



UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E CONSERVAÇÃO

MONALISA DOS SANTOS OLÍMPIO

**PROCESSOS ESTOCÁSTICOS PREDOMINANTEMENTE CONDUZEM A
MONTAGEM DA DIVERSIDADE TAXONÔMICA E FUNCIONAL DA
COMUNIDADE DE MOLUSCOS EM AMBIENTES HIPERSALINOS**

CAMPINA GRANDE-PB

2018

MONALISA DOS SANTOS OLÍMPIO

**PROCESSOS ESTOCÁSTICOS PREDOMINANTEMENTE CONDUZEM A
MONTAGEM DA DIVERSIDADE TAXONÔMICA E FUNCIONAL DA
COMUNIDADE DE MOLUSCOS EM AMBIENTES HIPERSALINOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito da obtenção do título de Mestre em Ecologia e Conservação.

Área de concentração: Biodiversidade

Orientador: Profa. Dra. Joseline Molozzi

CAMPINA GRANDE-PB
2018

É expressamente proibido a comercialização deste documento, tanto na forma impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que na reprodução figure a identificação do autor, título, instituição e ano do trabalho.

O513p Olímpio, Monalisa dos Santos.

Processos estocásticos predominantemente conduzem a montagem da diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos em ambientes hipersalinos [manuscrito] : / Monalisa dos Santos Olímpio, Dr. Rodrigo Fernandes. - 2018.

56 p.

Digitado.

Dissertação (Mestrado em Pós Graduação em Ecologia e Conservação) - Universidade Estadual da Paraíba, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa, 2018.

"Orientação : Profa. Dra. Joseline Molozzi, Coordenação de Curso de Biologia - CCBS."

1. Estrutura taxonômica. 2. Ambientes hipersalinos. 3. Moluscos. 4. Traços funcionais.

21. ed. CDD 594

MONALISA DOS SANTOS OLÍMPIO

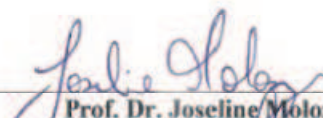
**PROCESSOS ESTOCÁSTICOS PREDOMINANTEMENTE CONDUZEM A
MONTAGEM DA DIVERSIDADE TAXONÔMICA E FUNCIONAL DA
COMUNIDADE DE MOLUSCOS EM AMBIENTES HIPERSALINOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito da obtenção do título de Mestre em Ecologia e Conservação.


Área de concentração: Biodiversidade

Aprovada em: 22/02/2018.

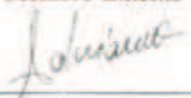
BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Joseline Molozi
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)
Presidente/Orientadora



Prof. Dr. Paulo Jorge Parreira dos Santos
Universidade Federal de Pernambuco (UFPE)
Membro Externo



Prof. Dr. Adriano Sanches Melo
Universidade Federal de Goiás (UFG)
Membro Externo

Dedico a Deus,
amado da minha alma.

A minha família
motores que me impulsionam.

Aos meus avós
Rita Maria e Adalto Vicente (in memoriam)
a quem sinto muita falta e que em toda a sua vida dedicaram a me dar o melhor.

Com todo carinho e amor,
dedico a vocês meu trabalho.

AGRADECIENTOS

Agradeço primeiramente a Deus e minha mãezinha do Céu (Maria), pelo dom da vida e por sempre me ajudarem, me dando saúde, força, paciência, inspiração e Fé para seguir em frente. A esse Pai que é Mestre dos Mestres meu muito obrigada! A essa Mãe que é reflexo de sabedoria, meu muito obrigada!

A minha família (Maria Zélia, Jandir, Maraisa e Tatiana), por entender minhas muitas de horas de solidão com Ela (meu computador) e por compreender os muitos momentos que eu passei processando o material do Mestrado em casa.

Ao meu namorado e amigo, Felipe Queiroz, pela paciência e por compreender meus estresses, angústias e minhas ausências durante o mestrado.

A minha querida orientadora Dra. Joseline Molozzi, a quem admiro pela profissional e pessoa que é. Obrigada por acreditar em mim. Obrigada a me ajudar a crescer, a realizar meus sonhos e a me oferecer desafios. Obrigada pela enorme paciência, confiança, dedicação, modelo, incentivo, ensinamentos e pelos diversos puxões de orelha. Muito obrigada Josi!!

Ao professor Dr. Rodrigo Fernandes, que aceitou e entrou no navio do meu mestrado com ele em alto mar. Aceitando nos ajudar e ser provedor de ideias desafiadoras. Contigo descobrir outra forma de pensar. Com base na tua paciência comigo, experiência e nos teus questionamentos perante a dissertação. Redescobrir que pensar em Ecologia e tentar unir as pontas soltas do conhecimento é extremamente difícil. Mas não impossível. Meu muito obrigada por tudo!

A minha inesquecível e amada ex-orientadora Dra. Beatriz Suzana de O. Ceballos, seus ensinamentos até hoje permeiam meus estudos e o meu jeito de ser, escrever, ler, analisar e vê o mundo acadêmico.

Aos meus amigos que me ajudaram e me ensinaram muito durante todo o Mestrado: aos técnicos Climélia, Adriano e Renata pela amizade, confiança, ajuda, desafios, brincadeiras e ensinamentos nas análises de água e sobre as questões que permeiam a vida. A Daleska, Iná e Luana pela confiança e pelo tempo disponível, sem vocês eu não teria conseguido alcançar e finalizar o processamento de todo o material. A Luana, em especial, por ser um anjo na minha vida. A Romilda, Popi e Graci (principalmente) do laboratório de Biologia Marinha, obrigada por abrirem mão do seu

tempo e compartilhem um pouco do seu conhecimento comigo e mais ainda seu banco de dados

de artigos. Muito obrigada pela paciência, ajuda e ensinamentos nas identificações dos moluscos. A Marcos, Izabelly e Ana Luiza (AnaLu do Pará, em especial) pela paciência, ajuda e ensinamentos todas as vezes que eu desesperadamente não sabia o que fazer, como fazer e como interpretar as análises no software R.

A minha turma de Mestrado (Anderson, Camila, Erimagna, Fernanda, Fernando, LUI, Mayara, Graci, Jessica, Valbia e Gilbevan) pelas conversas, carinho, brincadeiras, ensinamentos, alegrias e incentivo durante todo esse tempo. Em especial a Camila, Marcos e Gilbevan (meu amigo e parceiro na vida acadêmica) obrigada por acreditarem, confiarem, aceitarem e conjuntamente construírem minhas ideias loucas. Que essas ideias, sejam as primeiras de muitas ideias que iremos ter e construir juntos e gerar artigos.

Agradeço a equipe do Laboratório de Ecologia de Bentos (a técnica Clímelia, Luana, Marcos, Tamires, Evaldo, Daleska, Iara, Iná, Milenna, Sara, Caio, Gustavo, Janailma, Erlaine, Daniele, Carlinda, Izabelly, Pablo, Lorrane, Erika, Francielly, Valéria) e a do Laboratório de Ecologia Aquática em especial ao técnico Adriano, Leandro (Chico), Patrícia, Juliana e Dany pelas conversas, amizade, carinho, ensinamento e pelas inúmeras vezes que vocês quase me mataram de tanto rir.. Obrigada pessoal!!

Simplesmente obrigada!

*“Todos vamos morrer.
Não podemos escolher como ou quando.
Mas podemos decidir como iremos viver.
Então, faça isso. Decida!
Essa é a vida que você quer viver?
Essa é a pessoa que quer amar?
Esse é o melhor que você pode ser?
Você consegue ser mais forte? Mais gentil? Ter mais compaixão?
Decida!
Inspire.
Expire. E decida!”
Henry Gray*

RESUMO GERAL

Uma das formas de compreender como os fatores e os processos ecológicos moldam as comunidades biológicas ao longo dos gradientes ambientais é através da sua estrutura taxonômica e funcional. Tais medidas de diversidade, descrevem um aspecto independente da estrutura da comunidade, de modo a proporcionar uma visão mais abrangente dos processos que governam a diversidade local (diversidade alfa) e regional (diversidade beta). Diante disso, esta dissertação propõe avaliar (i) as relações entre os fatores ambientais e a abundâncias dentro dos traços a fim de entender as respostas dos gêneros dos moluscos, bem como (ii) os processos ecológicos (determinísticos e/ou estocásticos) que atuam na montagem dessa comunidade e (iii) a influência da heterogeneidade ambiental dos ambientes hipersalinos na estrutura e na diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos. O estudo foi realizado em três ambientes hipersalinos, localizados no Rio Grande no Norte. Em cada ambiente hipersalino foram definidas duas zonas subtidais a montante (zonas I e II) e duas subtidais a jusante (fz) (zonas III e IV). Em cada zona foram amostrados três pontos, com três unidades amostrais cada. Foram coletados em cada ponto os parâmetros físicos, químicos da água, sedimentológicos e biológico (malacofauna). Assim, os principais padrões demonstrados neste estudo foi a ausência de relações significativas dos índices taxonômicos e funcionais (alfa e beta) com os gradientes ambientais. Embora, a variação ambiental tenha explicado a distribuição taxonômica da comunidade dos moluscos. Além disso, as duas abordagens, taxonômica e funcional, foram fortemente correlacionadas. Ao avaliar qual processo ecológico rege a comunidade em componentes α e β -funcional, foi observado que predominantemente ela é regida por processo estocástico. Portanto, conclui-se que as medidas funcionais não respondem a variação ambiental nos ambientes hipersalinos, mas as taxonômicas responderam.

Palavras-chave: Traços funcionais; Ambientes hipersalinos; Semiárido brasileiro; Comunidade de moluscos.

GENERAL SUMMARY

One way of understanding how factors and ecological processes shape the biological communities along the environmental gradients is by their taxonomic and functional structure. Such diversity measures describe an independent aspect of community structure in order to provide a broader view of the processes that govern local diversity (alpha diversity) and regional diversity (beta diversity). Therefore, this work proposes to evaluate (i) the relationship between environmental factors and abundances within the traits in order to understand the responses of the genera of molluscs, and (ii) the ecological processes (deterministic and / or stochastic) acting (iii) the influence of the environmental heterogeneity of hypersaline environments on the structure and taxonomic and functional diversity of the mollusc community. The study was carried out in three hypersaline environments, located in Rio Grande do Norte. In each hypersaline environment two upstream subtidal zones (zones I and II) and two subtidal downstream (foz) were defined (zones III and IV). In each zone three points were sampled, with three sample units each. Physical, chemical, sedimentological and biological (malacofauna) parameters were collected at each point. Thus, the main patterns demonstrated in this study were the absence of significant relations of taxonomic and functional indexes (alpha and beta) with environmental gradients, although the environmental variation has explained the taxonomic distribution of the mollusc community. Moreover, both approaches, Taxonomy and functional, were strongly correlated. When assessing ecological process which governs the community in α and β -functional components, it was observed that it is predominantly governed by the stochastic process. Therefore, it is concluded that functional measures do not respond to environmental variation in hypersaline environments, but the taxonomic ones responded.

Keywords: Functional traits; Hypersaline Environments; Brazilian semi-arid; Community of molluscs.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Localização dos ambientes hipersalinos Aratuá (A), Casqueira (B) e Tubarão (C) no Rio Grande do Norte, Brasil.....27
- Figura 2 - Análise RLQ definidos pelos 1º e 2º eixos, onde: A) Ambientes hipersalinos (Ar, Aratuá; Ca, Casqueira; Tu, Tubarão), B) Características ambientais (Apêndice B), C) traços (Apêndice A) e D) Composição taxonômica (Apêndice D). O valor de d no canto superior direito corresponde à escala do gráfico34
- Figura 3 - Relação variáveis ambientais e traços funcionais resultantes da análise Fourth-Corner. Associações positivas significativas ($p < 0,05$) entre as variáveis ambientais e as categorias de traços dos moluscos são representadas por células azuis, enquanto associações negativas significativas por células vermelhas. As associações não significativas são cinzas. O tom da cor relativa indica a força da associação. Os códigos para características e variáveis ambientais são fornecidos nas Tabelas 1 e 2, respectivamente.....35
- Figura 4 - Distribuição da frequência dos valores SES para (A) dispersão funcional (SESFD_{is}), (B) riqueza funcional (SESFD) por ponto de amostragem e o (C) β -funcional (SES β_{Fun}) dos moluscos nos ambientes hipersalinos. Os valores SES negativos sugerem convergência funcional, enquanto que os valores positivos indicam divergência funcional (veja os detalhes na análise de dados).....36
- Figura 5 - Variação da diversidade α -taxonômica baseada na riqueza de gêneros e no índice de diversidade de Shannon-Wiener da comunidade de moluscos em cada ambiente hipersalino e suas as zonas.....37

LISTA DE TABELAS

Apêndice A - Relação dos traços, categorias, códigos e referências correspondentes aos traços selecionados.	49
Apêndice B - Valores médios e desvio padrão das variáveis físicas, químicas, composição do sedimento e matéria orgânica mensuradas dos ambientes hipersalinos Aratuá, Casqueira e Tubarão em Junho de 2016.....	50
Apêndice C - Resultados da análise de Partial least squares regression (PLSR) que mostra as relações entre a diversidade α -taxonômica (riqueza taxonômica e índice de Shannon-Wiener) e funcional (FDis e FRic) e a heterogeneidade ambiental (variáveis ambientais). Os valores destacados indicam que há uma relação e esta é significativa.	51
Apêndice D - Número de indivíduos (Nº ind.) dos gêneros da Malacofauna coletados nos três ambientes hipersalinos (Aratuá, Casqueira e Tubarão) e suas respectivas zonas (ZI,ZII,ZIII,ZIV).....	52

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	13
2. Objetivo geral.....	16
2.1 Objetivos específicos.....	16
3. PERGUNTA E HIPÓTESE.....	16
3.1. Pergunta	16
3.2. Hipótese	16
5. REFERÊNCIAS DA INTRODUÇÃO GERAL.....	17

Processos estocásticos predominantemente conduzem a montagem da diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos em ambientes hipersalinos.....	22
--	-----------

1. INTRODUÇÃO.....	24
2. MATERIAIS E MÉTODOS.....	26
2.1. <i>Área de estudo</i>	26
2.2. <i>Delineamento amostral</i>	27
2.3. <i>Características Ambientais</i>	28
2.3.1 <i>Variáveis Físicas e Químicas</i>	28
2.3.2 <i>Composição do sedimento e matéria orgânica</i>	28
2.4. <i>Malacofauna</i>	28
2.5. <i>Traços funcionais</i>	28
2.6. <i>Análise de dados</i>	29
2.6.1 <i>Diversidade Taxonômica e Funcional</i>	30
2.6.2 <i>Processos determinísticos e estocásticos</i>	31
2.6.2.1 <i>Diversidade-α</i>	31
2.6.2.2 <i>Diversidade-β</i>	31
3. RESULTADOS.....	31
3.1. <i>Heterogeneidade Ambiental</i>	31
3.2 <i>Heterogeneidade Ambiental x Malacofauna x Traços funcionais</i>	32
3.3. <i>Fatores estocásticos versus determinísticos</i>	34
3.4. <i>Diversidade alfa e sua relação com os fatores espaciais e heterogeneidade ambiental</i>	34
3.4.1 <i>α-Taxonômica</i>	37
3.4.2 <i>α - Funcional</i>	38
3.5. <i>Diversidade beta e sua relação com os fatores espaciais e heterogeneidade ambiental</i>	38
3.5.1 <i>β- Taxonômica</i>	38

3.5.2 β - Taxonômica.....	38
3.6 <i>Diversidade Taxonômica versus Funcional</i>	39
4. DISCUSSÃO.....	39
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	42
6. REFERÊNCIAS	42
7. APÊNDICES	49

INTRODUÇÃO GERAL

Compreender os fatores e processos que moldam as comunidades ao longo dos gradientes ambientais sempre foi um objetivo primário na ecologia (ALFONSO et al., 2016). Nesse contexto, o conhecimento atual sobre a montagem de comunidades reflete um sistema de contrapesos, em que de um lado, estão os mecanismos regidos pelos processos determinísticos, e do outro, os mecanismos dos processos estocásticos.

Os processos determinísticos assumem a relação das características ecológicas e evolutiva das espécies aos fatores ambientais e interações bióticas (YANG et al., 2015). Dessa forma as variações nas condições ambientais, atuam tanto como filtros ambientais, selecionando apenas espécies com capacidades de se estabelecer e persistir em determinado local, favorecendo espécies com características (ex. ecológicas e biológicas) semelhantes (COSTA et al., 2015a; KRAFT et al., 2015), como promovendo a complexidade estrutural do habitat, que fornece mais nichos e permite que mais espécies coexistam (ASTORGA et al., 2014; CASTRO et al., 2018). Por outro lado, as interações biológicas (ex. partição de nicho, similaridade limitante) atuaria impedindo que espécies coexistentes sejam muito similares, porque a competição entre as espécies excluiria aquelas com características ecológicas semelhantes (BOOTH; SWANTON, 2002; FUNK et al., 2008).

Enquanto os processos estocásticos, assumem a importância na dispersão das espécies, deriva ecológica e na dinâmica de colonização e extinção de espécies (YANG et al., 2015; MI et al., 2016). Esses fatores favorecem o aumento da diversidade, pois proporcionam que as espécies colonizem novos locais. O limite de dispersão das espécies, por exemplo, aumenta a variabilidade entre comunidades de diferentes habitats (diversidade- β), mesmo estando sob condições ambientais similares (CHASE, 2007; DRISCOLL; LINDENMAYER, 2009; ECONOMO; KEITT, 2010; CHASE, 2010). Apesar de contrastantes, esses dois processos podem operar simultaneamente na montagem das comunidades, no entanto, sua importância relativa pode mudar dependendo da escala espacial, condições ambientais, tipo de comunidade e estágio sucessional (CHASE, 2010; CARUSO et al., 2011; ZHOU et al., 2013; LEE et al., 2014).

Tradicionalmente, os ecologistas exploravam os fatores que conduziam a montagem das comunidades pela sua estrutura taxonômica (ex., abundância, biomassa, riqueza e índices de diversidade). Contudo, a informação limitada sobre as funções que as

espécies exercem nos processos ecossistêmicos ou mesmo sua história evolutiva (SWENSON, 2011; SWENSON, 2013), fizeram com que as abordagens funcionais emergissem com o potencial de elucidar a resposta das espécies às condições ambientais, distúrbios e interações bióticas, bem como seus efeitos nos processos ecossistêmicos (MASON et al., 2007; MOUCHET et al., 2010; MOUILLOT et al., 2013; KUZMANOVIC et al., 2017).

Essa abordagem funcional é baseada em traços (características) morfológicos (ex. forma ou tamanho corporal), fisiológicos (ex. capacidade osmorregulatória), comportamental (ex. mobilidade), ecológico (ex. hábitos alimentares e preferência alimentar) e de história de vida (ex. reprodução e taxa de sobrevivência) que são inerentes ao organismo e, portanto, fornecem informações sobre o uso dos recursos e as condições do habitat das espécies (MASON et al., 2007; VIOLLE et al., 2007). Assim os traços possibilitam entender com maior clareza o papel que as espécies exercem no funcionamento do ecossistema (PETCHEY; GASTON, 2006).

Nos últimos anos diversos estudos têm demonstrado que as medidas de diversidade funcional são altamente correlacionadas às medidas de diversidade taxonômicas tradicionais (ARMENTEROS et al., 2009; VAN DER LINDEN et al., 2012; ALVES et al., 2014; VAN DER LINDEN et al., 2017) e que os processos de montagem das comunidades atuam de forma distintas nestas duas abordagens e em diferentes escalas espaciais (FOURNIER et al., 2017). Desse modo, a diversidade funcional proporciona uma visão mais abrangente da condição ecológica de diversos ambientes, do que aquela que seria possível apenas com as avaliações taxonômicas (FERREIRA et al., 2017).

Nos ambientes com condições hipersalinas, onde as condições ambientais estabelecem um limiar à biota de forma a selecionar as espécies que compartilham características específicas, favorecendo apenas espécies que possuem estratégias similares para se estabelecer e persistir (POFF, 1997; COSTA et al., 2015a; MEDEIROS et al., 2016). Uma vez que são considerados estressantes para muitas comunidades biológicas pelas suas condições ambientais e elevadas concentrações de salinidade (SILVA et al., 2005; ANDUTTA et al., 2011). São ambientes caracterizados por serem costeiros e ocorrem apenas em regiões áridas ou semi-áridas, estando sob condições climatológicas (alta taxa de evaporação e baixa entrada de água doce) que lhes conferem uma salinidade maior ou similar à de águas oceânicas, uma baixa produtividade primária, estando o

funcionamento do ecossistema baseado mais na produção bentônica (SILVA et al., 2010; POTTER et al., 2010; ANDUTTA et al., 2011).

No Brasil, os estudos nestes ecossistemas hipersalinos são quase que desconhecidos em termos de dinâmica dos processos ecológicos, hidrogeoquímicos e biológicos. No nordeste do Brasil onde esses ecossistemas são comuns, a maioria dos estudos publicados concentrou-se em compreender a diversidade de espécies e sua relação com as variáveis ambientais, espaciais e temporais do ecossistema, com destaque para os estudos realizados por Medeiros et al., (2014) que exploram a evolução da proteção legal do ecossistema manguezal, evidenciando a situação do uso e conservação dos manguezais; Queiroz e Dias, (2014) com a caracterização da malacofauna associada a macroalgas; Costa et al., (2015) e Costa et al., (2015a) em salinas solares artificiais com a comunidade de fitoplâncton; Medeiros et al., (2016) que abordam os aspectos estruturais da comunidade de macroinvertebrados bentônicos e sua relação com as variáveis ambientais; Sales et al., (2016) abordando a assembleia de peixes e sua relação com as características de vegetação e sedimento e por fim Silva et al., (2016) retratando a distribuição e a ecologia alimentar de peixes juvenis.

Entre as comunidades aquáticas que persistem nos ambientes hipersalinos, destaca-se a malacofauna, composta pela comunidade de moluscos que é uma das mais diversas e difundidas no ambiente marinho em número de espécies e diversidade de variação morfológica (RUEDA et al., 2009). Os moluscos são um grupo particularmente importante socioeconomicamente e acessível para investigações das respostas taxonômicas e funcionais das espécies, e dos processos ecológicos que direcionam o estabelecimento (montagem) dessas comunidades. A acessibilidade é devido (i) ao papel vital na ciclagem de nutrientes e decomposição de detritos através da bioturbação, e como fonte de alimento para os níveis tróficos superiores (BEASLEY et al., 2005; MCKEON et al., 2015); (ii) à taxonomia do grupo em regiões temperadas, que é bem consolidada e disponível (MIKKELSEN; BIELER, 2008; TUNNELL et al., 2010); (iii) aos principais fatores ecológicos que influenciam a estrutura da comunidade são bem conhecidos, como a presença de algas, a salinidade e as características dos sedimentos (BARROSO; MATTHEWS-CASCON, 2009; NEBRA et al., 2016); e (iv) às implicações que esses fatores têm nos traços dos organismos através de experimentos laboratoriais (BAYNE, 1975; LUTZ; KENNISH, 1992; GOSLING, 2003; KOWALKE, 2005; QUEIRÓS et al., 2013).

Portanto, a presente dissertação é composta por um capítulo que buscou avaliar quais os mecanismos e os processos ecológicos (determinísticos e/ou estocásticos) regem a montagem da comunidade de moluscos alfa e beta taxonômica e funcional em ambientes com condições hipersalinas. Após as considerações da banca examinadora, este trabalho será submetido à revista *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, cujo título é: “Processos estocásticos predominantemente conduzem a montagem da diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos em ambientes hipersalinos”.

2. OBJETIVO GERAL

- Avaliar quais os mecanismos determinísticos e/ou estocásticos regem a montagem da comunidade de moluscos alfa e beta taxonômica e funcional em ambientes com condições hipersalinas.

2.1 Objetivos específicos

- Avaliar a influência da heterogeneidade ambiental na abundância dentro dos traços funcionais para investigar a atuação de filtros ambientais;
- Comparar os valores observados de diversidade funcional α e β com expectativas nulas para identificar processos de montagem de comunidade;
- Avaliar a influência espacial e heterogeneidade ambiental na diversidade α e β taxonômica e funcional;
- Avaliar a relação entre diversidade taxonômica e funcional.

3. Pergunta e Hipótese

3.1. Pergunta

Qual o processo ecológico (determinísticos e/ou estocásticos) atuam na montagem da comunidade dos moluscos em ambientes com condições hipersalinas.

3.2. Hipótese

Processos determinísticos relacionados à heterogeneidade ambiental são os principais direcionadores da diversidade (α e β) taxonômica e funcional da comunidade de moluscos.

17

5. REFERÊNCIAS DA INTRODUÇÃO GERAL

ALFONSO, G.; BECCARISI, L.; PIERI, V.; FRASSANITO, A.; BELMONTE, G. Using crustaceans to identify different pond types: a case study from the Alta Murgia National Park, Apulia (South-eastern Italy) *Hydrobiologia*, v. 782, p. 53-69, 2016

ALVES, A. S.; VERÍSSIMO, H.; COSTA, M. J.; MARQUES, J. C. Taxonomic resolution and Biological Traits Analysis (BTA) approaches in estuarine free-living nematodes. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v. 138, p. 69–78, 2014.

ANDUTTA, F.P.; RIDD, P.V.; WOLANSKI, E. Dynamics of hypersaline coastal waters in the Great Barrier Reef. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v. 94, n. 4, p. 299-305, 2011

ARMENTEROS, M.; RUIZ-ABIERNO, A.; FERNÁNDEZ-GARCÉS, R.; PÉREZ-GARCÍA, J. A.; DÍAZ-ASENCIO, L.; VINCX, M.; DECRAEMER, W. Biodiversity patterns of free-living marine nematodes in a tropical bay: Cienfuegos, Caribbean Sea. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v. 85, n. 2, p. 179–189, 2009.

ASTORGA, A. et al. Habitat heterogeneity drives the geographical distribution of beta diversity: The case of New Zealand stream invertebrates. *Ecology and Evolution*, v. 4, n. 13, p. 2693–2702, 2014.

BARROSO, C. X.; MATTHEWS-CASCON, H. Distribuição espacial e temporal da malacofauna no estuário do rio Ceará, Ceará, Brasil. *Pan-American Journal of Aquatic Sciences*, v. 4, n.1, p.79-86, 2009

BAYNE, B.L. Reproduction in bivalve molluscs under environmental stress. In: VERNBERG, F.J. (Ed.). *Physiological Ecology of Estuarine Organisms*. University of South Carolina Press: Columbia, p. 259–277, 1975

BEASLEY, C. R.; FERNANDES, C. M.; GOMES, C. P.; BRITO, B.A et al. Molluscan diversity and abundance among coastal habitats of northern Brazil. *Ecotropica*, v. 11, p. 9–20, 2005

BLASUTTO, O.; CIBIC, T.; VITTOR, C.; UMANI, S. F. Microphytobenthic primary production and sedimentary carbohydrates along salinity gradients in the lagoons of Grado and Marano (Northern Adriatic Sea). *Hydrobiologia*, v. 550, p. 47-55, 2005

BOOTH, B. D.; SWANTON, C. J. Assembly theory applied to weed communities 50th Anniversary - Invited Article Assembly theory applied to weed communities. *Weed Science*, v. 50, n. 3, p. 2–13, 2002.

CARTIER, V.; CLARET, C.; GARNIER, R.; FRANQUET, E. How salinity affects life cycle of a brackish water species, *Chironomus salinarius* KIEFFER (Diptera, Chironomidae). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, v. 405, p. 93–101, 2011

CARUSO, T.; CHAN, Y.; LACAP, D.C.; LAU, M.C.Y.; MCKAY, C.P.; POINTING, S.B. Stochastic and deterministic processes interact in the assembly of desert microbial communities on a global scale. *The ISME Journal*, v. 5, p. 1406–1413, 2011

CASTRO, D.M.P.; DOLÉDEC, S.; CALLISTO, M. Land cover disturbance homogenizes aquatic insect functional structure in neotropical savanna streams. *Ecological Indicators*, v. 84, p. 573–582, 2018

CHASE, J. M. Drought mediates the importance of stochastic community assembly. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 104, n. 44, p. 17430–17434, 2007.

CHASE, J.M. Stochastic Community Assembly Causes Higher Biodiversity in More Productive Environments. *Science*, v. 328, n. 5984, p. 1388–1391, 2010.

CHASE, J. M. et al. Using null models to disentangle variation in community dissimilarity from variation in α -diversity. *Ecosphere*, v. 2, n. 2, 2011.

COSTA, R. S.; MOLOZZI, J.; HEPP, L. U.; COSTA, D. F. S. et al., Influence of ecological filters on phytoplankton communities in semi-arid solar saltern environments. *Acta Limnologica Brasiliensia (Online)*, v. 27, p. 39-50, 2015

COSTA, R. S.; MOLOZZI, J.; HEPP, L. U.; DE MEDEIROS ROCHA, R.; BARBOSA, J. E. L. . Diversity partitioning of a phytoplankton community in semiarid salterns. *Marine and Freshwater Research*, v. 67, p. 238-245-245, 2015a

DRISCOLL, D. A.; LINDENMAYER, D. B. Empirical tests of metacommunity theory using an isolation gradient. *Ecological Monographs*, v. 79, p. 485–501, 2009

ECONOMO, E. P.; KEITT, T. H. (2010). Network isolation and local diversity in neutral metacommunities. *Oikos*, 119, 1355–1363.

FERREIRA, W. R.; HEPP, L.U.; LIGEIRO, R.; MACEDO, D.R.; HUGHESE, R.M.; KAUFMANN, P.F.; CALLISTO, M. Partitioning taxonomic diversity of aquatic insect assemblages and functional feeding groups in neotropical savanna headwater streams. *Ecological Indicators*, v. 72, p. 365–373, 2017.

FOURNIER, B. MOULY, A, MORETTI, M.; GILLET, F . Contrasting processes drive alpha and beta taxonomic, functional and phylogenetic diversity of orthopteran communities in grasslands. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, v. 242, n. March, p. 43–52, 2017

GOSLING, E. Reproduction, Settlement and Recruitment. In: GOSLING, E (Ed.). Bivalve Molluscs: Biology, Ecology and Culture. Iowa State University Press: Ames, 2003. p. 131-161p

KOWALKE, T. Mollusca in marginal marine and inland saline aquatic ecosystem examples of Cretaceous to extant evolutionary dynamics. *Zitteliana*, v.45, p. 35-63, 2006. 19

KUZMANOVIC, M.; DOLÉDEC, S.; DE CASTRO-CATALA, N.; GINEBREDA, A.; SABATER, S.; MUÑOZ, I.; BARCELÓ, D. Environmental stressors as a driver of the trait composition of benthic macroinvertebrate assemblages in polluted Iberian rivers. *Environmental Research*, v. 156, n. March, p. 485–493, 2017.

LEE, S. M.; DONALDSON, G. P.; MIKULSKI, Z.; BOYAJIAN, S.; LEY, K.; MAZMANIAN, S. K.; ENGINEERING, B.; JOLLA, L. Bacterial colonization factors control specificity and stability of the gut microbiota. *Nature*. v. 501, n. 7467, p. 426–429, 2014.

LUTZ, R.A.; KENNISH, M.J. Ecology and morphology of larval and early post larval mussels. In: GOSLING, E.M. (Ed.) *The Mussel Mytilus: Ecology, Physiology, Genetics and Culture*, Elsevier Science Publishers:Amsterdam, p. 53–85, 1992

MASON, N. W. H.; LANOISELÉE, C.; MOUILLOT, D.; IRZ, P.; ARGILLIER, C. Functional characters combined with null models reveal inconsistency in mechanisms of species turnover in lacustrine fish communities. *Oecologia*, v. 153, n. 2, p. 441–452, 2007

MEDEIROS, C. R.; COSTA, A. K. DA S. C. ; LIMA, DA S. S. C. ; OLIVEIRA, J. M. ; JUNIOR, C. M. M.; DA SILVA, A. R. M.; RAFAELA, S. D. G. ; DE MELO, J. I. M. ;DIAS, T. L. P.; MOLOZZI, J. . Environmental drivers of the benthic macroinvertebrates community in a hypersaline estuary (Northeastern Brazil). *Acta Limnologica Brasiliensia (Online)*, v. 28, 2016

MEDEIROS, S.R.M.; CARVALHO, R.G.; PIMENTA, M.R.C. A proteção do ecossistema manguezal a luz da lei: 12.651/2012: novos desafios para a sustentabilidade dos manguezais do Rio Grande Do Norte. *GEOTemas*, v.4, n.2, p.59-78, 2014.

MI, X. et al. Stochastic assembly in a subtropical forest chronosequence: evidence from contrasting changes of species, phylogenetic and functional dissimilarity over succession. *Scientific Reports*, v. 6, n. 1, 2016.

MIKKELSEN, P.M.; BIELER, R. *Seashells of Southern Florida – Bivalves*. Princeton University Press, 2008. p. 503

MOUCHET, M. A. et al. Functional diversity measures: An overview of their redundancy and their ability to discriminate community assembly rules. *Functional Ecology*, v. 24, n. 4, p. 867–876, 2010.

MOUILLOT, D. et al. A functional approach reveals community responses to

disturbances. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 28, n. 3, p. 167–177, 2013.

NEBRA, A.; ALCARAZ, C.; CAIOLA, N.; MUÑOZ-CAMARILLO, G.; IBÁÑEZ, C. Benthic Macrofaunal Dynamics and Environmental Stress Across a Salt Wedge Mediterranean Estuary. *Mar Environ Res*, v.117, p. 21-31, 2016

PETCHEY, O.L; GASTON, K.J. Functional diversity: back to basics and looking forw
Ecology Letters, v. 9, p. 741–758, 2006

20

POFF, N.L. Landscape filters and species traits: towards mechanistic understanding and prediction in stream ecology. *Journal of the American Benthological Norte Society*, v. 16, n. 2, p. 391-409, 1997

POTTER, I.C.; CHUWEN, B.M.; HOEKSEMA, S.D.; ELLIOTT, M. The concept of an estuary: A definition that incorporates systems which can become closed to the ocean and hypersaline. *Estuarine, Costal and Shelf Science*. v. 87, p. 497-500, 2010

QUEIROZ, R. N. M.; DIAS, T.L.P. Molluscs associated with the macroalgae of the genus *Gracilaria* (Rhodophyta): importance of algal fronds as microhabitat in a hypersaline mangrove in Northeastern Brazil. *Braz. J. Biol.*, v. 74, n 3, p. S52-S63 2014

QUEIRÓS, A.M.; BIRCHENOUGH, S.N.R.; BREMNER, J, et al. A bioturbation classification of European marine infaunal invertebrates. *Ecology and Evolution*, v. 3, n.11, 2013

RUEDA, J.; GOFAS,S.; URRÁ, J.; SALAS, C. A highly diverse molluscan assemblage associated with eelgrass beds (*Zostera marina* L.) in the Alboran Sea: micro-habitat preference, feeding guilds and biogeographical distribution. *Sci. Mar.*, v. 73, n. 4, p. 679–700, 2009

SALES, N. S.; DIAS, T. L. P.; BAETA, A.; PESSANHA, A. L. M. Dependence of juvenile reef fishes on semi-arid hypersaline estuary microhabitats as nurseries. *Journal of Fish Biology*, v. 88, p. 1-19, 2016

SILVA, R.S.; CARVALHO, K. D.; PESSANHA, A. L. M. Distribution and feeding ecology of three juvenile mojarras in a hypersaline tropical estuary in Northeastern Brazil. *Marine Ecology*, v. 37, p. 1266–1281, 2016

SWENSON, N.G. The role of evolutionary processes in producing biodiversity patterns, and the interrelationships between taxonomic, functional and phylogenetic biodiversity. *American Journal of Botany*. v. 98, p. 472–480, 2011

SWENSON, N.G., STEGEN, J.C., DAVIES, S.J., ERICKSON, D.L., FORERO-MONTANA, J., HURLBERT, A.H., et al. Temporal turnover in the composition of tropical tree communities: functional determinism and phylogenetic stochasticity. *Ecology*. v 93, p. 490–499, 2012

VAN DER LINDEN, P; PATRÍCIO, J; MARCHINI, A; CID, N; NETO, J.M; MARQUES, J.C. A biological trait approach to assess the functional composition of

subtidal benthic communities in an estuarine ecosystem. *Ecol. Indic.*, v. 20, p. 121–133, 2012

VAN DER LINDEN, P.; MARCHINI, A.; SMITH, C. J.; DOLBETH, M. et al. Functional changes in polychaete and mollusc communities in two tropical estuaries. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v.187, p. 62-73, 2017

VIOLLE, C.; NAVAS, M.L.; VILE, D.; FORTUNEL, C.; HUMMEL, I.; GARNIER²¹
Let the concept of trait be functional! *Oikos*. v. 116, n. 5, p. 882–892, 2007

ZHOU J, LIU W, DENG Y, JIANG Y, XUE K, HE, VAN NOSTRAND JD, WU L, YANG Y, AND WANG A. Stochastic assembly leads to alternative communities with distinct functions in a bioreactor microbial community. *MBio*. v.4, n. 2, 2013

YANG, J. et al. Local-scale Partitioning of Functional and Phylogenetic Beta Diversity in a Tropical Tree Assemblage. *Scientific Reports*, v. 5, n. 1, p. 12731, 2015

Processos estocásticos predominantemente conduzem a montagem da diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos em ambientes hipersalinos

Monalisa dos Santos Olímpio^a; Rodrigo Fernandes^b; Joseline Molozzi^b

^aPós-Graduação em Ecologia e Conservação, Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), Av. das Bananeiras, 351, CEP 58109-753, Campina Grande, PB, Brasil. email: monalisa.olimpio@gmail.com

^bPrograma de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação, Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), Av. das Bananeiras, 351, CEP 58109-753, Campina Grande, PB, Brasil. email: rfernandes@ufersa.edu.br/
jmolozzi@gmail.com



Manuscrito a ser submetido à Estuarine, Coastal and Shelf Science

RESUMO

As abordagens ecológicas para a montagem de comunidades são baseadas em duas forças conjuntas: processos determinísticos, como interações entre as espécies e filtros ambientais, e processos estocásticos, como o limite a dispersão, deriva ecológica e dinâmica de colonização e extinção de espécies. Apesar de contrastantes, esses processos podem operar simultaneamente na estruturação das comunidades e atuarem de forma distintas em abordagens taxonômicas e funcionais e em diferentes componentes de diversidade. Este estudo, então, buscou avaliar (i) as relações entre os fatores ambientais e a abundâncias dentro dos traços a fim de entender as respostas dos gêneros dos moluscos, bem como (ii) os processos ecológicos (determinísticos e/ou estocásticos) que atuam na montagem dessa comunidade e (iii) a influência da heterogeneidade ambiental dos ambientes hipersalinos na estrutura e na diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos. As amostragens foram realizadas em três ambientes hipersalinos no semiárido brasileiro. Em cada ambiente hipersalino foram definidas duas zonas subtidais a montante (zonas I e II) e duas subtidais a jusante (foz) (zonas III e IV) a fim de amostrar todo o ambiente hipersalino. Em cada zona foram definidos três pontos de amostragem, com três unidades amostrais cada. Foram coletados em cada ponto os parâmetros físicos, químicos da água, sedimentológicos e biológico (malacofauna). Para cada gênero de molusco, foram coletadas informações de seis traços funcionais: estratégia alimentar, longevidade, desenvolvimento larval, técnica reprodutiva e posição no sedimento e a relação com as variáveis ambientais. A partir desses dados foi calculada a estrutura funcional da comunidade de moluscos e, posteriormente, avaliado o processo ecológico que rege a comunidade usando modelos nulos. Os resultados evidenciaram que a distribuição taxonômica é fortemente relacionada aos gradientes ambientais, ao contrário dos traços que não responderam a esses gradientes. Apesar dos ambientes hipersalinos registrarem uma alta heterogeneidade ambiental, isso não foi suficiente para explicar os resultados dos índices de diversidade- α , bem como a alta dissimilaridade na diversidade- β taxonômica e funcional. Ao considerar os modelos nulos, este estudo evidenciou que os processos estocásticos regem a comunidade dos moluscos (α e β -funcional). Além disso, as duas abordagens, taxonômica e funcional, foram fortemente correlacionadas. Portanto, conclui-se que apenas a estrutura taxonômica dos moluscos se mostrou sensível as variações ambientais, ao contrário das medidas funcionais (α e β) que não respondem a essa variabilidade presente nos ambientes hipersalinos.

Palavras-chaves: Comunidade de moluscos; semiárido brasileiro; modelos nulos; condições hipersalinas

1. INTRODUÇÃO

Ao longo do tempo, os ecologistas buscaram compreender como os gradientes ambientais regulavam a montagem das comunidades ecológicas. Teorias e hipóteses foram levantadas assumindo que as distribuições, abundância e composição das espécies são resultados de duas forças conjuntas: processos determinísticos, como interações entre as espécies e filtros ambientais, e processos estocásticos, como o limite a dispersão, deriva ecológica e dinâmica de colonização e extinção de espécies (KEDDY, 1992 ;VELLEND, 2010). Esses dois processos contratantes, podem operar simultaneamente na montagem das comunidades, no entanto, sua importância relativa pode mudar dependendo da escala espacial, condições ambientais, tipo de comunidade, ecossistema e estágio sucessional (CHASE, 2010; CARUSO et al., 2011; ZHOU et al., 2013; LEE et al., 2014).

A filtragem ambiental e as interações entre as espécies são os dois mecanismos que mais comumente se acredita estar envolvidos na montagem das comunidades ecológicas (WISZ et al., 2013; KRAFT et al., 2015; ŠVAMBERKOVÁ; VÍTOVÁ; LEPŠ, 2017). Uma vez que a teoria da filtragem ambiental (tolerância ao estresse) prevê que, as condições ambientais selecionam apenas espécies que têm capacidades de estabelecer e persistir em determinado local, favorecendo espécies com características ecológicas e biológicas semelhantes (COSTA et al., 2015; KRAFT et al., 2015). Enquanto as interações bióticas (partição de nicho, similaridade limitante) evitaria que espécies coexistentes sejam muito similares (BOOTH; SWANTON, 2002).

Apesar disso, muitos estudos têm apontado que os processos estocásticos podem gerar uma variabilidade na composição de espécies de um local para outro (diversidade- β) com estruturas e funções funcionais distintas, mesmo estando sob condições ambientais similares (CHASE, 2007; CHASE, 2010; ZHOU et al., 2013). Nesse sentido, a estrutura das comunidades e os padrões de diversidade (diversidade- α e β) tem sido frequentemente utilizado para compreender qual o papel dos processos na montagem de comunidades (MYERS et al., 2013; VITORINO-JÚNIOR et al., 2016), mas também como as comunidades respondem aos ambientes estressantes (por exemplo, a hipersalinidade) (COSTA et al., 2015), mudanças climáticas (LEPRIEUR et al., 2011) e gradientes ambientais (MEDEIROS et al., 2016).

Em ecossistemas caracterizados por condições ambientais estressantes, como os ambientes hipersalinos, que possui uma enorme importância biológica atuando como local

de abrigo e reprodução para diversas espécies biológicas além da provisão de serviços ecossistêmicos (ELLIOTT; KAUFMANN, 2007; SALES et al., 2016). A nossa compreensão atual da estrutura ecológica e de como as influências relativas dos processos determinísticos e estocásticos mudam com as condições ambientais, e moldam os padrões de diversidade espaço-temporalmente ainda não são bem compreendidos. Mas sabe-se que a escala espacial, o filtro salino e mudanças temporais são fatores que influenciam fortemente as comunidades biológicas (HOLLISTER et al., 2010; MÁRQUEZ; KOLASA, 2013; COSTA et al., 2015; COSTA et al., 2015b; MEDEIROS et al., 2016a).

Desta forma, as abordagens funcionais têm sido cada vez mais utilizadas para elucidar os processos de coexistência de espécies, os mecanismos que regem as comunidades e os efeitos das perturbações naturais e antropogênicas (MASON et al., 2007; PILÓ et al., 2016; KUZMANOVIC et al., 2017). Ao contrário das medidas de diversidade taxonômica tradicionais (ex., abundância, biomassa, riqueza e índices de diversidade), a estrutura funcional das espécies fornecem informações sobre o uso de recursos e as condições do habitat, de modo a fornecer uma visão que unem vários traços funcionais a determinados processos de montagem (MASON et al., 2007; MUSCARELLA et al., 2016). Por exemplo, em ambientes com condições hipersalinas, o filtro ambiental salino impõe uma pressão seletiva nos traços das espécies, favorecendo apenas espécies que possuem estratégias similares para se estabelecer e persistir (COSTA et al., 2015a; KRAFT et al., 2015).

No entanto, a determinação dos processos que impulsionam a montagem das comunidades só é possível considerando as diferenças entre as distribuições dos valores dos índices funcionais observados e os esperados com base em modelos nulos (THOMPSON et al., 2010; PERRONE et al., 2017). Essa abordagem nula possibilita gerar padrões na ausência de um mecanismo em particular (COLWELL; WINKLER 1984; ULRICH; GOTELLI, 2007; GÖTZENBERGER et al., 2012). Espera-se, então, que os processos estocásticos impulsionem a montagem das comunidades quando os valores dos modelos nulos forem próximos a zero, enquanto que, valores muito maiores ou muito menos do que zero indiquem uma montagem orientada por processos determinísticos (TUCKER et al., 2016).

Além disso, levando em consideração que as alterações climáticas têm mudado a dinâmica de muitos habitats costeiros altamente produtivos e ecologicamente importantes, reduzindo o fluxo de água doce e aumentando as incursões salinas das marés,

desencadeando habitats com condições hipersalinas (PILLAY; PERISSINOTTO, 2008; SCHLENK; LAVADO, 2011; GUEYE et al., 2012). Portanto, o entendimento dos processos e os mecanismos que impulsionam a diversidade biológica em ambientes com condições hipersalinas possibilitam uma melhor compreensão da dinâmica e biologia destes ecossistemas e, assim, no desenvolvimento de ferramentas para ações de gestão e iniciativas de conservação com o intuito de minimizar os efeitos das mudanças climáticas.

Assim, este estudo buscou avaliar (i) as relações entre os fatores ambientais e a abundâncias dentro dos traços a fim de entender as respostas dos gêneros dos moluscos, bem como (ii) os processos ecológicos (determinísticos e/ou estocásticos) que atuam na montagem dessa comunidade e (iii) a influência da heterogeneidade ambiental dos ambientes hipersalinos na estrutura e na diversidade taxonômica e funcional da comunidade de moluscos.

2. MATÉRIAS E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

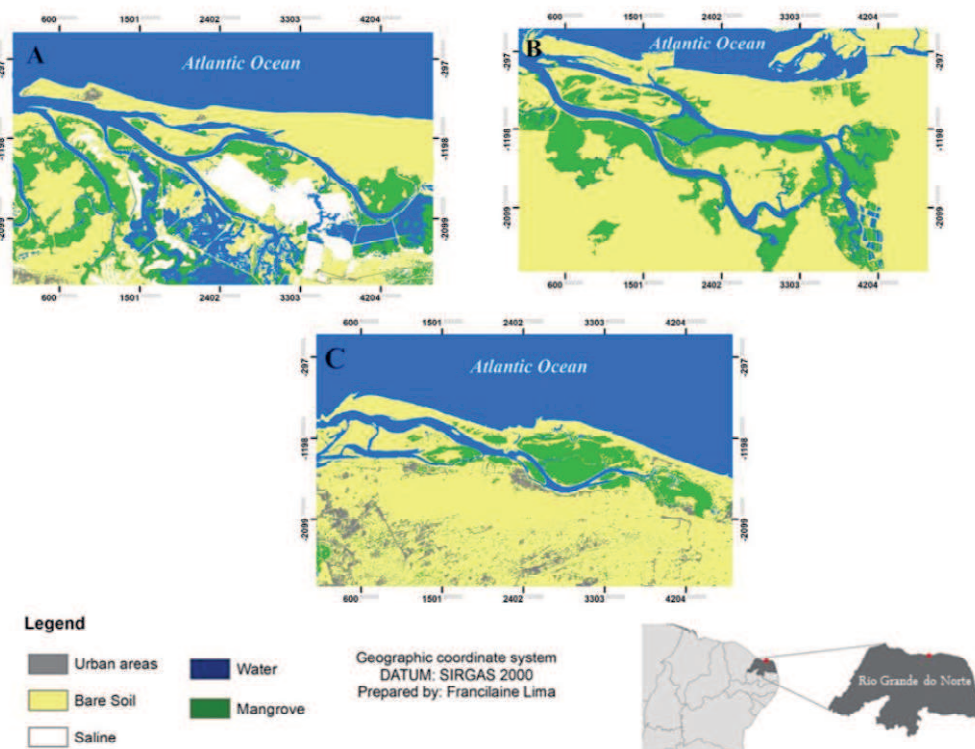
O estudo foi realizado em três ambientes hipersalinos: Aratuá, Casqueira e Tubarão, localizados no litoral setentrional do Rio Grande do Norte-Brasil (Figura 1). O clima regional é semiárido a seco (tipo Bs' de acordo com o sistema Köppen) (ALVARES et al., 2014) com temperatura do ar variando entre 28°C e 38°C e precipitação média anual de 560,7 mm (INMET, 2010).

O ambiente hipersalino Aratuá (5°05'48"S; 36°16'50"O) apresenta 14 km de extensão e 601m de largura na foz, é um dos ambientes pertencentes ao Complexo Estuarino Guamaré, localizado no município de Guamaré. Este ambiente está sob a influência das atividades das salinas solares artificiais, carcinicultura, descarte de esgotos domésticos, além da presença do Porto de Guamaré e o Pólo Petrolífero de Guamaré o qual influência as drenagens de águas e sedimentos no ambiente (GRIGIO et al., 2004).

O ambiente hipersalino Casqueira (5°05' 37"S; 36°32' 21"O) apresenta aproximadamente 10 km de extensão e 458m de largura na foz, está localizado no distrito de Soledade, município de Macau. Uma diferença marcante neste ambiente é a ausência de populações humanas estabelecidas nas margens do ambiente. No entanto, este sistema é margeado, em alguns pontos, por salinas solares artificiais e projetos de carcinicultura (LIMA, 2015).

O ambiente hipersalino Tubarão (5°04" 37"S; 36°27" 24" O) estende-se por 10 km com 408m de largura na foz, situa-se nos limites de uma unidade de conservação de uso sustentável, a Reserva de Desenvolvimento Sustentável Estadual Ponta do Tubarão (RDSEPT) no município de Macau. Essa reserva foi criada em 2003 por iniciativa das comunidades locais com o intuito de proteger os recursos naturais existente em seu interior (Mata de restinga, estuários, manguezais, dunas, falésias e caatinga). Apesar disto, este amb

ient
e
sofr
e
com
as
inter
ferê
ncia
s
antr
ópico
as
com



o, as atividades dos campos petrolíferos, efluentes dos resíduos das comunidades ao entorno, salinas solares artificiais, carcinicultura e dos Parques Eólicos que correspondem às principais atividades socioeconômicas do estado do Rio Grande do Norte (MATTOS; NOBRE; ALOUFA, 2012; SILVA; LINS OLIVEIRA; SCHIAVETTI, 2016).

Figura. 1: Localização dos ambientes hipersalinos Aratuá (A), Casqueira (B) e Tubarão (C) no Rio Grande do Norte, Brasil.

2.2 Delineamento amostral

A coleta foi realizada em Junho de 2016, no período seco da região e na maré de quadratura (maré baixa). Em cada ambiente hipersalino foram definidas duas zonas subtidaís e longitudinais a montante (zonas I e II) e duas a jusante (foz) (zonas III e IV) a fim de amostrar todo o ambiente hipersalino. Em cada zona foram estabelecidos três locais

de amostragem, cada local de amostragem com três unidades amostrais [Pontos 1 a 3 (zona I), pontos 4 a 6 (zona II), pontos 7-9 (zona III) e pontos de 10 a 12 (zona IV)], totalizando 12 locais de amostragem.

2.3 Características Ambientais

2.3.1 Variáveis Físicas e químicas

Em cada local de amostragem foram mensurados *in situ* a transparência da água (cm), estimada com um disco Secchi, salinidade com um salinômetro, temperatura (°C), pH, condutividade elétrica ($\mu\text{S}/\text{cm}^2$) e sólidos totais dissolvidos (STD) (mg / L) utilizando sonda multi-analisadora (Horiba / U-50). Para as análises químicas foram coletadas 1L de água na superfície em cada local de amostragem. Em laboratório foram estimadas as concentrações de amônia ($\text{NH}_3\text{-N}$, $\mu\text{g}/\text{L}$), nitrito e nitrato (NO_3^- , NO_2^- , $\mu\text{g}/\text{L}$) por APHA (2005), ortofosfato (Orto-P, $\mu\text{g}/\text{L}$) e fosforo total (P, $\mu\text{g}/\text{L}$) por Strickland e Parsons (1972).

2.3.2 Composição do sedimento e matéria orgânica

Em cada local de amostragem também foram coletadas amostras de sedimento, o qual foram secas e separadas por classes de tamanho de grãos através de peneiramento por separação mecânica empregando uma coluna com seis peneiras de diferentes tamanhos de malha: silte ($<38 \mu\text{m}$), argila ($38\text{-}63 \mu\text{m}$), areia fina ($63\text{-}250 \mu\text{m}$), areia média ($250\text{-}500 \mu\text{m}$), areia grossa ($500\text{-}1000 \mu\text{m}$), areia muito grossa e cascalho ($>1000 \mu\text{m}$) (BROWN; MCLACHLAND, 1990). O teor de matéria orgânica no sedimento foi determinada através da homogeneização das amostras de sedimento, sendo retirada uma sub-amostra de 3g o qual foi incinerada durante 4 horas a 550°C e posteriormente pesada.

2.4 Malacofauna

A malacofauna foi coletada em cada unidade amostral usando um amostrador modelo van Veen (477 cm^2 de área). Os sedimentos coletados foram acondicionados em sacos plásticos e lavados *in situ* sob peneiras sobrepostas de 1 mm e 0,5mm e os organismos acondicionados em etanol a 70% e subsequentemente classificados, contados e identificados a nível de gênero com literatura especializada (MIKKELSEN; BIELER, 2008; RIOS, 2009; TUNNELL et al., 2010).

2.5 Traços funcionais

Foram selecionados 6 traços divididos em 18 categorias, que abrangem diferentes aspectos da história de vida de cada gênero: estratégia alimentar, longevidade, desenvolvimento larval, técnica reprodutiva, posição no sedimento e mobilidade (Apêndice A). As informações sobre os traços para cada gênero de molusco foram recolhidas de base de dados online (ex. MarLIN BIOTIC, 2006 (<http://www.marlin.ac.uk/biotic/>); Conquiologistas do Brasil <http://www.conchasbrasil.org.br/conquiliologia/searchdb.asp>); Manual de traços dos gêneros da macrofauna marinha (www.genustraitshandbook.org.uk/)). Essas informações foram estruturadas utilizando uma abordagem de codificação binária a qual atribui uma pontuação '0' quando a categoria de traço avaliado não possui nenhuma afinidade com o táxon e '1' indicando afinidade do táxon para uma determinada categoria.

2.6 Análise de dados

A matriz ambiental foi investigada através de Draftsman plot ($r > 0.75$) para elucidar a existência de variáveis colineares. As variáveis altamente correlacionadas (pH e condutividade elétrica) foram removidas e as demais variáveis utilizadas nas análises posteriores. A análise de variância (ANOVA de duas vias; $\alpha \leq 0,05$) foi utilizada para avaliar diferenças em cada variável ambiental entre os fatores: ambientes e zonas. Os dados ambientais e de abundância foram transformados em $\log(x + 1)$ e os granulométricos em arcoseno a fim de normalizar as variáveis para as análises de PerMANOVA.

Para verificar se existem diferenças significativas entre as características ambientais e composição taxonômica nos ambientes hipersalinos e zonas foram realizadas análises de variância multivariada com permutações (Permutation Multivariate Analysis of Variance - PerMANOVA) (com 999 permutações; $p < 0.05$), tendo como fatores: ambientes hipersalinos (Aratuá, Casqueira e Tubarão) e zonas (I, II, III e IV), utilizando-se a distância Euclidiana (dados ambientais) e dissimilaridade de Bray Curtis, (dados biológicos).

Para avaliar a influência da heterogeneidade ambiental na abundância dentro dos traços funcionais foi realizada análise de RLQ. Esta é uma análise de co-inércia, a qual utiliza 3 ordenações: características ambientais (R), composição taxonômica (L) e traços funcionais (Q) (DOLÉDEC et al., 1996). Primeiramente a matriz de composição taxonômica foi analisada através de uma análise de correspondência (CA). Em seguida foi realizada a análise de componentes principais (PCA) com os resultados da CA e a matriz das características ambientais, permitindo então ligar as matrizes R e L. A terceira

ordenação foi analisar a matriz de traços funcionais (Q) relacionando-a com os resultados da CA, o qual permitiu ligar as matrizes L e Q. Assim, esta análise permite combinar as três ordenações separadas e procurar simultaneamente combinações lineares maximizando a covariância entre as ordenações Q e R ponderada pela matriz L (DOLÉDEC et al., 1996).

Para testar a relação significativa entre cada característica ambiental com cada categoria funcional foi realizada uma análise de correlação “Fourth-Corner” (LEGENDRE et al., 1997). A relação é mediada por correlação de Pearson e medido por Pseudo-F (DRAY; LEGENDRE, 2008). O significado destas relações foram utilizando o teste de Monte Carlo (999 permutações) considerando o modelo 6, como sugerido por Dray et al., (2014) que combina dois modelos de permutação (modelo 2 e 4). O primeiro modelo testa a hipótese nula de que "a distribuição das espécies com traços fixos não são influenciadas pelas condições ambientais" (Modelo 2). O segundo modelo testa a hipótese nula de que "a distribuição das espécies com condições ambientais estáveis não são influenciadas pelos traços das espécies (modelo 4) (DRAY et al., 2014)

2.6.1 Diversidade taxonômica e funcional

A diversidade α -taxonômica foi mensurada através da riqueza taxonômica e o índice de Shannon (H') em cada site para cada ambiente hipersalino. A diversidade α -funcional foi quantificada pelos índices de riqueza funcional (FD) que mede a variabilidade dos traços de todos os táxons na comunidade (VILLÉGER; MASON; MOUILLOT, 2008) e em seguida o índice de dispersão funcional (FDis) que mede a dispersão dos gêneros no espaço de traços do centróide de todas as espécies ponderadas pelas suas abundâncias relativas (LALIBERTÉ; LEGENDRE, 2010).

Utilizamos análises de variância (ANOVA de duas vias; $\alpha \leq 0.05$) para avaliar diferenças na diversidade alfa taxonômica e funcional entre os ambientes hipersalinos e as zonas. A influência de cada variável ambiental nas métricas da diversidade- α taxonômica e funcional foi avaliada através da PLSR (Partial least squares regression). A significância da relação ($p < 0.05$) foi dada pela correlação de Pearson entre os scores de cada variável ambiental com cada métrica da diversidade- α (riqueza, índice de Shannon-Wiener, FDis, FD) (CARRASCAL; GALVÁN; GORDO, 2009).

A diversidade- β taxonômico e funcional entre os ambientes hipersalinos foi mensurada através do índice de dissimilaridade de Sorensen (β_{Tax} e β_{Fun}). Quanto aos efeitos da heterogeneidade ambiental sobre a dissimilaridade β taxonômico e funcional

foram aplicados testes de Mantel para avaliar a significância da relação. Assim como a relação entre as dissimilaridades (β_{Tax} e β_{Fun}), o qual foram avaliadas também pelo teste de Mantel.

2.6.2 Processos determinísticos e estocásticos

2.6.2.1 Diversidade- α

Para avaliar se os fatores estocásticos e/ou deterministas influenciam a montagem da comunidade de moluscos, utilizou-se a comparação entre os valores da diversidade funcional observada e os valores esperados, gerados pela aleatoriedade da análise dos modelos nulos (Standardized Effect Size - SES) para cada local de amostragem. Para as métricas α -funcional foram gerados 999 matrizes aleatórias usando o algoritmo “independent swap” (GOTELLI, 2000) o qual recalculou as métricas de diversidade alfa funcional (SESFD_{is} e SESFD). Este algoritmo mantém a riqueza de gêneros e abundância nos sites, enquanto mistura a composição taxonômica em todos os locais de amostragem (BISHOP et al., 2015).

2.6.2.2 Diversidade- β

Para o β –funcional, a matriz da composição taxonômica foi mantida constante, enquanto os traços para cada gênero foram randomizados 999 vezes, recalculando a diversidade beta funcional (SES β_{Fun}). Esse procedimento retém os padrões de diversidade beta taxonômica e mistura o pool beta funcional (BISHOP et al., 2015). Os SESs foram calculados subtraindo os valores da diversidade funcional observada da média dos valores esperados da diversidade funcional randomizados 999 vezes, dividindo-os pelo desvio padrão esperado das randomizações (BISHOP et al., 2015). Os valores SES negativos indicam que a diversidade funcional observada é menor do que a esperada aleatória, sugerindo convergência funcional, enquanto que valores positivos indicam diversidade funcional maior do que as expectativas nulas, divergência funcional. Além disso, grandes desvios da expectativa nula indicam um papel forte para processos determinísticos, enquanto desvios menores (-1.96 a 1.96) indicam a prevalência dos processos estocásticos (CHASE, 2011, BISHOP et al., 2015).

As análises foram realizadas utilizando o software PRIMER versão 6 + PERMANOVA (Software Package from Plymouth Marine Laboratory, UK) (ANDERSON et al., 2008), Statistic 10 e os pacotes ade4, FD, Picante, Vegan, BAT, Betapart e CommEcol no software R, versão 3.2.2 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2017).

3. RESULTADOS

3.1 Heterogeneidade ambiental

As características ambientais diferiram entre os ambientes hipersalinos Aratuá, Casqueira e Tubarão (PerMANOVA: $F_{2,35} = 8.0285$; $p < 0.05$) ao longo das zonas (PerMANOVA: $F_{3,35} = 3.386$; $p < 0.05$) e na interação entre ambientes x zonas (PerMANOVA: $F_{6,35} = 2.4989$; $p < 0.05$).

De forma geral há um aumento da salinidade a partir da foz em direção às regiões montante do ambiente, com valores de salinidade em média 39 ± 40 (Apêndice B). Tanto a montante como a jusante dos ambientes hipersalinos, o sedimento é composto predominantemente por areia fina (zonas I, II e IV), areia média (zonas I e III) e areia grossa (zonas II, III e IV). As maiores concentrações dos nutrientes amônia, ortofosfato e fosfato foram registradas a jusante (zonas III e IV) no ambiente hipersalino Aratuá (Apêndice B).

3.2 Heterogeneidade Ambiental x Composição da malacofauna x Traços Funcionais

A RLQ mostrou que a distribuição dos gêneros da malacofauna é influenciada pelas variáveis ambientais (modelo 2, $p = 0.032$), mas é independentemente da distribuição dos traços (modelo 4, $p = 0.141$). O 1º e 2º eixos da RLQ explicaram (88.79% e 8.52% respectivamente) da variância total dos dados. Por isso, concentramos no primeiro eixo da RLQ, uma vez que explicou a maior parte da variabilidade. A espacialização das características ambientais, traços e composição taxonômica agruparam-se independente dos ambientes hipersalinos (Figura 2 A, B, C e D).

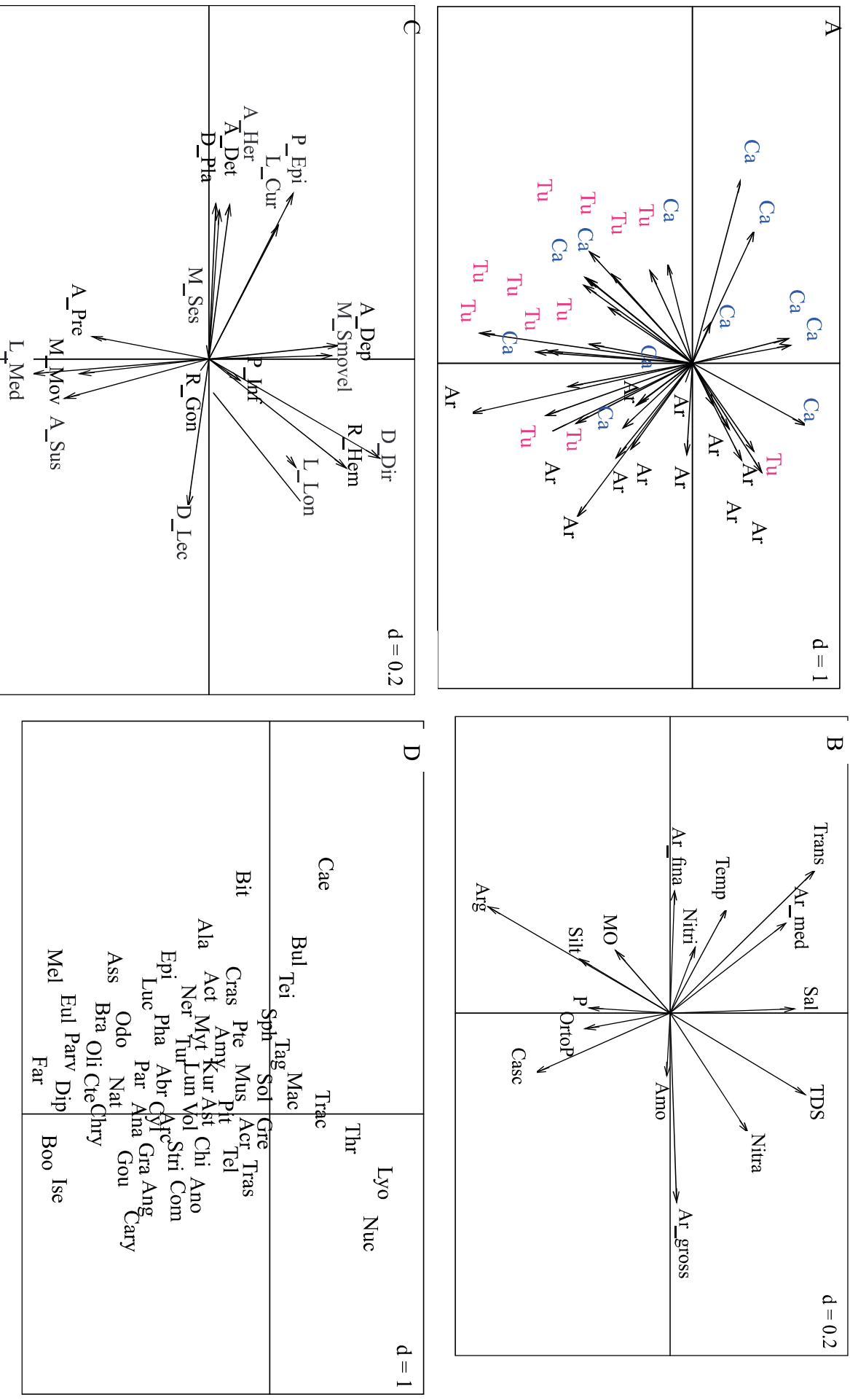


Figura 2. Análise RLQ definidos pelos 1º e 2º eixos, onde: A) Ambientes hipersalinos (Ar, Aratuá; Ca, Casqueira; Tu, Tubarão), B) Características ambientais (Apêndice B), C) traços (Apêndice A) e D) Composição taxonômica (Apêndice D). O valor de d no canto superior direito corresponde à escala do gráfico

A análise de Fourth Corner revelou correlações significativas apenas entre quatro categorias de traços com variáveis ambientais (Figura 3). Um aumento da temperatura e da transparência da água favoreceu positivamente indivíduos epifaunais com desenvolvimento larval planctotrófico (Figura 3).

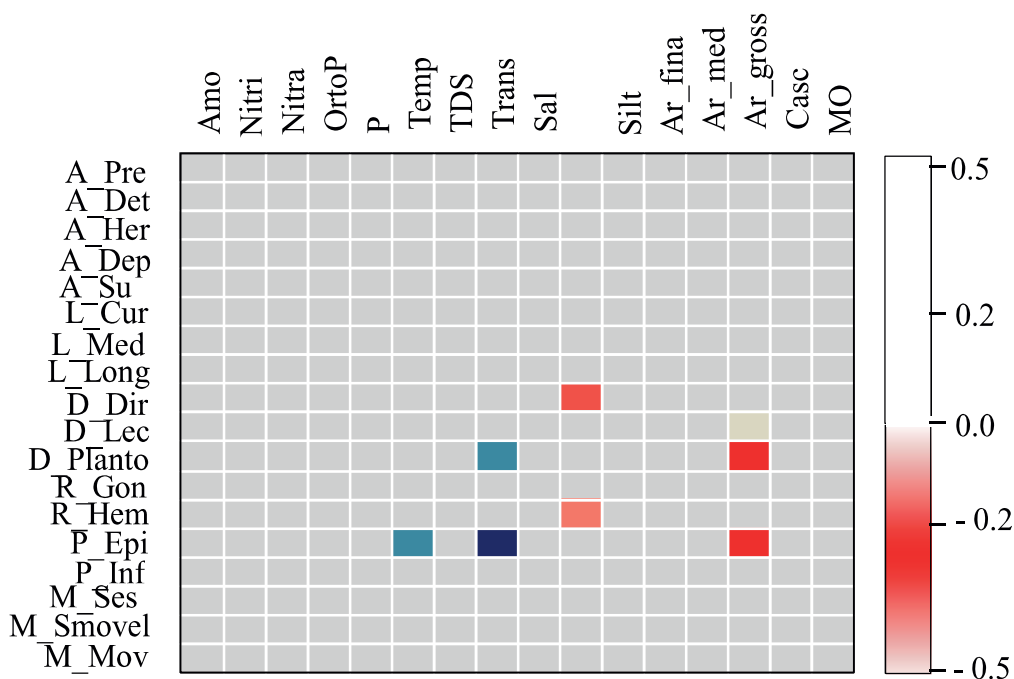


Figura 3. Relação variáveis ambientais e traços funcionais resultantes da análise Fourth-Corner. Associações positivas significativas ($p < 0,05$) entre as variáveis ambientais e as categorias de traços dos moluscos são representadas por células azuis, enquanto associações negativas significativas por células vermelhas. As associações não significativas são cinzas. O tom da cor relativa indica a força da associação. Os códigos para características e variáveis ambientais são fornecidos nas Tabelas 1 e 2, respectivamente.

3.3 Fatores estocásticos versus determinísticos

Tanto em escala α -funcional (Dispersão funcional - SESFDis e Riqueza funcional - SESFD) quanto β -funcional ($SES\beta_{Fun}$) a montagem da comunidade dos moluscos nos ambientes hipersalinos revelaram ser baseada pelos processos de montagem estocásticos. Uma vez que dos 36 valores da expectativa nula para a SESFDis, somente um foi maior que -1.96 (zona I) e os demais foram inferiores a 1.96. Do mesmo modo que o anterior, apenas dois valores do SESFD foram maiores que -1.96 (zona II e III) e os demais foram inferiores a 1.96. Os valores $SES\beta_{Fun}$ apresentaram o mesmo padrão que os demais índices, em que a maioria dos valores ficaram em torno de -1.96 e 1.96 (Figura 4).

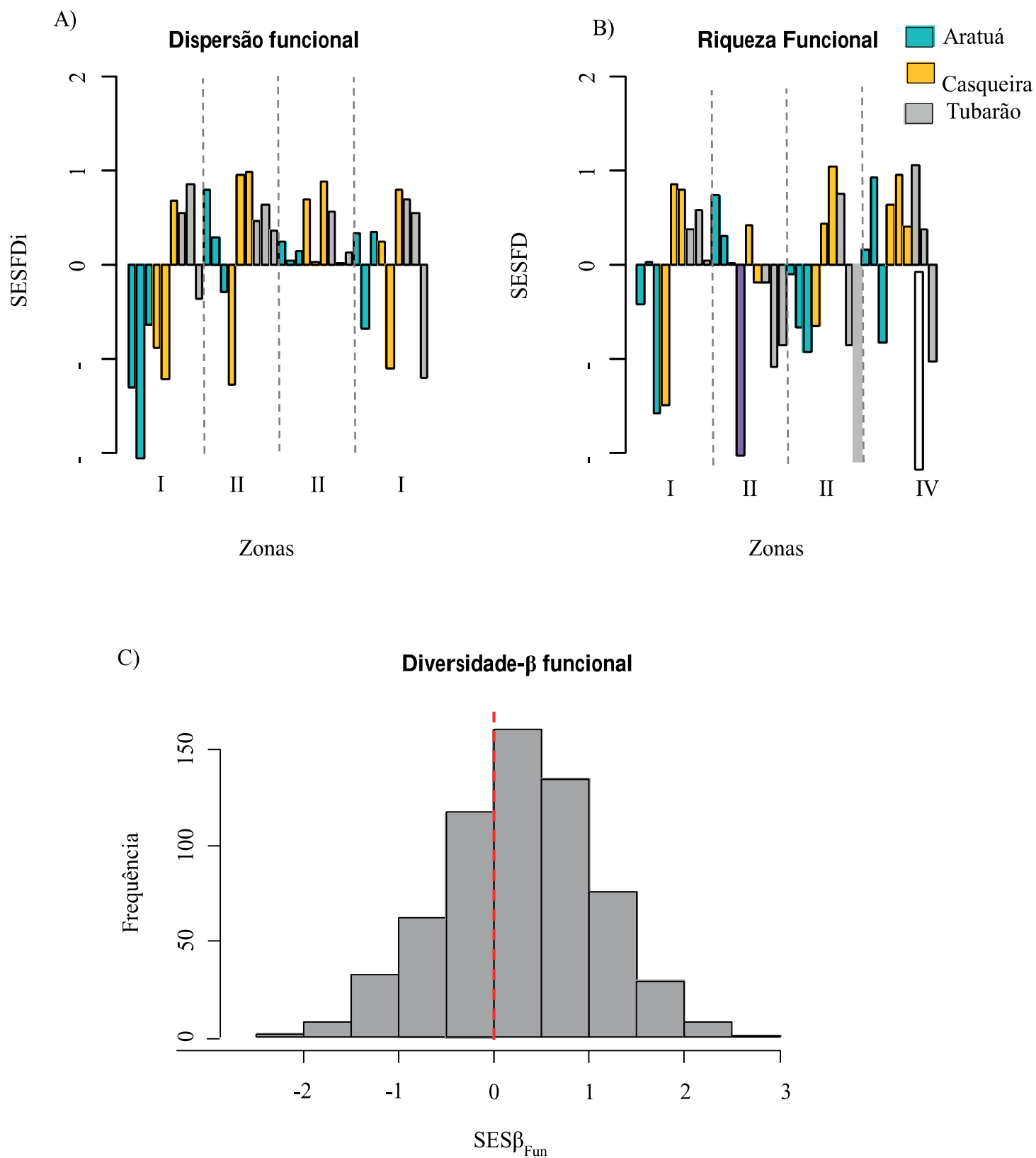


Figura 4. Distribuição da frequência dos valores SES para (A) dispersão funcional (SESFDi), (B) riqueza funcional (SESFD) por ponto de amostragem e o (C) β -funcional (SES β_{Fun}) dos moluscos nos ambientes hipersalinos. Os valores SES

negativos sugerem convergência funcional, enquanto que os valores positivos indicam divergência funcional (veja os detalhes na análise de dados).

3.4. Diversidade alfa e sua relação com os fatores espaciais e heterogeneidade ambiental

3.4.1 α - taxonômica

A diversidade α -taxonômica foi baseada na riqueza de taxa e no índice de Shannon-Wiener. A riqueza dos taxa de moluscos nas diferentes zonas dos ambientes hipersalinos tiveram seus maiores valores nas zonas I (Aratuá e Tubarão) e na zona IV (Casqueira) (Figura 5). A riqueza α -taxonômica da comunidade de moluscos não diferiu significativamente entre os ambientes e entre as zonas ($p > 0.001$). No entanto, só foram encontradas diferenças significativas na interação entre esses dois fatores (ANOVA: $F_{6,24} = 2.6138$; $p < 0.05$). Enquanto que no índice de Shannon-Wiener não foi encontrado diferenças entre os ambientes, zonas e nem na interação entre esses dois fatores ($p > 0.001$) (Figura 5).

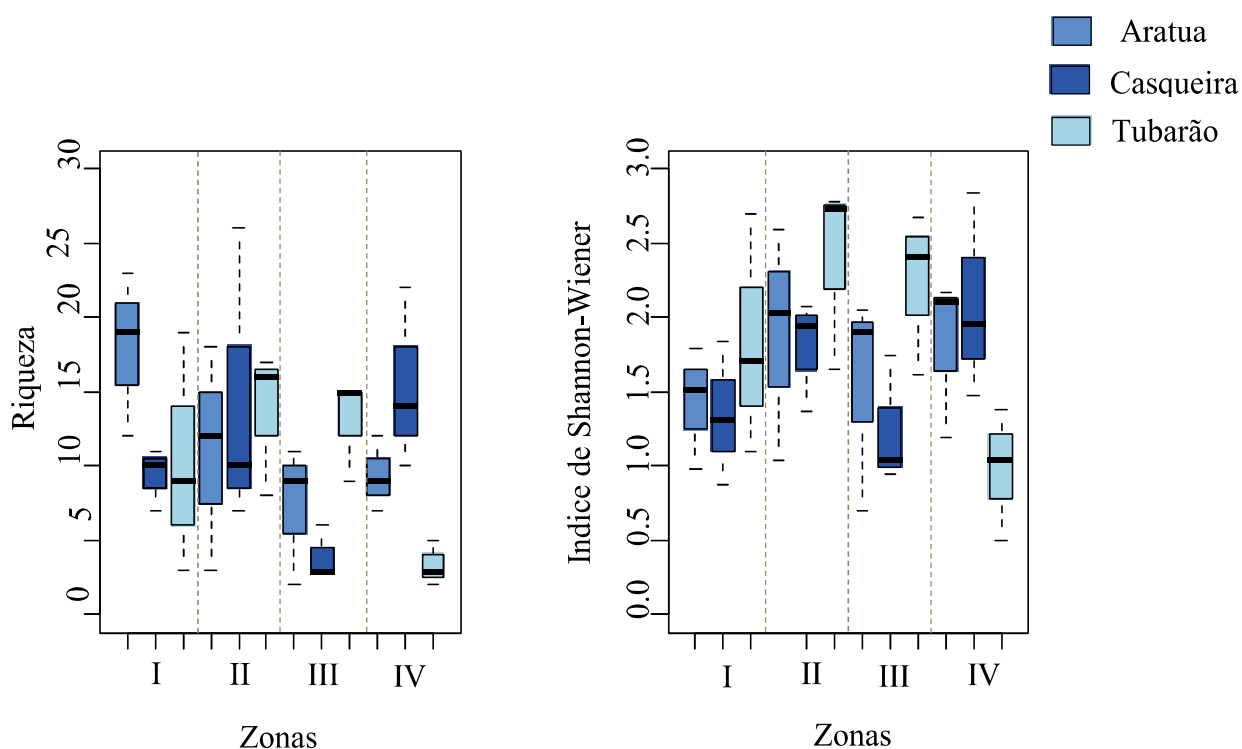


Figura 5. Variação da diversidade α -taxonômica baseada na riqueza de gêneros e no índice de diversidade de Shannon-Wiener da comunidade de moluscos em cada ambiente hipersalino e suas as zonas.

Em relação ao efeito da heterogeneidade ambiental sobre os índices de diversidade α -taxonômica, ambos os índices demonstraram correlação significativa apenas com a variável amônia ($p < 0.05$) (Apêndice C).

3.4.2 α -funcional

A diversidade α -funcional baseada na dispersão funcional (FDis) foi significativamente diferente entre os ambientes hipersalinos (ANOVA: $F_{2,24} = 1728.0$; $p < 0.05$) e entre as zonas (ANOVA: $F_{3,24} = 135.0$; $p < 0.001$). No entanto, não foram encontrados diferenças significativas na interação entre esses dois fatores (ANOVA: $F_{6,24} = 0.0$; $p > 0.05$).

A mesma situação ocorreu na riqueza α -funcional (FD) que também demonstrou diferenças significativas entre os ambientes hipersalinos (ANOVA: $F_{2,24} = 227.67$; $p < 0.001$) e entre as zonas (ANOVA: $F_{3,24} = 13.89$; $p < 0.001$) exceto na interação entre esses dois fatores ($p > 0.05$). Quanto aos efeitos ambientais sobre os componentes α -funcional, observou-se que ambos os índices apresentaram correlação significativa apenas com a amônia ($p < 0.01$) (Apêndice C).

3.5. Diversidade beta e sua relação com os fatores espaciais e heterogeneidade ambiental

3.5.1 β - taxonômica

A comunidade de moluscos amostrados nos ambientes hipersalinos Aratua, Casqueira e Tubarão foi composta por 1.272 indivíduos distribuídos em 37 famílias e 60 gêneros (Apêndice D). A composição da comunidade diferiu entre os ambientes hipersalinos (PerMANOVA: $F_{2,35} = 3.417$; $p = 0.001$) e ao longo das zonas (PerMANOVA: $F_{3,35} = 2.3083$; $p = 0.001$) e na interação entre ambientes x zonas (PerMANOVA: $F_{6,35} = 1.8041$; $p = 0.003$).

A diversidade β -taxonômica mostrou uma alta dissimilaridade ($\beta_{\text{Tax}} = 69, 7\%$) entre os ambientes hipersalinos. Considerando a influência da heterogeneidade ambiental sobre a dissimilaridade β -taxonômica, observou que a heterogeneidade ambiental não produz efeito sobre as diferenças β -taxonômica entre os ambientes hipersalinos (Mantel $r: 0.599$; $p > 0.05$).

3.5.2 β -funcional

Da mesma forma que a diversidade β -taxonômica, a diversidade β -funcional também demonstrou uma alta dissimilaridade ($\beta_{\text{Fun}} = 59,4\%$) entre os ambientes

hipersalinos. Além disso, a heterogeneidade ambiental apresentou fraca correlação com a diversidade β -funcional (Mantel r : 0.117) assim como não produziu efeito sobre as diferenças observadas na diversidade β -funcional entre os ambientes hipersalinos (Mantel: $p > 0.05$).

3.6 Diversidade taxonômica *versus* Diversidade funcional

Em escala alfa, a riqueza α -taxonômica apresentou forte correlação com a riqueza α -funcional (FD) (Pearson r : 0.992; $p < 0.05$), mas não com a dispersão α -funcional (FDis) (Pearson r : 0.194; $p > 0.05$). Por outro lado, o índice de Shannon-Wiener correlacionou-se fortemente com a riqueza (Pearson r : 0.747; $p < 0.05$) e a dispersão α -funcional (Pearson r : 0.747; $p < 0.05$). O mesmo ocorreu na escala beta, a dissimilaridade β -taxonômica também apresentou forte correlação com a dissimilaridade β -funcional (Mantel : r : 0.968; $p < 0.05$).

4. DISCUSSÃO

Este estudo procurou abordar (i) as relações entre os fatores ambientais e as abundâncias dentro dos traços funcionais a fim de entender as respostas dos gêneros dos moluscos, bem como avaliar (ii) quais os processos ecológicos (determinísticos e/ou estocásticos) atuam na montagem dessa comunidade e (iii) a influência da heterogeneidade (ou gradientes ambientais) de ambientes com condições hipersalinas na estrutura e diversidade taxonômica e funcional (α e β) da comunidade de moluscos

Os resultados desse estudo, demonstram ausência de relações significativas dos índices taxonômicos e funcionais (α e β) com os gradientes ambientais, mas a variação ambiental explicou a estrutura da comunidade da malacofauna. Uma vez que a análise da RLQ, demonstrou que distribuição taxonômica é fortemente relacionada aos gradientes ambientais, ao contrário dos traços que não responderam a esses gradientes. Considerando que tenha sido observado uma variabilidade espacial nas condições ambientais entre os ambientes hipersalinos e dentro das zonas, indicando uma alta heterogeneidade ambiental, isso não foi suficiente para explicar os resultados dos índices de diversidade- α , bem como a alta dissimilaridade na diversidade- β taxonômica e funcional.

A utilização de vários índices, por parte desse estudo, foi justamente para avaliar quais deles seriam afetados pelas condições ambientais, em razão de cada um em particular, descrever um aspecto independente da estrutura da comunidade. De tal modo

a possibilitar observar como a comunidade interage com os processos do ecossistema e as restrições ambientais (MOUCHET et al., 2010). Com efeito, os resultados demonstram que a variação ambiental nos ambientes hipersalinos determina fortemente a estrutura da comunidade dos moluscos, embora as medidas funcionais não respondam a essa variação. Isso indica que a relação entre a variação ambiental e a estrutura taxonômica se dá por respostas específicas e não por atuação de filtros seletivos.

Do mesmo modo, observamos que a montagem da comunidade nos ambientes hipersalinos e em ambos os componentes (α e β) foram predominantemente direcionados pelos processos estocásticos. Em virtude do gradiente ambiental não atuar como filtro seletivo, selecionando os gêneros que compartilham traços específicos (convergência funcional), a resposta dos gêneros, neste caso, não foi orientada por semelhanças funcionais. Isto é, os gêneros que respondem aos mesmos gradientes ambientais, não compartilham os mesmos traços.

Nossos resultados contradizem a expectativa geral dos estudos em ecossistemas aquáticos costeiros como estuários e águas marinhas, ao enfatizar que a estrutura funcional em uma comunidade muda ao longo dos gradientes ambientais (BREMNER et al., 2006; VAN DER LINDER et al., 2016; HELENIUS et al., 2017; SANTANA et al., 2018). Além de considerar que os processos determinísticos, como a heterogeneidade ambiental, filtros ambientais e complementariedade de nicho sejam os direcionadores na montagem das comunidades (ASTORGA et al., 2014; JOSEFSON, 2016; VALDIVIA et al., 2017). Uma vez que a heterogeneidade ambiental possibilita comunidades bentônicas mais diversas, pois fornecem diferentes nichos para espécies além de abrigo e refúgio as condições ambientais adversas, promovendo, dessa forma, a persistência das comunidades (MILESI; DOLÉDEC; MELO, 2016; CASTRO et al., 2018).

Talvez o fato de que as evidências desse estudo tenham apontado para processos estocásticos com ausência de resposta funcional aos gradientes ambientais e contradizendo outros estudos seja porque o gradiente ambiental nos sistemas analisados seja amplo ao passo de atuar como filtro seletivo. Além disso, não se pode afirmar que o ambiente hipersalino atua favorecendo a convergência ou divergência de traços funcionais, porque não analisamos o sistema por zonas, mas em conjunto. Ao mesmo tempo, não é possível detectar se houve convergência ou divergência de traços, uma vez que só analisamos sistemas com condições ambientais similares.

Além do mais, um dos desafios encontrados em estudos baseados em traços nos ambientais de transição, estuarinos e marinhos é a limitação de informações disponíveis das características na maioria das espécies de invertebrados marinhos (especialmente no Brasil) como foi observado por Tyler et al., (2012) e Van der Linden e al., (2017). Assim, a maioria das informações dos traços da comunidade de moluscos recolhida neste estudo foram em base de dados de macroinvertebrados de águas temperadas, o que pode ter influenciado os resultados desse estudo.

Por outro lado, os resultados deste estudo sugerem que o espaço, que é utilizado para inferir indiretamente sobre processos de dispersão e restrição à dispersão, influenciou a estrutura da comunidade, pois os fatores espaciais (entre as zonas, entre os ambientes e entre as zonas dentro dos ambientes hipersalinos) influenciaram significativamente a diversidade taxonômica (riqueza α - taxonômica e β -taxonômico) e funcional (FDis, FD e β -funcional).

A maioria dos estudos em ambientes costeiros, onde é observado um gradiente espacial, principalmente salino das áreas a montante para a jusante (próximo ao mar), demonstram que a salinidade e a proximidade a fonte colonizadora (mar) são importantes fatores que influenciam a diversidade e estrutura das comunidades. Neste caso, as comunidades atingem sua maior diversidade com a proximidade da fonte colonizadora, que acompanha uma maior concentração salina (NOBREGA-SILVA et al., 2016; MEDEIROS et al., 2016). Como os ambientes hipersalinos se caracterizam por um gradiente salino inverso, da jusante a montante, observou que a maior diversidade dos moluscos foi registrada distante da fonte colonizadora (mar), o qual registra também um maior teor salino. Uma das razões pode ser porque a salinidade é um fator chave nas taxas metabólicas e no crescimento dos moluscos (RESGALLA et al., 2007; XIAO et al., 2014).

Neste estudo, também foram observados que a diversidade taxonômica (riqueza taxonômica, índice de Shannon-Wiener e dissimilaridade β -taxonômica) e a diversidade funcional (FDis, FD e β -funcional) foram fortemente correlacionadas. Salvo a riqueza taxonômica o qual não correlacionou com a dispersão funcional (FDis). Desta forma, a diversidade taxonômica mostrou ser um substituto da diversidade funcional, pois, a adição ou extinção de taxas nos ambientes hipersalinos, reflete igualmente, no acréscimo ou redução nos processos do ecossistema (CULHANE et al., 2014; VAN DER LINDEN et al., 2017). Esse resultado é similar a outros estudos nos ambientes aquáticos temperados e tropicais, em que também encontraram uma alta correlação

entre a diversidade taxonômica e funcional (VAN DER LINDEN et al., 2012, VAN DER LINDEN et al., 2017).

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados evidenciaram que os processos estocásticos conduzem a comunidade de moluscos em escalas α e β -funcional nos ambientes com condições hipersalinas. Tais ambientes registraram uma alta heterogeneidade ambiental, mas isso não foi suficiente para explicar os resultados dos índices de diversidade- α , bem como a alta dissimilaridade na diversidade- β taxonômica e funcional. Apesar disso, a distribuição taxonômica dos moluscos foi fortemente relacionada a variação ambiental, ao contrário dos traços funcionais que não responderam a essa variabilidade presente nos ambientes hipersalino. Além disso, destacamos a necessidade de estudos adicionais que avaliem se a estrutura e diversidade taxonômica e funcional dos moluscos e os processos ecológicos que moldam a comunidade, muda com as mudanças temporais. Uma vez que este estudo foi um registro apenas do período seco da região.

6. REFERÊNCIAS

- ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2014
- ANDERSON, M.J.; GORLEY, R.N.; CLARKE, K.R. PERMANOVA + for PRIMER: Guide to Software and Statistical Methods PRIMER-E, Plymouth. 2008
- APHA, Awwa. Wef. Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater. 21st ed. American Public Health Association. Washington, DC. Part, v. 8000, 2005. 94–100 p
- BISHOP, T. R.; ROBERTSON, M. P.; VAN RENSBURG, B. J.; PARR, C. L. Contrasting species and functional beta diversity in montane ant assemblages. *Journal of Biogeography*, v. 42, n. 9, p. 1776–1786, 2015.
- BOOTH, B. D.; SWANTON, C. J. Assembly theory applied to weed communities 50th Anniversary - Invited Article Assembly theory applied to weed communities. *Weed Science*, v. 50, n. 3, p. 2–13, 2002.
- BREMNER, J.; ROGERS, S.I.; FRID, C.L.J. Matching biological traits to environmental conditions in marine benthic ecosystems. *Journal of Marine Systems*, v. 60, p. 302–316, 2006
- BROWN, A.C., MCLACHLAN, A. *Ecology of Sandy Shores*. Elsevier, Amsterdam, 1990p. 328.
- CARRASCAL, L. M.; GALVÁN, I.; GORDO, O. Partial least squares regression as an alternative to current regression methods used in ecology. *Oikos*, v. 118, n. 5, p. 681–690, 2009.
- CARUSO, T.; CHAN, Y.; LACAP, D.C.; LAU, M.C.Y.; MCKAY, C.P.; POINTING, S.B. Stochastic and deterministic processes interact in the assembly of desert microbial communities on a global scale. *The ISME Journal*. v. 5, p. 1406–1413, 2011
- CHASE, J. M. Drought mediates the importance of stochastic community assembly. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 104, n. 44, p. 17430–17434, 2007.
- CHASE, J. M. Stochastic Community Assembly Causes Higher Biodiversity in More Productive Environments. *Science*, v. 328, n. 5984, p. 1388–1391, 2010.

- CHASE, J. M.; KRAFT, N. J. B.; SMITH, K. G.; VELLEND, M.; INOUE, B. D. Using null models to disentangle variation in community dissimilarity from variation in α -diversity. *Ecosphere*, v. 2, n. 2, 2011
- COSTA, R. S.; MOLOZZI, J.; HEPP, L. U.; COSTA, D. F. S. et al., Influence of ecological filters on phytoplankton communities in semi-arid solar saltern environments. *Acta Limnologica Brasiliensia (Online)*, v. 27, p. 39-50, 2015
- COSTA, R. S.; MOLOZZI, J.; HEPP, L. U.; DE MEDEIROS ROCHA, R.; BARBOSA, J. E. L. . Diversity partitioning of a phytoplankton community in semiarid salterns. *Marine and Freshwater Research* , 2015a
- COLWELL, R. K.; WINKLER, D. W. A null model for null models in biogeography. – In: Strong, D. R. et al. (eds), *Ecological communities: conceptual issues and the evidence*. Princeton Univ. Press, pp. 344–359.1984
- CULHANE, F.E.; BRIERS, R.A.; TETT,P.; FERNANDES, T.F. Structural and functional indices show similar performance in marine ecosystem quality assessment. *Ecol. Indic.*, v. 43, p. 271-280, 2014.
- DOLÉDEC, S.; CHESSEL, D.; TER BRAAK, C. J. F.; CHAMPELY, S. Matching species traits to environmental variables: a new three-table ordination method. *Environmental and Ecological Statistics*, v. 3, p.143-166, 1996
- DRAY, S.; CHOLER, P.; DOLÉDEC, S.; PERES-NETO, P. R. et al. Combining the fourth-corner and the RLQ methods for assessing trait responses to environmental variation. *Ecology*, v. 95, n. 1, p. 14–21, 2014
- DRAY, S.; LEGENDRE, P. Testing the species traits–environment relationships: the fourth-corner problem revisite. *Ecology*. v.89, n. 12, p. 3400–3412, 2008
- ELLIOTI, D. T.; KAUFMANN, R. S. Spatial and Temporal Variability of Mesozooplankton and Tintinnid Ciliates in a Seasonally Hypersaline Estuary. *Estuaries and Coasts*. v. 30, n. 3, p. 418 –430, 2007
- GOTELLI, N. J. Null model analysis of species co-occurrence patterns. *Ecology*, v. 81, n. 9, p. 2606–2621, 2000.
- GÖTZENBERGER, L.; DE BELLO, F.; BRÅTHEN, K. A.; DAVISON, J.; DUBUIS, A.; GUISAN, A.; LEPSŠ, J.; LINDBORG, R.; MOORA, M.; PÄRTEL, M.; PELLISSIER, L.; POTTIER, J.; VITTOZ, P.; ZOBEL, K.; ZOBEL, M. Ecological assembly rules in plant communities-approaches, patterns and prospects. *Biological Reviews*, v. 87, n. 1, p. 111–127, 2012

GRIGIO, A. M.; SOUTO, M. V. S.; CASTRO, A. F.; AMARO, V. E.; VITAL, H.; DIODATO, M. A. Use of remote sensing and geographical information system in the determination of the natural and environmental vulnerability of the Municipal District of Guamaré - Rio Grande do Norte - Northeast of Brazil. *Journal of Coastal Research*, Itajaí, SC, v. SI 39, p. 1427-1431, 2004.

GUEYE, M.; TINE, M.; KANTOUSSAN, J.; NDIAYE, P.; THIAW, O. T.; ALBARET, J.-J. Comparative Analysis of Reproductive Traits in Black-Chinned Tilapia Females from Various Coastal Marine, Estuarine and Freshwater Ecosystems. *PLoS ONE*, v. 7, n. 1, 2012

GUSMAO, J.B.; BRAUKO, K.M.; ERIKSSON, B.K.; LANA, P. C. Functional diversity of macrobenthic assemblages decreases in response to sewage discharges. *Ecological Indicators*, v. 66, p. 65–75, 2016

HELENIUS, L.K.; LESKINEN, E.; LEHTONEN, H.; NURMINEN, L. Spatial patterns of littoral zooplankton assemblages along a salinity gradient in a brackish sea: A functional diversity perspective. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*. v.198, p. 400-412, 2017

HELLER, J. Longevity in Molluscs. *Malacologia*, v. 31, n. 2, p. 259-295, 1990

JOSEFSON A.B. Species Sorting of Benthic Invertebrates in a Salinity Gradient Importance of Dispersal Limitation. *PLoS One*. v. 11, n. 12, 2016

KEDDY, P. A. Assembly and response rules: Two goals for predictive community ecology. *Journal of Vegetation Science*, Uppsala, v. 3, n. 2, p. 157-164, 1992.

KRAFT, N. J. B.; ADLER, P. B.; GODOY, O.; JAMES, E. C.; FULLER, S.; LEVINE, J. M. Community assembly, coexistence and the environmental filtering metaphor. *Functional Ecology*, v. 29, n. 5, p. 592–599, 2015

KUZMANOVIC, M.; DOLÉDEC, S.; DE CASTRO-CATALA, N.; GINEBRED, A.; SABATER, S.; MUÑOZ, I.; BARCELÓ, D. Environmental stressors as a driver of the trait composition of benthic macroinvertebrate assemblages in polluted Iberian rivers. *Environmental Research*, v. 156, n. March, p. 485–493, 2017.

LALIBERTE, E.; LEGENDRE, P. 'A distance-based framework for measuring functional diversity from multiple traits' *Ecology*, v 91, n. 1, p. 299-305, 2010

LEGENDRE, P., R. GALZIN, AND M. L. HARMELIN-VIVIEN. Relating behavior to habitat: Solutions to the fourth-corner problem. *Ecology*. v.78, p. 547–562, 1997

LEPRIEUR, F.; TEDESCO, P. A.; HUGUENY, B.; BEAUCHARD, O.; DÜRR, H. H.; BROSSE, S.; OBERDORFF, T. Partitioning global patterns of freshwater fish beta diversity reveals contrasting signatures of past climate changes. *Ecology Letters*, v. 14, n. 4, p. 325–334, 2011

MarLIN. BIOTIC - Biological Traits Information Catalogue. Marine Life Information Network. Plymouth: Marine Biological Association of the United Kingdom. 2006. Disponível em: < www.marlin.ac.uk/biotic >. Acesso em: Junho de 2017

MCKEON, C.S.; TUNBERG, B.G.; JOHNSTON, C.A.; BARSHIS, D. J. Ecological drivers and habitat associations of estuarine bivalves. *PeerJ*, v.12, n. 3, 2015

MIKKELSEN, P.M.; BIELER, R. Seashells of Southern Florida – Bivalves. Princeton University Press, 2008. p. 503

MASON, N. W. H.; LANOISELÉE, C.; MOUILLOT, D.; IRZ, P.; ARGILLIER, C. Functional characters combined with null models reveal inconsistency in mechanisms of species turnover in lacustrine fish communities. *Oecologia*, v. 153, n. 2, p. 441–452, 2007.

MATTOS, P. P.; NOBRE, I. M.; IBRAIM ALOUFA, M. A. Reserva de desenvolvimento sustentável: avanço na concepção de áreas protegidas? / Sustainable development reserve: progress in the protected areas design? *Revista Sociedade & Natureza*, v. 23, n. 3, 2012.

MÁRQUEZ, J.C.; KOLASA, J. Local and Regional Processes in Community Assembly. *PLoS ONE*, v. 8, n. 1, 2013

MEDEIROS, C.R.; HEPP, L.U.; PATRÍCIO, J.; MOLOZZI, J. Tropical Estuarine Macro-benthic Communities Are Structured by Turnover Rather than Nestedness. *PLoS ONE*. v. 11, n. 9, 2016

MILESI, S.V.; DOLÉDEC, S. MELO, A.S. Substrate heterogeneity influences the trait composition of stream insect communities: an experimental in situ study. *Freshwater Science*, v. 35, n. 4, p. 1321-1329, 2016

MOUCHET, M. A. et al. Functional diversity measures: An overview of their redundancy and their ability to discriminate community assembly rules. *Functional Ecology*, v. 24, n. 4, p. 867–876, 2010.

MOUILLOT, D. et al. A functional approach reveals community responses to disturbances. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 28, n. 3, p. 167–177, 2013.

MUSCARELLA, R.; URIARTE, M.; ERICKSON, D.L.; SWENSON, N.G.; KRESS, W.J.; ZIMMERMAN, K.J. Variation of tropical forest assembly processes across

regional environmental gradients. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*. v. 23, p. 52-62, 2016

MYERS, J. A.; CHASE, J. M.; JIMÉNEZ, I.; JØRGENSEN, P. M.; ARAUJO-MURAKAMI, A.; PANIAGUA-ZAMBRANA, N.; SEIDEL, R. Beta-diversity in temperate and tropical forests reflects dissimilar mechanisms of community assembly. *Ecology Letters*, v. 16, n. 2, p. 151–157, 2013.

NÓBREGA-SILVA, C.; PATRÍCIO, J.; MARQUES, J. C.; OLÍMPIO, M. D. S.; FARIAS, J. N. B.; MOLOZZI, J. Is polychaete family-level sufficient to assess impact on tropical estuarine gradients? *Acta Oecologica*, v. 77, 2016

PERRONNE, R.; MUNOZ, F.; BORGY, B.; REBOUD, X.; GABA, S. How to design trait-based analyses of community assembly mechanisms: Insights and guidelines from a literature review. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, v. 25, p. 29–44, 2017.

PILLAY, D.; PERISSINOTTO, R. The benthic macrofauna of the St. Lucia Estuary during the 2005 drought year. *Estuar Coast Shelf Sci*. v. 77, p. 35–46, 2008

PILÓ, D.; BEN-HAMADOU, R.; PEREIRA, F.; CARRIÇO, A. et al , How functional traits of estuarine macrobenthic assemblages respond to metal contamination? *Ecological Indicators*, v. 71, p. 645–659, 2016

RESGALLA, C.; ELISÂNGELA, J.; BRASIL, D. S.; SALOMÃO, L. C. The effect of temperature and salinity on the physiological rates of the mussel *Perna perna* (Linnaeus 1758). *Brazilian Archives of Biology and Technology*, v. 50, n. 3, p. 543–556, 2007.

RIOS, E.C. *Compedium of Brazilian Sea Shells*. Rio Grande: Evangraf. 2009. 676p.

SALES, N. S.; DIAS, T. L. P.; BAETA, A.; PESSANHA, A. L. M. Dependence of juvenile reef fishes on semi-arid hypersaline estuary microhabitats as nurseries. *Journal of Fish Biology*, v. 88, p. 1-19, 2016

SANTANA, R.M.C.; DOLBETH, M.; BARBOSA, J.E.L.; PATRICIO, J. Narrowing the gap: Phytoplankton functional diversity in two disturbed tropical estuaries. *Ecological Indicators*. v. 86, p. 81-93, 2018

SCHLENK, D.; LAVADO, R. Impacts of climate change on hypersaline conditions of estuaries and xenobiotic toxicity. *Aquatic Toxicology*, v. 105, n. 3–4 SUPPL., p. 78–82, 2011.

SILVA, E. F.; OLIVEIRA, J. E. L.; SCHIAVETTI, A. Conhecimento Ecológico Local (CEL) na pesca artesanal da Reserva de Desenvolvimento Sustentável Estadual Ponta do Tubarão – RN, Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca*, v. 40, n. 3, p. 355-375, 2016.

STRICKLAND, J.D.H.; PARSONS, T.R. *A Practical Handbook of Seawater Analysis*. Fisheries Research board of Canada, Ottawa, 1972. 328 p.

ŠVAMBERKOVÁ, E.; VÍTOVÁ, A.; LEPŠ, J. The role of biotic interactions in plant community assembly: What is the community species pool? *Acta Oecologica*, v. 85, p. 150–156, 2017,

THOMPSON, K.; PETCHEY, O. L.; ASKEW, A. P.; DUNNETT, N. P.; BECKERMAN, A. P.; WILLIS, A. J. Little evidence for limiting similarity in a long-term study of a roadside plant community. *Journal of Ecology*, v. 98, n. 2, p. 480–487, 2010.

TUNNELL J.R.; ANDREWS, J.W.; BARREIRA, N.C.; MORETZSOHN, F. *Encyclopedia of Texas Seahealls: Identification, Ecology, Distribution and History*, Texas A&M University Press, 2010, 978p.

TUCKER, C. M.; SHOEMAKER, L. G.; DAVIES, K. F.; NEMERGUT, D. R.; MELBOURNE, B. A. Differentiating between niche and neutral assembly in metacommunities using null models of β -diversity. *Oikos*, v. 125, n. 6, 2016.

TYLER, E.H.; SOMERFIELD, P.J.; BERGHE, E.V.; BREMNER, J. JACKSON, E.; LANGMEAD, O.; PALOMARES, M.L.D.; WEBB, T.J. Extensive gaps and biases in our knowledge of a well-known fauna: implications for integrating biological traits into macroecology. *Glob. Ecol. Biogeogr.*, v. 21, n.9, p. 922-934, 2012

ULRICH, W.; GOTELLI, N. J. Disentangling community patterns of nestedness and species co-occurrence. *Oikos*. v. 116, p. 2053–2061, 2007

VALDIVIA, N.; SEGOVIA-RIVERA, V.; FICA, E.; BONTA, C. C.; AGUILERA, M. A.; BROITMAN, B. R. Context-dependent functional dispersion across similar ranges of trait space covered by intertidal rocky shore communities. *Ecology and Evolution*, v. 7, n. 6, p. 1882–1891, 2017.

VAN DER LINDEN, P.; PATRÍCIO, J.; MARCHINI, A.; CID, N.; NETO, J.M.; MARQUES, J.C. A biological trait approach to assess the functional composition of subtidal benthic communities in an estuarine ecosystem. *Ecol. Indic.* v. 20, p. 121–133, 2012

- VAN DER LINDEN, P.; MARCHINI, A.; SMITH, C. J.; DOLBETH, M. et al. Functional changes in polychaete and mollusc communities in two tropical estuaries. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v. 187, p. 62-73, 2017
- VELLEND, M. Conceptual Synthesis in Community Ecology. *The Quarterly Review of Biology*, v. 85, n. 2, p. 183–206, 2010.
- VILLÉGER, S.; MASON, N.W.H.; MOUILLOT, D. New multidimensional functional diversity indices for a multifaceted framework in functional ecology. *Ecology*. v.89, n. 8, p. 2290–2301, 2008
- VINAGRE, P.A.; VERÍSSIMO, H.; PAIS-COSTA, A.J.; HAWKINS, S.J.; BORJA, A.; MARQUES, J.C. NETO, J.M. Do structural and functional attributes show concordant responses to disturbance? Evidence from rocky shore macroinvertebrate communities. *Ecological Indicators*, v. 75, p. 57–72, 2017
- VITORINO JÚNIOR, O. B.; FERNANDES, R.; AGOSTINHO, C. S.; PELICICE, F. M. Riverine networks constrain β -diversity patterns among fish assemblages in a large Neotropical river. *Freshwater Biology*, v. 61, n. 10, p. 1733–1745, 2016.
- XIAO, B.-C.; LI, E.-C.; DU, Z.-Y.; JIANG, R.-L.; CHEN, L.-Q.; YU, N. Effects of temperature and salinity on metabolic rate of the Asiatic clam *Corbicula fluminea* (Müller, 1774). *SpringerPlus*, v. 3, p. 455, 2014.
- ZHOU J, LIU W, DENG Y, JIANG Y, XUE K, HE, VAN NOSTRAND JD, WU L, YANG Y, AND WANG A. Stochastic assembly leads to alternative communities with distinct functions in a bioreactor microbial community. *MBio*. v.4, n. 2, 2013
- WISZ, M.S.; POTTIER, J.; KISSLING, W.D. et al. The role of biotic interactions in shaping distributions and realised assemblages of species: implications for species distribution modelling. *Biol Rev Camb Philos Soc* .v. 88, n.1, p.15-30, 2013.

7. APÊNDICES

Apêndice A - Relação dos traços, categorias, códigos e referências correspondentes aos traços selecionados.

Traço	Código	Categoria de traço	Referências
Estratégia Alimentar	A_Pred	Predador	Piló et al., (2016); Gusmão et al., (2016); Van der Linden et al., (2017)
	A_Detri	Detritívoro	
	A_Herb	Herbívoro	
	A_Depos	Depositório	
	A_Susp	Suspensívoro	
Longevidade	L_Curt	Curto <1 ano	Heller (1990); Piló et al., (2016); Van der Linden et al., (2017)
	L_Med	Médio 1-3 anos	
	L_Long	Longo > 3 anos	
Desenvolvimento Larval	D_Dir	Direto	Piló et al., (2016); Van der Linden et al., (2017); Vinagre et al., (2017)
	D_Lecit	Lecitotrófico	
	D_Planto	Plantotrófico	
Técnica reprodutiva	R_Gonog	Gonogórica	Van der Linden et al., (2012)
	R_Hemaf	Hermafrodita	
Posição no sedimento	P_Epi	Epifaunal	Van der Linden et al., (2012); Piló et al., (2016)
	P_Inf	Infaunal	
Mobilidade	M_Sess	Sessil	Boström, Törnroos, Bonsdorff, (2010); Paganelli; Marchini; Occhipinti-Ambrogi, (2012)
	M_Smovel	Semi-Móvel	
	M_Mov	Móvel	

Apêndice B - Valores médios e desvio padrão das variáveis físicas, químicas, composição do sedimento e matéria orgânica mensuradas dos ambientes hipersalinos Aratua, Casqueira e Tubarão em Junho de 2016.

Variáveis	Estuário Aratua				Estuário Casqueira				Estuário Tubarão			
	Zona I	Zona II	Zona III	Zona IV	Zona I	Zona II	Zona III	Zona IV	Zona I	Zona II	Zona III	Zona IV
Salinidade * * * * *	40.33±0.58	39.67±0.58	39.00±0.00	38.33±1.15	40.33±0.58	40.00±0.00	39.33±0.58	35.67±0.58	39.33±1.53	36.67±2.89	37.67±1.53	38.00±0.00
Temperatura (°C) *	25.95±0.08	25.86±0.07	25.87±0.04	26.45±0.66	27.43±0.04	27.40±0.08	27.42±0.01	27.40±0.07	27.11±0.17	26.14±0.10	25.93±0.13	25.77±0.09
Sólidos totais dissolvidos (g/L) * * * *	35.73±0.12	34.73±0.38	34.4±0.20	34.17±1.26	35.57±0.15	34.67±0.25	34.13±0.15	32.80±0.26	36.47±0.59	34.30±0.17	33.23±0.12	32.90±0.10
Transparência da água (m) *	1.80±0.09	1.73±0.25	1.70±0.20	1.22±0.28	2.27±0.46	2.71±0.26	1.93±0.75	1.13±0.12	0.86±0.14	1.14±0.31	1.38±0.31	1.28±0.37
Nitrito (µg/L) *	2.61±2.62	2.98±0.85	8.76±3.23	9.51±2.98	7.09±1.61	6.90±2.52	6.15±3.67	4.47±5.13	4.10±2.11	1.11±1.11	0.55±0.96	0.37±0.64
Nitrato (µg/L) * * * * *	15.54±2.44	16.95±1.21	11.10±2.86	19.17±8.61	14.93±6.80	11.90±9.62	10.29±4.36	9.28±3.70	7.26±3.20	7.06±0.69	5.85±0.69	5.24±0.35
Amônia (µg/L) * * * *	134.20±54.37	166.17±1.59	174.40±10.61	401.10±412.91	68.98±23.18	79.79±78.06	37.25±5.57	35.25±7.04	19.74±12.39	17.86±4.78	18.33±1.22	18.09±3.53
Ortobstato (Orto-P µg/L) * * * * *	30.16±24.54	27.29±4.97	358.66±570.23	122.58±139.24	6.70±3.61	20.11±20.36	14.36±5.18	183.88±277.55	47.40±27.29	34.95±5.04	33.52±29.52	19.63±6.47
Fosfato (P) (µg/L) * * * *	36.57±22.83	57.46±19.84	28.73±17.19	251.80±333.02	50.67±7.06	44.66±9.97	44.92±3.26	63.21±21.96	80.45±29.99	49.63±22.18	85.15±48.72	55.37±1.81
Argênia % * * * * *	0.04±0.01	0.01±0.004	0.06±0.01	0.02±0.02	0.07±0.04	0.02±0.01	0.0003±0.0003	0.05±0.01	0.04±0.05	0.01±0.008	0.006±0.007	0.001±0.001
Silte % * * * *	0.09±0.02	0.05±0.03	0.30±0.17	0.10±0.10	0.16±0.09	0.06±0.04	0.002±0.0006	0.23±0.05	0.09±0.11	0.04±0.02	0.03±0.01	0.007±0.004
Areia fina % *	0.23±0.02	0.40±0.23	0.20±0.01	0.51±0.27	0.18±0.07	0.11±0.05	0.02±0.008	0.53±0.15	0.13±0.10	0.36±0.18	0.10±0.09	0.07±0.05
Areia média % * * * *	0.29±0.005	0.33±0.13	0.18±0.06	0.23±0.25	0.26±0.03	0.36±0.10	0.45±0.10	0.08±0.04	0.43±0.21	0.25±0.07	0.32±0.11	0.15±0.05
Areia grossa % * * * *	0.23±0.02	0.19±0.13	0.25±0.12	0.13±0.10	0.20±0.14	0.38±0.14	0.36±0.25	0.08±0.06	0.30±0.20	0.28±0.15	0.47±0.11	0.60±0.09
Cascalho % * * * *	0.11±0.02	0.02±0.01	0.004±0.005	0.004±0.005	0.11±0.07	0.07±0.06	0.17±0.22	0.02±0.004	0.004±0.005	0.07±0.04	0.07±0.05	0.16±0.02
Matéria Orgânica % * * * *	0.04±0.02	0.03±0.01	0.20±0.06	0.05±0.04	0.13±0.06	0.04±0.04	0.007±0.001	0.06±0.02	0.09±0.12	0.02±0.008	0.02±0.01	0.01±0.004

* Variáveis que foram significativamente diferentes entre os ambientes hipersalinos

** Variáveis que foram significativamente diferentes entre as zonas dentro dos ambientes hipersalinos

*** Variáveis que foram significativamente diferentes na interação entre os ambientes hipersalinos x zonas

Apêndice C - Resultados da análise de Partial least squares regression (PLSR) que mostra as relações entre a diversidade α -taxonômica (riqueza taxonômica e índice de Shannon-Wiener) e funcional (FDis e FRic) e a heterogeneidade ambiental (variáveis ambientais). Os valores destacados indicam que há uma relação e esta é significativa.

<i>Variáveis</i>	Riqueza	Shannon	FDis	FRic
	<i>p</i>	<i>p</i>	<i>p</i>	<i>p</i>
Amônia	0,020	0,015	0,000	0,000
Nitrito	0,114	0,259	0,075	0,070
Nitrato	0,450	0,431	0,208	0,234
Ortofosfato	0,541	0,360	0,485	0,525
Fósforo	0,506	0,572	0,598	0,594
Temperatura	0,553	0,705	0,721	0,728
Sólidos Totais Dissolvidos	0,633	0,780	0,789	0,836
Transparência da água	0,636	0,782	0,879	0,915
Salinidade	0,703	0,785	0,933	0,966
Argila%	0,780	0,842	0,897	0,943
Silte %	0,936	0,915	0,950	0,955
Areia fina%	0,912	0,957	0,953	0,930
Areia media %	0,780	0,896	0,942	0,839
Areia Grossa%	0,395	0,878	0,951	0,785
Cascalho %	0,054	0,159	0,655	0,646
Matéria Orgânica%	0,663	0,546	0,510	0,403

	<i>Musculus</i> (Röding, 1798)		Mus	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Mytella</i> (Soot-Rygen, 1955)		Myt	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Gregariella</i> (Monterosato, 1883)		Gre	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lucinidae	<i>Ctena</i> (Mörch, 1861)		Cte	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0
	<i>Lucinoma</i> (Dall, 1901)		Luc	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	<i>Parvilucina</i> (Dall, 1901)		Parv	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	3	0	0
	<i>Phacoides</i> (Agassiz, 1846)		Pha	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
	<i>Solecurtus</i> (Blainville, 1824)		Sol	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	<i>Tagelus</i> (Gray, 1847)		Tag	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Marginellidae	<i>Granulina</i> (Jousseaume, 1888)		Gra	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Volvarina</i> (Hinds, 1844)		Vol	3	0	0	0	0	0	7	4	0	2	1	1	1	1	0	0	0
	<i>Acteocina</i> (Gray, 1847)		Act	5	1	1	1	0	0	0	0	0	6	3	3	3	1	1	6	0
	<i>Astarte</i> (J. Sowerby, 1816)		Ast	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	<i>Assiminea</i> (J. Fleming, 1828)		Ass	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
	<i>Iselica</i> (Dall, 1918)		Ise	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
	<i>Bulla</i> (Linnaeus, 1758)		Bul	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0
	<i>Acrosterigma</i> (Dall, 1900)		Acr	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Caecum</i> (Fleming, 1813)		Caec	0	1	0	0	0	0	15	182	2	3	5	10	3	5	6	6	6
	<i>Trachycardium</i> (Mörch, 1853)		Trac	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
	<i>Bittolum</i> (Cossmann, 1906)		Bit	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1
	<i>Garyocorbula</i> (J. Gardner, 1926)		Cary	5	2	0	0	3	6	7	7	0	5	5	2	0	0	0	0	0
	<i>Conus</i> (Linnaeus, 1758)		Com	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0
	<i>Crassinella</i> (Guppy, 1874)		Cras	1	0	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0	0	0	0
	<i>Panvanachis</i> (Radwin, 1968)		Par	1	2	0	0	0	2	1	1	1	2	0	2	5	0	0	0	0
	<i>Cyllichnella</i> (Gabb, 1873)		Cyl	25	10	8	0	2	0	0	0	0	11	8	0	2	0	0	0	0
	<i>Melanella</i> (Bowdich, 1822)		Mel	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Epitonidae	<i>Epitonium</i> (Röding, 1798)	Epi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Litiopidae	<i>Alaba</i> (H. Adams & A. Adams, 1853)	Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0
Lyonsiidae	<i>Lyonsia</i> (Turton, 1822)	Lyo	0	0	0	1	0	0	0	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mangelidae	<i>Kurtziella</i> (Dall, 1918)	Kur	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Myidae	<i>Sphenia</i> (Turton, 1822)	Sph	8	2	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	2	0	0	0	0	0
Naticidae	<i>Natica</i> (Scopoli, 1770)	Nat	1	3	2	4	1	1	2	3	1	1	2	3	3	2	0	0	0	0
Neritidae	<i>Neritina</i> (Lamarck, 1816)	Ner	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Nuculidae	<i>Nucula</i> (Lamarck, 1799)	Nuc	229	15	9	17	74	5	0	53	4	4	0	3	0	0	0	0	0	0
Olividae	<i>Olivella</i> (Swainson, 1831)	Oli	4	4	0	3	0	0	0	0	4	2	18	1	0	0	0	0	0	0
Pteridae	<i>Pteria</i> (Scopoli, 1777)	Pte	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Semelidae	<i>Abra</i> (Lamarck, 1818)	Abr	0	1	2	0	0	0	0	1	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0
Tornidae	<i>Teinosstoma</i> (H. Adams & A. Adams, 1853)	Tei	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thraciidae	<i>Thracia</i> (Blainville, 1824)	Thr	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ungulinidae	<i>Diplodonta</i> (Brom, 1831)	Dip	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0