

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE  
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS AMBIENTAIS**

**Pedro Pontes Bueno Guerra**

**Caracterização da diversidade filogenética e o legado de paisagens em  
comunidades de peixes de riacho**

**São Carlos  
2023**

**Universidade Federal de São Carlos**  
**Centro de Ciências Biológicas e da Saúde**  
**Departamento de Ciências Ambientais**

Pedro Pontes Bueno Guerra

**Caracterização da diversidade filogenética e o legado de paisagens em  
comunidades de peixes de riacho**

Trabalho de Conclusão de Curso  
submetido como requisito para obtenção  
do grau de Bacharel em Biotecnologia pela  
Universidade Federal de São Carlos

Orientador: Prof. Dr. Victor Satoru Saito

São Carlos  
2023

## **Agradecimentos**

Aos meus pais, Natália e Paulo, minhas maiores inspirações para tudo que eu creio ser importante nessa vida, exemplos de que ter e atingir nossos objetivos é importante, mas nunca mais do que o modo como construímos o caminho até eles.

Ao meu irmão, Gabriel, por transbordar irmandade muito além da limitação familiar da palavra. À Andressa, pela consideração e parceria de sempre.

À Vó Bilu, por ser símbolo de amor incondicional e Vó Mena, por ser ternura e esmero.

Ao meu orientador Prof. Dr. Victor Satoru Saito pela oportunidade, apoio e compreensão constantes ao longo da realização do projeto, tornando a realização do mesmo muito mais aprazível e enriquecedora.

À minha família são carlense, em especial Breno, Cris, Estêvão, Iara, Ivana, Júnior, Laís, Lucas, Nala, Nico, Nino, Pedrinho e Rafa, que tornaram não só a graduação possível, mas uma experiência acadêmica e de vida indescritível.

Aos meus amigos da Baixada Santista e São Paulo pelo carinho constante. Em especial Feijó e Izabelle, por serem a representação máxima de tudo em que eu acredito significar amizade.

Por fim, a todos os funcionários, de ensino, administrativos ou terceirizados da Universidade Federal de São Carlos, cada um sendo fundamental para o funcionamento e viabilidade da educação pública brasileira em seu mais alto nível, direta ou indiretamente fomentando a árdua luta por um Brasil melhor.

“A Terra não pertence ao homem, o homem pertence à Terra. Todas as coisas estão conectadas como o sangue que une uma família. O homem não teceu a teia da vida, ele é meramente um fio dela. O que quer que ele faça à teia, ele faz a si mesmo.”

Chief Sealth

## Resumo

Os peixes de água doce constituem o mais diverso grupo de vertebrados continentais registrado, no qual os ecossistemas aquáticos que habitam estão em conexão constante e complexa com a área vegetativa ao seu redor. Além disso, alterações na vegetação ripária e como elas impactam a biodiversidade dos ambientes aquáticos com a qual interagem estão sendo estudadas, embora ainda existam muitas lacunas de conhecimento. O presente trabalho tem por objetivo investigar a diversidade filogenética de comunidades de peixes de 38 córregos amostrados em 2003 e 2013 na região Sudeste Brasileira (período marcado por intensa conversão de áreas de pasto em áreas de cana-de-açúcar). Os resultados provenientes da árvore filogenética gerada mostraram as 54 espécies identificadas dispersas ao longo de 16 famílias e 5 ordens. As principais métricas de diversidade filogenética calculadas reforçaram em nível de metacomunidade a relação da riqueza com a diversidade filogenética, além disso permitiram observar valores elevados de distintividade evolutiva (ED) tanto em espécies endêmicas quanto em espécies generalistas não-nativas. A investigação da diversidade filogenética (PD) de cada córrego e análise da correlação dessa diversidade com as variações nos gradientes ambientais referentes ao uso do solo mostraram pouca correlação direta entre as variáveis. Porém, observamos uma tendência de enfraquecimento das correlações na comparação entre 2003 e 2013, indicando a possibilidade do legado dessas alterações no uso do solo tornarem essas relações ainda mais complexas. Em suma, o estudo oferece novas perspectivas sobre a diversidade filogenética das comunidades de peixes de água doce e destaca a importância de uma abordagem holística para a conservação desses ecossistemas. Além disso, é fundamental entender que o gradiente ambiental que envolve cada córrego é complexo e as análises partem de regiões que já possuem um longo histórico de recorrentes alterações ambientais não devidamente registradas. Tais conclusões reforçam a necessidade do monitoramento da biodiversidade e modificações nas regiões, para permitir conclusões mais assertivas das consequências ecossistêmicas, além de políticas eficazes de conservação das mesmas.

**Palavras-chave:** peixes, diversidade filogenética, efeito legado, gradiente ambiental.

## Lista de Figuras

**Figura 1.** Fluxograma de como algumas propriedades da mata ciliar criam uma rede de mudanças na estrutura dos ecossistemas aquáticos, inevitavelmente impactando na composição das comunidades de peixes no local (Adaptado de PUSEY; ARTHINGTON, 2003).

**Figura 2.** Resumo dos principais tipos de homogeneização biótica em nível populacional e de comunidades (Adaptado de PETSCH, 2016).

**Figura 3.** Área estudada e indicações dos 38 córregos (pontos pretos) investigados no estudo. Interessante reparar o evidente crescimento de plantações de cana-de-açúcar e a diminuição das áreas de pasto entre o período de 10 anos analisado (ZENI; HOEINGHAUS; CASATTI, 2017). Destaca-se também os pouquíssimos fragmentos de floresta (em verde) notados na região.

**Figura 4.** Árvore bitemporal gerada para a comunidade dos córregos nas coletas de 2003 e 2013, contendo 54 espécies com 10 famílias destacadas. Destacados por linhas pontilhadas estão os indivíduos que são os únicos representantes da referida família na filogenia (Elaborado pelo autor).

**Figura 5.** Correlograma entre PD e gradientes de uso do solo em T0 (Elaborado pelo autor).

**Figura 6.** Correlação entre PD e gradientes de uso do solo em T10 (Elaborado pelo autor).

## Lista de Tabelas

**Tabela 1.** Resumo dos resultados das métricas calculadas, com os respectivos valores para a coleta dos dados de 2003 (Árvore T0), 2013 (Árvore T10) e o conjunto das duas coletas (Árvore bitemporal) para *Phylogenetic Diversity* (PD), *Phylogenetic Species Richness* (PSR), *Mean Pairwise Distance* (MPD), *Mean Nearest Taxon Distance* (MNTD) e *Phylogenetic Species Variability* (PSV) (Elaborado pelo autor).

**Tabela 2.** Espécies da árvore T0 e T10 e seus respectivos valores de ED em ordem decrescente. Nesse caso, por exemplo, *Melanorivulus pictus* é a espécie com maior ED, com 128,52 milhões de anos de fração da árvore atribuída somente a ela, ou seja, esse é o valor dos ramos exclusivos dessa espécie na árvore (Elaborado pelo autor).

**Tabela 3.** – *Phylogenetic diversity* (PD) de cada córrego individualmente em T0 e T10 (Elaborado pelo autor).

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
1.1 ECOSSISTEMAS AQUÁTICOS DE ÁGUA DOCE, COMUNIDADES DE PEIXES E MATA ATLÂNTICA	9
1.2 HOMOGENEIZAÇÃO BIÓTICA E DIVERSIDADE	11
1.3 ESTUDO DE ZENI E COLABORADORES	15
2. OBJETIVOS	17
2.1. OBJETIVO GERAL	17
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	17
3. MATERIAIS E MÉTODOS	18
3.1 AQUISIÇÃO DOS DADOS	18
3.2 PRÉ-PROCESSAMENTO DOS DADOS E MONTAGEM DA ÁRVORE FILOGENÉTICA	18
3.3 MÉTRICAS PARA ANÁLISE DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA	19
3.3.1 Phylogenetic diversity (PD)	19
3.3.2 Phylogenetic Species Variability (PSV)	19
3.3.3 Phylogenetic Species Richness (PSR)	19
3.3.4 Species Evolutionary Distinctiveness (ED)	20
3.3.5 Mean Pairwise Distance (MPD)	20
3.3.6 Mean Nearest Taxon Distance (MNTD)	20
3.4 ANÁLISE DE REGRESSÃO MÚLTIPLA	20
3.5 DIAGNÓSTICO E VISUALIZAÇÃO DOS DADOS	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
4.1 MONTAGEM DAS ÁRVORES FILOGENÉTICAS	22
4.2 MÉTRICAS DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA	23
4.3 ANÁLISE DO PD DE CADA CÓRREGO INDIVIDUALMENTE	29
4.3.1 Correlação entre PD e variáveis ambientais de uso de solo	30
4.3.2 PD: a métrica ideal para determinar políticas de conservação visando preservação de diversidade filogenética?	32
5. CONCLUSÃO E PERSPECTIVAS FUTURAS	33
6. REFERÊNCIAS	35

## 1. INTRODUÇÃO

### 1.1 ECOSISTEMAS AQUÁTICOS DE ÁGUA DOCE, COMUNIDADES DE PEIXES E MATA ATLÂNTICA

Alta diversidade de ecossistemas, variação climática, história evolutiva e extensão geográfica são alguns dos fatores que justificam a riquíssima biodiversidade encontrada nas áreas neotropicais (ANTONELLI, 2021). Nessas regiões, os ecossistemas de água doce exibem uma especial riqueza de espécies, mesmo com uma pequena representatividade espacial e hídrica, ocupando menos de 0.8% da área do planeta e constituindo menos de 0.01% da água terrestre (IRFAN; ALATAWI, 2019).

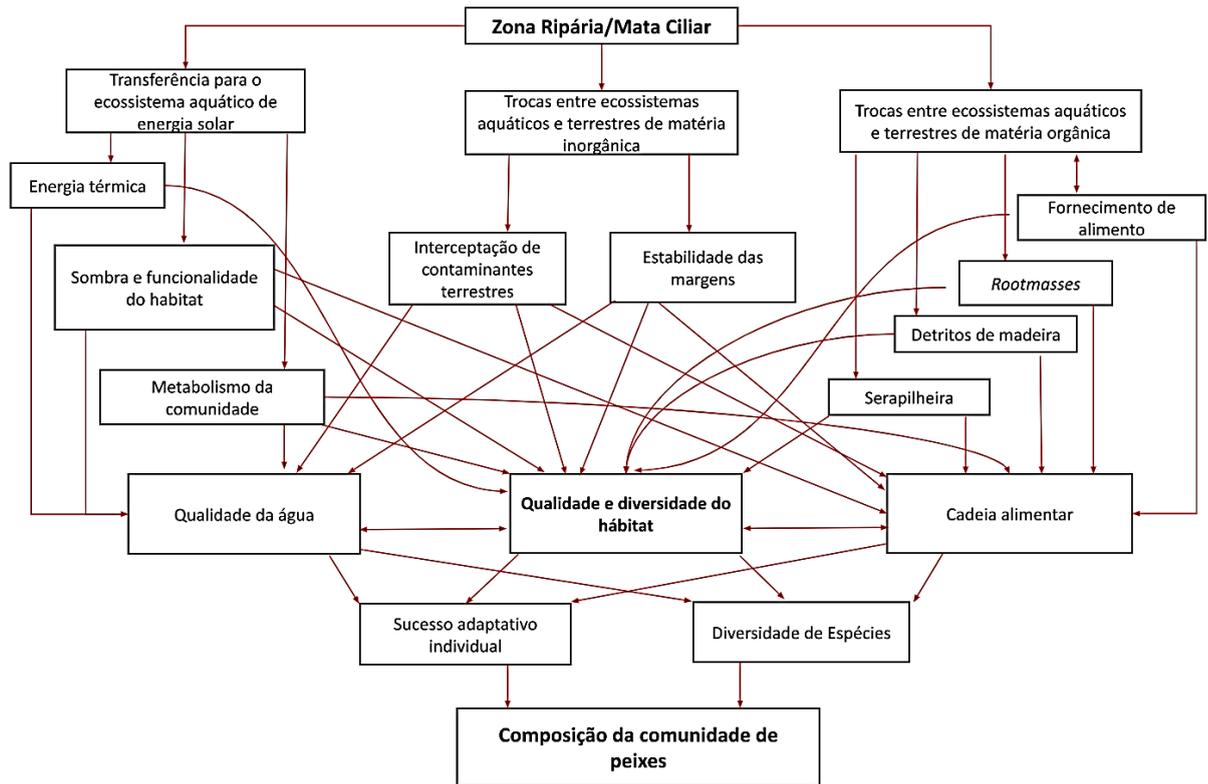
Nesses ecossistemas está constituído o grupo de vertebrados continentais com a maior variabilidade de fauna registrada, os peixes de água doce, com mais de 6200 espécies catalogadas, agrupadas em 854 gêneros, 95 famílias e 39 ordens (ALBERT *et al.*, 2020). Apesar disso, o processo de descoberta de linhagens ainda é considerado por estar em estágio inicial, onde novas espécies são continuamente descritas (WORM; TITTENSOR, 2018). Mesmo com essa vasta biodiversidade, a maior parte dela se concentra em poucas ordens, enquanto várias outras apresentam baixa diversidade de peixes (ALBERT *et al.*, 2011). Por exemplo, na América do Sul, caracterizada por sua vasta heterogeneidade biológica, os Characiformes, Gymnotiformes e Siluriformes representam 74% das espécies de peixes continentais registradas (REIS *et al.*, 2016).

Atualmente, muitos estudos tentam identificar as principais propriedades que justificam essa alta biodiversidade encontrada, embora muitas lacunas de entendimento ainda existam. Algumas análises se propõem a entender essa diversidade observando aspectos funcionais, como por exemplo a forma que esses peixes utilizam seu habitat, onde fatores como profundidade e área do ecossistema podem influenciar nos processos de seleção (ARBOUR; LÓPEZ-FERNÁNDEZ, 2016).

Outras abordagens investigam essa variabilidade estudando a riqueza de espécies em um local específico (ABRO *et al.*, 2020), a que se dá o nome de alfa diversidade (ALBERT *et al.*, 2020), e pela variação de riqueza entre habitats, conhecida por beta diversidade (ROA-FUENTES *et al.*, 2018). Além disso, outros

estudos se baseiam no fato dos peixes continentais de água doce normalmente serem incapazes de se dispersar em ambientes marinhos, portanto sendo restritos aos rios e lagos aos quais são fisiologicamente adaptados (ALBERT *et al.*, 2011). Os peixes de água doce normalmente são restritos a esse tipo de ambiente (ALBERT *et al.*, 2011), fazendo com que a história evolutiva dessas espécies seja intrinsecamente relacionada com as modificações e histórico das bacias hidrográficas habitadas pelas mesmas (REIS *et al.*, 2016), tornando possível investigar essas conexões.

Alguns estudos já mostraram a relação entre os ecossistemas aquáticos e a área vegetativa ao seu redor (LO *et al.*, 2000). Entretanto, falta de informações mais precisas sobre essas relações, a recorrente falta de comunicação entre pesquisadores para a troca das informações já conhecidas, além da necessidade de pesquisas adicionais sobre os impactos antropogênicos nessas regiões são alguns desafios que atualmente limitam o conhecimento dessas conexões (RAMÍREZ *et al.*, 2008). Apesar disso, diversos aspectos da influência e funções da vegetação próxima na estrutura de comunidades de peixes já foram extensamente estudados (GONÇALVES; BRAGA; CASATTI, 2018). A mata ciliar, também conhecida como vegetação ripária, se dá no limiar entre ambientes aquáticos e terrestres, e atua como impactante mediador entre esses dois ecossistemas (Figura 1). Ela exerce diversas funções, regendo as trocas de materiais e energia de acordo com as especificidades dos gradientes ambientais de cada local, como por exemplo a área de cobertura dessa vegetação, o tamanho dos córregos e/ou seu regime hidrológico (PUSEY; ARTHINGTON, 2003).



**Figura 1** - Fluxograma de como algumas propriedades da mata ciliar criam uma rede de mudanças na estrutura dos ecossistemas aquáticos, inevitavelmente impactando na composição das comunidades de peixes no local (Adaptado de PUSEY; ARTHINGTON, 2003).

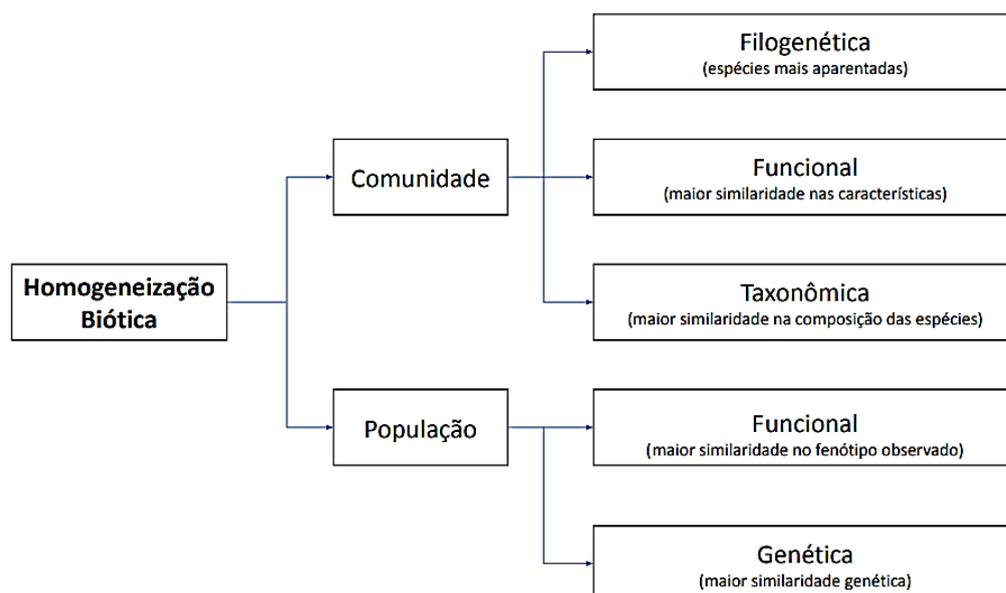
Tendo em vista a importância dessas relações, espera-se que impactos não naturais afetem negativamente as dinâmicas ecológicas desses ecossistemas, onde ações antropogênicas perturbam a estrutura da ictiofauna local (GONÇALVES; BRAGA; CASATTI, 2018). No Brasil, a intensa atividade humana, principalmente no setor agropecuário, marcou o processo de desmatamento de florestas nacionais (MORTON *et al.*, 2006). Diversos estudos já relacionaram o desmatamento dessas áreas com impactos em ecossistemas de água doce, seja na qualidade da água, diversidade de peixes, disponibilidade de alimento, sedimentação, entre outros (DOS SANTOS *et al.*, 2015).

## 1.2 HOMOGENEIZAÇÃO BIÓTICA E DIVERSIDADE

A perda de biodiversidade pode levar a uma maior similaridade em diferentes níveis entre biotas, processo conhecido como homogeneização biótica (HB), em que muitas vezes se observa a substituição de espécies especialistas por espécies

denominadas generalistas, as quais possuem uma abrangente capacidade adaptativa (MCKINNEY; LOCKWOOD, 1999).

Após as primeiras definições mais categóricas sobre HB por McKinney e Lockwood em 1999 e as investigações iniciais sobre as pressões promotoras que atuam sobre o processo (MCKINNEY; LOCKWOOD, 2001), Rahel aprofundou o tema no contexto de ecossistemas de água doce ao estudar suas evidências, causas, consequências e perspectivas futuras (RAHEL, 2002). Essas investigações iniciais tiveram como foco o processo de homogeneização taxonômica, ou seja, o aumento da semelhança na composição de espécies entre comunidades, sendo o tipo de homogeneização mais estudado até hoje (OLDEN; ROONEY; 2006). Entretanto, estudos adicionais mostraram outros tipos de HB (Figura 2), com metodologias capazes de capturar diferentes dimensões da biodiversidade (PETSCH, 2016).



**Figura 2** – Resumo dos principais tipos de homogeneização biótica em nível populacional e de comunidades (Adaptado de PETSCH, 2016).

Além da homogeneização taxonômica, outro importante ramo da HB é a homogeneização funcional em nível populacional ou de comunidades, que pode ocorrer de duas formas. A primeira delas sendo pela introdução de espécies não-nativas que possuem papéis similares no ambiente, e a segunda pelo desaparecimento de espécies nativas com funções únicas naquele ecossistema

(POOL; OLDEN, 2012).

Comunidades também podem sofrer homogeneização filogenética, ou seja, o aumento do nível de parentesco evolutivo entre as espécies encontradas no local estudado. Sob uma perspectiva filogenética, por exemplo, uma comunidade de quatro espécies da mesma família corresponde a uma comunidade menos diversa que uma com quatro espécies pertencentes a famílias distintas, quesito que não é levado em consideração sob uma perspectiva taxonômica (PETSCH, 2016).

Pode-se observar como é importante definir a perspectiva com que se analisa o processo de homogeneização por esses diferentes aspectos entendendo, por exemplo, a mudança na forma de observar uma comunidade.

Menos estudado, porém não menos importante nos estudos ecológicos, vale destacar que em nível populacional também há particularidades entre indivíduos, as quais se dão por homogeneização genética, que se dá pela redução de variabilidade genética entre indivíduos de uma população (OLDEN *et al.*, 2004).

Muitas são as causas do processo de HB em ecossistemas de água doce, com esses agentes podendo ter origem de atividades humanas ou naturais (PETSCH, 2016). Entre as principais causas antropogênicas, o processo de homogeneização biótica já foi associado à introdução de espécies invasoras no habitat (que normalmente é acompanhada da perda de espécies endêmicas), o que aumenta o número de espécies compartilhadas entre biotas e conseqüentemente eleva a homogeneização taxonômica (TOUSSAINT *et al.*, 2014). A construção de represas é outra marcante atividade humana conhecida por promover HB, cuja desestruturação de aspectos hidrológicos dos rios, como seu fluxo normal de água, altera fatores como sedimentação e disponibilidade de alimentos, perturbando a dinâmica ecológica da região e conseqüentemente a biodiversidade local (POFF *et al.*, 2007). Além disso, como já citado anteriormente, as matas ciliares estão intrinsecamente relacionadas aos ecossistemas aquáticos com que estão em contato, de forma que alterações no uso do solo trazem conseqüências à biodiversidade aquática (PUSEY; ARTHINGTON, 2003). Adicionalmente, o acelerado uso do solo para construção de centros urbanos, por exemplo, cria ambientes extremamente homogêneos, que favorecem o estabelecimento de espécies não-nativas e a perda de espécies endêmicas (MCKINNEY, 2006).

A biodiversidade é por si só um fenômeno multidimensional, extremamente

complexo, podendo ser analisada de diferentes perspectivas que pode levar a diferentes conclusões (BRUM *et al.*, 2017). Podemos estudá-la, por exemplo, pela riqueza e abundância de espécies, conhecida como diversidade taxonômica. Ela também pode ser analisada pelas propriedades relacionadas a uso de recursos, forma de alimentação e muitas outras características entre indivíduos, conhecida por diversidade funcional. Outra alternativa é a investigação da pluralidade de linhagens evolutivas, analisando a variabilidade observada no grau de parentesco entre as espécies em uma comunidade, chamada diversidade filogenética (BAGOUSSE-PINGUET, 2019).

Até pouco tempo o planejamento de políticas de conservação consistia quase completamente em estabelecer métricas direcionadas apenas para medidas de diversidade taxonômica, como a riqueza de espécies, entretanto, embora estudos envolvendo a diversidade taxonômica ainda sejam predominantes, a diversidade funcional e filogenética tem recebido cada vez mais atenção e tendo seu papel determinante na estruturação da biodiversidade cada vez mais reconhecido (STRECKER *et al.*, 2011). Estudos já mostraram, por exemplo, desacordo entre locais com alta diversidade taxonômica floral, porém baixa diversidade filogenética, sendo constituída por gêneros relativamente próximos em parentesco. Essas análises reforçam incongruências entre diversidade taxonômica e filogenética e evidenciando que ações de conservação baseados apenas na diversidade taxonômicas são insuficientes (FOREST *et al.*, 2007). Outras análises já evidenciaram a fortíssima influência das características funcionais de uma comunidade nas propriedades de um ecossistema. Muitas vezes esse tipo de diversidade se sobrepõe aos efeitos da riqueza de espécies e até mesmo exercendo influência na estruturação da diversidade taxonômica do ecossistema, ressaltando a insuficiência da abundância relativa de espécies como um anunciador efetivo da importância de uma espécie no sistema ecológica que ela habita, visto que espécies raras e em baixa abundância podem, dependendo de seus atributos funcionais, exercer papel fundamental nos processos ecológicos de um ecossistema (HOOPER *et al.*, 2005).

Mais especificamente sobre a diversidade filogenética, a menos estudada entre as três, entende-se que ela surgiu quando se observou que análises cruas de abundância e riqueza de espécies podem fornecer políticas de conservação insuficientes (VANE-WRIGHT; HUMPHRIES; WILLIAMS, 1991). Uma métrica

fundamental para a medição dessa diversidade foi criada, a diversidade filogenética, que mede a extensão de história evolutiva que conecta o conjunto taxonômico de um ecossistema (FOREST *et al.*, 2007). Esse tipo de diversidade pode normalmente ser calculada para qualquer conjunto de táxons de qualquer cladograma, desde que se consiga estabelecer o tamanho dos ramos no diagrama cladístico, onde se estipula uma matriz com a distância entre dois táxons, definida inicialmente pela soma dos comprimentos dos ramos entre eles (FAITH, 1992).

Entretanto, conforme os estudos avançaram, novas definições e maneiras de maximizar a medição da diversidade filogenética foram desenvolvidas, podendo envolver o cálculo de diversos ramos de uma árvore filogenética e conseqüentemente diversos táxons, considerando ramos basais comuns para todos os táxons analisados (RODRIGUES; GASTON, 2002). Estudos já evidenciaram que modificações em ramos de especiação culminam em uma perda de história evolutiva muito mais impactante do que a perda de ramos representando apenas linhagens de indivíduos na árvore filogenética (HEARD; MOOERS, 2000).

Também foram produzidas ferramentas capazes de comparar a diversidade funcional e filogenética (HURTADO *et al.*, 2019), por exemplo a criação de pacotes de algoritmos relacionando o sinal filogenético, ou seja, a tendência de espécies com maior grau de parentesco evolutivo serem mais semelhantes (BLOMBERG; GARLAND; IVES, 2003), utilizando aspectos funcionais previamente analisados (PARADIS; CLAUDE; STRIMMER, 2004).

#### 1.4 ESTUDO DE ZENI E COLABORADORES

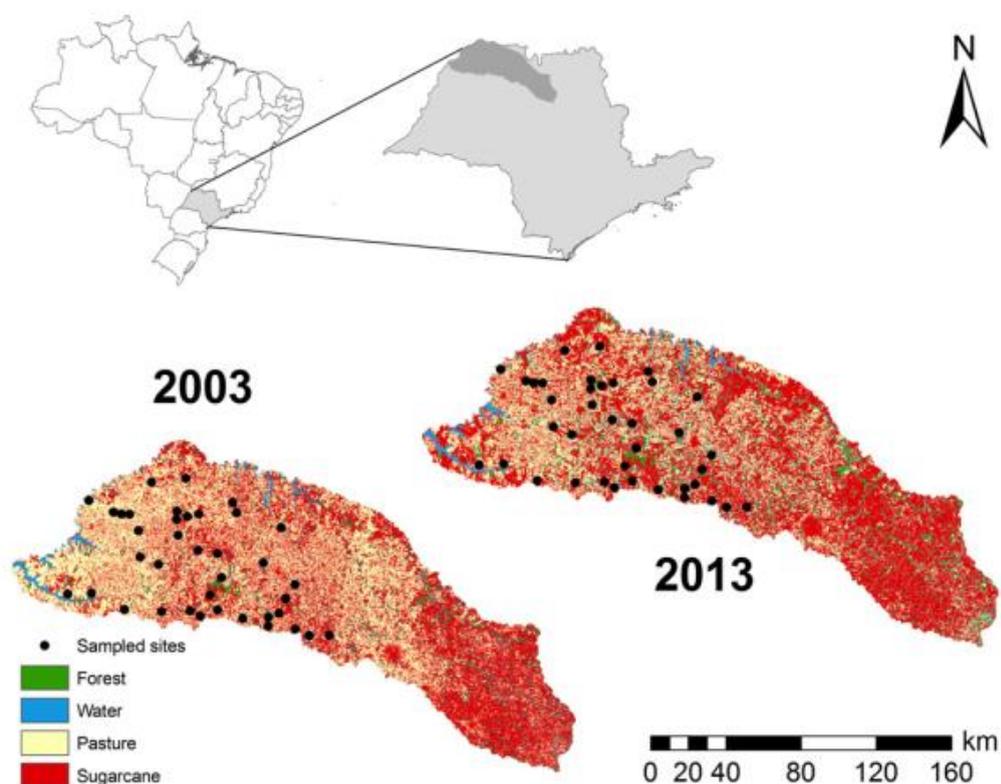
Essa seção consiste em um resumo do estudo realizado e publicado por Jaqueline O. Zeni, David J. Hoeinghaus e Lilian Casatti (ZENI; HOEINGHAUS; CASATTI, 2017), publicado em Outubro de 2017 com o nome “*Effects of pasture conversion to sugarcane biofuel production on stream fish assemblages in tropical agroecosystems.*”, sendo o artigo base para a realização desse trabalho de conclusão de curso. As informações deste segmento foram retiradas deste trabalho.

O trabalho consistiu no estudo de córregos na região Sudeste Brasileira originalmente rodeados pela vegetação da Mata Atlântica, que por séculos sofreu de diversas ações antropogênicas, com o foco nas atividades mais recentes sendo a

conversão de grande parte de áreas destinadas ao pasto em prol de atividades pecuárias para áreas de cultivo de cana-de-açúcar visando principalmente a produção de biocombustíveis.

As métricas utilizadas no estudo foram focadas em relacionar o grau de mudança ambiental na região com as modificações na diversidade taxonômica e funcional avaliadas.

Os pesquisadores quantificaram o uso da terra nas regiões dessas bacias hidrográficas, juntamente com as áreas dos córregos, mata ciliar e montagem das comunidades de peixes encontradas em 38 córregos de bacias hidrográficas localizadas em São José dos Dourados e Turvo-Grande (Figura 3), sendo coletas desses córregos realizadas em 2003 e 2013.



**Figura 3** - Área estudada e indicações dos 38 córregos (pontos pretos) investigados no estudo. Interessante reparar o evidente crescimento de plantações de cana-de-açúcar e a diminuição das áreas de pasto entre o período de 10 anos analisado (ZENI; HOEINGHAUS; CASATTI, 2017). Destaca-se também os pouquíssimos fragmentos de floresta (em verde) notados na região.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. OBJETIVO GERAL

O presente Trabalho de Conclusão de Curso tem por objetivo propor uma abordagem exploratória da diversidade filogenética das comunidades registradas no estudo de Zeni e o efeito de mudanças no uso do solo na composição dessas comunidades.

### 2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Elaboração das árvores filogenéticas das metacomunidades em 2003, 2013 e da *supertree* com a metacomunidade total das duas amostragens.
- Estruturação, cálculo e investigação de métricas de diversidade filogenética no nível regional (metacomunidades);
- Cálculo do PD (*phylogenetic diversity*) de cada um dos 38 córregos individualmente tanto em 2003 e 2013.
- Análise da relação do PD de cada córrego com as variações no gradiente ambiental deles, investigando tendências de variação na diversidade filogenética ao longo da variação ambiental.

### 3. MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1 AQUISIÇÃO DOS DADOS

Um conjunto de dados com informações referentes ao estudo base do trabalho de conclusão de curso, “Effects of pasture conversion to sugarcane for biofuel production on stream fish assemblages in tropical agroecosystems”, publicado em 2017, foi disponibilizado voluntariamente após contato com a pesquisadora principal do trabalho, Dr<sup>a</sup>. Jaqueline O. Zeni.

O banco de dados inclui as informações das coletas nos dois períodos de tempo, 2003 e 2013, com o catálogo taxonômico das espécies encontradas e as abundâncias e riqueza das mesmas nas duas escalas amostrais. O *dataset* também inclui a caracterização do gradiente ambiental dos 38 córregos, quantificados em escala local e regional, com informações referentes à composição da área ao redor dos rios (entre floresta, pasto, cana-de-açúcar e outros), além da presença de gramíneas, arbustos e árvores. Também foram registrados dados da estrutura dos córregos, com a presença de *pools*, *riffles* e *runs*, a composição entre sedimentos consolidados ou não consolidados e características como profundidade, volume, comprimento, área, velocidade da água.

#### 3.2 PRÉ-PROCESSAMENTO DOS DADOS E MONTAGEM DA ÁRVORE FILOGENÉTICA

A montagem da árvore filogenética foi realizada utilizando o pacote *FishPhyloMaker* versão 0.2.0 no R, um programa cuja função *FishTaxaMaker* realiza a checagem da classificação taxonômica das espécies fornecidas. Este passo é importante no trabalho visto que o registro das espécies no *dataset* foi feito em dois períodos diferentes e mesmo no estudo mais recente, em 2013, encontram-se espécies que hoje são citadas com outra nomenclatura. Por fim, utilizamos a função que estrutura a filogenia de peixes ósseos, chamada *FishPhyloMaker* (NAKAMURA et al., 2021), que insere e remove as espécies providenciadas pelo usuário na árvore a partir de uma filogenia de referência.

### 3.3 MÉTRICAS PARA ANÁLISE DA DIVERSIDADE FILOGENÉTICA

Com a árvore filogenética devidamente montada, aliada com outras informações fornecidas pelo *dataset* do estudo de Zeni em 2017 (como abundância e riqueza de espécies nas comunidades), para essa análise exploratória foram extraídos dos dados gerados algumas das principais métricas utilizadas na análise da diversidade filogenética de comunidades. As métricas foram calculadas utilizando os pacotes *geiger* v. 2.0.10 e *picante* 1.8.2.

#### 3.3.1 *Phylogenetic diversity (PD)*

Principal variável em estudos de diversidade filogenética, se dá pelo resultado da soma da distância entre os ramos que ligam todas as espécies presentes na árvore na comunidade, podendo ser obtida entre qualquer grupo de espécies em qualquer cladograma (FAITH, 1992).

#### 3.3.2 *Phylogenetic Species Variability (PSV)*

Métrica que varia de 0 a 1 e indica o comprimento dos ramos não compartilhados entre espécies, onde o valor 1 sugere a máxima variabilidade (filogenia em estrela), onde nenhuma espécie é aparentada, enquanto o valor 0 indica mínima variabilidade. Essa métrica é obtida apenas da filogenia, com características da comunidade como abundância e riqueza não sendo relevantes (HELMUS et al., 2007).

#### 3.3.3 *Phylogenetic Species Richness (PSR)*

Métrica que é calculada multiplicando-se a riqueza das espécies na comunidade (ou seja, a quantidade de espécies identificadas) pelo PSV (*Phylogenetic Species Variability*) na comunidade, outra métrica que também será calculada. Essa métrica apresenta relação proporcional à riqueza encontrada nas comunidades, porém considerando-se também a proximidade evolutiva entre as espécies da árvore. (Helmus et al., 2007).

### **3.3.4 *Species Evolutionary Distinctiveness (ED)***

Medida do nível de distinção evolutiva na árvore de cada espécie, ou seja, quanto de história evolutiva cada espécie possui em termos de fração de ramos não compartilhados na árvore, indicando a importância evolutiva de uma espécie por sua exclusividade na árvore. Esse método pode ser agregado com a probabilidade de extinção de cada espécie para análise específica do significado genético e evolutivo da perda daquela espécie na biodiversidade do planeta. (REEDING E MOOERS, 2006).

### **3.3.5 *Mean Pairwise Distance (MPD)***

Calcula entre pares de espécies da árvore a distância média de parentesco de uma comunidade, podendo essa métrica ser calculada considerando-se ou não a abundância das espécies na comunidade, no presente trabalho essa métrica foi calculada das duas formas (SILVA et al., 2022).

### **3.3.6 *Mean Nearest Taxon Distance (MNTD)***

Calcula a média de parentesco em história evolutiva das espécies entre os vizinhos mais próximos de uma comunidade, fornecendo uma medida de relação entre táxons próximos sem considerar o enraizamento da árvore em seu nível de maior profundidade (WEBB et al., 2002). Também pode ser calculado considerando-se ou não a abundância das espécies na comunidade e, novamente, foi-se calculada a métrica das duas formas.

## **3.4 ANÁLISE DE REGRESSÃO MÚLTIPLA**

Uma hipótese do trabalho se dá por associar uma relação entre modificações no uso do solo e diminuição no PD das comunidades. Para isso foi realizada uma regressão linear múltipla, com *post-hoc* de Shapiro-Wilk, Durbin-Watson e Breusch-Pagan para analisar a relação entre o PD individual de cada córrego (variável

resposta) com os gradientes ambientais do estudo referentes ao uso do solo, referentes à composição das áreas ao redor dos córregos, divididos nas variáveis explicativas *Forest*, *Pasture*, *Sugarcane* e *Others* . Para isso foram utilizados os pacotes *car* v.3.1.0 e *lmtest* v.0.9.40 no R.

### 3.5 DIAGNÓSTICO E VISUALIZAÇÃO DOS DADOS

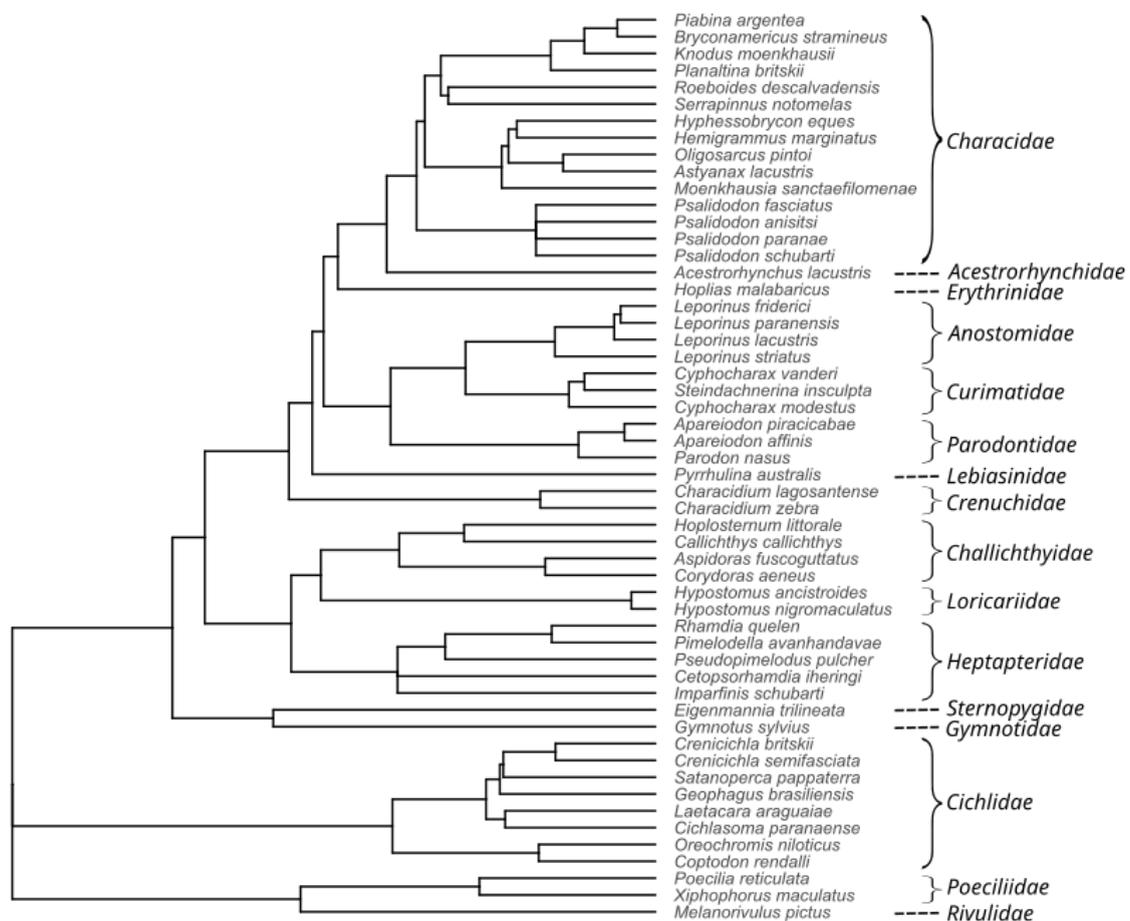
A análise dos resultados, gráficos gerados e etapas correlacionadas foram performadas usando os pacotes *ggtree* v.3.2.1, *ggplot2* v.3.3.6, *corrgram* v.1.14 e *factoextra* v.1.0.7 pelo RStudio no R versão 4.1.2 (<https://www.r-project.org/>).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 MONTAGEM DAS ÁRVORES FILOGENÉTICAS

A construção da filogenia se deu pela estruturação de três árvores filogenéticas, uma para a metacomunidade na coleta de 2003 (denominada como árvore T0), que apresentou 47 espécies (7 das quais exclusivas dessa coleta), outra para a registrada em 2013 (denominada como árvore T10), com riqueza de 44 espécies (10 das quais exclusivas dessa coleta), e uma última com o conjunto de espécies encontradas em ambas as coletas (nomeada como árvore bitemporal), com um total de 54 espécies distintas.

A etapa seguinte, a construção da árvore pela função *PhyloMaker*, também foi bem-sucedida, dado que todas as 54 espécies foram reconhecidas e inseridas na árvore, com 16 famílias destacadas, como pode ser visto na Figura 4.



**Figura 4** - Árvore bitemporal gerada para a comunidade dos córregos nas coletas de 2003 e 2013, contendo 54 espécies com 10 famílias destacadas. Destacados por linhas pontilhadas estão os indivíduos que são os únicos representantes da referida família na filogenia (Elaborado pelo autor).

Outro ponto importante a se destacar é a predominância na filogenia das ordens Characiformes, Gymnotiformes e Siluriformes, seguindo a tendência de serem as ordens predominantes em ecossistemas aquáticos continentais na América do Sul, na árvore em questão abrangendo 43 das 54 espécies, representando cerca de 79,63% da riqueza da comunidade. As outras 11 espécies se dividem por outras 2 ordens, Perciformes, com 8 representantes e Cyprinodontiformes, com 3.

#### 4.2 MÉTRICAS DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA

Para a obtenção das métricas primeiramente foi necessária a criação de um *dataframe* com o nome das espécies na mesma ordem em que elas aparecem nas árvores filogenéticas. A partir desse *dataframe* gerado e das árvores resultantes da

etapa anterior, as seis métricas alvo do estudo foram calculadas no nível de metacomunidades (PD, PSR, MPD, MNTD, PSV e ED). A Tabela 1 mostra um resumo das 5 primeiras variáveis. Os resultados referentes à árvore bitemporal foram registrados como um ponto de referência de como seriam os resultados abrigoando toda a biodiversidade encontrada na região nos dois períodos, com as análises comparativas sendo focadas, portanto, entre as árvores T0 e T10.

Métrica	Árvore T0	Árvore T10	Árvore bitemporal
<b>PD</b>	2791.220	2718.706	2995.986
<b>PSR</b>	33.66878	31.83378	38.62728
<b>MPD (sem abundância)</b>	237.3031	239.6677	236.9596
<b>MPD (com abundância)</b>	197.5965	223.6330	216.8467
<b>MNTD (sem abundância)</b>	77.70831	82.89386	72.50764
<b>MNTD (com abundância)</b>	78.35074	72.95861	67.37989
<b>PSV</b>	0.7163569	0.7234949	0.7153200

**Tabela 1** - Resumo dos resultados das métricas calculadas, com os respectivos valores para a coleta dos dados de 2003 (Árvore T0), 2013 (Árvore T10) e o conjunto das duas coletas (Árvore bitemporal) para *Phylogenetic Diversity* (PD), *Phylogenetic Species Richness* (PSR), *Mean Pairwise Distance* (MPD), *Mean Nearest Taxon Distance* (MNTD) e *Phylogenetic Species Variability* (PSV) (Elaborado pelo autor).

A primeira métrica, PD, mostrou a metacomunidade T0 com maior diversidade filogenética, ou seja, com uma maior soma no comprimento dos ramos que ligam todas as espécies, indicando que ali se apresentou uma maior quantidade de história evolutiva em uma visão geral. Esse resultado se deu dentro do esperado visto que PD é uma métrica normalmente relacionada com a riqueza de espécies em uma comunidade e, como visto anteriormente, a árvore T0 apresentou maior riqueza se comparada à árvore T10 (47 e 44 espécies, respectivamente). Um ponto importante a se ressaltar é que, embora haja essa diferença na riqueza entre T0 e T10 de 3 espécies isso não significa a simples ausência de 3 espécies entre uma amostra e outra, mas sim diferenças das espécies que compõe a comunidade em cada coleta, visto que 10 e 7 espécies foram exclusivamente encontradas nas coletas de 2003 e 2013, respectivamente.

PSR, que inclui um nível de parentesco evolutivo junto da riqueza de espécies em uma comunidade, também se mostrou maior na comunidade T0 do que em T10, também sendo coerente com a expectativa de ser correlacionada com a riqueza das

espécies.

Esse dado também se mostrou condizente com os resultados da métrica PSV, que mostrou uma variação muito pequena entre as metacomunidades (0,7163569 para T0 e 0,7234949 para T10). Sabendo que PSR se dá pelo valor de PSV multiplicado pela riqueza de espécies, com valores tão próximos se espera que a diferença na riqueza entre comunidades foi o fator principal no maior PSR em T0 se comparado a T10 (33,66 para T0 e 31,83 para T10).

Calculada a matriz de distância filogenética em PD, pode-se obter na métrica MPD qual a distância média na comunidade entre pares de espécies, ou seja, é possível observar qual comunidade tem um conjunto de espécies mais aparentado. Essa métrica pode ser calculada considerando-se ou não a abundância de cada espécie na comunidade, onde como pode-se observar na Tabela 2, a comunidade em T10 apresenta composição levemente mais aparentada que T0 (237,30 milhões de anos de média para T0 e 239,66 para T10).

A proximidade observada nos valores era esperada considerando que comparando as comunidades em T0 e T10 os valores individuais filogenéticos de cada espécie se modificaram muito pouco e, mesmo espécies exclusivas entre cada comunidade apresentaram valores de distintividade evolutiva semelhantes. Por exemplo, as 37 espécies que aparecem tanto em T0 quanto em T10 possuem uma média de 61,81 e 64,54 milhões de anos de distintividade evolutiva por espécie, respectivamente.

A variação do ED dessas espécies que se repetem em T0 e T10 também se deu de maneira discreta, com uma média de apenas 2,73 milhões de anos. Já comparando as médias das espécies exclusivas de T0 ou T10 um alto grau de proximidade se mantém, com valores calculados de 52,72 e 53,29 milhões de anos, respectivamente. Essa análise sustenta os valores próximos de MPD das duas comunidades e o número levemente superior encontrado na comunidade em T10, o que conseqüentemente diminui o grau de parentesco da comunidade, embora de maneira bastante discreta.

Já quando a abundância teve peso atribuído, observou-se uma diferença muito mais acentuada entre as metacomunidades, com especial aumento na média de distância evolutiva entre espécies na comunidade T0 (197,59 milhões de anos para T0 e 223,63 para T10). Os resultados foram extremamente interessantes, ainda mais

juntando-se às observações de dinâmicas envolvendo espécies não-nativas que fazem parte da comunidade, em especial *P. reticulata*, mostrando o impacto de espécies invasoras de alta distintividade evolutiva na investigação filogenética de uma comunidade tanto em sua presença ou ausência, mas também em sua abundância relativa.

Em uma comparação de duas comunidades com valores tão similares tanto da metacomunidade como um todo quanto nos valores individuais evolutivos de cada espécie, a abundância relativa se tornou um fator primordial na substancial diferença encontrada entre T0 e T10 no MPD que considera a abundância juntamente da riqueza de espécies. *P. reticulata*, que já tinha uma abundância extremamente expressiva de cerca de 16% da metacomunidade em 2003, subiu para 37% em 2013. Mesmo em 2013, valha ressaltar, tenha sido identificada uma espécie não-nativa, *X. maculatus*, que se mostrou, entre todas as 54 espécies, a mais próxima evolutivamente de *P. reticulata*, diminuindo substancialmente sua distintividade evolutiva de T0 para T10 (de mais de 128 milhões de anos para 86,84), a diferença abrupta na abundância de uma espécie não-nativa, de alta distinção evolutiva e responsável por altíssima parte da composição numérica da comunidade amostrada fez com que não houvesse uma grande diferença no MPD com ou sem abundância em T10, mas quando a abundância se deu por um número bem menor, como em T0, a espécie perdeu considerável relevância no quadro geral da métrica, e a comunidade se tornou mais aparentada (aos olhos dessa métrica).

Já calculando-se o MNTD, ou seja, o valor médio de parentesco não entre todos os pares da comunidade, mas sim apenas entre o vizinho mais próximo na respectiva filogenia, se observou um resultado diferente. Também podendo ser calculado atribuindo ou não peso à abundância das espécies na comunidade, houve diferença na comparação final entre as duas árvores. Quando a abundância não foi fator de impacto no cálculo, a comunidade em T0 apresentou espécies menos aparentadas, embora com não muita diferença, com uma média de distância de 77,70 milhões de anos em comparação com os 82,89 milhões na comunidade registrada em T10. Já quando a abundância teve peso na métrica a comunidade em T0 se mostrou menos aparentada, embora, seja importante observar, principalmente por uma considerável queda na média de distância em T10 (que passou a ser de 72,95 milhões de anos), visto que não houve uma mudança muito significativa no valor de MNTD para a

comunidade T0 (que passou a ser de 78,35 milhões de anos).

Essa queda pode ser interpretada por alguns pontos. Primeiramente pela identificação em T10 de uma espécie não-nativa, *X. maculatus*, que diminuiu substancialmente a espécie de maior distintividade evolutiva em T0, *P. reticulata* (de mais de 128 milhões de anos para 86,84). Além do fato dessa espécie ter “recebido” um parente próximo se comparado aos demais peixes da comunidade, as altas abundâncias de espécies de ED baixo provavelmente propulsionaram essa expressiva queda no MNTD de T10.

Vale ressaltar que apesar dos resultados consistentes entre métricas, essas análises em nível de metacomunidade não geram comparações estatisticamente assertivas. Isso se dá pelo fato de se ter apenas uma metacomunidade em T0 e uma para T10, fazendo com que seja necessária cautela nas interpretações.

Os cálculos referentes ao ED (Species Evolutionary Distinctiveness) das espécies nas filogenias também foram realizados, como mostrado na Tabela 2, permitindo uma ampla gama de observações.

Espécies T0 (1-24)	ED T0 (1-24)	Espécies T0 (25-47)	ED T0 (25-47)	Espécies T10 (1-24)	ED T10 (1-24)	Espécies T10 (25-44)	ED T10 (25-44)
<i>Poecilia reticulata</i>	128.52	<i>Hypostomus ancistroides</i>	52.70	<i>Melanorivulus pictus</i>	128.52	<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	52.70
<i>Melanorivulus pictus</i>	128.52	<i>Moenkhausia sanctaefilomenae</i>	52.14	<i>Gymnotus sylvius</i>	121.72	<i>Hypostomus ancistroides</i>	52.70
<i>Gymnotus sylvius</i>	121.72	<i>Psalidodon paranae</i>	50.34	<i>Eigenmannia trilineata</i>	121.72	<i>Moenkhausia sanctaefilomenae</i>	52.14
<i>Eigenmannia trilineata</i>	121.72	<i>Psalidodon fasciatus</i>	50.34	<i>Characidium zebra</i>	112.46	<i>Psalidodon schubarti</i>	50.34
<i>Pyrrhulina australis</i>	100.43	<i>Apareiodon piracicabae</i>	50.21	<i>Pyrrhulina australis</i>	100.43	<i>Psalidodon fasciatus</i>	50.34
<i>Imparfinis schubarti</i>	89.30	<i>Parodon nasus</i>	50.21	<i>Imparfinis schubarti</i>	89.30	<i>Psalidodon anisitsi</i>	50.34
<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	89.30	<i>Crenicichla britskii</i>	49.67	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	89.30	<i>Parodon nasus</i>	50.21
<i>Hoplias malabaricus</i>	87.38	<i>Satanoperca pappaterra</i>	49.67	<i>Hoplias malabaricus</i>	87.38	<i>Apareiodon affinis</i>	50.21
<i>Acestrorhynchus lacustris</i>	78.30	<i>Pimelodella avanhandavae</i>	49.25	<i>Poecilia reticulata</i>	86.94	<i>Steindachnerina insculpta</i>	41.53
<i>Oreochromis niloticus</i>	73.38	<i>Rhamdia quelen</i>	49.25	<i>Xiphophorus maculatus</i>	86.94	<i>Cyphocharax vanderi</i>	41.53
<i>Coptodon rendalli</i>	73.38	<i>Leporinus striatus</i>	45.33	<i>Acestrorhynchus lacustris</i>	78.30	<i>Crenicichla britskii</i>	40.79
<i>Pseudopimelodus pulcher</i>	71.74	<i>Cyphocharax modestus</i>	43.53	<i>Geophagus brasiliensis</i>	72.36	<i>Crenicichla semifasciata</i>	40.79
<i>Characidium zebra</i>	71.07	<i>Planaltina britskii</i>	43.48	<i>Rhamdia quelen</i>	71.74	<i>Hyphessobrycon eques</i>	40.36
<i>Characidium lagsantense</i>	71.07	<i>Hemigrammus marginatus</i>	40.36	<i>Pseudopimelodus pulcher</i>	71.74	<i>Hemigrammus marginatus</i>	40.36
<i>Callichthys callichthys</i>	65.93	<i>Hyphessobrycon eques</i>	40.36	<i>Cichlasoma paranaense</i>	71.68	<i>Knodus moenkhausii</i>	39.16
<i>Hoplosternum littorale</i>	65.93	<i>Astyanax lacustris</i>	34.40	<i>Laetacara araguaiae</i>	71.68	<i>Leporinus lacustris</i>	37.70
<i>Geophagus brasiliensis</i>	60.13	<i>Oligosarcus pintoii</i>	34.40	<i>Hoplosternum littorale</i>	65.93	<i>Leporinus friderici</i>	37.70
<i>Serrapinnus notomelas</i>	59.98	<i>Steindachnerina insculpta</i>	30.919	<i>Callichthys callichthys</i>	65.93	<i>Oligosarcus pintoii</i>	34.40
<i>Cichlasoma paranaense</i>	59.44	<i>Cyphocharax vanderi</i>	30.919	<i>Serrapinnus notomelas</i>	56.68	<i>Astyanax lacustris</i>	34.40
<i>Laetacara araguaiae</i>	59.44	<i>Knodus moenkhausii</i>	30.910	<i>Roeboides descalvadensis</i>	56.68	<i>Piabina argentea</i>	24.50
<i>Corydoras aeneus</i>	55.50	<i>Leporinus paranensis</i>	27.18	<i>Satanoperca pappaterra</i>	55.79	<i>Bryconamericus stramineus</i>	24.50
<i>Aspidoras fuscoguttatus</i>	55.50	<i>Leporinus friderici</i>	27.18	<i>Corydoras aeneus</i>	55.50		
<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	52.70	<i>Bryconamericus stramineus</i>	20.38	<i>Aspidoras fuscoguttatus</i>	55.50		
		<i>Piabina argentea</i>	20.38				

**Tabela 2** - Espécies da árvore T0 e T10 e seus respectivos valores de ED em ordem decrescente. Nesse caso, por exemplo, *Melanorivulus pictus* é a espécie com maior ED, com 128,52 milhões de anos de fração da árvore atribuída somente a ela, ou seja, esse é o valor dos ramos exclusivos dessa espécie na árvore (Elaborado pelo autor).

ED também foi calculada e uma ampla gama de informações pode ser tirada de seus resultados. As espécies de maior ED, portanto sendo as mais isoladas evolutivamente nas filogenias em questão foram *Melanorivulus pictus*, *Gymnotus sylvius* e *Eigenmannia trilineata* em T10, com 128,52, 121,72 e 121,72 milhões de anos respectivamente de história evolutiva isolada. Já em T0 essas mesmas espécies foram a de maior ED com o mesmo valor se repetindo, porém com a presença de mais uma espécie entre os maiores valores de ED, *Poecilia reticulata* com o mesmo valor de *Melanorivulus pictus*, 128,52 milhões de anos.

Já as espécies de menor especificidade evolutiva em T10 foram *Oligosarcus pintoii* e *Astyanax lacustris*, com valor de 34,40 milhões de anos, e *Piabina argentea* e *Bryconamericus stramineus*, com 24,50 milhões de anos. Em T0 as espécies de menor valor foram *Leporinus paranaensis* e *Leporinus friderici*, com 27,18 milhões de anos e novamente *Piabina argentea* e *Bryconamericus stramineus*, mas que dessa vez apresentaram variação no valor de ED em relação a T10, possuindo um valor um pouco menor, de 20,38 milhões de anos.

Se formos analisar algumas dessas espécies relacionando-as com as suas respectivas abundâncias quantificadas em T0 algumas constatações interessantes podem ser feitas. Por exemplo, *Poecilia reticulata*, a espécie de maior ED em T0 foi a espécie com crescimento de abundância mais expressiva entre as amostragens, com 1199 espécimes quantificadas em 2003 e 2651 espécimes em 2013, apresentando mais do dobro de abundância. Essa espécie é caracterizada por ser generalista espalhada ao longo do planeta, sendo considerada uma peste e com diversos relatos de países notificando impactos ecológicos após introdução dessa espécie (SASANAMI *et al.*, 2021). Outro ponto importante a se observar envolvendo *P. reticulata* é a identificação em T10 de *X. maculatus*, outra espécie não-nativa e mais aparentada de *P. reticulata*, diminuindo substancialmente seu ED de T0 para T10.

Tratando-se de espécies não generalistas, uma a se ressaltar uma mudança significativa é *Characidium zebra*, com ED de 71,07 em T0 e 112,47 em T10 pela não identificação na segunda amostra da espécie *C. lagosantense*, espécie mais aparentada de *C. zebra* entre todas as espécies encontradas.

É fundamental reforçar o ponto de que uma espécie filogeneticamente isolada que obteve expressivo crescimento de abundância, porém um alto ED não é uma

regra para aumento de abundância e nem uma regra para a espécie ser generalista, visto que *Melanorivulus pictus*, a outra espécie de maior ED, porém com variação inexpressiva em abundância (de 5 para 8 indivíduos entre T0 e T10), é uma espécie endêmica da região, mais especificamente da bacia do rio Paraná (YWAMOTO; NIELSEN; OLIVEIRA, 2020).

#### 4.3 ANÁLISE DO PD DE CADA CÓRREGO INDIVIDUALMENTE

O PD de cada um dos 38 córregos em T0 e T10 foi calculado, como pode-se observar na Tabela 3. Esses valores foram então cruzados com *datasets* contendo informações das espécies, características ambientais, riqueza de espécies individuais de cada córrego para investigação de possíveis explicações sobre as variações encontradas.

CÓRREGO	PD T0	PD T10	CÓRREGO	PD T0	PD T10
R3	846.85	863.73	R27	1331.58	806.74
R5	626.49	685.90	R31	1333.26	1151.63
R6	923.36	853.36	R34	1609.72	1475.16
R8	1152.75	342.63	R37	975.01	701.35
R9	689.83	776.02	R38	1313.01	863.81
R10	1177.67	947.54	R40	425.08	928.12
R11	1150.83	927.17	R41	895.44	753.17
R12	798.28	663.98	R43	461.73	719.54
R13	1407.79	1349.73	R44	868.44	1127.62
R14	831.02	890.44	R45	1071.93	1184.96
R16	1248.31	933.06	R46	1081.89	1125.55
R17	908.39	1068.36	R47	833.63	551.23
R18	798.28	685.90	R48	1169.84	1043.87
R21	1118.75	1230.23	R49	706.77	614.61
R22	724.60	758.55	R51	569.25	571.73
R23	1104.36	1016.64	R53	506.08	640.53
R24	1399.57	417.45	R54	1261.49	1287.97
R25	792.79	890.26	R55	675.79	551.58

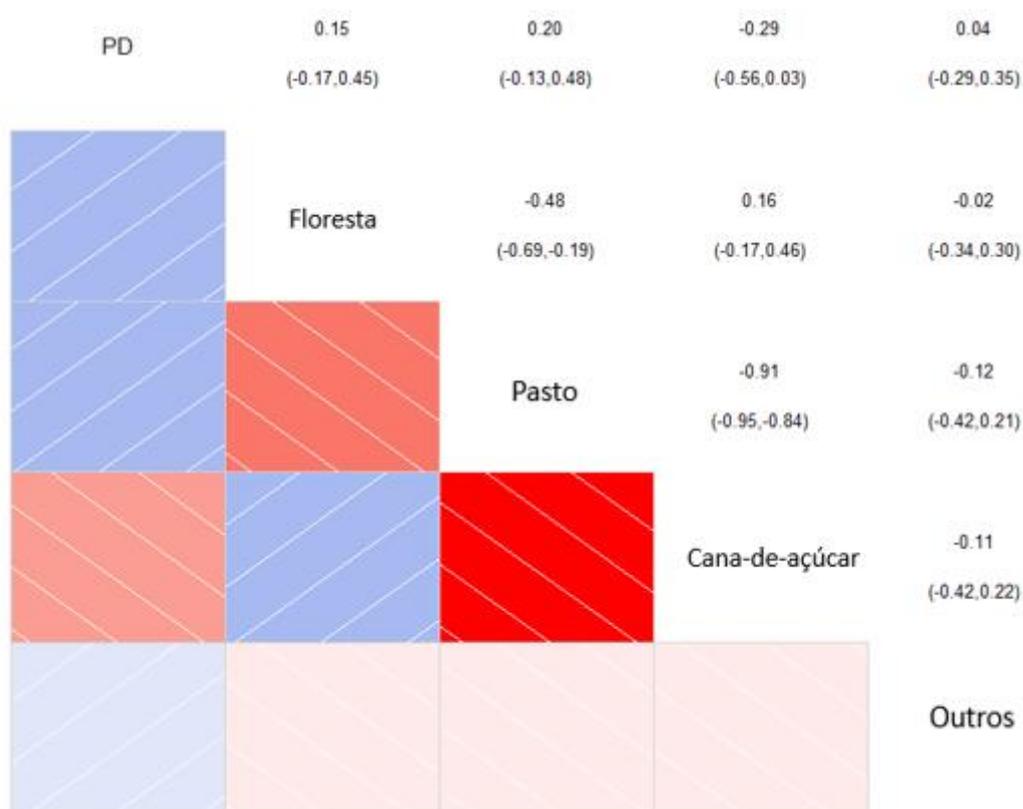
**Tabela 3** – *Phylogenetic diversity* (PD) de cada córrego individualmente em T0 e T10 (Elaborado pelo autor).

Seguindo o que é observado na maioria dos estudos de diversidade filogenética, uma alta relação entre a riqueza de espécies no córrego e o PD calculado pôde ser observada tanto em T0 quanto T10 com a realização de uma regressão linear

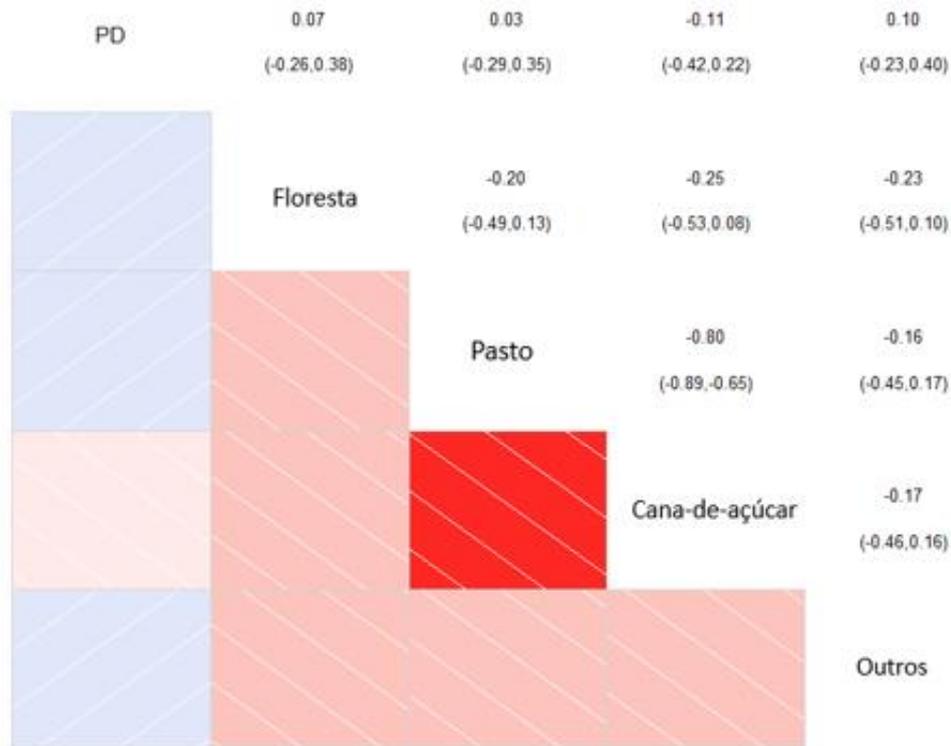
simples, atestada pelo coeficiente de correlação de Pearson (0.96 em T0 e 0.95 em T10).

#### 4.3.1 Correlação entre PD e variáveis ambientais de uso do solo

A regressão linear múltipla entre PD e variáveis ambientais em T0 (F 1,308; p-value 0.287) e T10 (F 0.211; p-value 0.930) indicou que não foi possível explicar a variação de PD com essas variáveis. Com o intuito de explorar essas relações, foram elaborados correlogramas da correlação de Pearson entre as variáveis, como pode-se observar nas Figuras 5 e 6.



**Figura 5** – Correlograma entre PD e gradientes de uso do solo em T0 (Elaborado pelo autor). Intervalo de confiança entre parênteses.



**Figura 6** – Correlação entre PD e gradientes de uso do solo em T10 (Elaborado pelo autor). Intervalo de confiança entre parênteses.

Embora os modelos de maneira geral não apresentem correlações fortes (estão abaixo de 0.7), algumas observações podem ser feitas. Mesmo de forma leve, em T0 (principalmente) e em T10 as associações se mostraram positivas entre PD e Floresta, enquanto as atividades agropecuárias mostram tendências negativas. Outro ponto a se ressaltar é a esperada forte relação negativa entre pasto e cana, justamente as áreas que sofreram de maneira mais intensa o processo de conversão de uso no período de 10 anos do estudo.

Além disso, pode-se observar de T0 para T10 uma queda na maioria das associações entre os gradientes e PD. Uma possibilidade para isso é que esse constante processo de modificação do solo causam eventos que geram efeitos em cascata, interferem em todo o funcionamento do ecossistema e deixam a relação gradiente/diversidade cada vez mais complexas e de difícil rastreamento (LAMBIN *et al.*, 2001).

#### 4.3.2 PD: a métrica absoluta para determinar políticas de conservação visando preservação de diversidade filogenética?

Seria o PD, sendo a principal, mais usada e conhecida métrica de diversidade, a referência para definir um habitat prioritário para conservação em uma perspectiva evolutiva? Uma análise holística contraria essa ideia, ou seja, aquela além da simples visualização dos córregos com maior PD, contraria isso. Mesmo um PD alto sendo normalmente um indicativo de um valor relativo maior de riqueza na região estudada, ela pode ser um indicativo de área de interesse de conservação, mas não uma métrica que pode definir esse plano apenas por si.

Um córrego como PD alto, por exemplo, não necessariamente é o melhor para preservação a longo prazo da história evolutiva de uma região se comparado a um córrego de PD menor. Espécies não-nativas, que muitas vezes impactam profundamente a composição da comunidade que invadem, frequentemente possuem uma distinção evolutiva alta se comparada às espécies já comumente da região e que são naturalmente mais aparentadas. No caso do estudo em questão, por exemplo, 4 das 5 espécies não-nativas (*C. rendalli*, *O. niloticus*, *P. reticulata* e *X. maculatus*) estão no terceiro quartil de ED na composição geral de espécies encontradas em cada comunidade.

Uma região, portanto, com maior PD e riqueza, mas tendo seu PD “inflacionado” por essas espécies altamente distintas evolutivamente e que trazem risco ao seguimento da sobrevivência das outras espécies especialistas/endêmicas no córrego, podem fazer ser uma região menos interessante para o foco em uma política de conservação, se comparado a um córrego de PD e riqueza menor, mas composto com espécies nativas, com uma maior propensão de se manterem a longo prazo todas as espécies ali presentes. O PD, portanto, é fundamental e um bom indicativo, porém se mostra insuficiente para uma medida assertiva se não correlacionado e investigado junto a outras métricas de diversidade filogenética.

## 5. CONCLUSÃO E PERSPECTIVAS FUTURAS

As tentativas de uma abordagem de aspectos da diversidade filogenética aos dados do estudo de Zeni e colaboradores foram bem-sucedidas no que se diz respeito à construção das filogenias, definição, estruturação e cálculo de algumas das principais métricas de estudos de diversidade filogenética e o cruzamento dessas informações com aspectos do gradiente ambiental e abundância e riqueza de espécies encontradas. Entretanto, cravar a relação dessas métricas com o avanço das modificações recentes ambientais na floresta ou determinar um potencial processo de homogeneização filogenética nessas comunidades é uma questão que requer ressalvas.

Um passo importante para a manutenção da biodiversidade atual e um correto estudo dela nos tempos que virão é a constante renovação de estudos desse tipo, acompanhando as mudanças encontradas na biodiversidade da região em nível taxonômico, funcional e filogenético ao longo do tempo para que medidas de políticas públicas de preservação sejam cada vez mais efetivas.

Mais especificamente sobre os dados do estudo, mesmo considerando esses pontos anteriores a análise comparativa entre os dados de 2003 e 2013 deve ser feita com cautela. Apesar das métricas resultantes da filogenia dos dados de 2003 apresentarem em sua maioria indicadores maiores de diversidade filogenética em relação aos dados de 2013, alguns pontos precisam ser levantados.

Primeiramente, grande parte dessas métricas apresentaram valores maiores pela diferença de riqueza encontrada nos dois períodos, onde em 2003 3 espécies a mais foram catalogadas em relação a 2013 (47 em 2003 e 44 em 2013). Como a riqueza muitas vezes está atrelada com um maior valor de diversas métricas, visto que um maior número de espécies muitas vezes é correlacionado com uma maior quantidade relativa de história evolutiva na árvore, impactando os valores das métricas, esse resultado era esperado.

Entretanto, é fundamental que mais coletas sejam feitas, de maneira mais padronizada e constante, a fim de realmente acompanhar uma suposta diferença de riqueza ao longo de uma escala temporal, e não dada pelo acaso no momento das respectivas coletas. Ainda mais ressaltando-se o fato de que essa diferença de 3 espécies entre 2003 e 2013 não se dá pela simples ausência de 3 espécies encontradas. Dentro das coletas de 2003 e 2013 existe uma sobreposição de 37

espécies iguais, porém 10 espécies foram exclusivas de 2003 e 7 espécies exclusivamente encontradas em 2013.

Ainda assim, em um cenário onde se identifique uma diminuição na riqueza dessas metacomunidades, ainda é difícil afirmar que essa diferença de riqueza e consequente diminuição da diversidade filogenética se dá especificamente pela mudança recente da estrutura das matas próximas aos córregos, com a transformação das áreas de pasto para áreas de cultivo de cana de açúcar. Como foi mostrado pelas análises de componentes principais, o gradiente ambiental dos córregos é extremamente complexo. Uma gama multivariada de propriedades influencia a estruturação desses córregos e, embora a alteração dessas matas seja um dos fatores, a tendência que normalmente se observa em estudos ecológicos, onde os fatores determinantes na alteração da biodiversidade em um ecossistema raramente são atribuídos a apenas um fenômeno, é mantida também nesse projeto.

Apesar das ressalvas, a realização do estudo fez importantes complementações ao valioso estudo de Zeni. Mesmo as abordagens filogenéticas no estudo da biodiversidade estarem sendo cada vez mais valorizadas, ainda são menos expressivas em relação aos estudos de diversidade taxonômica e funcional. Somente com uma abordagem holística, integrando todas as perspectivas de biodiversidade dos ecossistemas, uma análise cada vez mais assertiva dos impactos que essas regiões estão sofrendo poderão ser feitas e políticas de conservação mais eficazes poderão ser elaboradas.

## 6. REFERÊNCIAS

- ABRO, N. A. et al. Diversity of freshwater fish in the lower reach of Indus river, Sindh province section, Pakistan. **Egyptian Journal of Aquatic Biology and Fisheries**, v. 24, p.243-265, 2020.
- ALBERT, J.; PETRY, P.; REIS, R. Major biogeographic and phylogenetic patterns. **Univ of California Press**, p. 21–58; 119–136, 2011.
- ALBERT, J. S.; TAGLIACOLLO, V. A.; DAGOSTA, F. Diversification of neotropical freshwater fishes. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 51, n. 1, p. 27–53, 2020.
- ANTONELLI, A. The rise and fall of Neotropical biodiversity. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 199, n. 1, p. 8–24, 2021.
- ARBOUR, J.; LÓPEZ-FERNÁNDEZ, H. Continental cichlid radiations: functional diversity reveals the role of changing ecological opportunity in the neotropics. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 283, 2016.
- BAGOUSSE-PINGUET, Y. L. et al. Phylogenetic, functional, and taxonomic richness have both positive and negative effects on ecosystem multifunctionality. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 116, 2019.
- BASTOS, F.; FERREIRA, F.; ESTEVES, K. E. Assessing the importance of the riparian zone for stream fish communities in a sugarcane dominated landscape (Piracicaba River basin, southeast Brazil). **Environmental Biology of Fishes**, v. 98, 2015.
- BLOMBERG, S.; GARLAND, T.; IVES, A. Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. **Evolution**, v. 57, p.717-745, 2003.
- BRANNSTROM, C. Coffee labor regimes and deforestation on a brazilian frontier, 1915–1965. **Economic Geography**, v. 76, p.326-346, 2000.
- BRUM, F. et al. Global priorities for conservation across multiple dimensions of mammalian diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, 2017.
- FAITH, D. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. **Biological Conservation**, v. 61, p.1-10, 1992.
- FONSECA, G. The vanishing brazilian Atlantic Forest. **Biological Conservation**, v. 34, p.17-34, 1985.
- FOREST, F. et al. Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. **Nature**, v. 445, p.757-760, 2007.
- GONÇALVES, C.; BRAGA, F.; CASATTI, L. Trophic structure of coastal freshwater stream fishes from an Atlantic rainforest: evidence of the importance of protected and forest-covered areas to fish diet. **Environmental Biology of Fishes**, v. 101, 2018.
- HANSBAUER, M. et al. Movements of neotropical understory passerines affected by

anthropogenic forest edges in the brazilian Atlantic rainforest. **Biological Conservation**, v. 141, p.782-791, 2008.

HEARD, S.; MOOERS, A. Phylogenetically patterned speciation rates and extinction risks change the loss of evolutionary history during extinctions. **Proceedings. Biological sciences / The Royal Society**, v. 267, p.613-620, 2000.

HELMUS, M.; BLAND, T.; WILLIAMS, C.; IVES, A. Phylogenetic measures of biodiversity. **The American naturalist**, v. 169, 2007.

HOOPER, D. et al. Effects of biodiversity on ecosystem functioning: A consensus of current knowledge. **Ecological Monographs**, v. 75, p.3-35, 2005.

HURTADO, P. et al. Critical predictors of functional, phylogenetic, and taxonomic diversity are geographically structured in lichen epiphytic communities. **Journal of Ecology**, v. 107, 2019.

IRFAN, S.; ALATAWI, A. Aquatic ecosystem and biodiversity: A review. **Open Journal of Ecology**, v. 09, p.1-13, 2019.

JOLY, C.; METZGER, J.; TABARELLI, M. Experiences from the brazilian atlantic forest: Ecological findings and conservation initiatives. **New Phytologist**, v. 204, 2014.

LAMBIN, E. et al. The causes of land-use and land-cover change: moving beyond the myths. **Global Environmental Change**, v. 11, p.261-269, 2001.

LAPOLA, D. et al. Pervasive transition of the brazilian land-use system. **Nature Climate Change**, v. 4, 2013.

LO, M. et al. The influence of forests on freshwater fish in the tropics: A systematic review. **BioScience**, v. 70, 2020.

LOBÓN-CERVIÁ, J. Effects of riparian forest removal on the trophic dynamics of a neotropical stream fish assemblage. **Journal of Fish Biology**, v.89, p.50-64, 2016.

MARTENS, K.; SEGERS, H. Endemism in aquatic ecosystems. **Encyclopedia of Inland Waters**, p.432-430, 2009.

MCKINNEY, M.; LOCKWOOD, J. Biotic homogenization: A few winners replacing many losers in the next mass extinction. **Trends in Ecology Evolution**, v. 14, p. 450–453, 1999.

MCKINNEY, M.; LOCKWOOD, J. Biotic homogenization: A sequential and selective process. 2001.

MCKINNEY, M. L. Urbanization as a major cause of biotic homogenization. **Biological Conservation**, v. 127, n. 3, p. 247–260, 2006.

**MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE.** Avaliação e ações prioritárias para a conservação da biodiversidade da Mata Atlântica e Campos Sulinos, 2000.

MORTON, D. et al. Cropland expansion changes deforestation dynamics in the southern brazilian amazon. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 103, 2006.

- MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, p. 853–858, 2000.
- NAKAMURA, G.; RICHTER, A.; SOARES, B. FishPhyloMaker: An R package to generate phylogenies for ray-finned fishes. 2021.
- OLDEN, J. et al. Ecological and evolutionary consequences of biotic homogenization. **Trends in ecology evolution**, v. 19, p. 18–24, 2004.
- OLDEN, J.; ROONEY, T. On defining and quantifying biotic homogenization. **Global Ecology and Biogeography**, v. 15, p. 113 – 120, 2006.
- PARADIS, E.; CLAUDE, J.; STRIMMER, K. Ape: Analyses of phylogenetics and evolution in R language. **Bioinformatics** (Oxford, England), v. 20, p. 289–290, 2004.
- PETSCH, D. Causes and consequences of biotic homogenization in freshwater ecosystems. **International Review of Hydrobiology**, v. 101, 2016.
- POFF. et al. From the cover: Homogenization of regional river dynamics by dams and global biodiversity implications. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 104, p. 5732–7, 2007.
- POOL, T.; OLDEN, J. Taxonomic and functional homogenization of an endemic desert fish fauna. **Diversity and Distributions**, v. 18, p. 366 – 376, 2012.
- PUSEY, B.; ARTHINGTON, A. Importance of the riparian zone to the conservation and management of freshwater fish: A review. **Marine and Freshwater Research**, v. 54, 2003.
- RAHEL, F. Homogenization of freshwater faunas. **Annu. Rev. Ecol. Syst.**, v. 33, p. 291–315, 2002.
- RAMIREZ, A.; PRINGLE, C.; WANTZEN, K. Tropical stream conservation. **Tropical Stream Ecology**, 2008, pp. 285-304, 2008.
- REDDING, D.; MOOERS, A. Incorporating evolutionary measures into conservation prioritization. **Conservation biology: the journal of the Society for Conservation Biology**, v. 20, p. 1670–8, 2007.
- REIS, R. et al. Fish biodiversity and conservation in South America. **Journal of Fish Biology**, v. 89, 2016.
- ROA-FUENTES, C. et al. Taxonomic, functional, and phylogenetic -diversity patterns of stream fish assemblages in tropical agroecosystems. **Freshwater Biology**, v. 64, 2019.
- RODRIGUES, A.; GASTON, K. Maximizing phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. **Biological Conservation**, v. 105, p. 103–111, 2002.
- SASANAMI, M. et al. Does anthropogenic introduction of guppy fish (*Poecilia reticulata*) impact faunal species diversity and abundance in natural aquatic habitats? A systematic review protocol. **Environ Evid**, v.10, 2021.
- SILVA, A. et al. Soil loss risk and habitat quality in streams of a meso-scale river

basin. **Scientia Agricola - SCI AGRIC**, v. 64, 2007.

SILVA, F. et al. **Análises Ecológicas no R.**, 2022.

STRECKER, A. et al. Defining conservation priorities for freshwater fishes according to taxonomic, functional, and phylogenetic diversity. **ECOLOGICAL APPLICATIONS**, v. 21, p. 3002–3013, 2011.

TABARELLI, M. et al. Challenges and opportunities for biodiversity conservation in the Brazilian Atlantic forest. **Conservation Biology**, v. 19, p. 695–700, 2005.

TOUSSAINT, A. et al. Historical assemblage distinctiveness and the introduction of widespread non-native species explain worldwide change in freshwater fish taxonomic dissimilarity. **Global Ecology and Biogeography**, v. 23, 2014.

VANE-WRIGHT, D.; HUMPHRIES, C.; WILLIAMS, P. What to protect? Systematics and the agony of choice. **Biological Conservation**, v. 55, p. 235–254, 1991.

WEBB, C. et al. Phylogenies and community ecology. **Annu. Rev. Ecol. Syst.**, v. 8, p. 475–505, 2002.

WORM, B.; TITTENSOR, D. Developing a theory of global biodiversity. **A theory of Global Biodiversity**, 2018. p. 93–123.

YWAMOTO, E.; NIELSEN, D.; OLIVEIRA, C. Description of a new species of the *Melanorivulus pictus* species-group (Cyprinodontiformes: Rivulidae) from the Rio Paraná basin in Brazil. **Zootaxa**, v.1, 2020.

ZENI, J.; HOEINGHAUS, D.; CASATTI, L. Effects of pasture conversion to sugarcane for biofuel production on stream fish assemblages in tropical agroecosystems. **Freshwater Biology**, v. 62, p. 1–13, 2017.