



**XXII SNTPEE
SEMINÁRIO NACIONAL
DE PRODUÇÃO E
TRANSMISSÃO DE
ENERGIA ELÉTRICA**

BR/GIA/24
13 a 16 de Outubro de 2013
Brasília - DF

GRUPO - XI

GRUPO DE ESTUDOS DE IMPACTO AMBIENTAL - GIA

DESENVOLVIMENTO DE PLANOS DE MANEJO E SISTEMAS DE MONITORAMENTO AMBIENTAL PARA O PROGRAMA DE ESTOCAGEM DE PEIXES DA CEMIG.

João M. Lopes* Evanguedes Kalapothakis Alexandre L. Godinho Tatiana Barroca Monica Gutiérrez E. Alessandra G. Bedore
Cemig GT UFMG UFMG UFMG UFMG Leserpa

RESUMO

Para se avaliar o programa de estocagem da Cemig estão sendo desenvolvidas duas ações paralelamente. A equipe técnica da empresa em parceria com pesquisadores está elaborando um Plano de Manejo Ecológico para o Programa de Estocagem (PME). Este plano contempla os princípios, objetivos, indicadores, métodos de monitoramento e análise dos resultados obtidos pelo programa. Também está sendo desenvolvido um projeto em parceria com a UFMG para o desenvolvimento de sistema de monitoramento de alevinos de curimatás (*Prochilodus lineatus*) soltos pela Estação de Piscicultura de Volta Grande. Os resultados preliminares destas ações serão apresentados neste informe técnico.

PALAVRAS CHAVE

Programa de Estocagem, Plano de Manejo Ecológico, Avaliação genética, Curimatá.

INTRODUÇÃO

A estocagem de peixes em reservatórios, também conhecida como repovoamento ou peixamento, foi uma das estratégias de manejo mais adotadas pelas concessionárias hidrelétricas e entidades responsáveis pelo manejo de reservatórios no Brasil. Ela constitui-se na produção de peixes em cativeiro e sua soltura em um determinado corpo d'água. Agostinho *et al* (2007) classificam as estocagens em: (1) introdução, quando é feita com espécie não-nativa (exóticas) visando o estabelecimento de população auto-sustentável; (2) manutenção, na qual a estocagem é repetida anualmente com a finalidade de manter uma população de peixes que não se reproduz no corpo de água receptor; (3) suplementação, quando visa aumentar o tamanho ou variabilidade genética de determinada população de peixe. A maioria dos países da América Latina tem usado a estocagem de peixes para gerenciar seus recursos pesqueiros desde o início do século passado. No entanto, esse gerenciamento tem sido realizado predominantemente através de tentativas e erros. Em muitas áreas da região, reservatórios vem sendo estocados por vários anos sem que nenhuma avaliação do seu sucesso tenha sido feita (Quirós, 1998). No Brasil, a história dos programas de repovoamento de peixes também apresentaram problemas metodológicos. Inicialmente foram introduzidas espécies não-nativas nas bacias hidrográficas impactadas por empreendimentos hidrelétricos. Incluem-se aqui também como espécies não-nativas aquelas provenientes de outras bacias hidrográficas brasileiras e não existentes na bacia hidrográfica receptora. O objetivo, nesse caso, era o de incrementar a pesca em rios afetados por barramentos. Sabe-se hoje que a estocagem com espécies não-nativas pode produzir alto impacto ambiental devido a competição com espécies nativas ou predação das mesmas. Exemplos dessas introduções incluem o tucunaré e a corvina em bacias da região sudeste do país.

A partir do início da década de 1990, o objetivo principal dos programas de repovoamento das concessionárias hidrelétricas se alterou. Ele passou a ser a manutenção de espécies nativas em ambientes aquáticos impactados. Essa nova visão permitiu o desenvolvimento de técnicas de reprodução artificial e cultivo de diversas espécies nativas, notadamente as espécies de peixes migradores. O impacto dessa mudança de objetivo no aumento do conhecimento sobre morfologia, fisiologia e ecologia de nossas espécies nativas foi notável. Hoje, os desafios para a realização de um programa de repovoamento eficiente são outros. A geração de conhecimento traz consigo mais

* Avenida Barbacena, n° 1200 – 14º andar- Ala A1 – CEP 30190-131 Belo Horizonte, MG – Brasil
Tel: (+55 31) 3506-4669 – Fax: (+55 31) 3506-3012 – Email: joaoml@cemig.com.br

responsabilidade aos técnicos e gestores da área. Para que um programa de repovoamento traga ganhos ambientais à bacia hidrográfica, algumas premissas devem ser observadas. O programa de repovoamento não deve mais ser visto como alternativa para a destruição de habitats críticos das espécies nativas. Ao invés disso, ele deve ser visto como ferramenta que faz parte de estratégia integrada que considera a conservação e restauração de habitats, a manutenção de rotas migratórias, o gerenciamento da pesca e a melhoria da qualidade de água nas bacias hidrográficas afetadas.

Mobrand *et al.* (2005) sugerem que a estação de piscicultura geradora dos alevinos a serem estocados seja vista conceitualmente como uma extensão do ambiente natural, que possibilite manter o estoque dos peixes silvestres e o dos oriundos da piscicultura em quantidades muito superiores do que ocorreria sem a presença da piscicultura. Um estoque de peixes bem manejado geneticamente pode servir potencialmente como um repositório genético em um evento de diminuição drástica das populações naturais (catástrofes naturais, impactos agudos). O programa de repovoamento também deverá levar em conta a qualidade dos habitats que recebem os alevinos da piscicultura. Ambientes e habitats saudáveis que possam suportar o ciclo de vida das espécies ameaçadas são necessários para o sucesso dos programas de conservação. Entre os fatores a serem considerados na escolha dos pontos de soltura estão a estabilidade do canal central do rio, presença de vegetação ripária, diversidade de habitat, regime hidrológico, carga de sedimentação, carga de nutrientes, presença de obstruções, oxigênio e substâncias químicas dissolvidas na água, patógenos, temperatura, competição, predação, disponibilidade de alimentos (Lichatowich *et al.*, 1995).

Diante das demandas ecológicas e genéticas para o gerenciamento de seu programa de repovoamento, a Cemig Geração e Transmissão vem elaborando um Plano de Manejo Ecológico para o seu Programa de Estocagem de Peixes (PME) além de projetos de pesquisa em parceria com a Universidade Federal de Minas Gerais para implantar um sistema de monitoramento ambiental da estocagem realizada atualmente pela empresa. Estas duas ações de melhoria do Programa de Estocagem da empresa e seus resultados preliminares serão apresentados neste informe técnico.

2.0 – METODOLOGIA

2.1- Construção de Plano de Manejo Ecológico para o Programa de Estocagem de Peixes da Cemig (PME)

A construção do Plano de Manejo Ecológico para o Programa de Estocagem de Peixes da Cemig (PME) se iniciou pela Estação de Piscicultura de Volta Grande. Esta é a maior estação de piscicultura da empresa e se localiza às margens do rio Grande, no município de Conceição das Alagoas, MG. O primeiro passo foi realizar reuniões com um grupo de pesquisadores de três universidades mineiras (UFMG, PUC-MG, UFLA) que atuam em áreas ligadas à ictiologia (genética, ecologia, reprodução e comportamento animal). Esse grupo, denominado Grupo de Revisão Científica, determinou os princípios e objetivos básicos do PME. Os princípios definidos por esse grupo se tornaram a base sobre a qual os demais componentes do plano se estruturaram. Os objetivos definiram o escopo de atuação do plano e criaram o arcabouço técnico para a construção de seus indicadores de sucesso. Em seguida, o PME foi discutido com as equipes técnicas das estações de piscicultura da Cemig e das estações de piscicultura parceiras (CODEVASF, EPAMIG e IFET-Salinas) e esses potenciais indicadores de sucesso foram definidos. Atualmente, o PME está em revisão final e sua implantação plena deverá ocorrer em 2014.

2.2- Sistema de monitoramento ambiental para o programa de repovoamento da Estação de Piscicultura de Volta Grande

Paralelamente às discussões realizadas em torno do PME, foi desenvolvido projeto de pesquisa em parceria com a UFMG para a implantação de um sistema de monitoramento ambiental do curimatá (*Prochilodus lineatus*) que leva em conta a recaptura de alevinos soltos e a avaliação da diversidade genética de matrizes dessa espécie utilizadas pela Estação Ambiental de Volta Grande (EAVG). O curimatá foi escolhido como modelo de estudo por ser peixe migrador nativo da região avaliada (médio rio Grande), ter forte apelo comercial na área e ser a espécie mais produzida pela EAVG. Esse sistema permitirá avaliação do sucesso de soltura dos alevinos realizados pela EAVG em termos de sobrevivência e crescimento no ambiente natural, o grau de diversidade genética das matrizes em comparação com indivíduos selvagens e a definição de protocolos de reprodução que garantam a maior similaridade genética possível entre os alevinos produzidos na piscicultura com as populações silvestres.

2.2.1 – Metodologia utilizada para a avaliação genética do programa de repovoamento

No intuito de viabilizar as coletas de material genético de exemplares de curimatá, foi realizado o acompanhamento das reproduções induzidas realizadas na EAVG na safra de 2010/2011. Todas as matrizes utilizadas na reprodução dessa safra foram marcadas com microchips. Elas tiveram amostras de tecido da nadadeira caudal retirados para extração do DNA conforme descrito por Barroca *et al.* (2012a). Na safra de 2010/2011, foram marcadas 340 matrizes provenientes do rio Grande, coletadas imediatamente a jusante da UHE Porto Colômbia. Obteve-se sucesso na extração de DNA de todas as matrizes marcadas de curimatás da EAVG. O DNA desses indivíduos está depositado no banco de DNA do Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares do ICB da UFMG.

Para a amplificação via PCR de cada amostra extraída foi utilizado um conjunto de quatro iniciadores referentes ao marcador molecular 2V35 isolado e caracterizado por Barroca *et al.* (2012b). Foram realizadas reações de sequenciamento para cada amostra. Essa reação foi então levada para o termociclador onde ocorreu a ciclagem. Após ser retirado do termociclador, o produto da reação de sequenciamento foi precipitado. Esse precipitado foi então processado no Sequenciador ABI 3130 Genetic Analyzer do Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares do ICB/UFMG. As sequências foram então alinhadas pelo programa Clustal W, implementado no programa MEGA 5 (Tamura *et al.*, 2011) e todo polimorfismo detectado foi então conferido manualmente, voltando-se no eletroferograma que continha a sequência em questão. O programa Arlequin 3.5.1 (Excoffier *et al.*, 2010) foi utilizado para medir a variação genética intra e inter-populacional utilizando-se índices de diversidade como diversidade gênica, diversidade nucleotídica, número de transversões, transições e indels observados e número de haplótipos compartilhados entre as populações. Uma árvore filogenética das matrizes de curimatá foi construída utilizando-se o algoritmo neighbor joining com base em 36 haplótipos do marcador molecular 2V35. A árvore filogenética é uma representação gráfica, em forma de uma árvore, das relações evolutivas entre a população analisada. Em uma árvore filogenética, os comprimentos dos ramos ou braços podem representar estimativas do tempo evolutivo. Cada terminação é chamada de "unidade taxonômica". As árvores filogenéticas são confeccionadas a partir de uma matriz contendo os dados disponíveis (morfológicos, químicos ou genéticos) sobre o táxon estudado, sendo que neste caso, utilizaram-se dados genéticos.

2.2.2 – Metodologia utilizada na recaptura de alevinos soltos

Foram soltos 42.209 curimatás na represa de Jaguará de novembro de 2010 a janeiro de 2012, com amplitude do comprimento padrão de 1,3 a 27,4 cm, intervalo interquartil de 5,0 a 9,5 cm e mediana de 6,9 cm. Dos peixes soltos, 7.618 estavam marcados com *coded wire tag* (CWT; Fig. 1). Os peixes marcados com CWT foram todos soltos em janeiro de 2012. Os peixes foram levados da EAVG até os pontos de soltura por caminhão em caixas de transporte supridas com oxigênio. Na água das caixas, foram adicionados 2 kg de sal para evitar infecções por fungo e bactérias resultantes do estresse de manejo e transporte. Cerca de 90% dos peixes foram soltos em três pontos, que receberam quantidades semelhantes de peixes. O restante dos peixes foi solto em dois outros pontos. Todos os pontos de soltura eram no trecho lótico da represa. Foram realizadas amostragens na represa de Jaguará para a captura de peixes antes e depois da estocagem com curimatás (Figura 1). Foram duas amostragens antes (junho e julho de 2010) e 10 amostragens depois (março/2011 a janeiro/2013) das solturas.



Figura 1. A) Processo de marcação dos alevinos de curimatás com CWT (*coded wire tag*). B) Caixas de transporte dos alevinos. C) Soltura dos alevinos marcados no reservatório de Jaguará. D) Campanha de recaptura dos alevinos marcados.

A cada amostragem, foram capturados peixes nos trechos lântico e lótico da represa, exceto nas três primeiras amostragens que foram feitas apenas no trecho lótico. No trecho lântico, foram armadas, em locais sorteados aleatoriamente, 18 baterias de redes de emalhar das malhas 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 14 e 16 cm entre nós opostos por amostragem. Em julho de 2011, foram usadas apenas redes de emalhar até a malha 7 cm entre nós opostos. No trecho lótico, também foram usadas redes das mesmas malhas, mas isoladamente em locais sem ou com pouca correnteza escolhidos não aleatoriamente. Nesse trecho, foram armadas cerca de 10 redes por amostragem. As redes, com 20 m de comprimento por cerca de 1,7 m de altura, permaneceram armadas na tarde de um dia até

a manhã seguinte. Todos os peixes capturados foram identificados e contados. Foram determinados o peso corporal (PC), o comprimento padrão (CP) e o fator de condição ($K = PC.CP^{-3.100}$) dos curimatás capturados.

3.0 – RESULTADOS

3.1- Construção de Plano de Manejo Ecológico para o Programa de Estocagem de Peixes da Cemig (PME)

Como resultado das reuniões realizadas, foram definidos os princípios gerais que deverão guiar a atuação do PME. Por definição, princípio é mandamento nuclear de um sistema, disposição fundamental que se irradia sobre diferentes normas servindo de critério para sua exata compreensão e inteligência exatamente por definir a sua lógica e racionalidade. Foram definidos cinco princípios gerais, a saber: (i) o PME deverá ter objetivos claros, mensuráveis e cientificamente defensáveis; (ii) estes objetivos deverão ser flexíveis, incorporando novas informações ao longo do tempo; (iii) os resultados do PME deverão ser transparentes para a sociedade; (iv) a estocagem deverá ser feita apenas com espécies nativas; e (v) o PME deve ser multi-institucional e contar com a colaboração de instituições de pesquisa para a sua execução e monitoramento.

Também foram definidos os objetivos do Programa de Estocagem, sendo eles: (i) a conservação de recursos pesqueiros; (ii) o desenvolvimento de conhecimento científico; (iii) a difusão de educação ambiental para a comunidade local e (iv) a formação de recursos humanos na área. Para cada um desses objetivos, estão sendo desenvolvidos indicadores de sucesso quantitativos e qualitativos. A criação de indicadores mensuráveis é de suma importância para a avaliação dos resultados do Programa de Estocagem da Cemig. Apenas através de avaliação dos resultados obtidos, à luz dos objetivos previamente propostos, será possível avaliar a eficácia do programa de estocagem implementado e propor melhorias em sua execução. Esses indicadores ainda são fruto de discussão e devem estar finalizados, conjuntamente com suas metas, até o final de 2013. A Figura 2 apresenta o modelo conceitual de estruturação do PME. Na estrutura apresentada, os princípios guiam os objetivos, que por sua vez definem os indicadores e as metas, avaliados periodicamente através de sistema de monitoramento. Os resultados obtidos com esse sistema de monitoramento realimentam a estrutura do PME ao reavaliar e eventualmente redefinir objetivos, indicadores e metas periodicamente. No modelo apresentado abaixo, foram incluídos quatro indicadores propostos para o PME como exemplos. Cada um deles está ligado a um objetivo do plano.

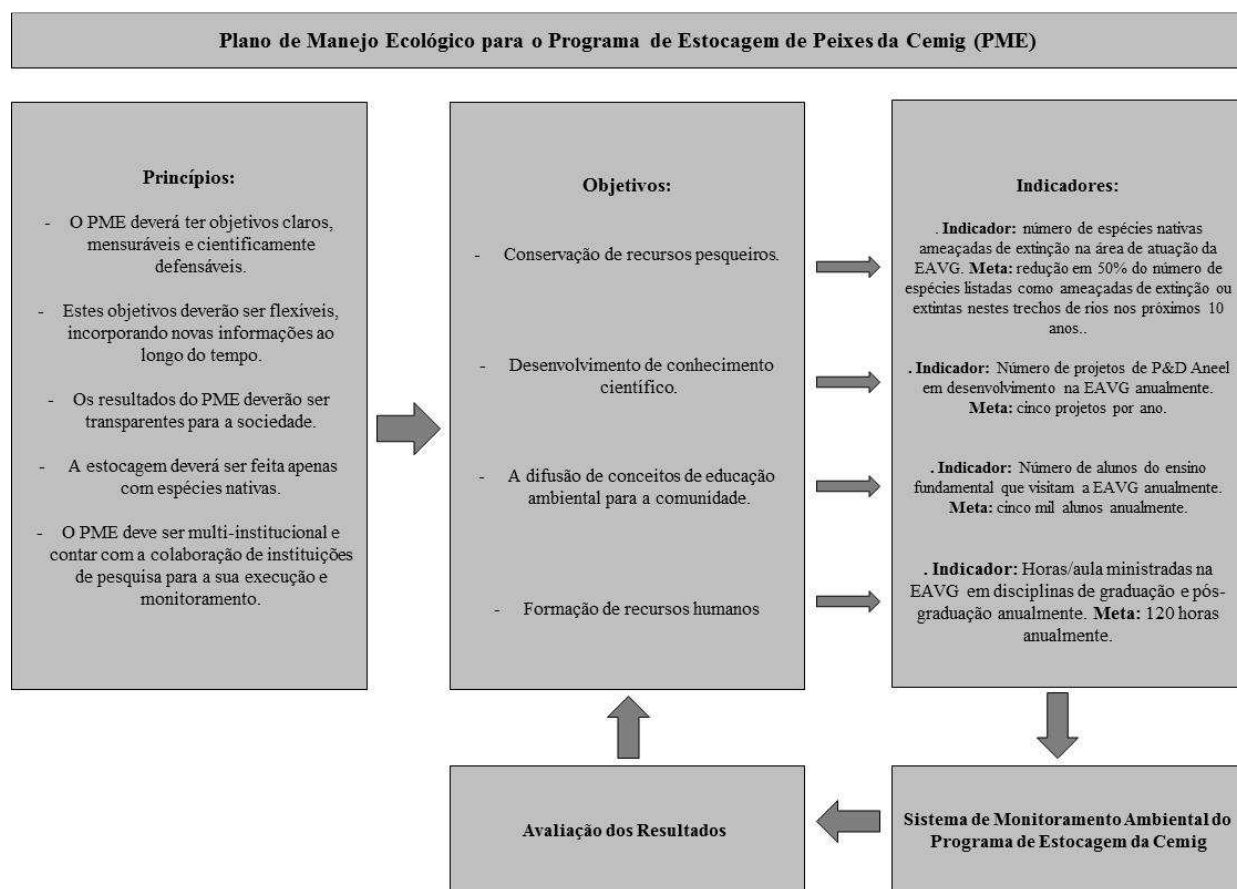


Figura 2. Modelo conceitual do Plano de Manejo Ecológico para o Programa de Estocagem de Peixes da Cemig.

3.2- Avaliação da eficácia do programa de repovoamento da Estação de Piscicultura de Volta Grande

3.2.1 – Resultados da avaliação genética do programa de repovoamento

Os iniciadores (regiões que flanqueiam o marcador molecular) resultaram em amplificações da região alvo consideradas satisfatórias para a genotipagem. A quantidade de DNA utilizada para a reação de PCR varia de acordo com cada indivíduo e é calculada de acordo com a quantificação realizada em gel de agarose 0,8% do DNA genômico. As Reações em Cadeia da Polimerase (PCR) foram padronizadas de tal forma que se obtém uma quantidade suficiente de DNA de alta qualidade para o sequenciamento. Foram feitas as análises de todas as sequências geradas referentes às amostras de *P. lineatus*. Para cada indivíduo obteve-se sempre 04 sequências de alta qualidade. Dessas, foram obtidas sequências consenso referentes ao marcador molecular 2V35.

O marcador molecular 2V35 amplificou um fragmento com cerca de 469 pb de todas as matrizes de curimatás. No total, 28 mutações por substituições e 74 indels (inserção/deleção de pares de bases) resultaram em 36 haplótipos únicos (combinação de alelos em um mesmo cromossomo). Todos os índices de diversidade apresentam-se na Tabela 1. A diversidade genética (medida de biodiversidade) das matrizes foi alta (0,888), significando a quantidade total de variações genéticas observadas entre os indivíduos desta população. Foi realizada a reconstrução filogenética dos 36 haplótipos do marcador molecular 2V35. Estes dados (os haplótipos) foram comparados, e os haplótipos agrupados em clados ou ramos de acordo com as semelhanças e diferenças entre si. A análise desses haplótipos identificou dois grupos filogenéticos distintos entre as matrizes de curimatás analisadas (Figura 3).

Tabela 1. Índices de diversidade molecular das matrizes reprodutoras de *P. lineatus* da EAVG coletadas a jusante da UHE Porto Colombia, rio Grande sugerindo uma combinação de polimorfismos que dão origem aos 36 haplótipos.

Estatística	Matrizes de <i>P. lineatus</i> da EAVG
Substituição	28
Transição	20
Transversão	8
Indels	74
h	36
H	0,8879
π	0,029327

Onde h= número de haplótipos, H= diversidade gênica e π = diversidade nucleotídica. Número de amostras = 86.

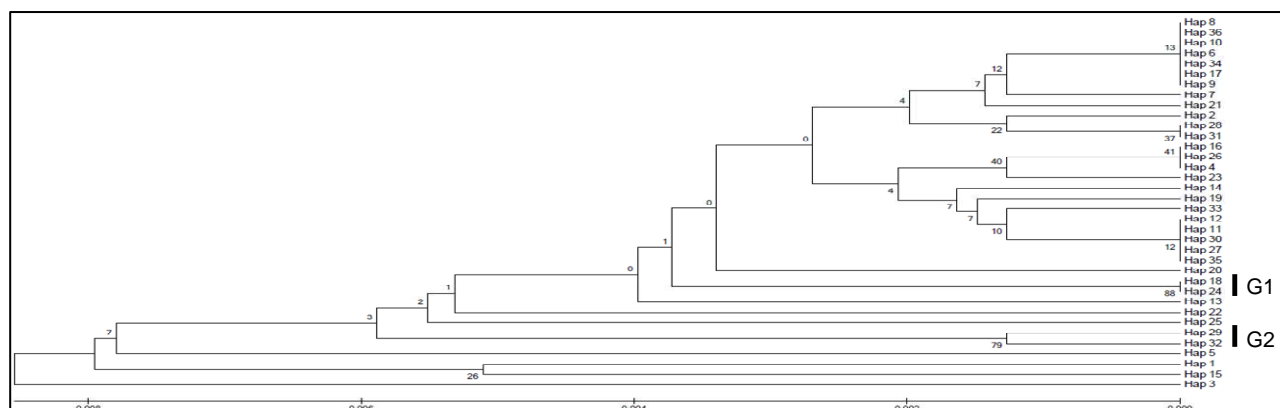


Figura 3. Árvore filogenética das matrizes de curimatás da EAVG construída utilizando-se o algoritmo *neighbor joining* com base em 36 haplótipos do marcador molecular 2V35. Os números próximos aos ramos indicam *bootstrap* de 10.000 repetições. Dois grupos geneticamente distintos são evidentes, representando as seguintes matrizes: a) Grupo Genético 1: Haplótipo 18 (Hap18): Macho121 Macho270 Fêmea330 e Haplótipo 24 (Hap24): Macho145. b) Grupo Genético 2: Haplótipo 29 (Hap29): Macho238 Haplótipo 31 (Hap32): Macho286.

3.2.2 – Resultados da recaptura de alevinos soltos.

Foram capturados 7.876 peixes de, pelo menos, 32 espécies. Antes da estocagem, foram 878 peixes, dos quais apenas um curimatá de 1 kg. Após a estocagem, foram apanhados 6.998 peixes. Entre esses, haviam 37 curimatás sem CWT e 28 curimatás com CWT (0,37% dos curimatás soltos com CWT). Foram amostrados, proporcionalmente, mais curimatás no trecho lótico do que no lêntico da represa. Foram 10 curimatás no trecho lótico (3,3% dos peixes capturados nesse trecho) e 55 no lêntico (0,7%). No trecho lótico, o curimatá foi a 10ª espécie mais capturada, enquanto que no lêntico, a 11ª.

O comprimento padrão dos curimatás capturados apresentou amplitude de 10,5 a 54,8 cm, intervalo interquartil de 16,5 a 25,1 cm e mediana de 20,2 cm. Não houve diferenças significativas no comprimento padrão (Teste de Wilcoxon, $P = 0,35$) e do K (Teste de Wilcoxon, $P = 0,25$) de curimatá entre os trechos lótico e lêntico. O comprimento padrão médio dos curimatás capturados apresentou tendência de aumento com o tempo, apesar dos valores extremos ao final de 2011 e início de 2012 (Figura 2). Ele foi de 15,5 cm no 4º bimestre de 2011 e alcançou 25,0 cm no 5º bimestre de 2012.

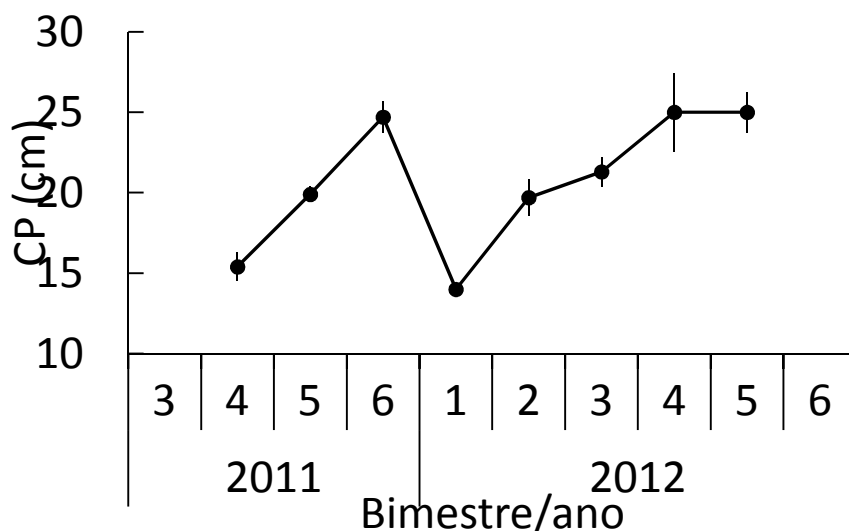


Figura 3. Média e erro-padrão do comprimento padrão (CP) de curimatás capturados na represa de Jaguará em 2011 e 2012 (os meses de captura estão representados por números no gráfico), excluídos os curimatás com comprimento padrão maior que 30,0 cm.

4.0 – DISCUSSÃO E CONCLUSÕES

A definição de princípios, objetivos e indicadores deveria ser condição primária para a realização de intervenções e programas ambientais que visem mitigar impactos ambientais antrópicos. Infelizmente, a definição desses parâmetros é em geral negligenciada em programas ambientais realizados no Brasil (Agostinho et al, 2007; Agostinho et al, 2010). O programa de repovoamento não foge a esta regra. A soltura de alevinos é em geral realizada sem a definição de objetivos básicos e sem planejamento adequado. Também são raros os programas de repovoamento que possuam sistemas de monitoramento implementados. Acreditamos que com a definição do PME, teremos ferramentas mais adequadas para o planejamento, o monitoramento e a avaliação da eficácia do programa de repovoamento da Cemig. A criação de uma metodologia cientificamente defensável para o programa de repovoamento permitirá que medidas robustas sejam adotadas para a conservação da ictiofauna nativa atingida por empreendimentos hidrelétricos da empresa.

O sistema de monitoramento ambiental de *P. lineatus* já implementado, obteve informações importantes para a definição do PME. Ele constatou alta variabilidade genética nas matrizes de curimatá utilizadas no programa de repovoamento da empresa, sendo esse, um atributo muito importante em uma população, pois constitui o material sobre o qual a seleção natural age. Uma população com variabilidade elevada, como a que foi constatada na análise das matrizes reprodutoras da EAVG, terá maior possibilidade de enfrentar com sucesso as mudanças do ambiente. A variabilidade genética pode ser medida e quantificada em análises moleculares. Estas análises são utilizadas para diagnosticar a estrutura de uma determinada população, e como ferramentas para tal estudo são utilizados os marcadores moleculares. Cada variante alélica de um dado locus em uma população pode ser tomada como parte de um “recurso genético”. Um único alelo ou uma combinação de alelos (haplótipos) poderá ser responsável por conferir ao portador uma característica valiosa, como, por exemplo, a resistência a uma determinada doença, uma maior tolerância à mudanças de temperatura ou um melhor crescimento, de tal modo que a perda de variantes haplotípicas comprometa a sustentabilidade da população (Meffe 1986, Sbordoni *et al.*, 1986). A reconstrução filogenética dos haplótipos pôde direcionar os grupos preferenciais para reprodução visando

sempre a manutenção da variabilidade genética. As matrizes geneticamente distintas devem preferencialmente ser utilizadas nas reproduções da estação, misturando-as com os outros grupos. Apesar dos outros grupos não apresentarem diferenciação significativa do ponto de vista evolutivo, a diversidade genética encontrada foi alta, significando que existe variabilidade genética na população analisada.

Antes da estocagem em novembro de 2010, a população de curimatás da represa de Jaguará era muito reduzida e desprovida de indivíduos de pequeno porte. Essa população era constituída, mais provavelmente, de indivíduos remanescentes de estocagens realizadas em anos anteriores, já que a represa de Jaguará não possui sítios de desova de curimatás. Como a barragem de Jaguará não possui passagem de peixes, a estocagem é a única forma de evitar a extinção local do curimatá na represa de Jaguará. O ponto de soltura talvez não seja relevante para o sucesso da estocagem de curimatás em Jaguará. Curimatás estocados em poucos pontos da represa de Jaguará dispersaram-se. Parte dos peixes estocados foi para o trecho lótico e a outra parte dispersou-se pelo trecho lêntico. Embora mais curimatás tenham sido capturados no trecho lótico, não é possível afirmar que mais peixes foram para esse trecho. Mesmo em uma represa pequena e oligotrófica como a de Jaguará, os curimatás estocados sobreviveram e, aparentemente, cresceram, mas as taxas de sobrevivência e de crescimento ainda não são conhecidas. A continuidade do projeto avaliará se os alevinos soltos se mantêm por prazo ainda maior e qual será o efeito nas recapturas de estocagem feito com número expressivamente maior de alevinos.

A criação do PEM e a definição de sistemas de monitoramento para o Programa de Repovoamento da empresa são ferramentas essenciais para a definição de estratégias eficazes de mitigação dos impactos locais sobre a ictiofauna. No entanto, a estocagem é apenas uma das ferramentas possíveis de serem utilizadas para a mitigação desses impactos. Outras medidas também devem ser avaliadas conjuntamente, tais como a conservação de habitats críticos para as espécies de peixes, transposição de espécies migradoras pela barragem e gestão da pesca na região impactada.

5.0 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGOSTINHO, A.A.; GOMES, L.C. & PELICICE, F. M. 2007. Ecologia e Manejo de Recursos Pesqueiros em Reservatórios do Brasil, Eduem, Maringá.

AGOSTINHO, A.A; PELICICE, F. M.; GOMES, L.C. & JULIO JR, H.F. 2010. Reservoir Fish Stocking: When one plus one may be less than two. *Brazilian Journal of Nature Conservation*, 8(2).

BARROCA, T.; ARANTES, F.; MAGALHÃES, B.; SIQUEIRA, F.; HORTA, C.; PENA, I.; DERGAM, J. & KALAPOTHAKIS, E. 2012. Genetic diversity and population structure of *Prochilodus costatus* and *Prochilodus argenteus* preceding dam construction in the Paraopeba River, São Francisco River Basin, Minas Gerais, Brazil. *Open Journal of Genetics* 2: 121-130. DOI: 10.4236/ojgen.2012.22017.

BARROCA, T.; SANTOS, G.; DUARTE, N. & KALAPOTHAKIS, E. 2012. Evaluation of genetic diversity and population structure in a commercially important freshwater fish *Prochilodus costatus* (Characiformes, Prochilodontidae) using complex hypervariable repeats. *Genetics and Molecular Research* 11 (4): 4456 - 4467. DOI: 10.4238/2012.

EXCOFFIER L. & LISCHER H.E.L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10: 564-567.

LICHATOWICH, J.L; MOBRAND, L.E; LESTELLE, L. & VOGEL, T. 1995. An approach to the diagnosis and treatment of depleted Pacific salmon populations in freshwater ecosystems. *Fisheries* 20 (1).

MEFFE G.K. 1986. Conservation Genetics and the Management of Endangered Fishes. *Fisheries* 11:14 –23.

MOBRAND, L.E; BARR, J; BLANKENSHIP, L; CAMPTON, D; EVELYN, T; FLAGG, T; MAHNKEN, C; SEEB, L; SEIDEL, P; SMOKER, W. 2005. Hatchery Reform in Washington State: Principles and Emerging Issues. *Fisheries*, 30 (6).

QUIROZ, R. 1998. Reservoir stocking in Latin America, an evaluation. 1998. FAO Fisheries Technical Paper. Roma, Itália.

SBORDONI, V.1986. Length variation in mtDNA control region in hatchery stocks of European sea bass subjected to acclimation experiments. *Genetics Selection Evolution* 30: 275-288.

TAMURA K., PETERSON D., PETERSON N., STECHER G., NEI M., & KUMAR S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28: 2731-2739.

5.0 – DADOS BIOGRÁFICOS

João de Magalhães Lopes

Analista de Meio Ambiente. Formado em Ciências Biológicas com bacharelado em ecologia pela UFMG em 1999, Mestre em Ecologia Conservação e Manejo da Vida Silvestre pela UFMG em 2003, MBA em Gestão Empresarial pela UFU em 2007. Foi coordenador técnico da Estação de Piscicultura de Volta Grande de 2003 a 2008. Atualmente é integrante do Programa Peixe Vivo e doutorando em Ecologia Aplicada pela UFLA. Área de atuação: Transposição de Peixes, Piscicultura e Peixamentos.

Evanguedes Kalapothakis

Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Minas Gerais (1988) e PhD em Biologia Molecular e Celular pelo MRC - University of London (1993). Finalizou em 2010 o Pós Doutorado na Universidade de Strathclyde (Glasgow, Escócia) onde trabalhou com a busca de princípios ativos com varreduras automatizadas. Trabalhou no Departamento de Farmacologia da Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais e atualmente, é professor associado Departamento de Biologia Geral, setor de Genética na mesma instituição.

Alexandre Lima Godinho

Professor universitário. Bacharel em Ciências Biológicas, com ênfase em Zoologia, pela UFMG em 1982. Mestre em Ecologia, Conservação e Manejo da Vida Silvestre pela UFMG em 1991. Doutorado em Conservação da Pesca e Vida Silvestre pela Universidade de Massachusetts em 2005. Coordenada o Centro de Transposição de Peixes da UFMG. Área de atuação: conservação e manejo de peixes.

Tatiana Barroca

Possui graduação em Ciências Biológicas pela Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (2003). Possui pós-graduação em Bioética pelo Instituto de Educação Continuada-PUC Minas (2004). Possui os graus de Mestre (2009) e Doutora (2012) em Genética pela Universidade Federal de Minas Gerais. Atualmente faz Pós-Doutorado no Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, UFMG. Tem experiência na área de genética, com ênfase em genética de populações, atuando principalmente nas seguintes áreas: sequenciamento, biotecnologia, obtenção de marcadores moleculares e sua aplicação no manejo genético de peixamentos e pisciculturas.

Monica Andrea Gutierrez Espinosa

Doutoranda em Ecologia, Conservação e Manejo de Fauna silvestre da UFMG. Bióloga da Universidade Nacional da Colômbia. Área de atuação: Ecologia de peixes de água doce.

Alessandra Gomes Bedore

Formada em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Uberlândia, possui mestrado em Biologia Celular pela Universidade Federal de Minas Gerais. Tem experiência na área de reprodução de peixes nativos e monitoramento da ictiofauna. Atualmente é a coordenadora técnica da Estação de Piscicultura de Volta Grande.