

UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos
Trópicos

BRUNO MICHAEL DA SILVA PEREIRA

DIVERSIDADE MACROBENTÔNICA RECIFAL: Independência e esforço amostral

MACEIÓ - ALAGOAS
Abril/2017

BRUNO MICHAEL DA SILVA PEREIRA

DIVERSIDADE MACROBENTÔNICA RECIFAL: Independência e esforço amostral

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos, Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde. Universidade Federal de Alagoas, como requisito para obtenção do título de Mestre em BIODIVERSIDADE, área de concentração em Conservação da Biodiversidade Tropical.

Orientador: Prof. Dr. Marcos Vinícius Carneiro Vital

Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Hilda Helena Sovierzoski

MACEIÓ - ALAGOAS
Abril/2017

Catálogo na fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Central
Bibliotecária Responsável: Janaina Xisto de Barros Lima

P436v Pereira, Bruno Michael da Silva.
Diversidade macrobentônica recifal: independência e esforço amostral / Bruno Michael da Silva Pereira. – 2017.
121 f.: il.

Orientadora: Marcos Vínicius Carneiro Vital.
Coorientadora: Hilda Helena Sovierzoski.
Dissertação (mestrado em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos) – Universidade Federal de Alagoas. Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde. Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos. Maceió, 2017.

Inclui Bibliografia.
Apêndice: f. 50-121.

1. Ecossistemas recifais. 2. Ecossistema bêntico. 3. Infralitoral. I. Título.

CDU: 574.587

Folha de aprovação

BRUNO MICHAEL DA SILVA PEREIRA

Diversidade macrobentônica recifal: independência e esforço amostral

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos, Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde. Universidade Federal de Alagoas, como requisito para obtenção do título de Mestre em BIODIVERSIDADE, área de concentração em Conservação da Biodiversidade Tropical.

Dissertação aprovada em 25 de Abril de 2017.

Prof. Dr. Marcos Vinicius Carneiro Vital/UFAL
Orientador

Profa. Dra. Hilda Helena Sovierzowski
(Co-orientadora)

Profa. Dra. Ilana Rosental Zalmon/UENF
(membro titular)

Prof. Dr. Ludgero Cardoso Galli Vieira/UNB
(membro titular)

Profa. Dra. Taciana Kramer de Oliveira Pinto/UFAL
(membro titular)

MACEIÓ – ALAGOAS
Abril/2017

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, pelo amor incondicional.

À memória de Monica Dorigo Correia, que dedicou sua vida acadêmica a estudar as comunidades bentônicas recifais.

AGRADECIMENTOS

A vida nos ensina a superar barreiras e que existem pessoas que nos auxiliam e nos ajudam a superá-las, o que nos permitem crescer e subir, a cada aprendizado, um degrau a mais na escada da vida, sendo assim, agradeço:

À Prof.^a Dr.^a Monica Dorigo Correia, *in memoriam*, pelos ensinamentos e comprometimento que possibilitaram o desenvolvimento desta pesquisa;

Ao Prof. Dr. Marcos Vinícius Carneiro Vital, meu orientador, pelos inestimáveis ensinamentos, pela disposição em ajudar, pela paciência inesgotável e por todo o esforço, que sem ele, este trabalho não existiria;

À Prof.^a Dr.^a Hilda Helena Sovierzoski, minha coorientadora;

Ao Setor de Comunidades Bentônicas, pela oportunidade de realizar este trabalho;

Ao Laboratório de Ecologia Quantitativa da Universidade Federal de Alagoas, por todo o suporte na realização deste estudo;

A CAPES, pela bolsa de estudo;

Aos meus colegas de turma, em especial Edinir Aprígio, Norah Gamarra e Waltyane Bonfim, pela valiosa amizade que se fez presente e nos fortaleceu até nos momentos mais difíceis;

Ao Ivison Lima, Priscila Pacheco, Thamires Gomes, Izabel Souza, Matheus Soares, Fernanda Soares, Anne Fireman, pela ajuda nas intermináveis coletas e por todos os momentos de descontração;

Ao Renan Lima, pela ajuda nas coletas, na digitação dos intermináveis dados e por todo o companheirismo;

Ao André Bispo, pelas valiosas ajudas em todas as etapas da realização deste trabalho;

Aos meus Professores de curso;

E a Julienne Gonçalves, secretária do PPG-DIBICT, por todo o suporte em todas as horas;

A todos o meu muito obrigado!

“Tenho a impressão de ter sido uma criança brincando à beira-mar, divertindo-me em descobrir uma pedrinha mais lisa ou uma concha mais bonita que as outras, enquanto o imenso oceano da verdade continua misterioso diante de meus olhos”.

Isaac Newton.

RESUMO

Os ecossistemas recifais sustentam uma grande biodiversidade, formando um dos ecossistemas mais complexos do planeta. Porém, ter acesso a tal diversidade se torna um problema cada vez maior, devido a difícil tarefa de coletar dados de riqueza de espécies que possam realmente representar as áreas estudadas. Ademais, a estruturação dessas assembleias de organismos bentônicos é controlada pelos resultados de competição por espaço, disponibilidade de alimentos e resistência as mudanças das condições ambientais ao longo do tempo, que são fatores chave para se entender e que devem ser quantificados em uma coleta de dados. Dessa forma, este estudo teve por objetivo testar qual é o espaçamento entre pontos de coleta das unidades amostrais, garante a independência dos dados em relação ao conjunto amostrado, verificando o efeito do esforço amostral, em número de unidades, na estimativa da riqueza de espécies com o menor número de amostras possível. Para tal, a amostragem foi realizada entre abril de 2015 e maio de 2016, durante a maré baixa, em 10 transectos (7 paralelos e 3 perpendiculares a linha da costa), sendo os dados obtidos usando fotografias do substrato recifal ao longo de cada transecto, com dados registrados em intervalos de 10 metros, com uma câmera digital em modo macro, utilizando uma área de amostral de 2500 cm². Obteve-se um total de 767 unidades amostrais e 40 espécies foram registradas. As espécies deixam de apresentar autocorrelação espacial com as outras em distâncias superiores a 90 metros de distância, implicando independência da amostra em relação a essa distância. Demonstramos também que o esforço de amostragem foi suficiente para estimar a riqueza de espécies no local do estudo. Estes resultados compõem uma solução para o espaçamento entre as amostras, para estabelecer uma distância real entre os pontos de coleta de modo que não haja pseudoreplicação, aumentando assim o número de repetições espaciais.

Palavras-chave: Desenho experimental, réplicas espaciais, amostras independentes, infralitoral, recife costeiro, ambientes recifais.

ABSTRACT

The reef ecosystems sustain a great biodiversity, serving as substrate, forming one of the most complex ecosystems of the planet. However, access to such diversity becomes an increasing problem due to the difficult task of collecting species richness data that are representative in the areas studied. In addition, there are other associated substrates that can serve as shelter for various animal groups and which help to increase the quantification of species richness in reef environments, such as algae that offer important support to communities of marine organisms. Moreover, the structure of assemblages of benthic organisms is controlled by the results of competition for space, food availability and resistance to changes in environmental conditions over time. Thus, this dissertation had two distinct general objectives, the first of which was to test the spacing between collection points of the sample units, guarantee the independence of the data in relation to the sampled set, verifying the effect of the sample effort, in number of units, in the estimation of species richness with the lowest possible number of samples. To do this, the sampling was performed between April 2015 and May 2016, during low tide, in 10 transects, and the data were obtained using photographs of the reef substrate along each transect, with data recorded at 10 meters intervals, with a digital camera in macro mode, using a sample area of 2500 cm². We obtained a total of 767 sample units and recorded 40 species. The species did not show autocorrelation spatially with others that are 90 meters away, implying independence of the sample in relation to this distance. We also demonstrated that the sampling effort was sufficient to estimate the species richness at the study site. These general results compose a solution for the spacing between the samples, to establish a real distance between the collection points so that there is no pseudoreplication, thus increasing the number of spatial repetitions.

Key word: Sampling design, spatial replicates, independent samples, intertidal zone, coastal reef, reef environments.

LISTA DE FIGURAS

REVISÃO DE LITERATURA:

Fig. 1 – Distribuição das espécies macrobentônicas recifais no globo.....14

CAPÍTULO 1:

Fig. 1 – Mapa da costa de Maceió mostrando a localização do recife da Ponta Verde.....30

Fig. 2 – Distribuição dos 767 pontos de coleta com quadrados proporcionais ao número de espécies para cada ponto. E a representação dos transectos perpendicular (T1 ao T7) e paralelos (TA, TB e TC)32

Fig. 3 – Dendograma das similaridades entre as amostras dos transectos utilizando o coeficiente de Bray Curtis.....34

Fig. 4 – Autocorrelogramas de Mantel entre os fotoquadrados para todos os transectos. A linha vermelha mostra a total ausência de autocorrelação.....36

Fig. 5 – Extrapolação da curva de acúmulo de espécies para espécies encontradas em uma amostragem com 1534 amostras.....37

Fig. 6 – Relação entre as amostras necessárias com 50 metros para obter dados de riqueza de espécies utilizando curva de acúmulo de espécies realizada por rarefação. As barras representam o erro padrão.....38

Fig. 7 – Relação entre as amostras necessárias com 50 metros para obter dados de riqueza de espécies utilizando curva de acúmulo de espécies realizada por rarefação. As barras representam o erro padrão.....38

LISTA DE TABELAS

Table 1 – Número de espécies e valores de dominância (Índice de Simpson) para cada um dos 10 transectos traçados neste estudo.....	32
---	----

SUMÁRIO

1. APRESENTAÇÃO	12
Referências.....	13
2. REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1 Ecossistemas Recifais	14
2.2 Desenhos Experimentais em Ambientes Recifes	17
Referências.....	22
3. CAPÍTULO 1: DIVERSIDADE MACROBENTÔNICA RECIFAL: INDEPENDENCIA E ESFORÇO AMOSTRAL	27
RESUMO	27
3.1 INTRODUCTION	27
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.2.1 Área do estudo.....	30
3.2.2 Amostragem.....	31
3.2.3 Análise dos dados	32
3.3 RESULTADOS	33
3.4 DISCUSSÃO	39
REFERÊNCIAS	44
CONCLUSÕES GERAIS	49
 ANEXO	 51

1. APRESENTAÇÃO

Apresento-lhes este documento, que é composto por uma revisão de literatura e um capítulo, como resultados do meu trabalho de dissertação, realizado nesses dois anos de mestrado (2015 – 2017) no Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos trópicos, desenvolvidos no Laboratório de Ecologia Quantitativa e no Setor de Comunidades Bentônicas, ambos da Universidade Federal de Alagoas.

O primeiro capítulo é um manuscrito, intitulado “**Diversidade Macrobentônica Recifal: Independência e Esforço Amostral**”, que surge com base em uma necessidade estatística para entender como se organizam as comunidades bentônicas recifais e como os organismos que os compõem se apresentam espacialmente. Busca-se assim evitar o grave problema de pseudoreplicação, descrito por Hulbert (1984), aumentando a replicação espacial na amostragem para diminuir o esforço de coleta e melhor compreender a configuração das assembleias bentônicas recifais. Juntamente ao primeiro capítulo encontra-se anexado um documento em formato HTML, utilizando a linguagem R, o programa Rstudio e a linguagem Rmarkdown. Este arquivo contém o registro completo de todas as análises realizadas, com todos os resultados, além de outras análises exploratórias que serviram para a elaboração do manuscrito.

Oferecer os roteiros das análises realizadas seguem os conceitos de *Open Science*, *Open Data* ou *Open Knowledge*, que objetiva a liberdade para usar, reutilizar e redistribuir o conhecimento sem restrições (MOLLOY, 2011). Excluem-se assim, barreiras que impedem o acesso aos dados e possibilita melhor compreensão de como ocorreram as análises. Disponibilizamos os nossos roteiros abrindo a possibilidade para críticas, colaborações e eventuais correções por parte de outros pesquisadores da área. Além disso, uma vez atingido o objetivo de publicação do manuscrito e geração de outros produtos, este documento serve como referência prática para que outros estudantes e cientistas tenham acesso ao conhecimento técnico necessário a fim de também realizar análises similares.

REFERÊNCIAS

MOLLOY, J. C. (2011). The open knowledge foundation: Open data means better science. **PLoS Biology**, 9:1–4.

HULBERT, S. H. (1984). Pseudoreplication and the design of ecological field experiments. **Ecological monographs**, 54(2): 187 – 211.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Ecossistemas Recifais

Os ecossistemas recifais são os mais diversos entre todos os ecossistemas marinhos do planeta, que brilhantemente foram associados a florestas tropicais por Connel (1978), devido a sua grande produtividade primária e organização trófica. Muito embora grande parte dessa diversidade ainda não foi descrita e caracterizada (APPELTANZ *et al.*, 2012). Ainda assim, na década de 80, o número estimado de espécies macrobentônicas recifais era de 216 mil espécies, um número muito pequeno quando comparado com o número proposto no trabalho de Appeltanz e seus colaboradores (2012), atribuindo um total estimado de 716 mil espécies. Contudo, hoje, temos um total aproximado de 200 mil espécies descritas um número ainda muito baixo com relação ao número estimado.

Fazendo uma abordagem histórica, temos que o primeiro a estudar os recifes na costa do Brasil, foi Laborel (1965), e seus trabalhos subsequentes em 1967 e 1970, e ele constata que os ecossistemas recifais brasileiros apresentam uma baixa diversidade, porém muitos dessas espécies são consideradas corais construtores, aqueles que são de extrema importância para a sustentação do próprio ambiente. O que foi corroborado com o trabalho de Correia (1997), que caracterizou a distribuição das espécies macrobentônica do recife de coral da Ponta Verde, sendo o primeiro grande estudo realizado no estado de Alagoas e confirma o que Laborel diz, uma vez que descreve em seu trabalho espécies como a *Siderastrea stellata*, *Agaricia agaricites* e a *Favia gravida*, sendo espécies de fundamental importância para a manutenção desses ecossistemas. Veron (1995), acrescenta aos trabalhos de Laborel, que muitas dessas espécies, são endêmicas do Brasil, e Correia e Sovierzoski (2013), complementam esse trabalho de Veron e adicionam que não somente temos espécies endêmicas de corais, mas sim inúmeros outros invertebrados, o que aumenta a importância e a necessidade de conservação desses ecossistemas.

Essa grande biodiversidade encontradas nos ecossistemas recifais é representada pela inserção de diversos filos e divisões taxonômicas, tornando as interações entre as espécies dessas comunidades muito complexas. Sendo os dados da riqueza e da diversidade de espécies, importantes fatores a serem medidos nesses ambientes (JOHNSTON e ROBERTS, 2009)

As regras das assembleias bentônicas nos recifes são moldadas pelo contexto espacial e as interações intra e interespecíficas, como pode ser visto nos trabalhos de Mellin *et al.* (2010) e Eynaud, McNamara e Sandin (2016) que mostram a intensa competição por espaço entre as espécies que habitam ecossistemas recifais. Contudo, ainda há muitas informações a serem obtidas, tanto dessas interações inter e intraespecíficas, quanto da própria composição das espécies e suas distribuições, tanto na própria comunidade em áreas com características distintas, como em uma escala biogeográfica (SANDIN e McNAMARA, 2012, HAMYLTON, 2013).

Ainda assim, essas faltas de informações, sobre a biodiversidade, podem ser sumarizadas em sete défices, como pode ser visto no trabalho de Whittaker *et al.* (2005) e Horta e seus colaboradores (2015). Porém, desses sete défices, dois sumarizam bem, o que acontecem nos ecossistemas em questão, sendo eles: o Linneano e Wallaceano. O déficit de informação Linneano está relacionada com o não conhecimento das próprias espécies, associado as espécies que ainda são desconhecidas no próprio ambiente. E o déficit Wallaceano está relacionada com o conhecimento referente a sua distribuição geográfica, ou seja, como estas espécies se distribuem pelo globo.

Mesmo assim, existem iniciativas que oferecem um panorama geral da distribuição da riqueza estimada de espécies no globo. Como pode ser visto na Figura 1, em um mapa feito pela *National Oceanic and Atmospheric Administration* (NOAA, 2014) utilizando os dados da Reefbase, que mostra a riqueza de espécies macrobentônicas no nosso planeta.

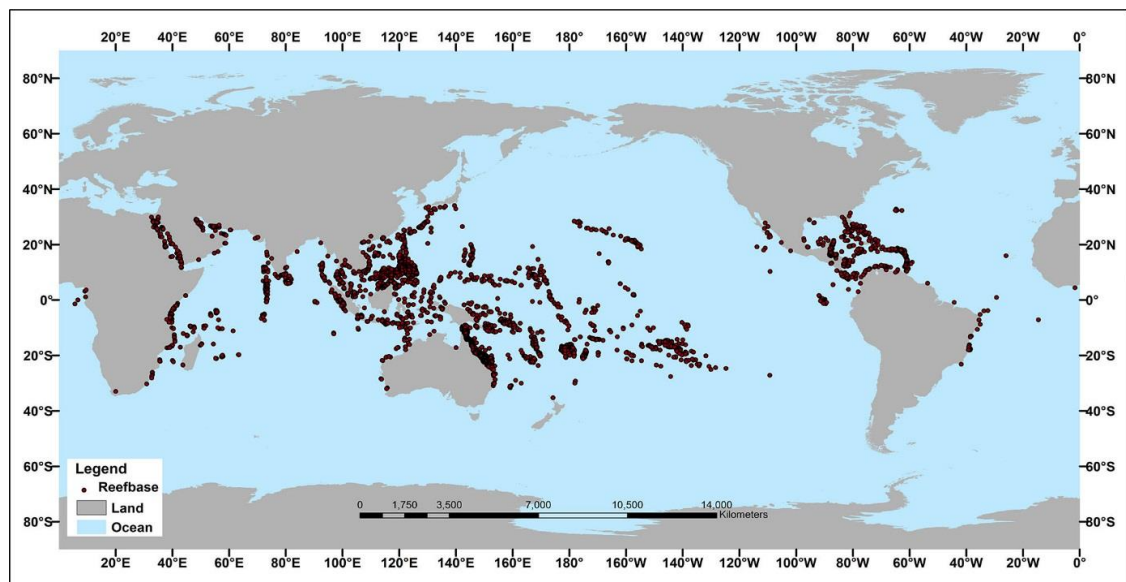


Fig. 1 – Distribuição das espécies macrobentônicas recifais no globo.

O mais importante disso é que a riqueza de espécies é habitualmente usada como uma medida para acessar as mudanças no espaço e no tempo da diversidade das assembleias em geral, o que torna essencial à medida que o planeta está mudando, mudanças estas provenientes das ameaças advindas das ações antrópicas, tornando a obtenção de dados e a catalogação primordiais para entender como as espécies estão encarando essas mudanças (AMARAL e JABLONSKI, 2005, JOHNSTON e ROBERTS, 2009, COOPER, GILMOUR e FABRICIUS, 2009). Contudo, com as faltas de informações ditas anteriormente nos leva a dois pontos de vista, ou realmente essa é a distribuição da riqueza e é assim devido a formação inicial dos continentes e o surgimento do mar de Thetys que através da deriva continental tornou a distribuição com o padrão que vemos hoje, ou essa imagem nada mais reflete do que simplesmente locais onde vários estudos foram desenvolvidos e outros sem tantos recursos para tal o que acaba dificultando a execução de trabalhos e a ampliação dos conhecimentos. Ou ainda uma terceira possibilidade que seria uma mescla dessas duas, anteriormente citadas.

Dessa forma, como foi apresentado, coletar dados é a cartada inicial para entender os padrões de biodiversidade, contudo isso vai depender da seleção do método de amostragem, sendo aquele que apresenta um menor esforço de coleta o mais apropriado (HUNTINGTON e LIRMAN, 2012). Além do mais saber o quanto se deve coletar, dependendo do objeto e os objetivos do estudo, mas que estas coletas devam oferecer resultados representativos das comunidades amostradas. Sendo assim, existe uma grande dificuldade em obter tais informações ou estudos que possam testar a eficiência de métodos ao invés de puramente aceitar os métodos mais utilizados (TIESTA e FIEDLES, 2011). Assim sendo, muitos trabalhos utilizam as mais diversas metodologias e os resultados podem não representar exatamente a comunidade por um erro, simplesmente metodológico. E isso acontece muito, quando se trabalha com ecossistemas recifais, e aqui não me refiro aos erros diretamente, mas sim o fato da grande variedade de metodologias empregadas nos estudos da área.

Existe assim, uma necessidade de estabelecer como escolher o delineamento experimental mais adequado para aplicar análises estatísticas para explorar os padrões espaciais entre as áreas que compõem o ambiente recifal (XU e LI, 2014). Contudo, tudo isso vai dependendo da coleta de dados, pois sem essas informações

chave, essa tarefa se torna impossível. É claro que se tem uma ideia geral do que possivelmente seria encontrado em determinadas áreas, de acordo com as variações de condições encontradas em cada uma delas, isso principalmente devido a fragilidade das espécies que ocorrem nesses ambientes, mas tais características acabam sendo a única forma de estabelecer relações entre as espécies e/ou como limitantes para a ocorrência delas (SEWELL, 2014).

Escolher tais delineamentos não é uma tarefa fácil, uma vez que eles precisam estimar espécies raras e abundantes de um dado ambiente, o que é uma tarefa extremamente difícil. E isso vai depender, primariamente do tamanho das áreas, áreas maiores atribuirão uma dificuldade maior para se escolher o delineamento experimental do que em áreas menores, e outro ponto é a distribuição das próprias espécies nas áreas, podendo ser acrescida pelo ponto anterior. Porém, existe uma solução prática para este problema, que inicialmente foi proposta por Stout e Vandermeer (1975) e posteriormente reforçada por Walther e colaboradores (1995) que é o simples fato de coletar mais, quando mais se coleta, mais espécies serão encontradas e assim, mais e mais espécies consideradas raras serão descritas. Importante também salientar, e esse é um dos pontos chave do meu trabalho, é que no brilhante trabalho de Hurlbert (1984), ele chama a atenção para o grave problema da pseudoreplicação, que ele define como sendo a inferência de resultados a partir de uma determinada amostragem em que as amostras não são replicáveis ou quando elas não são estatisticamente independentes. Mostrando que é um problema mais comum do que se imagina, assinala ainda ser um problema bastante recorrente em trabalhos com bentos e pequenos mamíferos marinhos.

2.2 Desenhos Experimentais em Ambientes Recifais

De acordo com os protocolos da Rede de Monitoramento de Habitats Bentônicos Costeiros – ReBentos, no capítulo destinado ao monitoramento dos recifes e dos ecossistemas coralinos, escrito por Leão e colaboradores (2015) o desenho experimental para o monitoramento desses ecossistemas foi padronizado seguindo a literatura da área, que admite algumas modificações quando houver variações morfológicas e estruturais dos ambientes recifais estudados. Tal protocolo estabelece a metodologia de transectos verticais e/ou horizontais em linhas, pontos e em bandas adicionalmente utilizando-se um quadrado de 625 cm² para avaliar a presença de espécies bentônicas recifais.

Contudo, para estudos que excluem o monitoramento desses habitats, os desenhos experimentais carecem de padronização, passando a ser escolhidos de acordo com o objetivo, objeto de estudo e as características da área de estudo. Quando se trabalha com ecossistemas recifais submersos, os números de amostras são reduzidos, devido às condições do trabalho de campo. Na literatura especializada usualmente utiliza-se a metodologia de transecto na vertical, com quadrado associado para delimitar a área amostral, que pode apresentar áreas e quantidades de amostras distintas, como pode ser observado nos trabalhos de Benedetti-Cecchi *et al.* (1996), estudando invertebrados bentônicos coletaram 24 amostras em diferentes profundidades, utilizando quadrados de 2500 cm² e 400 cm² para estimar a abundância desses organismos. Barros, Underwood e Lindegarth (2001) somente utilizando transectos, amostraram 24 vezes, sendo estas distribuídas por diferentes áreas para analisar a estruturação de uma comunidade bentônica submersa. Barnes e Bell (2002) coletaram 25 amostras com esponjas utilizando um quadrado de 2500 cm² para quantificar a riqueza e diversidade de espécies e buscar afinidades taxonômicas. Conlan *et al.* (2004) trabalhando com invertebrados bentônicos coletaram 42 amostras com 0,0075 cm² de área amostral para quantificar as mudanças em uma comunidade bentônica que sofre com impactos de enriquecimento por matéria orgânica ao longo de um período de 10 anos. Aspectos relativos ao desenho amostral experimental também podem ser verificados nos estudos de Goodsell e Connell (2008), Bridge *et al.* (2011), McClanahan e Karnauskas (2011), Ferrari *et al.* (2012).

Em zonas entremaré, apesar de menor quantidade de estudos realizados, os trabalhos normalmente apresentam esforços amostrais maiores do que nos recifes de profundidade, como pode ser observado nos estudos realizados por Öhman e Rajasuriya (1998), que testaram a relação entre um recife de coral e um de arenito, analisando 370 amostras, divididos em 60 transectos de 6 metros cada. Bakus *et al.* (2007) compararam a densidade de comunidades de áreas distintas para analisar a biodiversidade, coletando 77 amostras aleatórias divididas em 7 transectos. Idjadi e Karlson (2007), testando como se arranjam espacialmente os competidores e suas influências com os recifes construtores em locais controlados, coletaram 100 amostras aleatórias de macrobentos em uma área recifal na Polinésia Francesa. Ramos e colaboradores (2009), utilizando a metodologia de vídeo transecto, analisaram 100

imagens para quantificar a diversidade e a variabilidade de uma comunidade bentônica recifal. Como pode ser observado nos estudos supracitados, em áreas emersas, existe quantidade menor de estudos, o que pode ser explicado devido ao número reduzido de ecossistemas que se encontrem nessas condições, limitando assim o número de estudos.

Independente da área estudada, um dos maiores objetivos dos ecólogos, passa a ser compreender como os ambientes e os fatores bióticos afetam e moldam a composição das comunidades em diferentes escalas espaciais (ALTERMATT e HOLYOAK, 2012), para entender se os resultados das comunidades amostradas se correlacionam com o número de coletas realizadas, buscando um padrão de quanto mais aumentou o número de amostras, mais espécies serão amostradas (AZOVSKY, 2011). A maior parte do conhecimento com relação ao padrão espacial e subjacente ao mecanismo de distribuição e diversidade das espécies tem sido baseada no gradiente latitudinal da riqueza de espécies e são predominantemente moldados em ambientes atuais (BECK *et al.*, 2012). Mudanças dramáticas nas populações que vivem em ambientes recifais tem sido documentado globalmente como um esforço para entender e monitorar as assembleias recifais (CALDWELL *et al.*, 2016). Já se tornou gritante que os recifes ao redor do mundo enfrentam um aumento sucessivo de ameaças, porém falta uma padronização, com exceção de casos isolados, com dados comparáveis entre si, para identificar e monitorar com esforços de coletas reduzidos e suficientes para uma quantificação global do problema (FACON *et al.*, 2016).

Os fatores supracitados influenciam a quantificação da distribuição das espécies macrobentônicas recifais. Tal influência vai desde escalas biogeográficas até ambientes locais. Phillips e MacMahon (1981), estudando arbustos do deserto estabeleceram que o agrupamento de indivíduos co-específicos em escalas menores pode estar relacionado com reprodução, limitações na dispersão e heterogeneidade ambiental. Possivelmente pode ser atribuído a recifes de corais, por também serem sésseis e dependerem exclusivamente do ambiente os quais estão inseridos, como apresentado por Connell (1978), quando compara os recifes de corais a florestas tropicais.

Diretamente ligado a esses fatores encontram-se as respostas das comunidades marinhas, que refletem nos índices de diversidade e riqueza de

espécies, frequentemente considerada a forma mais direta e comum de se medir a diversidade de espécies (WILSEY *et al.*, 2005). Contudo, para Melo (2008) o termo diversidade deve ser melhor empregado pela união da riqueza de espécies e a equidade desses indivíduos. Adicionalmente devem ser incorporados na diversidade a densidade, as características morfológicas e a estrutura da comunidade, sendo impossível ser obtida por um único índice e valor. Ademais, esses índices são utilizados há décadas e são importantes variáveis para conhecer a estrutura das comunidades de qualquer ambiente.

Quando testada a substituição espacial de espécies de uma floresta tropical, apenas em escalas intermediárias, entre 0,2 e 50 km, pode-se perceber independência amostral (CONDIT *et al.*, 2002). Francini-Filho e Moura (2008) estabeleceram que, quando se trata de peixes com hábitos bentônicos em áreas de preservação, o padrão de substituição pode ser obtido a partir de 500 metros, enquanto distâncias iguais ou superiores a estas caracterizam uma amostra independente. Dessa forma, existe uma grande necessidade de analisar a autocorrelação espacial em recifes de corais, e sua comunidade sésil, para se estabelecer como se deve escolher a disposição e distância entre pontos de coleta, sem ter problemas com pseudoréplicas, uma vez que, sem ela, as características ecológicas desses ambientes se apresentam de forma completamente aleatória, sem organização espacial e difícil de entender seus limites geográficos, como apontado por Hamylton (2013).

Ademais, o esforço amostral necessário para se ter representatividade geral de uma comunidade bentônica recifal sésil ainda precisa ser estabelecido. Muitos estudos são realizados em grandes escalas (e.x. FRANCINI-FILHO e MOURA, 2008; BARNES e BELL, 2002; DE'ATH *et al.*, 2012; FACON *et al.*, 2016) e outros em escalas menores (ex.; BARROS, UNDERWOOD e LINDEGARTH, 2001; BUSSOTTI *et al.*, 2006), mas falta um estudo que mostre o quanto cada uma dessas coletas de dados representam as comunidades as quais esses estudos foram desenvolvidos.

Diante do que foi exposto torna-se evidente a falta de padronização quando se quer quantificar a biodiversidade, pois observa-se que passa a ser o número de amostras totalmente aleatório. Da mesma forma o espaçamento entre as coletas o que evidencia a necessidade de estudos que possam mostrar o quanto é necessário coletar e quanto se deve espaçar para se obter independência amostral. Também se

faz necessário levar em consideração as condições locais de coleta, relacionadas diretamente com o objetivo do estudo, assim como da disponibilidade dos meios de infraestrutura e esforço amostral para a realização do trabalho de campo.

Nesse contexto, justificamos o nosso trabalho pela necessidade de obter dados com o mínimo de esforço e tempo de coleta possíveis, para obter uma amostragem eficientes e representativa da assembleia estudada e que possam ser realmente fiáveis na quantificação da riqueza e diversidade de espécies, sem o grave problema da pseudoreplicação proposto por Hurlbert (1984).

Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram testar qual o espaçamento entre os pontos de amostra garante independência amostral dos dados em relação a assembleia estudada e também verificar o efeito do esforço amostral, em número de unidades na estimativa da riqueza, utilizando a distância que é considerada segura para não haver pseudoreplicação e a utilização de transectos com grandezas menores a fim de diminuir o esforço amostral e o quanto estes são eficientes para caracterização da assembleia em questão.

REFERÊNCIAS

ALTERMATT F. F. e HOLYOAK M. M. (2012). Spatial clustering of habitat structure effects patterns of community and diversity. **Ecology**, 93(5):1125–1133.

AMARAL A. C. e JABLONSKI S. (2005). Conservação da biodiversidade marinha e costeira no Brasil. **Megadiversidade**, 1(1):43–51.

APPELTANS W., AHYONG S. T., ANDERSON G., ANGEL M. V., ARTOIS T., BAILLY N., BAMBER R., BARBER A., BARTSCH I., BERTA A., BŁAŻEWICZ-PASZKOWYCZ M., BOCK P., BOXSHALL G., BOYKO C. B., BRANDÃO S. N., BRAY R. A., BRUCE N. L., CAIRNS S. D., CHAN T. Y., CHENG L., COLLINS A. G., CRIBB T., CURINIGALLETTI M., DAHDOUNHUEBAS F., DAVIE P. J. F., DAWSON M. N., CLERCK O., DECOCK W., GRAVE S., VOOGD N. J., DOMNING D. P., EMIG C. C., ERSÉUS C., ESCHMEYER W., FAUCHALD K., FAUTIN D. G., FEIST S. W., FRANSEN C. H. J. M., FURUYA H., GARCIA-ALVAREZ O., GERKEN S., GIBSON D., GITTENBERGER A., GOFAS S., GÓMEZ-DAGLIO L., GORDON D. P., GUIRY M. D., HERNANDEZ F., HOEKSEMA B. W., HOPCROFT R. R., JAUME D., KIRK P., KOEDAM N., KOENEMANN S., KOLB J. B., KRISTENSEN R. M., KROH A., LAMBERT G., LAZARUS D. B., LEMAITRE R., LONGSHAW M., LOWRY J., MACPHERSON J., MADIN L. P., MAH C., MAPSTONE G., MCLAUGHLIN P. A., MEES J., MELAND K., MESSING C. G., MILLS C. E., MOLODTSOVA T. N., MOOI R., NEUHAUS R., NG P. K. L., NIELSEN C., NORENBURG J., OPRESKO D. M., OSAWA M., PAULAY G., PERRIN W., PILGER J. F., POORE G. C. B., PUGH P., READ G. B., REIMER J. D., RIUS M., ROCHA R. M., SAIZ-SALINAS J. I., SCARABINO V., SCHIERWATER B., SCHMIDT-RHAESA A., SCHNABEL K. E., SCHOTTE M., SCHUCHERT P., SCHWABE E., SEGERS H., SELF-SULLIVAN C., SHENKAR N., SIEGEL V., STERRER W., STÖHR S., SWALLA B., TASKER M. L., THUESEN E. V., TIMM T., TODARO M. A., TURON X., TYLER S., UETZ P., VAN DER LAND J., VANHOORNE B., VAN OFWEGEN L. P., VAN SOEST R. W. M., VANAUVERBEKE J., WALKER-SMITH G., WALTER T. C., WARREN A., WILLIAMS G. C., WILSON S. P. and COSTELLO M. J. (2012). The magnitude of global marine species diversity. **Current Biology**, 22:2189-2202.

AZOVSKY A. I. (2011). Species-area and species-sampling effort relationship: Disentangling the effects. **Ecography**, 34:18–30.

BAKUS G. J., NISHIYAMA G., HAJDU E., MEHTA H., MOHAMMAD M., PINHEIRO U. S., SOHN S. A., PHAM T. K., YASIN Z. B., SHAU-HWAI T., KARAM A. e HANAN E. (2007). A comparison of some population density sampling techniques for biodiversity, conservation and environmental impact studies. **Biodiversity Conservation**, 16:2445.

BARNES D. K. e BELL J. J. (2002). Coastal sponge communities of the West Indian Ocean: taxonomic affinities, richness and diversity. **African Journal of Ecology**, 40:337-349.

BARROS F., UNDERWOOD A. J. e LINDERGARTH. M. (2001). The influence of rocky reefs on structure of benthic macrofauna in nearby soft-sediments. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, 52:191–199.

BENEDETTI-CECCHI L., AIROLDI L., ABBIATI M. e CINELLI F. (1996). Estimating the abundance of benthic invertebrates: a comparison of procedures and variability between observers. **Marine Ecology Progress Series**, 138:93-101.

BRIDGE T. C. L., DONE T. J., BEAMAN R. J., FRIEDMAN A., WILLIAMS S. B., PIZARRO O. e WEBSTER J. M. (2011). Topography, substratum and benthic macrofauna relationships on a tropical mesophotic shelf margin, central Great Barrier Reef, Australia. **Coral Reefs**, 30:143-153.

BUSSOTTI S., TERLIZZI A., FRASCHETTI S., BELMONTE G. e BOERO F. (2006). Spatial and temporal variability of sessile benthos in shallow mediterranean marine caves. **Marine Ecology Progress Series**, 325: 109-119.

CALDWELL Z. R., ZGLICZYNSKI B. J., WILLIAMS G. J. e SANDIN S. A. (2016) – Reef fish survey techniques: assessing the potential for standardizing methodologies. **PLoS ONE**, 11(4): e0153066.

CONDIT R., PITMAN N., LEIGH E. G., CHAVE J.R. J., TERBORGH J. R., FOSTER B., NÚÑEZ P., AGUILAR V., VALENCIA S. R., VILLA G., MULLER-LANDAU H. C., LOSOS E. e HUBBELL S. P. (2002). Beta-diversity in tropical forest trees. **Science**, 295:666-669.

CONLAN K. E., KIM S. L., LENIHAN H. S. e OLIVER J. S. (2004). Benthic changes during 10 years of organic enrichment by McMurdo Station, Antarctica. **Marine Pollution Bulletin**, 49: 43 – 60.

CONNELL J. H. (1978). Diversity in tropical rain forest and coral reefs. **Science**, New Series, 199 (4335): 1302 – 1310

COOPER T. F., GILMOUR J. P. e FABRICIUS K. E. (2009). Bioindicators of changes in water quality on coral reefs: review and recommendations for monitoring programmers. **Coral Reefs**, 28: 589 – 606.

CORREIA M. D. (1997). Distribuição dos organismos macrobêntônicos no recife de coral da Ponta Verde, Maceió, Alagoas – Brasil. 184 p. **Tese** (Doutorado em Ciências, Zoologia) Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo.

CORREIA M. D. e SOVIERZOSKI H. H. (2013). Endemic marine benthic invertebrates on the brazilian reef ecosystems. **Journal of Earth Science and Engineering** 3(10): 672-682.

DE'ATH G., FABRICIUS. K. E., SWEATMAN H. e PUOTINE M. (2012). The 27-years decline of coral cover on the Great Barrier Reef and its causes. **PNAS**, 109(44):17995–17999.

EYNAUD Y., McNAMARA D. E., SANDIN S. A. (2016). Herbivore space use influences coral reef recovery. **Royal Society Open Science**, 3, 160262.

FACON M., PINAULT M., OBURA D., PIOCH S., POTHIN K., BIGOT L., GARNIER R., e QUOD J. P. (2016). A comparative study os the accuracy and effectiveness of

line and Point Intercept Transect methods for coral reef monitoring in the southwestern Indian Ocean island. **Ecological Indicators**, 60:1045-1055.

FERRARI R., GONZALES-RIVERO M., ORTIZ J. C. e MUMBY J. (2012). Interaction of herbivory and seasonality on the dynamics of caribbean macroalgae. **Coral Reefs**, 31:683-692

FRANCINI-FILHO R. B. e MOURA R. L. (2008). Evidence for spillover of reef fishes from a no-take marine reserve: An evaluation using the before-after control-impact (BACI) approach. **Fisheries Research**, 93:346-356.

GOODSELL P. J. e CONNELL S. D. (2008). Complexity in the relationship between matrix composition and inter-patch distance in fragmented habitats. **Marine Biology**, 154:117-125.

HAMILTON S. (2013). Five practical uses of spatial autocorrelation for studies of coral reef ecology. **Marine Ecology: Progress Series**, 478:15-25.

HORTAL J., DE BELLO F., DINIZ-FILHO J. A. F., LEWINSOHN T. M., LOBO J. M. and LADLE R. J. (2015). Seven Shortfalls that Beset Large-Scale Knowledge on Biodiversity." **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, 46(1):523-549.

HUNTINGTON B. E. and LIRMAN D. (2012). Coral species richness estimates are sensitive to differences in reef size and regional diversity. **Limnology and Oceanography: Methods**, 10:110-116.

HURLBERT S. H. (1984). Pseudoreplication and the design of ecological field experiments. **Ecological monographs**, 54(2):187–211.

JOHNSTON E. L e ROBERTS D. A. (2009). Contaminants reduce the richness and evenness of marine communities: A review and meta-analysis. **Environmental Pollution**, 157:1745-1752.

IDJADI J. A. e KARLSON R. H. (2007). Spatial arrangement of competitors influences coexistence of reef-building corals. **Ecology**, 88(10):2449-2454.

LABOREL, J. (1965) On brazilian coral reefs. **Anais da Academia Brasileira de Ciência**, 37: 12 – 58.

_____ (1967). A revised list of brazilian Scleractinian corals and description of a new species. Peabody Museum of Natural History Yale University. **Postilla**, 107:1-14.

_____ (1970). Les peuplements de Madréporaires des cotes tropicales du Brésil. **Annales De l'Universite d'Abidjan**, EII, 3, 1-261.

LEÃO, Z. M. A. N., MINERVINO-NET A., FERREIRA B. P., FEITOSA C. V., SAMPAIO C. L. S., COSTA-SASSI C. F., NEVES E. G., FREIRE F. A. M., SILVA G. O. M., STRENZEL G. M. R., SOVIERZOSKI H. H., OLIVEIRA J. E. L., MENDES L. F, SOARES M. O., ARAUJO M. E., OLIVEIRA, M. D. M., MAIDA M., CORREIA M. D., ROSA R. S., SASSI R., JOHNSON R., FRANCINI-FILHO R. B., KIKUCHI R. K. P. LEITE, T. S. (2015). **Monitoramento dos recifes e ecossistemas coralinos**. In:

- TURRA A. e DENADAI M. R. (2015). Protocolos para o monitoramento de habitats bentônicos costeiros – Rede de Monitoramento de Habitats Bentônicos Costeiros. São Paulo-SP: Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo. 259p.
- MELLIN C., BRADSHAW C. J. A., MEEKAN M. G., and CALEY M. J. (2010). Environmental and spatial predictors of species richness and abundance in coral reef fishes. **Global Ecology and Biogeography**, 19:212–222.
- MELO A. S. (2008). O que ganhamos ‘confundindo’ riqueza de espécies e equabilidade em um índice de diversidade? **Biota Neotropica**, 8(3):21-27.
- McCLANAHAN T. e KARNAUSKAS M. (2011). Relationships between benthic cover, current strength, herbivory and fish closure in Glovers Reef Atoll, Belize. **Coral Reefs**, 30:9-19.
- NOAA (2014). National Oceanic and Atmospheric Administration. Disponível em: <https://www.coris.noaa.gov/>. Acesso em: janeiro de 2017.
- ÖHMAN M. C. e RAJASURIYA A. (1998). Relationships between habitat structure and fish communities on coral and sandstone reefs. **Environmental Biology of Fishes**, 53:19–31.
- PHILLIPS D. L. e MACMAHON J. A. (1981). Competition and spacing pattern in desert shrubs. **Journal of Ecology**, 69:97-115.
- RAMOS C. A. C., AMARAL F. D., KIKUCHI R. K. P., CHAVES E. M. e MELO G. R. (2009). Quantification of reef benthos communities and variability inherent to the monitoring using video transect method. **Environmental Monitoring Assess**, DOI 10.1007/s10661-009-0778-z
- SANDIN S. A. e McNAMARA (2012). Spatial dynamics of benthic competition on coral reefs. **Oecology**, 168:1079-1090.
- STOUT J. and VANDERMEER J. (1975) Comparison of species richness for stream-inhabiting insects in tropical and mid-latitude streams. **American Naturalist**, 109:263-280.
- TIESTA M. and FIEDLES K. (2011). How to evaluate and reduce sampling effort for ants. **Journal of Insect Conservation**, 15(4):547–559.
- VERON J. E. N. (1995). **Corals in space and time: the biogeography and evolution of the scleractinia**. Ithaca, New York: Cornell University Press, 321p.
- WALTHER B. A., COTGREAVE P., PRICE R. D., GREGORY R. D. and CLAYTON D. H. (1995) Sampling effort and parasite species richness. **Parasitology Today**, 11:306-310.
- WHITTAKER R. J., Araújo, M. B., Jepson, P. Ladle, R. J., Watson, J. E. M. and Willis, K. J. (2005). Conservation Biogeography: assessment and prospect. **Diversity and Distributions**, 11, 3–23.

WILSEY B. J., CHALCRAFT D. R., BOWLES C. M. e WILLIG M. R. (2005). Relationships among indices suggest that richness is an incomplete surrogate for grassland biodiversity. **Ecology** 86(5):1178-1184

XU B. and LI Z. (2014). Research of image change detection method based on spatial autocorrelation statistics. **Advanced Materials Research**, 864:2808-2811.

3. CAPÍTULO 1: DIVERSIDADE MACROBENTÔNICA RECIFAL: INDEPENDÊNCIA E ESFORÇO AMOSTRAL

Bruno M. S. Pereira, Hilda H. Sovierzoski e Marcos V. C. Vital

RESUMO

Recifes são ecossistemas complexos que suportam uma biodiversidade considerável. Obter informações sobre esses ecossistemas é um desafio, devido à dificuldade associada com a coleta de dados de riqueza de espécies. Aqui, nós avaliamos o espaçamento mínimo entre as unidades amostrais para garantir independência amostral na assembleia estudada. Nós também avaliamos o efeito do esforço amostral, para a estimativa da riqueza de espécies. A amostragem foi realizada entre abril de 2015 e maio de 2016 durante as marés baixas utilizando a metodologia de transectos lineares em 10 transectos (7 perpendiculares e 3 paralelos) e os dados da diversidade de espécies foram obtidos utilizando fotoquadrados (área amostral do quadrado de 50 por 50 cm) do substrato recifal ao longo dos transectos. Um total de 767 unidades amostrais foram coletadas e 40 espécies macrobentônicas foram registradas. As espécies deixaram de se correlacionar espacialmente com as outras a partir de 90 metros de distância, implicando independência amostral para essa distância. Nós também demonstramos que o esforço amostral foi suficiente para a estimativa da riqueza de espécies na área o qual o estudo foi realizado. Esses resultados compõem uma solução para o espaçamento entre as amostras, por estabelecer uma real distância entre os pontos amostrais sem que haja pseudoreplicação, aumentando assim o número de réplicas espaciais em um mesmo ambiente.

Palavras-chave: Desenho experimental, réplicas espaciais, amostras independentes, infralitoral, recifes costeiros, ambientes recifais.

3.1 INTRODUÇÃO

Os recifes apresentam uma altíssima biodiversidade de macro e micro-organismos, formando um dos mais complexos ecossistemas marinhos do planeta. (CONNELL, 1978). Além disso, muitas espécies ainda estão sendo descobertas. Por exemplo, na década de 1980, a diversidade de invertebrados macrobentos recifais foi

estimada em cerca de 216.000 espécies (REAKA-KUDLA, 1997), em comparação com estimativas atuais de cerca de 756.000 espécies, das quais 167.000 foram formalmente descritas (APPELTANZ *et al.*, 2012).

A assembleia de organismos bentônicos ao longo dos recifes é influenciada pelo contexto espacial e pelas interações entre as espécies influenciando assim a estrutura das comunidades biológicas (MELLIN *et al.*, 2010; HAMYLTON, 2013). No entanto, independentemente do grupo ou número de espécies, há uma falta de informação sobre a diversidade, riqueza de espécies e distribuição da maioria dos organismos marinhos. Isto não é apenas limitado a grupos que são difíceis de estudar, mas também afeta grupos que são amplamente conhecidos (RIDDLE *et al.*, 2011). Tais lacunas estão lentamente começando a ser preenchidas, mas muitos grupos ainda são amplamente desconhecidos (MIGOTTO e MARQUES, 2006). Esta falta de informação sobre a biodiversidade pode ser resumida em sete défices que dentre eles, dois se adequam ao que é mais comum em ecossistemas recifais, como os déficits Linneanos e Wallaceanos (WHITTAKER *et al.*, 2005; HORTA *et al.*, 2015). O primeiro refere-se ao fato de que a maioria das espécies ainda não foram catalogadas, enquanto a segunda refere-se à falta de informações sobre a distribuição geográfica dessas espécies. O conhecimento da riqueza de espécies em diferentes regiões é essencial para o planejamento de redes de unidades de conservação e essas faltas de informações criam lacunas de conhecimento com sérias implicações para a conservação das espécies e o manejo sustentável dos recursos naturais desses ambientes (BINI *et al.*, 2006).

A riqueza de espécies é uma das métricas mais comuns para avaliar as mudanças nas características da comunidade ecológica no espaço e no tempo (HUNTINGTON e LIRMAN, 2012). No entanto, apesar da sua ubiquidade, os mecanismos que explicam os padrões espaciais da riqueza de espécies são muitas vezes pouco claros: a distância espacial e as condições ambientais contribuem apenas parcialmente para explicar a diversidade global dos ambientes (TEWS *et al.*, 2004). Este é um problema para os ecologistas e biólogos de conservação, uma vez que eles precisam ser capazes de estimar com precisão a riqueza de espécies em diferentes escalas espaciais, a fim de fazer inferências globais sobre as regras que moldam os mais diversos ecossistemas (COLWELL, MAO e CHANG, 2004, ALTERMATT e HOLYOAK, 2012, PARRAVICINI *et al.*, 2013). Uma das principais

barreiras são as dificuldades associadas à coleta de dados de riqueza, que muitas vezes podem ser praticamente impossíveis, dependendo do tamanho da área e a quantidade de amostras necessárias. A incapacidade de quantificar a influência em diferentes escalas sobre os dados de riqueza tem levado frequentemente à pseudoreplicação (HULBERT, 1984), limitando as inferências que podem ser derivadas de muitos estudos ecológicos em campo.

Descobrir padrões de biodiversidade depende criticamente de métodos e esforço de amostragem, que por sua vez são influenciados pela finalidade do estudo e os organismos a serem estudados. No entanto, o método adequado para a coleta de dados deve fornecer uma boa estimativa de espécies raras e abundantes presentes em um determinado ambiente, sendo um dos principais fatores para entender e gerenciar a biodiversidade, tornando-se um dos principais focos das teorias da Biodiversidade (WILLIAMS e WILLIAMS, 1998, MELO e FROEHLICH, 2001, CONOLLY *et al.*, 2014). No entanto, a estimativa de espécies raras e dominantes em uma única amostragem depende principalmente do tamanho da área estudada, do habitat e da relação entre a distribuição da abundância das espécies de uma comunidade ecológica e como essa distribuição é obtida em uma coleta aleatória de dados (PRESTON, 1948, CHISHOLM, 2006). Uma boa maneira de resolver esse problema foi proposta por Stout e Vandermeer (1975) e mais tarde por Walther et al. (1995), que estabelecem que em áreas tropicais com alta riqueza de espécies, quando o número de amostras aumenta, conseqüentemente o número de espécies aumenta, encontrando cada vez mais espécies consideradas raras, correlacionando o tamanho do esforço amostral com o número das espécies.

Assim, é necessário estabelecer uma estratégia de amostragem ideal, aplicando análises estatísticas espaciais (XU e LI, 2014). Sem esses dados de riqueza, as características ecológicas dos ambientes amostrados podem aparecer completamente aleatórias e sem limites geográficos. Neste contexto, é importante estabelecer a distância mínima entre os pontos de coleta para garantir a independência das amostras e evitar a pseudoreplicação (HULBERT, 1984). Isso é especialmente importante nos ecossistemas recifais, porque eles contêm organismos sésseis ou sedentários sensíveis às mudanças ambientais, favorecendo uma melhor direção para estabelecer medidas de conservação para esses ambientes. No entanto, algumas pesquisas estão limitadas a medidas de porcentagens cobertura de corais,

enquanto outras envolvem medições simultâneas de informações adicionais como algas, peixes, invertebrados e rugosidade dos ambientes entre outros, mas não há padronização entre grupos com características semelhantes e relacionados ao contexto espacial (TISTA e FIEDLES, 2011, JOKIEL *et al.*, 2015, SEQUEIRA *et al.*, 2016).

Além disso, o esforço de amostragem necessário para obter uma representação geral das assembleias bentônicas recifais não foi claramente estabelecido. Muitos estudos têm sido conduzidos em grandes escalas (por exemplo, BARROS, UNDERWOOD e LINDEGARTH), ou escalas menores (por exemplo, BARROS, BROWN e BELL, 2002; DE'ATH *et al.*, 2012; FACON *et al.*, 2016, 2001, BUSSOTTI *et al.*, 2006). No entanto, não há estudos que indiquem o quão bem as amostras representam essas assembleias. A este respeito, é vital compreender claramente a dinâmica espacial das comunidades de recifes e identificar a distância mínima para assegurar amostras estatisticamente independentes das assembleias recifais. Aqui, identificamos o espaçamento necessário entre os pontos de amostragem para garantir a independência estatística do conjunto dos dados e estimar o número de amostras necessárias para assegurar uma estimativa robusta da riqueza de espécies.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Área do Estudo

Este estudo foi realizado em um recife de franja coralino-algal tropical, que apresenta características típicas dos recifes costeiros e cujo substrato tem em sua constituição corais hermatípicos escleractíneos com associações com briozoários e algas calcárias (BARBOSA, 1985). A morfologia deste ambiente é caracterizada como um recife emergente, adjacente à linha de praia, apresentando forma de meia lua, originando da praia, com seu crescimento projetado para o oceano. Inclui áreas que são expostas durante marés baixas e outras que permanecem imersos, com variação de maré de -0,2m a 2,9m. Situada na zona entremaré, com área de aproximadamente um km² de extensão, localizada no litoral da cidade de Maceió, estado de Alagoas, Nordeste do Brasil (9°39'56"S, 35°41'40"W) (Figura 1). De acordo com a definição das unidades de áreas amostrais estabelecidas por Leão e colaboradores (2015), para a

costa tropical do Brasil a área do recife de Ponta Verde está localizada no Nordeste Oriental do Brasil.

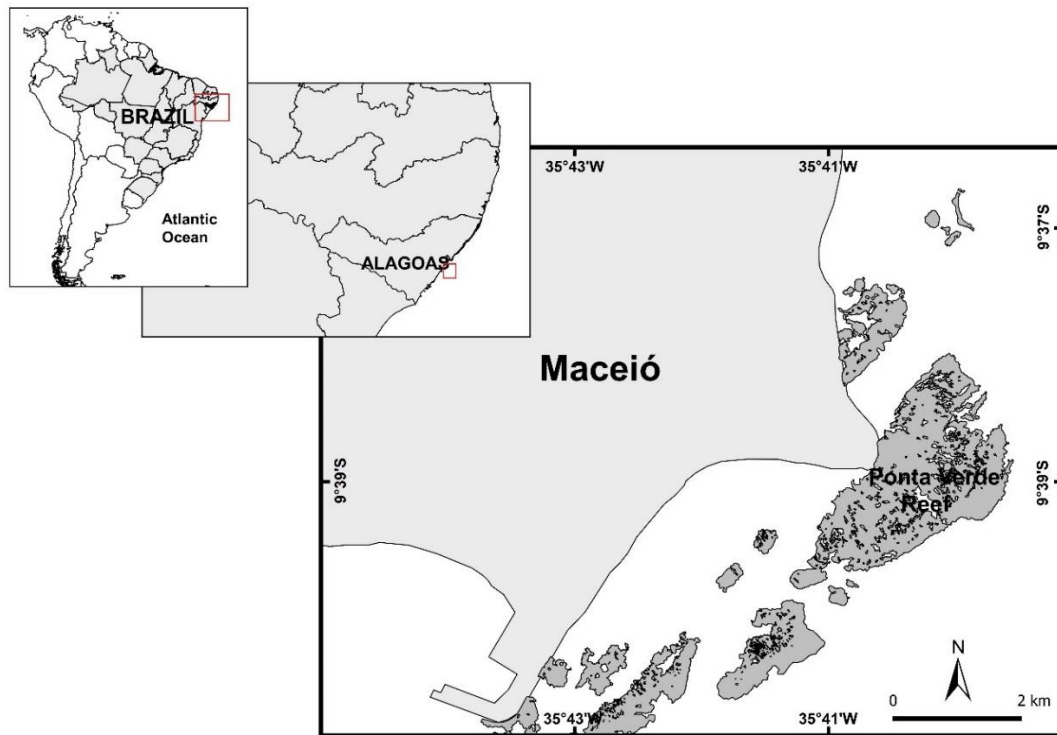


Fig. 1 – Mapa da costa de Maceió mostrando a localização do recife da Ponta Verde.

3.2.2 Amostragem

A amostragem foi realizada entre abril de 2015 e maio de 2016, durante as marés baixas. Os dados foram obtidos utilizando o método de transectos lineares em 10 transectos (Perpendicular: T1 = 580 m, T2 = 750 m, T3 = 1030 m, T4 = 860 m, T5 = 720 m, T6 = 670 m, T7 = 250 m e Paralelo: TA = 510 m, TB = 1080 m e TC = 1120 m, a linha da costeira) predeterminados utilizando pontos de referência na costa urbana do recife. Os dados da assembleia de espécies foram obtidos utilizando fotografias do substrato recifal ao longo dos transectos, incluindo os organismos macrobentos, em intervalos de 10 metros, com uma câmera digital em modo macro utilizando um quadrado como área amostral de 50 por 50 cm. Foram colhidas 767 unidades amostrais.

As espécies macrobentônicas encontradas neste estudo foram identificadas ao menor nível taxonômico possível no campo e, quando necessário, alguns espécimes foram coletados para confirmação taxonômica no laboratório. A análise qualitativa e quantitativa dos organismos foi baseada na porcentagem de cobertura das espécies de cada uma das fotos, sinalizando a ocorrência da espécie no espaço amostral.

Locais nas imagens sem nenhuma espécie macrobentônica foram atribuídos à categoria PRS (Pavimento, pedregulho ou areia), utilizando o método de cobertura de área do programa *Coral Point Count with Excel extention* (CPCe) versão 4.1 (KORLER e GILL, 2006).

3.2.3 Análise dos Dados

Para cada imagem, foi calculada a riqueza de espécies (S), correspondente ao número total de espécies. A diversidade foi calculada usando o índice de Simpson (usando a porcentagem de cobertura como uma medida de cada representação de espécies na amostra). Este índice foi escolhido por gerar resultados interpretáveis e tem uma medida que é fortemente influenciada pela equabilidade das espécies. Para comparar as montagens de cada transecto, criamos uma matriz de similaridade usando o coeficiente Bray-Curtis (LEGENDRE e LEGENDRE, 1998), que foi graficamente representado por *clusters* com o método UPGMA (LEGENDRE e LEGENDRE, 1998). Para testar as diferenças significativas na porcentagem de cobertura e composição (estrutura da comunidade) da macrofauna entre os transectos, utilizou-se uma PERMANOVA (Análise Permutatória Multivariada de Variância) (ANDERSON 2001) adaptada a matrizes de distância, através da função *adonis* do pacote *Vegan R* (OKSANEN et al., 2016).

A existência de autocorrelação espacial entre as unidades da amostragem (na variação da riqueza e diversidade de espécies) foi investigada com testes de Mantel (BORCARD, GILLET e LEGENDRE, 2011) e a significância estatística testada por permutação. Os correlogramas de Mantel foram utilizados para verificar se a distância entre as unidades da amostragem de cada transecto se tornou estatisticamente independente. Nesse caso, quando deixaram de mostrar efeitos de autocorrelação espacial, que de acordo com a literatura consultada (TAYLOR, 1990, RAMSEY, 2011; REBEKIC et al., 2015), utilizamos o valor de corte de 0,19, de acordo com a escala de correlação de Roemer, que são divididos em classes representes diferentes forças de relação entre as espécies. Escolhido por ser mais adequado para a grande heterogeneidade dos ambientes recifais que, conseqüentemente, apresentam valores de correlações muito baixos. A fim de discutir o desenvolvimento de modelos de amostragem apropriados para estudos macrobentos recifais na zona entremaré.

A suficiência amostral foi verificada a partir da extrapolação da curva de acúmulo de espécies pelo método de rarefação (CHAO et al., 2014), a fim de verificar quantas amostras seriam necessárias para amostrar a riqueza de todas as espécies no local estudado. As extrapolações foram feitas considerando duas vezes o esforço da amostragem real, utilizado para estimar quantas unidades de amostra seriam necessárias para quantificar a riqueza de espécies encontradas no local amostrado. O estimador de riqueza de espécies Jackknife também foi utilizado para comparar os resultados obtidos na extrapolação e os resultados obtidos com o estimador. Além disso, transectos com 50 e 100 metros foram estabelecidos a partir dos dados dos transectos iniciais para quantificar a riqueza de espécies e obter resultados de suficiência amostral com o menor esforço possível e o melhor tamanho (50 – 100 m) dos transectos, para isso foi utilizado a curva de acumulação de espécies construído por rarefação. Todas as análises de dados foram realizadas com o software R (R CORE TEAM, 2016) utilizando os pacotes vegan, iNEXT e dplyr.

3.3 RESULTADOS

Neste estudo foi possível quantificar a presença de 40 espécies macrobentônicas no recife de franja coralino-algal da Ponta Verde. O transecto que mostrou o número mais elevado de espécies foi #T3 com 27 organismos macrobentônicos e o menor número de espécies foi encontrado no #TA com apenas 11 espécies. Os resultados para os outros transectos podem ser vistos na Tabela 1. Das 40 espécies registradas, 12 destas espécies apresentaram baixa representatividade e foram consideradas raras, uma vez que aparecem de 1 a 5 vezes na amostragem geral, estes resultados correspondem a 0,13 % a 0,65% da percentagem total da amostragem.

O transecto com os valores mais dominantes de acordo com o índice de Simpson foram #TB e #T5 e os menos dominante foi #T6, inversamente proporcional à diversidade de Simpson que mostra os transectos com menor dominância, eles têm maior diversidade. Os resultados dos outros transectos também podem ser vistos na Tabela 1.

A distribuição da riqueza de espécies em cada transecto pode ser observada no mapa abaixo (Figura 2), que mostra a localização e a representação dos quadrados com tamanho correspondente ao número de espécies em cada ponto de coleta

Tabela 1 – Número de espécies e valores de dominância (Índice de Simpson) para cada um dos 10 transectos traçados neste estudo.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	TA	TB	TC
Riqueza de espécies	22	25	27	24	23	25	21	11	19	12
Dominância de Simpson	0.76	0.77	0.65	0.65	0.83	0.51	0.73	0.61	0.83	0.72

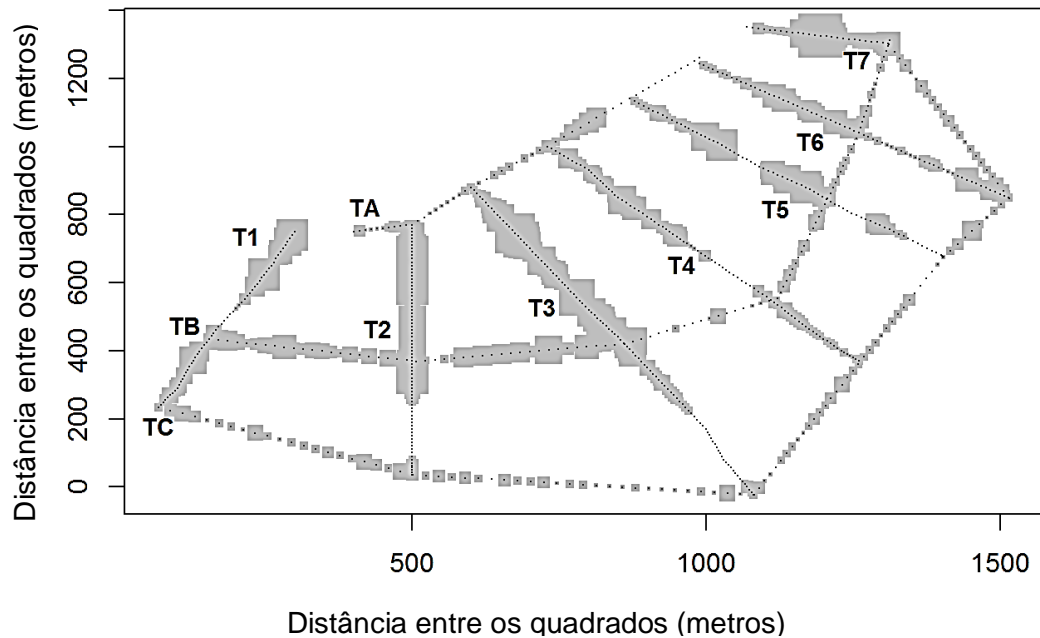


Fig. 2 – Distribuição dos 767 pontos de coleta com quadrados proporcionais ao número de espécies para cada ponto. E a representação dos transectos perpendicular (T1 ao T7) e paralelos (TA, TB e TC).

Os padrões de similaridade entre as amostras dos transectos utilizando os coeficientes de Bray Curtis mostraram alto valor de correlação cofenética 0,85. Os valores das distâncias entre os grupos mostraram que os grupos com maior proximidade foram os dos transectos #T2 e #T3 (0,256) e os grupos mais distantes dos transectos #TC e # T5 (0,989). Todos os demais apresentam grandes valores de distância, superiores a 0,5 (em uma escala de 0 a 1 do coeficiente). O transecto #TA foi o mais diferente em relação a todos os outros. A matriz de distância usando o coeficiente de Bray Curtis mostrou que as assembleias amostradas em cada transecto são bastante diferentes (Fig. 3), confirmadas por Permanova ($F = 16,35$, $R = 0,20$, $p = 0,001$).

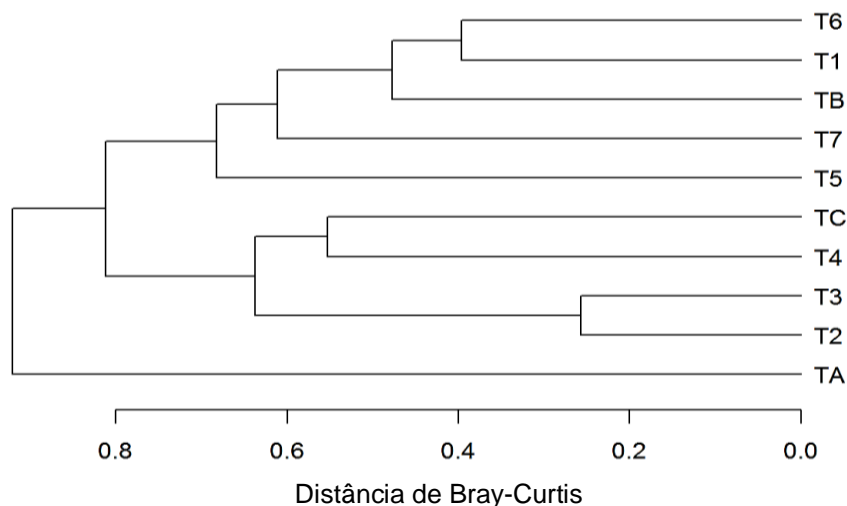


Fig. 3 – Dendrograma das similaridades entre as amostras dos transectos utilizando o coeficiente de Bray Curtis.

O resultado do teste de Matel obtido através da correlação de Pearson foi $r = 0,176$ ($p = 0,001$) para uma autocorrelação geral entre a matriz de similaridade. No entanto, decidimos realizar análises mais detalhadas para cada transecto devido à heterogeneidade dos ecossistemas recifais, quantificando os dados separadamente entre os transectos. Decisão com base nos resultados da matriz de similaridade para testar a independência da amostra. O correlograma de Matel entre os quadrados do transecto #1 mostrou 80m de autocorrelação espacial ($r = 0,167$, $p = 0,002$); o transecto #2 mostrou baixos resultados de autocorrelação com cerca 0,11 com 95m ($p = 0,002$); o transecto #3 também apresentou baixos resultados de correlação, 0,19 com aproximadamente 50 metros ($p = 0,004$); no #T4, a autocorrelação permaneceu perto de 0,1 a aproximadamente 160m ($p = 0,003$); o transecto #5 mostra uma correlação de 0,35 com 36 metros, com resultados significativos ($p = 0,001$) após esta distancias os resultados se tornam insignificantes; o transecto #6 apresentou valores de $r = 0,157$, correlacionando-se com cerca de 40 metros ($p = 0,001$); no transecto #7 o resultado de 45 metros foi encontrado para autocorrelação, com valor de $r = 0,098$ ($p = 0,05$); O transecto #A não apresentou autocorrelação acima de 0,1 ($p = 0,032$) e o máximo de correlação foi de 36 metros com $r = 0,084$; o transecto #B mostrou uma autocorrelação máxima de 0,1 a aproximadamente 70 m ($p = 0,001$); e o transecto #C mostrou que o espaçamento em que há correlação ($r = 0,159$) entre os pontos de amostragem foi de aproximadamente 80 metros ($p = 0,001$). Todos os transectos mostraram autocorrelação em um intervalo acima de 40 e abaixo de 160 metros. No

entanto, atribuímos 90 metros como uma distância segura para evitar o problema de pseudoreplicação, devido à excepcionalidade do transecto #4, o único que se autocorrelaciona com mais de 100 metros e o transecto #2 que atingiu o limite que estabelecemos, mas que tem autocorrelação muito fraca para se tornar um problema com o processamento de dados. Os autocorrelogramas de todos os transectos podem ser vistos na figura 4.

Usando os 90 metros como uma distância de corte para a coleta de dados, re-amostrados em intervalos com essa distância para eliminar o problema de amostras de espécies que se correlacionam, para quantificar assim o número de espécies encontradas. Para isso, extraímos 65 pontos com essa distância pré-estabelecida dos pontos totais da amostragem e estes foram re-amostrados 10 vezes com este mesmo procedimento, obtendo uma variação de 25 a 30 espécies nos 10 ensaios, com uma média de 28,2 espécies. Todas as espécies dominantes foram efetivamente representadas nos 10 ensaios com os 65 pontos com a distância de 90 metros, sendo registradas em alguns dos ensaios algumas das espécies raras.

Avaliando a curva de acumulo de espécies pelo método de rarefação, é possível verificar que o valor do esforço amostral para aproximadamente 700 amostras corresponde ao número médio de 40 espécies. Os resultados de suficiência amostral mostraram que dos 767 quadrados da amostragem, se 200 fossem removidos, já teríamos 39 espécies, das 40 espécies amostrados neste estudo. E quando analisada a partir de quantas amostras já seria obtido 39 espécies, verificou-se que com 519 (67,66%) já teríamos este resultado, ou seja, 248 amostras a menos. Utilizando o estimador de riqueza de espécies de Jackknife, foi obtido o resultado de 42,9 espécies, com erro padrão de 1,7 e um intervalo de confiança de 3,33, obtendo-se assim 39,57 espécies, confirmando que o esforço de amostragem foi suficiente para conhecer o número de espécies na área estudada.

Utilizando um método paramétrico de estimação da riqueza de espécies com base na extrapolação da curva de acumulo, observou-se que se tivéssemos o dobro do esforço amostral, 1534 amostras, o resultado seria 41,3 espécies que com um intervalo de confiança de 95%, teria uma variação de 37 a 45,4 espécies (Fig. 5). Atingindo 39 espécies em torno de 500 amostras e permanece sem muita variação até 750 amostras, obtendo um ligeiro aumento a partir desse número de amostras com o número máximo de espécies indicadas em torno de 45 espécies.

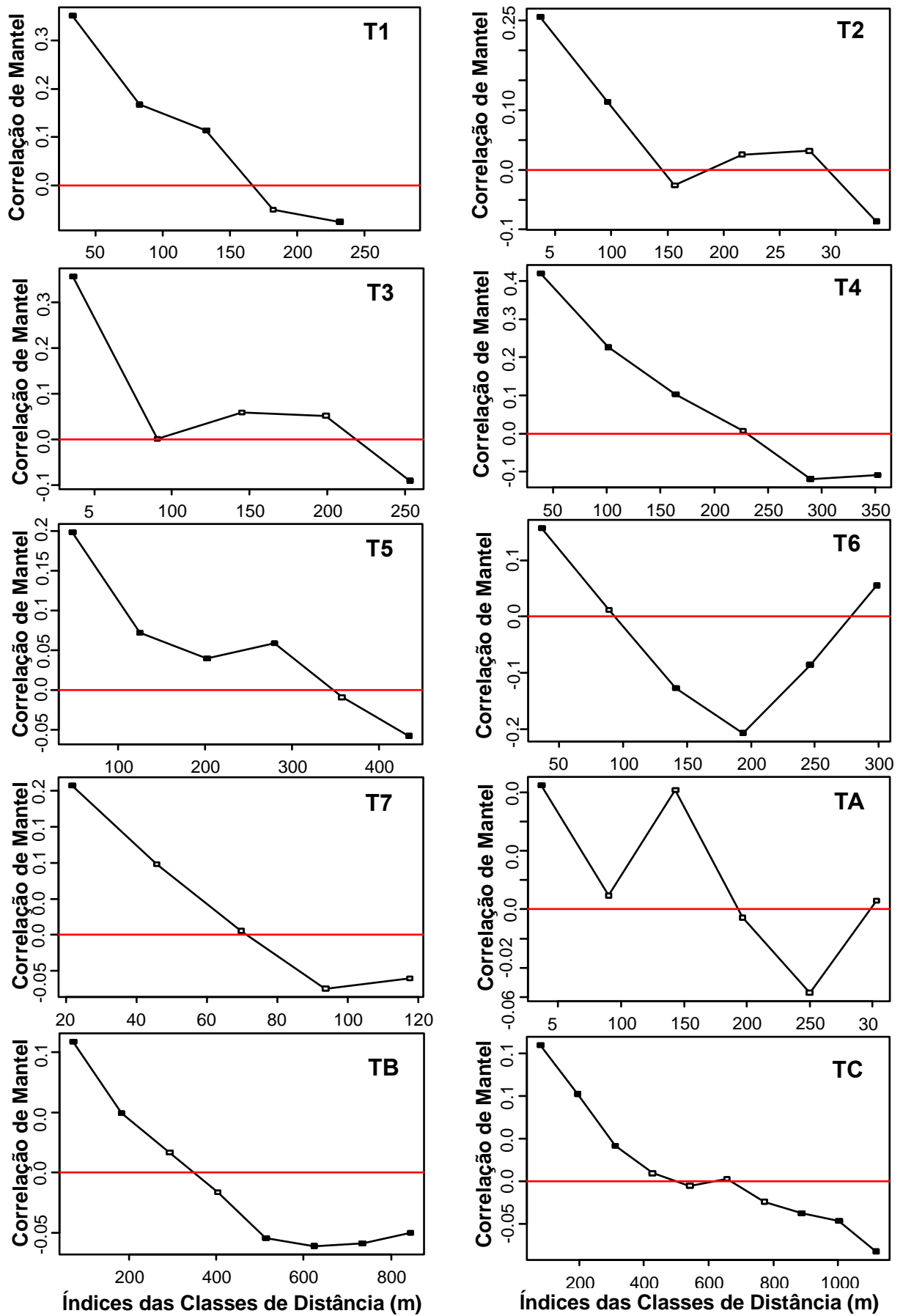


Fig. 4 - Autocorrelogramas de Mantel entre os fotoquadrados para todos os transectos. A linha vermelha mostra a total ausência de autocorrelação.

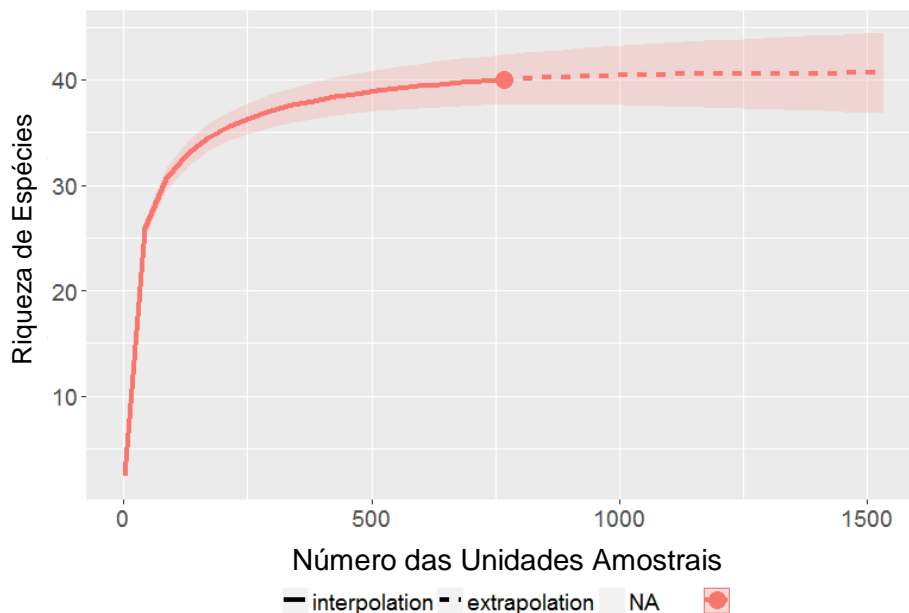


Fig. 5 – Extrapolação da curva de acumulo de espécies para espécies encontradas em uma amostragem com 1534 amostras.

Analisando o número de transectos necessários para a obtenção de um número significativo de espécies, com transectos menores do que os estabelecidos na amostragem total, estabelecendo transectos com 50 metros de comprimento, foi possível observar que se coletarmos 104 transectos com este comprimento já obteríamos um total de 37 espécies, com 81 transectos é possível obter 36 espécies, com 65 transectos, 35 espécies e com 53 transectos um total de 34 espécies são obtidas (como pode ser visto na Figura 6). Quando aumentamos o tamanho do transecto para o dobro, isto é, 100 metros, com apenas 53 já obtivemos um total de 37 espécies, com 41 transectos encontramos 36 e com 33 encontramos cerca de 35 espécies (ver Figura 6). Se somarmos todos os tamanhos de todos os transectos deste estudo, obtemos um total de 7.510 m, no entanto, utilizando transectos menores, por exemplo os de 100 metros, mesmo tendo que estabelecer 53 transectos, o tamanho total dos transectos juntos seriam 5.300 m. Com os transectos de 50 m, embora o esforço pareça ser maior, o comprimento total dos transectos a ter 37 espécimes seria 5.200 m, menor que a distância total da amostragem, reduzindo em mais de 30 % do esforço amostral inicial para ter um número representativo de espécies no recife de Ponta Verde. Além disso, é importante notar que, ao estabelecer transectos menores, mesmo espécies raras foram registradas, aumentando o número

de espécies, quando comparado com a metodologia para desenhar pontos amostrais no ambiente em questão.

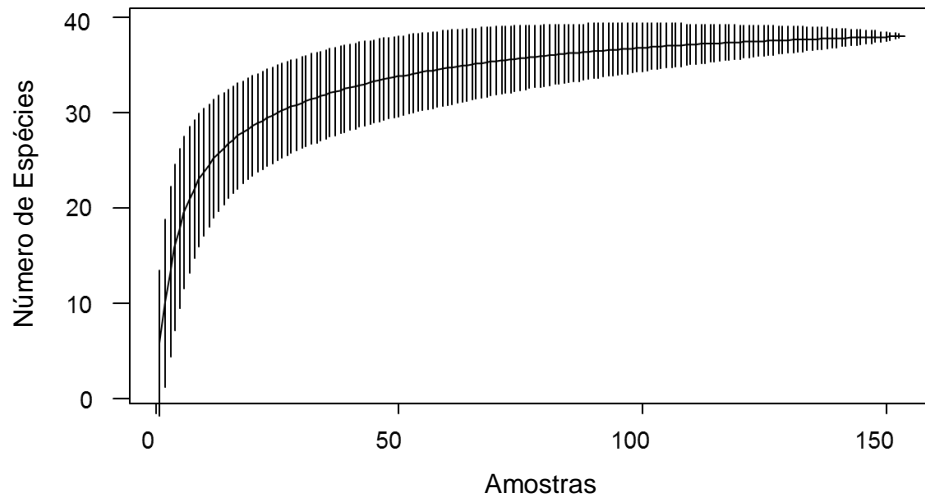


Fig. 6 - Relação entre as amostras necessárias com 50 metros para obter dados de riqueza de espécies utilizando curva de acúmulo de espécies realizada por rarefação. As barras representam o erro padrão.

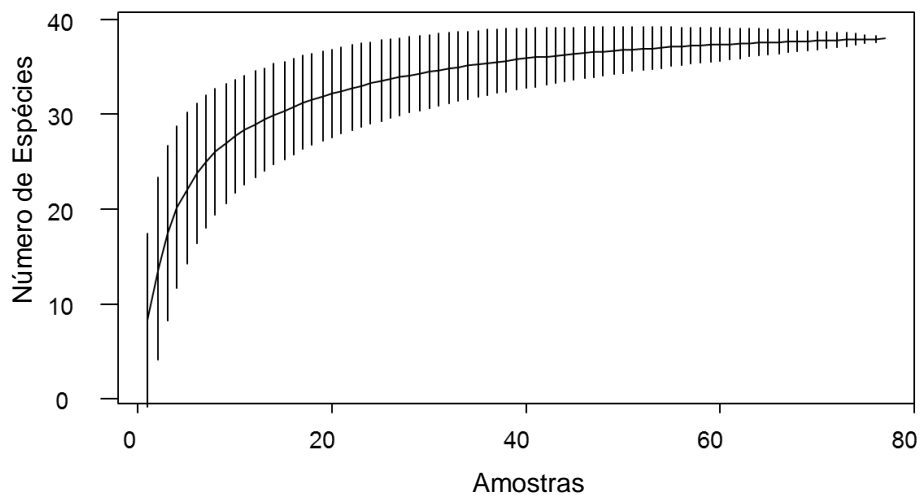


Fig. 7 - Relação entre as amostras necessárias com 50 metros para obter dados de riqueza de espécies utilizando curva de acúmulo de espécies realizada por rarefação. As barras representam o erro padrão.

3.4 DISCUSSÃO

Este estudo testou o espaçamento necessário entre as unidades amostrais para garantir a independência na amostragem dos dados em relação a área amostrada. Além disso, verificamos o efeito do esforço amostral, em número de

unidades, na estimativa da riqueza. Para melhor entender a moldagem da assembleia macrobentônica em um recife coralino-algal tropical no Nordeste, Brasil.

O ecossistema em questão é muito heterogêneo, com diferentes porcentagens de cobertura entre espécies nos transectos, bem como os valores dos índices de diversidade. Essa heterogeneidade foi refletida nos transectos e confirmada pela matriz de similaridade, utilizando o coeficiente de Bray-Curtis. No entanto, é amplamente conhecido que as espécies de coral em diversas regiões são distribuídas aleatoriamente de acordo com a superfície do recife (HUNTINGTON e LIRMAN, 2012). Entretanto, não há informações sobre o padrão de distribuição de uma comunidade macrobentônica, fauna e flora, em sua totalidade. Nesse caso, embora nossa investigação não tenha avaliado diretamente a organização das assembleias, oferecemos uma perspectiva para uma melhor amostragem com dados independentes e menor esforço amostral

Portanto, o primeiro ponto que gostaríamos de abordar é a independência das amostras. Ambientes com alta correlação espacial em suas extensões são relativamente comuns e fazem a independência amostral entre esses pontos amostrais quase impossíveis em alguns casos. Dessa forma, estão sujeitos a um erro de observação e pseudoreplicação (RHODES e JONZÉN, 2011). No entanto, os locais podem ser selecionados para que eles sejam verdadeiramente independentes no mesmo ambiente e nós mostramos isso. Devido à já referida heterogeneidade do recife da Ponta Verde, foi possível verificar a independência nas amostras entre os transectos. Entretanto, alguns trabalhos mostram preocupação sobre a independência das amostras, mas atribuem um espaçamento arbitrário como no trabalho de Smale *et al.* (2010) em um recife em profundidade na Austrália e Portillo-Quintero *et al.* (2012) em uma floresta nos Andes. Wang, Zhong e He (2013) realizando uma meta-análise, descobriram que não podem atribuir independência amostral em um ambiente de floresta sem dados pontuais no ambiente. Slik *et al.* (2010) em seu estudo demonstraram que a independência das amostras não pode ser minimamente atribuída quando as espécies são taxonomicamente diferentes. Outros trabalhos, testar a independência na amostragem, por exemplo, Mora *et al.* (2013) fazendo um inventário de uma floresta atribuída independência das amostras a partir de fotos de satélite analisadas em regiões topográficas. Cleveland *et al.* (2011) também atribuíram a independência amostral à topografia do ambiente em uma floresta tropical africana.

A maioria dos estudos foi realizada dentro de ambientes florestais; contudo, Connell (1978) atribui semelhanças entre florestas e ambientes recifal, devido à sua condição sésil e características estruturais. Além disso, outros trabalhos com organismos aquáticos também foram realizados, como no caso dos peixes, tanto de água doce (Fischer e Paukert 2009) quanto de água do mar (FRANSCINI-FILHO e MOURA, 2008), este último atribui que 800 metros é suficiente para uma comunidade de recifes Peixes para deixar de ser dependente, e pode ser usado como controle de uma amostragem.

Nossa investigação mostrou que não há maneira de atribuir arbitrariamente a independência amostral, uma vez que nos próprios transectos os espaçamentos foram diferentes para a independência entre as amostras, variando de 36 (T5, T6 e TA) a 160 (T4) metros. No entanto, o # T4 compreende exatamente o espaço em que Barbosa (1985) atribuiu em seu testemunho geológico como um grande conjunto de substrato feito de areia, o que conseqüentemente impede que os organismos bentônicos se estabeleçam, tornando a espécie possivelmente condensada na porção onde existe substrato sólido para tal, o que causou uma maior correlação entre estes organismos neste transecto, por esta razão uma exceção na distância de correlação. O outro transecto que predispôs a distância de correlação no limite que estabelecemos como seguro para evitar a pseudoreplicação foi o transecto # T2, porém seguindo a escala proposta por Roemer-Orphal a correlação de 0,1 é muito baixa, de modo que a distância de 90 metros pode ser considerada uma medida segura e eficaz para remediar o problema da pseudoreplicação em ambientes recifais. Neste sentido, este estudo contribuiu para maximizar o número de réplicas espaciais sem o problema de pseudoreplicação apontado por Hurlbert (1984).

O segundo ponto é a suficiência amostral. Responder o quanto a coleta de dados representa a riqueza de espécies de uma assembleia é uma tarefa árdua e demorada na busca do método de amostragem apropriado. O que pode ser visto em Huntington e Lirman (2012) estudando 148 fragmentos recifais e constataram que aumentando o número de transectos, mais espécies foram amostradas, obtendo uma cobertura de $70\% \pm 0,6$ de espécies censuradas, diminuindo essa porcentagem em fragmentos de recifes com menos de 1000 m². No entanto, o recife da Ponta Verde tem 1.153.600 m² e com 519 (67.66%) amostras dos 767 coletados, foi possível obter 97,5%. De forma mais abrangente, Fischer e Paukert (2009) utilizando quatro bandas diferentes

para testar o efeito do esforço amostral com peixes, concluíram que para obter 75% da riqueza estimada, foram necessários 3 das bandas utilizados e 100% das espécies foi necessário usar as 4 bandas. Chen *et al.* (2015) comparando a riqueza de espécies obtidas em coleções de briófitas e os resultados obtidos utilizando estimadores de riqueza foi possível constatar que em todos os locais de coleta, os estimadores não conseguiram prever a riqueza, indicando a importância do esforço amostral. Leis *et al.* (2003) utilizando quadrados em ambientes florestais com até 1000 m² foram capazes de captar melhor em um ambiente do que outro, encontrando espécies em um que não foram encontradas em outro com características semelhantes. Avaliando como nosso esforço amostral estava relacionado ao número de espécies coletadas, foi possível notar que com cerca de 68% de nossas amostras, já tínhamos um número com mais de 97% do número total de espécies. Comparando com valores de riqueza estimados por Jackknife foi revelado que o número de espécies era a própria riqueza. No entanto, os estimadores clássicos, como Jackknife e outros, nem sempre são muito consistentes, e a literatura mostra que é mais eficiente extrapolar a curva de acúmulo de espécies (MELO, 2005). No entanto, ao extrapolarmos a curva de acumulação para duplicar o número de unidades coletadas o valor estimado foi de 41.295 espécies, o que não se mostrou útil coletar muito mais e reforça a visão geral de que o esforço empregado neste estudo foi suficiente para estimar a riqueza de espécies no local estudado. O que Colwell, Mao e Chang (2004) apontaram como uma amostragem eficaz e consistente.

Entretanto, quando reduzimos o tamanho dos transectos para 50 e 100 metros e consideramos cada transecto como unidade amostral, foi possível reduzir o esforço da amostragem em torno de 30% da amostragem inicialmente realizada. Com os resultados, foi possível observar que os transectos de 50 metros apresentaram diminuição em uma maior porcentagem do esforço na amostragem, mesmo com o aumento aparente do esforço, mostrou que o tamanho total dos transectos foi menor. Deve-se notar que mesmo espécies consideradas raras foram registradas com uma diminuição no tamanho dos transectos, uma vez que com o aumento no número de transectos, a área que pode ser coberta é muito maior, mesmo que os locais sejam selecionados aleatoriamente para coleta de dados.

Juntando os dois pontos acima, foi possível observar que quando atribuímos a distância considerada para que não haja pseudoreplicação, o número de pontos de

amostragem foi de 65 com 25 a 30 espécies registradas, entretanto, 12 das 40 espécies registradas neste estudo foram espécies consideradas raras e foram encontrados na amostragem, variando de apenas 1 a 5 amostras. A possibilidade de que estas espécies fossem encontradas era menor que 1% das chances na quantificação das análises. Além disso, os dados deste trabalho foram coletados na superfície do recife, excluindo a quantificação das espécies encontradas nas piscinas que são formadas pelo desgaste e a formação natural do ambiente recifal, assim, muitas dessas espécies consideradas raras são encontradas nessas piscinas, uma vez que são espécies não resistentes à dissecação causada pela maré baixa, sendo assim não puderam ser quantificadas para aumentar o número de representatividade na amostragem total. De acordo com Melo e Froehlich (2001), as espécies raras são de diferentes habitats ou de difícil acesso e, portanto, são coletadas acidentalmente. Isso mostra que muitas das espécies raras registradas foram devido à distribuição e adaptação máxima dessas espécies. Além disso, Preston (1948) estabelece que as espécies que no total da amostragem têm de 3 a 10 espécimes, aparecem com representatividade praticamente 0 no resultado final da amostragem. Isso foi observado com espécies consideradas raras neste estudo, que quando submetidas ao sorteio não foram suficientemente representativas para serem quantificadas na re-amostragem. No entanto, encontramos uma solução para a falta de registro de espécies consideradas raras, reduzindo o tamanho dos transectos, para 100 ou 50 metros, sendo este último o mais adequado para a coleta de dados, apesar da pequena diferença encontrada entre o uso com os dois tamanhos de transectos. No entanto, a menos que a distância entre os pontos exceda 90 metros, as amostras estarão sujeitas a pseudoreplicação.

Entretanto, os resultados obtidos em nosso estudo mostraram ser aceitáveis em termos do número de espécies e da redução do esforço amostral para captar a riqueza de espécies. O presente estudo demonstrou que em um ambiente costeiro de mais de um km², fortemente influenciado pela variação das marés, apresentando uma grande heterogeneidade de condições apresentou 90 m de autocorrelação entre as espécies dos próprios transectos, utilizando a similaridade da composição. Estes resultados compõem uma solução para o espaçamento entre as amostras, para estabelecer uma distância real entre os pontos de coleta de modo que não haja pseudoreplicação, aumentando assim o número de réplicas espaciais. Além disso, foi

possível diminuir em 248 amostras e a amostragem ainda permaneceu significativa em relação ao número de espécies encontradas, reduzindo o esforço e mostrando grande suficiência amostral. Além disso, quando a riqueza de espécies foi quantificada com uma distância de 90 metros, todas as espécies dominantes foram quantificadas. Os resultados são representativos da montagem ambiental em questão, o que a torna uma referência importante para a coleta de dados que são independentes em ambientes que apresentam as mesmas características do presente estudo.

AGRADECIMENTOS

Este manuscrito foi dedicado a Monica Dorigo Correia, que dedicou sua vida acadêmica a estudar as comunidades bentônicas recifais.

SUPORTE FINANCEIRO

A agência brasileira CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) em agradecimento pela bolsa de estudos ao B. M. S. P.

REFERENCIAS

ALTERMATT F. and HOLYOAK M. (2012). Spatial clustering of habitat structure effects patterns of community composition and diversity. **Ecology**, 93(5):1125–1133.

APPELTANS W., AHYONG S. T., ANDERSON G., ANGEL M. V., ARTOIS T., BAILLY N., BAMBER R., BARBER A., BARTSCH I., BERTA A., BŁAŻEWICZ-PASZKOWYCZ M., BOCK P., BOXSHALL G., BOYKO C. B., BRANDÃO S. N., BRAY R. A., BRUCE N. L., CAIRNS S. D., CHAN T. Y., CHENG L., COLLINS A. G., CRIBB T., CURINI-GALLETTI M., DAHDOUNHUEBAS F., DAVIE P. J. F., DAWSON M. N., CLERCK O., DECOCK W., GRAVE S., VOOGD N. J., DOMNING D. P., EMIG C. C., ERSÉUS C., ESCHMEYER W., FAUCHALD K., FAUTIN D. G., FEIST S. W., FRANSEN C. H. J. M., FURUYA H., GARCIA-ALVAREZ O., GERKEN S., GIBSON D., GITTENBERGER A., GOFAS S., GÓMEZ-DAGLIO L., GORDON D. P., GUIRY M. D., HERNANDEZ F., HOEKSEMA B. W., HOPCROFT R. R., JAUME D., KIRK P., KOEDAM N., KOENEMANN S., KOLB J. B., KRISTENSEN R. M., KROH A., LAMBERT G., LAZARUS D. B., LEMAITRE R., LONGSHAW M., LOWRY J., MACPHERSON J., MADIN L. P., MAH C., MAPSTONE G., MCLAUGHLIN P. A., MEES J., MELAND K., MESSING C. G., MILLS C. E., MOLODTSOVA T. N., MOOI R., NEUHAUS R., NG P. K. L., NIELSEN C., NORENBURG J., OPRESKO D. M., OSAWA M., PAULAY G., PERRIN W., PILGER J. F., POORE G. C. B., PUGH P., READ G. B., REIMER J. D., RIUS M., ROCHA R. M., SAIZ-SALINAS J. I., SCARABINO V., SCHIERWATER B., SCHMIDT-RHAESA A., SCHNABEL K. E., SCHOTTE M., SCHUCHERT P., SCHWABE E., SEGERS H., SELF-SULLIVAN C., SHENKAR N., SIEGEL V., STERRER W., STÖHR S., SWALLA B., TASKER M. L., THUESEN E. V., TIMM T., TODARO M. A., TURON X., TYLER S., UETZ P., VAN DER LAND J., VANHOORNE

B., VAN OFWEGEN L. P., VAN SOEST R. W. M., VANAUVERBEKE J., WALKER-SMITH G., WALTER T. C., WARREN A., WILLIAMS G. C., WILSON S. P. and COSTELLO M. J. (2012). The magnitude of global marine species diversity. **Current Biology**, 22:2189-2202.

BARNES D. K. and BELL J. J. (2002). Coastal sponge communities of the West Indian Ocean: taxonomic affinities, richness and diversity. **African Journal of Ecology**, 40:337-349.

BARROS F., UNDERWOOD A. J. and LINDERHARTH M. (2001). The influence of rocky reefs on structure of benthic macrofauna in nearby soft-sediments. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, 52:191–199.

BINI L. M., DINIZ-FILHO J. A. F., RANGEL T. F. L. V. B., BASTOS R. P. and PINTO M. P. (2006). Challenging Wallacean and Linnean shortfalls: knowledge gradients and conservation planning in a biodiversity hotspot. **Diversity and Distributions**, 12:475–482.

BORCARD D., GILLET F., and LEGENDRE P. (2011). **Numerical Ecology with R**. Springer Science, New York. 301p.

BUSSOTTI S., TERLIZZI A., FRASCHETTI S., BELMONTE G. and BOERO F. (2006). Spatial and temporal variability of sessile benthos in shallow mediterranean marine caves. **Marine Ecology Progress Series**, 325:109-119.

CAO Y., WILLIAMS D. D. and WILLIAMS N. E. (1998) How important are rare species in aquatic community ecology and bioassessment? **Limnology and Oceanography**, 43:1403-1409.

CHAO A., GOTELLI N. J., HSIEH T. C., SANDER E. L., MA K. H., COLWELL R. K. and ELLISON A. M. (2014) Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. **Ecological Monographs**, 84:45-67.

CHEN S., FERRY SLIK J. W., MAO L., ZHANG J., SA R., ZHOU K., and GAO J. (2015). Spatial patterns and environmental correlates of bryophyte richness: sampling effort matters. **Biodiversity and Conservation**, 24(3):593–607.

CHISHOLM R. A. (2006) – Sampling species abundance distribution: resolving the veil-line debate. **Journal of Theoretical Biology**, 247:600–607.

CLEVELAND C. C., TWONSEND A. R., TAYLOR P., ALVAREZ-CLARE S., BUSTAMANTE M. C., CHUYONG G., DOBROWSKI S. Z., GRIERSON P., HOULTON B. Z., MARKLEIN A., PARTON W., PORDER S., REED S. C., SILVER W. L., TANNER E. V. J. and WIDER W. R. (2011). Relationship among net primary productivity, nutrients and climate in tropical rain forest: a pan-tropical analysis. **Ecology Letters**, 14:1313-1317.

CONNOLLY S. R., MACNEIL M. A., CALEY M. J., KNOWLTON N., CRIPPS E., HISANO M., THIBAUT L. M., BHATTACHARYA B. D., BENEDETTI-CECCHI L., BRAINARD R. E., BRANDT A., BULLERI F., ELLINGSEN K. E., KAISER S.,

KRÖNCHE I., LINSE K., MAGGF E., O'HARA T. D., PLAISANCE L., POORE G. C. B., SARKAR S. K., SATPATHY K. K., SCHÜCKEL U., WILLIAMS A. and WILSON R. S. (2014) – Commonness and rarity in the marine biosphere. **PNAS**, 111(23):8524–8529.

COLWELL R. K., XUAN MAO C., and CHANG J. (2004). Interpolating, extrapolating, and comparing incidence-based species accumulation curves. **Ecology**, 85(10):2717-2727.

CONNELL J. H. (1978). Diversity in Tropical Rain Forest and Coral Reefs. **Science, New Series**, 199(4335):1302–1310.

DE'ATH G. FABRICIUS K. E., SWEATMAN H. and PUOTINE M. (2012). The 27-years decline of coral cover on the Great Barrier Reef and its causes. **PNAS**, 109(44):17995–17999.

FACON M., PINAULT M., OBURA D., PIOCH S., POTHIN K., BIGOT L., GARNIER R., and QUOD J. P. (2016). A comparative study on the accuracy and effectiveness of line and Point Intercept Transect methods for coral reef monitoring in the southwestern Indian Ocean island. **Ecological Indicators**, 60:1045-1055.

FISCHER J. R. and PAUKERT C. P. (2009). Effects of sampling effort, assemblage similarity, and habitat heterogeneity on estimates of species richness and relative abundance of stream fishes. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, 66(2):277-290.

FRANCINI-FILHO R. B. and MOURA R. L. (2008). Evidence for spillover of reef fishes from a no-take marine reserve: Na evaluation using the before-after control-impact (BACI) approach. **Fisheries Research**, 93:346-356.

HAMYLTON S. (2013). Five practical uses of spatial autocorrelation for studies of coral reef ecology. **Marine Ecology: Progress Series**, 478:15-25.

HORTAL J., DE BELLO F., DINIZ-FILHO J. A. F., LEWINSOHN T. M., LOBO J. M. and LADLE R. J. (2015). Seven Shortfalls that Beset Large-Scale Knowledge on Biodiversity." **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, 46(1):523-549.

HULBERT S. H. (1984). Pseudoreplication and the design of ecological field experiments. **Ecological monographs**, 54(2):187–211.

HUNTINGTON B. E. and LIRMAN D. (2012). Coral species richness estimates are sensitive to differences in reef size and regional diversity. **Limnology and Oceanography: Methods**, 10:110-116.

JOKIEL P. L., RODGERS K. S., BROWN E. K., KENYON J. C., AEBY G., SMITH W. R., and FARRELL F. (2015). Comparison of methods used to estimate coral cover in the Hawaiian Islands. **PeerJ**, 3:e954. DOI: 10.7717/peerj.954.

KOHLER K. E. and GILL S. M. (2006). Coral Point Count With Excel extensions (CPCe): A visual Basic program for the determination of coral and substrate coverage using random point count methodology. **Computers & Geosciences**, 32:1259–1269.

LEGENDRE P. and LEGENDRE L. (1998). **Numerical Ecology**. 2nd. Ed. Elsevier Science, Amsterdam. 839p.

LEIS S. A, ENGLE D. M., LESLIE D. M. and KRETZER J. (2003). Comparison of Vegetation Sampling Procedures in a Disturbed Mixed-Grass Prairie. **Proceedings of the Oklahoma Academy of Science**, 83:7–15.

MAGURRAN A. E. (2004). **Measuring Biological Diversity**. Blackwell Science, United Kingdom. 248p.

MELLIN C., BRADSHAW C. J. A., MEEKAN M. G., and CALEY M. J. (2010). Environmental and spatial predictors of species richness and abundance in coral reef fishes. **Global Ecology and Biogeography**, 19:212–222.

MELO A. S. (2005). A critique of the use of jackknife and related non-parametric techniques to estimate species richness. **Community Ecology**, 5(2):149–157.

MELO A. S. and FROEHLICH C. G. (2001) - Evaluation of methods for estimating macroinvertebrate species richness using individual stones in tropical streams. **Freshwater Biology**, 46:711-721.

MIGOTTO A. E. and MARQUES A. C. (2006). *Invertebrados Marinhos*. In: Lewinsohn, T. (Org.). **Avaliação do estado do conhecimento da biodiversidade brasileira**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, p. 149-202.

MORA B., WULDER M. A., WHITE J. C., HOBART G., GOUGEON F., VARHOLA A. and COOPS N. C. (2013). Forest inventory stand height estimates from very high spatial resolution satellite imagery calibrated with LIDAR-plots. **International Journal of Remote Sensing**, 34:4406–4424.

PARRAVICINI V., KULBICKI M., BELLWOOD D. R., FRIEDLANDER A. M., ARIAS-GONZALEZ J. E., CHABANET P., FLOETER S. R., MYERS R., VIGLIOLA L., D'AGATA S. and MOUILLOT D. (2013). Global patterns and predictors of tropical reef fish species richness. **Ecography**, 36:1254–1262.

PORTILLO-QUINTERO C. A., SANCHEZ A. M., VALBUENA C. A., GONZALEZ Y. Y. and LARREAL J. T. (2012). Forest cover and deforestation patterns in the Northern Andes (Lake Maracaibo Basin): A synoptic assessment using MODIS and Landsat imagery. **Applied Geography**, 35(1-2):152– 163.

PRESTON F. W. (1948). The commonness and rarity of species. **Ecology**, 29: 254–283.

R Core Team (2016). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

REAKA-KUDLA M. L. (1997) **The global biodiversity of coral reefs: a comparison with rain forests**. In: *Biodiversity II: Understanding and Protecting Our Biological Resources* (eds. M.L. Reaka-Kudla, D.E. Wilson & E.O. Wilson), p.83–108. Washington, DC: Joseph Henry Press.

RHODES J. R. and JONZÉN N. (2011). Monitoring temporal trends in spatially structured populations: how should sampling effort be allocated between space and time? **Ecography**, 34(6):1040–1048.

RIDDLE B. R., LADLE R. J., LOURIE S., WHITTAKER R. J. (2011). **Basic biogeography: estimating biodiversity and mapping nature**. In: LADLE R. and WHITTAKER R. J. (eds). *Conservation Biogeography of Biogeography*. London: Wiley-Black Well, 320p.

SEQUEIRA A. M. M., MELLIN C., LAZARO-MONTES H. M., VANDERKLIFT M. A., BABCOCK R. C., HAYWOOD M. D. E., MEEUWIG J. J. and CALEY M. J. (2015). Transferability of predictive models of coral reef fish species richness. **Journal of Applied Ecology**, 53(1):64–72.

SLIK J. W. F., BREMAN F. C., BERNARD C., VAN BEEK M., CANNON C. H., EICHHORN K. A. O. and SIDIYASA K. (2010). Fire as a selective force in a Bornean tropical everwet forest. **Oecologia**. 164(3):841–849.

SMALE D. A., KENDRICK G. A., WADDINGTON K. I., VAN NIEL K. P., MEEUWIG J. J. and HARVEY E. S. (2010). Benthic assemblage composition on subtidal reefs along a latitudinal gradient in Western Australia. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, 86(1):83–92.

STOUT J. and VANDERMEER J. (1975) Comparison of species richness for stream-inhabiting insects in tropical and mid-latitude streams. **American Naturalist**, 109:263-280.

TISTA M. and FIEDLER K. (2011). How to evaluate and reduce sampling effort for ants. **Journal of Insect Conservation**, 15(4):547–559.

TEWS J., BROSE U., GRIMM V., TIELBORGER K., WICHMANN M. C., SCHWAGER M. and JELTSCH F. (2004). Animal species diversity driven by habitat heterogeneity/diversity: the importance of keystone structures. **Journal of Biogeography**, 31:79–92.

WALTHER B. A., COTGREAVE P., PRICE R. D., GREGORY R. D. and CLAYTON D. H. (1995) Sampling effort and parasite species richness. **Parasitology Today**, 11:306-310.

WANG Q., ZHONG M. and HE T. (2013). Home-field advantage of litter decomposition and nitrogen release in forest ecosystems. **Biology and Fertility of Soils**, 49(4):427 – 434.

WHITTAKER R. J., ARAÚJO M. B., JEPSON P., LADLE R. J., WATSON J. E. M. and WILLIS K. J. (2005). Conservation Biogeography: assessment and prospect. **Diversity and Distributions**, 11:3–23.

XU B. and LIZ. (2014). Research of image change detection method based on spatial autocorrelation statistics. **Advanced Materials Research**, 864:2808-2811.

CONCLUSÕES GERAIS

A pesquisa resultante desta dissertação foi realizada em um ambiente recifal costeiro, com grande heterogeneidade de condições e fortemente impactado por ações de origem antrópicas. Os dois objetivos, buscaram aumentar o número de respostas para questões que ainda estão sendo formuladas e melhor compreendidas, o que demonstra extrema carência de informações acerca dos ambientes recifais, como um ambiente complexo e rico em interações e no suporte a manutenção da vida no planeta.

Sendo assim, é claro que há necessidade de mais estudos que possam representar efetivamente a riqueza dos ambientes como um todo e, mais ainda em ambientes recifais. Toda metodologia proposta irá apresentar algumas falhas, até que esta possa ser consolidada e engrandecida pela colaboração da comunidade científica, propor novos métodos, novos conceitos e novas teorias é uma tarefa árdua e de uma complexidade inimaginável. Por essa razão, uma quantidade enorme de métodos e coletas de dados são realizadas de maneira errôneas e acabam enfraquecendo os resultados obtidos nas pesquisas, isso se dá talvez pelas dificuldades em propor um protocolo que possa ser eficaz e adequado para vários ambientes e capturar tanto espécies raras quanto as dominantes. No entanto, os resultados obtidos em nosso estudo mostraram ser aceitáveis em termos do número de espécies e da redução do esforço amostral para captar a riqueza de espécies. O presente estudo demonstrou que em um ambiente costeiro de mais de um km², fortemente influenciado pela variação das marés, apresentou 90 m de autocorrelação entre as espécies dos próprios transectos, utilizando a similaridade de composição. Estes resultados compõem uma solução para o espaçamento entre as amostras, para estabelecer uma distância real entre os pontos de coleta de modo que não haja pseudoreplicação, aumentando assim o número de réplicas espaciais. Além disso, foi possível diminuir em o número de amostras da amostragem e os resultados ainda permaneceram representativos em relação ao número de espécies encontradas, reduzindo o esforço e mostrando grande suficiência da amostra. Além disso, quando a riqueza de espécies foi quantificada com uma distância de 90 metros, todas as espécies dominantes foram quantificadas. Isso mostra que, mesmo sem as espécies raras sendo quantificadas com as distâncias consideradas seguras para não ocorrer

pseudoreplicação, os dados não foram coletados nas piscinas e sim no platô recifal, estando fora do alcance do poder de coleta, sendo considerada mais uma diferenciação de ambientes. Os resultados foram representativos no ambiente em questão, o que a torna uma referência importante para a coleta de dados que são independentes em ambientes que apresentam a mesmas características do presente estudo.

ANEXO 1 – Roteiro das análises realizadas na elaboração do manuscrito do primeiro capítulo desta dissertação

Análise do Manuscrito: Diversidade Macrobentônica Recifal: Independência e Esforço Amostral

Marcos V. C. Vital e Bruno M. S. Pereira

[Laboratório de Ecologia Quantitativa](#), Universidade Federal de Alagoas

Notebook construído com R 3.3.2 e atualizado pela última vez em 2017-04-14 15:56:51

Neste [Notebook do R](#) vamos realizar e registrar as análises de dados que deram origem ao manuscrito *Reef Macrobenthic Diversity: Independence and Sampling Effort*. Nosso objetivo ao disponibilizar este documento é permitir aos avaliadores uma compreensão completa e clara da análise dos dados, de maneira reproduzível e aberta. A nossa intenção é gerar um documento que permita um acompanhamento fiel de todos os passos das nossas análises, e que possa, eventualmente, ser usado por alguém com conhecimentos básicos de R para compreensão dos passos necessários para realizar as análises nesta plataforma.

Esta proposta de trabalho visa incorporar em nossa rotina de pesquisa e publicação alguns dos princípios fundamentais da [Open Science](#) e da [reprodutibilidade de resultados científicos](#) e temos como meta publicar uma versão final deste documento juntamente com o manuscrito.

Como estamos sendo guiados pelos princípios e ideais da Open Science, a proposta é criar um documento o mais aberto possível e que seja fiel ao documentar o processo de exploração e análise de dados. Desta forma, decidimos incluir aqui todas as análises e gráficos criados, mesmo aqueles que não foram incluídos na versão do manuscrito submetida a esta banca de avaliação.

Dados e pacotes do R

A coleta dos dados está descrita na seção de métodos do manuscrito. A planilha final possui 767 linhas e 47 colunas, e será apresentada ao ser importada para o R.

Durante as análises iremos utilizar funções dos pacotes `vegan`, `iNEXT` e `dplyr`, de forma que a reprodução das análises irá exigir a instalação destes pacotes.

Importando e preparando os dados

Primeiros vamos importar os dados para o R.

```
setwd("C:/Users/mvcvi/Dropbox/Dissertação - Bruno Pereira/novo") #Pasta com
o arquivo necessário
dados<-read.table("dados.txt", h=T, sep="\t")
#Conferindo o tamanho da planilha:
dim(dados)
## [1] 767 47
```

Podemos conhecer a planilha conferindo a estrutura dos dados no R:

```
#Estrutura da planilha de dados:
```

```
str(dados)
```

```
## 'data.frame': 767 obs. of 47 variables:
## $ Transect : Factor w/ 10 levels "T1","T2","T3",...: 1 1
1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ Meters : int 0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 ...
## $ X : num 300 296 292 288 284 280 276 272 268 2
64 ...
## $ Y : num 750 740 730 720 710 700 690 680 670 6
60 ...
## $ Bryopsis.plumosa : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Caulerpa.mexicana : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Caulerpa.racemosa : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Cladophora.rupestris : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Dictyosphaeria.versluysii: num 0 17.13 0 6.97 0 ...
## $ Halimeda.opuntia : num 0 15.9 0 17 82.7 ...
## $ Dictyota.cervicornis : num 0 297 0 591 879 ...
## $ Padina.gymnospora : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Sargassum.vulgare : num 0 0 0 29.8 43.1 ...
## $ Acanthophora.spicifera : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Amphiroa.fragilissima : num 0 0 0 0 0 ...
## $ Gelidium.spinosum : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Gelidium.pusillum : num 0 186 0 0 0 ...
## $ Gelidiella.acerosa : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Laurencia.papillosa : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Laurencia.perforata : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Laurencia.dendroidea : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Palisada.perforata : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Agaricia.agaricites : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Favia.gravida : num 0 0 2.33 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Millepora.alcicornis : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Millepora.nitida : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Mussismilia.harttii : int 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Mussismilia.hispida : int 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Palythoa.caribaeorum : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Palythoa.variabilis : num 0 41.6 18.4 91.3 0 ...
## $ Porites.astreoides : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Porites.branneri : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
```

```
## $ Siderastrea.stellata      : num  0 15.6 115 18.9 0 ...
## $ Zoanthus.sociatus        : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...

Note que as colunas 1 a 4 são informações do transecto Paguridae      : num
0 1.21 0 0 0 0 7.49 0 0 0 ...

## $ Tetraclita.sp           : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Lytechinus.variegatus    : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Echinometra.lucunter     : num  0 54.5 706.6 131.2 157.8 ...
## $ Amphimedon.viridis       : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Chondrilla.nucula        : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Cinachyrella.alloclada   : num  0 0 22.3 0 0 ...
## $ Cladocroce.cealum        : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Cliona.celata            : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Ircinia.strobilina       : num  0 0 8.02 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Tethya.maza              : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Stromatolite             : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ Pavement..Rubble.or.Sand : num  2500 1871 1627 1614 1337 ...
```

(Nome, metragem e coordenadas), e a coluna final (45) é a quantidade de areia e rocha; então, de 5 a 44, temos os dados da assembléia de espécies amostrada.

Como em algumas etapas pode ser interessante individualizar cada quadrat de coleta, vamos criar um sistema que identifique cada um com um nome único:

```
nomes<-paste(dados$Transect, 1:767, sep="-")
row.names(dados)<-nomes
```

São 767 pontos de coleta. Cada nome é o nome do transecto seguido de um número único do quadrat.

Em seguida, vamos separar os dados em objetos menores, para simplificar algumas ações no R que acontecerão mais adiante. Teremos duas maneiras de organizar os dados: em sua totalidade, como estão na planilha original (isto é, por quadrat); ou em dados condensados por transecto, somando as informações de todos os quadrats coletados em cada um. Os objetos do R que tratam dos transectos terão a letra “T” em seu nome, de forma que fique fácil identificá-los.

```
#Apenas as coordenadas:
coordenadas<-dados[,c("X", "Y")]

#Apenas os dados das espécies:
dados.bio<-dados[,5:46]

library(dplyr)

## Attaching package: 'dplyr'
## The following objects are masked from 'package:stats':
##   filter, lag
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##   intersect, setdiff, setequal, union
#Somando os dados por transecto:
dados.T<-summarize_each(group_by(dados, Transect), funs(sum))
#Colocando o nome do Transecto em cada linha:
dados.T<-as.data.frame(dados.T)
row.names(dados.T)<-dados.T$Transect
#Apenas os dados das espécies, por transecto:
dados.T.bio<-dados.T[,5:46]
#Nomes, de novo, pois são perdidos com o uso das funções do dplyr:
dados.T.bio<-as.data.frame(dados.T.bio)
row.names(dados.T.bio)<-dados.T$Transect
```

Os objetos “bio” contém apenas as informações da comunidade biológica, omitindo a coluna com quantidade de areia e sedimento.

Medidas iniciais de riqueza e diversidade de espécies

Vamos começar a exploração dos dados calculando alguns parâmetros simples que ajudem a resumir e descrever a assembléia de espécies amostrada.

Primeiro, podemos explorar o número de espécies em cada quadrat, o total acumulado em cada transecto e o número total de espécies em toda a amostra:

```
library(vegan) #Carregando o pacote necessário
## Loading required package: permute
## Loading required package: lattice
## This is vegan 2.4-2
#Número de espécies por quadrat:
specnumber(dados.bio)
##   T1-1  T1-2  T1-3  T1-4  T1-5  T1-6  T1-7  T1-8  T1-9  T1-10
##     0     8     6     7     4     3     6     5     1     2
##   T1-11 T1-12 T1-13 T1-14 T1-15 T1-16 T1-17 T1-18 T1-19 T1-20
##     3     2     4     8     2     3     1     5     1     1
##   T1-21 T1-22 T1-23 T1-24 T1-25 T1-26 T1-27 T1-28 T1-29 T1-30
##     1     3     1     1     1     0     0     0     0     0
##   T1-31 T1-32 T1-33 T1-34 T1-35 T1-36 T1-37 T1-38 T1-39 T1-40
##     0     1     4     0     0     0     0     0     5     3
##   T1-41 T1-42 T1-43 T1-44 T1-45 T1-46 T1-47 T1-48 T1-49 T1-50
##     5     7     4     0     0     0     4     1     2     4
```

##	T1-51	T1-52	T1-53	T1-54	T1-55	T1-56	T1-57	T1-58	T1-59	T2-60
##	4	3	2	4	3	3	1	1	2	0
##	T2-61	T2-62	T2-63	T2-64	T2-65	T2-66	T2-67	T2-68	T2-69	T2-70
##	4	4	6	3	4	6	7	8	7	6
##	T2-71	T2-72	T2-73	T2-74	T2-75	T2-76	T2-77	T2-78	T2-79	T2-80
##	3	8	5	8	5	3	0	6	8	0
##	T2-81	T2-82	T2-83	T2-84	T2-85	T2-86	T2-87	T2-88	T2-89	T2-90
##	0	0	0	0	0	4	4	7	3	3
##	T2-91	T2-92	T2-93	T2-94	T2-95	T2-96	T2-97	T2-98	T2-99	T2-100
##	7	6	4	5	7	7	7	2	1	3
##	T2-101	T2-102	T2-103	T2-104	T2-105	T2-106	T2-107	T2-108	T2-109	T2-110
##	2	3	5	4	8	4	3	3	4	3
##	T2-111	T2-112	T2-113	T2-114	T2-115	T2-116	T2-117	T2-118	T2-119	T2-120
##	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0
##	T2-121	T2-122	T2-123	T2-124	T2-125	T2-126	T2-127	T2-128	T2-129	T2-130
##	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
##	T2-131	T2-132	T2-133	T2-134	T2-135	T3-136	T3-137	T3-138	T3-139	T3-140
##	3	2	2	2	3	0	2	2	3	4
##	T3-141	T3-142	T3-143	T3-144	T3-145	T3-146	T3-147	T3-148	T3-149	T3-150
##	2	4	5	6	4	7	5	5	4	6
##	T3-151	T3-152	T3-153	T3-154	T3-155	T3-156	T3-157	T3-158	T3-159	T3-160
##	10	6	9	8	7	5	5	3	4	7
##	T3-161	T3-162	T3-163	T3-164	T3-165	T3-166	T3-167	T3-168	T3-169	T3-170
##	5	5	5	6	6	4	4	2	3	5
##	T3-171	T3-172	T3-173	T3-174	T3-175	T3-176	T3-177	T3-178	T3-179	T3-180
##	0	9	4	4	4	5	7	2	7	7
##	T3-181	T3-182	T3-183	T3-184	T3-185	T3-186	T3-187	T3-188	T3-189	T3-190
##	6	5	3	7	5	5	5	5	6	6
##	T3-191	T3-192	T3-193	T3-194	T3-195	T3-196	T3-197	T3-198	T3-199	T3-200
##	7	3	4	2	2	4	0	3	3	3
##	T3-201	T3-202	T3-203	T3-204	T3-205	T3-206	T3-207	T3-208	T3-209	T3-210
##	4	2	3	3	3	3	2	2	2	2
##	T3-211	T3-212	T3-213	T3-214	T3-215	T3-216	T3-217	T3-218	T3-219	T3-220
##	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
##	T3-221	T3-222	T3-223	T3-224	T3-225	T3-226	T3-227	T3-228	T3-229	T3-230
##	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

##	T3-231	T3-232	T3-233	T3-234	T3-235	T3-236	T3-237	T3-238	T3-239	T4-240
##	0	0	0	0	2	3	2	2	1	3
##	T4-241	T4-242	T4-243	T4-244	T4-245	T4-246	T4-247	T4-248	T4-249	T4-250
##	2	2	0	1	5	1	3	3	2	2
##	T4-251	T4-252	T4-253	T4-254	T4-255	T4-256	T4-257	T4-258	T4-259	T4-260
##	4	4	3	2	4	4	0	2	4	5
##	T4-261	T4-262	T4-263	T4-264	T4-265	T4-266	T4-267	T4-268	T4-269	T4-270
##	7	4	5	6	1	1	2	5	3	0
##	T4-271	T4-272	T4-273	T4-274	T4-275	T4-276	T4-277	T4-278	T4-279	T4-280
##	3	3	1	5	5	4	1	1	1	1
##	T4-281	T4-282	T4-283	T4-284	T4-285	T4-286	T4-287	T4-288	T4-289	T4-290
##	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0
##	T4-291	T4-292	T4-293	T4-294	T4-295	T4-296	T4-297	T4-298	T4-299	T4-300
##	0	0	0	0	0	0	3	1	3	1
##	T4-301	T4-302	T4-303	T4-304	T4-305	T4-306	T4-307	T4-308	T4-309	T4-310
##	3	2	1	4	3	3	3	3	3	2
##	T4-311	T4-312	T4-313	T4-314	T4-315	T4-316	T4-317	T4-318	T4-319	T4-320
##	2	2	2	2	1	2	2	2	1	1
##	T4-321	T4-322	T4-323	T4-324	T4-325	T4-326	T5-327	T5-328	T5-329	T5-330
##	2	1	1	1	2	2	0	2	2	2
##	T5-331	T5-332	T5-333	T5-334	T5-335	T5-336	T5-337	T5-338	T5-339	T5-340
##	2	2	4	3	2	2	1	3	3	2
##	T5-341	T5-342	T5-343	T5-344	T5-345	T5-346	T5-347	T5-348	T5-349	T5-350
##	2	1	3	7	2	5	2	8	2	0
##	T5-351	T5-352	T5-353	T5-354	T5-355	T5-356	T5-357	T5-358	T5-359	T5-360
##	0	0	0	0	0	0	0	0	4	6
##	T5-361	T5-362	T5-363	T5-364	T5-365	T5-366	T5-367	T5-368	T5-369	T5-370
##	5	5	7	5	5	4	8	7	4	1
##	T5-371	T5-372	T5-373	T5-374	T5-375	T5-376	T5-377	T5-378	T5-379	T5-380
##	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
##	T5-381	T5-382	T5-383	T5-384	T5-385	T5-386	T5-387	T5-388	T5-389	T5-390
##	0	0	5	5	3	3	1	2	2	0
##	T5-391	T5-392	T5-393	T5-394	T5-395	T5-396	T5-397	T5-398	T5-399	T6-400
##	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
##	T6-401	T6-402	T6-403	T6-404	T6-405	T6-406	T6-407	T6-408	T6-409	T6-410
##	0	2	2	2	1	2	2	0	2	0

##	T6-411	T6-412	T6-413	T6-414	T6-415	T6-416	T6-417	T6-418	T6-419	T6-420
##	3	2	1	4	2	0	6	3	6	4
##	T6-421	T6-422	T6-423	T6-424	T6-425	T6-426	T6-427	T6-428	T6-429	T6-430
##	4	3	3	5	5	4	3	1	2	6
##	T6-431	T6-432	T6-433	T6-434	T6-435	T6-436	T6-437	T6-438	T6-439	T6-440
##	0	0	5	4	3	1	2	1	2	0
##	T6-441	T6-442	T6-443	T6-444	T6-445	T6-446	T6-447	T6-448	T6-449	T6-450
##	1	1	1	2	1	1	1	1	3	3
##	T6-451	T6-452	T6-453	T6-454	T6-455	T6-456	T6-457	T6-458	T6-459	T6-460
##	3	2	0	1	1	2	1	6	3	3
##	T6-461	T6-462	T6-463	T6-464	T6-465	T6-466	T6-467	T7-468	T7-469	T7-470
##	3	3	5	1	4	3	0	0	0	3
##	T7-471	T7-472	T7-473	T7-474	T7-475	T7-476	T7-477	T7-478	T7-479	T7-480
##	2	2	2	2	2	2	1	7	1	5
##	T7-481	T7-482	T7-483	T7-484	T7-485	T7-486	T7-487	T7-488	T7-489	T7-490
##	11	6	7	5	0	3	2	4	4	4
##	T7-491	T7-492	T7-493	TA-494	TA-495	TA-496	TA-497	TA-498	TA-499	TA-500
##	1	5	6	0	3	1	1	1	1	2
##	TA-501	TA-502	TA-503	TA-504	TA-505	TA-506	TA-507	TA-508	TA-509	TA-510
##	3	0	2	2	0	0	1	1	1	1
##	TA-511	TA-512	TA-513	TA-514	TA-515	TA-516	TA-517	TA-518	TA-519	TA-520
##	1	1	2	2	1	0	2	2	2	0
##	TA-521	TA-522	TA-523	TA-524	TA-525	TA-526	TA-527	TA-528	TA-529	TA-530
##	2	1	2	2	2	2	4	4	5	5
##	TA-531	TA-532	TA-533	TA-534	TA-535	TA-536	TA-537	TA-538	TA-539	TA-540
##	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
##	TA-541	TA-542	TA-543	TA-544	TA-545	TB-546	TB-547	TB-548	TB-549	TB-550
##	0	0	0	0	0	3	5	5	4	2
##	TB-551	TB-552	TB-553	TB-554	TB-555	TB-556	TB-557	TB-558	TB-559	TB-560
##	3	4	4	6	3	3	4	4	3	2
##	TB-561	TB-562	TB-563	TB-564	TB-565	TB-566	TB-567	TB-568	TB-569	TB-570
##	4	2	4	0	4	3	5	1	2	0
##	TB-571	TB-572	TB-573	TB-574	TB-575	TB-576	TB-577	TB-578	TB-579	TB-580
##	2	2	5	4	5	3	5	4	5	3
##	TB-581	TB-582	TB-583	TB-584	TB-585	TB-586	TB-587	TB-588	TB-589	TB-590
##	0	7	3	3	2	6	3	3	0	0

##	TB-591	TB-592	TB-593	TB-594	TB-595	TB-596	TB-597	TB-598	TB-599	TB-600
##	7	2	0	0	0	2	0	0	0	1
##	TB-601	TB-602	TB-603	TB-604	TB-605	TB-606	TB-607	TB-608	TB-609	TB-610
##	4	0	0	0	1	1	0	1	1	3
##	TB-611	TB-612	TB-613	TB-614	TB-615	TB-616	TB-617	TB-618	TB-619	TB-620
##	2	3	2	2	0	2	3	0	0	2
##	TB-621	TB-622	TB-623	TB-624	TB-625	TB-626	TB-627	TB-628	TB-629	TB-630
##	4	3	2	2	4	1	2	2	1	2
##	TB-631	TB-632	TB-633	TB-634	TB-635	TB-636	TB-637	TB-638	TB-639	TB-640
##	2	2	0	2	0	1	2	2	3	2
##	TB-641	TB-642	TB-643	TB-644	TB-645	TB-646	TB-647	TB-648	TB-649	TB-650
##	3	0	1	2	1	1	0	0	2	0
##	TB-651	TB-652	TB-653	TB-654	TC-655	TC-656	TC-657	TC-658	TC-659	TC-660
##	2	0	5	3	2	3	4	3	1	2
##	TC-661	TC-662	TC-663	TC-664	TC-665	TC-666	TC-667	TC-668	TC-669	TC-670
##	2	1	4	2	1	2	2	2	3	2
##	TC-671	TC-672	TC-673	TC-674	TC-675	TC-676	TC-677	TC-678	TC-679	TC-680
##	2	4	3	2	4	2	2	3	2	3
##	TC-681	TC-682	TC-683	TC-684	TC-685	TC-686	TC-687	TC-688	TC-689	TC-690
##	2	0	3	2	2	3	1	2	2	1
##	TC-691	TC-692	TC-693	TC-694	TC-695	TC-696	TC-697	TC-698	TC-699	TC-700
##	1	1	2	1	1	1	1	2	1	4
##	TC-701	TC-702	TC-703	TC-704	TC-705	TC-706	TC-707	TC-708	TC-709	TC-710
##	1	2	3	1	1	0	2	2	2	1
##	TC-711	TC-712	TC-713	TC-714	TC-715	TC-716	TC-717	TC-718	TC-719	TC-720
##	1	2	3	2	2	3	1	4	2	2
##	TC-721	TC-722	TC-723	TC-724	TC-725	TC-726	TC-727	TC-728	TC-729	TC-730
##	2	2	2	2	1	2	2	2	2	3
##	TC-731	TC-732	TC-733	TC-734	TC-735	TC-736	TC-737	TC-738	TC-739	TC-740
##	0	0	0	0	1	1	2	3	0	5
##	TC-741	TC-742	TC-743	TC-744	TC-745	TC-746	TC-747	TC-748	TC-749	TC-750
##	2	1	2	2	2	3	3	2	2	2
##	TC-751	TC-752	TC-753	TC-754	TC-755	TC-756	TC-757	TC-758	TC-759	TC-760
##	2	2	1	2	2	3	2	2	2	2
##	TC-761	TC-762	TC-763	TC-764	TC-765	TC-766	TC-767			
##	3	1	1	3	2	2	3			

```

#Existem pontos com riqueza zero, o que acontece quando há apenas areia, rocha e etc.

#Número de espécies por transecto:
specnumber(dados.T.bio)

## T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7 TA TB TC
## 22 25 27 24 23 25 21 11 19 12

#E o número total de espécies:
specnumber(colSums(dados.bio))

## [1] 40

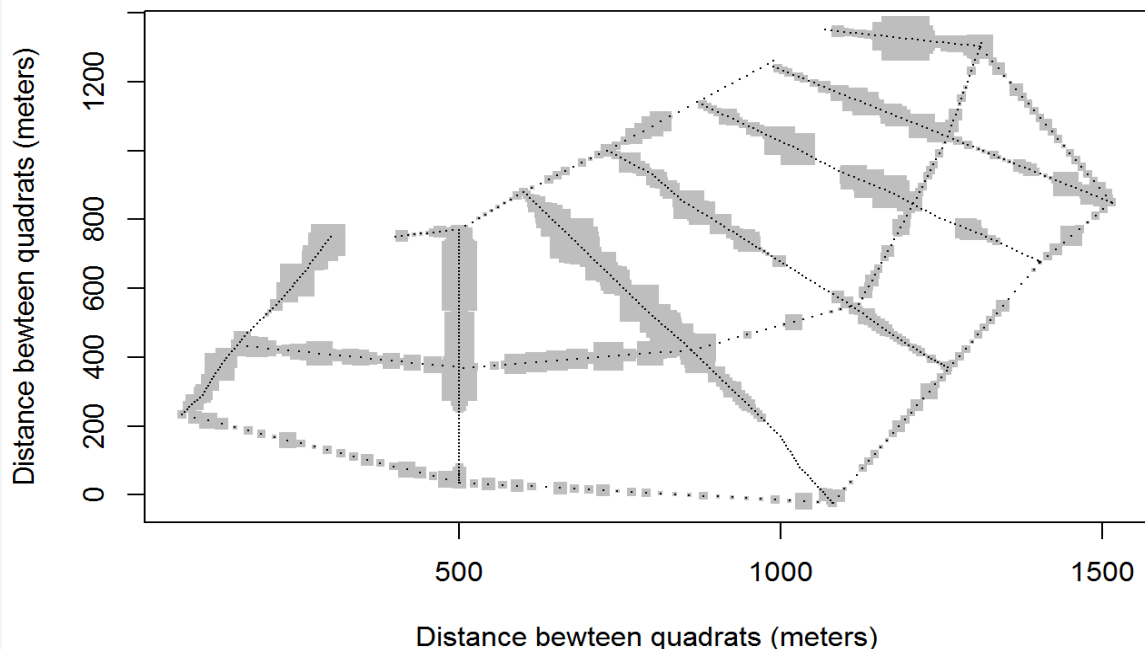
```

Podemos obter uma visão geral da riqueza de espécies em cada quadrat observando um mapa com sua localização e representando o número de espécies como uma medida proporcional ao tamanho do símbolo de cada quadrat:

```

riqueza<-specnumber(dados.bio) #Armazenando a riqueza em um objeto
plot(coordenadas$X, coordenadas$Y, pch=15, cex=riqueza/3, col="gray", xlab="Distance bewteen quadrats (meters)", ylab="Distance bewteen quadrats (meters)")
points(coordenadas$X, coordenadas$Y, pch=16, cex=0.1)

```



Também podemos calcular um índice de diversidade de espécies para cada transecto amostrado. O índice de Simpson tem algumas características favoráveis: sua medida é interpretável, e em contraste com a riqueza, ele pesa bastante a equabilidade.

```

diversity(dados.T.bio, index="simpson")

##          T1          T2          T3          T4          T5          T6          T7
## 0.7649619 0.7719927 0.6592253 0.6511832 0.8345368 0.5152158 0.7316501

```

```
##          TA          TB          TC
## 0.6132822 0.8329840 0.7245889

#O simpson acima é um valor de dominância, quanto maior o valor, menor a di
sversidade.

#Podemos mudar para uma medida direto de diversidade simplesmente subtraind
o de 1

1-diversity(dados.T.bio, index="simpson")
##          T1          T2          T3          T4          T5          T6          T7
## 0.2350381 0.2280073 0.3407747 0.3488168 0.1654632 0.4847842 0.2683499
##          TA          TB          TC
## 0.3867178 0.1670160 0.2754111
```

Podemos comparar o valor de riqueza e de diversidade de Simpson em uma tabela (aqui usando o Simpson já como diversidade, não como dominância):

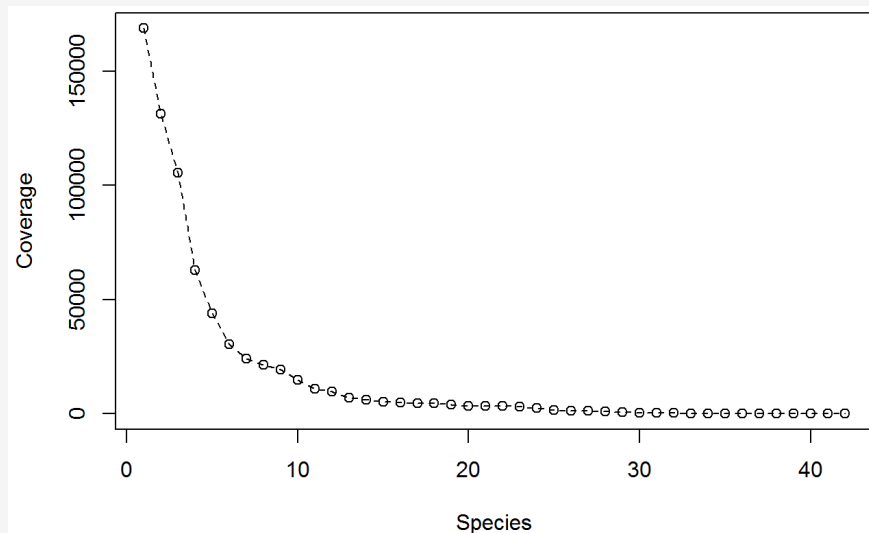
```
cbind(specnumber(dados.T.bio), 1-diversity(dados.T.bio, index="simpson"))
##      [,1]      [,2]
## T1      22 0.2350381
## T2      25 0.2280073
## T3      27 0.3407747
## T4      24 0.3488168
## T5      23 0.1654632
## T6      25 0.4847842
## T7      21 0.2683499
## TA      11 0.3867178
## TB      19 0.1670160
## TC      12 0.2754111
```

O índice de Simpson mede a probabilidade de, ao tomar dois indivíduos ao acaso de uma amostra, ele pertencerem à mesma espécie. Desta forma, quanto menor o valor desta probabilidade, maior a diversidade de espécies. No nosso caso não temos indivíduos propriamente, pois a tabela de dados mede a área ocupada. Mas podemos utilizar o mesmo raciocínio para a unidade de área.

Diagrama de Whitakker

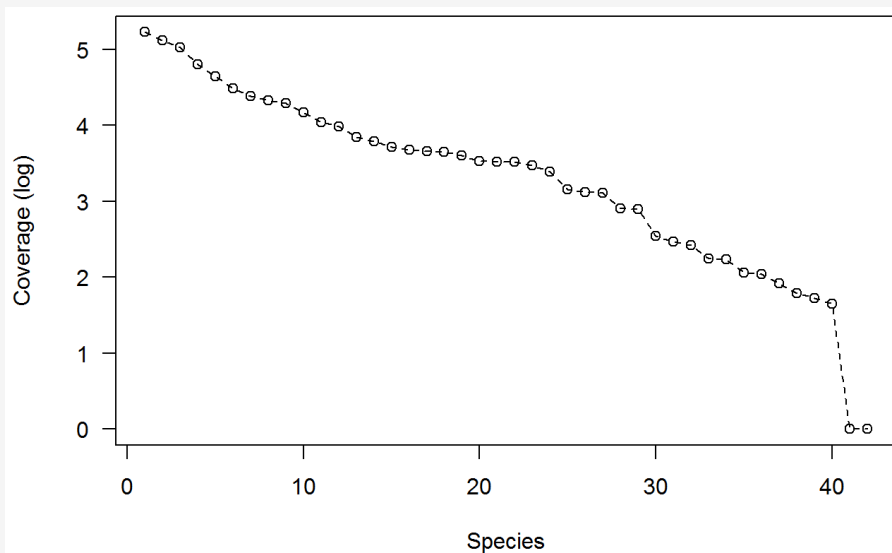
Uma das maneiras interessantes de se representar a diversidade de espécies e a estrutura da assembléia de espécies amostradas é o Diagrama de Whitakker, que ordena as espécies da mais comum para a mais rara:

```
cobertura.total<-colSums(dados.bio)
plot(sort(cobertura.total, decreasing = T), xlab="Species", ylab="Coverage"
)
lines(sort(cobertura.total, decreasing = T), lty=2)
```



Como a diferença entre as espécies mais comuns e mais raras é muito grande nestes dados, o diagrama pode distorcer nossa interpretação, de forma que uma representação dos valores de cobertura das espécies em escala log pode ser interessante:

```
cobertura.total.log<-log10(cobertura.total+1)
plot(sort(cobertura.total.log, decreasing = T), xlab="Species", ylab="Coverage (log)", las=1)
lines(sort(cobertura.total.log, decreasing = T), lty=2)
```



Também podemos explorar estas informações de maneira mais detalhada, observando os nomes das espécies, em ordem decrescente de cobertura:

```
as.data.frame(sort(cobertura.total, decreasing=T))
##                sort(cobertura.total, decreasing = T)
## Palythoa.caribaeorum                168847.07
## Zoanthus.sociatus                    131253.18
```

## Sargassum.vulgare	105441.65
## Caulerpa.racemosa	62983.27
## Echinometra.lucunter	43823.15
## Cladophora.rupestris	30509.16
## Amphiroa.fragilissima	24013.27
## Halimeda.opuntia	21381.49
## Dictyota.cervicornis	19395.48
## Gelidium.pusillum	14709.00
## Palythoa.variabilis	10867.32
## Cliona.celata	9697.62
## Laurencia.perforata	6970.74
## Gelidium.spinosum	6212.84
## Acanthophora.spicifera	5160.20
## Chondrilla.nucula	4748.94
## Paguridae	4538.68
## Laurencia.dendroidea	4462.34
## Dictyosphaeria.versluysii	3991.94
## Siderastrea.stellata	3375.74
## Padina.gymnospora	3293.36
## Palisada.perforata	3284.96
## Caulerpa.mexicana	2959.33
## Gelidiella.acerosa	2466.54
## Amphimedon.viridis	1421.80
## Laurencia.papillosa	1314.78
## Millepora.nitida	1275.73
## Cinachyrella.alloclada	809.36
## Millepora.alcicornis	783.33
## Favia.gravida	347.62
## Porites.branneri	291.26
## Porites.astreoides	261.90
## Tetraclita.sp	175.35
## Bryopsis.plumosa	169.20
## Cladocroce.cealum	114.55
## Tethya.maza	108.87
## Lytechinus.variegatus	82.08
## Agaricia.agaricites	60.31

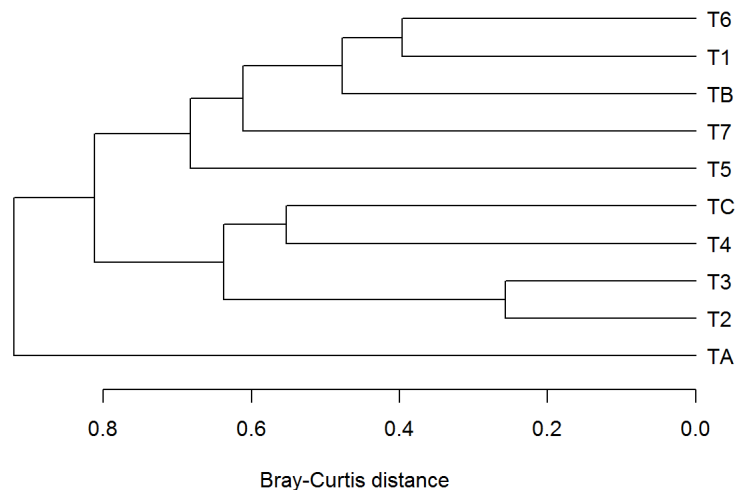
```
## Ircinia.strobilina 51.88
## Stromatolite 43.88
## Mussismilia.harttii 0.00
## Mussismilia.hispida 0.00
```

Comparação entre as assembléias de cada transecto

Antes de prosseguirmos com as análises de autocorrelação espacial, será interessante medir o grau de similaridade entre os transectos, o que poderá servir de base para analisarmos a autocorrelação como um todo ou em cada transecto separadamente.

Iremos, então, criar uma matriz de similaridade usando o coeficiente de Bray-Curtis, e depois representá-la graficamente com um dendrograma construído pelo método UPGMA:

```
matriz.T.bray<-vegdist(dados.T.bio, method="bray") #Matriz de Bray-Curtis
#Criando o cluster:
cluster.T.bray<-hclust(matriz.T.bray, method="average")
#Conferindo se o resultado é aceitável, com a correlação cofenética:
cor(matriz.T.bray, cophenetic(cluster.T.bray))
## [1] 0.8529766
#Agora vamos olhar:
plot(as.dendrogram(cluster.T.bray), horiz=T, xlab="Bray-Curtis distance")
```



O coeficiente de correlação cofenética foi de 0.85, indicando uma boa representação da matriz de distância pelo cluster.

Podemos complementar a visão dada pelo dendrograma com uma avaliação “bruta” da matriz de distâncias, que pode ser interpretável por não ser tão grande (é uma matriz 9x9, uma vez que compara os transectos entre si). Então vamos conferir os números:


```
#Perceba que o R omite, a não ser que seja pedido o contrário, a diagonal principal e os valores acima dela, apresentando apenas a matriz triangular a baixo da diagonal principal:
```

```
matriz.T.bray
```

```
##           T1           T2           T3           T4           T5           T6           T7
## T2 0.5865452
## T3 0.6902856 0.2567423
## T4 0.5854823 0.5407796 0.5827667
## T5 0.7550368 0.8643220 0.8841847 0.7950526
## T6 0.3963451 0.8874419 0.8928266 0.8621680 0.6789807
## T7 0.6472865 0.8922168 0.9186049 0.8703489 0.6598037 0.5555774
## TA 0.9020390 0.9700826 0.9762752 0.9499614 0.8095333 0.9102277 0.9280767
## TB 0.4000818 0.6195558 0.6760171 0.6918951 0.6349544 0.5538792 0.6300910
## TC 0.7798851 0.7135395 0.7121113 0.5531772 0.9895055 0.9577872 0.9522342
##           TA           TB
## T2
## T3
## T4
## T5
## T6
## T7
## TA
## TB 0.8502888
## TC 0.9890983 0.8428918
```

Testando as diferenças estatísticas das similaridades entre os transectos

Podemos verificar a nossa interpretação do cluster acima, de que os transectos são bastante diferentes, a partir de uma permanova adaptada para matrizes de distância (bastante similar ao método conhecido como ANOSIM). O teste irá verificar se as semelhanças entre os quadrats dentro de um mesmo transecto é maior do que a diferença entre quadrats de transectos diferentes.

Para isso, teremos que re-ajustar os dados. Esta análise será feita com cada quadrat, mas para a construção da matriz de distâncias será importante eliminar os quadrats sem espécies. Então vamos criar objetos com “semzero” no nome, indicando a remoção dos quadrats sem espécies.

```
somas.linhas<-rowSums(dados.bio) #Somando os valores para identificar as linhas que possuem organismos amostrados
dados.bio.semzero<-filter(dados.bio, somas.linhas>0) #Removendo as linhas sem organismos
#O mesmo acima, para obter os nomes dos transectos:
```

```

dados.semzero<-filter(dados, somas.linhas>0)
transectos.semzero<-dados.semzero$Transect

#Finalmente, a matriz de distância entre todos os quadrats com organismos:
matriz.bray<-vegdist(dados.bio.semzero, method="bray")

#E agora a permanova:
permanova.bray<-adonis(matriz.bray~transectos.semzero)

permanova.bray
##
## Call:
## adonis(formula = matriz.bray ~ transectos.semzero)
##
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##              Df SumsOfSqs MeanSqs F.Model      R2 Pr(>F)
## transectos.semzero    9    50.697  5.6330  16.357 0.20328  0.001 ***
## Residuals           577   198.704  0.3444         0.79672
## Total               586   249.401         1.00000
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Analisando a independência entre os quadrats

Agora iremos iniciar as análises de autocorrelação espacial entre os pontos. Vamos começar com uma avaliação bem geral e grosseira, usando um teste de Mantel para medir a correlação entre a matriz de Bray-Curtis com uma matriz de distâncias entre cada quadrat (calculada com as coordenadas de cada ponto de coleta).

Já possuímos a matriz de Bray-Curtis para cada quadrat, e precisamos apenas calcular a matriz de distância entre os quadrats para prosseguir:

```

#Obtendo as coordenadas de cada quadrat que possui organismos:
coordenadas.semzero<-filter(coordenadas, somas.linhas>0)
#Calculando a matriz de distância entre eles:

```

```

dist.pontos.semzeros<-dist(coordenadas.semzero, method="euclid")

#E, finalmente, realizando o teste estatístico
mantel(matriz.bray, dist.pontos.semzeros)

##
## Mantel statistic based on Pearson's product-moment correlation
##
## Call:
## mantel(xdis = matriz.bray, ydis = dist.pontos.semzeros)
##
## Mantel statistic r: 0.1766
##      Significance: 0.001
##
## Upper quantiles of permutations (null model):
##      90%      95%      97.5%      99%
## 0.00945 0.01142 0.01351 0.01550
## Permutation: free
## Number of permutations: 999

```

O teste confirma que existe autocorrelação espacial em relação à matriz de Bray-Curtis, o que podemos interpretar como uma relação de maior semelhança nas assembleias de espécies amostradas em quadrats fisicamente mais próximos entre si.

Como as etapas anteriores de análise mostraram que há uma grande heterogeneidade entre os transectos, decidimos realizar as análises mais detalhadas dentro de cada transecto, evitando o grande ruído que seria gerado pelas diferenças entre eles.

Autocorrelogramas por transecto

Continuaremos a utilizar o teste de Mantel para avaliar os padrões de autocorrelação espacial entre os quadrats, mas daqui em diante cada análise será feita por meio de um correlograma de Mantel. A ideia é que os autocorrelogramas permitirão não apenas identificar a existência de autocorrelação, mas também mostrar a partir de quais distâncias os seus valores diminuem. Desta forma, este método permitirá identificar a partir de qual distância aproximada os dados tornam-se estatisticamente independentes.

Primeiro, temos que separar os dados de todos os transectos:

```

#Separando os dados por transecto:
dados.T1<-subset(dados, dados$Transect=="T1")
dados.T2<-subset(dados, dados$Transect=="T2")
dados.T3<-subset(dados, dados$Transect=="T3")
dados.T4<-subset(dados, dados$Transect=="T4")
dados.T5<-subset(dados, dados$Transect=="T5")

```

```

dados.T6<-subset(dados, dados$Transect=="T6")
dados.T7<-subset(dados, dados$Transect=="T7")
dados.TA<-subset(dados, dados$Transect=="TA")
dados.TB<-subset(dados, dados$Transect=="TB")
dados.TC<-subset(dados, dados$Transect=="TC")

#Criando os objetos com os dados das comunidades por transecto:
dados.bio.T1<-dados.T1[,5:44]
dados.bio.T2<-dados.T2[,5:44]
dados.bio.T3<-dados.T3[,5:44]
dados.bio.T4<-dados.T4[,5:44]
dados.bio.T5<-dados.T5[,5:44]
dados.bio.T6<-dados.T6[,5:44]
dados.bio.T7<-dados.T7[,5:44]
dados.bio.TA<-dados.TA[,5:44]
dados.bio.TB<-dados.TB[,5:44]
dados.bio.TC<-dados.TC[,5:44]

#E as coordenadas por transecto:
coordenadas.T1<-dados.T1[,3:4]
coordenadas.T2<-dados.T2[,3:4]
coordenadas.T3<-dados.T3[,3:4]
coordenadas.T4<-dados.T4[,3:4]
coordenadas.T5<-dados.T5[,3:4]
coordenadas.T6<-dados.T6[,3:4]
coordenadas.T7<-dados.T7[,3:4]
coordenadas.TA<-dados.TA[,3:4]
coordenadas.TB<-dados.TB[,3:4]
coordenadas.TC<-dados.TC[,3:4]

```

Os dados acima podem permitir outras análises por transecto. Como pretendemos criar matrizes de distância, teremos que eliminar os zeros, para criar os objetos que serão, então, utilizados nas análises adiante:

```

#Criando dados por transecto sem zeros:
dados.bio.T1.semzero<-filter(dados.bio.T1, rowSums(dados.bio.T1)>0)
dados.bio.T2.semzero<-filter(dados.bio.T2, rowSums(dados.bio.T2)>0)
dados.bio.T3.semzero<-filter(dados.bio.T3, rowSums(dados.bio.T3)>0)

```

```

dados.bio.T4.semzero<-filter(dados.bio.T4, rowSums(dados.bio.T4)>0)
dados.bio.T5.semzero<-filter(dados.bio.T5, rowSums(dados.bio.T5)>0)
dados.bio.T6.semzero<-filter(dados.bio.T6, rowSums(dados.bio.T6)>0)
dados.bio.T7.semzero<-filter(dados.bio.T7, rowSums(dados.bio.T7)>0)
dados.bio.TA.semzero<-filter(dados.bio.TA, rowSums(dados.bio.TA)>0)
dados.bio.TB.semzero<-filter(dados.bio.TB, rowSums(dados.bio.TB)>0)
dados.bio.TC.semzero<-filter(dados.bio.TC, rowSums(dados.bio.TC)>0)

#Coordenadas por transecto, sem zeros:
coordenadas.T1.semzero<-filter(coordenadas.T1, rowSums(dados.bio.T1)>0)
coordenadas.T2.semzero<-filter(coordenadas.T2, rowSums(dados.bio.T2)>0)
coordenadas.T3.semzero<-filter(coordenadas.T3, rowSums(dados.bio.T3)>0)
coordenadas.T4.semzero<-filter(coordenadas.T4, rowSums(dados.bio.T4)>0)
coordenadas.T5.semzero<-filter(coordenadas.T5, rowSums(dados.bio.T5)>0)
coordenadas.T6.semzero<-filter(coordenadas.T6, rowSums(dados.bio.T6)>0)
coordenadas.T7.semzero<-filter(coordenadas.T7, rowSums(dados.bio.T7)>0)
coordenadas.TA.semzero<-filter(coordenadas.TA, rowSums(dados.bio.TA)>0)
coordenadas.TB.semzero<-filter(coordenadas.TB, rowSums(dados.bio.TB)>0)
coordenadas.TC.semzero<-filter(coordenadas.TC, rowSums(dados.bio.TC)>0)

```

Podemos agora finalmente, criar as matrizes. Um par para cada transecto (uma de Bray-Curtis e outra de distância):

```

matriz.bray.T1<-vegdist(dados.bio.T1.semzero, method="bray")
matriz.bray.T2<-vegdist(dados.bio.T2.semzero, method="bray")
matriz.bray.T3<-vegdist(dados.bio.T3.semzero, method="bray")
matriz.bray.T4<-vegdist(dados.bio.T4.semzero, method="bray")
matriz.bray.T5<-vegdist(dados.bio.T5.semzero, method="bray")
matriz.bray.T6<-vegdist(dados.bio.T6.semzero, method="bray")
matriz.bray.T7<-vegdist(dados.bio.T7.semzero, method="bray")
matriz.bray.TA<-vegdist(dados.bio.TA.semzero, method="bray")
matriz.bray.TB<-vegdist(dados.bio.TB.semzero, method="bray")
matriz.bray.TC<-vegdist(dados.bio.TC.semzero, method="bray")

dist.pontos.T1<-dist(coordenadas.T1.semzero, method="euclid")
dist.pontos.T2<-dist(coordenadas.T2.semzero, method="euclid")
dist.pontos.T3<-dist(coordenadas.T3.semzero, method="euclid")
dist.pontos.T4<-dist(coordenadas.T4.semzero, method="euclid")

```

```

dist.pontos.T5<-dist(coordenadas.T5.semzero, method="euclid")
dist.pontos.T6<-dist(coordenadas.T6.semzero, method="euclid")
dist.pontos.T7<-dist(coordenadas.T7.semzero, method="euclid")
dist.pontos.TA<-dist(coordenadas.TA.semzero, method="euclid")
dist.pontos.TB<-dist(coordenadas.TB.semzero, method="euclid")
dist.pontos.TC<-dist(coordenadas.TC.semzero, method="euclid")

```

Finalmente, podemos calcular os correlogramas:

```

correlograma.bray.T1<-mantel.correlog(matriz.bray.T1, dist.pontos.T1)
correlograma.bray.T2<-mantel.correlog(matriz.bray.T2, dist.pontos.T2)
correlograma.bray.T3<-mantel.correlog(matriz.bray.T3, dist.pontos.T3)
correlograma.bray.T4<-mantel.correlog(matriz.bray.T4, dist.pontos.T4)
correlograma.bray.T5<-mantel.correlog(matriz.bray.T5, dist.pontos.T5)
correlograma.bray.T6<-mantel.correlog(matriz.bray.T6, dist.pontos.T6)
correlograma.bray.T7<-mantel.correlog(matriz.bray.T7, dist.pontos.T7)
correlograma.bray.TA<-mantel.correlog(matriz.bray.TA, dist.pontos.TA)
correlograma.bray.TB<-mantel.correlog(matriz.bray.TB, dist.pontos.TB)
correlograma.bray.TC<-mantel.correlog(matriz.bray.TC, dist.pontos.TC)

```

Agora podemos avaliar os resultados de cada um. Apresentaremos os resultados detalhados e a visualização gráfica de cada um. A representação gráfica é bastante interessante, pois com ela podemos visualizar como os padrões de autocorrelação mudam conforme as distâncias aumentam. O R marca graficamente os valores estatisticamente significativos (com um $p < 0.05$) com um quadrado preto, e deixa os valores não significativos com quadrados de fundo branco.

Transecto 1:

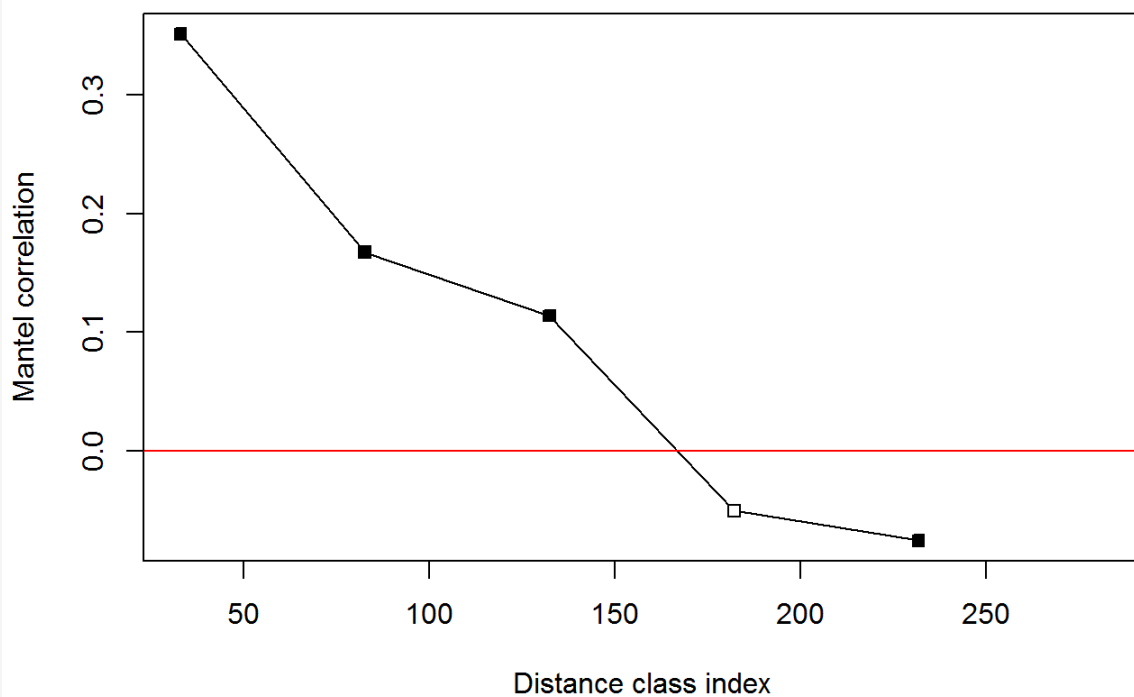
```

correlograma.bray.T1
##
## Mantel Correlogram Analysis
##
## Call:
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T1, D.geo = dist.pontos.T1)
##
##           class.index      n.dist Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1      32.922859 348.000000  0.351187      0.001      0.001 ***
## D.cl.2      82.644063 276.000000  0.167308      0.001      0.002 **
## D.cl.3     132.365266 206.000000  0.113851      0.001      0.003 **
## D.cl.4     182.086470 158.000000 -0.050318      0.102      0.102

```

```
## D.cl.5    231.807673 128.000000 -0.075373    0.023    0.046 *
## D.cl.6    281.528877 150.000000      NA        NA        NA
## D.cl.7    331.250080 186.000000 -0.172181    0.001    NA
## D.cl.8    380.971283 160.000000      NA        NA        NA
## D.cl.9    430.692487 128.000000      NA        NA        NA
## D.cl.10   480.413690  96.000000      NA        NA        NA
## D.cl.11   530.134894  40.000000      NA        NA        NA
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.T1)
```



Transecto 2:

```
correlograma.bray.T2
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

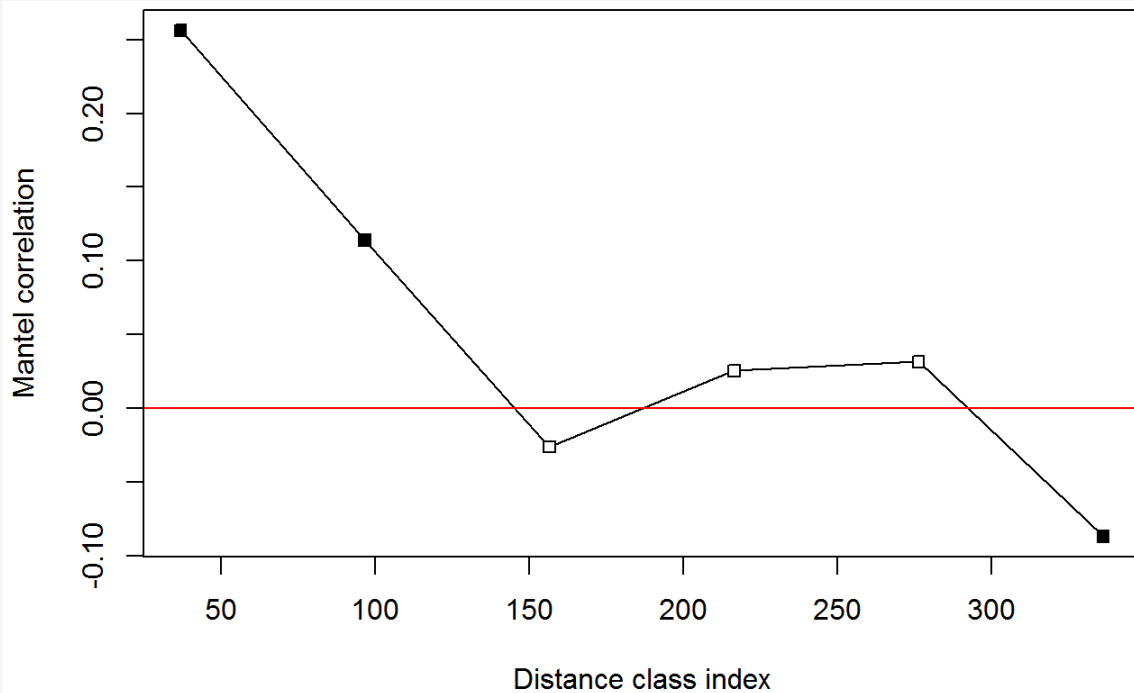
```
## Call:
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T2, D.geo = dist.pontos.T2)
```

```
##      class.index    n.dist Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1    36.916667 484.000000  0.256167    0.001    0.001 ***
## D.cl.2    96.750000 346.000000  0.113830    0.001    0.002 **
## D.cl.3   156.583333 280.000000 -0.026006    0.208    0.208
## D.cl.4   216.416667 314.000000  0.025734    0.209    0.416
```

```
## D.cl.5 276.250000 306.000000 0.031819 0.108 0.324
## D.cl.6 336.083333 290.000000 -0.086466 0.006 0.024 *
## D.cl.7 395.916667 234.000000 NA NA NA
## D.cl.8 455.750000 124.000000 NA NA NA
## D.cl.9 515.583333 42.000000 NA NA NA
## D.cl.10 575.416667 78.000000 NA NA NA
## D.cl.11 635.250000 84.000000 NA NA NA
## D.cl.12 695.083333 60.000000 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.T2)
```



Transecto 3:

```
correlograma.bray.T3
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

```
## Call:
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T3, D.geo = dist.pontos.T3)
```

```
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1 4.7607e+01 1.0680e+03 1.9875e-01 0.001 0.001 ***
## D.cl.2 1.2493e+02 8.5000e+02 7.2026e-02 0.001 0.002 **
## D.cl.3 2.0226e+02 8.1800e+02 3.9766e-02 0.039 0.039 *
## D.cl.4 2.7958e+02 7.1200e+02 5.9110e-02 0.002 0.004 **
```

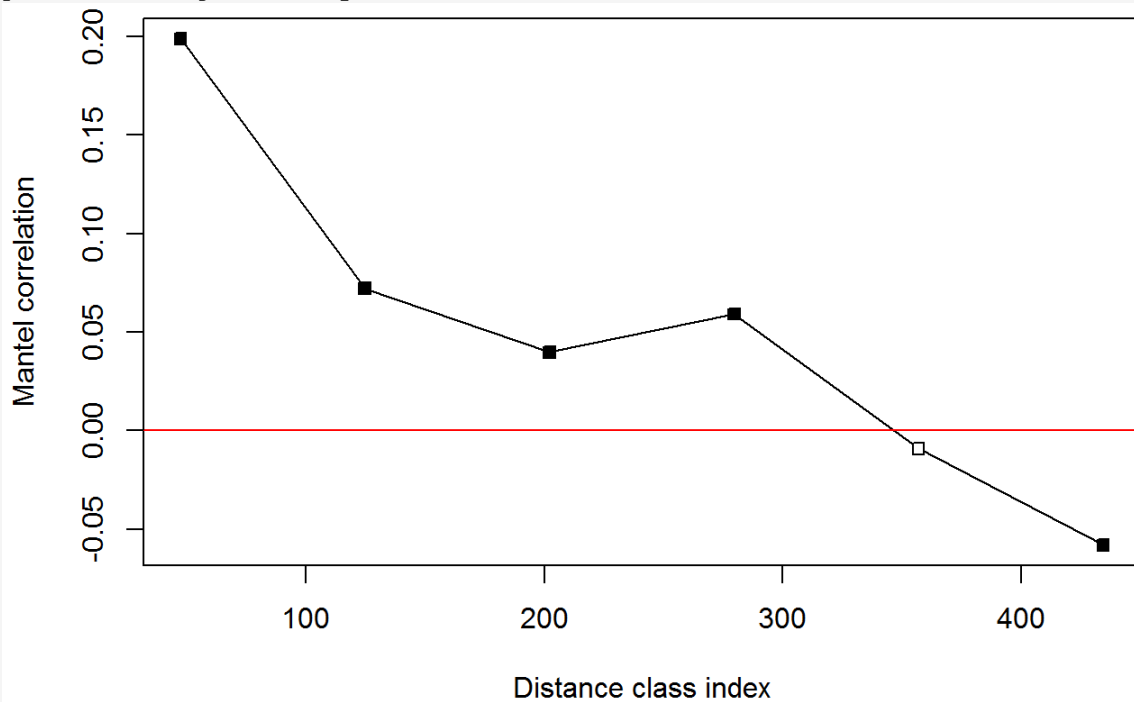


```

## D.cl.5    3.5691e+02  6.5000e+02 -9.1066e-03    0.283    0.283
## D.cl.6    4.3423e+02  5.0800e+02 -5.7972e-02    0.001    0.006 **
## D.cl.7    5.1156e+02  4.4000e+02          NA        NA        NA
## D.cl.8    5.8889e+02  2.9000e+02          NA        NA        NA
## D.cl.9    6.6621e+02  1.9800e+02          NA        NA        NA
## D.cl.10   7.4354e+02  9.8000e+01          NA        NA        NA
## D.cl.11   8.2086e+02  7.2000e+01          NA        NA        NA
## D.cl.12   8.9819e+02  7.8000e+01          NA        NA        NA
## D.cl.13   9.7551e+02  6.2000e+01          NA        NA        NA
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```
plot(correlograma.bray.T3)
```



Transecto 4:

```
correlograma.bray.T4
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

```
## Call:
```

```
##
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T4, D.geo = dist.pontos.T4)
```

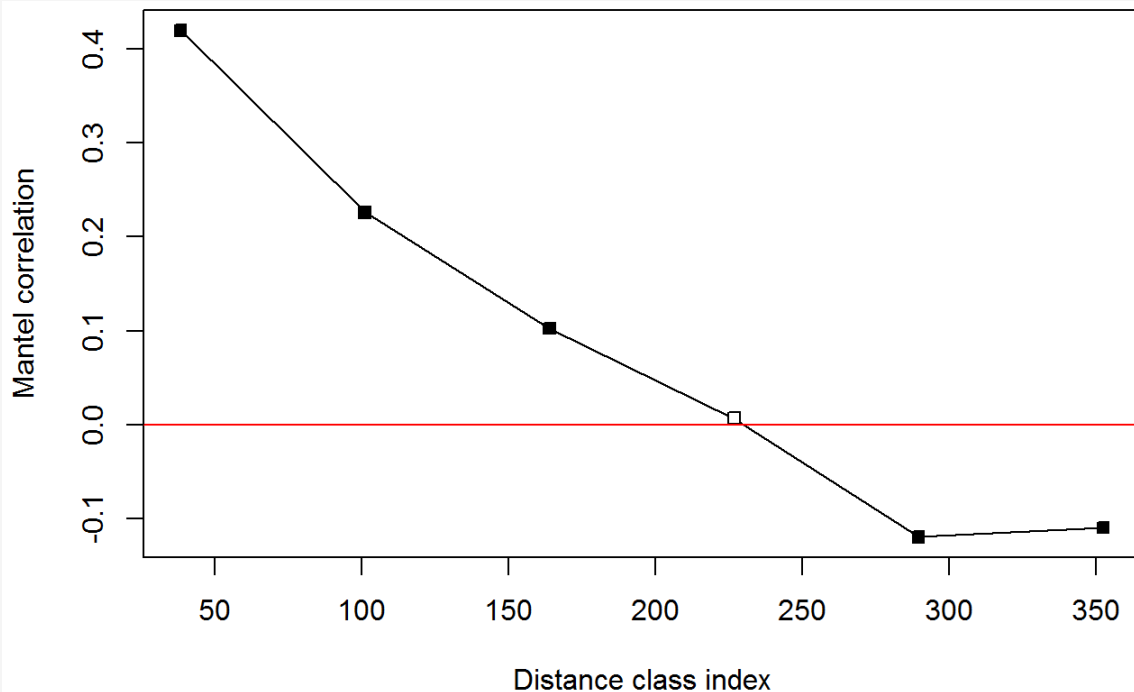
```
##          class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1    38.4639536  784.0000000   0.4198740    0.001    0.001 ***
## D.cl.2   101.2497252  592.0000000   0.2260711    0.001    0.002 **
```

```

## D.cl.3 164.0354968 476.0000000 0.1026022 0.001 0.003 **
## D.cl.4 226.8212684 400.0000000 0.0068339 0.360 0.360
## D.cl.5 289.6070400 306.0000000 -0.1193375 0.001 0.005 **
## D.cl.6 352.3928116 340.0000000 -0.1095195 0.001 0.006 **
## D.cl.7 415.1785832 346.0000000 NA NA NA
## D.cl.8 477.9643548 348.0000000 NA NA NA
## D.cl.9 540.7501263 362.0000000 NA NA NA
## D.cl.10 603.5358979 282.0000000 NA NA NA
## D.cl.11 666.3216695 238.0000000 NA NA NA
## D.cl.12 729.1074411 144.0000000 NA NA NA
## D.cl.13 791.8932127 62.0000000 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```
plot(correlograma.bray.T4)
```



Transecto 5:

```
correlograma.bray.T5
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

```
## Call:
```

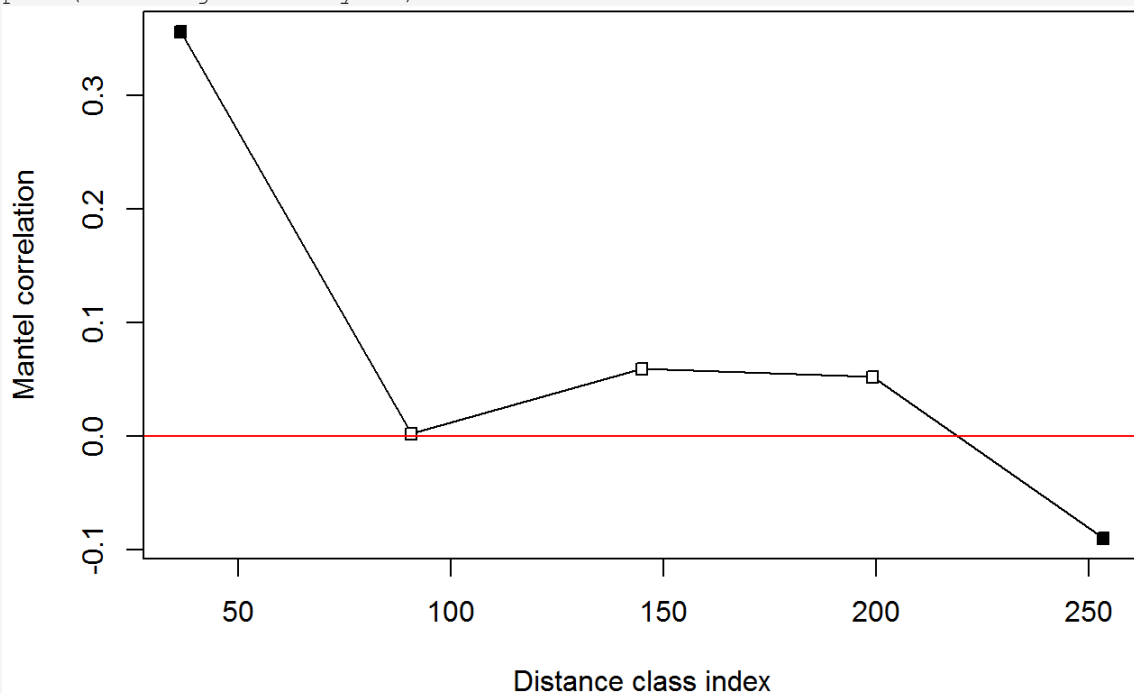
```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T5, D.geo = dist.pontos.T5)
```

```
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
```

```
## D.cl.1 36.3510663 350.0000000 0.3558652 0.001 0.001 ***
```

```
## D.cl.2    90.6141101 196.0000000    0.0019403    0.465    0.465
## D.cl.3   144.8771538 188.0000000    0.0590191    0.052    0.104
## D.cl.4   199.1401976 218.0000000    0.0520671    0.071    0.156
## D.cl.5   253.4032414 202.0000000   -0.0900123    0.006    0.024 *
## D.cl.6   307.6662851 144.0000000         NA         NA         NA
## D.cl.7   361.9293289 118.0000000         NA         NA         NA
## D.cl.8   416.1923726 100.0000000         NA         NA         NA
## D.cl.9   470.4554164  74.0000000         NA         NA         NA
## D.cl.10  524.7184601  70.0000000         NA         NA         NA
## D.cl.11  578.9815039  42.0000000         NA         NA         NA
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.T5)
```



Transecto 6:

```
correlograma.bray.T6
```

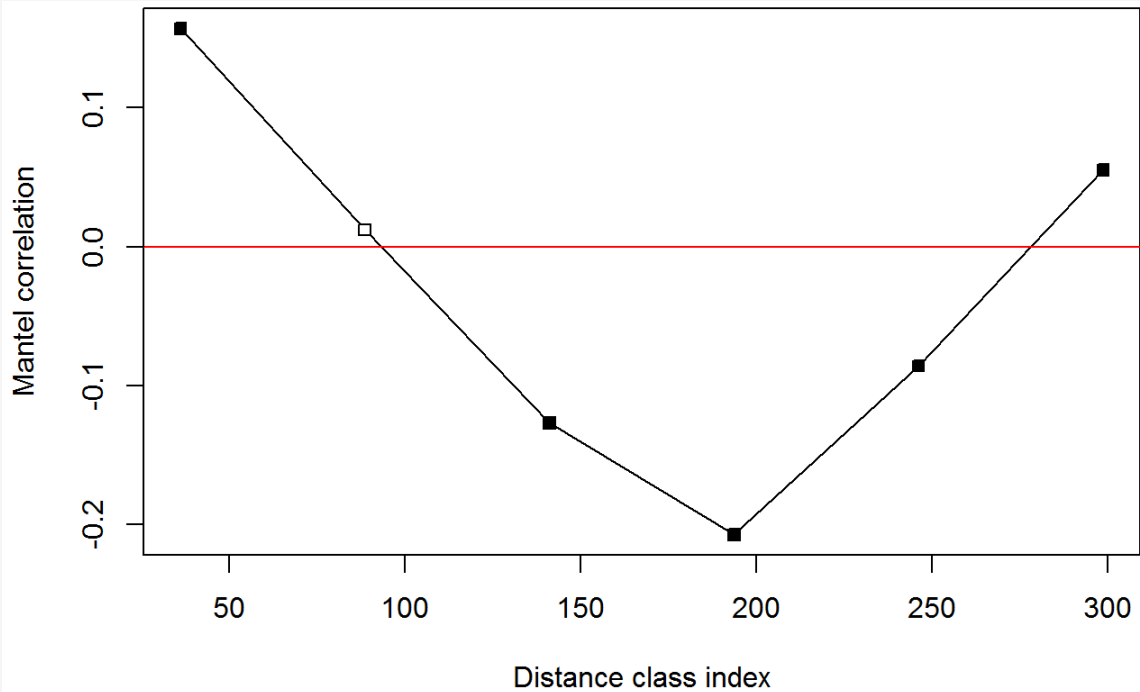
```
## Mantel Correlogram Analysis
## Call:
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T6, D.geo = dist.pontos.T6)
##
##      class.index    n.dist Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1    36.250000 474.000000  0.157009    0.001    0.001 ***
```

```

## D.cl.2      88.750000 442.000000  0.012010    0.311    0.311
## D.cl.3     141.250000 406.000000 -0.126874    0.001    0.003 **
## D.cl.4     193.750000 434.000000 -0.207321    0.001    0.004 **
## D.cl.5     246.250000 308.000000 -0.085948    0.002    0.005 **
## D.cl.6     298.750000 274.000000  0.055314    0.005    0.010 **
## D.cl.7     351.250000 242.000000          NA          NA          NA
## D.cl.8     403.750000 246.000000          NA          NA          NA
## D.cl.9     456.250000 152.000000          NA          NA          NA
## D.cl.10    508.750000 110.000000          NA          NA          NA
## D.cl.11    561.250000  74.000000          NA          NA          NA
## D.cl.12    613.750000  42.000000          NA          NA          NA
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```
plot(correlograma.bray.T6)
```



Transecto 7:

```
correlograma.bray.T7
```

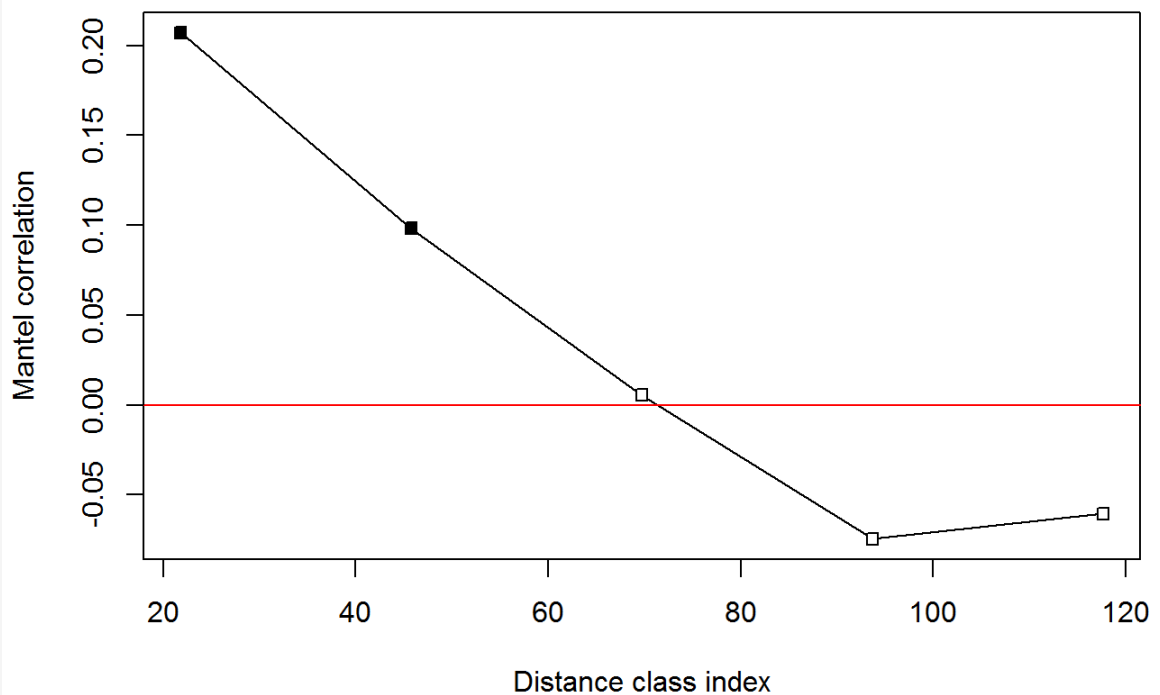
```

## Mantel Correlogram Analysis
## Call:
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.T7, D.geo = dist.pontos.T7)
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1  21.7906809 116.0000000  0.2070909    0.004    0.004 **

```

```
## D.cl.2 45.7604308 70.0000000 0.0981685 0.050 0.050 *
## D.cl.3 69.7301808 90.0000000 0.0055099 0.452 0.452
## D.cl.4 93.6999307 54.0000000 -0.0744799 0.124 0.248
## D.cl.5 117.6696806 66.0000000 -0.0604367 0.132 0.372
## D.cl.6 141.6394305 34.0000000 NA NA NA
## D.cl.7 165.6091804 42.0000000 NA NA NA
## D.cl.8 189.5789303 18.0000000 NA NA NA
## D.cl.9 213.5486803 12.0000000 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.T7)
```



Transecto A:

```
correlograma.bray.TA
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

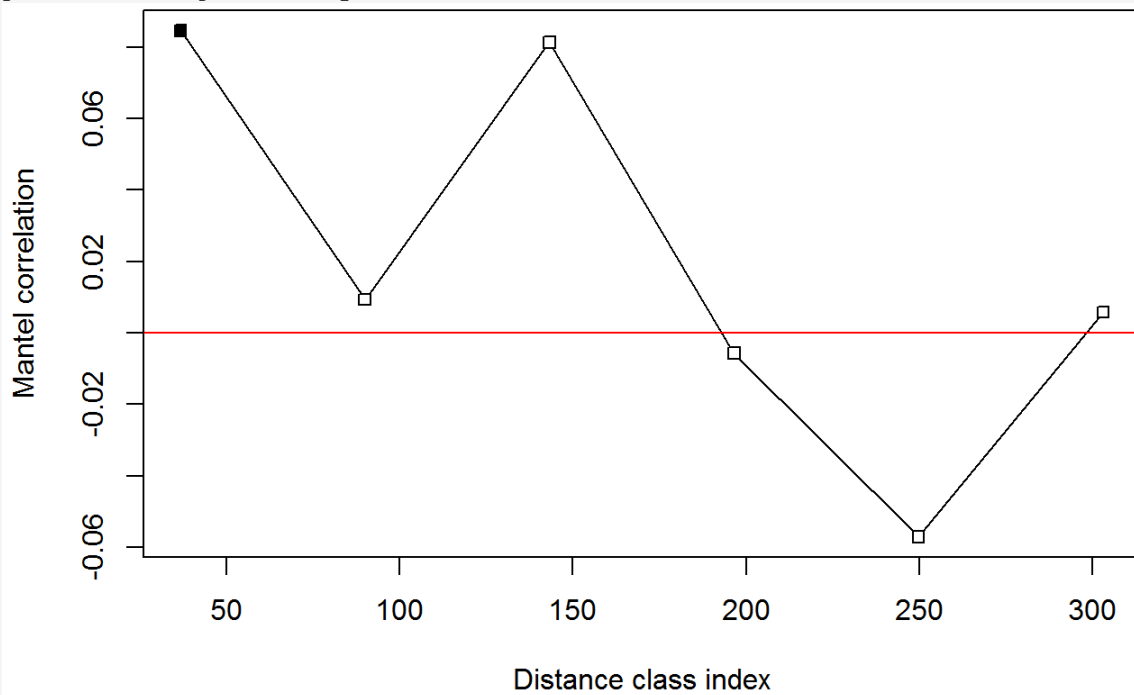
```
## Call:
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.TA, D.geo = dist.pontos.TA)
```

```
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1  36.8193000 178.0000000 0.0846120 0.039 0.039 *
## D.cl.2  90.0618219 140.0000000 0.0093290 0.437 0.437
## D.cl.3 143.3043437 142.0000000 0.0813230 0.035 0.105
```

```
## D.cl.4 196.5468656 120.0000000 -0.0056645 0.443 0.874
## D.cl.5 249.7893875 100.0000000 -0.0569874 0.105 0.315
## D.cl.6 303.0319094 86.0000000 0.0058082 0.435 1.000
## D.cl.7 356.2744313 80.0000000 NA NA NA
## D.cl.8 409.5169532 60.0000000 NA NA NA
## D.cl.9 462.7594751 46.0000000 NA NA NA
## D.cl.10 516.0019969 26.0000000 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.TA)
```



Transecto B:

```
correlograma.bray.TB
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

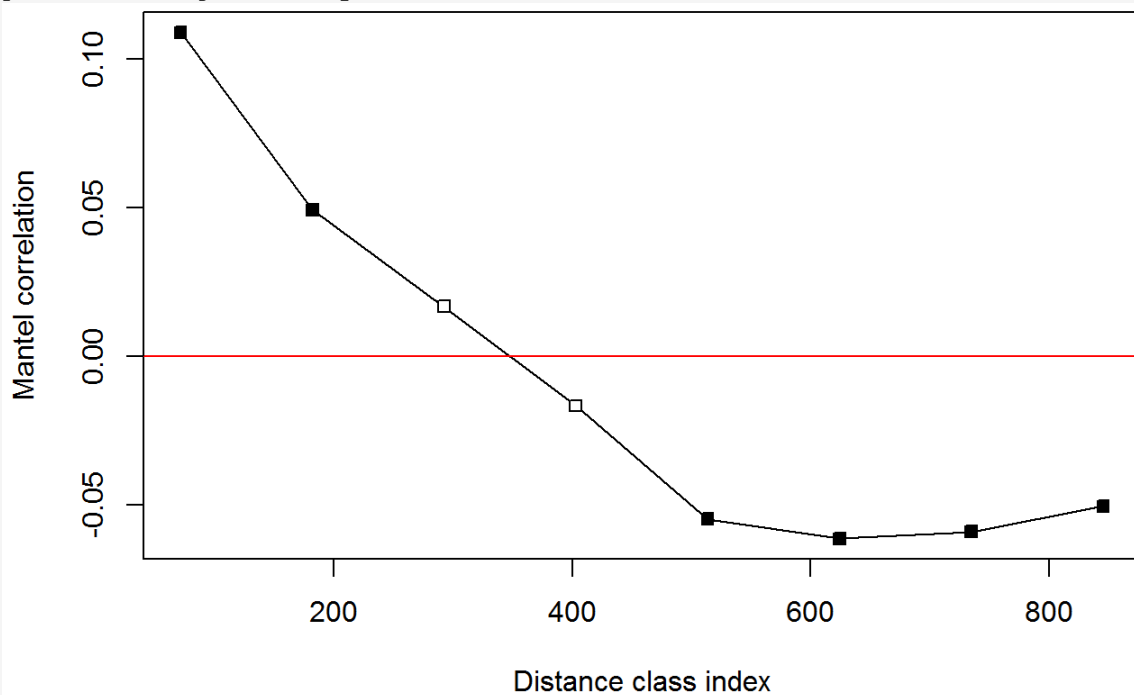
```
## Call:
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.TB, D.geo = dist.pontos.TB)
```

```
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1  71.554413  892.000000  0.108827  0.001  0.001 ***
## D.cl.2  182.081204  800.000000  0.049271  0.003  0.003 **
## D.cl.3  292.607994  712.000000  0.016739  0.166  0.166
## D.cl.4  403.134785  658.000000 -0.016643  0.195  0.332
## D.cl.5  513.661576  600.000000 -0.054670  0.007  0.021 *
## D.cl.6  624.188366  546.000000 -0.061215  0.005  0.020 *
```

```
## D.cl.7 734.715157 528.000000 -0.058958 0.001 0.007 **
## D.cl.8 845.241948 558.000000 -0.050313 0.003 0.018 *
## D.cl.9 955.768739 568.000000 NA NA NA
## D.cl.10 1066.295529 484.000000 NA NA NA
## D.cl.11 1176.822320 334.000000 NA NA NA
## D.cl.12 1287.349111 218.000000 NA NA NA
## D.cl.13 1397.875901 72.000000 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.TB)
```



Transecto C:

```
correlograma.bray.TC
```

```
## Mantel Correlogram Analysis
```

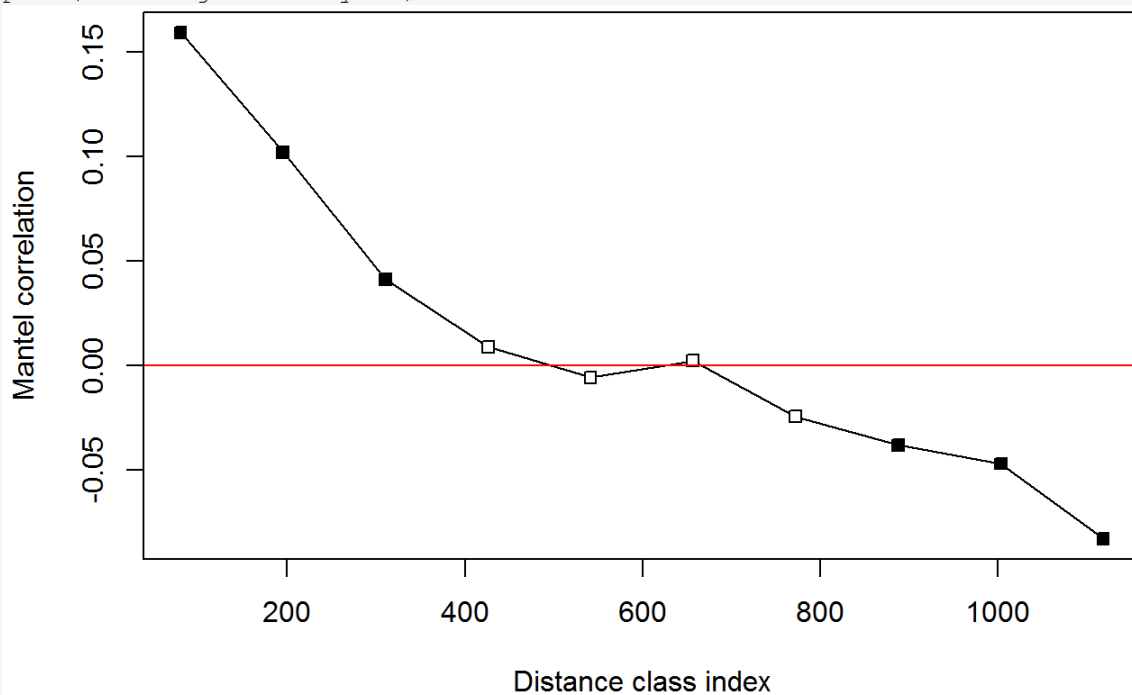
```
## Call:
```

```
## mantel.correlog(D.eco = matriz.bray.TC, D.geo = dist.pontos.TC)
```

```
##      class.index      n.dist  Mantel.cor Pr(Mantel) Pr(corrected)
## D.cl.1 7.9956e+01 1.1460e+03 1.5949e-01 0.001 0.001 ***
## D.cl.2 1.9531e+02 9.5400e+02 1.0215e-01 0.001 0.002 **
## D.cl.3 3.1066e+02 9.2200e+02 4.1435e-02 0.002 0.003 **
## D.cl.4 4.2601e+02 8.7800e+02 9.1385e-03 0.268 0.268
## D.cl.5 5.4136e+02 8.5600e+02 -5.5401e-03 0.335 0.536
```

```
## D.cl.6 6.5671e+02 8.6000e+02 2.3955e-03 0.431 0.804
## D.cl.7 7.7206e+02 8.0000e+02 -2.4317e-02 0.048 0.192
## D.cl.8 8.8741e+02 7.9800e+02 -3.7943e-02 0.005 0.025 *
## D.cl.9 1.0028e+03 7.8600e+02 -4.6811e-02 0.001 0.009 **
## D.cl.10 1.1181e+03 7.4600e+02 -8.2705e-02 0.001 0.010 **
## D.cl.11 1.2335e+03 6.9600e+02 NA NA NA
## D.cl.12 1.3488e+03 6.9600e+02 NA NA NA
## D.cl.13 1.4642e+03 6.4600e+02 NA NA NA
## D.cl.14 1.5795e+03 3.4400e+02 NA NA NA
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
plot(correlograma.bray.TC)
```



Suficiência amostral

Vamos agora, finalmente, trabalhar com uma avaliação de como o esforço amostral deste estudo se relaciona com o número de espécies coletadas. A proposta é que estes resultados possam servir de base para o planejamento de coletas em ambientes similares ao amostrado.

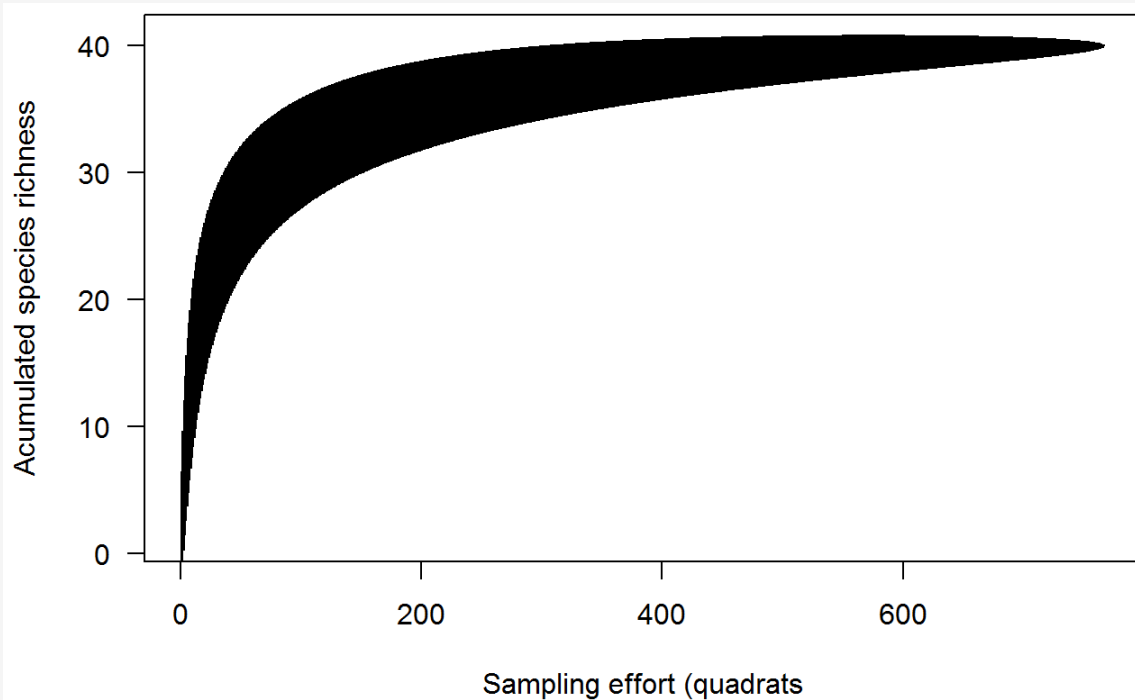
Podemos começar esta avaliação com uma curva de acúmulo de espécies pelo método de rarefação, que considera um número crescente de unidades amostrais tomadas ao acaso e a riqueza de espécies esperada para cada valor de esforço:

```
#Construindo a curva:
curva.acum<-specaccum(dados.bio)
```



```
#Gráfico
```

```
plot(curva.acum, las=1, ylab="Acumulated species richness", xlab="Sampling effort (quadrats)")
```



A curva mostra o número de espécies médio esperado para cada medida de esforço, com o intervalo de confiança em torno da média.

Podemos verificar os valores de riqueza média para cada medida de esforço (em número de quadrats) para os últimos 150 quadrats de esforço:

```
curva.acum$richness[558:708]
```

```
## [1] 39.21591 39.22098 39.22604 39.23108 39.23610 39.24111 39.24610
## [8] 39.25108 39.25604 39.26099 39.26592 39.27084 39.27574 39.28063
## [15] 39.28551 39.29037 39.29521 39.30004 39.30486 39.30966 39.31444
## [22] 39.31922 39.32397 39.32872 39.33345 39.33816 39.34286 39.34755
## [29] 39.35222 39.35688 39.36153 39.36616 39.37078 39.37538 39.37997
## [36] 39.38455 39.38911 39.39366 39.39819 39.40272 39.40722 39.41172
## [43] 39.41620 39.42067 39.42512 39.42957 39.43399 39.43841 39.44281
## [50] 39.44720 39.45158 39.45594 39.46029 39.46463 39.46895 39.47326
## [57] 39.47756 39.48184 39.48612 39.49038 39.49462 39.49886 39.50308
## [64] 39.50729 39.51149 39.51567 39.51984 39.52400 39.52815 39.53228
## [71] 39.53641 39.54052 39.54461 39.54870 39.55277 39.55683 39.56088
## [78] 39.56492 39.56894 39.57296 39.57696 39.58095 39.58492 39.58889
## [85] 39.59284 39.59678 39.60071 39.60463 39.60853 39.61242 39.61631
```

```
## [92] 39.62018 39.62403 39.62788 39.63172 39.63554 39.63935 39.64315
## [99] 39.64694 39.65072 39.65448 39.65824 39.66198 39.66571 39.66943
## [106] 39.67314 39.67684 39.68052 39.68420 39.68786 39.69151 39.69515
## [113] 39.69878 39.70240 39.70601 39.70961 39.71319 39.71676 39.72033
## [120] 39.72388 39.72742 39.73095 39.73447 39.73797 39.74147 39.74496
## [127] 39.74843 39.75190 39.75535 39.75879 39.76222 39.76564 39.76905
## [134] 39.77245 39.77584 39.77921 39.78258 39.78594 39.78928 39.79261
## [141] 39.79594 39.79925 39.80255 39.80584 39.80912 39.81239 39.81565
## [148] 39.81890 39.82214 39.82537 39.82858
```

Note que mesmo com menos 150 quadrats de esforço total já temos mais de 39 espécies (do total de 40) encontradas.

Podemos “perguntar” para o R a partir de quantos quadrats a média de espécies encontradas já se encontra em mais de 39:

```
curva.acum$sites[curva.acum$richness>39]
## [1] 519 520 521 522 523 524 525 526 527 528 529 530 531 532 533 534 53
5
## [18] 536 537 538 539 540 541 542 543 544 545 546 547 548 549 550 551 55
2
## [35] 553 554 555 556 557 558 559 560 561 562 563 564 565 566 567 568 56
9
## [52] 570 571 572 573 574 575 576 577 578 579 580 581 582 583 584 585 58
6
## [69] 587 588 589 590 591 592 593 594 595 596 597 598 599 600 601 602 60
3
## [86] 604 605 606 607 608 609 610 611 612 613 614 615 616 617 618 619 62
0
## [103] 621 622 623 624 625 626 627 628 629 630 631 632 633 634 635 636 63
7
## [120] 638 639 640 641 642 643 644 645 646 647 648 649 650 651 652 653 65
4
## [137] 655 656 657 658 659 660 661 662 663 664 665 666 667 668 669 670 67
1
## [154] 672 673 674 675 676 677 678 679 680 681 682 683 684 685 686 687 68
8
## [171] 689 690 691 692 693 694 695 696 697 698 699 700 701 702 703 704 70
5
## [188] 706 707 708 709 710 711 712 713 714 715 716 717 718 719 720 721 72
2
## [205] 723 724 725 726 727 728 729 730 731 732 733 734 735 736 737 738 73
9
## [222] 740 741 742 743 744 745 746 747 748 749 750 751 752 753 754 755 75
6
```

```
## [239] 757 758 759 760 761 762 763 764 765 766 767
```

Então a partir de 525 quadrats já esperamos encontrar mais do que 39 espécies das 40 encontradas no estudo.

Isto tudo parece indicar que o esforço amostral foi suficiente para se conhecer o número de espécies da área estudada, e que mesmo um esforço menor poderia ser suficiente para tanto.

Podemos complementar estes resultados avaliando um estimador de riqueza de espécies pelo método de Jackknife:

```
specpool(dados.bio)
##      Species      chao  chao.se    jack1 jack1.se    jack2      boot  boot.
se
## All          40 40.6658 1.303891 41.99739  1.41237 41.00391 41.20098 0.94479
59
##          n
## All 767
```

Aqui podemos ver que o estimador Jackknife estima um total de 42.9 espécies, com um erro padrão de 1.7. Como o intervalo de confiança de 95% é aproximadamente 1.96 vezes o erro padrão, teríamos aqui um valor de aproximadamente $1.7 \times 1.96 = 3.33$. Então a estimativa do Jackknife com seu intervalo de confiança passa pela riqueza total encontrada (de 40 espécies), reforçando a interpretação acima.

Extrapolando a curva de acúmulo

Para compreender melhor a relação entre o esforço amostral utilizado e a riqueza encontrada, podemos utilizar um método paramétrico de estimativa de riqueza de espécies baseado na extrapolação da curva de acúmulo. Uma das vantagens deste método é tratar de uma estimativa de riqueza para um esforço específico, o que é impossível para os estimadores não paramétricos como o Jackknife e demais estimadores “clássicos”.

Iremos, então, extrapolar a curva de acúmulo para o que seria esperado se o dobro do esforço amostral (novamente, em número de quadrats) fosse utilizado. O método a seguir irá considerar apenas a presença e ausência das espécies por quadrat, e não a sua cobertura (da mesma forma que o estimador de Jackknife trabalha).

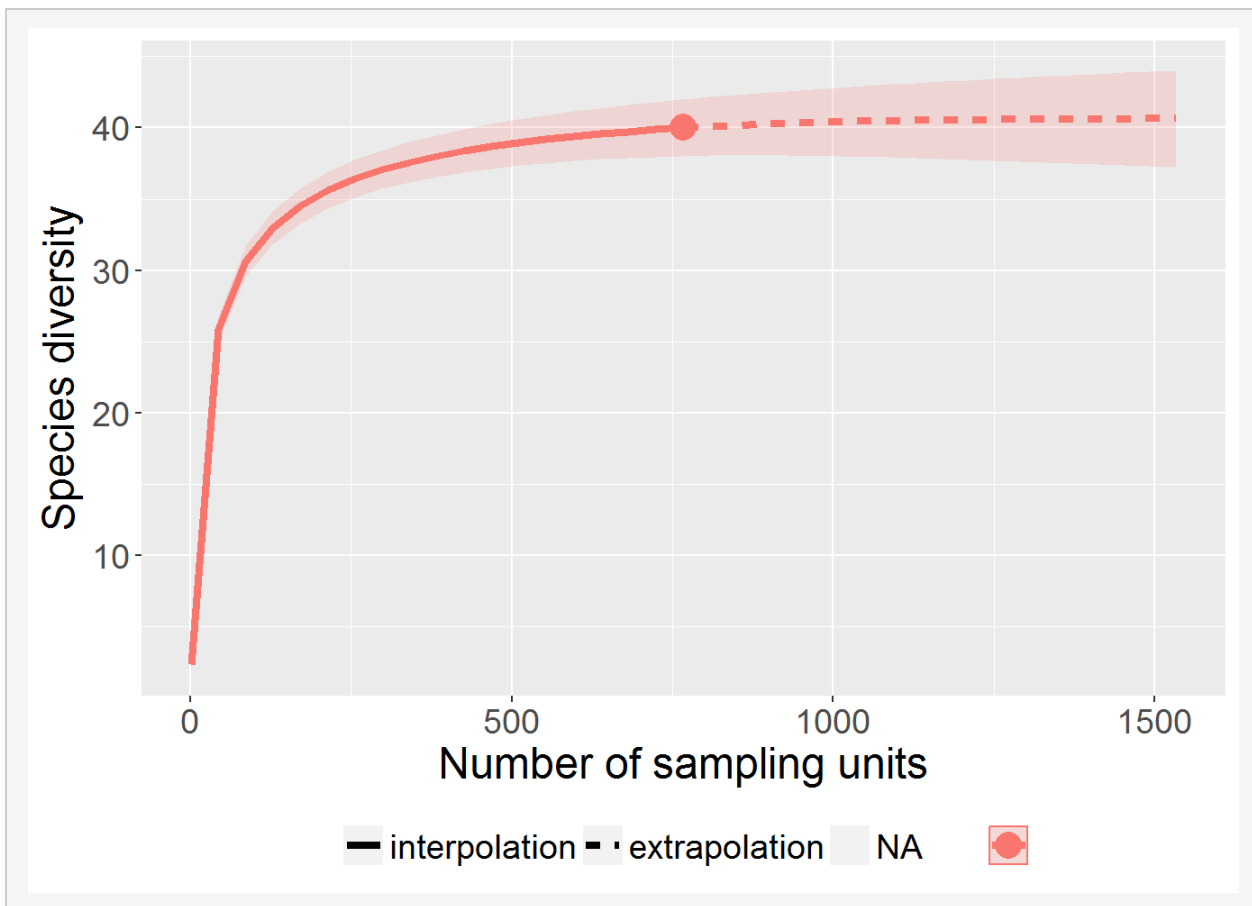
```
library(iNEXT)

dados.bio.t<-t(dados.bio)

curva.estimativa<-iNEXT(dados.bio.t, datatype="incidence_raw")

## Warning in as.incfreq(x): Invalid data type, the element of species by
## sites presence-absence matrix should be 0 or 1. Set nonzero elements as
1.

ggiNEXT(curva.estimativa)
```



A linha tracejada indica a extrapolação da curva de acúmulo encontrada. Podemos compreender melhor os resultados observando os valores:

```

curva.estimativa
## Compare 1 assemblages with Hill number order q = 0.
## $class: iNEXT
##
## $DataInfo: basic data information
##   site   T     U S.obs   SC Q1 Q2 Q3 Q4 Q5 Q6 Q7 Q8 Q9 Q10
## 1 site.1 767 1806    40 0.9989  2  3  0  3  0  2  1  2  0  0
##
## $iNextEst: diversity estimates with rarefied and extrapolated samples.
##   t      method order    qD qD.LCL qD.UCL   SC SC.LCL SC.UCL
## 1    1 interpolated    0  2.355  2.277  2.432 0.133  0.125  0.141
## 10   383 interpolated    0 38.014 36.566 39.462 0.996  0.995  0.998
## 20   767   observed    0 40.000 38.020 41.980 0.999  0.998  1.000
## 30  1130 extrapolated    0 40.505 37.866 43.143 1.000  0.999  1.000
## 40  1534 extrapolated    0 40.633 37.269 43.996 1.000  0.999  1.000
##

```

```
## $AsyEst: asymptotic diversity estimates along with related statistics.
##
##           Observed Estimator Est_s.e. 95% Lower 95% Upper
## Species Richness    40.000    40.666    1.304    40.057    47.797
## Shannon diversity   22.681    22.931    0.415    22.681    23.744
## Simpson diversity   17.507    17.647    0.431    17.507    18.491
##
## NOTE: Only show five estimates, call iNEXT.object$iNextEst. to show complete output.
```

Note que a riqueza estimada para o dobro do esforço (ou seja, 1416 quadrats) é de 41.3 espécies, com um intervalo de confiança de 95% que vai de aproximadamente 37 a 45.4. Estes resultados mais uma vez reforçam a visão geral de que o esforço empregado neste estudo foi suficiente para se estimar a riqueza de espécies no local estudado.

Re-amostragem dos dados para avaliação de esforço e desenho amostral

Na segunda parte do script iremos re-amostrar os dados seguindo regras de distância mínima, de forma a tentar avaliar, na prática, a eficiência de um desenho amostral que evite os efeitos da autocorrelação espacial.

Como esta nova etapa de análise é bastante intensiva do ponto de vista computacional, vamos criá-la como um script à parte, complementar a este.

Os dados

Recomeçando tudo, para um script voltado apenas para a re-amostragem:

```
library(vegan)
## Loading required package: permute
## Loading required package: lattice
## This is vegan 2.4-2
#Dados:
setwd("C:/Users/mvcvi/Dropbox/Dissertação - Bruno Pereira/novo") #Pasta com
o arquivo necessário
dados<-read.table("dados.txt", h=T, sep="\t")
dim(dados)
## [1] 767 47
#Organizando:
#Apenas as coordenadas:
coordenadas<-dados[,c("X", "Y")]
#Apenas os dados das espécies:
dados.bio<-dados[,5:46]
```

O bloco de re-amostragem, repetindo dez vezes

A re-amostragem irá acontecer com tomada de 65 unidades amostrais ao acaso. Chegamos a este número simplesmente experimentando diferentes valores, e constatamos que quando nos aproximamos de 70 unidades é muito comum que não seja possível terminar o processo, pois acabam as unidades com distâncias maiores que 90 metros.

A cada unidade tomada ao acaso todas as unidades com distâncias menores que 90 metros dela são eliminadas, e o processo recomeça até tomar 65 unidades.

Este procedimento foi repetido 10 vezes, para termos réplicas do efeito de tomar este número de amostras.

1 de 10:

```
#####  
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")  
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)  
  
n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos  
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos  
possíveis de se amostrar  
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result  
ado final  
  
#O 90 ali embaixo é a distância de corte  
for (i in 1:n) {  
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)  
  corte<-dist.xy.data[, as.character(seleção[i])]>90  
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))  
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])  
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)  
}  
seleção  
## [1] 501 753 276 255 472 328 558 540 582 239 337 351 217 434 383 286 104  
## [18] 133 187 664 147 366 456 731 736 684 408 159 45 88 516 207 31 726  
## [35] 610 77 740 744 620 765 266 644 322 671 523 599 420 3 310 176 13  
## [52] 483 198 709 120 715 698 58 574 693 528 510 659 758 444  
seleção1<-seleção  
#####
```

2 de 10:

```
#####
```

```

dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[, as.character(seleção[i])]>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 249 179 550 696 71 105 572 483 380 298 752 275 196 409 725 653 431
## [18] 660 619 677 118 154 356 139 237 389 585 469 170 629 505 287 691 594
## [35] 48 315 579 442 710 744 735 264 340 525 458 2 221 563 17 85 540
## [52] 670 209 739 419 533 758 720 664 686 731 557 646 496 601
seleção2<-seleção
#####

```

3 de 10:

```

#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)

```

```

    corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90
    amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
    dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
    dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 118 670 716 266 644 558 255 374 551 279 227 204 75 592 387 95 106
## [18] 59 416 472 523 650 435 573 742 399 753 545 343 150 454 758 730 683
## [35] 353 610 321 579 702 15 174 131 327 65 48 693 659 512 164 666 709
## [52] 604 290 529 308 616 3 494 484 630 26 586 216 688 38
seleção3<-seleção
#####

```

4 de 10:

```

#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#O 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
    seleção[i]<-sample(amostras, 1)
    corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90
    amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
    dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
    dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 413 450 332 550 280 634 162 87 520 730 15 323 691 764 250 365 194
## [18] 701 376 261 679 401 595 696 495 180 123 569 708 301 397 659 48 211
## [35] 354 526 512 481 460 684 64 577 147 756 221 556 469 673 584 74 2
## [52] 613 642 619 668 387 425 714 343 663 291 109 25 311 726

```



```
seleção4<-seleção
#####
```

5 de 10:

```
#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[, as.character(seleção[i])]>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 707 624 348 113 207 147 440 751 683 700 5 656 240 593 294 494 693
## [18] 729 94 484 138 724 713 330 648 417 175 277 760 76 582 262 529 541
## [35] 386 464 17 720 549 399 134 427 561 226 314 505 473 667 123 360 602
## [52] 159 250 304 618 631 573 688 660 671 45 26 197 555 741

seleção5<-seleção
#####
```

6 de 10:

```
#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
```

```

seleção<-1:n                                #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 330 487 644 22 462 107 400 208 40 557 141 623 661 719 305 710 383
## [18] 679 233 52 694 365 183 7 563 124 66 266 281 445 689 425 173 354
## [35] 243 495 93 155 414 633 572 666 579 468 164 294 396 614 83 726 519
## [52] 217 341 192 317 732 602 759 764 670 253 507 529 753 551
seleção6<-seleção
#####

```

7 de 10:

```

#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65                                        #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio)                #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar

seleção<-1:n                                #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}

```

```

seleção
## [1] 124 293 111 4 590 616 669 660 330 156 508 484 473 756 87 517 315
## [18] 17 54 347 442 646 601 727 720 683 233 360 241 463 221 168 74 409
## [35] 557 395 272 373 568 257 574 549 496 384 751 732 143 584 43 423 198
## [52] 714 676 210 691 540 630 664 282 305 529 766 697 26 708

seleção7<-seleção
#####

```

8 de 10:

```

#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possíveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#O 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[, as.character(seleção[i])>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 173 249 156 25 735 70 125 304 333 641 47 710 200 630 326 419 145
## [18] 278 481 441 102 687 663 612 699 545 765 586 573 115 514 497 390 379
## [35] 37 7 760 669 716 91 597 521 754 214 353 659 748 291 729 451 682
## [52] 263 81 227 506 740 655 558 363 619 314 693 470 552 16

seleção8<-seleção
#####

```

9 de 10:

```

#####

```

```

dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possiveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90
  amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
  dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
  dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 602 277 75 615 373 41 510 408 315 706 534 689 721 489 503 449 19
## [18] 130 680 291 434 744 711 731 30 112 168 360 564 201 469 59 575 2
## [35] 590 211 387 667 609 648 241 754 342 516 419 735 154 663 253 583 264
## [52] 85 494 698 225 739 177 556 529 630 596 145 716 540 479
seleção9<-seleção
#####

```

10 de 10:

```

#####
dist.xy<-dist(coordenadas, method="euclid")
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)

n<-65 #Aqui definimos quanto pontos queremos
amostras<-1:nrow(dados.bio) #Aqui criamos a lista com todos os pontos
possiveis de se amostrar
seleção<-1:n #Aqui criamos um objeto onde vai ficar o result
ado final

#0 90 ali embaixo é a distância de corte
for (i in 1:n) {
  seleção[i]<-sample(amostras, 1)
  corte<-dist.xy.data[ , as.character(seleção[i])]>90

```

```

amostras<-as.numeric(names(corte[corte==T]))
dist.xy<-dist(coordenadas[amostras,])
dist.xy.data<-data.matrix(dist.xy)
}
seleção
## [1] 606 693 386 362 249 437 553 18 615 7 325 448 622 202 152 163 516
## [18] 125 494 53 583 666 703 507 643 93 487 684 714 110 472 734 175 36
## [35] 754 748 329 409 760 284 191 670 742 314 70 542 424 213 679 529 630
## [52] 352 340 574 268 765 730 597 563 659 227 81 738 709 522
seleção10<-seleção
#####

```

Calculando riqueza

Agora iremos avaliar os resultados de cada re-amostragem:

```

dados.bio.1<-dados.bio[seleção1, ]
dados.bio.2<-dados.bio[seleção2, ]
dados.bio.3<-dados.bio[seleção3, ]
dados.bio.4<-dados.bio[seleção4, ]
dados.bio.5<-dados.bio[seleção5, ]
dados.bio.6<-dados.bio[seleção6, ]
dados.bio.7<-dados.bio[seleção7, ]
dados.bio.8<-dados.bio[seleção8, ]
dados.bio.9<-dados.bio[seleção9, ]
dados.bio.10<-dados.bio[seleção10, ]
riqueza1<-specnumber(colSums(dados.bio.1))
riqueza2<-specnumber(colSums(dados.bio.2))
riqueza3<-specnumber(colSums(dados.bio.3))
riqueza4<-specnumber(colSums(dados.bio.4))
riqueza5<-specnumber(colSums(dados.bio.5))
riqueza6<-specnumber(colSums(dados.bio.6))
riqueza7<-specnumber(colSums(dados.bio.7))
riqueza8<-specnumber(colSums(dados.bio.8))
riqueza9<-specnumber(colSums(dados.bio.9))
riqueza10<-specnumber(colSums(dados.bio.10))
riqueza1

```

```

## [1] 27
riqueza2
## [1] 31
riqueza3
## [1] 26
riqueza4
## [1] 26
riqueza5
## [1] 28
riqueza6
## [1] 29
riqueza7
## [1] 29
riqueza8
## [1] 28
riqueza9
## [1] 26
riqueza10
## [1] 27
mean(c(riqueza1, riqueza2, riqueza3, riqueza4, riqueza5, riqueza6, riqueza7
, riqueza8, riqueza9, riqueza10))
## [1] 27.7
sd(c(riqueza1, riqueza2, riqueza3, riqueza4, riqueza5, riqueza6, riqueza7,
riqueza8, riqueza9, riqueza10))
## [1] 1.636392

```

Salvando em arquivos

E vamos salvar em arquivos para registro e posterior análise:

```

write.csv(dados.bio.1, "reamostragem1.csv")
write.csv(dados.bio.2, "reamostragem2.csv")
write.csv(dados.bio.3, "reamostragem3.csv")
write.csv(dados.bio.4, "reamostragem4.csv")
write.csv(dados.bio.5, "reamostragem5.csv")
write.csv(dados.bio.6, "reamostragem6.csv")
write.csv(dados.bio.7, "reamostragem7.csv")
write.csv(dados.bio.8, "reamostragem8.csv")
write.csv(dados.bio.9, "reamostragem9.csv")

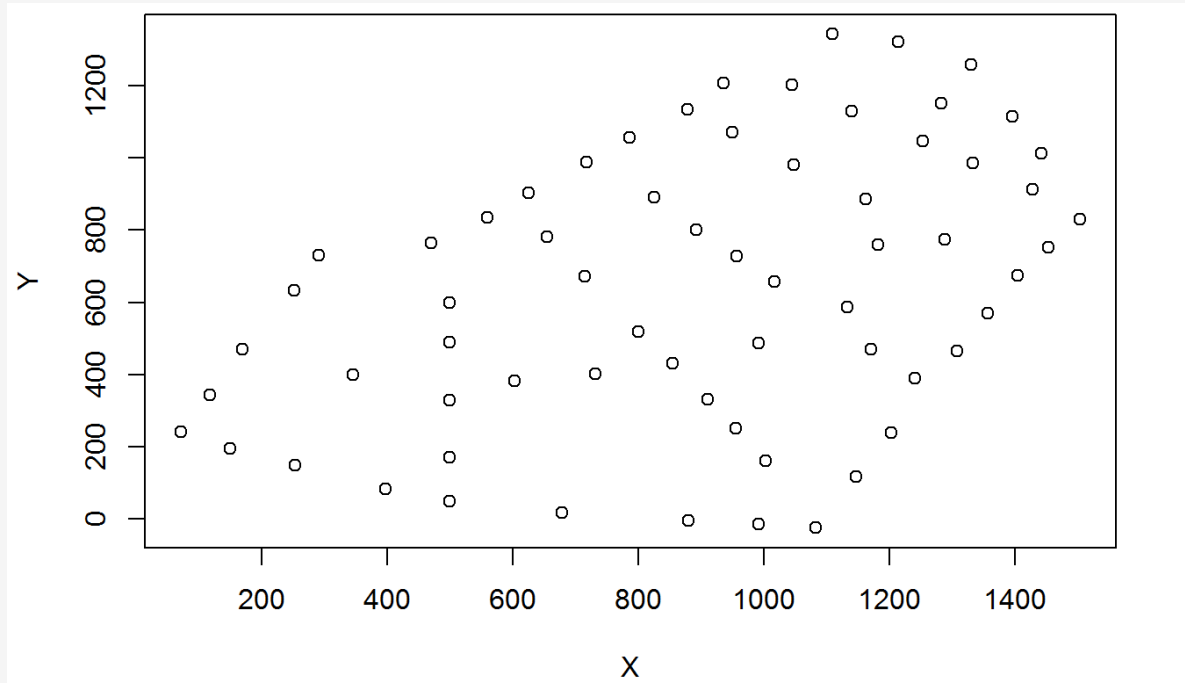
```

```
write.csv(dados.bio.10, "reamostragem10.csv")
```

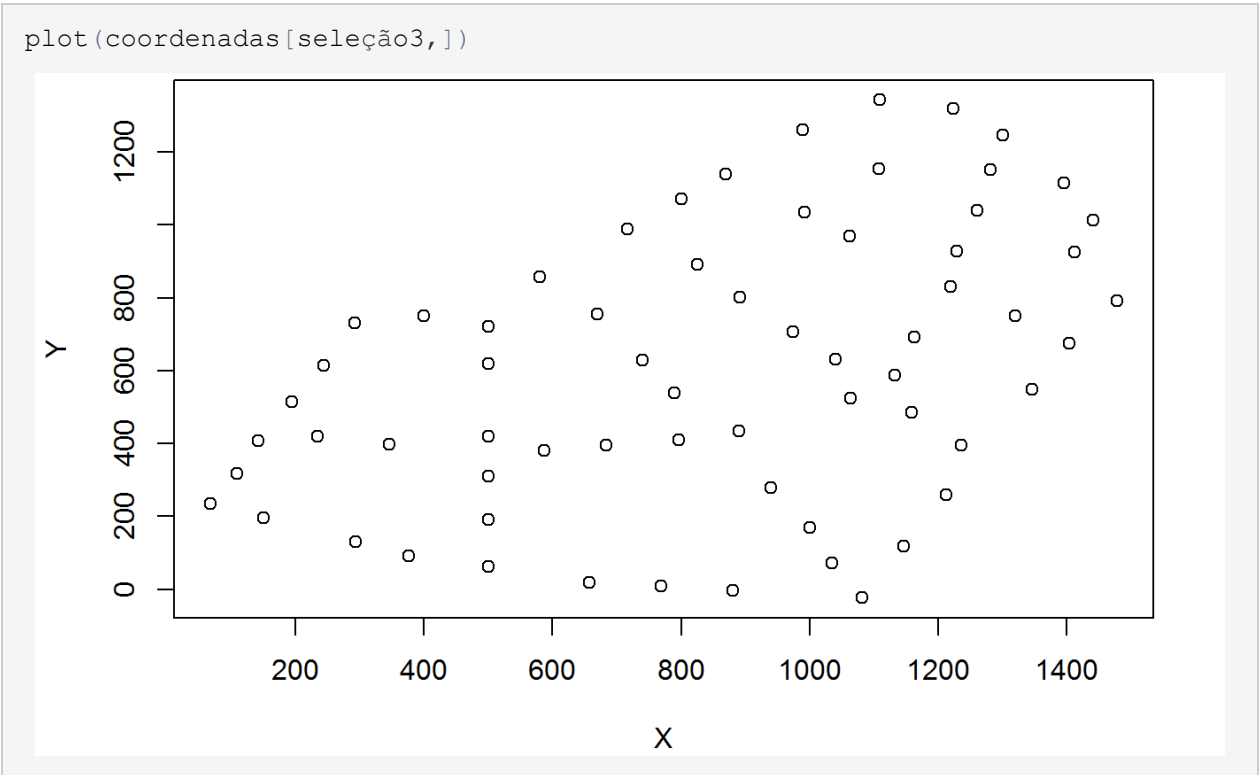
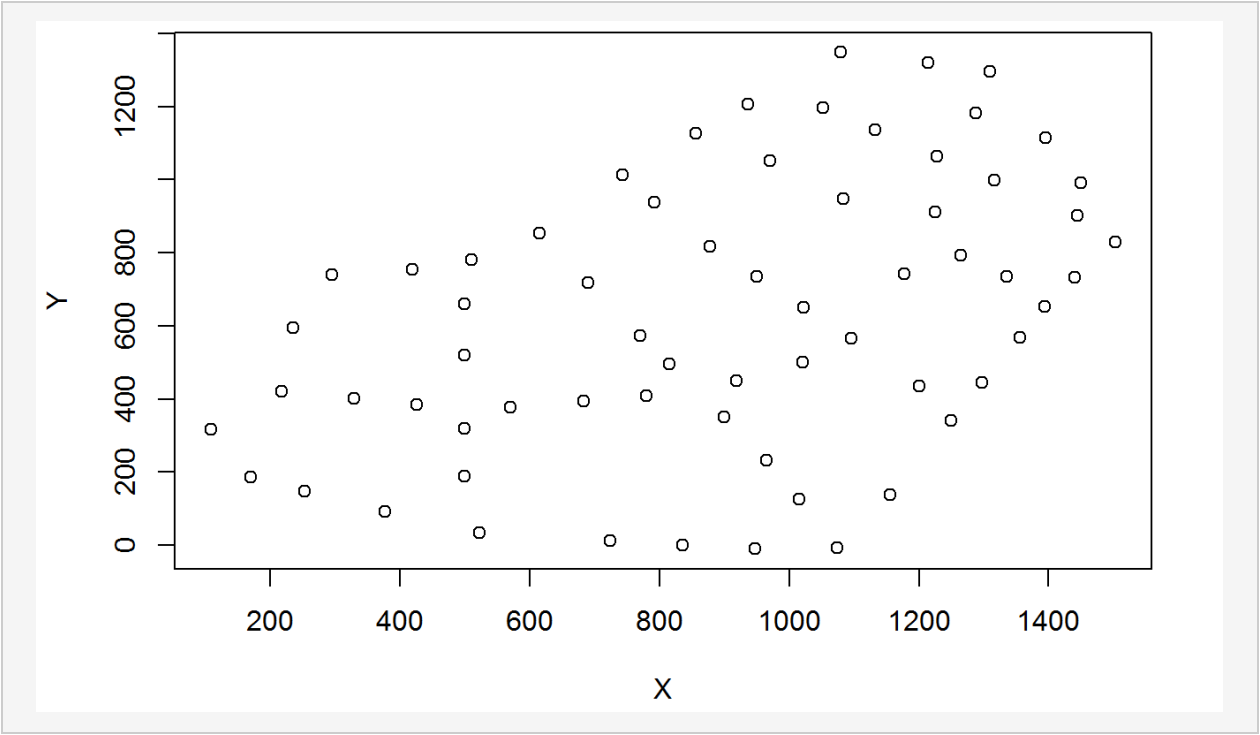
Os dados no mapa

Apenas para visualização, vamos rapidamente olhar quais foram as unidades re-amostradas em cada etapa:

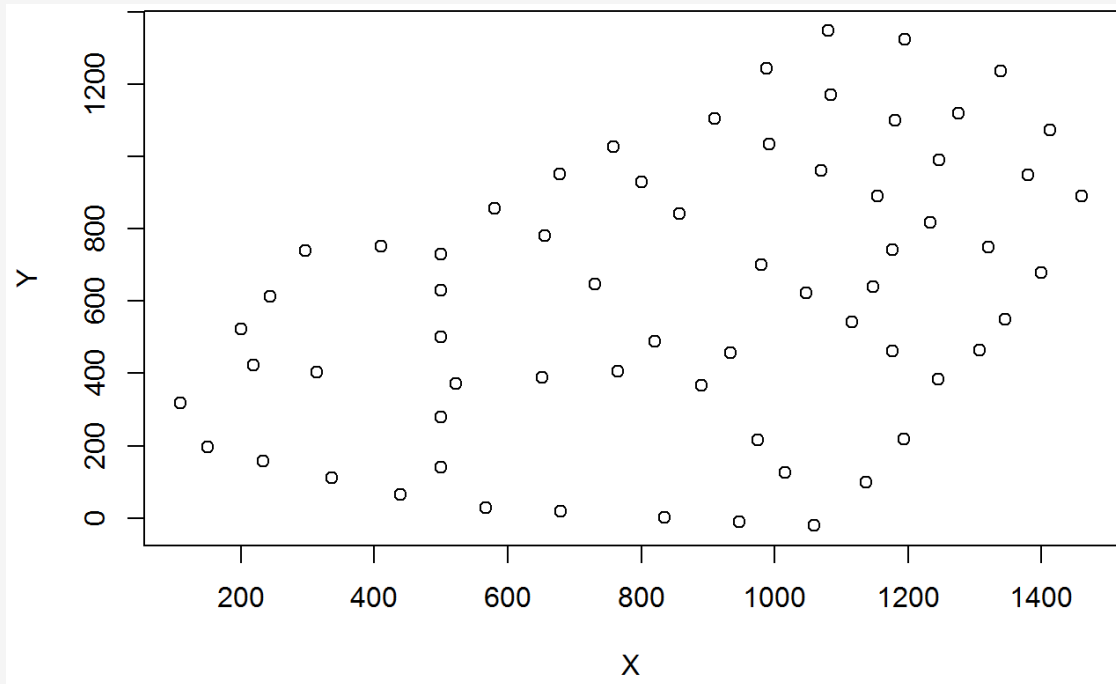
```
plot(coordenadas[seleção1,])
```



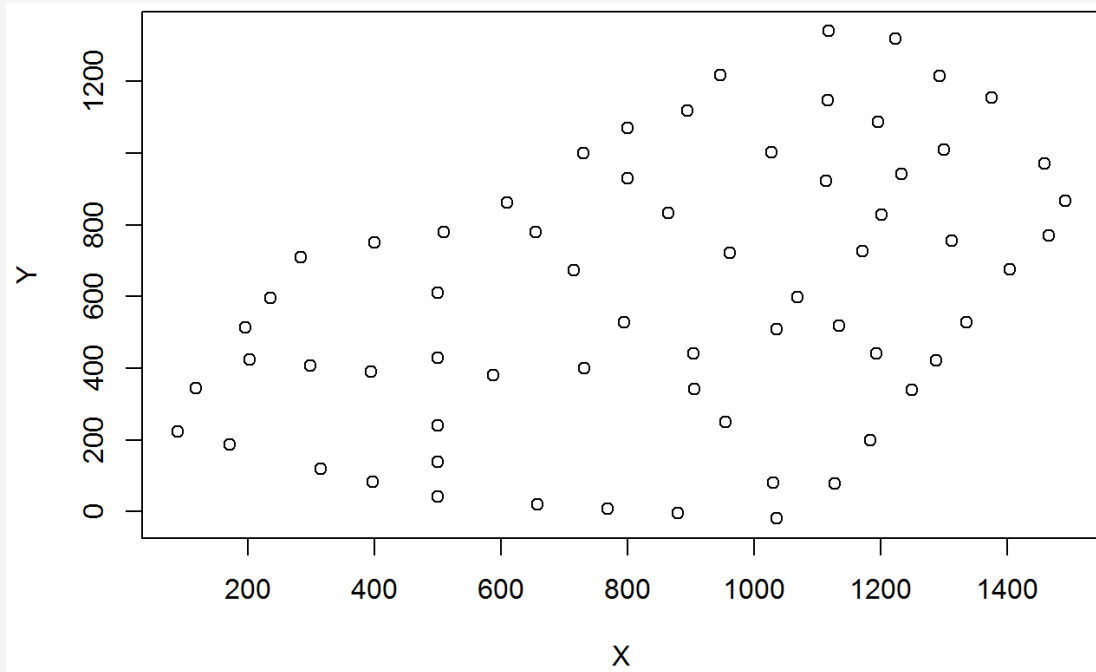
```
plot(coordenadas[seleção2,])
```



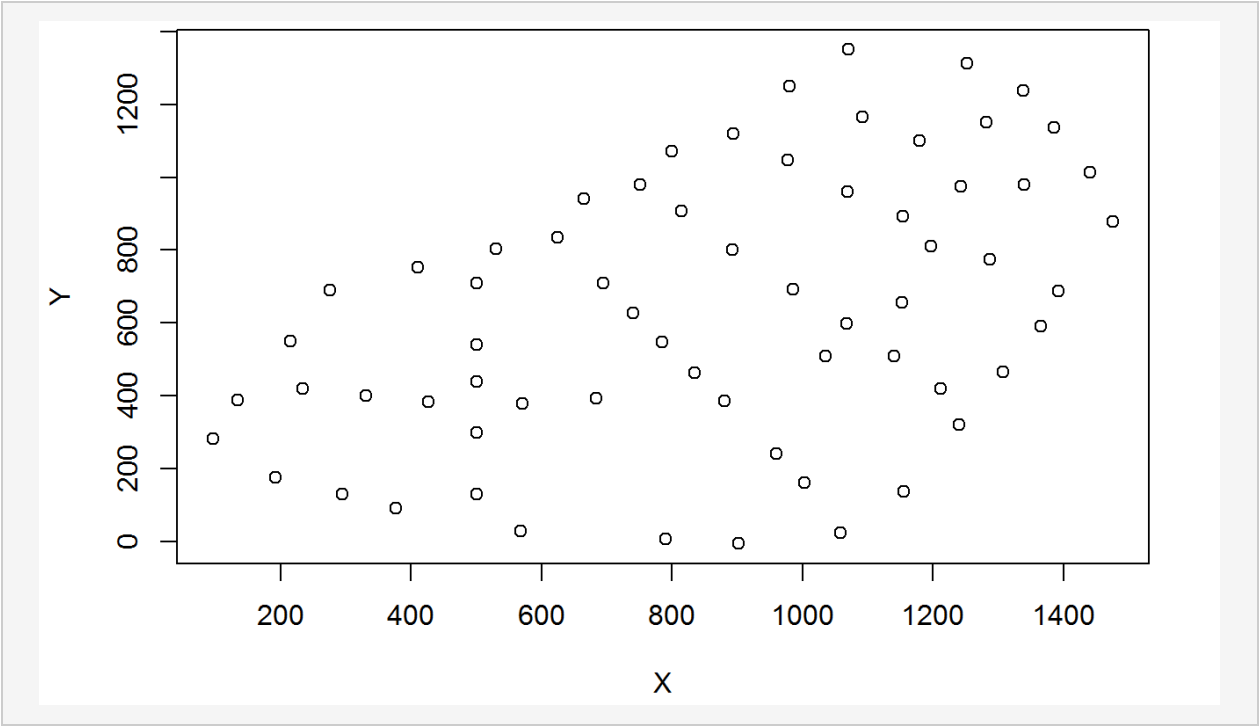

```
plot (coordenadas [seleção4, ])
```



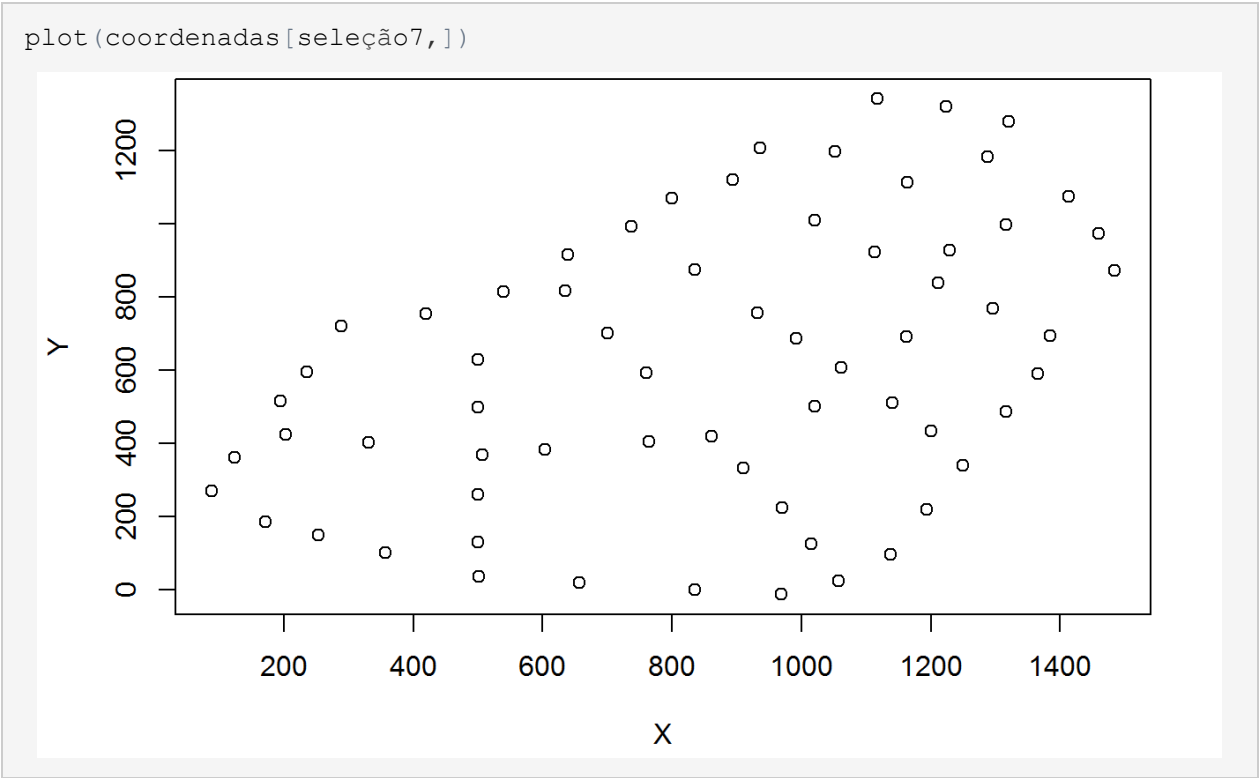
```
plot (coordenadas [seleção5, ])
```



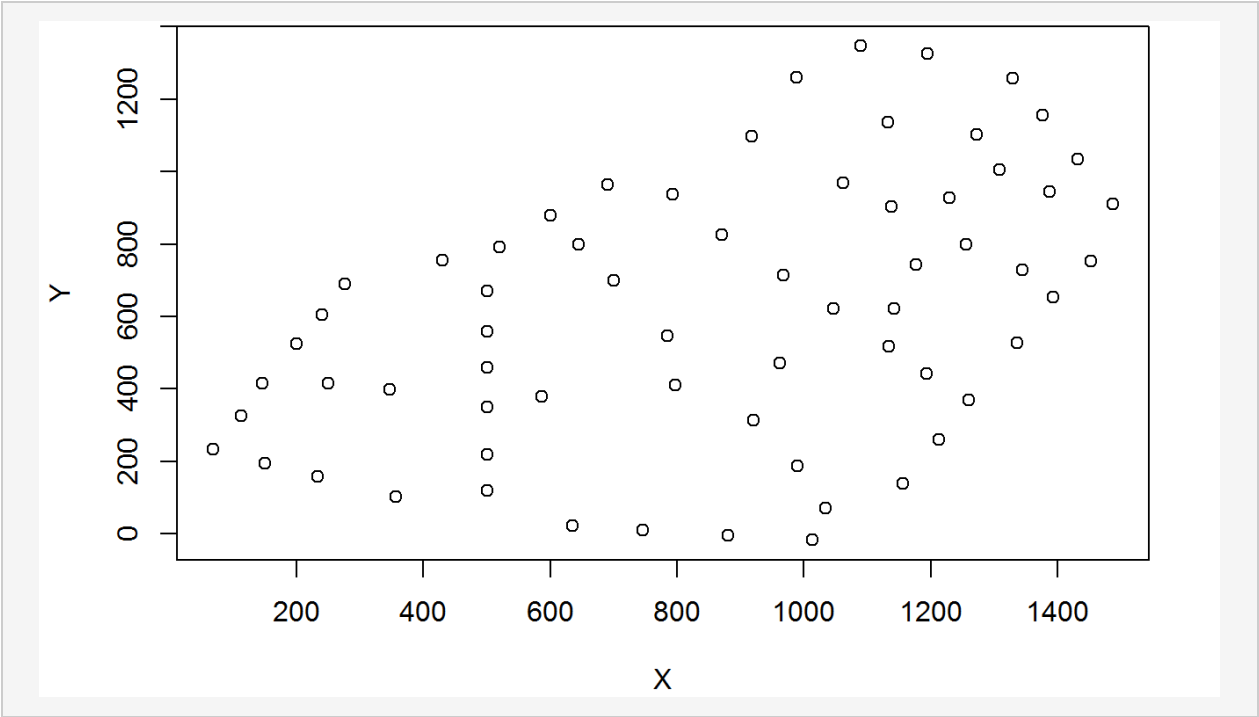
```
plot (coordenadas [seleção6, ])
```



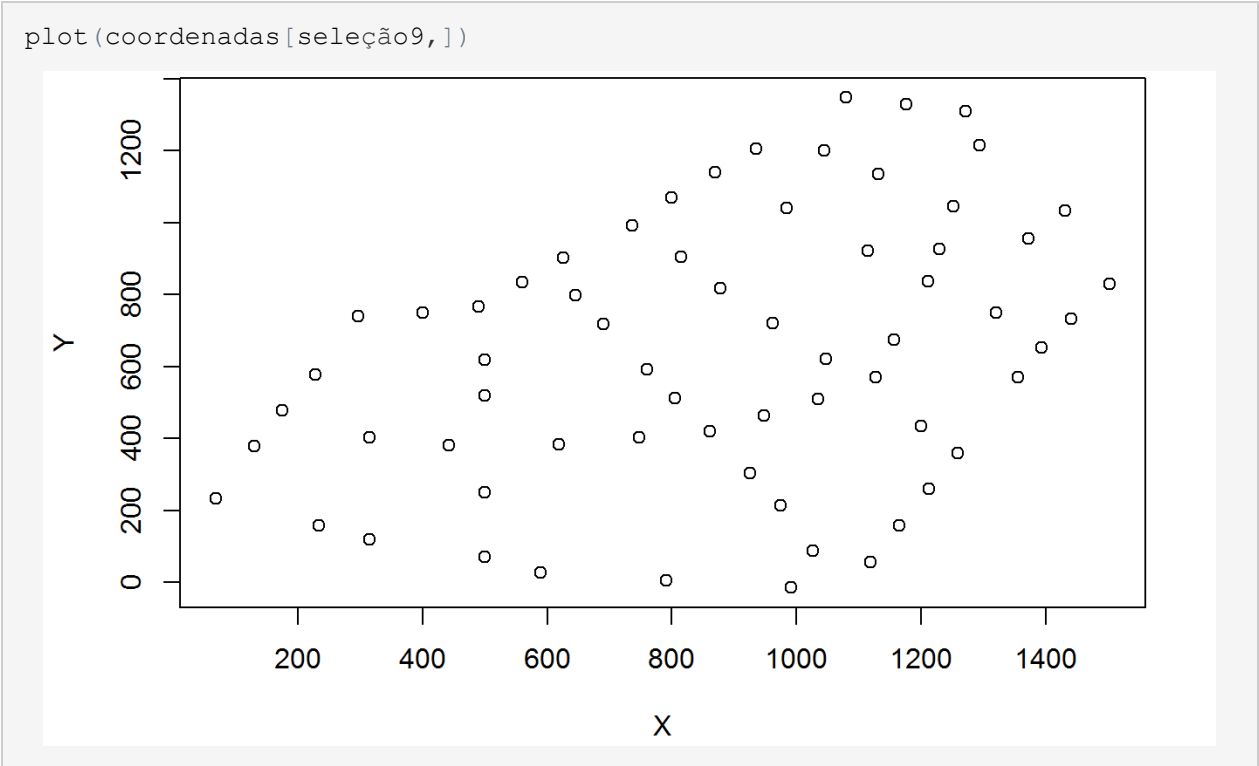
```
plot(coordenadas[seleção7,])
```



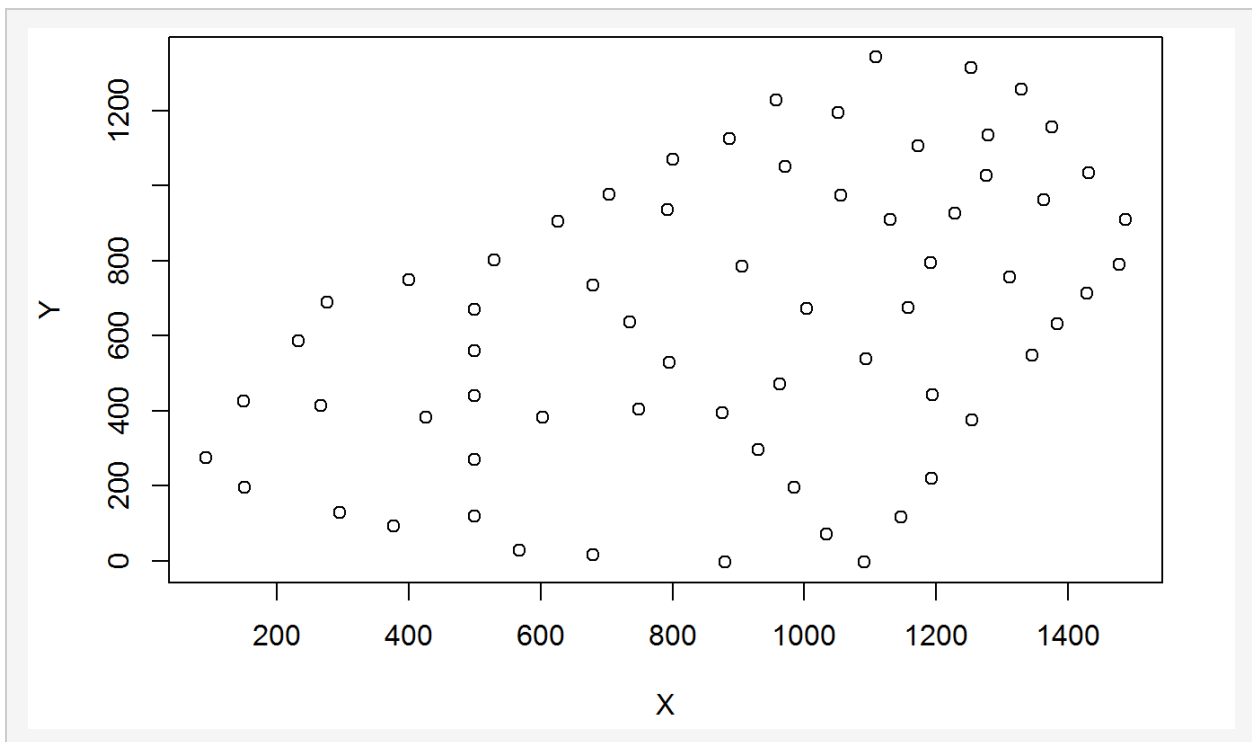
```
plot(coordenadas[seleção8,])
```



```
plot (coordenadas [seleção9, ])
```



```
plot (coordenadas [seleção10, ])
```



Observando os dados da re-amostragem

Vamos observar quais foram as espécies presentes nos nossos processos de re-amostragem:

```
soma1<-sort(colSums(dados.bio.1))
soma2<-sort(colSums(dados.bio.2))
soma3<-sort(colSums(dados.bio.3))
soma4<-sort(colSums(dados.bio.4))
soma5<-sort(colSums(dados.bio.5))
soma6<-sort(colSums(dados.bio.6))
soma7<-sort(colSums(dados.bio.7))
soma8<-sort(colSums(dados.bio.8))
soma9<-sort(colSums(dados.bio.9))
soma10<-sort(colSums(dados.bio.10))
```

Agora é só olhar as espécies:

soma1			
##	Caulerpa.mexicana	Laurencia.papillosa	
##	0.00	0.00	
##	Laurencia.perforata	Agaricia.agaricites	
##	0.00	0.00	

##	Millepora.alcicornis	Millepora.nitida
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.harttii	Mussismilia.hispida
##	0.00	0.00
##	Porites.astreoides	Porites.branneri
##	0.00	0.00
##	Tetraclita.sp	Lytechinus.variegatus
##	0.00	0.00
##	Chondrilla.nucula	Tethya.maza
##	0.00	0.00
##	Stromatolite	Cladocroce.cealum
##	0.00	3.14
##	Ircinia.strobilina	Amphimedon.viridis
##	8.02	8.30
##	Favia.gravida	Cinachyrella.alloclada
##	21.35	73.59
##	Palisada.perforata	Laurencia.dendroidea
##	84.31	86.80
##	Bryopsis.plumosa	Gelidiella.acerosa
##	160.70	248.30
##	Dictyosphaeria.versluysii	Paguridae
##	329.73	354.75
##	Cliona.celata	Siderastrea.stellata
##	362.23	369.23
##	Palythoa.variabilis	Acanthophora.spicifera
##	1023.11	1042.41
##	Halimeda.opuntia	Gelidium.spinosum
##	1098.88	1266.07
##	Padina.gymnospora	Gelidium.pusillum
##	1392.39	1900.42
##	Dictyota.cervicornis	Amphiroa.fragilissima
##	2335.49	2764.69
##	Sargassum.vulgare	Echinometra.lucunter
##	3452.17	4059.67
##	Cladophora.rupestris	Caulerpa.racemosa
##	4946.14	5914.94

##	Zoanthus.sociatus	Palythoa.caribaeorum
##	10734.39	19692.67
soma2		
##	Padina.gymnospora	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Laurencia.dendroidea	Millepora.alcicornis
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.harttii	Mussismilia.hispida
##	0.00	0.00
##	Porites.branneri	Tetraclita.sp
##	0.00	0.00
##	Lytechinus.variegatus	Cladocroce.cealum
##	0.00	0.00
##	Stromatolite	Ircinia.strobilina
##	0.00	5.12
##	Caulerpa.mexicana	Agaricia.agaricites
##	8.91	10.03
##	Tethya.maza	Cinachyrella.alloclada
##	11.74	35.67
##	Favia.gravida	Millepora.nitida
##	60.31	64.25
##	Porites.astreoides	Amphimedon.viridis
##	86.72	97.39
##	Laurencia.perforata	Halimeda.opuntia
##	111.29	122.78
##	Bryopsis.plumosa	Siderastrea.stellata
##	160.70	224.54
##	Palisada.perforata	Cliona.celata
##	303.68	326.11
##	Gelidium.spinosum	Gelidiella.acerosa
##	350.04	362.94
##	Dictyosphaeria.versluysii	Chondrilla.nucula
##	370.59	429.90
##	Amphiroa.fragilissima	Palythoa.variabilis
##	441.45	657.39
##	Paguridae	Acanthophora.spicifera

##	713.27	747.15
##	Dictyota.cervicornis	Gelidium.pusillum
##	1375.66	1377.01
##	Cladophora.rupestris	Echinometra.lucunter
##	3487.36	3566.37
##	Zoanthus.sociatus	Sargassum.vulgare
##	6981.98	9167.57
##	Caulerpa.racemosa	Palythoa.caribaeorum
##	9663.66	19750.55
soma3		
##	Bryopsis.plumosa	Padina.gymnospora
##	0.00	0.00
##	Gelidiella.acerosa	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Laurencia.dendroidea	Agaricia.agaricites
##	0.00	0.00
##	Millepora.alcicornis	Millepora.nitida
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.harttii	Mussismilia.hispida
##	0.00	0.00
##	Porites.astreoides	Porites.branneri
##	0.00	0.00
##	Tetraclita.sp	Lytechinus.variegatus
##	0.00	0.00
##	Amphimedon.viridis	Cliona.celata
##	0.00	0.00
##	Cladocroce.cealum	Stromatolite
##	3.14	4.23
##	Favia.gravida	Cinachyrella.alloclada
##	9.15	22.33
##	Tethya.maza	Ircinia.strobilina
##	25.35	27.54
##	Caulerpa.mexicana	Chondrilla.nucula
##	158.62	215.94
##	Paguridae	Siderastrea.stellata
##	251.90	272.38

##	Dictyosphaeria.versluysii	Acanthophora.spicifera
##	315.44	443.36
##	Palythoa.variabilis	Palisada.perforata
##	553.20	591.77
##	Gelidium.pusillum	Gelidium.spinosum
##	596.35	749.67
##	Laurencia.perforata	Amphiroa.fragilissima
##	790.76	981.29
##	Halimeda.opuntia	Dictyota.cervicornis
##	1432.15	2760.97
##	Cladophora.rupestris	Echinometra.lucunter
##	3851.59	5356.12
##	Caulerpa.racemosa	Sargassum.vulgare
##	6190.98	7320.28
##	Zoanthus.sociatus	Palythoa.caribaeorum
##	7868.34	17472.65
soma4		
##	Bryopsis.plumosa	Padina.gymnospora
##	0.00	0.00
##	Acanthophora.spicifera	Gelidiella.acerosa
##	0.00	0.00
##	Laurencia.papillosa	Laurencia.dendroidea
##	0.00	0.00
##	Agaricia.agaricites	Millepora.alcicornis
##	0.00	0.00
##	Millepora.nitida	Mussismilia.harttii
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.hispida	Porites.branneri
##	0.00	0.00
##	Tetraclita.sp	Lytechinus.variegatus
##	0.00	0.00
##	Cladocroce.cealum	Ircinia.strobilina
##	0.00	0.00
##	Cinachyrella.alloclada	Stromatolite
##	8.60	8.84
##	Tethya.maza	Palisada.perforata

##	10.23	17.85
##	Favia.gravida	Porites.astreoides
##	36.78	43.44
##	Amphimedon.viridis	Caulerpa.mexicana
##	100.81	308.65
##	Palythoa.variabilis	Chondrilla.nucula
##	396.13	416.56
##	Siderastrea.stellata	Laurencia.perforata
##	418.55	464.77
##	Paguridae Dictyosphaeria.versluysii	
##	511.94	528.07
##	Cliona.celata	Gelidium.spinosum
##	897.15	1063.42
##	Amphiroa.fragilissima	Cladophora.rupestris
##	1063.64	1939.88
##	Gelidium.pusillum	Dictyota.cervicornis
##	2154.89	2545.26
##	Halimeda.opuntia	Echinometra.lucunter
##	2944.95	3327.79
##	Sargassum.vulgare	Caulerpa.racemosa
##	5473.44	7303.63
##	Zoanthus.sociatus	Palythoa.caribaeorum
##	7350.81	19902.83
soma5		
##	Bryopsis.plumosa	Padina.gymnospora
##	0.00	0.00
##	Gelidiella.acerosa	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Agaricia.agaricites	Favia.gravida
##	0.00	0.00
##	Millepora.alcicornis	Millepora.nitida
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.harttii	Mussismilia.hispida
##	0.00	0.00
##	Porites.astreoides	Tetraclita.sp
##	0.00	0.00

##	Lytechinus.variegatus	Tethya.maza
##	0.00	0.00
##	Cladocroce.cealum	Stromatolite
##	1.65	3.24
##	Palythoa.variabilis	Porites.branneri
##	14.71	15.06
##	Ircinia.strobilina	Amphimedon.viridis
##	19.52	26.84
##	Palisada.perforata	Cinachyrella.alloclada
##	37.26	47.86
##	Siderastrea.stellata	Dictyosphaeria.versluisii
##	218.29	261.67
##	Paguridae	Halimeda.opuntia
##	389.11	550.47
##	Laurencia.dendroidea	Acanthophora.spicifera
##	644.15	690.07
##	Gelidium.spinosum	Amphiroa.fragilissima
##	698.86	732.76
##	Chondrilla.nucula	Laurencia.perforata
##	949.38	950.70
##	Gelidium.pusillum	Caulerpa.mexicana
##	1059.26	1960.44
##	Cliona.celata	Dictyota.cervicornis
##	2001.60	3012.05
##	Cladophora.rupestris	Echinometra.lucunter
##	3471.38	3938.02
##	Sargassum.vulgare	Zoanthus.sociatus
##	4881.92	6447.34
##	Caulerpa.racemosa	Palythoa.caribaeorum
##	10988.19	15270.69
soma6		
##	Bryopsis.plumosa	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Agaricia.agaricites	Millepora.alcicornis
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.harttii	Mussismilia.hispida

##	0.00	0.00
##	Porites.astreoides	Porites.branneri
##	0.00	0.00
##	Tetraclita.sp	Lytechinus.variegatus
##	0.00	0.00
##	Cinachyrella.alloclada	Cladocroce.cealum
##	0.00	0.00
##	Stromatolite	Tethya.maza
##	0.00	7.59
##	Ircinia.strobilina	Favia.gravida
##	19.52	34.49
##	Palisada.perforata	Acanthophora.spicifera
##	37.26	60.18
##	Millepora.nitida	Amphimedon.viridis
##	161.31	186.71
##	Gelidium.spinosum	Dictyosphaeria.versluysii
##	368.30	383.91
##	Caulerpa.mexicana	Siderastrea.stellata
##	400.13	408.47
##	Chondrilla.nucula	Gelidiella.acerosa
##	409.20	446.94
##	Dictyota.cervicornis	Padina.gymnospora
##	474.28	547.71
##	Laurencia.dendroidea	Laurencia.perforata
##	567.36	611.23
##	Paguridae	Halimeda.opuntia
##	654.34	905.32
##	Palythoa.variabilis	Amphiroa.fragilissima
##	979.49	1301.42
##	Gelidium.pusillum	Cliona.celata
##	1545.93	2812.48
##	Echinometra.lucunter	Cladophora.rupestris
##	3419.98	4844.48
##	Caulerpa.racemosa	Sargassum.vulgare
##	6855.13	9747.10
##	Zoanthus.sociatus	Palythoa.caribaeorum

##	10645.28	15959.96
soma7		
##	Bryopsis.plumosa	Padina.gymnospora
##	0.00	0.00
##	Acanthophora.spicifera	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Laurencia.dendroidea	Agaricia.agaricites
##	0.00	0.00
##	Millepora.alcicornis	Mussismilia.harttii
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.hispida	Tetraclita.sp
##	0.00	0.00
##	Lytechinus.variegatus	Cinachyrella.alloclada
##	0.00	0.00
##	Cladocroce.cealum	Stromatolite
##	0.00	1.28
##	Porites.astreoides	Amphimedon.viridis
##	13.24	19.39
##	Ircinia.strobilina	Favia.gravida
##	19.52	23.63
##	Tethya.maza	Palisada.perforata
##	25.09	86.19
##	Gelidiella.acerosa	Millepora.nitida
##	169.33	190.54
##	Porites.branneri	Chondrilla.nucula
##	192.45	214.65
##	Caulerpa.mexicana	Siderastrea.stellata
##	308.65	390.52
##	Dictyosphaeria.versluysii	Paguridae
##	480.27	498.66
##	Laurencia.perforata	Palythoa.variabilis
##	690.12	745.15
##	Gelidium.spinosum	Halimeda.opuntia
##	1015.12	1403.92
##	Dictyota.cervicornis	Cliona.celata
##	1558.06	2181.60

##	<i>Amphiroa.fragilissima</i>	<i>Echinometra.lucunter</i>
##	2286.31	2327.10
##	<i>Cladophora.rupestris</i>	<i>Gelidium.pusillum</i>
##	2987.02	4085.19
##	<i>Sargassum.vulgare</i>	<i>Zoanthus.sociatus</i>
##	9579.13	9988.37
##	<i>Caulerpa.racemosa</i>	<i>Palythoa.caribaeorum</i>
##	11543.28	17217.15
soma8		
##	<i>Bryopsis.plumosa</i>	<i>Padina.gymnospora</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Gelidiella.acerosa</i>	<i>Laurencia.papillosa</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Agaricia.agaricites</i>	<i>Millepora.alcicornis</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Millepora.nitida</i>	<i>Mussismilia.harttii</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Mussismilia.hispida</i>	<i>Porites.astreoides</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Porites.branneri</i>	<i>Tetraclita.sp</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Lytechinus.variegatus</i>	<i>Cladocroce.cealum</i>
##	0.00	0.00
##	<i>Stromatolite</i>	<i>Favia.gravida</i>
##	1.89	3.46
##	<i>Caulerpa.mexicana</i>	<i>Ircinia.strobilina</i>
##	10.99	11.73
##	<i>Tethya.maza</i>	<i>Cinachyrella.alloclada</i>
##	18.16	23.08
##	<i>Palisada.perforata</i>	<i>Amphimedon.viridis</i>
##	28.97	47.13
##	<i>Paguridae</i>	<i>Chondrilla.nucula</i>
##	116.42	235.21
##	<i>Acanthophora.spicifera</i>	<i>Gelidium.spinosum</i>
##	319.49	627.28
##	<i>Siderastrea.stellata</i>	<i>Dictyosphaeria.versluysii</i>

##	680.59	718.98
##	Laurencia.perforata	Palythoa.variabilis
##	787.43	811.19
##	Laurencia.dendroidea	Gelidium.pusillum
##	952.72	1113.05
##	Cliona.celata	Amphiroa.fragilissima
##	1453.13	2203.49
##	Dictyota.cervicornis	Echinometra.lucunter
##	2344.57	2490.04
##	Halimeda.opuntia	Cladophora.rupestris
##	2623.32	2858.19
##	Caulerpa.racemosa	Sargassum.vulgare
##	8978.60	9550.70
##	Zoanthus.sociatus	Palythoa.caribaeorum
##	11418.68	15809.91
soma9		
##	Bryopsis.plumosa	Caulerpa.mexicana
##	0.00	0.00
##	Padina.gymnospora	Gelidiella.acerosa
##	0.00	0.00
##	Laurencia.papillosa	Laurencia.perforata
##	0.00	0.00
##	Agaricia.agaricites	Millepora.alcicornis
##	0.00	0.00
##	Millepora.nitida	Mussismilia.harttii
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.hispida	Tetraclita.sp
##	0.00	0.00
##	Lytechinus.variegatus	Amphimedon.viridis
##	0.00	0.00
##	Cladocroce.cealum	Stromatolite
##	0.00	0.00
##	Tethya.maza	Porites.branneri
##	6.56	15.06
##	Favia.gravida	Ircinia.strobilina
##	18.03	24.64

##	Cinachyrella.alloclada	Porites.astreoides
##	37.25	60.29
##	Acanthophora.spicifera	Laurencia.dendroidea
##	154.47	185.75
##	Palisada.perforata	Cliona.celata
##	339.22	344.64
##	Chondrilla.nucula	Dictyosphaeria.versluysii
##	380.45	383.72
##	Siderastrea.stellata	Palythoa.variabilis
##	395.25	618.79
##	Paguridae	Gelidium.spinosum
##	619.83	759.84
##	Cladophora.rupestris	Gelidium.pusillum
##	1138.40	1204.87
##	Amphiroa.fragilissima	Dictyota.cervicornis
##	1260.47	2155.50
##	Halimeda.opuntia	Echinometra.lucunter
##	2400.89	3804.59
##	Zoanthus.sociatus	Caulerpa.racemosa
##	6667.02	7132.62
##	Sargassum.vulgare	Palythoa.caribaeorum
##	8639.98	12476.89
soma10		
##	Bryopsis.plumosa	Caulerpa.mexicana
##	0.00	0.00
##	Gelidiella.acerosa	Laurencia.papillosa
##	0.00	0.00
##	Agaricia.agaricites	Millepora.alcicornis
##	0.00	0.00
##	Millepora.nitida	Mussismilia.harttii
##	0.00	0.00
##	Mussismilia.hispida	Porites.astreoides
##	0.00	0.00
##	Porites.branneri	Tetraclita.sp
##	0.00	0.00
##	Lytechinus.variegatus	Cladocroce.cealum

##	0.00	0.00
##	Tethya.maza	Stromatolite
##	0.00	5.02
##	Cinachyrella.alloclada	Ircinia.strobilina
##	6.93	19.52
##	Favia.gravida	Amphimedon.viridis
##	65.21	90.99
##	Palisada.perforata	Palythoa.variabilis
##	166.66	224.90
##	Siderastrea.stellata	Dictyosphaeria.versluysii
##	235.46	253.83
##	Chondrilla.nucula	Padina.gymnospora
##	269.30	547.71
##	Acanthophora.spicifera	Cliona.celata
##	575.04	664.53
##	Paguridae	Laurencia.perforata
##	730.11	762.87
##	Gelidium.spinosum	Amphiroa.fragilissima
##	893.87	945.35
##	Echinometra.lucunter	Gelidium.pusillum
##	1973.85	2051.85
##	Dictyota.cervicornis	Laurencia.dendroidea
##	2146.50	2197.33
##	Halimeda.opuntia	Cladophora.rupestris
##	2298.35	3239.95
##	Zoanthus.sociatus	Caulerpa.racemosa
##	8735.14	9368.54
##	Sargassum.vulgare	Palythoa.caribaeorum
##	10932.40	15047.54

Re-amostragem usando transectos como amostras

Agora partiremos para mais uma abordagem. A proposta aqui é usar os transectos amostrados neste estudo e simplificá-los, tomando unidades amostrais ao longo de cada um deles em distâncias fixas (primeiro de 50 em 50, depois de 100 em 100 metros). Finalmente, após este processo, iremos tratar cada transecto como uma única unidade amostral, e tentar observar quantos transectos seriam necessários para um conhecimento adequado da riqueza local.

Desta forma, iremos verificar a eficiência de outro tipo de desenho experimental, no qual cada transecto é tratado como uma unidade amostral, o que pode ajudar a amostrar mais ambientes (em recifes heterogêneos) e evitar os problemas de autocorrelação, uma vez que cada transecto pode estar disposto a uma distância maior que os demais (e ter sua sub-amostras somadas para que o transecto inteiro seja considerado como uma única unidade de análise).

Re-amostrando de 50 em 50 metros dentro dos transectos

Vamos então começar com uma re-amostragem a cada 50 metros.

Primeiro, separando os dados por transecto:

```
library(dplyr)

## Attaching package: 'dplyr'
## The following objects are masked from 'package:stats':
##   filter, lag
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##   intersect, setdiff, setequal, union

#Separando os dados por transecto:
dados.T1<-subset(dados, dados$Transect=="T1")
dados.T2<-subset(dados, dados$Transect=="T2")
dados.T3<-subset(dados, dados$Transect=="T3")
dados.T4<-subset(dados, dados$Transect=="T4")
dados.T5<-subset(dados, dados$Transect=="T5")
dados.T6<-subset(dados, dados$Transect=="T6")
dados.T7<-subset(dados, dados$Transect=="T7")
dados.TA<-subset(dados, dados$Transect=="TA")
dados.TB<-subset(dados, dados$Transect=="TB")
dados.TC<-subset(dados, dados$Transect=="TC")

#Criando os objetos com os dados das comunidades por transecto:
dados.bio.T1<-dados.T1[,5:44]
dados.bio.T2<-dados.T2[,5:44]
dados.bio.T3<-dados.T3[,5:44]
dados.bio.T4<-dados.T4[,5:44]
dados.bio.T5<-dados.T5[,5:44]
dados.bio.T6<-dados.T6[,5:44]
dados.bio.T7<-dados.T7[,5:44]
dados.bio.TA<-dados.TA[,5:44]
dados.bio.TB<-dados.TB[,5:44]
```

```
dados.bio.TC<-dados.TC[,5:44]
```

Para cada transecto vamos criar uma nova variável, agrupando os pontos em “classes”. Repetiremos isso para cada transecto, começando com de 5 em 5 (como a distância entre as unidades originais era de 10 metros, isto nos dará distâncias de 50 metros). Se “sobrarem” pontos, vamos fazer transectos com 4 ou 3 pontos, ou com 6 ou 7 se sobrarem apenas 1 ou 2.

```
classes.5.T1<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,4))
classes.5.T1<-as.factor(classes.5.T1)
dados.bio.T1<-cbind(classes.5.T1, dados.bio.T1)

classes.5.T2<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,6))
classes.5.T2<-as.factor(classes.5.T2)
dados.bio.T2<-cbind(classes.5.T2, dados.bio.T2)

classes.5.T3<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,5), rep(16,5), rep(17,5), rep(18,5), rep(19,5), rep(20,5),
rep(21,4))
classes.5.T3<-as.factor(classes.5.T3)
dados.bio.T3<-cbind(classes.5.T3, dados.bio.T3)

classes.5.T4<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,5), rep(16,5), rep(17,7))
classes.5.T4<-as.factor(classes.5.T4)
dados.bio.T4<-cbind(classes.5.T4, dados.bio.T4)

classes.5.T5<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,3))
classes.5.T5<-as.factor(classes.5.T5)
dados.bio.T5<-cbind(classes.5.T5, dados.bio.T5)

classes.5.T6<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,3))
classes.5.T6<-as.factor(classes.5.T6)
dados.bio.T6<-cbind(classes.5.T6, dados.bio.T6)

classes.5.T7<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,6))
classes.5.T7<-as.factor(classes.5.T7)
dados.bio.T7<-cbind(classes.5.T7, dados.bio.T7)

classes.5.TA<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,7))
classes.5.TA<-as.factor(classes.5.TA)
dados.bio.TA<-cbind(classes.5.TA, dados.bio.TA)
```

```

classes.5.TB<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,5), rep(16,5), rep(17,5), rep(18,5), rep(19,5), rep(20,5),
rep(21,5), rep(22,4))

classes.5.TB<-as.factor(classes.5.TB)

dados.bio.TB<-cbind(classes.5.TB, dados.bio.TB)

classes.5.TC<-c(rep(1,5), rep(2,5), rep(3,5), rep(4,5), rep(5,5), rep(6,5),
rep(7,5), rep(8,5), rep(9,5), rep(10,5), rep(11,5), rep(12,5), rep(13,5), r
ep(14,5), rep(15,5), rep(16,5), rep(17,5), rep(18,5), rep(19,5), rep(20,5),
rep(21,5), rep(22,5), rep(23,3))

classes.5.TC<-as.factor(classes.5.TC)

dados.bio.TC<-cbind(classes.5.TC, dados.bio.TC)

```

Vamos agora agrupar tudo por transecto:

```

dados.5.T1<-summarise_each(group_by(dados.bio.T1, classes.5.T1), funs(sum))
dados.5.T2<-summarise_each(group_by(dados.bio.T2, classes.5.T2), funs(sum))
dados.5.T3<-summarise_each(group_by(dados.bio.T3, classes.5.T3), funs(sum))
dados.5.T4<-summarise_each(group_by(dados.bio.T4, classes.5.T4), funs(sum))
dados.5.T5<-summarise_each(group_by(dados.bio.T5, classes.5.T5), funs(sum))
dados.5.T6<-summarise_each(group_by(dados.bio.T6, classes.5.T6), funs(sum))
dados.5.T7<-summarise_each(group_by(dados.bio.T7, classes.5.T7), funs(sum))
dados.5.TA<-summarise_each(group_by(dados.bio.TA, classes.5.TA), funs(sum))
dados.5.TB<-summarise_each(group_by(dados.bio.TB, classes.5.TB), funs(sum))
dados.5.TC<-summarise_each(group_by(dados.bio.TC, classes.5.TC), funs(sum))

```

Antes de prosseguir, vamos eliminar a primeira coluna, que contem apenas as classes, que agora não servem para mais nada...

```

#Jogando fora a coluna 1:
dados.5.T1<-dados.5.T1[, -1]
dados.5.T2<-dados.5.T2[, -1]
dados.5.T3<-dados.5.T3[, -1]
dados.5.T4<-dados.5.T4[, -1]
dados.5.T5<-dados.5.T5[, -1]
dados.5.T6<-dados.5.T6[, -1]
dados.5.T7<-dados.5.T7[, -1]
dados.5.TA<-dados.5.TA[, -1]
dados.5.TB<-dados.5.TB[, -1]
dados.5.TC<-dados.5.TC[, -1]

```

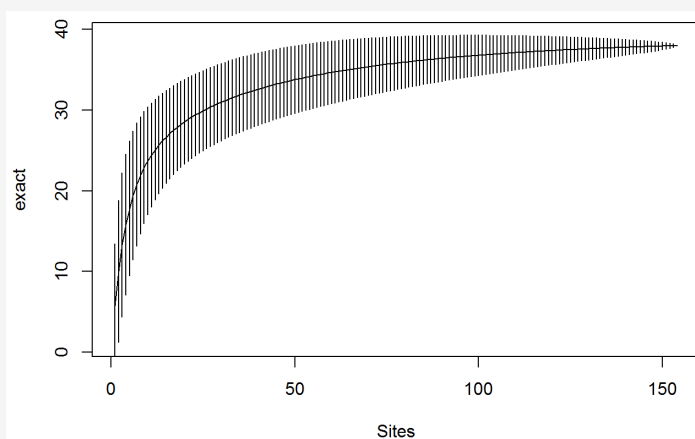
Agora vamos unificar tudo em um único conjunto de dados, no qual cada linha é um dos novos transectos com dados coletados de 50 em 50 metros:

```
dados.5<-rbind(dados.5.T1, dados.5.T2, dados.5.T3, dados.5.T4, dados.5.T5,
dados.5.T6, dados.5.T7, dados.5.TA, dados.5.TB, dados.5.TC)
```

E podemos verificar como estes transectos funcionariam na prática usando uma curva de acúmulo por rarefação:

```
rarefação.5<-specaccum(dados.5)
```

```
plot(rarefação.5)
```



Olhando os números:

```
rarefação.5
```

```
## Species Accumulation Curve
## Accumulation method: exact
## Call: specaccum(comm = dados.5)
##
## Sites      1.00000  2.00000  3.00000  4.00000  5.00000  6.00000  7.00000
## Richness  5.74675 10.01732 13.26757 15.79810 17.81071 19.44343 20.79236
## sd        3.83687  4.40255  4.46770  4.35539  4.18030  3.99008  3.80536
##
## Sites      8.00000  9.00000 10.00000 11.00000 12.00000 13.00000 14.00000
## Richness  21.92557 22.89214 23.72798 24.45978 25.10766 25.68699 26.20966
## sd        3.63474  3.48117  3.34490  3.22499  3.11993  3.02808  2.94781
##
## Sites     15.00000 16.00000 17.00000 18.00000 19.00000 20.00000 21.00000
## Richness  26.68498 27.12031 27.52153 27.89340 28.23979 28.56389 28.86833
## sd        2.87761  2.81610  2.76204  2.71437  2.67215  2.63456  2.60091
##
```

```

## Sites      22.00000 23.00000 24.00000 25.00000 26.00000 27.00000 28.00000
## Richness 29.15532 29.42672 29.68409 29.92879 30.16195 30.38458 30.59755
## sd        2.57060  2.54312  2.51801  2.49491  2.47349  2.45348  2.43464
##
## Sites      29.00000 30.00000 31.00000 32.00000 33.00000 34.00000 35.00000
## Richness 30.80161 30.99743 31.18560 31.36664 31.54103 31.70917 31.87146
## sd        2.41677  2.39970  2.38329  2.36741  2.35195  2.33683  2.32198
##
## Sites      36.00000 37.00000 38.00000 39.00000 40.00000 41.00000 42.00000
## Richness 32.02823 32.1798  32.32644 32.46842 32.60598 32.73933 32.86868
## sd        2.30732  2.2928  2.27837  2.26400  2.24965  2.23530  2.22091
##
## Sites      43.00000 44.00000 45.00000 46.00000 47.00000 48.00000 49.00000
## Richness 32.99422 33.11612 33.23455 33.34965 33.46157 33.57044 33.67638
## sd        2.20648  2.19199  2.17742  2.16277  2.14802  2.13317  2.11821
##
## Sites      50.00000 51.00000 52.00000 53.00000 54.00000 55.00000 56.00000
## Richness 33.77951 33.87995 33.97780 34.07315 34.16610 34.25673 34.34514
## sd        2.10315  2.08797  2.07268  2.05728  2.04177  2.02614  2.01041
##
## Sites      57.00000 58.00000 59.00000 60.00000 61.00000 62.00000 63.00000
## Richness 34.43139 34.51557 34.59774 34.67797 34.75633 34.83288 34.90768
## sd        1.99457  1.97861  1.96256  1.94640  1.93015  1.91380  1.89735
##
## Sites      64.00000 65.00000 66.00000 67.00000 68.00000 69.00000 70.00000
## Richness 34.98078 35.05224 35.12211 35.19043 35.25726 35.32263 35.38660
## sd        1.88082  1.86420  1.84749  1.83071  1.81385  1.79691  1.77991
##
## Sites      71.00000 72.00000 73.00000 74.00000 75.00000 76.00000 77.00000
## Richness 35.44920 35.51047 35.57045 35.62917 35.68668 35.74300 35.79816
## sd        1.76283  1.74570  1.72850  1.71124  1.69392  1.67656  1.65914
##
## Sites      78.00000 79.00000 80.00000 81.00000 82.00000 83.00000 84.00000
## Richness 35.85219 35.90514 35.95701 36.00785 36.05768 36.10651 36.15439
## sd        1.64167  1.62416  1.60661  1.58901  1.57138  1.55371  1.53601
##

```

```

## Sites      85.00000 86.00000 87.00000 88.00000 89.00000 90.00000 91.00000
## Richness 36.20132 36.24734 36.29247 36.33672 36.38012 36.42268 36.46443
## sd        1.51827  1.50050  1.48271  1.46488  1.44703  1.42916  1.41126
##
## Sites      92.00000 93.00000 94.00000 95.00000 96.00000 97.00000 98.00000
## Richness 36.50539 36.54557 36.58498 36.62366 36.66161 36.69884 36.73538
## sd        1.39335  1.37541  1.35745  1.33947  1.32148  1.30347  1.28544
##
## Sites      99.00000 100.00000 101.00000 102.00000 103.00000 104.00000
## Richness 36.77124 36.80643 36.84097 36.87487 36.90815 36.94081
## sd        1.26739  1.24933  1.23126  1.21317  1.19506  1.17694
##
## Sites      105.00000 106.00000 107.00000 108.00000 109.00000 110.00000
## Richness 36.97287 37.00434 37.03524 37.06557 37.09534 37.12457
## sd        1.15881  1.14066  1.12249  1.10430  1.08610  1.06788
##
## Sites      111.00000 112.00000 113.00000 114.00000 115.00000 116.00000
## Richness 37.15327 37.18145 37.20912 37.23628 37.26296 37.28914
## sd        1.04964  1.03137  1.01308  0.99477  0.97643  0.95806
##
## Sites      117.00000 118.00000 119.00000 120.00000 121.00000 122.00000
## Richness 37.31486 37.34011 37.36490 37.38925 37.41315 37.43663
## sd        0.93966  0.92122  0.90274  0.88423  0.86566  0.84704
##
## Sites      123.00000 124.00000 125.00000 126.00000 127.00000 128.00000
## Richness 37.45968 37.48232 37.50455 37.52638 37.54781 37.56886
## sd        0.82837  0.80964  0.79084  0.77196  0.75300  0.73395
##
## Sites      129.00000 130.00000 131.00000 132.00000 133.00000 134.00000
## Richness 37.58953 37.60982 37.62975 37.64932 37.66854 37.68741
## sd        0.71480  0.69554  0.67616  0.65664  0.63696  0.61712
##
## Sites      135.00000 136.00000 137.00000 138.00000 139.00000 140.00000
## Richness 37.70594 37.72413 37.74199 37.75953 37.77675 37.79366
## sd        0.59709  0.57685  0.55637  0.53563  0.51458  0.49319
##

```

```
## Sites      141.00000 142.00000 143.00000 144.00000 145.00000 146.00000
## Richness   37.81025  37.82655  37.84254  37.85824  37.87365  37.88878
## sd         0.47141   0.44917   0.42641   0.40304   0.37893   0.35396
##
## Sites      147.00000 148.00000 149.00000 150.00000 151.00000 152.00000
## Richness   37.90362  37.91819  37.93248  37.94651  37.96027  37.97377
## sd         0.32791   0.30052   0.27139   0.23992   0.20507   0.16459
##
## Sites      153.00000 154
## Richness   37.98701  38
## sd         0.11322   0
```

Re-amostragem de 100 em 100

Agora vamos refazer o mesmo processo, mas de 100 em 100 metros (ou seja, coletando as unidades originais de 10 em 10).

Bora fazer com 10 em 10, bora? Vou tentar re-aproveitar tudo, acho que sai fácil.

Primeiro, repetindo este pedaço aqui:

```
dados.bio.T1<-dados.T1[,5:44]
dados.bio.T2<-dados.T2[,5:44]
dados.bio.T3<-dados.T3[,5:44]
dados.bio.T4<-dados.T4[,5:44]
dados.bio.T5<-dados.T5[,5:44]
dados.bio.T6<-dados.T6[,5:44]
dados.bio.T7<-dados.T7[,5:44]
dados.bio.TA<-dados.TA[,5:44]
dados.bio.TB<-dados.TB[,5:44]
dados.bio.TC<-dados.TC[,5:44]
```

Agora refazendo de 10 em 10 unidades:

```
classes.10.T1<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep(6,9))
classes.10.T1<-as.factor(classes.10.T1)
dados.bio.T1<-cbind(classes.10.T1, dados.bio.T1)
classes.10.T2<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep(6,10), rep(7,10), rep(8,6))
classes.10.T2<-as.factor(classes.10.T2)
```

```

dados.bio.T2<-cbind(classes.10.T2, dados.bio.T2)

classes.10.T3<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,10), rep(8,10), rep(9,10), rep(10,14))

classes.10.T3<-as.factor(classes.10.T3)

dados.bio.T3<-cbind(classes.10.T3, dados.bio.T3)

classes.10.T4<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,10), rep(8,10), rep(9,7))

classes.10.T4<-as.factor(classes.10.T4)

dados.bio.T4<-cbind(classes.10.T4, dados.bio.T4)

classes.10.T5<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,13))

classes.10.T5<-as.factor(classes.10.T5)

dados.bio.T5<-cbind(classes.10.T5, dados.bio.T5)

classes.10.T6<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,8))

classes.10.T6<-as.factor(classes.10.T6)

dados.bio.T6<-cbind(classes.10.T6, dados.bio.T6)

classes.10.T7<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,6))

classes.10.T7<-as.factor(classes.10.T7)

dados.bio.T7<-cbind(classes.10.T7, dados.bio.T7)

classes.10.TA<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,12))

classes.10.TA<-as.factor(classes.10.TA)

dados.bio.TA<-cbind(classes.10.TA, dados.bio.TA)

classes.10.TB<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,10), rep(8,10), rep(9,10), rep(10,10), rep(11,9))

classes.10.TB<-as.factor(classes.10.TB)

dados.bio.TB<-cbind(classes.10.TB, dados.bio.TB)

classes.10.TC<-c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10), rep(4,10), rep(5,10), rep
(6,10), rep(7,10), rep(8,10), rep(9,10), rep(10,10), rep(11,13))

classes.10.TC<-as.factor(classes.10.TC)

dados.bio.TC<-cbind(classes.10.TC, dados.bio.TC)

##

dados.10.T1<-summarise_each(group_by(dados.bio.T1, classes.10.T1), funs(sum
))

dados.10.T2<-summarise_each(group_by(dados.bio.T2, classes.10.T2), funs(sum
))

dados.10.T3<-summarise_each(group_by(dados.bio.T3, classes.10.T3), funs(sum
))

dados.10.T4<-summarise_each(group_by(dados.bio.T4, classes.10.T4), funs(sum
))

```



```

dados.10.T5<-summarise_each(group_by(dados.bio.T5, classes.10.T5), funs(sum
))
dados.10.T6<-summarise_each(group_by(dados.bio.T6, classes.10.T6), funs(sum
))
dados.10.T7<-summarise_each(group_by(dados.bio.T7, classes.10.T7), funs(sum
))
dados.10.TA<-summarise_each(group_by(dados.bio.TA, classes.10.TA), funs(sum
))
dados.10.TB<-summarise_each(group_by(dados.bio.TB, classes.10.TB), funs(sum
))
dados.10.TC<-summarise_each(group_by(dados.bio.TC, classes.10.TC), funs(sum
))
##
dados.10.T1<-dados.10.T1[, -1]
dados.10.T2<-dados.10.T2[, -1]
dados.10.T3<-dados.10.T3[, -1]
dados.10.T4<-dados.10.T4[, -1]
dados.10.T5<-dados.10.T5[, -1]
dados.10.T6<-dados.10.T6[, -1]
dados.10.T7<-dados.10.T7[, -1]
dados.10.TA<-dados.10.TA[, -1]
dados.10.TB<-dados.10.TB[, -1]
dados.10.TC<-dados.10.TC[, -1]

dados.10<-rbind(dados.10.T1, dados.10.T2, dados.10.T3, dados.10.T4, dados.1
0.T5, dados.10.T6, dados.10.T7, dados.10.TA, dados.10.TB, dados.10.TC)

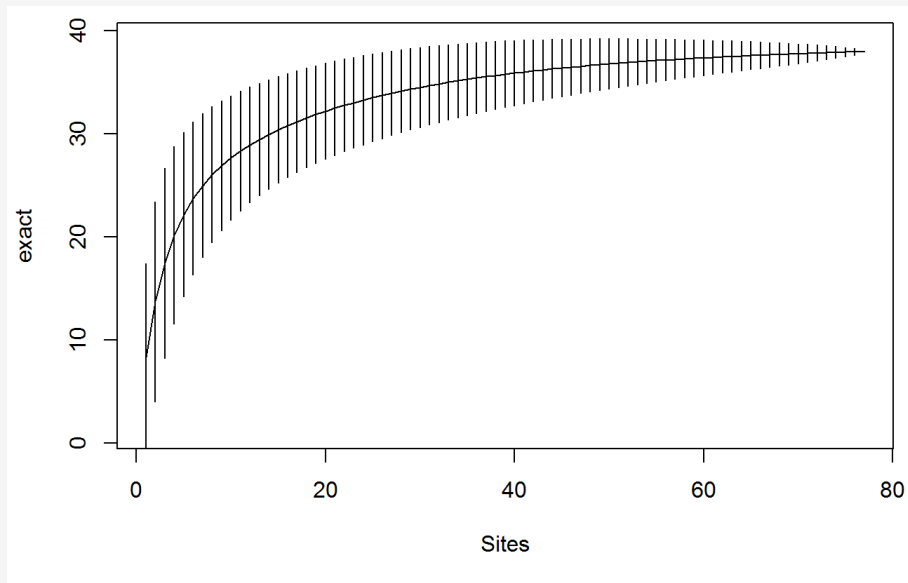
```

Prontinho, vamos partir de novo para a curva de acúmulo:

```

rarefação.10<-specaccum(dados.10)
plot(rarefação.10)

```



E olhando os números

```
rarefação.10
```

```
## Species Accumulation Curve
```

```
## Accumulation method: exact
```

```
## Call: specaccum(comm = dados.10)
```

```
##
```

```
## Sites      1.00000  2.00000  3.00000  4.00000  5.00000  6.00000  7.00000
```

```
## Richness  8.27273 13.71087 17.45709 20.15441 22.17654 23.74820 25.00925
```

```
## sd        4.56593  4.83631  4.61731  4.30026  3.99176  3.72093  3.49206
```

```
##
```

```
## Sites      8.00000  9.00000 10.00000 11.00000 12.00000 13.00000 14.00000
```

```
## Richness 26.04956 26.92861 27.68677 28.35212 28.94454 29.47841 29.96428
```

```
## sd        3.30134  3.14280  3.01040  2.89887  2.80377  2.72155  2.64939
```

```
##
```

```
## Sites     15.00000 16.00000 17.00000 18.00000 19.00000 20.00000 21.00000
```

```
## Richness 30.41006 30.82175 31.20398 31.56041 31.89396 32.20699 32.50148
```

```
## sd        2.58507  2.52686  2.47341  2.42369  2.37687  2.33232  2.28955
```

```
##
```

```
## Sites     22.00000 23.00000 24.00000 25.00000 26.00000 27.00000 28.00000
```

```
## Richness 32.77905 33.04112 33.28890 33.52344 33.74569 33.95646 34.15653
```

```
## sd        2.24816  2.20786  2.16841  2.12962  2.09136  2.05349  2.01595
```

```
##
```

```

## Sites      29.00000 30.00000 31.00000 32.00000 33.00000 34.00000 35.00000
## Richness 34.34656 34.52718 34.69896 34.86243 35.01807 35.16633 35.30763
## sd         1.97866  1.94157  1.90464  1.86784  1.83116  1.79456  1.75805
##
## Sites      36.00000 37.00000 38.00000 39.00000 40.00000 41.00000 42.00000
## Richness 35.44237 35.57091 35.69358 35.81073 35.92263 36.02958 36.13183
## sd         1.72161  1.68524  1.64894  1.61270  1.57652  1.54040  1.50435
##
## Sites      43.00000 44.00000 45.00000 46.00000 47.00000 48.00000 49.00000
## Richness 36.22965 36.32325 36.41287 36.49871 36.58097 36.65982 36.73544
## sd         1.46835  1.43242  1.39655  1.36073  1.32496  1.28925  1.25358
##
## Sites      50.00000 51.00000 52.00000 53.00000 54.00000 55.00000 56.00000
## Richness 36.80799 36.87763 36.94450 37.00873 37.07046 37.12979 37.18685
## sd         1.21795  1.18236  1.14678  1.11123  1.07567  1.04011  1.00452
##
## Sites      57.00000 58.00000 59.00000 60.00000 61.00000 62.00000 63.00000
## Richness 37.24174 37.29456 37.34540 37.39435 37.44149 37.48690 37.53065
## sd         0.96888  0.93317  0.89737  0.86145  0.82536  0.78907  0.75252
##
## Sites      64.00000 65.00000 66.00000 67.00000 68.00000 69.00000 70.00000
## Richness 37.57281 37.61344 37.65260 37.69035 37.72673 37.76181 37.79561
## sd         0.71565  0.67839  0.64064  0.60228  0.56316  0.52308  0.48179
##
## Sites      71.00000 72.00000 73.00000 74.00000 75.00000 76.00000 77
## Richness 37.82820 37.85959 37.88984 37.91897 37.94703 37.97403 38
## sd         0.43891  0.39391  0.34595  0.29360  0.23342  0.15906  0

```