

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E CONSERVAÇÃO DA
BIODIVERSIDADE**

Proposta de Projeto em Doutorado

**USO DE MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ABUNDÂNCIA NA
ANÁLISE DA RELAÇÃO ENTRE DIVERSIDADE DE ESPÉCIES E
VARIÁVEIS AMBIENTAIS NO NORDESTE E SUL DO BRASIL**

Orientador/e-mail:

Alexandre Schiavetti / aleschi@uesc.br

Candidato/e-mail:

Carlos Alexandre Malta Oliveira / alex.oceano@gmail.com

Nível: DOUTORADO

Linha de pesquisa:

Ecologia e conservação de comunidades, ecossistemas e paisagens

Ilhéus 31/10/2014

RESUMO

As distribuições de abundâncias de espécies ou DAEs (no inglês, SADs) são consideradas uma maneira informativa e sintética de descrever a diversidade biológica e revelam um dos padrões mais bem estabelecidos da ecologia, que é a predominância de espécies raras nas comunidades biológicas. A grande utilidade das SADs em descrever e comparar comunidades, independente da composição de espécies, é uma vantagem no monitoramento da diversidade biológica. Nosso objetivo é avaliar a relação entre a distribuição de abundância de espécies com a variação latitudinal dos fatores ambientais entre as regiões nordeste e sul do Brasil e, numa mesma região, com a complexidade estrutural e a produtividade dos ecossistemas analisados. Para isso, as abundâncias de cinco comunidades taxonomicamente distintas serão ajustadas a modelos teóricos pelo método de máxima verossimilhança estatística e um deles será selecionado pelo Critério de Informação de Akaike (AIC). Os modelos utilizados para representar as abundâncias das espécies serão: Lognormal, Poisson-Lognormal, Logserie, Gamma e Weinbull. O parâmetro da distribuição selecionada será utilizado para comparar as comunidades quanto à diversidade e relacioná-las com os fatores ambientais. O ajuste e a seleção de modelos serão realizados utilizando as funções dos pacotes *bbmle* (Bolker 2012) e *sads* (Prado 2012) no ambiente estatístico R versão 3.0.0 (R Development Core Team 2012).

Palavras-chave: DAEs; SADs; seleção de modelos; comunidades; diversidade; produtividade;

INTRODUÇÃO

A dominância numérica de poucas espécies nas comunidades biológicas é uma das raras leis gerais da ecologia (McGill et al. 2007). A generalidade desse padrão elevou-o a atributo básico das comunidades e serviu de base para o desenvolvimento de modelos matemáticos de distribuição de abundância de espécies ou DAE (em inglês, SADs). A utilização de DAEs tem se mostrado muito útil na identificação de padrões para comparação de comunidades distintas (Gray et al. 2006) e para avaliação do efeito de variáveis climáticas e de perturbações sobre comunidades naturais (MacNally 2006).

O estudo de padrões regionais ou globais de diversidade é central na ecologia de comunidades (Qian e Ricklefs 2008). O padrão mais conhecido é o aumento do número de espécies dos pólos em direção ao equador, conhecido como gradiente latitudinal de diversidade (Gaston 2000). A diversidade pode ser diferente entre determinadas regiões de mesma latitude devido a fatores históricos e biogeográficos (Ricklefs 2004). Por fim, diferenças estruturais e funcionais dos habitats assim como as interações biológicas entre espécies também influenciam na diversidade. Atualmente, as perturbações humanas na distribuição de espécies têm sido foco de constantes trabalhos (Willig et al. 2003).

Embora a utilização de DAEs represente uma vantagem metodológica no monitoramento da diversidade biológica, comparações sistemáticas de vários modelos por meio de conjuntos de dados representativos de vários grupos taxonômicos ou diferentes situações ecológicas são extremamente raras na literatura (McGill et al. 2003).

No presente trabalho nosso objetivo é avaliar a relação entre a distribuição de abundância de espécies com a variação dos fatores ambientais entre as regiões nordeste e sul do Brasil e, numa mesma região, entre a distribuição de espécies e a complexidade estrutural e a produtividade dos ecossistemas considerados.

Nossas hipóteses são que o aumento da latitude tem um efeito negativo sobre a diversidade resultando num menor número de espécies com distribuição equável na região sul do Brasil. Também esperamos que numa mesma região, habitats estruturalmente mais complexos (MacArthur & Wilson, 1967) e com maior disponibilidade de nutrientes apresentem maior diversidade.

OBJETIVOS

- Descrever a diversidade de comunidades biológicas taxonomicamente distintas das regiões nordeste e sul do Brasil utilizando modelos teóricos de distribuição de abundâncias de espécies;
- Relacionar a diversidade com a variação latitudinal dos fatores ambientais das regiões consideradas;
- Relacionar a diversidade com a complexidade estrutural e a produtividade dos ecossistemas de cada região considerada.

JUSTIFICATIVA

A mensuração da biodiversidade representa um grande desafio para os ecólogos e envolve a questão central do quão bem os dados amostrados representam a comunidade encontrada no ambiente natural. Agravado pelo cenário atual de perda de espécies e alterações no ambiente natural, a necessidade de produzir boas estimativas de parâmetros da biodiversidade com a menor amostra possível é cada vez mais urgente (Magurran e McGill 2011).

Alguns avanços tecnológicos representam um salto nas possibilidades do uso de ferramentas estatísticas e de modelagem aplicados à ecologia. Neste sentido, a utilização de modelos teóricos de distribuição de abundâncias de espécies para caracterização da diversidade biológica se destaca como uma ferramenta de grande potencial teórico e aplicado para ecologia e biologia da conservação, devido principalmente a sua grande utilidade em descrever e comparar diferentes comunidades naturais (McGill et al. 2007).

METODOLOGIA OU MATERIAL E MÉTODOS

1. Descrição dos dados

Cinco conjuntos de dados de comunidades taxonomicamente distintas de diferentes regiões do Brasil serão utilizados no estudo. Um deles refere-se a comunidades de terrário e de aquário de bromélias coletados no estado de Sergipe no nordeste do Brasil. Os outros quatro são de comunidades de ecossistemas costeiros sendo: duas praias arenosas, um platô

recifal e uma plataforma continental do nordeste do Brasil e uma planície de maré não vegetada da região sul. Esses conjuntos de dados são resultantes de pesquisas executadas pela Dra. Erminda da Conceição Guerreiro Couto, coordenadora do Laboratório de Ecologia Bêntica da Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC).

2. Análises estatísticas

Em primeiro lugar, serão identificados os modelos teóricos de DAE que melhor descrevem cada conjunto de dados. Para isso, os modelos teóricos serão ajustados pelo método de máxima verossimilhança estatística e selecionados pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) (Akaike 1973).

Os modelos teóricos utilizados para representar as abundâncias das espécies serão: Lognormal, Poisson-Lognormal, Logserie, Gamma e Weibull. Essas distribuições foram escolhidas por apresentarem amplo uso nos estudos de comunidades biológicas (McGill 2011).

O ajuste e seleção de modelos serão realizados utilizando as funções do pacote *bbmle* (Bolker 2012) e *sads* (Prado 2012) no ambiente estatístico R versão 3.0.0 (R Development Core Team 2012).

Após a seleção do modelo que melhor descreve cada comunidade e as estimativas de seus parâmetros, a diversidade de cada comunidade será relacionada com fatores ambientais. Para isso, será considerada como variável dependente a melhor estimativa do parâmetro de diversidade do melhor modelo selecionado, ou seja, aquele que apresentar o melhor ajuste aos dados empíricos. Como variáveis independentes serão utilizados fatores relacionados à diversidade (p. ex. a latitude e a heterogeneidade de habitats) e à produtividade (p. ex. disponibilidade de nutrientes).

A análise das relações das variáveis independentes com a diversidade será feita a partir da construção e seleção de regressões lineares (modelos gaussianos lineares simples e múltiplos). Portanto, pressupomos um efeito linear entre o valor médio do parâmetro de diversidade e as variáveis preditoras, e uma variância homogênea do parâmetro (Gotelli e Ellison 2004). Os modelos construídos incluem o efeito de uma variável ou a combinação de duas variáveis preditoras, as quais serão utilizadas para representar hipóteses correntes na literatura sobre o efeito da latitude, da heterogeneidade do habitat e da disponibilidade de nutrientes sobre a diversidade. A seleção do melhor modelo será feita através do critério de informação de Akaike (AIC).

REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H. 1973. Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle. In: B. N. PETROV & F. CSAKI, eds. Second International Symposium on Information Theory. Budapest: Akademiai Kiado, pp. 267-281.
- BOLKER, B. 2012. Package bbmle: Tools for general maximum likelihood estimation. (R package version 1.0.4.1, based on stats4 by the R Development Core Team). URL <http://cran.r-project.org/>.
- GASTON, K. J. 2000. Global patterns in biodiversity. *Nature* 405: 666-672.
- GOTELLI, N. J. & ELLISON, A. M. 2004. A primer of ecological statistics. Sinauer Associates, Sunderland US.
- GRAY, J. S., BJORGESAETER, A., UGLAND, K. I. & FRANK, K. 2006. Are there differences in structure between marine and terrestrial assemblages? *Journal marine Biology and Ecology*, 330: 19-26.
- MACARTHUR, R. H. & WILSON, E. O. 1967. The theory of island biogeography. Princeton University Press, New Jersey.
- MAC NALLY, R. 2006. Use of the abundance spectrum and relative-abundance distributions to analyze assemblage change in massively altered landscapes. *The American Naturalist*, 170: 319-330.
- MAGURRAN, A. E. & MCGILL, B. J. 2011. *Biological Diversity*. Oxford University Press.
- MCGILL B. J. 2011. Species abundance distribution. In: A. E. Magurran & B. J. McGill (ed.) *Biological Diversity*. Oxford University Press.
- MCGILL, B.J.; ETIENNE, R.S.; GRAY, J.S.; ALONSO, D.; ANDERSON, M.J.; BENECHA, H.K.; DORNELAS, M.; ENQUIST, B.J.; GREEN, J.L.; HE, F.; HURLBERT, A.H.; MAGURRAN, A.E., MARQUET, P.A.; MAURER, B.A.; OSTLING, A.; SOYKAN, C.U., UGLAND, K.I. & WHITE, E.P. 2007. Species abundance distributions: moving beyond single prediction theories to integration within an ecological framework. *Ecology Letters* 10: 995-1015
- MCGILL, B. J. 2003. Strong and weak tests of macroecological theory. *Oikos* 102: 679-685.
- PRADO, P .I. 2012. Package sads: Statistical modeling of species abundance distributions. (R package version 0.2.04, work in progress with R version 2.14.2 by the R Development Core Team). URL <http://cran.r-project.org/>.
- QIAN, H. & RICKLEFS, R. E. 2008. Global concordance in diversity patterns of vascular and terrestrial vertebrates. *Ecology Letters*, 11: 547-553.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM 2012. R: A language and environmental for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://cran.r-project.org/>.
- RICKLEFS, R. E. 2004. A comprehensive framework for global patterns in biodiversity. *Ecology Letters*, 7: 1-15.

WILLIG, M. R., KAUFMAN, D. M. & STEVENS, R.D. 2003. Latitudinal gradients of biodiversity: pattern, process, scale, and synthesis. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Systematics*, 34: 273-309.

CRONOGRAMA DE ATIVIDADES

ATIVIDADES	Ano 1												Ano 2												Ano 3												
	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	
Disciplinas do PPGECB			x	x	x	x	x	x	x	x	x	x																									
Revisão Bibliográfica			x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x							
Seleção e organização dos dados				x	x	x	x	x																													
Análises Estatísticas						x	x	x	x	x	x	x																									
Disciplinas de outros PPGs													x	x	x	x	x	x	x	x	x																
Elaboração do texto dissertativo																																	x	x	x	x	
Revisão final do texto																																			x	x	x
Produção de artigos																									x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
Qualificação																																					
Defesa																																					

Itabuna, 31 de outubro de 2014

Nome do Orientador: Alexandre Schiavetti

Assinatura do Orientador: