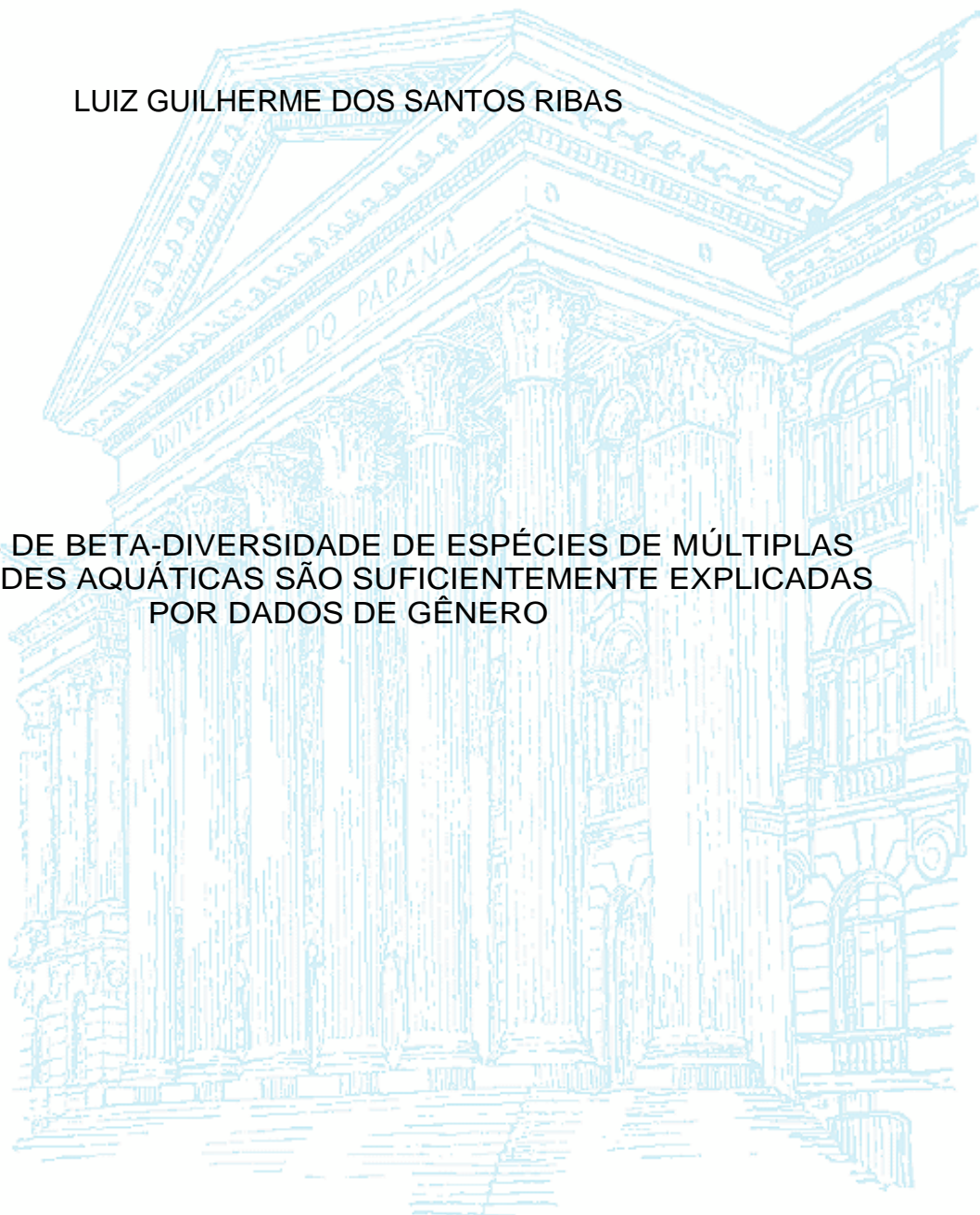


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

LUIZ GUILHERME DOS SANTOS RIBAS

PADRÕES DE BETA-DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE MÚLTIPLAS
COMUNIDADES AQUÁTICAS SÃO SUFICIENTEMENTE EXPLICADAS
POR DADOS DE GÊNERO



CURITIBA
2013

LUIZ GUILHERME DOS SANTOS RIBAS

PADRÕES DE BETA-DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE MÚLTIPLAS
COMUNIDADES AQUÁTICAS SÃO SUFICIENTEMENTE EXPLICADAS
POR DADOS DE GÊNERO

Monografia apresentada ao Curso
de Ciências Biológicas da
Universidade Federal do Paraná,
como parte dos requisitos para
obtenção do grau de Bacharel em
Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. André
Andrian Padial

CURITIBA
2013

Dedico esse trabalho aos meus pais pelo amor, apoio e dedicação ao longo de toda minha vida.

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer a minha família por absolutamente tudo.

A minha namorada pelo amor, paciência e dedicação.

Aos meus amigos que me acompanharam por toda a trajetória da Universidade.

Ao meu orientador e colegas de laboratório pelo auxílio, dedicação e estímulo.

Aos professores que me instigaram a pensar criticamente e ajudaram a desenvolver meu potencial.

A UFPR pelo ensino gratuito de qualidade, aos seus funcionários principalmente os da coordenação da biologia, pela dedicação e preocupação com a qualidade do nosso curso.

Enfim a todas as pessoas que cruzaram meu caminho nessa etapa da minha vida e que de alguma forma deixaram suas contribuições, obrigado.

“Há também milhares de jovens observadores de pássaros, alguns dos quais acabarão se tornando biólogos profissionais. O ingrediente mais importante é a fascinação diante das maravilhas das criaturas vivas.”

Ernst Mayr

RESUMO

Estudos ecológicos e biomonitoramentos usualmente são feitos com dados de abundância de espécies por unidade amostral. Como consequência, as pesquisas requerem tempo e uma quantia significativa de recursos financeiros para superar as incertezas quanto à identificação taxonômica e as estimativas de abundâncias relativas. Foi testado o uso de dados de gênero como substituto para dados de espécie em estudos cujo foco é descrever padrões de beta-diversidade em múltiplas comunidades aquáticas. Ainda mais, foi investigado como a variação espacial de espécies raras também pode ser explicada pelos padrões dos dados de gênero. Finalmente, foi avaliado como dados de presença/ausência são suficientes para descrever padrões ecológicos. Foi utilizado para tais fins, as técnicas estatísticas de Mantel e a análise de Procrustes com dados de cinco grupos biológicos aquáticos durante períodos de aproximadamente dois anos em diferentes sítios na planície de inundação do Alto Rio Paraná. Foi encontrada evidências fortes que os padrões de beta-diversidade dos dados de espécies, incluindo espécies raras, podem ser suficientemente e consistentemente descritos pelos dados de gênero e de presença/ausência em todos os grupos biológicos estudados, e as correlações entre dados de gênero e espécies dependem da razão espécies/gênero. Os resultados indicam que estudos ecológicos em diferentes grupos biológicos podem se beneficiar da estratégia baseada nos dados de gênero ou presença/ausência para reduzir custos e tempo.

Palavras-chave: Resolução taxonômica, resolução numérica, raridade, variação de comunidades aquáticas, planície de inundação, biomonitoramentos.

ABSTRACT

Ecological studies and biomonitoring programs are usually based on species abundance data per sample. As a consequence, the research can be time-consuming and require a significant amount of financial resources to overcome uncertainties in taxonomic identifications and estimations of relative abundances. We assessed the use of genus-level data as a surrogate for species-level data in studies attempting to describe the beta-diversity patterns of several aquatic communities. Furthermore, we investigated whether the spatial variation of rare species can also be described by genus-level data. Finally, we evaluated whether presence/absence data is sufficient to describe ecological patterns. We used both Mantel and Procrustes Analyses with data from five biological aquatic groups sampled over periods of up to two years in different sites of the Upper Paraná River floodplain. We found strong evidence that beta-diversity patterns in species-level data, even that of rare species, can be successfully and consistently described using genus-level and presence/absence data in all biological groups, although correlations between species-level and genus-level data may depend on the species : genus ratio. Our results indicate ecological studies on different biological groups can benefit from strategy based on genus-level or presence/absence data to reduce costs and time.

Keywords: taxonomical resolution, numerical resolution, rarity, aquatic community variation, floodplain, biomonitoring.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - CURVA DE ABUNDÂNCIAS RELATIVAS RANQUEADAS DE ESPÉCIES.....	17
FIGURA 2 - PLANÍCIE DE INUNDAÇÃO DO ALTO RIO PARANÁ E OS PONTOS DE COLETAS DO ESTUDO.....	19
FIGURA 3 - RELAÇÃO ENTRE COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DE MATRIZES E NÚMERO DE ESPÉCIES POR GÊNERO.....	28

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - DADOS UTILIZADOS PARA AS ANÁLISES CONSIDERANDO CADA GRUPO BIOLÓGICO.....	23
TABELA 2 - MÉDIA ± ERRO PADRÃO (NEGRITO), VALORES MÍNIMOS E MÁXIMOS PARA COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES DE MANTEL E PROCRUSTES ENTRE MATRIZES DE ESPÉCIES E GÊNEROS PARA CADA GRUPO BIOLÓGICO.....	26
TABELA 3 - MÉDIA ± ERRO PADRÃO (NEGRITO), MÍNIMOS E MÁXIMOS VALORES PARA COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DE MANTEL E PROCRUSTES ENTRE ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES RARAS E GÊNERO PARA CADA GRUPO BIOLÓGICO.....	27

LISTA DE SIGLAS

CDB – Convenção sobre diversidade biológica

PA – Presença/ausência

AB - Abundância

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
1.1 BIODIVERSIDADE.....	11
1.1.1 Conceito de biodiversidade.....	11
1.1.2 Crise da biodiversidade.....	13
1.2 MÉTODOS PARA OTIMIZAR BIOMONITORAMENTOS.....	14
1.3 ESPÉCIES RARAS.....	16
1.4 INOVAÇÕES DESTE TRABALHO EM RELAÇÃO A TRABALHOS ANTERIORES.....	17
2 OBJETIVOS	18
2.1 OBJETIVO GERAL.....	18
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1 ÁREA DE ESTUDO.....	18
3.2 COLETA DE DADOS.....	20
3.2.1 Fitoplâncton.....	20
3.2.2 Perifíton.....	20
3.2.3 Zooplâncton.....	21
3.2.4 Macrófitas aquáticas.....	21
3.2.5 Peixes.....	21
3.3 ANÁLISE DE DADOS.....	22
3.3.1 Escolha da definição de raridade.....	22
3.3.2 Confeção das matrizes.....	22
3.3.3 Análise estatística.....	24
4 RESULTADOS	25
5 DISCUSSÃO	28
6 CONCLUSÃO	31
REFERÊNCIAS	33

1 INTRODUÇÃO

A forma mais utilizada de avaliar impactos em ecossistemas é medindo a diversidade biológica e suas mudanças no tempo e espaço, com o objetivo de entender padrões de variação que possam ser relacionados a variáveis indicadoras de diversos processos ecológicos. Tais estudos ecológicos e biomonitoramentos são comumente baseados em dados de abundância de espécies por amostra. Como consequência, as pesquisas podem demorar e consumir grande quantidade de recursos financeiros para superar as incertezas nas identificações taxonômicas e nas estimativas de abundâncias relativas (CARNEIRO et al., 2010).

Por esta razão métodos para otimizar levantamentos biológicos e para diminuir custos financeiros e de tempo têm sido utilizados e recomendados (CARNEIRO et al., 2010). Estudos recentes têm sugerido que os padrões de variação espacial e temporal das comunidades podem ser obtidos através da utilização de dados em níveis taxonômicos maiores (resolução taxonômica) e simplificados numericamente como presença/ausência ao invés de abundância (resolução numérica) (veja CARNEIRO et al., 2013 e referências citadas nesse trabalho). Essas estratégias parecem ser as mais promissoras se o objetivo é otimizar biomonitoramentos e representar os padrões gerais de beta-diversidade (CARNEIRO et al., 2013).

1.1 BIODIVERSIDADE

1.1.1 Conceito de biodiversidade

O termo biodiversidade é relativamente recente e associado principalmente a impactos ambientais, e conseqüentemente, perda de espécie (ALMEIDA, 2003). O termo remete a década de 1980 cuja disseminação foi mediante o fórum nacional de biodiversidade nos Estados Unidos, em 1985 (HARPER e HAWKSWORTH, 1994).

Estudos sobre biodiversidade abrangem diversas áreas do conhecimento.

Por essa razão, existe uma série de propostas que visam restringir o conceito de biodiversidade a um aspecto mais palpável e mensurável. Entretanto o termo é geralmente usado para fins diversos, que pode se confundir com conceitos mais robustos como o da própria “biologia” e a “natureza” (ARAUJO, 1998).

Conceitos como biodiversidade se tornam ambíguos pela falta de descrição correta e documentada na literatura científica. De fato, o termo biodiversidade é frequentemente utilizado como sinônimo de diversidade na abundância relativa de espécies, diversidade ecológica, diversidade genética ou simplesmente riqueza de espécies (HAMILTON, 2005).

A definição mais difundida para o termo biodiversidade foi proposta pela Convenção sobre Diversidade Biológica (CDB) em 1992, definindo-o como sendo:

A variabilidade entre os seres vivos de todas as origens, *inter alia*, a terrestre, a marinha e outros ecossistemas aquáticos e os complexos ecológicos dos quais fazem parte: isso inclui a diversidade no interior das espécies, entre as espécies e entre as espécies e ecossistemas (CDB, 1992, ARTIGO 2).

Assim, como na definição do conceito, existem incertezas na forma de quantificar a biodiversidade. Por exemplo, métodos para estimar o número de espécies, e conseqüentemente uma das facetas da biodiversidade, variam. Geralmente os métodos se baseiam em inferências indiretas, como: considerar taxas de descobrimento de novas espécies em um grupo e estimar para outros grupos; utilizar extrapolações de número de espécies com bases em outras espécies; e considerar que para cada espécie em regiões temperadas existem duas espécies em regiões tropicais (BEGON et al., 2006).

A dificuldade em quantificar a biodiversidade está associada principalmente ao fato dela ter múltiplas facetas (PURVIS E HECTOR, 2000). Por exemplo, os três índices mais utilizados para medi-la (diversidade ‘alfa’, ‘beta’ e ‘gama’) referem-se, respectivamente, ao número de espécies dentro de um habitat, à taxa de mudança na composição de espécies entre habitats, e a soma total de espécies em uma escala espacial maior (SARKAR, 1999). Assim sendo, são componentes da própria biodiversidade e um olhar desatencioso pode resultar em equivocadas conclusões.

Comumente nos esforços de conservação, a biodiversidade é diretamente representada apenas pelos grupos taxonômicos, utilizando amostras que representariam o todo de um habitat, ou com agrupamentos em níveis taxonômicos

superiores (MARGULES et al., 2002). Tendo como espécie a moeda principal e a dimensão mais conhecida para tal. Partindo deste ponto existem diversos métodos que estimam a quantidade de espécies nos ecossistemas e o número total de espécies descritas tem aumentado (média de 300/dia) bem como suas reclassificações com base em estudos filogenéticos (PURVIS e HECTOR, 2000).

Neste contexto é importante frisar que apenas pequena parte da biodiversidade é conhecida (o que os autores chamam de déficit “Linneano”), problema que se acentua quanto menores, mais raros e menos detectáveis são os organismos, também temos poucas informações até para as espécies conhecidas, quanto a suas distribuições globais, regionais e locais (conhecido como déficit “Wallaceano”). E até a determinação do próprio conceito de espécies pode ser vago, indeterminado e incomparável entre diversos grupos (ISAAC et al., 2004).

1.1.2 Crise da biodiversidade

A crise da biodiversidade é consequência do acentuado processo de extinção relacionado com as atividades humanas que não pode ser compensado pela capacidade da evolução de produzir novas linhagens (RIDLEY, 2004; SCHULTZ, 2004).

Atualmente as cinco principais causas de perda de biodiversidade são: i) alteração e perda de hábitat; ii) sobre-exploração; iii) poluição; iv) invasão de espécies; e v) mudanças climáticas (NELLEMANN et al., 2008).

O estado real da crise da biodiversidade é de difícil avaliação, principalmente, porque os níveis de extinção de espécies são usualmente baseados em números pequenos e limitados de grupos que são os que possuem maior conhecimento científico e popular (IUCN, 2008). De acordo com Crist (2002), a tendência de avaliar a perda de biodiversidade em números de espécies e extinções podem ter duas causas: a primeira, relacionada a uma ciência iluminista, entre análises em quantidades e a noção de precisão; e a segunda, onde exista a necessidade provatória de que a crise existe e é em larga escala.

Nesse sentido, ecólogos, biólogos da conservação e demais pesquisadores restringem suas pesquisas principalmente onde existe um grande volume de dados

disponíveis, o que é geralmente inexistente e inviável para a grande maioria dos grupos biológicos. Lacunas no conhecimento taxonômico são fatores limitantes nos estudos ecológicos. Principalmente em ecossistemas mega-diversos, onde a disponibilidade de recursos, capacitação de profissionais e investimento em programas de monitoramentos são menores (HOPKINS, 2007; SCHULMAN et al., 2007).

O levantamento de dados detalhados dos diferentes grupos biológicos é a melhor forma de solucionar as lacunas no conhecimento taxonômico. Porém, esforços de conservação não podem esperar para serem implementados (BINI et al., 2006). Dessa forma, é de grande importância que sejam desenvolvidas técnicas e métodos para melhor avaliarmos a biodiversidade com os poucos dados disponíveis e o mais rápido possível; baixo investimento de recursos e tempo; e com a utilização dos profissionais disponíveis e capacitados.

1.2 MÉTODOS PARA OTIMIZAR BIOMONITORAMENTOS

Métodos para otimização de biomonitoramentos são fortemente recomendados se o objetivo é buscar respostas rápidas em níveis ecossistêmicos. Se a abordagem é para a tomada de decisões principalmente quando o foco é a conservação ou análise de impactos, tais métodos tornam a identificação mais rápida e com redução de custos (MAURER, 2000; DAUVIN et al., 2003; SÁNCHEZ-MOYANO et al., 2006).

Trabalhos como o de Bertasi et al. (2009) revelam que níveis superiores de resoluções taxonômicas mantêm informações suficientes para detectar impactos na estrutura de assembleias de organismos, sendo assim pode ser uma ferramenta para avaliar impactos na biodiversidade. Dessa forma, biomonitoramentos poderiam ser feitos apenas com dados identificados até gênero. Isso facilitaria estudos, pois a identificação em nível de gênero é menos complexa e geralmente independe do uso de técnicas laboratoriais (MELO, 2005).

Tal método de otimização é ainda mais importante quando é realizado em países mega-diversos, como o Brasil, onde o levantamento em nível específico é dificultado pela alta complexidade biológica e ambiental e pelo fato de que muitas

das espécies ainda não foram descritas pela ciência (SCHULMAN et al., 2007; HOPKINS, 2007), além da carência de profissionais capacitados para tais identificações (CARNEIRO et al., 2013).

Diversos estudos sugerem que a utilização de dados identificados em níveis taxonômicos menos refinados representam os padrões espaciais e temporais dos dados identificados até o nível específico, visto a relação temporal e evolutiva dos agrupamentos taxonômicos (MELO, 2005). A utilização de dados de gênero ao invés de espécie para otimizar biomonitoramentos, tem como princípio que grupos filogeneticamente relacionados são semelhantes em relação às restrições ambientais e, portanto, co-ocorrem com mais frequência do que grupos distantes filogeneticamente.

Particularmente, em ambientes aquáticos, biomonitoramentos comumente se baseiam em dados em nível de espécie de diferentes grupos taxonômicos. Essa estratégia é demorada e complexa, sendo necessário o dobro do tempo de esforço em comparação com a utilização de dados identificados em nível de gênero (GUZMÁN-ALVIS e CARRASCO, 2005; BALMFORD et al., 2000).

De fato, estudos reportando alta correlação de matrizes de dados de espécies e dados de gênero sugerem que biomonitoramentos aquáticos podem ser otimizados (CARNEIRO et al., 2013). Em um raciocínio similar, dados de abundância poderiam ser substituídos por dados de presença/ausência para minimizar o tempo necessário para triagem de amostras (CARNEIRO et al., 2013). Entretanto, é importante ressaltar que a otimização de biomonitoramentos deve ser justificada somente após dados empíricos mostrarem a perda de informação ao utilizar resoluções taxonômicas e numéricas maiores é pequena (KHAN, 2006). Ou seja, se os padrões de variação espacial ou temporal das comunidades (beta-diversidade) podem ser descritos tanto com dados de abundância de espécies como com dados de presença/ausência de gêneros.

1.3 ESPÉCIES RARAS

Um problema da utilização de dados em nível específico é relacionado com as espécies raras. Espécies raras são aquelas com baixos valores de abundâncias

e/ou com ocorrências restritas a poucos locais. A maioria das comunidades biológicas é composta por poucas espécies comuns e muitas espécies raras. São as espécies raras que dificultam os inventários, tendo em vista que são necessários maiores esforços para suas identificações. E em muitos casos são as espécies raras que são as mais sensíveis aos impactos e comumente são os focos para as ações de conservação.

A raridade pode ser explicada por dois conjuntos de fatores. O primeiro tem relação com a diferenciação de nicho (CORNWELL e ACKERLY, 2010), habilidades competitivas (RABINOWITZ e RAPP, 1984) e estratégias reprodutivas (KUNIN e SHMIDA, 1997). E o segundo com diferenças na capacidade dispersiva de espécies (KUNIN e GASTON, 1993) e na dinâmica de colonização destas (RABINOWITZ e RAPP, 1985). Espécies comuns seriam aquelas que possuem maior amplitude de nicho, maior habilidades competitivas e reprodutivas; e/ou aquelas com maior capacidade dispersiva e de colonização de novos habitats.

Apesar da fácil compreensão do que é uma espécie rara e do que é uma espécie comum, a determinação de raridade em um conjunto de dados é controversa. Algumas classificações são meramente arbitrárias. Por exemplo, segundo Gaston (1994), espécies raras e comuns são aquelas que podem ser separadas utilizando os limites de quartil em uma curva de abundâncias relativas ranqueadas, sendo raras as que estarão no terceiro quartil adiante. Outras formas de classificar espécies raras e comuns são mais criteriosas e levam em consideração o ambiente estudado, a escala e a forma como a assembleia fora delineada. Também é importante considerar que diferentes medidas de abundância podem apresentar diferentes determinações de raridade.

Siqueira et al. (2012) propôs que espécies raras e comuns devem ser definidas para cada base de dados separadamente. De acordo com esses autores, um método apropriado para a determinação de raridade é avaliar o ponto de inflexão de cada curva de abundância relativa ranqueada (FIGURA 1). Utilizando este método, as curvas de abundâncias não devem estar log-transformadas, o que ressalta a diferença entre espécies comuns e raras.

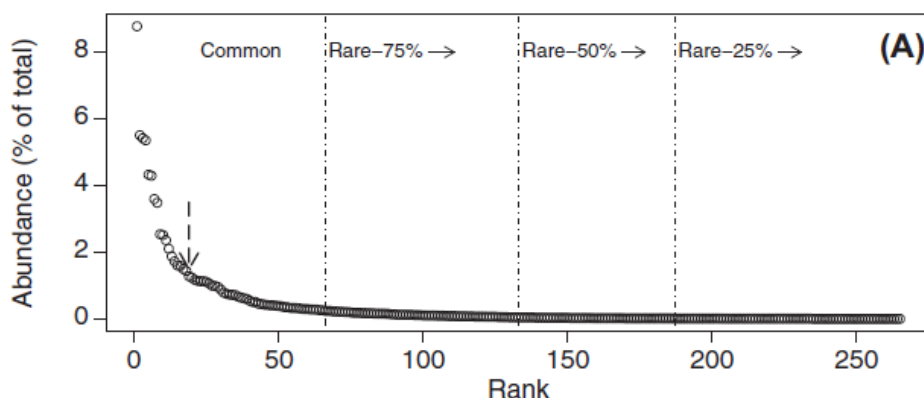


FIGURA 1 - CURVA DE ABUNDÂNCIAS RELATIVAS RANQUEADAS DE ESPÉCIES. O EIXO Y EXPRESSA A PORCENTAGEM DA ABUNDÂNCIA TOTAL DA METACOMUNIDADE QUE CADA ESPÉCIE POSSUI. O EIXO X REPRESENTA AS ESPÉCIES ORDENADAS DA MAIS ABUNDANTE PARA A MENOS ABUNDANTE. AS LINHAS TRACEJADAS INDICAM O LIMITE DE CADA CLASSE DE ABUNDÂNCIA DE ACORDO COM OS CRITÉRIOS DE QUARTIS SEGUNDO GASTON (1994). A FLECHA TRACEJADA INDICA O PONTO DE INFLEXÃO DA CURVA. ESPÉCIES A ESQUERDA DA FLECHA SÃO CLASSIFICADAS COMO COMUNS E A DIREITA COMO RARAS.

Fonte. Siqueira et al. (2012)

Finalmente, Siqueira et al. (2012) argumentam que o ponto exato da inflexão da curva é relativamente pouco importante, pois pequenas alterações pouco irão influenciar nas conclusões finais.

1.4 INOVAÇÕES DESTE TRABALHO EM RELAÇÃO A TRABALHOS ANTERIORES

Este trabalho tem como inovação a avaliação das técnicas de otimização de biomonitoramentos (resolução taxonômica e numérica) em cinco diferentes grupos biológicos aquáticos presentes no mesmo ecossistema e durante um período de amostragem mais abrangente. Isso é justificado pelo fato de diversos trabalhos prévios mostrarem que biomonitoramentos devem se basear em múltiplas comunidades, visto que os grupos biológicos distintos respondem diferentemente aos gradientes ambientais (HEINO, 2010; PADIAL et al., 2012). Ademais, foi avaliado o efeito e aplicabilidade da resolução taxonômica para representar os padrões de beta-diversidade de espécies raras.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar se os padrões de variação espacial de múltiplas comunidades aquáticas podem ser descritos tanto com dados de abundância de espécies como com dados de presença/ausência de gênero, com o intuito de simplificação de biomonitoramentos em uma planície de inundação na região Neotropical.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- i) testar os padrões da variação espacial, descritos com dados de abundância de espécies de múltiplas comunidades aquáticas, podem ser também descritos com dados de presença/ausência de gêneros
- ii) testar se os padrões de beta-diversidade de espécies raras são suficientemente explicados pelos dados de gênero.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 ÁREA DE ESTUDO

O Rio Paraná é formado pela confluência do Rio Parnaíba e do Rio Grande e desagua no Rio La Plata na Argentina, drenando em seu caminho todo o centro-sul da América do Sul, com extensão de 4.695 km (PAIVA, 1982).

É composto por três regiões distintas dentro do território brasileiro: superior, alto e parte do médio; drenando cerca de 10,5% da área do país (PAIVA, 1982). Na

região do alto Rio Paraná encontra-se uma planície alagável que se estende por aproximadamente 480 km. Entretanto, somente um trecho de aproximadamente 230 km dessa planície ainda permanece livre de barragens, constituindo uma área prioritária para conservação (AGOSTINHO et al., 2005).

As coletas foram realizadas na planície de inundação do Alto Rio Paraná (FIGURA 2), esta é considerada uma região de importância para peixes migradores e que mantém uma relativa alta diversidade de espécies (AGOSTINHO et al., 2005). Estudos anteriores mostraram que as comunidades biológicas do local variam dependentemente dos regimes hidrológicos e entre os subsistemas (PADIAL et al., 2009; PADIAL et al., 2012).

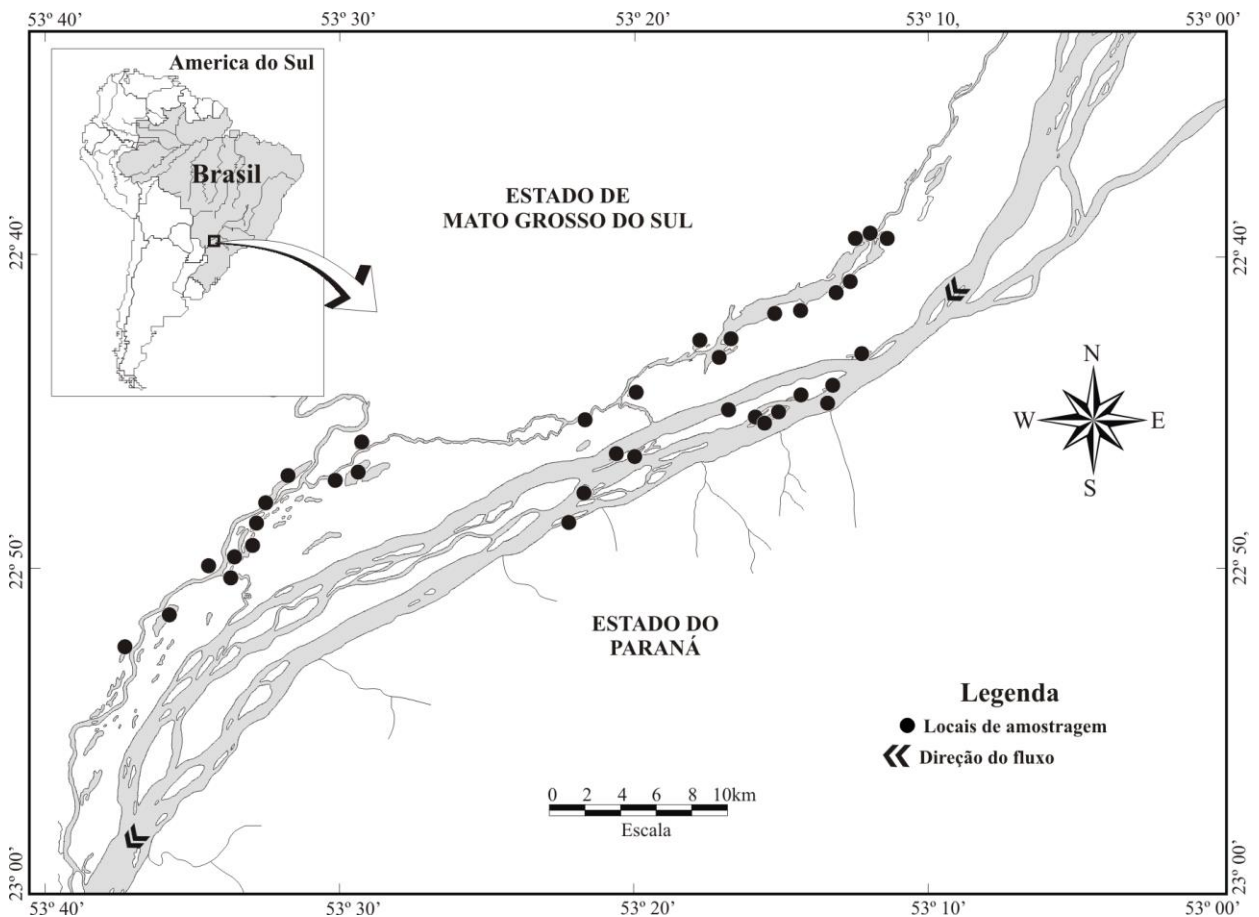


FIGURA 2 - PLANÍCIE DE INUNDAÇÃO DO ALTO RIO PARANÁ E OS PONTOS DE COLETAS DO ESTUDO.

FONTE: O autor (2013)

3.2 COLETA DE DADOS

Os dados coletados foram de cinco grupos biológicos: fitoplâncton, perifíton, zooplâncton, macrófitas aquáticas e peixes. As coletas foram realizadas em dois períodos distintos, um composto pelos meses de Fevereiro e Novembro (estação de cheia da planície inundaçã) e outro nos meses de Maio e Agosto (estação de seca da planície de inundaçã).

As coletas foram realizadas nos anos de 2000 e 2001 em 36 pontos de coletas do Alto do Rio Paraná (FIGURA 2, pontos incluem lagos com ligaçã permanente ao Rio Paraná, lagos que somente se ligam nos períodos de cheia e canais do Rio Paraná). Porém, alguns dados para alguns grupos não estão disponíveis. Dessa forma o período amostrado e o número de locais amostrados diferiram entre os grupos (TABELA 1).

Os dados foram gentilmente cedidos pelo núcleo de pesquisas em limnologia, ictiologia e aquicultura da Universidade Estadual de Maringá (Nupelia/UEM).

3.2.1 Fitoplâncton

Para amostrar o fitoplâncton foram utilizadas garrafas de Van Dom e paralelamente foram efetuadas coletas por meio de redes de plâncton com 15 μm de malha. Os dados foram apresentados e compilados em tabelas de abundância, representados por densidade de espécies, obtidas por unidades individuais (células, cenóbios, colônias ou filamentos) por milímetro.

3.2.2 Perifíton

As amostras de perifíton foram obtidas de um substrato natural, no

caso, a abundante macrófita aquática *Eichhornia azurea* Kunth. Os pecíolos das plantas foram coletados em estágio adulto, em três estandes de macrófitas em todos os pontos de amostragem, sendo que, as plantas foram coletadas de maneira aleatória, uniforme e padronizada.

A comunidade perifítica foi retirada das plantas por meio de raspagem e sua abundância foi compilada em tabelas, expressa em indivíduos por centímetro quadrado (ind/cm²).

3.2.3 Zooplâncton

As amostras de zooplâncton foram obtidas por auxílio de moto-bomba e redes de plâncton de 70µm de abertura de malha, sendo filtrados cerca de 600L por amostra.

A abundância foi compilada em tabelas de dados e é expressa em indivíduos por metro quadrado (ind/m²).

3.2.4 Macrófitas aquáticas

Os dados para macrófitas aquáticas foram obtidos por meio de visualização direta de toda a extensão da margem dos ambientes. Foi usado um gancho para a procura de vegetação submersa.

Os dados foram compilados em tabelas de presença/ausência, e dados de abundância não foram estimados para o grupo.

3.2.5 Peixes

Os peixes foram amostrados de duas formas distintas: a primeira, utilizando protocolos de amostragem com redes de espera com diferentes

malhas em 20 pontos de coleta. A segunda, em 16 pontos de coleta foram amostrados por meio de redes de arrasto de 20m de comprimento e 5 cm de malha, durante um dia.

As abundâncias foram expressas em CPUE (número de indivíduos ou kg/1000 m² de rede*24 horas) para redes de espera e em densidade (número de indivíduos ou kg/100m²) para redes de arrasto.

Visto que os métodos de coleta descritos acima não são comparáveis, foram feitas análises separadas para cada método.

3.3 ANÁLISE DE DADOS

3.3.1 Escolha da definição de raridade

Como citado anteriormente, a determinação de quais espécies são raras e comuns é de crucial importância neste trabalho. Para a confecção das matrizes que foram utilizadas nas análises a definição de raridade escolhida foi a proposta por Siqueira et al. (2012), no qual as espécies raras e comuns são separadas pelo ponto de inflexão da curva de abundância e são determinadas para cada conjunto de dados. A esquerda da curva, antes do ponto de inflexão, estão as espécies consideradas comuns e a direita do ponto de inflexão as espécies consideradas raras (FIGURA 1). O ponto de inflexão foi definido de acordo com o critério adotado por Siqueira et al. (2012) para todos os grupos. Não houve definição de espécies raras para macrófitas aquáticas, pois, dados de abundância não estão disponíveis para esse grupo.

3.3.2 Confecção das matrizes

A partir das matrizes de abundâncias de espécies foram

confeccionadas matrizes de presença/ausência para os grupos de fitoplâncton, perifíton, zooplâncton e peixes. As macrófitas aquáticas já possuíam tabelas de presença/ausência.

Foram confeccionadas matrizes de abundância de gêneros para fitoplâncton, perifíton, zooplâncton e peixes, bem como, matrizes de presença/ausência de gênero para fitoplâncton, perifíton, zooplâncton, macrófitas aquáticas e peixes de acordo com a disponibilidade dos dados (TABELA 1). As matrizes de abundância de espécies foram ainda utilizadas para confeccionar as matrizes de abundância de espécies raras para todos os grupos.

TABELA 1 - DADOS UTILIZADOS PARA AS ANÁLISES CONSIDERANDO CADA GRUPO BIOLÓGICO. O NÚMERO DE ESPÉCIES E GÊNEROS AMOSTRADOS É INFORMADO PARA CADA PERÍODO DE AMOSTRAGEM.

	Número de pontos de amostras	Períodos de amostragem	Número de espécies	Número de gêneros
Fitoplâncton	33	Fevereiro 2000	283	110
		Mai 2000	188	95
		Agosto 2000	220	90
		Novembro 2000	170	80
		Fevereiro 2001	282	101
		Agosto 2001	181	82
Perifíton	32	Fevereiro 2000	143	74
		Agosto 2000	172	78
		Fevereiro 2001	185	72
Zooplâncton	36	Fevereiro 2000	154	57
		Mai 2000	170	68
		Agosto 2000	156	57
		Novembro 2000	174	60
		Fevereiro 2001	174	65
		Mai 2001	212	77
		Agosto 2001	166	59
		Novembro 2001	203	73
Macrófitas aquáticas	36	Fevereiro 2001	36	26
		Agosto 2001	36	26
Peixe (rede de espera)	20	Fevereiro 2000	58	48
		Mai 2000	51	43
		Agosto 2000	43	38
		Novembro 2000	55	46
		Fevereiro 2001	60	50
		Mai 2001	60	49
		Agosto 2001	56	43
		Novembro 2001	62	49
Peixe (rede de arrasto)	16	Fevereiro 2000	42	40
		Mai 2000	37	35
		Agosto 2000	31	29
		Novembro 2000	31	28
		Fevereiro 2001	27	25
		Mai 2001	38	35
		Agosto 2001	31	29
		Novembro 2001	43	38

FONTE: O autor (2013)

3.3.3 Análise estatística

Para cada período de amostragem foram analisadas matrizes de presença/ausência e abundância (exceto para macrófitas aquáticas). Dados de abundância foram logaritmizados ($\log(x + 1)$) para as análises. Foram usados os coeficientes de Bray-Curtis (para abundância) e Jaccard (para presença/ausência) para calcular a dissimilaridade entre os pontos de amostragem em cada matriz.

A correlação entre as matrizes de distância geradas a partir de dados de espécies e as matrizes de distância geradas a partir de dados de gêneros foram testadas pelo teste de Mantel (MANTEL et al., 1967) e pela análise de Procrustes, essa última utilizando uma análise de coordenadas principais (PCoA) (LEGENDRE e LEGENDRE, 1998). O uso de duas técnicas de análise para a mesma proposta foi para minimizar interpretações errôneas dos resultados e para contornar vieses de escolha do procedimento analítico (críticas similares em análises de correlação são descritas no trabalho de Giorgia et al., 2011).

O teste de Mantel é de fácil execução e de conhecimento mais abrangente por grande parte dos ecólogos e demais pesquisadores, e trata-se de um teste de correlação de fácil interpretação e versatilidade. Mas, por outro lado, a análise de Procrustes é tida como de maior poder na detecção da associação de matrizes (PERES-NETO e JACKSON, 2001). De fato, o teste de Mantel tem sido criticado para avaliar a correlação de matrizes ecológicas (LEGENDRE e FORTIN, 2010).

Na análise de Procrustes diversos eixos em duas ordenações, uma para espécies e outra para gêneros, foram comparadas por meio de um algoritmo que proporcionaliza, rotaciona e centraliza os escores das ordenações a fim de minimizar a soma dos quadrados dos resíduos entre tais ordenações. A estatística resultante é denominada de m^2 , que varia de 0 a 1, refletindo tais resíduos. Um alto valor de m^2 significa uma baixa correlação entre matrizes. Dessa forma, para que este valor represente a correlação entre as matrizes e seja comparável a correlação de Mantel, foi feita a conversão de m^2 em r através da fórmula:

$$r = \sqrt{(1 - m^2)}$$

A significância dos coeficientes de correlação de ambas as abordagens foram avaliadas após 10.000 permutações aleatórias. E as correlações estudadas

foram entre: i) dados de abundância de espécies e dados de abundância de gênero; ii) dados de presença/ausência de espécies e dados de presença/ausência de gênero; iii) dados de abundância de espécies e dados de presença/ausência de gênero.

Além disso, foram feitas análises com a correlação entre dados de abundância de espécies raras e dados de abundância de gênero, para avaliar se a simplificação taxonômica ao nível de gênero é válida para representar os padrões de beta-diversidade de espécies raras.

Finalmente, é esperado que exista uma relação negativa entre os coeficientes de correlação matricial e relação espécie/gênero. Isso é justificado pelo raciocínio que a simplificação dos dados deve ser menos eficiente nos gêneros que são muito especiosos.

4 RESULTADOS

Os coeficientes de correlação foram sempre significativos ($P < 0,01$) e similares quanto ao método analítico (Mantel ou Procrustes). Sendo assim, o uso de dados de gênero ao invés de dados de espécie é válido para todos os grupos biológicos estudados, em qualquer período de amostragem, considerando qualquer qualidade dos dados, sendo eficiente até mesmo para representar os padrões de espécies raras.

Contudo, diversos valores de correlação encontrados podem ser considerados baixos (ver TABELA 2). O valor mais baixo encontrado em todas as análises foi para os dados de peixes coletados por redes de arrasto (0,29) quando o objetivo era representar espécies raras utilizando dados de gênero analisados pelo teste de Mantel (TABELA 3). Desconsiderando as correlações das análises com espécies raras o valor mais baixo encontrado foi de 0,53, para dados de abundância de zooplâncton com o teste de Mantel e dados de presença/ausência desse mesmo grupo com Procrustes (TABELA 2).

Porém, a maioria dos valores é considerada alta com a média dos valores maior do que 0,70, e muitos coeficientes próximos a 0,99 (TABELAS 1 e 2).

TABELA 2 - MÉDIA \pm ERRO PADRÃO (NEGRITO), VALORES MÍNIMOS E MÁXIMOS PARA COEFICIENTES DE CORRELAÇÕES DE MANTEL E PROCRUSTES ENTRE MATRIZES DE ESPÉCIES E GÊNEROS PARA CADA GRUPO BIOLÓGICO (RESOLUÇÃO NUMÉRICA: ABUNDÂNCIA – AB; E PRESENÇA/AUSÊNCIA – PA). TODOS OS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO SÃO SIGNIFICANTES DE ACORDO COM OS TESTES DE PERMUTAÇÃO ($P < 0,01$).

Grupo	Correlação de AB de espécies com				Correlação de PA de espécies com	
	AB Gênero		PA Gênero		PA Gênero	
	Mantel	Procrustes	Mantel	Procrustes	Mantel	Procrustes
Fitoplâncton	0,84 ($\pm 0,10$)	0,78 ($\pm 0,11$)	0,74 ($\pm 0,07$)	0,75 ($\pm 0,13$)	0,78 ($\pm 0,08$)	0,80 ($\pm 0,14$)
	Min. = 0,66	Min. = 0,65	Min. = 0,59	Min. = 0,54	Min. = 0,68	Min. = 0,70
	Max. = 0,91	Max. = 0,90	Max. = 0,80	Max. = 0,90	Max. = 0,86	Max. = 0,93
Perifíton	0,81 ($\pm 0,05$)	0,75 ($\pm 0,19$)	0,73 ($\pm 0,11$)	0,71 ($\pm 0,18$)	0,76 ($\pm 0,15$)	0,76 ($\pm 0,15$)
	Min. = 0,78	Min. = 0,55	Min. = 0,65	Min. = 0,60	Min. = 0,74	Min. = 0,66
	Max. = 0,86	Max. = 0,92	Max. = 0,86	Max. = 0,92	Max. = 0,87	Max. = 0,93
Zooplâncton	0,84 ($\pm 0,13$)	0,76 ($\pm 0,16$)	0,74 ($\pm 0,05$)	0,69 ($\pm 0,14$)	0,79 ($\pm 0,03$)	0,71 ($\pm 0,14$)
	Min. = 0,53	Min. = 0,55	Min. = 0,68	Min. = 0,53	Min. = 0,74	Min. = 0,61
	Max. = 0,93	Max. = 0,94	Max. = 0,79	Max. = 0,94	Max. = 0,85	Max. = 0,91
Macrófitas	-	-	-	-	0,92 ($\pm 0,01$)	0,94 ($\pm 0,01$)
					Min. = 0,91	Min. = 0,93
					Max. = 0,93	Max. = 0,94
Peixes (rede de espera)	0,97 ($\pm 0,01$)	0,93 ($\pm 0,08$)	0,89 ($\pm 0,04$)	0,89 ($\pm 0,04$)	0,94 ($\pm 0,02$)	0,93 ($\pm 0,03$)
	Min. = 0,96	Min. = 0,73	Min. = 0,83	Min. = 0,79	Min. = 0,91	Min. = 0,89
	Max. = 0,99	Max. = 0,98	Max. = 0,96	Max. = 0,93	Max. = 0,98	Max. = 0,98
Peixes (rede de arrasto)	0,96 ($\pm 0,05$)	0,97 ($\pm 0,02$)	0,88 ($\pm 0,03$)	0,84 ($\pm 0,14$)	0,97 ($\pm 0,02$)	0,90 ($\pm 0,16$)
	Min. = 0,86	Min. = 0,93	Min. = 0,84	Min. = 0,62	Min. = 0,93	Min. = 0,60
	Max. = 0,99	Max. = 0,99	Max. = 0,94	Max. = 0,98	Max. = 0,99	Max. = 0,99

FONTE: O autor (2013)

TABELA 3 - MÉDIA \pm ERRO PADRÃO (NEGRITO), MÍNIMO E MÁXIMOS VALORES PARA COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DE MANTEL E PROCRUSTES ENTRE ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES RARAS E GÊNERO PARA CADA GRUPO BIOLÓGICO. TODOS OS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO SÃO SIGNIFICANTES DE ACORDO COM OS TESTES DE PERMUTAÇÃO ($P < 0,01$).

Grupo	<i>Mantel</i>	<i>Procrustes</i>
Fitoplâncton	0,70 ($\pm 0,17$)	0,65 ($\pm 0,07$)
	Min. = 0,36	Min. = 0,56
	Max. = 0,78	Max. = 0,78
Perifíton	0,72 ($\pm 0,10$)	0,73 ($\pm 0,16$)
	Min. = 0,64	Min. = 0,59
	Max. = 0,84	Max. = 0,90
Zooplâncton	0,77 ($\pm 0,09$)	0,77 ($\pm 0,12$)
	Min. = 0,66	Min. = 0,59
	Max. = 0,90	Max. = 0,92
Peixes (rede de espera)	0,66 ($\pm 0,07$)	0,82 ($\pm 0,14$)
	Min. = 0,54	Min. = 0,55
	Max. = 0,80	Max. = 0,94
Peixes (rede de arrasto)	0,54 ($\pm 0,16$)	0,83 ($\pm 0,13$)
	Min. = 0,29	Min. = 0,63
	Max. = 0,84	Max. = 0,98

FONTE: O autor (2013)

Os coeficientes de correlação matricial tem relação negativa com a razão espécie:gênero (FIGURA 3). A menor razão espécie:gênero é para o grupo de peixes e a maior razão é para o grupo de zooplâncton (FIGURA 3). Porém todas as correlações foram significantes até para altos valores da razão espécie:gênero. Dessa forma, não foram encontrados valores de razão espécie:gênero que inviabilize o uso de dados de gênero na substituição de dados de espécies.

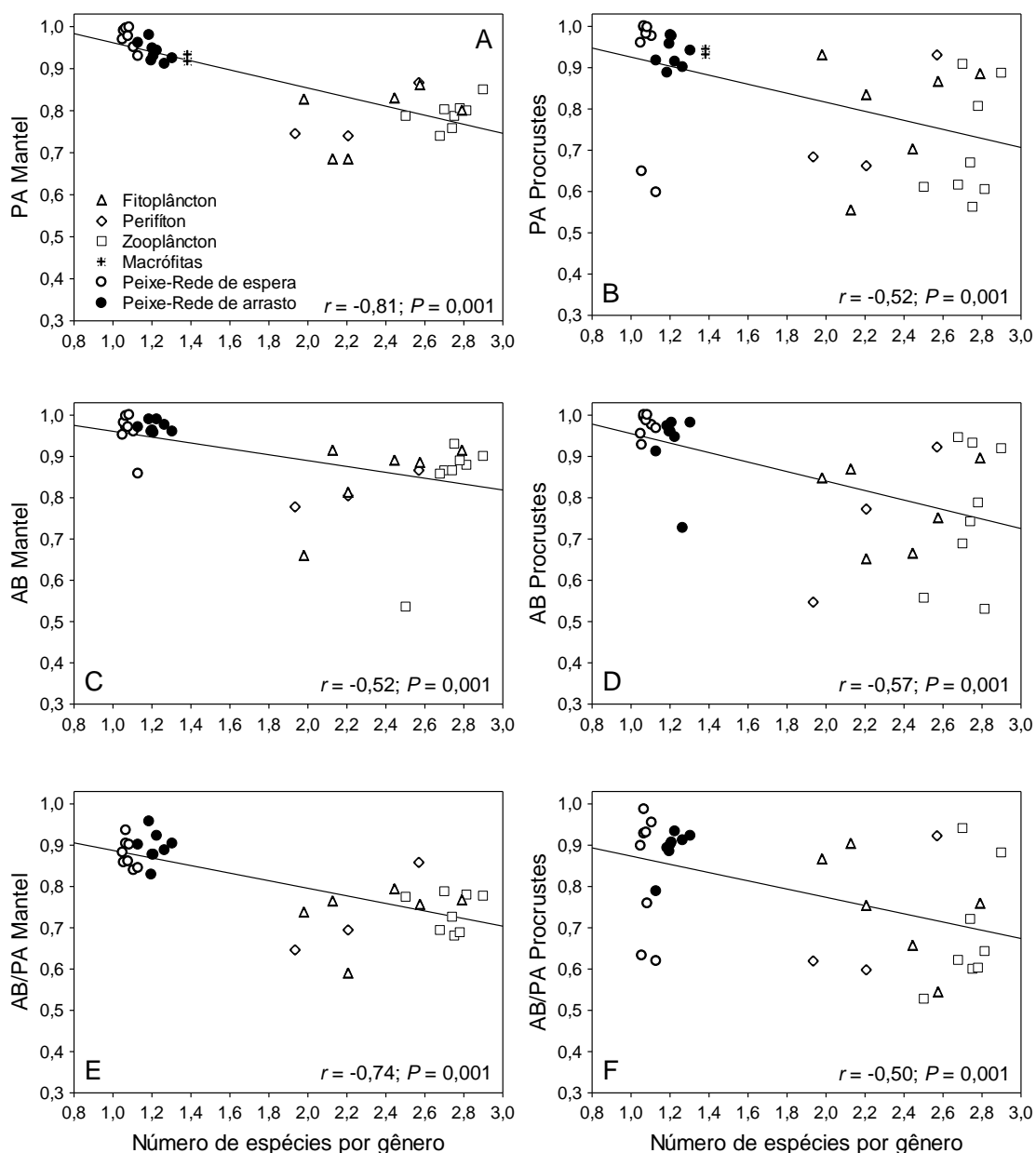


FIGURA 3 - RELAÇÃO ENTRE COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DE MATRIZES E NÚMERO DE ESPÉCIES POR GÊNERO. EIXO Y SE REFERE AOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DE: (A) MANTEL E (B) PROCRUSTES UTILIZANDO DADOS DE PRESENÇA/AUSÊNCIA – PA; (C) MANTEL E (D) PROCRUSTES UTILIZANDO DADOS DE ABUNDÂNCIA – AB; (E) MANTEL E (F) PROCRUSTES UTILIZANDO DADOS DE ABUNDÂNCIA DE ESPÉCIES E DADOS DE PRESENÇA/AUSÊNCIA DE GÊNERO.
 FONTE: O autor (2013)

5 DISCUSSÃO

Há uma necessidade crescente de estratégias para aperfeiçoar biomonitoramentos com o intuito de promover uma rápida e eficiente resposta na

tomada de decisões quando o foco é a conservação da biodiversidade. Uma das estratégias sugeridas é o uso de dados simplificados: dados de presença/ausência de gênero ao invés do uso dos dados de abundância de espécies, que tendem a ser de difícil mensuração, alto custo e de demorada obtenção (DAUVIN et al., 2003; MAURER, 2000; SÁNCHEZ-MOYANO et al., 2006).

Este trabalho gera evidências que essa estratégia de simplificação é viável para diversos grupos biológicos aquáticos. Trabalhos anteriores demonstraram que a simplificação taxonômica e numérica são estratégias válidas para biomonitoramentos de organismos aquáticos (HEINO e SOININEN, 2007; SÁNCHEZ-MOYANO et al., 2006; JIANG et al., 2013; CARNEIRO et al., 2013 e suas referências). Entretanto, este trabalho é o primeiro que demonstra que tal estratégia é válida independentemente da variação temporal das comunidades e para múltiplos grupos biológicos distintos habitando o mesmo ecossistema. Ademais, é inovador demonstrando que a simplificação taxonômica não afeta esforços focados somente em espécies raras, pois os padrões de beta-diversidade de espécies raras e comuns são similares (veja também HEINO e SOININEN, 2010). Finalmente, as inferências são ainda mais robustas pelo fato que os resultados não variaram dependendo da análise estatística.

Além de validar estratégias para simplificar biomonitoramentos, os resultados revelam *insights* no que diz respeito às causas da beta-diversidade de comunidades aquáticas. Como padrão geral, pode ser dito que padrões de beta-diversidade de espécies e de gêneros são similares, e que a conservação de nicho é prevalente em cogenéricos. Em outras palavras, espécies pertencentes a um mesmo gênero devem compartilhar traços e similaridades em seus requerimentos ecológicos (WIENS et al., 2010). Dessa forma, as variações ambientais devem afetar espécies filogeneticamente próximas de maneiras similares (WIENS et al., 2010). Considerando que '*species sorting*' é o principal mecanismo que determina a beta-diversidade (VAN DER GUCHT et al., 2007), é compreensível que os padrões espaciais de espécies sejam similares aos padrões espaciais de gêneros.

Espécies de um mesmo gênero são de difícil distinção, pois são similares em relação às suas características morfológicas (ELLIS, 1985). Dessa forma, é justificável que uso de uma resolução taxonômica superior é uma estratégia adequada para descrever os padrões de beta-diversidade das comunidades (MELO et al., 2005).

Seguindo essa linha de pensamento, é de se esperar que o uso de dados de gênero ao invés de dados de espécies para grupos com gêneros especiosos (aqueles que contêm muitas espécies) sejam menos eficazes (LOVELL et al., 2007). De fato foram encontradas relações negativas entre as correlações de matrizes com a razão espécie por gênero. Essa razão é considerada um bom preditor da eficácia da resolução taxonômica, de acordo com Lovell et al. (2007). Segundo esses autores, a suficiência taxonômica é relevante apenas se a razão de táxon menor : táxon maior é igual ou menor do que 2,6. No presente estudo todas as razões se encontram abaixo dessa faixa e foram consideradas sempre efetivas.

Vale lembrar que a eficácia da simplificação dos dados foi investigada para diferentes grupos biológicos. De plâncton até peixes, as respostas aos mecanismos evolutivos são distintos e particulares e os critérios dos taxonomistas para agrupar espécies em gêneros podem variar. Tais características intrínsecas a cada grupo podem também explicar o porque a eficácia da resolução taxonômica variar com a razão espécie:gênero.

Outro fato interessante é que os resultados apontam que padrões ecológicos baseados em dados de abundância são similares aqueles encontrados com dados de presença/ausência, corroborando com outros trabalhos (CARNEIRO et al., 2010; LANDEIRO et al., 2012; CARNEIRO et al., 2013). A interpretação é que as espécies que co-ocorrem mantêm suas abundâncias relativas entre locais de amostragem. Considere uma comunidade simples, composta de espécies "A" e "B". Os padrões de presença/ausência e abundância são semelhantes se a espécie "A" é sempre mais abundante do que a espécie de "B". Por outro lado, os padrões de abundância são diferentes dos de presença/ausência se "A" é mais abundante do que o de "B" em apenas alguns dos locais onde elas co-ocorrem. Apesar de tal explicação os motivos ecológicos para a manutenção da abundância relativa estão fora do escopo do estudo.

Ainda, foi constatado que padrões de beta-diversidade de espécies raras, em termos de ocupância (*sensu* GASTON, 1994), são bem representados por apenas dados de gêneros. Então, esforços focados em espécies raras podem se beneficiar da resolução taxonômica quando a identificação de tais organismos é complexa e custosa (SCHMERA e ERÓIS, 2011). Apesar de, os determinantes de beta-diversidade não serem o foco desse estudo, os resultados aqui obtidos também sugerem que as espécies comuns e raras respondem de forma semelhante ao dos

gradientes ecológicos. Estudos anteriores já revelaram que o mecanismo de '*species sorting*' é o principal determinante da variação de espécies raras e comuns de macroinvertebrados aquáticos (SIQUEIRA et al., 2012).

6 CONCLUSÃO

O estudo reforça a ideia que o uso de dados mais grosseiros, gênero ao invés de espécies; presença/ausência ao invés de abundância são estratégias válidas para simplificar biomonitoramentos de diversos e distintos grupos biológicos, ao menos nessa escala de estudo.

Como em diversos padrões ecológicos, a resolução taxonômica e numérica pode ser dependente da escala do estudo e determinar quais escalas esta estratégia é aplicável e válida, deve ser o foco de futuros trabalhos (KALLIMANIS et al., 2012). A importância deste estudo em escala local é dado pelo fato que a área estudada, uma planície de inundação Neotropical, é uma ecorregião onde esforços de conservação são comumente focados e lagos de planícies de inundação são locais comumente selecionados como pontos de coletas em biomonitoramentos.

A estratégia ainda é relevante para trabalhos focados em espécies raras quais são de difícil detecção e identificação (MACKENZIE et al., 2005). Finalmente é enfatizado o uso de tais técnicas ao contrário de outras técnicas comuns em biomonitoramentos de comunidade aquáticas, como por exemplo: o uso de grupos surrogates (substitutos), no qual o padrão de biodiversidade de um grupo biológico é utilizado para representar o padrão de outros grupos (PADIAL et al., 2012). Se os diferentes grupos biológicos têm padrões espaciais concordantes, os programas de biomonitoramentos podem basear-se em grandes amostragem de apenas um grupo biológico – um grupo surrogate (substituto). No entanto, as evidências na literatura tem destacado o fato de que a concordância entre táxons é baixa e pouco confiável, e que vários grupos deve sempre ser amostrados para representar a biodiversidade (HEINO, 2010; PADIAL et al, 2012). Neste caso, as estratégias para a simplificação dos programas de biomonitoramento devem se basear em vários grupos biológicos e devem ser confiáveis (isto é, se mantenha forte e constante ao longo do tempo). Argumenta-se que, pelo menos neste sistema de estudo, dados de

presença/ausência de gêneros podem representar fortemente e consistentemente os padrões de beta-diversidade de abundância das espécies em vários grupos biológicos que habitam o mesmo ambiente, reforçando o uso de dados mais grosseiros como a melhor estratégia para simplificar os programas de biomonitoramentos.

REFERÊNCIAS

AGOSTINHO, A. A.; THOMAZ, S. M.; GOMES, L. C. Conservation of the biodiversity of Brazil's inland waters. **Conservation Biology**, v. 19, n. 3, p. 646-652, 2005.

ALMEIDA, M. G. Cultura ecológica e biodiversidade. **Mercator - Revista de Geografia da UFC**, v. 2, n. 3, p. 71-82, 2003.

ARAUJO, M. Avaliação da biodiversidade em conservação. **Silva Lusitana**, v. 6, n. 1, p.19-40, 1998.

BALMFORD, A.; LYON, A. J. E.; LANG, R. M. Testing the higher-taxon approach to conservation planning in a megadiverse group: the macrofungi. **Biological Conservation**, v. 93, n. 2, p. 209–217, 2000.

BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. **Ecology: from individuals to ecosystems**. 4.ed. Oxford: Blackwell, 2006.

BERTASI, F. Comparing efficacy of different taxonomic resolutions and surrogates in detecting changes in soft bottom assemblages due to coastal defence structures. **Marine Pollution Bulletin**, v. 58, n. 5, p. 686–694, 2009.

BINI, L. M.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; RANGEL, T.; BASTOS, R. P.; PINTO, M. P. Challenging Wallacean and Linnean shortfalls: knowledge gradients and conservation planning in a biodiversity hotspot. **Diversity and Distributions**, v. 12, n. 5, p. 475-482, 2006.

BRASIL, Decreto-lei n. 4.339, de 22 de agosto de 2002. **Convenção das Nações Unidas sobre Diversidade Biológica (CDB)**. **Diário Oficial [da] da República Federativa do Brasil**, Brasília, DF. Disponível em: <<http://presrepublica.jusbrasil.com.br/legislacao/99718/decreto-4339-02>>. Acesso em: 15/10/2013.

CARNEIRO, F. M., BINI, L. M., RODRIGUES, L. C. Influence of taxonomic and numerical resolution on the analysis of temporal changes in phytoplankton communities. **Ecological Indicators**, v. 1, n. 2, p. 249-255, 2010.

CARNEIRO, F. M.; NABOUT, J. C.; VIEIRA, L. C. G.; LODI, S.; BINI, L. M. Higher Taxa Predict Plankton Beta-diversity Patterns Across an Eutrophication Gradient.

Brazilian Journal of Nature Conservation, v. 11, n. 1, p. 43-47, 2013.

CORNWELL, W. K.; ACKERLY, D. D. A link between plant traits and abundance: evidence from coastal California woody plants. **Journal of Ecology**, v. 98, p. 814–821, 2010.

CRIST, E. Quantifying the biodiversity crisis. **Wild Earth**, Spring, p.16-19, 2002.

DAUVIN, J. C.; GESTEIRA, J. L. G.; FRAGA, M. S. Taxonomic sufficiency: an overview of its use in the monitoring of sublittoral benthic communities after oil spills. **Marine Pollution Bulletin**, v. 46, n. 5, p. 552–555, 2003.

ELLIS, D. Taxonomic sufficiency in pollution assessment. **Marine Pollution Bulletin**, v. 16, p. 439–459, 1985.

GASTON, K. J. **Rarity**. 1.ed. Chapman & Hall: London. 1994.

GIORGIA, M.; BACARO, G.; FEEHAN, J. Evaluating and interpreting cross-taxon congruence: potential pitfalls and solutions. **Acta Oecologica**, v. 37, n. 3, p. 187-194, 2011.

GUZMÁN-ALVIS, A. I.; CARRASCO, F. Taxonomic aggregation and redundancy in a tropical macroinfaunal assemblage of the southern Caribbean in the detection of temporal patterns. **Scientia Marina**, v. 69, n. 1, p. 133–141, 2005.

HAMILTON, A. J. Species diversity or biodiversity? **Journal of Environmental Management**, v.75, p.89-92, 2005.

HANSEN, J. H.; SATO, R.; LACIS, A.; OINAS, V. Global warming in the twenty-first century: an alternative scenario. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 97, n. 18, p. 9875–9880, 2000.

HARPER, J. L.; HAWKSWORTH, D. L. Biodiversity: measurement and estimation. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Series B. Biological Sciences**, v. 345, n. 1311, p. 5-12, 1994.

HEINO, J. Are indicator groups and cross-taxon congruence useful for predicting biodiversity in aquatic ecosystems? **Ecological Indicators**, v. 10, n. 2, p. 112-117, 2010.

HEINO, J.; SOININEN, J. Are higher taxa adequate surrogates for species-level assemblage patterns and species richness in stream organisms? **Biological Conservation**, v. 137, n. 1, p. 78-89, 2007.

HEINO, J.; SOININEN, J. Are common species sufficient in describing turnover in aquatic metacommunities along environmental and spatial gradients? **Limnology and oceanography**, v.55, n. 6, p. 2397-2402, 2010.

HOPKINS, M. J. G. Modelling the known and unknown plant biodiversity of the Amazon basin. **Journal of Biogeography**, v. 34, n. 8, p. 1400–1411, 2007.

IUCN. State of the world's species. Disponível em:
<http://cmsdata.iucn.org/downloads/state_of_the_world_s_species_factsheet_en.pdf.>. Acesso em: 15/06/2013.

ISAAC, N. J. B.; MALLETT, J.; MACE, G. M. Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 19, n. 9, p. 464-469, 2004.

JIANG, X. M.; XIONG, J.; SONG, Z. Y.; MORSE, J. C.; JONES, F. C.; XIE, Z. C. Is coarse taxonomy sufficient for detecting macroinvertebrate patterns in floodplain lakes? **Ecological Indicators**, v. 27, p. 48–55, 2013.

KALLIMANIS, A. S.; MAZARIS, A. D.; TSAKANIKAS, D.; DIMOPOULOS, P.; PANTIS, J. D.; SGARDELIS, S. P. Efficient biodiversity monitoring: Which taxonomic level to study? **Ecological Indicators**, v.15, n.1, 100-104, 2012.

KHAN, S. A. Is species level identification essential for environmental impact studies? **Current Science**, v. 91, n. 1, p. 29–34, 2006.

KUNIN, W. E.; GASTON, K. J. The biology of rarity: patterns, causes, and consequences. **Trends Ecology Evolution**, v. 8, p. 298–302, 1993.

KUNIN, W. E.; SHMIDA, A. Plant reproductive traits as a function of local, regional, and global abundance. **Conservation Biology**, v. 11, n. 1, p. 183–192, 1997.

LANDEIRO, V. L.; BINI, L. M.; COSTA, F. R. C.; FRANKLIN, E.; NOGUEIRA, A.; SOUSA, J. L. P.; MORAES, J.; MAGNUSSON, W. E. How far can we go in simplifying biomonitoring assessments? An integrated analysis of taxonomic

surrogacy, taxonomic sufficiency and numerical resolution in a megadiverse region. **Ecological indicators**, v. 23, p. 366-373, 2012.

LEFF, E. **Saber Ambiental. Sustentabilidade, Racionalidade, Complexidade, Poder**. Petrópolis/RJ: Vozes/PNUMA, 2001.

LEGENDTRE, P.; FORTIN, M. Comparison of the Mantel test and alternative approaches for detecting complex multivariate relationships in the spatial analysis of genetic data. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 5, p. 831–844, 2010.

LEGENDTRE, P.; LEGENDRE, L. **Numerical ecology**. 2.ed. Elsevier Science, BV: Amsterdam, 1998.

LOVELL, S.; HAMER, M.; SLOTTOW, R.; HERBERT, D. Assessment of congruency across invertebrate taxa and taxonomic levels to identify potential surrogates. **Biological Conservation**, v. 139, n. 1, p. 113-125, 2007.

MACKENZIE, D. I.; NICHOLS, J. D.; SUTTON, N.; KAWANISHI, K.; BAILEY, L. L. Improving inferences in population studies of rare species that are detected imperfectly. **Ecology**, v. 86, n. 5, p. 1101–1113, 2005.

MAURER, D. The dark side of taxonomic sufficiency (TS). **Marine Pollution Bulletin**, v. 40, n. 2, p. 98–101, 2000.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209–220, 1967.

MARGULES, C. R.; PRESSEY, R. L.; WILLIAMS, P. H. Representing biodiversity: data and procedures for identifying priority areas for conservation. **Journal of Bioscience**, v. 27, n. 4, p. 309-326, 2002.

MELO, A. S. Effects of taxonomic and numeric resolution on the ability to detect ecological patterns at a local scale using stream macroinvertebrates. **Archiv fuer Hydrobiologie**, v. 164, n. 3, p. 309–323, 2005.

NELLEMANN, C.; HAIN, S.; ALDER, J. (Eds) **In dead water**: merging of climate change with pollution, over-harvested, and infestations in the world's fishing grounds. United Nations Environment Programme, GRID-Arendal: Norway, 2008. e-book. Disponível em: <http://www.unep.org/pdf/indeadwater_lr.pdf> Acesso em: 17/08/2013.

PADIAL, A. A.; SIQUEIRA, T.; HEINO, J.; VIEIRA, L. C. G.; BONECKER, C. C.; LANSAC-TÔHA, F. A.; RODRIGUES, L. C.; TAKEDA, A. M.; TRAIN, S.; VELHO, L. F. M.; BINI, L. M. Relationships between multiple biological groups and classification schemes in a Neotropical floodplain. **Ecological Indicators**, v. 13, n. 1, p. 55-65.

PADIAL, A. A.; THOMAZ, S. M.; AGOSTINHO, A. A. Effects of structural heterogeneity provided by the floating macrophyte *Eichhornia azurea* on the predation efficiency and habitat use of the small Neotropical fish *Moenkhausia sanctaefilomenae*. **Hydrobiologia**, v. 624, p. 161-170, 2009.

PAIVA, M. P. **Grandes Represas do Brasil**. Brasília/DF: Editerra, 1982.

PERES-NETO, P. R.; JACKSON, D. A. How well do multivariate data sets match? The advantages of a Procrustean superimposition approach over the Mantel test. **Oecologia**, v. 129, n. 2, p. 169-178, 2001.

PURVIS, A.; HECTOR, A. Getting the measure of biodiversity. **Nature**, v. 405, p. 212-219, 2000.

RABINOWITZ, D.; RAPP, J. K. Competitive abilities of sparse grass species: means of persistence or cause of abundance. **Ecology**, v. 65, n. 4, p. 1144–1154, 1984.

RABINOWITZ, D.; RAPP, J. K. Colonization and establishment of Missouri prairie plants on artificial soil disturbances. III. Species abundance distributions, survivorship, and rarity. **American Journal of Botany**, v. 72, n. 10, p. 1635–1640, 1985.

RIDLEY, M. **Evolution**. 3.ed. Oxford: Blackwell, 2004.

SÁNCHEZ-MOYANO, J. E.; FA, D. A.; ESTACIO, F. J.; GARCÍA-GÓMEZ, J. C. Monitoring of marine benthic communities and taxonomic resolution: an approach through diverse habitats and substrates along the Southern Iberian coastline. **Helgoland Marine Research**, v. 60, p. 243–255, 2006.

SARKAR, S. Wilderness preservation and biodiversity conservation - keeping divergent goals distinct. **BioScience**, v. 49, n. 5, p. 405-412, 1999.

SCHMERA, D., ERŐS, T. The role of sampling effort, taxonomical resolution and abundance weight in multivariate comparison of stream dwelling caddisfly assemblages collected from riffle and pool habitats. **Ecological Indicators**, v. 11, n. 2, p. 230–239, 2011.

SCHULMAN, L.; TOIVONEN, T.; RUOKOLAINEN, K. Analysing botanical collecting effort in Amazonia and correcting for it in species range estimation. **Journal of Biogeography**, v. 34, n. 8, p. 1388–1399, 2007.

SCHULTZ, C. L. Extinções. In: CARVALHO, I. S. **Paleontologia**. 2.ed. Rio de Janeiro: Interciência, 2004.

SIQUEIRA, T.; BINI, L. M.; ROQUE, F. O.; COUCEIRO, S. R. M.; TRIVINHO-STRIXINO, S.; COTTENIE, K. Common and rare species respond to similar niche processes in macroinvertebrate metacommunities. **Ecography**, v. 35, n. 2, p. 183–192, 2012.

VAN DER GUCHT, K.; COTTENIE, K.; MUYLAERT, K.; VLOEMANS, N.; COUSIN, S.; DECLERCK, S.; JEPPESEN, E.; CONDE-PORCUNA, J. M.; SCHWENK, K.; ZWART, G.; DEGANS, H.; VYVERMAN, W.; DE MEESTER, L. The power of species sorting: Local factors drive bacterial community composition over a wide range of spatial scales. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 104, n. 51, p. 20404–20409, 2007.

WIENS, J. J.; ACKERLY, D. D.; ALLEN, A. P.; ANACKER, B. L.; BUCKLEY, L. B.; CORNELL, H. V.; DAMSCHEN, E. I.; DAVIES, J. T.; GRYTNES, J.; HARRISON, S. P.; HAWKINS, B. A.; ROBERT, D.; HOLT, R. D.; MCCAIN, C. M.; STEPHENS, P. R. Niche conservatism as an emerging principle in ecology and conservation biology. **Ecology Letters**, v. 13, n. 10, p. 1310–1324, 2010.