



UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA NATUREZA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

PAULA HONÓRIO PIRES FERREIRA

**PEIXES DE POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE DO BRASIL:
ESTRUTURA DA COMUNIDADE, SAZONALIDADE E
CONECTIVIDADE GENÉTICA**

ORIENTADORA: PROFA. DRA. IERECÊ LUCENA ROSA

João Pessoa - PB, 2014



UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA NATUREZA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

PAULA HONÓRIO PIRES FERREIRA

**PEIXES DE POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE DO BRASIL:
ESTRUTURA DA COMUNIDADE, SAZONALIDADE E
CONECTIVIDADE GENÉTICA**

Tese apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Ciências
Biológicas, área de concentração
em Zoologia, como parte dos
requisitos para a obtenção do título
de Doutor em Ciências Biológicas.

ORIENTADORA: PROFA. DRA. IERECÊ LUCENA ROSA

João Pessoa - PB, 2014

TESE DE DOUTORADO

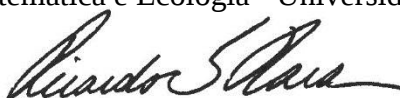
PEIXES DE POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE DO BRASIL: ESTRUTURA DA
COMUNIDADE, SAZONALIDADE E CONECTIVIDADE GENÉTICA

Paula Honório Pires Ferreira

Banca Examinadora da Tese

Profa. Dra. Ierecê Maria de Lucena Rosa (Orientadora)

Depto. de Sistemática e Ecologia - Universidade Federal da Paraíba



Prof. Dr. Ricardo de Souza Rosa (Titular Interno)

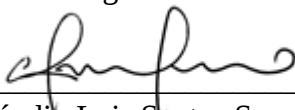
Depto. de Sistemática e Ecologia - Universidade Federal da Paraíba

Profa. Dra. Maria Raquel Moura Coimbra (Titular Externa)

Depto. de Engenharia de Pesca - Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. Jorge Eduardo Lins Oliveira (Titular Externo)

Depto. de Oceanografia e Limnologia - Universidade Federal do Rio Grande do Norte



Prof. Dr. Cláudio Luis Santos Sampaio (Titular Externo)

Universidade Federal de Alagoas, Unidade de Ensino Penedo

Prof. Dr. Luiz Carlos Serrano Lopez (Suplente Interno)

Depto. de Sistemática e Ecologia - Universidade Federal da Paraíba

Profa. Dra. Francisca Edna de Andrade Cunha (Suplente Externa)

Universidade Federal da Paraíba - Campus Ministro Reis Velloso

F383p Ferreira, Paula Honorio Pires.
PEIXES DE POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE DO BRASIL:
ESTRUTURA DA COMUNIDADE, SAZONALIDADE E CONECTIVIDADE
GENÉTICA / Paula Honorio Pires Ferreira. - João Pessoa,
2014.
257 f. : il.

Orientação: Ierecê Maria de Lucena Rosa.
Tese (Doutorado) - UFPB/CCEN.

1. Região Entremarés. 2. Ictiofauna. 3. Genética de
população. I. Rosa, Ierecê Maria de Lucena. II. Título.
UFPB/CCEN

AGRADECIMENTOS

A elaboração dessa tese envolveu muito mais do que a obtenção do título de doutora. Ela fez parte de um projeto de vida, algo de muito valor. Ao longo destes três anos e meio, aprendi que uma tese é a extensão da vida do autor, uma jornada de comprometimento, aprendizado e muito amadurecimento. Hoje, vendo-a materializada, orgulho-me do que produzi e de ter sido privilegiada pela ajuda de tantos amigos.

Agradeço a minha orientadora Ierecê, pelo privilégio de sua orientação, por todos esses anos de convívio pacífico e saudável, e pelo aprendizado. Agradeço também por seu empenho na captação de recursos e pelos valiosos contatos para o doutorado sanduiche! Admiro seu jeito aguerrido, sua seriedade e paixão pela pesquisa. Meus sinceros agradecimentos!

Ao meu coorientador no exterior, Paulo Alexandrino, pela confiança, empenho, entusiasmo com o meu trabalho e pelo recurso financeiro despendido.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal da Paraíba, em nome de seu coordenador, Ricardo Rosa, e secretário, Josias Xavier, o secretário mais eficiente do Brasil!

A professora Maria Regina Barbosa, por todo o seu empenho, enquanto coordenadora do PPGCB.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa Demanda Social e pela bolsa PDSE concedida durante o doutorado sanduiche (Processo Bex: 3991/13-0).

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro (Proc. CNPq 480026/2010-6).

Aos membros componentes da banca examinadora da tese, Drs. Jorge Eduardo Lins de Oliveira, Maria Raquel Moura Coimbra, Cláudio Luis Santos Sampaio, Ricardo de Souza Rosa, Luiz Carlos Serrano Lopez e Francisca Edna de Andrade Cunha, por gentilmente aceitarem nosso convite para participar, e certamente contribuir com valiosas sugestões.

Ao Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos da Universidade do Porto (CIBIO/UP), em nome do seu diretor, Nuno Ferrand, coordenadora executiva, Natália Dias, e secretárias, Sara Ferreira e Sandra Rodrigues, por todo o suporte necessário.

Ao Centro de Testagem Molecular (CTM), em nome da sua coordenadora técnica, Susana Lopes, pela recepção, dedicação e, sobretudo, muito profissionalismo. Sem sombra de dúvidas, a pessoa com a melhor memória e senso do humor que já conheci!

As técnicas de laboratório do CTM, Patrícia, Filipa, Sara, Diana e Sofia, pela paciência, pelos ensinamentos e pelas conversas na hora do almoço. Vocês me ajudaram a aguentar a saudade que tive de casa, da família, do meu maridinho e amigos!

A Jolita Dilyte, a lituana que mais parece uma brasileira! Jolita foi a mais grata surpresa que tive em Portugal. Uma pessoa inteligente e altruísta, capaz de parar, por meses, suas atividades da tese para acompanhar as minhas atividades.

A todo o corpo docente do Departamento de Sistemática e Ecologia e do PPGCB da Universidade Federal da Paraíba, por prover-nos uma adequada formação acadêmica, mesmo com as limitações de uma universidade pública. Aqui vou agradecer publicamente ao professor Celso Martins, por acreditar no meu potencial nas seleções de mestrado e doutorado em que me candidatei, e ao professor Ricardo Rosa, por avaliar todos os meus relatórios da graduação, monografia, qualificação e, por fim, esta tese.

Professor Ricardo, foi uma honra ter sido sua aluna e trabalhar em seu laboratório, um privilégio para poucos.

A Robinho, meu primeiro orientador, o qual tenho o privilégio de chamar de amigo, por sua dedicação na minha formação, por ter me despertado o pensamento científico e senso crítico, por me ensinar sobre ética e comprometimento com a pesquisa. Meus sinceros agradecimentos!

Aos amigos do Lapec: Luana, Josias, Aline, Neto, Kassiano, Juliana, Patrícia e Tacyana. Agradeço especialmente a Gabi Defavari, amiga querida, por toda a ajuda no campo e nos capítulos de genética, e a Larissa por ter me ajudado sempre que precisei e por tantos momentos de alegria!

A Newton (Xuxu) e Gui Moro pela amizade e ajuda no trabalho de campo. Vocês são meus queridos!

A Bruno pela grande ajuda na estatística e por me disponibilizar seus tutoriais e programas.

Ao grupo dos "Friends": Friend Anne, Amandinha, Lipe, Samuka, Arnaldinho, João Pedro, Renata e Patchão, por todas as conversas científicas e "profanas", pela cumplicidade e, principalmente, por nossa amizade, que ultrapassa os portões da UFPB. Vocês sempre terão um lugarzinho guardado nesse coraçãozinho meigo!

A turma da bobônica: Messi, Shakinha, Babaloo, Arthuzinho, Fumaça e Fafá. Sem vocês a minha vida teria menos cor! Me sinto privilegiada por conviver diariamente com cada um de vocês, por desfrutar da companhia de pessoas tão maravilhosas.

Aos muitos amigos queridos do PPGCB e do DSE. Não serei louca de citar cada nome para não cometer injustiças. Sintam-se beijados e abraçados!

Ao meu pai, Mário, que sempre foi um exemplo de honestidade e simplicidade. Agradeço por ter apoiado todas as minhas decisões, mesmo sabendo que não iria dar certo! Pelos perdões e conselhos. Por tudo o que o senhor representou na minha vida! Eu sinto muito por não tê-lo comigo nesse momento.

A minha mãe, Mônica, a pessoa que mais amo, que moveu mundos e fundos para me proporcionar a melhor educação possível. Tudo que eu sou devo a ela! Mainha, obrigada por todo o amor, carinho e suporte.

A minha irmã, Renatinha, a coisa mais linda do mundo. Obrigada pelo seu amor, por sua amizade, pelo incentivo e por ter orgulho de mim.

A Pipinha, pela agradável companhia nas muitas madrugadas e por sabiamente decidir por mim a hora de parar e descansar a mente.

Por último, mas não menos importante, agradeço a pessoa que é o meu porto seguro, que me dá equilíbrio, racionalidade e que desperta em mim os melhores sentimentos, Guga! Nestes últimos dez anos, você foi parcela importante em tudo de melhor que aconteceu na minha vida. Sou grata por tê-lo ao meu lado. Te amo!!!

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	I
LISTA DE TABELAS.....	VIII
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
ÁREA DE ESTUDO.....	8
FATORES CLIMÁTICOS E OCEANOGRÁFICOS.....	8
ÁREAS AMOSTRADAS.....	11
CAPÍTULO I	
ABSTRACT.....	17
RESUMO.....	18
I. INTRODUÇÃO.....	19
II. OBJETIVOS.....	23
II.1 GERAL.....	23
II.2 ESPECÍFICOS.....	23
III. MATERIAIS E MÉTODOS.....	24
III. 1 DELINEAMENTO AMOSTRAL.....	24
III.2 PROCEDIMENTOS DE CAMPO.....	24
III.2.1 VARIÁVEIS FÍSICO-QUÍMICAS E CARACTERIZAÇÃO DA COBERTURA BÊNICA.....	24
III.2.2 ICTIOFAUNA.....	27
III.3 CATEGORIAS ECOLÓGICAS	28
III. 4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	31
III.4.1 NORMALIDADE E HOMOCEDASTICIDADE.....	31
<i>VARIÁVEIS FÍSICO-QUÍMICAS E CARACTERIZAÇÃO DA COBERTURA BÊNICA.....</i>	31
<i>ICTIOFAUNA.....</i>	31
III.4.2 ABUNDÂNCIA RELATIVA, FREQUÊNCIA DE OCORRÊNCIA, CLASSES DE TAMANHO E SUFICIÊNCIA AMOSTRAL.....	32
III.4.3 DIVERSIDADE, RIQUEZA E EQUITABILIDADE	33
III.4.4 TESTE DE HIPÓTESES.....	34
IV. RESULTADOS	37
IV.1 VARIÁVEIS FÍSICO-QUÍMICAS E CARACTERIZAÇÃO DA COBERTURA	

BÊNTICA	37
IV.2 ICTIOFAUNA.....	52
IV.2.1 DADOS GERAIS.....	52
IV.2.2 PADRÕES DE SAZONALIDADE.....	66
IV.2.3 CATEGORIAS ECOLÓGICAS.....	82
IV.3 INFLUÊNCIA DAS VARIÁVEIS AMBIENTAIS NA DISTRIBUIÇÃO DOS PEIXES...	90
V. DISCUSSÃO.....	97
V.1 VARIÁVEIS FÍSICO-QUÍMICAS E CARACTERIZAÇÃO DA COBERTURA BÊNTICA.....	97
V.2 ICTIOFAUNA.....	100
VI. CONCLUSÃO.....	111
VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	113
CAPÍTULO II	
ABSTRACT.....	129
RESUMO.....	130
I. INTRODUÇÃO.....	131
II. OBJETIVOS.....	135
II.1 GERAL.....	135
II.2 ESPECÍFICOS.....	135
III. MATERIAIS E MÉTODOS.....	136
III.1 AMOSTRAGEM.....	136
III.2 EXTRAÇÃO DE DNA.....	137
III.3 REAÇÕES DE AMPLIFICAÇÃO (PCR)	139
III.4 SEQUENCIAMENTO DO DNA.....	141
III.5 ANÁLISE DOS DADOS.....	141
IV. RESULTADOS.....	144
V. DISCUSSÃO.....	154
VI. CONCLUSÕES.....	160
VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	162
CAPÍTULO III	
ABSTRACT.....	173
RESUMO.....	174
I. INTRODUÇÃO.....	175
II. OBJETIVOS.....	180

II.1 GERAL.....	180
II.2 ESPECÍFICOS.....	180
III. MATERIAIS E MÉTODOS.....	181
III.1 AMOSTRAGEM.....	181
III.2 EXTRAÇÃO DE DNA.....	182
III.3 REAÇÕES DE AMPLIFICAÇÃO (PCR)	184
III. PURIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DO DNA.....	185
III.5 ANÁLISE DOS DADOS.....	186
IV. RESULTADOS.....	188
V. DISCUSSÃO.....	202
VI. CONCLUSÕES.....	208
VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	210
CAPÍTULO IV	
ABSTRACT.....	222
RESUMO	223
I. INTRODUCTION.....	224
II. METHODOLOGY.....	226
<i>SAMPLING AND DNA EXTRACTION</i>	226
<i>POLYMERASE CHAIN REACTION AND DNA SEQUENCING</i>	227
<i>DATA ANALYSIS</i>	228
III. RESULTS.....	230
IV. DISCUSSION.....	235
V. REFERENCES.....	239
CONCLUSÕES FINAIS.....	243
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	246

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Área de estudo com a localização dos cinco pontos amostrais (Mapa confeccionado por Anderson Feijó).....	10
---	----

CAPÍTULO I

Figura 1. Ilustração do método de avaliação da rugosidade do habitat por pontuação (modificado de GRATWICKE & SPEIGHT, 2005).....	25
--	----

Figura 2. Matriz de pontos projetada aleatoriamente sobre o fotoquadrado através do software CPCe.....	26
---	----

Figura 3. Média (Mín-Máx) da variável abiótica temperatura observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	40
---	----

Figura 4. Média (Mín-Máx) da variável abiótica salinidade observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	41
--	----

Figura 5. Média (Mín-Máx) da variável abiótica oxigênio dissolvido observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	42
---	----

Figura 6. Médias ($\pm$ SE) das variáveis abióticas temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido observadas nas estações seca e chuvosa na análise conjunta dos dados das poças de maré amostradas Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	43
---	----

Figura 7. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa na análise conjunta dos dados das poças de maré amostradas Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.....	45
--	----

Figura 8. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré do Cabo Branco. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda;	
---	--

MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.....	46
Figura 9. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré da Barra de Mamanguape. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.....	47
Figura 10. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré de Búzios. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; MD: Macroalga Verde; MV: Macroalga Vermelha; MP: Macroalga Parda; TF: Turf; RN: Rocha Nua; GL: Granulados Litoclásticos.....	48
Figura 11. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré de Pirambúzios. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.....	49
Figura 12. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré do Paiva. CP: Coral Pétreo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.....	50
Figura 13. Análise de nMDS da composição da ictiofauna das poças de maré nos agrupamentos RN, PB e PE, referentes às amostragens no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	58
Figura 14. Análise de nMDS da composição da ictiofauna das poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	59
Figura 15. Número de indivíduos por classe de tamanho capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	60
Figura 16. Distribuição da abundância das espécies por classe de tamanho (cm) tamanho capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	60

Figura 17. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas e projeções do estimador Jackknife 1.....	63
Figura 18. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas em Pirambúzios e projeções do estimador Jackknife 1.....	63
Figura 19. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape e projeções do estimador Jackknife 1.....	64
Figura 20. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas em Búzios e projeções do estimador Jackknife 1.....	64
Figura 21. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas no Cabo Branco e projeções do estimador Jackknife 1.....	65
Figura 22. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas no Paiva e projeções do estimador Jackknife 1.....	65
Figura 23. Abundância relativa por estação (seca x chuvosa) nas poças de maré amostradas do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios, PZ e Paiva - PE.....	74
Figura 24. Abundância relativa total das espécies amostradas nas poças de maré na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.....	75
Figura 25. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré em Búzios-RN nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.....	75
Figura 26. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré em Pirambúzios-RN nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.....	75
Figura 27. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré do Cabo Branco-PB nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.....	76
Figura 28. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré de Barra de Mamanguape - PB nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.....	76
Figura 29. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré do Paiva-PE nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras"	

estão discriminadas na Tabela X.....	76
Figura 30. Análise de nMDS das espécies de peixes das poças de maré nas estações seca e chuvosa amostradas no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	78
Figura 31. Número de indivíduos por classe de tamanho e estação (seca x chuvosa) capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	79
Figura 32. Abundância relativa (%) das categorias ecológicas nas estações seca e chuvosa. OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.....	85
Figura 33. Abundância relativa (%) da categoria ecológica Residência nas poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios -RN, Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa . OCA: Ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário.....	86
Figura 34. Abundância relativa (%) da categoria ecológica Hábito nas poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios -RN, Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa. CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante.....	87
Figura 35. Abundância relativa (%) dos grupos tróficos detectados nas poças de maré nas estações seca e chuvosa. C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.....	88
Figura 36. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios - RN, Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB e Paiva - PE. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. <i>Abusax</i> : <i>A. saxatilis</i> ; <i>Acabah</i> : <i>A. bahianus</i> ; <i>Acachi</i> : <i>A. chirurgus</i> ; <i>Acacoe</i> : <i>A. coeruleus</i> ; <i>Batgem</i> : <i>B. geminatus</i> ; <i>Batsop</i> : <i>B. soporator</i> ; <i>Chaoce</i> : <i>C. ocellatus</i> ; <i>Ctebol</i> : <i>C. boleosoma</i> ; <i>Entvome</i> : <i>E. vomerinus</i> ; <i>Epiads</i> : <i>E. adscensionis</i> ; <i>Haepar</i> : <i>H. parra</i> ; <i>Halpoe</i> : <i>Halichoeres poeyi</i> ; <i>Holads</i> : <i>H. adscensionis</i> ; <i>Labcri</i> : <i>L. cricota</i> ; <i>Labkal</i> : <i>L. kalisherae</i> ; <i>Labnuc</i> : <i>L. nuchipinnis</i> ;	

Lutjoc: L. jocu; Maldel: M. delalandii; Paracu: P. acuminatus; Scacri: S. cristata; Spaaxi: S. axilari; Sparad: S. radians; Sphtes: S. testudineus; Stefus: S. fuscus; Stevar: S. variabilis; Thanat: T. nattereri. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura..... 91

Figura 37. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Búzios - RN. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax: A. saxatilis; Acabah: A. bahianus; Acachi: A. chirurgus; Acacoe: A. coeruleus; Batgem: B. geminatus; Batsop: B. soporator; Ctebol: C. boleosoma; Entvome: E. vomerinus; Haepar: H. parra; Labcri: L. cricota; Labnuc: L. nuchipinnis; Maldel: M. delalandii; Paracu: P. acuminatus; Scacri: S. cristata; Spaaxi: S. axilari; Sparad: S. radians; Stefus: S. fuscus; Stevar: S. variabilis.* ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; TF: Turf; S: Salinidade; T: Temperatura..... 92

Figura 38. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré do Cabo Branco - PB. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax: A. saxatilis; Acabah: A. bahianus; Acachi: A. chirurgus; Acacoe: A. coeruleus; Anisur: A. surinamensis; Batgem: B. geminatus; Batsop: B. soporator; Ctebol: C. boleosoma; Entvome: E. vomerinus; Epiads: E. dascensionis; Haepar: H. parra; Halpoe: Halichoeres poeyi; Labcri: L. cricota; Labkal: L. kalisherae; Labnuc: L. nuchipinnis; Lutale: L. alexandrei; Maldel: M. delalandii; Myroce: M. ocellatus; Paracu: P. acuminatus; Scacri: S. cristata; Spaaxi: S. axilari; Sparad: S. radians; Stefus: S. fuscus; Stevar: S. variabilis.* ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura..... 93

Figura 39. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Pirambúzios - RN. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax: A. saxatilis; Acabah: A. bahianus; Acachi: A. chirurgus; Acacoe: A. coeruleus; Anisur: A. surinamensis; Batgem: B. geminatus;*

Batsop: *B. soporator*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Haepar*: *H. parra*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Lutjoc*: *L. jocu*; *Lutale*: *L. alexandrei*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Paracu*: *P. acuminatus*; *Scacri*: *S. cristata*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stear*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; 94
TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.....

Figura 40. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré da Barra de Mamanguape - PB. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Chaoce*: *C. ocellatus*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Diohol*: *D. holacanthus*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Haepar*: *H. parra*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Scacri*: *S. cristata*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stear*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; 95
OI: Outros Invertebrados; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.....

Figura 41. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré do Paiva - PE. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Chaoce*: *C. ocellatus*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Epiads*: *E. adscensionis*; *Holads*: *H. adscensionis*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stear*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura..... 96

CAPÍTULO II

Figura 1. Porções das nadadeiras dorsal e caudal onde foram coletadas amostras de tecido de espécimes de *S. variabilis* (Foto: P. Honório)..... 136

Figura 2. Perfis de DNA de indivíduos de *Stegastes variabilis* corados com Gelred™ em gel de agarose 0.8%..... 138

Figura 3. Média dos padrões alélicos entre as populações. BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; CB: Cabo Branco; PA: Paiva; PZ: Pirambúzios. *Nloc* =

número de alelos por *locus*; N_{loc} = número de alelos por *locus* com frequências maiores que 5%; N_e = média do número efetivo de alelos; I = Índice de Shannon; N_p = número de alelos privados; H_e = Heterozigosidade média esperada..... 146

Figura 4. Valores de probabilidade posterior média gerados pela análise Bayesiana dos grupos (K) testados com dez locos microssatélites. (A): os círculos representam a média dos valores de LnP (D), e as linhas os desvios padrão..... 152

Figura 5. Composição do relacionamento genético entre as amostras, de acordo com o agrupamento determinado pela análise Bayesiana. Diferentes cores representam diferentes grupos genéticos de cada população amostrada. Cada coluna representa uma população..... 153

Figura 6. Taxa de variação da distribuição de probabilidade (média) do valor de K máximo estimado pelo modelo *log-likelihood*..... 153

CAPÍTULO III

Figura 1. Espécime de *L. nuchipinnis* (acima) *B. soporator* (abaixo). Em vermelho, porções das nadadeiras dorsal e caudal onde foram coletadas amostras de tecido (Foto: P. Honório)..... 182

Figura 2. Perfis de DNA de indivíduos de *B. soporator* (acima) e *L. nuchipinnis* (abaixo) corados com Gelred™ em gel de agarose 0.8%..... 184

Figura 3. Distribuição de Mismatch baseado em sequências de COI de cinco populações de *B. soporator* de poças de maré do nordeste brasileiro. A linha pontilhada refere-se à distribuição observada e a linha contínua à distribuição esperada. D^* : teste estatístico Fu e Li D^* ; F^* : teste estatístico Fu e Li F^* ; r : índice de Raggedness ($*p < 0.02$)..... 194

Figura 4. Distribuição de Mismatch baseado em sequências de COI de cinco populações de *L. nuchipinnis* de poças de maré do nordeste brasileiro. A linha pontilhada refere-se à distribuição observada e a linha contínua à distribuição esperada. D^* : teste estatístico Fu e Li D^* ; F^* : teste estatístico Fu e Li F^* ; r : índice de Raggedness. ($*p < 0.05$)..... 195

Figura 5. Rede de haplótipos NJ baseado no COI de *B. soporator*. Cada círculo representa um haplótipo e o seu tamanho é proporcional à sua frequência total..... 197

Figura 6. Rede de haplótipos NJ baseado no COI de *L. nuchipinnis*. Cada círculo representa um haplótipo e o seu tamanho é proporcional à sua frequência total..... 197

Figura 7. Topologia de NJ obtida a partir da análise das sequências do COI de *B.*

<i>soporator</i> . Os valores indicados representam índices de bootstrap.....	198
Figura 8. Topologia de obtida por IB a partir da análise das sequências do COI de <i>B. soporator</i> . Os valores indicados representam índices de bootstrap.....	199
Figura 9. Topologia de NJ obtida a partir da análise das sequências do COI de <i>L. nuchipinnis</i> . Os valores indicados representam índices de bootstrap.....	200
Figura 10. Topologia obtida por IB a partir da análise de sequências de COI de <i>L. nuchipinnis</i> . Os valores indicados representam índices de Bootstrap.....	201
CAPÍTULO IV	
Figure 1. Map of the sampling sites on the Western South Atlantic tidepools.....	226
Figure 2. Mismatch distribution based on 655 COI sequences from five populations of <i>B. geminatus</i> of Western South Atlantic tidepools. The solid line represents the expected and dotted line is the observed pairwise differences.....	232
Figure 3. Median-joining haplotype network based on COI. Each circle represents a haplotype, and its size is proportional to its total frequency.....	233
Figure 4. The maximum likelihood tree topology by Bayesian Markov Chain Monte Carlo (MCMC) analysis.....	233
Figure 5. The maximum likelihood tree topology by neighbor-joining (NJ) analysis....	234

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela I. Categorias utilizadas na metodologia de estimativa de cobertura bêntica em poças de maré amostradas no Rio Grande do Norte, Pernambuco e Paraíba.....	26
Tabela II. A classificação ecológica das espécies de peixes poças de maré em relação ao tempo de permanência nas poças, ao hábito e grupo trófico.....	30
Tabela III. Algoritmos utilizados na transformação dos dados pelo procedimento de BOX-COX.....	31
Tabela IV. Média (Mín-Máx) das características das poças de maré amostradas na Praia do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios – RN, Pirambúzios – RN e Paiva, PE.	38
Tabela V. Valores da ANOVA (F), Teste <i>t</i> (t) e a significância dos testes (p) relativos à comparação sazonal das variáveis temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido amostradas nas poças de maré da Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	39
Tabela VI. Abundância Relativa (%) e porcentagem de similaridade (SIM %) das categorias bênticas nas estações seca e chuvosa analisadas nas poças de marés do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; MD: Macroalga Verde; MV: Macroalga Vermelha; MP: Macroalga Parda; TF: Turf; OI: Outros Invertebrados; GL: Granulados Litoclásticos; RN: Rocha Nua.....	51
Tabela VII. Espécies capturadas nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE, indicando a abundância relativa (AR%) e frequência de ocorrência (FO%). A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994)...	53
Tabela VIII. Número de espécies (S), número de indivíduos (N), índice de riqueza (d), equitabilidade (J') e diversidade de Shannon (H') gerais e por localidade amostrada. CB: Cabo Branco; BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; PZ: Pirambúzios; PA: Paiva.....	58
Tabela IX. Número de indivíduos por classe de tamanho (cm) registrado das espécies capturadas nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios -	

RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	61
Tabela X. Abundância relativa das espécies capturadas por estação nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994).....	68
Tabela XI. Frequência de ocorrência das espécies capturadas por estação nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994).....	71
Tabela XII. Número de espécies (S), número de indivíduos (N), índice de riqueza (d), equitabilidade (J'), diversidade de Shannon (H'), porcentagem de dissimilaridade (D%), gerais e por localidade amostrada, nas estações seca e chuvosa. CB: Cabo Branco; BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; PZ: Pirambúzios; PA: Paiva.....	78
Tabela XIII. Número de indivíduos em cada classe de tamanho (cm) registrada por estação (seca x chuvosa), das espécies capturadas nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.....	80
Tabela XIV. Classificação das espécies observadas nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE em relação às categorias ecológicas. I: Indeterminado; OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.....	83
Tabela XV. Abundância relativa (%), geral e por localidade, das categorias ecológicas analisadas nesta estudo nas estações seca e chuvosa. OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.....	89

CAPÍTULO II

Tabela 1. Loci microsatélites polimórficos desenvolvidos para <i>Stegastes partitus</i> e amplificados nas amostras de <i>Stegastes variabilis</i> deste estudo.....	139
---	-----

Tabela II. Sumário estatístico para as cinco populações de *S. variabilis* estudadas na Barra de Mamanguape (PB), Búzios (RN), Cabo Branco (PB), Paiva (PE) e Pirambúzios (RN). N = número de indivíduos amostrados; Nlp : Número de locus polimórficos; $Npop$ = número médio de alelos por população; Fa = frequência alélica geral; Np = número de alelos privados; He = Heterozigosidade média esperada; Ho = Heterozigosidade média observada..... 146

Tabela III. Parâmetros populacionais para cada *locus* por população de *S. variabilis*. $Nloc$ = número de alelos por *locus*; Ne = número efetivo de alelos; Ho = heterozigosidade observada; He = heterozigosidade esperada; HWE = equilíbrio de Hardy–Weinberg ($p < 0.005$); F_{IS} = índice de endogamia intrapopulacional; A_R = Riqueza alélica; G = Diversidade gênica; F_{ST} = índice de fixação; Nm = estimativa de fluxo gênico..... 147

Tabela IV. Parâmetros populacionais para cada *locus*, excluindo-se os *loci* SpTG10 e SpTG8, por população de *S. variabilis*. $Nloc$ = número de alelos por *locus*; Ne = número efetivo de alelos; Ho = heterozigosidade observada; He = heterozigosidade esperada; HWE = equilíbrio de Hardy–Weinberg ($p < 0.005$); F_{IS} = índice de endogamia intrapopulacional; A_R = Riqueza alélica; G = Diversidade gênica; F_{ST} = índice de fixação; Nm = estimativa de fluxo gênico..... 149

Tabela V. Análise de Variância Molecular para as populações de *S. variabilis* utilizando os índices F_{ST} e R_{ST} 151

Tabela VI. Índices de fixação F_{ST} (abaixo) e R_{ST} (acima) par a par entre as populações amostradas para *S. variabilis*..... 151

CAPÍTULO III

Tabela I. Composição de bases nucleotídicas para sequência do mtDNA de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* amostrados nas poças de maré de Pirambúzios (RN), Búzios (RN), Barra de Mamanguape (PB), Cabo Branco (PB) e Paiva (PE)..... 189

Tabela II. Haplótipos do Citocromo c oxidase subunidade I do mtDNA de cinco populações de *B. soporator* do nordeste brasileiro..... 190

Tabela III. Haplótipos do Citocromo c oxidase subunidade I do mtDNA de cinco populações de *L. nuchipinnis* do nordeste brasileiro..... 191

Tabela IV. Sumário estatístico para as cinco populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* estudadas. N = número de indivíduos; Nh = número de haplótipos; h = diversidade haplotípica (variância); Np = número de alelos polimórficos; π = diversidade nucleotídica, testes de neutralidade Tajima D e FuFs e valor de p

correspondentes, soma dos desvios quadrados (SSD) e o índice de Raggedness da distribuição de mismatch (r). (* $0.01 < p < 0.05$; ** $p \leq 0.01$).....	193
--	-----

Tabela V. Valores de F_{ST} para o COI de <i>B. soporator</i> e análise hierárquica de variância molecular (AMOVA) usados para estimar os níveis de diferenciação genética entre populações e dentro das populações.....	195
---	-----

Tabela VI. Valores de F_{ST} para o COI de <i>L. nuchipinnis</i> e análise hierárquica de variância molecular (AMOVA) usados para estimar os níveis de diferenciação genética entre populações e dentro das populações.....	196
--	-----

CAPÍTULO IV

Table 1. Summary statistics for five populations of <i>Bathygobius geminatus</i> . N= number of individuals; Nh = number of haplotypes; h = haplotype diversity; Np = polymorphic alleles number; π = nucleotide diversity; Tajima's D and Fu's neutrality tests.....	231
--	-----

Table 2. Pairwise F_{ST} values for COI and hierarchical analysis of molecular variance (AMOVA) was used to estimate levels of genetic differentiation among populations within groups and within populations.....	231
---	-----

INTRODUÇÃO GERAL

A Zona Costeira brasileira contempla a região entre a borda do continente e o talude, acupando cerca de 3.5 milhões de quilômetros quadrados; abriga um mosaico de ecossistemas de alta relevância ambiental (MMA, 2010). Ao longo do litoral são encontrados ambientes de significativa riqueza biológica, tais como estuários, mangues, baías, costões rochosos, bancos de algas calcárias, plataformas arenosas, recifes de corais e areníticos, poças de maré e ilhas (CAMPOS, 2000; AMARAL & JABLONSKI, 2005). Constitui, a rigor, uma região de transição ecológica, desempenhando importante papel no desenvolvimento, reprodução e no fluxo gênico de várias espécies entre os ecossistemas que a compõem (MMA, 2010).

Além da sua riqueza biológica, os ecossistemas costeiros proporcionam serviços essenciais à sobrevivência humana, como alimentos, manutenção do clima, purificação da água e proteção costeira, assim como o uso recreativo e religioso (MMA, 2010). No entanto, a Zona Costeira vem sofrendo perdas gradativas da sua biodiversidade devido ao intenso crescimento urbano e industrial, com múltiplos conflitos de uso dos espaços e dos recursos comuns, além de impactos decorrentes da poluição, sobreexploração, pisoteio e mudanças climáticas (KNOPPERS *et al.*, 2002; AMARAL & JABLONSKI, 2005; MMA, 2010).

Dentre os ambientes da Zona Costeira, a região entremarés constitui um conjunto de ambientes que ficam expostos total ou parcialmente ao ar durante períodos de baixamar. Nestes períodos, a água marinha remanescente pode ficar aprisionada nas depressões das rochas areníticas, dos costões rochosos, dos recifes de corais e calcários, formando as poças de maré que, durante a preamar, religam-se ao mar e tornam-se sujeitas à ação das ondas e da turbulência (ROSA *et al.*, 1997; ZANDER *et al.*, 1999).

Em consequência da alternância de submersão e exposição ao ar, esta região apresenta enorme variação de fatores abióticos, abrigando uma variedade de espécies com adaptações morfológicas, fisiológicas e comportamentais particulares (HORN *et al.*, 1999), cuja diversidade pode ser comparada àquela da zona sublitoral (NYBAKKEN & BERTNESS, 2004; VALENTIM, 2008).

Os organismos da região entremarés não se distribuem de maneira homogênea, agrupando-se de acordo com as suas condições físico-químicas e biológicas. Esta divisão não corresponde a limites exatos, em termos métricos, sendo sua identificação feita pela localização dos povoamentos dos organismos típicos de cada um dos chamados Andares do Sistema Litoral. A região entremarés compreende os andares Supralitoral, Mesolitoral e Infralitoral. O Supralitoral corresponde a região permanentemente exposta ao ar, sujeito apenas a salpicos de água das ondas. O Mesolitoral é a região sujeita às flutuações da maré, submersa durante a maré alta e exposta durante a maré baixa. O Infralitoral corresponde a região permanentemente submersa, possuindo como limite superior a faixa da maré baixa (THURMAN & TRUJILLO, 1993; SALDANHA, 2003; SCHMIEGELOW, 2004; MANN & LAZIER, 2006).

Dependendo das suas configurações físicas, as poças de maré podem configurar habitats capazes de suportar comunidades distintas. Tal característica pode ser particularmente útil para testar modelos ecológicos (como metapopulações) (BENGTSSON, 1989) e teorias (como biogeografia de ilhas) (MACARTHUR & WILSON, 1967), por terem limites bem definidos e serem facilmente manipuláveis. São consideradas áreas de alta complexidade trófica, de refúgios contra predadores (GIBSON, 1994; STEELE, 1999), de reprodução, crescimento de jovens de espécies de peixes residentes (CRABTREE & DEAN, 1982; RANGUELEY & KRAMER, 1995) e de criadouro para espécies da zona sublitoral (MAHON & MAHON, 1994), incluindo

peixes comercialmente explorados pela pesca (GIBSON, 1973; BEUKEMA, 1992; AMARA *et al.*, 2000).

Dentre os organismos que habitam a região entremarés, os peixes são os componentes mais conspícuos nas comunidades e os principais responsáveis pelo fluxo de energia na cadeia alimentar local. Habitam essa região por diferentes períodos de tempo ou etapas da vida, havendo também espécies residentes, que lá vivem por todo o ciclo de vida. As espécies residentes são caracterizadas pelo pequeno tamanho e hábito críptico, e são as espécies mais vulneráveis à redução de suas populações devido às ações antrópicas (HORN *et al.*, 1999).

Há também espécies transeuntes ou visitantes que vivem na região entremarés por períodos variados, de poucos dias a anos (GIBSON & YOSHIYAMA, 1999; BARREIROS *et al.*, 2004), enquanto algumas espécies migram sazonalmente para esta região no período reprodutivo, lá depositando seus ovos; ocasionalmente, permanecem no ambiente onde foram depositados os ovos, guardando-os (COLEMAN, 1999; DEMARTINI, 1999). Outras espécies entram na região entremarés apenas na maré alta e, acidentalmente, ficam presas nas poças; estas são menos abundantes e não apresentam adaptações especiais ao meio (HORN *et al.*, 1999).

Os estudos na região entremarés foram iniciados no século XX, desenvolvidos por BROOKER KLUGH (1924), STEPHENSON *et al.* (1934) e PYEFINCH (1943). Estudos mais relevantes relacionados à ictiofauna foram desenvolvidos na segunda metade do século XX por ARONDSOON (1951), DOTY (1957), DÔTU (1955; 1957), MUENCH (1958), MCFARLAND (1959; 1960), NORRIS (1963), GIBSON (1967; 1968; 1972; 1982; 1986), QUAST (1968), WEAVER (1970), JONES & CLARE (1977), ARRUDA (1979), entre outros.

A partir da década de 80, os principais estudos objetivaram analisar aspectos ecológicos como estrutura e dinâmica populacional (ver YOSHIYAMA, 1981;

GROSSMAN, 1982; BENNETT & GRIFFITHS, 1984; BECKLEY, 1985; HUGGETT & GRIFFITHS, 1986; YOSHIYAMA *et al.*, 1986; IBÁÑEZ *et al.*, 1989; MISTRY *et al.*, 1989; ARRUDA, 1990; JANKE, 1990; VARAS & OJEDA, 1990; MAHON & MAHON, 1994; DAVIS, 2000), abundância, padrões de distribuição e conectividade entre as populações (MARLIAVE, 1977; GAINES & ROUGHGARDEN, 1985; MARLIAVE, 1986; FORRESTER, 1990; DOHERTY, 1991; FOGARTY *et al.*, 1991; CALEY *et al.*, 1996; WILLIS & ROBERTS, 1996; BECKLEY, 2000; MORA *et al.*, 2001; ALMADA & FARIA, 2004; CASTELLANOS-GALINDO *et al.*, 2005; COWEN *et al.*, 2006; COWEN & SPONAUGLE, 2009). Em 1999, HORN e colaboradores publicaram o trabalho mais abrangente sobre os peixes da região entremarés, considerado um marco nos estudos acerca do tema.

No Brasil, as pesquisas envolveram, principalmente, levantamentos ictiofaunísticos geograficamente pontuais (ver MATHEWS, 1926; ALMEIDA, 1973, 1983; ROSA *et al.*, 1997; ARAÚJO *et al.*, 2000; MARANHÃO *et al.*, 2000; CUNHA *et al.*, 2008). Estudos objetivando a descrição da estrutura da comunidade foram desenvolvidos por BARREIROS *et al.* (2004), MENDES (2000) e VALENTIM (2008), enquanto aspectos relacionados à biologia e ecologia de espécies ocorrentes na região entremarés foram analisados por ZAMPROGNO (1989), ARAÚJO *et al.* (2004), SOUZA (2006), CUNHA *et al.* (2007), GODINHO (2007), MACIEIRA & JOYEUX (2009), GODINHO & LOTUFO (2010). Outros estudos discutiram características e perspectivas para o manejo da pesca ou compararam metodologias de amostragens não destrutivas (FERREIRA *et al.*, 2000; CUNHA & ROSA, 2006). Estudos genéticos desenvolvidos na região entremarés objetivando analisar a estrutura genética de populações de peixes foram realizados por MOLINA (2000), FREITAS *et al.* (2003), AFFONSO (2004), DIAS JR. *et al.* (2007) e DIAS JR. & MOLINA (2008). RODRIGUES & MOLINA (2007), por sua vez, analisaram a variabilidade genética de

Abudefduf saxatilis, e LIMA *et al.* (2005) compararam populações de *Bathygobius soporator* de quatro localidades situadas na região entremarés do litoral brasileiro com populações de ilhas oceânicas.

A interpretação de padrões espaço-temporais das populações de peixes da região entremarés, bem como das variáveis que os influenciam, é importante para ampliar o entendimento acerca de como as comunidades se estruturam em ambientes sujeitos às variações rápidas e de grande amplitude no domínio marinho. É alarmante a constatação de que os peixes da região entremarés são frequentemente negligenciados em estudos sobre a biota da região entremarés e que pouco se sabe sobre os padrões de distribuição dos peixes que habitam esses ambientes (HORN *et al.* 1999; GRIFFITHS, 2003), especialmente dos peixes de poças de maré não associadas a estuários (CHARGULAF *et al.*, 2011).

É importante destacar que a compreensão sobre a biologia das espécies de peixes da região entremarés requer a complementação dos dados tradicionais existentes sobre abundância, biomassa ou diversidade (ALMADA & FARIA, 2004), inclusive como forma de contribuir com o entendimento dos fatores relacionados às mudanças climáticas globais, especialmente o aquecimento das águas oceânicas. Tais fatores, segundo HORN *et al.* (1999), podem impactar, a curto e longo prazo, a distribuição, abundância e outros aspectos da biologia dos peixes que habitam esta região.

Muitas espécies de peixes marinhos exibem duas fases distintas na história de vida: uma de dispersão larval pelágica e outra adulta demersal relativamente sedentária (LEIS, 1991). A fase larval pelágica confere a estes organismos um potencial para dispersão a longas distâncias a partir de sua origem natal (HEPBURN *et al.*, 2009), conduzindo à expectativa de que as populações marinhas possuem grande conectividade (ROBERTS, 1997). Mensurar o fluxo gênico entre populações através da dispersão larval é tecnicamente difícil, de maneira que as principais informações acerca da

dispersão de larvas de peixes marinhos são fornecidas a partir de estimativas (JONES *et al.*, 2005).

Sequências de DNA mitocondrial e marcadores microssatélites podem fornecer informações à respeito da dispersão mediante análise de sinais genéticos acumulados ao longo do tempo. Em termos de fluxo gênico, a interpretação dos sinais genéticos dependerá da forma como ele é criado. Dispersão estocástica, por exemplo, resultará em padrões genéticos que mudam de forma imprevisível ao longo do tempo, enquanto a dispersão estável ou o autorrecrutamento tenderá a resultar em um padrão temporal consistente (HEPBURN *et al.*, 2009). Determinar os níveis de conectividade entre populações de espécies associadas às poças de maré pode gerar implicações importantes na definição dos processos naturais que limitam o crescimento das populações e a sua resiliência a perturbações naturais e antropogênicas; pontos estes críticos para a eficácia do manejo e conservação destas populações, como também para o desenvolvimento de reservas marinhas e áreas marinhas protegidas.

O presente trabalho buscou analisar a estrutura das comunidades e a diversidade genética dos peixes em poças de maré selecionadas ao longo do litoral dos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco. Destaca-se que os objetivos propostos coadunam-se com a Política Nacional para os Recursos do Mar, orientando a exploração racional e sustentável dos recursos vivos da plataforma continental. No plano regional, o estudo contribui para impulsionar pesquisas científicas no campo da biodiversidade marinha no Nordeste Brasileiro.

Igualmente importante, este estudo amplia de maneira significativa (geograficamente e em relação às abordagens utilizadas) o conhecimento acerca dos fatores que influenciam a composição e estruturação da comunidade íctica em ambientes sujeitos a grandes oscilações dos parâmetros abióticos.

Como norteadoras da pesquisa, foram delineadas as seguintes hipóteses nulas:

(1) os fatores bióticos e abióticos não apresentam variação significativa relacionada à sazonalidade (estação seca x chuvosa); (2) A composição e estrutura das ictiofaunas não variam de maneira significativa, em riqueza e abundância, em relação à sazonalidade; (3) as similaridades observadas na composição e estrutura da comunidade íctica de recifes rasos e intermediários nos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco não se refletem nos ambientes de poças de maré; (4) os fatores bióticos e abióticos não são determinantes para a estruturação das comunidades ícticas; (5) não há fluxo gênico das espécies *Stegastes variabilis*, *Bathygobius soporator*, *Labrisomus nuchipinnis* e *B. geminatus* entre as poças de maré amostradas.

ÁREA DE ESTUDO

Fatores Climáticos e Oceanográficos

Litoral do Estado do Rio Grande do Norte

O litoral do Estado do Rio Grande do Norte é dividido em duas zonas fisiográficas: Zona Costeira Norte, localizado entre os municípios de Touros e Macau, e a Zona Costeira Oriental, que envolve uma faixa costeira a partir do sul do Estado, até o município de Touros. A Zona Costeira Norte é caracterizada pelo clima semi-árido, com médias de precipitação variando de 400 a 600 mm de chuvas por ano. A Zona Costeira Oriental é caracterizada pelo clima subúmido (do litoral de Parnamirim/Natal até o litoral de Touros), com médias pluviométricas anuais entre 800 e 1200 mm e pelo clima úmido (do Município de Baía Formosa ao de Nísia Floresta), com média anual de chuvas acima de 1200 mm (IDEMA, 2011).

Ambas as zonas são caracterizadas por duas estações bem definidas, uma seca (agosto a janeiro - Zona Costeira Norte; e setembro a fevereiro - Zona Costeira Oriental) e outra chuvosa (fevereiro a julho - Zona Costeira Norte; março a agosto – Zona Costeira Oriental) (IDEMA, 2011). Na Zona Costeira Norte, nos meses mais frios (junho e julho), a temperatura média do ar é de cerca de 24°C e no mês mais quente (novembro) a temperatura máxima do ar ultrapassa 40°C. Na Zona Costeira Oriental, a temperatura apresenta-se amena, com oscilação média anual em torno de 26.8°C de (IDEMA, 2003).

Os ventos na Zona Costeira Norte são predominantemente NE-E (com mínimas de 0.7 m/s durante o mês de abril e máximas de 8.5 m/s, no mês de outubro). Na Zona Costeira Oriental sopram ventos predominantemente sudeste durante grande parte do ano, seguidos pelos ventos leste (IDEMA, 2003; CUNHA, 2004).

A plataforma continental do Estado do Rio Grande do Norte está sob influência dos ramos norte e sul da Corrente Sul Equatorial. Estes ramos fluem para o oeste e impulsionam essas massas d'água em direção aos pólos, limitando-se com a Corrente do Golfo, ao norte, e com a Corrente do Brasil ao sul (LUMPKIN & GARZOLI, 2005). Quanto às circulações costeiras, na Zona Costeira Norte, as correntes formam-se em resposta à ação da orientação predominante leste-oeste da linha de costa e do fluxo de ondas provenientes de nordeste-leste, acarretando uma importante corrente de deriva litorânea na direção oeste (IDEMA, 2003). CUNHA (2004) e GARCIA JR. (2006) indicaram que a Zona Costeira Oriental apresenta um padrão de correntes de sentido sul-norte, produto da influência dos ventos e do alinhamento da costa, sujeito ao aporte dos estuários, nas fases de maré decrescente.

As marés na costa do Rio Grande do Norte são do tipo semidiurnas; a Zona Costeira Norte apresenta amplitude de maré de sizígia de 284.55 cm e a amplitude de maré de quadratura de 127.79 cm, enquanto que na Zona Costeira Oriental as amplitudes são de 50 cm a mínima e 380 cm a máxima (MABESOONE & COUTINHO, 1970; GARCIA JR., 2006).

Litoral do Estado da Paraíba

O clima no litoral do estado da Paraíba é úmido ou subúmido, com temperaturas médias anuais oscilando entre 22°C e 26.5°C. A média das máximas atinge 30°C (janeiro-abril) e a média das mínimas é de 23°C (junho-agosto). Duas estações são visivelmente marcantes – seca e chuvosa, os meses de setembro a março correspondendo à estação seca e os meses de abril a julho, à estação chuvosa, sem períodos frios. Valores médios históricos de precipitação pluviométrica alcançam 910 mm anuais (AESAs, 2010).

Os ventos incidentes na costa paraibana são alísios no sentido E-NE durante a maior parte do ano, com velocidade média de 3m/s, sendo as maiores velocidades registradas nos meses de novembro, dezembro, janeiro e fevereiro (NEVES, 2003). Nos meses de julho, agosto, setembro e outubro ocorrem ventos de direção SE, com velocidade média de 3.5 m/s.

A plataforma continental do Estado da Paraíba está sob influência do braço sul da Corrente Sul-Equatorial, que flui com velocidade de 0.2 a 0.5 m/s. Esta corrente é escassa em sais e nutrientes (FLOETER *et al.*, 2001), e a salinidade varia entre 36.5 a 37.5. A costa paraibana está também sob influência de correntes de deriva litorânea, originadas principalmente pela ação das ondas e dos ventos. As ondas que chegam à praia acabam por gerar uma série de correntes, cujo padrão depende do ângulo de incidência que fazem com a linha de praia (FONTELES, 1999).

As marés no litoral do Estado da Paraíba são do tipo semidiurnas, com amplitude média de sizígia de 2.0 m e de quadratura com 0.6 m (Dados obtidos da Diretoria de Hidrografia e Navegação para o porto de Cabedelo - DHN disponível em <http://portodecabedelo.com.br/paginas/exibir/id/22>).

Litoral do Estado de Pernambuco

O litoral do estado de Pernambuco apresenta clima úmido, caracterizado por chuvas sazonais e por duas estações bem definidas: uma estação seca de outubro a maio com temperatura média de 30°C, e uma estação chuvosa de junho a setembro, com temperatura média de 26°C (MANZO *et al.*, 2006). A precipitação pluviométrica média anual é de 582.75 mm, com a média da estação seca em 345.71 mm e da estação chuvosa em 914.6 mm (Dados obtidos do Instituto Nacional de Meteorologia para o litoral de Pernambuco entre os anos de 1961 e 2010 - INMET/BDMEP disponível em <http://www.inmet.gov.br/portal/>).

Os ventos incidentes na costa pernambucana são predominantemente de direção SE. Na estação chuvosa, a incidência maior de direção permanece a de SE, com velocidades médias entre 5.0 a 6.1 m/s. Na estação seca, há predominância de ventos alísios, ventos do quadrante E, com velocidades em torno de 5.2 m/s. O regime de ventos em toda região costeira caracteriza-se por ser bastante regular, sazonal, soprando em 90% do tempo do setor E-SE, com velocidades médias de 3 a 5 m/s (MANSO *et al.*, 2006).

A plataforma continental do Estado de Pernambuco está sob influência do braço sul da Corrente Sul-Equatorial e, na porção mais próxima à costa, a plataforma é influenciada também por correntes fluviais e litorâneas. Na costa pernambucana os valores mais elevados relacionados à salinidade são observados no período seco (37.16), e os valores mais baixos no período chuvoso (28.88) (MANSO *et al.*, 2006).

As marés no litoral do Estado de Pernambuco são semidiurnas, com amplitude média de sizígia de 2.0 m e de quadratura com 0.7 m (MANSO *et al.*, 2006).

Áreas Amostradas

As poças de maré amostradas no presente estudo situam-se nos Estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco: Búzios (Nísia Floresta-RN) (06°00'36"S 35°06'26"W), Pirambúzios (Nísia Floresta-RN) (05°59'23"S 35°06'48"W), Ponta do Cabo Branco (João Pessoa-PB) (07°08'40"S 34°48'17"W), Barra de Mamanguape (Rio Tinto - PB) (06°46'01"S 34°55'01"W) e Praia do Paiva (Cabo de Santo Agostinho – PE) (08°07'30"S 35°00'55"W) (Figura 1).

As poças de maré amostradas estão associadas aos arenitos de praia ou *beachrocks*, aos arenitos ferruginosos e porções arenosas adjacentes a estas formações. Os *beachrocks* são originados pela precipitação carbonática (SCHOLLE, 1978; VIEIRA, 2005), incluindo a cimentação de calcita e aragonita (polimorfos do carbonato

de cálcio) (JONES *et al.*, 1997), litificados na zona litorânea (FERREIRA JR. *et al.*, 2011). Os arenitos ferruginosos são resultantes da ação do intemperismo sobre o embasamento cristalino da Formação Barreiras (FURRIER *et al.*, 2006), apresentam colorações avermelhadas decorrentes do cimento ferruginoso e da própria alteração diagenética da matriz (MOURA-LIMA *et al.*, 2010).

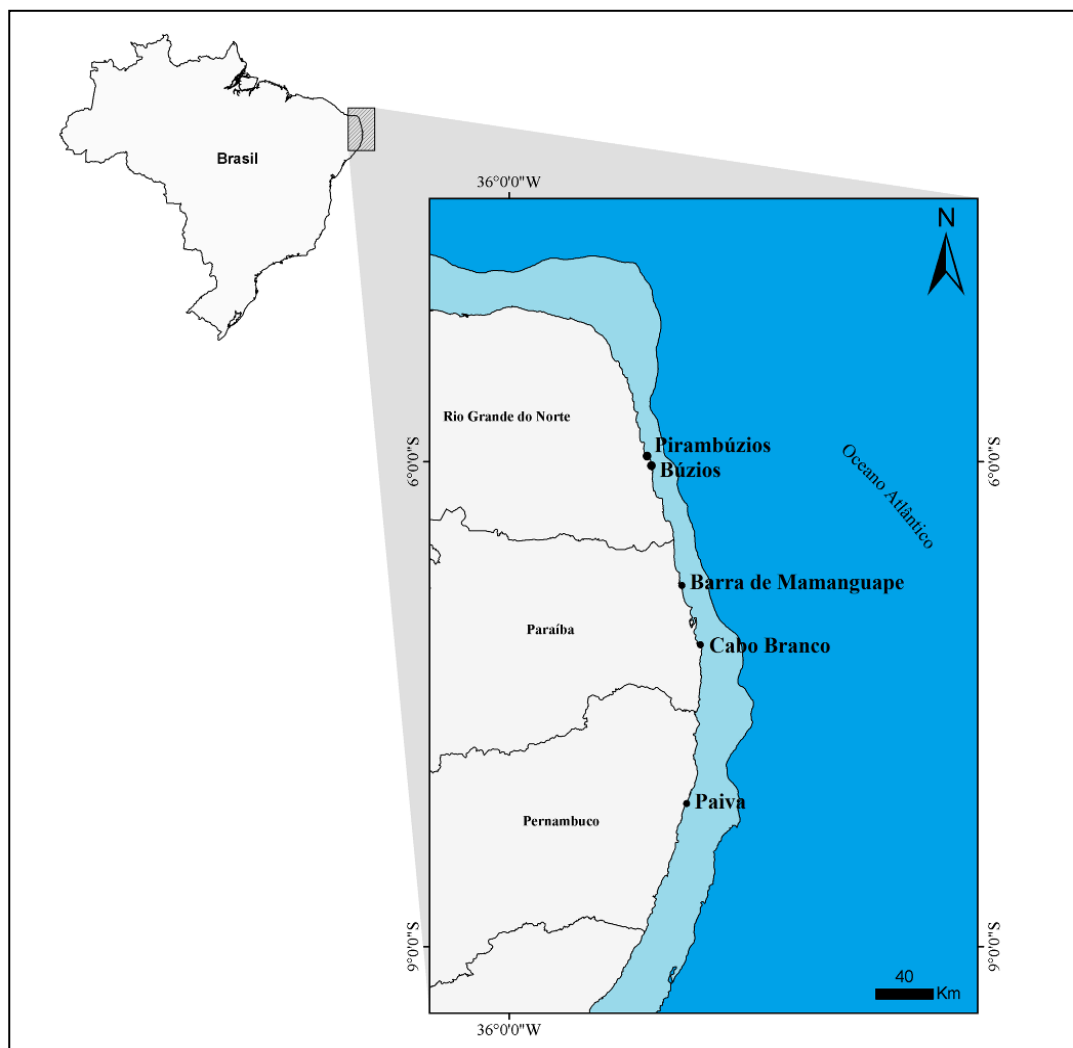


Figura 1. Área de estudo com a localização dos cinco pontos amostrais (Mapa confeccionado por Anderson Feijó).

Búzios (RN)

As poças de maré são formadas sobre as depressões dos bancos areníticos e nas porções arenosas adjacentes no mesolitoral. O hidrodinamismo é intenso, conferindo diferentes feições às poças de maré formadas a cada baixamar. A cobertura bêntica é diversa, formada principalmente por turf (ver definição na Tabela I), algas calcárias, macroalgas verdes e vermelhas, corais pétreos e zoantídeos.



Pirambúzios (RN)

Em Pirambúzios, as poças são formadas no mesolitoral. Apresentam feições variáveis, desde pequenas poças formadas nas depressões dos bancos areníticos sem nenhuma incrustação por invertebrados marinhos ou algas, até poças com cobertura bêntica diversa, com formação de colônias de corais pétreos, incrustação por algas calcárias e crescimento expressivo de macroalgas verdes, vermelhas e pardas.



Fotos: P. Honório

Barra de Mamanguape (PB)

As poças amostradas estão inseridas na Área de Proteção Ambiental Barra do Rio Mamanguape. São formadas sobre as depressões do banco arenítico linear paralelo à costa, no infralitoral. As poças amostradas apresentam topografia variável, com substrato colonizado principalmente por turf, macroalgas, moluscos, ouriços, zoantídeos e corais pétreos.



Cabo Branco (PB)

As poças amostradas são formadas sobre os blocos de arenito ferruginoso, no mesolitoral. São colonizadas principalmente por algas calcárias não articuladas, corais pétreos e zoantídeos. Macroalgas ramificam-se sobre substratos não consolidados (areia e cascalho). O hidrodinamismo é intenso, aspecto determinante na formação das poças e na complexidade dos habitats.



Fotos: P. Honório.

Praia do Paiva (PE)

As poças de maré amostradas são formadas sobre depressões das rochas areníticas, no mesolitoral. O substrato é colonizado principalmente por turf e algas calcárias não articuladas. Macroalgas vermelhas e verdes ramificam-se dentro das poças sobre substratos não consolidados (areia e cascalho). Corais pétreos e zoantídeos são menos frequentes. As poças apresentam alta complexidade topográfica.



Foto: http://www.evaldoparreira.com.br/?page_id=230 (acima) e P. Honório (abaixo)

CAPÍTULO I

SAZONALIDADE E ANÁLISE COMPARATIVA DA ICTIOFAUNA DE POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE BRASILEIRO

ABSTRACT

The composition, structure and seasonal patterns of distribution of tidepools fishes in northeast Brazil were determined. One hundred tidepools were surveyed from december 2010 to august 2012. A total of 3586 specimens belonging to 52 species and 24 families were captured, with the dominance of resident species, cryptic, and mobile invertebrate predators species. The most abundant species were *Bathygobius soporator*, *B. geminatus* and *Stegastes fuscus*, representing 14.95%, 13.11% and 10.54% of all fishes captured, respectively. Significant differences related to the composition of ichthyofauna between the sampling sites were not observed. In the dry season, 2031 specimens of 49 species and 23 families were sampled and, in the wet season, 1555 specimens of 56 species and 22 families were sampled in the tidepools. Of these, *B. geminatus* and *B. soporator* were the most abundant and frequent species in the both seasons. Significant differences in the total abundance of species between the dry and wet seasons were detected. Indirect evidence suggests that seasonal variation in abundance may be result of the increment of recruits individuals from intertidal and subtidal zones surrounding. Environmental factors such as depth, temperature, salinity, macroalgae, zoanthids and marine terrigenous clastics aggregates (sand and gravel) affected the community structure of fishes, resulting in spatial variability in the tidepools analyzed. Thus, the seasonal relations and spatial patters observed may be explained according to their reproductive cycles and habitat requirements, respectively.

Keywords: fish communities, tidepools, seasonality, species similarity, environmental factors.

RESUMO

Foram determinadas a composição, estrutura e os padrões sazonais de distribuição dos peixes de poças de maré no nordeste do Brasil. Cem poças de maré foram pesquisadas de dezembro de 2010 a agosto de 2012. Um total de 3586 espécimes pertencentes a 52 espécies e 24 famílias foram capturados, com a dominância de espécies residentes, crípticas e predadoras de invertebrados móveis. As espécies mais abundantes foram *Bathygobius soporator*, *B. geminatus* e *Stegastes fuscus*, representando 14.95%, 13.11% e 10.54 % de todos os peixes capturados, respectivamente. Diferenças significativas em relação à composição da ictiofauna entre os locais de coleta não foram observadas. Na estação seca, 2031 espécimes de 49 espécies e 23 famílias foram amostradas e, na estação chuvosa, 1555 espécimes de 56 espécies e 22 famílias foram amostradas nas poças de maré. Destes, *B. geminatus* e *B. soporator* foram as espécies mais abundantes e frequentes em ambas as estações. Foram detectadas diferenças significativas na abundância total das espécies entre as estações seca e chuvosa. Evidências indiretas sugerem que a variação sazonal na abundância pode ser resultado do incremento de indivíduos recrutas de zonas entremarés e sublitoral circundantes. Fatores ambientais, tais como a profundidade, temperatura, salinidade, macroalgas, zoantídeos e granulados litoclásticos (areia e cascalho) afetaram a estrutura da comunidade dos peixes, resultando em variabilidade espacial nas poças de maré analisadas. Assim, as relações sazonais e padrões espaciais dos peixes de poças de maré estudados podem ser explicados de acordo com ciclos reprodutivos e as exigências de habitat das espécies, respectivamente.

Palavras-chave: comunidades de peixes, poças de maré, sazonalidade, similaridade de espécies, fatores ambientais.

I. INTRODUÇÃO

Entre as regiões marinhas, a região entremarés apresenta a maior variação dos fatores bióticos e abióticos, tais como maré, temperatura, ação de ondas, oxigênio dissolvido, alcalinidade, pH, salinidade, complexidade topográfica e a cobertura bêntica, em consequência da alternância de submersão e exposição ao ar (HORN *et al.*, 1999).

As características do habitat na região entremarés são bons preditores da abundância de peixes (BENNETT & GRIFFITHS, 1984; MAHON & MAHON, 1994; WILLIS & ROBERTS, 1996; GRIFFITHS, 2003; ALMADA & FARIA, 2004). Inicialmente, as flutuações dos fatores ambientais incidentes na região entremarés conduziam ao entendimento de que suas populações sofriam fortes perturbações estocásticas, tornando-as intrinsecamente instáveis. Entretanto, os poucos estudos que investigaram os padrões espaço-temporais em populações da região entremarés revelaram um nível considerável de estabilidade e resiliência quando sujeitos a perturbações experimentais (THOMSON & LEHNER, 1976; LARSON, 1980; GROSSMAN, 1982).

Cada poça de maré é considerada única quanto às suas características ambientais (METAXAS & SCHEIBLING, 1993). Nesse sentido, a estabilidade e a resiliência das comunidades de peixes de poças de marés são notáveis quando comparadas com a dinâmica dos peixes recifais, onde processos estocásticos são frequentes e importantes, e podem causar variações significativas na composição da comunidade, pelo menos em uma escala local (SALE, 1975; 1978; 1979; DOHERTY, 1983).

Deve-se destacar, porém, que a literatura existente relacionada aos mecanismos reguladores dos padrões de distribuição e estruturação da comunidade íctica, tais como variáveis ambientais, na sua maioria, tem como foco os ambientes da região entremarés

em áreas temperadas (STEPHENSON & STEPHENSON, 1950; 1952; 1954 a, b; UNDERWOOD, 1980; 1981; MOORE & SEED, 1986; JANKE, 1990; METAXAS & SCHEIBLING, 1993; HORN *et al.*, 1999), onde as características ambientais flutuam verticalmente, horizontalmente, diurnamente e sazonalmente. A título de exemplo, a temperatura pode variar diariamente em até 15°C, dependendo da profundidade, volume, exposição às ondas e grau de sombreamento das poças (BROOKER & KLUGH, 1924; STEPHENSON *et al.* 1934; PYEFINCH, 1943; DANIEL & BOYDEN, 1975; GOSS-CUSTARD *et al.*, 1979; MORRIS & TAYLOR, 1983; HUGGETT & GRIFFITHS, 1986; METAXAS & SCHEIBLING, 1993), podendo resultar em uma estratificação térmica na coluna de água (MCGREGOR, 1965). A salinidade, por sua vez, varia entre 5 e 25 unidades, dependendo da temperatura, profundidade e da proximidade com ambientes estuarinos (PYEFINCH, 1943; GREEN, 1971; MORRIS & TAYLOR, 1983; METAXAS & SCHEIBLING, 1993).

Em regiões temperadas, os padrões sazonais da abundância de peixes de poças de maré têm sido documentados (WILLIS & ROBERTS, 1996; GRIFFITHS, 2003) e atribuídos aos padrões de recrutamento de jovens (ARAKAKI & TOKESHI, 2006) ou a mudanças no ambiente (WILLIS & ROBERTS, 1996). Com relação às regiões tropicais, trabalhos relacionando características ambientais à distribuição, abundância e diversidade de peixes de poças de marés são ainda incipientes, quando comparados aos estudos realizados em regiões temperadas. Exemplos incluem CASTELLANOS-GALINDO *et al.* (2005), cujo trabalho realizado na costa rochosa oeste da Colômbia, mostrou pequenas variações das características ambientais e ausência de padrões sazonais na abundância de peixes de poças de maré, embora a proporção de indivíduos adultos e jovens tenha variado ao longo do ano. ANGEL & OJEDA (2001), analisaram a estrutura e organização trófica das assembléias de peixes subtidais na costa do Chile,

GRATWICKE & SPEIGHT (2005), relacionaram a abundância e riqueza de espécies de peixes à complexidade do habitat em ambientes rasos no Caribe. MEAGER *et al.* (2005), avaliaram os fatores que afetam a distribuição, a abundância e a diversidade de peixes em poças de maré na Austrália. CASTELLANOS-GALINDO *et al.* (2006), compilaram informações sobre as espécies de peixes marinhos e estuarinos no Valle del Cauca, Pacífico colombiano. GODINHO (2007) analisou a influência de farotes ambientais na ictiofauna de poças de maré no Ceará. MACIEIRA (2008) determinou a estrutura da comunidade e analisou a distribuição espacial dos peixes de poças de maré no Espírito Santo, e VALENTIM (2008) analisou a estrutura da assembléia de peixes de poças de maré no Arquipélago de Fernando de Noronha.

Um ponto de consenso entre os estudos realizados no Brasil é a importância das poças de maré como áreas de berçário, tendo este aspecto implicações importantes para a pesca e a conservação. Não obstante, poucos são os estudos que caracterizam a estrutura da comunidade a partir de categorias ecológicas, ou que investigam os padrões temporais da comunidade dos peixes de poças de maré; além disso, inexitem estudos com enfoque comparativo entre diferentes pontos da costa.

Os recentes esforços objetivando a conservação dos ecossistemas marinhos têm destacado a necessidade de mais informações quantitativas sobre os padrões de distribuição das espécies na zona litorânea. Uma das aplicações mais importantes desta linha de pesquisa é a geração de conhecimento necessário para alcançar a conservação adequada e representativa da biodiversidade (BLANCHETTE *et al.*, 2008), bem como a gestão das zonas costeiras no contexto o uso humano o potencial impacto das mudanças climáticas. Bem como apontado por vários autores, os ecossistemas marinhos costeiros, juntamente com bens e serviços que prestam, estão ameaçados pelas mudanças climáticas globais e atividades antropogênicas (HAYS *et al.*, 2005; HARLEY *et al.*,

2006; HELMUTH *et al*, 2006, HELMUTH *et al*, 2006b; PARMESAN, 2006; HARVEY, 2007). As comunidades da região entremarés, por serem expostas a uma vasta gama de condições ambientais, tanto marinha quanto terrestre, são particularmente sensíveis aos efeitos potenciais das alterações climáticas (HARLEY *et al*, 2006; HELMUTH *et al*, 2006b).

O presente capítulo consiste em acessar comparativamente a porção da costa nordestina que compreende os Estados da Paraíba, Pernambuco e Rio Grande do Norte, com base nas seguintes perguntas: os fatores ambientais bióticos e abióticos variam de maneira significativa temporalmente? As variáveis ambientais bióticas e abióticas são determinantes para a estruturação da comunidade íctica? As similaridades observadas na composição da ictiofauna de recifes rasos e intermediários nos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco por estudos pretéritos (FERREIRA *et al.*, 1995; ROCHA *et al.*, 1998; FEITOZA, 2001; GARCIA JR., 2006; CORDEIRO, 2009; HONÓRIO *et al.*, 2010) se refletem nos ambientes de poças de maré ou existe uma ocupação geográfica diferenciada? Há variações sazonais na composição e a estrutura da ictiofauna de poças de maré?

II. OBJETIVOS

II.1 Objetivo Geral

Descrever e comparar a composição, a estrutura e os padrões de distribuição sazonal da ictiofauna de poças de maré em cinco localidades do Nordeste Brasileiro, a partir de método não destrutivo.

II.2 Objetivos Específicos

- 1) Descrever as características bióticas e abióticas (comprimento máximo, área, altura horizontal, profundidade máxima, volume, temperatura, salinidade, oxigênio dissolvido, pH, rugosidade do substrato e cobertura bêntica) das poças de maré estudadas;
- 2) Verificar a existência de padrões sazonais dos descritores ambientais para cada localidade estudada;
- 3) Comparar a composição e a estrutura da ictiofauna nas áreas estudadas;
- 4) Verificar a existência de padrões sazonais quanti-qualitativos nas comunidades de peixes das poças de maré examinadas;
- 5) Testar a influência das variáveis ambientais bióticas e abióticas na distribuição espacial dos peixes.

III. MATERIAIS E MÉTODOS

III.1 Delineamento Amostral

As localidades amostradas foram subdivididas em porções (norte, centro e sul) de mesmas dimensões (área). Esta subdivisão corresponde apenas a limites exatos, em termos métricos, e não em relação aos aspectos ambientais. Antes de cada expedição, foi sorteada a porção a ser amostrada por dia de expedição. A escolha das poças amostradas respeitou as seguintes condições: ausência de conexão com o mar durante o período de maré baixa e ausência de conexão com outras poças de maré.

As coletas de dados foram realizadas em expedições diurnas, em regime de maré baixa, cujo nível variou de 0.0 a 0.5 m nos dias de amostragem, no mês de dezembro entre os anos de 2010 a 2011 e nos meses de janeiro, fevereiro, junho, julho, agosto entre os anos de 2011 e 2012 (Licença SISBIO 31189-1 e 31189-2).

III.2 Procedimentos de Campo

III.2.1 Variáveis Físico-Químicas e Caracterização da Cobertura Bêntica

Em todas as poças de maré amostradas foi estimada a cobertura bêntica e tomados os valores de comprimento máximo, largura máxima, área, altura horizontal, profundidade máxima, volume, temperatura, salinidade, pH, oxigênio dissolvido, rugosidade do substrato.

A área ($A = C \times L$), altura horizontal (Ah: distância mais próxima entre a poça de maré e o mar) e a profundidade máxima (P) foram medidos com uso de uma trena de 30 m graduada em centímetros. O volume foi calculado através da fórmula $V = A \times 0.5P$.

Para as aferições das variáveis temperatura, salinidade, pH e oxigênio dissolvido, foi utilizado um medidor multiparâmetros portátil da Hanna Instruments, modelo HI 9828, específico para análise ambiental.

A complexidade topográfica do substrato (rugosidade) nas poças de maré foi avaliada utilizando o método de Avaliação do Habitat por Pontuação (Habitat Assessment Score - HAS) proposto por GRATWICKE & SPEIGHT (2005), no qual a topografia do substrato é estimada visualmente, sendo atribuída uma pontuação por categoria (Figura 1).

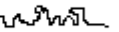
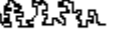
Avaliação da Rugosidade do Habitat				
1	2	3	4	5
				

Figura 1. Ilustração do método de avaliação da rugosidade do habitat por pontuação (modificado de GRATWICKE & SPEIGHT, 2005).

A estimativa da cobertura bêntica nas poças de maré foi avaliada utilizando-se fotoquadrados, método que consiste em posicionar um quadrado no substrato da poça de maré e fotografar a área delimitada pelo mesmo. O quadrado utilizado no presente trabalho foi confeccionado com canos de PVC comum, medindo 15 cm x 15cm.

As fotos digitais foram analisadas com o software *Coral Point Count with Excel extensions* (CPCe) (KÖHLER & GILL, 2006). Neste programa, uma matriz de pontos é projetada aleatoriamente sobre o fotoquadrados e cada espécie ou substrato-tipo indicado por um ponto é identificado (Figura 2). O CPCe calcula a porcentagem de cada componente do substrato, gerando planilhas em formato Microsoft Excel. Os componentes do substrato foram identificados até o menor nível taxonômico possível seguindo literatura especializada (AMARAL *et al.*, 2007; ARAÚJO *et al.*, 2008), através do Guia dos Corais e Hidrocorais do Brasil (<http://www.cpgg.ufba.br/guia->

corais/) ou com a ajuda de especialistas, e foram agrupados nas categorias descritas na Tabela I. Consideramos Turf um complexo ecológico formado por várias espécies de algas filamentosas e microalgas, as quais formam tapetes densos comumente observados na região entremarés e infralitoral (STEPHENSON & STEPHENSON, 1972; STENECK & DETHIER, 1994).

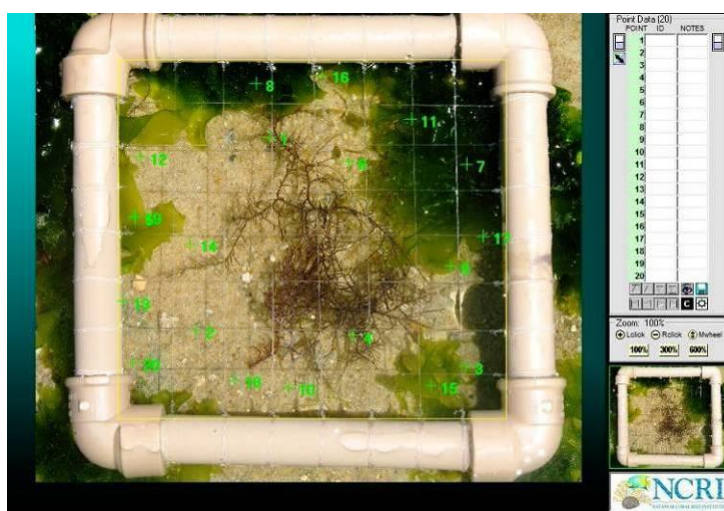


Figura 2. Matriz de pontos projetada aleatoriamente sobre o fotoquadrado através do software CPCe.

Tabela I. Categorias utilizadas na metodologia de estimativa de cobertura bêntica em poças de maré amostradas no Rio Grande do Norte, Pernambuco e Paraíba.

Categorias	Sigla	
Coral Pétreo	CP	<i>Siderastrea stellata</i>
Zoantídeo	ZT	<i>Palythoa caribaeorum</i> <i>Zoanthus sociatus</i>
Alga Calcária Articulada	ACA	<i>Halimeda</i> sp. <i>Padina pavonica</i>
Alga Calcária Não Articulada	ACN	<i>Hydrolithon</i> sp. <i>Lithothamnion</i> sp.
Macroalga Vermelha	MV	<i>Cryptonemia crenulata</i> <i>Chondrophycus papillosus</i> <i>Gelidiella acerosa</i> <i>Gelidium</i> spp. <i>Gracilaria</i> spp. <i>Laurencia clavata</i>
Macroalga Verde	MD	<i>Enteromorpha flexuosa</i> <i>Ulva lactuca</i> <i>Ulva fasciata</i>

Tabela I (Continuação)

Macroalga Parda	MP	<i>Dictyopteris</i> sp. <i>Spatoglossum</i> sp.
Turf	TF	-
Outros Invertebrados	OI	<i>Brachidontes</i> sp. (Molusco) <i>Chthamallus</i> sp. (Craca) <i>Echinometra luncunter</i> (Ouriço)
Granulado Litoclástico	GL	Areia Cascalho
Rocha Nua	RN	-

III.2.2 Ictiofauna

Para a amostragem da ictiofauna, utilizou-se o óleo de cravo como anestésico, com concentração de 20 mg/l, seguindo recomendações para uma amostragem eficiente e com baixa mortalidade (CUNHA & ROSA, 2006). O óleo de cravo foi diluído em etanol 50% na proporção 1:5 antes da aplicação na poça. Após o cálculo do volume da poça, a quantidade necessária da solução de óleo de cravo foi distribuída ao longo da poça de maneira uniforme e, em seguida, a água foi agitada por alguns segundos para acelerar o processo de indução.

Testes preliminares realizados com concentração de 30 mg/l para avaliar possíveis características espécie-específicas (CUNHA & ROSA, 2006) resultaram na mortalidade de espécimes de *Abudefduf saxatilis* e *Scartella cristata*. Por esta razão, tal concentração não foi utilizada.

Seguindo KEENE *et al.* (1998), foi considerado anestesiado o primeiro espécime a atingir o estágio 3 de anestesia, caracterizado pela perda parcial do tônus muscular, aumento da taxa opercular, natação errática e reação apenas a fortes estímulos táteis e vibracionais.

Logo que anestesiados, os peixes foram capturados com uso de puçás e, na sequência, transferidos para um recipiente plástico com aproximadamente 5 litros de água marinha, sob aeração constante através de bomba de ar portátil. Foi realizada a identificação visual ao nível específico e, sempre que possível, medido o comprimento total, utilizando-se régua graduada em milímetros.

Os indivíduos foram então transferidos para um recipiente com aproximadamente dez litros de água marinha e aeração constante, aonde permaneceram até a recuperação, que foi estabelecida como o momento em que normalizaram a natação. Logo que recuperados, foram liberados em poças próximas àquelas onde foram coletados. No caso de óbito, os espécimes foram etiquetados, fixados em formalina 10% e, posteriormente, conservados em álcool 75%; ao final do período de coleta de dados, foram depositados na Coleção Ictiológica da Universidade Federal da Paraíba.

A identificação dos espécimes seguiu literatura especializada (RANDALL, 1996; MOURA *et al.*, 2001; HUMANN & DELOACH, 2002; SAZIMA *et al.*, 2002; FROESE & PAULY, 2011). Os indivíduos que não foram identificados visualmente em campo, foram fotografados para identificação com base na literatura especializada ou através da ajuda de especialistas. Nos casos em que a determinação da espécie não foi confirmada, a identificação se fez através do perfil genético, por meio de mtDNA. A identificação taxonômica para cada sequência obtida foi confirmada no site da NCBI (National Center for Biotechnology Information).

III.3 Categorias Ecológicas

A classificação ecológica das espécies de peixes observadas nas poças de maré amostradas seguiu GIBSON & YOSHIYAMA (1999) em relação ao tempo de residência nas poças. Em relação ao grupo trófico, RANDALL (1967), FROESE &

PAULY (2013), FLOETER *et al.* (2004) e observações diretas do comportamento alimentar, e CUNHA (2005) em relação ao hábito (Tabela II).

Tabela II. A classificação ecológica das espécies de peixes poças de maré em relação ao tempo de permanência nas poças, ao hábito e grupo trófico.

	Categorias Ecológicas	Sigla	Descrição
Residência	Residente	RES	Espécies que ocupam a região entremarés durante todo o ciclo de vida.
	Secundária	SEC	Espécies que ocupam a região entremarés durante algum estágio do ciclo de vida, mais comumente nas fases iniciais.
	Ocasional	OCA	Espécies que transitam pela região entremarés por motivos variados, e acabam presas nas poças de maré durante a baixa-mar.
Hábito	Críptica	CRI	Espécies que apresentam como comportamento secreto, coloração críptica e/ou pequeno porte.
	Sedentária	SED	Espécies que ocupam uma área relativamente pequena, deslocando-se pouco.
	Vagante	VAG	Espécies de natação constante, que se deslocam por grandes áreas.
Grupo Trófico	Herbívoros		
	Herbívoros Territoriais	HT	Espécies territoriais que se alimentam de Algas.
	Herbívoros Móveis	HM	Espécies não territoriais que se alimentam de Algas.
	Carnívoros		
	Carnívoros Generalistas	C	Espécies que se alimentam de peixes, invertebrados diversos e Zooplâncton.
	Predadores de Invertebrados Móveis	PM	Espécies que se alimentam de invertebrados bentônicos móveis.
	Predadores de Invertebrados Sésseis	PS	Espécies que se alimentam de invertebrados bentônicos sésseis.
	Piscívoros	P	Espécies que se alimentam peixes.
	Outros		
	Detritívoros	D	Espécies que se alimentam de restos orgânicos.
	Onívoros	O	Espécies que se alimentam de organismos diversos (animais, algas e/ou detritos).
	Limpador	LIM	Espécies que realizam simbiose de limpeza, removendo espécies parasitas do corpo de outros peixes.
	Planctívoros	PL	Espécies que se alimentam de plâncton.

III. 4 Análises Estatísticas

III.4.1 Normalidade e Homocedasticidade

Variáveis Físico-Químicas e Caracterização da Cobertura Bêntica

A normalidade dos dados amostrados foi verificada pelo Teste de Kolmogorov-Smirnov, e a homocedasticidade pelo teste de Levene (com nível de significância de 95%). Nas situações em que os dados não apresentaram distribuição normal, os mesmos foram transformados pelo procedimento de BOX-COX (OSBORNE, 2010), através dos algoritmos mostrados na Tabela III. Testes de normalidade, homocedasticidade e transformação de dados foram realizados no Statistica 8.0 (STATSOFT, 2007).

Tabela III. Algoritmos utilizados na transformação dos dados pelo procedimento de BOX-COX.

Variável	Transformação de Box-Cox
CP	$CP' = (CP^{-4.296924}) - 1/(-4.296924)$
ZT	$ZT' = (ZT^{-3.942482}) - 1/(-3.942482)$
ACA	$ACA' = (ACA^{-2.612862}) - 1/(-2.612862)$
ACN	$ACN' = (ACN^{-4.999997}) - 1/(-4.999997)$
MV	$MV' = (MV^{0.188135}) - 1/(0.188135)$
MD	$MD' = (MD^{-2.260339}) - 1/(-2.260339)$
MP	$MP' = (MP^{-4.292189}) - 1/(-4.292189)$
TF	$TF' = (TF^{-0.085874}) - 1/(-0.085874)$
OI	$OI' = (OI^{-4.999997}) - 1/(-4.999997)$
RN	$RN' = (RN^{-4.999997}) - 1/(-4.999997)$
GL	$GL' = (GL^{-0.085874}) - 1/(-0.085874)$

Ictiofauna

A normalidade dos dados relativos à ictiofauna foi verificada pelo Teste W de Shapiro Wilk's e a homocedasticidade pelo teste de Levene (com nível de significância de 95%). Os dados não apresentaram distribuição normal e sofreram transformação

logarítmica [$\log(x+1)$]; o tipo de transformação foi escolhido com base na assimetria positiva na distribuição de frequência e à heterocedasticidade (variâncias diferentes entre amostras de uma mesma população).

III.4.2 Abundância Relativa, Frequência de Ocorrência, Classes de tamanho e Suficiência Amostral

Os padrões da comunidade de peixes foram descritos a partir de:

- *abundância* (A) de cada espécie, calculada com base no total de indivíduos observados em cada poça;
- *abundância relativa* (AR), que representa a participação porcentual do número de indivíduos da espécie em relação ao total de indivíduos observados em cada poça;
- *frequência de ocorrência* (FO), que corresponde à relação entre o número de poças nas quais cada espécie foi encontrada e o total de poças amostradas (multiplicada por 100);

Os indivíduos medidos nas poças de maré foram agrupados em seis classes de tamanho, seguindo VALENTIM (2008): < 2.0 cm; 2.0 – 3.9 cm; 4.0 – 5.9 cm; 6.0 – 7.9 cm; 8.0 – 9.9 cm; e > 9.9 cm. A averiguação de diferenças significativas entre as classes de tamanho foi realizada com base na Análise de Variância de um fator (One-Way ANOVA) (ZAR, 1999) com correção de Bonferroni (nível de significância de 0.05), e Teste *t* de Student realizado *a posteriori*. Para comparar cada classe de tamanho com relação à sazonalidade, foi realizado Teste *t* de Student. Os testes e gráficos foram realizados utilizando o software Statistica v. 8.0 (STATSOFT, 2007).

A suficiência amostral foi verificada por meio de Curvas de Acumulação de Espécies. Estas curvas consistem em um excelente procedimento para avaliar o quanto o número de espécies observadas se aproxima do número real das espécies supostamente presentes naquele ambiente (CULLEN JR *et al.*, 2006). As unidades amostrais e o número cumulativo de espécies amostradas, baseada em 500 sucessões randomizadas foram plotadas em um gráfico que evidenciou a quantidade de esforço amostral empregado.

Fundamentado no comportamento desta curva, pôde-se predizer, a partir de estimadores de riqueza, o número de espécies ainda não observadas na área (CHAZDON *et al.*, 1998). No presente trabalho, foi utilizado o estimador de riqueza Jackknife 1, que estima a riqueza total somando a riqueza observada (o número de espécies coletado) a um parâmetro calculado a partir do número de espécies raras e do número de amostras. Assim, o Jackknife 1 apresenta um limite superior para o número de espécies estimado (CULLEN JR *et al.*, 2006). Os dados de suficiência amostral e do estimador de riqueza foram obtidos através do software *EstimateS* v.8.2.

III.4.3 Diversidade, Riqueza e Equitabilidade

Foi calculado o índice de diversidade total de Shannon-Wiener $\{H'\}$: $H' = -\sum_{i=1}^S [(n_i/n) \ln(n_i/n)]$, em que n_i é o número de indivíduos pertencentes à i -ésima espécie de S espécies, e n é o número total de indivíduos na amostra. A Riqueza de espécies: $R = S - 1/\ln(n)$, em que S representa o número total de espécies registradas e n , o número total de indivíduos; Equitabilidade (PIELOU, 1977): $J = H'/\ln(S)$, H' representando a diversidade e S , o número total de espécies registradas.

III.4.4 Teste de Hipóteses

H0 1) *Os fatores bióticos e abióticos não apresentam variação significativa relacionada à sazonalidade (estação seca x chuvosa)*

A Análise de Variância de um fator (One-Way ANOVA) (ZAR, 1999) foi realizada para as variáveis abióticas temperatura, salinidade, pH e profundidade máxima, e para a variável biótica cobertura bêntica, em cada localidade estudada, com o objetivo de detectar diferenças significativas entre as estações seca e chuvosa. Nos casos em que a hipótese nula foi rejeitada, o Teste *t* de Student foi realizado *a posteriori*. O nível de significância utilizado foi de 95%; os testes foram realizados no Statistica v. 8.0 (STATSOFT, 2007) e os gráficos confeccionados no *GraphPad Prisma* 5.0 e no Statistica v. 8.0 (STATSOFT, 2007).

Para examinar os padrões de similaridade sazonal dos componentes da cobertura bêntica, foi construída uma matriz de similaridade usando o coeficiente de Bray-Curtis, adequado para expressar diferenças em estruturas de comunidade (CLARKE & WARWICK, 2001), e realizadas a ANOSIM (Análise de Similaridade) e a SIMPER (Porcentagem de Similaridade). Para visualizar as similaridades sazonais em cada uma das localidades, foram realizados escalonamentos multidimensionais não métricos (nMDS). As análises de nMDS seguiram um padrão de 25 repetições até o resultado final. Obteve-se um valor de Stress que não excedeu 0.2, visando à obtenção de uma ordenação dentro dos limites propostos (KRUSKAL, 1964). Os testes foram realizados no programa Primer-e v.5.0.

A ANOSIM permitiu testar, estatisticamente, se houve diferenças significativas entre dois ou mais grupos ou unidades de dados multivariados (CLARKE, 1993). No presente estudo, a ANOSIM foi realizada com um padrão de 999 permutações até o resultado final. Esta análise fornece um valor para interpretação das similaridades entre

os grupos, de maneira que: $R > 0.75$ sugere claras distinções entre os grupos; $0.75 > R > 0.5$ sugere diferenças significativas, mas com sobreposição entre grupos; e $R < 0.25$ indica que não há diferenças significativas entre os grupos. O número de permutações foi definido em função do tamanho amostral e da viabilidade computacional, visando determinar o nível de significância estatística (GOOD, 1997).

O SIMPER foi utilizado para avaliar e descrever porcentagens de similaridades e dissimilaridades sazonais em cada uma das áreas amostradas, através da quantificação da contribuição (individual e em conjunto) das espécies.

H0 2) A composição e estrutura das ictiofaunas não variam de maneira significativa, em riqueza e abundância, em relação à sazonalidade;

O teste *t* de Student foi utilizado para comparar sazonalmente (estação seca x chuvosa) a riqueza e a abundância em cada uma das áreas estudadas.

Para examinar os padrões de similaridade sazonais, foram realizadas a ANOSIM, SIMPER e o nMDS, descritos acima.

H0 3) As similaridades observadas na composição e estrutura da comunidade íctica de recifes rasos e intermediários nos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco não se refletem nos ambientes de poças de maré

Para esta hipótese, utilizou-se a ANOSIM para testar as diferenças na composição das espécies entre as localidades amostradas, e o SIMPER foi utilizado para descrever as porcentagens de similaridades através da contribuição individual e em conjunto das espécies, em cada localidade. Para examinar visual da segregação regional entre as comunidades, foi realizado o multidimensional não métrico (nMDS). Os testes, matrizes e gráficos foram realizados no Primer-e v.5.0.

H0 4) Os fatores bióticos e abióticos não são determinantes para a estruturação das comunidades ícticas

Para testar esta hipótese, foram realizadas Análises de Correlações Canônicas (ACC) foram utilizadas para avaliar relações entre as espécies de peixes observadas e os fatores bióticos e abióticos estudados, de forma a testar esta hipótese. A CCA é uma técnica de análise de gradiente direto baseada na Análise de Correspondência, em que os eixos interpretativos são obtidos dentro do algoritmo iterativo de ordenação usando um conjunto de variáveis ambientais.

A ACC tem sido usada principalmente em pesquisas ecológicas para estudar as relações espécies-ambientes, permitindo classificar espécies em termos de suas preferências quanto ao habitat, além de investigar questões específicas sobre a resposta de espécies às características ambientais. Nesses estudos, dois conjuntos de dados são analisados simultaneamente: o primeiro contém a ocorrência de diferentes espécies; e o segundo descreve as condições ambientais.

A vantagem da ACC sobre outros métodos de análise multivariada é admitir um teste de significância das variáveis ambientais na determinação dos padrões ambientais, através do teste de Monte Carlo (TER BRAAK, 1986), testando os eixos associados com as variáveis usando os autovalores como teste estatístico. O teste de Monte Carlo foi realizado com um padrão de 999 permutações, com nível de significância de $p = 0.05$. Os testes foram realizados no programa Canoco v.4.5.

IV. RESULTADOS

IV.1 Variáveis Físico-Químicas e Caracterização da Cobertura Bêntica

Foram amostradas 100 poças de maré em Pirambúzios (RN), Búzios (RN), Barra de Mamanguape (PB), Cabo Branco (PB) e Paiva (PE), correspondendo a 20 poças por localidade.

A menor temperatura foi detectada nas poças de maré do Cabo Branco na estação chuvosa (25°C) e a maior nas poças de maré da Barra de Mamanguape e em Pirambúzios na estação seca (37°C). O menor valor de salinidade foi observado nas poças de maré do Cabo Branco na estação chuvosa (21.8) e o maior valor foi detectado nas poças de maré da Barra de Mamanguape na estação seca (40.0). O pH nas poças variou entre 6.9 e 8.3. A rugosidade mostrou-se pouco variável entre as localidades e, de acordo com a análise por pontuação, as poças de maré do Cabo Branco apresentaram rugosidade intermediária, enquanto nas demais localidades, foram observadas poças de maré desde pouco rugosas (pontuação 1) a poças com alta complexidade topográfica (pontuação 5). Valores referentes à média, mínimo e máximo das características físico-químicas amostradas nas poças de maré estão descritas na tabela IV.

Foram detectadas diferenças estatísticas significativas entre as estações seca e chuvosa para as variáveis temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido em todas as localidades amostradas (Tabela V) (Figuras 3 a 5), assim como na análise dos dados em conjunto (Tabela V) (Figura 6). Por outro lado, não foram detectadas variações significantes entre as médias das amostras da profundidade máxima, área, altura horizontal e do pH das poças amostradas.

Tabela IV. Média (Mín-Máx) das características das poças de maré amostradas na Praia do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios – RN, Pirambúzios – RN e Paiva, PE.

	Cabo Branco		B. Mamanguape		Búzios		Pirambúzios		Paiva	
	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa
Prof. Máx. (m)	0.25 (0.1 - 0.4)	0.2 (0.1 - 0.3)	0.25 (0.1 - 0.5)	0.30 (0.2 - 0.6)	0.24 (0.2 - 0.3)	0.21 (0.1 - 0.3)	0.24 (0.2 - 0.4)	0.22 (0.2 - 0.3)	0.28 (0.1 - 0.5)	0.35 (0.2 - 0.5)
Área (m²)	6.4 (2.1 - 19.2)	6.6 (4.3 - 20.2)	4.10 (1.6 - 16.5)	4.17 (2.2 - 17.2)	5.30 (3.8 - 14.2)	6.90 (2.3 - 16.0)	6.56 (4.7 - 14.0)	4.57 (2.4 - 14.2)	5.10 (2.6 - 13.2)	5.15 (2.0 - 9.2)
Tempo de Exposição (hs)*	3	3	4	4	3	3	3	3	3	3
Rugosidade	2 - 3	2 - 3	1 - 5	1 - 5	3 - 5	1 - 4	2 - 4	2 - 4	2 - 5	2 - 5
Alt. Horizontal (m)	15.10 (5.0 - 30.0)	10.14 (4.5 - 32.0)	4.69 (3.0 - 6.6)	4.91 (2.0 - 7.7)	9.57 (3.0 - 17.0)	10.12 (4.0 - 22.0)	18.66 (4.3 - 25.1)	19.57 (4.0 - 29.0)	20.0 (3.0 - 41.0)	22.50 (3.0 - 40.0)
Temperatura (°C)	32.46° (28.3° - 36.5°)	28.00° (25° - 32°)	34° (28° - 37°)	30° (26° - 34°)	32.43° (28.3° - 36.5°)	29.08 (27.4° - 32.7°)	33.00° (28.0° - 37.0°)	30.97 (27.2° - 34.3°)	32.00° (30.0° - 34.2°)	29.00 (26.2° - 32.0°)
Salinidade	36.19 (34.0 - 37.1)	30.36 (21.8 - 34.3)	37.14 (34.0 - 40.0)	33.56 (30.3 - 35.2)	35.09 (33.0 - 37.6)	31.08 (27.6 - 34.2)	37.00 (36.0 - 38.0)	31.60 (26.6 - 35.3)	35.07 (33.3 - 37.0)	33.00 (31.3 - 36.2)
pH	7.24 (7.1 - 7.4)	8.0 (7.1 - 8.5)	7.14 (7.0 - 7.3)	7.02 (6.9 - 7.3)	7.26 (7.1 - 7.4)	7.11 (7.3 - 8.0)	7.21 (6.9 - 7.4)	7.31 (7.1 - 8.3)	7.22 (7.1 - 7.4)	7.42 (7.4 - 8.0)
Ox. Dissolvido (mg/l)	5.37 (4.7 - 8.5)	8.98 (7.9 - 9.7)	5.20 (4.9 - 8.0)	9.1 (8.1 - 9.8)	5.03 (4.1 - 6.0)	8.78 (7.7 - 9.8)	4.50 (3.6 - 5.5)	8.90 (7.6 - 9.4)	6.20 (4.8 - 8.4)	8.78 (7.6 - 9.5)

* Tempo de exposição das poças de maré ao ar (em horas).

Tabela V. Valores da ANOVA (F), Teste *t* (t) e a significância dos testes (p) relativos à comparação sazonal das variáveis temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido amostradas nas poças de maré da Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Variável	Geral	B. Mamanguape	Cabo Branco	Búzios	Pirambúzios	Paiva
Temperatura (°C)	F = 1.29; t = 2.51; p = 0.02	F = 5.36; t = 4.59; p < 0.01	F = 7.89; t = 3.07; p < 0.01	F = 3.25; t = 2.68; p = 0.02	F = 3.86; t = 2.67; p < 0.01	F = 2.35; t = 2.28; p = 0.02
Salinidade	F = 4.62; t = 4.82; p < 0.01	F = 6.86; t = 5.92; p < 0.01	F = 20.31; t = 4.63; p < 0.01	F = 5.75; t = 2.96; p < 0.01	F = 14.76; t = 3.89; p < 0.01	F = 2.62; t = 3.28; p = 0.02
Oxigênio dissolvido (mg/l)	F = 3.21; t = 6.79; p < 0.01	F = 3.51; t = 4.22 p < 0.01	F = 3.01; t = 4.80 p < 0.01	F = 8.68; t = 6.30 p < 0.01	F = 17.12; t = 6.69 p < 0.01	F = 3.12; t = 4.79; p < 0.01

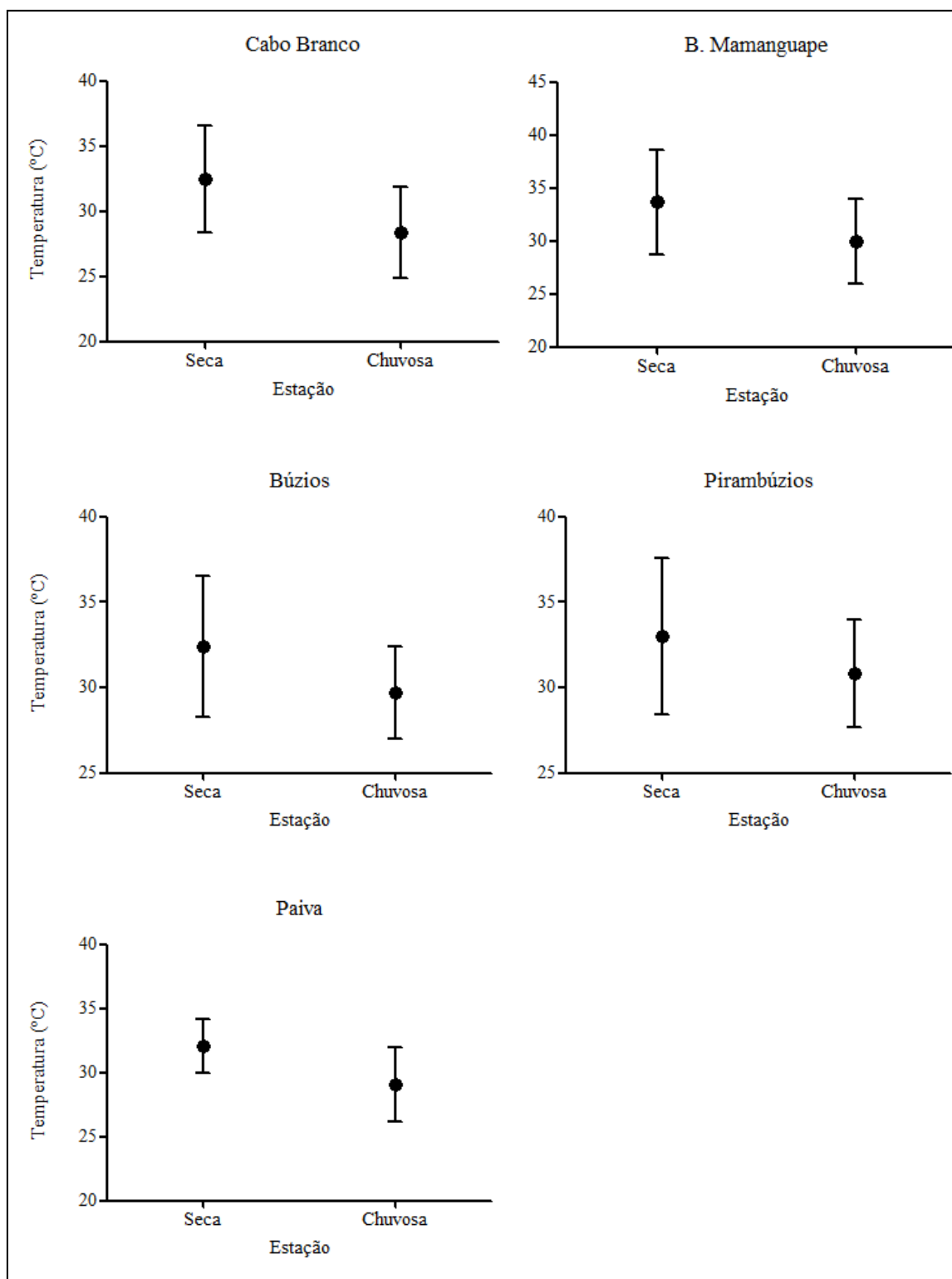


Figura 3. Média (Mín-Máx) da variável abiótica temperatura observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

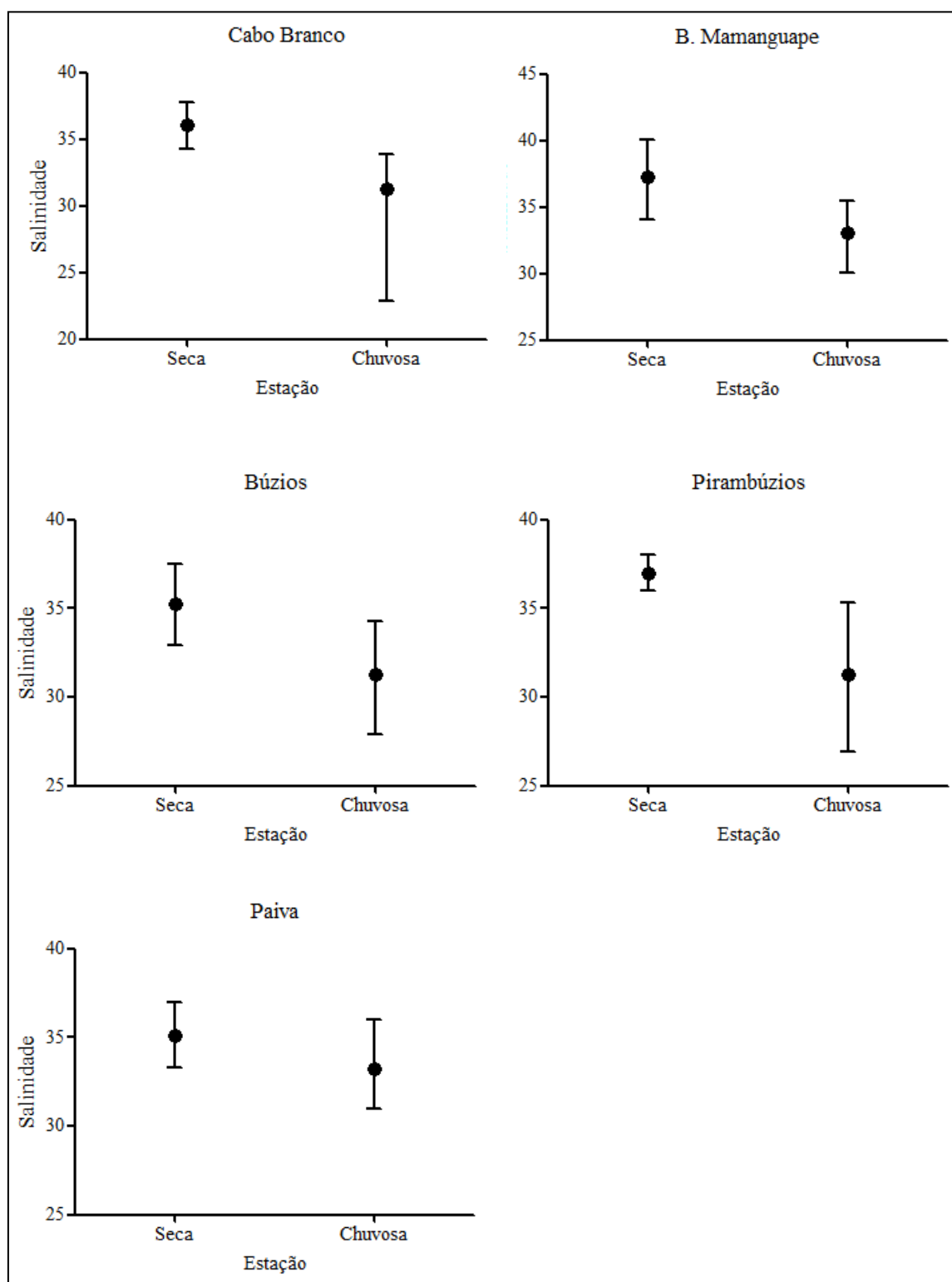


Figura 4. Média (Mín-Máx) da variável abiótica salinidade observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

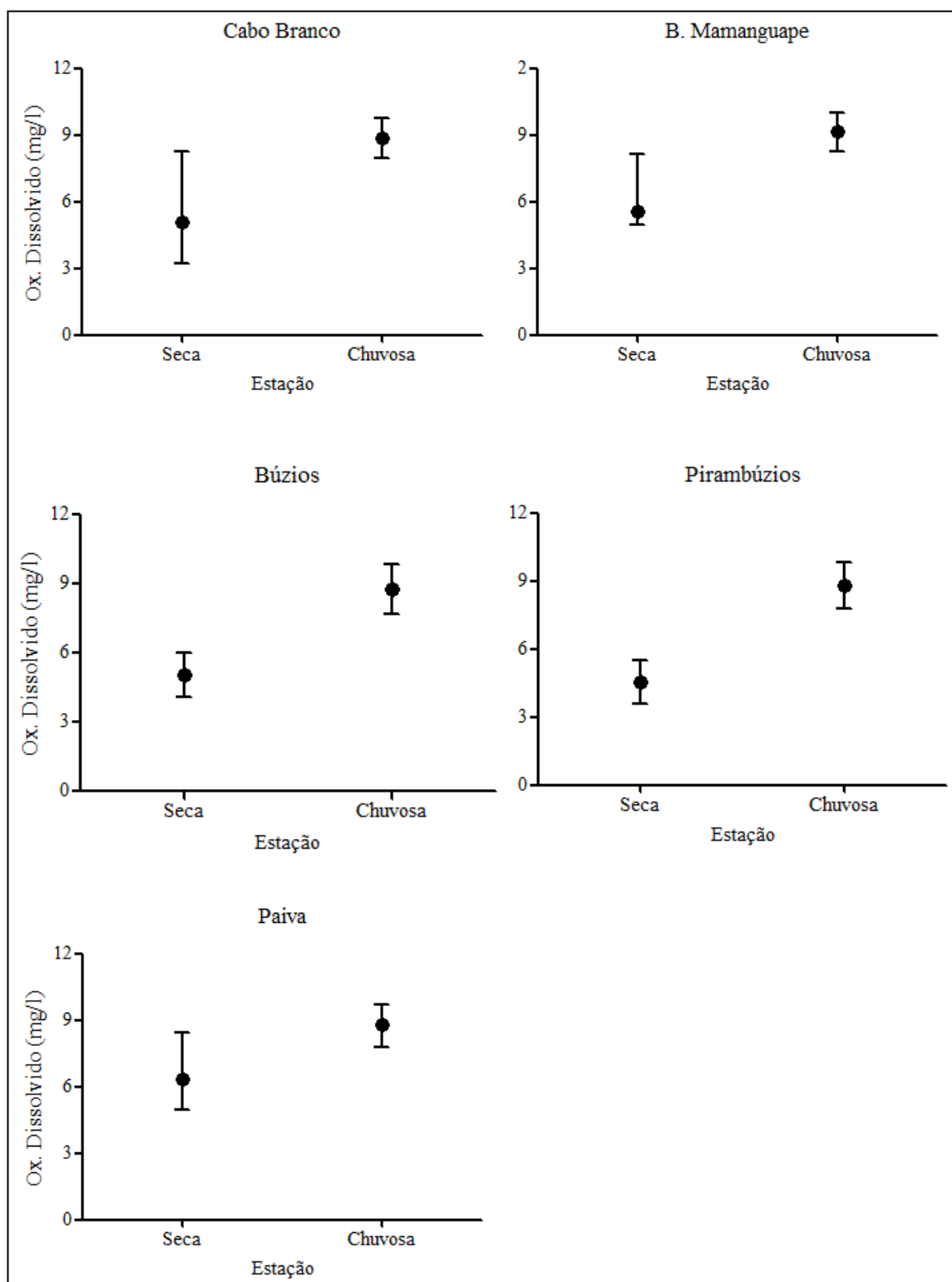


Figura 5. Média (Mín-Máx) da variável abiótica oxigênio dissolvido observada nas estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

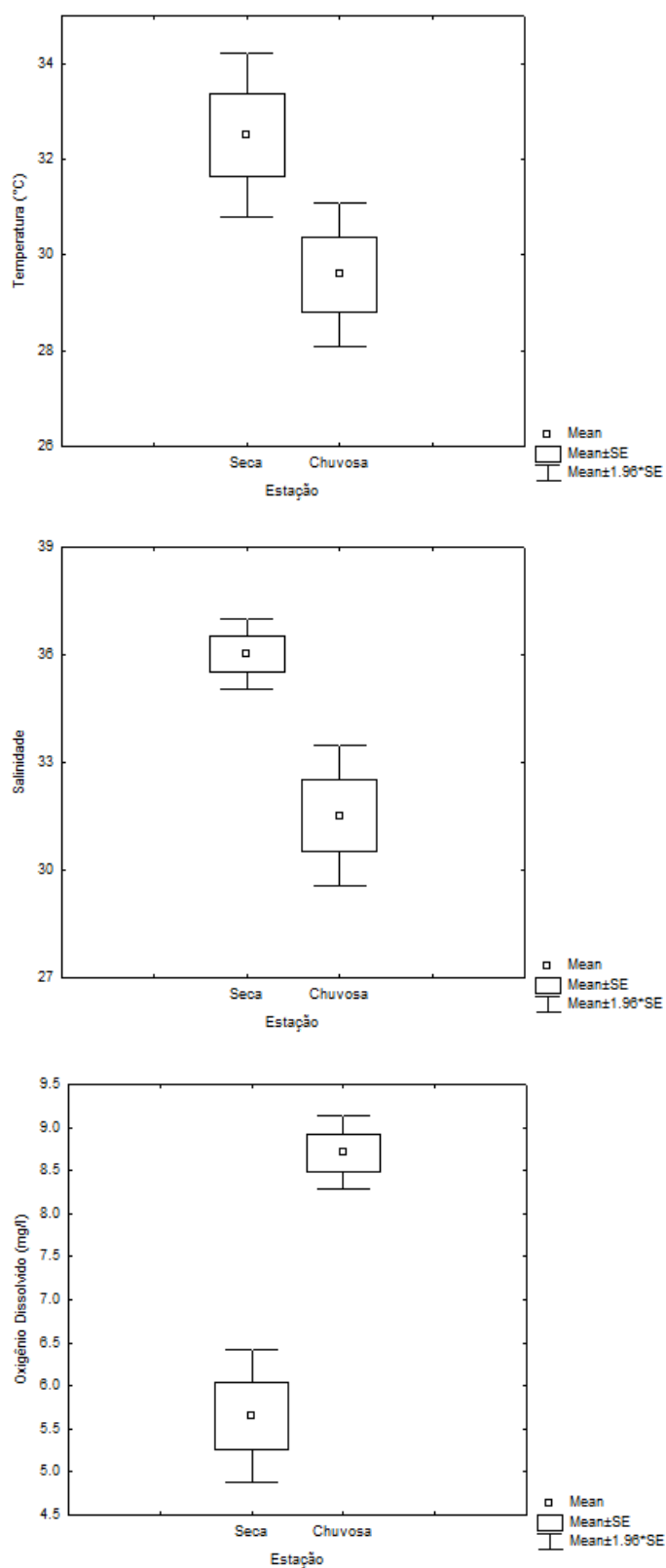


Figura 6. Médias ($\pm$ SE) das variáveis abióticas temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido observadas nas estações seca e chuvosa na análise conjunta dos dados das poças de maré amostradas Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Em todas as localidades amostradas, Macroalga Vermelha, Turf e Granulados Litoclásticos foram as categorias bênticas mais abundantes nas poças de maré. A categoria bêntica Coral Pétreo apresentou abundância relativa significativa nas poças de maré da Barra de Mamanguape (12.10%), enquanto a categoria Macroalga Verde em Pirambúzios (10.70%) (Tabela VI).

As poças de maré amostradas apresentaram pequenas flutuações sazonais relacionadas à cobertura bêntica (Figuras 7 a 12), embora não tenha sido detectada diferenças significativas pela ANOVA e ANOSIM nas análises dos dados em conjunto e por localidade. A maior similaridade entre as estações seca e chuvosa foi observada no Paiva (57.44%) e no Cabo Branco (55.04%) (Tabela VI). As categorias bênticas Granulados Litoclásticos (24.51% e 27.88%, estações seca e chuvosa, respectivamente), Macroalga Vermelha (20.8% e 33.86%, respectivamente) e Turf (22.07% e 15.66%) foram os principais componentes, responsáveis pelas similaridades entre as estações seca e chuvosa nas poças de maré amostradas. Na análise conjunta dos dados, a similaridade encontrada na composição da cobertura bêntica entre as estações seca e chuvosa foi de 65.06%, sendo Macroalga Vermelha o principal componente do substrato (22.14%) e determinou este resultado.

Na Barra de Mamanguape, a cobertura bêntica das poças de maré apresentou similaridade de 48.72% entre as estações seca e chuvosa. Nas poças desta localidade, as categorias Turf e Macroalga Vermelha foram dominantes em ambas as estações, seguidas das categorias Zoantídeo e Coral Pétreo. Juntas, foram responsáveis por 81.08% da similaridade observada entre as estações seca e chuvosa (Figura 9).

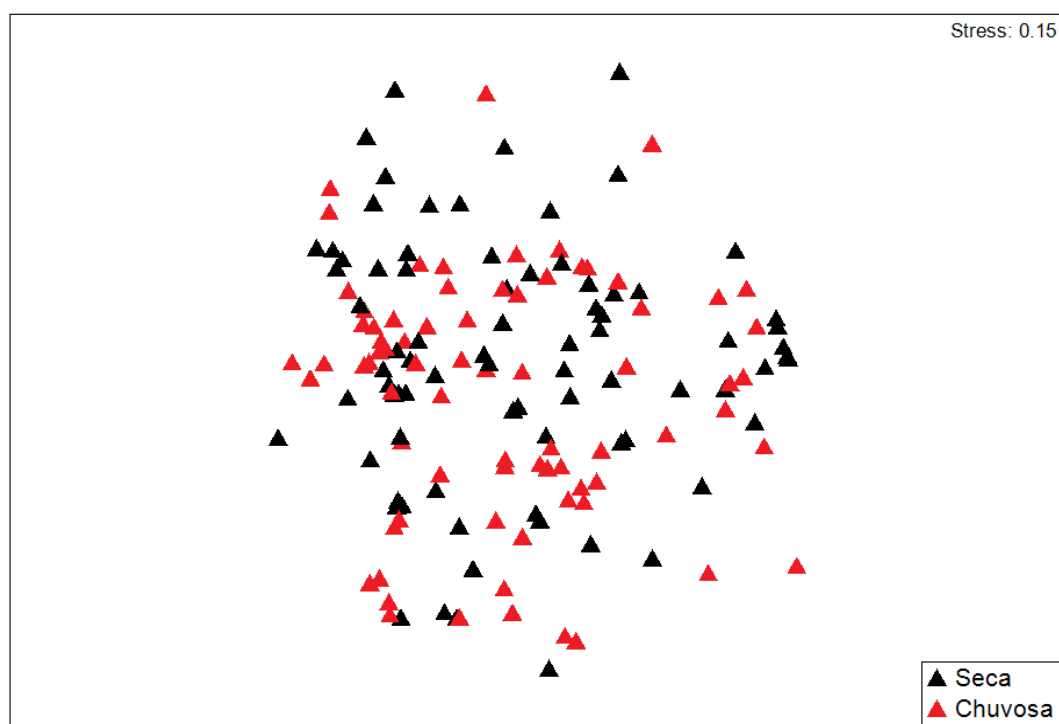
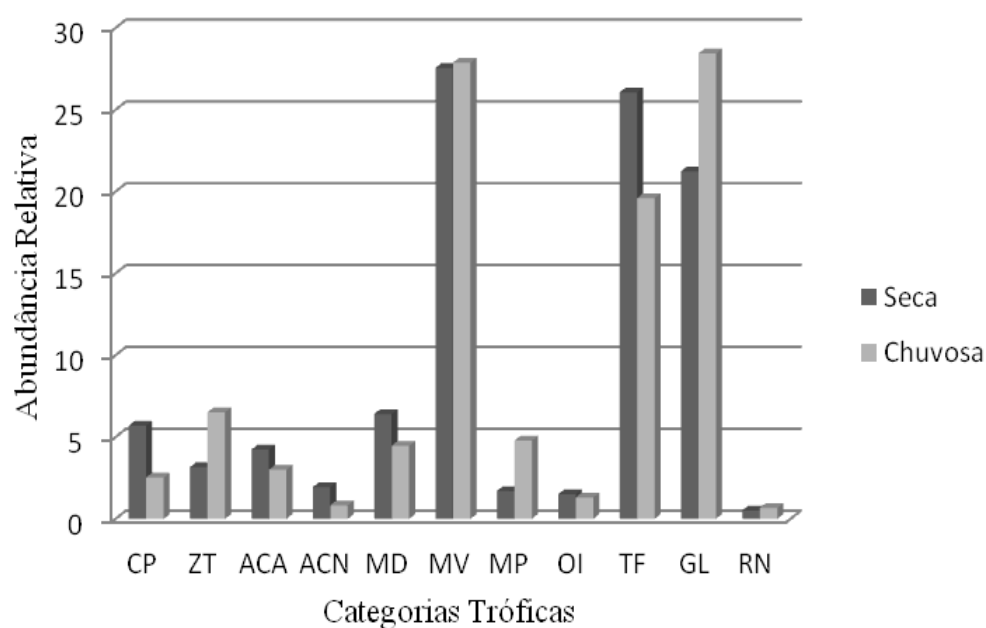


Figura 7. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bêmicas observadas nas estações seca e chuvosa na análise conjunta dos dados das poças de maré amostradas Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.

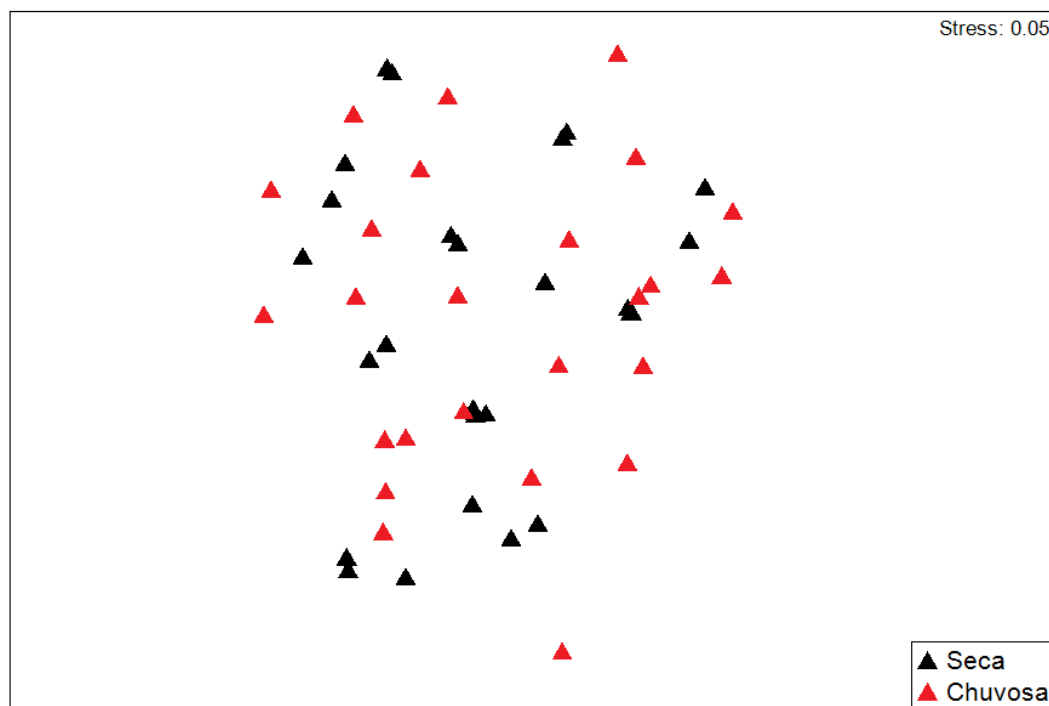
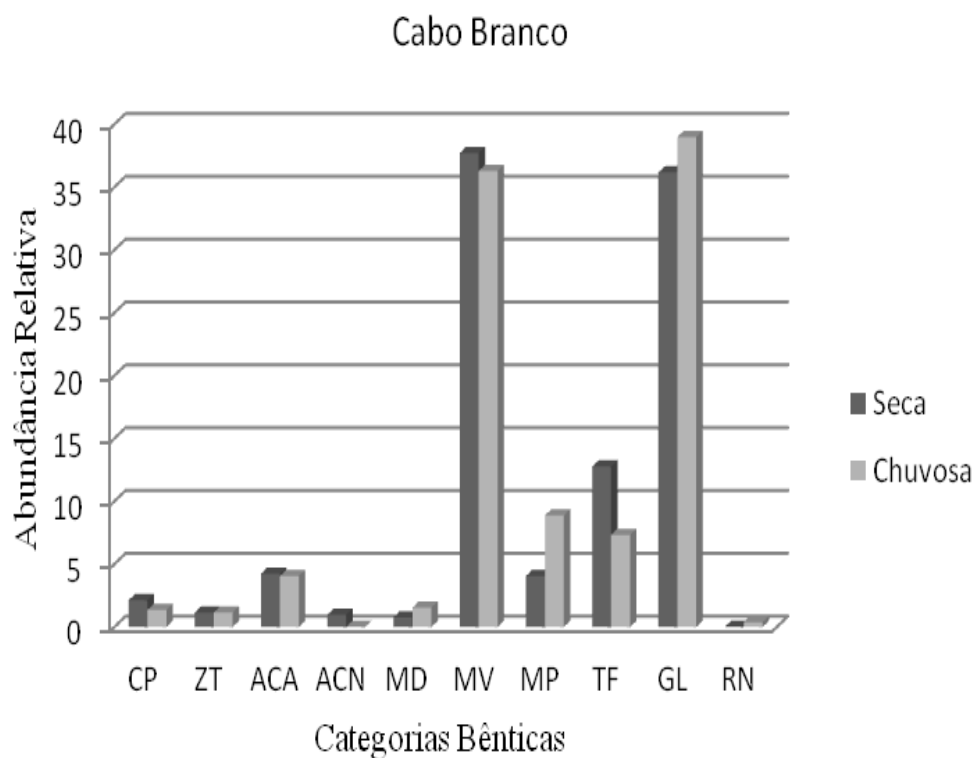


Figura 8. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré do Cabo Branco. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.

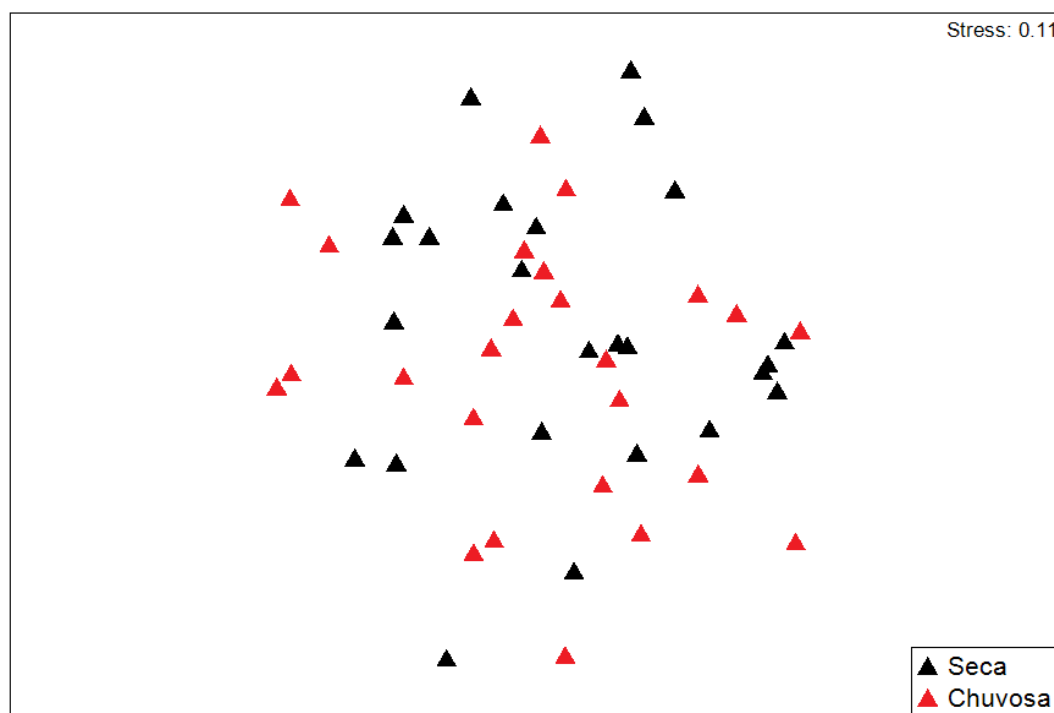
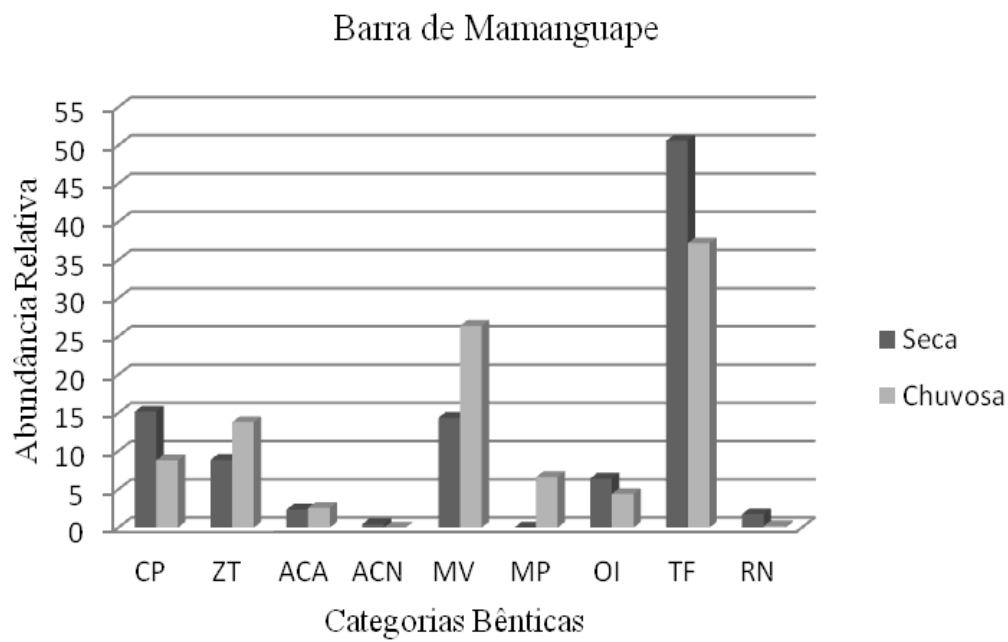


Figura 9. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré da Barra de Mamanguape. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.

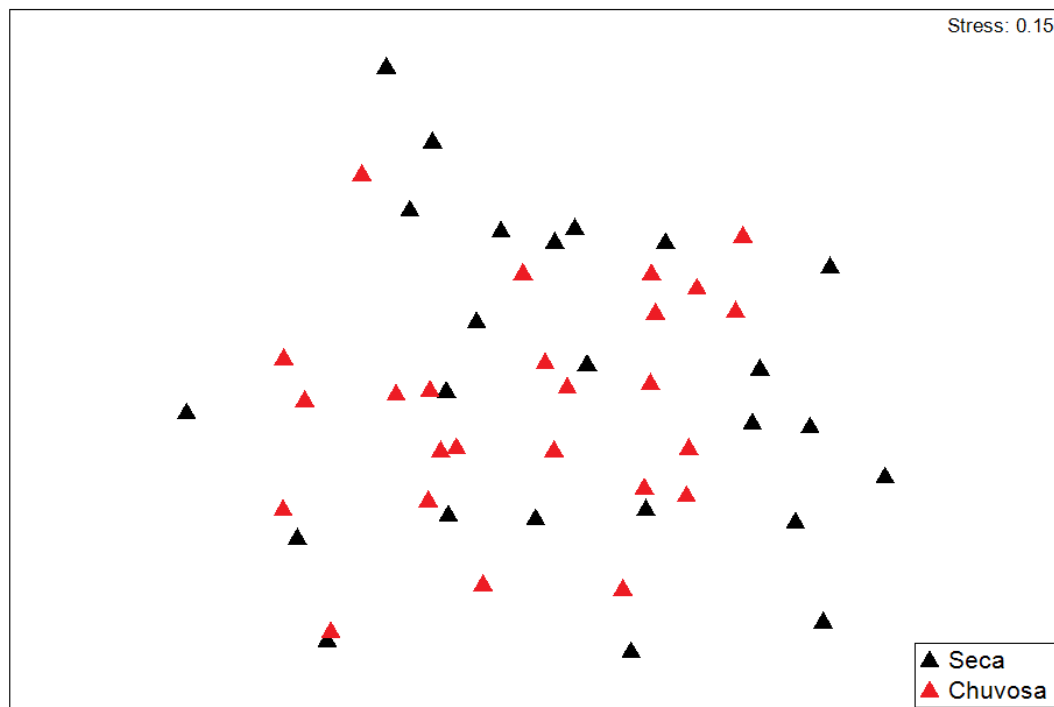
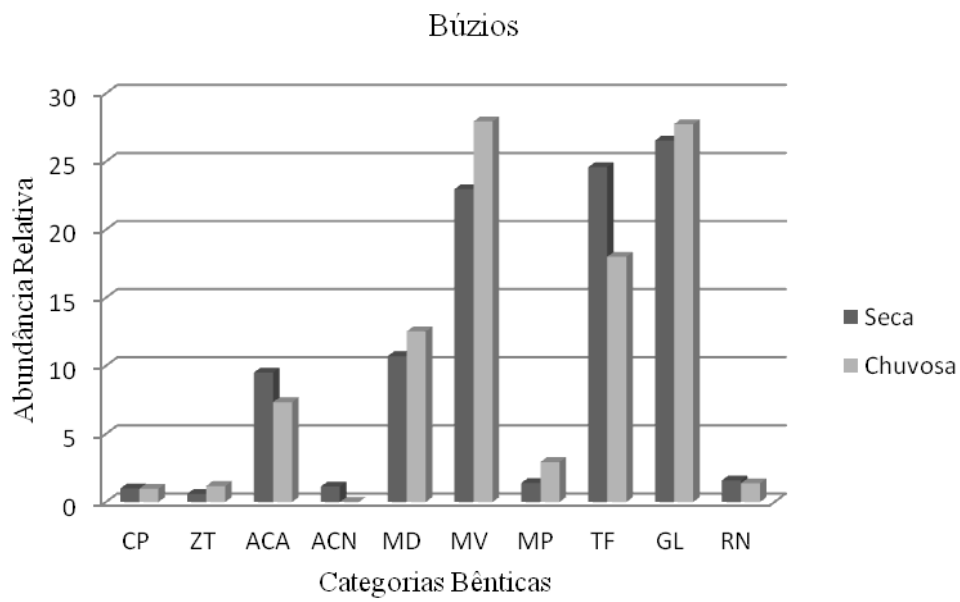


Figura 10. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré de Búzios. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; MD: Macroalga Verde; MV: Macroalga Vermelha; MP: Macroalga Parda; TF: Turf; RN: Rocha Nua; GL: Granulados Litoclásticos.

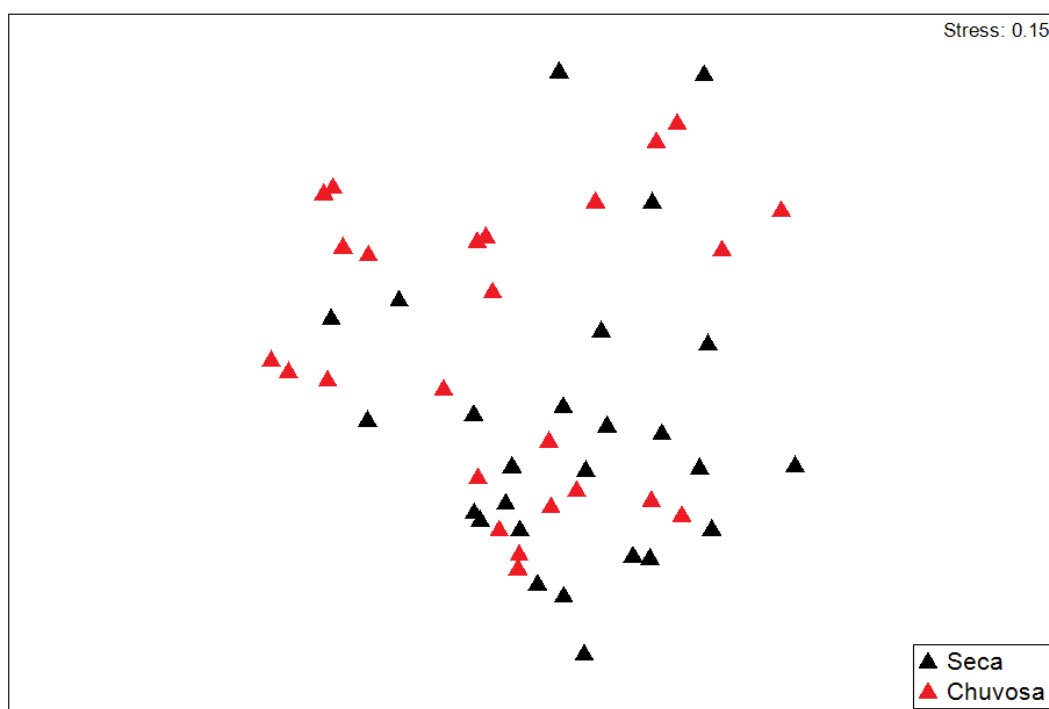
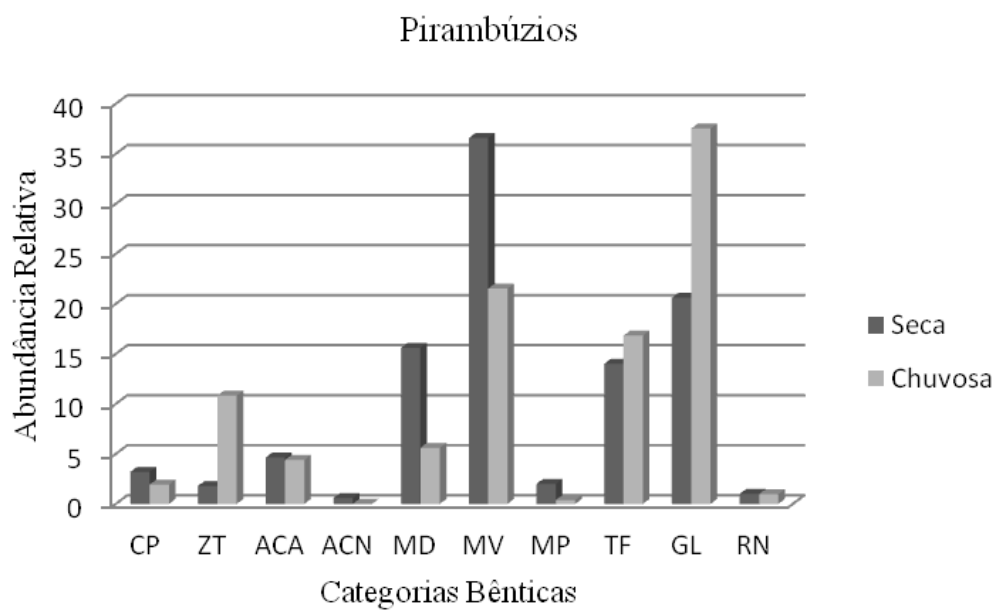


Figura 11. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré de Pirambúzios. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.

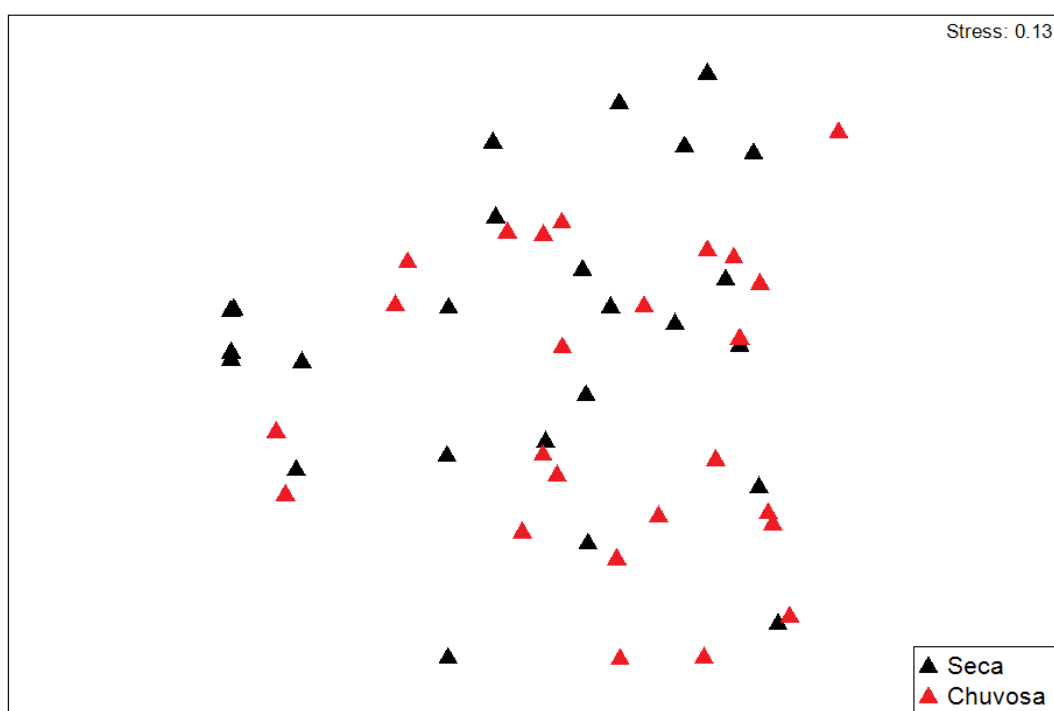
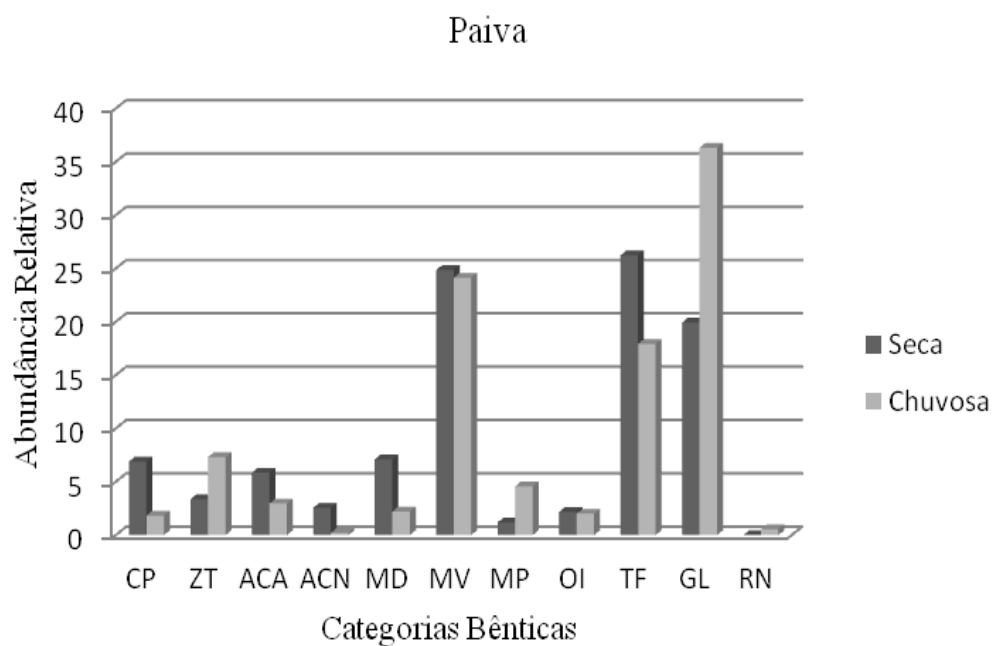


Figura 12. Abundância relativa (acima) e análises de nMDS (abaixo) das categorias bênticas observadas nas estações seca e chuvosa nas poças de maré do Paiva. CP: Coral Pétreo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo.

Tabela VI. Abundância Relativa (%) e porcentagem de similaridade (SIM %) das categorias bênticas nas estações seca e chuvosa analisadas nas poças de marés do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. CP: Coral Pétreo; ZT: Zoantídeo; ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; MD: Macroalga Verde; MV: Macroalga Vermelha; MP: Macroalga Parda; TF: Turf; OI: Outros Invertebrados; GL: Granulados Litoclásticos; RN: Rocha Nua.

	Geral		Cabo Branco		B. Mamanguape		Búzios		Pirambúzios		Paiva	
	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa	Seca	Chuvosa
CP	6.90	1.83	2.13	1.35	15.16	8.80	0.99	0.98	3.20	1.93	6.90	1.83
ZT	3.35	7.31	1.16	1.16	8.86	13.80	0.59	1.17	1.80	10.83	3.35	7.31
ACA	5.85	2.96	4.25	4.06	2.36	2.60	9.50	7.33	4.64	4.40	5.85	2.96
ACN	2.56	0.20	0.97	-	0.47	-	1.13	0.00	0.58	-	2.56	0.20
MD	7.10	2.19	0.77	1.54	-	-	10.71	12.52	15.60	5.61	7.10	2.19
MV	24.85	24.13	37.72	36.29	14.37	26.40	22.97	27.94	36.57	21.52	24.85	24.13
MP	1.18	4.57	4.06	8.88	0.00	6.60	1.40	2.94	2.00	0.39	1.18	4.57
OI	2.17	2.01	-	-	6.42	4.40	-	-	-	-	2.17	2.01
TF	26.23	17.92	12.77	7.34	50.59	37.20	24.58	18.00	14.00	16.83	26.23	17.92
GL	19.92	36.32	36.17	39.00	1.77	0.20	26.54	27.74	20.60	37.52	19.92	36.32
RN	-	0.55	-	0.39	-	-	1.58	1.37	1.00	0.97	0.00	0.55
SIM %	65.06		55.04		48.72		50.40		50.13		57.44	
ANOSIM	R = 0.011		R = 0.021		R = 0.096		R = 0.034		R = 0.047		R = 0.004	

IV.2 Ictiofauna

IV.2.1 Dados Gerais

Foram capturados 3586 espécimes nas 100 poças de maré amostradas, com média de 35.86 (± 16.04) indivíduos por poça, distribuídos em 52 espécies e 24 famílias (Tabela VII).

As espécies mais abundantes foram *Bathygobius soporator*, *B. geminatus* e *Stegastes fuscus*, com 14.95%, 13.11% e 10.54% de abundância relativa na análise geral, respectivamente. Ao considerar as famílias registradas, Gobiidae apresentou a maior abundância relativa (28.81%), representada por três espécies, seguida da família Pomacentridae (26.27%), por três espécies, e Labrisomidae (13.50%), quatro espécies. Na análise conjunta dos dados, as espécies com maior frequência de ocorrência foram *B. geminatus* (77%), *B. soporator* (76%) e *S. variabilis* (70%).

Stegastes fuscus foi a espécie mais frequente e abundante nas poças de maré do Paiva (95% de frequência de ocorrência e 22.96% de abundância relativa). Em Búzios, *S. variabilis* foi a espécie mais frequente (90%) e *Haemulon parra* a mais abundante (14.75%). Em Pirambúzios, *B. geminatus* foi a espécie mais frequente (90%) e, juntamente com *B. soporator*, apresentou a maior abundância relativa (19% cada); Na Barra de Mamanguape, a espécie *B. geminatus* apresentou a maior abundância relativa (16.44%) e, assim com a espécie *Labrisomus nuchipinnis*, apresentou frequência de ocorrência de 85%. No Cabo Branco, *Scartela cristata* e *Stegastes variabilis* foram as espécies mais frequentes (75% cada) e *B. soporator* a mais abundante (19.16%) (Tabela VII).

Tabela VII. Espécies capturadas nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE, indicando a abundância relativa (AR%) e frequência de ocorrência (FO%). A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994).

Família/Espécie	Geral		C. Branco		B. Mam.		Búzios		Pirambúzios		Paiva	
	AR%	FO%	AR%	FO%	AR%	FO%	AR%	FO%	AR%	FO%	AR%	FO%
Muraenidae												
<i>Gymnothorax funebris</i> Ranzani, 1839	0.31	11.00	0.45	15.00	0.27	10.00	0.27	10.00	0.16	5.00	0.37	15.00
<i>Gymnothorax vicinus</i> (Castelnau, 1855)	0.11	4.00	0.30	10.00	–	–	–	–	–	–	0.25	10.00
Ophichthidae												
<i>Myrichthys</i> sp.	0.14	5.00	0.15	5.00	–	–	0.27	10.00	–	–	0.25	10.00
<i>Myrichthys ocellatus</i> (Lesueur, 1825)	0.11	4.00	0.30	10.00	–	–	0.13	5.00	0.16	5.00	–	–
Synodontidae												
<i>Synodus</i> sp.	0.03	1.00	–	–	–	–	–	–	0.16	5.00	–	–
Batrachoididae												
<i>Thalassophryne nattereri</i> Steindachner, 1876	0.14	5.00	–	–	0.13	5.00	–	–	0.16	5.00	0.37	15.00
Mugilidae												
<i>Mugil curema</i> Valenciennes, 1836	1.03	14.00	0.75	10.00	2.41	35.00	0.54	10.00	0.16	5.00	1.11	10.00
<i>Mugil</i> sp.	0.33	3.00	–	–	0.94	10.00	–	–	0.81	5.00	–	–
Holocentridae												
<i>Holocentrus adscensionis</i> (Osbeck, 1765)	0.73	14.00	1.35	20.00	0.27	5.00	1.21	20.00	–	–	0.74	15.00
Scorpaenidae												
<i>Scorpaena plumieri</i> Bloch, 1789	0.03	1.00	–	–	0.13	5.00	–	–	–	–	–	–
Serranidae												
<i>Epinephelus adscensionis</i> (Osbeck, 1765)	0.75	18.00	1.65	35.00	0.27	10.00	0.67	10.00	–	–	1.11	35.00

Tabela VII (Continuação)

<i>Epinephelus itajara</i> (Lichtenstein, 1822)	0.03	1.00	–	–	0.13	5.00	–	–	–	–	–	–
Apogonidae												
<i>Apogon americanus</i> Castelnau, 1855	0.59	12.00	1.05	20.00	–	–	0.54	10.00	–	–	1.23	30.00
<i>Apogon pseudomaculatus</i> Longley, 1932	0.33	4.00	–	–	–	–	0.27	5.00	–	–	1.23	15.00
<i>Phaeoptyx pigmentaria</i> (Poey, 1860)	0.28	5.00	–	–	–	–	0.40	10.00	–	–	0.86	15.00
Lutjanidae												
<i>Ocyurus chrysurus</i> (Bloch, 1791)	0.22	2.00	–	–	–	–	0.94	5.00	0.16	5.00	–	–
<i>Lutjanus alexandrei</i> Moura & Lindeman, 2007	1.14	23.00	2.69	45.00	1.20	25.00	0.80	20.00	0.49	10.00	0.62	15.00
<i>Lutjanus jocu</i> (Bloch & Schneider, 1801)	0.61	14.00	1.20	25.00	0.53	15.00	0.94	15.00	0.49	15.00	–	–
Haemulidae												
<i>Anisotremus surinamensis</i> (Bloch, 1791)	0.75	13.00	0.90	20.00	–	–	0.67	20.00	2.28	15.00	0.25	10.00
<i>Anisotremus virginicus</i> (Linnaeus, 1758)	0.25	7.00	0.30	10.00	–	–	0.27	10.00	0.49	5.00	0.25	10.00
<i>Haemulon parra</i> (Desmarest, 1823)	6.72	33.00	2.10	30.00	2.01	30.00	14.75	45.00	3.42	20.00	10.00	40.00
<i>Haemulon steindachneri</i> (Jordan & Gilbert, 1882)	0.08	2.00	0.45	10.00	–	–	–	–	–	–	–	–
<i>Haemulon</i> sp.	0.14	1.00	–	–	–	–	–	–	–	–	0.62	5.00
Sciaenidae												
<i>Pareques acuminatus</i> (Bloch & Schneider, 1801)	0.61	10.00	1.35	15.00	–	–	1.07	15.00	0.33	10.00	0.37	10.00
Chaetodontidae												
<i>Chaetodon ocellatus</i> Linnaeus, 1758	0.25	7.00	0.15	5.00	0.40	10.00	0.27	10.00	–	–	0.37	10.00
Pomacanthidae												
<i>Holacanthus tricolor</i> (Bloch, 1795)	0.06	2.00	–	–	–	–	0.27	10.00	–	–	–	–
<i>Pomacanthus paru</i> (Bloch, 1787)	0.33	8.00	0.15	5.00	0.40	5.00	1.07	30.00	–	–	–	–
Pomacentridae												

Tabela VII (Continuação)

<i>Abudefduf saxatilis</i> (Linnaeus, 1758)	7.84	56.00	6.59	70.00	13.64	75.00	4.69	50.00	14.66	65.00	1.23	20.00
<i>Stegastes fuscus</i> (Cuvier, 1830)	10.52	64.00	3.14	35.00	13.50	75.00	3.62	55.00	7.00	60.00	22.96	95.00
<i>Stegastes variabilis</i> (Castelnau, 1855)	7.89	70.00	8.38	75.00	4.01	70.00	11.26	90.00	3.91	40.00	10.99	75.00
Labridae												
<i>Halichoeres</i> sp.	0.45	5.00	—	—	—	—	1.74	20.00	0.49	5.00	—	—
<i>Halichoeres poeyi</i> (Steindachner, 1867)	0.20	6.00	0.45	15.00	—	—	0.27	5.00	0.16	5.00	0.12	5.00
Scaridae												
<i>Sparisoma axillari</i> (Steindachner, 1878)	0.89	15.00	1.80	25.00	0.13	5.00	1.88	25.00	0.49	10.00	0.25	10.00
<i>Sparisoma radians</i> (Valenciennes, 1840)	0.50	15.00	0.90	30.00	—	—	0.80	30.00	0.65	5.00	0.25	10.00
Blenniidae												
<i>Ophioblennius trinitatis</i> Miranda Ribeiro, 1919	0.06	2.00	0.15	5.00	—	—	0.13	5.00	—	—	—	—
<i>Entomacrodus vomerinus</i> (Valenciennes, 1836)	2.01	29.00	2.69	40.00	2.67	50.00	1.61	35.00	3.58	20.00	—	—
<i>Parablennius</i> sp.	0.78	12.00	2.10	25.00	0.40	10.00	1.47	25.00	—	—	—	—
<i>Scartella cristata</i> (Linnaeus, 1758)	5.97	51.00	8.08	75.00	13.24	75.00	2.28	40.00	4.40	30.00	2.10	35.00
Labrisomidae												
<i>Labrisomus cricota</i> Sazima, Gasparini & Moura, 2002	1.98	32.00	4.19	45.00	1.74	45.00	0.67	15.00	—	—	3.09	55.00
<i>Labrisomus kalisherai</i> (Jordan, 1904)	0.92	24.00	1.20	20.00	0.94	30.00	1.34	35.00	0.65	15.00	0.49	20.00
<i>Labrisomus nuchipinnis</i> (Quoy & Gaimard, 1824)	8.23	67.00	4.64	55.00	6.55	85.00	8.45	60.00	7.82	55.00	12.84	80.00
<i>Malacoctenus delalandii</i> (Valenciennes, 1836)	2.37	39.00	0.75	20.00	2.41	55.00	3.49	40.00	2.44	30.00	2.59	50.00
Gobiesocidae												
<i>Gobiesox barbatulus</i> Starks, 1913	0.03	1.00	—	—	—	—	0.13	5.00	—	—	—	—
Gobiidae												
<i>Bathygobius geminatus</i> Tornabene, Baldwin & Pezold, 2010	13.11	77.00	14.37	65.00	16.44	85.00	7.24	80.00	18.89	90.00	10.00	65.00

Tabela VII (Continuação)

<i>Bathygobius soporator</i> (Valenciennes, 1837)	14.95	76.00	19.16	75.00	13.37	80.00	11.93	70.00	19.06	80.00	12.59	75.00
<i>Ctenogobius boleosoma</i> (Jordan & Gilbert, 1882)	0.75	16.00	1.20	20.00	1.07	20.00	0.80	25.00	0.81	15.00	–	–
Acanthuridae												
<i>Acanthurus bahianus</i> Castelnau, 1855	0.98	13.00	0.75	10.00	–	–	3.22	50.00	0.98	5.00	–	–
<i>Acanthurus chirurgus</i> (Bloch, 1787)	1.70	16.00	1.95	20.00	–	–	5.09	55.00	1.63	5.00	–	–
<i>Acanthurus coeruleus</i> Bloch & Schneider, 1801	1.23	12.00	1.50	15.00	–	–	2.01	30.00	3.09	15.00	–	–
Tetraodontidae												
<i>Sphoeroides greeleyi</i> Gilbert, 1900	0.11	4.00	–	–	0.13	5.00	0.27	10.00	–	–	0.12	5.00
<i>Sphoeroides testudineus</i> (Linnaeus, 1758)	0.22	8.00	0.60	20.00	0.27	10.00	0.13	5.00	–	–	0.12	5.00
Diodontidae												
<i>Diodon holacanthus</i> Linnaeus, 1758	0.20	7.00	0.15	5.00	0.40	15.00	0.13	5.00	–	–	0.25	10.00

Búzios e Cabo Branco apresentaram os maiores valores relacionados aos índices de riqueza, diversidade e equitabilidade entre as localidades estudadas. A Barra de Mamanguape apresentou a menor riqueza, ao passo que no Paiva foi detectado os menores valores de diversidade e equitabilidade. O número de espécies (S), indivíduos (N) e os índices de riqueza (d), diversidade (H') e a equitabilidade (J'), total e por localidade, está apresentado na Tabela VIII.

O ANOSIM não sugeriu diferenças significativas em relação aos agrupamentos PB, RN e PE ($R = 0.10$) (Figura 13) e entre as localidades amostradas ($R = 0.18$) (Figura 14). A análise SIMPER revelou uma similaridade média de 66.26% em relação à composição das espécies entre as poças de maré do Rio Grande do Norte e Paraíba, 63.64% entre Paraíba e Pernambuco e uma similaridade de média de 61.89% entre os peixes das poças de maré do Rio Grande do Norte e Pernambuco. Analisando por localidade, foi revelada uma similaridade média de 64.14% em relação à composição da ictiofauna entre as poças de maré em Búzios e Pirambúzios. A composição da ictiofauna nas poças de maré em Búzios apresentou ainda similaridade média de 58.89% com a fauna íctica da Barra de Mamanguape, 62.37% com Cabo Branco e 63.72% com aquela observada nas poças de maré no Paiva. A ictiofauna das poças de maré em Pirambúzios apresentou similaridade média de 53.54% com a composição íctica da Barra de Mamanguape, 63.09% com a ictiofauna do Cabo Branco e 61.18% com a ictiofauna observada nas poças de maré no Paiva. O Cabo Branco apresentou uma similaridade média de 55.49% com a fauna íctica da Barra de Mamanguape e de 62.14% com o Paiva. Entre a composição da ictiofauna das poças de maré no Paiva e na Barra de Mamanguape, a similaridade média detectada foi de 53.47%. Em todos os casos as espécies contribuíram de maneira equitativa para as porcentagens de similaridade observadas, não havendo espécies com contribuição individual maior que 6%.

Tabela VIII. Número de espécies (S), número de indivíduos (N), índice de riqueza (d), equitabilidade (J') e diversidade de Shannon (H') gerais e por localidade amostrada. CB: Cabo Branco; BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; PZ: Pirambúzios; PA: Paiva.

	Geral	CB	BM	BZ	PZ	PA
S	52	39	30	44	31	33
N	3586	668	748	746	614	810
d	6.23	5.84	4.38	6.50	4.67	4.78
J'	0.74	0.80	0.74	0.80	0.75	0.71
H'	2.91	2.93	2.52	3.03	2.56	2.49

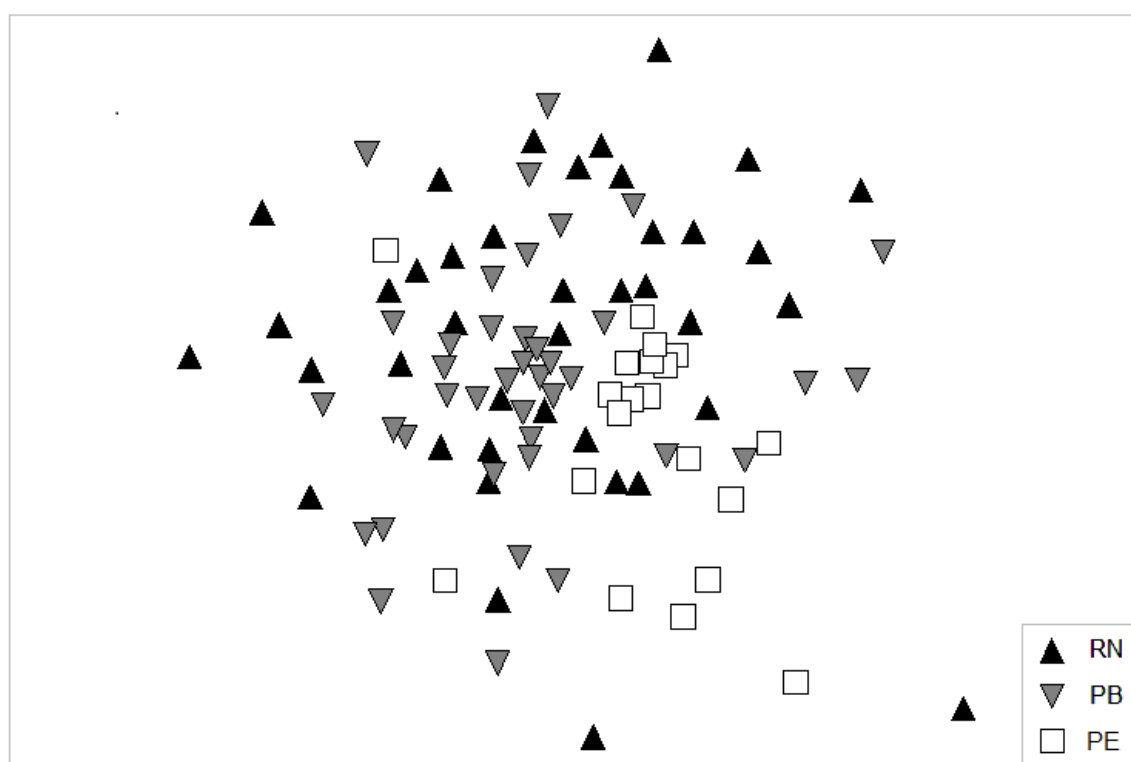


Figura 13. Análise de nMDS da composição da ictiofauna das poças de maré nos agrupamentos RN, PB e PE, referentes às amostragens no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

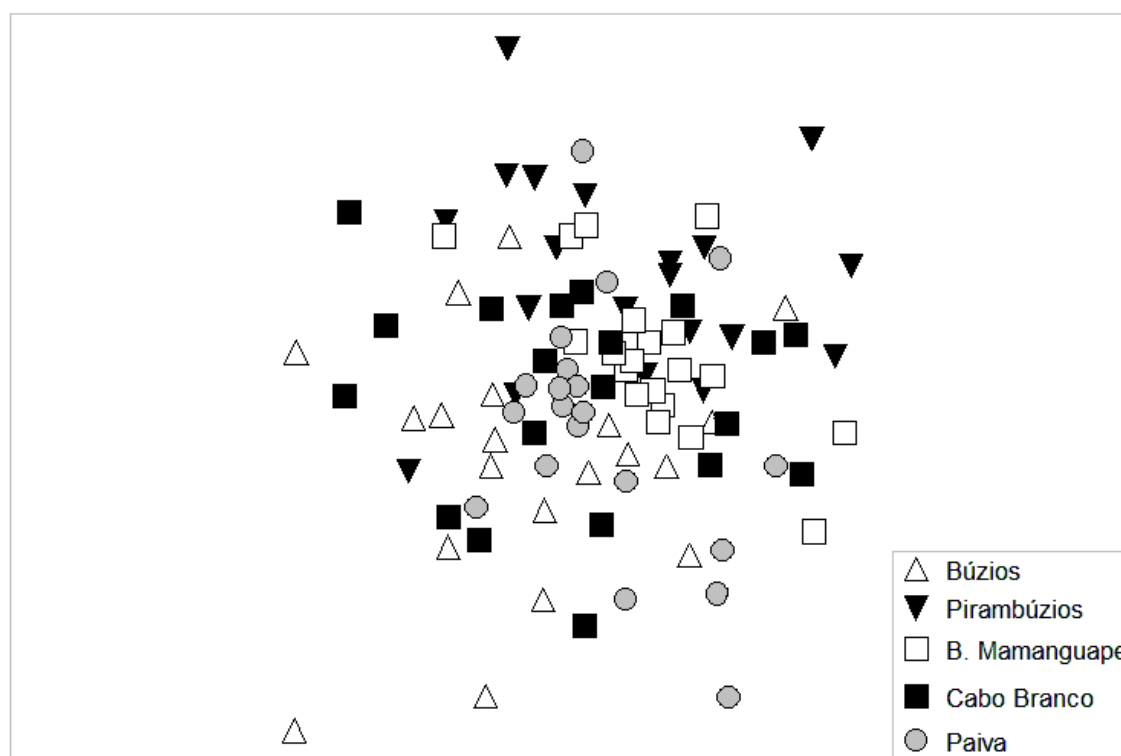


Figura 14. Análise de nMDS da composição da ictiofauna das poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Os menores espécimes capturados foram das espécies *B. soportor* e *S. variabilis* com 0.8 cm e 1.1 cm de comprimento total, respectivamente, enquanto o maior espécime medido foi a espécie *Gymnothorax funebris*, com 29.6 cm de comprimento total. Entre as seis classes de tamanho, foi observado uma maior abundância na classe de tamanho 2.0 - 3.9 cm (Figura 15 e 16) (Tabela IX). A ANOVA, com correção de Bonferroni (nível de significância de 0.05), detectou diferenças significativas entre a classe de tamanho 2.0 - 3.9 cm e as classes 6.0 - 7.9 cm ($t = 3.28$; $p < 0.001$), 8.0 - 8.9 cm ($t = 3.95$; $p < 0.001$) e > 9.9 cm ($t = 4.25$; $p < 0.001$) ($F = 5.36$; $p < 0.001$).

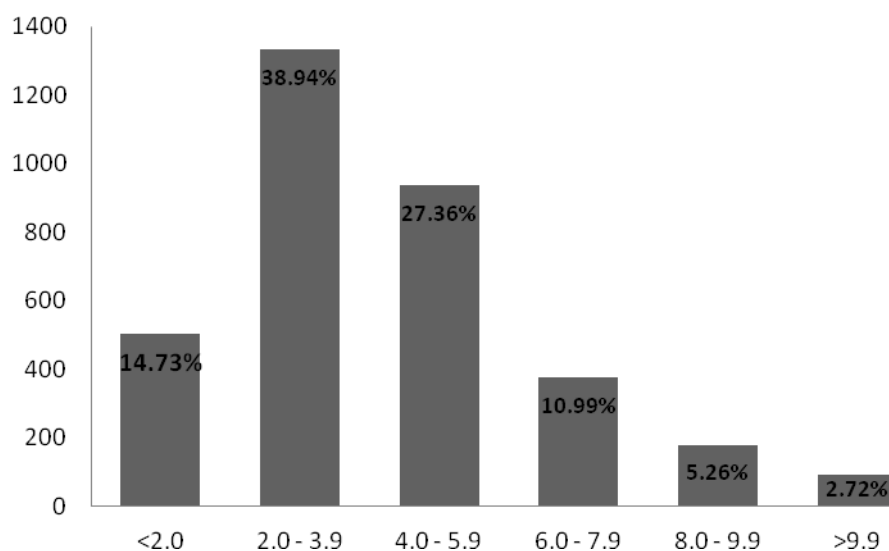


Figura 15. Número de indivíduos por classe de tamanho capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

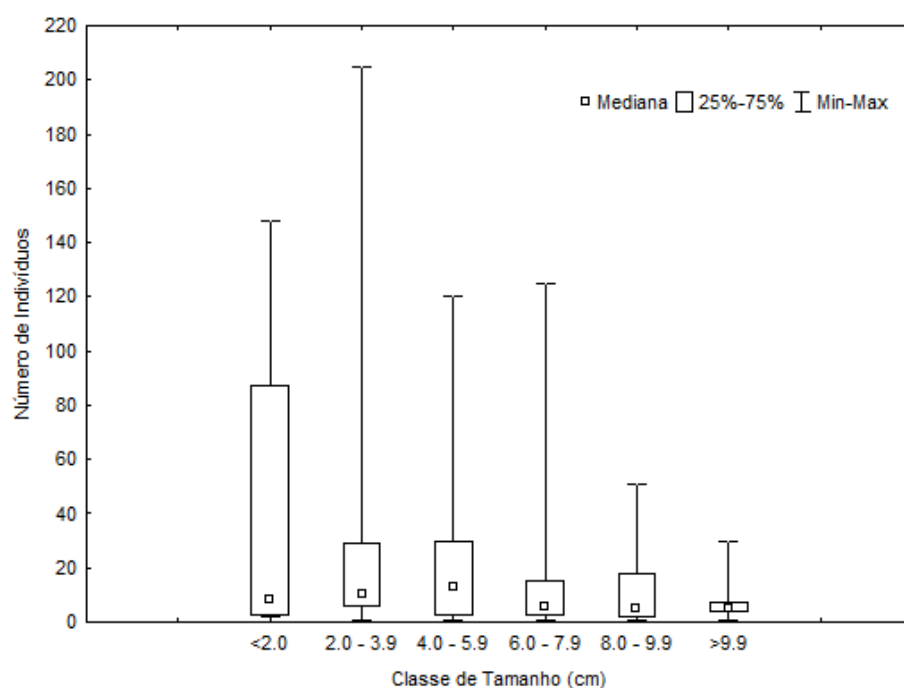


Figura 16. Distribuição da abundância das espécies por classe de tamanho (cm) tamanho capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Tabela IX. Número de indivíduos por classe de tamanho (cm) registrado das espécies capturadas nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Espécies	Classe de Tamanho (cm)					
	<2.0	2.0 - 3.9	4.0 - 5.9	6.0 - 7.9	8.0 - 9.9	>9.9
<i>Gymnothorax funebris</i>	—	—	—	1	3	7
<i>Gymnothorax vicinus</i>	—	—	—	—	—	4
<i>Myrichthys</i> sp.	—	—	—	—	1	4
<i>Myrichthys ocellatus</i>	—	—	—	—	1	3
<i>Synodus</i> sp.	—	—	—	—	—	1
<i>Thalassophryne nattereri</i>	—	4	1	—	—	—
<i>Mugil curema</i>	—	21	16	—	—	—
<i>Mugil</i> sp.	—	9	3	—	—	—
<i>Holocentrus adscensionis</i>	—	—	—	—	11	15
<i>Scorpaena plumieri</i>	—	1	—	—	—	—
<i>Epinephelus adscensionis</i>	—	—	2	3	18	4
<i>Epinephelus itajara</i>	—	—	—	1	—	—
<i>Apogon americanus</i>	—	—	14	7	—	—
<i>Apogon pseudomaculatus</i>	—	—	9	3	—	—
<i>Phaeoptyx pigmentaria</i>	—	8	1	—	—	—
<i>Ocyurus chrysurus</i>	—	2	6	—	—	—
<i>Lutjanus alexandrei</i>	—	6	32	3	—	—
<i>Lutjanus jocu</i>	—	3	17	2	—	—
<i>Anisotremus surinamensis</i>	—	4	10	8	5	—
<i>Anisotremus virginicus</i>	—	9	—	—	—	—
<i>Haemulon parra</i>	—	106	113	6	—	—
<i>Haemulon steindachneri</i>	—	3	—	—	—	—
<i>Haemulon</i> sp.	—	3	2	—	—	—
<i>Pareques acuminatus</i>	7	6	2	—	1	6
<i>Chaetodon ocellatus</i>	—	6	3	—	—	—
<i>Holacanthus tricolor</i>	2	—	—	—	—	—
<i>Pomacanthus paru</i>	3	9	—	—	—	—
<i>Abudefduf saxatilis</i>	85	114	26	10	5	—
<i>Stegastes fuscus</i>	—	140	87	125	—	—
<i>Stegastes variabilis</i>	110	49	70	25	29	—
<i>Halichoeres</i> sp.	—	10	6	—	—	—
<i>Halichoeres poeyi</i>	—	6	1	—	—	—
<i>Sparisoma axillari</i>	3	15	14	—	—	—
<i>Sparisoma radians</i>	5	10	3	—	—	—

Tabela IX (Continuação)

<i>Ophioblennius trinitatis</i>	—	1	1	—	—	—
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	—	26	29	5	—	—
<i>Parablennius</i> sp.	9	19	—	—	—	—
<i>Scartella cristata</i>	39	139	30	—	—	—
<i>Labrisomus cricota</i>	—	17	12	20	9	—
<i>Labrisomus kalisherae</i>	3	9	13	8	—	—
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	—	25	120	69	51	30
<i>Malacoctenus delalandii</i>	—	45	30	5	—	—
<i>Gobiesox barbatulus</i>	—	—	1	—	—	—
<i>Bathygobius geminatus</i>	148	205	111	4	2	—
<i>Bathygobius soporator</i>	90	195	105	69	44	—
<i>Ctenogobius boleosoma</i>	—	27	—	—	—	—
<i>Acanthurus bahianus</i>	—	29	6	—	—	—
<i>Acanthurus chirurgus</i>	—	35	16	—	—	—
<i>Acanthurus coeruleus</i>	—	16	24	2	—	—
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	—	—	—	—	—	4
<i>Sphoeroides testudineus</i>	—	—	—	—	—	8
<i>Diodon holacanthus</i>	—	—	—	—	—	7

Foi construída uma curva de acumulação de espécies em função do número de poças de maré amostradas. A Figura 17 mostra que houve um grande aumento no número cumulativo das espécies observadas entre a primeira e a 37ª poça de maré amostrada e que, após a amostragem em 60 poças, a curva mostrou uma tendência à estabilização. Além disso, 50 das 100 poças de maré amostradas foram suficientes para detectar 91.34% das espécies registradas. Baseado nas suas premissas, o estimador de riqueza Jackknife 1 indicou a ocorrência de 53.14 espécies nas localidades estudadas. Para Pirambúzios e Barra de Mamanguape, a curva de acumulação de espécies não mostrou tendência à estabilização, indicando a necessidade de um maior esforço amostral para predizer, com mais segurança, o número de espécies que ainda não foram amostradas nestas localidades (Figura 18 e 19, respectivamente). Para Búzios, a curva mostrou tendência à estabilização a partir da amostragem em 15 poças; O estimador de riqueza Jackknife 1 indicou a

ocorrência de 51.6 espécies (Figura 20). No Cabo Branco houve a estabilização da curva de acumulação de espécies a partir da amostragem na poça 15 e o estimador Jackknife 1 indicou a ocorrência de 41.78 espécies (Figura 21). No Paiva foram detectadas 33 espécies nas poças de maré, o mesmo número de espécies indicado pelo estimador de riqueza (Figura 22).

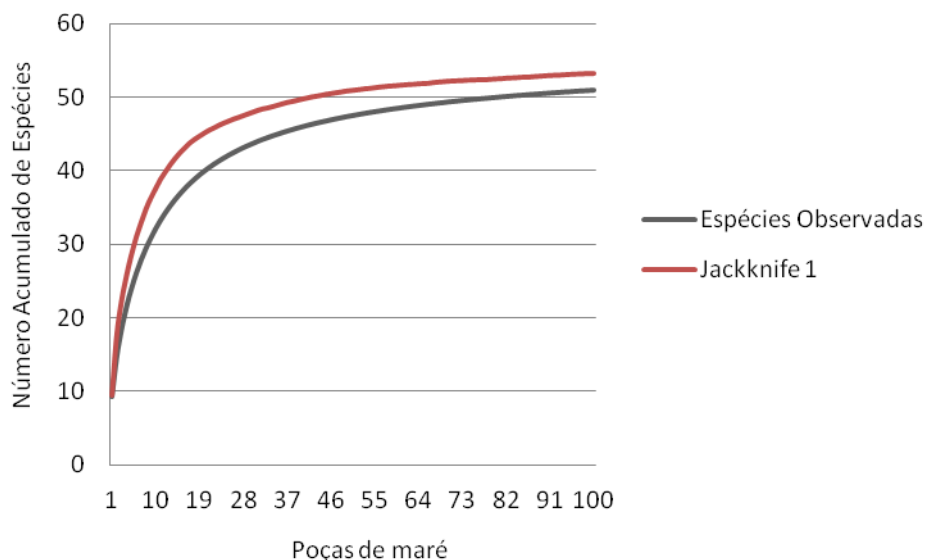


Figura 17. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas e projeções do estimador Jackknife 1.

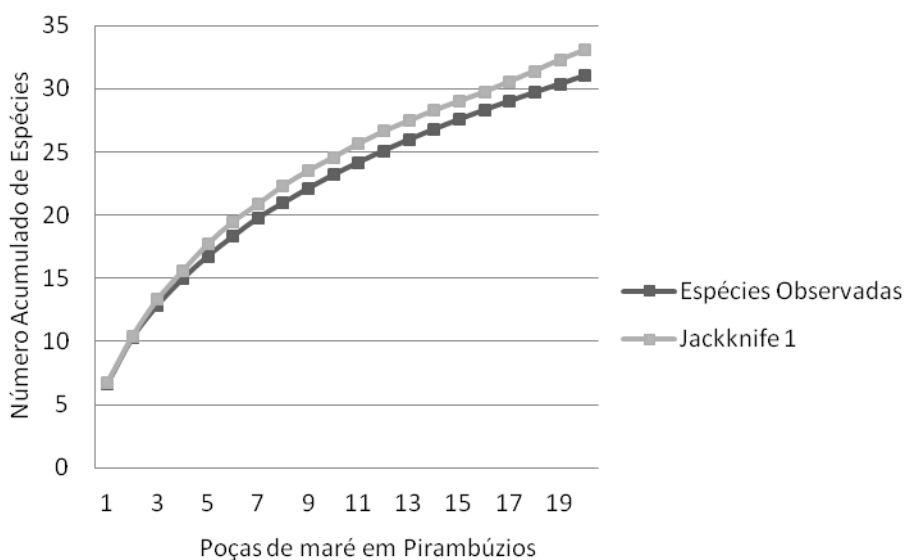


Figura 18. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas em Pirambúzios e projeções do estimador Jackknife 1.

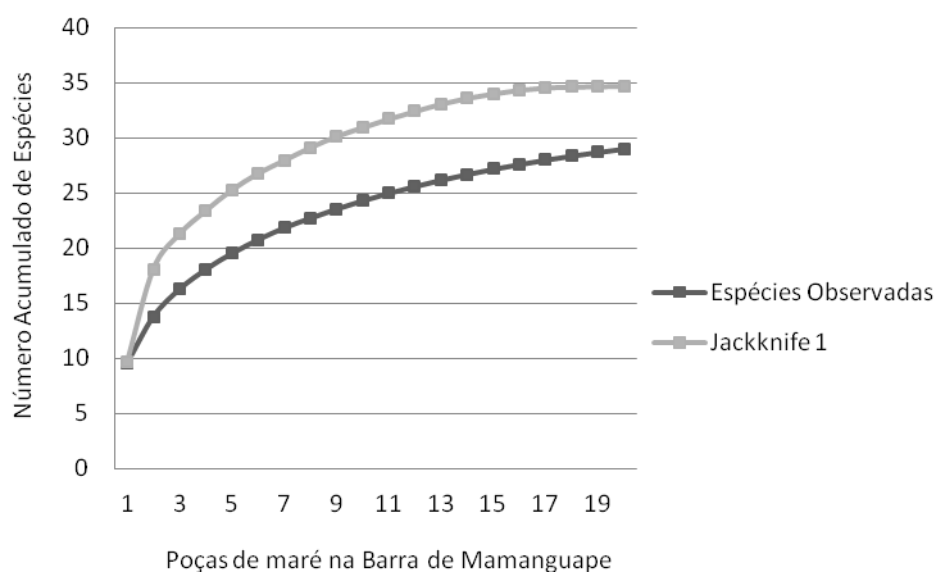


Figura 19. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape e projeções do estimador Jackknife 1.

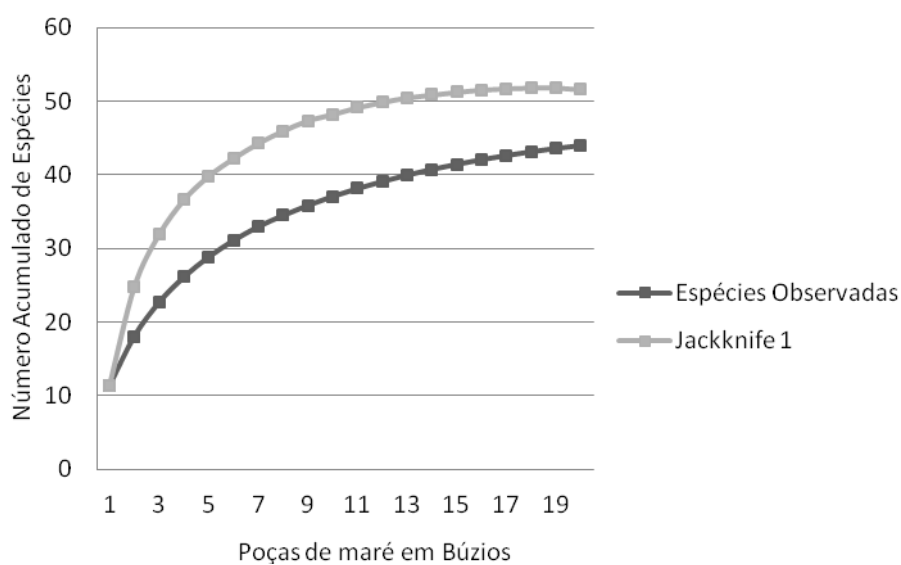


Figura 20. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas em Búzios e projeções do estimador Jackknife 1.

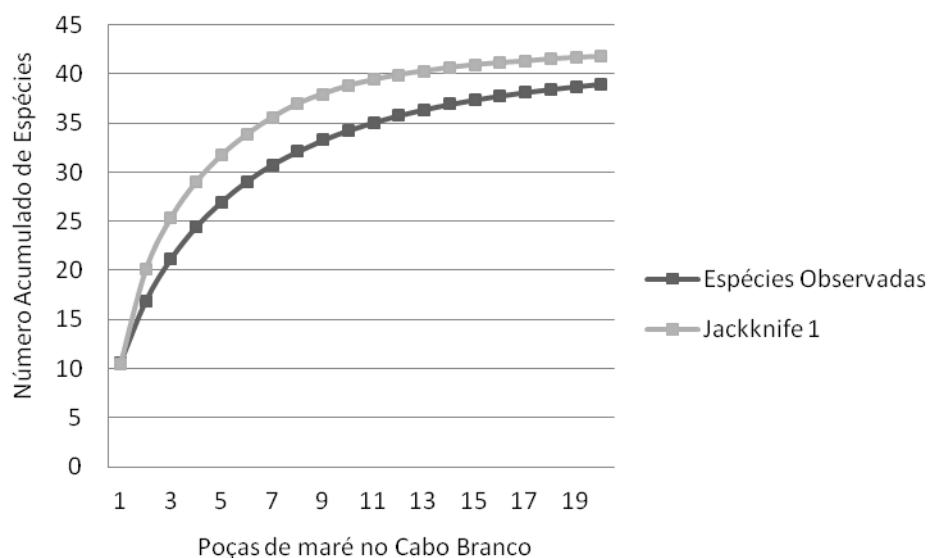


Figura 21. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas no Cabo Branco e projeções do estimador Jackknife 1.

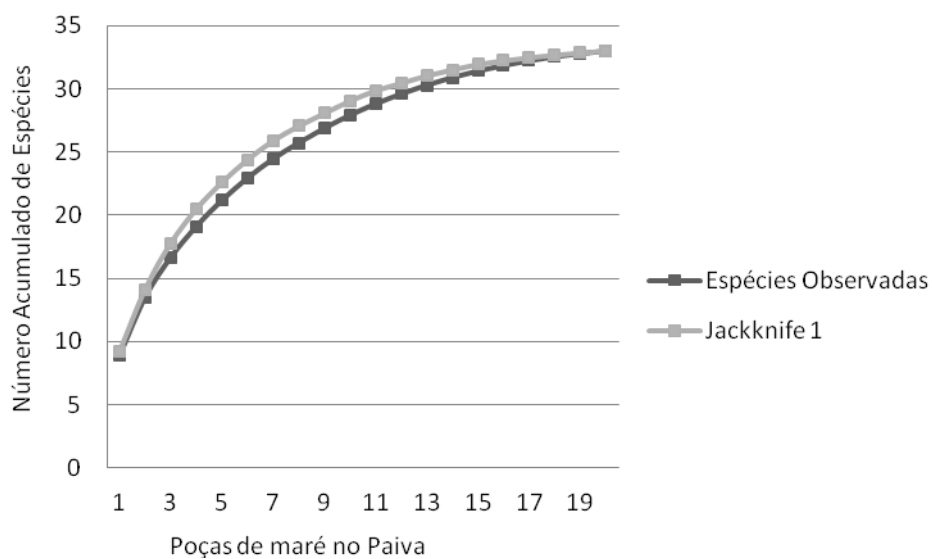


Figura 22. Número acumulado de espécies de peixes, em função do número total de poças de maré amostradas no Paiva e projeções do estimador Jackknife 1.

IV. 2.2 Padrões de Sazonalidade

Foram capturados 2031 espécimes nas poças de maré amostradas na estação seca nas cinco localidades estudadas, com média de 40.62 (± 15.38) indivíduos por poça, distribuídos em 49 espécies e 23 famílias. Na estação chuvosa foram capturados 1555 espécimes, com média de 31.10 (± 15.39), distribuídos em 46 espécies e 22 famílias. Foram encontradas diferenças estatísticas significativas em relação à abundância total das espécies entre as estações seca e chuvosa ($t = 2.217$; $p = 0.03$), mas diferenças estatísticas não foram observadas em relação à riqueza de espécies. A abundância relativa e a frequência de ocorrência total e por localidade, por estação, estão apresentados nas Tabelas X e XI, respectivamente. As abundâncias relativas por estação total e por localidade, estão representadas graficamente na Figura 23.

Na análise conjunta dos dados, *B. soporator* e *B. geminatus* foram as espécies mais abundantes (Figura 24) e frequentes em ambas as estações. Analisando por localidade, *Haemulon parra* foi a espécie com maior abundância relativa na estação seca em Búzios (22.96%), ao passo que na estação chuvosa, a espécie mais abundante foi *Labrisomus nuchipinnis* (15.02%) (Figura 25). Quanto à ocorrência, *S. variabilis* e *B. geminatus* estiveram presentes em todas as poças de maré amostradas na estação seca e, na estação chuvosa, *S. variabilis* foi a espécie mais frequente (80%). Em Pirambúzios, *Abudefduf saxatilis* foi a espécie mais abundante na estação seca (22.19% de abundância relativa), ao passo que *B. soporator* apresentou a maior abundância relativa na estação chuvosa (27.5%) (Figura 26). *B. geminatus* e *B. soporator* apresentaram as maiores frequências de ocorrência em Pirambúzios, em ambas as estações (90% e 80%, respectivamente).

No Cabo Branco, *B. soporator* (16.32% na estação seca e 22.92% na estação chuvosa) e *B. geminatus* (15% na estação seca e 13.54 % na estação chuvosa) foram as espécies mais abundantes em ambas as estações (Figura 27); *A. saxatilis* e *S. cristata*

foram as espécies mais frequentes na estação seca (90% cada), e *S. variabilis* e *B. soporator* as mais frequentes na estação chuvosa (80% cada). Na Barra de Mamanguape, *B. geminatus* apresentou a maior abundância relativa na estação seca (16.43%) e a espécie *B. soporator*, na estação chuvosa (15.24%) (Figura 28); as espécies *L. nuchipinnis*, *B. soporator* e *B. geminatus* apresentaram, cada uma, 90% de ocorrência nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape, e as espécies *S. fuscus*, *S. variabilis*, *L. nuchipinnis* e *B. geminatus* apresentaram, cada uma, 80% de ocorrência na estação chuvosa.

No Paiva, a espécie *S. fuscus* apresentou as maiores abundâncias relativas nas estações seca e chuvosa (22.50% e 23.51%, respectivamente) (Figura 29) e, assim com *L. nuchipinnis*, foi frequente nas poças de maré amostradas na estação chuvosa. Na estação seca, *S. fuscus* esteve presente em todas as poças de maré amostradas no Paiva.

Foram encontradas diferenças significativas em relação à abundância das espécies entre as estações seca e chuvosa em Pirambúzios ($t = 2.777$; $p = 0.007$), Cabo Branco ($t = 2.035$ e $p = 0.04$) e Paiva ($t = 2.934$; $p = 0.005$). Quanto à riqueza de espécies, diferenças estatísticas significativas foram observadas para as poças de maré em Pirambúzios ($t = 2.848$; $p = 0.006$) e no Paiva ($t = 2.445$; $p = 0.018$).

Tabela X. Abundância relativa das espécies capturadas por estação nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994).

Família/Espécie	Geral		Cabo Branco		B. Mamanguape		Búzios		Pirambúzios		Paiva	
	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.
Muraenidae												
<i>Gymnothorax funebris</i>	0.30	0.32	0.53	0.35	0.24	0.30	-	0.68	0.30	-	0.45	0.27
<i>Gymnothorax vicinus</i>	0.10	0.13	0.26	0.35	-	-	-	-	-	-	0.23	0.27
Ophichthidae												
<i>Myrichthys</i> sp.	0.10	0.19	0.26	-	-	-	-	0.68	-	-	0.23	0.27
<i>Myrichthys ocellatus</i>	0.05	0.19	0.26	0.35	-	-	-	0.34	-	0.36	-	-
Synodontidae												
<i>Synodus</i> sp.	0.05	-	-	-	-	-	-	-	0.30	-	-	-
Batrachoididae												
<i>Thalassophryne nattereri</i>	0.15	0.13	-	-	-	0.30	-	-	0.30	-	0.45	0.27
Mugilidae												
<i>Mugil curema</i>	1.08	0.96	1.05	0.35	1.90	3.05	0.22	1.02	-	0.36	2.05	-
<i>Mugil</i> sp.	0.59	-	-	-	1.67	-	-	-	1.48	-	-	-
Holocentridae												
<i>Holocentrus adscensionis</i>	0.74	0.71	1.05	1.74	0.48	-	1.10	1.37	-	-	0.91	0.54
Scorpaenidae												
<i>Scorpaena plumieri</i>	-	0.06	-	-	-	0.30	-	-	-	-	-	-
Serranidae												
<i>Epinephelus adscensionis</i>	0.64	0.90	1.58	1.74	0.24	0.30	0.22	1.37	-	-	1.14	1.08
<i>Epinephelus itajara</i>	-	0.06	-	-	-	0.30	-	-	-	-	-	-
Apogonidae												
<i>Apogon americanus</i>	0.49	0.71	1.05	1.04	-	-	0.44	0.68	-	-	0.91	1.62
<i>Apogon pseudomaculatus</i>	0.30	0.39	-	-	-	-	0.44	-	-	-	0.91	1.62

Tabela X (Continuação).

<i>Phaeoptyx pigmentaria</i>	0.15	0.45	-	-	-	-	-	1.02	-	-	0.68	1.08
Lutjanidae												
<i>Ocyurus chrysurus</i>	0.34	0.06	-	-	-	-	1.55	-	-	0.36	-	-
<i>Lutjanus alexandrei</i>	1.58	0.58	3.42	1.74	1.43	0.91	1.10	0.34	0.89	0.00	1.14	-
<i>Lutjanus jocu</i>	0.74	0.45	1.32	1.04	0.71	0.30	1.10	0.68	0.59	0.36	-	-
Haemulidae												
<i>Anisotremus surinamensis</i>	0.98	0.45	1.05	0.69	-	-	0.88	0.34	3.25	1.09	0.23	0.27
<i>Anisotremus virginicus</i>	0.34	0.13	0.26	0.35	-	-	0.22	0.34	0.89	-	0.45	-
<i>Haemulon parra</i>	9.70	2.83	2.37	1.74	2.38	1.52	22.96	2.05	5.92	0.36	12.27	7.30
<i>Haemulon steindachneri</i>	0.10	0.06	0.53	0.35	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Haemulon</i> sp.	0.25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.14	-
Sciaenidae												
<i>Pareques acuminatus</i>	0.34	0.96	0.53	2.43	-	-	0.22	2.39	0.59	-	0.45	0.27
Chaetodontidae												
<i>Chaetodon ocellatus</i>	0.34	0.13	0.26	-	0.48	0.30	0.22	0.34	-	-	0.68	-
Pomacanthidae												
<i>Holacanthus tricolor</i>	0.00	0.13	0.26	-	-	-	-	0.68	-	-	-	-
<i>Pomacanthus paru</i>	0.25	0.45	-	-	-	0.91	0.88	1.37	-	-	-	-
Pomacentridae												
<i>Abudefduf saxatilis</i>	9.60	5.53	8.42	4.17	14.52	12.50	4.86	4.44	22.19	5.43	1.14	1.35
<i>Stegastes fuscus</i>	10.14	11.06	3.68	2.43	13.81	13.11	3.53	3.75	5.62	8.70	22.50	23.51
<i>Stegastes variabilis</i>	8.27	7.40	7.63	9.38	3.33	4.88	12.58	9.22	4.73	2.90	11.82	10.00
Labridae												
<i>Halichoeres</i> sp.	0.79	-	-	-	-	-	2.87	-	0.89	-	-	-
<i>Halichoeres poeyi</i>	0.20	0.19	0.26	0.69	-	-	0.44	-	0.30	-	-	0.27

Tabela X (Continuação).

Scaridae												
<i>Sparisoma axillari</i>	0.69	1.16	1.58	2.08	-	0.30	0.88	3.41	0.89	-	0.23	0.27
<i>Sparisoma radians</i>	0.44	0.58	0.79	1.04	-	-	0.22	1.71	1.18	-	0.23	0.27
Blenniidae												
<i>Ophioblennius trinitatis</i>	0.10	-	0.26	-	-	-	0.22	-	-	-	-	-
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	1.58	2.57	3.42	1.74	2.86	2.44	1.32	2.05	0.30	7.61	-	-
<i>Parablennius sp.</i>	0.84	0.71	3.16	0.69	-	0.91	1.10	2.05	-	-	-	-
<i>Scartella cristata</i>	5.91	6.05	10.53	4.86	13.57	12.80	1.55	3.41	2.37	6.88	1.82	2.43
Labrisomidae												
<i>Labrisomus cricota</i>	1.72	2.32	2.37	6.60	1.90	1.52	0.66	0.68	-	-	3.41	2.70
<i>Labrisomus kalisherae</i>	0.89	0.96	1.32	1.04	0.95	0.91	1.32	1.37	0.30	1.09	0.45	0.54
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	6.25	10.80	4.21	5.21	6.43	6.71	4.19	15.02	7.69	7.97	8.86	17.57
<i>Malaccoctenus delalandii</i>	2.46	2.25	0.53	1.04	2.62	2.13	2.65	4.78	2.66	2.17	3.64	1.35
Gobiesocidae												
<i>Gobiesox barbatulus</i>	0.05	-	-	-	-	-	0.22	-	-	-	-	-
Gobiidae												
<i>Bathygobius geminatus</i>	12.21	14.28	15.00	13.54	16.43	16.46	6.84	7.85	13.31	25.72	10.45	9.46
<i>Bathygobius soporator</i>	12.11	18.65	16.32	22.92	11.90	15.24	10.38	14.33	12.13	27.54	10.45	15.14
<i>Ctenogobius boleosoma</i>	0.84	0.64	1.32	1.04	1.43	0.61	0.88	0.68	0.59	1.09	-	-
Acanthuridae												
<i>Acanthurus bahianus</i>	1.13	0.77	-	1.74	-	-	3.75	2.39	1.78	-	-	-
<i>Acanthurus chirurgus</i>	2.07	1.22	1.32	2.78	-	-	5.96	3.75	2.96	-	-	-
<i>Acanthurus coeruleus</i>	1.53	0.84	1.32	1.74	-	-	1.55	2.73	5.62	-	-	-
Tetraodontidae												
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	0.15	0.06	-	-	0.24	-	0.22	0.34	-	-	0.23	-
<i>Sphoeroides testudineus</i>	0.25	0.19	0.53	0.69	0.24	0.30	0.22	-	-	-	0.23	-
Diodontidae												
<i>Diodon holacanthus</i>	0.10	0.32	-	0.35	0.24	0.61	-	0.34	-	-	0.23	0.27

Tabela XI. Frequência de ocorrência das espécies capturadas por estação nas poças de maré das praias de Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE. A barra (–) indica espécie ausente. Tabela em ordem filogenética de famílias segundo NELSON (1994).

Família/Espécie	Geral		Cabo Branco		B. Mamanguape		Búzios		Pirambúzios		Paiva	
	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.
Muraenidae												
<i>Gymnothorax funebris</i>	12.00	10.00	20.00	10.00	10.00	10.00	-	20.00	10.00	-	10.00	20.00
<i>Gymnothorax vicinus</i>	4.00	4.00	10.00	10.00	-	-	-	-	-	-	10.00	10.00
Ophichthidae												
<i>Myrichthys</i> sp.	4.00	6.00	10.00	-	-	-	-	20.00	-	-	10.00	10.00
<i>Myrichthys ocellatus</i>	2.00	6.00	10.00	10.00	-	-	-	10.00	-	10.00	-	-
Synodontidae												
<i>Synodus</i> sp.	2.00	-	-	-	-	-	-	-	10.00	-	-	-
Batrachoididae												
<i>Thalassophryne nattereri</i>	6.00	4.00	-	-	-	10.00	-	-	10.00	-	10.00	20.00
Mugilidae												
<i>Mugil curema</i>	14.00	14.00	10.00	10.00	30.00	40.00	10.00	10.00	-	10.00	-	20.00
<i>Mugil</i> sp.	6.00	-	-	-	20.00	-	-	-	10.00	-	-	-
Holocentridae												
<i>Holocentrus adscensionis</i>	16.00	2.00	20.00	20.00	10.00	-	30.00	10.00	-	-	10.00	20.00
Scorpaenidae												
<i>Scorpaena plumieri</i>	0.00	2.00	-	-	-	10.00	-	-	-	-	-	-
Serranidae												
<i>Epinephelus adscensionis</i>	22.00	14.00	50.00	20.00	10.00	10.00	10.00	10.00	-	-	30.00	40.00
<i>Epinephelus itajara</i>	0.00	2.00	-	-	-	10.00	-	-	-	-	-	-
Apogonidae												
<i>Apogon americanus</i>	12.00	12.00	20.00	20.00	-	-	10.00	10.00	-	-	30.00	30.00
<i>Apogon pseudomaculatus</i>	4.00	4.00	-	-	-	-	10.00	-	-	-	20.00	10.00

Tabela XI (Continuação)

<i>Phaeoptyx pigmentaria</i>	2.00	8.00	-	-	-	-	-	20.00	-	-	20.00	10.00
Lutjanidae												
<i>Ocyurus chrysurus</i>	2.00	2.00	-	-	-	-	10.00	-	-	10.00	-	-
<i>Lutjanus alexandrei</i>	32.00	14.00	50.00	40.00	30.00	20.00	30.00	10.00	20.00	0.00	-	30.00
<i>Lutjanus jocu</i>	18.00	10.00	30.00	20.00	20.00	10.00	20.00	10.00	20.00	10.00	-	-
Haemulidae												
<i>Anisotremus surinamensis</i>	14.00	12.00	20.00	20.00	-	-	30.00	10.00	10.00	20.00	10.00	10.00
<i>Anisotremus virginicus</i>	10.00	4.00	10.00	10.00	-	-	10.00	10.00	10.00	-	-	20.00
<i>Haemulon parra</i>	42.00	24.00	30.00	30.00	30.00	30.00	70.00	20.00	30.00	10.00	30.00	50.00
<i>Haemulon steindachneri</i>	2.00	2.00	10.00	10.00	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Haemulon sp.</i>	2.00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10.00
Sciaenidae												
<i>Pareques acuminatus</i>	10.00	10.00	10.00	20.00	-	-	10.00	20.00	20.00	-	10.00	10.00
Chaetodontidae												
<i>Chaetodon ocellatus</i>	10.00	4.00	10.00	-	10.00	10.00	10.00	10.00	-	-	-	20.00
Pomacanthidae												
<i>Holacanthus tricolor</i>	0.00	4.00	10.00	-	-	-	-	20.00	-	-	-	-
<i>Pomacanthus paru</i>	10.00	6.00	-	-	-	10.00	40.00	20.00	-	-	-	-
Pomacentridae												
<i>Abudefduf saxatilis</i>	62.00	50.00	90.00	50.00	70.00	80.00	60.00	40.00	60.00	70.00	10.00	30.00
<i>Stegastes fuscus</i>	66.00	64.00	40.00	30.00	70.00	80.00	60.00	50.00	60.00	60.00	90.00	100.00
<i>Stegastes variabilis</i>	74.00	68.00	70.00	80.00	60.00	80.00	100.00	80.00	60.00	20.00	70.00	80.00
Labridae												
<i>Halichoeres sp.</i>	10.00	-	-	-	-	-	40.00	-	10.00	-	-	-
<i>Halichoeres poeyi</i>	6.00	6.00	10.00	20.00	-	-	10.00	-	10.00	-	10.00	-

Tabela XI. (Continuação)

Scaridae												
<i>Sparisoma axillari</i>	16.00	14.00	30.00	20.00	-	10.00	20.00	30.00	20.00	-	10.00	10.00
<i>Sparisoma radians</i>	12.00	18.00	30.00	30.00	-	-	10.00	50.00	10.00	-	10.00	10.00
Blenniidae												
<i>Ophioblennius trinitatis</i>	4.00	-	10.00	-	-	-	10.00	-	-	-	-	-
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	32.00	26.00	40.00	40.00	70.00	30.00	40.00	30.00	10.00	30.00	-	-
<i>Parablennius sp.</i>	12.00	12.00	40.00	10.00	-	20.00	20.00	30.00	-	-	-	-
<i>Scartella cristata</i>	54.00	50.00	90.00	60.00	80.00	70.00	30.00	50.00	30.00	30.00	30.00	40.00
Labrisomidae												
<i>Labrisomus cricota</i>	34.00	32.00	40.00	50.00	50.00	40.00	10.00	20.00	-	-	40.00	70.00
<i>Labrisomus kalisheriae</i>	24.00	24.00	20.00	20.00	30.00	30.00	40.00	30.00	10.00	20.00	20.00	20.00
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	68.00	66.00	50.00	60.00	90.00	80.00	70.00	50.00	60.00	50.00	90.00	70.00
<i>Malacoctenus delalandii</i>	42.00	38.00	20.00	20.00	60.00	50.00	30.00	50.00	30.00	30.00	30.00	70.00
Gobiesocidae												
<i>Gobiesox barbatulus</i>	2.00	-	-	-	-	-	10.00	-	-	-	-	-
Gobiidae												
<i>Bathygobius geminatus</i>	82.00	72.00	70.00	60.00	90.00	80.00	100.00	60.00	90.00	90.00	70.00	60.00
<i>Bathygobius soporator</i>	78.00	74.00	70.00	80.00	90.00	70.00	80.00	60.00	80.00	80.00	80.00	70.00
<i>Ctenogobius boleosoma</i>	18.00	14.00	20.00	20.00	30.00	10.00	30.00	20.00	10.00	20.00	-	-
Acanthuridae												
<i>Acanthurus bahianus</i>	14.00	12.00	-	20.00	-	-	60.00	40.00	10.00	-	-	-
<i>Acanthurus chirurgus</i>	16.00	16.00	10.00	30.00	-	-	60.00	50.00	10.00	-	-	-
<i>Acanthurus coeruleus</i>	14.00	10.00	10.00	20.00	-	-	30.00	30.00	30.00	-	-	-
Tetraodontidae												
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	6.00	2.00	-	-	10.00	-	10.00	10.00	-	-	-	10.00
<i>Sphoeroides testudineus</i>	10.00	6.00	20.00	20.00	10.00	10.00	10.00	-	-	-	-	10.00
Diodontidae												
<i>Diodon holacanthus</i>	4.00	10.00	-	10.00	10.00	20.00	-	10.00	-	-	10.00	10.00

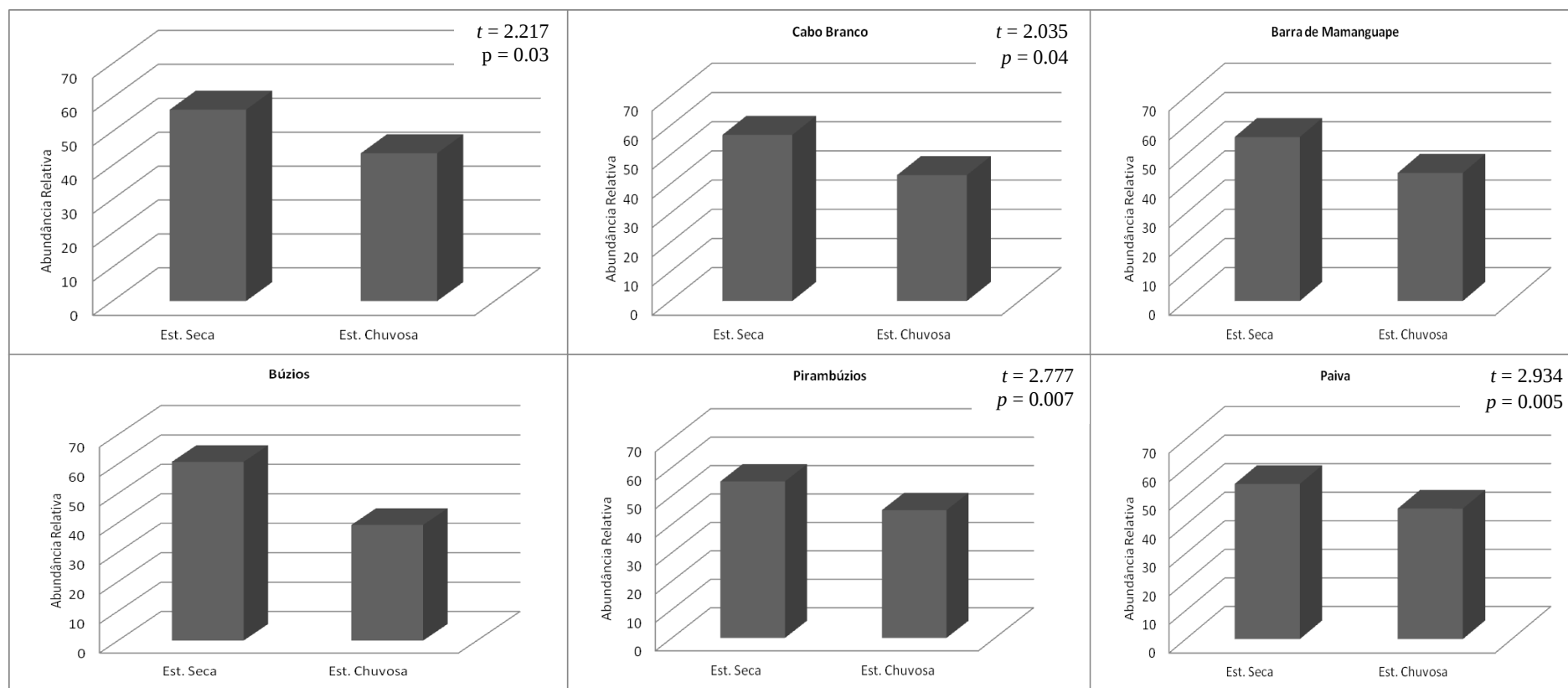


Figura 23. Abundância relativa por estação (seca x chuvosa) nas poças de maré amostradas do Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios, PZ e Paiva - PE.

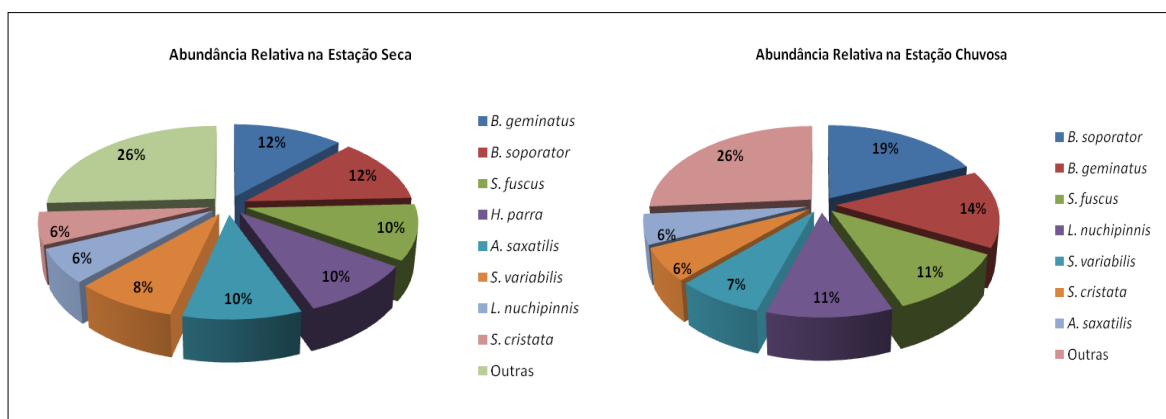


Figura 24. Abundância relativa total das espécies amostradas nas poças de maré na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

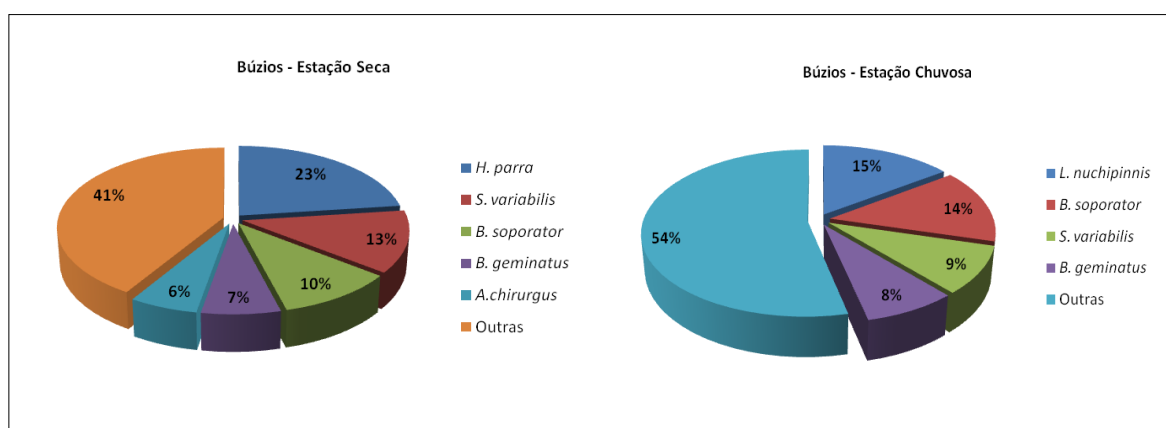


Figura 25. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré em Búzios-RN nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

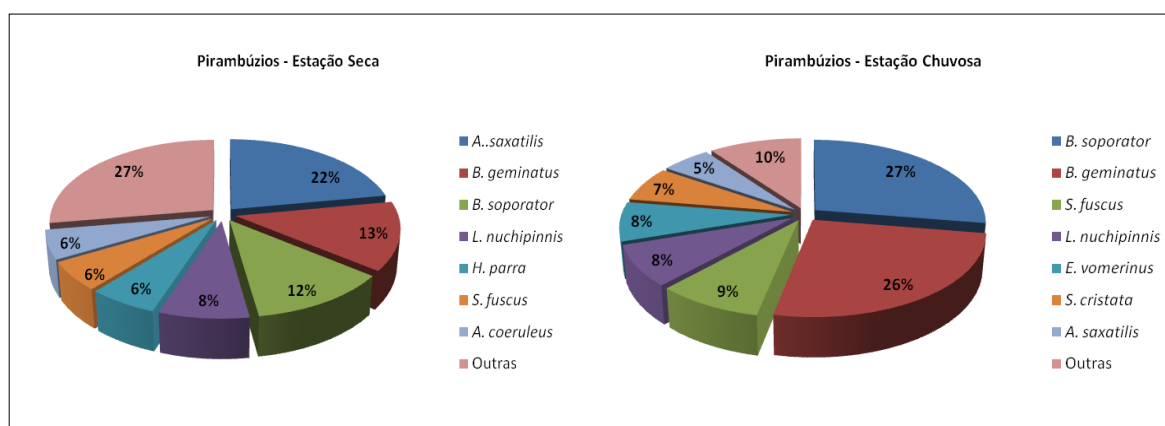


Figura 26. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré em Pirambúzios-RN nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

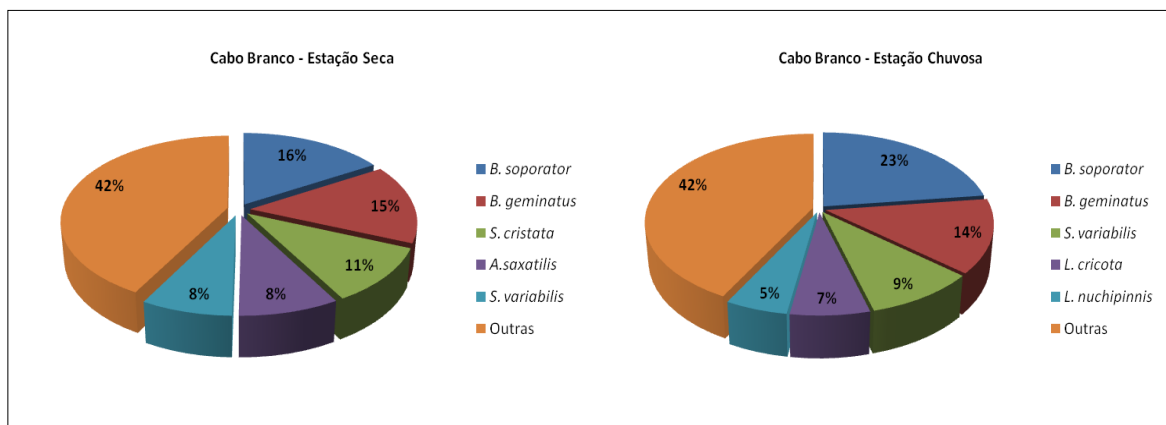


Figura 27. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré do Cabo Branco-PB nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

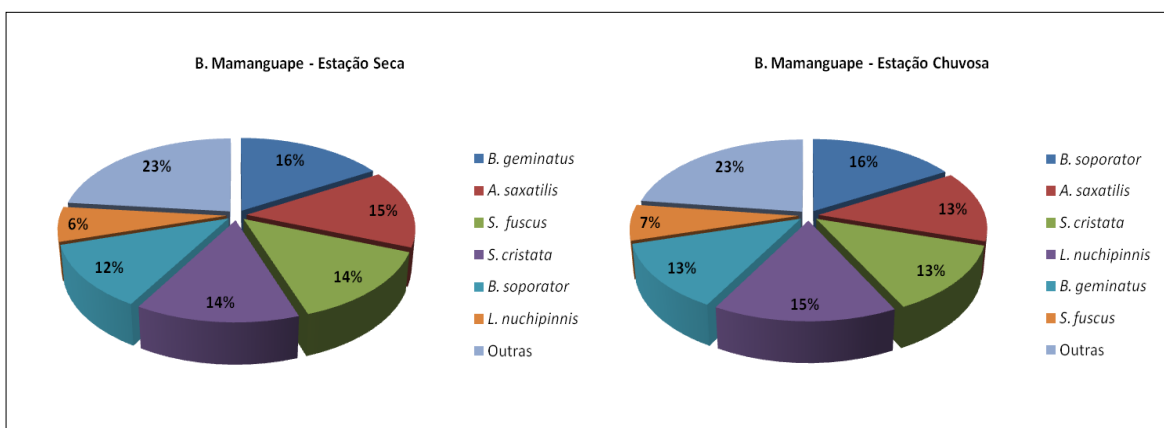


Figura 28. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré de Barra de Mamanguape - PB nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

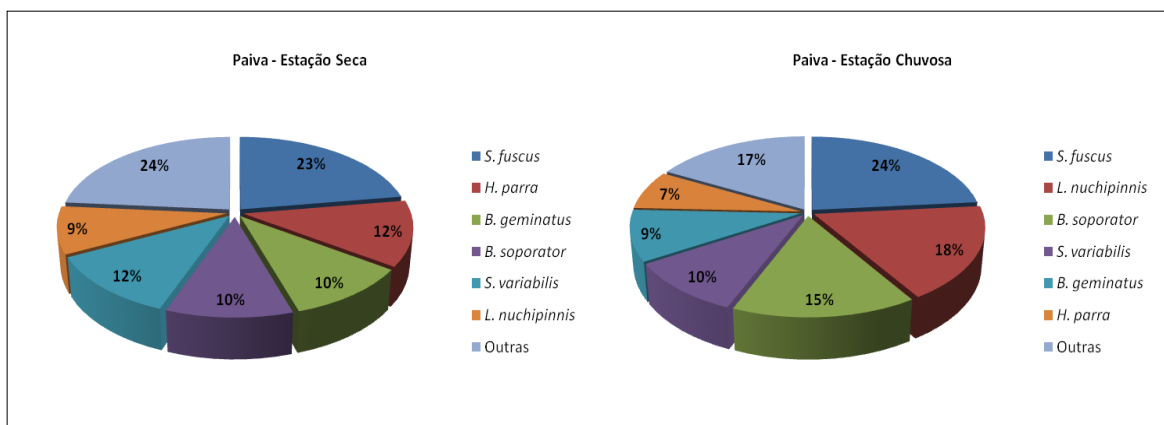


Figura 29. Abundância relativa das espécies amostradas nas poças de maré do Paiva-PE nas estações seca e chuvosa. As espécies representadas pela categoria "Outras" estão discriminadas na Tabela X.

A ANOSIM sugeriu diferenças significativas na diversidade de espécies entre as estações seca e chuvosa, mas com sobreposição de grupos ($R = 0.55$) (Figura 30). Quando analisada a contribuição individual das espécies, a análise SIMPER revelou uma dissimilaridade de 62.85% entre as estações seca e chuvosa. As espécies que mais contribuíram para esta dissimilaridade foram *B. soporator* (7.52%), *S. fuscus* (7.32%), *B. geminatus* (7.17%), *A. saxatilis* (6.59%), *S. cristata* (6.12%), *S. variabilis* (5.99%), *H. parra* (5.93). As maiores dissimilaridades entre as estações seca e chuvosa foram encontradas nas poças de maré de Búzios e Pirambúzios (64.81 e 62.31%, respectivamente). Em Búzios, as espécies que mais contribuíram para a dissimilaridade encontrada foram *H. parra* (8.40%), *B. soporator* (6.06%) e *L. nuchipinnis* (5.92%); em Pirambúzios, *B. soporator* (11.34%), *A. saxatilis* (10.69%) e *B. geminatus* (9.05%) foram as espécies que mais contribuíram para a dissimilaridade detectada.

Na análise conjunta dos dados, os maiores índices de diversidade, riqueza e equitabilidade foram observados na estação seca. No entanto, quando analisados por localidade, não houve um padrão sazonal. No Cabo Branco, Paiva e Pirambúzios, os índices de diversidade e riqueza foram maiores na estação seca, enquanto que em Búzios e na Barra de Mamanguape, os maiores índices de diversidade e riqueza foram observados na estação chuvosa. Quanto à equitabilidade, a ictiofauna das poças de maré no Cabo Branco, Barra de Mamanguape, Pirambúzios e Paiva foram mais equitativas na estação seca, enquanto em Búzios a ictiofauna das poças de maré foram mais equitativas na estação chuvosa (Tabela XII). Embora variações nos valores dos índices calculados por localidade tenham ocorrido entre as estações seca e chuvosa, diferenças estatísticas significativas não foram detectadas.

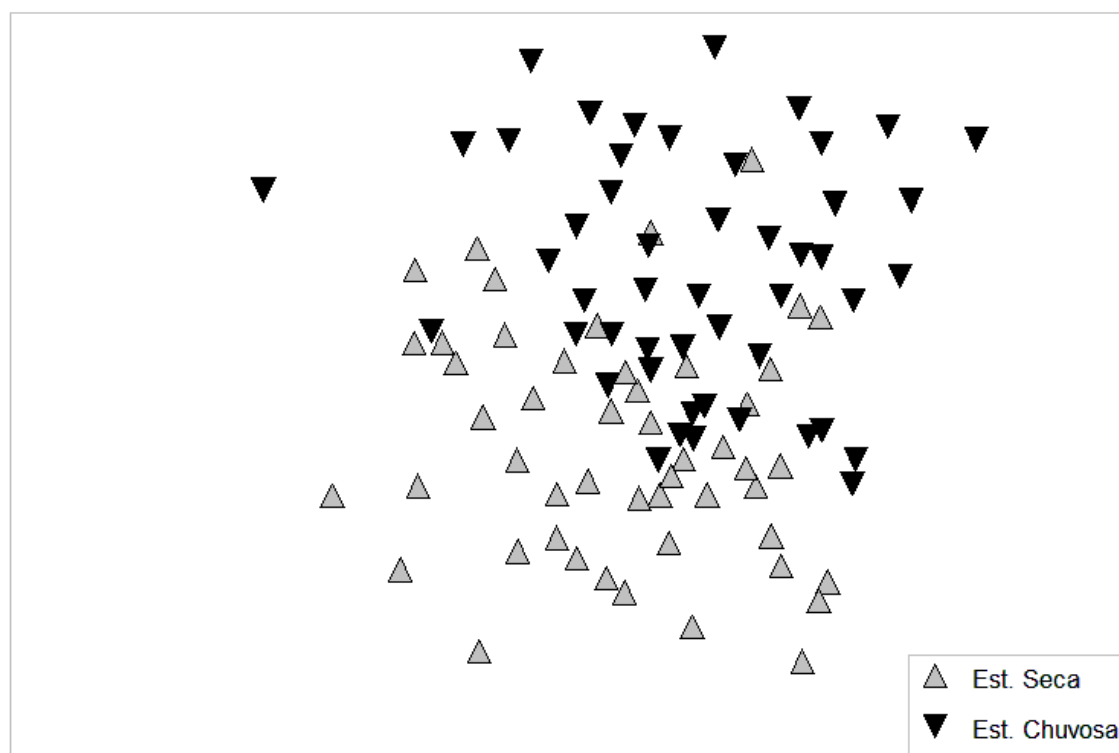


Figura 30. Análise de nMDS das espécies de peixes das poças de maré nas estações seca e chuvosa amostradas no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Tabela XII. Número de espécies (S), número de indivíduos (N), índice de riqueza (d), equitabilidade (J'), diversidade de Shannon (H'), porcentagem de dissimilaridade (D%), gerais e por localidade amostrada, nas estações seca e chuvosa. CB: Cabo Branco; BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; PZ: Pirambúzios; PA: Paiva.

	Geral		CB		BM		BZ		PZ		PA	
	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.
S	49	46	37	35	24	27	38	37	28	17	32	26
N	2031	1555	380	288	420	328	453	293	338	276	440	370
d	6.302	6.123	6.060	6.004	3.808	4.488	6.050	6.338	4.637	2.847	5.093	4.228
J'	0.757	0.729	0.804	0.803	0.784	0.758	0.774	0.839	0.792	0.738	0.736	0.714
H'	2.947	2.792	2.903	2.857	2.493	2.501	2.819	3.031	2.640	2.092	2.554	2.328
D%	62.85		61.30		48.29		64.81		62.31		53.72	

Com relação à todas as classes de tamanho analisadas, foi observado uma maior abundância de indivíduos na estação seca, exceto pela classe de tamanho 6.0 - 7.9 cm (Figura 31) (Tabela XIII). Analisando separadamente cada classe de tamanho, encontradas diferenças significativas entre as abundâncias na estação seca e chuvosa nas classes de tamanho < 2.0 cm ($t = 2.44$; $p = 0.03$) e 2.0 - 3.9 cm ($t = 3.37$; $p = 0.001$).

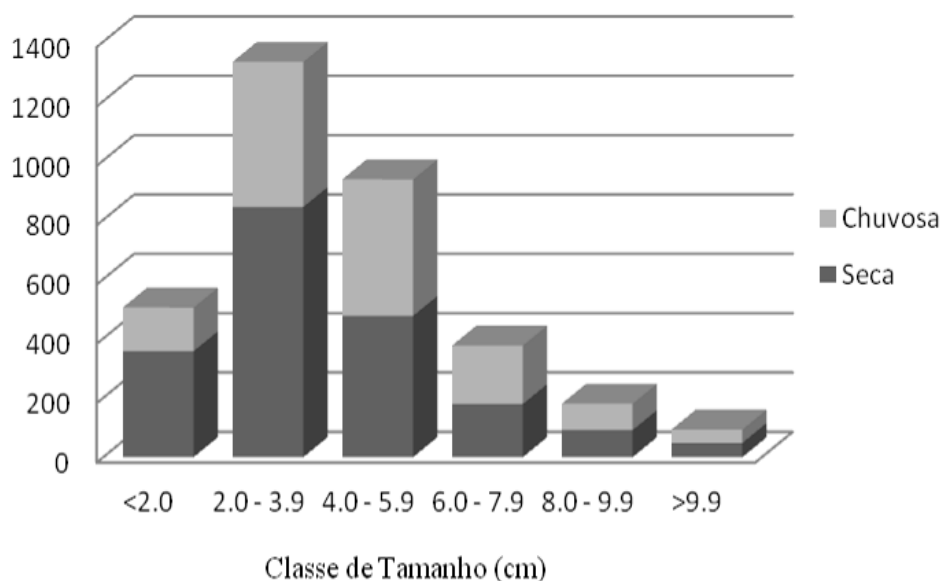


Figura 31. Número de indivíduos por classe de tamanho e estação (seca x chuvosa) capturados nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

Tabela XIII. Número de indivíduos em cada classe de tamanho (cm) registrada por estação (seca x chuvosa), das espécies capturadas nas poças de maré no Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE.

	Classe de Tamanho (cm)											
	<2.0		2.0 - 3.9		4.0 - 5.9		6.0 - 7.9		8.0 - 9.9		>9.9	
	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.	Seca	Chuv.
<i>Gymnothorax funebris</i>	-	-	-	-	-	-	1	-	2	1	3	4
<i>Gymnothorax vicinus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2
<i>Myrichthys</i> sp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	2
<i>Myrichthys ocellatus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	2
<i>Synodus</i> sp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
<i>Thalassophryne nattereri</i>	-	-	2	2	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mugil curema</i>	-	-	13	8	9	7	-	-	-	-	-	-
<i>Mugil</i> sp.	-	-	9	-	3	-	-	-	-	-	-	-
<i>Holocentrus adscensionis</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	7	4	8	7
<i>Scorpaena plumieri</i>	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Epinephelus adscensionis</i>	-	-	-	-	1	1	2	1	8	10	2	2
<i>Epinephelus itajara</i>	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
<i>Apogon americanus</i>	-	-	-	-	6	8	4	3	-	-	-	-
<i>Apogon pseudomaculatus</i>	-	-	-	-	5	4	1	2	-	-	-	-
<i>Phaeoptyx pigmentaria</i>	-	-	2	6	-	1	-	-	-	-	-	-
<i>Ocyurus chrysurus</i>	-	-	2	-	5	1	-	-	-	-	-	-
<i>Lutjanus alexandrei</i>	-	-	5	1	25	7	2	1	-	-	-	-
<i>Lutjanus jocu</i>	-	-	2	1	11	6	2	-	-	-	-	-
<i>Anisotremus surinamensis</i>	-	-	3	1	7	3	6	2	4	1	-	-
<i>Anisotremus virginicus</i>	-	-	7	2	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Haemulon parra</i>	-	-	88	18	91	22	4	2	-	-	-	-
<i>Haemulon steindachneri</i>	-	-	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Haemulon</i> sp.	-	-	3	-	2	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pareques acuminatus</i>	2	5	2	4	-	2	-	-	1	-	2	4

Tabela XIII (Continuação)

<i>Chaetodon ocellatus</i>	-	-	4	2	3	-	-	-	-	-	-	-
<i>Holacanthus tricolor</i>	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pomacanthus paru</i>	1	2	4	5	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Abudefduf saxatilis</i>	70	15	89	25	10	16	4	6	2	3	-	-
<i>Stegastes fuscus</i>	-	-	91	49	54	33	41	84	-	-	-	-
<i>Stegastes variabilis</i>	86	24	28	21	26	44	15	10	13	16	-	-
<i>Halichoeres</i> sp.	-	-	10	-	6	-	-	-	-	-	-	-
<i>Halichoeres poeyi</i>	-	-	3	3	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Sparisoma axillari</i>	-	3	5	10	9	5	-	-	-	-	-	-
<i>Sparisoma radians</i>	3	2	4	6	2	1	-	-	-	-	-	-
<i>Ophioblennius trinitatis</i>	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	-	-	15	11	8	21	5	-	-	-	-	-
<i>Parablennius</i> sp.	6	3	11	8	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Scartella cristata</i>	26	13	84	55	4	26	-	-	-	-	-	-
<i>Labrisomus cricota</i>	-	-	6	11	8	4	13	7	5	4	-	-
<i>Labrisomus kalisherae</i>	3	-	6	3	7	6	2	6	-	-	-	-
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	-	-	20	5	44	76	26	43	20	31	17	13
<i>Malacoctenus delalandii</i>	-	-	24	21	16	14	5	-	-	-	-	-
<i>Gobiesox barbatulus</i>	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Bathygobius geminatus</i>	95	53	120	85	27	84	4	-	2	-	-	-
<i>Bathygobius soporator</i>	65	25	103	92	55	50	40	29	27	17	-	-
<i>Ctenogobius boleosoma</i>	-	-	17	10	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Acanthurus bahianus</i>	-	-	19	10	4	2	-	-	-	-	-	-
<i>Acanthurus chirurgus</i>	-	-	25	10	11	5	-	-	-	-	-	-
<i>Acanthurus coeruleus</i>	-	-	14	2	13	11	2	-	-	-	-	-
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1
<i>Sphoeroides testudineus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	3
<i>Diodon holacanthus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	5

IV.2.3 Categorias Ecológicas

A análise das categorias ecológicas revelou a dominância de espécies residentes, crípticas e predadoras de invertebrados móveis (Tabela XIV e Tabela XV) (Figura 32).

A ictiofauna amostrada na estação seca é formada predominantemente por espécies secundárias, à exceção da Barra de Mamanguape, onde houve a predominância de espécies residentes (Figura 33). Na estação chuvosa houve a predominância de espécies residentes, exceto no Cabo Branco, onde foi observada o predomínio de espécies secundárias. Em termos de abundância, em nenhuma das localidades estudadas foram observadas diferenças estatísticas significativas quanto à residência entre as estações seca e chuvosa.

Com relação ao hábito, foi detectada a predominância de espécies crípticas na estação chuvosa em todas as localidades amostradas. No entanto, não foi observado um padrão na estação seca (Figura 34). Em Pirambúzios, Barra de Mamanguape e Cabo Branco, a categoria formada por espécies de hábito críptico apresentou a maior abundância relativa na estação seca, ao passo que em Búzios a maior abundância foi observada para a categoria Vagante. No Paiva, o conjunto de espécies com hábito vagante apresentou a maior abundância relativa na estação seca. Em Pirambúzios foram detectadas diferenças estatísticas significativas na abundância relativa da categoria Vagante entre as estações seca e chuvosa ($t = 3.020$; $p = 0.005$).

Quanto ao grupo trófico, a proporção de indivíduos carnívoros, sobretudo predadores de invertebrados móveis foi expressiva em Búzios, Pirambúzios, Barra de Mamanguape e Cabo Branco, em ambas as estações (Figura 35). Apenas no Paiva, a categoria trófica formada por espécies territoriais que se alimentam de algas e restos orgânicos apresentou a maior abundância relativa nas estações seca e chuvosa. Em nenhuma das localidades estudadas foram observadas diferenças estatísticas significativas quanto às categorias tróficas entre as estações seca e chuvosa.

Tabela XIV. Classificação das espécies observadas nas poças de maré amostradas na Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB, Búzios - RN, Pirambúzios - RN e Paiva - PE em relação às categorias ecológicas. I: Indeterminado; OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.

Espécies	Residência	Grupo Trófico	Hábito
<i>Gymnothorax funebris</i>	RES	C	SED
<i>Gymnothorax vicinus</i>	RES	C	SED
<i>Myrichthys</i> sp.	I	PM	I
<i>Myrichthys ocellatus</i>	SEC	PM	SED
<i>Synodus</i> sp.	I	P	I
<i>Thalassophryne nattereri</i>	SEC	C	CRI
<i>Mugil curema</i>	SEC	PL	VAG
<i>Mugil</i> sp.	I	PL	I
<i>Holocentrus adscensionis</i>	SEC	PM	CRI
<i>Epinephelus adscensionis</i>	SEC	C	SED
<i>Epinephelus itajara</i>	SEC	C	SED
<i>Apogon americanus</i>	OCA	PL	SED
<i>Apogon pseudomaculatus</i>	OCA	PL	SED
<i>Phaeoptyx pigmentaria</i>	SEC	PL	SED
<i>Ocyurus chrysurus</i>	SEC	C	VAG
<i>Lutjanus alexandrei</i>	SEC	C	VAG
<i>Lutjanus jocu</i>	SEC	C	VAG
<i>Anisotremus surinamensis</i>	SEC	PM	VAG
<i>Anisotremus virginicus</i>	SEC	PM/LIM	VAG
<i>Haemulon parra</i>	SEC	C	VAG
<i>Haemulon steindachneri</i>	SEC	C	VAG
<i>Haemulon</i> sp.	I	C	I
<i>Pareques acuminatus</i>	SEC	PM	SED
<i>Chaetodon ocellatus</i>	SEC	PS	SED
<i>Holacanthus tricolor</i>	SEC	PS	SED
<i>Pomacanthus paru</i>	SEC	O/LIM	SED
<i>Abudefduf saxatilis</i>	SEC	O	SED
<i>Stegastes fuscus</i>	RES	HT/D	SED
<i>Stegastes variabilis</i>	SEC	HT/D	SED
<i>Halichoeres</i> sp.	I	PM	I

Tabela XIV (Continuação)

<i>Halichoeres poeyi</i>	SEC	PM	VAG
<i>Sparisoma axillari</i>	SEC	HM/D	VAG
<i>Sparisoma radians</i>	SEC	HM/D	VAG
<i>Ophioblennius trinitatis</i>	RES	HM/D	CRI
<i>Entomacrodus vomerinus</i>	RES	HM/D	CRI
<i>Parablennius</i> sp.	I	D	I
<i>Scartella cristata</i>	RES	PM	CRI
<i>Labrisomus cricota</i>	RES	C	CRI
<i>Labrisomus kalisherae</i>	RES	C	CRI
<i>Labrisomus nuchipinnis</i>	RES	C	CRI
<i>Malacoctenus delalandii</i>	RES	PM	CRI
<i>Gobiesox barbatulus</i>	SEC	PM	CRI
<i>Bathygobius geminatus</i>	RES	PM	CRI
<i>Bathygobius soporator</i>	RES	PM	CRI
<i>Ctenogobius boleosoma</i>	RES	PM	CRI
<i>Acanthurus bahianus</i>	SEC	HM/D	VAG
<i>Acanthurus chirurgus</i>	SEC	HM/D	VAG
<i>Acanthurus coeruleus</i>	SEC	HM/D	VAG
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	SEC	PM	VAG
<i>Sphoeroides testudineus</i>	SEC	PM	VAG
<i>Diodon holacanthus</i>	OCA	PM	VAG

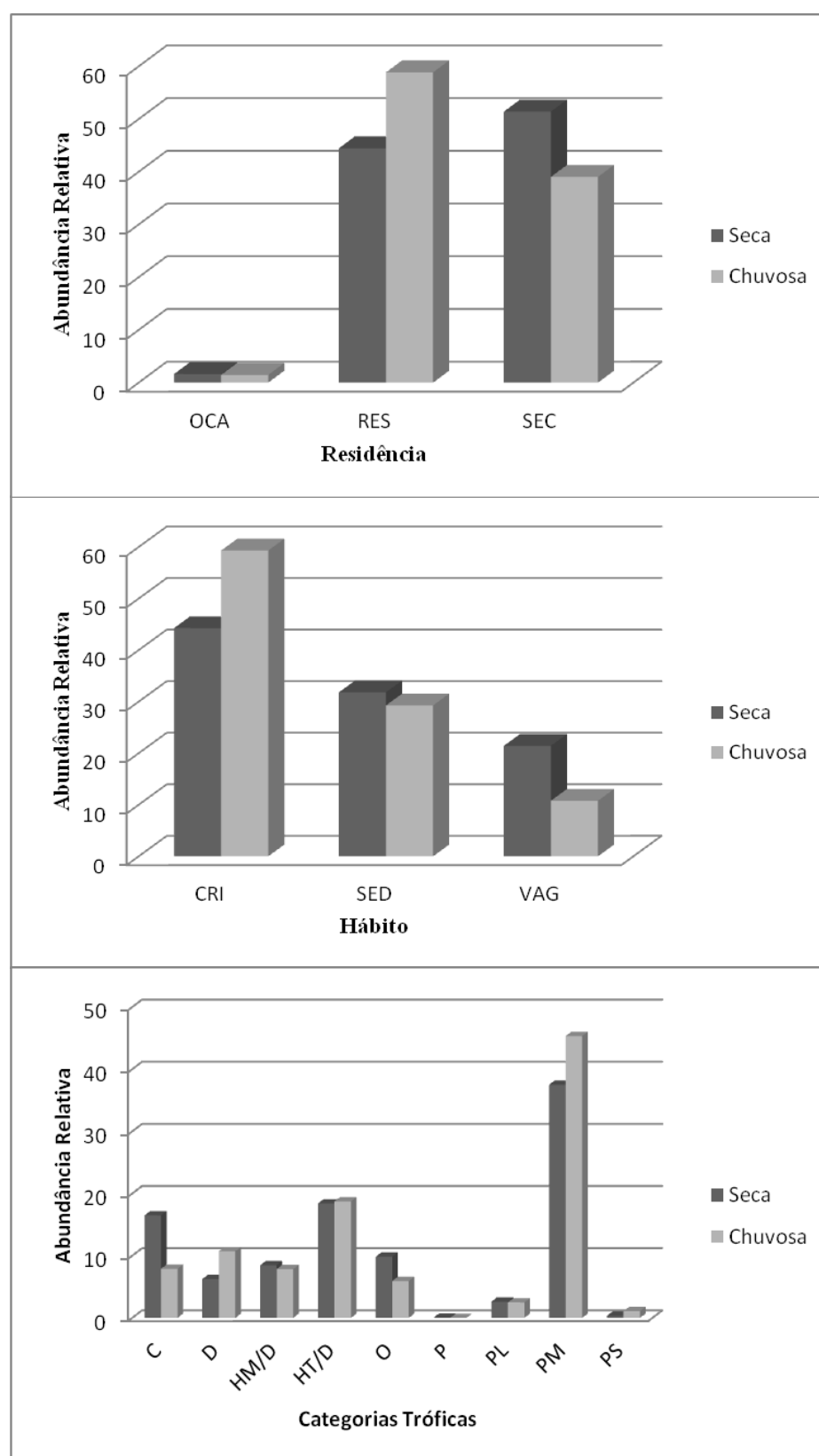


Figura 32. Abundância relativa (%) das categorias ecológicas nas estações seca e chuvosa. OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Plancívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.

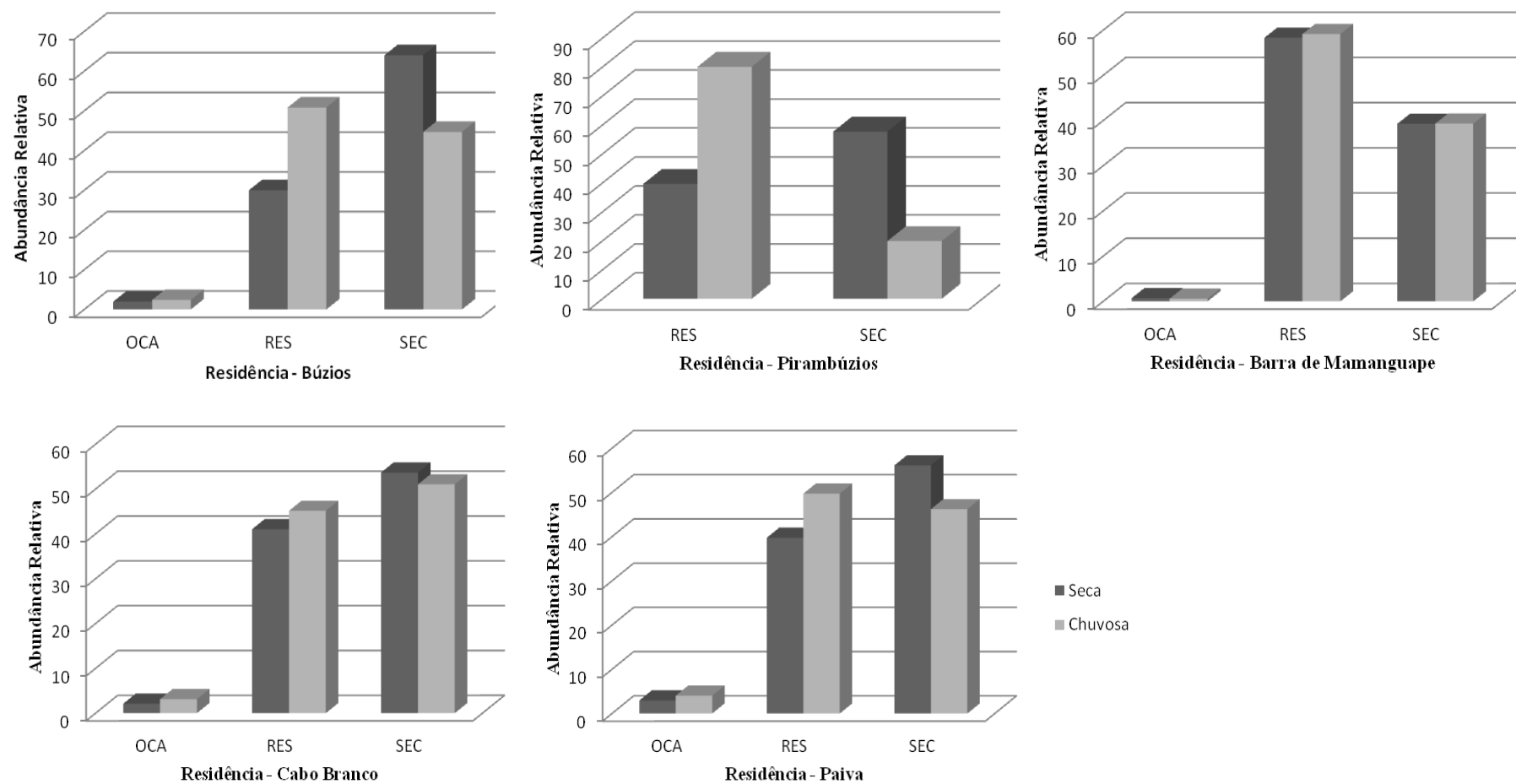


Figura 33. Abundância relativa (%) da categoria ecológica Residência nas poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios -RN, Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa. OCA: Ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário.

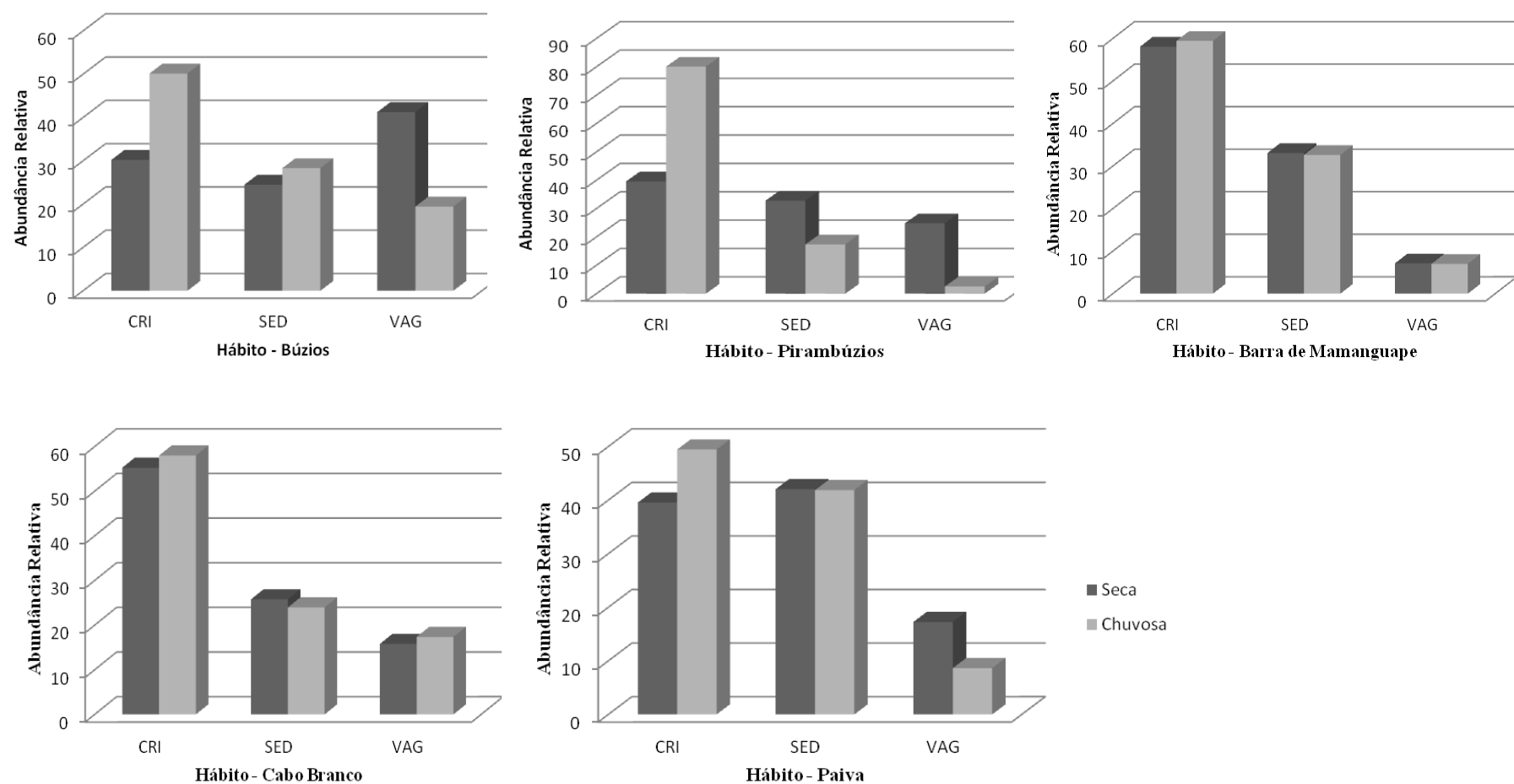


Figura 34. Abundância relativa (%) da categoria ecológica Hábito nas poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios -RN, Cabo Branco - PB, Barra de Mamanguape - PB e Paiva - PE nas estações seca e chuvosa. CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante.

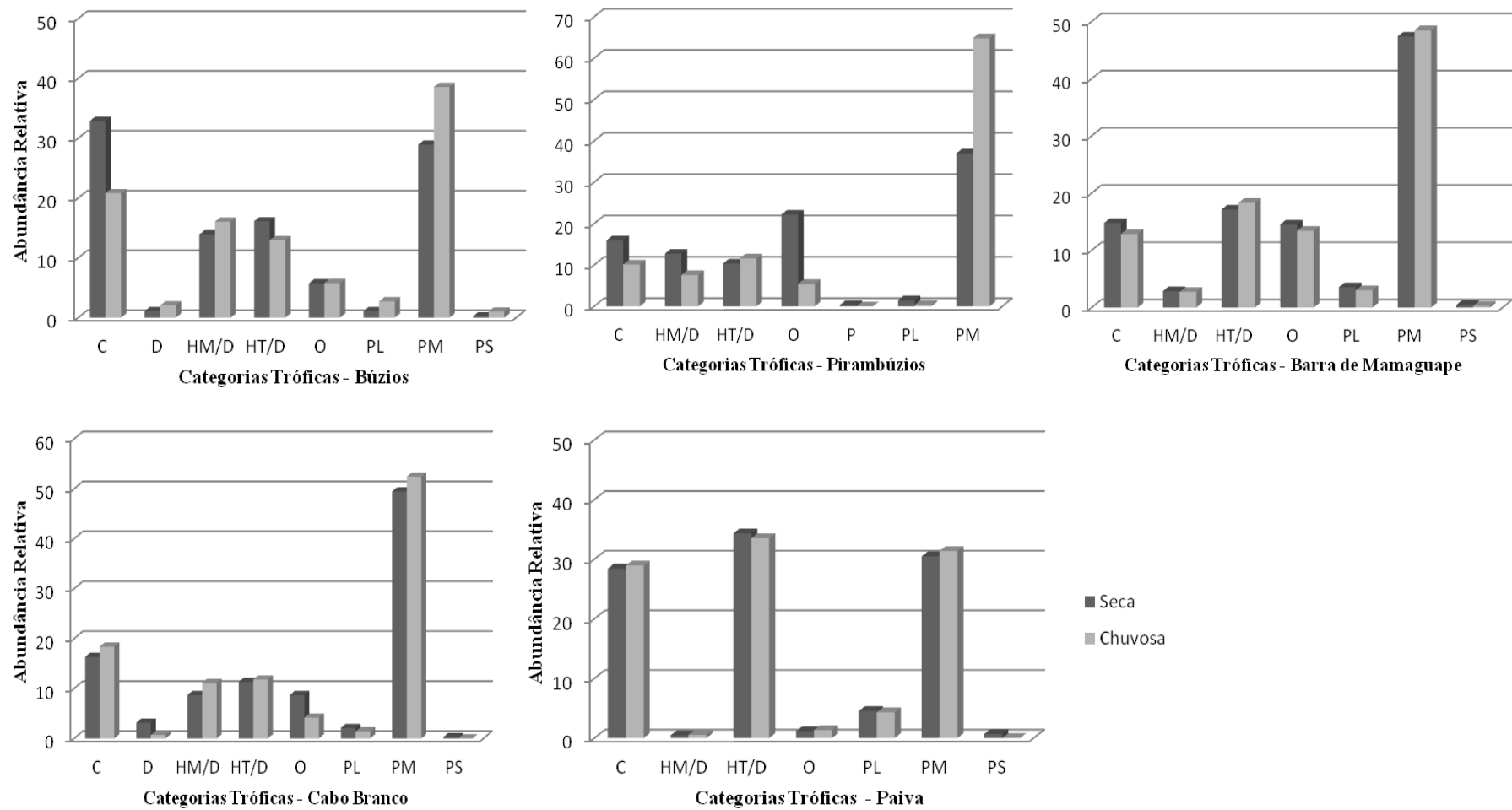


Figura 35. Abundância relativa (%) dos grupos tróficos detectados nas poças de maré nas estações seca e chuvosa. C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.

Tabela XV. Abundância relativa (%), geral e por localidade, das categorias ecológicas analisadas neste estudo nas estações seca e chuvosa. OCA: ocasional; RES: Residente; SEC: Secundário; CRI: Críptica; SED: Sedentária; VAG: Vagante; C: Carnívoros generalistas; D: Detritívoros; HM/D: Herbívoros móveis e detritívoros; HT/D: Herbívoros territoriais e detritívoros; O: Onívoros; P: Piscívoros; PL: Planctívoros; PM: Predadores de invertebrados móveis; PS: Predadores de Invertebrados sésseis.

	Geral		Búzios		Pirambúzios		B. Mamanguape		Cabo Branco		Paiva	
	Seco	Chuvoso	Seco	Chuvoso	Seco	Chuvoso	Seco	Chuvoso	Seco	Chuvoso	Seco	Chuvoso
Secundário	51.40	39.03	64.02	44.71	57.69	19.93	39.29	39.33	53.68	51.04	56.14	46.22
Ocasional	1.62	1.47	1.99	2.39	-	-	0.71	0.61	2.11	3.13	2.95	4.05
Residente	44.46	58.86	30.02	50.85	39.64	80.07	58.33	59.15	41.05	45.14	39.77	49.73
Indeterminado	2.51	0.70	3.97	2.05	2.66	-	1.67	0.91	3.16	0.69	1.14	-
Críptico	44.26	59.31	30.24	50.17	39.64	80.07	58.10	59.45	55.26	57.99	39.55	49.46
Sedentário	31.81	29.27	24.50	28.33	32.84	17.39	33.10	32.62	25.79	23.96	42.05	41.89
Vagante	21.42	10.78	41.28	19.45	24.85	2.54	7.14	7.01	15.79	17.36	17.27	8.65
Indeterminado	2.51	0.70	3.97	2.05	2.66	-	1.67	0.91	3.16	0.69	1.14	-
C	16.49	7.91	32.89	20.82	15.98	10.14	14.79	12.87	16.32	18.40	28.41	28.92
PM	37.52	45.34	28.92	38.57	36.98	64.86	47.38	48.48	49.47	52.43	30.45	31.35
P	0.05	-	-	-	0.30	-	-	-	-	-	-	-
PS	0.34	1.08	0.22	1.02	-	-	0.48	0.30	0.26	-	-	0.68
HT/D	18.41	18.75	16.11	12.97	10.36	11.59	17.14	18.29	11.32	11.81	34.32	33.51
HM/D	8.47	7.84	13.91	16.04	12.72	7.61	2.86	2.74	8.68	11.11	0.45	0.54
D	6.25	10.71	1.10	2.05	-	-	-	-	3.16	0.69	-	-
O	9.85	5.93	5.74	5.80	22.19	5.43	14.52	13.41	8.68	4.17	1.14	1.35
PL	2.61	2.49	1.10	2.73	1.48	0.36	3.57	3.05	2.11	1.39	4.55	4.32

IV.3 Influência das Variáveis Ambientais na Distribuição dos Peixes

As variáveis temperatura, salinidade, profundidade e as categorias bênticas Macroalga Verde, Macroalga Vermelha, Zoantídeo, Macroalga Parda e Granulados Litoclásticos apresentaram as maiores relações com a comunidade íctica na análise conjunta dos dados ($F\text{-ratio} = 2.169$; $p < 0.05$) (Figura 36). A salinidade influenciou fortemente a distribuição espacial das espécies *Ctenogobius boleosoma* e *Entomacrodus vomerinus*. *B. soporator* correlacionou-se com as variáveis físico-químicas salinidade e temperatura, enquanto *B. geminatus* mostrou relações positivas com a temperatura. As espécies *Holocentrus adscensionis*, *Sphoeroides testudineus* e *Epinephelus adscensionis* correlacionaram-se com a variável profundidade. As espécies *Malacoctenus delalandii*, *Thalassophryne nattereri* e *S. cristata* apresentaram correlação com a categoria bêntica Granulados Litoclásticos e com a variável salinidade, enquanto *Lutjanus jocu*, *Labrisomus cricota* e *Halichoeres poeyi* foram positivamente correlacionadas com a categoria Macroalga Vermelha. *L. nuchipinnis*, *Sparisoma radians*, *Labrisomus kalisherae*, *Acanthurus coeruleus*, *Acanthurus chirurgus*, e *Pareques acuminatus* mostraram que suas distribuições espaciais estão relacionadas à ocorrência de macroalgas verdes e vermelhas. *S. axilari* e *H. parra* relacionaram-se com a categoria bêntica Macroalga Parda e Zoantídeo, enquanto as distribuições espaciais de *A. bahianus* e *E. vomerinus* foram relacionadas à ocorrência de Macroalgas verdes e, em menor proporção, à variável salinidade. *Chaetodon ocellatus* e *S. fuscus* correlacionaram-se com zoantídeos. As espécies *B. soporator* e *S. variabilis* relacionaram-se com todas as categorias bênticas, mas suas distribuições espaciais não estiveram associadas especificamente a nenhuma categoria.

Na análise dos dados por localidade, os resultados encontrados assemelharam-se aqueles obtidos na análise conjunta, conforme mostrado nas Figuras 37 a 41.

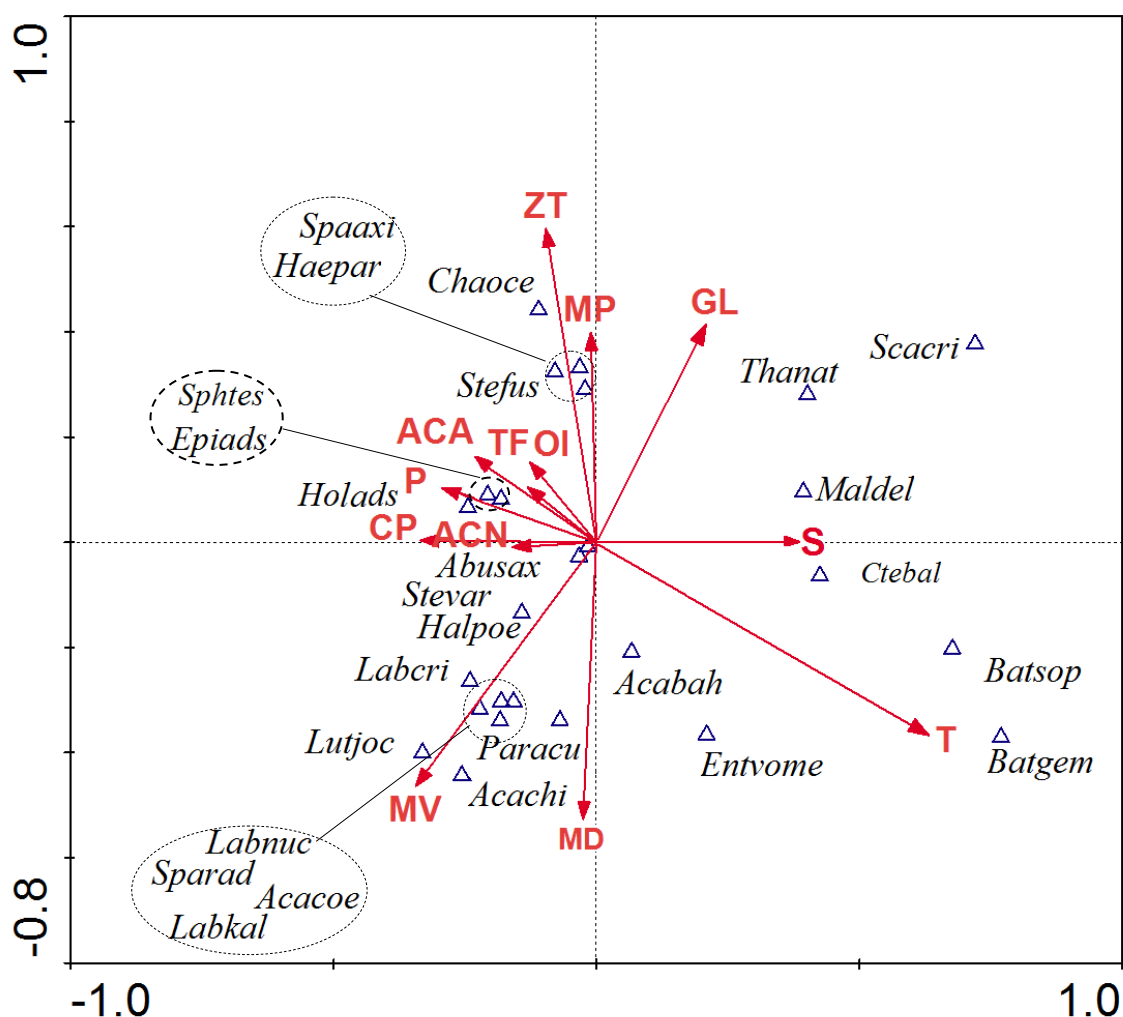


Figura 36. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Búzios - RN, Pirambúzios - RN, Barra de Mamanguape - PB, Cabo Branco - PB e Paiva - PE. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Acabah*: *A. bahianus*; *Acachi*: *A. chirurgus*; *Acacoe*: *A. coeruleus*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Chaoce*: *C. ocellatus*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Epiads*: *E. adscensionis*; *Haepar*: *H. parra*; *Halpoe*: *Halichoeres poeyi*; *Holads*: *H. adscensionis*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Lutjoc*: *L. jocu*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Paracu*: *P. acuminatus*; *Scacri*: *S. cristata*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Sphtes*: *S. testudineus*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stevar*: *S. variabilis*; *Thanat*: *T. nattereri*. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.

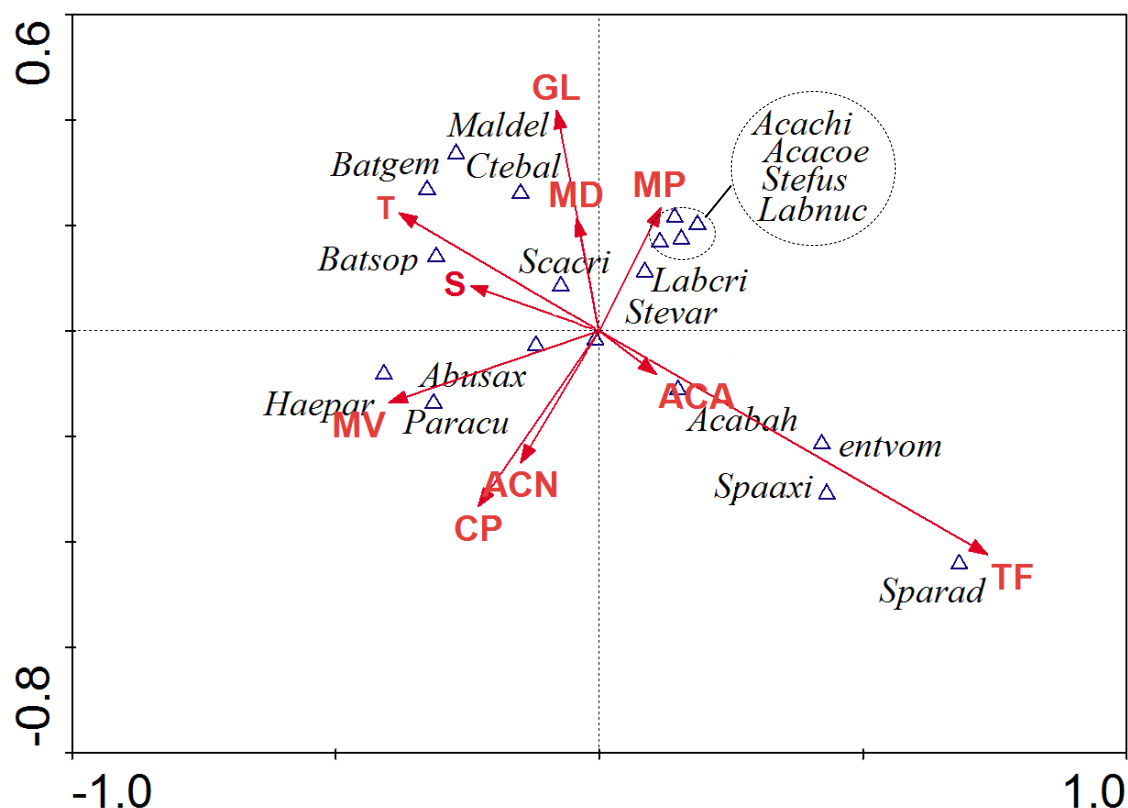


Figura 37. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Búzios - RN. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Acabah*: *A. bahianus*; *Acachi*: *A. chirurgus*; *Acacoe*: *A. coeruleus*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Haepar*: *H. parra*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Paracu*: *P. acuminatus*; *Scacri*: *S. cristata*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stevar*: *S. variabilis*. ACA: Alga Calcária Articulada; ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; TF: Turf; S: Salinidade; T: Temperatura.

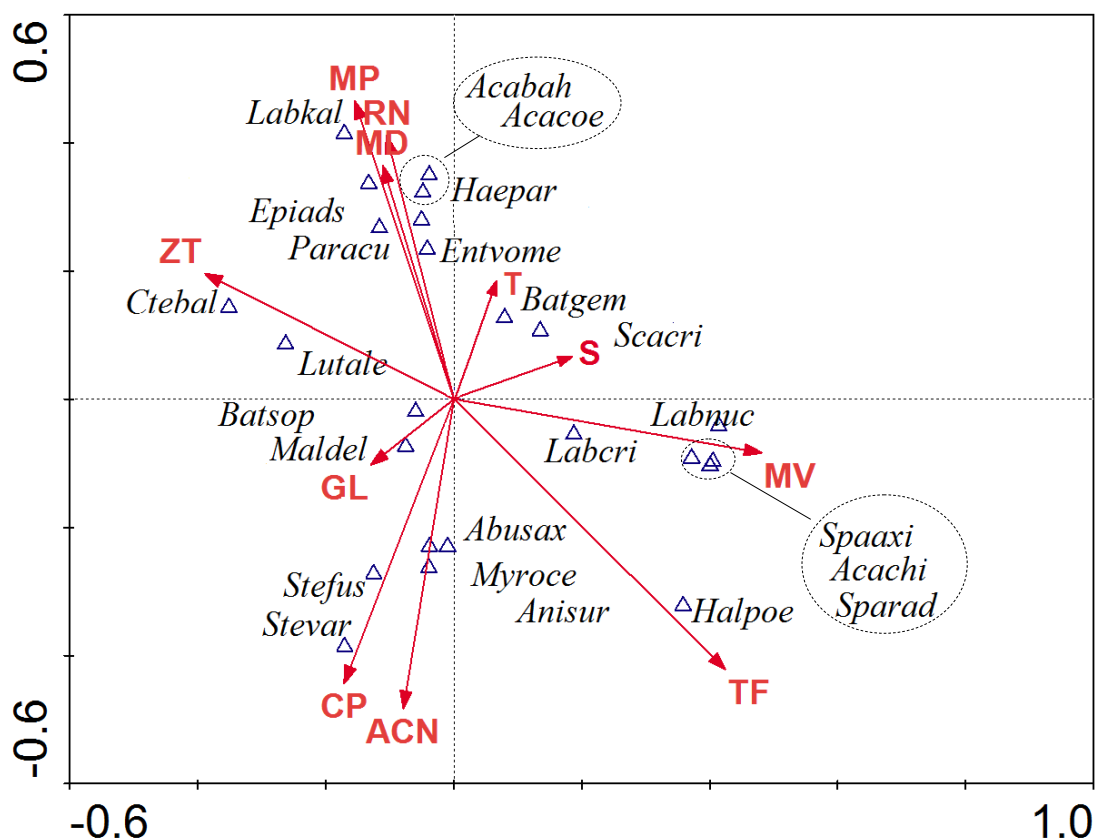


Figura 38. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré do Cabo Branco - PB. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Acabah*: *A. bahianus*; *Acachi*: *A. chirurgus*; *Acacoe*: *A. coeruleus*; *Anisur*: *A. surinamensis*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Epiads*: *E. dascensionis*; *Haepar*: *H. parra*; *Halpoe*: *Halichoeres poeyi*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Lutale*: *L. alexandrei*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Myroce*: *M. ocellatus*; *Paracu*: *P. acuminatus*; *Scacri*: *S. cristata*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stevan*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.

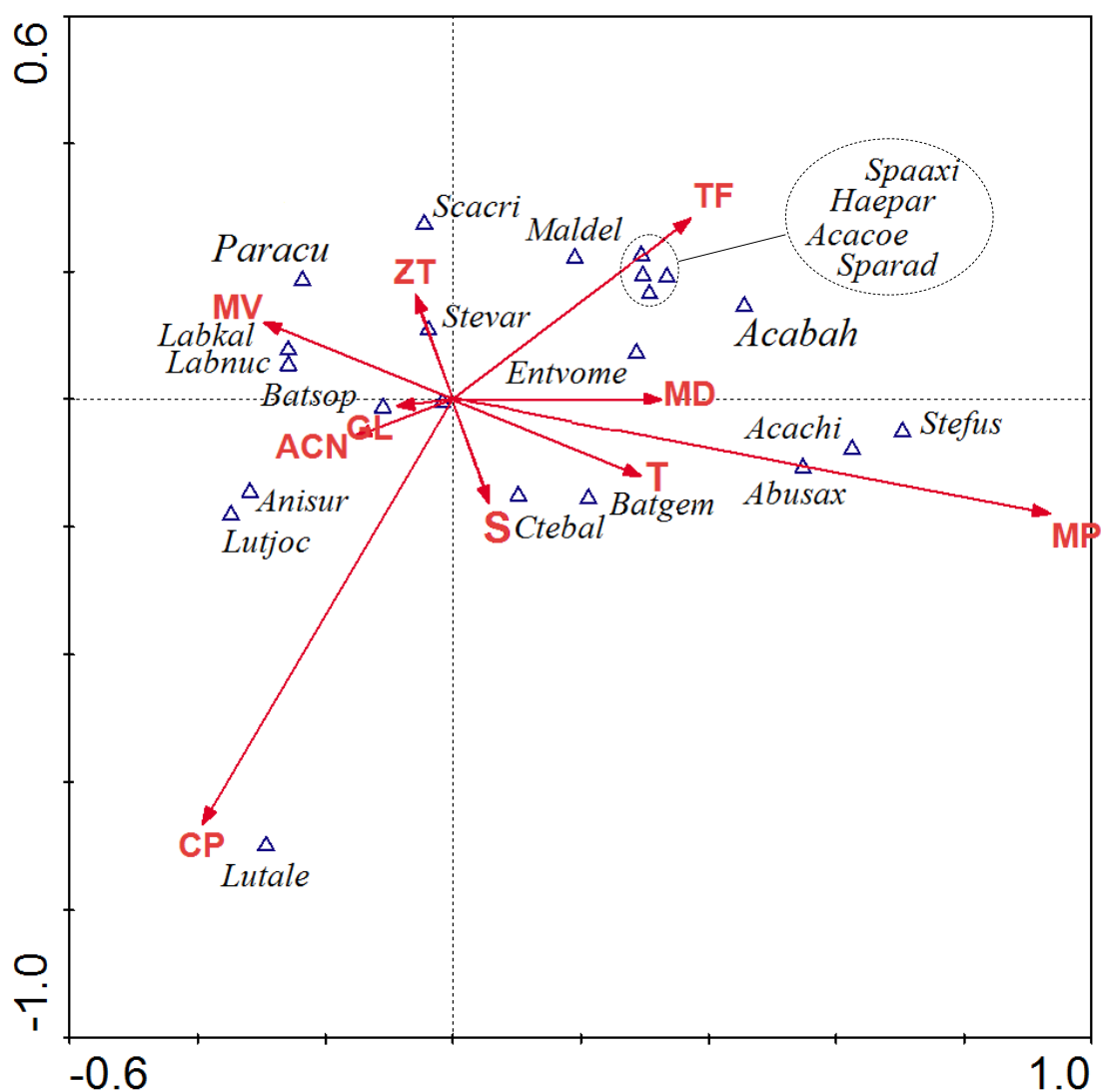


Figura 39. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré de Pirambúzios - RN. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Acabab*: *A. bahianus*; *Acachi*: *A. chirurgus*; *Acacoe*: *A. coeruleus*; *Anisur*: *A. surinamensis*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Haepar*: *H. parra*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Lutjoc*: *L. jocu*; *Lutale*: *L. alexandrei*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Paracu*: *P. acuminatus*; *Scacri*: *S. cristata*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stear*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.

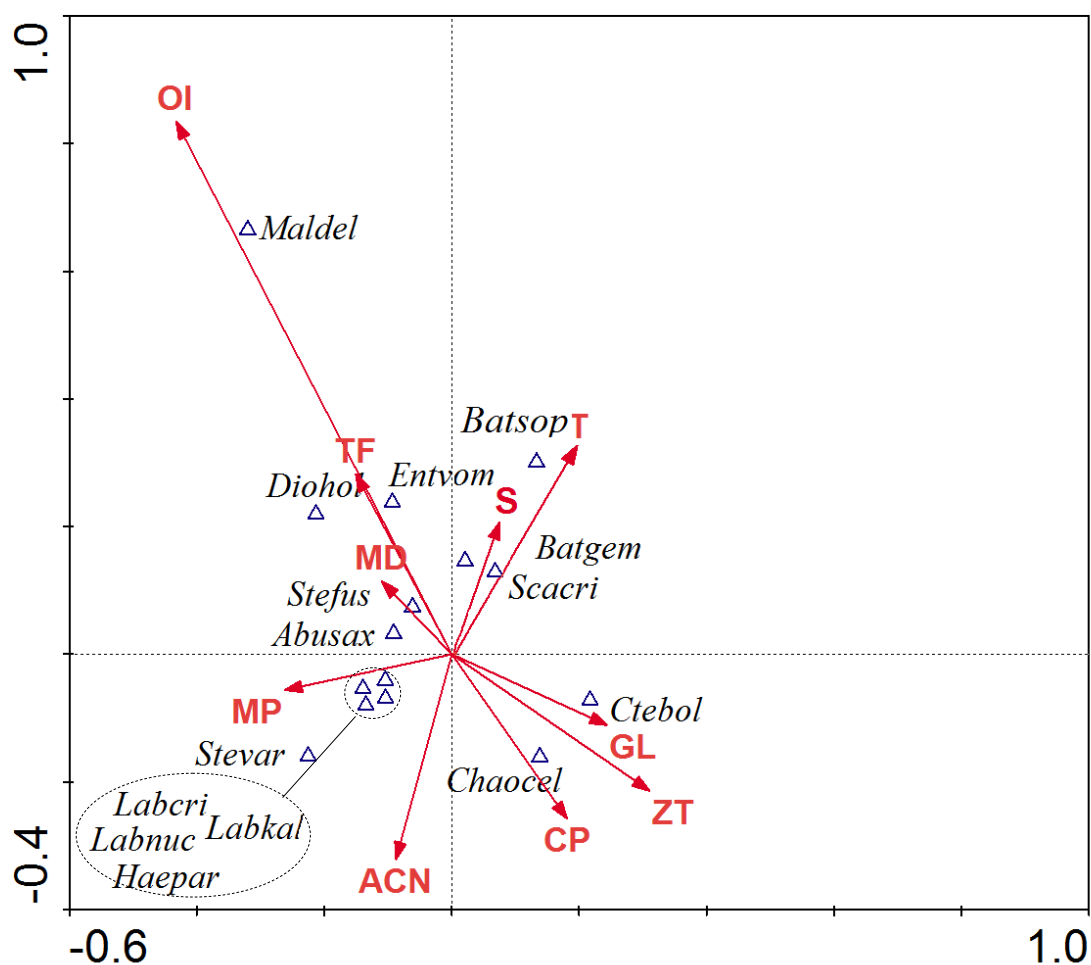


Figura 40. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré da Barra de Mamanguape - PB. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Abusax*: *A. saxatilis*; *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Chaoce*: *C. ocellatus*; *Ctebol*: *C. boleosoma*; *Diohol*: *D. holacanthus*; *Entvom*: *E. vomerinus*; *Haepar*: *H. parra*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Scacri*: *S. cristata*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stevar*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; OI: Outros Invertebrados; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.

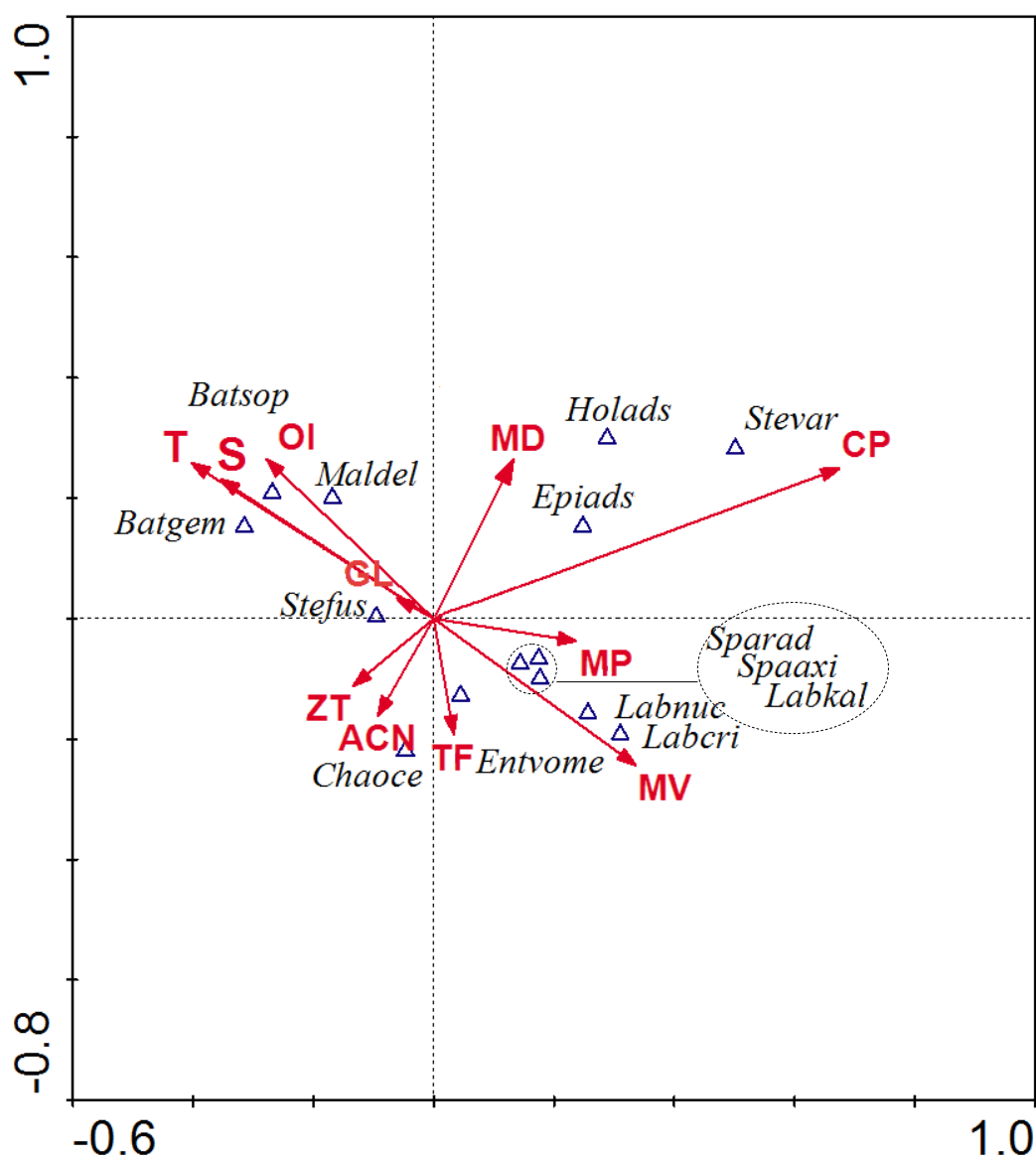


Figura 41. Diagrama de ordenação produzido pela análise de correspondência canônica para as poças de maré do Paiva - PE. As espécies estão representadas por triângulos com as respectivas abreviações de seus nomes científicos, e as variáveis ambientais, por vetores. *Batgem*: *B. geminatus*; *Batsop*: *B. soporator*; *Chaoce*: *C. ocellatus*; *Entvome*: *E. vomerinus*; *Epiads*: *E. adscensionis*; *Holads*: *H. adscensionis*; *Labcri*: *L. cricota*; *Labkal*: *L. kalisherae*; *Labnuc*: *L. nuchipinnis*; *Maldel*: *M. delalandii*; *Spaaxi*: *S. axilari*; *Sparad*: *S. radians*; *Stefus*: *S. fuscus*; *Stevar*: *S. variabilis*. ACN: Alga Calcária Não Articulada; CP: Coral Pétreo; GL: Granulados Litoclásticos; MD: Macroalga Verde; MP: Macroalga Parda; MV: Macroalga Vermelha; OI: Outros Invertebrados; RN: Rocha Nua; TF: Turf; ZT: Zoantídeo; S: Salinidade; T: Temperatura.

V. DISCUSSÃO

V.1 Variáveis Físico-Químicas e Caracterização da Cobertura Bêntica

As poças de maré estudadas apresentaram características ambientais semelhantes a outras estudadas na costa brasileira por ZAMPROGNO (1989), ROSA *et al.* (1997) e MACIEIRA (2008).

Em regiões temperadas, as características físico-químicas da água das poças de maré podem variar de acordo com o volume, área de superfície e de profundidade das poças, bem como a sua altura em relação à linha da costa, o grau de sobreamento e exposição a ondas e salpicos (METAXAS & SCHEIBLING, 1993; MAHON & MAHON, 1994; DAVIS, 2000). Nas poças amostradas no presente estudo, as flutuações das características físico-químicas analisadas variaram de acordo com a área e profundidade das poças, mas não quanto à sua altura em relação à linha da costa. Além disso, foram detectadas flutuações das variáveis físico-químicas analisadas nas poças de maré entre as estações seca e chuvosa. A salinidade, temperatura e oxigênio dissolvido mostraram diferenças estatísticas significativas em todas as localidades amostradas. A temperatura e a salinidade nas poças de maré foram significativamente maiores na estação seca, enquanto que os valores do oxigênio dissolvido foram maiores na estação chuvosa, refutando parte da nossa primeira hipótese nula.

Conforme indicado por STENECK & DETHIER (1994), as algas contribuem largamente para o funcionamento dos ecossistemas costeiros, sobretudo na oxigenação do meio, absorção e transformação de nutrientes inorgânicos e na sustentação da cadeia alimentar. Em todas as localidades amostradas, as macroalgas formaram a categoria bêntica mais abundante. Sua abundância em poças de maré tendo sido correlacionada a fatores físico-químicos, topografia e sobreamento (JOHNSON & SKUTCH, 1928).

WOLFE & HARLIN (1988a; 1988b), por sua vez, atribuíram a variabilidade na composição e abundância de espécies de macroalgas à diferenças na exposição às ondas, fator não analisado no presente estudo, uma vez que optou-se por não amostrar poças conectadas ou que recebessem qualquer aporte de água marinha para não influenciar a ação do anestésico na coleta dos peixes.

Em regiões temperadas, a estrutura das comunidades bênticas em poças de maré pode apresentar grande variabilidade temporal, relacionadas principalmente à estação (DETHIER, 1982). Os resultados obtidos neste estudo revelaram apenas pequenas flutuações sazonais relacionadas à cobertura bêntica nas poças de maré amostradas, sugerindo um padrão diferenciado para as poças em regiões tropicais. Macroalgas em poças de maré também variam sazonalmente (UNDERWOOD & JERNAKOFF, 1984) e, segundo METAXAS & SCHEIBLING (1993), essa variabilidade pode ser espécie-específica. WOLFE & HARLIN (1988a; 1988b) também observaram variação sazonal na composição e abundância de espécies de macroalgas em poças de maré, mas com diferentes espécies atingindo picos de abundância em diferentes épocas do ano, sem um padrão aparente. Em nosso estudo, foram observadas apenas pequenas flutuações sazonais na abundância de macroalgas, sem a formação de um padrão aparente entre as diferentes categorias. Esse resultado pode estar relacionado ao método utilizado, adequado para se estimar padrões gerais da cobertura bêntica.

As maiores abundâncias relativas de zoantídeos foram observados na Barra de Mamanguape, Pirambúzios e Paiva. Destaca-se que as espécies do gênero *Zoanthus* e *Palythoa*, que no Brasil ocorrem com mais frequência em águas rasas (ROHLFS DE MACEDO & BELÉM, 1994), foram registrados no presente estudo. A característica de pouca profundidade das poças amostradas fornece condições adequadas para a manutenção dos zoantídeos, pois, conforme apontado por SEGAL-RAMOS (2003), eles se adaptam bem a ambientes rasos, devido à existência de poucos predadores.

A presença de recifes de corais pétreos em águas rasas, no Brasil, se limita, praticamente ao Banco de Abrolhos (BA). Ao longo do litoral brasileiro, pode-se encontrar várias espécies de corais e hidrocorais, entretanto, sem formar verdadeiros recifes biogênicos (CASTRO & PIRES, 2001). A baixa cobertura de corais observada neste estudo assemelha-se a outros resultados encontrados em estudos realizados em ambientes rasos, como o de BRAINARD *et al.* (2002), no Hawaii, e LINTON *et al.* (2002), no norte do Caribe. No Brasil, COUTINHO *et al.* (1993) e COSTA Jr *et al.* (2000) encontraram resultados semelhantes na costa da Bahia. STEINER (2005) observou uma alta cobertura de macroalgas e baixa cobertura de corais na Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (Estados de Pernambuco e Alagoas) e BARRADAS *et al.* (2010), nos recifes de Porto de Galinhas - PE. A baixa cobertura de corais pode ser resultante da concorrência pelo espaço contra macroalgas e zoantídeos (BARRADAS *et al.*, 2010). No entanto, segundo COYER *et al.* (1993), essa competição não ocorre apenas por espaço, mas também devido à constante abrasão das algas sobre os corais, resultando numa frequente retração do pólipó e redução da capacidade de alimentação. A predominância de macroalgas e baixa cobertura de corais em ambientes rasos do nordeste do Brasil também foram também associadas a danos indiretos causados por intensa atividade antrópica, por STEINER (2005) e BARRADAS *et al.* (2010).

V.2 Ictiofauna

A ictiofauna nas poças de maré amostradas foi composta, em grande proporção, por espécies com distribuição conhecida do Atlântico Ocidental, contando ainda com seis endêmicas no Atlântico Sul Ocidental (*Apogon americanus*, *Stegastes fuscus*, *S. variabilis*, *Ophioblennius trinitatis*, *Entomacrodus vomerinus* e *Scartella cristata*) e *Lutjanus alexandrei*, endêmica do Nordeste brasileiro (SAMPAIO & NOTTINGHAM, 2008; FROESE & PAULY, 2013).

Das espécies observadas neste estudo, o mero, *E. itajara*, está classificado como criticamente ameaçado pela União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN, 2013) e tornou-se protegido por lei federal desde setembro de 2002 (HOSTIM-SILVA *et al.*, 2005). O único espécime observado no presente estudo, um indivíduo jovem medindo 7.3 cm de comprimento total, foi registrado na Barra de Mamanguape, corroborando a informação de que indivíduos na fase juvenil ocorrem em estuários e áreas de mangues (FERREIRA & MAIDA, 1995). A presença de espécies ameaçadas, principalmente em estágio juvenil em uma Área de Proteção Ambiental, aponta a relevância de se ordenar e proteger ecossistemas costeiros. A proteção aos ecossistemas costeiros é especialmente importante no Nordeste brasileiro, onde se estima que cerca de 80% dos recursos pesqueiros de importância comercial sejam provenientes da fauna associada aos ambientes recifais da região (FERREIRA *et al.*, 2001) e que a pesca, juntamente com atividades recreativas desordenadas, causam diminuições dos estoques e perdas da biodiversidade (MMA, 2010).

Com relação à riqueza de espécies de peixes, ALMEIDA (1973) coletou 73 espécies de peixes nas poças de maré em Salvador (BA) com uso de timbó e rotenona. Também utilizando timbó, ZAMPROGNO (1989) coletou 35 espécies em Manguinhos (ES). ROSA *et al.* (1997) coletaram indivíduos de 44 espécies de peixes nas poças de

maré da praia do Cabo Branco (PB) utilizando rotenona, e CARVALHO (2000) amostrou 62 espécies através de censo visual, redes de cerco e curral de pesca na praia de Pecém (CE). SILVA (2002) coletou 29 espécies nas poças de maré da Barra de Mamanguape com uso de timbó; BARREIROS *et al.* (2004) amostraram 19 espécies em Santa Catarina, com uso de quinaldina, e CUNHA *et al.* (2007) amostraram 26 espécies no Ceará, através de censo visual; MACIEIRA (2008) coletou indivíduos de 58 espécies no Espírito Santo (ES), com uso de puçá. VALENTIM (2008) amostrou 21 espécies nas poças de maré do Arquipélago de Fernando de Noronha, com uso do anestésico óleo de cravo, e GODINHO & LOTUFO (2010) amostraram 29 espécies no Ceará, através do censo visual. RUFFEIL (2012) coletou indivíduos de 21 espécies nas poças de maré na Zona Costeira Amazônica. Neste estudo, foram amostradas 52 espécies, o que denota uma riqueza expressiva quando comparada com os demais estudos realizados no Brasil.

ROSA *et al.* (1997) coletaram espécimes de 44 espécies de peixes no Cabo Branco amostrando apenas três poças de maré. Em nosso estudo, 39 espécies de peixes foram detectadas em 20 poças de maré no Cabo Branco, mas destas, apenas 18 constam na lista de espécies publicada por ROSA *et al.* (1997). As diferenças entre a riqueza observada por ROSA *et al.* (1997) e aquela observada neste estudo podem ser resultantes do método utilizado para a coleta dos peixes. ROSA *et al.* (1997) realizaram coletas diurnas e noturnas utilizando rotenona. As expedições noturnas permitiram a coleta de indivíduos de hábito noturno, como aqueles das espécies *Ahlia egmontis*, *Myrophis platyrhynchus* e *M. punctatus*, subamostradas em nosso estudo. O uso da rotenona, naquele momento autorizado no Brasil, permitiu uma coleta eficaz e não seletiva (MASCARO *et al.*, 1998).

Tomando como base os estudos realizados em regiões temperadas e em outras regiões tropicais do mundo, a riqueza observada neste trabalho também é expressiva. WEAVER (1970) coletou espécimes de 46 espécies na região entremarés na Costa Rica.

POOTS (1980) detectou 15 espécies na região entremarés das Ilhas Cayman com uso de anestésico à base de quinaldina. MAHON & MAHON (1994) coletaram 63 espécies em Barbados, utilizando rotenona, e ANGEL & OJEDA (2001) detectaram 50 espécies no Chile. GRIFFITHS (2003), com uso de quinaldina, observaram 50 espécies em região entremarés na Austrália. CASTELLANOS-GALINDO *et al.* (2005), utilizando óleo de cravo, detectaram 14 espécies na Colômbia; ARAKAKI & TOKESHI (2006) capturaram espécimes de 10 espécies com o anestésico 2-phenoxyethanol em região entremarés no Japão.

As espécies das famílias Gobiidae, Bleniidae e Labrisomidae, que apresentam comportamento críptico e geralmente são subamostradas em pesquisas com método não destrutivo, representaram a maior porção dos indivíduos capturados no presente trabalho, indicando que o uso do óleo de cravo como anestésico foi eficaz para estimar a riqueza e a abundância das espécies.

Tem-se conhecimento que a diversidade de espécies de peixes em poças de maré em águas tropicais, na maioria das vezes, permanece estável durante todo o ano, com padrões sazonais pronunciados em populações de águas mais frias (MORING, 1986). De uma forma geral, porém, a abundância total das espécies observadas no presente estudo foi significativamente maior na estação seca, assim como os maiores índices de riqueza e diversidade. Por localidade, a abundância das espécies de peixes nas poças de maré foi maior na estação seca, mas diferenças significativas entre as estações seca e chuvosa foram observadas apenas em Pirambúzios, Cabo Branco e Paiva. Quanto aos índices ecológicos, a riqueza foi significativamente maior na estação seca nas poças de maré em Pirambúzios e no Paiva.

Nessa mesma direção, BECKLEY (1985) analisando os processos de recolonização da ictiofauna de poças de maré no Cabo Leste (África do Sul), após a eliminação experimental com rotenona, detectou uma maior abundância dos peixes na

primavera e no verão. Resultados semelhantes foram observados por DAVIS (2000), o qual analisou os padrões espaciais e sazonais da ictiofauna em poças de maré no sul da Califórnia (USA), por ARAKAKI & TOKESHI (2006), em poças de maré no sudoeste do Japão, e por MORING (1986), que analisou a sazonalidade da ictiofauna nas poças de maré da Baía de Trinidad (USA), observando abundância e riqueza maiores no verão.

Vários processos podem causar mudanças sazonais na comunidade íctica, a exemplo de alterações na temperatura. De acordo com DAVIS (2000), alterações na temperatura podem tornar determinados microhabitats impróprios em algumas épocas do ano, como no verão. Um segundo processo que pode levar a alterações sazonais é a chegada de recrutas de espécies residentes e secundárias, que utilizam as regiões entremarés como berçário. O processo de recrutamento resulta em uma acentuada variação na composição da ictiofauna, uma vez que diferentes espécies recrutam para as poças de maré; a abundância também pode ser afetada, devido ao grande número de jovens que pode ser adicionado ao conjunto de indivíduos da população (GROSSMAN, 1982; MAHON & MAHON, 1994; WILLIS & ROBERTS, 1996; GRIFFITHS, 2003). Variações sazonais causadas pelo recrutamento não são restritas aos habitats temperado, sendo também bem documentadas em ambientes tropicais (LETOURNER, 1996; ALMADA & FARIA, 2004).

Diante do conhecimento de que *B. soporator*, *S. fuscus*, *B. geminatus*, *A. saxatilis*, *S. cristata*, *S. variabilis* e *H. parra* foram as espécies que mais contribuíram para abundância expressiva observada na estação seca e responsáveis pelas diferenças estatísticas relacionadas à sazonalidade, evidências indiretas indicam que tais diferenças sazonais podem ser resultantes do incremento de indivíduos recrutas de regiões entremarés e sublitoral circundantes.

Segundo JOBLING (1995), em regiões temperadas, a reprodução dos peixes é geralmente controlada pelo fotoperíodo, com ajuste fino fornecido pela temperatura. Já

em ambientes tropicais, o fotoperíodo e a temperatura apresentam baixas variações sazonais e os peixes teleósteos tendem a utilizar outros estímulos reprodutivos (TYLER & STANTON, 1995). Entretanto, as poças de maré se caracterizam como um habitat bastante distinto das demais áreas costeiras, apresentando a maior variação de fatores bióticos e abióticos entre as regiões marinhas (HORN *et al.*, 1999). Segundo HILDER & PANKHURST (2003), a sazonalidade reprodutiva de peixes-donzelas tropicais está ligada a mudanças de temperatura, um resultado corroborado por SOUZA (2006) e LIMA (1997), enquanto SOUZA (2006) evidenciou que o ciclo reprodutivo de *S. fuscus* nas poças de maré em Búzios (RN) está diretamente relacionado à estação seca da região. LIMA (1997) estudou aspectos da reprodução de *S. fuscus* nos recifes de Tamandaré (PE) e indicou que nos meses de setembro a março (estação seca), ocorre o pico de reprodução da espécie e, entre abril a agosto (estação chuvosa), os eventos reprodutivos são menos frequentes. Na estação seca, a precipitação pluviométrica é menor e a temperatura é elevada, conferindo condições reprodutivas ideais para a espécie (SOUZA, 2006).

Os indivíduos das espécies *S. variabilis* e *A. saxatilis* reproduzem-se por todo o ano, com picos no verão; indivíduos de *S. cristata* reproduzem-se nos meses mais quentes do ano (CARVALHO-FILHO, 1999). A fase larval é planctônica e curta, entre 25 a 27 dias para *S. variabilis* e 17 a 18 dias para *A. saxatilis* (WELLINGTON & ROBERTSON, 2001); fase larval planctônica curta, associada a condições oceanográficas favoráveis (correntes internas, maré) pode ocasionar retenção ou retorno das larvas a regiões próximas à costa (LÓPEZ & COUTINHO, 2008) e, conseqüentemente, maximizar as taxas de recrutamento e autorecrutamento.

Com relação ao número de indivíduos, observou-se que nos meses da estação seca, houve um aumento no número de indivíduos das espécies, sobretudo nas menores classes de tamanho (<2.0 e 2.0 - 3.9 cm). Para *B. saporator*, a primeira maturação gonadal acontece a partir de 10 cm de comprimento padrão (COLE, 1990), enquanto que

para a espécie *S. fuscus*, a primeira maturação gonadal ocorre a partir de 8.5 cm de comprimento padrão (SOUZA, 2006); para *A. saxatilis*, ela ocorre a partir de 10.1 cm (BESSA *et al.*, 2006). Na espécie *H. parra*, a primeira maturação ocorre a partir de 23.6 cm de comprimento padrão (COLE, 2010), para *S. cristata*, a partir de 4.8 cm de comprimento padrão (DITTY, 2002). Tomando como base o tamanho dos indivíduos capturados e os dados da literatura acerca do tamanho médio da primeira maturação sexual das espécies em questão, sugere-se que a abundância expressiva destas espécies na estação seca deveu-se a chegada de indivíduos jovens.

De acordo com DITTY (2002), a reabsorção de todos os caracteres larvais e aquisição do padrão juvenil em *S. cristata* ocorre até 1.5 cm de comprimento. Neste estudo, foram capturados 26 indivíduos de *S. cristata* na estação seca com comprimento total menor que dois centímetros, o que indica que estes espécimes são jovens recém metamorfoseados. Dessa maneira, a temperatura elevada, associada ao período reprodutivo, a fase larval curta e a predominância de indivíduos jovens nas poças de maré na estação seca apontam que as diferenças relacionadas à sazonalidade sejam decorrentes do recrutamento.

Vários estudos em poças de maré demonstraram a predominância de espécies residentes e crípticas (THOMSON & LEHNER, 1976; YOSHIYAMA, 1981; GROSSMAN, 1982; VARAS & OJEDA, 1990; MAHON & MAHON, 1994; ROSA *et al.*, 1997; CASTELLANOS-GALINDO *et al.*, 2005; MACIEIRA, 2008). GRIFFITHS (2003) detectou uma abundância claramente maior de espécies residentes (86%) que as ocasionais (14%) e as secundárias (<0.5%). Dentre as espécies classificadas como residentes por GRIFFITHS (2003), 1/3 de todos os indivíduos pertenciam a espécie *Bathygobius cocosensis*. Um padrão semelhante foi encontrado por CASTELLANOS-GALINDO *et al.* (2005) nas poças de maré na Colômbia, onde os indivíduos residentes dominaram as demais categorias, e uma única espécie residente, *B. ramosus*, representou

mais de 50% da categoria ecológica. Em nosso estudo, a análise das categorias ecológicas revelou a dominância de espécies residentes, de hábito críptico e predadoras de invertebrados móveis. Para estas três categorias ecológicas, as espécies *B. saporator* e *B. geminatus* apresentaram abundância claramente maior.

Este padrão pode ser resultado das adaptações morfológicas e comportamentais apresentadas pela maioria das espécies residentes na região entremarés, as quais lhes conferem sucesso adaptativo. O corpo comprimido ou deprimido, a redução ou ausência da linha lateral e alguns ossos, a flutuabilidade negativa, natação saltada e comportamento secretivo são algumas das características morfológicas e comportamentais apresentadas pela maioria espécies residentes na região entremarés (GIBSON, 1986), entre as quais as representantes do gênero *Bathygobius*.

A dominância de espécies residentes e crípticas nas poças de maré amostradas no presente estudo sugeririam maiores dissimilaridades quanto à composição das espécies em relação aos resultados encontrados na literatura para os recifes rasos e intermediários da região nordeste do Brasil. Além disso, o Rio Mamanguape (PB), Rio Paraíba (PB) e Rio Pirapama (PE) poderiam influenciar estas comunidades, funcionando como barreiras biogeográficas à dispersão das espécies. Mas, diferentemente do esperado, as similaridades observadas na composição e estrutura da comunidade íctica de recifes rasos e intermediários dos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco se refletem nos ambientes de poças de maré, mesmo entre as comunidades mais periféricas (Pirambúzios - RN e Paiva - PE distam entre si 245.59 km). A análise SIMPER revelou similaridades superiores a 60% entre os agrupamentos RN, PB e PE, nas comparações par a par, com a maior similaridade sendo observada entre as poças de maré dos agrupamentos RN e PB (66.26%).

Segundo PARRISH *et al.* (1981), espécies de peixes costeiras apresentam, geralmente, características reprodutivas que tendem a minimizar a dispersão dos jovens e,

assim, restringir a troca de indivíduos entre estoques locais. Entretanto, muitas dessas espécies têm um período larval planctônico, que pode durar de várias semanas a meses e durante o qual as larvas se dispersam através da circulação costeira (LEIS, 1991).

Somando a isso, a circulação costeira é um fator de grande importância para os ecossistemas costeiros, uma vez que é responsável pelo transporte de calor, sais, nutrientes e organismos planctônicos ao longo da costa (AN & MCDONALD, 2005; MARÍN & DELGADO, 2007; LIRA *et al.*, 2010). As correntes costeiras, em especial as correntes de deriva litorânea, são importantes componentes da circulação costeira; sua direção e velocidade são influenciadas pelas ondas e ventos (MÍGUEZ *et al.*, 2005; LIRA *et al.*, 2010). A plataforma continental no Nordeste do Brasil é estreita e rasa (LIMA, 2006), variando de 20 a 50 km, o que permite que a Corrente do Brasil também influencie a dinâmica da circulação (KNOPPERS *et al.*, 2002).

Neste estudo, poças de maré mais profundas e com maior diversidade bentônica abrigaram uma maior diversidade de espécies, quando comparada com as poças mais rasas e com cobertura benthica menos diversa, corroborando a importância de variáveis físicas, tais como área, volume, profundidade e rugosidade das poças de maré, as quais podem afetar a estrutura das comunidades de peixes (BENNETT & GRIFFITHS, 1984; GIBSON & YOSHIYAMA, 1999). Além disso, destaca-se o papel de alguns fatores bióticos (Macroalga Verde, Macroalga Vermelha, Zoantídeo, Macroalga Parda), da categoria benthica Granulados Litoclásticos, da variável física profundidade e das características físico-químicas temperatura e salinidade, na distribuição espacial de ictiofauna analisada neste estudo.

As diferenças encontradas entre as relações das características físicas e físico-químicas com as espécies de peixes resultam de diferenças no comportamento, fisiologia e história de vida dessas espécies (DAVIS, 2000). Por exemplo, a espécie *Haemulon parra* pode não ser fisiologicamente capaz de tolerar altas temperaturas e salinidades

como fazem as espécies *C. boleosoma*, *E. vomerinus* e *B. soporator*. Ela também pode ter menor sucesso na defesa contra predadores da região sublitoral, como peixes maiores e, por isso, utiliza as poças de maré como refúgio. Segundo DAVIS (2000), os refúgios fornecidos por rochas ou algas nas regiões entremarés oferecem proteção, diminuindo os riscos de predação.

A cobertura algal pode influenciar fortemente a abundância das espécies de peixes em poças de maré (ALMADA & FARIA, 2004), seja provendo refúgio contra predadores (DAVIS, 2000), o que pode ser o caso dos espécimes jovens de *P. acuminatus* e *L. jocu* observados no presente estudo, ou por servir de alimento para espécies herbívoras (AMARA & PAUL, 2003). Este último pode ser o caso das espécies herbívoras não territoriais do gênero *Acanthurus* e *Sparisoma*, que neste estudo estiveram suas distribuições correlacionadas à macroalgas e turf. Em recifes dominados por macroalgas na Grande Barreira de Corais, CECCARELLI *et al.* (2005) observaram que algas impalatáveis forneceram o substrato onde os peixes-donzela cultivaram algas palatáveis, como as epífitas. Da mesma forma, neste estudo, em todas as localidades amostradas, a distribuição espacial de *S. fuscus* esteve correlacionada à ocorrência de macroalgas, exceto nas poças de maré do Cabo Branco, onde detectou-se a influência dos corais pétreos na distribuição espacial desta espécie.

Entretanto, existem exceções a esses padrões de agrupamento (para alimentação, refúgio contra predadores, por exemplo). Como cada poça de maré pode proporcionar um grande número de microhabitats favoráveis tanto para peixes como para outros organismos, competições inter e intraespecíficas também podem ser determinantes na abundância e estruturação das populações.

Na Barra de Mamanguape, foi observada uma menor ocorrência de peixes herbívoros não territorialistas das famílias Acanthuridae e Scaridae nas poças de maré com elevada abundância de ouriços da espécie *E. lucunter*, sugerindo padrão semelhante

ao observado por MAIDA & FERREIRA (1997), KILPP (1999) e PACHECO (2008), os quais relataram grande densidade e altas taxas de bioerosão do ouriço *E. lucunter* nos recifes de Tamandaré (PE). A herbivoria desse ouriço afeta diretamente a abundância e a distribuição de macroalgas (KILPP, 1999; HEREU, 2005). É possível que a competição por recurso seja o motivo da baixa ocorrência de espécies herbívoras não territorialistas nas poças de maré que apresentam elevada abundância de ouriços. Segundo PACHECO (2008), essas agregações de ouriços podem ser consequência de um elevado assentamento larval, uma vez que, nos recifes onde esse padrão é observado, as áreas recifais são separadas por substratos não consolidados, dificultando a locomoção dos ouriços. Diante do fato de que bancos de areia são comuns nas áreas adjacentes ao banco arenítico onde são formadas as poças de maré na Barra de Mamanguape (XAVIER *et al.*, 2012), é possível que a elevada abundância dos ouriços da espécie *E. lucunter* seja resultado dessa barreira.

Abordagens baseadas na identificação dos padrões sazonais e nos fatores que influenciam a ictiofauna em poças de maré no âmbito regional tem implicações importantes para a conservação, uma vez que diferenças regionais na abundância de alguns táxons podem refletir alterações ecológicas importantes no ecossistema local. Assim, iniciativas de gestão locais podem ser mais eficazes. Além disso, segundo BLANCHETTE *et al.* (2008), o conceito de gestão baseada nos ecossistemas reconhece explicitamente a importância das conexões entre as espécies e os habitats e sua importância para as funções do ecossistema.

Nessa direção, sugere-se aqui (1) analisar ictiofaunas de poças de maré (com características físicas e bióticas semelhantes às amostradas neste estudo) em áreas costeiras que sofram a influência da Corrente do Brasil, mas com uma maior distância geográfica que as áreas amostradas neste estudo, assim como em áreas onde a circulação costeira seja influenciada por outras correntes; (2) a influência de outros parâmetros

físicos, como rugosidade e exposição às ondas na estruturação das comunidades ícticas em poças de maré de regiões tropicais e (3) agregar estudos comportamentais e ecológicos enfocando as interações intra e interespecíficas e suas implicações na estruturação das comunidades ícticas em poças de maré.

VI. CONCLUSÃO

- Os métodos utilizados para investigar as variáveis ambientais e a composição e a estrutura das comunidades de peixes mostraram-se eficazes e capazes de inferir padrões sazonais. O óleo de cravo se mostrou um anestésico eficiente na captura de peixes em poças de maré, com uma baixa mortalidade, o que é desejável em estudos ecológicos, sobretudo em uma Área de Proteção Ambiental, como é o caso da APA da Barra do Rio Mamanguape;
- Variações sazonais foram detectadas para as variáveis salinidade, temperatura e oxigênio dissolvido;
- A riqueza de espécies observada neste estudo foi expressiva, quando comparada com outros trabalhos realizados em regiões entremarés em regiões temperadas e tropicais;
- Variações sazonais na abundância das espécies de peixes nas poças de maré foram detectadas em todas as localidades amostradas, sendo significativamente maior na estação seca;
- Evidências indicam que as diferenças sazonais observadas na ictiofauna são resultantes do incremento de recrutas possivelmente de regiões entremarés e sublitoral circundantes;
- Espécies residentes, de hábito críptico e predadoras de invertebrados móveis foram dominantes nas poças de maré analisadas, devido, sobretudo, à grande abundância de *B. soporator* e *B. geminatus*;

- Os altos níveis de similaridades observados nos recifes rasos e intermediários nos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco se refletem nos ambientes de poças de maré;
- Foram registradas relações claras entre os fatores ambientais bióticos e abióticos e as espécies de peixes nas poças de maré. A temperatura, salinidade, profundidade, macroalgas, zoantídeos e Granulados Litoclásticos apresentaram correlações com a comunidade íctica na análise conjunta dos dados e também quando analisada cada localidade.

VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMADA, V. C. & FARIA, C. (2004) Temporal variation of rocky intertidal resident fish assemblages – patterns and possible mechanisms with a note on sampling protocols. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 14: 239–250.
- ALMEIDA, V. G. (1973) New records of tidepool fishes from Brazil. *Papéis Avulsos de Zoologia*, 26 (14): 187-191.
- AMARA, R. & PAUL, C. (2003) Seasonal patterns in the fish and epibenthic crustaceans community of an intertidal zone with particular reference to the population dynamics of plaice and brown shrimp. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 56:807–818.
- AMARAL, F. D.; HUDSON, M. M.; STEINER, A. Q. & RAMOS, C. A. C. (2007) Corals and calcified hydroids of the Manuel Luiz Marine State Park(State of Maranhão, Northeast Brazil). *Biota Neotropica*, 7 (3): 73 - 81.
- AN, B. W. & MCDONALD, N. R. (2005) Coastal currents and their interaction with topography. *Dynamics of Atmospheres and Oceans*, 40: 237-253.
- ANGEL, A. & OJEDA, F. P. (2001) Structure and trophic organization of subtidal fish assemblages on the northern Chilean coast: The effect of habitat complexity. *Marine Ecology Progress Series*, 217: 81-91.
- ARAKAKI, S. & TOKESHI, M. (2006). Short-term dynamics of tidepool fish community: diel and seasonal variation. *Environmental Biology of Fishes*, 76: 221 - 235.
- ARAÚJO, P. G.; MIRANDA, G. E. C. & KANAGAWA, A. I. (2008) Repartição espacial da comunidade macrobêntica dos recifes da Apa da Barra do Rio Mamanguape, Paraíba, Brasil. *Revista Nordestina de Biologia*, 19(1): 29-50.
- BARRADAS, J. I.; AMARAL, F. D.; HERNÁNDEZ, M. I. M.; MONTES, M. J. F. & STEINER, A. Q. (2010) Spatial distribution of benthic macroorganisms on reef flats at Porto de Galinhas Beach (northeastern Brazil), with special focus on corals and calcified hydroids. *Biotemas*, 23 (2): 61-67.

- BARREIROS, J. P.; BERTONCINI, A.; MACHADO, L.; HOSTIM-SILVA, M. & SANTOS, R. S. (2004) Diversity and Seasonal Changes in the Ichthyofauna of Rocky Tidal Pools from Praia Vermelha and São Roque, Santa Catarina. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 47 (2): 291-299.
- BECKLEY, L. E. (1985) Tide-pool fishes: recolonization after experimental elimination. *Journal Experimental Marine Biology and Ecology*, 85: 287–295.
- BENNETT, B. A. & GRIFFITHS, C. L. (1984) Factors affecting the distribution, abundance and diversity of rock-pool fishes on the Cape Peninsula, South Africa. *Society African Journal Zoology*, 19: 97-104.
- BESSA, E. & SOUZA, A M. (2003). Biologia reprodutiva de Pomacentridae de São Sebastião, SP: dados preliminares. *Resumo do XVIII Simpósio de Biologia Marinha*. São Sebastião, SP.
- BLANCHETTE, C. A.; MINER, C. M.; RAIMONDI, P. T.; LOHSE, D.; HEADY, K. E. K. & BROITMAN, B. R. (2008) Biogeographic patterns of rocky intertidal communities along the Pacific coast of North America. *Journal of Biogeography*, 35:1593-1607.
- BRAINARD, R.; DEMARTINI, E. & HOLZWARTH, S. (2002) Coral reef ecosystems of the Northwestern Hawaiian Islands: Interim results emphasizing the 2000 surveys. J Maragos and D Gulko (eds.). U.S. Fish and Wildlife Service and the Hawaii Department of Land and Natural Resources, Honolulu, Hawaii, 46 pp.
- BROOKER KLUGH, A. (1924) Factors Controlling the Biota of Tide-Pools. *Ecology*, 5 (2): 192-196.
- CARVALHO, A. A. (2000) *Ictiofauna recifal da região entremarés da praia do Pecém, Ceará, Brasil*. Universidade Federal do Ceará. Monografia de Graduação. 27 pp.
- CARVALHO-FILHO, A. (1999) **Peixes: costa brasileira**. Editora Melro Ltda. São Paulo. 320 pp.
- CASTELLANOS-GALINDO, G. A.; CAICEDO-PANTOJA, J. A.; MEJÍA-LADINO, L. M. & RUBIO, E. (2006) Peces marinos y estuarinos de Baía Málaga, Valle

- del Cauca, Pacífico colombiano. *Biota Colombiana*, 7: 263–268.
- CASTELLANOS-GALINDO, G. A.; GIRALDO, A. & RUBIO, E. A. (2005) Community structure of an assemblage of tidepool fishes on a tropical eastern Pacific rocky shore, Colombia. *Journal of Fish Biology*, 67: 392-17.
- CASTRO, C. B. & PIRES, D. O. (2001) Brazilian Coral Reefs: what we already know and what is still missing. *Bulletin of Marine Science*, 69: 357-371.
- CECCARELLI, D. M.; JONES, G. P. & MCCOOK, L. J. (2001) Territorial damselfishes as determinants of the structure of benthic communities on coral reefs. *Oceanography and Marine Biology: an Annual Review*, 39: 355–389.
- CHAZDON, R. L.; COLWELL, R. K.; DENSLOW, J. S. & GUARIGUATA, M. R. (1998) *Statistical methods for estimating species richness of woody regeneration in primary and secondary rain forests of Northeastern Costa Rica*. In: Dallmeier, F. & Comiskey, J. A. (eds.): *Forest biodiversity research, monitoring and modeling*. The Parthenon Publishing Group, Washington, pp. 285-309.
- CLARKE, K. R. (1993) Non-parametric multivariate analysis of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology*, 18: 117-143.
- CLARKE, K. R. & WARWICK, R. M. (2001) *Change in Marine Communities: An Approach to Statistical Analysis and Interpretation*. 2nd edn. PRIMER-E Ltd. Plymouth, UK: 203 pp.
- COLE, K. S. (1990) Patterns of gonad structure in hermaphroditic gobies (Teleostei: Gobiidae). *Environmental Biology of Fishes*. 28: 125-142.
- CORDEIRO, C. A. M. M. (2009) *Estrutura da comunidade de peixes recifais do litoral sul da Paraíba*. Universidade Federal da Paraíba. Dissertação de Mestrado. 66 pp.
- COSTA Jr, O. S.; LEÃO, Z. M. A. N.; NIMMO, M. & ATTRILL, M. J. (2000) Nutrifcation impacts on coral reefs from northern Bahia, Brazil. *Hydrobiologia*, 440: 307-315.
- COUTINHO, R.; VILLAÇA, R. C.; MAGALHÃES, C. A.; GUIMARAENS, M. A.; APOLINÁRIO, M. & MURICY, G. (1993) Influência antrópica nos

- ecossistemas coralinos da região de Abrolhos, Bahia, Brasil. *Acta Biologica Leopoldensia*, 15 (1):133-144.
- COYER, J. A.; AMBROSE, R. F.; ENGLE, J. M. & CARROLL, J. C. (1993) Interactions between coral and algae on temperate zone rocky reef: Mediation by sea urchins. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 154: 215-230.
- CULLEN JR, L.; RUDRAN, R. & VALLADARES- PÁDUA, C. (2006) *Métodos de estudos em biologia da conservação e manejo da vida silvestre*. Curitiba: UFPR, Fundação o Boticário, 652 pp.
- CUNHA, F. E. A. & ROSA, I. L. (2006) Anaesthetic effects of clove oil on seven species of tropical reef teleosts. *Journal of Fish Biology*, 69: 1504-1512.
- CUNHA, F. E. A. (2005) *Estudo comparativo de metodologias de amostragens não destrutivas em peixes recifais no nordeste brasileiro*. Universidade Federal da Paraíba. Tese de Doutorado. 95 pp.
- CUNHA, F. E. A.; MONTEIRO-NETO, C. & NOTTINGHAN, M. C. (2007) Temporal and spatial variations in tidepool fish assemblages of the northeast coast of Brazil. *Biota Neotropica*, 7 (1): 111-118.
- DANIEL, M. J. & BOYDEN, C. R. (1975) Diurnal variations in physico-chemical conditions within intertidal rockpools. *Field Studies*, 4:161-176.
- DAVIS, J. L. D. (2000) Spatial and seasonal patterns of habitat partitioning in a guild of southern California tidepool fishes. *Marine Ecology Progress Series*, 196: 253–268.
- DETHIER M. N. (1982) Pattern and process in tidepool algae: factors influencing seasonality and distribution. *Botanica Marina*, 25: 55-66.
- DITTY, J. G. (2002) *Ontogeny and intervals of development in five reef-associated species of blenny from the northern Gulf of Mexico (Teleostei: Blenniidae)*. PhD Dissertation. LA State Univ. USA. 168 pp.
- DOHERTY, P. J. (1983) Tropical territorial damselfishes: is density limited by aggression or recruitment? *Ecology*, 64 (1): 176–190.

- FEITOZA, B. M. (2001) *Composição e Estrutura da comunidade de peixes recifais da Risca do Zumbi, Rio Grande do Norte*. Universidade Federal da Paraíba. Dissertação de Mestrado. 157 pp.
- FERREIRA, B. P. & MAIDA, M. (1995) Projeto Meros: apresentação e resultados preliminares. *Boletim Técnico Científico do CEPENE*, 3 (1) 201-210.
- FERREIRA, B. P.; MAIDA, M. & SOUZA, A. E. T. (1995) Levantamento inicial das comunidades de peixes recifais da região de Tamandaré- PE. *Boletim Técnico Científico do CEPENE*, 3 (1): 213- 230.
- FERREIRA, B. P.; MAIDA, M. & CAVA, F. (2001) characteristics and perspectives for the fisheries management in the coral coast marine protected area. *Anais do II Congresso Brasileiro de Unidades de Conservação*, Campo Grande, MS. pp. 50-58.
- FLOETER, S. R.; FERREIRA, C. E. L.; DOMINICI-AROSEMENA, A. & ZALMON, I. R. (2004) Latitudinal gradients in Atlantic reef fish communities: trophic structure and spatial use patterns. *Journal of Fish Biology*, 64, 1680–1699.
- FROESE, R. & PAULY, D. Editors. (2013) *FishBase*. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version (12/2013).
- GARCIA JR., J. (2006) *Inventário das espécies de peixes da costa do Estado do Rio Grande do Norte e aspectos zoogeográficos da ictiofauna recifal do Oceano Atlântico*. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Dissertação de Mestrado. 125 pp.
- GIBSON, R. N. (1986) *Intertidal teleosts: life in a fluctuating environment*. In: PITCHER, T. J. (ed). *The behaviour of teleost fishes*. Croom Helm, London, pp 388– 408.
- GIBSON, R. N. & YOSHIYAMA, R. M. (1999) *Intertidal fish communities*. In: Horn, M. H., Martin, K. L. M. e Chotkowski, M. A. (eds.) *Intertidal fishes: life in two worlds*. San Diego, USA: Academic Press. pp. 264-296.
- GODINHO, W. O. (2007) *Influência de fatores bióticos e abióticos na ictiofauna de poças de maré nas praias de Iparana, Pacheco e Flecheiras, Ceará*.

Universidade Federal do Ceará. Monografia de Graduação. 41 pp.

- GODINHO, W. O. & LOTUFFO, T. M. C. (2010) Local v. microhabitat influences on the fish fauna of tidal pools in north-east Brazil. *Journal of Fish Biology*, 76, 487–501.
- GOOD, P. (1997) *Permutation tests*. Springer Series in Statistics. Springer Verlag, New York, Inc. 226 pp.
- GOSS-CUSTARD, S.; JONES, J.; KITCHING, J. A. & NORTON, T. A. (1979) Tidepools of Carrigathorna and Barloge Creek. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 287: 1-44.
- GRATWICKE, B. & SPEIGHT, M. R. (2005) The relationship between fish species richness, abundance and habitat complexity in a range of shallow tropical marine habitats. *Journal of Fish Biology*, 66: 650–667.
- GREEN, J. M. (1971) High tide movements and homing behavior of the tidepool sculpin *Oligocottus maculosus*. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*. 28: 383-389.
- GRIFFITHS, S. P. (2003) Rockpool ichthyofaunas of temperate Australia: species composition, residency and biogeographic patterns. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 58: 173-184.
- GROSSMAN, G. D. (1982) Dynamics and organization of a rocky intertidal fish assemblage: the persistence and resilience of taxocene structure. *American Naturalist*, 119: 611-637.
- HARLEY, C. D. G. RANDALL HUGHES, A.; HULTGREN, K. M.; MINER, B. G.; SORTE, C. J.; THORNER, C. S.; RODRIGUEZ, L. F.; TOMANEK, L. & WILLIAMS, S. L. (2006) The impacts of climate change in coastal marine systems. *Ecology Letters*, 9: 228-241.
- HARVEY, L. (2007) Dangerous anthropogenic interference, dangerous climate change, and harmful climatic change: non-trivial distinctions with significant policy implications. *Climate Change*, 82: 1 – 25.
- HAYS, G. C.; RICHARDSON, A. J.; ROBINSON, C. (2005). Climate change and

- marine plankton. *Trends in Ecology and Evolution*, 20, 337-344.
- HELMUTH, B.; BROITMAN, B. R.; BLANCHETTE, C. A.; GILMAN, S.; HALPIN, P.; HARLEY, C. D. G.; O'DONNELL, M. J.; HOFMANN, G. E.; MENGE, B. & STRICKLAND, D. (2006a) Mosaic patterns of thermal stress in the rocky intertidal zone: Implications for climate change. *Ecological Monographs*, 76: 461–479.
- HELMUTH, B.; MIESZKOWSKA, N.; MOORE, P. & HAWKINS, S. J. (2006b) Living on the edge of two changing worlds: Forecasting the responses of rocky intertidal ecosystems to climate change. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 37: 373–404.
- HEREU, B. Movement patterns of the sea urchin *Paracentrotus lividus* in a marine reserve and an unprotected area in the NW Mediterranean. *Marine Ecology*, 26: 54-62.
- HILDER, M. L. & PANKHURST, N. W. (2003). Evidence that temperature change cues reproductive development in the spiny damselfish, *Acanthochromis polyacanthus*. *Environmental Biology of Fishes*, 66 (2): 187-196.
- HONÓRIO, P. P. F.; RAMOS, R. T. C. & FEITOZA, B. M. (2010) Composition and structure of reef fish communities in Paraíba State, northeastern Brazil. *Journal of Fish Biology*, 77: 907–926.
- HORN, M. H.; MARTIN, K. L. & CHOKOWSKI, M. A. (1999) *Intertidal fishes: life in two worlds*. Academic Press, San Diego, California, USA. 399 pp.
- HOSTIM-SILVA, M.; BERTONCINI, A. A.; GERHARDINGER, L.C. & MACHADO, L. F. (2005) "The Lord of the Rock's" conservation program in Brazil: the need a new perception of marine fishes. *Coral Reefs*, 24:74.
- HUGGETT, J. & GRIFFITHS, C. L. (1986) Some relationships between elevation, physico-chemical variables and biota of intertidal rock pools. *Marine Ecology Progress Series*, 29: 189-197.
- HUMANN, P. & DELOACH, N. (2002) *Reef fish identification Florida- Caribbean- Bahamas*. 3th New World Publ. Florida. 482 pp.

- INTERNATIONAL UNION FOR CONSERVATION OF NATURE – IUCN (2013) Red List of Threatened Species. Disponível no site: <http://www.iucnredlist.org/>
- JANKE, K. (1990) Biological interactions and their role in community structure in the rocky intertidal of Helgoland (German Bight, North Sea). *Helgolander Meeresunters*, 44: 219-263.
- JOBLING, M. (1995) *Environmental Biology of Fishes*. Chapman & Hall, London, 455 pp.
- JOHNSON, D. S. & SKUTCH, A. F. (1928) Littoral Vegetation on a Headland of Mt. Desert Island, Maine. II. Tide-Pools and the Environment and Classification of Submersible Plant Communities. *Ecology*, 9: 307–338.
- KEENE, J. L.; NOAKES, D. L. G.; MOCCIA, R. D. & SOTO, C. G. (1998) The efficacy of clove oil as an anesthetic for rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum). *Aquaculture Research*, 29: 89-101.
- KILPP, A. M. (1999) *Efeitos da população do ouriço Echinometra lucunter sobre a comunidade bentônica em um recife de Tamandaré-PE*. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pernambuco.
- KNOPPERS, B.; EKAU, W.; FIGUEIREDO JUNIOR, A. G. & SOARES-GOMES, A. (2002) *Zona Costeira e Plataforma Continental do Brasil*. In: Crespo Pereira, R. & Soares-Gomes, A. *Biologia Marinha*. Rio de Janeiro: Interciência. 382 pp.
- KOHLER, K. E. & GILL, S. M. (2006) Coral Point Count with Excel extensions (CPCe): A Visual Basic program for the determinations of coral and substrate coverage using random point count methodology. *Computers & Geosciences*, 32: 1259–1269.
- KRUSKAL, J. B. (1964) Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to anonmetric hypothesis. *Psychometrika*, 29 (1): 1-27.
- LARSON, R. J. (1980) Competition, habitat selection and the bathymetric segregation of two rockfish (Sebastes) species. *Ecological Mongraphs*, 50: 221–239.
- LETOURNER, Y. (1996) Dynamics of fish communities on Reunion fringing reefs, Indian Ocean. II. Patterns of temporal fluctuations. *Journal of Experimental*

Marine Biology and Ecology, 195: 31–52.

- LIMA, S. H. A. (1997) *Idade, crescimento e alguns aspectos da reprodução de Stegastes fuscus Cuvier, 1830 (Teleostei, Pomacentridae) dos recifes de Tamandaré, Pernambuco, Brasil*. Universidade Federal de Pernambuco. Dissertação de Mestrado. 104 pp.
- LIMA, S. F. (2006) *Caracterização Geomorfológica e Paleogeográfica da Plataforma Continental Adjacente a Foz do Rio Apodi - Mossoró, RN/Brasil*. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. 109 pp.
- LINTON, D.; SMITH, R.; ALCOLADO, P.; HANSON, C.; EDWARDS, P.; ESTRADA, T. F.; FERNANDEZ, R. G.; GERALDES, F.; MCCOY, C.; VAUGHAN, D.; VOEGELI, V.; WARNER, G.; WIENER, J. (2002) Status of coral reefs in the northern Caribbean and Atlantic node of the GCRMN. In: Wilkinson, C. R. (Ed.). *Status of coral reefs of the world*. Chapter 15. GCRMN Report, Australian Institute of Marine Science, Townsville, Australia, 277-302.
- LIRA, L.; WOR, C.; HAZIN, F. H. V.; BRAGA JUNIOR, H. A. C. & SANTOS, J. C. P. (2010) Estudo de correntes marinhas por meio do lançamento de cartões de deriva no litoral do estado de Pernambuco, Brasil. *Arquivos de Ciências do Mar*, 43(1): 30 - 37.
- LÓPEZ, M. S. & COUTINHO, R. (2008) Acoplamento Plâncto-Bentos: o papel do suprimento larval na estrutura das comunidades bentônicas de costões rochosos. *Oecologia Brasiliensis*, 12 (4): 575-601.
- MACIEIRA, R. M. (2008) *Estrutura de comunidade e distribuição espacial dos peixes das poças de maré em um recife do Atlântico sudoeste, Brasil*. Universidade Federal do Espírito Santo. Dissertação de Mestrado. 67 pp.
- MAHON, R. & MAHON, S. D. (1994) Structure and resilience of a tidepool fish assemblage at Barbados. *Environmental Biology of Fishes*, 41: 171-190.
- MAIDA, M. & FERREIRA, B. P. (1997) Coral reefs of Brazil: an overview. *Proceedings of the 8th International Coral Reef Symposium*, 1: 263-274.
- MARÍN, V. H. & DELGADO, L. E. (2007) Lagrangian observations of surface coastal

- flows North of 30°S in the Humboldt Current system. *Continental Shelf Research*, 27: 731-743.
- MASCARO, U. C. P.; RODRIGUES, L. A.; BASTOS, J. K.; SANTOS, E. & CHAVES DA COSTA, J. P. (1998) Valores de DL50 em peixes e tratados com pó de raízes de *Derris* spp e suas implicações ecotoxicológicas. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 18 (2): 53-4.
- MCGREGOR, D. D. (1965) Physical ecology of some New Zealand rockpools. *Hydrobiologia*, 25: 277-284.
- MEAGER, J. J.; WILLIAMSON, I. & KING, C. R. (2005) Factors affecting the distribution, abundance and diversity of fishes of small, soft-substrata tidal pools within Moreton Bay, Australia. *Hydrobiologia*, 537: 71-80.
- METAXAS A. & SCHEIBLING, R. E. (1993) Community structure and organization of tidepools. *Marine Ecology Progress Series*, 98: 187-198.
- MÍGUEZ, B. M.; VARELA, R. A.; ROSÓN, G.; SOUTO, C.; CABANAS, J. M. & FARIÑA-BUSTO, L. (2005) Physical and biogeochemical fluxes in shelf waters of the NW Iberian upwelling system: hydrography and dynamics. *The Journal of Marine Systems*, 54: 127-138.
- MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE - MMA. (2010) Gerência de Biodiversidade Aquática e Recursos Pesqueiros. Panorama da conservação dos ecossistemas costeiros e marinhos no Brasil. Brasília, MMA/SBF/GBA. 148 pp.
- MOORE, P. G. & SEED, R. (1986) *The ecology of rocky coasts*. Columbia University Press, New York. 460 pp.
- MORING, J. R. (1986) Seasonal presence of tidepool fish species in a rocky intertidal zone of northern California, USA. *Hydrobiologia*, 134:21-27.
- MORRIS, S. & TAYLOR, A. C. (1983) Diurnal and seasonal variation in physicochemical conditions within intertidal rock pools. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 17: 339-355.
- MOURA, R. L.; FIGUEIREDO, J. L. & SAZIMA, I. (2001) A new parrotfish

- (Scaridae) from Brazil, and revalidation of *Sparisoma amplum* (Ranzani, 1842), *Sparisoma frondosum* (Agassiz, 1831), *Sparisoma axillare* (Steindachner, 1878) and *Scarus trispinosus* Valenciennes, 1840. *Bulletin of Marine Science*, 68: 505-524.
- NELSON, J. S. (1994) *Fishes of the world*. John Wiley and Sons, Inc. New York. 3rd edition. 600 pp.
- OSBORNE, J. W. (2010) Improving your data transformations: Applying the Box-Cox transformation. *Practical Assessment, Research & Evaluation*, 12:1-9.
- PACHECO, A. C. G. (2008) Partilha de hábitat entre peixes territorialistas nos recifes de Tamandaré, PE. Universidade Federal de Pernambuco. Dissertação de Mestrado. 74 pp.
- PARMESAN, C. (2006) Ecological and evolutionary responses to recent climate change. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 37: 637–669.
- PARRISH, R. H.; NELSON, C. S. & BAKUN, A. (1981) Transport mechanisms and the reproductive success of fishes in the California Current. *Biological Oceanography*, 1: 175-203.
- PIELOU, E. C. (1977) *Mathematical Ecology*. Wiley, NY. 385 pp.
- POTTS, G. W. (1980) The littoral fish of Little Cayman (West Indies). *Atoll Research Bulletin*, 241: 43-52.
- PYEFINCH, K. A. (1943) The intertidal ecology of Bardsey Island, North Wales, with special reference to the recolonization of rock surfaces, and the rock-pool environment. *Journal of Animal Ecology*, 12: 82-10.
- RANDALL, J. E. (1967) Food habits of reef fishes of the West Indies. *Studies in Tropical Oceanography*, 5: 665–847.
- RANDALL, J. E. (1996) *Caribbean Reef Fishes*. T.N.F. Publications, New Jersey, EUA, 368 pp.
- ROCHA, L. A.; ROSA, I. L. & ROSA, R. S. (1998) Peixes recifais da costa da Paraíba, Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 15 (2): 553-566.

- ROHLFS DE MACEDO, C. M. R. & BELÉM, M. J. C. (1994) The genus *Zoanthus* in Brazil. Characterization and Anatomical revision of *Zoanthus sociatus* (Cnidaria, Zoantharia, Zoanthidae). *Iheringia*, 77: 135-144.
- ROSA, R. S.; ROSA, I. L. & ROCHA, L. A. (1997) Diversidade da ictiofauna de poças de maré da praia do Cabo Branco, João Pessoa, Paraíba, Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 14 (1): 201-212.
- RUFFEIL, T. O. B. (2012) Ictiofauna de poças rochosas de maré: padrões de distribuição associados ao espaço e o ambiente. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Pará, 34 pp.
- SALE, P. F. (1978) Coexistence of coral reef fishes - a lottery for living space. *Environmental Biology of Fishes*, 3: 85-102.
- SALE, P. F. (1979) Recruitment, loss and coexistence in a guild of territorial coral reef fishes. *Oecologia*, 42: 159-177.
- SALE, P. F. (1975) Patterns of use of space in a guild of territorial reef fishes. *Marine Biology*, 29: 89-97.
- SAMPAIO, C. L. S. & NOTTINGHAM, M. C. (2008) Guia para Identificação de Peixes Ornamentais. Edições IBAMA, Brasília, v.1: Espécies Marinhas. Santarelli, A. 1983. Super Sub. Editora Cobra Sub, Rio de Janeiro.
- SAZIMA, I.; GASPARINI, J. L. & MOURA, R. L. (2002) *Labrisomus cricota*, a new scaled blenny from the coast of Brazil (Perciformes: Labrisomidae). *Aqua Journal of Ichthyology and Aquatic Biology*, 5: 127-132.
- SEGAL-RAMOS, B. (2003) *Corais e comunidades recifais e sua relação com a sedimentação no Banco dos Abrolhos, Brasil*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio de Janeiro. 133 pp.
- SILVA, G. R. (2002) *Estrutura da assembleia de peixes de poças de maré em Barra de Mamanguape, Rio Tinto, Paraíba, Brasil*. Universidade Federal da Paraíba, Brasil. Dissertação de Mestrado. 78 pp.
- SOUZA, L. L. G. (2006) *Ecologia reprodutiva do peixe-donzela, Stegastes fuscus cuvier, 1830 (osteichthyes: pomacentridae) em arrecifes rochosos da praia de*

- búzios, rio grande do norte, brasil. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Dissertação de Mestrado. 91 pp.
- STATSOFT, (2007) STATISTICA Inc. (data analysis software system). Version 8.
- STEINER, A. Q. (2005) *Cnidofauna de recifes emersos da Área de Proteção Ambiental Costa dos Corais (Estados de Pernambuco e Alagoas) e percepção do ambiente recifal por moradores locais*. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal da Paraíba. 101 pp.
- STENECK, R. S. & DETHIER, M. N. (1994) A functional group approach to the structure of algal-dominated communities. *Oikos*, 69:476-498.
- STEPHENSON, T. A. & STEPHENSON, A. (1950) Life between tidemarks in North America. I. The Flonda Keys. *Journal of Ecology*, 38: 354-402.
- STEPHENSON, T. A. & STEPHENSON, A. (1952) Life between tidemarks in North America. 11. Northern Florida and the Carolinas. *Journal of Ecology*, 40: 1- 49.
- STEPHENSON, T. A. & STEPHENSON, A. (1954a) Life between tidemarks in North America. IIIA. Nova Scotia and Prince Edward Island: description of the region. *Journal of Ecology*, 42: 14-45.
- STEPHENSON, T. A. & STEPHENSON, A. (1954b) Life between tidemarks in North America. IIIB. Nova Scotia and Prince Edward Island: the geographical features of the region. *Journal of Ecology*, 42: 46-70.
- STEPHENSON, T. A. & STEPHENSON, A (1972) *Life Between Tide-Marks on Rocky Shores*. W.H. Freeman, USA, 425 pp.
- STEPHENSON, T. A.; ZOOND, A. & EYRE, J. (1934) The liberation and utilization of oxygen by the population of rock-pools. *Journal of Experimental Biology*, 11: 162- 172.
- TYLER, W. A. & STANTON, F. G. (1995) Potential influence of food abundance on spawning patterns in a damselfish, *Abudefduf abdominalis*. *Bulletin of Marine Science*, 57: 610–623.
- TER BRAAK, C. J. F. (1986) Canonical correspondence analysis: a new eigenvector

method of multivariate direct gradient analysis. *Ecology*, 67: 1167-1179.

THOMSON, D. A. & LEHNER, C. E. (1976) Resilience of a rocky intertidal fish community in a physically unstable environment. *Journal Experimental Marine Biology and Ecology*, 22: 1-29.

UNDERWOOD, A. J. (1980) The effects of grazing by gastropods and physical factors on the upper limits of distribution of intertidal macroalgae. *Oecologia*, 46: 201-213.

UNDERWOOD, A. J. (1981) Structure of the rocky intertidal community in New South Wales: patterns of vertical distribution and seasonal changes. *Experimental Marine Biology and Ecology*, 51: 57-85.

UNDERWOOD, A. J. & JERNAKOFF, P. (1984) The effects of tidal height, wave exposure, seasonality and rock-pools on grazing and the distribution of intertidal macroalgae in New South Wales. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 75: 71-96.

VALENTIM, L. P. F. (2008) *Estrutura da assembléia de peixes de poças de maré do Arquipélago de Fernando de Noronha – PE, Brasil, a partir de métodos não destrutivos*. Universidade Federal da Paraíba. Dissertação de Mestrado. 57 pp.

VARAS, E. & OJEDA, F. P. (1990) Intertidal fish assemblage of the central Chilean coast: diversity, abundance and trophic patterns. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 25: 59-70.

WEAVER, P. L. (1970) Species diversity and ecology of tidepool fishes in three Pacific coastal areas of Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 17: 165-185.

WELLINGTON, G. M. & ROBERTSON, D. R. (2001) Variation in larval life-history traits reef fishes across the Isthmus of Panama. *Marine Biology*, 138: 11-22.

WILLIS, T. J. & ROBERTS, C. D. (1996) Recolonisation and recruitment of fishes to intertidal rockpools at Wellington, New Zealand. *Environmental Biology of Fishes*, 47: 329-343.

WOLFE, J. M. & HARLIN, M. M. (1988a) Tidepools in southern Rhode Island, U.S.A. I. Distribution and seasonality of macroalgae. *Botanica Marina*, 31:

525-536

WOLFE, J. M., HARLIN, M. M. (1988b) Tidepools in southern Rhode Island, U.S.A.

11. Species diversity and similarity analysis of macroalgal communities. *Botanica Marina*, 31: 537-546.

YOSHIYAMA, R. M. (1981) Distribution and abundance patterns of rocky intertidal fishes in central California. *Environmental Biology of Fishes*, 6: 3 155-332.

ZAMPROGNO, C. (1989) *Distribuição e hábito alimentares de peixes na Zona entremarés de recifes rochosos da praia de Manguinhos, Espírito Santo*. Universidade Estadual de Campinas. Dissertação de Mestrado. 171 pp.

ZAR, J. (1996) *Biostatistical analysis*. New Jersey, USA: Prentice Hall. 662 pp.

CAPÍTULO II

CONECTIVIDADE GENÉTICA DE *STEGASTES VARIABILIS* (CASTELNAU, 1855) EM POÇAS DE MARÉ DO NORDESTE BRASILEIRO EVIDENCIADA POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

ABSTRACT

Population genetics is a powerful tool for measuring important connections between marine populations. The present study aimed at assessing the genetic connectivity of five populations of *Stegastes variabilis* in northeast Brazil. A total of 151 samples were genetically characterized by means of ten microsatellite DNA markers. The population structure and parameters for the estimates of genetic variability, molecular variance (AMOVA), index for fixing (F_{ST}) and R_{ST} index were determined. Genetic clustering was assessed using Bayesian analysis. Loci analyzed were polymorphic, with heterozygosity deficit for set of loci in each population. Deviations from Hardy-Weinberg equilibrium were detected in six of the 50 estimates accomplished. High gene flow and high levels of genetic diversity were found in populations of *S. variabilis*, with genotypic relationships best explained by a single group. This suggest compatibility between the populations, constituting a homogeneous population along the tidepools analyzed in northeast Brazil. The results can be used for future comparisons, enabling to estimate the loss or gain of genetic diversity in these populations over time, point considered critical and that can compromise the effectiveness of management actions and conservation.

Keywords: Connectivity, *Stegastes variabilis*, gene flow, tidepool fishes, population genetics.

RESUMO

Genética de populações é uma poderosa ferramenta para mensurar conexões importantes entre populações marinhas. O presente estudo teve como objetivo avaliar a conectividade genética de cinco populações de *Stegastes variabilis* no nordeste brasileiro. Um total de 151 amostras foram caracterizadas geneticamente por meio de dez marcadores microsatélites de DNA. A estrutura da população e os parâmetros para as estimativas de variabilidade genética, variância molecular (AMOVA), índice de fixação (F_{ST}) e o índice R_{ST} foram determinados. O agrupamento genético foi acessado usando análise Bayesiana. Os *Loci* analisados foram polimórficos, com déficit de heterozigosidade para conjunto de *loci* em cada população. Desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram detectados em seis das 50 estimativas realizadas. Alto fluxo gênico e altos níveis de diversidade genética foram encontrada em populações de *S. variabilis*, com relações genótípicas melhor explicadas por um único grupo. Isto sugere compatibilidade entre as populações, constituindo uma população homogênea ao longo das poças de maré analisadas no nordeste brasileiro. Os resultados podem ser usados para comparações futuras, possibilitando a estimativa da perda ou ganho de diversidade genética nestas populações ao longo do tempo, ponto considerado crítico e que pode comprometer a eficácia das ações de gestão e conservação.

Palavras-chave: Conectividade, *Stegastes variabilis*, fluxo gênico, peixes de poças de maré, genética de populações.

I. INTRODUÇÃO

O termo conectividade se refere à dinâmica que liga populações locais através da dispersão de indivíduos, seja por meio de larvas, espécimes jovens ou adultos (PALUMBI, 2003; SALE, 2006). Muitas espécies de peixes marinhos apresentam uma fase larval pelágica, a qual é caracterizada pelo alto potencial de dispersão, conduzindo ao entendimento de que as populações são conectadas geneticamente (ROBERTS, 1997). Entretanto, diferenciação genética entre populações de peixes pode ocorrer em grandes ou pequenas escalas espaciais; a limitação do habitat, às características biológicas específicas e às condições oceanográficas podem ocasionar o isolamento de populações (PALUMBI, 1994). Segundo SHULMAN (1998), de 10 estudos publicados antes de 1998, foram detectadas diferenciação espacial significativa em cinco das quatorze espécies estudadas (36%) em grandes escalas (>1.000 km), em sete de vinte e seis espécies (27%) em escalas médias (200 – 1.000 km), e em seis de 10 espécies (60%) em populações locais em pequena escala (<200 km). Desde então, outros estudos reportaram diferenças genéticas significativas entre populações de peixes recifais em pequenas escalas espaciais (PLANES *et al.*, 1998; FAUVELOT & PLANES, 2002; TAYLOR & HELLBERG, 2003; PURCELL *et al.*, 2006; HEPBURN *et al.* 2009; SALAS *et al.*, 2009), sugerindo uma conectividade ecológica restrita (ver PLANES, 1993; GERLACH *et al.*, 2007; JONES *et al.*, 2009a).

A interação das características biológicas das espécies, com contingências históricas e influência direta de fatores ambientais, revelam quadros complexos e dinâmicos que podem ser melhor compreendidos avaliando-se o perfil genético da população (CUNHA, 2008). Devido às dificuldades associadas a observação direta do movimento larval entre populações no ambiente marinho (ver HEDGECOCK, 1986;

BOHONAK, 1999; HELLBERG *et al.*, 2002), estudos utilizando genética de populações tornaram-se fundamentais.

Marcadores microsatélites são ferramentas particularmente úteis porque são capazes de detectar diferenciação populacional sutil, sendo considerados marcadores adequados em estudos de variabilidade genética por serem bastante polimórficos. São marcadores codominantes, ou seja, ambos os alelos de um indivíduo heterozigoto podem ser visualizados e detectados; e podem ser amplificados por PCR (reação em cadeia de polimerase), a partir de pequenas quantidades de DNA (WRIGHT & BENTZEN, 1994). Outra vantagem do uso de marcadores microsatélites é a possibilidade de serem utilizados em estudos de diferentes espécies, ainda que sejam de natureza espécie-específica (BATISTA, 2010).

As poças de maré observadas no Nordeste Brasileiro apresentam-se aparentemente desconectadas entre si ao longo da costa. O tamanho e espaçamento das manchas variam ao longo da sua distribuição, e mesmo entre regiões, o tamanho e espaçamento das poças podem variar em muitas ordens de magnitude (observação pessoal). Visto que as poças de maré são consideradas áreas de berçário e criadouros para diversas espécies de peixes (CRABTREE & DEAN, 1982; MAHON & MAHON, 1994), determinar os níveis de conectividade entre populações de espécies associadas às poças de maré pode ter implicações importantes na definição dos processos naturais que limitam o crescimento das populações, a sua resiliência a perturbações naturais e aquelas induzidas pelo homem; Segundo JONES *et al.* (2009b), a perturbação dos padrões naturais de retenção larval e dos padrões de conectividade podem ser fatores chave para a extinção de muitas populações marinhas. A compreensão do grau de conectividade entre populações aparentemente isoladas, pode ainda gerar implicações para a instituição de áreas marinhas protegidas como meio de gestão e conservação da biodiversidade

(ROBERTS, 1997; RUSS, 2002; SALA *et al.*, 2002; GELL & ROBERTS, 2003; PALUMBI *et al.*, 2003; PALUMBI, 2004; FERNANDES *et al.*, 2005; BAY *et al.*, 2006; MORA *et al.*, 2006; WOOD *et al.*, 2008; JONES *et al.*, 2009a).

Stegastes variabilis pertence a família Pomacentridae e ocorre no Atlântico Ocidental, desde a Flórida até Santa Catarina, entre 0–25 m de profundidade. Os indivíduos da espécie apresentam pequeno porte (13 cm de comprimento máximo) (HOSTIM–SILVA *et al.*, 2005) e reproduzem–se por todo o ano, com picos no verão. Os ovos são depositados em superfícies lisas e o cuidado uniparental das ovas é feito por parte dos machos; a fase larval é pelágica (CARVALHO–FILHO, 1999; DIAS JR. *et al.*, 2007).

Nas poças de maré, jovens de *S. variabilis* são comumente observados habitando fendas entre rochas ou corais. Indivíduos desta espécie são explorados no comércio de peixes ornamentais, sobretudo aqueles menores de 10 cm de comprimento total (SAMPAIO & NOTTINGHAM, 2008). Apesar disso, a espécie não foi avaliada pela Lista Vermelha da IUCN (IUCN, 2013). Embora *S. variabilis* não seja uma espécie de interesse especial, por si só, serve como um comparativo para muitas espécies raras ou ameaçadas, por compartilhar características da história de vida, sobretudo em termos de duração larval e potencial de dispersão.

Estudos com enfoque na análise genética de espécies do gênero *Stegastes* foram realizados por LACSON *et al.* (1989), os quais evidenciaram diferenciação genética em populações de *Eupomacentrus partitus* (Poey, 1868) (espécie atualmente aceita como *Stegastes partitus*) em quatro recifes de corais na Flórida, EUA. HEPBURN *et al.* (2009) identificaram estruturação genética em populações de *S. partitus* ao longo da barreira de recifes da costa leste da América Central, desde Yucatan (México) a Onduras. OSPINA–GUERRERO *et al.* (2008), SALAS *et al.* (2009) e VILLEGAS–SANCHEZ *et al.* (2010)

analisaram a conectividade genética em populações caribenhas de *S. partitus*. WILLIAMS *et al.* (2003) desenvolveram e caracterizaram 11 *loci* microssatélites polimórficos e THIESSEN & HEATH (2007) desenvolveram 14 pares de *primers* para *S. partitus*. No Brasil, trabalhos relevantes sobre análise genética em espécies do gênero *Stegastes* foram realizados por DIAS JR. *et al.* (2007) e DIAS JR. & MOLINA (2008). DIAS JR. *et al.* (2007) analisaram a estrutura genética populacional das espécies *S. fuscus* e *S. variabilis* no Rio Grande do Norte, Nordeste do Brasil, e de *S. sanctipauli* no Arquipélado de São Pedro e São Paulo, Brasil. DIAS JR. & MOLINA (2008) estabeleceram relações de similaridade genética para cinco espécies do gênero *Stegastes* com distribuição costeira e endêmica para Fernando de Noronha, Atol das Rocas e Arquipélado de São Pedro e São Paulo, Brasil.

O presente capítulo consiste de um estudo englobando a porção da costa nordestina que compreende os Estados da Paraíba, Pernambuco e Rio Grande do Norte, norteado pelas seguintes perguntas: há fluxo gênico entre as populações de *S. variabilis* ou existe uma estruturação genética ao longo das poças de maré amostradas? Quantas populações geneticamente estruturadas de *S. variabilis* estão formadas ao longo das poças de maré amostradas?

II. OBJETIVOS

II.1 Objetivo Geral

Avaliar a conectividade genética entre as populações de *Stegastes variabilis* em poças de maré dos Estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco, por meio de marcadores microssatélites.

II.2 Objetivos Específicos

- 1) Analisar a variabilidade genética das populações de *S. variabilis* amostradas;
- 2) Verificar a existência de fluxo gênico nas populações de *S. variabilis* amostradas;
- 3) Estimar o número de populações geneticamente estruturadas de *S. variabilis* ao longo das poças de maré amostradas.

III. MATERIAIS E MÉTODOS

III.1 Amostragem

Foi utilizado o óleo de cravo como anestésico para possibilitar a captura dos peixes em cada poça de maré com concentração de 20 mg/l. O óleo de cravo foi diluído em etanol 50% na proporção 1:5 antes da aplicação na poça. Foram coletadas 151 amostras de tecido de espécimes jovens e adultos nas poças de maré da Praia do Cabo Branco (PB), Barra de Mamanguape (PB), Búzios (RN), Pirambúzios (RN) e no Paiva (PE) entre os meses julho e agosto de 2011, janeiro, fevereiro, março, junho e agosto de 2012, e janeiro, fevereiro e março de 2013.

Após a captura, foi medido o comprimento total dos espécimes e coletados fragmentos de tecido das nadadeiras dorsal ou caudal (Figura 1). As amostras foram depositadas em tubos criogênicos, imersa em solução de álcool etílico a 95% e, em laboratório, mantidas a -20°C . Após a coleta de amostra do tecido, os espécimes foram transferidos para um recipiente com aproximadamente dez litros de água marinha e aeração constante, aonde permaneceram até a recuperação (quando os indivíduos voltaram a exibir natação normal). Logo que recuperados, foram liberados em poças próximas às aquelas onde foram coletados.

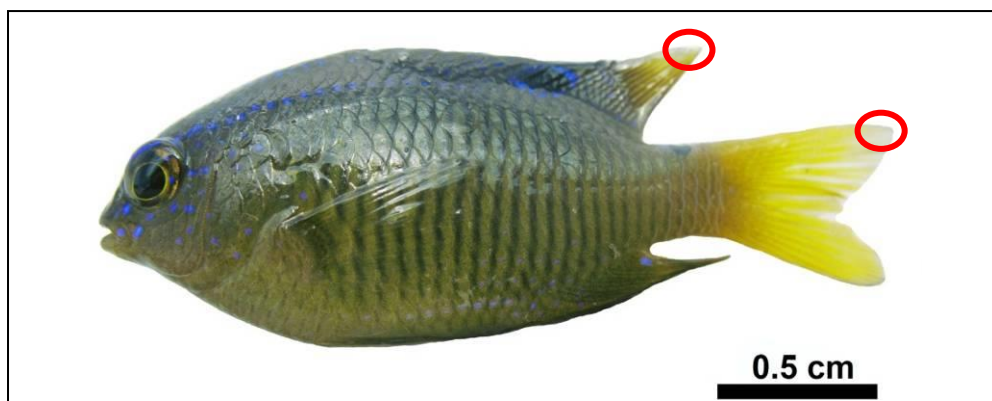


Figura 1. Porções das nadadeiras dorsal e caudal onde foram coletadas amostras de tecido de espécimes de *S. variabilis* (Foto: P. Honório).

III.2 Extração de DNA

A extração do DNA foi realizada com o Kit de extração da EasySpin (Genomic DNA microplate Tissue Kit), segundo protocolo fornecido pelo fabricante, com poucas alterações, conforme as etapas descritas a seguir:

- Depositar o tecido macerado em um eppendorf de 1.5 ml contendo 300 µl de solução de ACL;
- Adicionar 20 µl de Proteinase K;
- Agitar manualmente a solução e, em seguida, vortexar os eppendorfs por poucos segundos;
- Incubar as amostras a 55°C por cerca de 3 horas;
- Retirar os eppendorfs contendo o tecido da incubadora e aguardar até que atinja a temperatura ambiente;
- Vortexar rapidamente e, em seguida, centrifugar por 5 minutos a 14000 rpm;
- Pipetar as amostras diluídas (300 µl em média) do sobrenadante para uma placa EasySpin 96–Well;
- Adicionar 300 µl de solução AB e aguardar 2 minutos;
- Centrifugar por 4 minutos a 3700 rpm;
- Adicionar 500 µl de solução Wash dentro da placa EasySpin 96–Well contendo a solução com DNA;
- Centrifugar por 6 minutos a 3700 rpm;
- Logo que retirar a placa EasySpin 96–Well da centrífuga, descartar o sobrenadante;
- Adicionar 500 µl de Solução na placa EasySpin 96–Well contendo a solução com o DNA e, em seguida, centrifugar por 6 minutos a 3700 rpm;

– Centrifugar por 10 minutos a 3700 rpm para secar o filtro da placa EasySpin 96–Well;

– Transferir a placa EasySpin 96–Well para uma placa de armazenamento 96–Well. Adicionar 50 µl de Elution Buffer em cada poço e levá-la à incubadora por 15 minutos. Em seguida, centrifugar por 5 minutos a 14000 rpm. Esta será a placa da primeira eluição do DNA.

– Repetir o último procedimento por mais duas vezes e conservar cada placa de armazenamento 96–Well sob refrigeração, pois estas serão as segundas e terceiras eluições do DNA.

O sucesso da extração de DNA foi avaliado por eletroforese em gel de agarose 0.8% p/v a 300V em TBE 0.5x (Tampão Tris–borato–EDTA: Tris 89 mM, ácido bórico 89 mM, EDTA 2 mM, pH 8.0) corado com Gelred™, sendo aplicados 2 µl do DNA extraído com 3 µl de solução de azul de bromofenol (azul bromofenol 0.1%, EDTA 0.1M e 50g de sacarose). A visualização do DNA extraído foi realizada por meio de radiação ultravioleta (Figura 2).

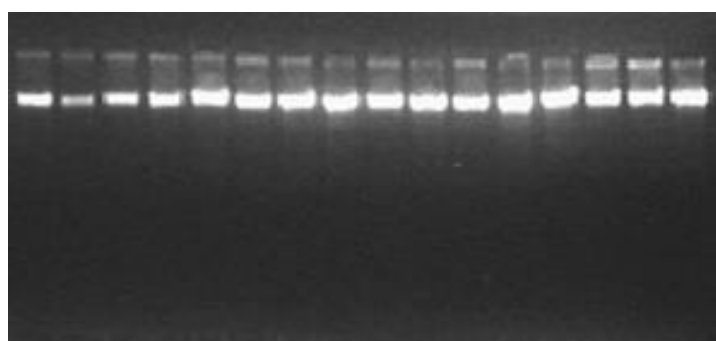


Figura 2. Perfis de DNA de indivíduos de *Stegastes variabilis* corados com Gelred™ em gel de agarose 0.8%.

De acordo com a concentração de DNA estimada, as amostras foram diluídas em água ultrapura (bidestilada estéril), em concentrações que variaram de 5 a 15 µl, de modo a permitir uma boa amplificação por PCR.

III.3 Reações de Amplificação (PCR)

Dezoito *primers* microsatélites específicos para a espécie *Stegastes partitus* foram testados, e destes, dez mostraram-se bastante polimórficos e foram amplificados com sucesso nas amostras da espécie *S. variabilis* (Tabela 1).

Tabela 1. *Loci* microsatélites polimórficos desenvolvidos para *Stegastes partitus* e amplificados nas amostras de *Stegastes variabilis* deste estudo.

<i>Locus</i>	Sequência Primer 5'–3'	Repetição	Tamanho (pb)	Referência
<i>SpAAC42</i>	F: GGAGCAGTCTGTGTTTTTGT R: GTCCCATCAGTGTTGTG	AAC ₂₉	100–160	Williams <i>et al.</i> , 2003.
<i>SpGT10</i>	F: GTGACTCCCGTGACGTCTTC R: TTAAACACAGTAATCAGAGAATGAGC	GT ₁₀	235–289	Thiessen & Heath, 2007
<i>SpTG13</i>	F: CITGTTCCITGGCTTCTTGG R: TGATAGTGGCAAGCAATGGA	TG ₁₃	228–236	Thiessen & Heath, 2007
<i>SpTG53</i>	F: GATGGCCTCTGGTGAATGC R: CAACTGGGAAGGAGGTCAAG	TG ₅₃	150–254	Thiessen & Heath, 2007
<i>SpTG8</i>	F: ACGCCGAAATGCATCTTAAT R: ACACATATTCCTCGGTTTTT	TG ₈	169–211	Thiessen & Heath, 2007
<i>SpAAC33</i>	F: ATCCGTTTCGTGGTCTCAC R: CCCCCTTTCCTTCTAAA	AAC ₁₃	100–173	Williams <i>et al.</i> , 2003.
<i>SpAAT40</i>	F: CTGGGCTTCTCTTTTTTGT R: AGTGGTCCCAGAGTTTTCTC	AAT ₂₂	128–212	Williams <i>et al.</i> , 2003.
<i>SpAAT9</i>	F: GACGCTGCTTTATTTAACTTAG R: ATTTTCTTTTTGTGGTTACAT	AAT ₁₈	210–290	Williams <i>et al.</i> , 2003.
<i>SpGATA40</i>	F: TTGCCTGCTGATAATTAACG R: ATGCCTCACAATGATGTATATT	GATA ₆₊₂₉	94–274	Williams <i>et al.</i> , 2003.
<i>SpAAT39</i>	F: TGCCAAGTTAAACGTAGACAC R: CTCCTTCAGTGATTTTCAGAA	AAT ₁₅	140–220	Williams <i>et al.</i> , 2003.

As reações de amplificação foram padronizadas para o volume final de 10 µl, contendo: 5 µl de Master Mix, o qual possui a seguinte composição por reação: 1 µl of 10X PCR Buffer minus Mg Invitrogen [200 mM de Tris-HCl (pH 8.4) e 500 mM KCl], 0.2 µM dNTPs, 1.7 mM de MgCl₂, 2.1 µl Platinum® Taq DNA Polimerase Invitrogen (5 U/µl). Foram adicionados 0.04 µl de primer forward (1µM/10µl), 0.4 µl de primer reverse (1µM/10µl), 0.4 µl de cauda M13-fluorescente, 3.16 µl de água ultrapura (bidestilada estéril) e 1 µl de DNA. As reações foram submetidas ao protocolo:

1° Fase – Desnaturação inicial a 95°C por 15 minutos, seguindo de 11 ciclos de desnaturação a 95°C por 30 segundos, anelamento com temperatura decrescendo 0.5°C a cada ciclo (60–55°C) por 1:30 minutos e extensão a 72°C por 30 segundos.

2° Fase – 29 ciclos de desnaturação a 95°C por 30 segundos, anelamento a 55°C por 45 segundos (podendo variar a um minuto), e extensão a 72°C por 30 segundos, terminando com 60°C por 10 minutos. As reações de amplificação foram conduzidas em termociclador T100 Bio-rad.

O sucesso da amplificação foi avaliado por corrida eletroforética em gel de agarose 2% p/v, a 300V em TBE 0.5x (Tampão Tris-borato-EDTA: Tris 89 mM, ácido bórico 89 mM, EDTA 2 mM, pH 8.0) corado com Gelred™, sendo aplicados 2 µl da amostra com 3 µl de solução de azul de bromofenol (azul bromofenol 0.1%, EDTA 0.1M e 50g de sacarose) e 1 µl de um marcador de peso molecular conhecido (*Marker 5*, Eurogentec). Este marcador permitiu inferir se o produto de amplificação correspondeu ao esperado. A visualização do produto de PCR amplificado foi realizada por meio de radiação ultravioleta.

III.4 Sequenciamento do DNA

Posteriormente, os produtos das PCR's foram submetidos a uma corrida eletroforética no gel de poliacrílamida 6% no sequenciador automático ABI 3500 (Applied Biosystems) utilizando LIZ-500 de tamanho padrão da ABI.

Os resultados do sequenciamento foram analisados no Micro Checker 2.2.3 (VAN OOSTERHOUT *et al.*, 2004) para a busca de alelos nulos, bandas *stutter* e alelos *drop-out*, que podem ocorrer durante o processo de PCR e que vão afetar a leitura dos microsatélites.

Todos os processos relacionados à extração de DNA, PCR e sequenciamento foram realizados nas dependências do Centro de Testagem Molecular, vinculado ao Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos da Universidade do Porto, Portugal, sob orientação do Dr. Paulo Alexandrino.

III.5 Análise dos Dados

A identificação taxonômica para cada sequência obtida foi confirmada no site da NCBI (National Center for Biotechnology Information). O cálculo de frequências relativas e número médio de alelos por loco foi realizado através do utilitário para Microsoft Excel denominado Excel Microsatellite Toolkit v.3.1.1 (PARK, 2001).

Foram calculados o número de alelos por *locus* (N_{loc}) e por população (N_{pop}), o número de alelos privados (N_p), número efetivo de alelos (N_e), a frequência alélica (F_a), riqueza alélica (R_a), heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) para cada loco no GENEPOP v.3.4 (MENOTTI-RAYMOND & ROUSSET, 1995). Também no GENEPOP v.3.4 (MENOTTI-RAYMOND & ROUSSET, 1995) foram calculados a estimativa de fluxo gênico (N_m), os índices de F_{IS} e F_{ST} para cada *locus*,

realizados com 1000 permutações. O F_{IS} é o coeficiente de endogamia intrapopulacional. F_{ST} é o índice de fixação para alelos por *locus*, correlacionando genes de diferentes indivíduos da mesma população; é a divergência genética entre populações. A riqueza alélica (A_R) e a diversidade gênica (G) para cada *locus* por população foram estimados no FSTAT v. 2.9.3.2 (GOUDET, 1995).

Testes de equilíbrio genético de Hardy–Weinberg foram realizados utilizando o método de cadeias de Markov (“*burn in*” de 100000 e seguidas por 1000000 permutações), para cada loco em cada população no software ARLEQUIN v3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010). A riqueza alélica foi calculada usando o software FSTAT v.2.9.3.2 (GOUDET, 1995) e o desequilíbrio de ligação entre os pares de *loci* foi avaliado através do teste da razão de verossimilhança com 1000000 de permutações no software ARLEQUIN v3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

Foi realizada uma análise de variância molecular (AMOVA) (MICHALAKIS e EXCOFFIER, 1996) entre as populações das localidades amostradas para verificar o grau de diferenciação genética a partir dos valores de F_{ST} e R_{ST} (SLATKIN, 1995) com uso do software ARLEQUIN v3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010). F_{ST} e R_{ST} pressupõem modelos mutacionais diferentes. O F_{ST} utiliza o Modelo de Alelos Infinitos (IAM) (KIMURA & CROW, 1964), no qual cada mutação cria um novo alelo, sem considerar o que lhe deu origem, podendo estes serem perdidos por deriva até alcançar o equilíbrio. O R_{ST} utiliza o Modelo de Mutação Gradual (SMM) (KIMURA & OHTA, 1978), utilizado para descrever a mutação dos alelos de microsatélites pela perda ou ganho de uma unidade de repetição da série e que pode mudar ou converter-se em um alelo já existente na população.

Para detectar possível estruturação genética das populações, foi realizada uma análise Bayesiana para inferir o número provável de grupos genéticos representados nas

amostras (K). Este método delinea grupos de indivíduos com base em múltiplos *loci* do genótipo sem a utilização de qualquer informação geográfica ou fenotípica. 1000 corridas foram realizadas para cada K. Foram testados K=1–8, assumindo o modelo de mistura (*admixture model*), onde cada amostra pode ter ancestrais de mais de uma população, e frequências alélicas correlacionadas. Em cada corrida, 1000000 de interações MCMC (Markov Chain Monte Carlo) foram realizadas após um período de burnin de 100000 interações. Após as corridas, foi calculado o número de provável de grupos genéticos (K), baseado no $\ln P(D)$, e o valor de K máximo estimado pelo modelo *log-likelihood* (FALUSH *et al.*, 2003) pelo método proposto por EVANNO *et al.* (2005). Esta análise foi realizada no software Structure v.2.3.4 (PRITCHARD *et al.*, 2000; EARL & VON HOLDT, 2012). Os dados dos genótipos foram convertidos no formato .str utilizando o software Converter v.1.31 (GLAUBITZ, 2004).

Os níveis de significância para os testes de HWE, F_{ST} e R_{ST} foram ajustados usando as correções de Bonferroni ($p = 0.05$) (RICE, 1989).

IV. RESULTADOS

Desvios significativos do equilíbrio de Hardy–Weinberg foram observados em seis das 50 estimativas realizadas com todos os *loci* analisados entre as populações de *S. variabilis* amostradas, três para os *locus* SpTG8 e três para o *locus* SpTG10 (Tabela III). Em todos os casos, os desvios de Hardy–Weinberg ocorreram devido ao déficit de heterozigotos. Em nenhuma das combinações de amostras os locos se apresentaram em desequilíbrio de ligação após correção de Bonferroni. Devido aos desvios de Hardy–Weinberg, os *loci* SpTG8 e SpTG10 foram removidos de todas as análises de estrutura genética.

Foram encontrados uma média de 10.5 alelos por população para os *loci* analisados, com mínimo de três alelos (correspondentes ao *loci* SpTG13 e SpAAC33) e um máximo de 39 alelos (correspondente ao *locus* SpTG53). Alelos privados foram registrados para todas as localidades com frequências entre 0.133 e 0.407. Os *loci* analisados apresentaram-se bastante polimórficos, com frequência alélica baixa em todas as localidades estudadas (entre 0.05 e 0.28) (Tabela II), com o número efetivo de alelos por *locus* variando entre 1.236 e 20.196 (Tabela III) (Figura 3).

A heterozigose média observada para o conjunto de *loci* em cada população foi menor que a heterozigose média esperada (Tabela II). Analisando por *locus*, os índices de heterozigosidade observada e esperada variaram entre 0.059 (SpAAC33, em Pirambúzios) e 0.979 (SpGATA40, em Barra de Mamanguape) e 0.164 (SpAAC33, em Pirambúzios) e 0.950 (SpTG53, no Paiva), respectivamente (Tabela III). A heterozigose observada foi maior em apenas 22 das 50 estimativas realizadas para os *loci* analisados entre as populações de *S. variabilis* amostradas, resultado confirmado pelo valor negativo de F_{IS} (F_{IS} negativo indica $H_o > H_e$). Das 28 estimativas restantes, 17 evidenciaram F_{IS}

acima de 0.10, indicativo de excesso de homozigotos. Ao retirar os *loci* SpTG10 e SpTG8, detectamos uma média menor dos valores de F_{IS} e uma diferença menor entre a heterozigosidade esperada e a observada em Búzios e no Cabo Branco; na Barra de Mamanguape, Paiva e Pirambúzios, os valores de heterozigosidade esperada e a observada calculados foram idênticos. Os valores dos parâmetros populacionais calculados por *locus*, excluindo-se os resultados dos *loci* SpTG10 e SpTG8, estão disponíveis da Tabela IV.

A riqueza alélica observada para as cinco localidades amostradas apresentou uma média $\pm$ desvio padrão de 10.781 ± 0.404 . A população de *S. variabilis* das poças de maré do Paiva apresentou a maior riqueza alélica (11.434 ± 6.568) e, para as demais populações, os valores calculados estiveram próximos a média. Os valores de diversidade gênica calculados para as cinco localidades foram similares, com média de 0.749 ± 0.019 (Tabela III).

A análise de variância molecular não evidenciou diferença significativa entre as populações de *S. variabilis* estudadas, de maneira que as maiores variações foram observadas dentro das populações (Tabela V). O índice de fixação F_{ST} (baseado no modelo evolutivo IAM) mostrou uma porcentagem de diferenciação desprezível entre as localidades (0.18%), enquanto que dentro das localidades a porcentagem correspondeu a 99.82%. Assim como o índice de fixação F_{ST} , as estimativa baseadas no índice R_{ST} (baseado no modelo evolutivo SMM) mostraram uma variação ínfima entre as populações (0.82%), enquanto a variação dentro das localidades foi de 99.18% (Tabela V). Nas comparações par a par, nenhum valor de F_{ST} e R_{ST} mostrou diferenças significativas. Analisando por *locus*, o Nm evidenciou valores altos de fluxo gênico e inversamente proporcionais ao F_{ST} para cada *locus* analisado. Os valores de Nm e F_{ST} por

locus estão disponíveis na Tabela IV; os valores dos índices F_{ST} e R_{ST} par a par entre as populações de *S. variabilis* encontram-se na Tabela VI.

Tabela II. Sumário estatístico para as cinco populações de *S. variabilis* estudadas na Barra de Mamanguape (PB), Búzios (RN), Cabo Branco (PB), Paiva (PE) e Pirambúzios (RN). N = número de indivíduos amostrados; Nlp : Número de locus polimórficos; $Npop$ = número médio de alelos por população; Fa = frequência alélica geral; Np = número de alelos privados; He = Heterozigosidade média esperada; Ho = Heterozigosidade média observada.

	N	Nlp	$Npop$	Fa	Np	He	Ho
Barra de Mamanguape	31	9	15.50	0.199	1.100	0.738	0.689
Búzios	30	8	12.30	0.142	0.600	0.717	0.680
Cabo Branco	30	10	11.40	0.050	0.200	0.761	0.690
Paiva	30	10	15.60	0.289	1.800	0.742	0.673
Pirambúzios	30	8	10.60	0.083	0.300	0.710	0.711

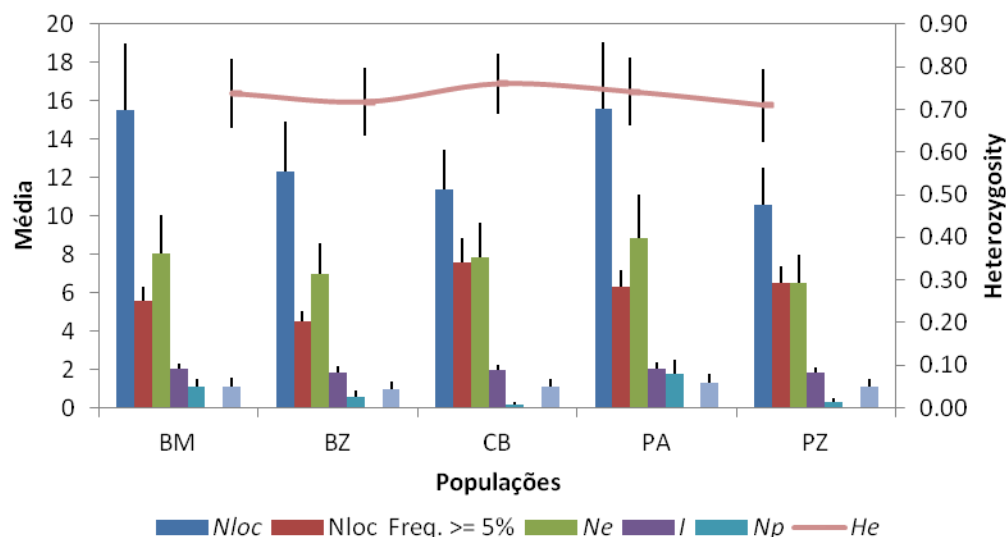


Figura 3. Média dos padrões alélicos entre as populações. BM: Barra de Mamanguape; BZ: Búzios; CB: Cabo Branco; PA: Paiva; PZ: Pirambúzios. $Nloc$ = número de alelos por *locus*; $Nloc$ = número de alelos por *locus* com frequências maiores que 5%; Ne = média do número efetivo de alelos; I = Índice de Shannon; Np = número de alelos privados; He = Heterozigosidade média esperada.

Tabela III. Parâmetros populacionais para cada *locus* por população de *S. variabilis*. N_{loc} = número de alelos por *locus*; N_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigosidade observada; H_e = heterozigosidade esperada; HWE = equilíbrio de Hardy–Weinberg ($p < 0.005$); F_{IS} = índice de endogamia intrapopulacional; A_R = Riqueza alélica; G = Diversidade gênica; F_{ST} = índice de fixação; Nm = estimativa de fluxo gênico.

Pop.		SpAAC42	SpGT10	SpTG13	SpTG53	SpTG8	SpAAC33	SpAAT40	SpAAT9	SpGATA40	SpAAT39	Média ± dp
BM	N_{loc}	12	8	3	37	16	4	10	22	29	14	15.500 ±10.937
	N_e	4.971	3.082	1.236	13.720	10.309	1.588	4.098	14.115	19.377	8.223	8.072 ±6.149
	H_o	0.687	0.490	0.167	0.898	0.771	0.256	0.787	0.936	0.979	0.918	0.689 ±0.290
	H_e	0.650	0.676	0.191	0.927	0.903	0.370	0.756	0.929	0.948	0.878	0.723 ±0.260
	HWE	0.558	0.000	0.210	0.715	0.509	0.133	0.963	0.379	0.317	0.377	0.416 ±0.284
	F_{IS}	-0.069	0.275	0.128	0.031	0.146	0.309	-0.041	-0.007	-0.032	-0.045	0.070 ±0.138
	A_R	9.233	6.048	2.694	19.834	12.465	3.655	7.732	16.14	19.279	10.981	10.806 ±6.110
	G	0.807	0.685	0.193	0.937	0.914	0.376	0.76	0.939	0.958	0.886	0.745 ±0.262
BZ	N_{loc}	9	5	3	27	12	3	9	19	23	13	12.300 ±8.327
	N_e	3.802	2.510	1.237	13.587	8.000	1.629	3.613	12.019	14.881	8.397	6.968 ±5.138
	H_o	0.792	0.500	0.208	0.960	0.727	0.300	0.720	0.800	0.880	0.913	0.680 ±0.259
	H_e	0.737	0.602	0.192	0.926	0.875	0.386	0.723	0.917	0.933	0.881	0.717 ±0.254
	HWE	0.780	0.051	1.000	0.835	0.032	0.213	0.638	0.070	0.085	0.081	0.378 ±0.387
	F_{IS}	-0.074	0.169	-0.086	-0.036	0.169	0.223	0.004	0.127	0.057	-0.036	0.052 ±0.113
	A_R	8.379	4.703	2.898	20.775	11.128	2.85	7.836	15.93	18.671	12.057	10.523 ±6.378
	G	0.752	0.617	0.196	0.945	0.899	0.399	0.738	0.938	0.953	0.909	0.735 ±0.260
CB	N_{loc}	10	7	3	23	11	4	8	18	18	12	11.400 ±6.501
	N_e	5.096	3.376	1.292	18.182	6.557	2.305	4.420	14.815	13.793	8.333	7.817 ±5.827
	H_o	0.850	0.650	0.250	0.950	0.650	0.450	0.800	0.750	0.950	0.900	0.720 ±0.227

Tabela III (Continuação)

	<i>He</i>	0.804	0.704	0.226	0.945	0.848	0.566	0.774	0.933	0.928	0.880	0.761 ±0.222
	HWE	0.239	0.484	1.000	0.557	0.076	0.075	1.000	0.062	0.491	0.447	0.443±0.348
	<i>F_{IS}</i>	−0.057	0.076	−0.105	−0.005	0.233	0.735	−0.034	0.196	−0.024	−0.023	0.099 ±0.249
	<i>A_R</i>	9.507	6.55	2.979	21.286	10.361	3.996	7.548	17.221	16.865	11.342	10.765 ±6.020
	<i>G</i>	0.824	0.724	0.232	0.97	0.875	0.592	0.793	0.962	0.951	0.889	0.781 ±0.226
PA	<i>N_{loc}</i>	12	10	3	39	18	3	11	23	24	13	15.600 ±10.895
	<i>Ne</i>	4.285	2.809	1.465	20.196	11.237	1.383	4.846	17.190	17.089	8.025	8.852 ±7.120
	<i>Ho</i>	0.711	0.605	0.263	0.947	0.605	0.184	0.789	0.816	0.921	0.889	0.673 ±0.266
	<i>He</i>	0.767	0.644	0.317	0.950	0.911	0.277	0.794	0.942	0.941	0.875	0.742 ±0.254
	HWE	0.197	0.593	0.336	0.405	0.000	0.336	0.383	0.103	0.384	0.638	0.338 ±0.198
	<i>F_{IS}</i>	0.073	0.060	0.170	0.003	0.336	0.335	0.005	0.134	0.022	−0.015	0.112 ±0.131
	<i>A_R</i>	9.444	7.445	2.97	22.811	13.544	2.906	8.549	17.791	17.851	11.025	11.434 ±6.568
	<i>G</i>	0.778	0.653	0.322	0.963	0.927	0.282	0.804	0.956	0.954	0.893	0.753 ±0.257
PZ	<i>N_{loc}</i>	8	6	3	19	13	3	8	19	17	10	10.600 ±6.132
	<i>Ne</i>	3.975	3.028	1.412	8.640	9.529	1.197	4.025	14.087	12.960	6.244	6.510 ±4.615
	<i>Ho</i>	0.778	0.556	0.333	1.000	0.833	0.059	0.722	0.944	0.944	0.875	0.704 ±0.304
	<i>He</i>	0.748	0.670	0.292	0.884	0.895	0.164	0.752	0.929	0.923	0.840	0.710 ±0.269
	HWE	0.499	0.037	1.000	0.428	0.013	1.000	1.000	0.911	0.110	0.170	0.517 ±0.438
	<i>F_{IS}</i>	−0.039	0.171	−0.143	−0.131	0.069	0.642	0.039	−0.017	−0.023	−0.042	0.053 ±0.227
	<i>A_R</i>	7.889	5.997	3.000	18.273	12.825	3.000	7.832	18.49	16.605	9.884	10.379 ±5.906
	<i>G</i>	0.77	0.693	0.299	0.907	0.923	0.173	0.775	0.956	0.949	0.877	0.732 ±0.277
Geral	<i>F_{ST}</i>	0.009	0.007	0.007	0.016	0.020	0.050	0.010	0.013	0.012	0.019	0.016 ± 0.004
	<i>Nm</i>	28.472	37.371	35.569	15.139	12.361	4.735	25.436	18.380	21.210	13.057	21.173 ± 3.332

Tabela IV. Parâmetros populacionais para cada *locus*, excluindo-se os *loci* SpTG10 e SpTG8, por população de *S. variabilis*. N_{loc} = número de alelos por *locus*; N_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigosidade observada; H_e = heterozigosidade esperada; HWE = equilíbrio de Hardy–Weinberg ($p < 0.005$); F_{IS} = índice de endogamia intrapopulacional; A_R = Riqueza alélica; G = Diversidade gênica; F_{ST} = índice de fixação; Nm = estimativa de fluxo gênico.

Pop.		SpAAC42	SpTG13	SpTG53	SpAAC33	SpAAT40	SpAAT9	SpGATA40	SpAAT39	Média ± dp
BM	N_{loc}	12	3	37	4	10	22	29	14	16.375 ±12.035
	N_e	4.971	1.236	13.72	1.588	4.098	14.115	19.377	8.223	8.416 ±6.649
	H_o	0.687	0.167	0.898	0.256	0.787	0.936	0.979	0.918	0.7035 ±0.318
	H_e	0.65	0.191	0.927	0.37	0.756	0.929	0.948	0.878	0.706 ±0.285
	HWE	0.558	0.21	0.715	0.133	0.963	0.379	0.317	0.377	0.456 ±0.275
	F_{IS}	-0.069	0.128	0.031	0.309	-0.041	-0.007	-0.032	-0.045	0.034 ±0.127
	A_R	9.233	2.694	19.834	3.655	7.732	16.14	19.279	10.981	11.193 ±6.649
	G	0.807	0.193	0.937	0.376	0.76	0.939	0.958	0.886	0.732 ±0.289
BZ	N_{loc}	9	3	27	3	9	19	23	13	13.250 ±8.972
	N_e	3.802	1.237	13.587	1.629	3.613	12.019	14.881	8.397	7.396 ±5.544
	H_o	0.792	0.208	0.96	0.3	0.72	0.8	0.88	0.913	0.697 ±0.284
	H_e	0.737	0.192	0.926	0.386	0.723	0.917	0.933	0.881	0.712 ±0.278
	HWE	0.78	1	0.835	0.213	0.638	0.07	0.085	0.081	0.463 ±0.390
	F_{IS}	-0.074	-0.086	-0.036	0.223	0.004	0.127	0.057	-0.036	0.022 ±0.107
	A_R	8.379	2.898	20.775	2.85	7.836	15.93	18.671	12.057	11.174 ±6.851
	G	0.752	0.196	0.945	0.399	0.738	0.938	0.953	0.909	0.729 ±0.284
CB	N_{loc}	10	3	23	4	8	18	18	12	12.000 ±7.151
	N_e	5.096	1.292	18.182	2.305	4.42	14.815	13.793	8.333	8.529 ±6.327
	H_o	0.85	0.25	0.95	0.45	0.8	0.75	0.95	0.9	0.737 ±0.255
	H_e	0.804	0.226	0.945	0.566	0.774	0.933	0.928	0.88	0.757 ±0.248
	HWE	0.239	1	0.557	0.075	1	0.062	0.491	0.447	0.484 ±0.367
	F_{IS}	-0.057	-0.105	-0.005	0.735	-0.034	0.196	-0.024	-0.023	0.085 ±0.277

Tabela IV (Continuação)

	A_R	9.507	2.979	21.286	3.996	7.548	17.221	16.865	11.342	11.343 ±6.608
	G	0.824	0.232	0.97	0.592	0.793	0.962	0.951	0.889	0.777 ±0.253
PA	N_{loc}	12	3	39	3	11	23	24	13	16.000 ±12.130
	Ne	4.285	1.465	20.196	1.383	4.846	17.19	17.089	8.025	9.301 ±7.675
	Ho	0.711	0.263	0.947	0.184	0.789	0.816	0.921	0.889	0.690 ±0.298
	He	0.767	0.317	0.95	0.277	0.794	0.942	0.941	0.875	0.733 ±0.278
	HWE	0.197	0.336	0.405	0.336	0.383	0.103	0.384	0.638	0.348 ±0.157
	F_{IS}	0.073	0.17	0.003	0.335	0.005	0.134	0.022	-0.015	0.091 ±0.119
	A_R	9.444	2.97	22.811	2.906	8.549	17.791	17.851	11.025	11.668 ±7.245
	G	0.778	0.322	0.963	0.282	0.804	0.956	0.954	0.893	0.744 ± 0.282
PZ	N_{loc}	8	3	19	3	8	19	17	10	10.875 ±6.664
	Ne	3.975	1.412	8.64	1.197	4.025	14.087	12.96	6.244	6.567 ±4.934
	Ho	0.778	0.333	1	0.059	0.722	0.944	0.944	0.875	0.707 ±0.336
	He	0.748	0.292	0.884	0.164	0.752	0.929	0.923	0.84	0.691 ±0.296
	HWE	0.499	1	0.428	1	1	0.911	0.11	0.17	0.640 ±0.383
	F_{IS}	-0.039	-0.143	-0.131	0.642	0.039	-0.017	-0.023	-0.042	0.036 ±0.252
	A_R	7.889	3	18.273	3	7.832	18.49	16.605	9.884	10.622 ±6.417
	G	0.77	0.299	0.907	0.173	0.775	0.956	0.949	0.877	0.713 ±0.305
Geral	F_{ST}	0.009	0.007	0.016	0.05	0.01	0.013	0.012	0.019	0.017 ±0.014
	Nm	28.472	35.569	15.139	4.735	25.436	18.38	21.21	13.057	20.250 ±9.652

Tabela V. Análise de Variância Molecular para as populações de *S. variabilis* utilizando os índices F_{ST} e R_{ST} .

Fonte da Variação	Graus de Liberdade	Soma dos Quadrados	Componentes da Variação	Porcentagem de Variação
Índice		F_{ST}/ R_{ST}	F_{ST}/ R_{ST}	F_{ST}/ R_{ST}
Entre populações	4	11.082/ 161.480	0.005/ 0.617	0.180/ 0.82
Dentro das populações	297	918.077/ 22654.871	3.091/ 76.279	99.82/ 99.18
Total	301	929.159/ 22816.351	3.096/ 76.896	

Índice de Fixação F_{ST} : -0.00179;
 R_{ST} : -0.00816

Tabela VI. Índices de fixação F_{ST} (abaixo) e R_{ST} (acima) par a par entre as populações amostradas para *S. variabilis*.

	B. Mamanguape	Búzios	Cabo Branco	Paiva	Pirambúzios
B. Mamanguape	—	-0.00406	-0.01076	-0.00473	-0.00415
Búzios	-0.00061	—	0.00381	0.00178	-0.01941
Cabo Branco	-0.00021	0.00499	—	0.01622	0.01707
Paiva	0.00042	0.00639	-0.00258	—	0.01575
Pirambúzios	0.00367	-0.00512	-0.00028	0.00804	—

A análise Bayesiana realizada por interações de cadeias markovianas gerada pelo programa Structure, avaliando $K = 1$ a 8 populações sob o modelo Admixture, mostrou que o número de grupos com maior probabilidade posterior média para explicar a relação de genótipos encontrados foi $K=1$ [$\ln P(D) = -6180.98$] (Figura 4A e B). Isto sugere que um único grupo explica melhor a relação dos genótipos observados neste estudo. Todos os indivíduos amostrados de todas as populações analisadas apresentaram genótipos misturados dos cinco grupos (Figura 5). A taxa de variação da distribuição de probabilidade (média) do valor de K máximo estimado pelo modelo

log-likelihood corroborou o plano amostral, confirmando que há no máximo cinco populações esperadas para o conjunto de dados (Figura 6).

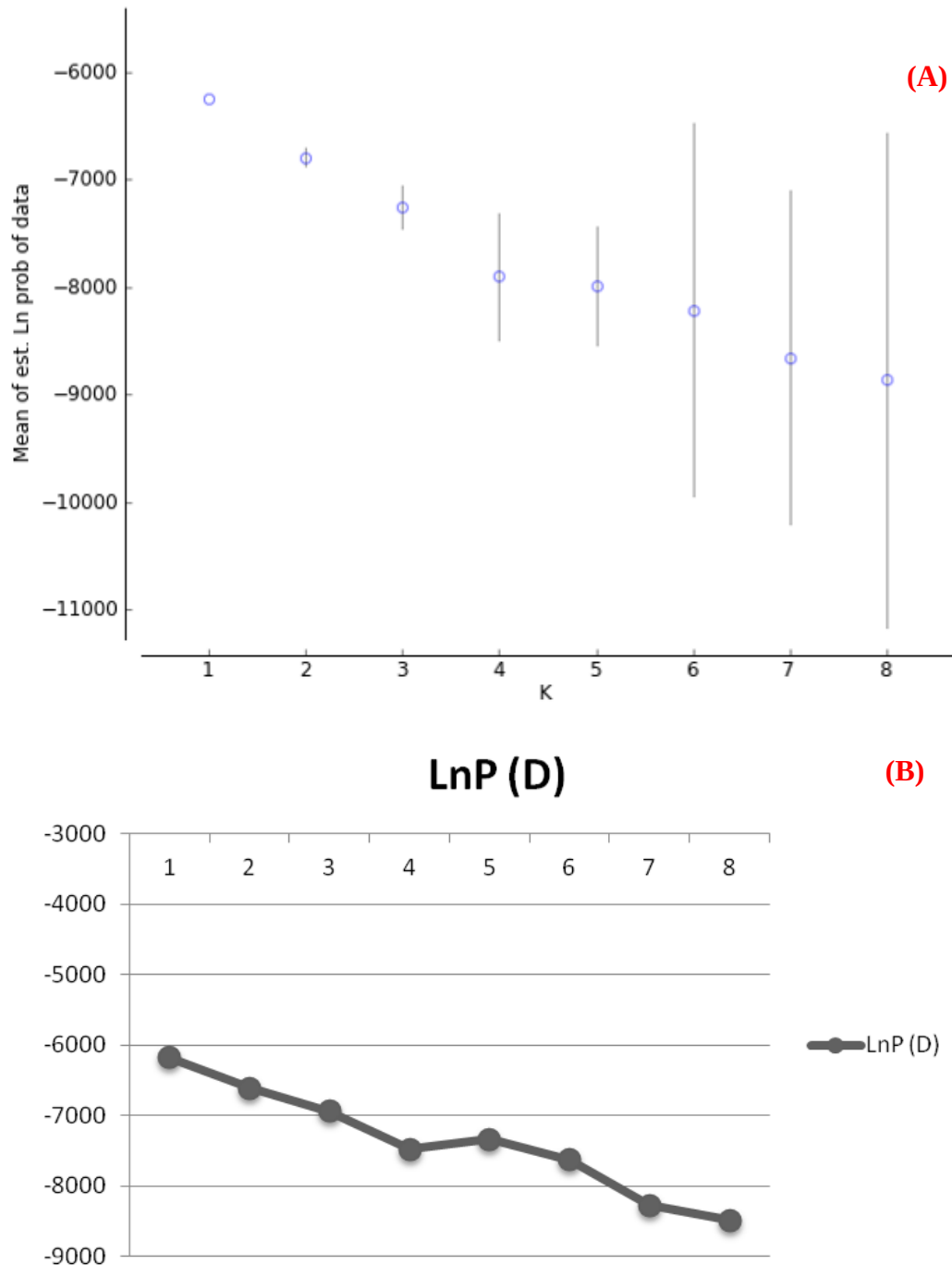


Figura 4. Valores de probabilidade posterior média gerados pela análise Bayesiana dos grupos (K) testados com dez locos microsatélites. (A): os círculos representam a média dos valores de LnP (D), e as linhas os desvios padrão.

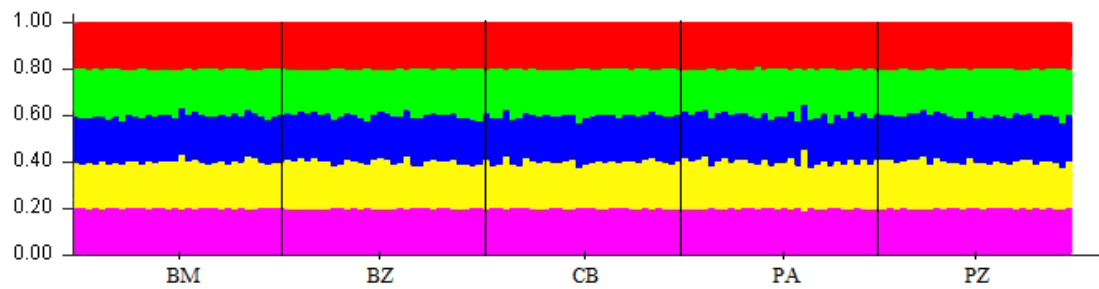


Figura 5. Composição do relacionamento genético entre as amostras, de acordo com o agrupamento determinado pela análise Bayesiana. Diferentes cores representam diferentes grupos genéticos de cada população amostrada. Cada coluna representa uma população.

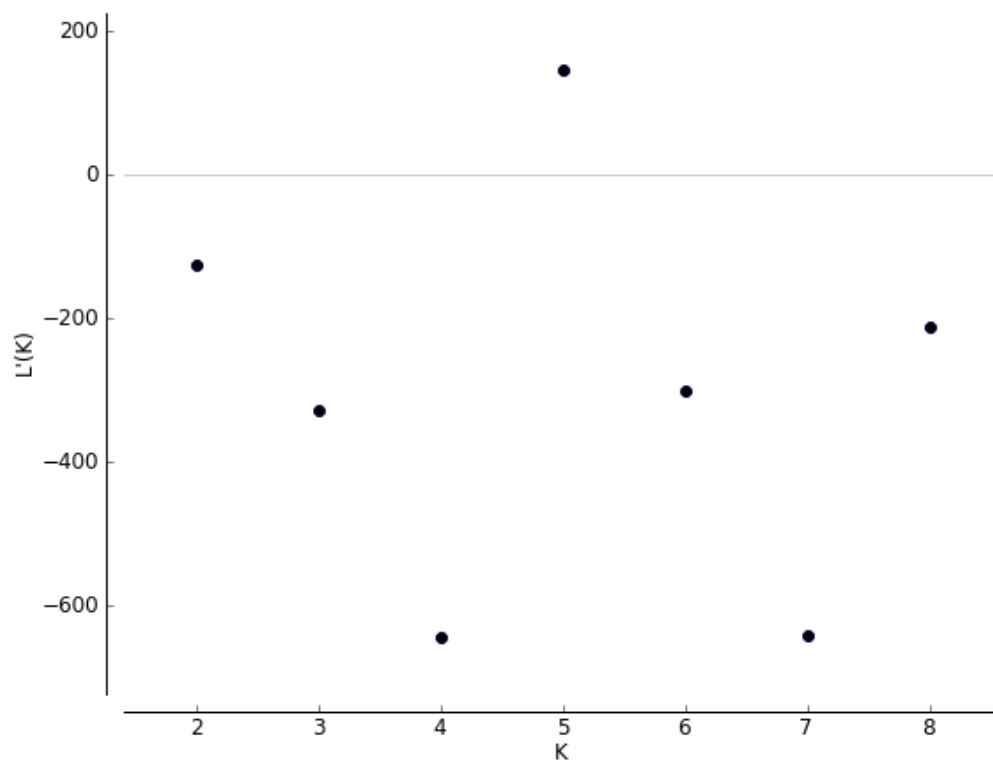


Figura 6. Taxa de variação da distribuição de probabilidade (média) do valor de K máximo estimado pelo modelo *log-likelihood*.

V. DISCUSSÃO

Marcadores genéticos constituem uma das principais ferramentas para investigar a existência de estruturação genética e descrever padrões de variabilidade genética de uma população natural, permitindo avaliar como esta variabilidade encontra-se distribuída dentro e entre as populações (JEHLE & ARNTZEN, 2002). Isto é particularmente importante nos estudos genéticos com peixes marinhos, onde mais de 90% das espécies apresentam uma fase larval pelágica (DIAS *et al.*, 2007), relacionada à capacidade de dispersão (BONHOMME & PLANES, 2000). A análise conjunta dos dados genéticos de microsatélites nucleares permitiu caracterizar a diversidade genética atual de *S. variabilis* de poças de maré no Nordeste brasileiro.

Os microsatélites estudados apresentaram boas proporções de alelos por *locus*, exceto SpTG13 e SpAAC33 que apresentaram três ou quatro alelos por população (Tabela IV). Entretanto, comparando os resultados deste estudo, OSPINA-GUERREIRO *et al.* (2008) e VILLEGAS-SÁNCHEZ *et al.* (2010) reportaram um maior número de alelos por *locus* para os *loci* SpGATA40, SpAAT9 e SpAAT39 para populações de *Stegastes partitus* no Caribe. WILLIAMS *et al.* (2003) testaram a eficiência de *primers* desenvolvidos para *S. partitus* na amplificação de *loci* em indivíduos de outras espécies do gênero *Stegastes* e também de *Microspathodon chrysurus*, e não obtiveram sucesso na amplificação dos *loci* SpAAT9, SpAAT39 e SpAAT40 em *S. variabilis*. Apesar disso, estes *loci* foram amplificados com sucesso e mostraram-se bastante polimórficos no presente estudo. Foram encontrados, em média, 20.20 alelos por população no *locus* SpAAT9, com média de 14.44 alelos efetivos. SpAAT39 apresentou uma média de 12.40 alelos por população, com média de 7.84

alelos efetivos. SpAAT40 apresentou uma média de 9.20 alelos por população, com média de 4.20 alelos efetivos.

Desvios do equilíbrio de Hardy–Weinberg foram observados nos marcadores SpTG10 para as populações da Barra de Mamanguape, Búzios e Pirambúzios, e SpTG8 para as populações de Búzios, Paiva e Pirambúzios e, em todos os casos, ocorreram devido a deficiência de heterozigosidade (Tabela III). Deficiência de heterozigosidade tem sido reportada em outros trabalhos onde se realizou genotipagem automática de microsatélites (BUTLER, 2001), explicada por SHINDE *et al.* (2003) como resultado da subestimação alélica devido a omissão de picos considerados "fantasmas". A deficiência de heterozigosidade também tem sido associada a outros erros de genotipagem, como por exemplo, a dominância de alelos pequenos e a presença de alelos nulos (WATTIER *et al.*, 1998; SHAW *et al.*, 1999). Além disso, o efeito Wahlund, consanguinidade, migração ou fluxo de genes, a partir de populações externas, e seleção natural podem resultar em déficit de heterozigosidade (OSPINA–GUERREIRO *et al.* 2008; TAVARES, 2007).

As sequências de *S. variabilis* deste estudo foram analisadas no programa Micro Checker, que indicou a presença de alelos nulos em nove dos 10 *loci* analisados; Apenas o *locus* SpGT53 não apresentou alelos nulos. A presença de alelos nulos em marcadores microsatélites é frequente, especialmente em grandes populações naturais (BRUFORD & WAYNE, 1993; KARLSSON & MORK, 2005). OSPINA–GUERREIRO *et al.* (2008) detectaram déficit de heterozigosidade e alelos nulos em todos os onze *loci* microsatélites analisados de populações de *Stegastes partitus*, com consequente desvio do equilíbrio de Hardy–Weinberg. No entanto, erros de genotipagem foram descartados como causa do déficit de heterozigosidade encontrado, tendo sido atribuído às consequências de processos endogâmicos. SALAS *et al.* (2009)

detectaram desvios do equilíbrio de Hardy–Weinberg em cinco dos 12 *loci* analisados para *S. partitus*. Dentre eles, SpTG8 e SpTG10 (os mesmos detectados neste estudo) apresentaram alelos nulos em todas as populações. Dessa maneira, SALAS *et al.* (2009) removeram os *loci* SpTG8 e SpTG10 de todas as análises de estrutura genética.

Os primers microsatélites utilizados neste estudo foram desenvolvidos para a espécie *Stegastes partitus* por WILLIAMS *et al.* (2003) e THIESSEN & HEATH (2007) e são considerados efetivos na amplificação de *loci* de outras espécies de *Stegastes* ou mesmo de outros Pomacentrídeos, por serem altamente polimórficos. No entanto, THIESSEN & HEATH (2007) não obtiveram sucesso na amplificação dos *loci* SpTG8 e SpTG10 nas espécies *Stegastes leucostictus*, *S. planifrons*, *S. adustus* e *Microspathodon chrysurus*, o que nos levou considerar que os déficits de heterozigosidade, com consequentes desvios no equilíbrio de Hardy–Weinberg, foram causados por possíveis erros de compatibilidade dos *primers* SpTG8 e SpTG10 na amplificação dos *loci* em *S. variabilis*. De todo modo, os *loci* SpTG8 e SpTG10 foram removidos de todas as análises de estrutura genética, eliminando-se, assim, a possibilidade de resultados não confiáveis e interpretações errôneas.

A IUCN (MCNEELY *et al.*, 1990) assinala a diversidade genética como um dos três níveis de biodiversidade que necessitam de conservação. A perda da diversidade genética eleva o risco de extinção, por comprometer as respostas evolutivas às mudanças ambientais (FRANKEL, 1970; 1974), como mudanças climáticas, novas doenças e novos predadores (FRANKHAM & KINGSLOVER, 2004). Neste estudo foram observados altos níveis de riqueza e diversidade genética, sugerindo que as populações analisadas possuem um maior poder de adaptação as alterações ambientais, redizendo a possibilidade de extinção (FRANKHAM *et al.*, 2008). Os valores de riqueza alélica variaram entre os *loci* analisados e, para as cinco populações analisadas,

a média $\pm$ desvio padrão foi de 10.781 ± 0.404 . Todas as populações apresentaram valores próximos à média, exceto no Paiva, onde a riqueza alélica foi 11.434 ± 6.568 . Níveis de variabilidade de microsatélites similares foram encontrados para 12 espécies de peixes marinhos (DEWOODY & AVISE, 2000) e para *S. partitus* (SALAS, 2009). DIAS JR. *et al.* (2007) analisaram a estrutura genética populacional de *S. variabilis* no Rio Grande do Norte e reportaram índices de diversidade genética menores que 0.381. No presente estudo, os índices de diversidade genética variaram entre 0.193 e 0.958, com média de 0.749 ± 0.019 . Especificamente nas duas localidades amostradas no Rio Grande do Norte, Búzios e Pirambúzios, os valores dos índices de diversidade foram também superiores (0.735 e 0.732, respectivamente) aos encontrados por DIAS JR. *et al.* (2007) em Búzios e Santa Rita (0.3812 e 0.3085, respectivamente).

Estudos utilizando diferentes marcadores foram realizados por SHULMAN & BERMINGHAM (1995), BERNARDI *et al.* (2001), MUSS *et al.* (2001), PLANES *et al.* (2001), ROCHA *et al.* (2002), TAYLOR & HELLBERG (2003), CHEN *et al.* (2004), GEERTJES *et al.* (2004), OVENDEN *et al.* (2004), THACKER (2004); HOFFMAN *et al.* (2005), HANNEY *et al.* (2007) e PURCELL *et al.* (2009) e detectaram estruturação genética em peixes marinhos, mesmo em escalas regionais. Tais estruturações genéticas são comumente associadas à capacidade dispersiva das espécies na fase larval e/ou às barreiras oceanográficas, como a influência de rios e correntes marinhas. No entanto, apesar da distância geográfica entre as populações (populações periféricas distam entre si 245.49 km) e da possível influência do Rio Mamanguape, Rio Paraíba e Rio Pirapama, no presente estudo não foi encontrada estruturação genética entre as populações analisadas de *S. variabilis*.

O conjunto dos resultados (N_m , F_{ST} , R_{ST} , análise Bayesiana) sugere que as populações de *S. variabilis* das poças de maré estudadas formam uma única população

continua com altos níveis de fluxo gênico. A AMOVA mostrou que as maiores variações foram observadas dentro das populações, com porcentagens de diferenciação desprezíveis entre as localidades. Valores baixos de F_{ST} são comuns em peixes marinhos (O'REILLY *et al.*, 2004) e podem refletir a existência de uma grande população efetiva (DEWOODY & AVISE, 2000). Os resultados obtidos neste trabalho estão em concordância com os realizados por DIAS *et al.* (2007) com *S. variabilis* no Rio Grande do Norte e por OSPINA–GUERREIRO *et al.* (2008) com *S. partitus* no Caribe.

Apesar da estruturação genética em populações de peixes marinhos ser comumente associada à capacidade dispersiva das espécies na fase larval, estudos genéticos que investigaram a relação entre o potencial de dispersão e o fluxo genético não chegaram a conclusões definitivas (DOHERTY *et al.*, 1995; SHULMAN & BERMINGHAM, 1995; GROSBURG & CUNNINGHAM, 2001; RIGINOS & VICTOR, 2001). Conforme discutido por DAWSON *et al.* (2006), espécies com tempos de duração larval pelágica similares podem exibir estruturações genéticas fortes, moderadas ou ausentes. *S. variabilis* e *S. partitus* apresentam tempos de duração larval idênticos (25 a 27 dias e 25 a 28 dias, respectivamente) (WELLINGTON & ROBERTSON, 2001). No entanto, HEPBURN *et al.* (2009), SALAS *et al.* (2009) e VILLEGAS–SÁNCHEZ *et al.* (2010) detectaram estruturação genética em populações de *S. partitus* em pequenas escalas espaciais no Caribe e, no presente trabalho, não foi evidenciada nenhum indício de estruturação genética em populações de *S. variabilis*. Dessa maneira, a compreensão das relações entre o fluxo gênico e a fase larval pelágica deve buscar incluir análises associando eventos históricos, condições oceanográficas locais, recrutamento, especialização ecológica, entre outros fatores.

O elevado fluxo gênico somado aos altos índices de diversidade genética encontrados nas populações de *S. variabilis* analisadas sugerem compactibilidade genética entre as populações. Em casos severos de declínio populacional, essa informação torna-se valiosa para a conservação de populações naturais; planos de translocação, por exemplo, podem ser realizados com sucesso, eliminando as chances de contaminação genética (FRANKHAM *et al.*, 2004). Por outro lado, forte conectividade entre áreas implica que as populações locais podem depender de processos que ocorrem em outras localidades. Consequentemente, iniciativas de gestão locais podem ser ineficazes (ROBERTS, 1997). Este estudo constitui um ponto de partida para a compreensão dos processos que influenciam a conectividade entre as populações de *S. variabilis*. Adicionalmente, os resultados gerados podem ser utilizados para comparações futuras, possibilitando estimar a perda ou ganho de diversidade genética nestas populações ao longo do tempo, ponto considerado crítico e que pode comprometer a eficácia de ações de manejo e conservação.

VI. CONCLUSÕES

- O método utilizado para investigar a conectividade genética entre as populações de *S. variabilis* mostrou-se eficaz e capaz de inferir níveis de variação intra e interpopulacionais;
- Apesar de desenvolvidos para a espécie *S. partitus*, os *primers* utilizados neste estudo foram amplificados com sucesso e mostraram-se informativos, com exceção dos *primers* SpTG10 e SpTG8;
- Altos índices de diversidade genética foram evidenciados para as cinco populações analisadas, com valores similares aos observados em outros trabalhos com peixes marinhos e superiores aos índices de diversidade gênica observados previamente para a mesma espécie em ambientes rasos do Rio Grande do Norte;
- A análise de variância molecular revelou que as populações de *S. variabilis* amostradas formam uma única população contínua;
- Os índices de fixação e os estimadores de fluxo gênico revelaram que as populações estudadas apresentam um intenso fluxo gênico;
- O intenso fluxo gênico observado nas populações de *S. variabilis* pode ser resultado do potencial dispersivo desta espécie na fase larval, no entanto, recomendamos que esta relação seja analisada através de uma abordagem que inclua outros aspectos, a exemplo das condições eceanográficas locais e fatores históricos;

- Os resultados gerados contribuem para o entendimento de como as populações de *S. variabilis* de poças de maré estão geneticamente conectadas, e proveem informações que podem ser utilizadas para comparações futuras e/ou no monitoramento e manejo destas populações.

VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BATISTA, J. S. (2010) *Caracterização genética da dourada – Brachyplatystoma rousseauxii, Castelnau, 1855 (Siluriformes–Pimelodidae) na Amazônia por meio de marcadores moleculares mitocondriais e microssatélites: subsídios para conservação e manejo*. Tese de doutorado. INPA. [s.n.]
- BAY, L. K.; CROIZIER, R. H. & CALEY, M. J. (2006) The relationship between population genetic structure and pelagic larval duration in coral reef fishes on the great barrier reef. *Marine Biology*, 149:1247–1256.
- BERNARDI, G.; HOLBROOK, S. J. & SCHMITT, R. J. (2001) Gene flow at three spatial scales in a coral reef fish, the three-spot dascyllus, *Dascyllus trimaculatus*. *Marine Biology*, 138: 457–465.
- BOHONAK, A. J. (1999) Dispersal, gene flow, and population structure. *The Quarterly Review of Biology*, 74:21–45.
- BONHOMME, F. & PLANES, S. (2000) Some evolutionary arguments about what maintains the pelagic interval in reef fishes. *Environmental Biology of Fishes*, 59: 365–383.
- BRUFORD, M. W. & WAYNE, R. K. (1993) Microsatellites and their application to population genetic studies. *Cm–r. Opin. Genet. Dev.*, 3: 939–943.
- BUTLER, J. (2001) *Forensic DNA Typing: Biology and Technology behind STR Markers*. Academic Press, London, 322 pp.
- CARVALHO-FILHO, A. (1999) *Peixes: costa brasileira*. Editora Melro Ltda. São Paulo. 320 pp.
- CHEN, C. A.; ABLAN, M. C. A.; MCMANUS, J. W.; BELL, J. D.; TUAN, V. S. & CABANBAN, A. S. (2004) Population structure and genetic variability of six bar wrasse (*Thallasoma hardwicki*) in northern South China Sea revealed by mitochondrial control region sequences. *Mar Biotechnol*, 6: 312–326.
- CRABTREE, R. E. & DEAN, J. M. (1982). The structure of two South Carolina

estuarine tidal pool fish assemblages. *Estuaries*, 5 (1): 2–9.

CUNHA, I. M. C. (2008) *Estrutura Genética de Chromis multilineata* (Guichenot, 1853) (Perciformes – Pomacentridae) na Costa NE do Brasil e ilhas oceânicas: evidências de um passado evolutivo instável. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio Grande no Norte. 57 pp.

DAWSON, M. N.; GROSBURG, R. K. & BOTSFORD, L. W. (2006) Connectivity in Marine Protected Areas. *Science*, 313:43–44.

DEWOODY, J. A. & AVISE, J. C. (2000) Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *J Fish Biol* 5:461–473.

DIAS JR, E. A. & MOLINA, W. F. (2008) Análise de similaridade genética entre espécies insulares endêmicas e costeiras do gênero *Stegastes* (Perciformes) através de marcadores moleculares RAPD. *Publica IV*, 37 – 46.

DIAS JR., E. A.; SOUZA, A. S. & MOLINA, W. F. (2007) Lack of interpopulation genetic structure in the genus *Stegastes* (Perciformes) with indication of local introgression. *Genetics and Molecular Research*, 6 (4): 1097–1106.

DOHERTY P. J.; PLANES, S. & MATHER, P. (1995). Gene flow and larval duration in seven species of fish from the Great Barrier Reef. *Ecology* 76:2373–2391.

EARL, D. A. & VON HOLDT, B. M. (2012) Structure Harvester: A website and program for visualizing structure output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4 (2): 359–361.

EVANNO, G; REGNAUT, S & GOUDET, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14:2611–2620.

EXCOFFIER, L. & LISCHER, H. E. L. (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564–567.

FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. (2003). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele

Frequencies. *Genetics*, 164: 1567–1587

- FAVELOT, C. & PLANES, S. (2002) Understanding origins of present-day genetic structure in marine fish: biologically or historically driven patterns? *Marine Biology*, 141: 773–788.
- FERNANDES, L.; DAY, J.; LEWIS, A.; SLEGGERS, S.; KERRIGAN, B.; BREEN, D.; CAMERON, D.; JAGO, B.; HALL, J.; LOWE, D.; INNES, J.; TANZER, J.; CHADWICK, V.; THOMPSON, L.; GORMAN, K.; SIMMONS, M.; BARNETT, B.; SAMPSON, K.; DE'ATH, G.; MAPSTONE, B.; MARSH, H.; POSSINGHAM, H.; BALL, I.; WARD, T.; DOBBS, K.; AUMEND, J.; SLATER, D. & STAPLETON, K. (2005) Establishing representative no-take areas in the Great Barrier Reef: Large-scale implementation of theory on marine protected areas. *Conservation Biology*, 19 (1): 733–744.
- FRANKEL, O. H. (1970) Variation, the essence of life. *Proceedings of the Linnean Society of New South Wales* 95, 158–169.
- FRANKEL, O. H. (1974) Genetic conservation: our evolutionary responsibility. *Genetics* 78, 53–65.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BISCOE, D. A. (2004) *A Primer of Conservation Genetics*. Cambridge University Press. 220 p.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. (2008) *Fundamentos da genética da conservação*. Ribeirão Preto: Editora SBG.
- FRANKHAM, R. & KINGSLOVER, J. G. (2004) *Response to environmental change: Adaptation or extinction*. In: Ferrier, R., Dieckman, U., Couvet, D. (Eds.), *Evolutionary Conservation Biology*. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 85–100.
- GEERTJES, G. J.; POSTEMA, J.; KAMPING, A.; VAN DELDEN, W.; VIDELER, J. J. & VAN DE ZANDE, L. (2004) Allozymes and RAPDs detect little genetic population substructuring in the Caribbean stoplight parrotfish *Sparisoma viride*. *Mar Ecol Prog Ser*, 279:225–235.

- GELL, F. R. & ROBERTS, C. M. (2003) Benefits beyond boundaries: The fishery effects of marine reserves. *Trends in Ecology and Evolution*, 18: 448–455.
- GERLACH, G.; ATEMA, J.; KINGSFORD, M. J.; BACK, K. P. & MILLER–SIMS, V. (2007) Smelling home can prevent dispersal of reef fish larvae. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104: 858–863.
- GLAUBITZ, J. C. (2004) CONVERT: A user–friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes*, 4: 309–310.
- GOUDET, J. (1995) FSTAT (vers. 1.2): a computer program to calculate F–statistics. *Heredity*, 86: 485–486.
- GROSBERG, R. & CUNNINGHAM, C.W. (2001) *Genetic structure in the sea*, pp. 61–84. In: Marine Community Ecology, M. D. Bertness, S. Gaines, and M. E. Hay (eds.). Sinauer, Sunderland, MA.
- HANNEY, R. A.; SILLIMAN, B. R. & RAND, D. M. (2007) A multi–locus assessment of connectivity and historical demography in the bluehead wrasse (*Thalassoma bifasciatum*). *Heredity*, 98, 294–302.
- HEDGECOCK, D. (1986) Is gene flow from pelagic dispersal important in the adaptation and evolution of marine invertebrates? *The Bulletin of Marine Science*, 39: 550–564.
- HELLBERG, M.E.; BURTON, R. S.; NEIGEL, J. E. & PALUMBI, S. R. (2002) Genetic assesment of connectivity among marine populations. *The Bulletin of Marine Science*, 70: 273–290;
- HEPBURN, R. I.; SALE, P. F.; DIXON, B. & HEATH, D. D. (2009) Genetic structure of juvenile cohorts of bicolor damselfish (*Stegastes partitus*) along the Mesoamerican barrier reef: chaos through time. *Coral Reefs*, 28:277–288.
- HOFFMAN, E. A.; KOLM, N.; BERGLUND, A.; ARGUELLO, J. R. & JONES, A. G. (2005) Genetic structure in the coral–reef–associated *Banggai cardinalfish*, *Pterapogon kauderni*. *Mol Ecol*, 14: 1367–1375.

- HOSTIM-SILVA, M.; ANDRADE, A. B.; MACHADO, L. F.; GERHARDINGER, L. C.; DAROS, F. A.; BARREIROS, J. P.; GODOY, E. A. (2006) *Peixes de Costão Rochoso de Santa Catarina. I. Arvoredo*, UNIVALI, Itajaí, SC. Brasil: 1 vol. (131 pp.). ISBN: 85-7696-009-5.
- IUCN (2013) IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.2. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 18 January 2014.
- JEHLE, R. & ARNTZEN, J. W. (2002) Review: Microsatellite markers in amphibian conservation genetics. *Herpetological Journal*, 12: 1-9.
- JONES, G. P.; ALMANY, G. R.; LEIS, J. M.; THORROLD, S. R.; BERUMEN, M. L.; SALE, P. F.; GREEN, A. L.; RUSS, G. R.; MCCOOK, L. J.; PLANES, S. & DAY, J. C. (2009a) Management Under Uncertainty: Guide-Lines For Incorporating Connectivity Into The Protection Of Coral Reefs. *Coral Reefs*, 28: 353-366.
- JONES, G. P.; ALMANY, G. R.; RUSS, G. R.; SALE, P. F.; STENECK, R. S.; VAN OPPEN, M. J. & WILLIS, B. L. (2009b) Larval retention and connectivity among populations of corals and reef fishes: history, advances and challenges. *Coral Reefs*, 28: 307-325.
- KIMURA, M. & CROW, J. F. (1964) The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49: 725-738.
- KIMURA, M. & OHTA, T. (1978) Stepwise mutation model and distribution of allele frequencies in a finite population. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 75: 2868-2872.
- LACSON, J. M.; RICCARDI, V. M.; CALHOUN, S. W.; MORIZOT, D. C. (1989) Genetic differentiation of bicolor damselfish (*Eupomacentrus partitus*) populations in the Florida Keys. *Mar Biol* 103:445-451
- MAHON, R. & MAHON, S. D. (1994) Structure and resilience of a tidepool fish assemblage at Barbados. *Environmental Biology of Fishes*, 41: 171-190.
- MCNEELY, J. A.; MILLER, K. R.; REID, W. V.; MITTERMEIER, R. A.; WERNER,

- T. B. (1990) *Conserving the World's Biological Diversity*. IUCN, World Resources Institute, Conservation International, WWF-US and the World Bank, Washington, DC, 193 pp
- MENOTTI-RAYMOND, M. A. & O'BRIEN, S. (1995) Evolutionary conservation of tem microsatellites loci in four species of Felidae. *Journal of Heredity*, 86: 319–322.
- MICHALAKIS, Y. & EXCOFFIER, L. (1996) A Generic Estimation of Population Subdivision Using Distances Between Alleles With Special Reference for Microsatellite Loci. *Genetics*, 142: 1061–1064.
- MORA, C.; ANDRÉFOUËT, S.; COSTELLO, M. J.; Kranenburg, C.; ROLLO, A.; VERON, J.; GASTON, K. J. & MYERS, R. A. (2006) Coral reefs and the global network of marine protected areas. *Science*, 312: 1750–51.
- MUSS, A.; ROBERTSON, D. R.; STEPIEN, C. A.; WIRTZ, P. BOWEN, B. W. (2001) Phylogeography of Ophioblennius: the role of ocean currents and geography in reef fish evolution. *Evolution* 55: 561–572.
- O'REILLY, P. T.; CANINO, M. F.; BAILEY, K. M. & BENTZEN, P. (2004) Inverse relationship between F_{ST} and microsatellite polymorphism in the marine fish, walleye pollock (*Theragra chalcogramma*): implications for resolving weak population structure. *Mol Ecol*, 13:1799–1814.
- OSPINA-GUERRERO, S. P.; LANDINEZ-GARCIA, R. M.; RODRIGUEZ-CASTRO, D. J.; ARANGO, R. & MÁRQUEZ, E. (2008) Genetic connectivity of *Stegastes partitus* in the South Caribbean evidenced by microsatellite analysis. *Cienc Mar*, 34:155–163.
- OVENDEN, J. R.; SALINI, J.; O'CONNOR, S. & STREET, R. (2004) Pronounced genetic population structure in a potentially vagile fish species (*Pristipomoides multidens*, Teleostei: Perciformes: Lutjanidae) from the East Indies triangle. *Mol Ecol*, 13: 1991–1999.
- PALUMBI, S. R. (1994) Genetic divergence, reproductive isolation, and marine

speciation. *Annu Rev Ecol Syst* ,25:547–572.

PALUMBI, S. R. (2004) Marine reserves and ocean neighborhoods: the spatial scale of marine populations and their management. *Annual Review of Environment and Resources*, 29: 31–68.

PALUMBI, S. R.; GAINES, S. D.; LESLIE, H. & WARNER, R. R. (2003) New wave: high-tech tools to help marine reserve research. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 1:73–79.

PARK, S. D. E. (2001) The Excel microsatellite toolkit.

<http://animalgenomics.ucd.ie/sdepark/ms-toolkit/> [acessado em setembro de 2013].

PLANES, S. (1993) Genetic differentiation in relation to restricted larval dispersal of the convict surgeonfish *Acanthurus triostegus* in French Polynesia. *Mar Ecol Prog Ser*, 98:237–246.

PLANES, S.; DOHERTY P. J.; BERNARDI, G. (2001) Strong genetic divergence among populations of a marine fish with limited dispersal, *Acanthochromis polyacanthus*, within the Great Barrier Reef and the Coral Sea. *Evolution* 55: 2263–2273.

PLANES, S; PARRONI, M.; CHAUVET, C. (1998) Evidence of limited gene flow in three species of coral reef fishes in the lagoon of New Caledonia. *Marine Biology*, 130: 361–368.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M. & DONELLY, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959.

PURCELL, J. F. H.; COWEN, R. K.; HUGHES, C. R.; WILLIAMS, D. A. (2006) Weak genetic structure indicates strong dispersal limits: a tale of two coral reef fish. *Proc R Soc B*, 273:1483–1490.

PURCELL, J. F. H.; COWEN, R. K.; HUGHES, C. R. & WILLIAMS, D. A. (2009) Population structure in a common Caribbean coral-reef fish: implications for larval dispersal and early life-history traits. *J Fish Biol*, 74:403– 417.

- RICE, W. R. (1989) Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43: 223–225.
- RIGINOS, C. & VICTOR, B. C. (2001) Larval spatial distributions and other early life–history characteristics predict genetic differentiation in eastern Pacific blennioid fishes. *Proc. R. Soc. London Ser. B*, 268:1931–1936.
- ROBERTS, C. M. (1997) Connectivity and management of Caribbean coral reefs. *Science*, 278:1454–1457.
- ROCHA, L. A.; BASS, A. L.; ROBERTSON, D. R. & BOWEN, B. W. (2002) Adult habitat preferences, larval dispersal, and the comparative phylogeography of three Atlantic surgeonfishes (Teleostei: Acanthuridae). *Mol Ecol*, 11: 243–252.
- RUSS, G. R. (2002) Yet another review of marine reserves as reef fisheries management tools. In: Sale PF (ed). *Coral Reef Fishes: Dynamics and Diversity in a Complex Ecosystem*, Academic Press, San Diego, California, USA. 421–443.
- SALA, E.; ABURTO–OROPEZA, O.; PAREDES, G.; PARRA, I.; BARRERA, J. C. & DAYTON, P. K. (2002) A General Model for Designing Networks of Marine Reserves. *Science*, 298: 1991–1993.
- SALAS, E.; MOLINA–UREÑA, H.; WALTER, R. P.; HEATH, D. D. (2009) Local and regional genetic connectivity in a Caribbean coral reef fish. *Marine Biology*, 157: 437–445.
- SALE. P. F. (2006) *Coral Reef Fishes: Dynamics and Diversity in a Complex Ecosystem*. Academic Press, San Diego, California, USA. 549 pp.
- SAMPAIO, C. L. S. & NOTTINGHAM, M. C. (2008) *Guia para Identificação de Peixes Ornamentais*. Edições IBAMA, Brasília, v.1: Espécies Marinhas. Santarelli, A. 1983. Super Sub. Editora Cobra Sub, Rio de Janeiro.
- SHAW, P.; PIERCE, G. & BOYLE, P. (1999) Subtle population structuring within a highly vagile marine invertebrate, the veined squid *Loligo forbesi*, demonstrated with microsatellite DNA Markers. *Mol. Ecol.* 8: 407–417.
- SHINDE, D.; LAI, Y.; SUN, F. & ARNHEIM, N. (2003) Taq DNA polymerase slippage mutation rates measured by PCR and quasi–likelihood analysis:

- (CA/GT)(n) and (A/T)(n) microsatellites. *Nucleic Acids Res.*, 31: 974–980.
- SHULMAN, M. J. (1998) What can population genetics tell us about dispersal and biogeographic history of coral–reef fishes? *Aust J Ecol* 23:216–225
- SHULMAN, M. J. & BERMINGHAM, E. (1995). Early life histories, ocean currents, and the population genetics of caribbean reef fishes. *Evolution*, 49: 897–910.
- SLATKIN, M. (1995) A Measure of Population Subdivision Based on Microsatellite Allele Frequencies. *Genetics*, 139: 457–462.
- TAVARES, A. S. S. (2007) *Análise da estruturação genética da sub-espécie Patella candei gomesii Drouet 1858 (Mollusca: Gastropoda: Patellidae) no arquipélago dos Açores*. Tese de Mestrado. Faculdade de Ciências da Universidade do Porto. 77pp.
- TAYLOR, M. S. & HELLBERG, M. E. (2003) Genetic evidence for local retention of pelagic larval in a Caribbean reef fish. *Science*, 299: 107– 109.
- TAYLOR, M. S. & HELLBERG, M. E. (2003) Genetic evidence for local retention of pelagic larval in a Caribbean reef fish. *Science*, 299: 107– 109.
- THACKER, C. E. (2004) Population structure in two species of the reef goby *Gnatholepis* (Teleostei: Perciformes) among four South Pacific island groups. *Coral Reefs*, 23: 357–366.
- THIESSEN, R. J. & HEATH, D. D. (2007) Characterization of one trinucleotide and six dinucleotide microsatellite markers in bicolor damselfish, *Stegastes partitus*, a common coral reef fish. *Conserv Genet*, 8:983–985.
- VAN OOSTERHOUT, C; HUTCHISON, W. F.; WILLIS, D. P. M. & SHIPLEY, P. (2004) Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4: 535–538.
- VILLEGAS-SANCHEZ, C. A.; RIVERA-MADRID, R & ARIAS-GONZÁLEZ, J. E. (2010) Small-scale genetic connectivity of bicolor damselfish (*Stegastes partitus*) recruits in Mexican Caribbean reefs. *Coral Reefs*, 29:1023–1033.

- XAVIER, J. H. A.; CORDEIRO, C. A. M. M.; TENÓRIO, G. D. T.; DINIZ, A. F. D.; PAULO JR., E. P. N.; ROSA, R. S. & ROSA, I. L. (2012). Fish assemblage of the Mamanguape Environmental Protection Area, NE Brazil: abundance, composition and microhabitat availability along the mangrove-reef gradient.
- WELLINGTON, G. M. & ROBERTSON, D. R. (2001) Variation in larval life-history traits reef fishes across the Isthmus of Panama. *Marine Biology*, 138:11–22.
- WILLIAMS, D. A.; PURCELL, J.; HUGHES, C. R.; COWEN, R. K. (2003) Polymorphic microsatellite loci for population studies of the bicolor damselfish, *Stegastes partitus* (Pomacentridae). *Mol Ecol Notes*, 3: 547–549.
- WOOD, L.; FISH, L.; LAUGHGREN, J. & PAULY, D. (2008) Assessing progress towards global marine protection targets: shortfalls in information and action. *Oryx*, 42: 340– 351.
- WRIGHT, J. M. & BENTZEN, P. (1994) Microsatellites: genetic markers for the future. *Reviews in fish Biology and Fisheries*, 4:384–388.

CAPÍTULO III

**ANÁLISE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *BATHYGOBIUS*
SOPORATOR (VALENCIENNES, 1837) E *LABRISOMUS*
NUCHIPINNIS (QUOY & GAIMARD, 1824) EM POÇAS DE
MARÉ DO NORDESTE BRASILEIRO**

ABSTRACT

Knowledge of genetic composition of a species and their population structure is critical for management and conservation actions because taxonomic uncertainties can be resolved and unrecognized endangered species could acquire legal protection. The aim of this study was to characterize genetically populations of *Bathygobius soporator* and *Labrisomus nuchipinnis* from five localities on the Brazilian northeast, and estimate the genetic variability of these populations through Cytochrome c oxidase subunit I (COI) sequence data. For *B. soporator*, 655 base pairs of 150 individuals was analyzed and encountered 29 haplotypes of which, 18 were unique and four haplotypes were present in all localities. For *L. nuchipinnis*, 585 base pairs of 150 individuals was analysed and been found 49 haplotypes, 36 were uniques and 13 present in all localities. Either species had high haplotype diversity and low nucleotide diversity. *Bathygobius soporator* populations presented bimodal pattern of mismatch distribution curves, common in cases of secondary contact between populations that were previous isolated or suffered genetic bottleneck. *Labrisomus nuchipinnis* populations had unimodal pattern of mismatch distribution curves, reflecting population expansion. Genetic structure analysis showed that the major part of the genetic variability for both species occurs within its natural populations. This lack of genetic structure among populations is supported by results found in the haplotype network and maximum likelihood analysis.

Keywords: COI, tidepool fishes, genetic variability, mtDNA, population genetics.

RESUMO

O conhecimento da composição genética de uma espécie e de sua estrutura populacional é fundamental para ações de manejo e conservação, pois incertezas taxonômicas podem ser resolvidas e espécies não reconhecidas ameaçadas de extinção podem adquirir proteção legal. O objetivo deste estudo foi caracterizar geneticamente populações *Bathygobius soporator* e *Labrisomus nuchipinnis* de cinco localidades do nordeste brasileiro e estimar a variabilidade genética destas através dos dados de sequência do citocromo c oxidase subunidade I (COI). Para *B. soporator*, foi analisado 655 pares de bases de 150 indivíduos, sendo encontrado 29 haplotipos, 18 eram únicos e quatro haplótipos estavam presentes em todas as populações. Para *L. nuchipinnis*, foi analisado 585 pares de bases de 150 indivíduos, sendo encontrado 49 haplotipos, 36 únicos e 13 presentes em todas as populações. Ambas as espécies, foram observadas alta diversidade haplotípica e baixa diversidade nucleotídica. As populações de *B. soporator* apresentaram padrão bimodal da curva de distribuição de mismatch, comuns em casos de contato secundário entre as populações que foram isoladas ou que sofreram gargalo genético. As populações de *L. nuchipinnis* apresentaram padrão unimodal da curva de distribuição de mismatch, o que reflete uma expansão da população. A análise da estrutura genética mostrou que a maior parte da variabilidade genética para ambas as espécies ocorre dentro das suas populações naturais. Esta falta de estruturação genética entre as populações é apoiada pelos resultados encontrados nas redes haplotípicas e nas análises de máxima verossimilhança.

Palavras-chave: COI, peixes de poças de maré, variabilidade genética, DNA mitocondrial, genética de populações.

I. INTRODUÇÃO

A Zona Costeira brasileira é caracterizada por possuir um mosaico de ecossistemas com ambientes de significativa riqueza biológica, os quais proporcionam serviços essenciais à sobrevivência humana. Estes ecossistemas constituem uma região de transição ecológica, desempenhando importante papel no desenvolvimento, reprodução e no fluxo gênico de várias espécies (MMA, 2010).

Dentre os diversos ambientes da Zona Costeira brasileira, destacamos as poças de maré, por fornecerem um conjunto de características físicas e biológicas que proporcionam para muitas espécies um refúgio contra predadores (GIBSON, 1994; STEELE, 1999), criadouro para espécies da zona sublitoral e um ambiente favorável para espécies de peixes residentes que vivem nas poças de maré por todo o seu ciclo de vida (RANGUELEY & KRAMER, 1995; MAHON & MAHON, 1994; HORN *et al.*, 1999).

Nas últimas décadas, os ecossistemas costeiros vêm sofrendo perdas de biodiversidade devido às atividades antropogênicas, como o intenso crescimento urbano e industrial, conflitos de uso dos espaços e dos recursos comuns, impactos decorrentes da poluição, sobreexploração e pisoteio (KNOPPERS *et al.*, 2002; AMARAL & JABLONSKI, 2005; MMA, 2010). Em termos genéticos, tais práticas reduzem os tamanhos efetivos e a diversidade genética das populações, promovendo consequências deletérias (FRANKHAM *et al.*, 2008).

Tem-se conhecimento que os ambientes marinhos são menos estruturados geneticamente, em relação aos ambientes aquáticos continentais, devido à existência de poucas barreiras ao fluxo gênico. Isto leva ao entendimento que os organismos marinhos são menos propensos para estudos genéticos em pequenas escalas geográficas.

Entretanto, o fluxo gênico no mar é multidimensional, complexo e associado a muitas variáveis, sinérgicas ou não à troca de material genético entre as populações (GROSBERG & CUNNINGHAM, 2001). Os padrões de correntes oceânicas e costeiras locais, a topografia, a influência de estuários, as barreiras climáticas, as limitações do habitat e as características biológicas específicas das espécies podem restringir, de maneira conjunta ou individual, a dispersão de larvas e adultos, promovendo a diferenciação genética entre as populações, mesmo em pequenas escalas espaciais (GRANT & BOWEN, 1998; COWEN *et al.*, 2000; PAMPOULIE *et al.*, 2004).

Dada a impossibilidade da coleta de dados para todas as espécies, espécies focais podem fornecer um ponto de partida para o entendimento de como estão estruturadas, em termos genéticos, as populações marinhas. As espécies escolhidas para o presente estudo foram *Bathygobius soporator* (Valenciennes, 1837) e *Labrisomus nuchipinnis* (Quoy & Gaimard, 1824) por apresentarem abundância suficiente nas poças de maré estudadas para uma amostragem satisfatória e por possuírem características ecológicas (espécies bentônicas e de hábito críptico, residentes na região entremarés e que apresentam movimentos limitados) que poderiam interferir na capacidade de manter o fluxo genético eficaz entre as populações.

Bathygobius soporator pertence à família Gobiidae e apresenta distribuição anfiatlântica (LIMA *et al.*, 2005). Na porção ocidental do Atlântico, ocorre desde a Flórida até o Rio Grande do Sul e ilhas oceânicas, entre 0–2 m de profundidade. Os indivíduos da espécie apresentam pequeno porte (16 cm de comprimento máximo); os casais são perenes e a reprodução ocorre por quase todo o ano. Os ovos são depositados sob superfícies horizontais e o cuidado uniparental das ovas por parte dos machos é o mais comum. A desova ocorre em águas abrigadas e a fase larval é plactônica e curta (CARVALHO-FILHO, 1999; MENDES, 2006). Embora um volume considerável de

informações esteja disponível sobre a biologia geral (TAVOLGA, 1950; 1953; 1954; 1955; 1956), taxonomia (GINSBURG, 1947; AKIHITO & MEGURO, 1980; MILLER & STEFANNI, 2001; TORNABENE *et al.*, 2010) e relações filogenéticas de *Bathygobius* (GORMAN *et al.*, 1976, GILL, 1994; AKIHITO *et al.*, 2000; TRACKER, 2003; TORNABENE & PEZOLD, 2011), informações sobre a estrutura genética de espécies desse gênero são escassos.

Labrisomus nuchipinnis pertence à família Labrisomidae, ocorre no Atlântico Ocidental, desde a Flórida até Santa Catarina. São peixes residentes na região entremarés, comumente encontrados em substratos rochosos, próximo a locais com denso crescimento algal (GIBRAN *et al.*, 2004), em profundidades entre 0–10 m (CARVALHO-FILHO, 1999). Os indivíduos da espécie apresentam pequeno porte (20 cm de comprimento máximo), dimorfismo sexual externo e hábitos crípticos, sendo os machos adultos maiores e territoriais. São solitários, reproduzem-se por todo o ano, com picos no verão. Os ovos são depositados e fixados às paredes das locas e o cuidado uniparental das ovas é feito pelos machos. A fase larval é pelágica e curta (CARVALHO-FILHO, 1999). Estudos foram realizados enfocando as relações evolutivas de labrissomídeos (ROSENBLATT, 1984; STEPIEN *et al.*, 1993), hábitos alimentares de *L. nuchipinnis* em poças de maré Praia dos Castelhanos, Espírito Santo (SANT'ANA, 2008), descrição dos comportamentos de corte e desova de *L. nuchipinnis* em ambientes rasos do sudeste do Brasil (GIBRAN *et al.*, 2004) e descrição de comportamentos reprodutivos de *L. nuchipinnis* na Baía de Todos os Santos, Bahia (CAMPOS *et al.*, 2010). Entretanto, informações sobre a estrutura genética de *Labrisomus nuchipinnis* são inexistentes.

O conhecimento da composição genética de uma espécie, e de como ela está estruturada em suas populações, é fundamental para as ações de manejo e conservação

uma vez que, tendo posse destas informações, incertezas taxonômicas podem ser resolvidas, espécies não reconhecidas em perigo de extinção podem adquirir proteção legal (FRANKHAM *et al.*, 2008) e, assim, evitar a erosão da variabilidade genética e promover práticas de uso sustentável.

A análise do DNA mitocondrial (mtDNA) é uma ferramenta robusta para a caracterização genética e filogenética de uma população devido ao seu alto conteúdo informativo e acessibilidade (LUZ, 2012). As mitocôndrias carregam o seu próprio DNA, caracterizado por ser altamente variável e apresentar elevada taxa de mutação (FRANKHAM *et al.*, 2008); a sua herança é materna, não segue os padrões mendelianos e não sofre recombinação (CUNHA, 2008). Devido ao conjunto das características supracitadas, a análise do mtDNA permite estimar as relações evolutivas e de estruturação genética na forma de alelos ou haplótipos (CUNHA, 2008) e compreender como os indivíduos de uma mesma espécie são genealogicamente ligados através de ancestrais comuns (AVISE, 2000).

Na costa do Brasil, estudos sobre a genética de populações da ictiofauna marinha são escassos. Recentemente, MOLINA (2000) analisou a diversidade genética da família Pomacentridae, PUCHNICK–LEGAT & LEVY (2006) descreveram a estrutura genética de populações de *Micropogonias furnieri* na costa brasileira, DIAS JR. *et al.* (2007) analisaram o grau de diferenciação interpopulacional e os níveis de variabilidade genética das espécies *Stegastes fuscus* e *Stegastes variabilis* em duas localidades da costa do Rio Grande do Norte e da espécie *Stegastes sanctipauli*, endêmica do Arquipélago de São Pedro e São Paulo. AFFONSO & GALETTI JR. (2007) estudaram a diversidade genética de três espécies de peixes recifais ornamentais, CUNHA (2008) estudou a diversidade genética da espécie *Chromis multilineata* ao

longo da costa e DEFAVARI (2010) analisou a estrutura genética de *Hippocampus reidi* na costa nordeste do Brasil.

Nesse contexto, o presente capítulo buscou responder as seguintes perguntas: Diante das características ecológicas das espécies *Bathygobius soporator* e *Labrisomus nuchipinnis* (espécies bentônicas e de hábito críptico, residentes na região entremarés e que apresentam movimentos limitados), há fluxo gênico entre as populações ou existe uma estruturação genética ao longo das poças de maré amostradas? A maior variação genética ocorre dentro ou entre as populações?

II. OBJETIVOS

II.1 Objetivo Geral

Caracterizar geneticamente as populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* das poças de maré dos Estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco e estimar a variabilidade genética por meio de mtDNA.

II.2 Objetivos Específicos

- 1) Caracterizar a composição genética de populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* nas poças de maré dos Estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco;
- 2) Estimar os índices de diversidade genética intrapopulacional das espécies em estudo;
- 3) Verificar a existência de fluxo gênico ou de estruturação genética nas populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* amostradas;
- 4) Inferir sobre a história demográfica de populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* das poças de maré dos Estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco.

III. MATERIAIS E MÉTODOS

III.1 Amostragem

Foi utilizado o óleo de cravo como anestésico para possibilitar a captura dos peixes em cada poça de maré com concentração de 20 mg/l. O óleo de cravo foi diluído em etanol 50% na proporção 1:5 antes da aplicação na poça. Foram coletadas 150 amostras de tecido de espécimes jovens e adultos de cada uma das espécies (*B. soporator* e *L. nuchipinnis*) *in situ* nas poças de maré da Praia do Cabo Branco (PB), Barra de Mamanguape (PB), Búzios (RN), Pirambúzios (RN) e Paiva (PE) entre os meses julho e agosto de 2011, janeiro, fevereiro, março, junho e agosto de 2012, e janeiro, fevereiro e março de 2013.

Após a captura, foi medido o comprimento total dos espécimes e coletadas fragmentos de tecido das nadadeiras dorsal ou caudal (Figura 1). As amostras foram depositadas em tubos criogênicos, imersas em solução de álcool etílico a 95% e, em laboratório, mantidas a -20°C. Após a coleta de amostra do tecido, os espécimes foram transferidos para um recipiente com aproximadamente dez litros de água marinha e aeração constante, aonde permaneceram até a recuperação (quando os indivíduos voltaram a exibir natação normal). Logo que recuperados, foram liberados em poças próximas àquelas onde foram coletados. Espécimes com comprimento total inferior a 3 cm foram coletados.

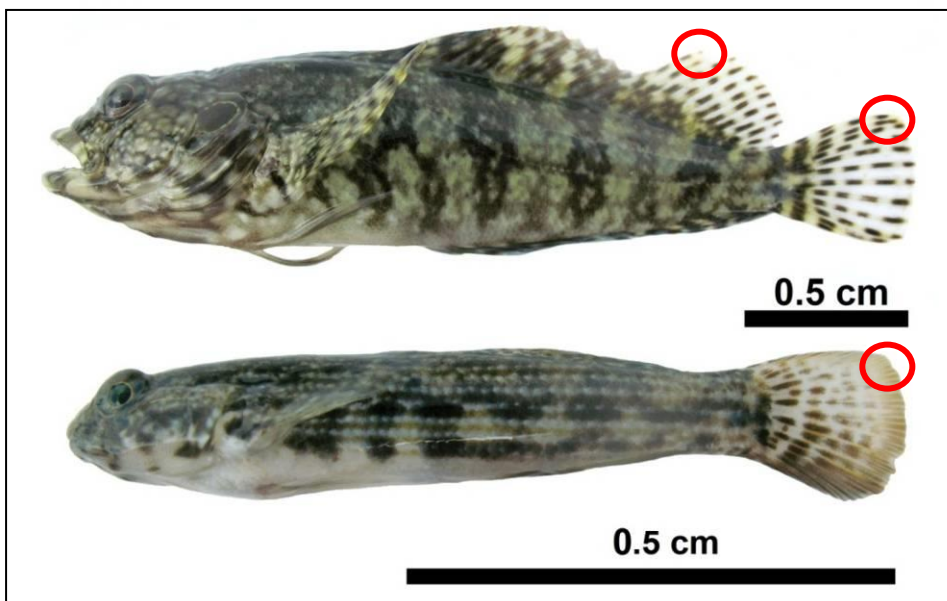


Figura 1. Espécime de *L. nuchipinnis* (acima) *B. soporator* (abaixo). Em vermelho, porções das nadadeiras dorsal e caudal onde foram coletadas amostras de tecido (Foto: P. Honório).

III.2 Extração de DNA

A extração do DNA foi realizada com o Kit de extração da EasySpin (Genomic DNA microplate Tissue Kit), segundo protocolo fornecido pelo fabricante, com poucas alterações, conforme as etapas descritas a seguir:

- Depositar o tecido macerado em um eppendorf de 1.5 ml contendo 300 µl de solução de ACL;
- Adicionar 20 µl de Proteinase K;
- Agitar manualmente a solução e, em seguida, vortexar os eppendorfs por poucos segundos;
- Incubar as amostras a 55°C por cerca de 3 horas;
- Retirar os eppendorfs contendo o tecido da incubadora e aguardar até que atinja a temperatura ambiente;

- Vortexar rapidamente e, em seguida, centrifugar por 5 minutos a 14000 rpm;
- Pipetar as amostras diluídas (300 µl em média) do sobrenadante para uma placa EasySpin 96–Well;
- Adicionar 300 µl de solução AB e aguardar 2 minutos;
- Centrifugar por 4 minutos a 3700 rpm;
- Adicionar 500 µl de solução Wash dentro da placa EasySpin 96–Well contendo a solução com DNA;
- Centrifugar por 6 minutos a 3700 rpm;
- Logo que retirar a placa EasySpin 96–Well da centrífuga, descartar o sobrenadante;
- Adicionar 500 µl de Solução na placa EasySpin 96–Well contendo a solução com o DNA e, em seguida, centrifugar por 6 minutos a 3700 rpm;
- Centrifugar por 10 minutos a 3700 rpm para secar o filtro da placa EasySpin 96–Well;
- Transferir a placa EasySpin 96–Well para uma placa de armazenamento 96–Well. Adicionar 50 µl de Elution Buffer em cada poço e levá-la à incubadora por 15 minutos. Em seguida, centrifugar por 5 minutos a 14000 rpm. Esta será a placa da primeira eluição do DNA.
- Repetir o último procedimento por mais duas vezes e conservar cada placa de armazenamento 96–Well sob refrigeração, pois estas serão as segundas e terceiras eluições do DNA.

O sucesso da extração de DNA foi avaliado por eletroforese em gel de agarose 0.8% p/v a 300V em TBE 0.5x (Tampão Tris–borato–EDTA: Tris 89 mM,

ácido bórico 89 mM, EDTA 2 mM, pH 8.0) corado com GelRed™, sendo aplicados 2 µl do DNA extraído com 3 µl de solução de azul de bromofenol (azul bromofenol 0.1%, EDTA 0.1M e 50g de sacarose). A visualização do DNA extraído foi realizada por meio de radiação ultravioleta (Figura 2).

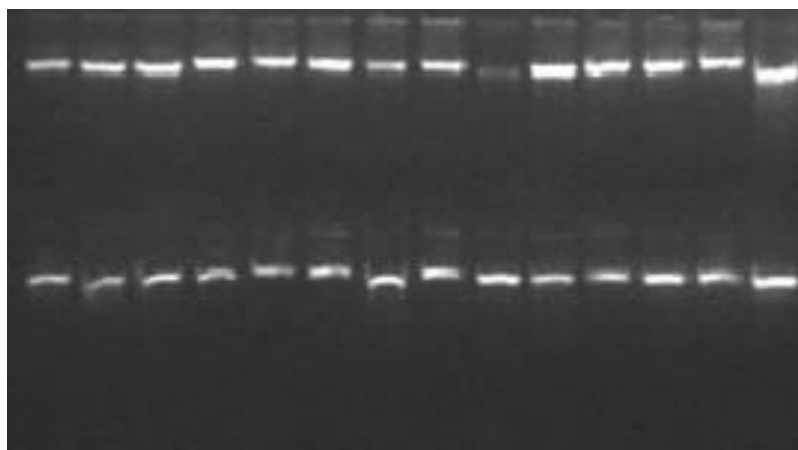


Figura 2. Perfis de DNA de indivíduos de *B. soporator* (acima) e *L. nuchipinnis* (abaixo) corados com Gelred™ em gel de agarose 0.8%.

III.3 Reações de Amplificação (PCR)

Após a quantificação e diluição do DNA, as reações de amplificação foram conduzidas em termociclador T100 Bio-rad, padronizadas para o volume final de 10 µl, contendo: 0.025 µl ®Platinum Taq DNA Polimerase Invitrogen (5U/µl), 1 µl de tampão 10X PCR Buffer Minus Mg Invitrogen, 0.2 µM de desoxirribonucleotídeos trifosfato (dNTPs), 0.3 µM de MgCl₂, 1 µl de Serume Albumina Bovina (20mg/mL) (1µM/4µl), 1 µl de COI_F2 (5'– CGG GTG CCG GAA GAA TCA G –3') (1µM/10µl), 1 µl de COI_R1 (5'–ATC CTA CCT GTG GCA ATT ACA CG–3') (1µM/10µl), 1.5 µl de

DNA e 3.98 μ M de água ultrapura (bi–destilada estéril). As reações foram submetidas ao protocolo:

1° Fase – Desnaturação inicial a 94°C por 2 minutos, seguindo de 11 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento com temperatura decrescendo 0.5°C a cada ciclo (60–55°C) por 30 segundos e extensão a 72°C por 1 minuto.

2° Fase – 29 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento a 55°C por 30 segundos, e extensão a 72°C por 1 minuto, terminando com 72°C por 10 minutos.

Os produtos amplificados foram separados por eletroforese em géis de agarose 2%, coradas com Gelred™, utilizando o tampão de corrida TBE 1X e visualizadas sob luz ultravioleta.

III.4 Purificação e Sequenciamento do DNA

Após a amplificação, os fragmentos de DNA obtidos foram purificados com uso da enzima ExoSap–IT e sequenciados no sequenciador automático 3130xl Genetic Analyzer da ABI 3500 (Applied Biosystems). O tamanho dos alelos foram estimados usando o software GeneMapper e todas as amostras foram manualmente selecionadas para checar a sua acurácia.

Todos os processos relacionados à extração de DNA, PCR, purificação e sequenciamento foram realizados nas dependências do Centro de Testagem Molecular, vinculado ao Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos da Universidade do Porto, Portugal, sob orientação do Dr. Paulo Alexandrino.

III.5 Análise dos Dados

As sequências dos genes foram editadas manualmente e alinhadas através do aplicativo ClustalW (THOMPSON *et al.*, 1994) no programa SeqScape®. Após o alinhamento, foi confirmada a identificação taxonômica para cada sequência obtida no site do NCBI (National Center for Biotechnology Information).

O resumo estatístico para as espécies *B. soporator* e *L. nuchipinnis*, incluindo o número de haplótipos (Nh), número de alelos polimórficos (Np), diversidade haplotípica (h) e a diversidade nucleotídica (π) foram calculados no GenAlEx v.6.5 (PEAKALL & SMOUSE, 2012), DnaSP v.5.10.1 (LIBRADO & ROZAS, 2009) e ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

Foram calculadas a Distribuição de Mismatch com o índice de Raggedness (r) (HARPENDING, 1994) e a Soma dos Quadrados dos Desvios (SSD) usando ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010). Testes de neutralidade de Tajima's D (TAJIMA, 1983), Fu's F_s (FU, 1997), F^* e D^* de seletividade neutra (FU & LI, 1993) foram calculados com todos os conjuntos de dados para cada população. A análise de variância molecular (AMOVA) entre as populações e o índice de fixação (F_{ST}) foram implementados no ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

As relações genealógicas entre os haplótipos foram estimadas por redes haplotípicas, pelo método median-joining (BANDELT *et al.*, 1999), calculadas no software Network v.4.6.1.1 (Fluxus Technology Ltd. em www.fluxusengineering.com).

O software ModelGenerator v.8.5 indicou o HKY-G (Hasegawa, Kishino e Yano) com o valor de gama de 0.065 como o modelo de melhor ajuste da sequência de DNA para ambas as espécies estudadas. Baseados neste modelo, foram realizadas análises de agrupamento inferidos pelo método Bayesiano (IB) por Cadeia de Markov

(MCMC) utilizando o software MrBayes v.3.2.2 (HUELSENBECK & RONQUIST, 2001). Baseadas no modelo Tamura–Nei, com valor de gama de 0.065, foram realizadas análises de agrupamento pelo método de Neighbor–Joining (NJ) através do software MEGA v.5.2 (TAMURA *et al.*, 2007). Para o agrupamento NJ, valores de suporte de bootstrap foram calculados utilizando 1000 repetições. Para a IB, foram rodadas 4000000 gerações, registradas a cada 100; A convergência foi checada através do programa Tracer v.1.5 (RAMBAUT & DRUMMOND, 2007) e os primeiros 10% descartados como “*burn-in*”.

A polaridade das árvores foi determinada por comparação com grupo externo, com sequências homólogas de Citocromo c oxidase subunidade I (COI) de espécies de Gobiídeos e Labrisomídeos, depositadas no GenBank: *Bathygobius mystacium* (número de acesso JQ839963.1), *Bathygobius curacao* (JQ839961.1), *Starksia greenfieldi* (HQ600947.1) e *Starksia robertsoni* (HQ600961.1); e com sequências adquiridas de espécimes de *Bathygobius geminatus* e *Labrisomus cricota* no presente estudo. As árvores geradas de ambas as análises (NJ e BI) foram editadas no programa FigTree v.1.3.1 (RAMBAUT, 2009).

IV. RESULTADOS

Foram analisados segmentos de 655 pares de bases (pb) do gene COI de indivíduos de *B. soporator* e de 585 pb de indivíduos de *L. nuchipinnis*. Reunindo todas as sequências, a composição nucleotídica foi de 13.09% de citosina, 33.91% de timina, 38.96% de adenina e 14.04% de guanina para *B. soporator*, e 30.61% de citosina, 32.15% de timina, 27.01% de adenina e 10.23% de guanina para *L. nuchipinni* (Tabela I). Os resultados do BLAST indicaram homologia de 95 a 98% com sequências *B. soporator* e de 96% com sequências de *L. nuchipinnis* depositado na biblioteca.

As sequências geradas para COI de *B. soporator* apresentaram 29 sítios polimórficos, com uma média de 8.8 transições e uma transversão, gerando 22 haplótipos (18 únicos e 4 compartilhados) (Tabela II). As populações de *B. soporator* do Cabo Branco apresentaram o maior número de haplótipos (N_h : 11), representando 50% de todos os haplótipos e 44.44% dos haplótipos únicos observados. As sequências geradas de *L. nuchipinnis* apresentaram 43 alelos polimórficos, com uma média de 17.4 transições e 1.6 transversões, gerando 49 haplótipos (36 únicos e 13 compartilhados) (Tabela III). As populações de *L. nuchipinnis* de Búzios apresentaram o maior número de haplótipos (N_h : 22), representando 44.89% de todos os haplótipos e 33.33% dos haplótipos únicos observados. Para ambas as espécies, observou-se alta diversidade haplotípica ($h = 0.747$ *B. soporator* e $h = 0.926$ *L. nuchipinnis*), enquanto a diversidade nucleotídica entre todos os indivíduos foi baixa ($\pi = 0,003$ *B. soporator* e $\pi = 0,004$ *L. nuchipinnis*) (Tabela IV).

O resumo estatístico, contendo o número de indivíduos, número de haplótipos, a diversidade haplotípica, o número de alelos polimórfico, diversidade nucleotídica, testes

de neutralidade Tajima D e Fu Fs, o índice de Raggedness e a Soma dos Quadrados dos Desvios, para cada localidade, estão apresentados na Tabela IV.

Tabela I. Composição de bases nucleotídicas para sequência do mtDNA de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* amostrados nas poças de maré de Pirambúzius (RN), Búzios (RN), Barra de Mamanguape (PB), Cabo Branco (PB) e Paiva (PE) .

Bases	Composição das Bases Nucleotídicas (%)									
	<i>B. soporator</i>					<i>L. nuchipinnis</i>				
	PZ	BZ	BM	CB	PA	PZ	BZ	BM	CB	PA
A	38.79	38.69	39.00	38.79	39.53	26.86	27.13	27.52	26.62	26.91
T	34.24	33.62	34.48	33.73	33.50	32.41	32.09	31.94	32.40	31.89
C	13.18	13.69	12.01	13.36	13.18	30.38	30.62	30.78	30.39	30.90
G	13.79	14.01	14.51	14.12	13.79	10.35	10.16	9.77	10.59	10.30
A+T	73.03	72.31	73.48	72.52	73.03	59.27	59.22	59.46	59.02	58.8
C+G	26.97	27.7	26.52	27.48	26.97	40.73	40.78	40.55	40.98	41.2

Tabela II. Haplótipos do Citocromo c oxidase subunidade I do mtDNA de cinco populações de *B. soporator* do nordeste brasileiro.

Haplótipos	Sítios Variáveis	Número de Indivíduos				
		PZ	BZ	BM	CB	PA
H1	A A A C T A A C G C A A A A T A G T T T G G T T T A C T A					4
H2	 A . . . A				1	
H3	 A T . .	3				
H4	 T G A . . C T . .				1	
H5	 T A G T . .				1	
H6	 A G T . .	5	7	15	8	9
H7	 G . . A C G T C .		1			
H8	. . G . . . C A C . T . .	4	4		3	4
H9	. G G . . . C . . . G A T . .				1	
H10	. G G . . . C A T . .	1			1	
H11	G G G . . . C A T . .			3		
H12	. . G . . . C A T . .	13	10	12	11	13
H13	. . G . . G C A T . .	2				
H14	. . G . . G C A A T . .		1			
H15	. . G . . . C . . T A T . .	2				
H16	. . G . . . C C A T . .		1			
H17	. . G . C . C C A T . .				1	
H18	. . G T . . C . A A T . .		2			
H19	. . G . . . C . . . G . . . A C C . T . .				1	
H20	. . G . . . C G . . A T . .		2			
H21	. . G . . . C A T . G			1		
H22	. . G . . . C A . C T . .		2			

Tabela III. Haplótipos do Citocromo c oxidase subunidade I do mtDNA de cinco populações de *L. nuchipinnis* do nordeste brasileiro.

Haplótipos	Sítios Variáveis	Número de Indivíduos				
		PZ	BZ	BM	CB	PA
	15 18 30 43 48 54 60 63 93 99 108 126 129 135 141 159 161 183 204 240 243 255 270 279 294 309 339 345 357 378 396 420 423 426 468 486 492 495 546 549 552 576 580					
H1	ACTATTCTATCACATCTCCTCGGACCGTACAGTTCTAAATTAC	6	4	3	6	6
H2	A.....	1		3		
H3	...G...CG...G.....					1
H4	T.....T.....					1
H5	C...G.....A...T.....			1		
H6	T..TC.....C...	1				
H7	.T.....A.....C...	1				1
H8	A.....		1			
H9	.T.....C...		1	1		
H10	C...T.....G.....			1	1	1
H11	C...T.T.....		1			
H12	G...C...T.....	1				
H13	C...T.....		1			
H14	C.....T.....		1			
H15	T...A.....			1		
H16	G.....C...			1		
H17	T...C...		1			
H18	C...	5	4	6	8	4
H19	G...G.		1		1	2
H20	G.....	1	1	1	2	
H21	T.....		1			
H22	T.....		1		2	2

Tabela III (Continuação)

H23	 C	2				
H24	 T	2	1	2	2	2
H25	 G	3	1	3	5	4
H26	. . C C					2
H27	 C C					2
H28	 C G			1		
H29	 A			1		
H30	 C					1
H31	 C C			1		
H32	 G G					1
H33	 G G . . . G .	2				
H34	 G G				3	
H35	 G			1		
H36	 G		1			
H37	 G		2			
H38	 G . . . G		1			
H39	 G G		1	1		
H40	 T			1		
H41	 C		1			
H42	 G C		1	1		
H43	 C		1			
H44	 C	1				
H45	 C . . . C	1				
H46	 G G	1				
H47	 T	1				
H48	 T	2				
H49	G C	1				

Tabela IV. Sumário estatístico para as cinco populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* estudadas. N= número de indivíduos; Nh = número de haplótipos; h = diversidade haplotípica (variância); Np = número de alelos polimórficos; π = diversidade nucleotídica, testes de neutralidade Tajima D e FuFs e valor de p correspondentes, soma dos desvios quadrados (SSD) e o índice de Raggedness da distribuição de mismatch (r). (* 0.01 < p < 0.05; ** p ≤ 0.01).

Localidades	Espécies	N	Nh	h	Np	π	Fu's Fs	Tagima D	SSD	R
Pirambúzios	<i>B. soporator</i>	30	7	0.786 (0.003)	7	0.003	-1.203	-0.278	0.00926	0.05209
	<i>L. nuchipinnis</i>	30	16	0.927	20	0.004	-10.083**	-1.833**	0.00259	0.04938
Búzios	<i>B. soporator</i>	30	9	0.794 (0.002)	14	0.003	-1.630	-1.190	0.01736	0.05609
	<i>L. nuchipinnis</i>	30	22	0.968	23	0.004	-22.578**	-1.998**	0.01239	0.06879
B. Mamanguape	<i>B. soporator</i>	30	3	0.599 (0.002)	5	0.002	3.739	1.433	0.15523*	0.46323**
	<i>L. nuchipinnis</i>	30	18	0.943	21	0.004	-13.284**	-1.821**	0.00377	0.04848
Cabo Branco	<i>B. soporator</i>	30	11	0.78 (0.002)	17	0.003	-3.006	-1.415	0.02810	0.07541
	<i>L. nuchipinnis</i>	30	9	0.867	9	0.003	-2.609	-0.627	0.01042	0.06829
Paiva	<i>B. soporator</i>	30	4	0.728 (0.002)	6	0.003	2.759	1.326	0.08922*	0.21709*
	<i>L. nuchipinnis</i>	30	14	0.937	20	0.004	-6.975**	-1.777**	0.00045	0.03736
Geral	<i>B. soporator</i>	150	22	0.747	29	0.003	0.131	-1.692	0.05983	0.17278
	<i>L. nuchipinnis</i>	150	49	0.926 (0.0006)	43	0.004	-11.102*	-1.611*	0.00593	0.05446

A análise de distribuição de Mismatch mostrou um padrão bimodal para as populações de *B. soporator*, com $r = 0.1760$ ($p = 0.20$) (Figura 3). Nenhuma das somas dos quadrados dos desvios (SSD) foram significativas, o que indica que a curva se ajusta a uma expansão súbita. Os testes de neutralidade Tajima D e Fu Fs revelaram valores negativos para as populações de Pirambúzios, Búzios e Cabo Branco, e positivos para as populações de Barra de Mamanguape e Paiva, no entanto, nenhum foi significativo ($p > 0.05$). Para as populações de *L. nuchipinnis*, a distribuição de Mismatch mostrou um padrão unimodal, com $r = 0.0470$ ($p = 0.34$) (Figura 4). Os testes Fu Fs e Tajima D revelaram valores negativos e significativos, exceto para a população do Cabo Branco (Tabela IV).

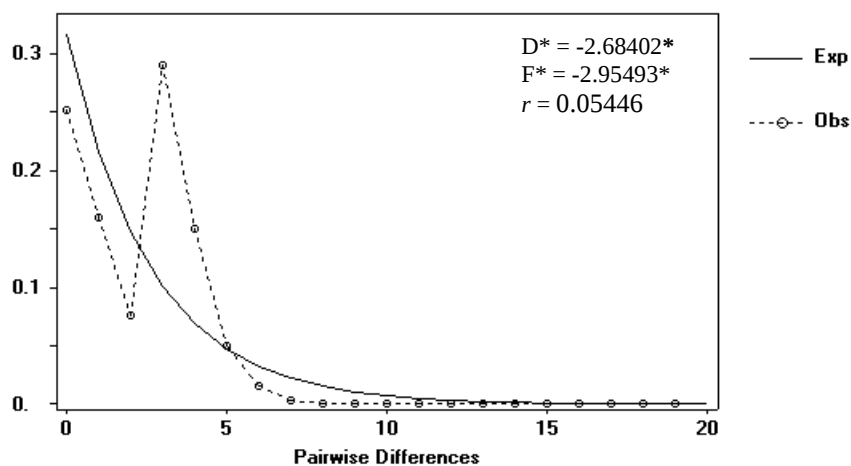


Figura 3. Distribuição de Mismatch baseado em sequências de COI de cinco populações de *B. soporator* de poças de maré do nordeste brasileiro. A linha pontilhada refere-se à distribuição observada e a linha contínua à distribuição esperada. D*: teste estatístico Fu e Li D*; F*: teste estatístico Fu e Li F*; r: índice de Raggedness (* $p < 0.02$).

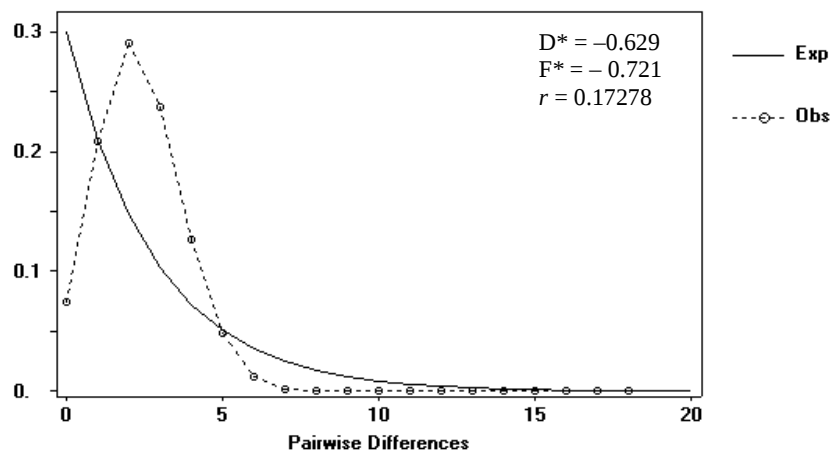


Figura 4. Distribuição de Mismatch baseado em sequências de COI de cinco populações de *L. nuchipinnis* de poças de maré do nordeste brasileiro. A linha pontilhada refere-se à distribuição observada e a linha contínua à distribuição esperada. D^* : teste estatístico Fu e Li D^* ; F^* : teste estatístico Fu e Li F^* ; r : índice de Raggedness. (* $p < 0.05$).

Na amostragem de *B. soporator*, a AMOVA apontou que 97.14% da variação é encontrada dentro das populações com $F_{ST} = 0.02857$ significativo ($p = 0.044$) (Tabela V). Para *L. nuchipinnis*, a AMOVA apontou que 97.11% da variação é encontrada dentro das populações, com $F_{ST} = -0.01019$ ($p = 0.955$) (Tabela VI).

Tabela V. Valores de F_{ST} para o COI de *B. soporator* e análise hierárquica de variância molecular (AMOVA) usados para estimar os níveis de diferenciação genética entre populações e dentro das populações.

	B. Mamanguape	Búzios	Cabo Branco	Paiva	Pirambúzios
B. Mamanguape	—	—	—	—	—
Búzios	0.06761	—	—	—	—
Cabo Branco	0.03460	0.01389	—	—	—
Paiva	0.02488	0.02219	0.00195	—	—
Pirambúzios	0.12965	-0.01096	-0.00224	0.05218	—

AMOVA

	% Variação
Entre as populações	2.86
Dentro das populações	97.14
Índice de Fixação (F_{ST})	0.02857

Tabela VI. Valores de F_{ST} para o COI de *L. nuchipinnis* e análise hierárquica de variância molecular (AMOVA) usados para estimar os níveis de diferenciação genética entre populações e dentro das populações.

	B. Mamanguape	Búzios	Cabo Branco	Paiva	Pirambúzios
B. Mamanguape	–	–	–	–	–
Búzios	–0.00066	–	–	–	–
Cabo Branco	–0.00482	–0.02017	–	–	–
Paiva	–0.0103	–0.00294	–0.01491	–	–
Pirambúzios	0.0005	–0.00578	–0.01201	–0.00512	–

AMOVA	
	% Variação
Entre as populações	2.89
Dentro das populações	97.11
Índice de Fixação (F_{ST})	–0.01019

As redes haplotípicas não mostraram qualquer padrão de estruturação da população para ambas as espécies. A rede de haplótipos de *B. soporator* revelou dois haplótipos mais frequentes compartilhados por todas as populações, com linhagens conectadas por ramos longos e haplótipos únicos (Figura 5). A grande quantidade de diferentes haplótipos encontrados para *L. nuchipinnis* resultou em uma rede com quatro haplótipos compartilhados entre todas as populações e vários haplótipos únicos, com linhagens conectadas por ramos curtos (Figura 6).

Os resultados da análise de agrupamento gerados pelos métodos Bayesiano e Neighbor-Joining para as espécies *B. soporator* e *L. nuchipinnis* são apresentados nas Figuras 7 a 10. As topologias geradas por ambos os métodos foram semelhantes, tanto para *B. soporator* quanto para *L. nuchipinnis*, e não evidenciaram nenhum padrão de estruturação das populações.

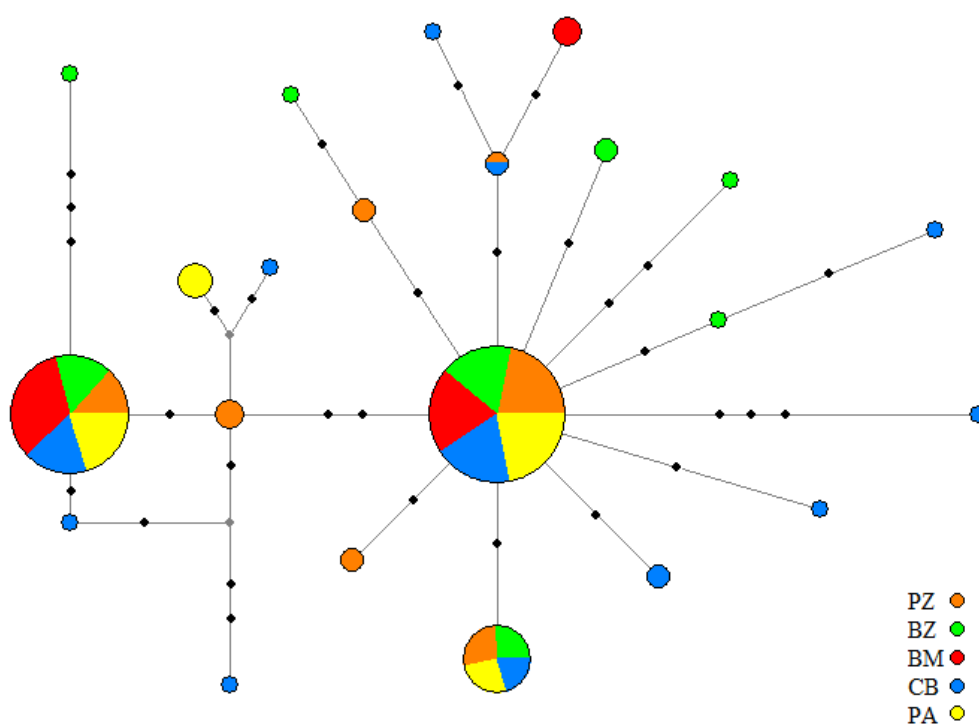


Figura 5. Rede de haplótipos NJ baseado no COI de *B. soporator*. Cada círculo representa um haplótipo e o seu tamanho é proporcional à sua frequência total.

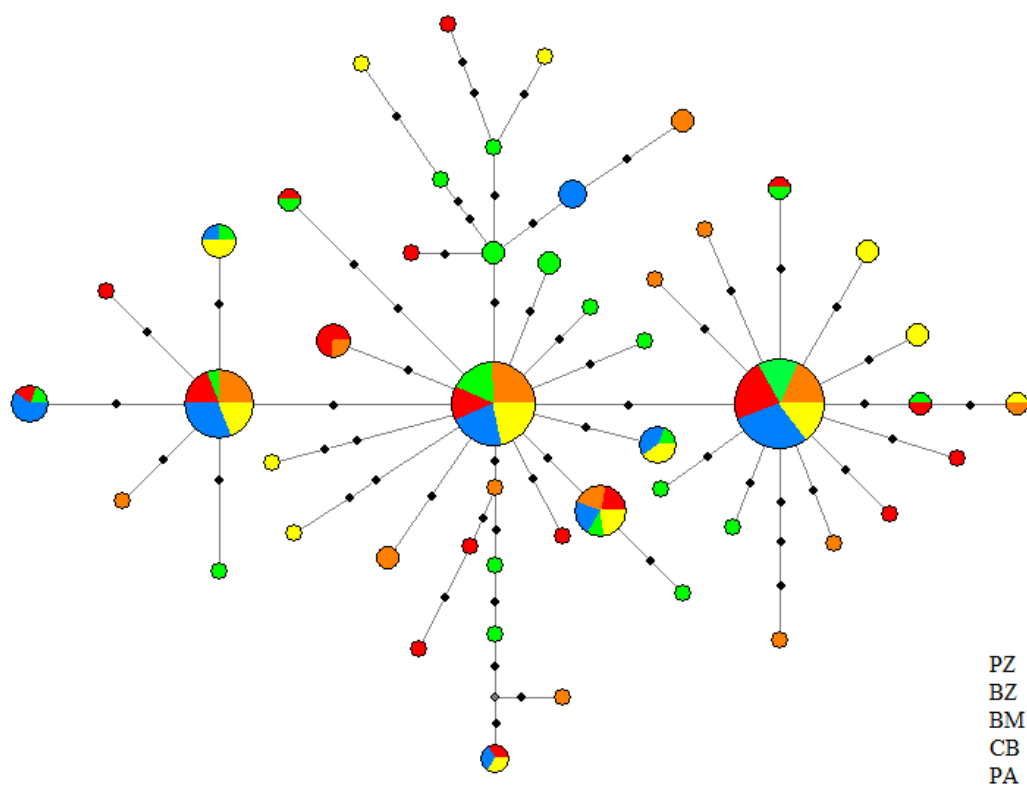
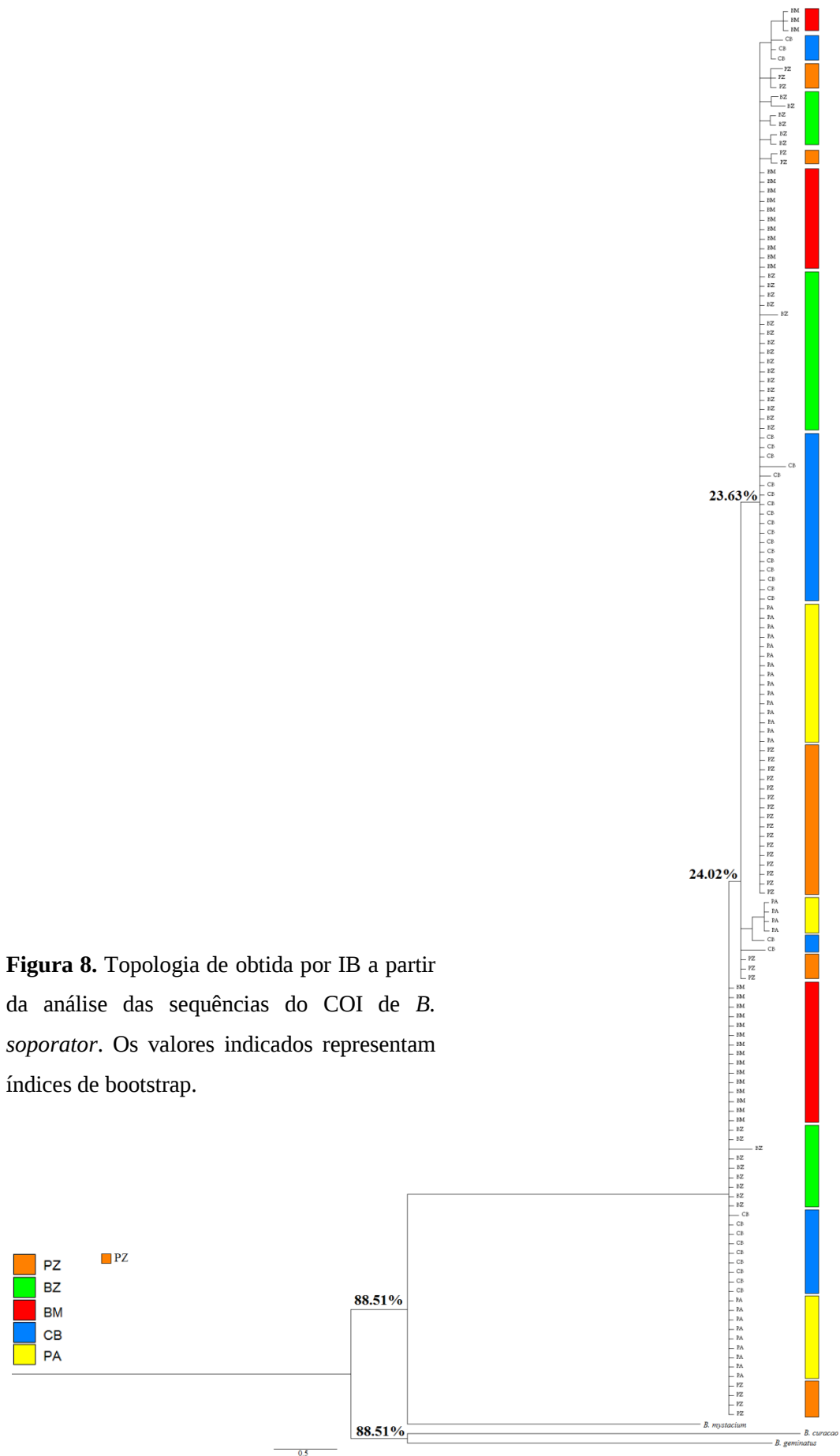


Figura 6. Rede de haplótipos NJ baseado no COI de *L. nuchipinnis*. Cada círculo representa um haplótipo e o seu tamanho é proporcional à sua frequência total.



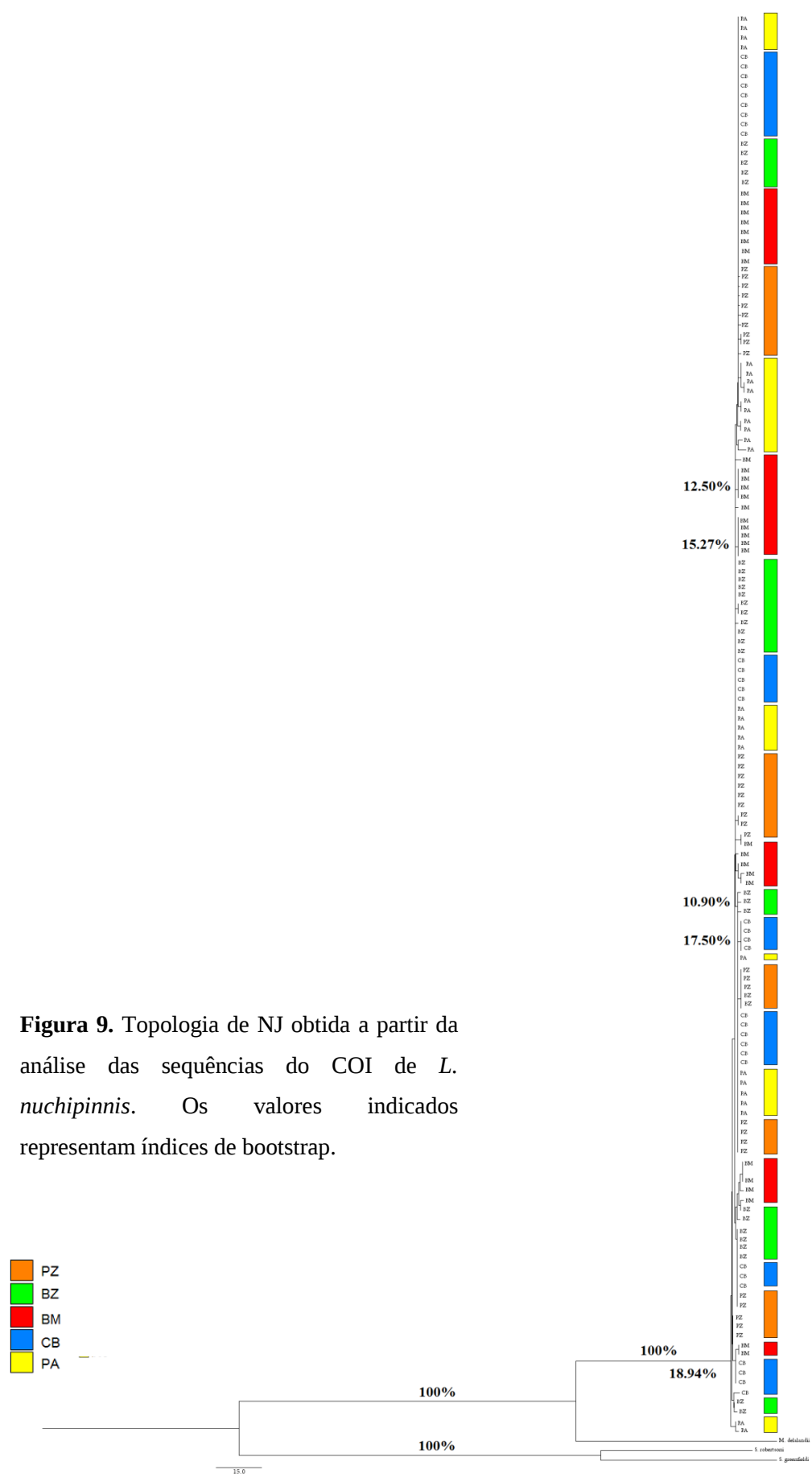
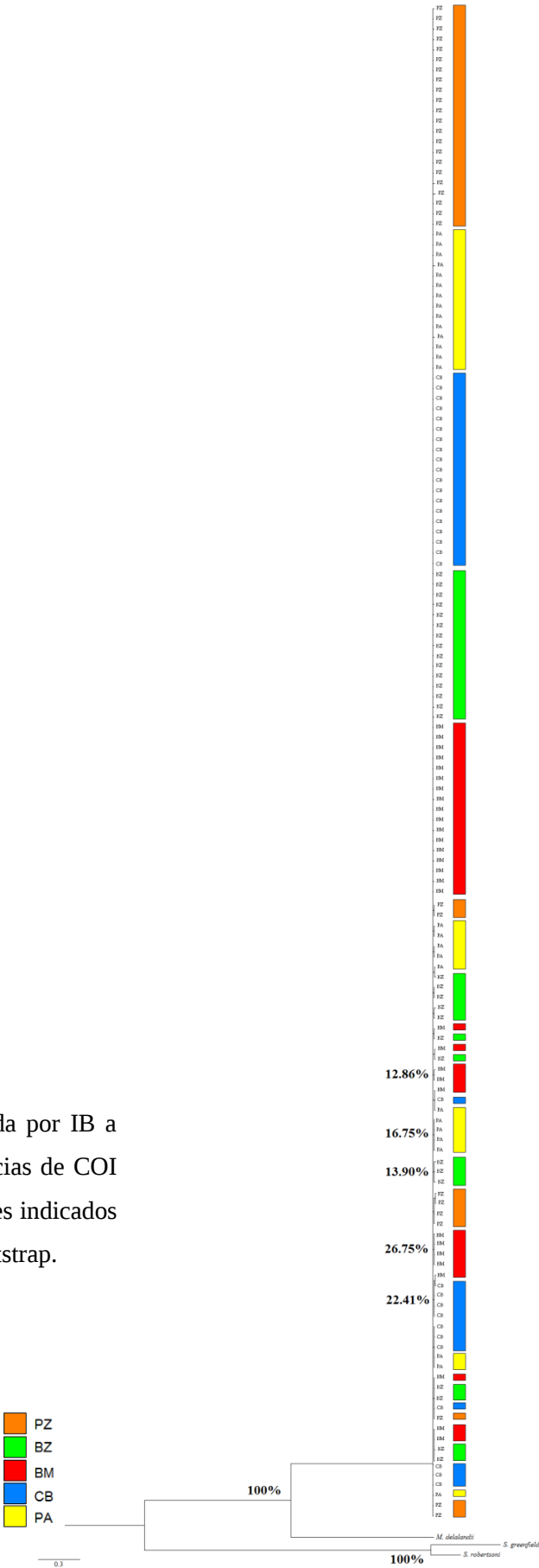


Figura 10. Topologia obtida por IB a partir da análise de sequências de COI de *L. nuchipinnis*. Os valores indicados representam índices de Bootstrap.



V. DISCUSSÃO

Os resultados apresentados neste estudo para as espécies *B. soporator* e *L. nuchipinnis* revelaram o potencial do Citocromo c oxidase subunidade I na caracterização e comparação da diversidade genética destas espécies em diferentes localidades. Apesar do COI não ser suficiente para resolver questões de forma rigorosa em nível populacional (MORITZ & CICERO, 2004), ele pode ser uma ferramenta ideal para a detecção precoce de depleção genética das espécies.

Para ambas as espécies, a diversidade haplotípica e o número de alelos polimórficos foram altos (Tabela 1). Isto confirma a eficácia do método utilizado para o acesso a variabilidade genética (AVISE, 1986) e reforça o conhecimento de que as espécies de peixes marinhos são caracterizadas por uma alta variabilidade genética (SMITH & FUJIO, 1982). A diversidade haplotípica foi alta e a diversidade nucleotídica foi baixa tanto para *B. soporator* quanto para *L. nuchipinnis*. Resultados similares foram observados para outras espécies marinhas: *Clupea harengus* (KORNFELD & BOGDANOWICZ, 1987), *Merluccius capensis* e *M. paradoxus* (BECKER *et al.*, 1988), *Clupea pallasii* (SCHWEIGERT & WITHLER, 1990), *Mallotus villosus* (DODSON *et al.*, 1991), *Melanogrammus aeglefinus* (ZWANENBURG *et al.*, 1992), *Sciaenops ocellatus* (GOLD *et al.*, 1993) *Seriola dumerili* (RICHARDSON & GOLD, 1993), *Sardinella aurita* (TRINGALI & WILSON, 1993), *Gnatholepis thompsoni* (SHULMAN & BERMINGHAM, 1995), *Haemulon flavolineatum* (SHULMAN & BERMINGHAM, 1995), *Halichoeres bivittatus* (SHULMAN & BERMINGHAM, 1995), *Holocentrus adscensionis* (SHULMAN & BERMINGHAM, 1995), *Isurus oxyrinchus* (HEIST *et al.*, 1996), *Thunnus obesus* (BAY *et al.*, 2004),

Chlorurus sordidus (BAY *et al.*, 2004), *Lutjanus erythopterus* (ZHANG *et al.*, 2006), *Chromis limbata* (DOMINGUES *et al.*, 2006) e *Cephalopholis fulva* (SOUZA, 2011).

Alta diversidade haplotípica e baixa diversidade nucleotídica são características de populações em crescimento após um período de baixo tamanho efetivo (GRANT & BOWEN, 1998). As redes haplotípicas (Figuras 5 e 6) geradas para *B. soporator* e *L. nuchipinnis* apoiam esta hipótese, pois revelaram arranjos em estrela, com a predominância de haplótipos pouco frequentes ou únicos; um rápido crescimento de uma população aumenta a retenção de novas mutações (AVISE *et al.*, 1984). BAY *et al.* (2004) atribuíram a alta diversidade genética detectada em peixes recifais à variação do nível do mar, responsável por múltiplos processos de fragmentação e reagrupamento de populações, gerando períodos cíclicos de isolamento.

As populações de *B. soporator* estudadas apresentaram padrão bimodal de distribuição de Mismatch (Figura 3). Padrões bimodais são comuns em contato secundário entre populações que estiveram isoladas por longos períodos ou de populações que sofreram efeito gargalo, onde houve perda da variabilidade genética (FRANKHAM *et al.*, 2004). Os parâmetros de expansão demográfica para *B. soporator* corroboram a hipótese de efeito gargalo para as populações de Barra de Mamanguape e Paiva. A Soma dos Quadrados dos Desvios (SSD) verificou a existência de um desvio significativo do modelo de expansão entre as curvas observadas e esperadas da distribuição de Mismatch, confirmado pelo índice de Raggdness (HARPENDING, 1994), que se mostrou significativo, rejeitando a hipótese de expansão destas populações. Os resultados dos testes de neutralidade Tajima D (TAJIMA, 1983) e Fu Fs (FU, 1997) foram positivos (maiores que zero) e, segundo HOLSINGER (2008), sugerem um recente efeito gargalo ou seleção balanceadora (seleção de fundo contra mutações deletérias). Os testes de neutralidade de D* e F* (FU & LI, 1993)

apresentaram valores significativos para rejeitar a hipótese de expansão populacional de *B. soporator*. Os testes estatísticos D^* e F^* (FU & LI, 1993), assim como o Tajima D (TAJIMA, 1983), apresentam um alto poder estatístico na detecção de gargalos, por serem mais sensíveis à seleção, se comparados com $F_u F_s$ (FU, 1997) (FREITAS, 2010; RAMÍREZ-SORIANO *et al.*, 2008). Baseiam-se na frequência de mutações e nas diferenças entre os estimadores da taxa de mutação da população, ao passo que o teste de neutralidade $F_u F_s$ (FU, 1997) é baseado na distribuição dos haplótipos, fortemente afetado por recombinação (RAMÍREZ-SORIANO *et al.*, 2008).

O efeito gargalo pode ser causado por diversos fatores, como desastre natural, alta frequência de predação, redução da migração, redução do habitat e sobrexplotação (AMOS & HARWOOD, 1998). Alterações nas zonas costeiras desde o Cretáceo e modificação da plataforma continental deram origem a diferentes microambientes durante a evolução da porção sul do Oceano Atlântico (KEGEL, 1957) e, segundo GALETTI JR. *et al.* (2006), vários pontos de gargalo populacional podem ter estado presentes durante este período, devido as perdas de habitat. Tais fatores são indicativos de que o gargalo parece ser o motivo mais parcimonioso para explicar para o padrão bimodal da distribuição de Mismatch encontrado neste estudo para as populações de *B. soporator*.

Os valores dos testes de neutralidade Tajima D (TAJIMA, 1983) e $F_u F_s$ (FU, 1997) para as populações de *B. soporator* de Pirambúzios, Búzios e Cabo Branco foram negativos, próximos a zero e não significativos, de maneira que não se tem evidência de expansão populacional. Entretanto, o índice de Ragdness (HARPENDING, 1994) se mostrou baixo e não significativo, e nenhuma das somas do desvio dos quadrados (SSD) da distribuição de Mismatch foi significativa para estas populações. Assim, não foi possível rejeitar a ocorrência de expansão populacional de *B. soporator* nestas

localidades. Tem-se conhecimento que gargalos recentes também podem imitar o efeito de uma expansão (TAJIMA, 1989a, b) ou de uma seleção positiva (HADDRILL *et al.*, 2005), de modo que esses fenômenos podem ser bastante difíceis de separar. Devido a tal dificuldade, optou-se por não considerar que as populações de *B. soporator* amostradas tenham sofrido gargalo.

Foi observado um padrão unimodal de distribuição de Mismatch para as populações de *L. nuchipinnis* estudadas (Figura 4), que é um indicativo de uma expansão populacional recente (SLATKIN & HUDSON, 1991; ROGERS & HARPENDING, 1992; HARPENDING *et al.*, 1998; LOPES *et al.*, 2007). Esta ideia foi confirmada pelo índice de Raggdness (HARPENDING, 1994) que se mostrou baixo e não significativo para todas as populações amostradas. Os testes de neutralidade Tajima D (TAJIMA, 1983) e Fu Fs (FU, 1997) apresentaram valores negativos e significativos para todas as populações, exceto Cabo Branco, indicando que as populações de Pirambúzios, Búzios, Barra de Mamanguape e Paiva podem estar passando ou passaram por um recente crescimento populacional; os testes de D* e F* (FU & LI, 1993) não apresentaram valores significativos para rejeitar a hipótese de expansão populacional. Nenhuma das somas do desvio dos quadrados (SSD) da distribuição de Mismatch foi significativa para as populações de *L. nuchipinnis* amostradas, o que indica que a curva se ajusta a uma expansão súbita (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

Os resultados da análise de variância molecular para *B. soporator* e *L. nuchipinnis* mostraram que a maior parte da variação genética ocorreu entre os indivíduos da mesma população. Os valores do índice de fixação foram baixos (Tabelas V e VI), comuns para peixes marinhos (WARS *et al.*, 1994). Estes resultados revelam um fluxo gênico intenso entre as populações, mesmo em populações periféricas, e sugerem a ocorrência de única grande população contínua e que interagem

geneticamente. Esta falta de estrutura genética entre populações é apoiada pelos resultados gerados nas análises de agrupamento pelos métodos Bayesiano e Neighbor-Joining (Figuras 7 a 10).

Tais resultados se opõem aos encontrados por LIMA *et al.* (2005), que verificaram populações geneticamente diferenciadas de *B. soporator* na costa brasileira (Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba e Rio de Janeiro), e VILLEGAS-SANCHEZ *et al.* (2010), que detectaram estruturação genética em subpopulações de *Stegastes partitus* em pequena escala geográfica (± 200 km) em quatro recifes no Caribe mexicano.

Peixes marinhos, em geral, apresentam pouca estruturação genética (RYMAN *et al.*, 1984; SHAKLEE, 1984) associada ao grande potencial dispersivo na fase larval. As espécies *B. soporator* e *L. nuchipinnis* apresentam uma fase inicial de desenvolvimento pelágica (CARVALHO-FILHO, 1999), relacionada à capacidade de dispersão a partir da ação de correntes e de repertórios comportamentais (LEVINTON, 1995; LEIS, 1991). Após um tempo indeterminado no plâncton, passam a viver em ambientes rasos, como poças de maré (CARVALHO-FILHO, 1999). A capacidade de dispersão larval, associada às condições oceanográficas locais, podem ser determinantes para a falta de estruturação genética de populações de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* estudados.

As espécies estudadas são exploradas no comércio de peixes ornamentais (SAMPAIO & NOTTINGHAM, 2008). Sabe-se que a exploração desordenada de recursos pode levar uma espécie a sofrer efeitos graves, como a perda da capacidade adaptativa e depressão endogâmica, causados pela diminuição da variabilidade genética, ou aumento do risco de extinção, mesmo localmente (AFFONSO, 2004; FRANKHAM, 2005). Do ponto de vista da genética da conservação, conhecer a evolução histórica e a escala geográfica em que as populações estão conectadas ou estruturadas é um fator importante para a identificação, o monitoramento e o manejo destas populações

(MORITZ, 1994; BOWEN & AVISE, 1996; DETHMERS *et al.*, 2006), seja para fins conservacionistas ou exploratórios (BEGG & WALDMAN, 1999). Assim, as informações geradas neste estudo são valiosas no intuito de se conhecer a diversidade e a variabilidade genética como base para auxiliar na conservação das populações naturais destas espécies na região, caso, por exemplo, um severo declínio populacional venha a comprometer a viabilidade destas populações. Contudo, decisões não podem ser tomadas apenas com base em dados de genes mitocondriais, pois outras porções do genoma podem ser diferenciadas. De todo modo, os resultados alcançados podem ser utilizados para comparações futuras, para estimar o grau de polimorfismo entre as populações. Além disso, novos estudos devem ser realizados com diferentes modelos biológicos e em escalas temporais mais amplas, a fim de explorar os efeitos de possíveis variações nos padrões atuais.

VI. CONCLUSÕES

- O método utilizado para o acesso a variabilidade genética das espécies *B. soporator* e *L. nuchipinnis* mostrou-se eficaz e capaz de inferir níveis de variação intra e interpopulacionais, além de tornarem disponíveis informações inéditas sobre peixes de poças de maré do nordeste do Brasil.
- Os índices de diversidade genética e as redes de haplótipos gerados a partir das análises de sequência de COI de *B. soporator* e *L. nuchipinnis* constituem um padrão esperado em populações em crescimento, após um período de pequeno tamanho efetivo;
- No caso de *B. soporator*, os parâmetros de expansão demográfica e os índices de neutralidade sugeriram o gargalo populacional como a explicação mais parcimoniosa para o período de baixo tamanho efetivo das populações;
- Frente ao conhecimento incipiente sobre a variabilidade genética de *B. soporator*, a detecção do gargalo populacional nas localidades amostradas deve ser vista com cautela e confirmada através de marcadores específicos;
- Para *L. nuchipinnis*, os parâmetros de expansão demográfica e os índices de neutralidade evidenciaram uma expansão populacional recente, mas não sugeriram os possíveis motivos para o período de baixo tamanho efetivo das populações;
- Os índices de fixação revelaram que as populações estudadas representam uma população panmítica com intenso fluxo gênico, tanto para as amostras de *B. soporator*, quanto para *L. nuchipinnis*;

- As análises de variância molecular e de agrupamento para *B. soporator* e *L. nuchipinnis* mostraram que a maior parte da variação genética ocorre entre os indivíduos da mesma população.

VII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AFFONSO, P. R. A. M. & GALETTI JR., P. M. (2007). Genetic diversity of three ornamental reef fishes (Families Pomacanthidae and Chaetodontidae) from the Brazilian coast. *Brazilian Journal of Biology*, 67 (4): 925–933.
- AFFONSO, P. R. A. M. (2004). *Marcadores moleculares na análise de espécies e composição populacional de peixes marinhos recifes de corais da Família Pomacanthidae (Perciformes)*. Tese de Doutorado. Universidade Federal de São Carlos.
- AKIHITO, P. & MEGURO, K. (1980) On the six species of the genus *Bathygobius* found in Japan. *Japan. J. Ichthyol.* 27: 215–236.
- AKIHITO, P.; IWATA, A.; KOBAYASHI, T.; IKEO, K; IMANISHI, T.; ONO, H.; UMEHARA, Y.; HAMAMATSU, C.; SUGIYAMA, K.; IKEDA, Y.; SAKAMOTO, K.; FUMIHITO, A.; OHNO, S. & GOJOBORI, T. (2000) Evolutionary aspects of gobioid fishes based upon a phylogenetic analysis of mitochondrial cytochrome b genes. *Gene*, 259, 5–15.
- AMARAL, A. C. Z. & JABLONSKI, S. (2005). Conservação da biodiversidade marinha e costeira no Brasil. *Megadiversidade*, 1 (1): 43–51.
- AMOS, W & HARWOOD, J. (1998) Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 353:177–186.
- AVISE, J. C. 1986. Mitochondrial DNA and the evolution of higher animals. *Phil. Trans R. Soc.*, 312: 325–342.
- AVISE, J. C.; NEIGEL, J. E. & ARNOLD, J. (1984) Demographic influences on mitochondrial DNA lineages survivorship in animal populations. *J. Mol Evol*, 20:99–105.
- AVISE, J. C. (2000). *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, MA. 447 pp.

- BANDELT, H. J.; FORSTER, P.; RÖHK, A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology Evolution*, (16): 37–48.
- BAY, L. K.; CHOAT, J. H.; VAN HERWERDEN, L. & ROBERTSON, D. R. (2004) High genetic diversities and complex genetic structure in an Indo-Pacific tropical reef fish (*Chlorurus sordidus*): evidence of an unstable evolutionary past? *Marine Biology*, 144:757–768.
- BECKER, I. I.; GRANT, W. S. KIRBY, R. & ROBB, F. T. (1988) Evolutionary divergence between sympatric species of southern African hakes, *Merluccius capensis* and *M. paradoxus*. II. Restriction enzyme analysis of mitochondrial DNA. *Heredity*, 61:21–30.
- BEGG, G. A. & WALDMAN, J. R. (1999). An holistic approach to fish stock identification. *Fisheries Research*, 43:35–44.
- BOWEN, B. W. & AVISE, J. C. (1996) *Conservation genetics of marine turtles. In Conservation genetics. Case Histories from Nature* (eds. Avise J. C., Hamrick, J. L.), Chapman & Hall, New York.
- CAMPOS, R. F.; NUNES, A. C. C.; MEDEIROS, D. V. & SAMPAIO, C. L. S. (2010). Simultaneous reproductive event of two species of the genus *Labrisomus* (Labrisomidae) in Northeastern Brazil. *Pan-American Journal of Aquatic Sciences*, 5 (4):495–500.
- CARVALHO-FILHO, A. (1999). *Peixes: costa brasileira*. Editora Melro Ltda. São Paulo. 320 pp.
- COWEN, R. K.; LWIZA, K. M. M.; SPONAUGLE, S.; PARIS, C. B. & OLSON, D. B. (2000) Connectivity of marine populations: open or close. *Science* 287:857–859.
- CUNHA, I. M. C. (2008). *Estrutura Genética de Chromis multilineata* (Guichenot, 1853) (Perciformes – Pomacentridae) na Costa NE do Brasil e ilhas oceânicas: evidências de um passado evolutivo instável. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio Grande no Norte. 57 pp.
- DEFAVARI, G. R. (2010). *Estrutura genética de Hippocampus reidi* (Teleostei Syngnathidae) da costa do nordeste brasileiro. Dissertação de Mestrado.

Universidade Federal da Paraíba.

- DETHMERS, K. E. M.; BRODERICK, D.; MORITZ, C.; FITZSIMMONS, N. N.; LIMPUS, C. J.; LA VERY, S.; WHITING, S.; GUINEA, M.; PRINCE, R. I. T; KENNET, B. (2006). The genetic structure of Australasian green turtles (*Chelonia mydas*): exploring the geographical scale of genetic exchange. *Molecular Ecology*, 15: 3931–39–46.
- DIAS JR., E. A.; SOUZA, A. S. & MOLINA, W. F. (2007). Lack of interpopulation genetic structure in the genus *Stegastes* (Perciformes) with indication of local introgression. *Genetics and Molecular Research*, 6 (4): 1097–1106.
- DODSON, J. J.; CARSCADDEN, J. E.; BERNATCHEZ, L. & COLOMBANI, F. (1991). Relationship between spawning mode and phylogenetic structure in mitochondrial DNA of North Atlantic capelin *Mallotus villosus*. *Mar Ecol Prog Ser*, 76:103–113.
- DOMINGUES, V. S.; SANTOS, R. S.; BRITO, A. & ALMADA, V. C. (2006) Historical population dynamics and demography of the eastern Atlantic pomacentridae *Chromis limbata* (Valenciennes, 1833). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40:139–147.
- EXCOFFIER, L. & LISCHER, H. E. L. (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564–567.
- FRANKHAM, R. (2005) Genetics and extinction. *Biological Conservation*, 126:131–140.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BISCOE, D. A. (2004) *A Primer of Conservation Genetics*. Cambridge University Press. 220 p.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. (2008) *Fundamentos da genética da conservação*. Ribeirão Preto: Editora SBG.
- FREITAS, L. A. C. M. (2010) *Diversidade genética em Dourado (Salminus brasiliensis, Curvier, 1816), uma espécie de grande interesse comercial no Pantanal Mato-grossense*. Tese de Doutorado. Universidade Federal de São

Carlos. 129 pp.

- FU, Y. X. (1997) Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection. *Genetics*, 147 (2): 915–925.
- FU, Y. X. & LI, W. H. (1993) Statistical tests on neutrality of mutations. *Genetics*, vol. 133, p. 693–709.
- GALETTI JR., P. M.; MOLINA, W. F.; AFFONSO, P. R. A. M. & AGUILAR, C. T. (2006) Assessing genetic diversity of Brazilian reef fishes by chromosomal and DNA markers. *Genetica*, 126:161–177.
- GIBRAN, F. Z.; SANTOS, F. B.; SANTOS, H. F. & SABINO, J. (2004) Courtship behavior and spawning of the hairy blenny *Labrisomus nuchipinnis* (Labrisomidae) in southeastern Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 2 (3):163–166.
- GIBSON, R. N. (1994) Impact of habitat quality and quantity on the recruitment of juvenile flatfishes. *Netherlands Journal of Sea Research*, 32: 191–206.
- GILL, H. S. (1994) Phylogenetic relationships of the members of the *Bathygobius* and *Priolepis* groupings (sensu Birdsong *et al.*, 1988) which possess a longitudinal papillae pattern. *Proceedings of the Fourth Indo–Pac. Fish Conference*, Bangkok, Thailand, 42–59.
- GINSBURG, I. (1947) American species and subspecies of *Bathygobius*, with a demonstration of a suggested modified system of nomenclature. *Journal of the Washington Academy of Sciences*, 37: 275–284.
- GOLD, J. R.; RICHARDSON, L. R. FURMAN, C. & KING, T. L. (1993) Mitochondrial DNA differentiation and population structure in red drum (*Sciaenops ocellatus*) from the Gulf of Mexico and Atlantic Ocean. *Mar Biol*, 116:175–185.
- GORMAN, G. C.; KIM, Y. J. & RUBINOFF, R. (1976) Genetic relationships of three species of *Bathygobius* from the Atlantic and Pacific sides of Panama. *Copeia*, 2: 361–364.
- GRANT, W. S. & BOWEN, B. W. (1998) Shallow population histories in deep

evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity*, 89:415–426.

GOSBERG, R. K. & CUNNINGHAM, C. W. (2001) *Genetic structure in the sea: from populations to communities*. Pages 61–84 in *Marine Community Ecology* (M. D. Bertness, S. Gaines, and M. E. Hay, eds.), Sinauer Associates, Sunderland, MA.

HADDRILL, P. R.; THORNTON, K. R.; CHARLESWORTH, B. & ANDOLFATTO, P. (2005) Multilocus patterns of nucleotide variability and the demographic and selection history of *Drosophila melanogaster* populations. *Genome Res.*, 15: 790–799.

HARPENDING, H. C. (1994). Signature of ancient population growth in a low resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Human Biol.*, 66:591–600.

HARPENDING, H. C., BATZER, M. A.; GURVEN, M.; JORDE, L. N; ROGERS, A. R. & SHERRY, S. T. (1998) Genetic traces of ancient demography. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 1961–1967.

HEIST, E. J.; MUSICK, J. A. & GRAVES, J. E. (1996) Genetic population structure of the shortfin mako (*Isurus oxyrinchus*) inferred from restriction fragment length polymorphism analysis of mitochondrial DNA. *Can J. Fish Aquat Sci*, 53:583–588.

HOLSINGER, K. E. (2008) *Tajima's D and Fay and Wu's H, Zeng et al.'s E, and Fu'sFs*. Attribution–NonComercial–ShareAlikeLicence.
<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/3.0/>.California, USA.

HORN, M. H.; MARTIN, K. L. & CHOKOWSKI, M. A. (1999) *Intertidal fishes: life in two worlds*. Academic Press, San Diego, California, USA. 399 pp.

HUELSENBECK, J. P. & RONQUIST, F. (2001). MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, 17:754–755.

KEGEL, W. (1957) Contribuição ao estudo da Bacia Costeira do Rio Grande do Norte. *Coleção Mossoroense*, 167: 55-104.

KNOPPERS, B.; EKAU, W.; FIGUEIREDO JUNIOR, A. G. & SOARES–GOMES, A.

- (2002) *Zona Costeira e Plataforma Continental do Brasil*. In: Crespo Pereira, R. & Soares-Gomes, A. *Biologia Marinha*. Rio de Janeiro: Interciência. 382 pp.
- KORNFELD, I. & BOGDANOWICZ, S. M. (1987) Differentiation of mitochondrial DNA in Atlantic herring, *Clupea harengus*. *Fisheries Bull.*, 85:561-568.
- LEIS, J. M. (1991) *The pelagic stage of reef fishes*. In: Sale, P. F. (ed.), *The Ecology of Fishes on Coral reefs*. Academic Press, California, pp. 183–227.
- LEVINTON, J. S. (1995) *Marine biology: function, biodiversity, ecology*. 1º Ed. Oxford University Press, New York. 420 p.
- LIBRADO, P. & ROZAS, J. (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451–1452.
- LIMA, D.; FREITAS, J. E. P.; SOLÉ-CAVA, A. M. (2005) Genetic detection of cryptic species in the frillfin goby *Bathygobius soporator*. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 320: 211–223.
- LOPES, I. F.; MIÑO, C. I. & LAMA, S. N. (2007) Genetic diversity and evidence of recent demographic expansion in waterbird populations from the Brazilian Pantanal. *Braz. J. Biol.*, 67 (4): 849–857.
- LUZ, E. O. O. (2012) Análise filogeográfica de *Brachyplatystoma platynemum* (Siluriformes: Pimelodidae). Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista. 79 pp.
- MAHON, R. & MAHON, S. D. (1994) Structure and resilience of a tidepool fish assemblage at Barbados. *Environmental Biology of Fishes*, 41: 171–190.
- MENDES, L. F. (2006) História natural dos amorés e peixes-macaco (Actinopterygii, Blennioidei, Gobioidae) do Parque Nacional Marinho do Arquipélago de Fernando de Noronha, sob um enfoque comportamental. *Revista Brasileira de Zoologia*, 23 (3): 817–823.
- MILLER, P. J. & STEFANNI, S. (2001) The eastern Pacific species of *Bathygobius* (Perciformes: Gobiidae). *Revista de Biologia Tropical* 1: 141–156.
- MMA. (2010) *Gerência de Biodiversidade Aquática e Recursos Pesqueiros. Panorama*

da conservação dos ecossistemas costeiros e marinhos no Brasil. Brasília, MMA/SBF/GBA. 148 pp.

MOLINA, W. F. (2000) *Análise da diversidade genética na família Pomacentridae (Pisces, Perciformes), utilizando métodos combinados de citogenética, marcadores moleculares e morfometria*. Universidade Federal de São Carlos. Tese de Doutorado.

MORITZ, C. (1994) Defining "evolutionary significant units" for conservation. *Tree*, 9:373–375.

MORITZ, C. & CICERO, C. (2004) DNA barcoding: Promise and pitfalls. *Plos Biol* 2(10): 1529–1531.

PAMPOULIE, C.; GYSELS, E. S.; MAES, G. E.; HELLEMANS, B; LEENTJES, V.; Jones, A. G. & VOLCKAERT, F. A. M. (2004) Evidence for fine-scale genetic structure and estuarine colonization in a potential high gene flow marine goby (*Pomatoschistus minutus*). *Heredity*, 92, 434–445.

PEAKALL, R. & SMOUSE, P. E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28: 2537–2539.

PUCHNICK-LEGAT, A. & LEVY, J. A. (2006) Genetic Structure of Brazilian Populations of White Mouth Croaker *Micropogonias furnieri* (Perciformes: Sciaenidae). *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 49: 429–439.

RAMBAUT, A. & DRUMMOND, A. J. (2007) Tracer v1.4, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>

RAMBAUT, A. (2009) FigTree v1.3.1 2006–2009.

RAMÍREZ-SORIANO, A.; RAMOS-ONSINS, S. E.; ROZAS, J. CALAFELL, F. & NAVARRO, A. (2008) Statistical power analysis of neutrality tests under demographic expansions, contractions and bottlenecks with recombination. *Genetics*, 179: 555–567.

RANGUELEY, R. W. & KRAMER, D. L. (1995) Tidal effects on habitat selection and

aggregation by juvenile pollock *Polachius virens* in the rocky intertidal zone. *Marine Ecology Progress Series*, 126 (1–3): 19–29.

RICHARDSON, L. R. & GOLD, J. R. (1993) Mitochondrial DNA variation in red grouper (*Epinephelus morio*) and greater amberjack (*Seriola dumerili*) from the Gulf of Mexico. *ICES J Mar Sci*, 50: 53–62.

ROGERS, A. R. & HARPENDING, H. (1992) Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Mol Biol Evol*, 9: 552–569.

ROSENBLATT, R. H. (1984) Blennioidei: Introduction. In: Ontogeny and Systematics of Fishes, Special publication 1. American Society of Ichthyologists and Herpetologists, 551–552.

RYMAN, N.; LAGERCRANTZ, U.; ANSERSON, L.; CHAKRABORTY, R. & ROSENBERG, R. (1984) Lack of correspondence between genetic and morphologic variability patterns in Atlantic herring (*Clupea harengus*). *Heredity*, 53: 687–70.

SAMPAIO, C. L. S. & NOTTINGHAM, M. C. 2008. *Guia para Identificação de Peixes Ornamentais*. Edições IBAMA, Brasília, v.1: Espécies Marinhas. Santarelli, A. 1983. Super Sub. Editora Cobra Sub, Rio de Janeiro.

SANT'ANA, P. J. J. (2008) *Hábitos alimentares de Labrisomus nuchipinnis Quoy & Gaimard, 1824 (Teleostei: Perciformes) das poças de maré da Praia dos Castelhanos, Anchieta, ES*. Monografia de Conclusão de Curso. Universidade Federal do Espírito Santo. 43 pp.

SCHWEIGERT, J. F. & WITHLER, R. E. (1990) Genetic differentiation of Pacific herring based on enzyme electrophoresis and mitochondrial DNA analysis. *Am Fish Soc Symp*, 7:459–469.

SHAKLEE, J. B. (1984) Genetic variation and population structure in the damselfish, *Stegastes fasciolatus*, throughout the Hawaiian Archipelago. *Copeia*, (3): 629–64

SHULMAN, M. J. & BERMINGHAM, E. (1995) Early life histories, ocean currents and the population genetics of Caribbean reef fishes. *Evolution*, 49 (5): 897–910.

- SLATKIN, M. & HUDSON, R. H. (1991) Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*, 129: 555–562.
- SMITH, P. J. & FUJIO, Y. (1982) Genetic variation in marine teleosts: high variability in habitat specialists and low variability in habitat generalists. *Mar. Biol.*, 69: 7–20.
- SOUZA, A. S. (2011) *Análise da estrutura genética populacional da Piraúna (Cephalopholis fulva: Serranidae) ao longo da costa e ilhas oceânicas brasileiras*. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. 42 pp.
- STEELE, M. A. (1999). Effects of shelter and predators on reef fishes. *Journal Experimental Marine Biology and Ecology*, 233: 65–79.
- STEPIEN, C. A.; DIXON, M. T.; HILLS, D. M. (1993) Evolutionary relationships of the blennioid fish families Clinidae, Labrisomidae and Chaenopsidae: congruence between DNA sequence and allozyme data. *Bull Mar Sci*, 1993, 52:496–515.
- TAJIMA, F. (1983) Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*, 105: 437–460
- TAJIMA, F. (1989a) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123: 585–595.
- TAJIMA, F. (1989b) The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*, 123: 597–601.
- TAMURA, K.; DUDLEY, J.; NEI, M. & KUMAR, S. (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24:1596–1599.
- TAVOLGA, W. N. (1954) Reproductive behavior of the gobiid fish, *Bathygobius soporator*. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 104, 427–460.
- TAVOLGA, W. N. (1955) Effects of gonadectomy and hypophysectomy on pre-spawning behavior in males the gobiid fish, *Bathygobius soporator*. *Physiological*

Zoology, 28, 218–233.

- TAVOLGA, W. N. (1956) Pre-spawning behavior in the gobiid fish, *Bathygobius soporator*. *Behaviour*, 9, 53–74.
- TAVOLGA, W. N. (1950) Pattern variability among populations of the gobiid fish *Bathygobius soporator*. *Copeia*, 1950, 182– 194.
- TAVOLGA, W. N. (1953) Spawning and embryonic development in the gobiid fish, *Bathygobius soporator*. *Anat. Rec.* 117, 596–597.
- THACKER, C. E. (2003) Molecular phylogeny of the gobioid fishes (Teleostei: Perciformes: Gobioidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26, 354–368.
- THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G. & GIBSON, T. J. (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucl. Acids Res.*, (22): 4673–4680.
- TORNABENE, L. & PEZOLD, F. (2011) Phylogenetic analysis of Western Atlantic *Bathygobius* (Teleostei: Gobiidae). *Zootaxa*, 3042: 27–36.
- TORNABENE, L.; BALDWIN, C.; WEIGT, L. A. & PEZOLD, F. (2010) Exploring the diversity of western Atlantic *Bathygobius* (Teleostei: Gobiidae) with cytochrome c oxidase–I, with descriptions of two new species. *Aqua*, 16: 4 – 15.
- TRACKER, C. E. (2003). Molecular phylogeny of the gobioid fishes (Teleostei: Perciformes: Gobioidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26: 354–368.
- TRINGALI, M. D. & WILSON, R. R. Jr. (1993) Differences in haplotype frequencies of mtDNA of the Spanish sardine *Sardinella aurita* between specimens from the eastern Gulf of Mexico and southern Brazil. *Fish Bull*, 91:362–370.
- VILLEGAS-SANCHEZ, C. A.; RIVERA-MADRID, R.; ARIAS-GONZALEZ, J. E. (2010) Small scale genetic connectivity of bicolor damselfish (*Stegastes partitus*) recruits in Mexican Caribbean reefs. *Coral Reefs*, 29:1023–1033.
- WARS, R. D.; WOODWARD, M. & SKIBINSKI, D. O. F. (1994) A comparison of

genetic diversity levels in marine, freshwater and anadromous fish. *J Fish Biol*, 44: 213–232.

ZHANG, J.; CAI, Z. & HUANG, L. (2006) Population genetic structure of crimson snapper *Lutjanus erythropterus* in East Asia, revealed by analysis of the mitochondrial control region. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 693–704.

ZWANENBURG, K. C. T.; BENTZEN, P. & WRIGHT, J. M. (1992) Mitochondrial DNA differentiation in western North Atlantic populations of Haddock (*Melanogrammus aeglefinus*). *Can J Fish Aquat Sci*, 49: 2527–2537.

CAPÍTULO IV

GENETIC DETECTION AND CHARACTERIZATION OF

CRYPTIC SPECIE ON THE TWIN–SPOTTED FRILLFIN

BATHYGOBIUS GEMINATUS IN **WESTERN SOUTH ATLANTIC**

TIDEPOOLS

ABSTRACT

The gobiid of genus *Bathygobius* inhabit the bottom in tidepool on coastal regions and oceanic islands. Several morphological characteristics are reduced or absent in some species of the Suborder Gobioidae due their benthic habit. So, it is difficult to assess the biological diversity of gobiid fishes based only on morphology. *Bathygobius geminatus* is currently known from the Florida (USA) and the surrounding region, as well as a single locality on the northern coast of Puerto Rico. However, there is evidence of *B. geminatus* in the Brazilian coast. The aim of this study was to use the Cytochrome c oxidase subunit I (COI) sequence data to verify the presence of *B. geminatus* in the Western South Atlantic and additionally know the genetic structure of their populations in the region. The results confirms the occurrence of *B. geminatus* in the Western South Atlantic tidepools. Overall, the haplotypes diversity and polymorphic alleles number were high. Neutrality tests performed were negative and nonsignificant for all populations, pointing out to a recent population expansion. The AMOVA's results showed that most of the genetic differences were present among individuals from the same locality. The lack of genetic structure among populations was supported by the haplotype network and maximum likelihood analysis. This genetic finding is especially interesting because confirms and expands the current geographic distribution of *B. geminatus* and about population structure of marine fish.

Keywords: COI, gobiid, tidepools, Western South Atlantic, population genetics.

RESUMO

Gobiídeos do gênero *Bathygobius* habitam o fundo em poças de maré em regiões costeiras e ilhas oceânicas. Várias características morfológicas estão reduzidas ou ausentes em algumas espécies da subordem Gobiioidei, devido ao seu hábito bentônico. Assim, é difícil avaliar a diversidade biológica de peixes gobiídeos apenas na morfologia. *B. geminatus* é atualmente conhecido a partir da Flórida (EUA) e região circundante, bem como em uma única localidade na costa norte de Porto Rico. No entanto, há evidências de *B. geminatus* na costa brasileira. O objetivo deste estudo foi utilizar dados de sequência do Citocromo c oxidase subunidade I (COI) para verificar a presença de *B. geminatus* no Atlântico Sul Ocidental e, adicionalmente, conhecer a estrutura genética de suas populações na região. Os resultados confirmam a ocorrência de *B. geminatus* nas poças de maré do Atlântico Sul Ocidental. Em geral, a diversidade haplotípica e número alelos polimórficos foram elevados. Testes de neutralidade realizados foram negativos e não significativos para todas as populações, apontando para uma expansão populacional recente. Os resultados da AMOVA mostraram que a maior parte das diferenças genéticas presentes está entre indivíduos da mesma localidade. Esta falta de estruturação genética entre as populações foi suportada pelo rede de haplótipos e análises de máxima verossimilhança. Esta descoberta genética é especialmente interessante porque confirma e amplia a distribuição geográfica atual de *B. geminatus* e sobre a estrutura populacional dos peixes marinhos.

Palavras-chave: COI, gobiídeo, poças de maré, Atlântico Sul Ocidental, genética de populações.

I. INTRODUCTION

The gobiid of genus *Bathygobius* inhabit the bottom in tidepool on coastal regions and oceanic islands, with representatives in tropical and subtropical oceans worldwide. The genus *Bathygobius* contains 29 currently recognized species, six of which occur in the Western Atlantic: *Bathygobius soporator* (Valenciennes 1837), *B. curacao* (Metzelaar 1919), *B. mystacium* Ginsburg 1947, *B. lacertus* (Poey 1860), *B. geminatus* Tornabene *et al.* 2010, and *B. antilliensis* Tornabene *et al.* 2010 (TORNABENE & PEZOLD, 2011).

B. geminatus is currently only known from the Florida (USA) and the surrounding region, as well as a single locality on the northern coast of Puerto Rico. However, a photograph of a *Bathygobius* specimen from Brazil on FishBase, (<http://www.fishbase.org>) (FROESE & PAULY, 2009) is labeled as *B. mystacium*, but possesses the distinct body markings that are diagnostic of *B. geminatus* (TORNABENE *et al.*, 2010). TORNABENE *et al.* (2010) not examined these particular specimens and it remains unclear as to which *Bathygobius* species occur in Brazil.

Owing to their bottom-dwelling habits, several morphological characteristics, such as the body lateral line and some bones, are reduced or absent in some species of the Suborder Gobioidi. Thus, it is difficult to assess the biological diversity of gobiid fishes based only on morphological characters (AKIHITO *et al.*, 2000). Many marine species that were considered to have large geographical distributions were found to be, under close scrutiny, complexes of morphologically similar, but genetically distinct species (KNOWLTON, 2000).

To the naked eye, *Bathygobius geminatus* can be distinguished from all other *Bathygobius* in the region by its distinctive ventral trunk pigmentation, though some

specimens of *B. soporator* have a slightly similar spotting pattern anteriorly. It can be further distinguished from *B. soporator* in having a longitudinal pigmentation pattern on the first dorsal fin as opposed to a broad vertical or slightly diagonal pattern from all other species this genus. Other morphological character less evident, like shape of the upper jaw, and meristic as number of lateral scale rows, assist in distinguishing *B. geminatus* from other *Bathygobius* (TORNABENE *et al.*, 2010).

Information published by TORNABENE *et al.* (2010) allows us to question the real identification and distribution of *B. geminatus* in the Brazilian coast. Thus, due to these taxonomic and biogeographic uncertainties, the objective of this study was to use the Cytochrome c oxidase subunit I (COI) sequence data to test the hypothesis of the presence of cryptic species *B. geminatus* in the Western South Atlantic and additionally know the genetic structure of their populations in the region.

II. METHODOLOGY

Sampling and DNA extraction

Tidepool at five localities comprise the study area (Figure 1): Búzios (06°00'36"S 35°06'26"W), Pirambúzios (05°59'23"S 35°06'48"W), Ponta do Cabo Branco (07°08'40"S 34°48'17"W), Barra de Mamanguape (06°46'01"S 34°55'01"W) and Paiva (08°07'30"S 35°00'55"W). Fishes were captured between July 2011 and March 2013, using the anaesthetic clove oil (20 mg/l in 50% etanol solution) and small dip nets.



Figure 1. Map of the sampling sites on the Western South Atlantic tidepools.

Small muscular tissue samples of 150 specimens were taken of caudal fin and immediately stored at ambient temperature in 95% ethanol and stored at -20°C until use. Genomic DNA was extracted using EasySpin[®] extraction kit (Genomic DNA Microplate Tissue Kit), following the protocol supplied by the manufacturer. DNA quality was verified using electrophoresis with 0.8% agarose gel, 2% to test PCR product.

Polymerase chain reaction and DNA sequencing

PCR amplification was performed in 10 μl reactions consisting 0.025 μl Platinum[®] Taq DNA Polimerase Invitrogen (5U/ μl), 1 μl of 10X PCR Buffer minus Mg Invitrogen [200mM Tris-HCl (pH 8.4), 500mM KCl], 0.2 μl of 10 μM dNTPs, 0.3 μl of 50 mM MgCl_2 , 1 μl of Bovine Serum Albumin (20mg/mL) (1 μM /4 μl), 1 μl of each primer COI_F2 (5'-CGG GTG CCG GAA GAA TCA G -3') (1 μM /10 μl), 1 μl of each primer COI_R1 (5'-ATC CTA CCT GTG GCA ATT ACA CG-3') (1 μM /10 μl), 1.5 μl of good quality DNA and 3.98 μM of ultrapure water (sterile bi-distilled water). PCR conditions were as follows: first phase [initial denature at 94°C for 2 min, followed by 11 cycles of denaturing at 94°C for 30 s, annealing temperature decreasing 0.5°C each cycle (60–55 $^{\circ}\text{C}$) for 30 s and a final extension of 72°C for 1 min]; second phase [29 cycles of denaturing at 94°C for 30 s, annealing temperature 55°C for 30 s, and extension of 72°C for 1 min; after the cycles, final extension of 72°C for 10 minutes]. The PCR was performed with an T100TM Thermal Cycler – Bio-Rad.

After purification using ExoSAP-IT reagent, direct sequencing was performed in one direction only for all genes with an ABI 3500 automated sequencer (Applied Biosystems). DNA extraction, PCR, purification and sequencing were performed at the

Centro de Testagem Molecular of Research Center in Biodiversity and Genetic Resources (CIBIO) of University of Porto.

Data analysis

Sequences were align and checked manually using the application Clustal W (THOMPSON *et al.*, 1994) in the SeqScape® Software. The putative nature of each sequence was confirmed by BLAST search. The alignment of each mtDNA segment was checked and edited by eye separately.

Summary statistics, including haplotype number (Nh), haplotype diversity (h), polymorphic alleles number (Np), nucleotide diversity (π), observed *heterozygosity* (Ho), *expected heterozygosity* (He) were computed using GenAlEx v.6.5 (PEAKALL & SMOUSE, 2012), DnaSP v.5.10.1 (LIBRADO & ROZAS, 2009) and ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

We calculated the frequency distribution of the number of mutational differences between haplotypes (Mismatch Analyses) with the Harpending's raggedness index and corresponding p -value using ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010). Tajima's D (TAJIMA, 1983) and Fu's F_s (FU, 1997) neutrality tests were estimated with all datasets for each population, as well as for all individuals; Analysis of molecular variance (AMOVA) among-populations and fixation index (F_{ST}) were implemented in the programs Arlequin version 3.5.1.2 (EXCOFFIER & LISCHER, 2010).

Genealogical relationships among haplotypes were estimated with a median-joining haplotype network (BANDELT *et al.*, 1999) using Network v.4.6.1.1. (Fluxus Technology Ltd. at www.fluxusengineering.com). Trees were rooted using COI sequences of three congenics (*B. mystacium*, *B. curacao* and *B. soporator*) obtained from GenBank (ascension numbers JQ839963.1, JQ839961.1 and HM748389.1,

respectively). Bootstrap support values were calculated using default settings with 1000 replicates. The maximum likelihood (ML) tree topology was confirmed by neighbor-joining (NJ) and Bayesian Markov Chain Monte Carlo (MCMC) analysis using MEGA v.5.2 (TAMURA *et al.*, 2007) and MRBAYES 3.2.2 (HUELSENBECK & RONQUIST, 2001), respectively. The NJ tree was generated using the Tamura–Nei model of evolution (TAMURA & NEI, 1993) and a gamma parameter of 0.065. Bootstrap support values were calculated using 1000 replicates. For the Bayesian analysis we used default priors under the HKY+G model of mutation (ModelGenerator v.8.5.1) (KEANE *et al.*, 2006) and ran simulations for four million generations with sampling every 400 generations. Convergence was checked using the program Tracer v.1.5 (RAMBAUT & DRUMMOND, 2007). The trees generated were edited in program Figtree v.1.3.1 (RAMBAUT, 2009).

III. RESULTS

A 655 bp segment from the Cytochrome c oxidase subunit I gene of 150 individuals of *Bathygobius geminatus* was analyzed, yielding 58 haplotypes that were defined by 61 polymorphic sites. Overall transition to transversion ratio (Ti/Tv) in the mtDNA was 3.66 and overall base frequencies were 23.37% A, 33.84% C, 25.44% G, and 17.35% T. The results of BLAST indicated homologies of 94 to 98% with sequences *B. geminatus* deposited in the library, confirming the hypothesis of the presence of this species in the Western South Atlantic.

A low level of nucleotide diversity was observed among all individuals ($\pi = 0.004$) while the haplotype diversity was high ($h = 0.908$). The number of individuals (n), haplotype number (Nh), haplotype diversity (h), *polymorphic alleles* number (Np), nucleotide diversity (π), and Tajima's D and Fu's F_s neutrality tests for each location are provided in Table 1.

The population expansion parameters showed unimodal pattern of mismatch distribution curve (Figure 2). The measure of Fu's F_s statistic based on the COI sequences revealed values significantly different from zero, resulting in $F_s = -3.92$ ($p < 0.02$). Tajima's D test resulted in a negative value. Both results suggest a variety of low-frequency haplotypes and a recent expanding population (Table 1).

Fixation indices between populations were low for all datasets, ranging from -0.012 to 0.024 but none of the values were statistically significant ($p > 0.05$; Table 2). AMOVA results for all datasets revealed that most of the genetic variability in *B. geminatus* mtDNA corresponds to differences within populations, with value 99.7% (Table 2).

Table 1. Summary statistics for five populations of *Bathygobius geminatus*. N= number of individuals; Nh = number of haplotypes; h = haplotype diversity; Np = polymorphic alleles number; π = nucleotide diversity; Tajima's D and Fu's neutrality tests.

Location	N	Nh	h	Np	π	Fu's Fs	Tajima D
Pirambúzios	30	13	0.859 (0.056)	15	0.003	-6.879	-1.673
Búzios	30	14	0.871 (0.002)	17	0.003	-6.189	-1.363
B. Mamanguape	30	22	0.968 (0.006)	28	0.004	-18.771	-1.976
Cabo Branco	30	12	0.862 (0.002)	16	0.003	-4.917	-1.525
Paiva	30	21	0.959 (0.0005)	30	0.005	-15,995	-2,048
All samples	150	58	0.908 (0.0003)	61	0.004	-73,787	-2,361

Table 2. Pairwise F_{ST} values for COI and hierarchical analysis of molecular variance (AMOVA) was used to estimate levels of genetic differentiation among populations within groups and within populations.

	B. Mamanguape	Búzios	Cabo Branco	Paiva	Pirambúzios
B. Mamanguape	—	—	—	—	—
Búzios	-0.00487	—	—	—	—
Cabo Branco	0.00348	0.02406	—	—	—
Paiva	-0.0123	-0.00294	0.01594	—	—
Pirambúzios	0.0004	-0.00077	0.01405	0.00175	—

AMOVA Results

	% variation
Among populations within groups	0.30
Within populations	99.7
Fixation Index (F_{ST})	0.00301

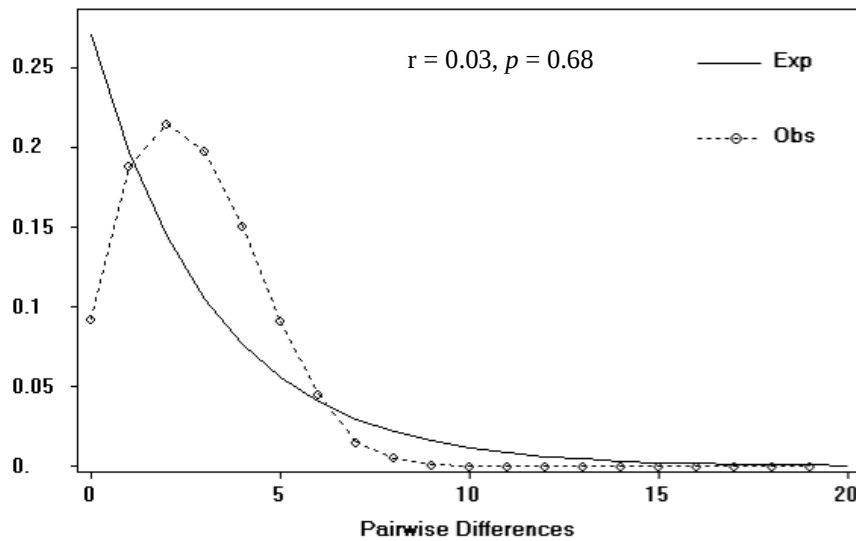


Figure 2. Mismatch distribution based on 655 COI sequences from five populations of *B. geminatus* of Western South Atlantic tidepools. The solid line represents the expected and dotted line is the observed pairwise differences.

The median-joining network revealed one haplotype that is more frequent and shared by all populations, with lineages connected by short branches and great quantities of different singleton haplotypes, except for three haplotypes, more frequent, shared between different populations and connected by longer branches (Figure 3). Results from the maximum likelihood analysis are presented in the Figures 4 and 5. The topologies generated by the maximum parsimony analysis were identical and showed no pattern of structuring among populations.

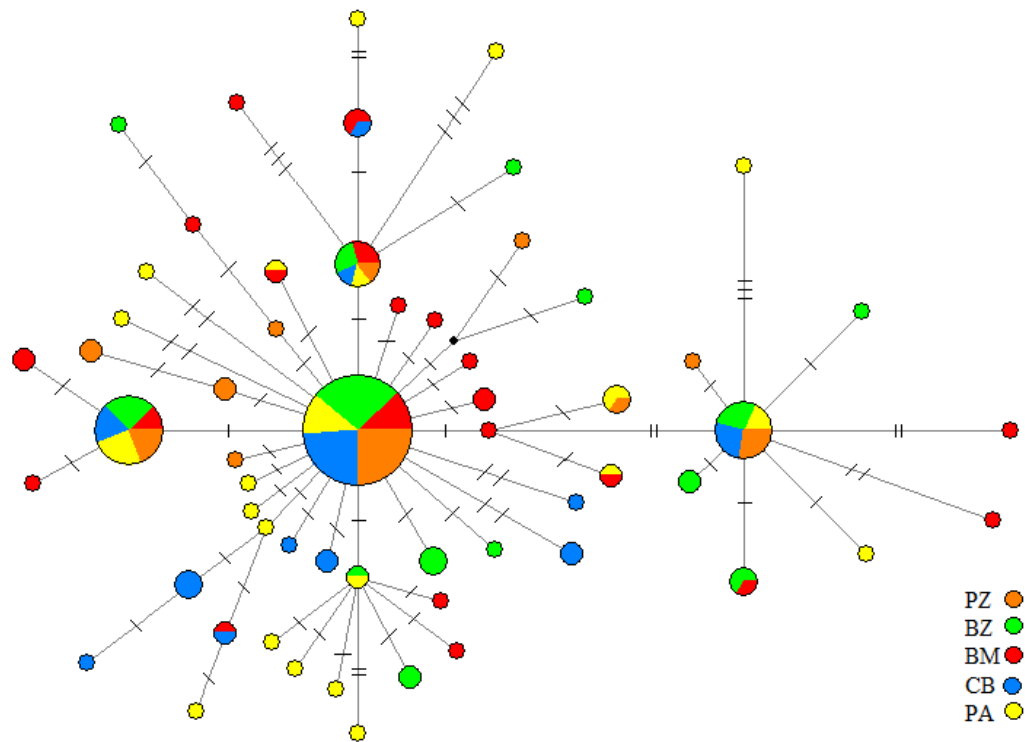
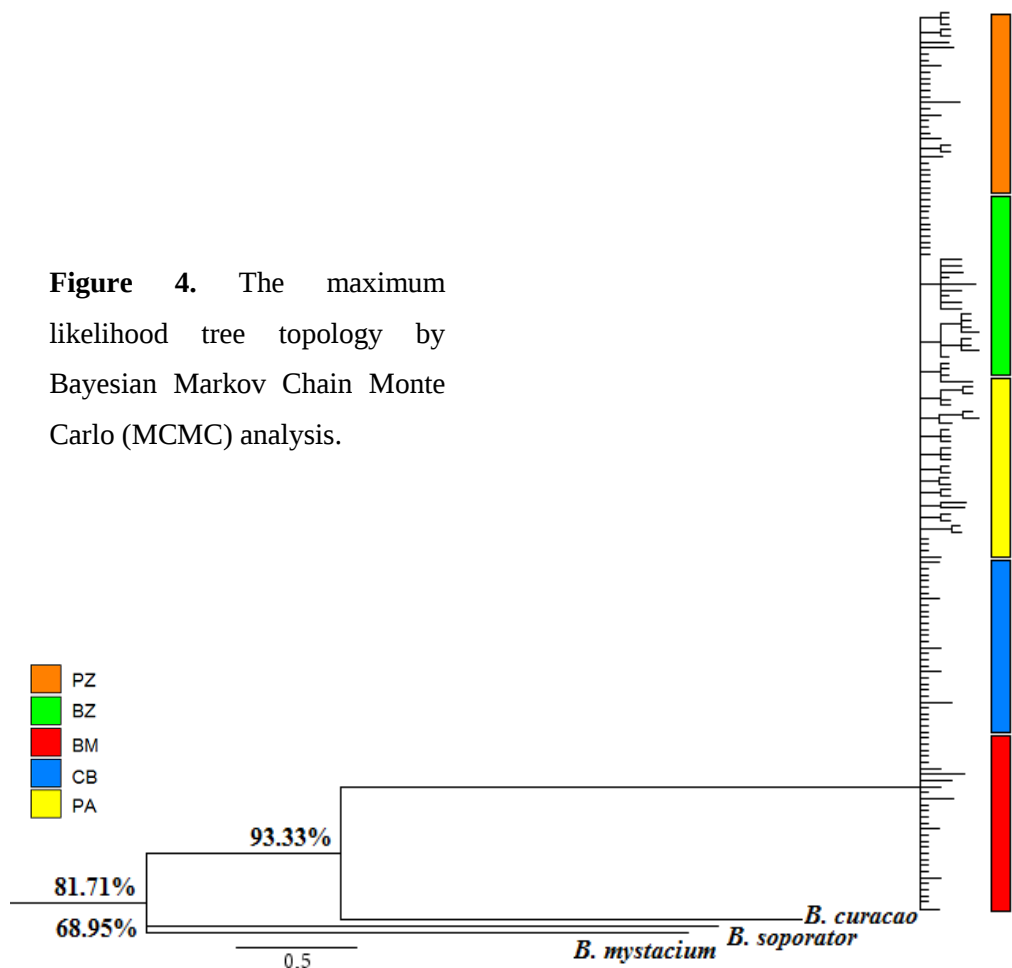


Figure 3. Median-joining haplotype network based on COI. Each circle represents a haplotype, and its size is proportional to its total frequency.

Figure 4. The maximum likelihood tree topology by Bayesian Markov Chain Monte Carlo (MCMC) analysis.



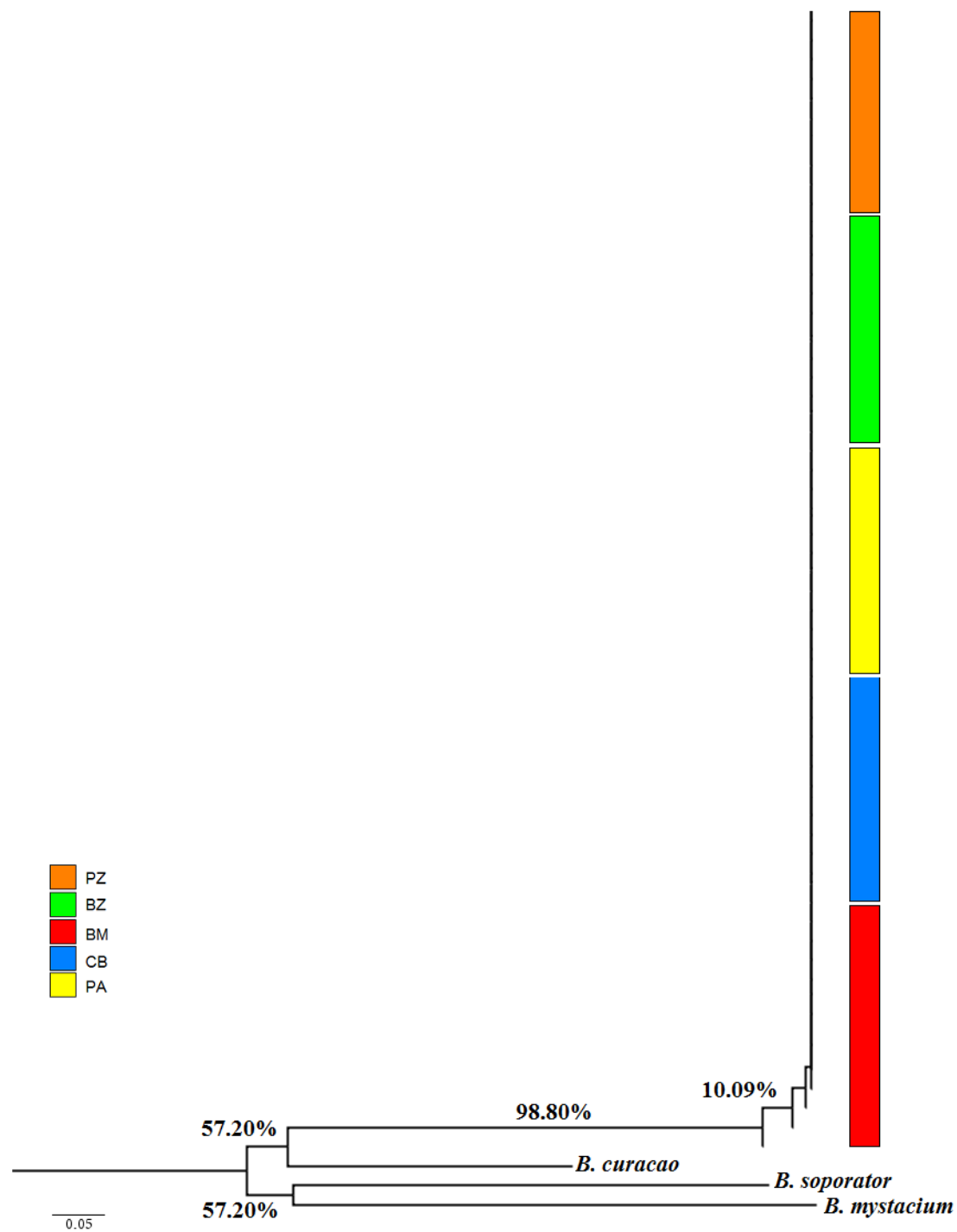


Figure 5. The maximum likelihood tree topology by neighbor-joining (NJ) analysis.

IV. DISCUSSION

The results of this study confirms the occurrence of twin-spotted frillfin in the Western South Atlantic tidepools. This genetic finding is especially interesting because cconfirm and expands the knowledge about the geographic distribution of *B. geminatus* provided so far. This specie is currently only known from the Florida (USA) and the surrounding region, as well as a single locality on the northern coast of Puerto Rico (TORNABENE *et al.*, 2010). In Western South Atlantic, *B. geminatus* exhibits a diversity of habitat preferences, are abundant and frequent in tidepools shallow on the beaches and on reef crests, exposed or sheltered, inhabiting bottom sandy, gravel or algal, along with *B. soporator*. In addition, this data expands the knowledge about population structure of marine fish.

Overall, the haplotypes diversity and polymorphic alleles number were high (>0.8 ; 61, respectively) (Table 1). This confirms the efficiency of the method used for access to genetic variability (AVISE, 1986) and reinforces the knowledge of which marine fish species are characterized by a high genetic variability (SMITH & FUJIO, 1982). F_{ST} between populations was low, which is a common result for marine fishes (WARD *et al.*, 1994). Neutrality tests performed for all datasets, Tajima D and Fu's F_s were negative and nonsignificant for all populations (Table 1). This results point out to a recent population expansion.

The results from AMOVA showed that most of the genetic differences are present among individuals from the same locality. This lack of genetic structure among populations is supported by results found in the network analyses and maximum likelihood analysis (Figures 3 and 4). The shape found on COI network shows a numerical dominating central haplotype surrounded by two haplotypes shared by all

populations and several haplotypes unique and recent (singletons) (high haplotypes diversity), which show little differences (low nucleotide diversity). This model suggests that a majority of haplotypes are originated recently and is indicative of a population expansion (FERRERI *et al.*, 2011).

The marine environment tends to be physically less structured than continental systems and to exhibit fewer constraints on gene flow (PAMPOULIE *et al.*, 2004). Nevertheless, local and global oceanic current patterns, bottom topography and the influence of estuaries, among other factors, can influence the dispersal of pelagic larvae and adults, and promote genetic differentiation within populations (SINCLAIR, 1988). In addition, species that inhabit marine, as well as coastal and estuarine regions, are thought to develop a mechanism of "divergence-with-gene-flow" through local adaptation (BEHEREGARAY & SUNNUCKS, 2001). *B. geminatus* are resident in tidepools, exhibits limited movement and are characterized as a sedentary benthic species. The populations studied are influenced by Mamanguape River, Paraíba River and Pirapama River, and peripheral populations are distant 245.49 km. Such a features could to cast doubt on their ability to maintain effective interpopulational genetic flow. But, differently from expected, results were similar among all populations along the geographical range and did not showed to have structure and variation of genetic diversity, even in peripheral populations, forming a single continuous population and panmictic.

These results oppose those found by LIMA *et al.* (2005), that verified populations genetically differentiated between the coastal Brazilian populations of *B. soporator*, congeneric specie and with similar biological characteristics, and VILLEGAS-SANCHEZ *et al.* (2010), that detected genetic structure of subpopulations of *Stegastes partitus* at a small scale (± 200 km) among four reefs in the Mexican

Caribbean. Larval dispersal ability combined with local oceanographic conditions lead to conducive to spawning, fertilization, larvae development, and recruitment can be determinant for lack of genetic structure of populations of *B. geminatus* studied. Other population genetic studies in fishes of Atlantic have failed to find a full correlation between patterns of currents and differences between populations. Thus, we cannot dismiss that historical events also could have an important role in this process (SHULMAN & BERMINGHAM, 1995; GROSBURG & CUNNINGHAM, 2001).

B. geminatus is morphologically similar to the congeneric species *B. saporator* (TORNABENE *et al.*, 2010), considered abundant at tidepool (MACIEIRA & JOYEUX, 2011) and exploited for the ornamental fish trade (SAMPAIO & NOTTINGHAM, 2008). Possibly, specimens of *B. saporator* traded are indeed a complex of *B. saporator* and *B. geminatus*. It has been known that the uncontrolled exploitation of resources may lead to a specie to their eventual extinction, even locally, or to suffer serious effects caused by the decrease of genetic variability. Loss of genetic diversity in small populations is expected to increase extinction risk by adversely affecting the ability of populations to evolve to cope with environmental change (FRANKHAM, 2005). Thus, the genetic findings of the present study are especially interesting in light of the importance of knowing the diversity and genetic variation as a basis to assure the long term viability of populations (AVISE, 2008; LAIKRE, 2010).

In the present work, the values of genetic diversity do not indicate that the genetic variability is being lost. However, due to the lack of previous data, we cannot assure there some there was some loss of diversity compared to previous periods. Therefore, the data available can be used for future comparisons to estimate the degree of polymorphism present in the populations. Additionally, further studies should be

carried out with different biological models and on broader temporal scales in order to explore the effect of potential variations in current patterns.

V. REFERENCES

- AKIHITO, A.; IWATA T.; KOBAYASHI, K.; IKEO, T.; IMANISHI, H. ONO, Y.; UMEHARA, C.; HAMAMATSU, K.; SUGIYAMA, Y.; IKEDA, K.; SAKAMOTO, A.; FUMIHITO, S.; OHNO & GOJOBORI, G. (2000) Evolutionary aspects of gobioid fishes based upon a phylogenetic analysis of mitochondrial cytochrome b genes. *Gene*, 259: 5–15.
- AVISE, J. C. (1986) Mitochondrial DNA and the evolution of higher animals. *Phil. Trans R. Soc.* **312**, 325–342.
- AVISE, J. C. (2008) The history, purview, and future of conservation genetics. In: Carroll SP, Fox C (eds) *Conservation biology: evolution in action*. Oxford University Press, New York, 5–15
- BANDELT, H. J.; FORSTER, P.; RÖHL, A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology Evolution*, (16): 37–48.
- BEHEREGARAY, L. B.; SUNNUCKS, P. (2001) Fine-scale structure, estuarine colonization and incipient speciation in the marine silverside fish *Odontesthes argentinensis*. *Mol Ecol*, 10: 2849– 2866.
- EXCOFFIER, L. & LISCHER, H. E. L. (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564–567.
- FRANKHAM, R. 2005. Genetics and extinction. *Biol Conserv* 126:131–140.
- FERRERI, M.; JIAN GAO; ZHI WANG; LIBEN CHEN, JINGLIANG SU & BO HAN. (2011) Chinese Holstein Cattle Shows a Genetic Contribution from Native Asian Cattle Breeds: A Study of Shared Haplotypes and Demographic History. *Asian–Aust. J. Anim. Sci.*, 24 (8): 1048 – 1052.
- FROESE, R. & PAULY, D. (2013) FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version (12/2013).

- FU, Y. X. (1997) Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection. *Genetics*, 147 (2): 915–925.
- GROSBURG, R. K. & CUNNINGHAM, C. W. (2001) Genetic structure in the sea: from populations to communities. Pages 61–84 in *Marine Community Ecology* (M. D. Bertness, S. Gaines, and M. E. Hay, eds.), Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- HUELSENBECK, J. P. & RONQUIST, F. (2001) MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, 17:754–755.
- KEANE, T. M.; CREEVEY, C. J.; PENTONY, M. M.; NAUGHTON, T. J. & MCINERNEY, J. O. (2006). Assessment of methods of amino acid matrix selection and their use on empirical data shows that ad hoc assumptions for choice of matrix are not justified. *BMC Evol Biol*, 6: 29.
- KNOWLTON, N. (2000) Molecular genetics analyses of species boundaries in the sea. *Hydrobiologia*, 420: 73–90.
- LAIKRE, L. (2010). Genetic diversity is overlooked in international conservation policy implementation. *Conserv Genet*, 11:349–354.
- LIBRADO, P. & ROZAS, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 (11): 1451–1452.
- LIMA, D.; FREITAS, J. E. P.; SOLÉ-CAVA, A. M. (2005). Genetic detection of cryptic species in the frillfin goby *Bathygobius soporator*. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 320, 211–223.
- MACIEIRA R. M. & JOYEUX, J. C. (2011) Distribution patterns of tidepool fishes on a tropical flat reef. *Fishery Bulletin*, 109 (3): 305–315.
- PAMPOULIE, C.; GYSELS, E. S.; MAES, G. E.; HELLEMANS, B; LEENTJES, V.; JONES, A. G. & VOLCKAERT, F. A. M. (2004) Evidence for fine-scale genetic structure and estuarine colonization in a potential high gene flow marine goby (*Pomatoschistus minutus*). *Heredity*, 92, 434–445.

- PEAKALL, R. & SMOUSE, P.E. (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28, 2537–2539.
- RAMBAUT, A. & DRUMMOND, A. J. (2007) Tracer v1.4, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.
- RAMBAUT, A. (2009) FigTree v1.3.1 2006–2009.
- SAMPAIO, C. L. S. & NOTTINGHAM, M. C. (2008) Guia para Identificação de Peixes Ornamentais. Edições IBAMA, Brasília, v.1: Espécies Marinhas.
- Santarelli, A. 1983. Super Sub. Editora Cobra Sub, Rio de Janeiro.
- SHULMAN, M. J. & BERMINGHAM, E. (1995) Early life histories, ocean currents, and the population genetics of Caribbean reef fishes. *Evolution* 49:897–910.
- SINCLAIR, M. (1988) Marine Populations: An Essay on Population Regulation and Speciation. University of Washington Press: Seattle, 252pp.
- SMITH, P. J. & FUJIO, Y. (1982) Genetic variation in marine teleosts: high variability in habitat specialists and low variability in habitat generalists. *Mar. Biol.* 69: 7–20.
- TAJIMA, F. (1983). Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*, 105: 437–460.
- TAMURA, K. & NEI, M. (1993) Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10: 512–526.
- TAMURA, K.; DUDLEY, J.; NEI, M. & KUMAR, S. (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24:1596–1599.
- THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G. & GIBSON, T. J. (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucl. Acids Res.*, (22): 4673–4680.

- TORNABENE, L.; BALDWIN, C.; WEIGT, L. A. & PEZOLD, F. (2010) Exploring the diversity of western Atlantic *Bathygobius* (Teleostei: Gobiidae) with cytochrome *c* oxidase–I, with descriptions of two new species. *Aqua*. (16): 4 – 15.
- TORNABENE, L. & PEZOLD, F. (2011) Phylogenetic analysis of Western Atlantic *Bathygobius* (Teleostei: Gobiidae). *Zootaxa* 3042: 27–36.
- VILLEGAS–SANCHEZ, C. A.; RIVERA–MADRID, R.; ARIAS–GONZALEZ. J. E. 2010. Small scale genetic connectivity of bicolor damselfish (*Stegastes partitus*) recruits in Mexican Caribbean reefs. *Coral Reefs*, 29:1023–1033.
- WARD, R. D.; WOODWARK, M. & SKIBINSKI, D. O. F. (1994) A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater and anadromous fish. *J Fish Biol*, 44: 213–232.

CONCLUSÕES FINAIS

H0 1: *Os fatores bióticos e abióticos não apresentam variação significativa relacionada a sazonalidade (estação seca x chuvosa).*

Todas as variáveis bióticas e abióticas analisadas apresentaram flutuações sazonais. No entanto, diferenças estatísticas significativas entre as estações seca e chuvosa foram detectadas para as variáveis temperatura, salinidade e oxigênio dissolvido em todas as localidades amostradas, assim como na análise conjunta dos dados. Os valores da temperatura e salinidade nas poças de maré foram significativamente maiores na estação seca, ao passo que os valores do oxigênio dissolvido foram maiores na estação chuvosa. Portanto, a hipótese nula não foi completamente invalidada.

H0 2: *A composição e estrutura das ictiofaunas, em riqueza e abundância, não variam de maneira significativa em relação à sazonalidade.*

Na análise conjunta dos dados, abundância total das espécies observadas foi significativamente maior na estação seca, entretanto, diferenças estatísticas não foram observadas para a riqueza de espécies. Analisando cada localidade individualmente, a abundância das espécies de peixes nas poças de maré foi maior na estação seca, mas diferenças significativas entre as estações seca e chuvosa foram observadas apenas em Pirambúzios, Cabo Branco e Paiva. Quanto a riqueza de espécies, diferenças estatísticas foram observadas apenas nas poças de maré em Pirambúzios e no Paiva. Portanto, a hipótese nula não pode ser completamente invalidada.

H0 3: *As similaridades observadas na composição e estrutura da comunidade íctica de recifes rasos e intermediários dos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco não se refletem nos ambientes de poças de maré.*

As similaridades observadas na composição e estrutura da comunidade íctica de recifes rasos e intermediários dos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco se refletem nos ambientes de poças de maré. Testes estatísticos multivariados realizados não sugeriram diferenças significativas entre cada localidade e entre os agrupamentos PB, RN e PE. Além disso, foram reveladas similaridades superiores a 53% entre as localidades, e superiores a 60% entre os agrupamentos PB, RN e PE, nas comparações par a par. Em todos os casos as espécies contribuíram de maneira equitativa para as porcentagens de similaridade observadas, não havendo espécies com contribuição individual maior que 6%. Portanto, a hipótese nula pode ser completamente invalidada.

H0 4: *Os fatores bióticos e abióticos não são determinantes para a estruturação das comunidades ícticas.*

As variáveis temperatura, salinidade, profundidade e as categorias bênticas Macroalga Verde, Macroalga Vermelha, Zoantídeo, Macroalga Parda e Granulados Litoclásticos apresentaram correlações com a comunidade íctica na análise conjunta dos dados e também quando analisada cada localidade, com valores significantes gerados pelo teste de Monte Carlo. Deste modo, a hipótese nula pode ser completamente invalidada.

H0 5: Não há fluxo gênico das espécies *Stegastes variabilis*, *Bathygobius soporator*, *Labrisomus nuchipinnis* e *B. geminatus* entre as poças de maré amostradas.

Para *Stegastes variabilis*, o conjunto de resultados gerados (Nm , F_{ST} , R_{ST} , análise Bayesiana) sugerem que as populações estudadas formam uma única população contínua com altos níveis de fluxo gênico. A AMOVA mostrou que as maiores variações foram observadas dentro das populações, com porcentagens de diferenciação desprezíveis entre as localidades.

Para *B. soporator*, *B. geminatus* e *L. nuchipinnis*, os resultados da análise de variância molecular mostraram que a maior parte da variação genética ocorre entre os indivíduos da mesma população. Os valores do índice de fixação foram baixos e revelam um fluxo gênico intenso entre as populações, mesmo em populações periféricas, e sugerem, para cada espécie, a ocorrência de única grande população contínua e que interagem geneticamente. A falta de estrutura genética entre populações é ainda suportada pelos resultados gerados nas análises de agrupamento pelos métodos Bayesiano e Neighbor-Joining. Portanto, a hipótese nula pode ser completamente invalidada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGÊNCIA EXECUTIVA DE GESTÃO DAS ÁGUAS DA PARAÍBA - AESA. *Relatórios meteorológicos dos anos 2006, 2007 e 2008*. Disponível no site: <http://www.aesa.bp.gov.br>.
- AFFONSO, P. R. A. M. (2004) *Marcadores moleculares na análise de espécies e composição populacional de peixes marinhos recifes de corais da Família Pomacanthidae (Perciformes)*. Tese de Doutorado. Universidade Federal de São Carlos.
- ALMADA, V. C. & FARIA, C. (2004) Temporal variation of rocky intertidal resident fish assemblages – patterns and possible mechanisms with a note on sampling protocols. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 14: 239–250.
- ALMEIDA, V. G. (1973) New records of tidepool fishes from Brazil. *Papéis Avulsos de Zoologia*, 26 (14): 187-191.
- ALMEIDA, V. G. (1983) Levantamento da ictiofauna de poças de maré de Salvador e adjacências. Parte I - Osteichthyes - Anguilliformes. *Natura*, 83 (5): 94-109.
- AMARA, R.; LAGARDÈRE, F.; DÉSAUNAY, Y. & MARCHAND, J. (2000) Metamorphosis and estuarine colonization in the common sole, *Solea solea* (L.): implications for recruitment regulation. *Oceanológica Acta*, 23: 469-484.
- AMARAL, A. C. Z. & JABLONSKI, S. (2005) Conservação da biodiversidade marinha e costeira no Brasil. *Megadiversidade*, 1 (1): 43-51.
- ARAÚJO, M. E.; CUNHA, F. E. A.; CARVALHO, R. A. A.; FREITAS, J. E. P.; NOTTINGHAM, M. C. & BARROS, B. M. N. (2000) Ictiofauna marinha do estado do Ceará, Brasil: II Elasmobranchii e Actinopterygii de arrecifes de arenito da região entremarés. *Arquivos de Ciências do Mar*, 33 (1-2): 133-138.
- ARAÚJO, M. E.; PAIVA, A. C. G. & MATTOS, R. M. G. (2004) Predação de ovos de *Abudefduf saxatilis* (pomacentridae) por *Elacatinus figaro* (gobiidae) em poças de maré, Serrambi, Pernambuco. *Tropical Oceanography*, 32 (2): 135-142.
- ARONDSOHN, L. R. (1951) Orientation and jumping behavior in the gobiid fish

Bathygobius soporator. *The Bulletin of the American Museum of Natural History*, 1486:1–22.

ARRUDA, L. M. (1979) Specific composition and relative abundance of intertidal fish at two places on the Portuguese coast (Sesimbra and Magoito, 1977-78). *Arquivos do Museu Bocage*, 6: 325-342.

ARRUDA, L. M. (1990) Population structures of fish in the intertidal ranges of Portuguese coasts. *Vie et Milieu*, 40 (4): 319-323.

BARREIROS, J. P.; BERTONCINI, A.; MACHADO, L.; HOSTIM-SILVA, M. & SANTOS, R. S. (2004) Diversity and Seasonal Changes in the Ichthyofauna of Rocky Tidal Pools from Praia Vermelha and São Roque, Santa Catarina. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 47 (2): 291-299.

BECKLEY, L. E. (1985) Tide-pool fishes: recolonization after experimental elimination. *Journal Experimental Marine Biology and Ecology*, 85: 287–295.

BECKLEY L. E. (2000) Species composition and recruitment of tidal pool fishes in KwaZulu-Natal, South Africa. *African Zoology*, 35: 29-34.

BENGTSSON, J. (1989) Interspecific competition increases local extinction rate in a metapopulation system. *Nature* 340, 713–715.

BENNETT, B. A. & GRIFFITHS, C. L. (1984) Factors affecting the distribution, abundance and diversity of rock-pool fishes on the Cape Peninsula, South Africa. *Society African Journal Zoology*, 19: 97-104.

BEUKEMA, J. J. (1992) Dynamics of juvenile shrimp Crangon crangon in a tidal-flat nursery of the Wadden Sea after mild and cold winters. *Marine Ecology Progress Series*, 83: 157–165.

BROOKER KLUGH, A. (1924) Factors Controlling the Biota of Tide-Pools. *Ecology*, 5 (2): 192-196.

CALEY, M. J.; CARR, M. H.; HIXON, M. A.; HUGHES, T. P.; JONES, G. P.; MENGE, B. A. (1996) Recruitment and the local dynamics of open marine populations. *The Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 27:477–

- CAMPOS, C. E. C. (2000) *Aspectos populacionais e reprodutivos do Saramunete Pseudupeneus maculatus Bloch, 1793 (OSTEICHTHYES: MULLIDAE), em Ponta da Pedra, Pernambuco*. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Dissertação de Mestrado. 99 pp.
- CASTELLANOS-GALINDO, G. A.; GIRALDO, A. & RUBIO, E. A. (2005) Community structure of an assemblage of tidepool fishes on a tropical eastern Pacific rocky shore, Colombia. *Journal of Fish Biology*, 67: 392-17.
- CHARGULAF, C. A.; TOWNSEND, K. A. & TIBBETTS, I. R. (2011) Community structure of soft sediment pool fishes in Moreton Bay, Australia. *Journal of Fish Biology*, 78: 479–494.
- COLEMAN R. M. (1999) *Parental Care in Intertidal Fishes*. In: Horn, M. H.; Martin, K. L. M. & Chotkowski, M. A. (eds.). *Intertidal Fishes - Life in Two Worlds*. San Diego, USA: Academic Press. pp. 165-180.
- COWEN, R. K.; PARIS, C. B. & SRINIVASAN, A. (2006) Scaling of connectivity in marine populations. *Science*, 311: 522–527.
- COWEN, R. K. & SPONAUGLE, S. (2009) Larval Dispersal and Marine Population Connectivity. *Annual Review of Marine Science*, 1: 443-466.
- CRABTREE, R. E. & DEAN, J. M. (1982) The structure of two South Carolina estuarine tidal pool fish assemblages. *Estuaries*, 5 (1): 2-9.
- CUNHA, E. M. S. (2004) *Evolução atual do litoral de Natal-RN (Brasil) e suas aplicações à gestão integrada*. Universidade de Barcelona, Espanha. Tese de Doutorado. 393 pp.
- CUNHA, F. E. A.; CARVALHO, R. A. A.; MONTEIRO-NETO, C.; MORAES, L. E. S. & ARAÚJO, M. E. (2008) Comparative analysis of tidepool fish species composition on tropical coastal rocky reefs at State of Ceará, Brazil. *Iheringia: Séries de Zoologia*, 98: 379–390.
- CUNHA, F. E. A.; MONTEIRO-NETO, C. & NOTTINGHAM, M. C. (2007) Temporal and spatial variations in tidepool fish assemblages of the northeast coast of Brazil.

Biota Neotropica, 7 (1): 111-118.

CUNHA, F. E. A. & ROSA, I. L. (2006) Anaesthetic effects of clove oil on seven species of tropical reef teleosts. *Journal of Fish Biology*, 69: 1504-1512.

DAVIS, J. L. D. (2000) Spatial and seasonal patterns of habitat partitioning in a guild of southern California tidepool fishes. *Marine Ecology Progress Series*, 196: 253–268.

DEMARTINI, E. (1999) *Intertidal Spawning*. In: Horn, M. H.; Martin, K. L. M. & Chotkowski, M. A. (eds.). *Intertidal Fishes - Life in Two Worlds*. San Diego, USA: Academic Press. pp. 143-164.

DIAS JR, E. A. & MOLINA, W. F. (2008) Análise de similaridade genética entre espécies insulares endêmicas e costeiras do gênero *Stegastes* (Perciformes) através de marcadores moleculares RAPD. *Publica IV*, 37 – 46.

DIAS JR., E. A.; SOUZA, A. S. & MOLINA, W. F. (2007) Lack of interpopulation genetic structure in the genus *Stegastes* (Perciformes) with indication of local introgression. *Genetics and Molecular Research*, 6 (4): 1097-1106.

DOHERTY, P. J. (1991) *Spatial and temporal patterns in recruitment*. In: Sale, P. F. (ed). *The ecology of fishes on coral reefs*. Academic Press, San Diego, pp. 261-293.

DÔTU, Y. (1955) Life history of a goby, *Gobius poecilichthys*. *Science Bulletin of the Faculty of Agriculture Kyushu University*, 15: 77–86.

DÔTU, Y. (1957) The life history of the goby, *Luciogobius guttatus*. *Science Bulletin of the Faculty of Agriculture Kyushu University*, 16: 93–100.

DOTY, M. S. (1957) Rocky intertidal surfaces. *Geological Society of America*, 67: 535-585.

FERREIRA, B. P; MAIDA, M. & CAVA, F. (2000) *Características e perspectivas para o manejo da pesca na APA Marinha Costa dos Corais*. In: Congresso Brasileiro de Unidades de Conservação. Campo Grande, Brasil: Rede Nacional Pró Unidade de Conservação, pp 50-58.

- FERREIRA JR., A. V.; ARAÚJO, T. C. M.; VIEIRA, M. M.; NEUMANN, V. H. & GREGÓRIO, M. N. (2011) Petrologia dos arenitos de praia (*Beachrocks*) na costa central de Pernambuco. *Geociências*, 30 (4), 545-559.
- FLOETER, S. R.; GUIMARÃES, R. Z. P.; ROCHA, L. A.; FERREIRA, C. E. L.; RANGEL, C. E. & GASPARINI, J. L. (2001) Geographic variation in reef-fish assemblages along the Brazilian coast. *Global Ecology & Biogeography*, 10: 423-431.
- FOGARTY, M. J.; SISSENWINE, M. P.; COHEN, E. B. (1991) Recruitment variability and the dynamics of exploited marine populations. *Trends in Ecology & Evolution*, 6: 241–246.
- FONTELES, M. L.(1999) *Sedimentos superficiais da plataforma continental interna do estado da Paraíba*. Universidade Federal de Pernambuco. Dissertação de Mestrado. 118 pp.
- FORRESTER, G. E. (1990) Factors influencing the juvenile demography of a coral-reef fish. *Ecology*, 71: 1666-1681.
- FREITAS, J. E. P.; ARAÚJO, M. E. & SOLÉ-CAVA, A. M. (2003) Estruturação genética das populações de duas espécies de peixes recifais do Atol das Rocas e da costa do Ceará. *Tropical Oceanography*, 31 (2): 193–201.
- FURRIER, M; ARAÚJO, M. E.; MENESES, L. F. (2006) Geomorfologia e tectônica da Formação Barreiras no Estado da Paraíba. *Geologia USP (Série Científica)*, São Paulo, 6 (2): 61-70.
- GAINES, S. & ROUGHGARDEN, J. (1985) Larval settlement rate: A leading determinant of structure in an ecological community of the marine intertidal zone. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 82: 3707-3711.
- GARCIA JR., J. (2006) *Inventário das espécies de peixes da costa do Estado do Rio Grande do Norte e aspectos zoogeográficos da ictiofauna recifal do Oceano Atlântico*. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Dissertação de Mestrado. 125 pp.
- GIBSON, R. N. (1967) The use of the anaesthetic quinaldine in fish ecology. *Journal of*

Animal Ecology, 36: 295-301.

GIBSON, R. N. (1968) The agonistic behaviour of juvenile *Blennius pholis* L. (Teleostei). *Behaviour*, 30:192–217.

GIBSON, R. N. (1972) The vertical distribution and feeding relationships of intertidal fish on the Atlantic coast of France. *Journal of Animal Ecology*, 41: 189-207.

GIBSON, R. N. (1973) The intertidal movements and distribution of young fish on a sandy beach with special reference to the plaice *Pleuronectes platessa* L. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 12: 79–102.

GIBSON, R. N. (1982) Recent studies on the biology of intertidal fishes. *Oceanography and Marine Biology - An Annual Review*, 20: 363–414.

GIBSON, R. N. (1986) *Intertidal teleosts: life in a fluctuating environment*. In: PITCHER, T. J. (ed). *The behaviour of teleost fishes*. Croom Helm, London, pp 388– 408.

GIBSON, R. N. (1994) Impact of habitat quality and quantity on the recruitment of juvenile flatfishes. *Netherlands Journal of Sea Research*, 32: 191–206.

GIBSON, R. N. & YOSHIYAMA, R. M. (1999) *Intertidal fish communities*. In: Horn, M. H., Martin, K. L. M. e Chotkowski, M. A. (eds.) *Intertidal fishes: life in two worlds*. San Diego, USA: Academic Press. pp. 264-296.

GODINHO, W. O. (2007) *Influência de fatores bióticos e abióticos na ictiofauna de poças de maré nas praias de Iparana, Pacheco e Flecheiras, Ceará*. Universidade Federal do Ceará. Monografia de Graduação. 41 pp.

GODINHO, W. O. & LOTUFFO, T. M. C. (2010) Local v. microhabitat influences on the fish fauna of tidal pools in north-east Brazil. *Journal of Fish Biology*, 76, 487–501.

GRIFFITHS, S. P. (2003) Rockpool ichthyofaunas of temperate Australia: species composition, residency and biogeographic patterns. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 58: 173-14.

GROSSMAN, G. D. (1982) Dynamics and organization of a rocky intertidal fish

- assemblage: the persistence and resilience of taxocene structure. *American Naturalist*, 119: 611-637.
- HEPBURN, R. I.; SALE, P. F.; DIXON, B. & HEATH, D. D. (2009) Genetic structure of juvenile cohorts of bicolor damselfish (*Stegastes partitus*) along the Mesoamerican barrier reef: chaos through time. *Coral Reefs*, 28:277–288.
- HORN, M. H.; MARTIN, K. L. & CHOKOWSKI, M. A. (1999) *Intertidal fishes: life in two worlds*. Academic Press, San Diego, California, USA. 399 pp.
- HUGGETT, J. & GRIFFITHS, C. L. (1986) Some relationships between elevation, physico-chemical variables and biota of intertidal rock pools. *Marine Ecology Progress Series*, 29: 189-197.
- IBÁÑEZ, M.; MIGUEL, I.; SAN MILLÁN, D. & RIPA, I. (1989) Intertidal ichthyofauna of the Spanish Atlantic coast. *Science Marine*, 53: 451-455.
- IDEMA. (2003). *Relatório final dos estudos para implementação do ZEE dos estuários do Rio Grande do Norte e seus entornos*. Instituto de Desenvolvimento Econômico e Meio Ambiente do Rio Grande do Norte. Subcoordenadoria de Gerenciamento Costeiro. 190 pp.
- INSTITUTO DE DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL E MEIO AMBIENTE - IDEMA (2011). Disponível no site <http://www.idema.rn.gov.br/>.
- JANKE, K. (1990) Biological interactions and their role in community structure in the rocky intertidal of Helgoland (German Bight, North Sea). *Helgolander Meeresunters*, 44: 219-263.
- JONES, D. & CLARE, J. (1977) Annual and long-term fluctuations in the abundance of fish species inhabiting an intertidal mussel bed in Morecombe Bay, Lancashire. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 60: 117-172.
- JONES, B.; ROSSEN, M. R.; RENAULT, R. W. (1997) Silica-cemented beachrock from lake Taupo, North Island, New Zeland. *Journal of Sedimentary Research*, 67: 805-814.
- JONES, G. P.; PLANES, S. & THORROLD, S. R. (2005) Coral reef fish larvae settle

close to home. *Current Biology* 15: 1314–1318.

- KNOPPERS, B.; EKAU, W.; FIGUEIREDO JUNIOR, A. G. & SOARES-GOMES, A. (2002) *Zona Costeira e Plataforma Continental do Brasil*. In: Crespo Pereira, R. & Soares-Gomes, A. *Biologia Marinha*. Rio de Janeiro: Interciência. 382 pp.
- LEIS, J. M. (1991) *The pelagic phase of coral reef fishes: larval biology of coral reef fishes*. In: SALE PF (ed) *The ecology of fishes on coral reefs*. Academic Press, San Diego, CA. p 183–230.
- LIMA, D.; FREITAS, J. E. P.; SOLÉ-CAVA, A. M. (2005) Genetic detection of cryptic species in the frillfin goby *Bathygobius soporator*. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 320: 211–223.
- LUMPKIN, R. & GARZOLI, S. L. (2005) Near-surface circulation in the Tropical Atlantic Ocean. *Deep-Sea Research I*, 52: 495-518.
- MABESSONE, J. M. & COUTINHO, P. N. (1970) Littoral and shallow marine geology of northern and northeastern Brazil. *Trabalhos Oceanográficos*, 12: 214.
- MACARTHUR, R. H. & WILSON, E. O. (1967) *The Theory of Island Biogeography*. Princeton, N.J.: Princeton University Press.
- MACIEIRA, R. M. & JOYEUX, J. C. (2009) Length–weight relationships for rockpool fishes in Brazil. *Journal of Applied Ichthyology*, 25, 358–359.
- MAHON, R. & MAHON, S. D. (1994) Structure and resilience of a tidepool fish assemblage at Barbados. *Environmental Biology of Fishes*, 41: 171-190.
- MANSO, V. A. V.; COUTINHO, P. N.; GUERRA, N. C. & JUNIOR, C. F. A. S. (2006) *Erosão e Progradação do Litoral Brasileiro: Pernambuco*. Laboratório de Geologia e Geofísica Marinha – LGGM. Recife: Editorial da Universidade.
- MANN, K. H. & LAZIER, J. R. N. (2006) *Dynamics of Marine ecosystems. Biological-Physical interactions in the oceans*. 3rd ed. Blackwell Scientific Publications. 520 pp.
- MARANHÃO, G. M. B.; FONSÊCA-GENEVOIS, V. & PASSAVANTE, J. Z. O. (2000) Meiofauna da área recifal da Baía de Tamandaré (Pernambuco, Brasil).

Trabalhos Oceanográficos. 28(1): 47- 59.

- MARLIAVE, J. B. (1977) Substratum preferences of settling larvae of marine fishes reared in the laboratory. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 27: 47-60.
- MARLIAVE, J. B. (1986) Lack of planktonic dispersal of rocky intertidal fish larvae. *Transactions of the American Fisheries Society*, 115: 149–154.
- MATHEWS, B. A. (1926) The fauna of the reef at Pernambuco, Brazil. *Boletim do Museu Nacional do Rio de Janeiro*, 2 (2): 1-9.
- MCFARLAND, W. N. (1959) A study of the effects of anaesthetics on the behavior and physiology of fishes. *Publications of the Institute of Marine Science*, 6: 23-35.
- MCFARLAND, W. N. (1960) The use of anaesthetics for the handling and transportation of fish. *California Fish and Game*, 46: 407-432.
- MENDES, L. F. (2000) *História natural, biologia alimentar, repartição espacial, densidades populacionais e ecomorfologia dos gobióides e blenóides (Perciformes) do arquipélago de Fernando de Noronha, PE*. Universidade de São Paulo. Tese de Doutorado. 191 pp.
- MISTRY, S. D.; LIZERBROM, E. K. & PARTON, E. R. (1989) Short term ichthyofaunal recruitment in northern California tidepools. *Copeia*, (4): 1081–1084.
- MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE - MMA. (2010) Gerência de Biodiversidade Aquática e Recursos Pesqueiros. Panorama da conservação dos ecossistemas costeiros e marinhos no Brasil. Brasília, MMA/SBF/GBA. 148 pp.
- MOLINA, W. F. (2000) *Análise da diversidade genética na família Pomacentridae (Pisces, Perciformes), utilizando métodos combinados de citogenética, marcadores moleculares e morfometria*. Universidade Federal de São Carlos. Tese de Doutorado.
- MORA, C.; FRANCISCO, V. & ZAPATA, F. A. (2001) Dispersal of juvenile and adult reef fishes associated with floating objects and their recruitment into Gorgona

Island Reefs, Colombia. *Bulletin of Marine Science*, 68: 557–561.

MOURA-LIMA, E. N.; SOUSA, M. O. L.; BEZERRA, F. H. R.; AQUINO, M. A.; VIEIRA, M. M.; LIMA-FILHO, F. P.; FONSECA, V. P. & AMARAL, R. F. (2010) Sedimentação e deformação tectônica cenozoicas na porção central da Bacia Potiguar. *Geologia USP: Série Científica*, 10 (1): 15-28.

MUENCH, B. (1958) Quinaldine, a new anaesthetic for fish. *Progress in Fish Culture*, 20: 42-44.

NEVES, S. M. (2003). *Erosão costeira no estado da Paraíba*. Universidade Federal da Bahia. Tese de Doutorado. 120 pp.

NORRIS, K. S. (1963) The functions of temperature in the ecology of the percoid fish *Girella nigricans* (Ayres). *Ecological Monographs*, 33: 23–61.

NYBAKKEN, J. W. & BERTNESS, M. D. (2004) *Marine Biology - An Ecological Approach*, 6th ed. Benjamin Cummings, San Francisco, 579 pp.

PYEFINCH, K. A. (1943) The intertidal ecology of Bardsey Island, North Wales, with special reference to the recolonization of rock surfaces, and the rock-pool environment. *Journal of Animal Ecology*, 12: 82-10.

QUAST, J. C. (1968) *Observations on the food and biology of the kelp bass, Paralabrax clathratus, with notes on its sportfishery at San Diego, California*. In W. J. North and C. L. Hubbs (eds.), *Utilization of kelp-bed resources in southern California*, p. 81-108. Department of Fish and Game, Fish Bulletin. 139 pp.

RANGUELEY, R. W. & KRAMER, D. L. (1995) Tidal effects on habitat selection and aggregation by juvenile pollock *Polachius virens* in the rocky intertidal zone. *Marine Ecology Progress Series*, 126 (1-3): 19-29.

ROBERTS, C. M. (1997) Connectivity and management of Caribbean coral reefs. *Science*, 278:1454–1457.

RODRIGUES, M. C. & MOLINA, W. F. (2007) Análise genética em *Abudefduf saxatilis* (Perciformes, Pomacentridae) no litoral Nordeste do Brasil e Arquipélago São Pedro e São Paulo. *Publica III*, 28 -36.

- ROSA, R. S.; ROSA, I. L. & ROCHA, L. A. (1997) Diversidade da ictiofauna de poças de maré da praia do Cabo Branco, João Pessoa, Paraíba, Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 14 (1): 201-212.
- SALDANHA, L. (2003) *Fauna submarina atlântica. Portugal Continental, Açores e Madeira*. 4ª Edição. Publicações Europa-América, Lda. Portugal. 364 pp.
- SCHMIEGELOW, J. M. M. 2004. *O Planeta Azul. Uma Introdução às Ciências Marinhas*. Ed. Interciência. Rio de Janeiro. 202 pp.
- SCHOLLE, P. (1978). A collar illustrated guide to carbonate rock constituents, textures, cements and porosities. American Association of Petroleum Geologist Memoir 27, Tulsa, Oklahoma, 241 pp.
- SOUZA, L. L. G. (2006) *Ecologia reprodutiva do peixe-donzela, Stegastes fuscus cuvier, 1830 (osteichthyes: pomacentridae) em arrecifes rochosos da praia de búzios, rio grande do norte, brasil*. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. Dissertação de Mestrado. 91 pp.
- STEELE, M. A. (1999) Effects of shelter and predators on reef fishes. *Journal Experimental Marine Biology and Ecology*, 233: 65–79.
- STEPHENSON, T. A.; ZOOND, A. & EYRE, J. (1934) The liberation and utilization of oxygen by the population of rock-pools. *Journal of Experimental Biology*, 11: 162- 172.
- THURMAN, H. V. & TRUJILLO, A. P. (1993) *Essentials of Oceanography*. Upper Saddle River, NJ:Prentice Hall. 464 pp.
- VALENTIM, L. P. F. (2008) *Estrutura da assembléia de peixes de poças de maré do Arquipélago de Fernando de Noronha – PE, Brasil, a partir de métodos não destrutivos*. Universidade Federal da Paraíba. Dissertação de Mestrado. 57 pp.
- VARAS, E. & OJEDA, F. P. (1990) Intertidal fish assemblage of the central Chilean coast: diversity, abundance and trophic patterns. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 25: 59-70.
- VIEIRA, M. M. (2005) *Aspectos sedimentológicos e petrológicos dos beachrocks do estado do Rio Grande do Norte*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio

Grande do Sul, Porto Alegre, 243p

WEAVER, P. L. (1970) Species diversity and ecology of tidepool fishes in three Pacific coastal areas of Costa Rica. *Revista de Biologia Tropical*, 17: 165-185.

WILLIS, T. J. & ROBERTS, C. D. (1996) Recolonisation and recruitment of fishes to intertidal rockpools at Wellington, New Zealand. *Environmental Biology of Fishes*, 47: 329–343.

YOSHIYAMA, R. M. (1981) Distribution and abundance patterns of rocky intertidal fishes in central California. *Environmental Biology of Fishes*, 6: 3 155-332.

ZAMPROGNO, C. (1989) *Distribuição e hábitos alimentares de peixes na Zona entremarés de recifes rochosos da praia de Manguinhos, Espírito Santo*. Universidade Estadual de Campinas. Dissertação de Mestrado. 171 pp.

ZANDER, C. D. J.; NIEDER, J. & MARTIN, K. L. M. (1999) *Vertical distribution patterns*. In: Horn, M. H.; Martin, K. L. M. & Chotkowski, M. A. (eds.). *Intertidal Fishes - Life in Two Worlds*. San Diego, CA, USA: Academic Press. pp.26-53.