

Aplicação da partição aditiva da diversidade em zooplâncton como indicadores biológicos em riachos de Floresta Atlântica (Brasil)

Subtitle 1 Subtitle 2

Ellen Gomes da Silva Mayara Mirelly da Silva Monteiro
Marcela Vitória Bernardo da Silva
Ludmilla Cavalcanti Antunes Lucena Thais Xavier de Melo
Elvio Sergio Figueredo Medeiros

2026-03-28

Abstract

Table of contents

1 Introduction	3
1.1 Objective	5
1.2 Material and Methods	5
2 Results	11
2.1 Environmental variables	11
2.2 Community structure	21
2.3 Partitioning of diversity	29
2.4 Additive partition	34
2.5 Multiplicative partition	53
3 Discussion	57
Conclusions	62
Acknowledgements	62
Authorship contribution statement	62

Ethical approval	63
References	63
Figures and Tables	72
Figures	72
Tables	72
Apendices	84
Non-used figures and tables	84

List of Figures

1	Mapa da área de influência da REBIO Guaribas localizada no município de Mamanguape.	72
2	Biplot da Análise de Componentes Principais (PCA) das unidades amostrais (UAs) e das variáveis ambientais nos riachos Barro Branco e Caiana durante o período seco. Os pontos representam as UAs, enquanto os vetores indicam as variáveis ambientais associadas à estrutura do habitat.	73
3	Biplot da Análise de Componentes Principais (PCA) das unidades amostrais (UAs) e das variáveis ambientais nos riachos Barro Branco e Caiana durante o período chuvoso. Os pontos representam as UAs, enquanto os vetores indicam as variáveis ambientais associadas à estrutura do habitat.	74
4	Diagrama de Venn indicando o número de espécies compartilhadas e exclusivas representadas a partir dos componentes de diversidade alfa () dos riachos Barro Branco (B) e Caiana (C) da REBIO Guaribas no período seco (S).	75
5	Diagrama de Venn indicando o número de espécies compartilhadas e exclusivas representadas a partir dos componentes de diversidade alfa () dos riachos Barro Branco (B) e Caiana (C) da REBIO Guaribas no período chuvoso (C).	76
6	Diversidade observada e esperada do período seco, dividida em componentes alfa e três/dois betas, expressa em porcentagem da riqueza total em (A) ambos os riachos; (B) Barro Branco; e (C) Caiana. Alpha.1 = unidade de amostragem, beta.2 = variação entre habitats; beta.2 = variação entre pontos; beta.3 = variação entre riachos.	77
7	78
8	79
9	Diversidade observada e esperada do período chuvoso, dividida em componentes alfa e três/dois betas, expressa em porcentagem da riqueza total em (A) ambos os riachos; (B) Barro Branco; e (C) Caiana. Alpha.1 = unidade de amostragem, beta.2 = variação entre habitats; beta.2 = variação entre pontos; beta.3 = variação entre riachos.	80

10	81
11	82
12	Etapas do desenvolvimento da pesquisa científica.	83

List of Tables

1 Introduction

A Floresta Atlântica, reconhecida por sua alta riqueza de espécies e alto grau de endemismo (Branco et al., 2021; É. O. Lima, 2023; Tabarelli et al., 2012; Taboada et al., 2022), é uma das florestas tropicais mais ameaçadas mundialmente em decorrência de ações antrópicas, que impactam negativamente a biodiversidade (Myers et al., 2000; Safar et al., 2020; Vancine et al., 2024). Embora ocupe cerca de 1,4% da superfície terrestre, este bioma abriga mais de 60% das espécies conhecidas, evidenciando sua relevância ecológica (Fonseca, 1985; Pôrto et al., 2005). No entanto, estima-se que a Floresta Atlântica tenha perdido cerca de 70% de seu habitat original em decorrência do desmatamento e da expansão das atividades humanas (Branco et al., 2021; Maxwell & Dean, 1995; Myers et al., 2000; Tabarelli et al., 2012).

A perda de habitat decorrente do desmatamento está diretamente associada ao processo de fragmentação florestal, resultando na formação de remanescentes isolados e na limitação da dispersão de espécies presentes neste ecossistema (Tabarelli et al., 2010; Zaú, 1998), interferindo negativamente na manutenção da biodiversidade (Souza et al., 2025).

Neste contexto, a fragmentação e o manejo florestal têm um impacto significativo na fauna de riachos dentro da Floresta Atlântica, uma vez que os organismos aquáticos são extremamente sensíveis às mudanças nas condições naturais da água causadas por atividades antrópicas (Gouveia et al., 2017). De acordo com Maltchik & Medeiros (2006), processos em escala de paisagem, como perturbação, fragmentação, dispersão e estrutura de mosaicos, influenciam diretamente as populações locais nos riachos. Dessa forma, é necessário compreender e preservar os processos ecológicos que indiquem a saúde ecológica destes corpos d'água e como a diversidade se mantém em uma escala local e regional.

Neste sentido, as comunidades aquáticas têm sido amplamente utilizadas como ferramentas para avaliar o estado ecológico de riachos, uma vez que estes respondem rapidamente às alterações ambientais. Dentre esses organismos, o zooplâncton se destaca por seu papel fundamental na transferência de energia entre os níveis tróficos e na ciclagem de nutrientes (Bonecker, 2012; Cardoso et al., 2009; ESTEVES, 2011).

Segundo Keppeler & Hardy (2004), as diferentes formas de ocupação de nichos nos ecossistemas de águas continentais são influenciadas pela interação de parâmetros físicos, químicos e biológicos, como variações sazonais, os quais podem interferir na composição de espécies e nos grupos zooplanctônicos. O zooplâncton é constituído por organismos de tamanhos e formas

variáveis, com ciclos de vida e papéis funcionais distintos. Diversos estudos demonstram que este organismo é sensível às variações ambientais, como características físicas e químicas do ambiente, que podem refletir na composição de espécies e na substituição de táxons (Freiry et al., 2020; Melo & Medeiros, 2013), tornando-os, portanto, importantes bioindicadores ecológicos.

Em ecossistemas lóticos, a sazonalidade climática exerce um papel fundamental na composição das comunidades aquáticas, especialmente devido aos períodos seco e chuvoso. Essas variações hidrológicas influenciam diretamente as condições físicas e químicas dos corpos d'água, impactando na disponibilidade de recursos e micro-habitats e, conseqüentemente, a composição e a dinâmica das comunidades (ESTEVES, 2011; Junk et al., 1989; Souza et al., 2025; Ward, 1998).

Durante o período seco, há maior incidência de luz solar e aumento da temperatura, contudo, há menor variação espacial, favorecendo a permanência de populações locais. Em contraste, o período chuvoso é caracterizado pelo aumento da vazão, intensificando processos de distúrbios, dispersão e substituição de espécies (Allan et al., 2021; Souza et al., 2025).

Os principais grupos zooplânctônicos mais comumente utilizados como objetos de estudo são Rotifera e os microcrustáceos Cladocera e Copepoda. Além de sua ampla representatividade em ecossistemas aquáticos, constituem uma importante fonte de alimento para diferentes espécies, como peixes, aves aquáticas e mamíferos, permitindo a criação de um elo entre produtores e consumidores a partir da disponibilidade de energia para níveis tróficos superiores, uma vez que atuam como consumidores primários (Altındağ & Berdi, 2025; Balkić et al., 2022; Cardoso et al., 2009; Majeed et al., 2023; Marcelino et al., 2025; Souza et al., 2025).

De acordo com FLACH, (2009) e Lopes et al. (2014), a partição da diversidade tem recebido crescente atenção de ecólogos por permitir fracionar a diversidade em múltiplas escalas, permitindo testar se a diversidade é maior ou menor que o esperado com base na distribuição dos indivíduos nas unidades amostrais. Esta abordagem fornece informações acerca da organização das comunidades e os processos ecológicos que as estruturam.

Na partição aditiva, a diversidade de espécies é decomposta em componentes alfa e beta, permitindo obter a proporção da diversidade gama em diferentes habitats, paisagens ou regiões (Crist et al., 2003). Assim, a diversidade gama (γ) corresponde à soma da diversidade alfa média (α) e da diversidade beta (β), esta última representando o número de espécies que diferem entre os habitats.

Por sua vez, na partição multiplicativa, a diversidade gama é expressa como o produto das diversidades alfa média e beta, podendo ser interpretada como a diferenciação entre as comunidades (Jost, 2007; Whittaker, 1972). A aplicação conjunta dessas abordagens permite uma maior compreensão dos padrões de diversidade, especialmente naqueles que estão sujeitos à atividade antrópica, como riachos de Floresta Atlântica. Portanto, torna-se crucial realizar estudos acerca do zooplâncton utilizando essas métricas para compreender sua dinâmica espacial, avaliar a influência de fatores ambientais e o estado ecológico de ecossistemas aquáticos.

1.1 Objective

O presente estudo teve como objetivo determinar a riqueza de espécies na comunidade zooplanctônica e avaliar a partição da diversidade em diferentes escalas espaciais em ambientes aquáticos da Reserva Biológica Guaribas nos períodos seco e chuvoso.

Objetivo específico

Verificar se os métodos aditivos e multiplicativos para o cálculo da partição da diversidade podem indicar o estado ecológico de ambientes sob diferentes níveis de impactos antropogênicos e períodos.

1.2 Material and Methods

Study Area and Sampling Design

A Reserva Biológica Guaribas (REBIO) está localizada na Mesorregião da Mata Paraibana e na Microrregião do Litoral Norte, sendo uma unidade de conservação desde 1990 (Leal et al., 2025; MMA, 2003). São incluídas três áreas descontínuas, sendo elas SEMA 01 e SEMA 02 localizadas no município de Mamanguape, PB, e SEMA 03 localizada no município de Rio Tinto, PB. De acordo com a classificação de Köppen, o clima é quente e úmido, com estação seca no verão e chuvosa no inverno e temperaturas que variam entre 24°C e 26°C (MMA, 2003).

Por se tratar de uma unidade de conservação e por compor um dos últimos remanescentes de Floresta Atlântica do Estado da Paraíba, a reserva tornou-se essencial no que diz respeito à conservação de espécies raras, endêmicas e ameaçadas de extinção, além de proteger nascentes de importantes riachos (MMA, 2003). Entretanto, ainda é possível observar atividades antrópicas na região, como o plantio de cana-de-açúcar, o cultivo de frutas e hortaliças e a formação de áreas de pastagens.

A área selecionada para o presente estudo, SEMA 02, abriga os riachos Caiana e Barro Branco que drenam no sentido sul-norte e cujos cursos não se estendem por mais de 10 km antes de desaguarem no Rio Camaratuba, o qual, por sua vez, deságua no oceano Atlântico. Ambos os riachos nascem dentro da reserva, entretanto, o Caiana flui sobre uma área de floresta modificada para pastoreio e plantios, enquanto o Barro Branco flui parcialmente por uma área de Floresta Atlântica no interior da unidade (Figura 1)

Data Collection

As coletas ocorreram entre novembro de 2023 a fevereiro de 2024 durante o período seco e de junho a agosto de 2024 no período chuvoso. Foram selecionados 15 pontos de coleta (denominados Unidades Amostrais ou UAs) (Figura 1), localizados dentro e no entorno da Reserva Biológica. Para cada unidade amostral, foram coletadas três subamostras, uma em

cada habitat, a fim de realizar uma análise estatística mais rigorosa (Martinelli & Kruche, 2004).

Dados físicos, químicos e ambientais foram coletados com a finalidade de caracterizar as condições do habitat em que as espécies foram encontradas. Neste contexto, foram avaliados os seguintes dados: **(1) morfometria**, como profundidade (m), largura (l) e velocidade da corrente de água (m/s); **(2) qualidade da água**, incluindo oxigênio dissolvido (mg/L) e temperatura (°C); e **(3) estrutura do habitat**, por meio da avaliação dos tipos de substrato e estruturas subaquáticas e marginais (E. S. F. Medeiros et al., 2008).

Para a coleta de zooplâncton, foram filtrados 50 litros de água utilizando rede de plâncton com diâmetro de abertura de 30 cm e comprimento de 70 cm, com malha de 68 μ m. Os espécimes foram armazenados em frascos plásticos de 80 mL, denominados como Volume de Trabalho (Vt), fixados em solução de formaldeído a 4% e narcotizados por saturação de CO₂ (adição de água com gás). Posteriormente foi adicionada uma pequena quantidade de sacarose para evitar o desprendimento de ovos, a contração dos indivíduos ou que possam expelir seu conteúdo intestinal, já que após a coleta, é normal que ocorra a rápida degradação estrutural e metabólica (Bicudo & Bicudo, 2004).

Todas as amostras foram transportadas até o Laboratório de Ecologia (LABECO), localizado no Centro de Ciências Biológicas e Sociais Aplicadas, Campus V – João Pessoa, da Universidade Estadual da Paraíba, para a realização da análise até o menor nível taxonômico possível, utilizando câmara de Sedgewick-Rafter com capacidade para 1 mL, microscópio (OLYMPUS CX31) e chaves de identificação como Koste & Shiel (1987); Shiel (1995) e ELMOOR-LOUREIRO, (1997). Além disso, todos os espécimes passaram por confirmação das espécies por uma especialista.

Para que as análises estatísticas fossem realizadas, foi efetuado o cálculo de densidade, considerando o número de indivíduos de espécie por m³, através da fórmula:

$$D_{sp} = \frac{N_{sp}}{Vf} \quad (1)$$

onde a densidade em número de indivíduos por m³ de uma espécie (D_{sp}) para um determinado habitat será o número de indivíduos da espécie (N_{sp}), dividido pelo volume total filtrado (Vf) (Bowen, 2017).

Além disso, as fórmulas de partição aditiva e multiplicativa também foram aplicadas:

$$\gamma = \alpha_1 + \sum_{i=1}^m \beta_i \quad (*) \quad (2)$$

$$\beta_i = \gamma / \alpha_i \quad (**) \quad (3)$$

Na **partição aditiva (*)** (Oksanen et al., 2020), é expressa como a soma da diversidade alfa do nível amostral () e das contribuições da diversidade beta () associadas a cada unidade amostral, conforme a equação (Equation 2). A diversidade () foi calculada a partir da razão entre a diversidade total () e a diversidade alfa observada em cada unidade amostral (), permitindo avaliar o grau de diferenciação entre as unidades amostrais em relação ao conjunto total de amostras. Valores mais elevados de indicam maior heterogeneidade entre as unidades amostrais, enquanto valores menores sugerem maior similaridade entre elas. Em resumo, a diversidade total () é resultado da diversidade média local () e da soma das diferenças entre as unidades amostrais (). A **partição multiplicativa (**)** tem como função encontrar o valor da diversidade beta (), tendo em vista que a diversidade de espécies muda ao longo de escalas espaciais (Jost, 2007; Lande, 1996; Melo et al., 2009; Melo et al., 2012; Oksanen et al., 2020; Whittaker, 1972).

Environmental data

Dentre as variáveis ambientais, realizou-se a medição das variáveis físicas e químicas, morfometria, qualidade da água e estrutura do habitat com o intuito de fornecer informações acerca do habitat em que as espécies foram encontradas. As variáveis químicas foram estimadas por meio de medidores de pH (TECNOPON MPA-210), condutividade (S/cm) (TECNOPON MCS-150) e turbidez da água (NTU), utilizando equipamentos de bancada no Laboratório de Ecologia (LABECO) – Campus V. As variáveis temperatura (°C) e oxigênio dissolvido (mg/L) (Lutron DO-5510) e velocidade da água (m/s) foram medidas em campo, sendo está última medida utilizando o método da bóia de Maitland (1990).

Para a avaliação morfométrica de cada habitat nas 15 unidades amostrais (UAs), foram estabelecidos transectos nos quais foram medidos a largura e o comprimento com o auxílio de uma trena métrica. A profundidade e largura foram medidas em três seções equidistantes ao longo de cada transecto, também utilizando a trena métrica. A altitude, a forma e a distância entre as unidades amostrais foram determinadas através de dados obtidos por GPS. Esses dados foram empregados para calcular a área superficial, o volume e a distância entre os pontos de coleta.

Com o objetivo de quantificar a estrutura do habitat e classificar os ambientes estudados quanto à disponibilidade de recursos, os seguintes aspectos foram quantificados em cada ambiente: presença de macrófitas, vegetação submersa, vegetação flutuante, algas, vegetação ripária, liteira, raízes e galhos de árvores próximas. Os ambientes também foram classificados quanto ao tipo de substrato, sendo estimadas as proporções de lama, areia, pedras, seixos, entre outros. De acordo com a metodologia proposta por E. S. F. Medeiros et al. (2008), estes dados, levantados por meio de análise visual, estimam a contribuição proporcional de cada componente. Considerando que a maioria desses elementos estão concentrados nas margens, as medições foram obtidas a partir de transectos paralelos à margem dos ambientes estudados. Estes dados representam a proporção média (%) de cobertura dos aspectos medidos para cada trecho (E. S. F. Medeiros et al., 2008).

Data Analysis

Após a coleta e o registro dos dados, as amostras foram organizadas em lotes e devidamente etiquetadas. Em seguida, realizou-se a confirmação de identificação das espécies por um especialista. Os dados de riqueza (R) e abundância total foram analisados com o objetivo de investigar os padrões de variação na estrutura das comunidades zooplanctônicas das áreas estudadas.

Statistical Analyses

Os dados foram organizados em formatos de tabelas, gráficos e figuras e analisados por meio de testes estatísticos compatíveis através de técnicas multivariadas utilizando o ambiente de programação R/RStudio (Hair et al., 2021; R Core Team, 2017; RStudio Team, 2022; Zar, 1999).

Para a realização das análises estatísticas, foram utilizados pacotes que permitem avaliar a estrutura da comunidade com base na riqueza. A Análise de Componentes Principais (PCA) foi executada para avaliar as variáveis ambientais.

Foram empregados pacotes sobre partição da diversidade para que fosse possível decompor ou particionar a diversidade em componentes alfa (α), beta (β) e gama (γ). A diversidade alfa se refere à diversidade de espécies em uma escala local, ou seja, dentro de manchas homogêneas locais ou unidades amostrais únicas. Diversidade gama, ou diversidade regional, corresponde a escalas espaciais maiores, enquanto que a diversidade beta manifesta-se quando há variação na diversidade entre os ambientes ou escalas espaciais (Chao et al., 2012; Farias et al., 2020).

Os gráficos e figuras sobre as partições foram realizados no programa estatístico RStudio utilizando os pacotes: eulerr, vegan e VennDiagram que forneceram informações acerca da distribuição da riqueza de espécies com base na diversidade alfa e diversidade gama (Chen & Boutros, 2011; Oksanen et al., 2020). Funções como adipart e multipart também foram empregadas. A função adipart foi utilizada para a partição aditiva da diversidade, em que conterà os valores médios da diversidade alfa que serão comparados com a diversidade total em todo o conjunto de dados (α -diversidade) e multipart para partição multiplicativa da diversidade, que conterà os valores médios da α -diversidade em níveis mais baixos de uma hierarquia e comparados com a diversidade total gama.

Esses pacotes permitiram uma análise detalhada e abrangente da distribuição e diversidade de espécies nos riachos estudados.

```
1 #REBIO23 - ORGANIZANDO DADOS-----
2 #####.....-----
3
4 dev.off() #apaga os graficos, se houver algum
5 rm(list=ls(all=TRUE)) #limpa a memória
6 cat("\014") #limpa o console
7 #shell.exec(getwd())
8 getwd()
9 setwd("C:/Users/ellen/Downloads")
```

```

10 library(openxlsx)
11
12 ##CARREGANDO MATRIZES BRUTAS-----
13
14 habitat <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Dropbox/Universidade/Estágio/Planilhas REBI023/rebio23-1
15                 rowNames = T,
16                 colNames = T,
17                 sheet = "ambiente")
18 grupos <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Dropbox/Universidade/Estágio/Planilhas REBI023/rebio23-ha
19                 rowNames = T,
20                 colNames = T,
21                 sheet = "grupos")
22
23 ###REMOVENDO LINHAS ZERADAS DE HABITAT-----
24 rownames(habitat)
25 del_rows <- c("S-C-P11-H1", "S-C-P11-H2", "S-C-P11-H3", "C-C-P11-H1", "C-C-P11-H2", "C-C-P11-H3")
26 del_rows
27 m_hab <- habitat[!(row.names(habitat) %in% c(del_rows)),]
28 m_hab
29
30 ###REMOVENDO LINHAS ZERADAS DE GRUPOS-----
31 rownames(grupos)
32 del_rows <- c("S-C-P11-H1", "S-C-P11-H2", "S-C-P11-H3", "C-C-P11-H1", "C-C-P11-H2", "C-C-P11-H3")
33 del_rows
34 grupos <- grupos[!(row.names(grupos) %in% c(del_rows)),]
35 grupos
36
37 ###PARTICIONANDO TABELA DE GRUPOS-----
38 t_grps <- grupos[!(row.names(grupos) %in% del_rows),]
39
40
41 ##SALVANDO MATRIZES FINAIS REMOVIDAS AS LINHAS/COLUNAS ZERADAS-----
42
43 write.table(t_grps, "t_grps.csv",
44             sep = ";", dec = ".", #"\t",
45             row.names = TRUE,
46             quote = TRUE,
47             append = FALSE)
48 write.table(m_hab, "m_hab.csv",
49             sep = ";", dec = ".", #"\t",
50             row.names = TRUE,
51             quote = TRUE,
52             append = FALSE)

```

```

53 t_grps <- read.csv("t_grps.csv",
54                   sep = ";", dec = ".",
55                   row.names = 1,
56                   header = TRUE,
57                   na.strings = NA)
58 m_hab <- read.csv("m_hab.csv",
59                 sep = ";", dec = ".",
60                 row.names = 1,
61                 header = TRUE,
62                 na.strings = NA)
63
64 #REBIO23 - MATRIZ DE CONTAGEM----
65 #####....----
66
67 library(openxlsx)
68 zoo <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Dropbox/Universidade/Estágio/Planilhas REBIO23/rebio23-zoop
69                rowNames = T,
70                colNames = T,
71                sheet = "rebio23_80ml")
72 zoo [1:5,1:5] #[1:5,1:5] mostra apenas as linhas e colunas de 1 a 5.
73
74 str(zoo)
75 #View(zoo)
76 zoo[1:5,1:5] #[1:5,1:5] mostra apenas as linhas e colunas de 1 a 5.
77 #View(zoo)
78 print(zoo[1:8,1:8])
79 str(zoo)
80 mode(zoo)
81 class(zoo)
82
83 ###REMOVENDO LINHAS ZERADAS
84 rownames(zoo)
85 del_rows <- c("S-C-P11-H1", "S-C-P11-H2", "S-C-P11-H3", "C-C-P11-H1","C-C-P11-H2","C-C-P11-H3")
86 del_rows
87 zoo <- zoo[!(row.names(zoo) %in% c(del_rows)),]
88 zoo
89 colnames(zoo)
90 m_trab <- zoo
91 colnames(m_trab) <- as.character(unlist(m_trab[1, ]))
92 m_trab <- m_trab[-1, ]
93
94 #Criando a matriz de cada período
95 zoo_seco <- m_trab[grepl("^S", rownames(m_trab)), ]

```

```

96 zoo_chuvoso <- m_trab[grepl("^C", rownames(m_trab)), ]
97
98 ##SALVANDO MATRIZ FINAL
99 #PERÍODO SECO
100 write.table(zoo_seco, "zoo_seco.csv",
101             sep = ";", dec = ".", #"\t",
102             row.names = TRUE,
103             quote = TRUE,
104             append = FALSE)
105 zoo_seco <- read.csv("zoo_seco.csv",
106                    sep = ";", dec = ".",
107                    row.names = 1,
108                    header = TRUE,
109                    na.strings = NA)
110 zoo_seco
111
112 #PERÍODO CHUVOSO
113 write.table(zoo_chuvoso, "zoo_chuvoso.csv",
114            sep = ";", dec = ".", #"\t",
115            row.names = TRUE,
116            quote = TRUE,
117            append = FALSE)
118 zoo_chuvoso <- read.csv("zoo_chuvoso.csv",
119                       sep = ";", dec = ".",
120                       row.names = 1,
121                       header = TRUE,
122                       na.strings = NA)
123 zoo_chuvoso

```

2 Results

2.1 Environmental variables

É importante destacar que as unidades amostrais (UAs) P05 a P10 correspondem ao riacho Barro Branco, sendo as UAs P5, P6 e P7 localizadas no interior da reserva, enquanto que os pontos P08, P09 e P10 estão situados fora da área de preservação. O riacho Caiana, por sua vez, é representado pelas UAs P12 a P20, todas localizadas fora da reserva (ver Figure 1).

Os resultados da Análise de Componentes Principais (PCA) evidenciaram uma clara diferenciação das unidades amostrais com base nas características físicas e estruturais do habitat. Ao longo dos riachos e períodos amostrais analisados.

No período seco (Figure 2), observou-se que as UAs P05, P07 e P08, pertencentes ao riacho Barro Branco, apresentaram maior associação a liteira, algas filamentosas e aderidas. Em contraste, a UA P06 do Barro Branco, juntamente com as UAs P16, P17 e P20, do Caiana, esteve associada principalmente às variáveis estruturais, como a presença de pedras, profundidade máxima, mínima e marginal, largura e vegetação submersa. Além disso, P10 do Barro Branco e P18 do Caiana apresentaram associação evidente ao pH, cujos valores variaram de ácido a levemente neutro.

No período chuvoso (Figure 3), a distribuição das unidades amostrais no espaço da biplot indicou alterações nos padrões de associação observados no período seco. As UAs P05 e P06 do Barro Branco, assim como a UA P18 do Caiana, estiveram associadas principalmente à presença de lama, macrófitas, vegetação submersa, folhiço e detritos. Por outro lado, as P08, P10 e P16 apresentaram maior associação com algas filamentosas e aderidas, vegetação marginal e largura média do canal.

De modo geral, os resultados indicaram que ambos os períodos contribuíram de formas distintas para a estruturação do habitat, evidenciando variações espaciais e sazonais nas características físicas e estruturais dos riachos estudados.

```

1  #REBIO23 - PCA - SECO----
2  #####....----
3
4  dev.off()
5  rm(list=ls(all=TRUE))
6  cat("\014")
7  library(openxlsx)
8  dados_bruto <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Dropbox/Universidade/Estágio/Planilhas REBIO23/rebi
9                                rowNames = T,
10                               colNames = T,
11                               sheet = "habitat_t",
12                               na.strings = "n/a",
13                               startRow = 2)
14
15  #deletar o ponto onze
16  row.names(dados_bruto)
17  del_rows <- c("S-C-P11-H1", "S-C-P11-H2", "S-C-P11-H3", "C-C-P11-H1", "C-C-P11-H2", "C-C-P11-
18  m_cort <- dados_bruto[!(row.names(dados_bruto) %in% del_rows), ]
19
20  #SELECCIONANDO VARIÁVEIS
21  m_cort <- m_cort [, c("Cond_uS_cm", "Turb_ntu", "pH", "Vel_m.s", "Slope", "Depth_max_cm",
22                        "Depth_avg_cm", "Depth_mar_cm", "Width_m", "Mud", "Sand", "Gravel_f",
23                        "Gravel_c", "Cobbles", "Rocks", "Bedrock", "Macrophytes", "Grass",
24                        "Subm_veg", "Overh_veg", "Leaf_l", "Algae_f", "Algae_a", "Root_masses"
25                        "Debris_l", "Debris_s")]

```

```

26 str(m_cort)
27
28 # CRIANDO MATRIZ DE MÉDIAS
29 library("tidyverse")
30 #Inserindo coluna para agrupamentos
31 data <- m_cort
32 nrow(data); ncol(data) #no. de N colunas x M linhas
33 data_g <- cbind(Grupos = rownames(data), data)
34 data_g
35 grps <- substr(data_g[, 1], 1,7)
36 grps
37 data_g <- data_g %>% mutate(Grupos=c(grps))
38 #data_avg <- aggregate(data_g[, 9:9], list(data_g$Grupos), mean)
39 #data_avg
40 data_avg <- data_g %>%
41   group_by(Grupos) %>%
42   summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(.x, na.rm = TRUE)))
43 data_avg
44 data_dp <- data_g %>%
45   group_by(Grupos) %>%
46   summarise(across(.cols = everything(), list(mean = mean, sd = sd)))
47 #?across
48 data_dp <- data_avg
49 #Primeira coluna para nomes das linhas
50 data_dp <- as.data.frame(data_dp)
51 class(data_dp)
52 rownames(data_dp) <- data_dp[,1]
53 data_dp[,1] <- NULL
54 data_dp <- round(data_dp, 1)
55 data_dp
56 m_cort <- data_dp
57
58 #SELECIONANDO VARIÁVEIS
59 m_trans <- t(m_cort)
60 colnames(m_trans)
61 seco <- t(m_trans[, c("S-B-P05", "S-B-P06", "S-B-P07",
62   "S-B-P08", "S-B-P09", "S-B-P10",
63   "S-C-P12", "S-C-P13", "S-C-P14",
64   "S-C-P15", "S-C-P16", "S-C-P17",
65   "S-C-P18", "S-C-P19", "S-C-P20")])
66
67 chuvoso <- t(m_trans[, c("C-B-P05", "C-B-P06", "C-B-P07",
68   "C-B-P08", "C-B-P09", "C-B-P10"),

```

```

69         "C-C-P12", "C-C-P13", "C-C-P14",
70         "C-C-P15", "C-C-P16", "C-C-P17",
71         "C-C-P18", "C-C-P19", "C-C-P20"]])
72
73 ##### seco
74 seco <- as.data.frame(seco)
75 seco[] <- lapply(seco, as.numeric)
76 ##### chuvoso
77 chuvoso <- as.data.frame(chuvoso)
78 chuvoso[] <- lapply(chuvoso, as.numeric)
79
80 #####
81 #####SECO
82
83 # CRIANDO MATRIZ DE MÉDIAS
84 library("tidyverse")
85 #Inserindo coluna para agrupamentos
86 data <- seco
87 nrow(data); ncol(data) #no. de N colunas x M linhas
88 data_g <- cbind(Grupos = rownames(data), data)
89 data_g
90 grps <- substr(data_g[, 1], 5,7)
91 grps
92 data_g <- data_g %>% mutate(Grupos=c(grps))
93 #data_avg <- aggregate(data_g[, 9:9], list(data_g$Grupos), mean)
94 #data_avg
95 data_avg <- data_g %>%
96   group_by(Grupos) %>%
97   summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(.x, na.rm = TRUE)))
98 data_avg
99 data_dp <- data_g %>%
100   group_by(Grupos) %>%
101   summarise(across(.cols = everything(), list(mean = mean, sd = sd)))
102 #?across
103 data_dp <- data_avg
104 #Primeira coluna para nomes das linhas
105 data_dp <- as.data.frame(data_dp)
106 class(data_dp)
107 rownames(data_dp) <- data_dp[,1]
108 data_dp[,1] <- NULL
109 data_dp <- round(data_dp, 1)
110 data_dp
111 seco <- data_dp

```

```

112 #####
113 # Pacotes
114 #####
115 library(vegan)
116 library(gplots)
117 library(psych)
118 library(tidyverse)
119 library(ggplot2)
120
121 #####
122 # Pré-processamento da matriz
123 #####
124 m_trab <- seco
125 m_trns <- sqrt(m_trab) # transformação
126
127 # Remover linhas e colunas com todos os valores = 0
128 m_trns <- m_trns[rowSums(m_trns) > 0, ]
129 m_trns <- m_trns[, colSums(m_trns) > 0]
130
131 #####
132 # Distância e Cluster
133 #####
134 vegdist_mat <- vegdist(m_trns, method = "bray", diag = TRUE, upper = FALSE)
135 cluster_uas <- hclust(vegdist_mat, method = "average")
136
137 plot(cluster_uas, main = "Cluster Dendrogram - Bray-Curtis", hang = 0.1)
138 rect.hclust(cluster_uas, k = 2, h = NULL)
139
140 as.matrix(vegdist_mat)[1:6, 1:6]
141
142 #####
143 # Heatmap (UAs)
144 #####
145 col <- rev(heat.colors(999))
146
147 heatmap.2(as.matrix(vegdist_mat),
148           Rowv = as.dendrogram(cluster_uas),
149           Colv = as.dendrogram(cluster_uas),
150           key = TRUE, tracecol = NA, revC = TRUE,
151           col = col,
152           density.info = "none",
153           xlab = "UA´s", ylab = "UA´s",
154           mar = c(6, 6) + 0.2)

```

```

155
156 #####
157 # Cluster das variaves
158 #####
159 cluster_spp <- hclust(vegdist(t(m_trns), method = "bray", diag = TRUE, upper = FALSE),
160                      method = "average")
161 plot(cluster_spp, main = "Dendrograma dos atributos")
162
163 heatmap.2(t(as.matrix(m_trns)),
164           Colv = as.dendrogram(cluster_uas),
165           Rowv = as.dendrogram(cluster_spp),
166           key = TRUE, tracecol = NA, revC = TRUE,
167           col = col,
168           density.info = "none",
169           xlab = "Unidades amostrais", ylab = "Espécies",
170           mar = c(6, 6) + 0.1)
171
172 #####
173 # PCA
174 #####
175 pca <- prcomp(m_trns)
176 plot(pca, type = "l")
177 summary(pca)
178
179 pairs.panels(m_trns[,1:min(26, ncol(m_trns))],
180             method = "pearson",
181             scale = FALSE, lm = FALSE,
182             hist.col = "#00AFBB", pch = 19,
183             density = TRUE, ellipses = TRUE, alpha = 0.5)
184
185 #####
186 # PCA - diferentes escalas
187 #####
188 pca_ce <- prcomp(m_trns, center = TRUE, scale = FALSE)
189 pca_cs <- prcomp(m_trns, center = TRUE, scale = TRUE)
190 pca_sc <- prcomp(m_trns, scale = TRUE)
191
192 par(mfrow = c(3,1))
193 plot(pca_ce, type = "l")
194 plot(pca_cs, type = "l")
195 plot(pca_sc, type = "l")
196 par(mfrow = c(1,1))
197

```

```

198 summary(pca_sc)
199 plot(pca_sc, type = "l", main = "Scree Plot (scaled data - m_trns)")
200
201 #####
202 # Agrupamentos
203 #####
204 add.col <- rownames_to_column(as.data.frame(m_trns), var = "UAs")
205 agrup <- substr(add.col$UAs, 1, 1)
206 m_pca_agrup <- add.col %>%
207   mutate(Agrupamentos = agrup, .before = UAs)
208
209 #####
210 # Biplot da PCA
211 #####
212 pca_seco <- biplot(pca_sc, choices = 1:2, scale = 1,
213                   main = "Biplot da PCA - seco",
214                   xlab = "PC1 UAs", ylab = "PC2 UAs", cex = 0.8)
215 ggsave(pca_seco, dpi = 500, filename = "pca_seco.png")
216
217 var_exp <- round((pca_sc$sdev^2 / sum(pca_sc$sdev^2)) * 100, 2)
218 var_exp
219
220 #####
221 # PCA Scores
222 #####
223 pca_scores <- cbind(Agrupamento = m_pca_agrup$Agrupamentos,
224                   m_trns,
225                   pca_sc$x[,1:2])
226
227 ggplot(pca_scores, aes(PC1, PC2, col = Agrupamento, fill = Agrupamento)) +
228   stat_ellipse(geom = "polygon", col = "black", alpha = 0.5) +
229   geom_point(shape = 21, col = "black")
230
231 #####
232 # Correlação entre matriz original e eixos da PCA
233 #####
234 cor(m_trns, pca_scores[, c("PC1", "PC2")])
235
236 #####
237 #REBIO23 - PCA - CHUVOSO----
238 #####....----
239
240 # CRIANDO MATRIZ DE MÉDIAS

```

```

241 library("tidyverse")
242 #Inserindo coluna para agrupamentos
243 data <- chuvoso
244 nrow(data); ncol(data) #no. de N colunas x M linhas
245 data_g <- cbind(Grupos = rownames(data), data)
246 data_g
247 grps <- substr(data_g[, 1], 5,7)
248 grps
249 data_g <- data_g %>% mutate(Grupos=c(grps))
250 #data_avg <- aggregate(data_g[, 9:9], list(data_g$Grupos), mean)
251 #data_avg
252 data_avg <- data_g %>%
253   group_by(Grupos) %>%
254   summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(.x, na.rm = TRUE)))
255 data_avg
256 data_dp <- data_g %>%
257   group_by(Grupos) %>%
258   summarise(across(.cols = everything(), list(mean = mean, sd = sd)))
259 ##?across
260 data_dp <- data_avg
261 #Primeira coluna para nomes das linhas
262 data_dp <- as.data.frame(data_dp)
263 class(data_dp)
264 rownames(data_dp) <- data_dp[,1]
265 data_dp[,1] <- NULL
266 data_dp <- round(data_dp, 1)
267 data_dp
268 chuvoso <- data_dp
269 #####
270 # Pacotes
271 #####
272 library(vegan)
273 library(gplots)
274 library(psych)
275 library(tidyverse)
276 library(ggplot2)
277
278 #####
279 # Pré-processamento da matriz
280 #####
281 m_trab <- chuvoso
282 m_trns <- sqrt(m_trab) # transformação
283

```

```

284 # Remover linhas e colunas com todos os valores = 0
285 m_trns <- m_trns[rowSums(m_trns) > 0, ]
286 m_trns <- m_trns[, colSums(m_trns) > 0]
287
288 #####
289 # Distância e Cluster
290 #####
291 vegdist_mat <- vegdist(m_trns, method = "bray", diag = TRUE, upper = FALSE)
292 cluster_uas <- hclust(vegdist_mat, method = "average")
293
294 plot(cluster_uas, main = "Cluster Dendrogram - Bray-Curtis", hang = 0.1)
295 rect.hclust(cluster_uas, k = 2, h = NULL)
296
297 as.matrix(vegdist_mat)[1:6, 1:6]
298
299 #####
300 # Heatmap (UAs)
301 #####
302 col <- rev(heat.colors(999))
303
304 heatmap.2(as.matrix(vegdist_mat),
305           Rowv = as.dendrogram(cluster_uas),
306           Colv = as.dendrogram(cluster_uas),
307           key = TRUE, tracecol = NA, revC = TRUE,
308           col = col,
309           density.info = "none",
310           xlab = "UA´s", ylab = "UA´s",
311           mar = c(6, 6) + 0.2)
312
313 #####
314 # Cluster das variaves
315 #####
316 cluster_spp <- hclust(vegdist(t(m_trns), method = "bray", diag = TRUE, upper = FALSE),
317                      method = "average")
318 plot(cluster_spp, main = "Dendrograma dos atributos")
319
320 heatmap.2(t(as.matrix(m_trns)),
321           Colv = as.dendrogram(cluster_uas),
322           Rowv = as.dendrogram(cluster_spp),
323           key = TRUE, tracecol = NA, revC = TRUE,
324           col = col,
325           density.info = "none",
326           xlab = "Unidades amostrais", ylab = "Espécies",

```

```

327         mar = c(6, 6) + 0.1)
328
329 #####
330 # PCA
331 #####
332 pca <- prcomp(m_trns)
333 plot(pca, type = "l")
334 summary(pca)
335
336 pairs.panels(m_trns[,1:min(26, ncol(m_trns))],
337             method = "pearson",
338             scale = FALSE, lm = FALSE,
339             hist.col = "#00AFBB", pch = 19,
340             density = TRUE, ellipses = TRUE, alpha = 0.5)
341
342 #####
343 # PCA - diferentes escalas
344 #####
345 pca_ce <- prcomp(m_trns, center = TRUE, scale = FALSE)
346 pca_cs <- prcomp(m_trns, center = TRUE, scale = TRUE)
347 pca_sc <- prcomp(m_trns, scale = TRUE)
348
349 par(mfrow = c(3,1))
350 plot(pca_ce, type = "l")
351 plot(pca_cs, type = "l")
352 plot(pca_sc, type = "l")
353 par(mfrow = c(1,1))
354
355 summary(pca_sc)
356 plot(pca_sc, type = "l", main = "Scree Plot (scaled data - m_trns)")
357
358 #####
359 # Agrupamentos
360 #####
361 add.col <- rownames_to_column(as.data.frame(m_trns), var = "UAs")
362 agrup <- substr(add.col$UAs, 1, 1)
363 m_pca_agrup <- add.col %>%
364   mutate(Agrupamentos = agrup, .before = UAs)
365
366 #####
367 # Biplot da PCA
368 #####
369 pca_chuvoso <- biplot(pca_sc, choices = 1:2, scale = 1,

```

```

370         main = "Biplot da PCA - Chuvoso",
371         xlab = "PC1 UAs", ylab = "PC2 UAs", cex = 0.8)
372 ggsave(pca_chuvoso, dpi = 500, filename = "pca_chuvoso.png")
373
374 var_exp <- round((pca_sc$sdev^2 / sum(pca_sc$sdev^2)) * 100, 2)
375 var_exp
376
377 #####
378 # PCA Scores
379 #####
380 pca_scores <- cbind(Agrupamento = m_pca_agrup$Agrupamentos,
381                   m_trns,
382                   pca_sc$x[,1:2])
383
384 ggplot(pca_scores, aes(PC1, PC2, col = Agrupamento, fill = Agrupamento)) +
385   stat_ellipse(geom = "polygon", col = "black", alpha = 0.5) +
386   geom_point(shape = 21, col = "black")
387
388 #####
389 # Correlação entre matriz original e eixos da PCA
390 #####
391 cor(m_trns, pca_scores[, c("PC1", "PC2")])

```

2.2 Community structure

Foram registrados táxons pertencentes aos grupos Rotifera, Cladocera e Copepoda, distribuídos entre os riachos Barro Branco e Caiana, durante os períodos seco e chuvoso (Tabela 1). No total, foram contabilizadas 15 espécies de Rotifera, 12 de Cladocera e 6 de Copepoda, incluindo estágios juvenis, como náuplios e copepoditos.

A comunidade zooplanctônica esteve distribuída em 15 famílias, sendo Lecanidae a mais representativa em ambos os períodos amostrais, com 15 espécies registradas, seguida por Lepadellidae (4 espécies) e Brachionidae (3 espécies).

No período seco, foram registrados 58 táxons, com predominância de Rotifera, seguidos por Cladocera e Copepoda. No período chuvoso, observou-se o mesmo padrão de composição, contudo, com redução no número total de táxons, sendo registrados 40 táxons.

Entre os Rotifera, a família Lecanidae foi a mais representativa em ambos os períodos, com espécies do gênero *Lecane* ocorrendo de forma recorrente nos dois riachos. Espécies como *Lecane bulla* (Gosse, 1851), *L. cornuta* (Müller, 1786), *L. crepida* (Harring, 1914), *L. curvicornis* (Murray, 1913), *L. leontina* (Turner, 1892), *L. lunaris* (Ehrenberg, 1832) e *L. luna* (Müller,

1776) ocorreram em ambos os períodos e foram compartilhadas entre os riachos Barro Branco e Caiana.

O Caiana apresentou maior número de táxons exclusivos, especialmente entre Rotifera e Cladocera, tanto no período seco quanto no chuvoso, enquanto no Barro Branco apresentou composição mais reduzida.

Quando se discute sobre espécies exclusivas, se refere a espécies que ocorrem unicamente no riacho amostrado, logo:

No período seco foram registradas 12 espécies de Rotifera exclusivas no riacho Caiana, incluindo *Dicranophoroides* sp., *Dissotrocha aculeata* (Ehrenberg, 1832), *Testudinella mucronata* (Gosse, 1886), *Lepadella patella* (Müller, 1773), *Lepadella* sp.1, *Lepadella* sp.2, *Euchlanis dilatata* (Ehrenberg, 1832), *Polyarthra bicerca* (Wulfert, 1956), *P. dolichoptera* (Idelson, 1925), *Mytilina crassipes* (Lucks, 1912), *M. bisulcata* (Lucks, 1912) e *Trichotria tetractis* (Ehrenberg, 1830). Ainda neste período, no Barro Branco foram registradas 9 espécies de Rotifera exclusivas, sendo elas *Lecane aculeata* (Jakubski, 1912), *L. furcata* (Murray, 1913), *L. quadridentata* (Ehrenberg, 1830), *Lecane* sp.3, *Brachionus patulus* (Müller, 1786), *Polyarthra dolichoptera* (Idelson, 1925), *Polyarthra* sp., *Mytilina bisulcata* (Lucks, 1912) e *Trichocerca* sp.

No período chuvoso, o riacho Caiana manteve o maior número de espécies exclusivas (5 espécies), sendo elas *Testudinella mucronata* (Gosse, 1886), *Filinia longiseta* (Ehrenberg, 1834), *Lecane aculeata* (Jakubski, 1912), *L. papuana* (Murray, 1913) e *Colurella* sp. No riacho Barro Branco, foram registradas 4 espécies exclusivas: *Cephalodella* sp., *Macrochaetus* sp., *Lepadella ovalis* (Müller, 1786) e *L. patella* (Müller, 1773).

Entre os Cladocera, foram registradas 5 famílias e 12 espécies. A família Chydoridae apresentou ampla distribuição, com *Alonella dadayi* (Birge, 1910) ocorrendo em ambos os riachos e períodos. No período seco, foram registradas sete espécies exclusivas no riacho Caiana, enquanto no riacho Barro Branco foi registrada apenas *Chydorus* sp. No período chuvoso, o número de espécies exclusivas reduziu-se para uma em cada riacho, sendo *Leydigia* sp. no Caiana e *Macrothrix* sp. no Barro Branco.

Os Copepoda estiveram representados pelas famílias Cyclopidae (*Macrocyclops* sp., *Mesocyclops* sp. e *Paracyclops* sp., com exceção da ocorrência da primeira espécie no Caiana durante o período chuvoso) e Diaptomidae (*Notodiaptomus* sp., ocorrendo apenas no Caiana no período seco e chuvoso). Estágios juvenis de náuplios e copepoditos ocorreram em ambos os riachos durante os dois períodos.

```
1 #REBIO23 - ESTRUTURA DA COMUNIDADE - PERÍODO SECO----
2 #####....----
3
4 #Transpondo a matriz zoo_seco
5 zoo_seco
6 zoo_seco <- t(zoo_seco)
7 zoo_seco <- as.data.frame(zoo_seco)
```

```

8 zoo_seco[] <- lapply(zoo_seco, function(x) as.numeric(as.character(x)))
9 str(zoo_seco)
10 #View(zoo_seco)
11 zoo_seco
12 print(zoo_seco[1:5,1:5])
13 zoo_seco[1:5,1:5]
14 str(zoo_seco)
15 mode(zoo_seco)
16 class(zoo_seco)
17
18 #Informações básicas
19 range(zoo_seco) #menor e maior valores
20 length(zoo_seco) #no. de colunas
21 ncol(zoo_seco) #no. de N colunas
22 nrow(zoo_seco) #no. de M linhas
23 sum(lengths(zoo_seco)) #soma os nos. de colunas
24 length(as.matrix(zoo_seco)) #tamanho da matriz m x n
25 sum(zoo_seco == 0) #número de observações igual a zero
26 sum(zoo_seco > 0) #número de observações maiores que zero
27 #calculando a proporção de zeros na matriz
28 zeros <- (sum(zoo_seco == 0)/length(as.matrix(zoo_seco)))*100
29 zeros
30
31 #Descritores da diversidade
32 #?apply
33 Sum <- rowSums(zoo_seco)
34 #ou
35 Sum <- apply(zoo_seco,1,sum)
36 Sum
37 ## Abundância relativa (%)
38 RA <- (Sum / sum(Sum)) * 100 # percentage
39 ## Média
40 Mean <- rowMeans(zoo_seco)
41 Mean
42 ## Ou
43 Mean <- apply(zoo_seco,1,mean)
44 Mean
45 ## Desvio padrão
46 DP <- apply(zoo_seco,1,sd)
47 DP
48 ## Máximo
49 Max <- apply(zoo_seco,1,max)
50 Max

```

```

51 ## Mínimo
52 Min <- apply(zoo_seco,1,min)
53 Min
54 ## Mínimo não-zero
55 MinZ <- apply(zoo_seco, 1, function(row) {
56   non_zero_values <- row[row > 0] # Filter out zero values
57   if (length(non_zero_values) == 0) {
58     return(0) # If all values are zero, return 0
59   } else {
60     return(min(non_zero_values)) # Return the minimum of non-zero values
61   }
62 })
63 MinZ
64
65 #Riqueza
66 m_pa <- zoo_seco
67 m_pa[m_pa != 0] <- 1
68 rowSums(m_pa)
69 library(vegan)
70 bin <- decostand(zoo_seco,"pa")
71 bin[1:10, 1:10]
72 S <- apply(bin,1,sum)
73 S
74 #OU
75 Riqueza <- specnumber(zoo_seco)
76 Riqueza
77 Riqueza_total <- specnumber(colSums(zoo_seco))
78 Riqueza_total
79 #OU
80 FO <- rowSums(zoo_seco > 0) / ncol(zoo_seco) * 100
81 FO
82
83 #Índices de Diversidade
84 #Shannon
85 H <- diversity(zoo_seco, index = "shannon")
86 H
87
88 #Simpson
89 D <- diversity(zoo_seco, "simpson")
90 D
91 D[is.na(D)] <- 0 #substitui NA ou NaN por 0
92 D
93

```

```

94  #Equitabilidade de Pielou
95  E <- H/log(specnumber(zoo_seco))
96  E
97  E[is.na(E)] <- 0 #substitui NA ou NaN por 0
98  E
99
100 #Assimetria e curtose
101 library(moments)
102 Assimetria <- apply(zoo_seco,1,skewness)
103 Assimetria
104 Curtose <- apply(zoo_seco,1,kurtosis)
105 Curtose
106
107 #Tabela de Descritores
108 Descritores1 <- cbind(Sum, RA, Mean, DP, Max, Min, MinZ, FO, S, E, H, D)
109 Descritores1 <- as.data.frame(Descritores1)
110 Descritores1
111 #Descritores1 <- Descritores1 %>% rownames_to_column(var="Espécies") #da nome a primeira col
112 SomaTotalD <- apply(Descritores1,2,sum)
113 SomaTotalD
114 MediaTotalD <- apply(Descritores1,2,mean)
115 MediaTotalD
116 DPTotalD <- apply(Descritores1,2,sd)
117 DPTotalD
118 Descritores2 <- cbind(SomaTotalD, MediaTotalD, DPTotalD)
119 Descritores2 <- as.data.frame(Descritores2)
120 Descritores2 <- t(Descritores2)
121 Descritores2
122 DescritoresFinal <- rbind(Descritores1, Descritores2)
123 DescritoresFinal
124 DescritoresFinal <- round (DescritoresFinal, 2)
125 DescritoresFinal
126 #Fazendo uma tabela
127 library(gt)
128 df_seco <- DescritoresFinal
129 ncol(df_seco); nrow(df_seco) #no. de N colunas x M linhas
130 df_seco <- cbind("Espécies" = rownames(df_seco), df_seco)
131 gt(df_seco, rowname_col = "Espécies", caption = "Descritores da diversidade por espécie (col)
132
133 #ARREDONDAR CASA DÉCIMAL
134 ncol(df_seco)
135 nrow(df_seco)
136 # Adicionar a coluna 'Pontos' com os nomes das linhas

```

```

137 #df <- cbind(SPP = rownames(df), df)
138 # Arredondar os valores para duas casas decimais
139 df_seco_arredondado <- df_seco %>%
140   mutate(across(where(is.numeric), ~ round(., 1)))
141 # Exibir a tabela arredondada com gt
142 gt(df_seco_arredondado, rowname_col = "Espécies", caption = "Descritores da diversidade por e
143
144
145
146 #REBIO23 - ESTRUTURA DA COMUNIDADE - PERÍODO CHUVOSO-----
147 #####....-----
148
149 #Transpondo a matriz zoo_chuvoso
150 zoo_chuvoso <- t(zoo_chuvoso)
151 zoo_chuvoso <- as.data.frame(zoo_chuvoso)
152 zoo_chuvoso[] <- lapply(zoo_chuvoso, function(x) as.numeric(as.character(x)))
153 str(zoo_chuvoso)
154 #View(zoo_chuvoso)
155 zoo_chuvoso
156 print(zoo_chuvoso[1:5,1:5])
157 zoo_chuvoso[1:5,1:5]
158 str(zoo_chuvoso)
159 mode(zoo_chuvoso)
160 class(zoo_chuvoso)
161
162 #Informações básicas
163 range(zoo_chuvoso) #menor e maior valores
164 length(zoo_chuvoso) #no. de colunas
165 ncol(zoo_chuvoso) #no. de N colunas
166 nrow(zoo_chuvoso) #no. de M linhas
167 sum(lengths(zoo_chuvoso)) #soma os nos. de colunas
168 length(as.matrix(zoo_chuvoso)) #tamanho da matriz m x n
169 sum(zoo_chuvoso == 0) #número de observações igual a zero
170 sum(zoo_chuvoso > 0) #número de observações maiores que zero
171 #calculando a proporção de zeros na matriz
172 zeros <- (sum(zoo_chuvoso == 0)/length(as.matrix(zoo_chuvoso)))*100
173 zeros
174
175 #####Descritores da diversidade
176 #?apply
177 Sum <- rowSums(zoo_chuvoso)
178 #ou
179 Sum <- apply(zoo_chuvoso, 1, sum)

```

```

180 Sum
181 ## Abundância relativa (%)
182 RA <- (Sum / sum(Sum)) * 100 # percentage
183 ## Media
184 Mean <- rowMeans(zoo_chuvoso)
185 Mean
186 ## Ou
187 Mean <- apply(zoo_chuvoso,1,mean)
188 Mean
189 ## Desvio padrão
190 DP <- apply(zoo_chuvoso,1,sd)
191 DP
192 ## Máximo
193 Max <- apply(zoo_chuvoso,1,max)
194 Max
195 ## Mínimo
196 Min <- apply(zoo_chuvoso,1,min)
197 Min
198 ## Mínimo não-zero
199 MinZ <- apply(zoo_chuvoso, 1, function(row) {
200   non_zero_values <- row[row > 0] # Filter out zero values
201   if (length(non_zero_values) == 0) {
202     return(0) # If all values are zero, return 0
203   } else {
204     return(min(non_zero_values)) # Return the minimum of non-zero values
205   }
206 })
207 MinZ
208
209 #Riqueza
210 m_pa <- zoo_chuvoso
211 m_pa[m_pa != 0] <- 1
212 rowSums(m_pa)
213 library(vegan)
214 bin <- decostand(zoo_chuvoso,"pa")
215 bin[1:10, 1:10]
216 S <- apply(bin,1,sum)
217 S
218 #OU
219 Riqueza <- specnumber(zoo_chuvoso)
220 Riqueza
221 Riqueza_total <- specnumber(colSums(zoo_chuvoso))
222 Riqueza_total

```

```

223 #OU
224 FO <- rowSums(zoo_chuvoso > 0) / ncol(zoo_chuvoso) * 100
225 FO
226
227 #Índices de Diversidade
228 #Shannon
229 H <- diversity(zoo_chuvoso, index = "shannon")
230 H
231
232 #Simpson
233 D <- diversity(zoo_chuvoso, "simpson")
234 D
235 D[is.na(D)] <- 0 #substitui NA ou NaN por 0
236 D
237
238 #Equitabilidade de Pielou
239 E <- H/log(specnumber(zoo_chuvoso))
240 E
241 E[is.na(E)] <- 0 #substitui NA ou NaN por 0
242 E
243
244 #Assimetria e curtose
245 library(moments)
246 Assimetria <- apply(zoo_chuvoso,1,skewness)
247 Assimetria
248 Curtose <- apply(zoo_chuvoso,1,kurtosis)
249 Curtose
250
251 #Tabela de Descritores
252 Descritores1 <- cbind(Sum, RA, Mean, DP, Max, Min, MinZ, FO, S, E, H, D)
253 Descritores1 <- as.data.frame(Descritores1)
254 Descritores1
255 #Descritores1 <- Descritores1 %>% rownames_to_column(var="Espécies") #da nome a primeira col
256 SomaTotalD <- apply(Descritores1,2,sum)
257 SomaTotalD
258 MediaTotalD <- apply(Descritores1,2,mean)
259 MediaTotalD
260 DPTotalD <- apply(Descritores1,2,sd)
261 DPTotalD
262 Descritores2 <- cbind(SomaTotalD, MediaTotalD, DPTotalD)
263 Descritores2 <- as.data.frame(Descritores2)
264 Descritores2 <- t(Descritores2)
265 Descritores2

```

```

266 DescritoresFinal <- rbind(Descritores1, Descritores2)
267 DescritoresFinal
268 DescritoresFinal <- round (DescritoresFinal, 2)
269 DescritoresFinal
270
271 ####Fazendo uma tabela
272 library(gt)
273 df_chuvoso <- DescritoresFinal
274 ncol(df_chuvoso); nrow(df_chuvoso) #no. de N colunas x M linhas
275 df_chuvoso <- cbind("Espécies" = rownames(df_chuvoso), df_chuvoso)
276 gt(df_chuvoso, rowname_col = "Espécies", caption = "Descritores da diversidade por espécie (
277
278 #ARREDONDAR CASA DÉCIMAL
279 ncol(df_chuvoso)
280 nrow(df_chuvoso)
281 #Adicionar a coluna 'Pontos' com os nomes das linhas
282 #df <- cbind(SPP = rownames(df), df)
283 #Arredondar os valores para duas casas decimais
284 df_chuvoso_arredondado <- df_chuvoso %>%
285   mutate(across(where(is.numeric), ~ round(., 1)))
286 #Exibir a tabela arredondada com gt
287 gt(df_chuvoso_arredondado, rowname_col = "Espécies", caption = "Descritores da diversidade p

```

2.3 Partitioning of diversity

A análise dos dados, conduzida por meio de diagramas de Venn, revelou a distribuição da riqueza de espécies nos riachos Barro Branco e Caiana durante os períodos seco (Figure 4) e chuvoso (Figure 5), destacando como diferentes espécies são compartilhadas e exclusivas entre estes ambientes.

No período seco (Figure 4), foram registradas 27 espécies compartilhadas entre os riachos. O Caiana apresentou alfa (α) diversidade de 46 espécies, destas, 19 eram espécies exclusivas, enquanto o Barro Branco apresentou α -diversidade de 39 espécies, com 12 espécies exclusivas. Considerando ambos os riachos, o patrimônio regional (β) foi de 58 espécies.

No período chuvoso (Figure 5), o número de espécies compartilhadas permaneceu inalterado, com 27 espécies. Entretanto, observou-se uma redução na α -diversidade e no número de espécies exclusivas, bem como na diversidade gama. No Caiana, a α -diversidade foi de 34 espécies, com 7 espécies ocorrendo apenas neste riacho. No Barro Branco, registrou-se α -diversidade de 33 espécies, com 6 espécies exclusivas. A β -diversidade total foi de 40 espécies.

De modo geral, os resultados indicam que o número de espécies exclusivas variou entre os períodos hidrológicos, embora grande parte da riqueza tenha sido compartilhada entre os

riachos.

```
1  #REBIO23 - DIAGRAMA DE VENN, PERÍODO SECO ----
2  #####....----
3
4  m_bruta_seco <- m_trab
5
6  #Inserindo coluna para agrupamentos
7  ncol(m_bruta_seco); nrow(m_bruta_seco) #no. de N colunas x M linhas
8  m_bruta_seco_g <- cbind(Grupos = rownames(m_bruta_seco), m_bruta_seco)
9  # Mantém a tabela completa
10 m_bruta_seco_g <- cbind(Grupos = rownames(m_bruta_seco), m_bruta_seco)
11 m_bruta_seco_g <- as.data.frame(m_bruta_seco_g)
12
13 # Vetor de agrupamento
14 agrup1 <- substr(m_bruta_seco_g$Grupos, 1, 3)
15 agrup1
16
17 # Filtra apenas os grupos que começam com "S"
18 m_bruta_seco_g_s <- m_bruta_seco_g[startsWith(agrup1, "S"), ]
19 m_bruta_seco_g_s$Grupos <- agrup1[startsWith(agrup1, "S")] # ajusta a coluna Grupos
20 m_bruta_seco_g_s
21
22 # Agora pode calcular médias
23 library(dplyr)
24 m_avg_s <- m_bruta_seco_g_s %>%
25   group_by(Grupos) %>%
26   summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(as.numeric(.x), na.rm = TRUE)))
27
28 m_avg_s <- as.data.frame(m_avg_s)
29 rownames(m_avg_s) <- m_avg_s$Grupos
30 m_avg_s$Grupos <- NULL
31 m_avg_s
32 #Salvando a matriz
33 write.table(m_avg_s,
34             "m_avgcsv.csv",
35             append = F,
36             quote = TRUE,
37             sep = ";", dec = ",",
38             row.names = T)
39 m_avg1_csv <- read.csv("m_avgcsv.csv",
40                       sep = ";", dec = ",",
41                       header = T,
```

```

42         row.names = 1,
43         na.strings = NA)
44 library("gt")
45 m_venn <- as.data.frame(t(m_avg_s))
46 m_venn
47 gt(round(m_venn, 2), rownames_to_stub = TRUE)
48 m_venn[m_venn !=0] <- 1 #matriz binária
49 m_venn
50 library("eulerr")
51 #set.seed() #this seed changes the orientation of the sets
52 plot(euler(m_venn), counts = TRUE, fontface = 1)
53 # Load required libraries
54 library(VennDiagram)
55 library(ggvenn)
56 SB <- rownames(m_venn)[which(m_venn$`S-B` == 1)]
57 SC <- rownames(m_venn)[which(m_venn$`S-C` == 1)]
58
59 overlap_SB_SC <- intersect(SB, SC)
60
61 #####Visualizar número de espécies em cada grupo e sobreposição
62 cat("Número de espécies S-B:", length(SB), "\n")
63 cat("Número de espécies S-C:", length(SC), "\n")
64 cat("Número de espécies em ambos (S-B S-C):", length(overlap_SB_SC), "\n")
65
66 #####Plotar
67 grid.newpage()
68 draw.pairwise.venn(
69   area1 = length(SB),
70   area2 = length(SC),
71   cross.area = length(overlap_SB_SC),
72   category = c("S-B", "S-C"),
73   lty = rep("blank", 2),
74   fill = c("grey40", "grey70"),
75   alpha = rep(0.5, 2),
76   cat.pos = c(0, 0),
77   cat.dist = rep(0.025, 2)
78 )
79
80 #####Salvar em PNG
81 venn.diagram(
82   x = list(SB, SC),
83   category.names = c("S-B", "S-C"),
84   filename = "fig-venn_SB_SC_seco.png",

```

```

85   height = 2000,
86   width = 2000,
87   resolution = 300,
88   lty = "blank",
89   fill = c("grey40", "grey70"),
90   alpha = 0.5
91 )
92
93
94 #REBIO23 - DIAGRAMA DE VENN, PERÍODO CHUVOSO ----
95 #####....-----
96
97 m_bruta_chuvoso <- m_trab
98
99 #Inserindo coluna para agrupamentos
100 ncol(m_bruta_chuvoso); nrow(m_bruta_chuvoso) #no. de N colunas x M linhas
101 m_bruta_chuvoso_g <- cbind(Grupos = rownames(m_bruta_chuvoso), m_bruta_chuvoso)
102 # Mantém a tabela completa
103 m_bruta_chuvoso_g <- cbind(Grupos = rownames(m_bruta_chuvoso), m_bruta_chuvoso)
104 m_bruta_chuvoso_g <- as.data.frame(m_bruta_chuvoso_g)
105
106 #Vetor de agrupamento
107 agrup1 <- substr(m_bruta_chuvoso_g$Grupos, 1, 3)
108 agrup1
109
110 #Filtra apenas os grupos que começam com "C"
111 m_bruta_chuvoso_g_c <- m_bruta_chuvoso_g[startsWith(agrup1, "C"), ]
112 m_bruta_chuvoso_g_c$Grupos <- agrup1[startsWith(agrup1, "C")] # ajusta a coluna Grupos
113 m_bruta_chuvoso_g_c
114
115 #Médias
116 library(dplyr)
117 m_avg_c <- m_bruta_chuvoso_g_c %>%
118   group_by(Grupos) %>%
119   summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(as.numeric(.x), na.rm = TRUE)))
120
121 m_avg_c <- as.data.frame(m_avg_c)
122 rownames(m_avg_c) <- m_avg_c$Grupos
123 m_avg_c$Grupos <- NULL
124 m_avg_c
125
126 ##Salvando a matriz
127 write.table(m_avg_c,

```

```

128         "m_avgcsv.csv",
129         append = F,
130         quote = TRUE,
131         sep = ";", dec = ",",
132         row.names = T)
133 m_avg1_csv <- read.csv("m_avgcsv.csv",
134                       sep = ";", dec = ",",
135                       header = T,
136                       row.names = 1,
137                       na.strings = NA)
138 library("gt")
139 m_venn <- as.data.frame(t(m_avg_c))
140 m_venn
141 gt(round(m_venn, 2), rownames_to_stub = TRUE)
142 m_venn[m_venn !=0] <- 1 #matriz binária
143 m_venn
144 library("eulerr")
145 #set.seed() #this seed changes the orientation of the sets
146 plot(euler(m_venn), counts = TRUE, fontface = 1)
147 # Load required libraries
148 library(VennDiagram)
149 library(ggvenn)
150 CB <- rownames(m_venn)[which(m_venn$`C-B` == 1)]
151 CC <- rownames(m_venn)[which(m_venn$`C-C` == 1)]
152
153 overlap_CB_CC <- intersect(CB, CC)
154
155 ####Visualizar número de espécies em cada grupo e sobreposição
156 cat("Número de espécies C-B:", length(CB), "\n")
157 cat("Número de espécies C-C:", length(CC), "\n")
158 cat("Número de espécies em ambos (C-B C-C):", length(overlap_CB_CC), "\n")
159
160 #Plotar
161 grid.newpage()
162 draw.pairwise.venn(
163   area1 = length(CB),
164   area2 = length(CC),
165   cross.area = length(overlap_CB_CC),
166   category = c("C-B", "C-C"),
167   lty = rep("blank", 2),
168   fill = c("grey40", "grey70"),
169   alpha = rep(0.5, 2),
170   cat.pos = c(0, 0),

```

```

171   cat.dist = rep(0.025, 2)
172 )
173
174 #Salvar em PNG
175 venn.diagram(
176   x = list(CB, CC),
177   category.names = c("C-B", "C-C"),
178   filename = "fig-venn_CB_CC_chuvoso.png",
179   height = 2000,
180   width = 2000,
181   resolution = 300,
182   lty = "blank",
183   fill = c("grey40", "grey70"),
184   alpha = 0.5
185 )

```

2.4 Additive partition

Os valores observados representam a proporção percentual da diversidade zooplanctônica registrada no presente estudo, enquanto os valores esperados correspondem à proporção estimada a partir de amostras aleatórias contendo maior riqueza de espécies do que a amostra observada. Utilizou-se o método de partição aditiva, com base nas médias do componente alfa (α), para realização das comparações entre habitats, pontos de amostragem e riachos (Tabela 2 e Figura 5 e 6). Assim, a variação total da diversidade zooplanctônica (diversidade gama) foi decomposta em diversidade alfa (α) e beta (β). A diversidade total (γ) foi assumida como constante e igual a 1,00 em todas as comparações.

A tabela e figuras (Figuras 5A,5B e 5C e Figuras 6A, 6B e 6C) abordam duas escalas espaciais: uma maior, englobando ambos os riachos Caiana e Barro Branco, e uma menor, que se refere a apenas um dos riachos, seja Barro Branco ou Caiana separadamente.

Período seco

Em uma escala mais ampla, considerando ambos os riachos (Tabela 2, Figure 6), a diversidade alfa (α) observada entre os riachos Barro Branco e Caiana foi significativamente menor e diferente (0,12%) do que o esperado (0,19%; $P < 0,999$).

A diversidade observada entre os habitats (1) foi de 0,10%, tendo um valor menor do que o esperado (0,15%; $P < 0,999$). Contudo, a respeito da diversidade entre todos os pontos (2), a riqueza observada (0,51%) é ligeiramente similar à esperada (0,50%), com um valor de significância $P = 0,477$. Entre os riachos Barro Branco e Caiana (3), o valor observado (0,27%) foi maior do que o esperado (0,16%), com valor de significância $P = 0,001$.

A α -diversidade observada no riacho Barro Branco (Tabela 2, Figure 7) foi significativamente menor e diferente (0,20%) do esperado (0,27%; $P < 0,999$). O mesmo acontece na diversidade entre os habitats (1), com 0,15% de diversidade observada ($P < 0,999$). Entretanto, a diversidade entre os pontos (2) foi significativamente maior (0,65%) que o esperado (0,53%; $P = 0,001$).

No Caiana (Tabela 2; Figure 8), a diversidade estimada no componente alfa foi menor do que o esperado (0,22%), com apenas 0,15% observada ($P < 0,999$). Em 1, foi observado 0,12%, sendo significativamente inferior ao esperado (0,16%; $P < 0,999$), tendo em vista que o valor esperado era de 0,16% ($P < 0,999$). Em 2, o observado foi de 0,73%, maior do que o valor esperado de 0,61% ($P = 0,001$).

```
1 #REBIO23 - PARTIÇÃO ADITIVA - PERÍODO SECO----
2 #####....----
3
4 library(tibble); library(tidyverse); library(forcats); library(openxlsx); library(Rcpp); lib
5
6 m_part_seco <- zoo_seco
7
8 #ler matriz escalas_seco
9
10 escalas_seco <- zoo <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Downloads/Manuscritos/rebio23-part/dados/re
11                               rowNames = T, colNames = T,
12                               sheet = "escalas_seco")
13
14 #rebio
15 colnames(escalas_seco)
16 escala.total_seco <- escalas_seco[, c("rebio.habitat", "rebio.ponto", "rebio.rio", "rebio")]
17 head(escala.total_seco)
18 dim(escala.total_seco)
19
20 #matriz - escala bb
21 escala.bb_seco <- escalas_seco[, c("bb.habitat", "bb.ponto", "barrobranco")]
22 head(escala.bb_seco)
23 dim(escala.bb_seco)
24
25 #matriz - escala ca
26 escala.ca_seco <- escalas_seco[, c("ca.habitat", "ca.ponto", "caiana")]
27 head(escala.ca_seco)
28 dim(escala.ca_seco)
29
30 #ler matriz fauna total
31 fauna.zoo_seco <- m_part_seco
```

```

32 fauna.zoo_seco[] <- lapply(fauna.zoo_seco, function(x) as.numeric(as.character(x)))
33 head(fauna.zoo_seco)
34 ncol(fauna.zoo_seco)
35 dim(fauna.zoo_seco)
36 #view(fauna.zoo_seco)
37
38 #Fauna - bb
39 fauna.zoo.bb_seco <- fauna.zoo_seco[1:18,]
40 head(fauna.zoo.bb_seco)
41 ncol(fauna.zoo.bb_seco)
42 dim(fauna.zoo.bb_seco)
43
44 #Fauna - ca
45 fauna.zoo.ca_seco <- fauna.zoo_seco[19:45,]
46 head(fauna.zoo.ca_seco)
47 ncol(fauna.zoo.ca_seco)
48 dim(fauna.zoo.ca_seco)
49
50 #####
51 #COMANDO
52 #PARTIÇÃO GERAL
53
54 #adipart(fauna,env, index="richness", relative=TRUE,
55 #         weights="unif",nsimul=999)
56
57 #Fauna total
58 library(vegan)
59 #part.geral_seco<-adipart(y=fauna.zoo_seco,x=escala.total_seco, index="richness", relative=F
60 #         weights="unif",nsimul=999)
61 #part.geral_seco
62 #EM PORCENTAGEM
63 part.geral_seco<-adipart(y=fauna.zoo_seco,x=escala.total_seco, index="richness", relative=TR
64         weights="unif",nsimul=999)
65 part.geral_seco
66 str(part.geral_seco)
67
68 #####
69 # Extrair valores do objeto part.geral_seco
70 statistic <- part.geral_seco$statistic
71 SES <- part.geral_seco$oecosimu$z
72 mean <- part.geral_seco$oecosimu$means
73 lower_2.5 <- apply(part.geral_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
74 median_50 <- apply(part.geral_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)

```

```

75 upper_97.5 <- apply(part.geral_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
76 Pr_sim <- part.geral_seco$oecosimu$pval
77
78 # Definir função para adicionar significância
79 get_significance <- function(p) {
80   if (p <= 0.001) {
81     return("****")
82   } else if (p <= 0.01) {
83     return("**")
84   } else if (p <= 0.05) {
85     return("*")
86   } else if (p <= 0.1) {
87     return(".")
88   } else {
89     return(" ")
90   }
91 }
92 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
93
94 # Criar dataframe com todas as informações
95 diversity_data_seco <- data.frame(
96   Component = names(statistic),
97   Observed = round(statistic, 2),
98   SES = round(SES, 2),
99   Mean = round(mean, 2),
100  Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
101  Median_50 = round(median_50, 2),
102  Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
103  Pr_sim = Pr_sim,
104  Sign = significance
105 )
106
107 # Exibir a tabela
108 library(gt)
109 print(diversity_data_seco)
110 str(part.geral_seco)
111 gt(diversity_data_seco)
112
113 #####
114 # Criar dataframe com valores observados e esperados
115 observed_values <- part.geral_seco$statistic
116 observed_values
117 expected_values <- part.geral_seco$oecosimu$means

```

```

118 expected_values
119 # Combine observed and expected values into a dataframe
120 df <- data.frame(
121   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
122   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
123   Value = c(expected_values, observed_values)
124 )
125 df$Type <- factor(df$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
126 df
127 df_filtered <- df[!df$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma"), ]
128 df_filtered$Componente <- factor(df_filtered$Componente,
129   levels = c("beta.3", "beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
130 df_filtered
131
132 diversity_data_seco <- df_filtered
133 diversity_data_seco
134 # Calcular porcentagens para cada componente
135 diversity_data_seco <- diversity_data_seco %>%
136   group_by(Type) %>%
137   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
138
139 # Carregar pacotes necessários
140 library(ggplot2)
141 library(dplyr)
142
143 # Criar o gráfico
144 ggplot(diversity_data_seco, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
145   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
146   labs(title = "A) Riachos - Período Seco",
147     y = "Total da diversidade (%)",
148     x = "") +
149   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
150     "beta.1" = "darkgray",
151     "beta.2" = "gray",
152     "beta.3" = "lightgray")) +
153
154   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta
155   theme_minimal() +
156   theme(
157     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
158     panel.grid = element_blank()
159   )
160

```

```

161 #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo_seco,x=escala.total_seco, FUN=diversity)
162 #hier
163
164 #####
165 #PARTIÇÃO BARRO BRANCO
166
167 #Fauna total
168 library(vegan)
169 #part.geral_seco<-adipart(y=fauna.zoo_seco,x=escala.total_seco, index="richness", relative=F
170 #                               weights="unif",nsimul=999)
171 #part.geral_seco
172 #EM PORCENTAGEM
173 part.bb_seco<-adipart(y=fauna.zoo.bb_seco,x=escala.bb_seco, index="richness", relative=TRUE,
174                       weights="unif",nsimul=999)
175 part.bb_seco
176 str(part.bb_seco)
177
178 #####
179 # Extrair valores do objeto part.bb_seco
180 statistic <- part.bb_seco$statistic
181 SES <- part.bb_seco$oecosimu$z
182 mean <- part.bb_seco$oecosimu$means
183 lower_2.5 <- apply(part.bb_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
184 median_50 <- apply(part.bb_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)
185 upper_97.5 <- apply(part.bb_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
186 Pr_sim <- part.bb_seco$oecosimu$pval
187
188 # Definir função para adicionar significância
189 get_significance <- function(p) {
190   if (p <= 0.001) {
191     return("***")
192   } else if (p <= 0.01) {
193     return("**")
194   } else if (p <= 0.05) {
195     return("*")
196   } else if (p <= 0.1) {
197     return(".")
198   } else {
199     return(" ")
200   }
201 }
202 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
203

```

```

204 # Criar dataframe com todas as informações
205 diversity_data_seco.bb <- data.frame(
206   Component = names(statistic),
207   Observed = round(statistic, 2),
208   SES = round(SES, 2),
209   Mean = round(mean, 2),
210   Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
211   Median_50 = round(median_50, 2),
212   Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
213   Pr_sim = Pr_sim,
214   Sign = significance
215 )
216
217 # Exibir a tabela
218 library(gt)
219 print(diversity_data_seco.bb)
220 str(part.bb_seco)
221 gt(diversity_data_seco.bb)
222
223 #####
224 # Criar dataframe com valores observados e esperados
225 observed_values <- part.bb_seco$statistic
226 observed_values
227 expected_values <- part.bb_seco$oecosimu$means
228 expected_values
229 # Combine observed and expected values into a dataframe
230 df.bb <- data.frame(
231   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
232   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
233   Value = c(expected_values, observed_values)
234 )
235 df.bb$Type <- factor(df.bb$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
236 df.bb
237
238 df_filtered.bb <- df.bb[!df.bb$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma", "beta.3"), ]
239 df_filtered.bb$Componente <- factor(df_filtered.bb$Componente,
240                                   levels = c("beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
241 df_filtered.bb
242
243 diversity_data_seco.bb <- df_filtered.bb
244 diversity_data_seco.bb
245 # Calcular porcentagens para cada componente
246 diversity_data_seco.bb <- diversity_data_seco.bb %>%

```

```

247   group_by(Type) %>%
248   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
249
250   # Carregar pacotes necessários
251   library(ggplot2)
252   library(dplyr)
253
254   # Criar o gráfico
255   ggplot(versidade_data_seco.bb, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
256   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
257   labs(title = "B) Barro Branco - Período Seco",
258        y = "Total da diversidade (%)",
259        x = "") +
260   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
261                                "beta.1" = "darkgray",
262                                "beta.2" = "gray")) +
263   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta
264   theme_minimal() +
265   theme(
266     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
267     panel.grid = element_blank()
268   )
269
270   #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo.bb_seco,x=escala.bb_seco, FUN=diversity)
271   #hier
272
273   #####
274   #PARTIÇÃO CAIANA
275
276   #adipart(fauna,env, index="richness", relative=TRUE,
277   #        weights="unif",nsimul=999)
278
279   #Fauna total
280   library(vegan)
281   #part.geral_seco<-adipart(y=fauna.zoo_seco,x=escala.total_seco, index="richness", relative=F
282   #        weights="unif",nsimul=999)
283   #part.geral_seco
284   #EM PORCENTAGEM
285   part.ca_seco<-adipart(y=fauna.zoo.ca_seco,x=escala.ca_seco, index="richness", relative=TRUE,
286   weights="unif",nsimul=999)
287   part.ca_seco
288   str(part.ca_seco)
289

```

```

290 #####
291 # Extrair valores do objeto part.ca_seco
292 statistic <- part.ca_seco$statistic
293 SES <- part.ca_seco$oecosimu$z
294 mean <- part.ca_seco$oecosimu$means
295 lower_2.5 <- apply(part.ca_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
296 median_50 <- apply(part.ca_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)
297 upper_97.5 <- apply(part.ca_seco$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
298 Pr_sim <- part.ca_seco$oecosimu$pval
299
300 # Definir função para adicionar significância
301 get_significance <- function(p) {
302   if (p <= 0.001) {
303     return("****")
304   } else if (p <= 0.01) {
305     return("***")
306   } else if (p <= 0.05) {
307     return("**")
308   } else if (p <= 0.1) {
309     return(".")
310   } else {
311     return(" ")
312   }
313 }
314 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
315
316 # Criar dataframe com todas as informações
317 diversity_data_seco.ca <- data.frame(
318   Component = names(statistic),
319   Observed = round(statistic, 2),
320   SES = round(SES, 2),
321   Mean = round(mean, 2),
322   Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
323   Median_50 = round(median_50, 2),
324   Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
325   Pr_sim = Pr_sim,
326   Sign = significance
327 )
328
329 # Exibir a tabela
330 library(gt)
331 print(diversity_data_seco.ca)
332 str(part.ca_seco)

```

```

333 gt(diversity_data_seco.ca)
334
335 #####
336 # Criar dataframe com valores observados e esperados
337 observed_values <- part.ca_seco$statistic
338 observed_values
339 expected_values <- part.ca_seco$oecosimu$means
340 expected_values
341 # Combine observed and expected values into a dataframe
342 df.ca <- data.frame(
343   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
344   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
345   Value = c(expected_values, observed_values)
346 )
347 df.ca$Type <- factor(df.ca$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
348 df.ca
349
350 df_filtered.ca <- df.ca[!df.ca$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma", "beta.3"), ]
351 df_filtered.ca$Componente <- factor(df_filtered.ca$Componente,
352   levels = c("beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
353 df_filtered.ca
354
355 diversity_data_seco.ca <- df_filtered.ca
356 diversity_data_seco.ca
357 # Calcular porcentagens para cada componente
358 diversity_data_seco.ca <- diversity_data_seco.ca %>%
359   group_by(Type) %>%
360   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
361
362 # Carregar pacotes necessários
363 library(ggplot2)
364 library(dplyr)
365
366 # Criar o gráfico
367 ggplot(diversity_data_seco.ca, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
368   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
369   labs(title = "C) Caiana - Período Seco",
370        y = "Total da diversidade (%)",
371        x = "") +
372   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
373                                "beta.1" = "darkgray",
374                                "beta.2" = "gray")) +
375   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta

```

```

376   theme_minimal() +
377   theme(
378     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
379     panel.grid = element_blank()
380   )
381
382   #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo.ca_seco,x=escala.ca_seco, FUN=diversity)
383   #hier

```

Período chuvoso

No período chuvoso, considerando ambos os riachos (Tabela 2; Figure 9), a diversidade apresentou valor observado de 0,24%, inferior ao esperado (0,52%; $P < 0,999$). A diversidade 1 apresentou valor observado de 0,12%, inferior ao valor esperado (0,18%; $P < 0,999$).

A diversidade 2 observada (0,48%) foi superior ao esperado (0,27%), com nível de significância $P = 0,001$. Foi observada em 3 uma diversidade acima (0,16%) do esperado (0,04%; $P = 0,001$).

No Barro Branco (Tabela 2; Figure 10), a diversidade observada foi de 0,24%, abaixo do esperado (0,44%; $P < 0,999$). Sua diversidade entre habitats apresentou valor observado de 0,13%, inferior ao esperado (0,18%; $P = 0,003$). Entre os pontos, o valor observado (0,63%) foi superior ao esperado (0,38%; $P = 0,001$).

O Caiana (Tabela 2; Figure 11) também demonstrou diversidade observada (0,31%) abaixo do esperado (0,62%; $P < 0,999$). Entre habitats, a diversidade observada era de 0,15%, quando o esperado era de 0,18% ($P = 0,007$). Contudo, seu 2 foi acima do esperado ($P = 0,001$), com valor observado (0,55%) superior ao esperado (0,21%).

Diversidades com significância P menor que 0,999 indicam que a diversidade observada é relativamente comum ou não é rara se comparada ao que seria esperado. Vale ressaltar que em todas as comparações, o valor da diversidade gama () não muda, sendo assim, é assumido o valor de 1,00.

```

1   ##REBIO23 - PARTIÇÃO ADITIVA - PERÍODO CHUVOSO----
2   #####....----
3
4   library(tibble); library(tidyverse); library(forcats); library(openxlsx); library(Rcpp); lib
5
6   m_part_chuvoso <- zoo_chuvoso
7
8   #ler matriz escalas_chuvoso
9
10  escalas_chuvoso <- zoo <- read.xlsx("C:/Users/ellen/Downloads/Manuscritos/rebio23-part/dados,
11                                  rowNames = T, colNames = T,
12                                  sheet = "escalas_chuvoso")

```

```

13
14 #rebio
15 colnames(escalas_chuvoso)
16 escala.total_chuvoso <- escalas_chuvoso[, c("rebio.habitat","rebio.ponto", "rebio.rio", "rebio.
17 head(escala.total_chuvoso)
18 dim(escala.total_chuvoso)
19
20 #matriz - escala bb
21 escala.bb_chuvoso <- escalas_chuvoso[, c("bb.habitat","bb.ponto","barrobranco")]
22 head(escala.bb_chuvoso)
23 dim(escala.bb_chuvoso)
24
25 #matriz - escala ca
26 escala.ca_chuvoso <- escalas_chuvoso[, c("ca.habitat","ca.ponto","caiana")]
27 head(escala.ca_chuvoso)
28 dim(escala.ca_chuvoso)
29
30 #ler matriz fauna total
31 fauna.zoo_chuvoso <- m_part_chuvoso
32 fauna.zoo_chuvoso[] <- lapply(fauna.zoo_chuvoso, function(x) as.numeric(as.character(x)))
33 head(fauna.zoo_chuvoso)
34 ncol(fauna.zoo_chuvoso)
35 dim(fauna.zoo_chuvoso)
36 #view(fauna.zoo_chuvoso)
37
38 #Fauna - bb
39 fauna.zoo.bb_chuvoso <- fauna.zoo_chuvoso[1:18,]
40 head(fauna.zoo.bb_chuvoso)
41 ncol(fauna.zoo.bb_chuvoso)
42 dim(fauna.zoo.bb_chuvoso)
43
44 #Fauna - ca
45 fauna.zoo.ca_chuvoso <- fauna.zoo_chuvoso[19:45,]
46 head(fauna.zoo.ca_chuvoso)
47 ncol(fauna.zoo.ca_chuvoso)
48 dim(fauna.zoo.ca_chuvoso)
49
50 #####
51 #COMANDO
52 #PARTIÇÃO GERAL
53
54 #adipart(fauna,env, index="richness", relative=TRUE,
55 #         weights="unif",nsimul=999)

```

```

56
57 #Fauna total
58 library(vegan)
59 #part.geral_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo_chuvoso,x=escala.total_chuvoso, index="richness", r
60 #                               weights="unif",nsimul=999)
61 #part.geral_chuvoso
62 #EM PORCENTAGEM
63 part.geral_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo_chuvoso,x=escala.total_chuvoso, index="richness", re
64                               weights="unif",nsimul=999)
65 part.geral_chuvoso
66 str(part.geral_chuvoso)
67
68 #####
69 # Extrair valores do objeto part.geral_chuvoso
70 statistic <- part.geral_chuvoso$statistic
71 SES <- part.geral_chuvoso$oecosimu$z
72 mean <- part.geral_chuvoso$oecosimu$means
73 lower_2.5 <- apply(part.geral_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
74 median_50 <- apply(part.geral_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)
75 upper_97.5 <- apply(part.geral_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
76 Pr_sim <- part.geral_chuvoso$oecosimu$pval
77
78 # Definir função para adicionar significância
79 get_significance <- function(p) {
80   if (p <= 0.001) {
81     return("***")
82   } else if (p <= 0.01) {
83     return("**")
84   } else if (p <= 0.05) {
85     return("*")
86   } else if (p <= 0.1) {
87     return(".")
88   } else {
89     return(" ")
90   }
91 }
92 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
93
94 # Criar dataframe com todas as informações
95 diversity_data_chuvoso <- data.frame(
96   Component = names(statistic),
97   Observed = round(statistic, 2),
98   SES = round(SES, 2),

```

```

99   Mean = round(mean, 2),
100  Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
101  Median_50 = round(median_50, 2),
102  Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
103  Pr_sim = Pr_sim,
104  Sign = significance
105 )
106
107 # Exibir a tabela
108 library(gt)
109 print(diversity_data_chuvoso)
110 str(part.geral_chuvoso)
111 gt(diversity_data_chuvoso)
112
113 #####
114 # Criar dataframe com valores observados e esperados
115 observed_values <- part.geral_chuvoso$statistic
116 observed_values
117 expected_values <- part.geral_chuvoso$oecosimu$means
118 expected_values
119 # Combine observed and expected values into a dataframe
120 df <- data.frame(
121   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
122   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
123   Value = c(expected_values, observed_values)
124 )
125 df$Type <- factor(df$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
126 df
127 df_filtered <- df[!df$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma"), ]
128 df_filtered$Componente <- factor(df_filtered$Componente,
129                                levels = c("beta.3", "beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
130 df_filtered
131
132 diversity_data_chuvoso <- df_filtered
133 diversity_data_chuvoso
134 # Calcular porcentagens para cada componente
135 diversity_data_chuvoso <- diversity_data_chuvoso %>%
136   group_by(Type) %>%
137   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
138
139 # Carregar pacotes necessários
140 library(ggplot2)
141 library(dplyr)

```

```

142
143 # Criar o gráfico
144 ggplot(diversity_data_chuvoso, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
145   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
146   labs(title = "A) Riachos - Período Chuvoso",
147        y = "Total da diversidade (%)",
148        x = "") +
149   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
150                               "beta.1" = "darkgray",
151                               "beta.2" = "gray",
152                               "beta.3" = "lightgray")) +
153
154   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta
155   theme_minimal() +
156   theme(
157     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
158     panel.grid = element_blank()
159   )
160
161 #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo_chuvoso,x=escala.total_chuvoso, FUN=diversity)
162 #hier
163
164 #####
165 #PARTIÇÃO BARRO BRANCO
166
167 #Fauna total
168 library(vegan)
169 #part.geral_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo_chuvoso,x=escala.total_chuvoso, index="richness", r
170 #                               weights="unif",nsimul=999)
171 #part.geral_chuvoso
172 #EM PORCENTAGEM
173 part.bb_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo.bb_chuvoso,x=escala.bb_chuvoso, index="richness", relat
174                               weights="unif",nsimul=999)
175 part.bb_chuvoso
176 str(part.bb_chuvoso)
177
178 #####
179 # Extrair valores do objeto part.bb_chuvoso
180 statistic <- part.bb_chuvoso$statistic
181 SES <- part.bb_chuvoso$oecosimu$z
182 mean <- part.bb_chuvoso$oecosimu$means
183 lower_2.5 <- apply(part.bb_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
184 median_50 <- apply(part.bb_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)

```

```

185 upper_97.5 <- apply(part.bb_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
186 Pr_sim <- part.bb_chuvoso$oecosimu$pval
187
188 # Definir função para adicionar significância
189 get_significance <- function(p) {
190   if (p <= 0.001) {
191     return("***")
192   } else if (p <= 0.01) {
193     return("**")
194   } else if (p <= 0.05) {
195     return("*")
196   } else if (p <= 0.1) {
197     return(".")
198   } else {
199     return(" ")
200   }
201 }
202 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
203
204 # Criar dataframe com todas as informações
205 diversity_data_chuvoso.bb <- data.frame(
206   Component = names(statistic),
207   Observed = round(statistic, 2),
208   SES = round(SES, 2),
209   Mean = round(mean, 2),
210   Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
211   Median_50 = round(median_50, 2),
212   Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
213   Pr_sim = Pr_sim,
214   Sign = significance
215 )
216
217 # Exibir a tabela
218 library(gt)
219 print(diversity_data_chuvoso.bb)
220 str(part.bb_chuvoso)
221 gt(diversity_data_chuvoso.bb)
222
223 #####
224 # Criar dataframe com valores observados e esperados
225 observed_values <- part.bb_chuvoso$statistic
226 observed_values
227 expected_values <- part.bb_chuvoso$oecosimu$means

```

```

228 expected_values
229 # Combine observed and expected values into a dataframe
230 df.bb <- data.frame(
231   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
232   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
233   Value = c(expected_values, observed_values)
234 )
235 df.bb$Type <- factor(df.bb$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
236 df.bb
237
238 df_filtered.bb <- df.bb[!df.bb$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma", "beta.3"), ]
239 df_filtered.bb$Componente <- factor(df_filtered.bb$Componente,
240   levels = c("beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
241 df_filtered.bb
242
243 diversity_data_chuvoso.bb <- df_filtered.bb
244 diversity_data_chuvoso.bb
245 # Calcular porcentagens para cada componente
246 diversity_data_chuvoso.bb <- diversity_data_chuvoso.bb %>%
247   group_by(Type) %>%
248   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
249
250 # Carregar pacotes necessários
251 library(ggplot2)
252 library(dplyr)
253
254 # Criar o gráfico
255 ggplot(diversity_data_chuvoso.bb, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
256   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
257   labs(title = "B) Barro Branco - Período chuvoso",
258     y = "Total da diversidade (%)",
259     x = "") +
260   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
261     "beta.1" = "darkgray",
262     "beta.2" = "gray")) +
263   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta
264   theme_minimal() +
265   theme(
266     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
267     panel.grid = element_blank()
268   )
269
270 #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo.bb_chuvoso,x=escala.bb_chuvoso, FUN=diversity)

```

```

271 #hier
272
273 #####
274 #PARTIÇÃO CAIANA
275
276 #adipart(fauna,env, index="richness", relative=TRUE,
277 #       weights="unif",nsimul=999)
278
279 #Fauna total
280 library(vegan)
281 #part.geral_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo_chuvoso,x=escala.total_chuvoso, index="richness", r
282 #       weights="unif",nsimul=999)
283 #part.geral_chuvoso
284 #EM PORCENTAGEM
285 part.ca_chuvoso<-adipart(y=fauna.zoo.ca_chuvoso,x=escala.ca_chuvoso, index="richness", relat
286 #       weights="unif",nsimul=999)
287 part.ca_chuvoso
288 str(part.ca_chuvoso)
289
290 #####
291 # Extrair valores do objeto part.ca_chuvoso
292 statistic <- part.ca_chuvoso$statistic
293 SES <- part.ca_chuvoso$oecosimu$z
294 mean <- part.ca_chuvoso$oecosimu$means
295 lower_2.5 <- apply(part.ca_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.025)
296 median_50 <- apply(part.ca_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.50)
297 upper_97.5 <- apply(part.ca_chuvoso$oecosimu$simulated, 1, quantile, probs = 0.975)
298 Pr_sim <- part.ca_chuvoso$oecosimu$pval
299
300 # Definir função para adicionar significância
301 get_significance <- function(p) {
302   if (p <= 0.001) {
303     return("****")
304   } else if (p <= 0.01) {
305     return("**")
306   } else if (p <= 0.05) {
307     return("*")
308   } else if (p <= 0.1) {
309     return(".")
310   } else {
311     return(" ")
312   }
313 }

```

```

314 significance <- sapply(Pr_sim, get_significance)
315
316 # Criar dataframe com todas as informações
317 diversity_data_chuvoso.ca <- data.frame(
318   Component = names(statistic),
319   Observed = round(statistic, 2),
320   SES = round(SES, 2),
321   Mean = round(mean, 2),
322   Lower_2.5 = round(lower_2.5, 2),
323   Median_50 = round(median_50, 2),
324   Upper_97.5 = round(upper_97.5, 2),
325   Pr_sim = Pr_sim,
326   Sign = significance
327 )
328
329 # Exibir a tabela
330 library(gt)
331 print(diversity_data_chuvoso.ca)
332 str(part.ca_chuvoso)
333 gt(diversity_data_chuvoso.ca)
334
335 #####
336 # Criar dataframe com valores observados e esperados
337 observed_values <- part.ca_chuvoso$statistic
338 observed_values
339 expected_values <- part.ca_chuvoso$oecosimu$means
340 expected_values
341 # Combine observed and expected values into a dataframe
342 df.ca <- data.frame(
343   Componente = names(observed_values), # Use names from observed_values
344   Type = rep(c("Esperado", "Observado"), each = length(observed_values)),
345   Value = c(expected_values, observed_values)
346 )
347 df.ca$Type <- factor(df.ca$Type, levels = c("Esperado", "Observado"))
348 df.ca
349
350 df_filtered.ca <- df.ca[!df.ca$Componente %in% c("alpha.2", "alpha.3", "gamma", "beta.3"), ]
351 df_filtered.ca$Componente <- factor(df_filtered.ca$Componente,
352                                   levels = c("beta.2", "beta.1", "alpha.1"))
353 df_filtered.ca
354
355 diversity_data_chuvoso.ca <- df_filtered.ca
356 diversity_data_chuvoso.ca

```

```

357 # Calcular porcentagens para cada componente
358 diversity_data_chuvoso.ca <- diversity_data_chuvoso.ca %>%
359   group_by(Type) %>%
360   mutate(Percentage = Value / sum(Value) * 100)
361
362 # Carregar pacotes necessários
363 library(ggplot2)
364 library(dplyr)
365
366 # Criar o gráfico
367 ggplot(diversity_data_chuvoso.ca, aes(fill = Componente, y = Percentage, x = Type)) +
368   geom_bar(position = "stack", stat = "identity") +
369   labs(title = "C) Caiana - Período chuvoso",
370        y = "Total da diversidade (%)",
371        x = "") +
372   scale_fill_manual(values = c("alpha.1" = "black",
373                                "beta.1" = "darkgray",
374                                "beta.2" = "gray")) +
375   scale_y_continuous(limits = c(0,100), breaks = seq(0, 100, by = 10)) + # Aqui você ajusta
376   theme_minimal() +
377   theme(
378     axis.text.x = element_text(angle = 0, hjust = 0.5),
379     panel.grid = element_blank()
380   )
381
382 #hier <- hiersimu(y=fauna.zoo.ca_chuvoso,x=escala.ca_chuvoso, FUN=diversity)
383 #hier

```

2.5 Multiplicative partition

Assim como na aplicação da partição aditiva, os valores obtidos representam a proporção percentual da diversidade zooplanctônica registrada no presente estudo, enquanto os valores esperados correspondem à proporção estimada a partir de amostras aleatórias contendo maior riqueza de espécies do que a amostra observada.

A tabela 3 aborda duas escalas espaciais: uma maior, englobando ambos os riachos Caiana e Barro Branco, e uma menor, que se refere a apenas um dos riachos separadamente, seja Barro Branco ou Caiana.

Período seco

Considerando ambos os riachos (Tabela 3) a unidade de amostragem, apresentou valor observado (2,94%) inferior ao esperado (4,84%; P 0,999). Em contraste, os componentes -

diversidade apresentaram valores observados superiores ao esperado ($P=0,001$). A diversidade entre habitats ($_1$) foi de 2,05%, quando o esperado era de 1,24%. Entre pontos ($_2$), a diversidade observada foi de 1,92%, quando o esperado era de 1,11%, entre riachos ($_3$), foi observado 1,18%, superior ao esperado (1,00%). A contribuição para a diversidade total ($_$) foi de 6,04%

Em relação ao riacho Barro Branco (Tabela 3), o alfa observado (2,75%) foi inferior ao que era esperado (3,56%; $P<0,999$). Seus betas observados foram maiores que o esperado ($P=0,001$), em que o componente $_1$ obteve o valor de 1,50% e o componente $_2$ atingiu 1,39%. Sua diversidade gama foi de 4,13%.

A α -diversidade observada no Caiana (Tabela 3) foi de 3,08%, quando o esperado era que fosse 4,89% ($P<0,999$). Assim como no Barro Branco, as α -diversidades observadas foram maiores que o esperado ($P=0,001$), tendo em vista que $_1$ foi de 1,97% e $_2$ apresentou valores de 1,85%. O patrimônio regional de espécies atingiu o valor de 6,08%.

```

1  #REBIO23 - PARTIÇÃO MULTIPLICATIVA - PERÍODO SECO----
2  #####.....-----
3
4  #PARTIÇÃO GERAL
5  #multipart.geral_seco <- multipart(y = fauna.zoo_seco, x = escala.total_seco, index = "renyi",
6  #                               scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
7  #                               weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
8
9  #multipart.geral_seco
10
11
12  #EM PERCENTAGEM
13  part.geral_seco <- multipart(y = fauna.zoo_seco, x = escala.total_seco, index = "renyi",
14  #                               scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
15  #                               weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
16
17  part.geral_seco
18
19  #####
20  #PARTIÇÃO BARRO BRANCO
21
22  #MULTIPART
23  #multipart.bb_seco <- multipart(y = fauna.zoo.bb_seco, x = escala.bb_seco, index = "renyi",
24  #                               scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
25  #                               weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
26
27  #multipart.bb_seco
28

```

```

29
30 #EM PERCENTAGEM
31 part.bb_seco <- multipart(y = fauna.zoo.bb_seco, x = escala.bb_seco, index = "renyi",
32                           scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
33                           weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
34
35 part.bb_seco
36
37 #####
38 #PARTIÇÃO CAIANA
39
40 #MULTIPART
41 #multipart.ca_seco <- multipart(y = fauna.zoo.ca_seco, x = escala.ca_seco, index = "renyi",
42 #                               scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
43 #                               weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
44
45 #multipart.ca_seco
46
47
48 #EM PERCENTAGEM
49 part.ca_seco <- multipart(y = fauna.zoo.ca_seco, x = escala.ca_seco, index = "renyi",
50                           scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
51                           weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
52
53 part.ca_seco

```

Período chuvoso

A -diversidade observada em ambos os riachos (Tabela 3) foi de 3,56%, sendo inferior significativamente ao esperado (9,29%; $P < 0,999$). Mesmo no período chuvoso, suas -diversidades atingiram valores acima do esperado. $_1$ apresentou 2,96% do esperado (1,13%; $P = 0,001$), $_2$ obteve um valor observado de 2,52%, acima do esperado (1,04%; $P = 0,001$), já em $_3$, foi observada uma diversidade de 1,11% acima do esperado (1,00%; $P = 0,001$). A -diversidade total foi de 10,55.

No Barro Branco (Tabela 3), a -diversidade observada (2,64%) foi inferior ao esperado (6,65%; $P < 0,999$). $_1$ obteve diversidade observada de 2,68% ($P = 0,001$). A diversidade observada em $_2$ foi de 2,18% ($P = 0,001$). -diversidade obteve valor de 7,23%.

O Caiana (Tabela 3) apresentou -diversidade observada (4,14%) superior ao esperado (10,25%; $P < 0,999$). A diversidade observada em $_1$ foi de 2,80%, valor superior ao esperado (1,13%; $P = 0,001$). $_2$ apresentou 2,44% superior ao esperado (1,04%; $P = 0,001$). A contribuição de -diversidade foi de 11,62%.

```

1  #REBIO23 - PARTIÇÃO MULTIPLICATIVA - PERÍODO CHUVOSO----
2  #####....----
3
4  #####
5  #COMANDO
6  #PARTIÇÃO GERAL
7  #multipart.geral_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo_chuvoso, x = escala.total_chuvoso, index = "renyi",
8  #                                     scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
9  #                                     weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
10
11 #multipart.geral_chuvoso
12
13
14 #EM PERCENTAGEM
15 part.geral_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo_chuvoso, x = escala.total_chuvoso, index = "renyi",
16 #                               scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
17 #                               weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
18
19 part.geral_chuvoso
20
21 #####
22 #PARTIÇÃO BARRO BRANCO
23
24 #MULTIPART
25 #multipart.bb_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo.bb_chuvoso, x = escala.bb_chuvoso, index = "renyi",
26 #                                   scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
27 #                                   weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
28
29 #multipart.bb_chuvoso
30
31
32 #EM PERCENTAGEM
33 part.bb_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo.bb_chuvoso, x = escala.bb_chuvoso, index = "renyi",
34 #                             scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
35 #                             weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
36
37 part.bb_chuvoso
38
39 #####
40 #PARTIÇÃO CAIANA
41
42 #MULTIPART
43 #multipart.ca_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo.ca_chuvoso, x = escala.ca_chuvoso, index = "renyi",

```

```

44 #           scales = 1, global = FALSE, relative = FALSE,
45 #           weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
46
47 #multipart.ca_chuvoso
48
49
50 #EM PERCENTAGEM
51 part.ca_chuvoso <- multipart(y = fauna.zoo.ca_chuvoso, x = escala.ca_chuvoso, index = "renyi",
52                             scales = 1, global = TRUE, relative = FALSE,
53                             weights = "unif", nsimul = 999, method = "r2dtable")
54
55 part.ca_chuvoso

```

3 Discussion

Os habitats de ambientes de água doce estão entre os ecossistemas mais modificados do planeta, seja em função de atividades antrópicas, como o despejo inadequado de efluentes, a destruição e a degradação de habitat, ou pela introdução de espécies exóticas (Altindağ & Berdi, 2025; Marcelino et al., 2025; Pinto et al., 2006; M. R. F. D. Silva et al., 2020). Neste contexto, torna-se essencial compreender e avaliar como a estrutura do habitat influencia a diversidade e composição da fauna de organismos aquáticos, como o zooplâncton, grupo conhecido como bioindicador de processos de poluição e eutrofização, uma vez que são essenciais para os serviços ecossistêmicos de ambientes de água doce (Marcelino et al., 2025; Santos et al., 2025).

Segundo Cottenie (2005) e Gomes et al. (2020), fatores ambientais e espaciais desempenham um papel central na estruturação das comunidades biológicas, especialmente em ecossistemas aquáticos. Em sistemas hidrológicos abertos, como riachos, córregos e grandes rios, o fluxo contínuo de água, desde a nascente até a foz, provoca turbulência e movimentação de partículas em suspensão (Schäfer, 1985; Wetzel & Likens, 2000), influenciando na composição e distribuição das comunidades biológicas. Variáveis como temperatura da água, oxigênio dissolvido, pH, transparência, condutividade, profundidade e largura, além de outras características associadas à complexidade do habitat, são apontadas como de grande importância para a estrutura da comunidade zooplanctônica (A. M. A. Silva et al., 2009; Sousa et al., 2008; Vieira et al., 2009; Wetzel, 2001).

Os resultados obtidos através da PCA evidenciaram uma clara diferenciação entre as UAs. O padrão apresentado pelo Barro Branco no período seco, especialmente aqueles localizados no interior da reserva (P05 e P07), apresentou maior associação com estruturas como liteira e algas filamentosas e aderidas. Este padrão pode estar relacionado à menor variabilidade hidrológica característica desse período, favorecendo a estabilidade de estruturas (Allan et al., 2021; Allan & Castillo, 2007). Além disso, a baixa vazão permite que estruturas subaquáticas e marginais favorecem tanto a captura de alimentos quanto o fornecimento de refúgio para os organismos,

auxiliando na permanência em determinadas áreas da coluna d'água (ESTEVEVES, 2011). A vegetação ciliar adiciona diversidade de estruturas subaquáticas e marginais, criando microhabitats que podem ser colonizados por diversas espécies de zooplâncton (Cyr & Downing, 1988; Margalef, 1983; E. S. F. Medeiros et al., 2008).

Ainda no período seco, algumas unidades, tanto do Barro Branco quanto do Caiana, estiveram associadas a variáveis como profundidade e largura, presença de pedras e vegetação submersa. Estas características, além do fluxo da água, são fatores determinantes para a caracterização de ambientes lóticos (Allan & Castillo, 2007; Bonecker et al., 1998; FULONE, 2008). Observou-se que os dados de profundidade e largura de ambos os riachos apresentaram variações reduzidas, como o esperado para riachos de primeira ordem, de acordo com a classificação de Strahler (1952).

A associação de algumas UAs ao pH, que variou entre ácido à levemente neutro, também merece destaque. Segundo (Duré et al., 2021), o pH é um fator que pode influenciar a comunidade zooplanctônica, uma vez que algumas espécies são mais sensíveis às suas variações, impactando a composição e o funcionamento da comunidade.

No período chuvoso, a PCA revelou o rearranjo das UAs, o que evidenciou a influência da precipitação sobre a estrutura do habitat. Unidades do Barro Branco e do Caiana apresentaram associação à presença de lama, macrófitas, vegetação submersa, folhiço e detritos, indicando um aumento na entrada e no transporte de material alóctone. A precipitação pode influenciar diretamente o transporte e a introdução de materiais alóctones em ecossistemas aquáticos (Granjeiro et al., 2024), promovendo a heterogeneidade ambiental e criando condições favoráveis à ocorrência de organismos como o zooplâncton.

A influência da vegetação ripária foi evidente no Barro Branco, especialmente nas UAs localizadas no interior da reserva. Beltrão et al. (2009) e E. S. F. Medeiros et al. (2008) apontam que elementos relacionados à vegetação ripária podem influenciar na estrutura do habitat, visto que favorece as comunidades aquáticas presentes nesses ecossistemas. É a vegetação ripária a responsável por adicionar diversidade de estruturas subaquáticas e marginais, criando microhabitats que podem ser colonizados por diversas espécies de zooplâncton (Cyr & Downing, 1988; Margalef, 1983; E. S. F. Medeiros et al., 2008). Sua remoção pode intensificar a erosão e a sedimentação, além de reduzir a disponibilidade de sombra ao longo do curso d'água.

As estruturas submersas e marginais desempenham papel fundamental na captura de alimento e no fornecimento de refúgio, auxiliando na permanência dos organismos em áreas específicas da coluna d'água (ESTEVEVES, 2011). Dessa forma, é visto que as variações hidrológicas influenciaram a estrutura do habitat e disponibilidade de recursos.

O grupo de maior representatividade taxonômica em todas as unidades amostrais foi Rotifera, o que está de acordo com estudos realizados em ambientes de água doce, nos quais este grupo se destaca por sua abundância e diversidade (Vls. Almeida et al., 2009; BARBOSA, 2018; Cabral et al., 2020; Larson et al., 2007; Majeed et al., 2023). Os Rotifera são frequentemente associados à alta fecundidade, reprodução partenogênica e rápidas taxas de crescimento, aspectos que contribuem para seu caráter cosmopolitas (Pourriot et al., 1997). A alimentação

desses organismos é baseada em pequenas partículas, como detritos orgânicos, algas e bactérias. Estas características os tornam organismos r-estrategistas (oportunistas), com capacidade de sobreviverem a ambientes instáveis (ALLAN, 1976; Araújo & Nogueira, 2017; Dantas-Silva & Dantas, 2013; Fernández et al., 2024).

Neste estudo, a família de maior representatividade em relação ao número total de espécies foi Lecanidae, corroborando com diversos estudos sobre a composição da comunidade zooplancônica em ambientes de água doce (Fernández et al., 2024; Joko et al., 2008). Além disso, diversas pesquisas apontam essa família como a mais representativa em ambientes lóticos e lênticos (AGGIO, 2015; Melo, 2011; Oliveira, 2009; Vieira et al., 2009). De acordo com V. L. D. S. Almeida et al. (2006), os representantes dessa família estão associados principalmente ao bento e perifíton, especialmente em locais ricos em vegetação, ocorrendo no plâncton apenas como migrantes ocasionais.

A ocorrência de Bdelloidea em todas as UAs é consistente com a literatura, que destaca a adaptabilidade desses organismos a diferentes condições ambientais, bem como ao seu hábito bentônico (ESTEVEES, 1998; Ricci, 2001). A ampla ocorrência da espécie *Lecane bulla* também está de acordo com os estudos de Davidson (2012), que destacam sua capacidade de se adaptar a variações na qualidade da água e na estrutura do habitat.

Em relação aos Cladocera, a família Chydoridae apresentou a maior riqueza de espécies, padrão observado em trabalhos realizados por COSTA, (2018); Miranda (2018) e Santos-Wisniewski et al. (2002). Este táxon é composto por organismos associados à vegetação ciliar e a regiões mais profundas de corpos d'água. Sua alimentação ocorre por meio da raspagem ou filtração de partículas de alimentos (FRYER, 1968; Fryer, 1974; Santos-Wisniewski et al., 2002; Smirnov, 1998). Segundo Soares & Elmoor-Loureiro (2011), sua presença está frequentemente associada a bancos de macrófitas.

Entre os Copepoda, a única espécie de Calanoida detectada neste estudo foi *Notodiptomus* sp., presente exclusivamente no Caiana. Estudos realizados por COSTA, (2018); S. F. Lima (2022) e Melo (2011) corroboram com este padrão, uma vez que encontraram apenas um exemplar da família Diaptomidae. Estágios juvenis de náuplios e copepoditos estiveram presentes em ambos os riachos. Segundo Czerniawski (2013); Czerniawski & Domagała (2010) e Lair (2005), estágios juvenis são frequentemente encontrados em rios e riachos.

Em resumo, os resultados sobre ausência e presença deixam claro como o fator de seca e chuva corroboram para a composição e manutenção de espécies da comunidade zooplancônica, uma vez que ocorre a substituição das mesmas ao longo das unidades amostrais de ambos os riachos.

A utilização da partição da diversidade é uma ferramenta fundamental para compreender como a diversidade se distribui em diferentes escalas espaciais, permitindo avaliar a variabilidade de espécies (Magurran, 2021). De acordo com Crist et al. (2003), os padrões de diversidade de espécies podem variar em escalas espaciais e temporais, refletindo os processos ecológicos que atuam sobre as comunidades. Nesse sentido, a sazonalidade hidrológica atua como um dos

principais fatores temporais capazes de influenciar a estrutura das comunidades aquáticas de ecossistemas lóticos.

A partição da diversidade está diretamente associada à β -diversidade, que expressa o grau de similaridade entre comunidades e permite estimar a diversidade total de espécies em uma região maior através de amostras menores (Lande, 1996; Oksanen et al., 2020). A diversidade beta pode refletir dois fenômenos: aninhamento (*nestedness*) e a substituição de espécies (*turnover*) (Baselga, 2010; FREIRY, 2019). O aninhamento ocorre quando a composição de espécies em locais com menor riqueza tende a ser um subconjunto de locais mais ricos, resultando na perda de espécies não aleatórias. Por outro lado, o turnover consiste na troca da composição de espécies por outras ao longo de gradientes espaciais e temporais (Baselga, 2010, 2012; Fleishman et al., 2017). É importante ressaltar que uma comunidade pode ser estruturada por ambos os processos, que variam entre diferentes grupos taxonômicos (Baselga, 2012). Contudo, tais fenômenos não foram estimados através de estatísticas específicas no presente estudo.

Os padrões espaciais e temporais influenciam a diversidade de espécies e têm sido classificados como capazes de atuar em escalas locais ou regionais (Lopes & Caliman, 2008). Logo, os diagramas de Venn permitiram avaliar indiretamente a influência da sazonalidade sobre a distribuição de espécies nos riachos Barro Branco e Caiana. No período seco, registrou-se maior riqueza total, com 58 espécies, além de um número elevado de espécies exclusivas, especialmente no Caiana. Em contrapartida, no período chuvoso houve uma redução na β -diversidade e no número de espécies exclusivas, embora o número de espécies compartilhadas tenha se mantido constante.

A redução na β -diversidade e α -diversidade no período chuvoso pode estar atrelada às alterações na sazonalidade climática, como o aumento da vazão, maior instabilidade no habitat e transporte de organismo ao longo dos riachos.

De acordo com Lande (1996), a partição aditiva da diversidade propõe uma medida natural de similaridade entre várias comunidades, ou seja, a proporção da diversidade total encontrada dentro das comunidades. Em uma escala espacial mais ampla, considerando os riachos como um conjunto, a diversidade alfa (α) observada variou significativamente, sendo visivelmente inferior à diversidade esperada nos períodos seco e chuvoso. Embora o Caiana tenha apresentado maior riqueza local de espécies quando se comparado ao Barro Branco, a partição aditiva revelou que a proporção local foi menor do que o esperado. Logo, valores reduzidos de α indicam menor contribuição para a diversidade regional do que seria o esperado. Segundo (Heino, 2011), em ambientes de água doce, a diversidade local é frequentemente limitada por fatores regionais, como dispersão e conectividade entre habitats, que podem reduzir o peso do componente α .

A diversidade beta entre habitats (β_1) também apresentou valores observados inferiores aos esperados em ambos os períodos, indicando que os habitats compartilham uma parte significativa da sua composição zooplânctônica. Isto pode estar ligado à homogeneidade estrutural dos habitats ou à capacidade de dispersão do zooplâncton (Grönroos et al., 2013).

Em contrapartida, a diversidade entre os pontos de amostragem (β_2) apresentou valores observados semelhantes ou superiores aos esperados, especialmente no período chuvoso. Este

resultado indica que, em uma escala local, há contribuição significativa entre os pontos para a diversidade total. Melo et al. (2009) e Fleishman et al. (2017) citam que a α -diversidade em escalas locais tem associação à heterogeneidade ambiental, à variação de micro-habitats e às diferenças nas condições físico e químicas da água.

Já a diversidade entre os riachos (β_3) apresentou valores observados significativamente acima do esperado nos períodos seco e chuvoso. Este padrão sugere que processos regionais, como limitações de dispersão, diferenças ambientais e perturbação, possuem um importante papel na estruturação das comunidades (Poorter et al., 2023).

Quando os riachos foram analisados separadamente, tanto o Barro Branco quanto o Caiana obtiveram baixa α -diversidade observada. Entretanto, a diversidade entre pontos (β_2) no Barro Branco foi superior à esperada. Este padrão pode estar associado à heterogeneidade ambiental ao longo do riacho, dispersão, escala espacial e características que os organismos apresentam ao ambiente em que estão inseridos, fatores reconhecidos como determinantes da α -diversidade em ambientes lóticos (Heino et al., 2013; Heino et al., 2015). O Caiana apresentou alta contribuição de β_2 nos dois períodos, contudo, β_3 no período chuvoso também apresentou alto valor observado, sugerindo que a α -diversidade é sustentada, em especial, pela substituição de espécies. Logo, mesmo em riachos que tenham alta riqueza, sua diversidade pode estar associada a processos espaciais e variação ambiental local (Súarez & Lima-Junior, 2009).

A utilização da partição aditiva permitiu diferenciar a influência causada pelos períodos seco e chuvoso sobre a comunidade zooplânctônica. Sendo assim, é possível afirmar que o período chuvoso intensifica a heterogeneidade ambiental espacial e promove diferenciação entre os pontos amostrais e riachos devido ao aumento do nível da água, levando à velocidade da corrente, alterando as características físicas e químicas da água e facilitando o transporte de organismos ao longo dos corpos d'água (Boyer et al., 2009; Heino, 2011).

Em riachos tropicais, a variabilidade hidrológica é reconhecida como um dos fatores capazes de atuar sobre a estrutura das comunidades aquáticas, pois ela influencia a disponibilidade de recursos e os processos ecológicos (Boyer et al., 2009; Golec-Fialek et al., 2021; Picapedra et al., 2021).

A partição multiplicativa carece de estudos mais aprofundados, tornando-a pouco utilizada devido a sua complexidade de interpretação e, por isto, a partição aditiva se torna mais usual em estudos sobre a influência de processos locais e regionais em comunidades. Ainda assim, esta abordagem permite avaliar os padrões de diversidade no que se refere à contribuição dos componentes alfa e beta para a diversidade regional, tornando-se útil para analisar a estrutura de comunidades em múltiplas escalas espaciais (Jost, 2007; Tuomisto, 2010).

De acordo com Shurin et al. (2000), a diversidade de zooplâncton é influenciada por processos locais e regionais, com a limitação pela dispersão sendo mais evidente em escalas geográficas maiores. Neste contexto, os resultados obtidos através da aplicação da partição multiplicativa indicaram que em ambos os períodos, a α -diversidade observada foi consistentemente inferior à esperada em ambas as áreas de estudo, sejam elas em conjunto ou separadamente. Em contraste, todos os componentes β -diversidade (β_1 , β_2 e β_3) entre os riachos e somente no Caiana

e Barro Branco apresentaram valores superiores ao esperado nos períodos seco e chuvoso, indicando que há uma significativa variação na composição de espécies entre habitats (α_1), pontos (α_2) e, em uma escala maior, entre riachos (α_3).

Tendo em vista que α -diversidade (diversidade local ou dentro de um habitat) e β -diversidade (diversidade entre habitats ou comunidades) devem ser livres para variar independentemente, um valor alto do componente alfa não deve, por si só, tornar o valor do componente beta alto (ou baixo) e vice-versa. Sendo assim, uma alta diversidade beta pode ocorrer mesmo se cada habitat refletir uma baixa α -diversidade (Jost, 2007; C. R. Medeiros et al., 2021).

De modo geral, os resultados indicam que a diversidade zooplanctônica dos riachos Barro Branco e Caiana é influenciada por processos espaciais que atuam em escalas intermediárias e regionais, tendo sido evidenciado pelos valores elevados de α -diversidade. Esses padrões reforçam a importância de um ambiente heterogêneo e a influência da sazonalidade como fatores determinantes para a manutenção da diversidade regional.

Conclusions

O presente estudo revelou que a diversidade zooplanctônica nos riachos Barro Branco e Caiana é estruturada principalmente por processos locais e regionais, estes que variam de acordo com a escala espacial e sazonalidade climática. A aplicação conjunta dos métodos de partição aditiva e multiplicativa permitiu a compreensão da organização da diversidade, demonstrando que valores baixos de α -diversidade contribuem para as diversidades beta e gama.

De modo geral, mesmo sob a influência das condições ambientais e de conservação, os riachos sustentam um patrimônio regional de espécies, evidenciando a importância da heterogeneidade ambiental para a conservação de processos biológicos essenciais para a biodiversidade zooplanctônica. Estes resultados contribuem para o entendimento dos padrões de diversidade em riachos tropicais, evidenciando o zooplâncton como organismo sensível às variações espaciais e temporais e, ainda, a necessidade de conservação de riachos de Floresta Atlântica para a manutenção da biodiversidade.

Acknowledgements

Authorship contribution statement

Authorship of this paper is based on CRediT (2026).

Ellen Gomes da Silva: Data curation, Formal analysis, Investigation, Software, Visualization, Writing – original draft, Writing – review & editing.

Mayara Mirelly da Silva Monteiro: Data curation, Formal analysis, Software.

Marcela Vitória Bernardo da Silva: Writing – original draft, Writing – review & editing.

Ludmilla Cavalcanti Antunes Lucena: Writing – review & editing.

Thais Xavier de Melo: Supervision.

Elvio Sergio Figueredo Medeiros: Conceptualization, Data curation, Formal analysis, Funding Acquisition, Methodology, Project Administration, Resources, Supervision, Validation.

Ethical approval

O presente trabalho teve duração de um ano e foi desenvolvido no laboratório de Ecologia (LABECO) do Campus V da UEPB. A coleta dos organismos foi realizada na Reserva Biológica Guaribas (REBIO Guaribas) de acordo com as licenças de coleta MMA/ICMBIO/SISBIO Número: 89415-1 e Número: 89429-2 (com datas de emissão de 04/07/2023 e 04/08/2023, respectivamente) e aprovação no 048/2023 da Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA) da UEPB (com data de emissão de 06/02/2023).

References

- AGGIO, C. E. G. (2015). *Influência de macro-fatores na estruturação da comunidade zooplanctônica em riachos subtropicais* [PhD thesis].
- ALLAN, J. D. (1976). Life History Patterns in Zooplankton. *Artigo*, 165–180.
- Allan, J. D., & Castillo, M. M. (2007). *Stream Ecology*. Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5583-6>
- Allan, J. D., Castillo, M. M., & Capps, K. A. (2021). *Stream Ecology: Structure and Function of Running Waters*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-61286-3>
- Almeida, V. L. D. S., Larrazábal, M. E. L. D., Moura, A. D. N., & Melo Júnior, M. D. (2006). Rotifera das zonas limnética e litorânea do reservatório de tapacurá, pernambuco, brasil. *Iheringia. Série Zoologia*, 96(4), 445–451. <https://doi.org/10.1590/S0073-47212006000400009>
- Almeida, Vls., Dantas, Êw., Melo-Júnior, M., Bittencourt-Oliveira, Mc., & Moura, An. (2009). Zooplanktonic community of six reservoirs in northeast brazil. *Brazilian Journal of Biology*, 69(1), 57–65. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842009000100007>
- Altındağ, A., & Berdi, D. (2025). Rising temperatures, changing waters: The influence of abiotic factors on freshwater zooplankton community. *Desalination and Water Treatment*, 321, 100991. <https://doi.org/10.1016/j.dwt.2025.100991>
- Araújo, A. P., & Nogueira, E. M. S. (2017). *Zooplâncton como Bioindicador das Águas do Reservatório Natural do Povoado Olhos D'Água do Souza, Glória, Bahia, Brasil*. 6, 001–016. <https://doi.org/10.59360/ouricuri.vol6.i2.a3168>

- Balkić, A. G., Pfeiffer, T. Ž., Čmelar, K., Maronić, D. Š., Stević, F., Bek, N., Martinović, A., & Nikolašević, R. (2022). Footprint of the plastisphere on freshwater zooplankton. *Environmental Research*, 212, 113563. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.113563>
- BARBOSA, J. C. (2018). *INFLUÊNCIAS AMBIENTAIS E ESPACIAIS SOBRE A COMUNIDADE ZOOPLANCTÔNICA EM RIACHOS DO CERRADO*.
- Baselga, A. (2010). Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography*, 19(1), 134–143. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2009.00490.x>
- Baselga, A. (2012). The relationship between species replacement, dissimilarity derived from nestedness, and nestedness. *Global Ecology and Biogeography*, 21(12), 1223–1232. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2011.00756.x>
- Beltrão, G. D. B. M., Medeiros, E. S. F., & Ramos, R. T. D. C. (2009). Effects of riparian vegetation on the structure of the marginal aquatic habitat and the associated fish assemblage in a tropical brazilian reservoir. *Biota Neotropica*, 9(4), 37–43. <https://doi.org/10.1590/S1676-06032009000400003>
- Bicudo, C. E. M., & Bicudo, D. C. (2004). *Amostragem em Limnologia*. RiMa Editora.
- Bonecker, C. C. (2012). *Temporal Changes in Zooplankton Species Diversity in Response to Environmental Changes in an Alluvial Valley*. 114–121. <https://doi.org/10.1016/j.limno.2012.07.007>
- Bonecker, C. C., Lansac-Tôha, F. A., & Rossa, D. C. (1998). Planktonic and non-planktonic rotifers in two environments of the upper paraná river floodplain, state of mato grosso do sul, brazil. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 41(4), 447–456. <https://doi.org/10.1590/S1516-89131998000400009>
- Bowen, K. L. (2017). *Methods for the Determination of Zooplankton Density, Biomass and Secondary Production*.
- Boyeró, L., Ramírez, A., Dudgeon, D., & Pearson, R. G. (2009). Are tropical streams really different? *Journal of the North American Benthological Society*, 28(2), 397–403. <https://doi.org/10.1899/08-146.1>
- Branco, A. F. V. C., Lima, P. V. P. S. L., Medeiros Filho, E. S. D., Costa, B. M. G., & Pereira, T. P. (2021). Avaliação da perda da biodiversidade na mata atlântica. *Ciência Florestal*, 31(4), 1885–1909. <https://doi.org/10.5902/1980509853310>
- Cabral, C. R., Diniz, L. P., Da Silva, A. J., Fonseca, G., Carneiro, L. S., De Melo Júnior, M., & Caliman, A. (2020). Zooplankton species distribution, richness and composition across tropical shallow lakes: A large scale assessment by biome, lake origin, and lake habitat. *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology*, 56, 25. <https://doi.org/10.1051/limn/2020023>
- Cardoso, L. S., Ramos, J. D., & Mello, H. O. O. (2009). Composition, density and abundance of populations of cladocera, copepoda and rotífera of area of permanent protection of uberabinha river. *Revista Em Extensão*, 7(2). <https://doi.org/10.14393/REE-v7n22008-20517>
- Chao, A., Chiu, C.-H., & Hsieh, T. C. (2012). Proposing a resolution to debates on diversity partitioning. *Ecology*, 93(9), 2037–2051. <https://doi.org/10.1890/11-1817.1>
- Chen, H., & Boutros, P. C. (2011). VennDiagram: a package for the generation of highly-

- customizable Venn and Euler diagrams in R. *BMC Bioinformatics*, 12(1), 35. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-35>
- COSTA, D. F. (2018). *Zooplâncton de riachos de cabeceiras de áreas de proteção ambiental do Cerrado, Distrito Federal, Brasil Central* [PhD thesis].
- Cottenie, K. (2005). Integrating environmental and spatial processes in ecological community dynamics. *Ecology Letters*, 8(11), 1175–1182. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00820.x>
- CReditT. (2026). *CReditT - contributor role taxonomy*. <https://credit.niso.org/>
- Crist, Thomas O., Veech, Joseph A., Gering, Jon C., & Summerville, Keith S. (2003). Partitioning Species Diversity across Landscapes and Regions: A Hierarchical Analysis of , , and Diversity. *The American Naturalist*, 162(6), 734–743. <https://doi.org/10.1086/378901>
- Cyr, H., & Downing, J. A. (1988). Empirical Relationships of Phytomacrofaunal Abundance to Plant Biomass and Macrophyte Bed Characteristics. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45(6), 976–984. <https://doi.org/10.1139/f88-120>
- Czerniawski, R. (2013). Zooplankton community changes between forest and meadow sections in small headwater streams, NW Poland. *Biologia*, 68(3), 448–458. <https://doi.org/10.2478/s11756-013-0170-x>
- Czerniawski, R., & Domagała, J. (2010). Similarities in zooplankton community between River Drawa and its two tributaries (Polish part of River Odra). *Hydrobiologia*, 638(1), 137–149. <https://doi.org/10.1007/s10750-009-0036-y>
- Dantas-Silva, L. T., & Dantas, Ê. W. (2013). ZOOPLÂNCTON (ROTIFERA, CLADOCERA e COPEPODA) e a EUTROFIZAÇÃO EM RESERVATÓRIOS DO NORDESTE BRASILEIRO. *Oecologia Australis*, 17(2), 53–58. <https://doi.org/10.4257/oeco.2013.1702.06>
- Davidson, T. A. (2012). R. L. Wallace, T. W. Snell, C. Ricci, and T. Nogrady: Rotifera: Volume 1—Biology, Ecology and Systematics (2nd edn): Backhuys Publishers, 2006, 299 pp, Paperback, €76.00, ISBN 90-5782-178-8. *Journal of Paleolimnology*, 47(1), 159–159. <https://doi.org/10.1007/s10933-011-9539-4>
- Duré, G. A. V., Simões, N. R., Braghin, L. D. S. M., & Ribeiro, S. M. M. S. (2021). Effect of eutrophication on the functional diversity of zooplankton in shallow ponds in Northeast Brazil. *Journal of Plankton Research*, 43(6), 894–907. <https://doi.org/10.1093/plankt/fbab064>
- ELMOOR-LOUREIRO, L. M. A. (1997). *Manual de Identificação de Cladóceros Límnicos do Brasil*.
- ESTEVES, F. A. (1998). *Fundamentos de Limnologia*.
- ESTEVES, F. A. (2011). *Fundamentos de Limnologia*.
- Farias, R. L. D., Stenert, C., Maltchik, L., & Medeiros, E. S. F. (2020). Partitioning of macroinvertebrate assemblages across temporary pools in an intermittent dryland river. *Inland Waters*, 10(4), 480–492. <https://doi.org/10.1080/20442041.2020.1738841>
- Fernández, C. E., Campero, M., Acosta, F., Prado, P. E., Maldonado, M., Goitia, E., Stamou, G., Michaloudi, E., & López, C. (2024). Diversity of Rotifera in Freshwaters of Bolivia: An Updated Checklist. *Diversity*, 16(9), 589. <https://doi.org/10.3390/d16090589>

- FLACH, P. Z. S. (2009). *Partição Aditiva da diversidade de Nematoda em lagoas costeiras: componentes espaciais e ambientais* [PhD thesis]. <http://hdl.handle.net/10183/17339>
- Fleishman, E., Dickson, B. G., Dobkin, D. S., Leu, M., & Noon, B. R. (2017). *Methods for Assessment of Species Richness and Occupancy Across Space, Time, Taxonomic Groups, and Ecoregions*. <https://apps.dtic.mil/sti/tr/pdf/AD1037938.pdf>
- Fonseca, G. A. B. (1985). The vanishing Brazilian Atlantic forest. *Biological Conservation*, 34(1), 17–34. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(85\)90055-2](https://doi.org/10.1016/0006-3207(85)90055-2)
- FREIRY, R. F. (2019). *DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL E DIVERSIDADE DA COMUNIDADE ZOOPLANCTÔNICA EM ÁREAS ÚMIDAS NO SUL DO BRASIL* [PhD thesis].
- Freiry, R. F., Weber, V., Bonecker, C. C., Lansac-Tôha, F. A., Pires, M. M., Stenert, C., & Maltchik, L. (2020). Additive partitioning of the diversity of the dormant zooplankton communities in intermittent ponds along a forest–grassland transition. *Hydrobiologia*, 847(5), 1327–1342. <https://doi.org/10.1007/s10750-020-04187-0>
- FRYER, G. (1968). *Evolution and Adaptive Radiation in the Chydoridae (Crustacea: Cladocera): A Study in Comparative Functional Morphology and Ecology*. 221–385.
- Fryer, G. (1974). Evolution and adaptive radiation in the macrothricidae (crustacea: Cladocera): A study in comparative functional morphology and ecology. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 269(898), 137–274. <http://www.jstor.org/stable/2418233>
- FULONE, L. J. (2008). *Influence of depth and rainfall on testate amoebae (Protozoa-Rhizopoda) composition from two streams in northwestern São Paulo state*. 29–34.
- Golec-Fialek, C., Lansac-Tôha, F. M., & Bonecker, C. C. (2021). Response of the zooplankton community to extreme hydrological variations in a temporary lake in a neotropical floodplain system. *Limnologica*, 86, 125834. <https://doi.org/10.1016/j.limno.2020.125834>
- Gomes, L. F., Barbosa, J. C., De Oliveira Barbosa, H., Vieira, M. C., & Vieira, L. C. G. (2020). Environmental and spatial influences on stream zooplankton communities of the Brazilian Cerrado. *Community Ecology*, 21(1), 25–31. <https://doi.org/10.1007/s42974-020-00008-5>
- Gouveia, R. S. D., Lira, G. L. D. A., Anselmo Ramos, T. P., & Medeiros, E. S. F. (2017). Ichthyofauna of the reserva biológica guaribas and surrounding areas, state of paraíba, brazil. *Check List*, 13(5), 581–590. <https://doi.org/10.15560/13.5.581>
- Granjeiro, G. F., Souza, C. A. D., Faquim, R. C. P., Borges, P. P., Oliveira, P. H. F. D., Nabout, J. C., & Vieira, L. C. G. (2024). Influence of land use, occupation, and riparian zones on zooplankton diversity in cerrado streams. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 36, e34. <https://doi.org/10.1590/s2179-975x10623>
- Grönroos, M., Heino, J., Siqueira, T., Landeiro, V. L., Kotanen, J., & Bini, L. M. (2013). Metacommunity structuring in stream networks: roles of dispersal mode, distance type, and regional environmental context. *Ecology and Evolution*, 3(13), 4473–4487. <https://doi.org/10.1002/ece3.834>
- Hair, J. F., Hult, G. T. M., Ringle, C. M., Sarstedt, M., Danks, N. P., & Ray, S. (2021). *Overview of R and RStudio* (pp. 31–47). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-80519-7_2
- Heino, J. (2011). A macroecological perspective of diversity patterns in the freshwater realm: Diversity in freshwater systems. *Freshwater Biology*, 56(9), 1703–1722. <https://doi.org/>

[10.1111/j.1365-2427.2011.02610.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2011.02610.x)

- Heino, J., Grönroos, M., Imonen, J., Karhu, T., Niva, M., & Paasivirta, L. (2013). Environmental heterogeneity and diversity of stream macroinvertebrate communities at intermediate spatial scales. *Freshwater Science*, *32*(1), 142–154. <https://doi.org/10.1899/12-083.1>
- Heino, J., Melo, A. S., Siqueira, T., Soinen, J., Valanko, S., & Bini, L. M. (2015). Metacommunity organisation, spatial extent and dispersal in aquatic systems: patterns, processes and prospects. *Freshwater Biology*, *60*(5), 845–869. <https://doi.org/10.1111/fwb.12533>
- Joko, C. Y., Lansac-Tôha, F. A., Murakami, E. A., & Bonecker, C. C. (2008). Novas ocorrências de lecanes no plâncton de distintos ambientes da planície de inundação do alto rio paran (brasil). *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, *30*(2), 165–171. <https://doi.org/10.4025/actascibiols.v30i2.3636>
- Jost, L. (2007). PARTITIONING DIVERSITY INTO INDEPENDENT ALPHA AND BETA COMPONENTS. *Ecology*, *88*(10), 2427–2439. <https://doi.org/10.1890/06-1736.1>
- Junk, W. J., Bayley, P. B., & Sparks, R. E. (1989). *The Flood Pulse Concept in River-Floodplain Systems* (pp. 110–127).
- Keppeler, E. C., & Hardy, E. R. (2004). Abundance and composition of rotifera in an abandoned meander lake (lago amap) in rio branco, acre, brazil. *Revista Brasileira de Zoologia*, *21*(2), 233–241. <https://doi.org/10.1590/S0101-81752004000200011>
- Koste, W., & Shiel, R. (1987). Rotifera from Australian inland waters. II. Epiphanidae and Brachionidae (Rotifera : Monogononta). *Invertebrate Taxonomy*, *1*(7), 949–1021. <https://doi.org/10.1071/IT9870949>
- Lair, N. (2005). Abiotic vs. Biotic Factors: Lessons Drawn From Rotifers in the Middle Loire, a Meandering River Monitored From 1995 to 2002, During Low Flow Periods. *Hydrobiologia*, *546*(1), 457–472. <https://doi.org/10.1007/s10750-005-4289-9>
- Lande, R. (1996). Statistics and partitioning of species diversity, and similarity among multiple communities. *Oikos*, *76*(1), 5. <https://doi.org/10.2307/3545743>
- Larson, G. L., McIntire, C. D., Buktenica, M. W., Girdner, S. F., & Truitt, R. E. (2007). Distribution and abundance of zooplankton populations in Crater Lake, Oregon. *Hydrobiologia*, *574*(1), 217–233. <https://doi.org/10.1007/s10750-006-0354-2>
- Leal, A. H., Freitas, G. L. D., Sousa Jnior, P. R. C. D., & Silva, E. B. D. (2025). Ampliao de unidades de conservao por compensao de reserva legal: O caso da reserva biolgica guaribas. *Revista Brasileira de Gesto Ambiental e Sustentabilidade*, *12*(30), 113–124. [https://doi.org/10.21438/rbgas\(2025\)123008](https://doi.org/10.21438/rbgas(2025)123008)
- Lima, . O. (2023). *Diversidade Taxonmica e Funcional de Zooplncton nos Ecossistemas do Pantanal: Anlise Ecolgica de Longa Durao e Capacidade de Resistncia de Ovos a Dessecao* [PhD thesis].
- Lima, S. F. (2022). *Comunidade de zooplncton na reserva biolgica Guaribas (Paraba, Brasil)* [PhD thesis].
- Lopes, P. M., Bini, L. M., Declerck, S. A. J., Farjalla, V. F., Vieira, L. C. G., Bonecker, C. C., Lansac-Toha, F. A., Esteves, F. A., & Bozelli, R. L. (2014). Correlates of Zooplankton Beta Diversity in Tropical Lake Systems. *PLoS ONE*, *9*(10), e109581. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109581>
- Lopes, P. M., & Caliman, A. (2008). *A contribuio de ecossistemas lnticos para o en-*

tendimento da importância de processos regionais e locais sobre padrões geográficos de biodiversidade.

- Magurran, A. E. (2021). Measuring biological diversity. *Current Biology*, 31(19), R1174–R1177. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.07.049>
- Maitland, P. S. (1990). *Biology of Fresh Waters* (1st ed.). Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-94-011-7852-5>
- Majeed, O. S., Nashaat, M. R., & Al-Azawi, A. J. M. (2023). Effect of AL-tharthar canal on the zooplankton composition and diversity in the tigris river. *Al-Mustansiriyah Journal of Science*, 33(5), 53–64. <https://doi.org/10.23851/mjs.v33i5.1314>
- Maltchik, L., & Medeiros, E. S. F. (2006). Conservation importance of semi-arid streams in north-eastern Brazil: implications of hydrological disturbance and species diversity. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 16(7), 665–677. <https://doi.org/10.1002/aqc.805>
- Marcelino, C. N., Brandão, L. F., Correia, C. D. M., Ferreira, A. C., Petsch, D. K., & Portinho, J. L. (2025). Quantification and analysis of emerging threats studies on freshwater zooplankton (copepoda, cladocera and rotifera) in brazil from 2014 to 2023. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 37, e30. <https://doi.org/10.1590/s2179-975x1525>
- Margalef, R. (1983). *Limnología*. Ediciones Omega, S.A.
- Martinelli, L. A., & Kruche, A. V. (2004). *Amostragem em Rios* (p. 351). RiMa Editora.
- Maxwell, K., & Dean, W. (1995). With Broadax and Firebrand: The Destruction of the Brazilian Atlantic Forest. *Foreign Affairs*, 74(5), 172. <https://doi.org/10.2307/20047336>
- Medeiros, C. R., Heino, J., Santos, P. J. P., Molozzi, J., & Ligeiro, R. (2021). Spatial scale drives diversity patterns of benthic macroinvertebrate communities in tropical estuaries. *Limnology and Oceanography*, 66(3), 727–739. <https://doi.org/10.1002/lno.11636>
- Medeiros, E. S. F., Silva, M. J., & Ramos, R. T. C. (2008). Application of catchment- and local-scale variables for aquatic habitat characterization and assessment in the Brazilian semi-arid region. *Neotropical Biology and Conservation*, 3, 13–20. <https://doi.org/10.4013/5440>
- Melo, A. S., Rangel, T. F. L. V. B., & Diniz-Filho, J. A. F. (2009). Environmental drivers of beta-diversity patterns in New-World birds and mammals. *Ecography*, 32(2), 226–236. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2008.05502.x>
- Melo, A. S., Schneck, F., Hepp, L. U., Simões, N. R., Siqueira, T., & Bini, L. M. (2012). Focusing on variation: Methods and applications of the concept of beta diversity in aquatic ecosystems. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 23(3), 318–331. <https://doi.org/10.1590/S2179-975X2012005000010>
- Melo, T. X. (2011). *Predadores ambientais do zooplâncton em poças temporárias de um rio intermitente* [PhD thesis].
- Melo, T. X., & Medeiros, E. S. F. (2013). Spatial Distribution of Zooplankton Diversity across Temporary Pools in a Semiarid Intermittent River. *International Journal of Biodiversity*, 2013, 1–13. <https://doi.org/10.1155/2013/946361>
- Miranda, V. B. S. (2018). *A comunidade zooplanctônica de diferentes biótopos de um riacho costeiro em área de Mata Atlântica, Maricá, Rio de Janeiro* [PhD thesis].
- MMA. (2003). *Plano de Manejo da Reserva Biológica Guaribas*.
- Myers, N., Mittermeier, R. A., Mittermeier, C. G., Da Fonseca, G. A. B., & Kent, J. (2000).

- Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403(6772), 853–858. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- Oksanen, J., Blanchet, F. G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P., O'Hara, B., Simpson, G., Solymos, P., Stevens, H., & Wagner, H. (2020). Vegan: Community ecology package. *R Package Version 2.2-1*, 2, 1–2.
- Oliveira, C. B. D. (2009). *Zooplâncton em córregos sob diferentes usos da terra na bacia do Rio Preto (Distrito Federal e Goiás)* [PhD thesis]. <https://doi.org/10.11606/D.41.2009.tde-07012010-111123>
- Picapedra, P. H. S., Fernandes, C., Baumgartner, G., & Sanches, P. V. (2021). Zooplankton communities and their relationship with water quality in eight reservoirs from the mid-western and southeastern regions of Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, 81(3), 701–713. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.230064>
- Pinto, L. P., Bedê, L., Paese, A., Fonseca, M., Paglia, A., & Lamas, I. (2006). *Ata Atlântica Brasileira: Os Desafios para Conservação da Biodiversidade de um Hotspot Mundial* (1st ed., pp. 91–118). RiMa Editora.
- Poorter, L., Amissah, L., Bongers, F., Hordijk, I., Kok, J., Laurance, S. G. W., Lohbeck, M., Martínez-Ramos, M., Matsuo, T., Meave, J. A., Muñoz, R., Peña-Claros, M., & Van Der Sande, M. T. (2023). Successional theories. *Biological Reviews*, 98(6), 2049–2077. <https://doi.org/10.1111/brv.12995>
- Pôrto, K. C., Almeida-Cortez, J. S., & Tabarelli, M. (2005). *Diversidade Biológica e Conservação da Floresta Atlântica ao Norte do Rio São Francisco*.
- Pourriot, R., Rougier, C., & Miquelis, A. (1997). Origin and development of river zooplankton: example of the Marne. *Hydrobiologia*, 345(2-3), 143–148. <https://doi.org/10.1023/A:1002935807795>
- R Core Team. (2017). *R: A language and environment for statistical computing*. <https://www.R-project.org/>
- Ricci, C. (2001). *Dormancy patterns in rotifers* (L. Sanoamuang, H. Segers, R. J. Shiel, & R. D. Gulati, Eds.; pp. 1–11). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-010-0756-6_1
- RStudio Team. (2022). *RStudio: Integrated development environment for R*. <http://www.rstudio.com/>
- Safar, N. V. H., Magnago, L. F. S., & Schaefer, C. E. G. R. (2020). Resilience of lowland Atlantic forests in a highly fragmented landscape: Insights on the temporal scale of landscape restoration. *Forest Ecology and Management*, 470–471, 118183. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.118183>
- Santos, J. F. D., Nascimento, J. R., & Simões, N. R. (2025). Effects of urban pollution on zooplankton diversity along the Almada River (Bahia, Brazil). *Acta Limnologica Brasiliensia*, 37, e103. <https://doi.org/10.1590/s2179-975x3224>
- Santos-Wisniewski, M. J., Rocha, O., Güntzel, A. M., & Matsumura-Tundisi, T. (2002). Cladocera chydoridae of high altitude water bodies (Serra da Mantiqueira), in Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, 62(4a), 681–687. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842002000400016>
- Schäfer, A. (1985). *Fundamentos da Ecologia e Biogeografia das Águas Continentais*.
- Shiel, R. J. (1995). *A Guide to Identification of Rotifers, Cladocerans and Copepods from*

- Australian Inland Water*. Co-operative Research Centre for Freshwater Ecology.
- Shurin, J. B., Havel, J. E., Leibold, M. A., & Pinel-Alloul, B. (2000). LOCAL AND REGIONAL ZOOPLANKTON SPECIES RICHNESS: A SCALE-INDEPENDENT TEST FOR SATURATION. *Ecology*, *81*(11), 3062–3073. [https://doi.org/10.1890/0012-9658\(2000\)081%5B3062:LARZSR%5D2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2000)081%5B3062:LARZSR%5D2.0.CO;2)
- Silva, A. M. A., Medeiros, P. R., Silva, M. C. B. C., & Barbosa, J. E. L. (2009). Diel vertical migration and distribution of zooplankton in a tropical Brazilian reservoir. *Biotemas*, *2*(1). <https://doi.org/10.5007/2175-7925.2009v22n1p49>
- Silva, M. R. F. D., Souza, K. S., Assis, C. R. D. D., Sá, R. A. D. Q. C. D., Santos, M. D. V., & Oliveira, M. B. M. D. (2020). BIOMARKERS AS a TOOL TO MONITOR ENVIRONMENTAL IMPACT ON AQUATIC ECOSYSTEMS / BIOMARCADORES COMO FERRAMENTA PARA MONITORAR o IMPACTO AMBIENTAL NOS ECOSISTEMAS AQUÁTICOS. *Brazilian Journal of Development*, *6*(10), 75702–75720. <https://doi.org/10.34117/bjdv6n10-120>
- Smirnov, N. N. (1998). *Cladocera: The Chydorinae and Sycyiinae (Chydoridae) of the World. Guide to the Identification of the Microinvertebrate of the Continental: Waters of the World*. Academic Publishing.
- Soares, C. E. A., & Elmoor-Loureiro, L. M. A. (2011). Uma atualização da lista de cladocera cladocera (crustacea, branchiopoda) do estado de pernambuco, brasil. *Biota Neotropica*, *11*(2), 409–414. <https://doi.org/10.1590/S1676-06032011000200038>
- Sousa, W., Attayde, J. L., Rocha, E. D. S., & Eskinazi-Sant'Anna, E. M. (2008). The response of zooplankton assemblages to variations in the water quality of four man-made lakes in semi-arid northeastern Brazil. *Journal of Plankton Research*, *30*(6), 699–708. <https://doi.org/10.1093/plankt/fbn032>
- Souza, M. E. T. D., Santos, N. G. D., Chiarelli, L. J., & Noll, M. S. M. C. (2025). Seasonal variation of the zooplankton communities' diversity in ponds of the atlantic forest. *Acta Limnologica Brasiliensia*, *37*, e105. <https://doi.org/10.1590/s2179-975x6524>
- Strahler, A. N. (1952). DYNAMIC BASIS OF GEOMORPHOLOGY. *Geological Society of America Bulletin*, *63*(9), 923. [https://doi.org/10.1130/0016-7606\(1952\)63%5B923:DBOG%5D2.0.CO;2](https://doi.org/10.1130/0016-7606(1952)63%5B923:DBOG%5D2.0.CO;2)
- Súarez, Y. R., & Lima-Junior, S. E. (2009). Variação espacial e temporal nas assembléias de peixes de riachos na bacia do rio guiraí, alto rio paraná. *Biota Neotropica*, *9*(1), 101–111. <https://doi.org/10.1590/S1676-06032009000100012>
- Tabarelli, M., Aguiar, A. V., Ribeiro, M. C., Metzger, J. P., & Peres, C. A. (2010). Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: Lessons from aging human-modified landscapes. *Biological Conservation*, *143*(10), 2328–2340. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.02.005>
- Tabarelli, M., Venceslau, A. A., Cezar, R. M., & Metzger, J. P. (2012). A conversão da floresta Atlântica em paisagens antrópicas: Lições para a conservação da diversidade biológica das florestas tropicais. *Asociación Interciencia*, *37*(2), 88–92.
- Taboada, J. K., Miranda, T. M., Mello, R. S. P., & Coelho-De-Souza, G. (2022). Usos e conservação de espécies e ecossistemas nativos para o fortalecimento da sociobiodiversidade no território do PAN Lagoas do Sul. *Anais Da Reunião Técnica Sobre Agroecologia*, *17*.

- Tuomisto, H. (2010). A consistent terminology for quantifying species diversity? Yes, it does exist. *Oecologia*, 164(4), 853–860. <https://doi.org/10.1007/s00442-010-1812-0>
- Vancine, M. H., Muylaert, R. L., Niebuhr, B. B., Oshima, J. E. D. F., Tonetti, V., Bernardo, R., De Angelo, C., Rosa, M. R., Grohmann, C. H., & Ribeiro, M. C. (2024). The Atlantic Forest of South America: Spatiotemporal dynamics of the vegetation and implications for conservation. *Biological Conservation*, 291, 110499. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2024.110499>
- Vieira, A. C. B., Ribeiro, L. L., Santos, D. P. N., & Crispim, M. C. (2009). Correlation between the zooplanktonic community and environmental variables in a reservoir from the Northeastern semi-arid. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 21(3), 349–358.
- Ward, J. V. (1998). Riverine landscapes: Biodiversity patterns, disturbance regimes, and aquatic conservation. *Biological Conservation*, 83(3), 269–278. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(97\)00083-9](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(97)00083-9)
- Wetzel, R. G. (2001). *Limnology* (3rd ed.). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/C2009-0-02112-6>
- Wetzel, R. G., & Likens, G. E. (2000). *Limnological Analyses*. Springer New York. <https://doi.org/10.1007/978-1-4757-3250-4>
- Whittaker, R. H. (1972). EVOLUTION AND MEASUREMENT OF SPECIES DIVERSITY. *TAXON*, 21(2-3), 213–251. <https://doi.org/10.2307/1218190>
- Zar, J. H. (1999). *Biostatistical Analysis* (4th ed.).
- Zaú, A. (1998). *Fragmentação da Mata Atlântica: Aspectos Teóricos*.

Figures and Tables

Figures

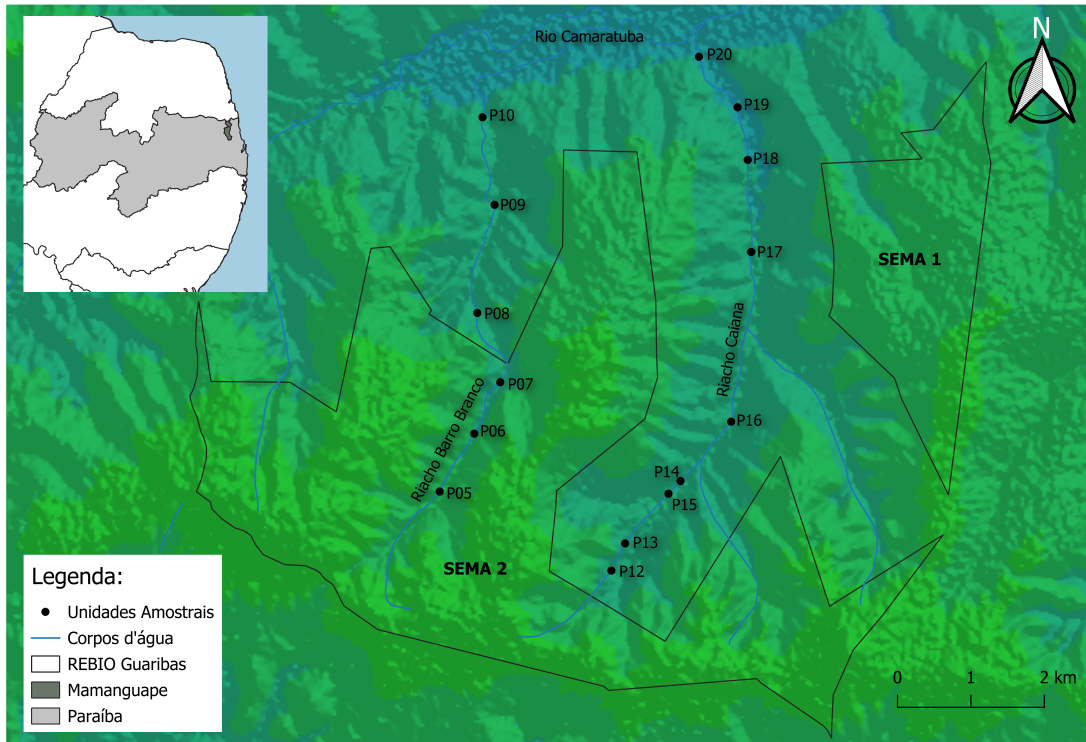


Figure 1: Mapa da área de influência da REBIO Guaribas localizada no município de Mamanguape.

Tables

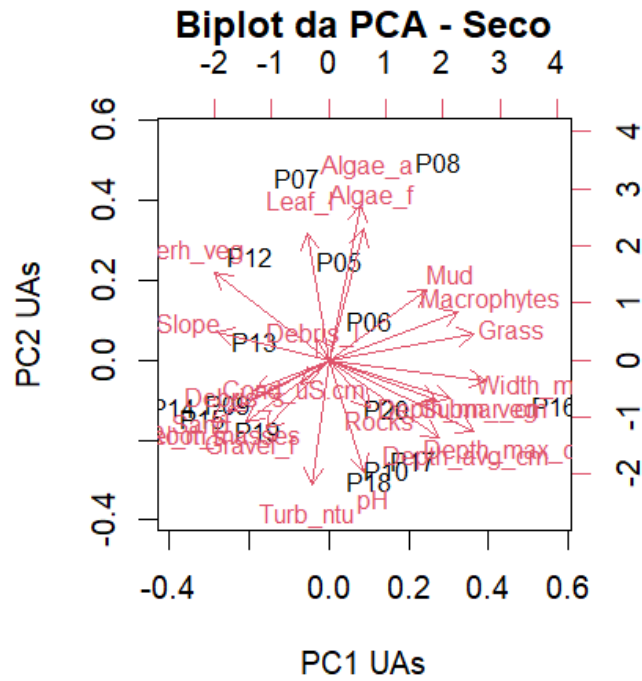


Figure 2: Biplot da Análise de Componentes Principais (PCA) das unidades amostrais (UAs) e das variáveis ambientais nos riachos Barro Branco e Caiana durante o período seco. Os pontos representam as UAs, enquanto os vetores indicam as variáveis ambientais associadas à estrutura do habitat.

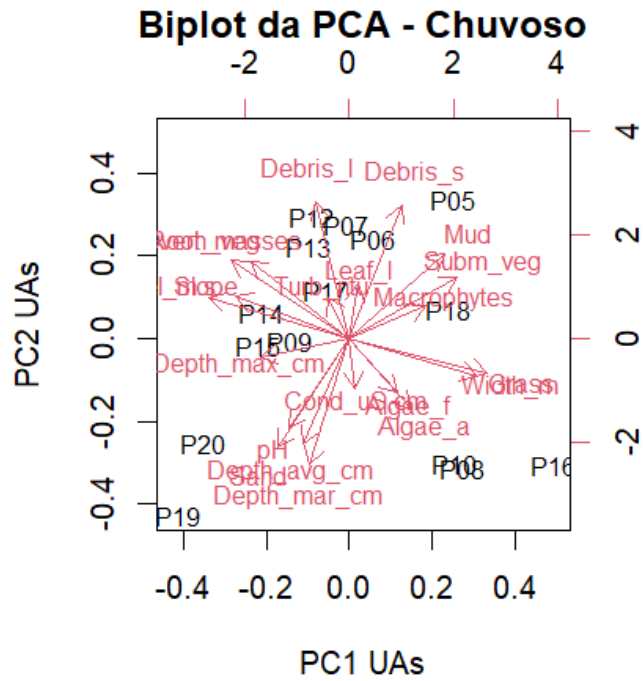


Figure 3: Biplot da Análise de Componentes Principais (PCA) das unidades amostrais (UAs) e das variáveis ambientais nos riachos Barro Branco e Caiana durante o período chuvoso. Os pontos representam as UAs, enquanto os vetores indicam as variáveis ambientais associadas à estrutura do habitat.



Figure 4: Diagrama de Venn indicando o número de espécies compartilhadas e exclusivas representadas a partir dos componentes de diversidade alfa (α) dos riachos Barro Branco (B) e Caiana (C) da REBIO Guaribas no período seco (S).

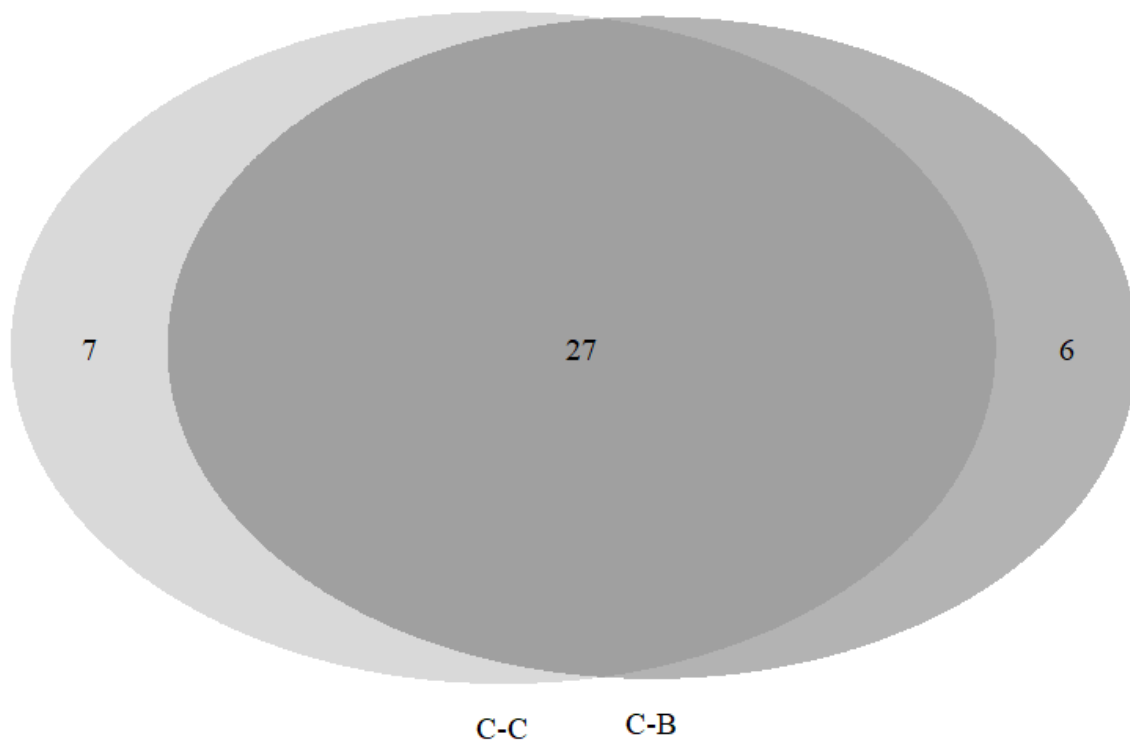


Figure 5: Diagrama de Venn indicando o número de espécies compartilhadas e exclusivas representadas a partir dos componentes de diversidade alfa () dos riachos Barro Branco (B) e Caiana (C) da REBIO Guaribas no período chuvoso (C).

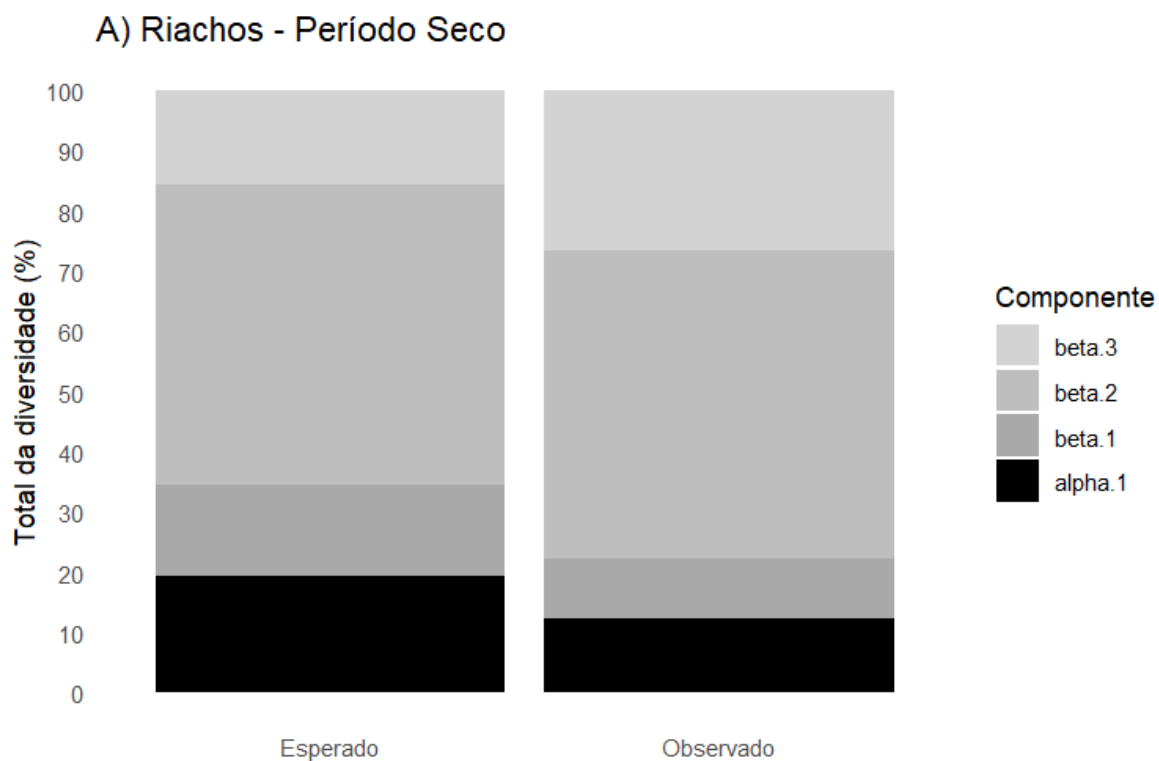


Figure 6: Diversidade observada e esperada do período seco, dividida em componentes alfa e três/dois betas, expressa em porcentagem da riqueza total em (A) ambos os riachos; (B) Barro Branco; e (C) Caiana. Alpha.1 = unidade de amostragem, beta.2 = variação entre habitats; beta.2 = variação entre pontos; beta.3 = variação entre riachos.

B) Barro Branco - Período Seco

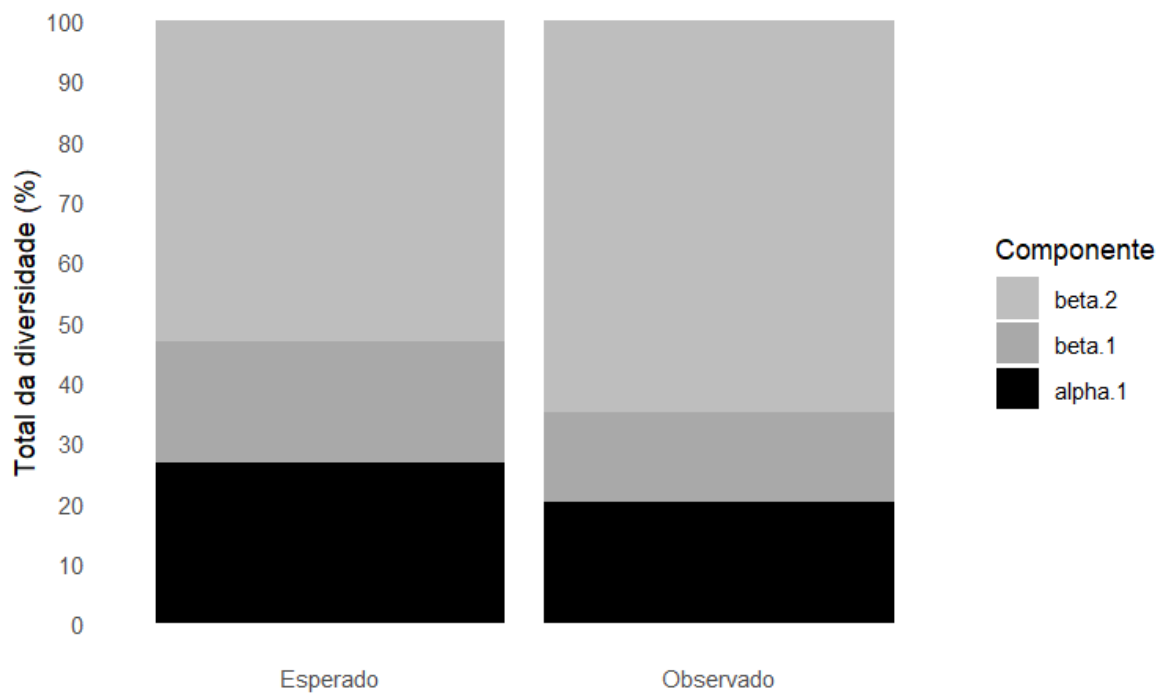


Figure 7

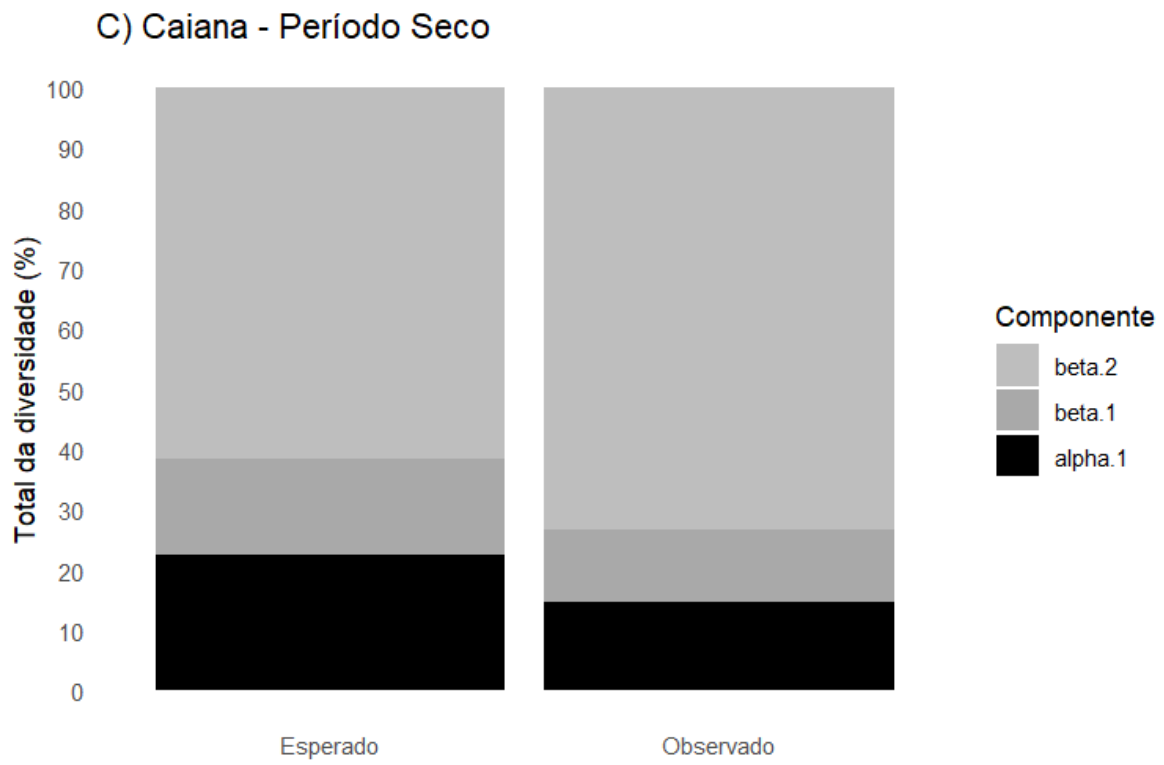


Figure 8

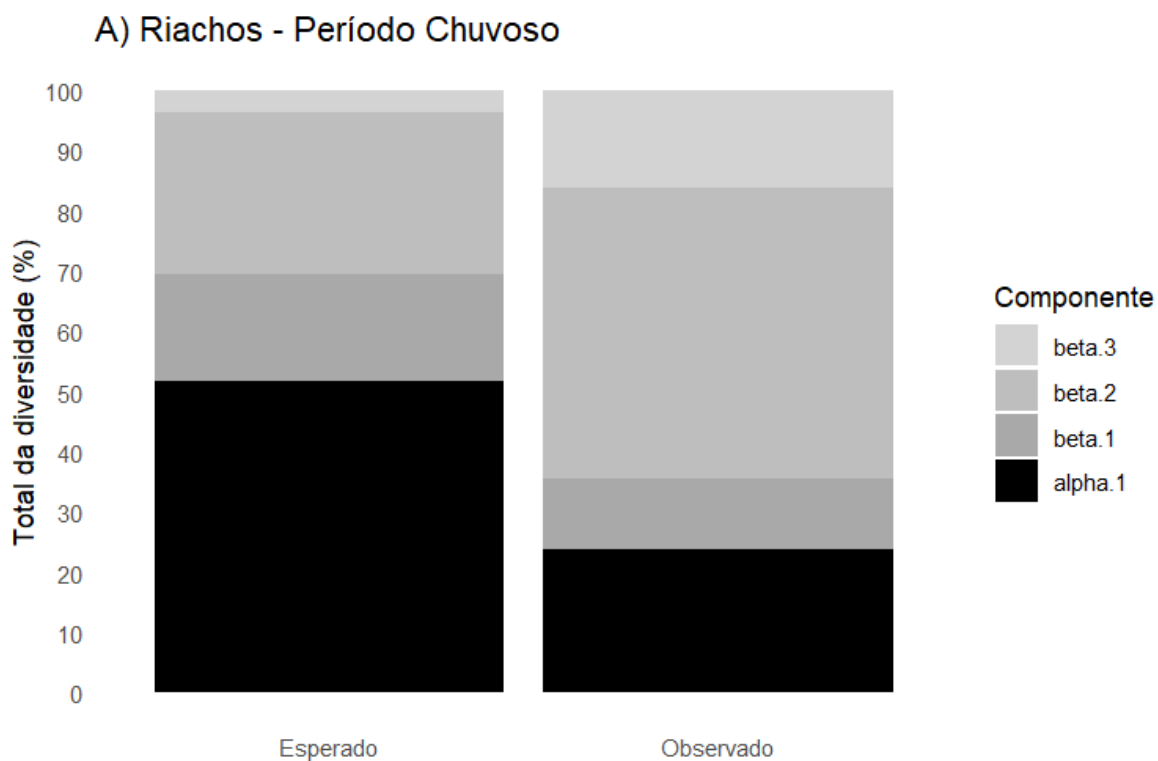


Figure 9: Diversidade observada e esperada do período chuvoso, dividida em componentes alfa e três/dois betas, expressa em porcentagem da riqueza total em (A) ambos os riachos; (B) Barro Branco; e (C) Caiana. Alpha.1 = unidade de amostragem, beta.2 = variação entre habitats; beta.2 = variação entre pontos; beta.3 = variação entre riachos.

B) Barro Branco - Período chuvoso

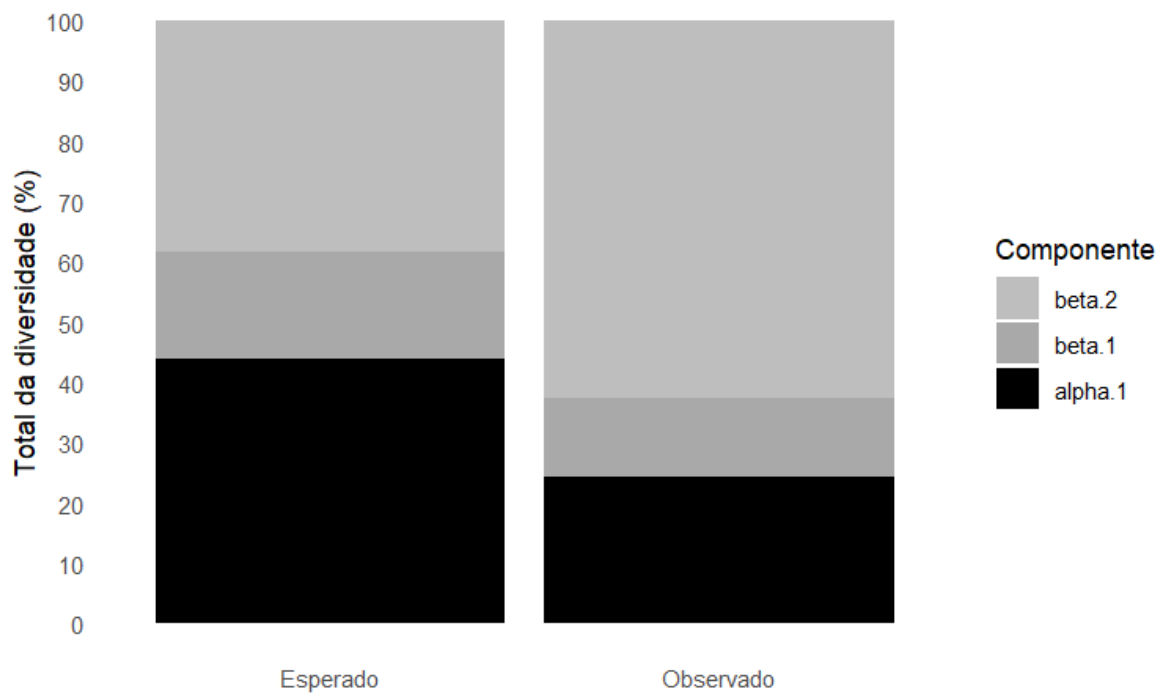


Figure 10

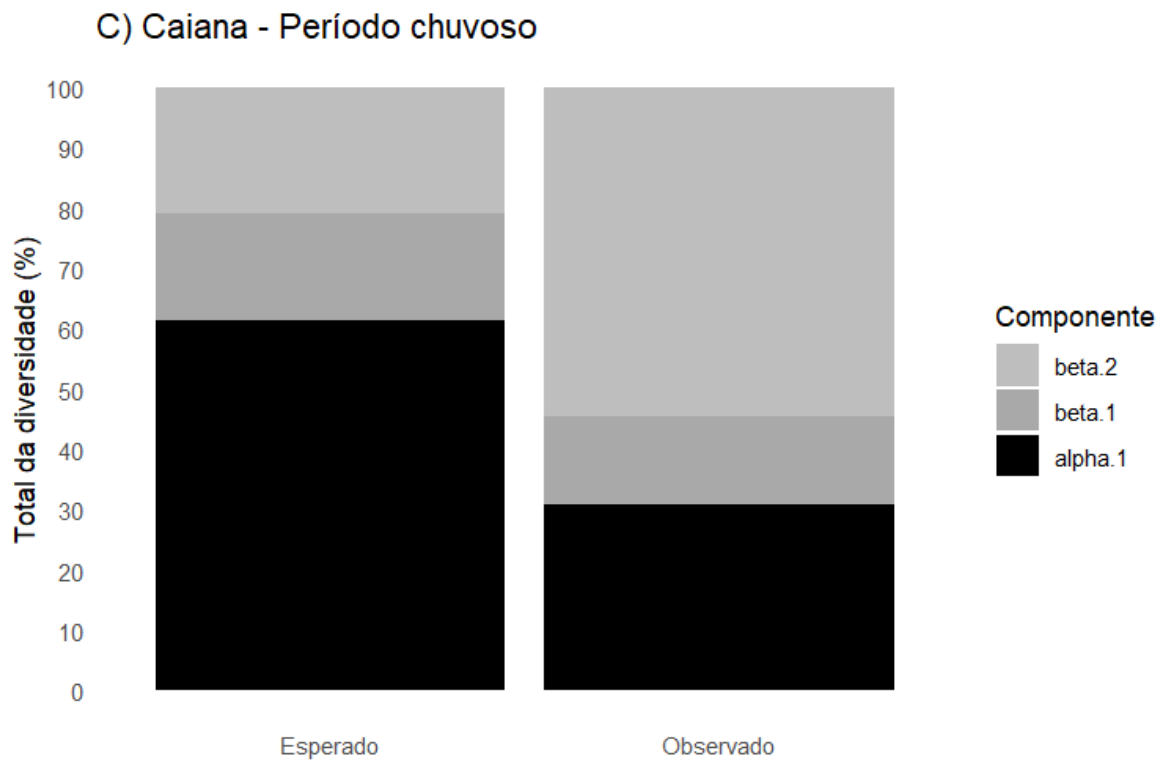



Figure 11



Figure 12: Etapas do desenvolvimento da pesquisa científica.

Apendices

Non-used figures and tables

 Non-used codes