

PARTIÇÃO DA DIVERSIDADE DE MELASTOMATACEAE EM DIFERENTES ESCALAS ESPACIAIS

Thiago L. Queiroz, Bethânia O. Azambuja, Daniel M. Marra & Sabrina Outeda-Jorge

INTRODUÇÃO

Compreender padrões de diversidade de táxons é um dos objetivos fundamentais da Ecologia (Stireman, 2008). Estes padrões estão relacionados a fatores ambientais (Crist *et al.*, 2003) e a interações inter e intra-específicas (Harms *et al.*, 2000), que podem influenciar tanto a riqueza de uma determinada área como a distribuição espacial dos indivíduos (Stireman, 2008). Além disso, a detecção de padrões espaciais da diversidade varia conforme a escala de amostragem, ou seja, o padrão observado em uma comunidade local pode ser diferente daquele encontrado em áreas mais amplas (Crist *et al.*, 2003). Embora diversos trabalhos descrevam a alta diversidade alfa das florestas tropicais, estudos sobre a variação da composição em diferentes escalas espaciais são raros (Condit *et al.*, 2002).

A diversidade total (gama) de uma área é composta pela diversidade alfa (α) e

beta (β). A diversidade alfa é definida como a diversidade em um determinado local e a diversidade beta como a variação da diversidade entre um local e outro (Legendre *et al.*, 2005). Como o conjunto de espécies hábeis em coexistir em pequenas escalas espaciais define a diversidade alfa (α) de uma localidade (Wright, 2002), em locais onde há agrupamento de espécies, a diversidade alfa é menor. Nesses casos, a probabilidade desses locais serem dominados por uma ou poucas espécies é grande. Por outro lado, se não há agrupamento, mais espécies coexistirão em um local, e então a diversidade alfa será maior.

A análise dos padrões de distribuição de comunidades de plantas, assim como da variação da riqueza de espécies em função da escala espacial, pode ser realizada por meio da partição aditiva da diversidade. A riqueza total de espécies (gama) encontrada em um

conjunto total de unidades amostrais, em qualquer escala espacial, pode ser particionada no número médio de espécies que ocorrem em uma unidade amostral (alfa) e no número médio de espécies adicionadas quando se aumenta a escala espacial (beta) (Veech *et al.*, 2002).

Neste trabalho, avaliamos a existência de agregação intra-específica na família Melastomataceae e investigamos em que escala espacial essa agregação se manifesta de maneira mais pronunciada. Para tanto, testamos a hipótese de que o agrupamento espacial de algumas espécies fará com que a diversidade alfa observada seja menor do que a esperada quando a distribuição dos indivíduos é aleatória.

MATERIAL & MÉTODOS

Realizamos o estudo na Fazenda Dimona, localizada a aproximadamente 80

km ao norte de Manaus, Amazônia Central (02°20'S; 60°06'O). Utilizamos 12 unidades amostrais, alocadas em vegetação de capoeira, abrangendo até dois metros a partir das margens da estrada principal da fazenda. Em cada unidade amostral, quatro pessoas coletaram todos os indivíduos pertencentes à família Melastomataceae durante um tempo padronizado de dois minutos por unidade amostral. Escolhemos a família Melastomataceae como objeto de estudo por se tratar de um grupo abundante, diverso e de fácil reconhecimento na área estudada. As unidades amostrais foram alocadas segundo um desenho hierárquico de três níveis: Nível 1 (parcela), Nível 2 (sítio) e Nível 3 (bloco). A distância entre uma parcela e outra foi de 50 m, a distância entre os sítios foi de 100 m e a distância entre blocos, 300 m (Figura 1).

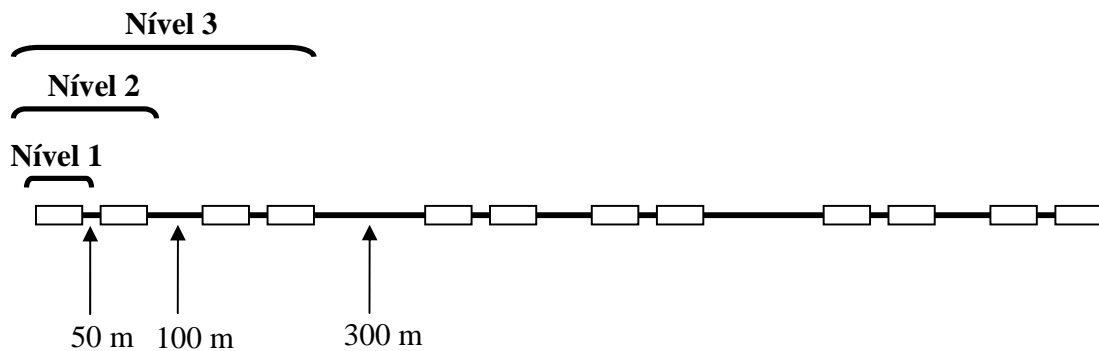


Figura 1. Disposição espacial das unidades amostrais (retângulos) e representação hierárquica dos três níveis estabelecidos: Nível 1 (unidade amostral), Nível 2 (sítio), Nível 3 (bloco). Distância entre parcelas = 50 m, distância entre sítios = 100 m e distância entre blocos = 300 m.

Utilizamos um modelo de partição aditiva da diversidade no qual a diversidade total é particionada entre as médias da diversidade dentro (α) e entre (β) as amostras. Uma vez que temos um desenho hierárquico com três níveis, podemos analisar quatro componentes. Assim, o modelo da partição aditiva expressa a diversidade total e as contribuições proporcionais da diversidade em cada nível, e pode ser descrito da seguinte forma:

$$\gamma = \alpha_1 + \beta_1 + \beta_2 + \beta_3,$$

onde γ é a diversidade total, α_1 é a diversidade no menor nível e β_1 , β_2 e β_3 são as diversidades beta nos níveis subsequentes.

Para testar se as espécies de Melastomataceae possuem distribuição agregada, construímos um modelo nulo, permutando os indivíduos entre parcelas.

A comparação dos dados obtidos em campo com o modelo nulo possibilita saber qual a probabilidade do padrão observado ter sido gerado ao acaso. Quando há agrupamento de uma espécie em determinada escala, a contribuição desta escala para a diversidade total diminui e, portanto, a diversidade α nesta escala também diminui. Assim, se a riqueza observada em determinada escala for menor do que o esperado ao acaso, podemos afirmar que existe agregação nas espécies de Melastomataceae amostradas. A análise foi realizada no programa Partition (Crist *et al.*, 2003) por meio de 10.000 aleatorizações.

RESULTADOS

Coletamos 450 indivíduos de Melastomataceae, pertencentes a 10 espécies e distribuídos em quatro gêneros:

Aciotis (uma espécie), *Bellucia* (duas espécies), *Clidemia* (uma espécie) e *Miconia* (seis espécies). Por meio da partição aditiva da riqueza nas três escalas, observamos menor diversidade α_1 em comparação aos valores esperados se os indivíduos estivessem distribuídos aleatoriamente. Nas simulações, 99,9% dos valores esperados de α_1 foram maiores do que o valor de α_1 observado (Figura 2). Assim, constatamos que as espécies encontradas distribuem-se de maneira

agregada no sistema estudado. As diversidades β_1 e β_2 observadas também foram menores do que β_1 e β_2 esperadas. A proporção de vezes em que as diversidades β_1 e β_2 esperadas foram maiores do que os valores observados foi 0,981 e 0,978, respectivamente. Em contraste, o valor de β_3 observado foi quase três vezes maior do que o esperado ao acaso (proporção $< 0,001$), sendo que, em média, 45% da riqueza foi encontrada na escala espacial maior.

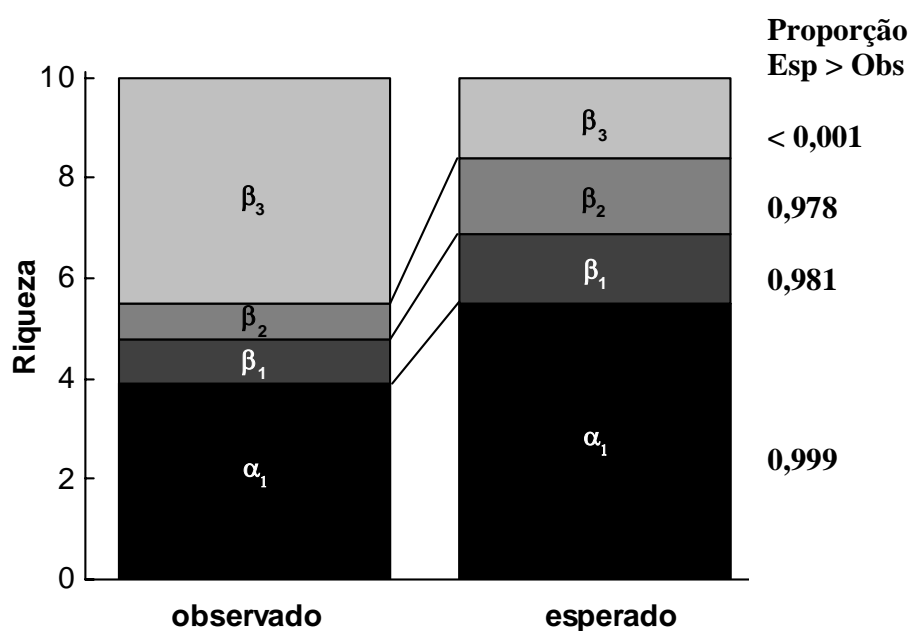


Figura 2. Partição aditiva da riqueza de espécies da família Melastomataceae em três escalas espaciais. Partições observadas (barras empilhadas da esquerda) em comparação aos valores esperados gerados por aleatorização (barras empilhadas da direita). Os valores à direita são as proporções do número de vezes em que o valor esperado pelo modelo nulo (Esp) foi maior que o observado (Obs). Os valores de riqueza correspondem à média do número de espécies em cada nível hierárquico, sendo α_1 e β_1 as diversidades no menor nível e β_2 e β_3 , as diversidades beta nos dois níveis subsequentes.

DISCUSSÃO

A menor diversidade α_1 , quando comparada ao esperado pelo modelo nulo, indica que há agrupamento intra-específico na escala menor, corroborando nossa hipótese. Padrão similar de agrupamento em pequena escala já foi observado em comunidades de artrópodes (Veech, 2005). Como nossa amostragem foi realizada buscando-se o mínimo de variação ambiental entre parcelas, acreditamos que o agrupamento das espécies não seja devido a fatores determinísticos, como diferenciação de nicho e competição. A chegada de sementes a um local pode ser determinada majoritariamente pela localização das plantas-mãe, que na maioria das vezes dispersam suas sementes a curtas distâncias, e por isso podem gerar um padrão de distribuição agregado de plântulas. Acredita-se que a dispersão e o estabelecimento da semente são de fato processos estocásticos, já que as plantas produzem muitas sementes ao longo da vida, mas poucas delas sobrevivem para se tornar plântulas (Wall *et al.*, 2005).

A importância da escala maior (bloco) na riqueza total do grupo

estudado ficou evidente ao analisarmos que o β_3 é quase três vezes maior do que o esperado ao acaso. Uma importante implicação disto é que estudos futuros com Melastomaceae em ambientes semelhantes ao amostrado devem considerar que áreas de amostragem menores do que 300 m não serão eficientes para acessar a diversidade desse grupo. De forma geral, estudos com outros grupos de organismos que apresentam padrão de distribuição espacial agrupado devem priorizar amostragens em larga escala.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Prof. Adriano Melo pela orientação e apoio durante o desenvolvimento do trabalho, a Marcelino Guedes pela ajuda em campo e a Alexandro Santos pelo auxílio na identificação do material botânico.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Condit, R.; N. Pitman; E.G. Leigh Jr.; J. Chave; J. Terborgh; R.G. Foster; V.P. Núñez; S. Aguilar; R. Valencia; G. Villa; H.C. Muller-Landau; E. Losos & S.P. Hubbell. 2002. β -diversity in

- tropical forest trees. *Science*, 295: 666-669.
- Crist, T.O.; J.A.Veech; J.C. Gering & K.S. Summerville. 2003. Partitioning species diversity across landscapes and regions: a hierarchical analysis of α , β , and γ diversity. *The American Naturalist*, 162: 734-743.
- Harms, K.E.; S.J. Wright; O. Calderón; A. Hernández & E.A. Herre. 2000. Pervasive density-dependent recruitment enhances seedling diversity in a tropical forest. *Nature*, 4: 493-495.
- Legendre, P.; D. Borcard & P.R. Peres-Neto. 2005. Analyzing beta diversity: partitioning the spatial variation of community composition data. *Ecological Monographs*, 75: 435-450.
- Stireman, J.O. 2008. α and β diversity of a tachinid parasitoid community over space and time. *Annals of the Entomological Society of America*, 101: 362-370.
- Veech, J.A.; K.S. Summerville; T.O. Crist & J.C. Gering. 2002. The additive partitioning of diversity: recent revival of an old idea. *Oikos*, 99: 3-9.
- Wall, S.B.V.; P. Forget; J.E. Lambert & P.E. Hulme. 2005. Seed fate pathways: filling the gap between parent and offspring. Em: *Seed fate. Predation, dispersal and seedling establishment* (P. Forget; J.E. Lambert; P.E. Hulme & S.B.V. Wall, eds.). CABI Publishing, Cambridge.
- Wright, S.J. 2002. Plant diversity in tropical forests: a review of mechanisms of species coexistence. *Oecologia*, 130: 1-14.

Orientação: Adriano S. Melo