

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 29/01/2024.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO” - UNESP
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

YASMIN GARCIA

**Identificação de SNPs e genética populacional de cardumes
migradores e residentes de *Prochilodus lineatus* (Characiformes:
Prochilodontidae).**

Botucatu, SP

- 2022 -

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO” - UNESP
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

YASMIN GARCIA

Identificação de SNPs e genética populacional de cardumes migradores e residentes de *Prochilodus lineatus* (Characiformes: Prochilodontidae).

Dissertação apresentada à Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Bociências, Botucatu, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Ciências Biológicas (Zoologia).

Orientador: Prof. Assoc. Fábio Porto-Foresti

Botucatu, SP

- 2022 -

G216 Garcia, Yasmin
Identificação de SNPs e genética populacional de cardumes migradores e residentes de Prochilodus lineatus(Characiformes: Prochilodontidae). / Yasmin Garcia. -- Botucatu, 2022
63 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista(Unesp), Instituto de Biociências, Botucatu
Orientador: Fábio Porto-Foresti

1. Genética animal. 2. SNPs. 3. Rio Mogi-Guaçu. 4. Prochilodus lineatus. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

“ O Aprendizado é o significado mais límpido da vida, pois já mais se termina uma existência sem que se aprenda algo. ”

- Maria Clara Fraga Lopes

A todos aqueles que, de perto ou de longe, estiveram presentes
em uma das etapas mais marcantes da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço meus pais, João e Luciane, e meu irmão Étore, que me forneceram suporte emocional e seguraram minha mão nos momentos difíceis. Ao restante da minha família, que sempre se fez presente e torceu tanto por mim.

Agradeço as minhas amigas de Jaú, Maria Isabel, Jéssica e Kayra, por fazerem parte de tudo. Em especial, a Fernanda, minha melhor amiga, que apoiou minhas escolhas, me aconselhou e esteve presente em cada momento desde que nos conhecemos, honrando esse título. Obrigada ferzoca.

Ao LAGENPE, que mais do que um laboratório, foi onde construí uma família. Aos antigos lagenpeiros, Raul e Cahique, que também fizeram parte dessa etapa. As lagenpinhas da molecular Camila, Verônica, Funari, Giovana e Ana Laura, que eu tive a oportunidade de conhecer e contribuir nos últimos meses e construí um laço valioso. A Bia, Mel, Vitor, Allan e Amanda, que em pouco tempo já construí uma amizade que quero levar comigo. A Nat, que também se fez presente nessa etapa, nos longos dias, nas festas, nas risadas.

Ao Vito, que me ensinou e acompanhou durante a dura jornada que é a bioinformática hahaha.

A Fer, que acompanhou minha formação desde o início sendo minha banca de TCC, que contribuiu muito e ensinou parte do que sei hoje. Obrigada por ter feito parte desse processo e por, além disso, ser uma querida amiga.

Ao Caio Goes, que esteve do meu lado (literalmente) e vibrou com cada conquista minha, me ajudou em todos os momentos e sempre acreditou em mim.

Ao Caio Felipe e a Gabi, meus parceiros das festas, de aprendizado, das fofocas e de tantos momentos que vivemos e ainda vamos viver.

A Papiro, amizade que mais me surpreendeu e foi fortalecida em cada dificuldade e rendeu muitas histórias. Foram longos dias extraíndo DNA e montando biblioteca de SNPs. Obrigada por ter permanecido comigo amika, no laboratório e na vida.

Ao Henriqueta, que me encheu o saco todos os minutos desde que entrou no laboratório, e dessa forma se fez tão importante nos meus dias.

Ao Zenin, meu melhor amigo, que me adotou em 2016 e desde 2018 conviveu comigo todos os dias. Obrigada por todas as caronas, por ficar acordado me distraíndo nas crises de ansiedade e me dar um abraço quando tudo parecia impossível. Obrigada por cada detalhe em que você se fez presente todo dia. Você não vai se livrar de mim, que fique claro rs.

Ao Tarja, que esteve presente durante toda a minha formação na pós, aconselhando e me auxiliando. Muito obrigada.

Encerrar esse ciclo não implica em deixar para trás quem fez parte dele. Quero levá-los para vida. Obrigada por tudo, eu amo vocês.

A Débora e a Camila, que mesmo não morando mais comigo, acompanharam os principais momentos e me deram suporte.

A Babi, que em 2021 entrou na minha vida e desde então, só acrescentou. Obrigada por ser tão presente, cuidar de mim nos dias que estou triste, ouvir longos desabaços e compartilhar a vida e o dia a dia (e o apartamento rs) comigo. Sua amizade, pra mim, é como se viesse de longas datas e quero levar pra vida.

Ao Diego e ao IBTEC, que cederam tempo, material, espaço e conhecimento para o desenvolvimento do projeto.

Ao professor George e outros membros do CEPTA, que auxiliaram nas coletas e planejamento do projeto.

Ao professor e orientador Fábio Porto-Foresti, que além de me orientar, me aconselhou e me apoiou desde a iniciação científica, comemorando as minhas conquistas, acreditando em mim e me dando suporte quando precisei. Obrigada por acreditar em mim.

A CAPES, por ter financiado meu projeto de mestrado e permitido que essa pesquisa acontecesse.

Resumo

O conhecimento acerca da dinâmica e biologia de espécies de peixes migradores é essencial para a manutenção da diversidade genética. Uma das espécies mais frequentes no ambiente neotropical é *Prochilodus lineatus*, popularmente conhecida como curimatá. Considerado um peixe migrador de longas distâncias, *P. lineatus* compõe extensos cardumes que migram nos rios da bacia do Alto Paraná durante a piracema. Cardumes de curimatás residentes vem sendo observados, sendo os peixes que deixam de migrar e se estabelecem em uma região, dando indícios de uma possível existência de estoques geneticamente distintos. Considerando a importância das espécies migradoras para o ecossistema, o objetivo desse trabalho foi desenvolver marcadores moleculares do tipo SNPs (Polimorfismo de nucleotídeo único) para *P. lineatus* e aplicá-los através de metodologias de genética populacional em cardumes migradores e residentes para identificar a possível existência de estruturação e analisar a variabilidade genética nestes grupos biológicos. Para tal, utilizou-se a tecnologia RAD de dupla digestão (ddRAD-seq) em 80 amostras de curimatás coletados no Rio Mogi-Guaçu, na região da Cachoeira de Emas, SP, sendo analisados 10 indivíduos migradores e 10 residentes capturados a cada ano (2008, 2009, 2010 e 2021). Ao final da extração de DNA, elaboração das bibliotecas e sequenciamento, as filtragens resultaram em 4.085 SNPs que foram utilizados em análises populacionais. Para todos os anos, os valores de heterozigosidade observada (H_o) e da heterozigosidade esperada (H_e) foram semelhantes e os valores de H_{WE} indicaram um excesso de homozigotos. Os valores de F_{IS} , positivos e significativos, indicaram um tênue nível de endogamia nos grupos analisados. Os valores de F_{ST} indicaram a existência de agrupamentos entre os residentes de 2008 e 2021, enquanto os migradores demonstraram uma maior homogeneização de clusters. O AMOVA indicou a maior diferenciação entre indivíduos dentro das populações, mas uma significativa diferenciação entre grupos. Sendo assim, é possível concluir que os grupos de migradores permanecem com fluxo gênico, enquanto o de residentes podem estar apresentando um início de processo de estruturação, que poderá ser evidenciado ao longo dos próximos anos com a queda do número efetivo populacional, fazendo com que seja necessário o monitoramento dos curimatás do rio Mogi-Guaçu para que não haja perda da variabilidade genética nos cardumes.

Abstract

Knowledge about the dynamics and biology of migratory fish species is essential for the maintenance of genetic diversity. One of the most frequent species in the neotropical environment is *Prochilodus lineatus*, popularly known as curimatá. Considered a long-distance migratory fish, *P. lineatus* makes up extensive shoals that migrate in the rivers of the Upper Paraná basin during spawning. Shoals of resident curimatás have been observed, with fish that stop migrating and settle in a region, indicating the possible existence of genetically distinct stocks. Considering the importance of migratory species to the ecosystem, the objective of this work was to develop SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) molecular markers for *P. lineatus* and apply them through population genetics methodologies in migratory and resident schools to identify the possible existence of structuring and to analyze the genetic variability in these biological groups. For this, the double digestion RAD technology (ddRAD-seq) was used in 80 samples of curimatás collected in the Mogi-Guaçu River, in the region of Cachoeira de Emas, SP, being analyzed 10 migratory individuals and 10 residents captured each year (2008, 2009, 2010 and 2021). At the end of DNA extraction, elaboration of libraries and sequencing, the filters resulted in 4085 SNPs that were used in population analyses. For all years, observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) values were similar, and H_{we} values indicated an excess of homozygotes. The F_{is} values were positive and significant, indicating a low level of inbreeding in the analyzed groups. The F_{ST} values indicated the existence of clusters between the residents of 2008 and 2021, while the migrants showed a greater homogenization of clusters. AMOVA indicated the greatest differentiation between individuals within populations, but a significant differentiation between groups. Therefore, it is possible to conclude that the migratory groups remain with gene flow, while the resident groups may be showing the beginning of a structuring process, which may be evidenced over the next few years with the drop in the effective population number, causing it is necessary to monitor the curimatás of the Mogi-Guaçu river so that there is no loss of genetic variability in the shoals.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	10
1.1 Ictiofauna neotropical e rio Mogi-Guaçu	10
1.2 Peixes migradores continentais	12
1.3 Descrição da espécie <i>Prochilodus lineatus</i>	14
1.4 Peixes migradores e residentes	18
1.5 Análises de diversidade genética de peixes Neotropicais	20
2 OBJETIVOS	24
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1 Área de estudo	25
3.2 Extração de DNA.....	26
3.3 Construção das bibliotecas	27
3.4 Análises bioinformáticas.....	29
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
Capítulo.....	33
Resumo.....	33
Introdução	34
Material e métodos.....	36
Resultados	39
Discussão e conclusão	45
5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51
MATERIAIS COMPLEMENTARES	59

SUMÁRIO DE FIGURAS

Figura 1.....	12
Figura 2.....	16
Figura 3.....	25
Figura 4 A, B e C.....	29
Figura 5.....	40
Figura 6.....	44
Figura 7.....	45

SUMÁRIO DE TABELAS

Tabela 1	37
Tabela 2	41
Tabela 3	43
Tabela 4	43

SUMÁRIO DE GRÁFICOS

Gráfico 1	42
Gráfico 2.....	42

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados e a discussão estão descritos e discutidos a seguir em um capítulo em formato de artigo. As referências bibliográficas encontram-se ao final da dissertação, bem como o material complementar elaborado.

Capítulo

Identificação de SNPs e genética populacional de cardumes migradores e residentes de *Prochilodus lineatus* (Characiformes: Prochilodontidae).

Identificação de SNPs e genética populacional de cardumes migradores e residentes de *Prochilodus lineatus* (Characiformes: Prochilodontidae).

Resumo

Conhecida como curimba ou curimbatá, *Prochilodus lineatus* é uma importante espécie migradora que compõe extensos cardumes que migram durante a piracema, auxiliando na manutenção da diversidade biológica. A existência de cardumes residentes, entretanto, tem sido observada e, diante da escassez de trabalhos afim de compreender esses grupos e suas possíveis problemáticas (como queda da variabilidade genética), o objetivo desse trabalho foi identificar marcadores moleculares SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único) para a espécie, e aplicá-los em estudos populacionais direcionados a cardumes migradores e residentes, a fim de se avaliar a diversidade e uma possível estruturação genética entre ambos estoques. Exemplares foram coletados e 80 amostras de curimbatás, sendo 10 indivíduos migradores, e 10 residentes, nos anos 2008, 2009, 2010 e 2021, foram sequenciadas pela tecnologia de sequenciamento de nova geração (ddRAD-seq). Após a construção dos *loci* e etapas de filtragens, 4.085 SNPs foram utilizados nas análises populacionais. Para todos os anos, os valores da heterozigosidade observada (H_o) foram semelhantes aos da heterozigosidade esperada (H_e) e os valores de F_{IS} indicaram a presença de um nível de endogamia e o Hwe indicou um excesso de homozigotos. Os valores de F_{ST} indicaram a existência de agrupamentos entre os residentes de 2008 e 2021, enquanto os migradores demonstraram uma maior homogeneização de clusters. O AMOVA indicou a maior diferenciação entre indivíduos dentro das populações, mas uma significativa diferenciação entre grupos. Sendo assim, é possível concluir que os grupos de migradores se mostram com diversidade genética, enquanto os de residentes podem estar apresentando um princípio de estruturação, que será evidenciado nos próximos anos com a queda prevista do número efetivo populacional, fazendo com que seja necessário o monitoramento dos curimbatás do rio Mogi-Guaçu para que não haja perda da variabilidade genética nos cardumes.

Palavras-chave: marcadores moleculares; peixes neotropicais; SNPs.

Abstract

Known as curimba or curimbatá, *Prochilodus lineatus* is an important migratory species that makes up extensive shoals that migrate during spawning, helping to maintain biological diversity. The existence of resident shoals, however, has been observed and, given the scarcity of studies in order to understand these groups and their possible problems (such as a decrease in genetic variability), the objective of this work was to identify molecular markers SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) for the species, and apply them in population studies directed to migratory and resident shoals, in order to evaluate the diversity and a possible genetic structuring between both stocks. Specimens were collected and 80 samples of curimbatás, being 10 migratory individuals, and 10 residents, in the years 2008, 2009, 2010 and 2021, were sequenced by next-generation sequencing technology (ddRAD-seq). After building the loci and filtering steps, 4085 SNPs were used in the population analyses. For all years, observed heterozygosity (H_o) values were similar to expected heterozygosity (H_e) values and F_{IS} values indicated the presence of a level of inbreeding and H_{WE} indicated an excess of homozygotes. The F_{ST} values indicated the existence of clusters between the residents of 2008 and 2021, while the migrants showed a greater homogenization of clusters. AMOVA indicated the greatest differentiation between individuals within populations, but a significant differentiation between groups. Therefore, it is possible to conclude that the migratory groups show genetic diversity, while the resident groups may be presenting a structuring principle, which will be evidenced in the coming years with the expected drop in the effective population number, making it necessary to monitoring of the curimbatás of the Mogi-Guaçu river so that there is no loss of genetic variability in the shoals.

Keywords: molecular markers; neotropical fish; SNPs.

INTRODUÇÃO

A bacia do Alto Paraná é o segundo maior sistema de drenagem da América do Sul e é responsável por grande parte da diversidade aquática no Brasil. O rio Mogi-Guaçu é um dos principais afluentes da bacia do Alto Paraná (MMA, 2019) e tem um papel singular no que diz respeito à conservação de espécies aquáticas, uma vez que, juntamente com o rio Pardo, são locais favoráveis para desova e, portanto, são

5 REFERÊNCIAS

- AGOSTINHO, A. A.; GOMES, L. C. et al. Migratory fishes of the upper Paraná River basin, Brazil. In: GOMES L. C. et al. Migratory fishes of South America: biology, fisheries and conservation status. Ottawa:World Fisheries Trust: The World Bank: International Development Research Centre; 2003. p.19–98. 2003.
- AGOSTINHO, A. A.; GOMES, L. C.; PELICICE, F. Estocagem. Ecologia e manejo de recursos pesqueiros em reservatórios do Brasil. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**, p. 253–274, 2007.
- ALLEDORF, F. W.; HOHENLOHE P.A.; LUIKART, G. Genomics and the future of conservation genetics. **Nature Reviews Genetics**, v. 11, p. 697– 709, 2010.
- ALVIM, M. C. C.; PERET, A. C. Recursos alimentares que sustentam a ictiofauna em um trecho do alto rio São Francisco, município de Três Marias, MG, Brasil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 64, p. 195-202, 2004.
- ANDERSON, E. P. et al. Fragmentation of Andes-to-Amazon connectivity by hydropower dams. **Science Advances**, v. 4, n. 1, p. 1–8, 2018.
- ANDREWS, K. R., et al. Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. **Nature Reviews Genetics**, v. 17(2), p. 81–92, 2016.
- ANDREWS, C. et al. A marker of biological ageing predicts adult risk preference in European starlings, *Sturnus vulgaris*. **Behavioral Ecology**, v. 29, n. 3, p. 589-597, 2018.
- ANDREWS, S. et al. Priming of MSCs with inflammation-relevant signals affects extracellular vesicle biogenesis, surface markers, and modulation of T cell

- subsets. **Journal of Immunology and Regenerative Medicine**, v. 13, p. 100036, 2021.
- BARRELA, W. Indicadores ambientais: conceitos e aplicações. **São Paulo: EDUC/COMPED/INEP**, 2001.
- BARNOSKY, A. D. et al. Has the Earth' s sixth mass extinction already arrived? **Nature**, p. 1–7, 2011.
- BAYLEY, P. B. Studies on the migratory characin, *Prochilodus platensis* Holmberg 1889, (Pisces, Characoidei) in the river Pilcomayo, South America. **Journal of Fish Biology**, v. 5, n. 1, p. 25-40, 1973.
- BAUER, S.; HOYE, B. J. Migratory animals couple biodiversity and ecosystem functioning worldwide. **Science**, v. 344, n. 6179, p. 1242552, 2014.
- BOWEN, S. H. The river flood pulse, benthic biofilm, and the nutrition of **Prochilodus lineatus**. **Environmental Biology of Fishes**, p. 1-18, 2022.
- BUCKUP, P. A.; MENEZES, N. A.; GHAZZI, M. S. Catálogo dos peixes marinhos e de água doce do Brasil. URL: <http://www.mnrj.ufrj.br/catalogo>, 2003.
- BOLGER, D. T.; NEWMARK, W. D.; MORRISON, T. A.; DOAK, D. F. (2008) The need for integrative approaches to understand and conserve migratory ungulates. **Ecology letters**, v. 11.1., p. 63-77, 2008.
- CARVALHO, F. R.; LANGEANI, F. *Hyphessobrycon uaiso*: new characid fish from the rio Grande, upper Rio Paraná basin, Minas Gerais State (Ostariophysi: Characidae), with a brief comment about some types of Hyphessobrycon. **Neotropical Ichthyology**, v. 11, p. 525-536, 2013.

- COSTA, G. O. Aprimoramento do protocolo de DNA metabarcoding para aplicação na identificação de áreas prioritárias à conservação da ictiofauna do rio Mogi-Guaçu. Dissertação - Ciências Biológicas, IBB. 2021.
- CELESTINO, L. F. et al. Migração de *Prochilodus lineatus* (Valenciennes, 1836) através de escada para peixes em usina hidrelétrica: gatilhos migratórios e conectividade bidirecional. Universidade Estadual do Oeste do Paraná. 2018.
- DINGLE, H. Animal migration: is there a common migratory syndrome? **Journal of Ornithology**, v. 147, n. 2, p. 212-220, 2006.
- DINGLE, H. Migration: the biology of life on the move. **Oxford University Press**, USA, 2014.
- DE SANTANA, H. S.; MINTE-VERA, C. V. Age and growth of *Prochilodus lineatus* in a spatially structured population: is there concordance between otoliths and scales? **Environmental Biology of Fishes**, v. 100, n. 3, p. 223-235, 2017.
- DUDGEON, D. et al. Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. **Biological Reviews**. n. 2006, p. 163–182, 2015.
- ESPÍNDOLA, E. L. G.; BRIGANTE, J.; ELER, M. N. Avaliação das modificações na qualidade da água do Rio Mogi-Guaçu: uma análise temporal. **Limnologia Fluvial: um estudo no rio Mogi-Guaçu**, p. 189-204, 2003.
- FERREIRA, D.G. et al. Genetic structure of a Neotropical sedentary fish revealed by AFLP, microsatellite and mtDNA markers: a case study. *Conserv Genet*. 16:151–66. 2015.
- FROESE, R.; PAULY, D. Fishbase. World Wide Web electronic publication. Retrieved 06/2015, 2015, from www.fishbase.org. 2015.

- FLECKER, A. S. Ecosystem engineering by a dominant detritivore in a diverse tropical stream. **Ecology**, v. 77, n. 6, p. 1845-1854, 1996.
- GARCEZ, R.; CALCAGNOTTO, D.; DE ALMEIDA-TOLEDO, L. F. Population structure of the migratory fish *Prochilodus lineatus* (Characiformes) from rio Grande basin (Brazil), an area fragmented by dams. **Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems**, v. 21, n. 3, p. 268-275, 2011.
- GARCIA-MORENO, J. et al. Sustaining freshwater biodiversity in the Anthropocene. **The global water system in the Anthropocene**. Springer, Cham, p. 247-270. 2014.
- GOUDIE, A. S. Human impact on the natural environment. John Wiley & Sons, 2018.
- GORDON, T. A. C. et al. Fishes in a changing world: learning from the past to promote sustainability of fish populations. **Journal of fish biology**, v. 92, n. 3, p. 804-827, 2018.
- GODINHO, A. L.; KYNARD, B. Migratory fishes of Brazil: life history and fish passage needs. **River Research and Applications**, v. 25, n. 6, p. 702-712, 2009.
- GOMES, L. C.; MIRANDA, L. E. Riverine characteristics dictate composition of fish assemblages and limit fisheries in reservoirs of the Upper Paraná River Basin. **Regulated Rivers: Research & Management: An International Journal Devoted to River Research and Management**. v. 17, p. 67-76, 2001.
- HOEINGHAUS, David J. et al. Effects of river impoundment on ecosystem services of large tropical rivers: embodied energy and market value of artisanal fisheries. **Conservation Biology**, v. 23, n. 5, p. 1222-1231, 2009.
- HELFMAN, G. et al. The diversity of fishes: biology, evolution, and ecology. John Wiley & Sons, 2009.

- IZZO, C. et al. Fish as proxies of ecological and environmental change. **Rev Fish Biol Fish**. 26:265–86. 2016.
- KNOUFT, J. H.; FICKLIN, D. L. The potential impacts of climate change on biodiversity in flowing freshwater systems. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, 48.1. 2017.
- LOWE-McCONNELL, R. H. Estudos ecológicos de comunidades de peixes tropicais. Translation of A. E. A. M. Vazzoler, A. A. Agostinho & P. Cunnighan, São Paulo. Ed. da Universidade de São Paulo. **Estudos ecológicos de comunidades de peixes tropicais**, 535p. 1999.
- LANGANI, F. et al. Diversidade da ictiofauna do Alto Rio Paraná: composição atual e perspectivas futuras. **Biota Neotropica**, v. 7, p. 181-197, 2007.
- LAVOUÉ, S. et al. Trophic evolution in African citharinoid fishes (Teleostei: Characiformes) and the origin of intraordinal pterygophagy. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 113, p. 23-32, 2017.
- LOBATO, T. C.; et al. Construction of a novel water quality index and quality indicator for reservoir water quality evaluation: A case study in the Amazon region. **Journal of Hydrology**, v. 522, p. 674–683, 2015.
- LOPES, C. A. e ZANIBONI-FILHO, E. Mosaic environments shape the distribution of Neotropical freshwater ichthyoplankton. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 28, n. 4, p. 544–553, 2019.
- LOPERA-BARRERO, N. M. et al. Genetic diversity of pacu and piapara broodstocks in restocking programs in the rivers Paraná and Paranapanema (Brazil). **Semina: Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 2365-2373, 2016.

- LEMOPOULOS, A. et al. Comparison of migratory and resident populations of brown trout reveals candidate genes for migration tendency. **Genome Biology and Evolution**, v. 10, n. 6, p. 1493-1503, 2018.
- MAIA, E. L. et al. Composição química e classes de lipídios em peixe de água doce curimatã comum, *Prochilodus cearensis*. **Food Science and Technology**, v. 19, p. 433-437, 1999.
- MILLS, E. L. et al. Colonization, ecology, and population structure of the " quagga" mussel (Bivalva: Dreissenidae) in the lower Great Lakes. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 50, n. 11, p. 2305-2314, 1993.
- MAKRAKIS, M. C. et al. Diversity in migratory patterns among Neotropical fishes in a highly Regulated River basin. **Journal of Fish Biology**, 81, 866–881, 2012.
- MACHADO, M. Características morfométricas e corporais de curimatã *Prochilodus lineatus* (Characiforme: Prochilodontidae) dos estoques migradores e residentes do rio Mogi-Guaçu. 2007.
- MACHADO, M. R. F.; FORESTI, F. Morphometric characteristics of *Prochilodus lineatus* (Valenciennes 1847), of the migratory and resident stocks of the river Mogi-Guaçu, São Paulo State, Brazil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 34, p. 341-346, 2012.
- MELDGAARD, T. et al. Hybridization mechanisms between the endangered marble trout (*Salmo marmoratus*) and the brown trout (*Salmo trutta*) as revealed by in-stream experiments. **Biol Conserv.** 136(4):602–11. 2007.
- NELSON, J. S.; GRANDE, T. C.; WILSON, M. V. H. Fishes of the world. 5rd ed. John Wiley and Sons, New York. 707pp. 2016.

- NORTHCOTE, T. G.; WALTERS, C. J.; HUME, J. M. B. Initial impacts of experimental fish introductions on the macrozooplankton of small oligotrophic lakes: With 4 figures in the text. **Internationale Vereinigung für theoretische und angewandte Limnologie: Verhandlungen**, v. 20, n. 3, p. 2003-2012, 1978.
- OLIVEIRA, D. J. identificação de populações e de padrões de migração de *Prochilodus lineatus* no ecossistema dos rios Mogi-Guaçu, Pardo e Grande com o uso de marcadores genéticos moleculares. Tese de Doutorado. Instituto de Biociências, UNESP. 2018.
- PELICICE, F. M. et al. Neotropical freshwater fishes imperilled by unsustainable policies. **Fish and Fisheries**, v. 18, n. 6, p. 1119–1133, 2017.
- PEREIRA, L. S. et al. Effects of ecologically relevant concentrations of cadmium in a freshwater fish. **Ecotoxicol Environ Saf.** 130:29–36. 2016.
- REIS, R. E.; KULLANDER, S. O.; FERRARIS, C. J. Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.
- REIS, R. E. et al. Fish biodiversity and conservation in South America. **Journal of fish biology**, v. 89, n. 1, p. 12-47, 2016.
- ROSA, I. F. et al. Temporal genetic structure of a stock of *Prochilodus lineatus* (Characiformes: Prochilodontidae) in the Mogi-Guaçu River ecosystem, São Paulo, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 20, 2022.
- ROSSINI, B. Caracterização da estrutura genética de populações residentes e migradoras da espécie *Salminus brasiliensis* da Bacia do rio Mogi-Guaçu”. 2010.
- RUEDA, E.C. et al. Seasonal variation in genetic population structure of sábalo (*Prochilodus lineatus*) in the Lower Uruguay River. **Rev Bras Genet.** 141:401–07. 2013.

- SANCHES, P. V. et al. Flow regulation by Dams affecting ichthyoplankton: The case of the Porto Primavera Dam, Paraná River, Brazil. **River Research and Applications**, v. 22, n. 5, p. 555–565, 2006.
- SANTANA, H. S.; MINTE-VER, C. V. Age and growth of *Prochilodus lineatus* in a spatially structured population: is there concordance between otoliths and scales? **Environmental Biology of Fishes**, 100: 223–235. 2017.
- SANTOS, M. C. F. et al. High levels of genetic variability and panmixia of the tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1816) in the main channel of the Amazon River. **J Fish Biol.** 71:33–44. 2007.
- SILVA, J. C. et al. Importance of dam-free stretches for fish reproduction: the last remnant in the Upper Paraná River o último remanescente do alto Rio Paraná. **Acta Limnologica Brasiliensia**, v. 29, 2017.
- SHAW, T. J.; MARTIN, P. Wound repair: a showcase for cell plasticity and migration. **Current opinion in cell biology**, v. 42, p. 29-37, 2016.
- STORNIOLI, J. H. F. Caracterização do satelitoma de *Prochilodus lineatus* (Teleostei, Characiformes) e a diferenciação de cromossomos B. 2021.
- WENDT, E. W. et al. Phylogenetic relationships and historical biogeography of *Oligosarcus* (Teleostei: Characidae): Examining riverine landscape evolution in southeastern South America. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 140, p. 106604, 2019.
- WORLD BANK GROUP. World development report 2016: Digital dividends. **World Bank Publications**, 2016.