
ECOLOGIA

Camila Giaj-Levra Teixeira Lacerda

Homogeneização da biodiversidade? A importância de se distinguir diferentes tipos de impactos ao analisar metacomunidades aquáticas

CAMILA GIAJ-LEVRA TEIXEIRA LACERDA

HOMOGENEIZAÇÃO DA BIODIVERSIDADE? A IMPORTÂNCIA DE SE
DISTINGUIR DIFERENTES TIPOS DE IMPACTO AO ANALISAR
METACOMUNIDADES AQUÁTICAS

Orientador: Tadeu de Siqueira Barros

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Instituto de Biociências da Universidade
Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” -
Câmpus de Rio Claro, para obtenção do grau
de Ecóloga.

Rio Claro
2013

574.5263 Lacerda, Camila Gaj-Levra Teixeira
L131h Homogeneização da biodiversidade? A importância de se distinguir
diferentes tipos de impactos ao analisar metacomunidades aquáticas /
Camila G. T. Lacerda. - Rio Claro, 2013
33 f. : il., figs., gráfs.

Trabalho de conclusão de curso (Ecologia) - Universidade Estadual
Paulista, Instituto de Biociências de Rio Claro
Orientador: Tadeu de Siqueira Barros

1. Ecologia aquática. 2. Diversidade beta. 3. Medidas de diversidade. I.
Título.

Dedico à minha família de sangue e à família que escolhi fazer parte.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente ao Tadeu por me guiar durante estes dois anos de trabalho, entender as minhas dificuldades, por estar ao meu lado neste processo de construção do conhecimento e principalmente por desempenhar o papel de um verdadeiro orientador.

Agradeço ao meu pai Jair, mãe Silvia e Irmã Bruna que proporcionaram a base de vida para que tudo isso fosse possível.

Agradeço a todas as pessoas que estiveram comigo nestes cinco anos de graduação, principalmente a turma Eco 09 e aos moradores das repúblicas que escolhi viver: Rep. Macia, Rep Marrakesh e minha amada Rep Our, na qual encontrei um verdadeiro conforto de lar e irmãos para a vida.

Por fim, agradeço ao RURC por me proporcionar não apenas a prática do rugby, mas a vivencia em grupo, valorizando o respeito e companheirismo dentro e fora de campo.

O meu amor é de vocês. Obrigada!

“I have no special talent. I am only passionately curious”

(Einstein, A., 1952)

RESUMO

O processo de homogeneização da biodiversidade tem chamado a atenção de pesquisadores porque integra três principais processos que estão relacionados com a crise moderna da biodiversidade – a introdução de espécies exóticas, extinção de espécies nativas e modificações do habitat – e por dar maior ênfase à composição de espécies ao invés do número de espécies das comunidades. Neste sentido, o conceito de diversidade beta – variação espacial e temporal na composição das espécies – apresenta-se central para a compreensão do processo de homogeneização da biota; principalmente porque a heterogeneidade do habitat é a maior causa da diversidade beta, e segundo, por que algumas métricas de diversidade beta fornecem um meio de estimar e comparar estatisticamente a homogeneização taxonômica. Neste trabalho, nós investigamos se a modificação do habitat está relacionada com a homogeneização taxonômica de macroinvertebrados em 32 riachos da Mata Atlântica. Nós testamos se esta modificação, associada com diferentes usos do solo (e.g., cana-de-açúcar, eucalipto, pasto, banana e floresta), está relacionada com o declínio na diversidade beta, e se a diversidade beta é afetada pela escala espacial utilizada nas análises. Nós estimamos e comparamos diversidade beta através do procedimento de homogeneidade de dispersões multivariadas. Quando agrupamos os diferentes tipos de uso do solo em uma escala maior, i.e., áreas impactadas vs. áreas florestadas, nós encontramos que os riachos impactados tinham diversidade beta mais alta. Ou seja, riachos mais preservados foram, surpreendentemente, mais homogêneos biologicamente. Porém, na escala espacial mais fina, distinguindo os diferentes tipos de uso do solo, nós observamos maior diversidade beta e maior heterogeneidade ambiental entre riachos florestados. Estes resultados indicam que se agruparmos diferentes tipos de impacto como áreas impactadas, nós poderemos deixar de observar um processo de homogeneização da biodiversidade. Nós sugerimos que os usos do solo atuam como fortes filtros ambientais determinando a composição taxonômica dos riachos.

Palavras-chave: homogeneização da biodiversidade. Diversidade beta. Mata Atlântica. Metacomunidades. Modificação de habitat.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	07
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	11
2.1	Área de estudo e conjunto de dados analisados.....	11
2.2	Estimativas de heterogeneidade taxonômica e ambiental.....	12
3	RESULTADOS.....	15
4	DISCUSSÃO.....	20
5	CONCLUSÃO.....	24
	REFERÊNCIAS.....	25
	ANEXO A.....	29

1 INTRODUÇÃO

O processo de homogeneização da biodiversidade, primeiramente definido por (McKINNEY & LOCKWOOD, 1999), chamou a atenção dos pesquisadores por integrar três principais processos fortemente relacionados à moderna crise da biodiversidade – a introdução de espécies exóticas, a extinção de espécies nativas e a modificação de habitats – e por dar maior ênfase a composição de espécies ao invés do número de espécies (OLDEN & ROONEY, 2006; RAHEL, 2002). Embora a homogeneização da biodiversidade refira-se a um aumento na similaridade entre biotas em diferentes níveis de organização, desde unidades genéticas até funcionais (e.g., OLDEN, 2006; DEVICTOR et al., 2008), a maioria dos estudos têm focado na homogeneização taxonômica de grupos individuais, principalmente vertebrados e plantas terrestres e peixes (e.g., LOCKWOOD, 2000; QUIST et al., 2005). Neste sentido, o conceito de diversidade beta – variação espacial e temporal na composição das espécies – apresenta-se central para a compreensão do processo de homogeneização da biota; primeiramente porque a heterogeneidade do habitat é a maior causa da diversidade beta (ANDERSON et al., 2011), e segundo, porque algumas métricas fornecem um meio de estimar e comparar estatisticamente a homogeneização taxonômica (e.g., ANDERSON et al., 2006).

Embora as primeiras tentativas de se quantificar a diversidade beta estivessem focadas na riqueza de espécies – mais precisamente, na relação entre a riqueza regional de espécies e a média da riqueza observada nos locais componentes (WHITTAKER, 1960) – as abordagens recentes têm focado em quantificar a similaridade entre unidades amostrais. Anderson et al. (2006) propôs que a variação na composição de espécies para um grupo de unidades amostradas em uma determinada área (ou tempo) poderia ser medido como a distancia média (utilizando uma medida de dissimilaridade apropriada) das unidades individuais para o centroide do grupo em um espaço multivariado. Este procedimento, chamado de PERMIDISP (*Permutational Analysis of Multivariate Dispersions*, ou homogeneidade de dispersões multivariadas) produz uma média da diversidade beta total (se baseada em dados de presença e ausência) e variação na estrutura da comunidade (se baseada em dados de abundância) em locais dentro de uma região (ANDERSON et al., 2006). A maior vantagem deste método é que as comparações

entre os grupos podem ser testadas estatisticamente, sendo, assim, especialmente adequadas para as análises de homogeneização taxonômica.

Estudos que adotam a abordagem de metacomunidades – aquela em que as comunidades locais não podem ser entendidas como manchas isoladas governadas apenas por dinâmicas internas, mas sim como comunidades conectadas por dispersão (LEIBOLD et al., 2004) – indicam que a diversidade beta é causada por uma combinação de fatores operando em diferentes escalas espaciais como dispersão limitada, heterogeneidade ambiental e interações bióticas (e.g., ANDERSON, 2011; CLARKE et al., 2010; THOMPSON & TOWNSEND, 2006). A maioria dos estudos, entretanto, mostra que dentre as principais causas da diversidade beta, a heterogeneidade ambiental desempenha um papel fundamental (e.g., ANDERSON, 2006; COTTENIE, 2005). Prevê-se que uma maior heterogeneidade do habitat dentro de uma região leva a uma maior diversidade beta porque maior variedade de recursos e condições acomodariam conjuntos de espécies com nichos diferentes (CHASE & LEIBOLD, 2003; LEIBOLD et al., 2004). Assim, devemos esperar menor heterogeneidade taxonômica em comunidades onde a modificação do habitat resultou em uma homogeneização ambiental. Neste caso, baixos valores de diversidade beta indicariam a ocorrência de uma homogeneização taxonômica.

Ambientes de água doce estão entre os sistemas mais modificados, sendo fortemente alterados pela poluição, modificação de habitat, superexploração e fragmentação (DUDGEON et al., 2006). Combinados com os processos de introdução de espécies exóticas e extinção, as modificações do habitat têm resultado em homogeneização da diversidade biológica aquática na América do Norte (RAHEL, 2002). Os riachos brasileiros da Mata Atlântica não devem ser uma exceção do que foi descrito por Rahel (2002). Por exemplo, pesquisas conduzidas em riachos de Mata Atlântica mostraram que a modificação de habitat (e.g., substituição de espécies nativas por monocultura intensiva) é a maior causa da variação na abundância e distribuição de macroinvertebrados (SIQUEIRA et al., 2009), associações de táxons indicadores (ROQUE et al., 2010), métricas de diversidade (SIQUEIRA & TRIVINHO-STRIXINO, 2005; SURIANO et al., 2011), táxons comuns e raros (SIQUEIRA et al., 2012) e métricas de diversidade funcional (COLZANI et al., 2013). Nenhum desses estudos, entretanto, investigou diretamente

a homogeneização taxonômica *per se*. Em vez disso, alguns destes (e.g., SURIANO et al., 2011) e outros (e.g., SILVEIRA et al., 2005; BAPTISTA et al., 2007; BUSS & VITORINO, 2010) focaram em avaliar a condição de riachos impactados vs. preservados utilizando métricas com maior foco na diversidade alfa – assim, ignorando a variação na composição de espécies entre os locais. Considerando que comunidades locais têm dinâmicas espaciais pela dispersão de indivíduos (LEIBOLD et al., 2004), então qualquer análise de riachos impactados vs. preservados deve incluir um componente que represente a variação entre os locais – i.e., diversidade beta.

Alem disso, dada a evidência contrastante (TYLIANAKIS et al., 2006; HENDRICKX et al., 2007; VELLEND et al., 2007; FILLOY et al., 2010), uma questão que deve ser resolvida é se a diversidade beta declina em paisagens modificadas por diferentes tipos de atividades humanas (e.g., plantações de eucalipto e cultivo de cana-de-açúcar). Considerando que podemos assumir que as atividades humanas reproduzem ambientes semelhantes em paisagens (McKINNEY, 2006), resultando em metacomunidades com baixa heterogeneidade taxonômica, ela também pode ser considerada como hipótese de que diferentes tipos de atividades humanas produzem mosaicos na paisagem onde as metacomunidades têm maior heterogeneidade taxonômica. Por exemplo, se filtros ambientais são os fatores mais importantes na estruturação das metacomunidades, então podemos esperar que diferentes tipos de atividades humanas (i.e., diferentes filtros ambientais), quando analisados em conjunto, como um único grupo (i.e., locais impactados), gerariam maior diversidade beta quando comparados com um grupo de locais preservados (i.e., um único filtro ambiental).

Neste contexto, nós investigamos se as modificações do habitat induzidas pelo homem estão relacionadas com a homogeneização taxonômica de macroinvertebrados em riachos da Mata Atlântica. Nós testamos se a modificação de habitat associada com diferentes usos do solo está relacionada com a redução da diversidade beta, e se a diversidade beta é afetada pela escala espacial utilizada nas análises. Para este ultimo objetivo, nós distinguimos os locais impactados em tipos de modificações de habitat (reduzindo a escala espacial). Nossa predição é que a diversidade beta seria maior em paisagens mais preservadas, independentemente se distinguirmos a modificação do habitat em quatro principais

usos do solo: cana-de-açúcar, eucalipto, pasto e banana, ou se analisarmos paisagens impactadas vs. preservadas. Nós também esperamos maior heterogeneidade ambiental em riachos preservados em ambas as escalas espaciais.

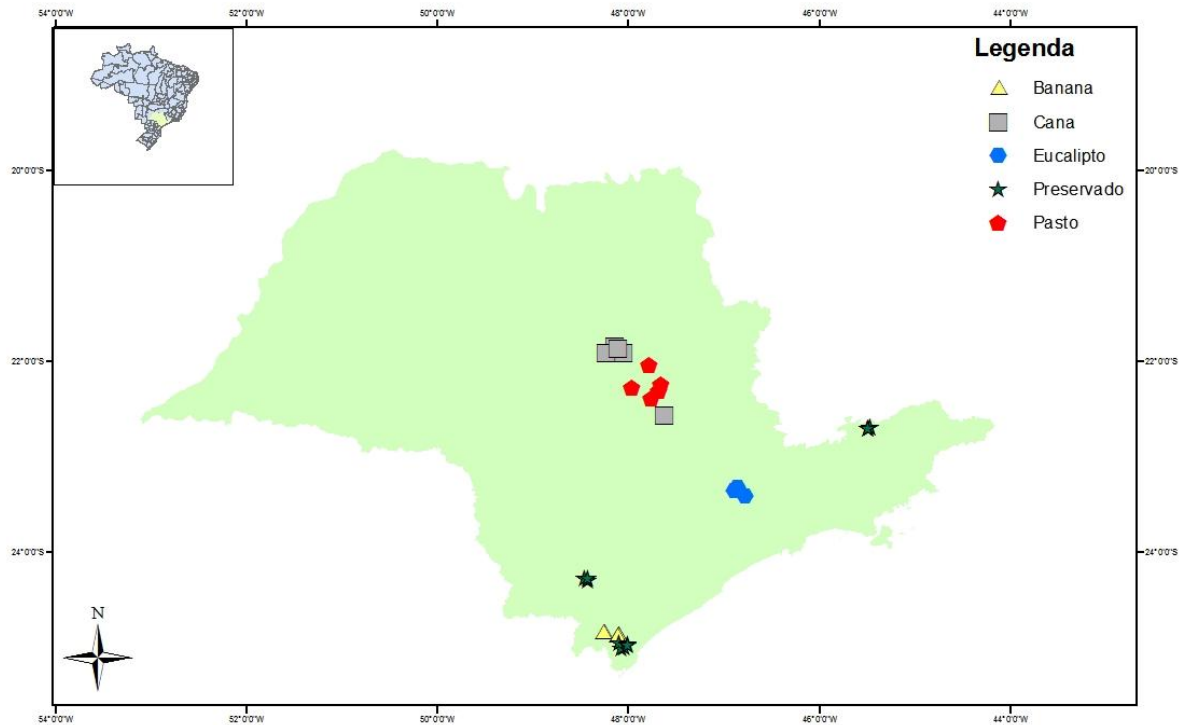
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo e conjunto de dados analisados

Tendo em vista a grande importância dos ecossistemas lóticos preservados, que são fortemente influenciados pela remoção e a degradação das áreas adjacentes (ALLAN, 2004), nós selecionamos um conjunto de dados coletados em uma das florestas tropicais mais ameaçadas do planeta, a Mata Atlântica. A Mata Atlântica é constituída hoje por pequenos fragmentos preservados rodeados por áreas com o predomínio de monocultura (predominantemente cana-de-açúcar e eucalipto) e pastagem (RIBEIRO et al., 2009). Este conjunto de dados foi extraído do “Macroinvertebrate database” compilado pelo grupo de entomologia aquática da Universidade Federal de São Carlos, Brasil (ROQUE et al., 2010). Nós selecionamos trinta e dois riachos localizados na Mata Atlântica de São Paulo, Brasil (fig. 1). Treze destes localizados em áreas preservadas e dezenove em áreas impactadas (banana, eucalipto, cana-de-açúcar e pastagem).

Neste conjunto de dados há informações sobre a abundância e ocorrência de aproximadamente 240 gêneros de insetos aquáticos, variáveis ambientais em diferentes escalas espaciais (e.g., altitude, pH, oxigênio dissolvido, precipitação anual, cobertura vegetal em um raio de 1000 m) e coordenadas geográficas dos riachos. A partir deste conjunto de dados, nós escolhemos quatro ordens de Insecta para serem usadas em nossas análises: EPTC (ephemeroptera, plecoptera, trichoptera, coleoptera, 105 gêneros). Estes táxons além de serem frequentemente utilizados em biomonitoramento de riachos principalmente devido a sua abundância e sensibilidade aos impactos antrópicos (e.g., FERREIRA et al., 2011; SILVEIRA, 2005), desempenham um papel central nos processos de predação e decomposição (CLARKE et al., 2008).

Figura 1. Localização da área de estudo no estado de São Paulo, Brasil. Os tipos de modificações de habitat estão indicados por símbolos.



Fonte: Elaborada pela autora com o apoio de Rafael Alves.

2.2 Estimativas de heterogeneidade taxonômica e ambiental

Antes de calcular a diversidade beta, nós estimamos a diversidade alfa dos gêneros de macroinvertebrados entre os riachos localizados em habitats preservados e impactados pelos quatro principais usos do solo do estado (cana-de-açúcar, pastagem, eucalipto e banana) usando curvas de acumulação de espécies baseada em amostras, seguindo as recomendações de Gotelli & Colwell (2001). As curvas de rarefação foram geradas a partir de 1000 permutações aleatórias dos dados para determinar se o número de unidades amostrais era suficiente para que a curva de acumulação de espécies atingisse sua assíntota.

Para estimar a diversidade beta nós utilizamos a abordagem proposta pela Anderson (2006) – PERMIDISP (*Permutational Analysis of Multivariate Dispersions*, ou homogeneidade de dispersões multivariadas). Neste método, calculamos o centroide de um grupo definido a priori (e.g., riachos impactados) através de uma análise de coordenadas principais (PCoA). O cálculo do centroide do grupo foi feito utilizando uma medida de dissimilaridade apropriada (e.g., Jaccard, Manhattan)

permitindo a comparação da dissimilaridade média nas n observações individuais dentro do grupo (e.g., ocorrência do gênero x nos riachos impactados). Para testar a hipótese nula de que a diversidade beta não diferia entre os grupos, uma estatística F foi calculada para comparar a distância média de cada amostra para o centroide do grupo. Então, o valor de p foi obtido através de 1000 permutações dos resíduos dos mínimos quadrados (figura 2; detalhes em Anderson 2006). Neste trabalho, as comparações foram primeiramente realizadas entre dois grupos (impactados e preservados), e posteriormente entre cinco grupos (cana-de-açúcar, pastagem, eucalipto, banana e preservados).

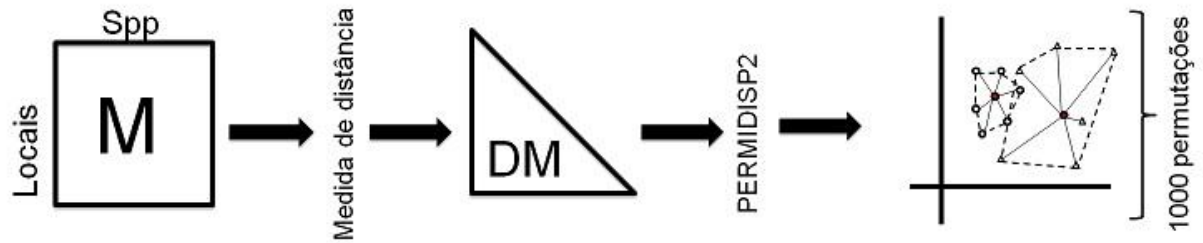
A diversidade beta pode ser gerada através de dois mecanismos: pela mudança na ocorrência das espécies nas amostras, ou por apenas uma mudança na abundância das espécies que coocorrem nessas amostras. Com o objetivo de fornecer um contínuo de ênfase partindo da composição pura das espécies até métricas que incluam informações de abundância, nós utilizamos quatro medidas de dissimilaridade, como sugerido pela Anderson (2006). O índice de Jaccard (d_J), a medida de dissimilaridade modificada de Gower utilizando log na base 10 (d_{MG}), a medida modificada de Gower, utilizando log na base 2 (d_{MG2}) e a medida de Manhattan (d_{Manx}).

O índice de Jaccard é uma medida de dissimilaridade comum que não está embutido no espaço Euclidiano e é favorecido em ecologia porque exclui as ausências conjuntas e pode ser interpretado por uma abordagem probabilística (CHAO et al., 2005). A medida modificada de Gower tem a vantagem de ser diretamente interpretada como a mudança média em ordem de magnitude das espécies entre duas unidades amostrais e também não inclui nenhuma padronização intrínseca, como a distância de Gower (d_G) (ANDERSON, 2006). Na medida de Manhattan pesos foram introduzidos para excluir as duplas ausências.

Para testar a hipótese nula de homogeneidade nas dispersões multivariadas entre as paisagens preservadas e impactadas em ambas as escalas espaciais em termos das variáveis ambientais, nós também utilizamos o teste de homogeneidade das dispersões multivariadas, porém baseadas nas distâncias euclidianas para o centroide do grupo para dados normalizados, como previsto por Anderson (2006). Todas as análises foram conduzidas utilizando o software livre "R" V.2.15.0 [R

DEVELOPMENT TEAM, 2012]. O código para análise está totalmente reproduzido no anexo A.

Figura 2. Esquema do procedimento proposto pela Anderson (2006) para estimar a heterogeneidade taxonômica e ambiental. As letras a seguir representam: M – Matriz de dados biológicos, DM - Matriz de distância.



Fonte: elaborada pela autora.

3 RESULTADOS

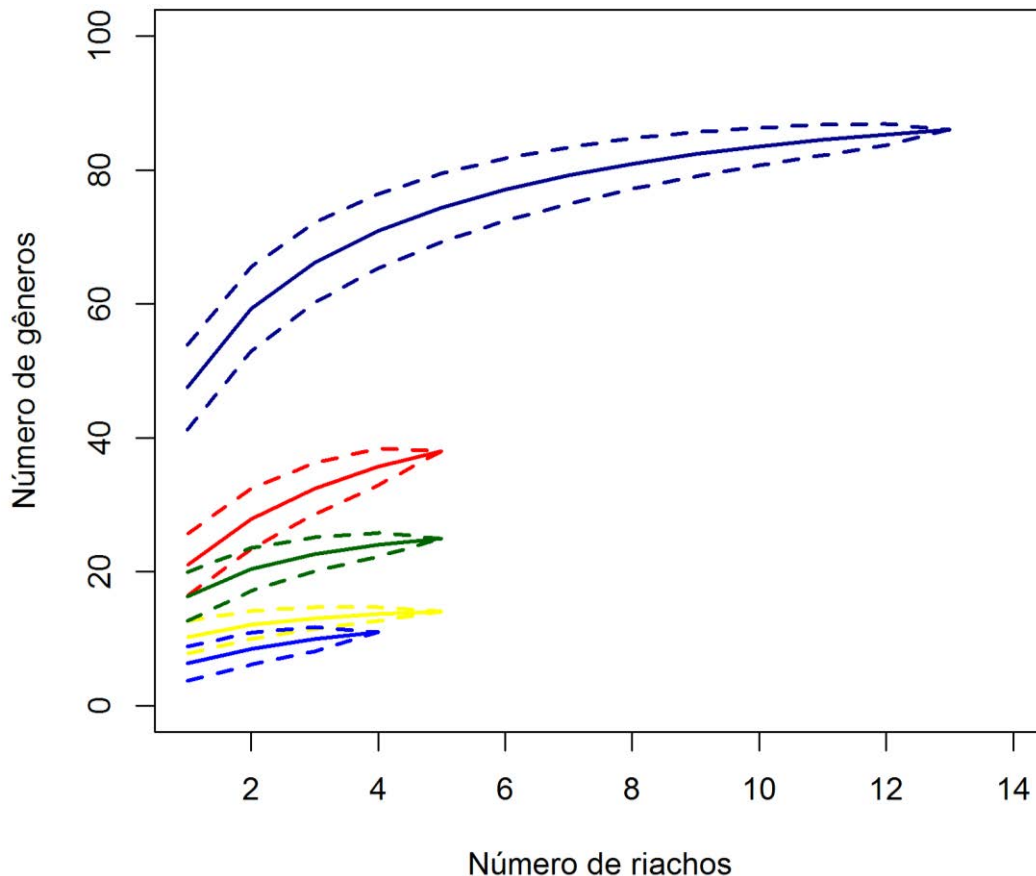
Nosso conjunto de dados continha 105 gêneros de quatro ordens de macroinvertebrados aquáticos, 24 Ephemeroptera, 6 Plecoptera, 30 Trichoptera e 45 Coleoptera. A curva de acumulação de gêneros mostrou maior riqueza de gêneros em áreas preservadas do que em áreas impactadas. O esforço amostral foi suficiente para que a curva de rarefação atingisse sua assíntota (figura 3).

As análises dos dados biológicos de macroinvertebrados mostraram uma diferença significativa na diversidade beta entre riachos localizados em paisagens preservadas e impactadas usando a escala mais ampla, na qual os tipos de modificações de hábitat são tratados como um só (i.e., impactados). Apenas a medida modificada de Gower (base 2) não revelou diferenças significativas nas dispersões multivariadas entre as áreas (tabela 1 e figura 4). Os índices de d_J e d_{MG} , que dão maior ênfase para as diferenças composicionais, mostraram maior diversidade beta em áreas modificadas, enquanto que a d_{Manx} , que dá maior ênfase as abundâncias relativas, mostrou maior diversidade beta entre as áreas preservadas (tabela 1 e figura 4).

Quando distinguimos os locais impactados em diferentes tipos de modificações de hábitat, apenas a distância de Manhattan, que dá maior ênfase as abundâncias relativas, mostrou diferença significativa na diversidade beta entre as cinco áreas. Os riachos preservados (E) apresentaram maior diversidade beta, seguidos por riachos localizados em plantação de banana (B), pasto (A), cana-de-açúcar (C) e eucalipto (D). Por comparação par a par, todos os tipos de uso de solo, incluindo os preservados, diferiram entre si (tabela 2 e figura 5).

Em termos das variáveis ambientais, as análises mostraram uma homogeneidade nas dispersões multivariadas entre áreas preservadas e impactadas, sem a distinção de tipo de modificação de hábitat ($P = 0.096$, $F = 3.062$). Quando distinguimos as modificações de habitat, entretanto, nossos resultados apresentaram uma heterogeneidade nas dispersões multivariadas entre as áreas ($P < 0.01$, $F = 6.216$). Os riachos preservados (E) foram os mais heterogêneos, seguidos por riachos localizados em pasto (A), plantação de cana-de-açúcar (C), de eucalipto (D) e de banana (B). Apenas a área de cana-de-açúcar não diferiu das áreas de pasto e eucalipto (tabela 3 e figura 6).

Figura 3. Curva média de rarefação de gêneros (linhas contínuas suavizadas) e intervalo de confiança de 95% (linhas tracejadas). As cores representam as seguintes áreas: azul escuro – riachos preservados, vermelho – riachos em plantação de banana, verde – riachos em plantação de cana-de-açúcar, amarelo – riachos em pastagem e azul claro – riachos em plantação de eucalipto.



Fonte: Elaborada pela autora.

Tabela 1 - Resultados do teste de homogeneidade das dispersões multivariadas entre áreas impactadas e preservadas utilizando a distância média para o centroide com base nas seguintes medidas de distância.

	Impactados	Preservados	
Medidas dist.			Valor de P
d_j	0.6552	0.5712	0.001
d_{MG}	0.9922	0.8173	0.002
d_{MG2}	1.869	1.6140	0.152
d_{Manx}	2.491	3.5090	0.001

Teste baseado em 999 permutações e com nível de significância de 0.05*.

Fonte: elaborada pela autora.

Tabela 2 - Resultados do teste de homogeneidade das dispersões multivariadas para cada tipo de uso do solo utilizando a distância média para o centroide com base nas seguintes medidas de distância.

	Pasto(A)	Banana(B)	Cana(C)	Eucal(D)	Preserv(E)	
Medidas	Distância média ao centroide					Valor de P
dist.						
d_J	0.5150	0.5389	0.6163	0.5707	0.5712	0.237
d_{MG}	0.8190	0.7103	0.9148	0.8152	0.8173	0.701
d_{MG2}	1.5940	1.2900	1.6510	1.5030	1.6140	0.869
d_{Manx}	1.908	2.246	1.883	1.439	3.509	0.001
						EBACD

As comparações par a par foram feitas quando o resultado era estatisticamente significativo ($P \leq 0.05$, 999 permutações). As letras de A-E correspondem aos tipos de uso do solo como descrito no cabeçalho da tabela. As letras foram colocadas em ordem decrescente de médias da dispersão.

Fonte: elaborada pela autora.

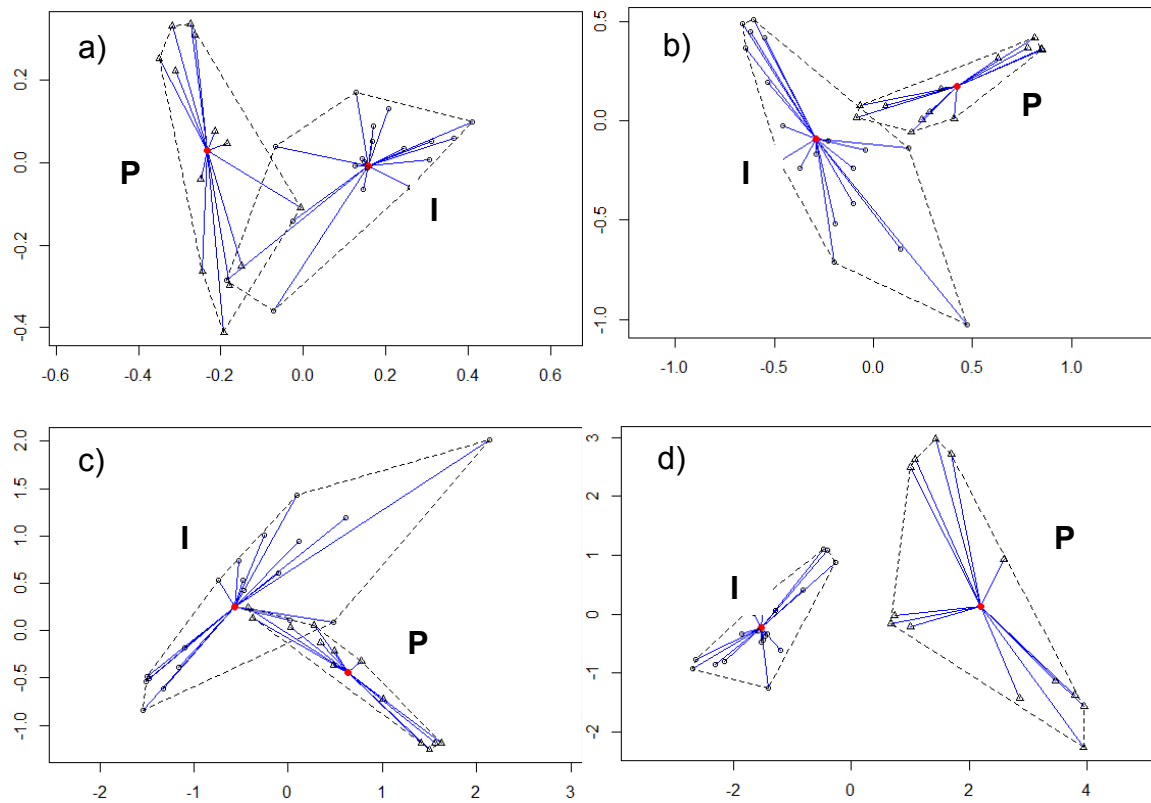
Tabela 3 - Resultados do teste de homogeneidade das dispersões multivariadas entre áreas impactadas e preservadas em termos de variáveis ambientais.

	Pasto(A)	Banana(B)	Cana(C)	Euca(D)	Preserv(E)	
Medida						Valor de P
Dist.						
d_{Eucx}	0.07397	0.01596	0.03741	0.03004	0.26527	0.001
						E <u>A</u> <u>C</u> <u>D</u> B

A comparação par a par foi realizada porque o resultado foi estatisticamente significativo ($P \leq 0.05$, 999 permutações). As letras de A-E correspondem aos tipos de uso do solo como descrito no cabeçalho da tabela. As letras foram colocadas em ordem decrescente de médias da dispersão, e as barras subjacentes indicam os grupos que não foram significativamente diferentes ($P \geq 0.05$).

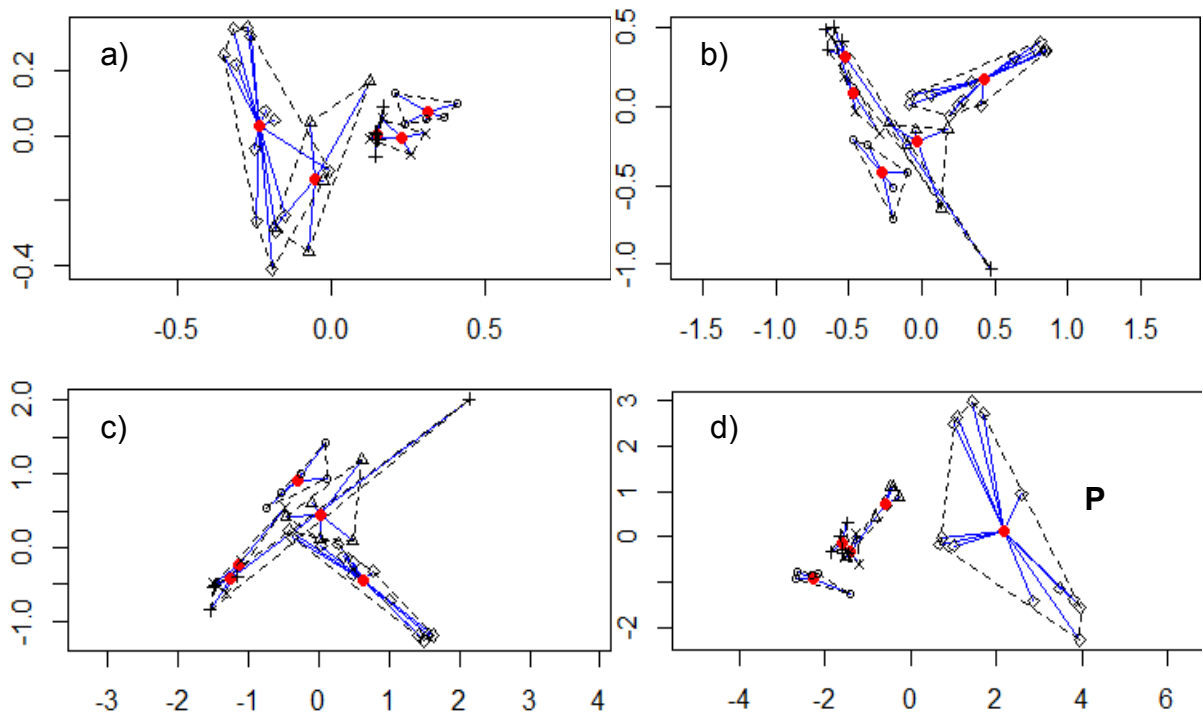
Fonte: elaborada pela autora.

Figura 4. Dispersões multivariadas com base nas medidas de distâncias a seguir: a) Jaccard, b) Gower na base 10, c) Gower na base 2 e d) Manhattan entre os grupos preservados (P) e impactados (I).



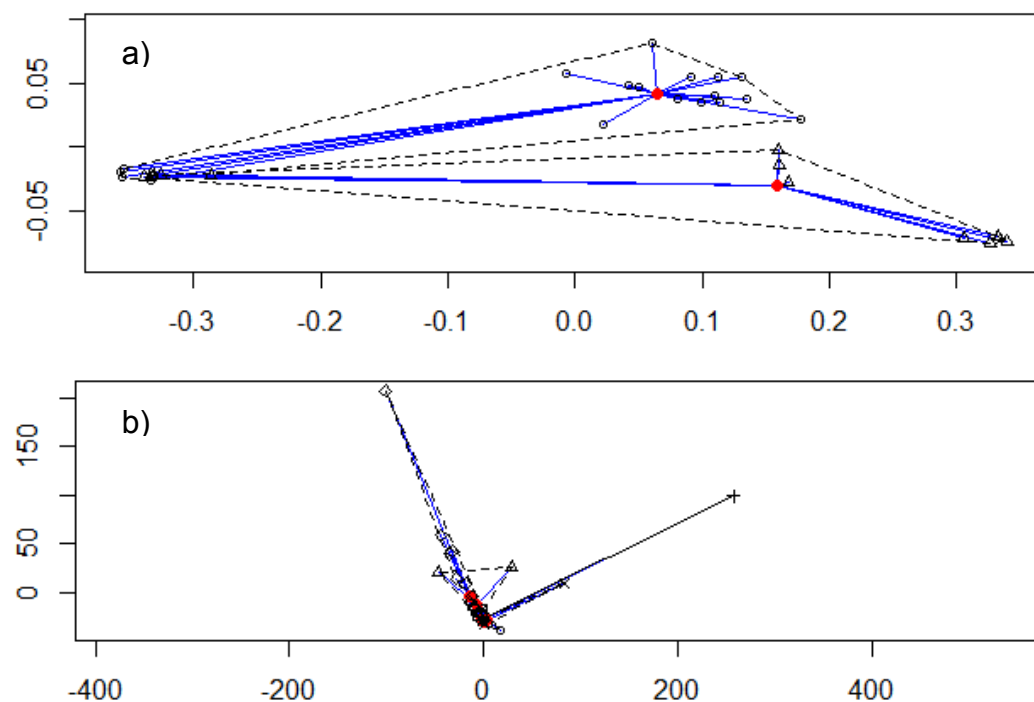
Fonte: elaborada pela autora

Figura 5. Dispersões multivariadas com base nas medidas de distâncias a seguir: a) Jaccard, b) Gower na base 10, c) Gower na base 2 e d) Manhattan entre os grupos preservados (P), cana-de-açúcar, eucalipto, pasto e banana.



Fonte: elaborada pela autora

Figura 6. Dispersões multivariadas entre: a) áreas impactadas(I) e Preservadas (P); b) áreas preservadas, cana-de-açúcar, eucalipto, pasto e banana, com base na distância Euclidiana para dados normalizados.



Fonte: elaborada pela autora

4 DISCUSSÃO

Atualmente há uma crescente percepção da importância da composição de espécies, ao invés de apenas a riqueza, na manutenção e funcionamento dos ecossistemas. Com isso, o conceito de homogeneização da biodiversidade para alguns autores (e.g., ROONEY et al., 2007) é considerado um componente importante da crise atual da biodiversidade e que deve ser analisado em diferentes escalas de acordo com o interesse do pesquisador. Neste sentido, investigar como o processo de modificação do habitat, considerado o processo mais importante dentro do conceito de homogeneização da biodiversidade (ANDERSON et al., 2011), molda as comunidades torna-se de extrema importância para a conservação da biodiversidade. Sugerimos que os macroinvertebrados aquáticos, assim como outros grupos taxonômicos frequentemente estudados, como os peixes e vertebrados terrestres (e.g. LOCKWOOD et al., 2000; RAHEL, 2002), podem sofrer uma homogeneização composicional em resposta as modificações do habitat e que diferentemente da definição tradicional de homogeneização da biodiversidade (McKINNEY & LOCKWOOD, 1999), que inclui a extinção de espécies nativas e introdução de espécies exóticas, a alteração na paisagem *per se* pode também levar a homogeneização. Entretanto, a detecção do processo de homogeneização da biodiversidade através da análise da diversidade beta pode depender da escala do estudo e das métricas de dissimilaridade utilizadas.

Relacionar os processos que ocorrem no sistema através de diferentes escalas é um frequente problema entre os pesquisadores, com isso, os estudos que envolvem várias escalas tornaram-se fundamentais para complementar os estudos tradicionais que utilizam uma única escala (LEVIN, 1992). Neste contexto, utilizamos duas escalas de observação, e os nossos resultados mostraram que a diversidade beta de macroinvertebrados em riachos localizados em paisagens modificadas foi maior do que em riachos localizados em áreas preservadas, quando consideramos a diversidade beta em escala mais ampla. Ou seja, diferentemente do que esperávamos, os riachos preservados foram biologicamente mais homogêneos do que os impactados nesta escala espacial. Entretanto, quando nós analisamos a diversidade beta de macroinvertebrados em uma escala mais refinada (i.e., entre os diferentes tipos de modificação de habitat), percebemos uma homogeneização da

biodiversidade entre os riachos impactados. Com isto, os riachos localizados em paisagens alteradas variaram menos entre si (foram mais similares) do que os riachos localizados em paisagens preservadas. Entretanto, os riachos preservados mostraram maior variação nas abundâncias de gêneros, que combinadas também com a maior variação dos dados ambientais, concordam com a previsão de Leibold et al. (2004) de que a maior heterogeneidade do habitat dentro de uma região leva a uma maior variação na composição de espécies. A homogeneização da biota ou similaridade composicional já tem sido observada para diversos grupos taxonômicos em resposta a degradação dos ecossistemas aquáticos (e.g., RAHEL, 2002; COSTA, 2007), e a sua relação com a escala espacial já foi investigada para outros táxons (e.g. KARP et al., 2012; FLOHRE et al., 2011). Entretanto, diferentemente do que já foi observado, quando aumentamos a escala espacial, os habitats modificados apresentaram maior diversidade beta. Reconhece-se que não existe uma escala espacial correta para analisar os ecossistemas e comunidades, e que precisamos adicionar certos níveis de complexidade e observar a resposta das comunidades quando suprimimos ou incorporamos detalhes (e.g., refinar a escala) (LEVIN, 1992). Nossos resultados mostram a importância de ambas as escalas espaciais ao investigar como as metacomunidades se estruturam frente às modificações do habitat.

Medidas de dissimilaridade têm propriedades matemáticas diferentes e dão ênfase a diferentes aspectos na estrutura das comunidades. Portanto, a escolha das métricas de dissimilaridade deve ser cautelosa e seguir as hipóteses ecológicas que serão testadas (ANDERSON, 2011). Os riachos impactados, quando analisados em escala mais ampla, mostraram maior variação na composição de gêneros quando usamos o índice de Jaccard e também maior variação nas abundâncias relativas quando usamos as duas métricas de Gower (d_{MG} e d_{MG2}). A comparação destas diferentes métricas que dão ênfase a identidade das espécies, como o índice de Jaccard e medidas que dão ênfase nas abundâncias relativas, como Gower modificada e Manhattan, é de extrema importância para entender a estruturação das comunidades (Anderson, 2011). Por exemplo, diferenças na diversidade beta detectadas usando o índice de Jaccard podem estar associadas a ação de filtros ambientais mais severos ou filtros que atuam em escala mais ampla. Isso por que o índice de Jaccard indica mudanças na ocorrência das espécies, enquanto que as

medidas com ênfase na abundância indicam que apesar de algumas espécies serem compartilhadas entre comunidades, suas abundâncias relativas não são similares. Nós encontramos algo similar neste estudo. Na escala refinada, os diferentes tipos de modificação de habitat não mostraram uma variação composicional pura significativa, mas sim uma maior variação nas abundâncias relativas dos gêneros (índice de Manhattan) entre os riachos preservados se comparados com os demais usos.

Estes resultados, em conjunto, sugerem que a variação composicional observada entre os riachos preservados em uma escala ampla pode estar associada a um filtro ambiental de uso do solo. Isto porque quando analisamos os riachos impactados em escala local, os riachos que estão localizados no mesmo tipo de paisagem apresentaram uma maior similaridade composicional. Então, ao agruparmos estas diferentes composições, que possuem diferentes intensidades de modificação do habitat, qualidade dos remanescentes semi-naturais, qualidade dos detritos que servem como alimento para os macroinvertebrados, estaremos afetamos primeiramente a ocorrência de espécies especialistas com distribuição restrita a ambientes preservados, abrindo oportunidades para espécies especializadas em diferentes tipos de ambientes modificados e espécies generalistas que são bem sucedidas na maioria dos ambientes perturbados (EKROOS et al., 2010; TYLIANAKIS et al., 2006.; MCKINNEY, M. & LOCKWOOD, 1999).

É importante ressaltar que o nosso estudo possui três possíveis limitações. A primeira está relacionada com a falta de informações a respeito da introdução de espécies exóticas de macroinvertebrados aquáticos, que é um dos principais processos que levam a homogeneização da biodiversidade e que precisam ser exploradas para diferentes sistemas ecológicos e escalas espaciais (OLDEN, 2006). O segundo se refere à árdua tarefa de amostrar a biodiversidade, que frequentemente não é suficiente para representar a maioria das espécies presentes na comunidade (GOTELLI & COLWELL, 2001), por mais que se busque o maior número de réplicas possíveis. O nosso estudo apresentou um n amostral relativamente baixo para os riachos localizados em paisagens impactadas ($n = 5$), se considerarmos a *regra dos 10*, frequentemente utilizadas pelos ecólogos (ver detalhes em GOTELLI & ELLISON, 2011, p. 167). Por fim, a distribuição dos diferentes usos do solo no estado de São Paulo não é aleatória, podendo então

parte desta variação observada ser puramente devido aos padrões estruturados no espaço (ROQUE et al., 2010). Essa última limitação é difícil de ser contornada já que não temos réplicas de metacomunidades de riachos impactados e preservados em uma mesma bacia hidrográfica.

5 CONCLUSÃO

Assim como em outros estudos (e.g., EKROOS & KUUSSARI, 2010; MCGOFF et al., 2013), nós demonstramos aqui que o processo de modificação do hábitat por atividades antrópicas pode resultar em uma homogeneização da biodiversidade, mas que a maneira como a análise dos dados é conduzida (e.g., escala de observação, métricas de dissimilaridade) são de extrema importância, podendo até encobrir a detecção do processo de homogeneização. Nós recomendamos, portanto, que estudos que tenham como objetivo investigar o processo de homogeneização da biodiversidade atentem para a escala apropriada de análise e utilizem métricas de dissimilaridade que representem tanto mudanças nas abundâncias relativas como na composição de espécies.

REFERÊNCIAS

- ALLAN, J.D. LANDSCAPES AND RIVERSCAPES: The Influence of Land Use on Stream Ecosystems. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics.*, v.35, p.257-284, 2004.
- ANDERSON, M.J. et al. Multivariate dispersion as a measure of beta diversity. *Ecology Letters.*, v.9, p.683-693, 2006.
- ANDERSON, M. J. et al. Navigating the multiple meanings of β diversity: a roadmap for the practicing ecologist. *Ecology letters.*, v.14, p.19–28, 2011.
- BAPTISTA, et al. A multimetric index based on benthic macroinvertebrates for evaluation of Atlantic Forest streams at Rio de Janeiro State, Brazil. *Hydrobiologia.*, v.575, p. 83-94, 2007.
- BUSS, D. F.; VITORINO, A. S. Rapid Bioassessment Protocols using benthic macroinvertebrates in Brazil: evaluation of taxonomic sufficiency. *Journal of the North American Benthological Society.*, v.29, p.562–571, 2010.
- CHAO, A. et al. A new statistical approach for assessing similarity of species composition with incidence and abundance data. *Ecology Letters.*, v.8, p.148-159, 2005.
- CHASE, J. M.; LEIBOLD, M.A. *Ecological Niches: Linking Classical and Contemporary Approaches.* University of Chicago Press., 1L, 2003.
- CLARKE, A. et al. Macroinvertebrate diversity in headwater streams: a review. *Freshwater Biology.*, v.53, p.1707-1721, 2008.
- CLARKE, A. et al. Conserving macroinvertebrate diversity in headwater streams: the importance of knowing the relative contributions of α and β diversity. *Diversity and Distributions.*, v.16, p.725-736, 2010.
- COLZANI, E. et al. Responses of Aquatic Insect Functional Diversity to Landscape Changes in Atlantic Forest. *Biotropica.*, v.0(0), p.1-8, 2013.
- COSTA, S.S.; MELO, A.S. Beta diversity in stream macroinvertebrate assemblages: among-site and among-microhabitat components. *Hydrobiologia.*, v.598, p.131- 138, 2007.
- COTTENIE, K. Integrating environmental and spatial processes in ecological community dynamics. *Ecology letters.*, v.8, p.1175–1182, 2005.
- DEVICTOR, V. et al. Functional biotic homogenization of bird communities in disturbed landscapes. *Global Ecology and Biogeography.*, v.17, p.252–261, 2008.

DUDGEON, D. et al. Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society.*, v.81, p.163–182, 2006.

EKROOS, J. et al. Homogenization of lepidopteran communities in intensively cultivated agricultural landscapes. *Journal of Applied Ecology.*, v.47, p.459–467, 2010.

FERREIRA, W.R. et al. Development of a benthic multimetric index for biomonitoring of a neotropical watershed. *Braz. J. Biol.*, v.71(1), p.15-25, 2011.

FILLOY, J. et al. On the similarity among bird communities: Testing the influence of distance and land use. *Acta Oecologica Elsevier Masson SAS.*, v.36, p.333–338, 2010.

FLOHRE, A. et al. Agricultural intensification and biodiversity partitioning in European Landscapes comparing plants, carabids, and birds. *Ecol. Appl.*, v.21, p.1772-1781

GOTELLI, N.J.; COLWELL, R.K. Quantifying biodiversity : procedures and pitfalls in the measurement and comparison of species richness. *Ecology Letters.*, v.4, p.379-391, 2001.

GOTELLI, N.J.; ELLISON, A. M. *Princípios de estatística em ecologia*. Porto Alegre: Artmed, 2011.

HENDRICKX, F. et al. How landscape structure, land-use intensity and habitat diversity affect components of total arthropod diversity in agricultural landscapes. *Journal of Applied Ecology.*, v.44, p.340–351, 2007.

KARP, D. S. et al. Intensive agriculture erodes β -diversity at large scales. *Ecology letters.*, v.15, p.963–970, 2012.

LEIBOLD, M. A. et al. The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology. *Ecology Letters.*, v.7, p.601–613, 2004.

LEVIN, S. A. *The Problem of Pattern and Scale in Ecology: The Robert H. MacArthur Lecture*. *Ecology.*, v.73(6), p.1943-1967, 1992.

LOCKWOOD, J.L. et al. Taxonomic homogenization of the global avifauna. *Animal Conservation.*, v.3,p.27-35 , 2000.

McGOFF, E. et al. Does lake habitat alteration and land-use pressure homogenize European littoral macroinvertebrate communities? *Journal of Applied Ecology.*,v.50 p.1010-1018, 2013.

McKINNEY, M. L.; LOCKWOOD, J. L. Biotic homogenization: a few winners replacing many losers in the next mass extinction. *Trends Ecol. Evol.*, v.14, p.450–455, 1999.

McKINNEY, M. L. Urbanization as a major cause of biotic homogenization. *Biological Conservation.*, v.127, p. 247–260, 2006.

OLDEN, J.D. Biotic homogenization: a new research agenda for conservation biogeography. *Journal of Biogeography.*, v.33, p.2027-2038, 2006.

OLDEN, J.D.; ROONEY, T.P. On defining and quantifying biotic homogenization. *Global Ecology and Biogeography.*, v.15, p.113–120, 2006.

QUIST, M.C. et al. Hierarchical faunal filters: an approach to assessing effects of habitat and nonnative species on native fishes. *Ecology of Freshwater Fish.*, v.14, p. 24–39, 2005.

RAHEL, F.J. Homogenization of Freshwater Faunas. *Annual Review of Ecology and Systematics.*, v.33, p. 291-315, 2002.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, 2012.

RIBEIRO, M. C. et al. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. *Biological Conservation.*, v.142, p.1141–1153, 2009.

ROONEY, T. et al. Biotic homogenization and conservation prioritization. *Biological Conservation.*, v.134, p.447–450, 2007.

ROQUE F. O. et al. Untangling associations between chironomid taxa in Neotropical streams using local and landscape filters. *Freshwater Biology.*, v.55, p.847–865, 2010.

SILVEIRA, M. P. et al. Application of biological measures for streams integrity assessment in southeast Brazil., v.10, p.117–128, 2005.

SIQUEIRA, T.; TRIVINHO-STRIXINO, S. Diversidade de Chironomidae (Diptera) em dois córregos de baixa ordem na região central do Estado de São Paulo, através da coleta de exúvias de pupa. *Revista Brasileira de Entomologia.*, v.49(4), p.531–534, 2005.

SIQUEIRA, T. et al. The role of niche measures in explaining the abundance–distribution relationship in tropical lotic chironomids. *Hydrobiologia.*, v.636, p.163–172, 2009.

SIQUEIRA, T. et al. A Metacommunity Framework for Enhancing the Effectiveness of Biological Monitoring Strategies. *Plos One*, v.7(8), p. e43626, 2012.

SURIANO, M.T. et al. Choice of macroinvertebrate metrics to evaluate stream conditions in Atlantic Forest, Brazil. *Environmental Monitoring and Assessment.*, v. 175, p. 87-101, 2011.

THOMPSON, R.; TOWNSEND, C. A truce with neutral theory: local deterministic factors, species traits and dispersal limitation together determine patterns of diversity in stream invertebrates. *Journal of Animal Ecology.*, v.75, p. 476-484, 2006.

TYLIANAKIS, J. M. et al. Spatial scale of observation affects alpha, beta and gamma diversity of cavity-nesting bees and wasps across a tropical land-use gradient. *Journal of Biogeography.*, v. 33, p.1295–1304, 2006.

VELLEND, M. et al. Homogenization of forest plant communities and weakening of species?environment relationships via agricultural land use. *Journal of Ecology.*, v. 95, p.565–573, 2007.

WHITTAKER, R. H. Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California. *Ecological Monographs.*, v.30(3), p. 279-338, 1960.

ANEXO A

Roteiro para execução das análises utilizando o programa livre “R”.

Carregando o pacote necessário

```
library(vegan)
```

#importando o banco de dados

```
biota_eptc_ip<- read.table("eptc_biota_ip.txt",header=T) # matriz biológica
```

```
biota_eptcc<- read.table ("eptc_biota.txt", header=T) # matriz biológica
```

```
ambiental_eptc<- read.table ("eptc_ambiental.txt", header=T) # matriz ambiental
```

```
ambiental_ept<-ambiental_eptc[,-1] # excluindo a coluna um com o nome dos locais
```

```
situacao<- biota_eptcc [,-1] #excluindo a coluna um com o nome dos locais
```

```
situacaoip<- biota_eptc_ip[,-1] #excluindo a coluna um com o nome dos locais
```

```
biota_eptc<- biota_eptcc[,-1] #excluindo a coluna um com o nome dos locais
```

Curva de Acumulação de Espécies (SAC)

```
?specaccum      #função para elaborar curva
```

##Impactados vs Preservados

#selecionando as matrizes de dados

```
preservados<- biota_eptc[20:32,]
```

```
impactados<- biota_eptc[1:19,]
```

#executando as análises

```
curvaimpac<- specaccum(impactados,"collector", permutations=999)
```

```
curvapres<- specaccum(preservados, "collector", permutations=999)
```

#plotando o gráfico

```
plot(curvapres, ci.type="line", col="darkblue", lwd=2,
```

```
      ci.lty=1, ci.col="darkblue", xvar="individuals")
```

```
plot(curvaimpac,add=T, ci.type="line", col="red", lwd=2,
```

```
      ci.lty=2, ci.col="red", xvar="individuals")
```

Comparação par a par por tipo de impacto

#selecionando as matrizes de dados

```
banana<- biota_eptc[1:5,]
```

```
cana<- biota_eptc[6:10,]
```

```
eucalipto<- biota_eptc [11:14,]
```

```
pasto<- biota_eptc[15:19,]
```

```
preservados<- biota_eptc[20:32, ]
```

#executando as análises

```
curvaban<- specaccum(banana, "rarefaction", permutations=999)
```

```
curvacan<- specaccum(cana, "rarefaction", permutations=999)
```

```
curvaeuc<- specaccum(eucalipto, "rarefaction", permutations=999)
```

```
curvapas<- specaccum(pasto, "rarefaction", permutations=999)
```

```
curvapres<- specaccum(preservados, "rarefaction", permutations=999)
```

#plotando o gráfico

```
plot(curvapres, ci.type="line", col="darkblue", lwd=2,
```

```
  ci.lty=2, ci.col="darkblue", xvar="sites", xlab="Amostras", ylab= "Riqueza de gêneros (n)")
```

```
plot(curvaban,add=T, ci.type="line", col="red", lwd=2,
```

```
  ci.lty=2, ci.col="red", xvar="sites", xlab="sites",
  ylab="riqueza de gêneros")
```

```
plot(curvacan,add=T, ci.type="line", col="yellow", lwd=2,
```

```
  ci.lty=2, ci.col="yellow", xvar="sites", xlab="sites",
  ylab="riqueza de gêneros")
```

```
plot(curvaeuc,add=T, ci.type="line", col="blue", lwd=2,
```

```
  ci.lty=2, ci.col="blue", xvar="sites", xlab="sites",
  ylab="riqueza de gêneros")
```

```
plot(curvapas,add=T, ci.type="line", col="darkgreen", lwd=2,
```

```
  ci.lty=2, ci.col="darkgreen", xvar="sites", xlab="sites",
  ylab="riqueza de gêneros")
```

Dispersão multivariada - Diversidade Beta

```
?betadisper
```

impactado vs preservados

```
# calculando as distâncias multivariadas
```

JACCARD

```
biota.ja<- vegdist( biota_eptc,"jaccard")
dispj<- betadisper (biota.ja, situacaoip) # jaccard
permutest (dispj)
plot(dispj, main= "Jaccard", xlab= "", ylab= "")
```

GOWER MODIFICADA - base 10

```
biota.alt<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="log", logbase = 10), "altGower")
dispm<- betadisper (biota.alt, situacaoip)
permutest (dispm)
plot(dispm, main= "Gower base 10", xlab= "", ylab= "")
```

GOWER MODIFICADA - BASE 2

```
biota.altg<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="log"), "altGower") #log-base2
dispm2<- betadisper (biota.altg, situacaoip)
permutest (dispm2)
plot(dispm2, main= "Gower base 2", xlab= "", ylab= "")
```

MANHATTAN

```
biota.maha<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="hell"), "manhattan")
dispma<- betadisper (biota.maha, situacaoip)
permutest (dispma)
plot(dispma)
```

Par a par por tipo de impacto**# JACCARD**

```
biota.jac<- vegdist( biota_eptc,"jaccard")
dispjc<- betadisper (biota.jac, situacao) # jaccard
```

```
permutest (dispgc, pairwise=T)
plot(dispgc)
```

GOWER MODIFICADA - base 10

```
biota.altg<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="log", logbase = 10), "altGower")
#log-base10
dispgm<- betadisper (biota.altg, situacao)
permutest (dispgm, pairwise=T)
plot(dispgm)
```

GOWER MODIFICADA, BASE 2

```
biota.altg.A<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="log"), "altGower") #log-base2
dispgm2<- betadisper (biota.altg.A, situacao)
permutest (dispgm2, pairwise=T)
plot(dispgm2)
```

MANHATTAN

```
biota.mahat<- vegdist (decostand(biota_eptc,method="hell"), "manhattan")
dispman<- betadisper (biota.mahat, situacao)
permutest (dispman, pairwise=T)
plot(dispman)
```

Dispersão multivariada - Variáveis ambientais

Impactados vs preservados

```
amb.euc<- vegdist(decostand( ambiental_ept, method="normalize"),"euclidean")
dispambeu<- betadisper (amb.euc, situacaoip) # distância euclidiana
permutest (dispambeu)
plot(dispambeu)
```

Par a par por tipo de impacto

```
amb.eucs<- vegdist(decostand( ambiental_ept, method="normalize"),"euclidean")
dispambeus<- betadisper (amb.euc, situacao) # distância euclidiana
permutest (dispambeus, pairwise=T)
```