

## DISTRIBUIÇÃO GENÉTICA ESPACIAL E TEMPORAL DE *Brycon orbignyanus* (BRYCONIDAE) E *Zungaro jahu* (PIMELODEIDAE) EM UM SISTEMA FLUVIAL NEOTROPICAL FRAGMENTADO

Lenice Souza-Shibatta<sup>1</sup>  
Dhiego Gomes Ferreira<sup>2</sup>  
Leandro Fernandes Celestino<sup>3</sup>  
Jarbas Amaro de Souza Filho<sup>4</sup>  
Oscar Akio Shibatta<sup>5</sup>

A distribuição genético-populacional de peixes migradores tem sido uma preocupação constante na bacia do Alto rio Paraná, principalmente em áreas sob influência de barragens de Usinas Hidroelétricas. Barramentos são amplamente reconhecidos por seus impactos sobre peixes migradores, incluindo, por exemplo, bloqueios de rotas migratórias e interferências nos padrões de distribuição da diversidade genética. Contudo, espécies em áreas barradas podem variar em suas dinâmicas migratórias e requerimentos ecológicos, de modo que dados genéticos de diferentes espécies são essenciais para determinar as escalas espaciais, temporais e adaptações necessárias para as ações de manejo e conservação. Neste sentido, o presente estudo analisou *loci* microssatélites em 32 indivíduos de Jaú (*Zungaro jahu*), obtidos a jusante da UHE Engenheiro Sérgio Motta, e em 25 indivíduos de Piracamjuba (*Brycon orbignyanus*), espécie ameaçada, obtidos a montante ( $N=10$ ) e a jusante ( $N=15$ ) deste obstáculo. Ambas as espécies apresentaram níveis de diversidade genética próximos aos comumente reportados, sem sinais de endogamia significativa. *Brycon orbignyanus* não mostrou nenhum valor significativo de estruturação genética espacial (entre jusante e montante) ou temporal (entre os períodos reprodutivos de 2020 -  $N=17$ , 2021 -  $N=4$ , e 2022 -  $N=4$ ), indicando uma única população, sugerindo conectividade entre jusante e montante, possivelmente, através da escada para peixes. Por outro lado, uma alta estrutura genética temporal ( $F_{ST} > 0,25$ ) foi detectada entre amostras de *Z. jahu* obtidas em dois anos sucessivos (março e abril de 2022 -  $N=22$ ; março de 2023 -  $N=10$ ) em um mesmo local, sugerindo que diferentes estoques genéticos poderiam ter sido amostrados em razão de ondas migratórias distintas ou comportamentos de *homing*. Os diferentes resultados obtidos para estas espécies reforçam que as medidas de manejo e

<sup>1</sup> PPG em Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina-PR, [leshibatta@gmail.com](mailto:leshibatta@gmail.com)

<sup>2</sup> Docente da Universidade Estadual do Norte do Paraná - PR, [dhiego@uenp.edu.br](mailto:dhiego@uenp.edu.br);

<sup>3</sup> Consultor de Sustentabilidade-AUREN, [le\\_celestino@hotmail.com.br](mailto:le_celestino@hotmail.com.br);

<sup>4</sup> Gerente de Sustentabilidade – Auren Energia, [jarbas.souza@aurenenergia.com.br](mailto:jarbas.souza@aurenenergia.com.br);

<sup>5</sup> Docente da Universidade Estadual de Londrina- PR, [oscar.shibatta@gmail.com](mailto:oscar.shibatta@gmail.com);

conservação, em áreas sob influência de barramentos, devem ser guiadas por dados genético-populacionais obtidos a partir de diferentes espécies migradoras, incluindo diferentes ordens e famílias.

Palavras-chave: Migração, Fragmentação; Manejo; Conservação