R., & Bernardino, A. (2017). The impacts of the Samarco mine tailing spill on the Rio Doce estuary, Eastern Brazil. *Marine Pollution Bulletin*, 120. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.04.056>

González-Salas, C., Pérez-España, H., Guillén-Hernández, S., Barrera-Guzmán, A., Pech-Puch, D., Díaz-Gamboa, R., & Villegas-Hernández, H. (2021). Population discrimination of the French grunt, *Haemulon flavolineatum* (Desmarest, 1823) between the Campeche Bank and the Mexican Caribbean Sea, inferred by microsatellite loci. *Regional Studies in Marine Science*, *44*, 101749. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2021.101749>

Graça-Lopes, R., Tomás, A. R. G., Tutui, S. L. dos S., Rodrigues, E. S., & Puzzi, A. (2002). Fauna acompanhante da pesca camaroeira no litoral do estado de São Paulo, Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca*, *28*(2), 173–188.

Green, A. L., Maypa, A. P., Almany, G. R., Rhodes, K. L., Weeks, R., Abesamis, R. A., Gleason, M. G., Mumby, P. J., & White, A. T. (2015). Larval dispersal and movement patterns of coral reef fishes, and implications for marine reserve network design. *Biological Reviews*, *90*(4), 1215–1247. <https://doi.org/10.1111/brv.12155>

Greenbaum, G., Templeton, A. R., Zarmi, Y., & Bar-David, S. (2014). Allelic richness following population founding events: A stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS ONE*, *9*(12), e115203. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115203>

Guinand, B., Durieux, E. D., Dupuy, C., Cerqueira, F., & BéGout, M. L. (2011). Phenotypic and genetic differentiation in young-of-the-year common sole (*Solea solea*) at differentially contaminated nursery grounds. *Marine Environmental Research*, *71*(3), 195–206. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2011.01.003>

Gu, D. E., Mu, X. D., Song, H. M., Luo, D., Xu, M., Luo, J. R., & Hu, Y. C. (2014). Genetic diversity of invasive *Oreochromis* spp. (tilapia) populations in Guangdong province of China using microsatellite markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, *55*, 198–204. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2014.03.035>

Haffray, P., Malha, R., Ould Taleb Sidi, M., Prista, N., Hassan, M., Castelnaud, G., Karahan-Nomm, B., Gamsiz, K., Sadek, S., Bruant, J.-S., Balma, P., & Bonhomme, F. (2012). Very high genetic fragmentation in a large marine fish, the meagre *Argyrosomus regius* (Sciaenidae, Perciformes): Impact of reproductive migration, oceanographic barriers, and ecological factors. *Aquatic Living Resources*, *25*(2), 173–183. <https://doi.org/10.1051/alr/2012016>

Hague, M., & Routman, E. (2016). Does population size affect genetic diversity? A test with sympatric lizard species. *Heredity*, *116*, 92–98. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.76>

Hare, M. P., Nunney, L., Schwartz, M. K., Ruzzante, D. E., Burford, M., Waples, R. S., & Palstra, F. (2011). Understanding and estimating effective population size for practical application in marine species management. *Conservation Biology*, *25*(3), 438–449. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2010.01637.x>

Hauser, L., Adcock, G. J., Smith, P. J., Bernal Ramírez, J. H., & Carvalho, G. R. (2002). Loss of microsatellite diversity and low effective population size in an

overexploited population of New Zealand snapper (*Pagrus auratus*). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 99(18), 11742–11747. <https://doi.org/10.1073/pnas.172242899>

Henriques, R., Potts, W. M., Santos, C. V., Sauer, W. H. H., & Shaw, P. W. (2014). Population connectivity and phylogeography of a coastal fish, *Atractoscion aequidens* (Sciaenidae), across the Benguela Current region: Evidence of an ancient vicariant event. *PLOS ONE*, 9(2), e87907. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0087907>

Holt, R. E., & Jørgensen, C. (2015). Climate change in fish: Effects of respiratory constraints on optimal life history and behaviour. *Biology Letters*, 11, 20141032. <http://dx.doi.org/10.1098/rsbl.2014.1032>

Hoff, N. T., Dias, J. F., Zani-Teixeira, M. de L., Soeth, M., & Correia, A. T. (2020a). Population structure of the bigtooth corvina *Isopisthus parvipinnis* from the Southwest Atlantic Ocean as determined by whole-body morphology. *Regional Studies in Marine Science*, 39, 101379. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2020.101379>

Hoff, N. T., Dias, J. F., Zani-Teixeira, M. de L., & Correia, A. T. (2020b). Spatio-temporal evaluation of the population structure of the bigtooth corvina *Isopisthus parvipinnis* from Southwest Atlantic Ocean using otolith shape signatures. *Journal of Applied Ichthyology*, 36(6), 1050–1060. <https://doi.org/10.1111/jai.14044>

Hoffmann, A. A., Sgrò, C. M., & Kristensen, T. N. (2017). Revisiting adaptive potential, population size, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 32(8), 506–517. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.03.012>

Houde, E. D., Able, K. W., Strydom, N. A., Wolanski, E., & Arula, T. (2022). Chapter 3: Reproduction, ontogeny, and recruitment. In A. K. Whitfield, K. W. Able, S. J. M. Blaber, & M. Elliott (Eds.), *Fish and fisheries in estuaries: A global perspective*, Volume 1 (1st ed.). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119705345.ch3>

Jan, R.-Q. (2000). Resource limitation underlying reproductive strategies of coral reef fishes: A hypothesis. *Zoological Studies*, 39(3), 266-274.

Jombart, T. (2008). adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24(11), 1403–1405.

Jombart, T., Devillard, S., & Balloux, F. (2010). Discriminant analysis of principal components: A new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics*, 11(1), 1–15.

Jombart, T., & Ahmed, I. (2011). adegenet 1.3-1: New tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*, 27(21), 3070–3071. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr521>

- Jones, C. M. (2006). Chapter 4: Estuarine and diadromous fish metapopulations. In J. P. Kritzer & P. F. Sale (Eds.), *Marine metapopulations* (pp. 119–154). <https://doi.org/10.1016/B978-012088781-1/50007-8>
- Jost, L. (2008). GST and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17(18), 4015–4026. <https://doi:10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x>
- Jost, L., Archer, F., Flanagan, S., Gaggiotti, O., Hoban, S., & Latch, E. (2018). Differentiation measures for conservation genetics. *Evolutionary Applications*, 11(7), 1139–1148. <https://doi.org/10.1111/eva.12590>
- Kamvar, Z. N., Tabima, J. F., & Grünwald, N. J. (2014). Poppr: An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*, 2, e281. <https://doi.org/10.7717/peerj.281>
- Keenan, K., McGinnity, P., Cross, T., Crozier, W. W., & Prodöhl, P. (2013). diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*, 4(8), 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
- Kennish, M. J. (2021). Drivers of change in estuarine and coastal marine environments: An overview. *Open Journal of Ecology*, 11(3), 224-239. <https://doi.org/10.4236/oje.2021.113017>
- Kim, J.-K., Min, G.-S., Yoon, M., Kim, Y., Choi, J. H., Oh, T. Y., & Ni, Y. (2012). Genetic structure of *Larimichthys polyactis* (Pisces: Sciaenidae) in the Yellow and East China Seas inferred from microsatellite and mitochondrial DNA analyses. *Animal Cells and Systems*, 16(4), 313–320. <https://doi.org/10.1080/19768354.2011.652668>
- Kutter, V. T., Martins, G. S., Brandini, N., Cordeiro, R. C., Almeida, J. P. A., & Marques, E. D. (2023). Impacts of a tailings dam failure on water quality in the Doce River: The largest environmental disaster in Brazil. *Journal of Trace Elements and Minerals*, 5, 100084. <https://doi.org/10.1016/j.jtemin.2023.100084>
- Lazoski, C., Gusmão, J., Boudry, P., & Solé-Cava, A. M. (2011). Phylogeny and phylogeography of Atlantic oyster species: Evolutionary history, limited genetic connectivity and isolation by distance. *Marine Ecology Progress Series*, 426, 197–212. <https://doi.org/10.3354/meps09035>
- Lines, R., Juggernauth, M., Peverley, G., Keating, J., Simpson, T., Mousavi-Derazmahalleh, M., Bunce, M., Berry, T. E., Taysom, A., Bernardino, A. F., & Whittle, P. (2023). A large scale temporal and spatial environmental DNA biodiversity survey of marine vertebrates in Brazil following the Fundão tailings dam failure. *Marine Environmental Research*, 192, 106239. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106239>
- Lino, A., Fonseca, C., Rojas, D., Fischer, E., & Ramos Pereira, M. J. (2019). A meta-analysis of the effects of habitat loss and fragmentation on genetic diversity in mammals. *Mammalian Biology*, 94, 69–76. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.09.006>

Lira, A. S., Viana, A. P., Eduardo, L. N., Lucena-Fredou, F., & Frédou, T. (2019). Population structure, size at first sexual maturity, and feeding ecology of *Conodon nobilis* (Actinopterygii: Perciformes: Haemulidae) from the coasts of Pernambuco, North-eastern Brazil. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 49(4), 389–398. <https://doi.org/10.3750/AIEP/02578>

Lira, A. S., Le Loc'h, F., Andrade, H. A., & Lucena-Fredou, F. (2022). Vulnerability of marine resources affected by a small-scale tropical shrimp fishery in Northeast Brazil. *ICES Journal of Marine Science*. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsac004>

Li, Y. L., & Liu, J. X. (2018). StructureSelector: A web-based software for selecting and visualizing the ideal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, 18, 176–177. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12719>

Lowe, W. H., & Allendorf, F. W. (2010). What can genetics tell us about population connectivity? *Molecular Ecology*, 19(16), 3038–3051. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04688.x>

Luiz, O. J., Allen, A. P., Robertson, D. R., Floeter, S. R., Kulbicki, M., Vigliola, L., Becheler, R., & Madin, J. S. (2013). Adult and larval traits as determinants of geographic range size among tropical reef fishes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)*, 110(41), 16498–16502. <https://doi.org/10.1073/pnas.1304074110>

Macêdo, A. K. S., Santos, K. P. E., Brighenti, L. S., Windmüller, C. C., Barbosa, F. A. R., Ribeiro, R. I. M. A., Santos, H. B., & Thomé, R. G. (2020). Histological and molecular changes in gill and liver of fish (*Astyanax lacustris* Lütken, 1875) exposed to water from the Doce basin after the rupture of a mining tailings dam in Mariana, MG, Brazil. *Science of The Total Environment*, 735, 139505. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139505>

Macêdo, A. K. S., de Oliveira, T. de C. M., Brighenti, L. S., dos Santos, H. B., & Thomé, R. G. (2023). Socio-environmental impacts on the Doce River basin, Brazil: A review from historic pollution to large disaster events. *International Journal of Environmental Science and Technology*. <https://doi.org/10.1007/s13762-023-05350-5>

Machado, L. F., Damasceno, J. de S., Bertoncini, Á. A., Tosta, V. C., Farro, A. P. C., Hostim-Silva, M., & Oliveira, C. (2017). Population genetic structure and demographic history of the spadefish, *Chaetodipterus faber* (Ephippidae) from Southwestern Atlantic. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 487, 45–52. <https://doi.org/10.1016/j.jembe.2016.11.005>

Machado, C. B., Braga-Silva, A., Freitas, P. D., & Galetti Jr., P. M. (2022). Damming shapes genetic patterns and may affect the persistence of freshwater fish populations. *Freshwater Biology*, 67, 603–618. <https://doi.org/10.1111/fwb.13866>

Maes, G. E., Raeymaekers, J. A., Pampoulie, C., Seynaeve, A., Goemans, G., Belpaire, C., & Volckaert, F. A. (2005). The catadromous European eel *Anguilla*

anguilla (L.) as a model for freshwater evolutionary ecotoxicology: Relationship between heavy metal bioaccumulation, condition and genetic variability. *Aquatic Toxicology*, 73(1), 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2005.01.010>

Mai, A. C. G., Miño, C. I., Marins, L. F. F., Monteiro-Neto, C., Miranda, L., Schwingel, P. R., Lemos, V. M., Gonzalez-Castro, M., & Castello, J. P. (2014). Microsatellite variation and genetic structuring in *Mugil liza* (Teleostei: Mugilidae) populations from Argentina and Brazil. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 149, 80–86. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2014.07.013>

Marques, J. F., Fonseca, V. F., Shao, Z., Cabral, H. N., Tougard, C., & Berrebi, P. (2012). Genetic diversity of *Pomatoschistus microps* (Perciformes: Gobiidae) in ecologically differentiated estuarine systems. *Folia Zoologica*, 61(2), 106–117. <https://doi.org/10.25225/fozo.v61.i2.a3.2012>

Marta-Almeida, M., Mendes, R., Amorim, F. N., Cirano, M., & Dias, J. M. (2016). Fundão Dam collapse: Oceanic dispersion of River Doce after the greatest Brazilian environmental accident. *Marine Pollution Bulletin*, 112(1–2), 3–14. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.07.039>

Martins, N. T., Macagnan, L. B., Cassano, V., & Gurgel, C. F. D. (2022). Brazilian marine phylogeography: A literature synthesis and analysis of barriers. *Molecular Ecology*, 31, 5423–5439. <https://doi.org/10.1111/mec.16684>

Mazzei, E. F., Bertocini, A. A., Pinheiro, H. T., Machado, L. F., Vilar, C. C., Guabiroba, H. C., Costa, T. J. F., Bueno, L. S., Santos, L. N., Francini-Filho, R. B., Hostim-Silva, M., & Joyeux, J. C. (2017). Newly discovered reefs in the southern Abrolhos Bank, Brazil: Anthropogenic impacts and urgent conservation needs. *Marine Pollution Bulletin*, 114(1), 123–133. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.08.059>

Mazzei, E. F., Pinheiro, H. T., Simon, T., Silva, L. C. R., & Lessa, R. (2021). Mechanisms of dispersal and establishment drive a stepping stone community assembly on seamounts and oceanic islands. *Marine Biology*, 168(109). <https://doi.org/10.1007/s00227-021-03919-7>

Medeiros, A. O., Missagia, B. S., Brandão, L. R., Callisto, M., Barbosa, F. A., & Rosa, C. A. (2012). Water quality and diversity of yeasts from tropical lakes and rivers from the Doce River basin in Southeastern Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*, 43(4), 1582–1594. <https://doi.org/10.1590/S1517-83822012000400043>

Medina, M., Correa, J., & Barata, C. (2007). Micro-evolution due to pollution: Possible consequences for ecosystem responses to toxic stress. *Chemosphere*, 67, 2105–2114.

Menezes, N. A., & Figueiredo, J. L. (1980). *Manual de peixes marinhos do Sudeste do Brasil. IV. Teleostei* (3). Universidade de São Paulo.

Molina, W. (2007). Chromosomal changes and stasis in marine fish groups. In *Fish cytogenetics* (pp. 69–110). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/b10746-4>

- Moraes, A. M., Ruiz-Miranda, C. R., Ribeiro, M. C., Grativol, A. D., Carvalho, C. S., Dietz, J. M., & Galetti, P. M. (2017). Temporal genetic dynamics of reintroduced and translocated populations of the endangered golden lion tamarin (*Leontopithecus rosalia*). *Conservation Genetics*, 18(5), 995–1009. <https://doi.org/10.1007/s10592-017-0948-4>
- Morrison, R. A., & Sandin, S. A. (2011). Biogeography and population connectivity of coral reef fishes. In O. Grillo (Ed.), *Changing Diversity in Changing Environment* (pp. 299–322). InTech. <https://doi.org/10.5772/24286>
- Mussali-Galante, P., Tovar-Sánchez, E., Valverde, M., Valencia-Cuevas, L., & Rojas, E. (2013). Evidence of population genetic effects in *Peromyscus melanophrys* chronically exposed to mine tailings in Morelos, Mexico. *Environmental Science and Pollution Research*, 20, 7666–7679. <https://doi.org/10.1007/s11356-012-1263-8>
- Nagelkerken, I., Sheaves, M., Baker, R., & Connolly, R. M. (2015). The seascape nursery: A novel spatial approach to identify and manage nurseries for coastal marine fauna. *Fish and Fisheries*, 16(2), 362–371.
- Neumann, B., Vafeidis, A. T., Zimmermann, J., & Nicholls, R. J. (2015). Future coastal population growth and exposure to sea-level rise and coastal flooding - A global assessment. *PLoS ONE*, 10(3), e0118571. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0118571>
- Oliveira, A. M. E. (1974). Ictiofauna das águas estuarinas do rio Parnaíba (Brasil). *Arquivo de Ciências do Mar*, 14, 41–45.
- Oliveira, V. K. M., Faria, D. M., Cunha, H. A., dos Santos, T. E. C., Colosio, A. C., Barbosa, L. A., Freire, M. C. C., & Farro, A. P. C. (2020). Low genetic diversity of the endangered Franciscana (*Pontoporia blainvillei*) in its northernmost, isolated population (FMAIa, Espírito Santo, Brazil). *Frontiers in Marine Science*. <https://doi.org/10.3389/fmars.2020.608276>
- O'Reilly, P. T., Canino, M. F., Bailey, K. M., & Bentzen, P. (2004). Inverse relationship between F_{st} and microsatellite polymorphism in the marine fish, walleye pollock (*Theragra chalcogramma*): Implications for resolving weak population structure. *Molecular Ecology*, 13(7), 1799–1814. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02214.x>
- Osmond, D. R., King, R. A., Russo, I.-R. M., Bruford, M. W., & Stevens, J. R. (2024). Living in a post-industrial landscape: Repeated patterns of genetic divergence in brown trout (*Salmo trutta* L.) across the British Isles. *Diversity and Distributions*. <https://doi.org/10.1111/ddi.13854>
- Palumbi, S. R. (1994). Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 25, 547–572. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.25.110194.002555>

Palumbi, S. R. (2003). Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. *Ecological Applications*, 13(1 Suppl), S146–S158. [https://doi.org/10.1890/1051-0761\(2003\)013\[0146:PGDCAT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/1051-0761(2003)013[0146:PGDCAT]2.0.CO;2)

Paris, J. R., King, R. A., & Stevens, J. R. (2015). Human mining activity across the ages determines the genetic structure of modern brown trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Evolutionary Applications*, 8(6), 606–620. <https://doi.org/10.1111/eva.12266>

Paris, J. R., King, R. A., Shaw, S., Lange, A., Bourret, V., Ferrer Obiol, J., Hamilton, P. B., Rowe, D., Laing, L. V., Farbos, A., Moore, K. A., Urbina, M. A., Catchen, J. M., Wilson, R. W., Bury, N. R., Santos, E. M., & Stevens, J. R. (2024). Combining population genomics and transcriptomics to identify signatures of metal tolerance in brown trout inhabiting metal-polluted rivers. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.05.30.595956>

Passos, A. C., Contente, R. F., Abatepaulo, F. V., Spach, H. L., Vilar, C. C., Joyeux, J. C., Chinhilla Cartagena, B. F., & Fávoro, L. F. (2013). Analysis of fish assemblages in sectors along a salinity gradient based on species, families and functional groups. *Brazilian Journal of Oceanography*, 61(4), 251–264.

Pauly, D., & Lam, M. E. (2023). Too hot or too cold: the biochemical basis of temperature-size rules for fish and other ectotherms. *Environmental Biology of Fishes*, 106, 1519–1527. <https://doi.org/10.1007/s10641-023-01429-7>

Peluso, L., Tascheri, V., Nunes, F. L. D., Castro, C. B., Pires, D. O., & Zilberberg, C. (2018). Contemporary and historical oceanographic processes explain genetic connectivity in a southwest Atlantic coral. *Scientific Reports*, 8, 1-12. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21010-y>

Pereira, C.C., Fernandes, S., Fernandes, G.W. & Goulart, F.F. (2024) Eight years after the Fundão tailings dam collapse: chaos on the muddy banks. *Nature Conservation*, 56, 77–82. <https://doi.org/10.3897/natureconservation.56.133441>

Pierron, F., Heroin, D., Daffe, G., Daramy, F., Barré, A., Bouchez, O., Romero-Ramirez, A., Gonzalez, P., & Nikolski, M. (2022). Genetic and epigenetic interplay allows rapid transgenerational adaptation to metal pollution in zebrafish. *Environmental Epigenetics*, 00(00). <https://doi.org/10.1093/eep/dvac022>

Pinheiro, H. T., Rocha, L. A., Macieira, R. M., Carvalho-Filho, A., Anderson, A. B., Bender, M. G., Di Dario, F., Ferreira, C. E. L., Figueiredo-Filho, J., Francini-Filho, R., Gasparini, J. L., Joyeux, J.-C., Luiz, O. J., Mincarone, M. M., Moura, R. L., Nunes, J. de A. C. C., Quimbayo, J. P., Rosa, R. S., Sampaio, C. L. S., Sazima, I., Simon, T., Vila-Nova, D. A., & Floeter, S. R. (2018). South-western Atlantic reef fishes: Zoogeographical patterns and ecological drivers reveal a secondary biodiversity centre in the Atlantic Ocean. *Diversity and Distributions*, 24(1–15). <https://doi.org/10.1111/ddi.12729>

Piñeros, V. J., & Gutiérrez-Rodríguez, C. (2017). Population genetic structure and connectivity in the widespread coral-reef fish *Abudefduf saxatilis*: The role of

historic and contemporary factors. *Coral Reefs*, 36(4), 877–890. <https://doi.org/10.1007/s00338-017-1579-4>

Pinsky ML, Palumbi SR (2014) Meta-analysis reveals lower genetic diversity in overfishing populations. *Mol Ecol* 23:29-39. <https://doi.org/10.1111/mec.12509>

Pinto, A. V., Hansson, B., Patramanis, I., Morales, H. E., & van Oosterhout, C. (2024). The impact of habitat loss and population fragmentation on genomic erosion. *Conservation Genetics*, 25, 49–57. <https://doi.org/10.1007/s10592-023-01548-9>

Pombo, M., Denadai, M. R., Bessa, E., Santos, F. B., Faria, V. H., & Turra, A. (2014). The barred grunt *Conodon nobilis* (Perciformes: Haemulidae) in shallow areas of a tropical bight: Spatial and temporal distribution, body growth and diet. *Helgoland Marine Research*, 68(2), 271-279. <https://doi.org/10.1007/s10152-014-0387-2>

Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>

Purcell, J. F. H., Cowen, R. K., Hughes, C. R., & Williams, D. A. (2006). Weak genetic structure indicates strong dispersal limits: A tale of two coral reef fish. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 273(1592), 1483–1490. <https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3470>

Puchnick-Legat, A., & Levy, J. A. (2006). Genetic structure of Brazilian populations of white mouth croaker *Micropogonias furnieri* (Perciformes: Sciaenidae). *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 49(3), 429-439. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132006000400011>

Quadra, G. R., Roland, F., Barros, N., Malm, O., Lino, A. S., Azevedo, G. M., Thomaz, J. R., Andrade-Vieira, L. F., Praça-Fontes, M. M., Almeida, R. M., Mendonça, R. F., Cardoso, S. J., Guida, Y. S., & Campos, J. M. S. (2019). Far-reaching cytogenotoxic effects of mine waste from the Fundão dam disaster in Brazil. *Chemosphere*, 215, 753-757. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2018.10.104>

Queirós, K. B. N., Santos-Espínola, N. B., Ribeiro, E. B., Carvalho Neto, R. N. F., Almeida, Z. S., & Costa, A. P. (2024). First sexual maturity and type of spawning of the fish *Conodon nobilis* (Linnaeus, 1758) from the Amazon coast – Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, 84, e284107. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.284107>

Queiroz, H. M., Ying, S. C., Bernardino, A. F., Barcelos, D., Nóbrega, G. N., Otero, X. L., & Ferreira, T. O. (2021a). Role of Fe dynamic in release of metals at Rio Doce estuary: Unfolding of a mining disaster. *Marine Pollution Bulletin*, 166, 112267. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112267>

Queiroz, H. M., Ying, S. C., Abernathy, M., Barcelos, D., Gabriel, F. A., Otero, X. L., Nóbrega, G. N., Bernardino, A. F., & Ferreira, T. O. (2021b). Manganese: The overlooked contaminant in the world largest mine tailings dam collapse.

Quimpo, T. J. R., Cabaitan, P. C., Olavides, R. D. D., Dumalagan Jr., E. E., Munar, J., & Siringan, F. P. (2018). Spatial variability in reef-fish assemblages in shallow and upper mesophotic coral ecosystems in the Philippines. *Journal of Fish Biology*. <https://doi.org/10.1111/jfb.13848>

Reed, D. H., & Frankham, R. (2003). Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 17(1), 230-237. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01236.x>

RRDM, Rede Rio Doce Mar. 2024. Relatório Anual do PMBA/Fest-RRDM - Ambiente Marinho. RT- 46/ RA2023, Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática da Área Ambiental I – Porção Capixaba do Rio Doce e Região Marinha e Costeira Adjacente. Fundação Espírito-santense de Tecnologia.

Ribeiro, R., & Lopes, I. (2013). Contaminant driven genetic erosion and associated hypotheses on alleles loss, reduced population growth rate and increased susceptibility to future stressors: An essay. *Ecotoxicology*, 22(6), 889–899. <https://doi.org/10.1007/s10646-013-1070-0>

Ribolli, J., Zaniboni-Filho, E., de Souza Guerreiro, T. C., Machado, C. B., Domingues de Freitas, P., & Galetti Jr, P. M. (2021). Anthropogenic river fragmentation reduces long-term viability of the migratory fish *Salminus brasiliensis* (Characiformes: Bryconidae) populations. *Neotropical Ichthyology*, 19(2), e200123. <https://doi.org/10.1590/1982-0224-2020-0123>

Rice, W. R. (1989). Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43(1), 223–225. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1989.tb04220.x>

Riccioni, G., Landi, M., Ferrara, G., Milano, I., Cariani, A., Zane, L., Sella, M., Barbujani, G., & Tinti, F. (2010). Spatio-temporal population structuring and genetic diversity retention in depleted Atlantic Bluefin tuna of the Mediterranean Sea. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107(5), 2102–2107. <https://doi.org/10.1073/pnas.0908281107>

Rodrigues, R., Schneider, H., Santos, S., Vallinoto, M., Sain-Paul, U., & Sampaio, I. (2008). Low levels of genetic diversity depicted from mitochondrial DNA sequences in a heavily exploited marine fish (*Cynoscion acoupa*, Sciaenidae) from the Northern coast of Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 31(2), 487–492. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572008000300015>

Rodrigues, A. S. L., Malafaia, G., Costa, A. T., & Nalini, H. A. (2013). Evaluation of the mineral exploration influence on sediment composition in the Gualaxo do Norte River Basin (MG-Brazil) based on geochemical and stratigraphic data. *Environmental Earth Sciences*, 68(4), 965–974. <https://doi.org/10.1007/s12665-012-1998-5>

Rodrigues, T. E., Giglio, V. J., Gibran, F. Z., Rolim, F. A., Neves, L. M., Pereira-Filho, G. H., Shintate, G., Souza, G. R. S., Garrone-Neto, D., & Motta, F. S.

(2024). Depth, hard coral, and turf cover as predictors of micro-scale spatial distribution of fishes in a subtropical rocky reef. *Environmental Biology of Fishes*, 107, 909–925. <https://doi.org/10.1007/s10641-024-01590-7>

Romero, R. M., Moraes, L. E., Santos, M. N., Rocha, G. R. A., & Cetra, M. (2008). Biology of *Isopisthus parvipinnis*: An abundant sciaenid species captured bycatch during sea-bob shrimp fishery in Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 6(1), 67-74. <https://doi.org/10.1590/S1679-62252008000100008>

Rotundo, M. M., Severino-Rodrigues, E., Barrella, W., Petrere Junior, M., & Ramires, M. (2019). Checklist of marine demersal fishes captured by the pair trawl fisheries in Southern (RJ-SC) Brazil. *Biota Neotropica*, 19(1), e20170432. <http://dx.doi.org/10.1590/1676-0611-BN-2017-0432>

Ruggeri, P., Splendiani, A., Bonanomi, S., Arneri, E., Cingolani, N., Santojanni, A., Belardinelli, A., Giovannotti, M., & Caputo, V. (2012). Temporal genetic variation as revealed by a microsatellite analysis of European sardine (*Sardina pilchardus*) archived samples. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 69(10), 1698-1709. <https://doi.org/10.1139/f2012-092>

Sánchez, L. E., Alger, K., Alonso, L., Barbosa, F. A. R., Brito, M. C. W., Laureano, F. V., May, P., Roeser, H., & Kakabadse, Y. (2018). *Impacts of the Fundão dam failure: A pathway to sustainable and resilient mitigation*. Rio Doce Panel Thematic Report No. 1. Gland, Switzerland: IUCN. <https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2018.18.en>

Santos, S., Hrbek, T., Farias, I. P., Schneider, H., & Sampaio, I. (2006). Population genetic structuring of the king weakfish, *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae), in Atlantic coastal waters of South America: deep genetic divergence without morphological change. *Molecular Ecology*, 15, 4361–4373. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03108.x>

Sanford, E., & Kelly, M. W. (2011). Local adaptation in marine invertebrates. *Annual Review of Marine Science*, 3(1), 509-535. <https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120709-142756>

Santolin, C. V. A., et al. (2015). Distribution and environmental impact evaluation of metals in sediments from the Doce River Basin, Brazil. *Environmental Earth Sciences*, 74, 6905–6917. <https://doi.org/10.1007/s12665-015-4115-2>

Segura, F. R., et al. (2016). Potential risks of the residue from Samarco's mine dam burst (Bento Rodrigues, Brazil). *Environmental Pollution*, 218, 813–825. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.08.005>

Selander, R. K., & Kaufman, D. W. 1975. Genetic population structure and breeding systems. In D. W. Kaufman & R. K. Selander (Eds.), *Isozymes* (pp. 9-4). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-472704-5.50009-4>

Selkoe, K. A., & Toonen, R. J. (2006). Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*, 9(5), 615-629. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00948.x>

Schlaepfer, D. R., Braschler, B., Rusterholz, H. P., & Baur, B. (2018). Genetic effects of anthropogenic habitat fragmentation on remnant animal and plant populations: A meta-analysis. *Ecosphere*, 9(4), e02488. <https://doi.org/10.1002/ecs2.2488>

Shaw, R. E., Farquharson, K. A., Bruford, M. W., et al. (2025). Meta-analysis reveals urgent action is needed to halt the loss of genetic diversity. *Nature*, <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08458-x>

Shulman, M. J., & Bermingham, E. (1995). Early life histories, ocean currents, and the population genetics of Caribbean reef fishes. *Evolution*, 49(5), 897–910. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1995.tb02325.x>

Silva, V. E. L., Vieira, D. S., Teixeira, E. C., Ferreira, A. C. L., Assis, I. O., Rangely, J., & Fabr e, N. N. (2019). Maturity, fecundity, and reproductive cycle of *Conodon nobilis* (Actinopterygii: Perciformes: Haemulidae) in tropical waters of the Atlantic Ocean. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 49(3), 235–242. <https://doi.org/10.3750/AIEP/02597>

Silva-Oliveira, G. C., R go, P. S., Schneider, H., et al. (2008). Genetic characterisation of populations of the critically endangered Goliath grouper (*Epinephelus itajara*, Serranidae) from the Northern Brazilian coast through analyses of mtDNA. *Genetics and Molecular Biology*, 31(4), 988-994. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572008005000016>

Silva-J nior, C. A. B., Ara jo, M. E., & Feitosa, C. V. (2013). Sustainability of capture of fish bycatch in the prawn trawling in northeastern Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 11(1), 133–142. <https://doi.org/10.1590/S1679-62252013000100016>

Silva-J nior, C. A. B., Viana, A. P., Lucena Fr dou, F., & Fr dou, T. (2015). Aspects of the reproductive biology and characterization of Sciaenidae captured as bycatch in the prawn trawling in northeastern Brazil. *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, Maring , 37(1), 1–8. <https://doi.org/10.4025/actasciobiolsci.v37i1.24962>

Silva-J nior, C. A. B., Lira, A. S., Eduardo, L. N., Viana, A. P., Lucena-Fredou, F., & Fredou, T. (2019). Ichthyofauna bycatch of the artisanal fishery of penaeid shrimps in Pernambuco, northeastern Brazil. *Boletim do Instituto de Pesca*, 45(1), e435. <https://doi.org/10.20950/1678-2305.2019.45.1.435>

Simpson, S. D., Harrison, H. B., Claereboudt, M. R., & Planes, S. (2014). Long-distance dispersal via ocean currents connects Omani clownfish populations throughout entire species range. *PLoS ONE*, 9(9), e107610. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107610>

Soares, L. S. H. (1989). Aliment o de *Isopisthus parvipinnis* (Teleostei: Sciaenidae) na Ba a de Santos, S o Paulo. *Boletim do Instituto Oceanogr fico, S o Paulo*, 37(2), 95-105.

Sonter, L. J., Ali, S. H., & Watson, J. E. M. (2018). Mining and biodiversity: Key issues and research needs in conservation science. *Proceedings of the Royal Society B*, 285, 20181926. <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.1926>

Student. (1908). The probable error of a mean. *Biometrika*, 6(1), 1–25. <https://doi.org/10.1093/biomet/6.1.1>

Swatdipong A, Primmer CR, Vasemägi A (2010) Historical and recent genetic bottlenecks in European grayling, *Thymallus thymallus*. *Conserv Genet* 11:279–292. <https://doi.org/10.1007/s10592-009-0031-x>

Toonen, R., Bowen, B., Iacchei, M., & Briggs, J. (2016). Marine biogeography. In *Encyclopedia of Evolutionary Biology* (Vol. 1, pp. 166–178). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800049-6.00120-7>

Torres-Florez, J.P., Johnson, W.E., Nery, M.F., Eizirik, E., Oliveira-Miranda, M.A. & Galetti, P.M. (2018) The coming of age of conservation genetics in Latin America: what has been achieved and what needs to be done. *Conservation Genetics*, 19(1), 1–15. <https://doi.org/10.1007/s10592-017-1006-y>

Truill LW, Brook BW, Frankham RR, Bradshaw CJA (2010) Pragmatic population viability targets in a rapidly changing world. *Biol Conserv* 143:28-34. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.09.001>

Tukey, J. W. (1949). Comparing individual means in the analysis of variance. *Biometrics*, 5(2), 99–114. <https://doi.org/10.2307/3001913>

Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., & Shipley, P. (2004). MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4, 535–538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>

Vilasboa de Vasconcellos, A., Lima, D., Bonhomme, F., Vianna, M., & Mateo Solé-Cava, A. (2015). Genetic population structure of the commercially most important demersal fish in the Southwest Atlantic: The whitemouth croaker (*Micropogonias furnieri*). *Fisheries Research*, 167, 333–337. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2015.03.008>

Vaske Júnior, T., Mancini, B. F., & Knoeller, J. S. M. (2020). Hábitos alimentares do peixe-roncador (*Conodon nobilis*) (Haemulidae: Perciformes) na zona de arrebentação de Praia Grande, São Paulo, Brasil. *UNISANTA Bioscience*, 9(3), 194-204.

Verba, J. T., Stow, A., Lopes, P. F. M., Pennino, M. G., Sole-Cava, A., Henning, F., & Queiroz Lima, S. M. (2019). Genetic structure and demographic history of commercially exploited Brazilian marine fishes. In *Stock structure and vulnerability of commercially exploited fishes in Brazil* (Capítulo 2). Macquarie University. https://figshare.mq.edu.au/articles/thesis/Stock_structure_and_vulnerability_of_commercially_exploited_fishes_in_Brazil/19440581/1?file=34539800 (acesso em: Agosto de 2024)

- Verba, J. T., Pennino, M. G., Coll, M., & Lopes, P. F. M. (2020a). Assessing drivers of tropical and subtropical marine fish collapses of Brazilian Exclusive Economic Zone. *Science of the Total Environment*, 702, 134940. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134940>
- Vergilio, C. dos S., Lacerda, D., Souza, T. da S., Vaz de Oliveira, B. C., Fioresi, V. S., Ventura de Souza, V., Rodrigues, G. da R., Barbosa, M. K. de A. M., Sartori, E., Rangel, T. P., Ribeiro de Almeida, D. Q., Almeida, M. G. de, Thompson, F., & Rezende, C. E. (2021). Immediate and long-term impacts of one of the worst mining tailing dam failures worldwide (Bento Rodrigues, Minas Gerais, Brazil). *Science of the Total Environment*, 756, 143697. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143697>
- Vilar, C. C., Andrades, R., Guabiroba, H. C., Oliveira-Filho, R. R., Conдини, M. V., Hostim-Silva, M., & Joyeux, J.-C. (2023). Impacts of mining pollution on coastal ecosystems: Is fish body condition a reliable indicator? *Marine Environmental Research*, 190, 106070. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106070>
- von der Heyden, S. (2023). Disentangling population structure in marine species. *Nature Reviews Genetics*, 24, 585–589. <https://doi.org/10.1038/s41576-023-00606-9>
- Wang, J., Santiago, E., & Caballero, A. (2016). Prediction and estimation of effective population size. *Heredity*, 117(3), 193–206. <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.43>
- Waples, R. S., & Do, C. (2010). Linkage disequilibrium estimates of contemporary N_e using highly variable genetic markers: A largely untapped resource for applied conservation and evolution. *Evolutionary Applications*, 3(3), 244–262. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2009.00104.x>
- Weber, A. A., Sales, F. C., Faria, F. S., Melo, R. M. C., Bazzoli, N., & Rizzo, E. (2020). Effects of metal contamination on liver in two fish species from a highly impacted neotropical river: A case study of the Fundão dam, Brazil. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 190, 110165. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.110165>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38(6), 1358–1370. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1984.tb05657.x>
- Wilson, G. A., & Rannala, B. (2003). Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics*, 163(3), 1177–1191. <https://doi.org/10.1093/genetics/163.3.1177>
- Wirgin, I., & Waldman, J. R. (2005). Use of nuclear DNA in stock identification: Single-copy and repetitive sequence markers. En S. X. Cadrin, K. D. Friedland, & J. R. Waldman (Eds.), *Stock identification methods* (pp. 331–370). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-012154351-8/50018-6>

Wright, S. (1931). Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16(2), 97–159.
<https://doi.org/10.1093/genetics/16.2.97>

Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19, 395–420.
<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1965.tb01731.x>

Material Suplementar

1. Material e Métodos

Tabela S1-A. Informações sobre os 12 loci microssatélites utilizados no estudo genético de *Isopisthus parvipinnis*. Para cada locus, são apresentados os primers de amplificação (forward e reverse), o motivo do repetido (Motif), o tamanho do amplicon (em pares de bases) e a fluorescência associada ao marcador. Os loci foram selecionados com base em características de amplificação e variação genética para análise de diversidade e estrutura populacional e foram desenvolvidos exclusivamente para este trabalho.

Locus	Primer - F (Forward primer (5' - 3')) Primer - R (Reverse primer (3'-5'))	Motif	Amplicon size (bp)	Fluorescence
IPA150	F. GTGCATATGAGGGTGCACAT R. GGGTATTTATGTGAGGTGGAAGA	AC	92	FAM
IPA001	F. TTCTCCAGCTCCACCTCTCT R. CAAACTGCAGTGGTCTCCTG	AC	94	HEX
IPA134	F. TGTACCGTAAGCAACATCCG R. TGTCTCAAACGTGATCACACC	AC	107	NED
IPA076	F. GAACTCAGCTTTGTACGGTGAA R. AAATGGGCCAGTGGTTGTAT	AC	114	FAM
IPA357	F. TTCCGTCTCCACTAACTGGG R. TCGGTGGAGTTTATCTCTGG	AC	110	HEX
IPA492	F. GGAGAGAAGGAGAAAGAAGGG R. GTGGTGCCTAGCCAGCTATC	AG	92	NED
IPA214	F. CAGTAATCTGAAGTCAGTGGAGCA R. ATTAGGACTGACCTCCATCACTC	AC	190	FAM
IPA406	F. ATCCTCACCCCTTGCAGGAC R. GTTTGGACTGCTCCTGCTG	AC	149	HEX
IPA139	F. GCGTTTGCCTACCTAAAGCA R. TCATTCTGAGCAGATGGTCCG	AC	95	FAM
IPA478	F. ATCCTTAACGTGTGTAGCAAACCT R. ATAATCTTTGACATCACTTTTCATGACT	AC	140	HEX
IPA252	F. GCGTCTCTGATGCTCGTGT R. GGATGCATCACCGCTAGTTT	AC	127	FAM
IPA187	F. TCCAGTGCCAGGAGAAGTAA	AC	294	FAM

Tabela S1-B. Informações sobre os 12 loci microssatélites utilizados no estudo genético de *Conodon nobilis*. Para cada locus, são apresentados os primers de amplificação (forward e reverse), o motivo do repetido (Motif), o tamanho do amplicon (em pares de bases) e a fluorescência associada ao marcador. Os loci foram selecionados com base em características de amplificação e variação genética para análise de diversidade e estrutura populacional e foram desenvolvidos exclusivamente para este trabalho.

Locus				
Locus	Primer - F (Forward primer (5' - 3')) Primer - R (Reverse primer (3'-5'))	Motif	Amplicon size (bp)	Fluorescence
CNO465	F. CACAGCCAAAGCCCTTCC R. GAGAGAGTGTGCTTGGGACA	AG	95	FAM
CNO474	F. TGGACTCCTCTTTGTATTGTGC R. CTCCACACCCATCGTCAGA	AC	197	HEX
CNO064	F. CGGCTTCTCTTTGGAATCAG R. CGGTCAGTAAGGGATATCAGC	AC	92	FAM
CNO436	F. TCTTTCTTCAGAGAGCTGGGTT R. AACTCGCAGGAGGTAAAGCA	AG	126	FAM
CNO110	F. GACGAAATCGTGACATTCCC R. CACATCTCAGTGTGTGCTGC	AC	110	FAM
CNO373	F. TGACATGCTTAGATGAGCCCT R. CAACAGGATACGTCTGCGTC	AG	241	HEX
CNO014	F. AATTCTTGGCAGTTGGATGG R. CGCTCATTTCATCTGTCTTTGTGC	AC	97	NED
CNO030	F. GGTGAAGGTGGAGGAGTGAT R. CAACCATTCTGGAGGAAACT	AC	110	FAM
CNO046	F. CGATTTAAATGGCATCGCTC R. CAGTGCTTTACTAAACAGCGGA	AG	172	HEX
CNO122	F. GCTGTTTGGTTTGTGCACTG R. CAGGCAAATGTTTGTGAGCC	AC	215	NED
CNO335	F. TAACCTGCTGTGTTTGGACG R. TAACCTGCTGTGTTTGGACG	AC	102	FAM
CNO437	F. AAAGGTCGTCCCTTCATTGGC R. ATAAACCCTACTGACATGCTGC	AC	240	NED

2. Qualidade dos dados

Tabela S2A. Valores de PIC (*Polymorphic Information Content*) para os 12 loci microssatélites analisados em *Isopisthus parvipinnis*. Os valores de PIC refletem a diversidade genética dos loci, com valores mais altos indicando maior variação genética. Valores de conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cada locus por espécie.

<i>I. parvipinnis</i>	
PIC	
IPA150	0.5286
IPA001	0.4693
IPA134	0.6800
IPA076	0.7353
IPA357	0.7245
IPA492	0.6569
IPA214	0.8966
IPA406	0.5800
IPA139	0.6221
IPA478	0.5262
IPA252	0.4516
IPA187	0.5314
Mean	0.61692

Tabela S2B. Valores de PIC (*Polymorphic Information Content*) para os 12 loci microssatélites analisados em *Conodon nobilis*. Os valores de PIC refletem a diversidade genética dos loci, com valores mais altos indicando maior variação genética. Valores de conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cada locus por espécie.

<i>Conodon nobilis</i>	
PIC	
CNO335	0.3915268
CNO437	0.5970211
CNO465	0.4180916
CNO064	0.4791700
CNO474	0.5316599
CNO436	0.7400473
CNO110	0.5537070
CNO373	0.7529717
CNO014	0.3810052
CNO030	0.3765595
CNO046	0.7599812
CNO122	0.6778483
Mean	0.5549658

3. Dados suplementares de *Isopisthus parvipinnis*.

a. Estrutura e conectividade genética.

Figura S1. Gráficos da estrutura genética de *Isopisthus parvipinnis* baseados na análise Structure. As amostras são provenientes de sete estuários do litoral brasileiro (distância média total = 850 Km), a saber: Ilhéus (IOS), Porto Seguro (PS), Caravelas (CA), São Mateus (SM), Barra Seca (BS), Doce (DO) e Aracruz. Métodos para escolher o K ideal: (a) Pritchard et al. (2000) e (b) Evanno et al. (2005). Os valores de LnP (K) e ΔK foram plotados em função do número de clusters. Gráficos das atribuições estimadas a partir das análises de Structure para K (1-8). Melhor valor de K = 3.

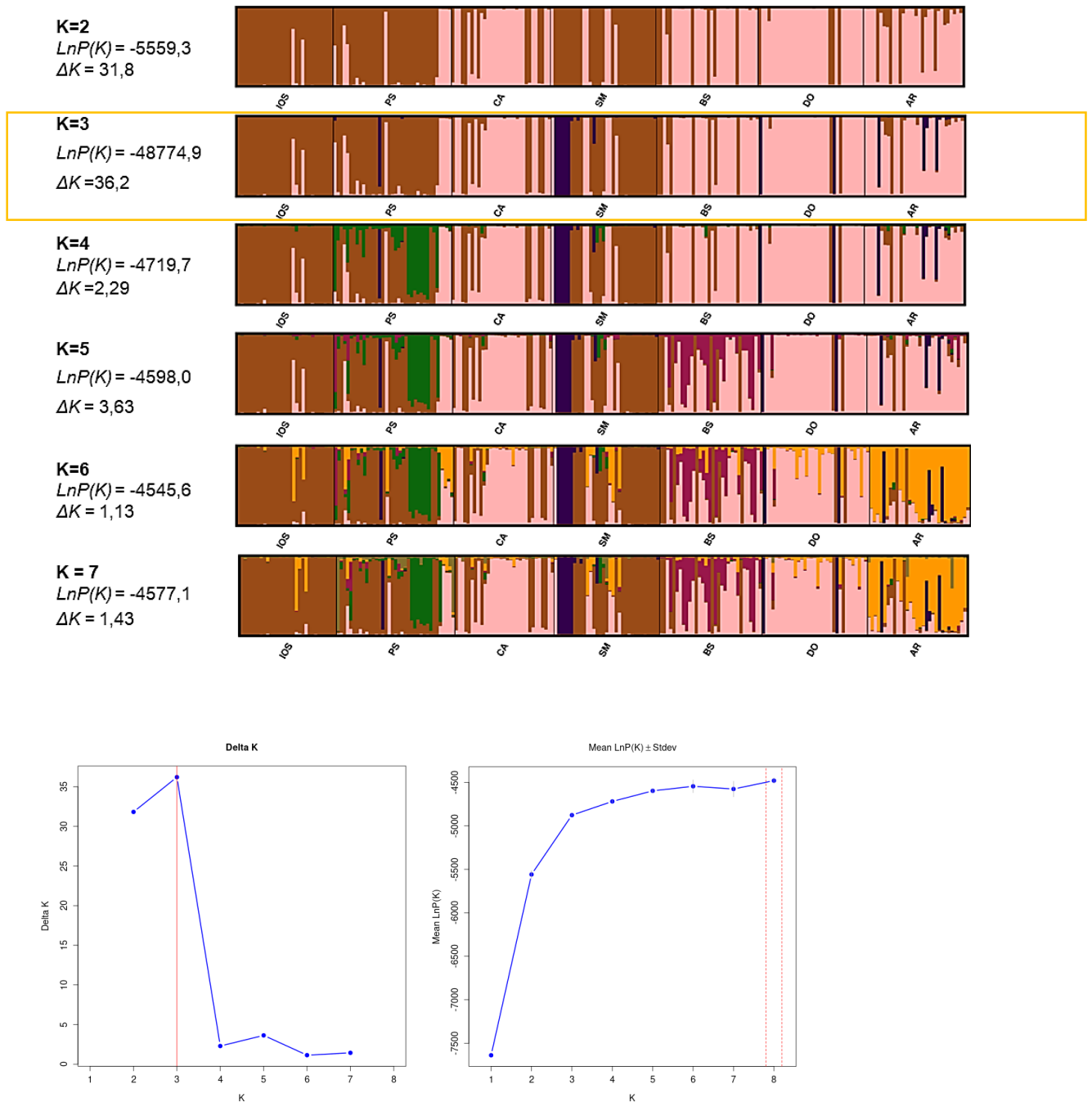


Tabela S3. Métricas de diferenciação genética para as populações genéticas baseadas na análise de STRUCTURE de *Isopisthus parvipinnis*. As estimativas de *Fst* estão apresentadas na parte superior da tabela. Considere o grupo 1 formado pelas localidades IOS –PS, o grupo 2 formado por SM e o grupo 3 formado por CA - BS - DO – AR. A parte inferior da tabela estão representados os resultados da análise de variância molecular (AMOVA) do particionamento da variação genética. Cenário testado entre os grupos genéticos sugeridos na análise de estrutura populacional (STRUCTURE), considerando K = 3. Os resultados estão representados no percentual de diferenciação e no valor da variância (*sigma*). Todos os valores são significativos (*).

FST	IOS - PS	SM
IOS - PS		
SM	0.07*	
CA - BS - DO - AR	0.25*	0.17*

AMOVA	<i>Sigma</i>	<i>Percent (%)</i>	<i>p-valor</i>
Varição entre Grupos	1.27	28.09	0.001*
Varição entre Indivíduos dentro das Populações	1.86	41.17	0.001*
Varição dentro das Populações	1.39	30.72	0.001*
Varição Total	4.53	100	

Tabela S4. Fluxo gênico entre áreas para espécie *Conodon nobilis*. Áreas: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto) e AR = Aracruz. Valores em negrito e com asterisco são significativos.

		Receiving populations						
		IOS	OS	CA	SM	BS	DO	AR
Source populations	IOS	0.927*	0.158*	0.087*	0.191*	0.068*	0.024	0.026
	OS	0.009	0.740*	0.008	0.008	0.008	0.008	0.008
	CA	0.009	0.008	0.675*	0.008	0.008	0.008	0.008
	SM	0.009	0.015	0.008	0.717*	0.008	0.025	0.035*
	BS	0.009	0.008	0.008	0.008	0.675*	0.008	0.008
	DO	0.027	0.060*	0.201*	0.058*	0.222*	0.916*	0.236*
	AR	0.009	0.008	0.008	0.008	0.008	0.008	0.675*

b. Diversidade Genética

Tabela S5: Valores médios dos indicadores de diversidade genética populacional de *Isopisthus parvipinnis* baseados nos agrupamentos populacionais indicados pelo STRUCTURE. Número de indivíduos analisados (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ae), riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Pa), heterozigosidades observada (Ho) e esperada (He), coeficiente de endogamia (Fis), e índice de Garza-Williamson (M-ratio), tamanho populacional efetivo (Ne). Áreas: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto) e AR = Aracruz.

<i>Isopisthus parvipinnis</i>									
Área	N	Na	Ae	Ar	Pa	Ho	He	Fis (95% IC)	M-ratio
IOS_PS	67	8	3.4	6.0	1.2	0.3	0.5	0.39 (0.3 - 0.4)	0.09
SM	33	6.3	3.3	6.1	0.5	0.3	0.6	0.65 (0.5 - 0.7)	0.09
CA_BS_DO_AR	127	8.7	2.6	4.6	1.8	0.3	0.6	0.49 (0.4 - 0.5)	0.05
Total	227	7.7	3.1	-	-	0.3	0.57	-	-
PIC 0.62									

Figura S2. Gráfico do desequilíbrio de ligação (LD) entre loci de *Isopisthus parvipinnis*. Na escala de cores o azul indica que a ligação entre os pares de loci não é significativa. Os quadros vermelhos indicam p significativo, ou seja, os pares de loci estão ligados.

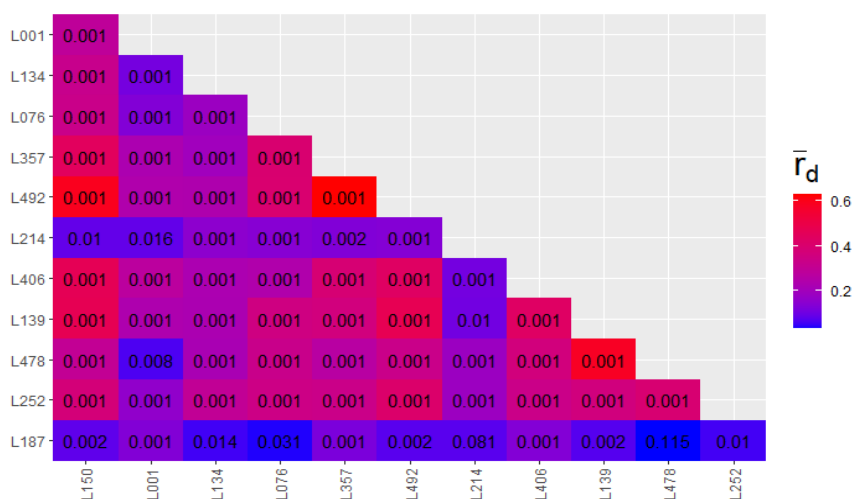


Tabela S6. Médias dos índices de diversidade genética estimados para *I. parvipinnis* por locus e população: Número de amostras genotipadas (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ne) riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Ap), heterozigosidade observada (Ho), heterozigosidade esperada (He), equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), coeficiente de endogamia (Fis) e índice de Garza-Williamson (*M-ratio*). Os loci que se desviam do HWE são indicados por asteriscos (*).

Ilhéus	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	29	28	29	28	28	28	29	30	27	28	30	30	
Na	2.00	2.00	3.00	8.00	5.00	4.00	18.00	2.00	3.00	3.00	4.00	2.00	56
Ne	1.18	1.23	2.84	4.3	1.52	1.24	12.36	1.06	1.16	1.78	1.68	1.03	2.62
Ar	1.96	2	3	7.29	4.18	3.64	15.06	1.89	2.54	2.89	3.56	1.66	4.14
Ap	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Ho	0.03	0.14	0.62	0.75	0.25	0.14	0.69	0.06	0.03	0.35	0.13	0.03	0.27
He	0.15	0.19	0.64	0.76	0.34	0.19	0.91	0.06	0.13	0.43	0.40	0.03	0.36
HWE	0 *	1	1	1	0 *	0 *	0.04*	1	0 *	0 *	0 *	1	-
Fis	0.78	0.25	0.04	0.02	0.27	0.28	0.24	-0.03	0.73	0.18	0.67	-0.01	0.24
Fis_Low	0.02	-0.10	-0.21	-0.16	-0.13	-0.02	0.06	-0.08	0.46	-0.22	0.33	-0.06	0.10
Fis_High	10.56	0.82	0.31	0.22	0.67	0.51	0.43	-0.01	10.0	0.56	0.93	-0.00	0.36
<i>M-ratio</i>	0.02	0.02	0.02	0.05	0.039	0.03	0.06	0.400	0.03	0.02	0.17	0.66	0.13
Porto Seguro	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	37	34	36	36	34	37	35	34	34	33	36	37	
Na	4.00	6.00	7.00	8.00	6.00	7.00	24.00	9.00	6.00	5.00	4.00	5.00	91
Ne	1.72	1.41	5.12	4.19	1.99	1.87	16.89	2.98	3.53	4.02	2.17	1.25	3.93
Ar	3.4	4.38	6.11	6.84	5.06	5.61	18.6	6.93	5.05	4.92	3.39	3.91	6.18

Ap	1	0	2	0	0	1	3	19	5	21	1	0	53
Ho	0.16	0.14	0.50	0.69	0.26	0.29	0.60	0.14	0.26	0.24	0.72	0.13	0.35
He	0.41	0.29	0.80	0.76	0.49	0.46	0.94	0.66	0.71	0.75	0.54	0.20	0.59
HWE	0 *	0 *	0 *	0.10	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	1	0.82	
Fis	0.61	0.49	0.37	0.08	0.46	0.36	0.36	0.77	0.63	0.67	-0.33	0.32	0.40
Fis_Low	0.29	-0.02	0.16	-0.10	0.20	0.15	0.19	0.61	0.42	0.47	-0.60	-0.02	0.31
Fis_High	0.88	0.87	0.58	0.29	0.71	0.57	0.53	0.94	0.82	0.87	-0.06	0.72	0.49
<i>M-ratio</i>	0.23	0.05	0.05	0.05	0.044	0.33	0.08	0.05	0.05	0.03	0.03	0.55	0.14
Caravelas	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	31	29	31	29	29	30	27	30	30	27	31	28	
Na	3.00	5.00	4.00	7.00	10.0	4.00	15.00	3.00	4.00	3.00	2.00	4.00	
Ne	1.84	3.11	1.72	3.1	4.93	3.08	4.57	1.94	2.17	1.85	1.53	1.63	2.63
Ar	2.62	4.26	3.61	5.86	8.52	3.88	11.39	2.64	3.64	3	2	3.62	4.59
Ap	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4
Ho	0.09	0.31	0.32	0.55	0.65	0.40	0.56	0.06	0.26	0.18	0.06	0.28	0.31
He	0.45	0.67	0.41	0.68	0.79	0.67	0.78	0.48	0.54	0.46	0.35	0.38	0.56
HWE	0 *	0.08	0.07	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0.6	
Fis	0.78	0.54	0.22	0.19	0.17	0.40	0.28	0.86	0.50	0.59	0.81	0.26	0.44
Fis_Low	0.53	0.29	4.00	-0.07	-0.04	0.13	0.08	0.63	0.23	0.38	0.50	-0.09	0.33
Fis_High	10.08	0.77	0.48	0.45	0.38	0.66	0.50	10.07	0.76	0.84	10.12	0.62	0.52

<i>M-ratio</i>	0.60	0.05	0.57	0.05	0.06	0.03	0.05	0.02	0.04	0.02	0.66	0.01	0.18
----------------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------

São Mateus

Locus	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	33	33	32	32	32	33	28	32	33	30	32	31	
Na	4.00	5.00	5.00	8.00	8.00	6.00	18.0	5.00	6.00	3.00	3.00	5.00	
Ne	2.01	1.92	3.65	4.78	3.60	2.56	8.85	1.91	2.30	2.64	2.58	2.82	3.31
Ar	3.59	4.38	4.57	7.04	6.77	5.38	13.4	4.47	5.08	3	3	4.70	5.44
Ap	0	1	0	0	1	1	2	0	0	0	0	2	7
Ho	0.03	0.03	0.43	0.59	0.34	0.15	0.39	0.09	0.09	0.23	0.12	0.12	0.22
He	0.50	0.48	0.72	0.79	0.72	0.61	0.88	0.49	0.56	0.62	0.61	0.64	0.64
HWE	0 *	0 *	0 *	1	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	
Fis	0.93	0.93	0.39	0.24	0.52	0.71	0.55	0.80	0.83	0.62	0.79	0.80	0.65
Fis Low	0.80	0.79	0.15	0.04	0.30	0.55	0.36	0.619	0.63	0.36	0.57	0.59	0.55
Fis High	10.0	10.0	0.62	0.45	0.73	0.94	0.75	10.01	10.05	0.84	0.95	0.95	0.72
<i>M-ratio</i>	0.23	0.06	0.04	0.05	0.05	0.35	0.06	0.03	0.20	0.02	0.02	0.01	0.09

Barra Seca	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	31	26	30	29	28	30	27	29	30	26	30	31	
Na	3.00	3.00	4.00	6.00	8.00	4.00	18.00	3.00	5.00	3.00	3.00	5.00	
Ne	2.79	1.57	1.41	2.71	3.36	2.71	7.40	2.3	2.07	1.70	1.50	2.31	2.66
Ar	3	2.60	3.47	5.18	6.50	3.60	13.66	2.99	4.31	2.95	2.86	4.12	4.60
Ap	26	0	0	0	1	0	1	0	4	0	0	1	33

Ho	0.25	0.23	0.26	0.55	0.57	0.46	0.70	0.13	0.10	0.11	0.03	0.22	0.31
He	0.64	0.36	0.29	0.63	0.70	0.63	0.86	0.57	0.51	0.41	0.33	0.56	0.55
HWE	0 *	1	1	0 *	1	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	
Fis	0.59	0.36	0.08	0.12	0.18	0.26	0.18	0.76	0.80	0.72	0.90	0.60	0.44
Fis Low	0.33	-0.09	-0.16	-0.15	-0.08	-0.07	0.00	0.52	0.59	0.47	0.68	0.33	0.32
Fis High	0.82	0.77	0.48	0.38	0.45	0.55	0.36	0.94	10.03	10.01	1	0.83	0.5
<i>M-ratio</i>	0.03	0.03	0.03	0.04	0.05	0.03	0.06	0.02	0.04	0.02	0.02	0.01	0.03
Doce	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	33	27	33	33	33	33	31	32	32	30	31	32	
Na	5.00	4.00	5.00	4.00	9.00	5.00	12.0	6.00	7.00	3.00	3.00	6.00	
Ne	1.47	2.34	1.28	2.39	2.86	2.50	4.23	1.90	2.30	1.14	1.30	3.20	2.24
Ar	4.45	3.45	3.88	3.66	6.72	4.24	8.91	4.74	6.15	2.39	2.66	4.82	4.71
Ap	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	3
Ho	0.12	0.29	0.09	0.36	0.42	0.36	0.45	0.18	0.25	0.03	0.00	0.37	0.25
He	0.32	0.57	0.22	0.58	0.65	0.60	0.76	0.47	0.56	0.12	0.23	0.68	0.48
HWE	0.12*	0.24*	0.09*	0.36*	0.42*	0.36*	0.42*	0.18*	0.24*	0.03*	0.00*	0.36*	
Fis	0.62	0.48	0.59	0.37	0.34	0.39	0.40	0.60	0.55	0.73	1	0.45	0.49
Fis Low	0.29	0.14	-4.00	0.05	0.06	0.07	0.18	0.28	0.27	0.46	1	0.21	0.35
Fis High	0.90	0.78	10.30	0.65	0.60	0.67	0.62	0.86	0.81	10.02	1	0.69	0.59
<i>M-ratio</i>	0.26	0.04	0.45	0.26	0.23	0.33	0.04	0.03	0.06	0.02	0.02	0.02	0.15

Aracruz	IPA150	IPA001	IPA134	IPA076	IPA357	IPA492	IPA214	IPA406	IPA139	IPA478	IPA252	IPA187	Total
N	29	29	31	28	30	30	29	30	26	27	31	30	
Na	5.00	4.00	5.00	5.00	8.00	6.00	12.0	6.00	5.00	3.00	4.00	4.00	
Ne	1.79	1.82	2.10	2.63	3.23	2.90	4.20	1.97	1.98	1.16	1.666	2.23	2.31
Ar	4.35	3.5	4.23	4.35	7.04	5.07	9.55	5.08	4.61	2.48	3.57	3.85	4.82
Ap	1	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	4
Ho	0.24	0.24	0.12	0.57	0.56	0.43	0.51	0.16	0.15	0.03	0.06	0.40	0.30
He	0.44	0.45	0.52	0.62	0.69	0.65	0.76	0.49	0.49	0.13	0.40	0.55	0.52
HWE	0.13	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	0 *	1	
Fis	0.45	0.46	0.75	0.07	0.17	0.33	0.32	0.66	0.68	0.73	0.83	0.27	0.43
Fis Low	0.10	0.06	0.51	-0.30	-0.10	0.01	0.09	0.38	0.33	0.45	0.58	-0.01	0.27
Fis High	0.77	.079	0.94	0.41	0.45	0.63	0.54	0.90	0.95	0.99	1.00	0.57	0.57
<i>M-ratio</i>	0.05	0.04	0.55	0.03	0.05	0.05	0.04	0.0	0.04	0.023	0.16	0.01	0.09

4. *Conodon nobilis*

a. Estrutura e Conectividade

Figura S3. Gráficos da estrutura genética de *Conodon nobilis*, baseados na análise Structure. As amostras são provenientes de oito estuários do litoral brasileiro (distância média total = 850 Km), a saber: Ilhéus (IOS), Porto Seguro (PS), Caravelas (CA), São Mateus (SM), Barra Seca (BS), Doce (DO), Aracruz (AR) e São João da Barra (SJB). Métodos para escolher o K ideal: (a) Pritchard et al. (2000) e (b) Evanno et al. (2005). Os valores de $\text{LnP}(K)$ e ΔK foram plotados em função do número de clusters. Gráficos das atribuições estimadas a partir das análises de Structure para K (1-9). Melhor valor de $K = 4$.

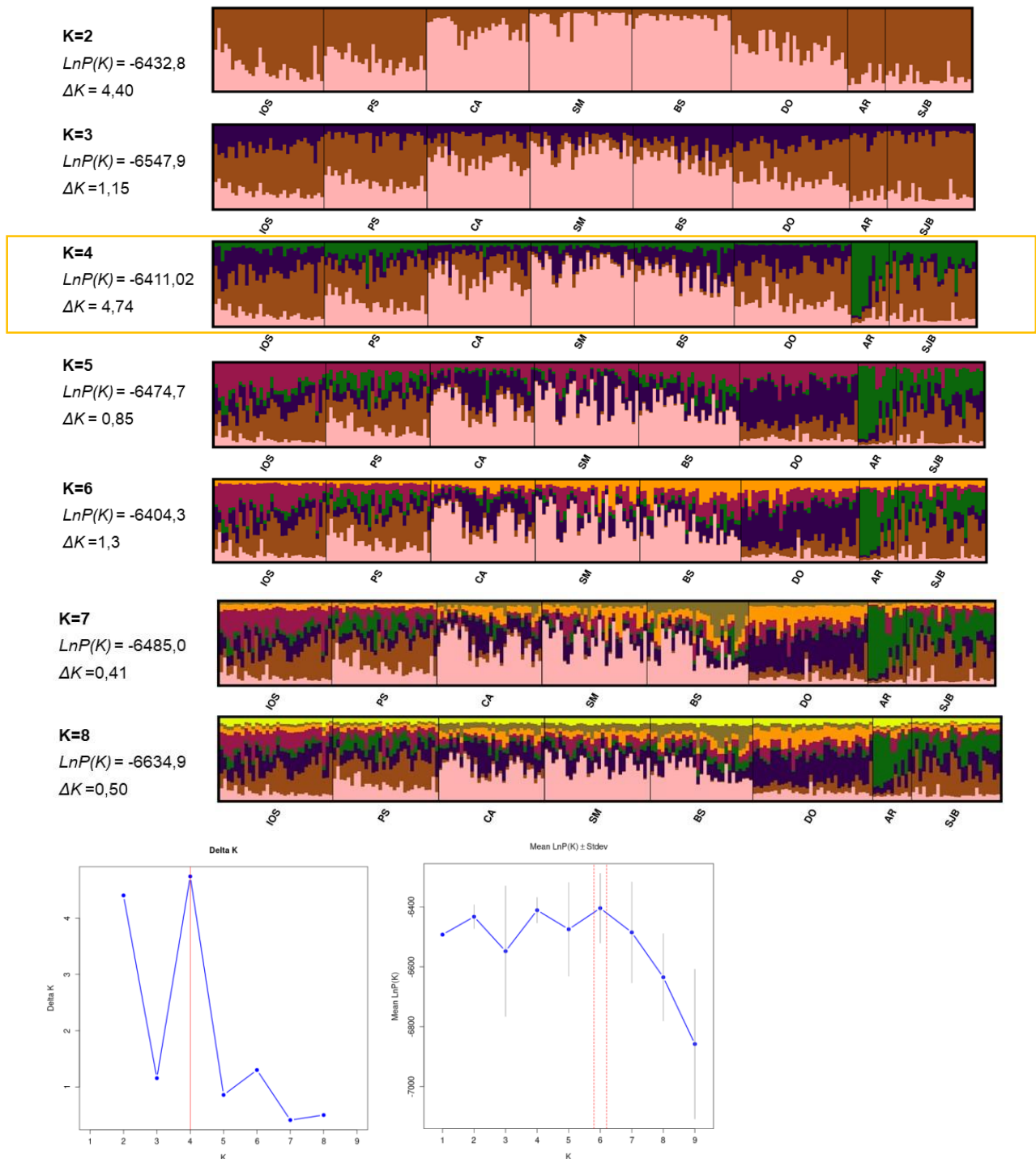


Tabela S7. Métricas de diferenciação genética para as populações genéticas baseadas na análise de STRUCTURE de *Conodon nobilis*. As estimativas de *Fst* estão apresentadas na parte superior da tabela. Considere o grupo 1 formado pelas localidades IOS – PS – AR - SJB, o grupo 2 formado por CA – SM – BS – DO – AR. A parte inferior da tabela estão representados os resultados da análise de variância molecular (AMOVA) do particionamento da variação genética. Cenário testado entre os grupos genéticos sugeridos na análise de estrutura populacional (STRUCTURE), considerando os mesmos grupos do FST. Os resultados estão representados no percentual de diferenciação e no valor da variância (*sigma*). Todos os valores são significativos (*).

FST	IOS - PS	CA – SM -BS	DO
IOS - PS			
CA – SM- BS	0,027*		
DO	0,022*	0,023*	
AR - SJB	0,023*	0,059	0,052

AMOVA

	<i>Sigma</i>	<i>Percent (%)</i>	<i>p-valor</i>
Varição entre as populações	0,19	3,47	0,001*
Varição entre Indivíduos dentro das populações	0,24	5,02	0,006*
Varição dentro dos indivíduos	4,51	91,11	0,001*
Varição Total	4,91	100	

Tabela S8. Fluxo gênico entre áreas para espécie *Conodon nobilis*. Áreas: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (área do estuário do Rio Doce – área do impacto), AR = Aracruz, SJB = São João da Barra. Valores em negrito e com asterisco (*) são significativos.

	Receiving populations							
	IOS	PS	CA	SM	BS	DO	AR	SJB
IOS	0.675*	0.008	0.008	0.008	0.008	0.008	0.017	0.009
PS	0.008	0.675*	0.008	0.009	0.009	0.008	0.017	0.010
CA	0.008	0.008	0.675*	0.009	0.009	0.008	0.017	0.010
SM	0.035	0.029	0.233*	0.915*	0.259*	0.167*	0.032	0.017
BS	0.008	0.008	0.008	0.008	0.675*	0.008	0.017	0.010
DO	0.248*	0.251*	0.047	0.031	0.019	0.783*	0.195*	0.255*
AR	0.008	0.008	0.008	0.008	0.008	0.008	0.684*	0.010
SJB	0.008	0.008	0.008	0.008	0.009	0.008	0.017	0.676*

b. Diversidade Genética

Tabela S9: Indicadores de Diversidade Genética. Médias dos índices de diversidade genética estimados para todas as populações artificiais de *Conodon nobilis*. Número de indivíduos analisados (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ae), riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Pa), heterozigosidades observada (Ho) e esperada (He), coeficiente de endogamia (*Fis*), índice de Garza-Williamson (*M-ratio*) e Conteúdo de informações polimórficas (PIC). Os intervalos de confiança (IC) para as análises de *Fis* é de 95%, Populações Genéticas: 1. Ilhéus e Porto Seguro (IOS_PS); 2. Caravelas, São Mateus e Barra Seca (CA_SM_BS), 3. Doce (DO) e 4. Aracruz e São João da Barra (SJB_AR).

<i>Conodon nobilis</i>									
Área	N	Na	Ae	Ar	Pa	Ho	He	<i>Fis</i> (95% IC)	<i>M-ratio</i>
IOS_PS	62	7,5	2,8	5,6	1,4	0,6	0,6	0,06 (0,015 - 0,106)	0,17
CA_SM_BS	89	7,7	2,9	5,5	1,6	0,6	0,6	0,08 (0,03 - 0,12)	0,14
DO	33	6,1	2,7	5,2	0,5	0,6	0,6	0,06 (-0,01 - 0,14)	0,22
AR_SJB	37	5,6	2,6	4,7	0,7	0,4	0,5	0,19 (0,11 - 0,26)	0,08
Total	221								-
PIC		0.55							

Figura S4. Gráfico do desequilíbrio de ligação (LD) entre loci de *Conodon nobilis*. Na escala de cores o azul indica que a ligação entre os pares de loci não é significativa. Os quadros vermelhos indicam p significativo, ou seja, os pares de loci estão ligados.

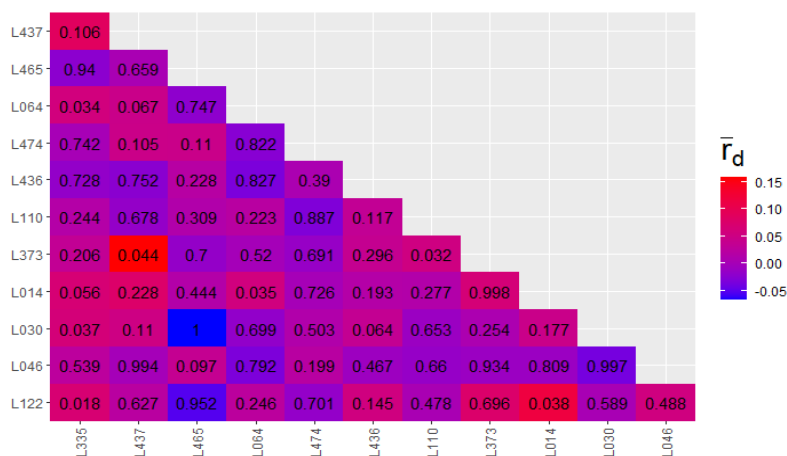


Tabela S10. Médias dos índices de diversidade genética estimados para *Conodon nobilis* por locus e população: Número de amostras genotipadas (N), número de alelos (Na), número de alelos efetivos (Ne), riqueza alélica (Ar), número de alelos privados (Ap), heterozigiosidade observada (Ho), heterozigiosidade esperada (He), equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), coeficiente de endogamia (Fis) e índice de Garza-Williamson (*M-ratio*). Os loci que se desviam do HWE são indicados por asteriscos (*).

Ilhéus	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	32	32	32	32	32	31	32	32	32	30	28	31	31.33
Na	2	4	5	9	3	11	7	7	4	2	10	10	74
Ne	1.96	2.45	2.16	2.78	2.54	4.17	3.13	3.87	1.96	1.99	3.22	3.43	2.81
Ap	0	1	1	3	0	2	1	0	1	0	6	2	17
Ar	2	3.22	2.9	5.69	2.97	6.85	4.81	5.93	2.65	2	5.24	6.79	4.25
Ho	0.5	0.56	0.72	0.62	0.38	0.55	0.66	0.94	0.62	0.67	0.14	0.74	0.59
He	0.49	0.59	0.54	0.64	0.61	0.76	0.68	0.74	0.49	0.5	0.69	0.71	0.62
HWE	1	1	1	1	0.132	1	1	1	1	0.75	0 *	0.288	
Fis	-0.01	0.05	-0.33	0.02	0.38	0.27	0.03	-0.26	-0.27	-0.33	0.79	-0.04	0.04
Fis Low	-0.36	-0.23	-0.59	-0.17	0.09	0.09	-0.18	-0.38	-0.54	-0.66	0.60	-0.18	-0.01
Fis High	0.32	0.33	-0.05	0.24	0.65	0.46	0.26	-0.12	0.01	0.00	0.95	0.088	0.10
<i>M - ratio</i>	0.4	0.36	0.45	0.29	0.6	0.06	0.46	0.41	0.23	0.02	0.04	0.42	0.28
Porto													
Seguro	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	30	30	29	30	30	30	30	29	28	30	29	27	29.33
Na	2	3	3	7	4	10	7	7	2	2	8	8	63
Ne	1.83	2.33	2.06	1.54	2.80	4.16	2.61	4.20	1.8	2.00	3.89	3.10	2.7
Ap	0	0	1	0	1	2	1	0	0	0	2	1	8
Ar	2	2.89	2.35	4.17	3.31	6.94	4.31	5.46	2	2	5.22	5.57	3.85
Ho	0.43	0.73	0.48	0.33	0.53	0.6	0.7	0.79	0.54	0.67	0.21	0.63	0.55
He	0.45	0.57	0.52	0.35	0.64	0.76	0.62	0.76	0.47	0.5	0.74	0.68	0.59
HWE	1	1	1	0.18	1	1	1	1	1	0.81	0 *	1	
Fis	0.04	-0.28	0.06	0.05	0.17	0.21	-0.13	-0.04	-0.14	-0.33	0.72	0.07	0.05
Fis Low	-0.29	-0.55	-0.27	-0.12	-0.08	0.02	-0.37	-0.22	-0.47	-0.65	0.52	-0.13	-0.02
Fis High	0.41	-0.00	0.41	0.23	0.43	0.41	0.11	0.16	0.22	0.01	0.90	0.29	0.13
<i>M - ratio</i>	0.41	0.33	0.33	0.25	0.36	0.27	0.18	0.02	0.02	0.22	0.03	0.03	0.18

Caravelas	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	29	28	30	30	30	29	30	26	27	30	28	29	28.83
Na	4	4	3	5	3	9	4	6	2	2	9	11	62
Ne	2.18	2.80	2.05	2.41	2.06	4.24	2.21	4.36	1.57	2	3.64	3.83	2.78
Ap	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2	0	4
Ar	2.96	3.31	2.32	4.23	2.36	5.87	3.04	4.98	2	2	5.16	6.86	3.76
Ho	0.55	0.86	0.7	0.5	0.5	0.62	0.57	0.58	0.41	0.87	0.29	0.55	0.58
He	0.54	0.64	0.51	0.59	0.52	0.76	0.55	0.77	0.37	0.5	0.73	0.74	0.6
HWE	0 *	1	1	1	1	1	1	0.36	1	0 *	0 *	1	
Fis	-0.01	-0.33	-0.36	0.14	0.03	0.18	-0.03	0.25	-0.11	-0.73	0.60	0.25	0.03
Fis Low	-0.37	-0.55	-0.66	-0.10	-0.30	-0.03	-0.32	0.01	-0.38	-0.92	0.35	0.05	-0.05
Fis High	0.32	-0.09	-0.05	0.415	0.36	0.42	0.26	0.49	0.25	-0.46	0.83	0.45	0.11
<i>M - ratio</i>	0.40	0.01	0.20	0.18	0.60	0.04	0.44	0.02	0.02	0.22	0.04	0.04	0.15
São Mateus	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	29	29	30	30	30	30	30	29	29	29	27	27	29.08
Na	4	6	4	5	2	13	6	5	3	2	9	11	70
Ne	2.01	3.34	2.13	1.82	1.89	3.61	2.33	4.01	1.90	1.82	3.52	4.05	2.7
Ar	2.67	4.71	2.67	3.7	2	7.18	3.57	4.69	2.35	2	5.25	6.07	3.91
Ap	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	0	6
Ho	0.52	0.66	0.6	0.5	0.43	0.67	0.53	0.83	0.45	0.62	0.22	0.85	0.57
He	0.5	0.7	0.53	0.45	0.47	0.72	0.57	0.75	0.47	0.45	0.72	0.75	0.59
HWE	1	0.492	1	1	1	0.02*	0.06	1	1	0.528	0 *	1	
Fis	-0.02	0.06	-0.12	-0.10	0.08	0.07	0.06	-0.10	0.05	-0.37	0.68	-0.13	0.03
Fis Low	-0.35	-0.19	-0.44	-0.29	-0.27	-0.09	-0.22	-0.27	-0.29	-0.63	0.45	-0.30	-0.05
Fis High	0.317	0.31	0.19	0.16	0.44	0.26	0.35	0.08	0.40	-0.07	0.90	0.04	0.11
<i>M - ratio</i>	0.04	0.02	0.16	0.18	0.66	0.15	0.28	0.02	0.03	0.02	0.04	0.04	0.14
Barra Seca	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	29	26	29	29	29	28	29	27	28	28	26	27	27.92
Na	4	5	2	9	2	14	5	5	3	3	9	9	70

Ne	2.19	2.79	1.97	2.18	1.96	4.94	2.47	3.99	1.89	1.99	4	3.01	2.79
Ar	2.93	4.39	2	5.24	2	7.55	3.72	4.52	2.33	2.33	5.58	5.52	4.01
Ap	0	0	0	2	0	2	0	0	0	1	4	0	9
Ho	0.28	0.46	0.62	0.66	0.52	0.71	0.72	0.48	0.46	0.57	0.19	0.59	0.52
He	0.54	0.64	0.49	0.54	0.49	0.8	0.6	0.75	0.47	0.5	0.75	0.67	0.6
HWE	0 *	0 *	1	0.02 *	1	1	1	0.02*	1	1	0 *	1	
Fis	0.49	0.28	-0.25	-0.20	-0.05	0.10	-0.21	0.35	0.01	-0.14	0.74	0.11	0.13
Fis Low	0.15	0.01	-0.57	-0.33	-0.40	-0.06	-0.45	0.09	-0.31	-0.47	0.52	-0.11	0.06
Fis High	0.78	0.54	0.10	-0.06	0.31	0.29	0.03	0.61	0.37	0.19	0.94	0.34	0.18
<i>M - ratio</i>	0.44	0.02	0.28	0.20	0.66	0.08	0.38	0.02	0.03	0.03	0.04	0.03	0
Doce	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	33	32	33	33	33	32	33	32	32	33	29	33	32.33
Na	3	7	4	8	3	10	9	6	5	2	6	10	73
Ne	1.86	3.00	2	2.45	2.11	4.30	2.91	4.33	2.24	1.83	2.75	2.72	2.71
Ar	2.29	4.16	2.62	4.64	2.3	6.25	5.35	5.03	3.11	2	4.27	6.11	4.01
Ap	0	2	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	7
Ho	0.33	0.59	0.55	0.64	0.61	0.66	0.7	0.66	0.62	0.58	0.17	0.64	0.56
He	0.46	0.67	0.5	0.59	0.53	0.77	0.66	0.77	0.55	0.45	0.64	0.63	0.6
HWE	1	1	1	0 *	0 *	0.73	1	1	1	1	0 *	1	
Fis	0.28	0.11	-0.09	-0.07	-0.14	0.14	-0.06	0.14	-0.12	-0.26	0.72	-0.00	0.06
Fis Low	-0.07	-0.11	-0.38	-0.24	-0.50	-0.05	-0.26	-0.06	-0.40	-0.55	0.49	-0.18	-0.01
Fis High	0.61	0.34	0.21	0.09	0.20	0.35	0.15	0.36	0.17	0.05	0.92	0.1	0.14
<i>M - ratio</i>	0.3	0.02	0.03	0.2	0.6	0.06	0.33	0.02	0.04	0.22	0.03	0.43	0.22
Aracruz	CN335	CN437	CN465	CN064	CN474	CN436	CN110	CN373	CN014	CN030	CN046	CN122	Total
N	12	9	12	12	12	12	12	10	10	11	12	12	11.33
Na	2	3	3	2	2	4	5	6	3	2	6	6	44
Ne	1.38	2.65	1.98	1.08	1.38	2.30	2.96	5	1.94	1.93	4.72	3.51	2.58

Ar	1.96	2.9	2.64	1.64	1.97	3.53	4.27	5.46	2.64	2	5.22	4.92	3.26
Ap	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2
Ho	0.17	0.67	0.33	0.08	0.17	0.25	0.58	0.8	0.7	0.45	0.33	0.58	0.43
He	0.28	0.62	0.5	0.08	0.28	0.57	0.66	0.8	0.48	0.48	0.79	0.72	0.52
HWE	1	1	1	1	1	0.06	1	1	1	1	0.01 *	1	1
Fis	0.4	-0.06	0.32	-0.04	0.4	0.55	0.12	0	-0.44	0.05	0.57	0.18	0.18
Fis Low	-0.1198	-0.70	-0.19	-0.11	-0.12	0.10	-0.29	-0.34	-0.79	-0.52	0.22	-0.21	0.01
Fis High	10.802	0.53	0.86	-0.01	1079	1031	0.56	0.34	-0.18	0.67	0.90	0.55	0.33
<i>M - ratio</i>	0	0.01	0.23	0.18	0.66	0.44	0.55	0.02	0.03	0.02	0.26	0.20	0.25
São João da Barra	L335	L437	L465	L064	L474	L436	L110	L373	L014	L030	L046	L122	Total
N	23	23	24	24	24	25	25	23	20	22	25	24	23.5
Na	2	4	4	7	3	9	4	5	2	2	8	8	58
Ne	1.62	2.82	2.17	1.56	1.89	3.02	2.24	4.54	1.72	1.90	3.05	2.40	2.41
Ar	1.99	3.37	3	3.88	2.39	5.44	2.97	4.84	2	2	5.07	4.57	3.46
Ap	0	0	1	3	1	0	0	0	0	0	1	0	6
Ho	0.17	0.57	0.5	0.42	0.25	0.44	0.6	0.65	0.6	0.59	0.24	0.42	0.45
He	0.39	0.65	0.54	0.36	0.47	0.67	0.55	0.78	0.42	0.47	0.67	0.58	0.55
HWE	0.10	1	1	1	0.63	1	1	0.36	0.66	1	0 *	0.03 *	
Fis	0.5	0.12	0.07	-0.15	0.46	0.34	-0.08	0.16	-0.42	-0.24	0.64	0.28	0.16
Fis Low	0.07	-0.17	-0.26	-0.26	0.09	0.11	-0.41	-0.08	-0.67	-0.61	0.39	-0.06	0.08
Fis High	0.91	0.43	0.42	-0.07	0.82	0.58	0.25	0.40	-0.22	0.16	0.87	0.62	0.25
<i>M - ratio</i>	0.02	0.01	0.03	0.03	0.03	0.24	0.17	0.02	0.02	0.25	0.27	0.03	0.07

Capítulo 3

Viabilidade Genética em Tempos de Crise: Avaliando o Futuro de *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis*

Stefânia Pereira Santos^{a,b,*}, Carolina Barros Machado^b, Juliana Beltramin De Biasi^b, Carlos Werner Hackrad^b, Fabiana César Félix-Hackrad^b

^a Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade, Universidade Estadual de Santa Cruz, Rodovia Jorge Amado, km 16, Salobrinho, Ilhéus, BA 45662-900, Brazil.

^b Marine Ecology and Conservation Laboratory, Center of Environmental Science, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brazil.

*Corresponding author: stefaniaps.bio@gmail.com (SPS). Marine Ecology and Conservation Laboratory, Center of Environmental Science, Universidade Federal do Sul da Bahia, Campus Sosígenes Costa, Rodovia BR 367 km 10, Porto Seguro, BA 45810-000, Brazil.

Sugestão de revista para submissão: Biological Conservation.

Resumo

As atividades humanas estão alterando os padrões de biodiversidade marinha global a longo prazo, impactando também o potencial de captura de peixes disponíveis para a pesca. A drástica redução dos tamanhos populacionais diminui os tamanhos efetivos das populações e aumenta o risco de perda de variabilidade genética, por meio da deriva genética e da consanguinidade. Isso torna essas populações mais vulneráveis à erosão do genoma e, conseqüentemente, à extinção. O objetivo deste trabalho é prever se a diversidade genética atual das espécies de peixes costeiros *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis* será suficiente para manter sua viabilidade genética em diferentes cenários de declínio populacional. As informações geradas visam oferecer subsídios para a viabilidade a longo prazo dessas espécies, auxiliando assim na formulação de estratégias eficazes de conservação. A análise foi realizada por meio de simulações preditivas de viabilidade populacional, utilizando dados genéticos e o software Bottlesim. Os resultados sugerem que a diversidade genética de *I. parvipinnis* pode ser mantida em níveis adequados, desde que as populações permaneçam estáveis. Por outro lado, *C. nobilis* já enfrenta uma redução crítica na diversidade genética. Esses resultados indicam que *C. nobilis* é particularmente sensível a gargalos populacionais, especialmente em cenários de declínio acentuado. Essas descobertas enfatizam a necessidade urgente de implementar estratégias de manejo eficazes para conservar essas espécies e proteger a biodiversidade marinha, destacando a importância de manter tamanhos populacionais adequados para garantir a resiliência e a adaptabilidade a longo prazo.

Palavras-chave: Variabilidade genética, declínio populacional, deriva genética, simulações preditivas, Bottlesim, peixes costeiros, conservação de espécies.

1. Introdução

Os oceanos enfrentam ameaças iminentes, principalmente devido às ações humanas que impactam ecossistemas naturais em todo o mundo (Kvamsdal et al., 2023; McCauley et al., 2015; Crain et al., 2009; Halpern et al., 2008). Essas ações resultam em diversas consequências, incluindo a degradação e perda de habitat, poluição, declínio global das populações de peixes devido a sobrepesca, extinções de várias espécies e mudanças climáticas, que provocam o aquecimento e a acidificação dos oceanos (Kvamsdal et al., 2023; Chapman, 2017; Crain et al., 2009).

Os impactos cumulativos resultantes das atividades humanas estão alterando os padrões de biodiversidade marinha global a longo prazo (Jones & Cheung, 2017), o que também afeta o potencial de captura de peixes disponíveis para a pesca (Lam et al., 2016). As previsões indicam que, sem um gerenciamento adequado das taxas de exploração, as principais pescarias poderão colapsar até 2048 (Worm et al., 2006). Pinsky et al., 2011 sugerem que até duas vezes mais peixes de espécies pequenas e de baixo nível trófico entraram em colapso em comparação com grandes predadores de topo. Em contrapartida, os estudos de Duarte et al. (2020) indicam que a recuperação da estrutura e função dos ecossistemas marinhos poderia ser alcançada até 2050, caso as principais pressões sobre o ambiente sejam adequadamente mitigadas.

A drástica redução dos tamanhos populacionais inevitavelmente diminui seus tamanhos efetivos (Stevens et al., 2018). Esse declínio no tamanho efetivo aumenta o risco de perda de variabilidade genética por meio da deriva genética e da consanguinidade, como já observado em diversas espécies (Gandra et al., 2021; Lino et al., 2019; Allendorf et al., 2014; Hauser et al., 2002; Hoarau et al., 2005). Pinsky e Palumbi, 2014, por exemplo, evidenciaram através de uma meta-análise que 140 espécies de peixes marinhos vítimas da pesca excessiva sofrem com a perda de diversidade genética. Como a diversidade genética é um componente fundamental da evolução adaptativa, é crucial para a capacidade das populações de persistirem em ambientes estressantes. Sua perda torna essas populações mais vulneráveis à erosão do genoma e conseqüentemente à extinção (Niskanen et al., 2020; Frankham, 2005; Spielman et al., 2004; Reed & Frankham, 2003; Frankham et al., 2002).

As espécies de peixes costeiros *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis* estão distribuídas na costa oeste do Oceano Atlântico, da Flórida, nos Estados Unidos, até o Sul do Brasil. Embora classificadas como "Pouco Vulneráveis" na Lista Vermelha de espécies ameaçadas da IUCN (União Internacional para a Conservação da Natureza) (IUCN, 2022), essa categorização pode não refletir adequadamente seu verdadeiro *status* devido à escassez de informações sobre a dinâmica populacional e ecológica dessas espécies, bem como ao grau de exposição a ameaças globais e estressores antropogênicos.

Entre as principais ameaças antropogênicas, evidências significativas indicam que a poluição, a degradação do habitat e a sobre-exploração pesqueira representam ameaças imediatas para ambas as espécies no litoral brasileiro. Um exemplo marcante é o impacto da poluição decorrente do rompimento da barragem de mineração em Mariana, Minas Gerais, em 2015, que liberou mais de 50 milhões de m³ de rejeitos de minério no estuário do Rio Doce e áreas adjacentes do Oceano Atlântico. Este evento é considerado o pior acidente da mineração no Brasil (Sánchez et al., 2018; Marta-Almeida et al., 2016). A enxurrada de lama resultante causou alta mortalidade de organismos, soterramento e degradação de habitats, além de expor as espécies afetadas a poluição por metais de forma persistente e por tempo indeterminado, comprometendo a saúde dos indivíduos (Bonecker et al., 2022; Sá et al., 2021, Sánchez et al., 2018).

Adicionalmente, ambas as espécies são frequentemente reportadas como captura incidental na pesca de arrasto, especialmente em arrastos de camarão, desde a década de 1970 (Verba et al., 2020; Passarone, 2020; Bernardo et al., 2011; Branco & Verani, 2006; Graça-Lopes et al., 2002; Coelho, 1988). Elas são consideradas sobre pescadas (Verba et al., 2020), e alguns estudos as classificam com o status de altamente vulneráveis (Freitas et al., 2023; Lira et al., 2022; Verba et al., 2020).

A captura incidental, combinada com práticas inadequadas de gestão pesqueira e a falta de políticas de manejo para proteger espécies não ameaçadas, resulta em sérios riscos à biodiversidade marinha, como o aumento da captura de juvenis (Passarone et al., 2020; Silva -Júnior et al., 2015; Silva -Júnior et al., 2013) e o declínio das populações (Rezende et al., 2019; Silveira et

al., 2018). Além disso, mudanças climáticas e outros fatores ainda não totalmente compreendidos podem representar ameaças adicionais à viabilidade dessas espécies a longo prazo, ressaltando a necessidade de estratégias de manejo eficazes.

As análises de gargalos populacionais realizadas no Capítulo 2 desta tese revelaram que as populações de *I. parvipinnis* e *C. nobilis* em nossa área de pesquisa sofreram reduções recentes, tornando crucial avaliar sua resiliência às ameaças atuais e futuras para desenvolver estratégias de manejo eficazes (Angeler et al., 2018).

Embora se saiba que reduções do tamanho populacional levam à perda da diversidade genética devido à deriva, a gravidade desse efeito e seus aspectos temporais são fundamentais para determinar a capacidade de uma população de manter essa diversidade (Frankham et al., 2010; Pinto et al., 2024). Fatores como o tamanho da população (Amos & Balmford, 2001; Frankham et al., 2010) e as características de história de vida da espécie (Ewers & Didham 2006; Hailer et al., 2006; Kuo & Janzen, 2004; Lippé et al., 2006), especialmente as características reprodutivas e a longevidade, são essenciais para a manutenção da diversidade genética após eventos estocásticos (Hailer et al., 2006).

Diante do atual cenário de perda global da biodiversidade e da escassez de informações sobre o status de conservação genética e ecológica, além das ameaças enfrentadas pelas populações de *I. parvipinnis* e *C. nobilis*, este trabalho tem como objetivo avaliar se a diversidade genética atual será suficiente para manter a viabilidade genética dessas espécies em diferentes cenários de declínio populacional nos próximos 100 anos. As informações geradas visam oferecer subsídios para a viabilidade a longo prazo das espécies, auxiliando assim em estratégias eficazes de conservação.

2. Material e Métodos

As análises de viabilidade populacional foram realizadas com base nos grupos populacionais genéticos identificados através da genotipagem de microssatélites, conforme descrito no Capítulo 2 desta tese. Consideramos que *I. parvipinnis* possui três populações genéticas, nomeadas da seguinte forma:

Cluster 1, que inclui Ilhéus (IOS) e Porto Seguro (PS); Cluster 2, que é representado por São Mateus (SM); e Cluster 3, que abrange Caravelas (CA), Barra Seca (BS), Doce (DO) e Aracruz (AR). Em relação a *C. nobilis*, identificamos quatro grupos genéticos distribuídos em oito locais, que se organizam da seguinte maneira: Cluster 1 (IOS e PS), Cluster 2 (CA, SM e BS), Cluster 3 (DO) e Cluster 4 (AR e SJB) (Figura 1).

2.1 Modelagem preditiva: perda de variação genética nas gerações futuras

A perda futura de variação genética nos próximos 100 anos (equivalente a 100 gerações) foi simulada com o software BottleSim V2.6 (Kuo e Janzen, 2003). Esse software cria cenários para modelos biológicos com histórias de vida complexas, utilizando dados de frequência alélica, obtidos a partir de genótipos, o tamanho populacional (N) e características da história de vida da espécie para projetar o declínio da diversidade genética devido à deriva genética. A seleção natural, a migração e a mutação não são incluídas neste modelo.

Devido a ausência de análises de censo para as espécies, o tamanho populacional foi estimado a partir do somatório dos nossos dados de coleta. As coletas ocorreram entre outubro de 2018 e maio de 2024. As amostras de peixes das regiões estuarinas no estado do Espírito Santo foram obtidas por pesquisadores do Laboratório de Genética e Conservação Animal (LGCA) da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), enquanto as amostras provenientes do Sul da Bahia foram coletadas por pesquisadores do Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha (LECOMAR) e colaboradores locais. Para avaliar se há a perda de variação genética e o aumento da endogamia, realizamos simulações considerando dois cenários: (i) mantendo N constante durante toda a simulação e (ii) reduzindo o tamanho do N ao longo das gerações para incorporar diferentes cenários de declínio populacional. No segundo caso, simulações foram feitas com perdas graduais de N_e de 10%, 25%, 50%, 75% e 90%.

Os parâmetros utilizados nas simulações incluíram: gerações completamente sobrepostas (100%), sistema reprodutivo dióico, acasalamento aleatório, o N estimado para cada grupo populacional, intervalo de tempo da

simulação 100 anos e 1.000 interações. Assumimos que a longevidade esperada de *I. parvipinnis* é de 10 anos (Lamas & Soares, 2019; Tomás et al., 2019), com maturação reprodutiva ao 1 ano de idade e uma razão sexual de 1,4 fêmeas para cada macho (Silva-Júnior et al., 2015; Coelho, 1988). Para *C. nobilis*, a longevidade esperada é de 4 anos (Pombo et al., 2014), com maturação reprodutiva ao 1 ano e a razão sexual de 1,0 fêmeas para cada macho (Silva et al., 2019; Pombo et al., 2014).

Consideramos as seguintes estimativas de N populacional: Em *I. parvipinnis* (K=3) - Cluster 1. N = 2200 indivíduos; Cluster 2. N = 1018 indivíduos; Cluster 3. N = 4500 indivíduos. Em *C. nobilis* (K=4): Cluster 1. N = 462 indivíduos; Cluster 2. N = 986 indivíduos; Cluster 3. N = 230 indivíduos; Cluster 4. N = 327 indivíduos (tabela 1).

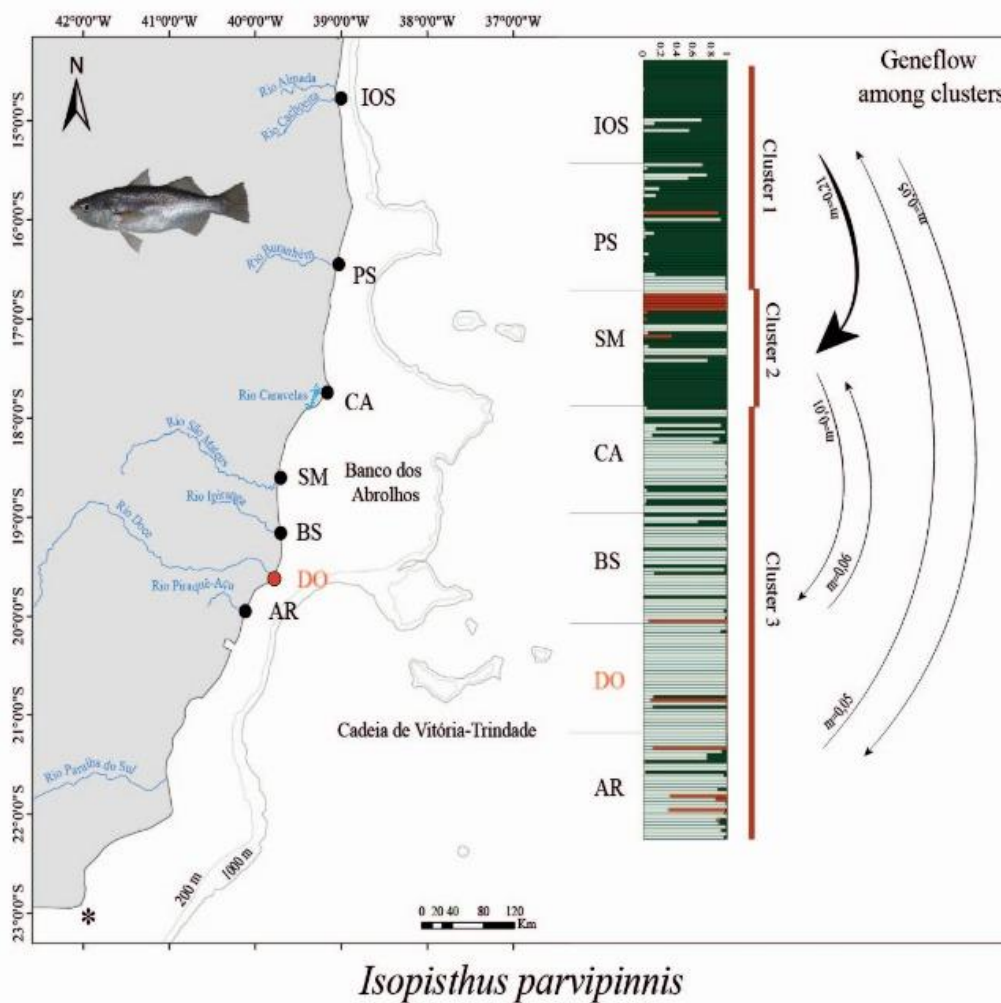


Figura 1. Mapa da área do estudo e padrões de estrutura genética. O mapa ilustra as áreas do estudo realizado em pontos entre as costa nordeste e sudeste do Brasil. Os gráficos de barras mostram a estrutura genética de *I. parvipinnis* (K = 3). As barras horizontais indicam a proporção de cada espécime atribuída a diferentes grupos genéticos, com o número de grupos (K)

determinado pelo método de Evanno. Os clusters são definidos com base nas análises de estrutura genética, onde indivíduos com perfis genéticos semelhantes, assim populações com perfis semelhantes são agrupados no mesmo cluster. Os locais de coleta dos indivíduos estão marcados com um ponto “•” e são identificados como segue: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (estuário do Rio Doce, afetado diretamente pela lama da barragem), AR = Aracruz. Os principais rios da região também estão destacados.

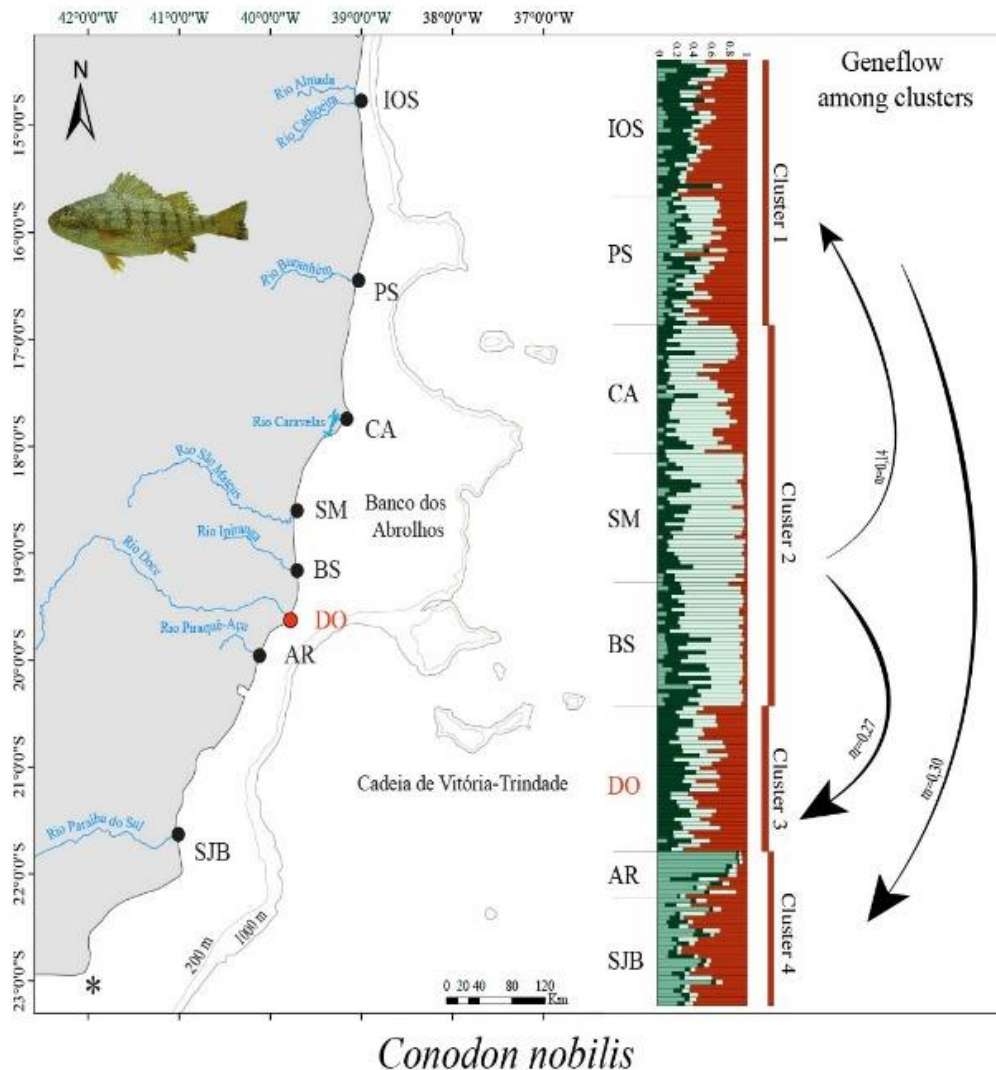


Figura 1. Mapa da área do estudo e padrões de estrutura genética. O mapa ilustra as áreas do estudo realizado em pontos da costa nordeste e sudeste do Brasil. Os gráficos de barras mostram a estrutura genética de *C. nobilis* ($K = 4$). As barras horizontais indicam a proporção de cada espécime atribuída a diferentes grupos genéticos, com o número de grupos (K) determinado pelo método de Evanno. Os clusters são definidos com base nas análises de estrutura genética, onde indivíduos com perfis genéticos semelhantes, assim populações com perfis semelhantes são agrupados no mesmo cluster. Os locais de coleta dos indivíduos estão marcados com um ponto “•” e são identificados como segue: IOS = Ilhéus, PS = Porto Seguro, CA = Caravelas, SM = São Mateus, BS = Barra Seca, DO = Doce (estuário do Rio Doce, afetado diretamente pela lama da barragem), AR = Aracruz, SJB = São João da Barra. Os principais rios da região também estão destacados.

3. Resultados

As tabelas 1a/1b resumem as projeções de simulação do número observado de alelos (AO), da heterozigosidade esperada (He) e do coeficiente de endogamia (F) retidos após um período de 100 anos em comparação com os índices atuais para *I. parvipinnis* e *C. nobilis*, respectivamente. Projetamos a perda de diversidade genética ao longo do tempo para todas as populações de ambas as espécies, independentemente do cenário testado. O número de AO diminuiu em um ritmo mais acelerado do que a He, conforme o esperado.

Com base nas frequências alélicas, as populações de *I. parvipinnis* manterão aproximadamente 96% do número de AO e mais de 98% da He atuais, se os tamanhos das populações permanecerem constantes nos próximos 100 anos. No cenário mais pessimista, em que um gargalo populacional simulado resulta em uma redução de 90% do N atual, os percentuais de AO retidos variaram entre 60,7% no Cluster 1 e 65,1% no Cluster 3. Por outro lado, as populações dos Clusters 2 e 3 manteriam 84,8% e 96% da He, respectivamente. Nossas observações indicam que todas as populações de *I. parvipinnis* sofrerão perdas de AO de pelo menos 9% caso enfrentem um declínio de 50% em seu N atual (Tabela 1a; Figura 2).

Em comparação, nas populações de *C. nobilis*, a maior retenção do AO e da He para uma população sem bottleneck no intervalo de 100 anos, seria a população do Cluster 3, onde $A = 72\%$ e $He = 97\%$. Em contraste, mesmo na ausência de bottleneck, as populações Cluster 3 ($AO = 58,2\%$; $He = 86,8\%$) e Cluster 4 ($AO = 63,9\%$; $He = 90,7\%$) já atingiram os limites mínimos da recomendação para a conservação de manter 90% da diversidade genética dentro do período de 100 anos (Frankham et al., 2014) (Tabela 1b; Figura 3).

Quanto ao coeficiente F, projetamos o aumento da endogamia à medida que o declínio do N é intensificado em todos os cenários testados. Na população do Cluster 1 de *I. parvipinnis*, por exemplo, em condições iniciais, o F é de -0,0001. No entanto, em cenários severamente afetados, com 90% de declínio, o F aumenta para 0,011. Da mesma forma, em *C. nobilis* (Cluster 1), F passa de -0,001 para 0,1924 sob os mesmos cenários, indicando um aumento significativo na endogamia (Tabela 1b).

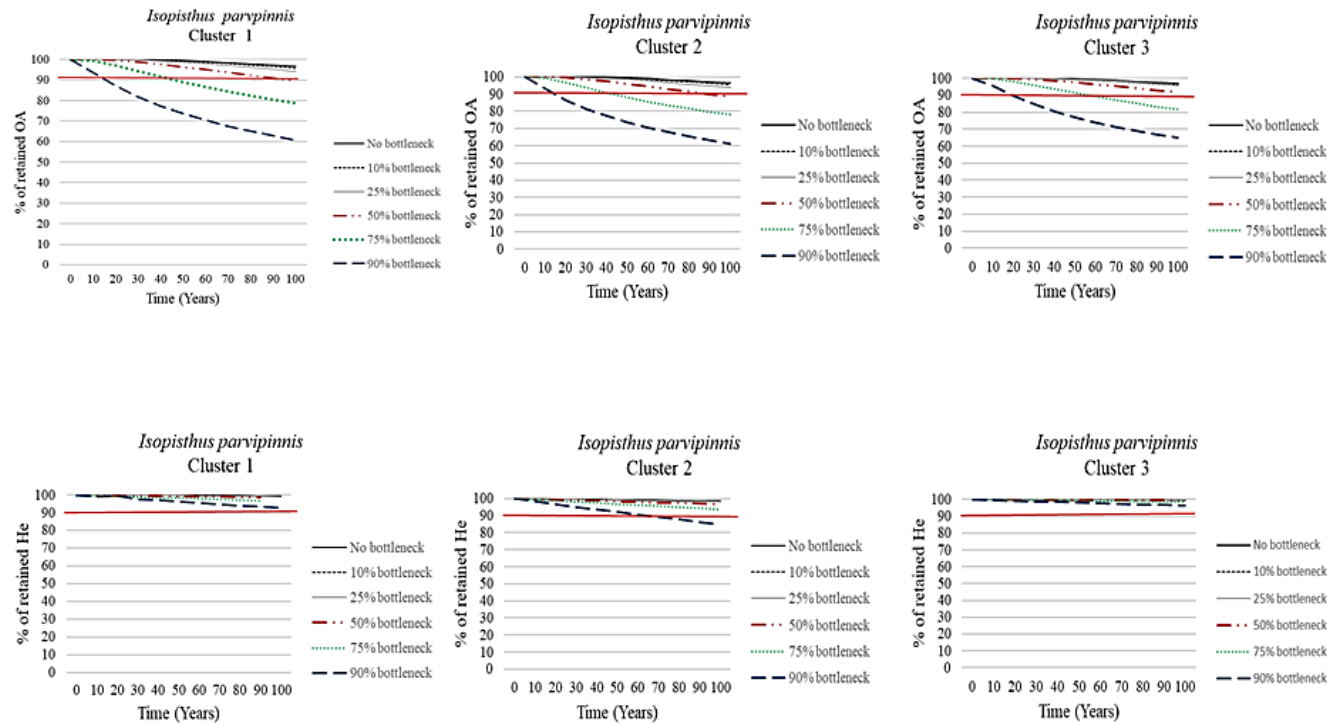


Figura 2. Diversidade genética prevista em 3 populações de *Isopisthus parvipinnis* nos próximos 100 anos ($K = 3$; Cluster 1, Cluster 2, Cluster 3). Essas populações foram identificadas através das análises de estrutura populacional (STRUCTURE) que podem ser vistas no capítulo 2 desta tese. Utilizando o BOTTLESIM v2.6, estimamos o número de alelos retidos (AO) e a heterozigiosidade esperada (He) em diferentes cenários de gargalo. A linha vermelha representa o limite para avaliar a probabilidade de persistência da espécie. No gerenciamento de populações ameaçadas, a meta é reter, no mínimo, 90% da diversidade genética atual no intervalo de 100 anos (Frankham et al., 2014).

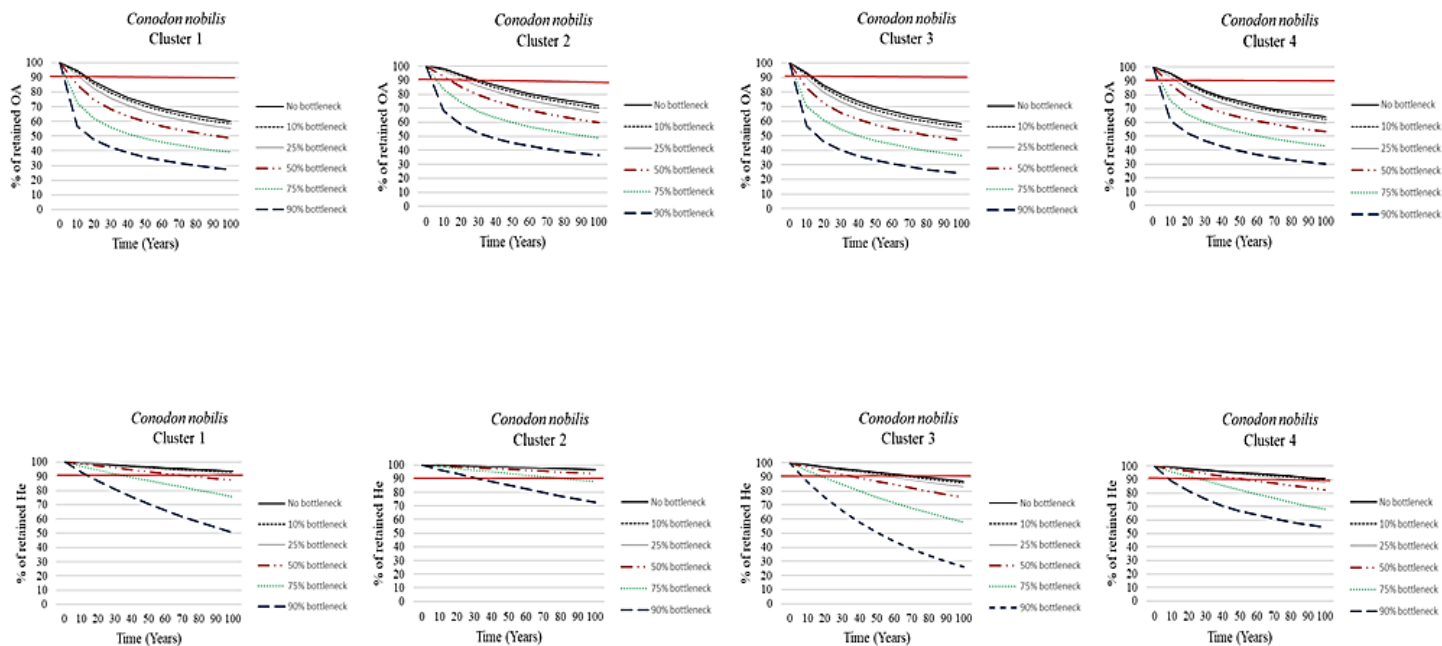


Figura 3. Diversidade genética prevista em 4 populações de *Conodon nobilis* nos próximos 100 anos ($K = 4$; Cluster 1, Cluster 2, Cluster 3 e Cluster 4). Essas populações foram identificadas através das análises de estrutura populacional (STRUCTURE) que podem ser vistas no material suplementar do capítulo 2 desta tese. Usando o BOTTLESIM v2.6, estimamos o número de alelos retidos (A) e a heterozigosidade esperada (He) em diferentes cenários de gargalo. A linha vermelha representa o limite para avaliar a probabilidade de persistência da espécie. No gerenciamento de populações ameaçadas, a meta é reter, no mínimo, 90% da diversidade genética atual no intervalo de 100 anos (Frankham et al., 2014).

Tabela 1a. Diversidade genética simulada em três populações de *Isopisthus parvipinnis* (K = 3; Cluster 1, Cluster 2; Cluster 3) nos próximos 100 anos. Os resultados simulados incluem número de alelos observados (AO), Heterozigosidade esperada (He), Coeficiente de endogamia (F). Todas as medidas de diversidade são apresentadas com o desvio padrão (SD) e os valores conservados em porcentagem (%), usando valores constantes para o tamanho da população (N) e cenários com N em declínio.

<i>Isopisthus parvipinnis</i>								
	Population Size	Year	AO Average (SD)	AO %	HE Average (SD)	HE %	F Average (SD)	F %
Cluster 1	2200	0	8.0000 (5.5759)	100	0.5148 (0.2411)	100	-0.0001 (0.0005)	100
No bottleneck	2200	100	7.7343 (5.3739)	96.7	0.5112 (0.2393)	99.2	-0.0005 (0.0004)	612.3
Declining N (10 %)	1980	100	7.6628 (5.3359)	95.7	0.5112 (0.2387)	99	-0.0006 (0.0005)	216.8
Declining N (25%)	1650	100	7.5431 (5.2375)	94.2	0.5096 (0.2391)	99	-0.0008 (0.0004)	378
Declining N (50%)	1100	100	7.1715 (5.0048)	89.6	0.5074 (0.2367)	98.5	-0.0013 (0.0004)	296.4
Declining N (75%)	550	100	6.2948 (4.3188)	78.6	0.4984 (0.2344)	96.8	-0.0013 (0.0044)	369.1
Declining N (90%)	220	100	4.8608 (3.0119)	60.7	0.4763 (0.2220)	92.5	0.0110 (0.0470)	-3372.1
Cluster 2	1018	0	6.3333 (4.0076)	100	0.6380 (0.1248)	100	-0.0007 (0.0005)	100
No bottleneck	1018	100	6.0978 (3.7710)	96.2	0.6280 (0.1225)	98	-0.0012 (0.0005)	164.1
Declining N (10 %)	917	100	6.0479 (3.6949)	95.4	0.6266 (0.1220)	98	-0.0015 (0.0008)	313.2
Declining N (25%)	764	100	5.9362 (3.5544)	93.7	0.6253 (0.1214)	98	-0.0022 (0.0007)	1191.7
Declining N (50%)	509	100	5.6148 (3.1859)	88.6	0.6169 (0.1209)	96.6	-0.0031 (0.0006)	799.7
Declining N (75%)	255	100	4.9472 (2.3615)	78.1	0.5980 (0.1161)	94	-0.0060 (0.0007)	945

Declining N (90%)	102	100	3.8799 (1.2786)	61.2	0.5415 (0.1066)	84.8	-0.0083 (0.0065)	1217.2
Cluster 3	4500	0	8.6667 (6.0653)	100	0.5662 (0.1485)	100	-0.0003 (0.0004)	100
No bottleneck	4500	100	8.3895 (5.8109)	96.8	0.5638 (0.1478)	99.5	-0.0003 (0.0003)	95.8
Declining N (10 %)	4050	100	8.3227 (5.7343)	96	0.5635 (0.1477)	99.5	-0.0004 (0.0004)	-634.9
Declining N (25%)	3375	100	8.3081 (5.7301)	95.8	0.5637 (0.1471)	99.5	-0.0004 (0.0004)	223.3
Declining N (50%)	2250	100	7.9532 (5.3513)	91.7	0.5620 (0.1472)	99.2	-0.0005 (0.0002)	834
Declining N (75%)	1125	100	7.0754 (4.4039)	81.6	0.5575 (0.1470)	98	-0.0014 (0.0005)	783.2
Declining N (90%)	450	100	5.6476 (2.9582)	65.1	0.5452 (0.1423)	96	-0.0031 (0.0012)	3271.2

Tabela 1b. Diversidade genética simulada em quatro populações de *Conodon nobilis* (K = 4; Cluster 1, Cluster 2, Cluster 3 e Cluster 4) nos próximos 100 anos. Os resultados simulados incluem número de alelos observados (AO), Heterozigosidade esperada (He), Coeficiente de endogamia (F). Todas as medidas de diversidade são apresentadas com o desvio padrão (SD) e os valores conservados em porcentagem (%), usando valores constantes para o tamanho da população (N) e cenários com N em declínio.

<i>Conodon nobilis</i>								
	Population Size	Year	AO Average (SD)	A %	HE Average (SD)	HE %	F Average (SD)	F %
Cluster 1		0	7.4988 (4.4814)	100	0.6108 (0.1113)	100	-0.0010 (0.0013)	100
No bottleneck	462	100	4.5148 (2.1419)	60.2	0.5706 (0.1047)	93.5	-0.0028 (0.0010)	284.9
Declining N (10 %)	416	100	4.385 (2.0328)	58.4	0.5668 (0.1026)	93	-0.0028 (0.0011)	476.8
Declining N (25%)	347	100	4.1331 (1.8086)	55.1	0.5569 (0.102)	91	-0.0048 (0.0018)	505
Declining N (50%)	231	100	3.6636 (1.4093)	48.8	0.5328 (0.0964)	87.2	-0.0056 (0.0021)	535.3
Declining N (75%)	116	100	2.9297 (0.8122)	39	0.4618 (0.0876)	75.6	0.0090 (0.0218)	-695.3
Declining N (90%)	46	100	2.0360 (0.2870)	27.1	0.3074 (0.0586)	50.3	0.1924 (0.0838)	-18979.5
Cluster 2		0	7.6667 (4.6188)	100	0.61 (0.1256)	100	-0.0005 (0.0005)	100
No bottleneck	986	100	5.5234 (3.2)	72	0.5904 (0.1224)	97	-0.0010 (0.0009)	219.2
Declining N (10 %)	888	100	5.3847 (3.0867)	70	0.5881 (0.1212)	96	-0.0015 (0.0008)	374.7
Declining N (25%)	740	100	5.1408 (2.8505)	67	0.5841 (0.1199)	95.7	-0.0019 (0.0010)	-11179.6
Declining N (50%)	493	100	4.5923 (2.3546)	60	0.5711 (0.1188)	93.6	-0.0022 (0.0011)	537.6
Declining N (75%)	247	100	3.7523 (1.5712)	49	0.5359 (0.1081)	88	-0.0048 (0.0015)	1369.7

Declining N (90%)	99	100	2.7881 (0.7673)	36.3	0.4430 (0.0917)	72.6	0.0192 (0.0241)	-7751.7
Cluster 3	230	0	6.0815 (2.7768)	100	0.6006 (0.106)	100	-0.0022 (0.0016)	100
No bottleneck	230	100	3.5424 (1.1378)	58.2	0.5218 (0.0921)	86.8	-0.0039 (0.0018)	179.9
Declining N (10 %)	207	100	3.4267 (1.0645)	56.3	0.5141 (0.0908)	85.5	-0.0043 (0.0030)	214.7
Declining N (25%)	173	100	3.25 (0.9382)	53.4	0.499 (0.088)	83	-0.0047 (0.0049)	210.8
Declining N (50%)	115	100	2.8617 (0.6878)	47	0.4537 (0.0814)	75.5	0.0120 (0.0211)	-4.739.280
Declining N (75%)	58	100	2.2202 (0.3435)	36.5	0.3473 (0.0604)	58	0.1278 (0.0650)	-5787.4
Declining N (90%)	23	100	1.4753 (0.0989)	24.2	0.1577 (0.0312)	26	0.5326 (0.0776)	-32848.2
Cluster 4	327	0	5.5832 (2.9682)	100	0.549 (0.1586)	100	-0.0018 (0.0011)	100
No bottleneck	327	100	3.57 (1.4183)	63.9	0.4983 (0.1439)	90.7	0.0018 (0.0155)	-1.023.465
Declining N (10 %)	294	100	3.4794 (1.3501)	62.3	0.4944 (0.1417)	90	0.0020 (0.0182)	-909.929
Declining N (25%)	245	100	3.3291 (1.2387)	59.6	0.4822 (0.1397)	87.7	0.0048 (0.0274)	-2.323.337
Declining N (50%)	164	100	2.9823 (0.9871)	53.4	0.4528 (0.1291)	83	0.0225 (0.0526)	-1126.4
Declining N (75%)	82	100	2.3994 (0.6083)	42.9	0.3727 (0.1084)	68	0.0995 (0.1265)	-5982.8
Declining N (90%)	33	100	1.6739 (0.2190)	29.9	0.2130 (0.0596)	38.7	0.3913 (0.1414)	-21882.6

4. Discussão

A manutenção de altos níveis de diversidade genética é crucial para a sobrevivência e adaptabilidade das espécies às mudanças ambientais (Hoffmann et al., 2017; Frankham et al., 2015; Frankham et al., 2002). Neste estudo, os diferentes cenários de simulações preditivas de viabilidade populacional para as espécies *I. parvipinnis* e *C. nobilis* fornecem insights importantes sobre a viabilidade dessas espécies e evidenciam sua vulnerabilidade em face de reduções em seus tamanhos populacionais.

Como esperado, as simulações mostraram que a diversidade genética, medida pelo número de alelos observados (AO) e pela heterozigosidade esperada (He), está fortemente correlacionada ao tamanho da população, já que populações maiores tendem a tornar a deriva genética uma força menos eficaz na alteração das frequências alélicas ao longo do tempo, resultando em mudanças lentas em loci neutros (Frankham et al., 2012; Brook et al., 2008; Crow, 1986). Para o gerenciamento da conservação, recomenda-se estabelecer limites que garantam a preservação de 90% da diversidade genética inicial em populações selvagens ao longo de 100 anos (Frankham et al., 2010; Frankham et al., 2014).

No caso de *I. parvipinnis*, as simulações indicam que, se os tamanhos populacionais forem mantidos nos níveis atuais, apenas declínios modestos na diversidade genética são esperados (AO > 96%; He > 98% em 100 anos). Contudo, essa diversidade pode diminuir acentuadamente à medida que a intensidade do gargalo populacional aumenta, especialmente com reduções de 50% ou mais no N populacional, podendo ultrapassar o limite de 90% antes de completar 100 anos. Isso indica que o tamanho populacional calibrado nessas análises já é aparentemente um N limite e que, portanto, devem ser mantidos ou aumentados a longo prazo.

Os dados de *C. nobilis* corroboram essa observação, mas revelam uma vulnerabilidade ainda mais crítica. Mesmo na ausência de gargalos, a diversidade genética já mostra queda acentuada prevista para os próximos 30 a 50 anos, tanto para o número de AO, quanto para o He. Em cenários de gargalos severos, tanto a He (26% < He < 72,6%) quanto o número de A (24,2% < A <

36,3%) caem drasticamente, uma vez que seus tamanhos populacionais e níveis de diversidade genética atuais são menores do que *I. parvipinnis*. Esses resultados sugerem que o N calibrado nesta análise já é insuficiente para manter a diversidade genética nessas populações e que tamanhos populacionais próximos a 500, sugeridos por Frankham et al., (2010), e que possivelmente um limite de 1000 indivíduos ainda seria um valor baixo para evitar a perda acelerada de alelos.

A perda da diversidade alélica ocorreu de forma mais acelerada do que a redução da heterozigosidade, corroborando estudos anteriores sobre a viabilidade populacional de espécies ameaçadas (Guinto et al., 2023; Machado et al., 2022; Ribolli et al., 2021; Pinsk & Palumbi, 2014; Ennen et al., 2011; Kuo & Jarzen, 2004). De acordo com Allendorf (1986), gargalos populacionais de curta duração afetam minimamente a heterozigosidade, mas reduzem severamente o número de alelos. Ambas as medidas de diversidade são essenciais para estudos de viabilidade, uma vez que a heterozigosidade indica a capacidade imediata de resposta da população à seleção após um gargalo, enquanto o número de alelos é fundamental para a resposta a longo prazo e a sobrevivência das populações (Allendorf et al., 2013; Allendorf, 1986).

O aumento do coeficiente de endogamia (F) é outra característica que resulta de populações pequenas e que juntamente com a deriva genética reduzem a diversidade genética e podem trazer efeitos na capacidade adaptativa das espécies (Frankham, 2015; Brook et al., 2002). A consanguinidade é um fator crítico que ameaça a sobrevivência das populações a curto prazo (Frankham, 2015; Booy et al., 2000; Shaffer, 1987).

Para assegurar a sustentabilidade e a variabilidade genética de uma população, especialmente em contextos de conservação, é fundamental ter um número elevado de indivíduos. Isso ajuda a preservar a diversidade e a evitar a perda significativa de variação genética (Allendorf, 1986). Recomenda-se que os tamanhos mínimos efetivos da população (N_e), embora não avaliados aqui, variem entre 50 (Jamieson & Allendorf, 2012; Franklin & Frankham, 1998; Soulé, 1987) e 100 indivíduos (Frankham, 2014) para evitar a depressão por endogamia em até 5 gerações, e entre 500 (Franklin & Frankham, 1998; Lande &

Barrowclough, 1987) e 1000 indivíduos (Frankham, 2014) para garantir a retenção do potencial evolutivo e a persistência a longo prazo.

Em nosso estudo, observamos que sob as condições do modelo aplicado, onde trabalhamos com dados de coleta, os resultados sugerem que *I. parvipinnis* está mais bem posicionado para manter sua variabilidade genética ao longo de 100 anos, provavelmente devido a um maior tamanho populacional (mais de 1000 indivíduos). Em contraste, *C. nobilis* apresenta tamanhos populacionais iniciais entre 989 e 230 indivíduos se considerada a estrutura de quatro populações isoladas. Assim, quando eventos de gargalo foram aplicados a *C. nobilis*, os tamanhos efetivos rapidamente caíram abaixo de 100 indivíduos, comprometendo sua viabilidade a curto prazo. Já *I. parvipinnis* consegue manter um N suficiente para garantir sua viabilidade a longo prazo em cenários onde a redução das populações chegaria até 50%.

A razão sexual também pode ser um fator de interferência no sucesso reprodutivo e conseqüentemente na retenção da variabilidade (Schacht et al., 2022). Em nosso estudo, a razão sexual adulta com viés feminino reportada em estudos anteriores de *I. parvipinnis* (Silva-Junior et al., 2015; Romero et al., 2008; Coelho et al., 1988) nos levaram a acreditar que essa proporção tendenciosa de sexo adulto pode ser comum na espécie, e usamos esse número para definir o parâmetro de proporção de sexo em todas as nossas simulações. No entanto, Coelho et al., 1988 discute que esse viés pode ocorrer, porque os machos amadurecem primeiro e migram para regiões mais distantes da costa. Por isso, testamos os resultados da simulação com relação macho/fêmea de 1:1 e 1:1,4, mas não identificamos diferenças significativas nas simulações. (Dados não mostrados).

O modelo de simulação do Bottlesim (Kuo & Janzen, 2003) não inclui a seleção, migração ou mutação, considerando apenas a deriva genética como força evolutiva. No entanto, acreditamos que essas outras forças também devem influenciar as futuras estruturas populacionais, especialmente em espécies de peixes marinhos neotropicais. Primeiramente, as espécies em questão apresentam tempos geracionais relativamente curtos e os microssatélites têm taxas de mutação aceleradas, com eventos mutacionais ocorrendo em um intervalo de 10 a 100 gerações (Selkoe & Toonen, 2006). Assim, é plausível que

múltiplos eventos mutacionais impactem as gerações futuras ao longo de 100 anos. Além disso, no ambiente marinho, a ausência de barreiras físicas claras facilita a migração entre populações, tornando essa uma força evolutiva significativa. Portanto, se migrantes com alelos novos entrarem e se reproduzirem com sucesso, a perda de diversidade genética será menor nas populações (Frankham, 2015).

Nabutanyi e Wittmann (2022) ressaltam a importância de vários mecanismos seletivos e como a interação entre eles pode influenciar de maneira complexa o tamanho mínimo viável da população. Cada mecanismo tem efeitos distintos sobre a dinâmica populacional, o que pode complicar as estratégias de conservação. Ressaltamos, portanto, que acreditamos na importância dos nossos resultados considerando a deriva genética como uma ferramenta para a avaliação da viabilidade futura em nossas populações. No entanto, destacamos a importância de estudos futuros adicionais que considerem tanto as dinâmicas ecológicas quanto as evolutivas para evitar previsões imprecisas e colapsos populacionais inesperados.

Por fim, ressaltamos que gargalos populacionais já impactam as populações de *I. parvipinnis* e *C. nobilis* deste estudo, conforme descrito no capítulo 2 desta tese. Além disso, desde a década de 1970, as capturas de *I. parvipinnis* têm flutuado entre 0,5 e 189 toneladas anuais, refletindo as ameaças históricas da pesca (IBAMA, 2009; PMAP-IP, 2018). Na década de 1980, essa espécie representou 11% do *bycatch* em São Paulo (Coelho, 1986) e 6% nas capturas do Sul-Sudeste brasileiro (Freire et al., 2015). Branco e Verani (2006) também relataram que *I. parvipinnis*, juntamente com outras cinco espécies da família Sciaenidae compõem até 82% da fauna acompanhante em arrastos de camarão em Santa Catarina. Embora a maturação precoce, alta fecundidade e a plasticidade de crescimento confirmem certa resiliência à espécie, a exploração excessiva pode reduzir significativamente sua abundância, conforme visto em outras espécies da sua família que são comumente associadas a sobrepesca (Vasconcellos & Haimovici, 2006; Cardoso & Haimovici, 2016).

Conodon nobilis também é frequentemente capturado como *bycatch* ao longo da costa atlântica, com estimativas de cerca de 160 toneladas ao ano (Freire et al., 2015), embora os dados de desembarque sejam escassos e

possam subestimar esses números. Esta espécie é altamente suscetível ao colapso dos estoques, devido ao seu pequeno tamanho populacional (Lira et al., 2022; Pinsky et al., 2011), tornando crucial a estimativa precisa de seus parâmetros populacionais para a sua conservação. Diante desse panorama de sobreexploração, as simulações dos modelos de viabilidade populacional a partir dos dados genéticos podem se apresentar ainda mais reais sob cenários de redução populacional mais intensa, que foram os mais preocupantes neste estudo.

5. Conclusões

Este estudo destaca a importância crítica da diversidade genética para a viabilidade das espécies *I. parvipinnis* e *C. nobilis* diante das pressões ambientais contemporâneas. As simulações preditivas revelaram que, enquanto *I. parvipinnis* apresenta uma maior resiliência a quedas na diversidade genética, *C. nobilis* enfrenta um risco significativo de perda de diversidade, especialmente sob cenários de gargalo populacional. Esses achados sublinham a necessidade urgente de implementar estratégias de conservação que garantam a qualidade do habitat, a manutenção de tamanhos populacionais adequados e a conectividade entre grupos diversos, permitindo a migração e a troca genética. Além disso, são necessárias a consideração e a compreensão de fatores relacionados à dinâmica ecológica e a interação entre diferentes mecanismos evolutivos nas futuras avaliações de viabilidade, que podem fornecer insights valiosos para a gestão eficaz dessas espécies, contribuindo assim para a preservação da biodiversidade marinha.

Agradecimentos: Agradecemos aos coletores locais pela valiosa assistência durante as campanhas de amostragem realizadas no Espírito Santo e na Bahia, especialmente aos amigos Kenz, Baraúna e Victor Montargil pela colaboração. Agradecemos também ao Programa Monitoramento da Área Ambiental I, estabelecido pelo Acordo de Cooperação Técnico-Científica (001/2018) entre a Fundação de Tecnologia do Espírito Santo (FEST) e a Fundação Renova. Nossa gratidão se estende aos revisores Dr. Rodrigo Augusto Torres, Dr^a Patrícia Belini, Dr^a Josiane Ribolli, Dr^a Rosane Santos, Dr^a Fernanda Gaiotto e Dr. Luiz Felipe pela contribuição valiosa na revisão do trabalho. Por fim, expressamos nossos sinceros agradecimentos à Fundação de

Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) pelo suporte financeiro à autora Stefânia Pereira Santos.

Declaração de contribuição de autoria. Stefânia Pereira Santos: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Investigação, Curadoria de dados, Análise formal, Redação - Rascunho Original. Carolina Barros Machado: Supervisão, Conceitualização, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição. Juliana Beltramin De Biasi: Supervisão, Metodologia, Curadoria de dados, revisão e edição. Carlos Werner Hackradt: Supervisão, Administração de projetos, Validação, Redação - revisão e edição. Fabiana César Félix-Hackradt: Idealização, Conceitualização, Administração de projetos, Metodologia, Curadoria de dados, Redação - revisão e edição.

Declarações conflitantes de interesses. Os autores declaram não haver conflitos de interesse em relação aos dados apresentados.

Financiamento. O presente estudo foi realizado como parte do Programa de Monitoramento da Biodiversidade Aquática (PMBA), estabelecido pelo Acordo Técnico-Científico (001/2018) entre a UFES, a FEST e a Fundação Renova. Além disso, contou com o suporte de uma bolsa de doutorado financiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB).

Referências bibliográficas

- Allendorf, F. W. (1986). Genetic drift and the loss of alleles versus heterozygosity. *Zoo Biology*, 5(2), 181-190. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430050212>
- Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). *Conservation and the genetics of populations*. Hoboken, NJ: Wiley-Blackwell.
- Allendorf, F. W., Berry, O., & Ryman, N. (2014). So long to genetic diversity, and thanks for all the fish. *Molecular Ecology*, 23(1), 23–25. <https://doi.org/10.1111/mec.12574>
- Amos, W.; Balmford, A. 2001. When does conservation genetics matter? *Heredity*, 87(3), 257-265. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.2001.00940.x>.
- Angeler, D. G., Allen, C. R., Garmestani, A., et al. (2018). Resiliência em risco ambiental e avaliação de impacto: conceitos e medição. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 101(5), 543–548. <https://doi.org/10.1007/s00128-018-2467-5>
- Bernardo, C., Spach, H. L., Schwarz Junior, R., Stoiev, S. B., & Cattani, A. P. (2011). The by-catch of Sciaenidae fishes in experimental fishing with an otter trawl net used in the seabob shrimp, *Xiphopenaeus kroyeri*, fishery in Paraná State, Brazil. *Arq. Ciên. Mar*, 44(2), 98–105. <https://doi.org/10.32360/acmar.v44i2.168>
- Bilgmann, K., Armansin, N., Ferchaud, A. L., Normandeau, E., Bernatchez, L., Harcourt, R., Ahonen, H., Lowther, A., Goldsworthy, S. D., & Stow, A. (2021). Low effective population size in the genetically bottlenecked Australian sea lion is insufficient to maintain genetic variation. *Animal Conservation*, 24(6), 847–861. <https://doi.org/10.1111/acv.12688>
- Bonecker, A. C. T., Oliveira, A. A., Araújo, P. P., & Lopes, R. M. (2022). Monitoring of ichthyoplanktonic community at the Doce River mouth and adjacent marine region in Southeast Brazil after Fundão dam collapse. *Journal of Sea Research*, 189, 102284. <https://doi.org/10.1016/j.seares.2022.102284>
- Booy, G., Hendriks, R. J. J., Smulders, M. J. M., Van Groenendael, J. M., & Vosman, B. (2000). Genetic diversity and the survival of populations. *Plant Biology*, 2(4), 379–395. <https://doi.org/10.1055/s-2000-5958>
- Branco, J. O., & Verani, J. R. (2006). Quali-quantitative analysis of sea-bob shrimp's ichthyofauna bycatch, at Armação do Itapocoroy, Penha, Santa Catarina. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 49(2), 223–232. <https://doi.org/10.1590/S0101-81752006000200011>.
- Branco, J. O., Freitas Júnior, F., & Christoffersen, M. L. (2015). Fauna acompanhante em pescas de arrasto do camarão sete-barbas em Santa Catarina, Brasil. *Biota Neotropica*, 15(2), e20140143. <https://doi.org/10.1590/1676-06032015014314>

- Brook, B. W., Tonkyn, D. W., O'Grady, J. J., & Frankham, R. (2002). Contribution of inbreeding to extinction risk in threatened species. *Conservation Ecology*, 6(1), 16. <http://www.consecol.org/vol6/iss1/art16>
- Brook, B. W. (2008). Demographics versus genetics in conservation biology. In S. P. Carroll & C. W. Fox (Eds.), *Conservation biology: Evolution in action* (pp. 35–49). Oxford University Press. <https://doi.org/10.1093/oso/9780195306798.003.0003>
- Chapman, P. M. (2017). Assessing and managing stressors in a changing marine environment. *Marine Pollution Bulletin*, 124, 587–590. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.10.039>
- Coelho, A. P., Lopes, J. G., Rodrigues, R. S., Puzzi, E., & Puzzi, A. (1988). Aspectos biológicos e pesqueiros do sciaenidae *Isopisthus parvipinis* (Cuvier, 1830), Teleostei, Perciformes, Sciaenidae presente no rejeitado da pesca artesanal dirigida ao camarão-sete-barbas (São Paulo, Brasil). *Boletim do Instituto de Pesca*, 15(1), 85–94.
- Crain, C. M., Halpern, B. S., Beck, M. W., & Kappel, C. V. (2009). Understanding and managing human threats to the coastal marine environment. *The Year in Ecology and Conservation Biology, 2009*, Ann. N.Y. Acad. Sci., 1162, 39–62. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.04496.x>
- Crow, J.F. (1986) Basic Concepts in Population, Quantitative, and Evolutionary Genetics. W.H. Freeman, New York, 273.
- Duarte, C.M., Agusti, S., Barbier, E. *et al.* Rebuilding marine life. *Nature* 580, 39–51 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2146-7>
- Ennen, J. R., Birkhead, R. D., Kreiser, B. R., Gaillard, D. L., Qualls, C. P., & Lovich, J. E. (2011). The effects of isolation on the demography and genetic diversity of long-lived species: Implications for conservation and management of the gopher tortoise (*Gopherus polyphemus*). *Herpetological Conservation and Biology*, 6(2), 202–214.
- Ewers, R. M., & Didham, R. (2006). Confounding factors in the detection of species response to habitat fragmentation. *Biological Reviews*, 81(1), 117–142. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006949>
- Frankham, R. (2002). Predicting extinction risk. *Nature*, 419, 018. <https://doi.org/10.1038/419018a>
- Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biological Conservation*, 126(1), 131–140. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.05.002>
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2010). *Introduction to Conservation Genetics* (2nd ed.). Cambridge: Cambridge University Press.
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2010). Effects of Population Size Reduction. In *Introduction to Conservation Genetics* (pp. 229–230). chapter,

Cambridge: Cambridge University Press.
<https://doi.org/10.1017/CBO9780511809002.014>

Frankham, R., Ballou, J. D., Dudash, M. R., & et al. (2012). Implications of different species concepts for conserving biodiversity. *Biological Conservation*, 153, 25–31. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.04.034>

Frankham, R., Bradshaw, C. J. A., & Brook, B. W. (2014). Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170, 56–63. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2013.12.036>

Frankham, R. (2015). Genetic rescue of small inbred populations: Meta-analysis reveals large and consistent benefits of gene flow. *Molecular Ecology*, 24(11), 2622–2633. <https://doi.org/10.1111/mec.13139>

Franklin, I. R. (1980). Evolutionary change in small populations. In M. E. Soule & B. A. Wilcox (Eds.), *Conservation biology: An evolutionary-ecological perspective* (pp. 135–150). Sinauer Associates.

Franklin, I. R., & Frankham, R. (1998). How large must populations be to retain evolutionary potential? In *Animal Conservation Forum* (Vol. 1, pp. 69–70). Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.1998.tb00228.x>

Freire, K. de M. F., & Pauly, D. (2015). Fisheries catch reconstructions for Brazil's mainland and oceanic islands. Fisheries Centre research reports, 23(4). University of British Columbia. <https://doi.org/10.14288/1.0354313>

Freitas, A. J. R. de, Passarone, R., Lira, A. S., Pelage, L., & Lucena-Frédou, F. (2023). Vulnerability assessment of species caught by the shrimp trawl fishery in northeastern Brazil. *Regional Studies in Marine Science*, 61, 102949. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.102949>

Gandra, M., Assis, J., Martins, M. R., & Abecasis, D. (2021). Reduced global genetic differentiation of exploited marine fish species. *Molecular Biology and Evolution*, 38(4), 1402–1412. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa299>

Graça-Lopes, R., Tomás, A. R. G., Tutui, S. L. dos S., Rodrigues, E. S., & Puzzi, A. (2002). Fauna acompanhante da pesca camaroeira no litoral do estado de São Paulo, Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca*, 28(2), 173–188.

Guinto, D., Cross, M., Lipps, G., Jr., Lee, Y., Kingsbury, B., Earl, D., Dempsey, C., Hinson, J., & Jordan, M. (2023). Conservation genetic analysis of Blanding's turtles across Ohio, Indiana, and Michigan. *Diversity*, 15(668). <https://doi.org/10.3390/d15050668>

Hailer, F., Helander, B., Folkestad, A. O., Ganusevich, S. A., Garstad, S., Hauff, P., Koren, C., Nygård, T., Volke, V., Vilà, C., & Ellegren, H. (2006). Bottlenecked but long-lived: High genetic diversity retained in white-tailed eagles upon recovery from population decline. *Biology Letters*, 2(3), 316–319. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2006.0453>

- Haimovici, M., & Cardoso, L. G. (2016). Long-term changes in the fisheries in the Patos Lagoon estuary and adjacent coastal waters in Southern Brazil. *Marine Biology Research*, 12(8), 852–861. <https://doi.org/10.1080/17451000.2016.1228978>
- Halpern, B. S., McLeod, K. L., Rosenberg, A. A., & Crowder, L. B. (2008). Managing for cumulative impacts in ecosystem-based management through ocean zoning. *Ocean & Coastal Management*, 51(3), 203–211. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2007.08.002>
- Hauser, L., Adcock, G. J., Smith, P. J., Bernal Ramírez, J. H., & Carvalho, G. R. (2002). Loss of microsatellite diversity and low effective population size in an overexploited population of New Zealand snapper (*Pagrus auratus*). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 99(18), 11742–11747. <https://doi.org/10.1073/pnas.172242899>
- Hoarau, G., Boon, E., Jongma, D. N., Ferber, S., Palsson, J., Van der Veer, H. W., Rijnsdorp, A. D., Stam, W. T., & Olsen, J. L. (2005). Low effective population size and evidence for inbreeding in an overexploited flatfish, plaice (*Pleuronectes platessa* L.). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 272(1560), 497–503. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2963>
- Hoffmann, A. A., Sgrò, C. M., & Kristensen, T. N. (2017). Revisiting adaptive potential, population size, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 32(8), 506–517. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.03.012>
- IBAMA. (2009). *Estatística da pesca 2007: Brasil, grandes regiões e unidades da federação*. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis. <http://www.ibama.gov.br/sophia/cnia/livros/estatisticadepescadigital.pdf> (Acesso em 25 de setembro de 2024).
- IUCN. (2022). *Red List of Threatened Species*. <https://www.iucnredlist.org>
- Jamieson, I. G., & Allendorf, F. W. (2012). How does the 50/500 rule apply to MVPs? *Trends in Ecology & Evolution*, 27(10), 578–584. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.07.001>
- Jones, M. C., & Cheung, W. W. L. (2017). Using fuzzy logic to determine the vulnerability of marine species to climate change. *Global Change Biology*, 24(12), 5154–5165. <https://doi.org/10.1111/gcb.13869>
- Kvamsdal, S., Hopland, A. O., Li, Y., & Selle, S. (2023). Expert opinions on threats and impacts in the marine environment. *Marine Policy*, 147, 105382. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2022.105382>
- Kuo, C. H., & Janzen, F. J. (2003). BottleSim: A bottleneck simulation program for long-lived species with overlapping generations. *Molecular Ecology Notes*, 3(4), 669–673. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00532.x>

- Kuo, C.-H., & Janzen, F. J. (2004). Genetic effects of a persistent bottleneck on a natural population of ornate box turtles (*Terrapene ornata*). *Conservation Genetics*, 5(4), 425–437. <https://doi.org/10.1023/B:COGE.0000041020.54140.45>
- Lam, V. W., Cheung, W. W. L., Reygondeau, G., & Sumaila, U. R. (2016). Projected change in global fisheries revenues under climate change. *Scientific Reports*, 6, Article 32607. <https://doi.org/10.1038/srep32607>
- Lamas, R. A., & Soares, L. S. H. (2019). *Isopisthus parvipinnis* (Cuvier 1830) at the continental shelf of the Southeastern Brazilian Bight. In A. M. Vaz-dos-Santos & C. L. D. B. Rossi-Wongtschowski (Eds.), *Growth in fisheries resources from the Southwestern Atlantic* (pp. 155). São Paulo: Instituto Oceanográfico – USP.
- Lande, R., & Barrowclough, G. F. (1987). Effective population size, genetic variation, and their use in population management. In M. E. Soulé (Ed.), *Viable populations for conservation* (pp. 87–124). Cambridge University Press.
- Lino, A., Fonseca, C., Rojas, D., Fischer, E., & Ramos Pereira, M. J. (2019). A meta-analysis of the effects of habitat loss and fragmentation on genetic diversity in mammals. *Mammalian Biology*, 94, 69–76. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.09.006>
- Lira, A. S., Le Loc'h, F., Andrade, H. A., & Lucena-Frédou, F. (2022). Vulnerability of marine resources affected by a small-scale tropical shrimp fishery in Northeast Brazil. *ICES Journal of Marine Science*. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsac004>
- Lippé, C., Dumont, P., & Bernatchez, L. (2006). High genetic diversity and no inbreeding in the endangered copper redhorse, *Moxostoma hubbsi* (Catostomidae, Pisces): The positive sides of a long generation time. *Molecular Ecology*, 15(7), 1769–1780. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02902.x>
- Longhini, C. M., Rodrigues, S. K., Costa, E. S., da Silva, C. A., Cagnin, R. C., Gripp, M., Lehrback, B. D. C., Mill, G. N., Oliveira, E. M. C. de, Hermogenes, C. de C. M., Rodrigues, D. G. F., David, A. M., Gramlich, K. C., Bisi Júnior, R. da C., Gomes, A. A. P., da Silva Filho, J. P., Almeida, J. F., Freitas de Souza, K., Luz Junior, W. A. R., & Poleze, L. M. B. (2022). Environmental quality assessment in a marine coastal area impacted by mining tailing using a geochemical multi-index and physical approach. *Science of The Total Environment*, 803, 149883. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149883>
- Marta-Almeida, M., Mendes, R., Amorim, F. N., Cirano, M., & Dias, J. M. (2016). Fundão Dam collapse: Oceanic dispersion of River Doce after the greatest Brazilian environmental accident. *Marine Pollution Bulletin*, 112(1–2), 3–14. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.07.039>
- McCauley, D. J., Pinsky, M. L., Palumbi, S. R., Estes, J. A., Joyce, F. H., & Warner, R. R. (2015). Marine defaunation: Animal loss in the global ocean. *Science*, 347(6219), 1255641. <https://doi.org/10.1126/science.1255641>

- Miranda, L. V., & Vooren, C. M. (2003). Captura e esforço de pesca de elasmobrânquios demersais no sul do Brasil nos anos de 1975 a 1997. *Frente Marítimo*, 19(B), 217–231.
- Nabutanyi, P., & Wittmann, M. J. (2022). Modeling minimum viable population size with multiple genetic problems of small populations. *Conservation Biology*, 36(2), e13940. <https://doi.org/10.1111/cobi.13940>
- Niskanen, A. K., Billing, A. M., Holand, H., Hagen, I. J., Araya-Ajoy, Y. G., Husby, A., Røning, B., Myhre, A. M., Ranke, P. S., Kvalnes, T., Pärn, H., Ringsby, T. H., Lien, S., Sæther, B.-E., Muff, S., & Jensen, H. (2020). Consistent scaling of inbreeding depression in space and time in a house sparrow metapopulation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 117(25), 14584–14592. <https://doi.org/10.1073/pnas.1909599117>
- Passarone, R., Aparecido, K. C., Eduardo, L. N., Lira, A. S., Silva, L. V. S., Justino, A. K. S., Craveiro, C., Silva, E. F., & Lucena-Frédou, F. (2019). Ecological and conservation aspects of bycatch fishes: An evaluation of shrimp fisheries impacts in northeastern Brazil. *Brazilian Journal of Oceanography*, 67, e19291. <http://dx.doi.org/10.1590/S1679-87592019029106713>
- Pinsky, M. L., Jensen, O. P., Ricard, D., & Palumbi, S. R. (2011). Unexpected patterns of fisheries collapse in the world's oceans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(20), 8317–8322. <https://doi.org/10.1073/pnas.1015313108>
- Pinsky ML, Palumbi SR (2014) Meta-analysis reveals lower genetic diversity in overfishing populations. *Molecular Ecology* 23:29-39. <https://doi.org/10.1111/mec.12509>
- Pombo, M., Denadai, M. R., Bessa, E., Santos, F. B., Faria, V. H., & Turra, A. (2014). The barred grunt *Conodon nobilis* (Perciformes: Haemulidae) in shallow areas of a tropical bight: Spatial and temporal distribution, body growth and diet. *Helgoland Marine Research*, 68(2), 271-279. <https://doi.org/10.1007/s10152-014-0387-2>
- Reed, D. H., & Frankham, R. (2003). Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 17(1), 230–237. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01236.x>
- Rezende, G. A., Rufener, M.-C., Ortega, I., Ruas, V. M., & Dumont, L. F. C. (2019). Modelling the spatio-temporal bycatch dynamics in an estuarine small-scale shrimp trawl fishery. *Fisheries Research*, 219, 105336. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2019.105336>
- Sá, F., Longhini, C. M., Costa, E. S., Silva, C. A. da, Cagnin, R. C., Gomes, L. E. de O., Lima, A. T., Bernardino, A. F., & Rodrigues Neto, R. (2021). Time-sequence development of metal(loid) following the 2015 dam failure in the Doce

River estuary, Brazil. *Science of the Total Environment*, 769, 144532. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.144532>

Sánchez, L. E., Alger, K., Alonso, L., Barbosa, F. A. R., Brito, M. C. W., Laureano, F. V., May, P., Roeser, H., & Kakabadse, Y. (2018). *Impacts of the Fundão dam failure: A pathway to sustainable and resilient mitigation*. Rio Doce Panel Thematic Report No. 1. Gland, Switzerland: IUCN. <https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2018.18.en>

Selkoe, K. A., & Toonen, R. J. (2006). Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*, 9(5), 615–629. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00948.x>

Schacht, R., Beissinger, S. R., Wedekind, C., Jennions, M. D., Geffroy, B., Liker, A., Kappeler, P. M., Weissing, F. J., Kramer, K. L., Hesketh, T., Boissier, J., Uggla, C., Hollingshaus, M., & Székely, T. (2022). Adult sex ratios: Causes of variation and implications for animal and human societies. *Communications Biology*, 5, Article 1141. <https://doi.org/10.1038/s42003-022-04223-w>

Silva Júnior, C. A. B., Araújo, M. E., & Feitosa, C. V. (2013). Sustainability of capture of fish bycatch in the prawn trawling in northeastern Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 11(1), 133–142. <https://doi.org/10.1590/S1679-62252013000100016>

Silva Júnior, C. A. B., Viana, A. P., Lucena Frédou, F., & Frédou, T. (2015). Aspects of the reproductive biology and characterization of Sciaenidae captured as bycatch in the prawn trawling in northeastern Brazil. *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, Maringá, 37(1), 1–8. <https://doi.org/10.4025/actasciobiolsci.v37i1.24962>

Silveira, R. B., Barcelos, B. T., Machado, R., Oliveira, L., & Santos-Silva, J. R. (2018). Records of bycatch of *Hippocampus patagonicus* (Pisces: Syngnathidae) in commercial fishing in southern Brazil. *Latin American Journal of Aquatic Research*, 46(4), 744–755. <https://doi.org/10.3856/vol46-issue4-fulltext-12>

Silva, V. E. L. da, Vieira, D., Teixeira, E., Fabr e, N. N., & outros autores. (2019). Maturity, fecundity, and reproductive cycle of *Conodon nobilis* (Actinopterygii: Perciformes: Haemulidae) in tropical waters of the Atlantic Ocean. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 49(3), 235–242. <https://doi.org/10.3750/AIEP/02597>

Shaffer, M. L. (1987). Minimum viable populations: Coping with uncertainty. In M. E. Soul e (Ed.), *Viable populations for conservation* (pp. 69–86). Cambridge University Press.

Soul e, M.E. (Ed.), 1987. *Viable Populations for Conservation*. Cambridge University Press, Cambridge. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511623400>

Spielman, D., Brook, B. W., & Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National*

Academy of Sciences of the United States of America, 101(42), 15261–15264.
<https://doi.org/10.1073/pnas.0403809101>

Stevens, K., Harrison, K. A., Hogan, F. E., Cooke, R., & Clarke, R. H. (2018). Reduced gene flow in a vulnerable species reflects two centuries of habitat loss and fragmentation. *Ecosphere*, 9(2), e02114. <https://doi.org/10.1002/ecs2.2114>

Tomás, A. R. G., Aparecido, K. C., Tutui, S. L. S., & Souza, M. R. (2019). *Isopisthus parvipinnis* (Cuvier 1830) at the continental shelf of São Paulo and Paraná states. In A. M. Vaz-dos-Santos & C. L. D. B. Rossi-Wongtschowski (Eds.), *Growth in fisheries resources from the Southwestern Atlantic* (pp. 159). São Paulo: Instituto Oceanográfico – USP.

Vasconcellos, M., & Haimovici, M. (2006). Status of white croaker *Micropogonias furnieri* exploited in Southern Brazil according to alternative hypotheses of stock discreteness. *Fisheries Research*, 80(2), 196–202.
<https://doi.org/10.1016/j.fishres.2006.04.016>

Verba, J. T., Pennino, M. G., Coll, M., & Lopes, P. F. M. (2020). Assessing drivers of tropical and subtropical marine fish collapses of Brazilian Exclusive Economic Zone. *Science of the Total Environment*, 702, 134940.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134940>

Worm, B., Barbier, E. B., Beaumont, N., Duffy, J. E., Folke, C., Halpern, B. S., Jackson, J. B. C., Lotze, H. K., Micheli, F., Palumbi, S. R., Sala, E., Selkoe, K. A., Stachowicz, J. J., & Watson, R. (2006). Impacts of biodiversity loss on ocean ecosystem services. *Science*, 314(5800), 787-790.
<https://doi.org/10.1126/science.1132294>

Considerações Finais

A presente tese abordou de forma abrangente os impactos da mineração e outros fatores antropogênicos sobre a diversidade genética e a viabilidade das populações de peixes, destacando os casos das espécies *Isopisthus parvipinnis* e *Conodon nobilis*. No primeiro capítulo, foi evidenciado que a contaminação por metais pesados, resultante das atividades mineradoras, representa uma séria ameaça à biodiversidade aquática. A escassez de estudos focados nas alterações genéticas em níveis populacionais ressaltou a urgência de monitoramentos contínuos e estratégias de conservação que visem a manutenção da integridade genética das espécies afetadas.

O segundo capítulo explorou a diversidade e a conectividade genética das referidas espécies em ambientes costeiros impactados pelo colapso da barragem do Fundão. Embora não tenham sido encontradas evidências diretas de deriva genética até o momento, os resultados indicaram que ambas as espécies demonstram vulnerabilidade a perturbações ambientais. Acreditamos que os padrões de genotípicos identificados ao longo da área de estudo é um reflexo da interação entre as características ecológicas da história de vida das espécies e características físicas e ambientais da costa. A necessidade de um monitoramento aprofundado e a ampliação da área de estudo foram destacados, visando identificar e proteger áreas críticas que garantam a viabilidade a longo prazo dessas populações.

No terceiro capítulo, as simulações preditivas de viabilidade populacional mostraram que, enquanto *I. parvipinnis* pode manter sua diversidade genética sob condições estáveis, *C. nobilis* já enfrenta uma redução crítica, tornando-se especialmente suscetível a perdas genéticas em cenários de declínio populacional. Este achado evidencia a importância da implementação de estratégias de manejo eficazes, que não apenas garantam a preservação das populações, mas também promovam a conectividade entre grupos, assegurando a troca genética e a resiliência das espécies.

Em síntese, as interações entre contaminação ambiental, diversidade genética e conectividade populacional foram fundamentais para entender a vulnerabilidade das populações de peixes em ambientes costeiros afetados por atividades humanas. A combinação dos insights obtidos ao longo desta tese não apenas reforça a necessidade de ações de conservação imediatas, mas também fornece bases para o desenvolvimento de políticas públicas que assegurem a sustentabilidade da biodiversidade marinha diante das pressões crescentes atuais. A continuidade da pesquisa nesta área será vital para entender melhor os mecanismos de resistência e

adaptação e os padrões de distribuição genética das espécies envolvidas, contribuindo para a saúde e a integridade dos ecossistemas aquáticos.