

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

**MYRNA ELIS FERREIRA SANTOS**

**MONTAGEM DE COMUNIDADES DE PEIXES EM ESTUÁRIOS TROPICAIS:**

**UMA ABORDAGEM FILOGENÉTICA E FUNCIONAL**

**MACEIÓ - ALAGOAS**  
**Junho/2024**

**MYRNA ELIS FERREIRA SANTOS**

**MONTAGEM DE COMUNIDADES DE PEIXES EM ESTUÁRIOS TROPICAIS:  
UMA ABORDAGEM FILOGENÉTICA E FUNCIONAL**

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

**Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Nidia Noemi Fabré  
Coorientador: Dr. Victor Emmanuel Lopes da Silva**

**MACEIÓ - ALAGOAS  
Junho/2024**

**Catálogo na fonte**  
**Universidade Federal de Alagoas**  
**Biblioteca Central**  
**Divisão de Tratamento Técnico**

Bibliotecário Responsável: Jone Sidney A. de Oliveira - CRB - 1485

S237m Santos, Myrna Elis Ferreira.

Montagem de comunidades de peixes em estuários tropicais: uma abordagem filogenética e funcional / Myrna Elis Ferreira Santos – Maceió, 2024.  
69 f.: il.

Orientadora: Nidia Noemi Fabr .

Coorientador: Victor Emmanuel Lopes da Silva.

Disserta o (Mestrado em Ci ncias Biol gicas) – Universidade Federal de Alagoas, Instituto de Ci ncias Biol gicas e da Sa de. Macei , 2024.

Bibliografia: f. 52-58.

Anexo: f. 60-69

1. Nicho Tr fico. 2. Amplitude de Nicho. 3. Sinal Filogen tico. 4. Ictiofauna. I.  
T tulo.

CDU: 574

# Folha de aprovação

**Myrna Elis Ferreira Santos**

## **Montagem de comunidades de peixes em estuários tropicais: Uma abordagem filogenética e funcional**

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

Dissertação assinada digitalmente em 27/09/2024 às 16:22:21-0300. Documento assinado digitalmente em 27/09/2024 às 16:22:21-0300. Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



**NÍDIA NOEMI FABRE**  
Data: 27/09/2024 16:22:21-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr.<sup>(a)</sup> Presidente – Nídia Noemi Fabr /UFAL  
(orientadora)

Documento assinado digitalmente



**VICTOR EMMANUEL LOPES DA SILVA**  
Data: 28/08/2024 06:54:00-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr.<sup>(a)</sup> Victor Emmanuel Lopes da Silva  
(coorientador)

Documento assinado digitalmente



**GABRIEL LOURENCO BREJAO**  
Data: 02/07/2024 15:28:26-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. (a) – Gabriel Lourenço Brej o

Documento assinado digitalmente



**TACIANA KRAMER DE OLIVEIRA PINTO**  
Data: 29/06/2024 12:08:24-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr.<sup>(a)</sup> – Taciana Kramer de Oliveira Pinto

Documento assinado digitalmente



**GUILHERME RAMOS DEMETRIO FERREIRA**  
Data: 05/07/2024 15:19:11-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. (a) – Guilherme Ramos Dem trio Ferreira

MACEI  - AL

Junho/2024

## **AGRADECIMENTOS**

Muito obrigada a todos que me trouxeram apoio, suporte e gentileza ao longo da jornada que foi realizar esse mestrado. Eu poderia sintetizar todo meu agradecimento na frase acima; no entanto, vou estender isso um pouco mais. Afinal, não cheguei até aqui sozinha. Apesar de tantos percalços, apesar de tantas situações difíceis da vida, eu insisti em seguir e em acreditar em mim, me acolhendo, abraçando as minhas dificuldades e aprendendo nessa construção. Eu não teria a minha formação de nível superior, e agora uma pós graduação, se não fosse pela minha teimosia e por um montão de gente que me ajudou e me apoiou ao longo do caminho.

À Helena e Genildo. Quando penso em agradecer, imediatamente me vem o nome dos meus pais. Fonte inesgotável de confiança, incentivo e apoio em todos os meus caminhos e escolhas. Sei que paiinho estaria muito orgulhoso de ver mais esse passo, como sempre estive de cada um dos meus passos. Valorizo muito as minhas conquistas e sei bem o peso que elas têm, não somente na minha vida.

Ao Genisson, pelo companheirismo, apoio e incentivo.

Ao Victor, meu coorientador maravilhoso, por tantos momentos em que me trouxe tranquilidade e segurança em meio aos sustos da pós-graduação. A magnífica Jessika, que tanto me ajuda a entender o mundo das árvores filogenéticas. Aos queridos amigos Gilmar, Dani, Ciro, Diogo, Jordana, Ivan, Aninha, Janaine (e Ryan), Letícia, Mônica, César e Erik. Vocês foram fundamentais para que eu tenha seguido e esteja finalizando essa jornada.

À professora Nidia, pela orientação e confiança no meu trabalho. À UFAL, ao ICBS, ao LaEPP e ao PPG DIBICT. Em especial também à Julliene da secretaria da pós, por toda sua gentileza e paciência. A turma de mestrado com a qual ingressei em 2022: Frediano, Josivânia, Leandro, Rawelly, Felipe e Bruna. À cada um dos professores das disciplinas que cursei ao longo do mestrado. A CAPES, ao CNPq e ao PELD Costa dos Corais pelo apoio financeiro e financiamento da pesquisa. Muito obrigada!

## RESUMO

Semelhanças ecológicas entre espécies são geralmente atribuídas a uma história evolutiva comum, que podem ser identificadas através do sinal filogenético, indicando que espécies intimamente relacionadas exibem mais semelhanças em traços ecológicos do que espécies distantes evolutivamente. A inclusão de dados filogenéticos e funcionais nos estudos de comunidades ampliou a capacidade preditiva dos modelos de montagem, favorecendo pesquisas mais robustas. Embora promissor, o uso da filogenia ainda carece de exploração mais aprofundada, especialmente sob uma perspectiva trófica para espécies de peixes predadores. Este trabalho teve como objetivo compreender como espécies que compartilham os mesmos ambientes diferem em suas estratégias alimentares e como as diferenças ou semelhanças se relacionam com sua ancestralidade comum. A coleta de dados foi realizada na ecorregião marinha tropical do Atlântico Sudoeste, abrangendo estações seca e chuvosa. Os peixes foram identificados e os conteúdos estomacais analisados para determinar itens alimentares. Foram considerados atributos funcionais a amplitude de nicho trófico, nível trófico e especialização alimentar individual. 40 espécies de peixes foram estudadas, com composição de espécies consistente entre as estações seca e chuvosa. Os níveis tróficos variaram consideravelmente e observamos especialização alimentar para espécies de mais elevado nível trófico. Encontramos sinal filogenético para o comprimento máximo ( $\lambda = 0,75$ ) e especialização individual ( $\lambda = 0,68$ ), mas não para a amplitude de nicho trófico e nível trófico. Nossos achados revelam interações filogenéticas complexas entre os traços tróficos dos peixes tropicais, com comprimento máximo e especialização alimentar individual mostrando sinais filogenéticos, enquanto a amplitude e nível de nicho trófico não, indicando que fatores além das relações evolutivas influenciam significativamente esses traços.

**Palavras-chave:** Nicho trófico. Amplitude de nicho. Sinal Filogenético. Ictiofauna.

## **ABSTRACT**

Ecological similarities between species are often attributed to a shared evolutionary history, identifiable through phylogenetic signal, which suggests that closely related species exhibit greater ecological trait similarity than distantly related ones. The inclusion of phylogenetic and functional data in community studies has enhanced the predictive power of assembly models, fostering more robust research. However, despite its promise, the use of phylogenetics remains underexplored, particularly from a trophic perspective in predatory fish species. This study aimed to understand how species sharing the same environments differ in their feeding strategies and how these differences or similarities relate to their common ancestry. Data collection was conducted in the southwestern tropical Atlantic marine ecoregion, encompassing both dry and wet seasons. Fish were identified, and stomach contents were analyzed to determine dietary items. Functional attributes, including trophic niche breadth, trophic level, and individual dietary specialization, were assessed. A total of 40 fish species were studied, with consistent species composition observed across seasons. Trophic levels varied considerably, and dietary specialization was noted in species with higher trophic levels. Phylogenetic signal was detected for maximum body length ( $\lambda = 0.75$ ) and individual specialization ( $\lambda = 0.68$ ), but not for trophic niche breadth or trophic level. Our findings reveal complex phylogenetic interactions among the trophic traits of tropical fish, with maximum body length and individual dietary specialization showing phylogenetic signals, while trophic niche breadth and trophic level did not. This suggests that factors beyond evolutionary relationships significantly influence these traits.

**Keywords:** Trophic niche. Niche breadth. Phylogenetic signal. Ichthyofauna.

## LISTA DE FIGURAS

- Figure 1.** Map of the study area at APA Costa dos Corais, with the collection points highlighted (black dots). (A) Manguaba River estuary, (B) Santo Antônio River estuary, and (C) Paripueira fishing landing. .... 41
- Figure 2.** The seasonal variability of the dietary components of the species is represented, with the curves indicating similarity in breadth based on the consumption of different types of prey (prey diversity). The species are listed according to phylogenetic tree. .... 47
- Figure 3.** The phylogenetic signal (Pagel's lambda,  $\lambda$ ) for various traits: maximum length, trophic level, niche breadth, and individual diet specialization. The dashed vertical line represents the expectation under a random model. Blue shading indicates statistical significance for the trait. Bars represent the standard deviation. .... 48

## SUMÁRIO

1 APRESENTAÇÃO .....	17
2 REVISÃO DA LITERATURA .....	18
2.1 Montagem de comunidades .....	18
2.2 Nicho ecológico .....	19
2.4 Abordagem filogenética em ecologia de comunidades.....	21
2.3 Ecologia trófica e funcionalidade .....	24
2.5 Assembleias de peixes estuarino-costeiros tropicais .....	26
3. TROPHIC TRAITS AND PHYLOGENETIC RELATEDNESS IN TROPICAL CARNIVOROUS FISH ASSEMBLAGES .....	37
3.1 Introduction.....	39
3.2 Material and Methods .....	41
3.2.1 Study area .....	41
3.2.2 Sampling and laboratory procedures.....	42
3.2.3 Trophic Niche Breadth.....	43
3.2.4 Trophic Level.....	43
3.2.5 Individual Diet Specialization.....	44
3.2.6 Construction of phylogenetic tree .....	44
3.2.7 Phylogenetic signal test.....	45
3.3 Results.....	46
3.4 Discussion .....	49
3.4.1 Dietary behavior in tropical fish species.....	49
3.4.2 Trophic traits and their evolutionary relationships.....	50
3.5 References .....	52
4. CONCLUSÕES .....	59

## 1 APRESENTAÇÃO

Embora existam evidências de que a abordagem filogenética seja promissora para entender a montagem de comunidades, ainda há muitas questões a serem exploradas. Nesse trabalho buscamos o entendimento de como as espécies que convivem nos mesmos ambientes diferem na forma como se alimentam e como essas diferenças (ou semelhanças) estão relacionadas à sua ancestralidade comum. Para isso, estudamos uma comunidade de peixes carnívoros. Escolhemos esse grupo devido sua diversidade de hábitos alimentares e também por sua importância ecológica e econômica nos ecossistemas aquáticos.

Nas páginas seguintes, a dissertação está organizada em duas partes. Na primeira parte encontra-se uma revisão da literatura contendo base conceituais sobre os principais conceitos em ecologia de comunidades, teoria do nicho ecológico, abordagem filogenética em ecologia de comunidades e dinâmica de peixes em ecossistemas estuarino-costeiros. Na segunda parte, está o manuscrito de pesquisa intitulado “Trophic traits and phylogenetic relatedness in tropical carnivorous fish assemblages”.

Buscamos trazer luz acerca do quanto a relação filogenética explica a diferenciação na dimensão trófica do nicho das espécies de peixes que coexistem em ambientes costeiros. Os resultados da pesquisa trazem perspectivas novas acerca das dinâmicas alimentares de peixes tropicais e sua evolução. Nossos achados sugerem que outros fatores, além da evolução, têm um papel importante em influenciar essas características.

## 2 REVISÃO DA LITERATURA

### 2.1 Montagem de comunidades

Entender como as espécies se distribuem e utilizam o ambiente é uma das principais questões em ecologia (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2007). A ecologia de comunidades se concentra nas interações entre as espécies, influenciando sua diversidade, composição e estrutura (LETTEN, 2021). Dessa maneira, tanto as interações intra e interespecíficas quanto interação com o ambiente são levadas em conta. De modo geral, a montagem de comunidades é mediada pelo estabelecimento de espécies que ingressam a partir de um pool regional (VELLEND, 2016). Isso pode ocorrer por meio de processos estocásticos, como, por exemplo, perturbações ambientais imprevisíveis que afetam a distribuição e movimentação das espécies de peixes.

No entanto, a montagem também pode ser regida por processos determinísticos, os quais têm relação direta com características inerentes das espécies, como a morfologia, nicho ecológico e filogenia (CADOTTE et al., 2019). Processos determinísticos são fortemente influenciados por interações bióticas e abióticas no ambiente (XU et al., 2017). Tais processos desencadeiam mudanças na composição e dinâmica das comunidades. Por exemplo, a competição por recursos pode favorecer espécies com características adaptativas específicas, resultando na exclusão de espécies menos adaptadas (ABRAMS, 2022). A predação é um outro fator determinístico que pode moldar comunidades (ZHANG et al., 2021). Os predadores influenciam a abundância e a distribuição de suas presas, o que, por sua vez, afeta toda a estrutura nas comunidades (GHOSH et al., 2024).

A teoria da coexistência contemporânea ressalta que a coexistência das espécies é mediada tanto pelas diferenças de nicho quanto pelas diferenças de aptidão, influenciadas pelas condições ambientais específicas e pela composição única das comunidades (CHESSON; WARNER, 1981). Essas diferenças são importantes para entender os mecanismos de estruturação das comunidades, embora alguns padrões de diversidade possam ser explicados sem recorrer ao nicho ecológico. Isso sugere que espécies em uma comunidade

podem desempenhar papéis tróficos equivalentes. Essa teoria é discutida profundamente por Webb et al. (2002) e pode ser elucidada investigando a dinâmica de competição e partição de recursos entre espécies (CHU et al., 2017).

Para além dessas questões, a teoria de ecologia de comunidades é frequentemente descrita como uma área confusa da ciência, e passou por recentes tentativas de organização e simplificação (JOHNSON; STINCHCOMBE, 2007; VELLEND, 2010). Um avanço promissor foi apresentado por Vellend (2010), que categorizou os processos ecológicos em quatro processos: seleção, deriva, especiação e dispersão. A seleção em comunidades consiste em diferenças de fitness entre indivíduos ou espécies, as quais podem permitir a permanência em determinada comunidade. Já a deriva consiste na perda, devido a processos estocásticos, de parte da comunidade. A especiação consiste no processo pelo qual surgem novas espécies, originando um pool de espécies que pode ou não ser selecionado para compor diferentes comunidades. Por fim, a dispersão abrange os movimentos de indivíduos entre comunidades.

## **2.2 Nicho ecológico**

O conceito de nicho ecológico tem sido definido e abordado de várias maneiras ao longo do tempo. A primeira definição formal foi dada por Grinnell (1917), que associou o nicho às necessidades dos indivíduos para a sobrevivência da espécie, incluindo habitat, alimentação, limitações morfológicas e interações com outros organismos. Contudo, Grinnell não deu grande ênfase às interações entre organismos, mencionando-as apenas de forma secundária. Ele focou nos fatores limitantes ambientais, como micro-habitats as e adaptações fisiológicas e comportamentais, destacando como esses elementos moldam a resposta das espécies ao ambiente. Uma década depois, Elton (1927) propôs que o nicho se refere ao papel funcional de uma espécie no ecossistema e seu impacto no ambiente, destacando a distinção entre os efeitos das espécies no ambiente e os efeitos do ambiente sobre as espécies. Mais alguns anos depois, Hutchinson (1957) trouxe uma definição que segue muito influente até os dias de hoje, descrevendo o nicho como um hipervolume n-dimensional de condições importantes para o desenvolvimento e sucesso reprodutivo de uma

espécie. Posteriormente, MacArthur e Levins (1967) enfatizaram a importância da competição intraespecífica na estruturação das comunidades a partir da regulação da densidade populacional e a distribuição dos recursos, promovendo especialização e variação intraespecífica. Aprofundaram ainda mais o conceito quando demonstraram que a partição de nicho permite a coexistência de espécies. Com modelos matemáticos, demonstram como esses processos influenciam a dinâmica e estabilidade das comunidades ecológicas, evidenciando que comunidades mais diversas são mais resilientes (FRETWELL, 1975).

Uma abordagem mais moderna foi proposta por Chase e Leibold (2003), que definiram o nicho como a combinação das condições ambientais que permitem a uma espécie manter sua população, integrando os conceitos de Elton e Grinnell. Essa definição considera tanto os requisitos mínimos para a sobrevivência quanto os efeitos per capita de uma espécie nas condições ambientais, tentando unificar as perspectivas de requerimentos e impactos das espécies no ambiente. A partir desse conceito, se tornou possível explicar padrões de coocorrência e distribuição de abundâncias em comunidades ecológicas.

Nas últimas décadas, ecologistas tentaram utilizar a teoria do nicho como base unificadora para a ecologia de comunidades, partindo do princípio de que, ao compreender os nichos ocupados por diferentes espécies, seria possível prever como elas coexistem e interagem (THAKUR; WRIGHT, 2017). No entanto, essas tentativas tiveram pouco suporte devido à falta de dados empíricos robustos (ROUGHGARDEN, 2009). Ainda assim, o conceito de nicho ecológico segue sendo multifacetado e central para a ecologia de comunidades, pois descreve o papel das espécies no ambiente, incluindo suas interações com outras espécies e com o uso de recursos (MAGURRAN, 2013).

Além de sua relevância nos processos ecológicos, a teoria de nicho também é fundamental nos processos evolutivos (ACKERLY; SCHWILK; WEBB, 2006). A interação entre processos ecológicos e evolutivos gera e mantém padrões de diversidade, moldando a dinâmica de especiação e extinção, assim como a distribuição e abundância das espécies (VELLEND, 2016). Assim, a

proximidade filogenética das espécies é capaz de explicar a semelhança com base em atributos morfológicos, fisiológicos e comportamentais, um padrão conhecido como sinal filogenético (MÜNKEMÜLLER et al., 2012a). Isso sugere que espécies relacionadas compartilham exigências ecológicas e de nicho, sendo relevante em áreas como biogeografia, ecologia de comunidades e ecossistemas (COX; MOORE; DA SILVA, 2000; LOSOS, 2008), mudanças climáticas e biologia da conservação (RAFFERTY; NABITY, 2017).

No entanto, a semelhança funcional entre espécies não está restrita apenas à proximidade filogenética. A convergência evolutiva também pode resultar em espécies distantes filogeneticamente exibindo traços funcionais semelhantes, devido à adaptação a pressões ambientais similares. Esse fenômeno desafia a expectativa de que a proximidade filogenética seja o principal fator explicativo de semelhanças funcionais, revelando a complexa interação entre ecologia e evolução. A convergência é especialmente relevante em ecossistemas onde diferentes linhagens evolutivas ocupam nichos funcionais semelhantes, ilustrando que traços compartilhados podem ser moldados por pressões seletivas comuns, independentemente da relação evolutiva (MÜNKEMÜLLER et al., 2012a). Portanto, integrar tanto a filogenia quanto a convergência funcional é essencial para uma compreensão mais completa dos padrões de diversidade e organização das comunidades ecológicas.

#### **2.4 Abordagem filogenética em ecologia de comunidades**

Para entender a organização das comunidades, é crucial investigar os fatores que determinam a estruturação de uma comunidade ao longo do tempo e no espaço (VELLEND, 2016). Durante o século 20, a maioria dos estudos focava na competição e na predação (VELLEND, 2010), sugerindo que interações ecológicas entre espécies moldam a estrutura das assembleias. Entretanto, já no final do século 20, começou-se a reconhecer que a filogenia também desempenha um papel significativo, refletindo interações históricas e evolutivas entre espécies (MOUQUET et al., 2012).

A abordagem filogenética na ecologia de comunidades utiliza informações sobre a história evolutiva das espécies para compreender padrões e processos

ecológicos (BAUM; SMITH, 2012; MOUQUET et al., 2012). Isso inclui a análise das relações filogenéticas entre espécies em uma comunidade e como essas relações influenciam a coexistência, a diversidade e a funcionalidade dos ecossistemas. A filogenia reflete a história evolutiva das espécies, influenciando diretamente a montagem de comunidades ao moldar padrões de coexistência e competição entre espécies (CAVENDER-BARES et al., 2009; WEBB et al., 2002; MOUQUET et al., 2012). Um exemplo típico é que espécies que compartilham um ancestral comum recente podem exibir características similares, afetando suas interações com o ambiente e com outras espécies

Apesar da ecologia filogenética ainda ser uma ciência recente integrando história evolutiva e padrões ecológicos em diferentes escalas (CADOTTE et al., 2019; SOARES; NAKAMURA, 2021), o entendimento dos fatores históricos e ecológicos que moldam assembleias de espécies pode ser pautado na estrutura filogenética e funcional de comunidades (CAVENDER-BARES et al., 2009; HARDY; SENTERRE, 2007; WEBB et al., 2002). A crescente disponibilidade de filogenias, juntamente com o desenvolvimento de métodos que integram filogenias aos atributos ecológicos das espécies, ampliou significativamente o panorama do conhecimento ecológico (CAVENDER-BARES et al., 2009; SOARES; NAKAMURA, 2021). Devido a isso, nas últimas décadas, as relações filogenéticas entre as espécies têm adquirido um papel fundamental na área de ecologia de comunidades (LI; IVES; WALLER, 2017).

Várias abordagens e métricas foram desenvolvidas para fornecer informações mais detalhadas sobre mecanismos ecológicos. A combinação do uso de filogenias em tais estudos revelou que espécies intimamente relacionadas interagem com conjuntos de parceiros funcionalmente semelhantes (LAI; LIU; CHEN, 2021; PERALTA, 2016), indicando que a evolução desempenha um papel importante na montagem da comunidade e pode informar os mecanismos subjacentes. A evolução das características pode ser obtida relacionando as distâncias funcionais e filogenéticas das assembleias (SOBRAL; CIANCIARUSO, 2012).

De fato, filogenias fornecem informações valiosas sobre as relações evolutivas entre as espécies e registram a evolução dos caracteres (BAUM;

SMITH, 2012; GRAVES; GOTELLI, 1993; LOSOS, 2008). A integração da ecologia funcional e filogenética além de permitir a descrição de importantes padrões ecológicos, também possibilita a realização de inferências de como distintos processos atuam na coexistência das espécies (LI; IVES; WALLER, 2017). Essa abordagem possibilita uma nova perspectiva para questões antigas que ainda perduram na ecologia como, por exemplo, o efeito da competição na manutenção da diversidade em comunidades (ABRAMS, 2022).

A tendência de espécies relacionadas compartilharem características semelhantes devido à sua ancestralidade comum é conhecida como sinal filogenético (LOSOS, 2008). Em estudos ecológicos, a presença de um forte sinal filogenético sugere que os traços ecológicos e comportamentais são influenciados pela história evolutiva, ajudando a prever interações ecológicas e padrões de coexistência nas comunidades (CAVENDER-BARES et al., 2009). Muitas métricas já foram propostas para testar sinal filogenético em atributos ecológicos. O  $\lambda$  de Pagel é uma métrica amplamente utilizada, ele avalia como as histórias evolutivas compartilhadas das espécies explicam os padrões observados de similaridade em traços (PAGEL, 1999). Consiste em uma das três transformações que foram introduzidas por Pagel, junto com  $\delta$  e  $\kappa$ , sendo o  $\lambda$  a mais utilizada (MÜNKEMÜLLER et al., 2012b). Ao estimarmos  $\lambda$  para um único atributo ecológico, ele verifica se a evolução da característica está de acordo com um modelo de movimento browniano, sendo uma abordagem diferente das utilizadas para medir taxas evolutivas ou correlação filogenética. Por isso, o  $\lambda$  de Pagel é considerado robusto até mesmo para casos em que a resolução filogenética se encontra incompleta ou com erros de comprimento dos ramos (MOLINA-VENEGAS; RODRÍGUEZ, 2017).

Quando o sinal filogenético é fraco entre espécies com traços semelhantes, a proximidade evolutiva pode não ser o principal determinante da semelhança ecológica (MÜNKEMÜLLER et al., 2012b). Nesse caso, as espécies podem ter desenvolvido características semelhantes por meio de convergência evolutiva, adaptando-se de forma independente a pressões ambientais ou a nichos funcionais semelhantes. Isso sugere que fatores ecológicos, como as condições ambientais ou a disponibilidade de recursos, são os principais

impulsionadores das interações tróficas, e não necessariamente a filogenia (NAISBIT et al., 2012). Nesse contexto, a filogenia se torna um preditor menos eficaz das interações tróficas, e outros fatores, como a plasticidade fenotípica ou a seleção natural em resposta ao ambiente, podem ter maior influência na estruturação das comunidades.

### **2.3 Ecologia trófica e funcionalidade**

Nos últimos anos, a abordagem funcional revolucionou a compreensão da estrutura de comunidades biológicas, possibilitando descobertas que alavancaram estratégias para a conservação pensadas não somente em conservar os táxons, mas suas funções e interações ecológicas (DA SILVA; DOLBETH; FABRÉ, 2021). A incorporação de traços funcionais abrange aspectos essenciais da morfologia, ecofisiologia e estratégias relacionadas à história de vida das espécies (VIOLLE et al., 2007). A funcionalidade dos ecossistemas, que se refere à capacidade de um sistema manter processos ecológicos vitais, está intimamente ligada às interações tróficas e à diversidade funcional das espécies presentes (ALBOUY et al., 2011). A ecologia trófica explora as relações alimentares entre espécies em um ecossistema, analisando os fluxos de energia e nutrientes ao longo das teias alimentares (MOI et al., 2021). Em ecossistemas altamente dinâmicos e produtivos, as interações tróficas desempenham um papel crucial na estruturação das comunidades, influenciando a distribuição e a abundância das espécies (FREILICH et al., 2018).

De modo geral, comunidades podem ser organizadas em teias tróficas, onde muitas espécies atuam tanto como consumidoras de recursos quanto como recursos para outros consumidores (FREILICH et al., 2018). A partir do conceito de nicho ecológico, é possível mensurar relações entre organismos e o ambiente por meio da partição de recursos tróficos (MATICH et al., 2017). Espécies pelágicas predadoras, em particular, desempenham um papel crucial na estrutura e funcionamento dos ecossistemas regulando a abundância e o comportamento de suas presas, influenciando inúmeras dinâmicas ecológicas.

A atuação desses predadores é fundamental para manter o equilíbrio dos ecossistemas (ENGELBRECHT; KOCK; O'RIAIN, 2019; PREISSER; BOLNICK; BENARD, 2005). Portanto, entender as relações tróficas e a posição trófica de cada espécie no ecossistema é de suma importância para a conservação e manejo sustentável da biodiversidade. Por exemplo, avaliando a amplitude do nicho trófico, podemos investigar os níveis de especialização alimentar dentro de uma guilda ou grupo de espécies (SEGURADO et al., 2011). A amplitude de nicho possibilita observarmos o espectro alimentar de uma espécie, para além de sua organização e variações temporais e espaciais (CARSCADDEN et al., 2020). Quanto menor o valor da amplitude, maior a especialização trófica da espécie em um local específico.

Diversas características tróficas, como a amplitude do nicho, são indicadores essenciais para o entendimento das interações entre espécies em um ecossistema (CARSCADDEN et al., 2020). Tais características ajudam a analisar como diferentes espécies utilizam os mesmos recursos e a identificar possíveis coocorrência e sobreposições alimentares (SÁ-OLIVEIRA; ANGELINI; ISAAC-NAHUM, 2014). São consideradas características funcionais, pois permitem descrever a posição trófica de um consumidor e avaliar as relações entre diversas espécies no mesmo ambiente (FOUNTAIN-JONES et al., 2017). Estudos recentes destacam a importância desses indicadores na descrição e compreensão das dinâmicas ecológicas, fornecendo uma base para a avaliação das interações tróficas em diferentes ambientes (HAYDEN et al., 2019; SÁ-OLIVEIRA; ANGELINI; ISAAC-NAHUM, 2014).

Aspectos ecomorfológicos e comportamentais, em peixes, são frequentemente correlacionados com a dieta, hábito alimentar e nível trófico (KARPOUZI; STERGIU, 2003). Peixes predadores tendem a ser funcionalmente equivalentes devido à alta sobreposição alimentar e semelhança morfológica entre as espécies (THOMPSON; TOWNSEND, 2006). Por exemplo, a variação em características ecomorfológicas ou dietéticas dos peixes é frequentemente correlacionada com a distância filogenética entre espécies, exibindo assim um sinal filogenético (ROA-FUENTES; CASATTI; ROMERO, 2015; SOARES; NAKAMURA, 2021). A especialização individual, por exemplo,

ocorre em vários eixos do espaço multidimensional do nicho ecológico, como o uso do habitat (MARKLUND et al., 2019; QUEVEDO; SVANBÄCK; EKLÖV, 2009) e a dieta (BOLNICK et al., 2002; BRAZIL-SOUSA et al., 2023; LUNGHI et al., 2020). Entendemos com especialização alimentar individual o grau com que os indivíduos dentro de uma população utilizam diferentes recursos, independentemente de dimorfismo sexual ou ontogenia (BOLNICK et al., 2002). Assim, as diversas métricas permitem não apenas identificar padrões de especialização e partilha de recursos, mas também oferecem uma visão detalhada de como múltiplas espécies podem coexistir e se adaptar em ambientes diversos (BRANDL; ROBBINS; BELLWOOD, 2015).

## **2.5 Assembleias de peixes estuarino-costeiros tropicais**

Os estuários são ambientes únicos, caracterizados pela transição entre água doce e salgada, abrigam uma diversidade significativa de espécies de peixes que desempenham papéis ecológicos distintos (DA SILVA et al., 2022). A dinâmica das assembleias de peixes em ecossistemas estuarino-costeiros tropicais é um tema de grande interesse na ecologia contemporânea (MACEDO et al., 2021; SOUTO-VIEIRA; DA SILVA; FABRÉ, 2023). Nas últimas décadas, um crescente número de estudos abrangendo dinâmicas tróficas de peixes marinhos e estuarinos vem sendo publicados (DA SILVA; FABRÉ, 2019; GHOSH et al., 2024; MACEDO et al., 2023; NOVAKOWSKI; HAHN; FUGI, 2008; SOLER et al., 2016). Os quais destacam a dinâmica de mosaico de habitats, conectividade e alta produtividade como fatores decisivos para estrutura trófica nas comunidades de peixes.

Por conta da elevada dinamicidade, a estruturação trófica nesses sistemas pode diferir de maneira previsível em função da posição trófica das espécies (DA SILVA; FABRÉ, 2019; MACEDO et al., 2021), pois espécies de baixo nível trófico são usualmente controladas pela predação e as espécies de alto nível trófico pela competição (PREISSER; ELKINTON, 2008). Devido também à dinâmica estuarina, muitas espécies predadoras de peixes migrantes ocorrem em estuários quando as condições ambientais são favoráveis, realizando funções distintas nos habitats em que transitam e agregando mais complexidade às comunidades (DA SILVA; FABRÉ, 2019; ELLIOTT et al., 2007).

Efeitos das espécies predadoras são significativos nesses sistemas, influenciando os estágios iniciais da vida de numerosos organismos por meio da predação e da competição (ADAMS; EBERSOLE, 2009; DA SILVA; DOLBETH; FABRÉ, 2021).

## REFERÊNCIAS

ABRAMS, P. A. *Competition Theory in Ecology*. [s.l.] Oxford University Press, 2022.

ACKERLY, D. D.; SCHWILK, D. W.; WEBB, C. O. NICHE EVOLUTION AND ADAPTIVE RADIATION: TESTING THE ORDER OF TRAIT DIVERGENCE. *Ecology*, v. 87, n. sp7, p. S50–S61, jul. 2006.

ADAMS, A. J.; EBERSOLE, J. P. Mechanisms Affecting Recruitment Patterns of Fish and Decapods in Tropical Coastal Ecosystems. Em: NAGELKERKEN, I. (Ed.). *Ecological Connectivity among Tropical Coastal Ecosystems*. Dordrecht: Springer Netherlands, 2009. p. 185–228.

ALBOUY, C. et al. Predicting trophic guild and diet overlap from functional traits: statistics, opportunities and limitations for marine ecology. *Marine Ecology Progress Series*, v. 436, p. 17–28, 2011.

ASHTON, K. G. Comparing phylogenetic signal in intraspecific and interspecific body size datasets. *Journal of Evolutionary Biology*, v. 17, n. 5, p. 1157–1161, 1 set. 2004.

BARLETTA, M. et al. Seasonal changes in density, biomass, and diversity of estuarine fishes in tidal mangrove creeks of the lower Caeté Estuary (northern Brazilian coast, east Amazon). *Marine Ecology Progress Series*, v. 256, p. 217–228, 2003.

BARLETTA, M. et al. Factors affecting seasonal variations in demersal fish assemblages at an ecocline in a tropical–subtropical estuary. *Journal of Fish Biology*, v. 73, n. 6, p. 1314–1336, 2008.

BAUM, D. A.; SMITH, S. D. *Tree thinking: an introduction to phylogenetic biology*. Em: *Tree thinking: An introduction to phylogenetic biology*. [s.l.: s.n.]. p. 476–476.

BECK, M. W. et al. The identification, conservation, and management of estuarine and marine nurseries for fish and invertebrates: a better understanding of the habitats that serve as nurseries for marine species and the factors that create site-specific variability in nursery quality will improve conservation and management of these areas. *Bioscience*, v. 51, n. 8, p. 633–641, 2001.

BEER, A.; INGRAM, T.; RANDHAWA, H. S. Role of ecology and phylogeny in determining tapeworm assemblages in skates (Rajiformes). *Journal of Helminthology*, v. 93, n. 6, p. 738–751, nov. 2019.

BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. *Ecologia: de indivíduos a ecossistemas*. [s.l.] Artmed Editora, 2007.

BLOMBERG, S. P.; GARLAND, T., JR.; IVES, A. R. TESTING FOR PHYLOGENETIC SIGNAL IN COMPARATIVE DATA: BEHAVIORAL TRAITS ARE MORE LABILE. *Evolution*, v. 57, n. 4, p. 717–745, 1 abr. 2003.

BLOOM, D. D.; BURNS, M. D.; SCHRIEVER, T. A. Evolution of body size and trophic position in migratory fishes: a phylogenetic comparative analysis of Clupeiformes (anchovies, herring, shad and allies). *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 125, n. 2, p. 302–314, 18 set. 2018.

BOLNICK, D. I. et al. MEASURING INDIVIDUAL-LEVEL RESOURCE SPECIALIZATION. *Ecology*, v. 83, n. 10, p. 2936–2941, out. 2002.

BOLNICK, D. I. et al. Comparative support for the niche variation hypothesis that more generalized populations also are more heterogeneous. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 104, n. 24, p. 10075–10079, 12 jun. 2007.

BORGES, R. et al. Measuring phylogenetic signal between categorical traits and phylogenies. *Bioinformatics*, v. 35, n. 11, p. 1862–1869, 1 jun. 2019.

BORSTEIN, S. R. dietr: an R package for calculating fractional trophic levels from quantitative and qualitative diet data. *Hydrobiologia*, v. 847, n. 20, p. 4285–4294, 1 nov. 2020.

BRANDL, S. J.; ROBBINS, W. D.; BELLWOOD, D. R. Exploring the nature of ecological specialization in a coral reef fish community: morphology, diet and foraging microhabitat use. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 282, n. 1815, p. 20151147, 22 set. 2015.

BRANDT, R.; NAVAS, C. A. Life-History Evolution on Tropidurinae Lizards: Influence of Lineage, Body Size and Climate. *PLoS ONE*, v. 6, n. 5, p. e20040, 13 maio 2011.

BRAZIL-SOUSA, C. et al. Individual specialization is the highest in generalist populations from intermediary to high trophic positions in tropical freshwater fishes. 2023.

CADOTTE, M. W. et al. Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecology letters*, v. 13, n. 1, p. 96–105, 2010.

CADOTTE, M. W. et al. Do traits and phylogeny support congruent community diversity patterns and assembly inferences? *Journal of Ecology*, v. 107, n. 5, p. 2065–2077, set. 2019.

CANO-BARBACIL, C. et al. Phylogenetic signal and evolutionary relationships among traits of inland fishes along elevational and longitudinal gradients. *Freshwater Biology*, v. 67, n. 5, p. 912–925, 2022.

- CARSCADDEN, K. A. et al. Niche Breadth: Causes and Consequences for Ecology, Evolution, and Conservation. *The Quarterly Review of Biology*, v. 95, n. 3, p. 179–214, set. 2020.
- CAVENDER-BARES, J. et al. The merging of community ecology and phylogenetic biology. *Ecology Letters*, v. 12, n. 7, p. 693–715, 2009.
- CHESSON, P. L.; WARNER, R. R. Environmental variability promotes coexistence in lottery competitive systems. *The American Naturalist*, v. 117, n. 6, p. 923–943, 1981.
- CHU, C. et al. Advances in species coexistence theory. *Biodiversity Science*, v. 25, n. 4, p. 345, 2017.
- COMTE, L.; MURIENNE, J.; GRENOUILLET, G. Species traits and phylogenetic conservatism of climate-induced range shifts in stream fishes. *Nature Communications*, v. 5, n. 1, p. 5053, 24 set. 2014.
- COSTA-PEREIRA, R. et al. Prey Limitation Drives Variation in Allometric Scaling of Predator-Prey Interactions. *The American Naturalist*, v. 192, n. 4, p. E139–E149, out. 2018.
- COSTELLO, M. Predator feeding strategy and prey importance: a new graphical analysis. *Journal of fish biology*, v. 36, n. 2, p. 261–263, 1990.
- COX, C. B.; MOORE, P. D.; DA SILVA, L. F. C. F. *Biogeografia: Uma Abordagem Ecológica E Evolucionária*. [s.l.] Grupo Gen-LTC, 2000.
- DA SILVA, V. E.; FABRÉ, N. N. Rare species enhance niche differentiation among tropical estuarine fish species. *Estuaries and Coasts*, v. 42, n. 3, p. 890–899, 2019.
- DA SILVA, V. E. L. et al. Relative importance of habitat mosaics for fish guilds in the northeastern coast of Brazil. *Regional Studies in Marine Science*, v. 50, p. 102145, fev. 2022.
- DA SILVA, V. E. L.; DOLBETH, M.; FABRÉ, N. N. Assessing tropical coastal dynamics across habitats and seasons through different dimensions of fish diversity. *Marine Environmental Research*, v. 171, p. 105458, out. 2021.
- DE PAIVA, A. C. et al. Spatial distribution of the estuarine ichthyofauna of the Rio Formoso (Pernambuco, Brazil), with emphasis on reef fish. *Zoologia (Curitiba)*, v. 26, p. 266–278, 2009.
- ELLIOTT, M. et al. The guild approach to categorizing estuarine fish assemblages: a global review. *Fish and fisheries*, v. 8, n. 3, p. 241–268, 2007.
- ENGELBRECHT, T. M.; KOCK, A. A.; O'RIAIN, M. J. Running scared: when predators become prey. *Ecosphere*, v. 10, n. 1, p. e02531, 2019.

FIGUEIREDO, J. DE; MENEZES, N. A. Manual de peixes marinhos do sudeste do Brasil: Teleostei. [s.l.] Universidade de São Paulo, 1980.

FOUNTAIN-JONES, N. M. et al. Trophic position determines functional and phylogenetic recovery after disturbance within a community. *Functional Ecology*, v. 31, n. 7, p. 1441–1451, 2017.

FRANK, H. K. et al. Phylogeny, Traits, and Biodiversity of a Neotropical Bat Assemblage: Close Relatives Show Similar Responses to Local Deforestation. *The American Naturalist*, v. 190, n. 2, p. 200–212, 2 ago. 2017.

FRASER, D.; HAUPT, R. J.; BARR, W. A. Phylogenetic signal in tooth wear dietary niche proxies. *Ecology and Evolution*, v. 8, n. 11, p. 5355–5368, jun. 2018.

FRECKLETON, R. P.; HARVEY, P. H.; PAGEL, M. Phylogenetic Analysis and Comparative Data: A Test and Review of Evidence. *The American Naturalist*, v. 160, n. 6, p. 712–726, dez. 2002.

FREILICH, M. A. et al. Species co-occurrence networks: Can they reveal trophic and non-trophic interactions in ecological communities? *Ecology*, v. 99, n. 3, p. 690–699, 2018.

FRETWELL, S. D. The Impact of Robert MacArthur on Ecology. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, v. 6, n. Volume 6, 1975, p. 1–13, 1 nov. 1975.

FROESE, R. FishBase. *Oceanographic Literature Review*, v. 3, n. 43, p. 321, 1996.

GANNON, J. E. The Effects of Differential Digestion Rates of Zooplankton by Alewife, *Alosa pseudoharengus*, on Determinations of Selective Feeding. *Transactions of the American Fisheries Society*, v. 105, n. 1, p. 89–95, jan. 1976.

GÉRARD, M. et al. Patterns of size variation in bees at a continental scale: does Bergmann's rule apply? *Oikos*, v. 127, n. 8, p. 1095–1103, ago. 2018.

GHOSH, S. et al. Trophic interactions and the diet composition of sympatric finfish predators in the tropical demersal ecosystem in the Bay of Bengal. *Journal of Fish Biology*, v. 104, n. 1, p. 69–91, jan. 2024.

GRAVES, G. R.; GOTELLI, N. J. Assembly of avian mixed-species flocks in Amazonia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 90, n. 4, p. 1388–1391, 1993.

GÜR, H. Why do Anatolian ground squirrels exhibit a Bergmannian size pattern? A phylogenetic comparative analysis of geographic variation in body size: BODY SIZE EVOLUTION IN GROUND SQUIRRELS. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 100, n. 3, p. 695–710, 29 jun. 2010.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic acids symposium series*.

Anais...Oxford, 1999. Disponível em: <<https://www.academia.edu/download/29520866/1999hall1.pdf>>. Acesso em: 9 abr. 2024

HARDY, O. J.; SENTERRE, B. Characterizing the phylogenetic structure of communities by an additive partitioning of phylogenetic diversity. *Journal of Ecology*, v. 95, n. 3, p. 493–506, 2007.

HAYDEN, B. et al. Biological and environmental drivers of trophic ecology in marine fishes - a global perspective. *Scientific Reports*, v. 9, n. 1, p. 11415, 6 ago. 2019.

HYSLOP, E. Stomach contents analysis—a review of methods and their application. *Journal of fish biology*, v. 17, n. 4, p. 411–429, 1980.

IVES, A. R.; GODFRAY, H. C. J. Phylogenetic Analysis of Trophic Associations. *The American Naturalist*, v. 168, n. 1, p. E1–E14, jul. 2006.

JOHNSON, M. T.; STINCHCOMBE, J. R. An emerging synthesis between community ecology and evolutionary biology. *Trends in ecology & evolution*, v. 22, n. 5, p. 250–257, 2007.

KAMILAR, J. M.; COOPER, N. Phylogenetic signal in primate behaviour, ecology and life history. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 368, n. 1618, p. rstb.2012.0341, 20120341, 19 maio 2013.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular biology and evolution*, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013.

KENDALL, L. K. et al. Pollinator size and its consequences: Robust estimates of body size in pollinating insects. *Ecology and Evolution*, v. 9, n. 4, p. 1702–1714, 2019.

KRASNOV, B. R.; POULIN, R.; MOUILLOT, D. Scale-dependence of phylogenetic signal in ecological traits of ectoparasites. *Ecography*, v. 34, n. 1, p. 114–122, 2011.

KUMAR, S. et al. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, v. 35, n. 6, p. 1547, 2018.

LAI, S.; LIU, W.; CHEN, H. Exploring trophic role similarity and phylogenetic relatedness between species in food webs. *Community Ecology*, v. 22, n. 3, p. 427–440, out. 2021.

LANFEAR, R. et al. PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular biology and evolution*, v. 29, n. 6, p. 1695–1701, 2012.

LEMO-COSTA, P.; MILLER, Z. R.; ALLESINA, S. Phylogeny structures species' interactions in experimental ecological communities. *bioRxiv*, , 14 set. 2023.

Disponível em:  
<<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.09.04.556236v2>>. Acesso em:  
31 mar. 2024

LETTEN, A. D. Coexistence holes fill a gap in community assembly theory. *Nature Ecology & Evolution*, v. 5, n. 8, p. 1062–1063, ago. 2021.

LI, D.; IVES, A. R.; WALLER, D. M. Can functional traits account for phylogenetic signal in community composition? *New Phytologist*, v. 214, n. 2, p. 607–618, abr. 2017.

LIRA, A. et al. Trophic flow structure of a neotropical estuary in northeastern Brazil and the comparison of ecosystem model indicators of estuaries. *Journal of Marine Systems*, v. 182, p. 31–45, 2018.

LOSOS, J. B. Phylogenetic Perspectives on Community Ecology. *Ecology*, v. 77, n. 5, p. 1344–1354, 1996.

LOSOS, J. B. Phylogenetic niche conservatism, phylogenetic signal and the relationship between phylogenetic relatedness and ecological similarity among species. *Ecology Letters*, v. 11, n. 10, p. 995–1003, out. 2008.

LOXDALE, H. D.; LUSHAI, G.; HARVEY, J. A. The evolutionary improbability of 'generalism' in nature, with special reference to insects: THE IMPROBABILITY OF GENERALISM IN NATURE. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 103, n. 1, p. 1–18, maio 2011.

LUNGHI, E. et al. Same Diet, Different Strategies: Variability of Individual Feeding Habits across Three Populations of Ambrosi's Cave Salamander (*Hydromantes ambrosii*). *Diversity*, v. 12, n. 5, p. 180, maio 2020.

MACARTHUR, R.; LEVINS, R. The Limiting Similarity, Convergence, and Divergence of Coexisting Species. *The American Naturalist*, v. 101, n. 921, p. 377–385, set. 1967.

MACEDO, M. et al. Influence of the river flow pulse on the maturity, resilience, and sustainability of tropical coastal ecosystems. *Marine Environmental Research*, v. 183, p. 105806, jan. 2023.

MACEDO, M. M. et al. Trophic structure of coastal meta-ecosystems in the tropical Southwestern Atlantic. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, v. 263, p. 107654, 5 dez. 2021.

MAGURRAN, A. E. *Measuring biological diversity*. [s.l.] John Wiley & Sons, 2013.

MARKLUND, M. H. K. et al. Asymmetrical habitat coupling of an aquatic predator—The importance of individual specialization. *Ecology and Evolution*, v. 9, n. 6, p. 3405–3415, mar. 2019.

MATICH, P. et al. Ecological niche partitioning within a large predator guild in a nutrient-limited estuary. *Limnology and Oceanography*, v. 62, n. 3, p. 934–953, 2017.

MENEZES, N. A. et al. Catálogo das espécies de peixes marinhos do Brasil. [s.l.] Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo São Paulo, 2003. v. 1

MILLER, M. A.; PFEIFFER, W.; SCHWARTZ, T. The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic analyses. *Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: Extreme Digital Discovery. Anais... Em: TG'11: TERAGRID 2011. Salt Lake City Utah: ACM, 18 jul. 2011. Disponível em: <<https://dl.acm.org/doi/10.1145/2016741.2016785>>. Acesso em: 9 abr. 2024*

MOEN, D. S. Cope's rule in cryptodiran turtles: do the body sizes of extant species reflect a trend of phyletic size increase? *Journal of Evolutionary Biology*, v. 19, n. 4, p. 1210–1221, 1 jul. 2006.

MOI, D. A. et al. Multitrophic richness enhances ecosystem multifunctionality of tropical shallow lakes. *Functional Ecology*, v. 35, n. 4, p. 942–954, abr. 2021.

MOLINA, A.; DUQUE, G.; COGUA, P. Influences of environmental conditions in the fish assemblage structure of a tropical estuary. *Marine Biodiversity*, v. 50, n. 1, p. 1–13, 2020.

MOLINA-VENEGAS, R.; RODRÍGUEZ, M. Á. Revisiting phylogenetic signal; strong or negligible impacts of polytomies and branch length information? *BMC Evolutionary Biology*, v. 17, n. 1, p. 53, 15 fev. 2017.

MOUQUET, N. et al. Ecophylogenetics: advances and perspectives. *Biological Reviews*, v. 87, n. 4, p. 769–785, 2012.

MÜNKEMÜLLER, T. et al. How to measure and test phylogenetic signal. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 3, n. 4, p. 743–756, 2012a.

MÜNKEMÜLLER, T. et al. How to measure and test phylogenetic signal: *How to measure and test phylogenetic signal*. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 3, n. 4, p. 743–756, ago. 2012b.

NAISBIT, R. E. et al. Phylogeny versus body size as determinants of food web structure. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 279, n. 1741, p. 3291–3297, 22 ago. 2012.

NOVAKOWSKI, G. C.; HAHN, N. S.; FUGI, R. Diet seasonality and food overlap of the fish assemblage in a pantanal pond. *Neotropical Ichthyology*, v. 6, p. 567–576, 2008.

PAGEL, M. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature*, v. 401, n. 6756, p. 877–884, out. 1999.

- PASSOS, C. V. B. et al. Estuarization increases functional diversity of demersal fish assemblages in tropical coastal ecosystems. *Journal of fish biology*, v. 89, n. 1, p. 847–862, 2016.
- PEARSE, W. D.; DAVIES, T. J.; WOLKOVICH, E. M. How to define, use, and interpret Pagel's  $\lambda$  (lambda) in ecology and evolution. *bioRxiv*, , 10 out. 2023. Disponível em: <<http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2023.10.10.561651>>. Acesso em: 9 jun. 2024
- PERALTA, G. Merging evolutionary history into species interaction networks. *Functional Ecology*, v. 30, n. 12, p. 1917–1925, 2016.
- PREISSER, E. L.; BOLNICK, D. I.; BENARD, M. E. Scared to Death? The Effects of Intimidation and Consumption in Predator-Prey Interactions. *Ecology*, v. 86, n. 2, p. 501–509, 2005.
- PREISSER, E. L.; ELKINTON, J. S. Exploitative competition between invasive herbivores benefits a native host plant. *Ecology*, v. 89, n. 10, p. 2671–2677, 2008.
- QUEVEDO, M.; SVANBÄCK, R.; EKLÖV, P. Intrapopulation niche partitioning in a generalist predator limits food web connectivity. *Ecology*, v. 90, n. 8, p. 2263–2274, ago. 2009.
- RAFFERTY, N. E.; NABITY, P. D. A global test for phylogenetic signal in shifts in flowering time under climate change. *Journal of Ecology*, v. 105, n. 3, p. 627–633, 2017.
- RAMBAUT, A. FigTree. Tree figure drawing tool. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>, 2009.
- RAMBAUT, A. et al. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic biology*, v. 67, n. 5, p. 901–904, 2018.
- RIVERÓN, S. et al. Pelagic and benthic ecosystems drive differences in population and individual specializations in marine predators. *Oecologia*, v. 196, n. 3, p. 891–904, jul. 2021.
- ROA-FUENTES, C. A.; CASATTI, L.; ROMERO, R. DE M. Phylogenetic signal and major ecological shifts in the ecomorphological structure of stream fish in two river basins in Brazil. *Neotropical Ichthyology*, v. 13, p. 165–178, mar. 2015.
- ROMERO-BERNY, E. I. et al. The influence of habitat on the spatio-temporal dynamics of fish assemblages in a lagoon-estuarine system of the Mexican Pacific. *Latin American Journal of Aquatic Research*, v. 48, n. 1, p. 23–37, 3 mar. 2020.
- RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology*, v. 61, n. 3, p. 539–542, 2012.

ROUGHGARDEN, J. Is there a general theory of community ecology? *Biology & Philosophy*, v. 24, n. 4, p. 521–529, 1 set. 2009.

SABAL, M. C. et al. Predation landscapes influence migratory prey ecology and evolution. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 36, n. 8, p. 737–749, ago. 2021.

SÁ-OLIVEIRA, J. C.; ANGELINI, R.; ISAAC-NAHUM, V. J. Diet and niche breadth and overlap in fish communities within the area affected by an Amazonian reservoir (Amapá, Brazil). *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 86, n. 1, p. 383–406, mar. 2014.

SEGURADO, P. et al. Estimating species tolerance to human perturbation: Expert judgment versus empirical approaches. *Ecological Indicators*, v. 11, n. 6, p. 1623–1635, 1 nov. 2011.

SOARES, B. E.; NAKAMURA, G. Ecologia filogenética de comunidades de peixes de riacho neotropicais. *Oecologia Australis*, v. 25, n. 2, p. 448, 2021.

SOBRAL, F. L.; CIANCIARUSO, M. V. ESTRUTURA FILOGENÉTICA E FUNCIONAL DE ASSEMBLÉIAS: (RE)MONTANDO A ECOLOGIA DE COMUNIDADES EM DIFERENTES ESCALAS ESPACIAIS. *Biosci. J.*, v. 28, n. 4, p. 15, 2012.

SOLER, G. A. et al. Predicting the diet of coastal fishes at a continental scale based on taxonomy and body size. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, v. 480, p. 1–7, 2016.

SOUTO-VIEIRA, D.; DA SILVA, V. E. L.; FABRÉ, N. N. Seasonal rearrangements in the use of coastal habitat mosaics by tropical fishes create a cyclic functional trajectory. *Regional Studies in Marine Science*, v. 67, p. 103225, 20 dez. 2023.

TAMARIO, C. et al. Ecological and Evolutionary Consequences of Environmental Change and Management Actions for Migrating Fish. *Frontiers in Ecology and Evolution*, v. 7, 10 jul. 2019.

THAKUR, M. P.; WRIGHT, A. J. Environmental Filtering, Niche Construction, and Trait Variability: The Missing Discussion. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 32, n. 12, p. 884–886, dez. 2017.

THOMPSON, R.; TOWNSEND, C. A truce with neutral theory: local deterministic factors, species traits and dispersal limitation together determine patterns of diversity in stream invertebrates. *Journal of Animal Ecology*, v. 75, n. 2, p. 476–484, 2006.

UNGER, P. A.; LEWIS, W. M. Selective Predation with Respect to Body Size in a Population of the Fish *Xenomelaniris Venezuelae* (Atherinidae). *Ecology*, v. 64, n. 5, p. 1136–1144, out. 1983.

VELLEND, M. Conceptual Synthesis in Community Ecology. *The Quarterly Review of Biology*, v. 85, n. 2, p. 183–206, jun. 2010.

VELLEND, M. The theory of ecological communities. Em: The Theory of Ecological Communities (MPB-57). [s.l.] Princeton University Press, 2016.

VIOLLE, C. et al. Let the concept of trait be functional! *Oikos*, v. 116, n. 5, p. 882–892, 2007.

WEBB, C. O. et al. Phylogenies and Community Ecology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, v. 33, p. 475–505, 2002.

XU, J. et al. Using phylogeny and functional traits for assessing community assembly along environmental gradients: A deterministic process driven by elevation. *Ecology and Evolution*, v. 7, n. 14, p. 5056–5069, jul. 2017.

ZACCARELLI, N.; BOLNICK, D. I.; MANCINELLI, G. RInSp: an r package for the analysis of individual specialization in resource use. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 4, n. 11, p. 1018–1023, 2013.

ZHANG, P. et al. Warming and Predation Alter Consumer Coexistence. [s.l.] *In Review*, 22 jun. 2021. Disponível em: <<https://www.researchsquare.com/article/rs-459469/v1>>. Acesso em: 22 mar. 2022.

### **3. TROPHIC TRAITS AND PHYLOGENETIC RELATEDNESS IN TROPICAL CARNIVOROUS FISH ASSEMBLAGES**

Myrna Elis Ferreira Santos <sup>1,2</sup>, Victor Emmanuel Lopes da Silva <sup>1</sup>, Jessika Maria de Moura Neves <sup>1</sup>, Ivan de Oliveira Assis <sup>1</sup>, Nidia Noemi Fabré <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Ecologia Peixes e Pesca – Universidade Federal de Alagoas, Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Maceió, Brazil

<sup>2</sup> Corresponding author: myrnaelis.bio@gmail.com

**Abstract:** Ecological similarities among species often stem from their shared evolutionary history, as evidenced by the phylogenetic signal. This signal indicates that closely related species tend to exhibit greater similarity in ecological traits compared to unrelated species. From a trophic niche perspective, this relationship remains unclear. We aim to assess the extent to which the trophic niche in tropical carnivorous fish community is shaped by evolutionary phylogenetic signal. The data were collected in a tropical coastal ecosystem. We operationalized the trophic niche by incorporating diet, feeding habits, and foraging patterns, using metrics such as trophic niche breadth, trophic level, and individual diet specialization. A total of 38 tropical fish species were studied, with consistent species composition across seasons. Dietary variability and density were higher in the wet season. A phylogenetic signal was observed for maximum length and individual diet specialization, but not for trophic niche breadth or level. The strong phylogenetic signal for maximum length and individual diet specialization suggests that evolutionary relationships significantly shape these traits, reflecting the influence of body size and dietary preferences on ecological interactions. The high variability in niche breadth among species suggests that resource availability and ecological factors significantly influence this trait, beyond phylogenetic constraints. Migratory predators, primarily high-trophic-level species, play a key role in promoting niche differentiation, supporting ecosystem resilience, and sustaining high biodiversity through their influence on trophic dynamics. Our findings reveal complex phylogenetic interactions among the trophic traits of tropical fish indicating that factors beyond evolutionary relationships significantly influence these traits.

**Key-words:** Community assembly; Trophic niche; Phylogenetic signal; Diet; Trophic level; Niche breadth.

### 3.1 Introduction

The ecological similarities observed among species can largely be attributed to their shared evolutionary history (Cadotte et al., 2010). These similarities are typically identified through the phylogenetic signal associated with a particular trait or attribute and the phylogenetic distance (Borges et al., 2019; Fraser et al., 2018; Losos, 1996). Phylogenetic signal, in essence, refers to the tendency for closely related species to exhibit greater similarity in their ecological traits compared to randomly selected species (Losos, 1996; Münkemüller et al., 2012). Essentially, the strength of the phylogenetic signal serves as a metric for how much the evolutionary lineage of a group of organisms influences the variability in their ecological traits (Krasnov et al., 2011). Therefore, a phylogenetic approach provides insights into community assembly, offering a deeper understanding of how species coexist and interact within ecosystems.

The relationship between phylogeny and species assemblage reveals that different functional traits, display varying levels of phylogenetic signals. A growing number of studies have investigated the relationship between phylogeny and species assemblage, revealing substantial variation in phylogenetic signals across different types of traits (Beer et al., 2019; Blomberg et al., 2003; Frank et al., 2017; Freckleton et al., 2002; Kamilar and Cooper, 2013; Lai et al., 2021; Lemos-Costa et al., 2023). Generally, significant phylogenetic signals are typically stronger in morphological traits such as body size and physiological characteristics, while they are lower in behavioral traits (Blomberg et al., 2003; Cano-Barbacil et al., 2022; Kamilar and Cooper, 2013). Despite significant evidence supporting the promise of a phylogenetic approach in understanding community assembly, numerous questions remain unexplored, particularly in the examination of species' trophic attributes.

For instance, morphological attributes and trophic position-related characteristics often exhibit a stronger phylogenetic clustering compared to other reproductive and habitat-use traits for fish species (Comte et al., 2014). The maximum size has been used,

for many groups, as a surrogate of species trophic position, with larger species often playing the top predator role. However, recent studies have shown that while closely related predatory are more likely to feed on the same prey, with phylogenetic signal helping to predict new consumer-resource associations (Ives and Godfray, 2006), fish species tend to fulfill different functions in coastal systems, contributing to higher community complexity (da Silva and Fabr e, 2019). More specifically, carnivorous fish species were shown to provide a portfolio effect within the ecosystem by increasing niche differentiation within and allowing similar functions to be performed differently (da Silva and Fabr e, 2019).

Many factors may be correlated with this pattern, especially those associated with the evolutionary history of species that allow coexistence, such as migratory movements and individual plasticity, which commonly allow niche partitioning in tropical coastal ecosystems (Rangely et al., 2024). Migratory behavior influences trophic interactions, affecting competition for resources and potentially leading to changes in the structure and function of communities (Macedo et al., 2021). Since many coastal carnivorous fishes are indeed migratory species, and their movement patterns play a key role in resource utilization and ecosystem dynamics (Sabal et al., 2021), the study of the intricate relationship between evolution and trophic traits is crucial to comprehend the mechanism of coexistence and the structuring of ecological communities.

Here, we propose to examine the importance of phylogeny in community assembly of carnivorous species to understand the extent to which the trophic functional structuring observed in coastal communities is due to the evolutionary history of species. The present study aimed to evaluate the phylogenetic signal associated different trophic traits of carnivorous species, seeking to gain insights into whether closely related species tend to exhibit similar feeding behaviors and occupy similar trophic niches or if their ecological roles have diversified significantly over time.

## 3.2 Material and Methods

### 3.2.1 Study area

The data collection was conducted within the southwestern tropical Atlantic marine ecoregion, along the northeastern coast of Brazil, within the protected marine area Costa dos Corais (Figure 1). This region experiences two distinct climatic seasons dictated by rainfall patterns: a dry season from September to February, with an average annual precipitation of 45 mm, and a wet season from March to August, with an average annual precipitation of 2,000 mm.

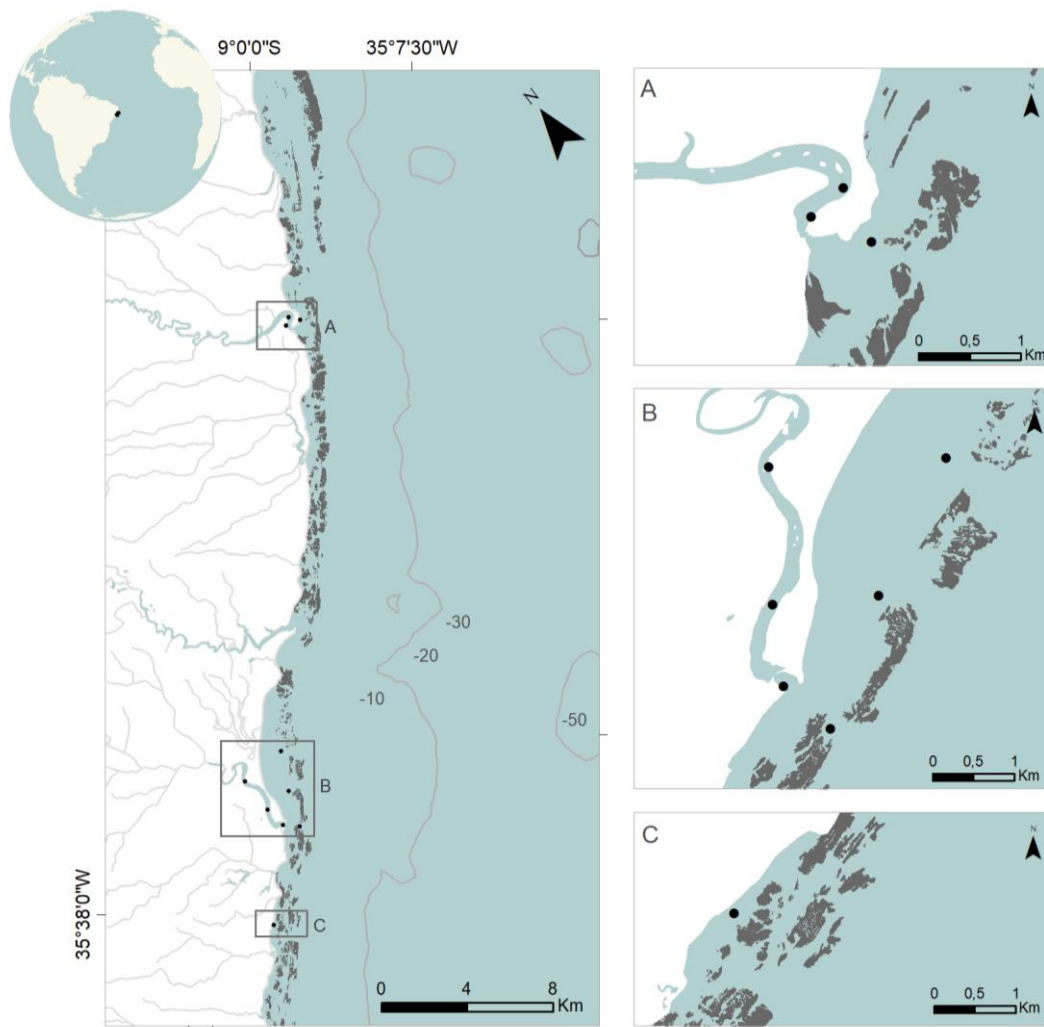


Figure 1. Map of the study area at APA Costa dos Corais, with the collection points highlighted (black dots). (A) Manguaba River estuary, (B) Santo Antônio River estuary, and (C) Paripueira fishing landing.

### **3.2.2 Sampling and laboratory procedures**

Nine sampling points were defined in the coastal zone (Figures 1A, 1B). At each point, fish were collected monthly from 2017 to 2018 and quarterly from 2022 to 2023 using a trawl net covering both the dry and wet seasons. Additional data collection was conducted in the neritic coastal zone in 2023 at the Paripueira fishing landing (Figure 1C), including individuals captured by local fisheries, to ensure a more comprehensive representation of the fish community. This data collection procedure aimed to comprehensively represent the coastal ecosystem.

A standardized methodology was adopted for processing all collected material. The captured fishes were stored in ice after capture and transported to the laboratory, where they were species-level identified using regional taxonomic keys (Figueiredo and Menezes, 1980; Menezes et al., 2003). Subsequently, fish stomachs were removed via incision, weighed, and their contents analyzed using the method proposed by Costello (1990).

Then we analyzed the stomach contents in a Petri dish using a magnifying glass and a microscope. Some types of prey are digested more quickly than others, which can distort diet descriptions if highly digested stomach contents are considered, therefore we disregard highly digested material found (Gannon, 1976; Hyslop, 1980). We also excluded from our study predators with empty digestive tracts and predators with prey primarily highly degraded in the anterior portion of their digestive tracts. We identified prey to the lowest practical taxonomic level (see Supplementary Material 1) using an optical microscope to identify fish dietary items.

We operationalized the trophic niche using various traits that capture the diet, feeding habits, and foraging patterns of the species. To achieve this, we employed the trophic niche breadth, trophic level, and individual diet specialization.

### 3.2.3 Trophic Niche Breadth

The dietary niche breadth in each species was estimated using the Levins Standardized Niche Breadth Index:

$$B_i = (B - 1) * (n - 1) - 1$$

Where  $B_i$  is the Levins Niche Breadth Index, and  $n$  is the total number of prey species. This index was calculated in R software using the function 'niche.width'. The values standardized range from 0 (the species consumes only one item) to 1 (the species utilizes the available items equally). The values are considered high if they are greater than 0.6, moderate if they are between 0.4 and 0.6, and low if they are less than 0.4 (Novakowski et al., 2008).

To estimate the dietary niche breadth index and prey-specific abundance, unidentified semi-digested (half or more digested) prey items were excluded (Ghosh et al., 2024). If at least three specimens of each species per sample were not possible, these species were excluded from the trophic niche breadth. We endeavored to include samples with the highest possible number of specimens to achieve greater representativeness and reliability of trophic breadth.

### 3.2.4 Trophic Level

The trophic level (TL) was calculated using the R package *dietR* (Borstein, 2020) from quantitative dietary data. This analysis determined the position of each species within the food web using the dietary classifications available on the FishBase platform (Froese, 1996). To enhance accuracy, we incorporated the percentage of the consumed items for each individual into the calculations. Detailed trophic categories and their corresponding TLs are provided in the Supplementary Material 1.

### 3.2.5 Individual Diet Specialization

To quantify diet variation for each species, we utilized a proportion similarity index (PS) (Bolnick et al., 2002). This index compares the resource use distribution of an individual to that of its population, with  $PS_i$  representing the diet overlap between an individual  $i$  and its population. This index is commonly used in populations, but in our study, we adapted it to assess diet variation within individual species. As the community composition did not differ seasonally (PERMANOVA;  $p= 0,368$ ), we considered the sampled individuals of the same species as a single population. If an individual consumes resources in the same proportion as the population,  $PS_i$  equals 1. The average  $PS_i$  value (Bolnick et al., 2002) indicates the overall level of individual diet specialization (IS) within the species, calculated as:

$$IS = \frac{1}{N} \sum PS_i$$

An  $IS$  value of 1 suggests no individual specialization, while values close to 0 indicate high individual specialization.  $IS$  values were computed using the ‘*PSiCalc*’ function in the *RInSp* package (Zaccarelli et al., 2013). Additionally, we used the index  $V = 1 - IS$  for a more intuitive measure of diet variation, where  $V$  ranges from 0 to 1, with 0 indicating no individual specialization (Bolnick et al., 2007; Brazil-Sousa et al., 2023). Detailed individual diet specialization of species and standard deviation are provided in the Supplementary Material 1.

### 3.2.6 Construction of phylogenetic tree

To estimate the phylogenetic relationship among lineages, we performed a Bayesian phylogenetic analysis. We selected sequences at the Barcode of Life Data systems (BOLD, [www.boldsystems.org](http://www.boldsystems.org)). The lineages were selected through the Barcode

Index Number (BIN), an algorithm that combines single linkage and Markov clustering to assign each sequence to a cluster of sequences available in the BOLD database without a priori classification into species. Our final alignment was composed of 372 sequences of 38 species (see Supplementary Material 2).

All sequences were visualized with BioEdit v.3.3.19 (Hall, 1999), aligned with MAFFT v.7.427 (Kato and Standley, 2013) and then translated into amino acids to verify the lack of stop codons in the software MEGA X (Kumar et al., 2018). The best evolutionary model was estimated by PartitionFinder (Lanfear et al., 2012), allowing a codon partition. As outgroups, we also included one sequence from *Alepocephalus tenebrosus*. The analysis was performed in MrBayes v.3.2.7a (Ronquist et al., 2012) at the CIPRES Science Gateway (Miller et al., 2011) with 10 million generations, sampled every 1,000 trees, with a 25% burn-in. The output was analyzed in Tracer v.1.7.1 (Rambaut et al., 2018), and the tree was visualized in FigTree v.1.4.4 (Rambaut, 2009).

### **3.2.7 Phylogenetic signal test**

Our final phylogenetic tree contained a few unresolved branching patterns (polytomies) due to missing taxonomic groups; therefore, we used the Pagel's  $\lambda$  (Pagel, 1999) to detect phylogenetic signal among trophic traits (niche breadth, trophic level, and individual diet specialization). Pagel's  $\lambda$  is relatively robust test, being considered a more suitable alternative for measuring phylogenetic signal when dealing with incomplete phylogenetic resolution (polytomies) (Molina-Venegas and Rodríguez, 2017). Pagel's  $\lambda$  measures the phylogenetic signal and utilizes Brownian motion as an indicator of this signal (Pearse et al., 2023).

To test the accuracy of the Pagel's  $\lambda$  analysis based on our constructed phylogenetic tree, we used two control traits. The first was the maximum body length of species, a trait that has been widely documented in the literature as being highly

correlated with diet (Unger and Lewis, 1983) and consistently showing strong phylogenetic signals in various studies (Ashton, 2004; Brandt and Navas, 2011; Gérard et al., 2018; Gür, 2010; Kendall et al., 2019; Moen, 2006). The second was a set of random traits generated in R, which we expected to show no significant correlation. The rationale behind this approach was to confirm that the first trait, which is well-established, would reveal a positive phylogenetic signal, while the random trait would confirm the absence of correlation. This would validate the robustness of the phylogenetic signal test and the consistency of our data. We conducted all statistical analyzes in the R 4.2.2 program (R Core Team, 2021) and used a p value  $<0.05$  as the statistical significance threshold for all comparisons.

### 3.3 Results

A total of 38 species across 16 families and 9 orders were caught throughout the study period, with 574 fish samples of stomach contents being examined, which included a wide range of prey items (see Supplementary Material 1). Species composition was consistent across seasons (PERMANOVA:  $p=0.368$ ), with *Sphoeroides testudineus*, *Sciades herzbergii*, *Atherinella brasiliensis*, and *Centropomus undecimalis* being particularly abundant in the coastal ecosystem during both seasons. Most species exhibited broad dietary behaviors, primarily consuming mobile invertebrates such as Copepoda, Crustacea, Decapoda, Bivalvia, and Gastropoda. Meanwhile, algae and debris were not prevalent in any predator species.

Even though species composition had no temporal changes, dietary item variability and density were higher during the wet season compared to the dry season (Figure 2). Niche breadth values ranged from 0.00 to 1.00, with most species displaying relatively low values ( $<0.5$ ). Notable exceptions included *Cathorops spixii* (1.00), *Sphoeroides testudineus* (0.8), and *Atherinella brasiliensis* (0.68), with higher niche

breadth values observed in families such as Ariidae, Centropomidae, Belonidae, and Sciaenidae.

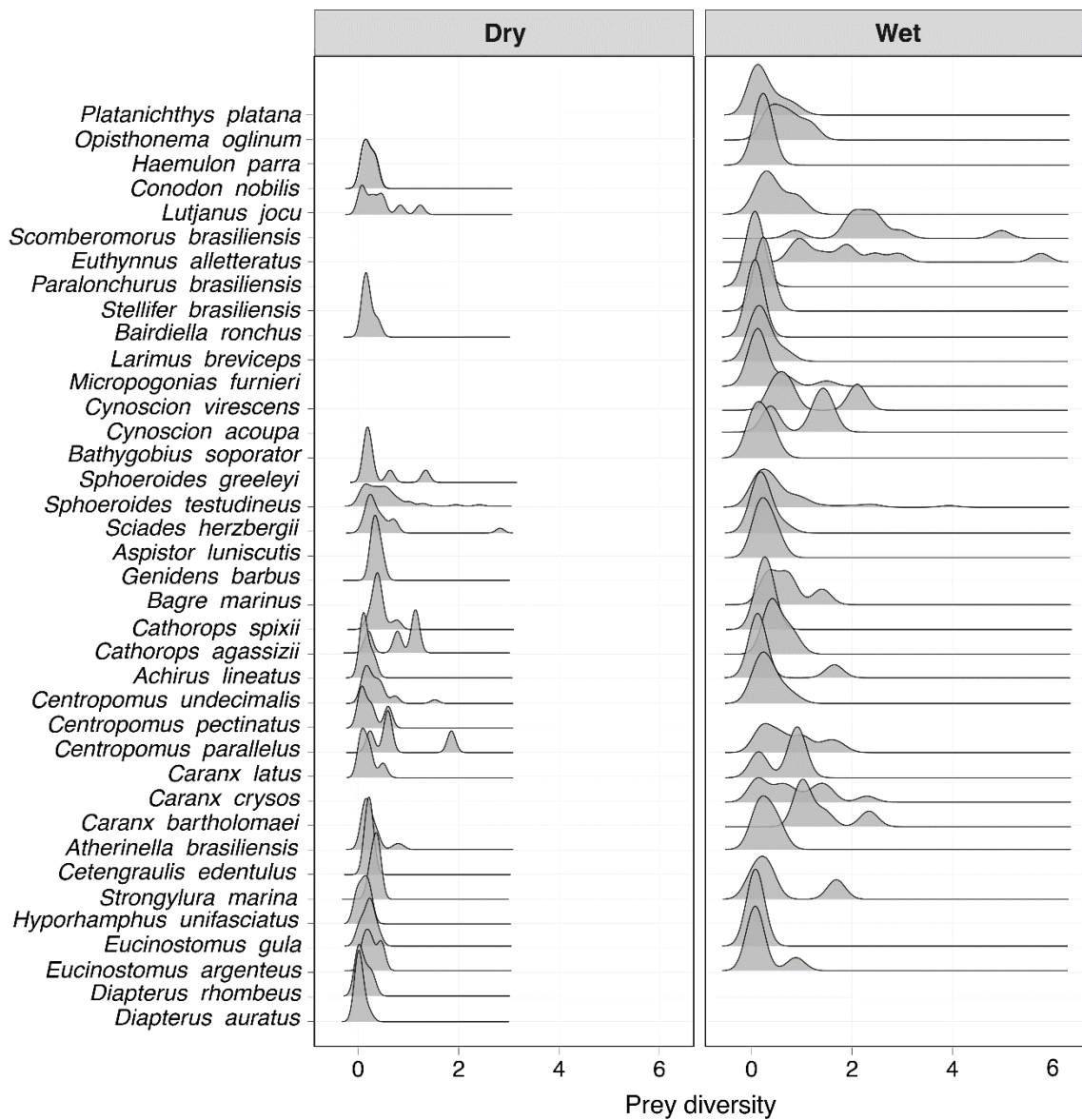


Figure 2. The seasonal variability of the dietary components of the species is represented, with the curves indicating similarity in breadth based on the consumption of different types of prey (prey diversity). The species are listed according to phylogenetic tree.

Trophic levels ranged from 2.65 to 4.5. Species with the highest trophic levels included *Scomberomorus brasiliensis*, *Caranx crysos*, *Euthynnus alletteratus*, and

*Caranx bartholomaei*, while those with the lowest levels included *Bagre marinus*, *Bathygobius soporator*, *Diapterus auratus*, and *Opisthonema oglinum*. The highest values of individual diet specialization were recorded in the Carangidae species *Caranx bartholomaei* (0.51) and *Caranx crysos* (0.41), followed by *Aspistor luniscutis* (0.38), *Euthynnus alletteratus* (0.37), and *Haemulon parra* (0.35). In contrast, the lowest values were found in *Achirus lineatus* (0.02), and the Sciaenidae species *Stellifer brasiliensis* (0.02) and *Cynoscion virescens* (0.02), as well as *Diapterus auratus* (0.02) and *Cathorops agassizii* (0.03). Complete data on trophic levels and individual specialization are available in Supplementary Material 1.

A phylogenetic signal was observed for certain trophic traits, especially maximum length and individual diet specialization (Figure 3). In contrast, trophic niche breadth and trophic level did not show a tendency for related species to resemble each other more than random species from a phylogenetic tree.

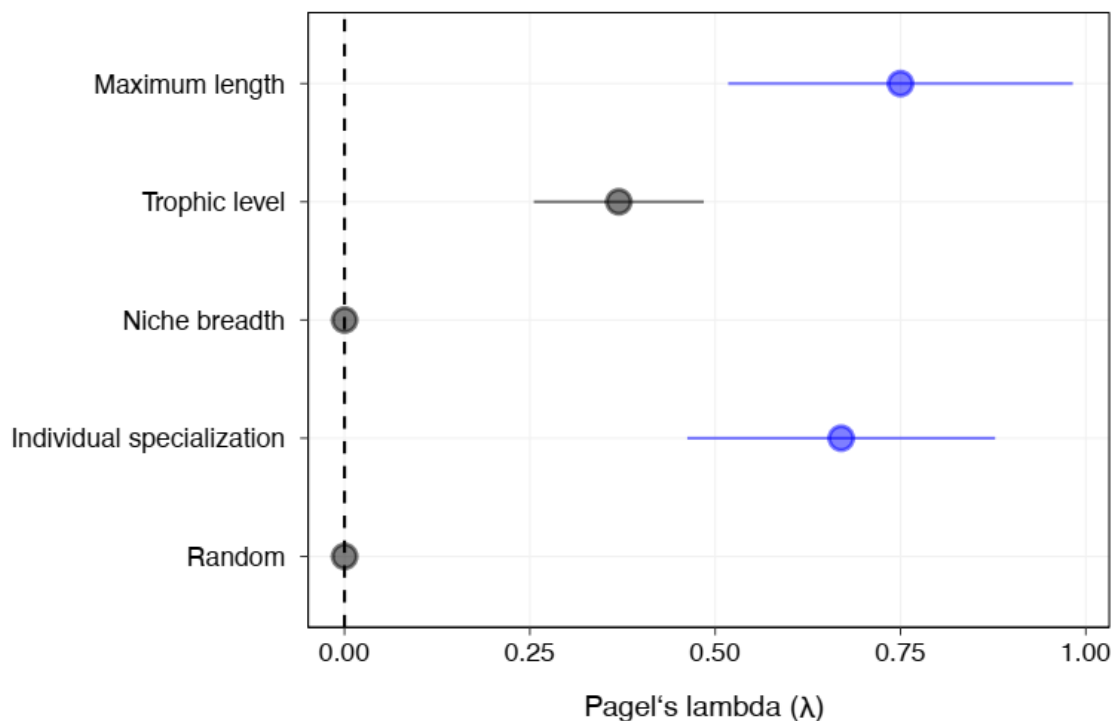


Figure 3. The phylogenetic signal (Pagel's lambda,  $\lambda$ ) for various traits: maximum length, trophic level, niche breadth, and individual diet specialization. The dashed vertical line

represents the expectation under a random model. Blue shading indicates statistical significance for the trait. Bars represent the standard deviation.

### **3.4 Discussion**

Our findings underscore the complex interplay among phylogenetic and trophic traits in tropical carnivorous fish species. More precisely, when considered collectively, the phylogenetic influence appears to vary across different trophic traits, highlighting that the individual diet specialization of species possesses an evolutionary background as strong as the maximum size, with both being important factors in the structuring of coastal communities. This supports the hypothesis that evolutionary history may take part in shaping community assembly, particularly in ecosystems with diverse carnivorous species (Pontarp, 2021).

#### **3.4.1 Dietary behavior in tropical fish species**

Species composition remained consistent across seasons, despite variations in dietary composition, with increased prey variability and consumption during the wet season. These changes in species activity and increased prey availability can increase community complexity and alter competition for resources, with fish adapting their feeding habits to seasonal variations in food availability (de Paiva et al., 2009; Lira et al., 2018). Coastal environments typically become more productive due to the influx of nutrients from rivers and marine inputs in the wet season (Barletta et al., 2003; Lira et al., 2018; Macedo et al., 2021; Molina et al., 2020). In these systems, particularly in tropical regions with narrow continental shelves, estuarization often occurs (Macedo et al., 2023; Passos et al., 2016). This process extends estuarine dynamics into other parts of the coastal region, enhancing primary and secondary productivity, which boosts the

availability of diverse food resources. Therefore, the higher prey variability and consumption observed during the wet season are likely a direct result of the environmental changes driven by seasonal rainfall.

The observed generalism and low specialization within the assemblage may result from the increased availability of diverse food sources during the wet season. In our study, the seasonal variations in species composition primarily involve migratory species appearing only in the wet season. Migratory species such as *Euthynnus alletteratus*, *Opisthonema oglinum*, and *Scomberomorus brasiliensis* were exclusively present during the wet season, while estuarine residents like *Sphoeroides testudineus*, *Sciades herzbergii*, and *Atherinella brasiliensis* were present year-round but particularly abundant during the wet season. The impact of seasonality on migratory marine fish emphasizes their specific behaviors and distributions in response to environmental changes such as temperature, food availability, and spawning opportunities (Adams and Ebersole, 2009; Passos et al., 2016; Souto-Vieira et al., 2023).

### **3.4.2 Trophic traits and their evolutionary relationships**

A general pattern observed in the study is that trophic structuring in these communities is partially driven by phylogeny. However, our findings also indicate that this trend is sensitive to the trophic traits used. While many species show specialization in certain food items, distinct feeding patterns emerge even among species within the same family. This sensitivity underscores the importance of selecting appropriate traits when assessing trophic patterns (Da Silva et al., 2019), as different traits can reveal distinct relationships with phylogeny. A plausible interpretation of the phylogenetic signal we observed is that different aspects of feeding behavior may be influenced by evolutionary history to varying degrees. This reinforces the idea that evolutionary history shapes feeding behaviors in complex ways.

The strong phylogenetic signal observed for species' maximum length and individual trophic specialization indicates that related species are more similar in size and specialization compared to randomly selected species from the phylogenetic tree. This result was expected for the maximum body size, as this trait was used a control, being a crucial trait governing ecological interaction and influencing dietary and predator-prey interactions (Bloom et al., 2018; Costa-Pereira et al., 2018). However, the phylogenetic signal in individual diet specialization may reflect a set of mechanisms that closely related species might possess to allow coexistence in the same ecosystem (Bolnick et al., 2003).

In ecosystems with high species diversity, such as coastal communities, closely related species may share similar ecological traits due to their evolutionary history (Riverón et al., 2021). However, individual specialization within these species allows them to differentiate their resource use at a finer scale. This specialization enables individuals within the same species or between closely related species to target different prey or adopt distinct foraging strategies (da Silva and Fabré, 2019). As a result, even though closely related species may overlap in broader ecological roles, their individual differences in diet and behavior help reduce competition. This leads to a more efficient partitioning of resources, promoting coexistence and allowing for the maintenance of diverse species within the same community (Bolnick et al., 2003).

Some species from distant taxonomic groups showed similar trophic variation, suggesting similar ecological roles despite their taxonomic differences. The absence of a phylogenetic signal in niche breadth might be attributed to various factors that have an influence on this trait, such as the availability of preferred resources, community interactions, and the tendency of species to explore alternative resources (Bello et al., 2017; MacArthur and Levins, 1967). In our study, niche breadth was predominantly narrow, indicating a certain degree of resource specialization within the community.

However, a few estuarine resident species, such as *Cathorops spixii*, *Sphoeroides testudineus*, and *Atherinella brasiliensis*, exhibited broader niche breadths, reflecting their ability to exploit a wider range of resources (Potter et al., 2015). As previously discussed, these species inhabit coastal areas during the whole seasonal dynamics, presenting physiological and behavioral features that allow them to explore resources while completing their life-cycle (Beck et al., 2001; Romero-Berny et al., 2020). The high variability in niche breadth among species suggests that resource availability and ecological factors play a significant role, beyond phylogenetic constraints.

Our findings suggest that seasonal rainfall drives synchronized resource supply dynamics in tropical marine ecosystems. The rainfall regime increases prey availability for fish, leading to an expanded niche breadth and triggering the migration of larger predatory species. Since migratory species contribute to niche differentiation within functional groups, this process enhance response diversity and maintain crucial ecological functions in coastal environments (da Silva and Fabr e, 2019). In our study, high-trophic-level predators like *Scomberomorus brasiliensis*, *Caranx crysos*, *Euthynnus alletteratus*, and *Caranx bartholomaei* exemplify the role of migratory species in promoting niche differentiation and sustaining trophic dynamics. These findings underscore the importance of migratory predators in driving niche partitioning and supporting trophic dynamics within coastal ecosystems. The evolutionary imprints of these complex ecological processes are reflected in the trophic phylogenetic signals observed, suggesting that they play a crucial role in sustaining ecosystem resilience, promoting biodiversity, and maintaining the spatial and temporal niche partitioning.

### 3.5 References

Adams, A.J., Ebersole, J.P., 2009. Mechanisms Affecting Recruitment Patterns of Fish and Decapods in Tropical Coastal Ecosystems, in: Nagelkerken, I. (Ed.), *Ecological Connectivity among Tropical Coastal Ecosystems*. Springer Netherlands, Dordrecht, pp. 185–228. [https://doi.org/10.1007/978-90-481-2406-0\\_6](https://doi.org/10.1007/978-90-481-2406-0_6)

Ashton, K.G., 2004. Comparing phylogenetic signal in intraspecific and interspecific body size datasets. *Journal of Evolutionary Biology* 17, 1157–1161. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2004.00764.x>

Barletta, M., Barletta-Bergan, A., Saint-Paul, U., Hubold, G., 2003. Seasonal changes in density, biomass, and diversity of estuarine fishes in tidal mangrove creeks of the lower Caeté Estuary (northern Brazilian coast, east Amazon). *Marine Ecology Progress Series* 256, 217–228.

Beck, M.W., Heck, K.L., Able, K.W., Childers, D.L., Eggleston, D.B., Gillanders, B.M., Halpern, B., Hays, C.G., Hoshino, K., Minello, T.J., 2001. The identification, conservation, and management of estuarine and marine nurseries for fish and invertebrates: a better understanding of the habitats that serve as nurseries for marine species and the factors that create site-specific variability in nursery quality will improve conservation and management of these areas. *Bioscience* 51, 633–641.

Beer, A., Ingram, T., Randhawa, H.S., 2019. Role of ecology and phylogeny in determining tapeworm assemblages in skates (Rajiformes). *J. Helminthol.* 93, 738–751. <https://doi.org/10.1017/S0022149X18000809>

Bello, F., Šmilauer, P., Diniz-Filho, J.A.F., Carmona, C.P., Lososová, Z., Herben, T., Götzenberger, L., 2017. Decoupling phylogenetic and functional diversity to reveal hidden signals in community assembly. *Methods Ecol Evol* 8, 1200–1211. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12735>

Blomberg, S.P., Garland, T., JR., Ives, A.R., 2003. Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution* 57, 717–745. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2003.tb00285.x>

Bloom, D.D., Burns, M.D., Schriever, T.A., 2018. Evolution of body size and trophic position in migratory fishes: a phylogenetic comparative analysis of Clupeiformes (anchovies, herring, shad and allies). *Biological Journal of the Linnean Society* 125, 302–314. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/bly106>

Bolnick, D.I., Svanbäck, R., Araújo, M.S., Persson, L., 2007. Comparative support for the niche variation hypothesis that more generalized populations also are more heterogeneous. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 104, 10075–10079. <https://doi.org/10.1073/pnas.0703743104>

Bolnick, D.I., Svanbäck, R., Fordyce, J.A., Yang, L.H., Davis, J.M., 2003. *The Ecology of Individuals: Incidence and Implications of Individual Specialization*. SIAS Faculty Publications.

Bolnick, D.I., Yang, L.H., Fordyce, J.A., Davis, J.M., Svanbäck, R., 2002. Measuring individual-level resource specialization. *Ecology* 83, 2936–2941. [https://doi.org/10.1890/0012-9658\(2002\)083\[2936:MILRS\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2002)083[2936:MILRS]2.0.CO;2)

Borges, R., Machado, J.P., Gomes, C., Rocha, A.P., Antunes, A., 2019. Measuring phylogenetic signal between categorical traits and phylogenies. *Bioinformatics* 35, 1862–1869. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty800>

Borstein, S.R., 2020. *dietr*: an R package for calculating fractional trophic levels from quantitative and qualitative diet data. *Hydrobiologia* 847, 4285–4294. <https://doi.org/10.1007/s10750-020-04417-5>

- Brandt, R., Navas, C.A., 2011. Life-History Evolution on Tropicurinae Lizards: Influence of Lineage, Body Size and Climate. *PLoS ONE* 6, e20040. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020040>
- Brazil-Sousa, C., Soares, B.E., Svanbäck, R., Albrecht, M.P., 2023. Individual specialization is the highest in generalist populations from intermediary to high trophic positions in tropical freshwater fishes. <https://doi.org/10.1111/aec.13368>
- Cadotte, M.W., Jonathan Davies, T., Regetz, J., Kembel, S.W., Cleland, E., Oakley, T.H., 2010. Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecology letters* 13, 96–105.
- Cano-Barbacid, C., Radinger, J., Grenouillet, G., García-Berthou, E., 2022. Phylogenetic signal and evolutionary relationships among traits of inland fishes along elevational and longitudinal gradients. *Freshwater Biology* 67, 912–925. <https://doi.org/10.1111/fwb.13890>
- Comte, L., Murienne, J., Grenouillet, G., 2014. Species traits and phylogenetic conservatism of climate-induced range shifts in stream fishes. *Nat Commun* 5, 5053. <https://doi.org/10.1038/ncomms6053>
- Costa-Pereira, R., Araújo, M.S., Olivier, R. da S., Souza, F.L., Rudolf, V.H.W., 2018. Prey Limitation Drives Variation in Allometric Scaling of Predator-Prey Interactions. *The American Naturalist* 192, E139–E149. <https://doi.org/10.1086/698726>
- Costello, M., 1990. Predator feeding strategy and prey importance: a new graphical analysis. *Journal of fish biology* 36, 261–263.
- da Silva, V.E., Fabr e, N.N., 2019. Rare species enhance niche differentiation among tropical estuarine fish species. *Estuaries and Coasts* 42, 890–899.
- Da Silva, V.E., Silva-Firmiano, L.P., Teresa, F.B., Batista, V.S., Ladle, R.J., Fabr e, N.N., 2019. Functional traits of fish species: Adjusting resolution to accurately express resource partitioning. *Frontiers in Marine Science* 6, 303.
- de Paiva, A.C., Lima, M.F., de Souza, J.R., Ara ujo, M.E. de, 2009. Spatial distribution of the estuarine ichthyofauna of the Rio Formoso (Pernambuco, Brazil), with emphasis on reef fish. *Zoologia (Curitiba)* 26, 266–278.
- Figueiredo, J. de, Menezes, N.A., 1980. Manual de peixes marinhos do sudeste do Brasil: Teleostei. Universidade de S o Paulo.
- Frank, H.K., Frishkoff, L.O., Mendenhall, C.D., Daily, G.C., Hadly, E.A., 2017. Phylogeny, Traits, and Biodiversity of a Neotropical Bat Assemblage: Close Relatives Show Similar Responses to Local Deforestation. *The American Naturalist* 190, 200–212. <https://doi.org/10.1086/692534>
- Fraser, D., Haupt, R.J., Barr, W.A., 2018. Phylogenetic signal in tooth wear dietary niche proxies. *Ecol Evol* 8, 5355–5368. <https://doi.org/10.1002/ece3.4052>
- Freckleton, R.P., Harvey, P.H., Pagel, M., 2002. Phylogenetic Analysis and Comparative Data: A Test and Review of Evidence. *The American Naturalist* 160, 712–726. <https://doi.org/10.1086/343873>
- Froese, R., 1996. FishBase. *Oceanographic Literature Review* 3, 321.

Gannon, J.E., 1976. The Effects of Differential Digestion Rates of Zooplankton by Alewife, *Alosa pseudoharengus*, on Determinations of Selective Feeding. *Transactions of the American Fisheries Society* 105, 89–95. [https://doi.org/10.1577/1548-8659\(1976\)105<89:TEODDR>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1577/1548-8659(1976)105<89:TEODDR>2.0.CO;2)

Gérard, M., Vanderplanck, M., Franzen, M., Kuhlmann, M., Potts, S.G., Rasmont, P., Schweiger, O., Michez, D., 2018. Patterns of size variation in bees at a continental scale: does Bergmann's rule apply? *Oikos* 127, 1095–1103. <https://doi.org/10.1111/oik.05260>

Ghosh, S., Muktha, M., Satishkumar, M., Ranjan, B.P., Indira, D., Prathibha, R., Zacharia, P.U., Gopalakrishnan, A., 2024. Trophic interactions and the diet composition of sympatric finfish predators in the tropical demersal ecosystem in the Bay of Bengal. *Journal of Fish Biology* 104, 69–91. <https://doi.org/10.1111/jfb.15560>

Gür, H., 2010. Why do Anatolian ground squirrels exhibit a Bergmannian size pattern? A phylogenetic comparative analysis of geographic variation in body size: BODY SIZE EVOLUTION IN GROUND SQUIRRELS. *Biological Journal of the Linnean Society* 100, 695–710. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2010.01447.x>

Hall, T.A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT, in: *Nucleic Acids Symposium Series*. Oxford, pp. 95–98.

Hyslop, E., 1980. Stomach contents analysis—a review of methods and their application. *Journal of fish biology* 17, 411–429.

Ives, A.R., Godfray, H.C.J., 2006. Phylogenetic Analysis of Trophic Associations. *The American Naturalist* 168, E1–E14. <https://doi.org/10.1086/505157>

Kamilar, J.M., Cooper, N., 2013. Phylogenetic signal in primate behaviour, ecology and life history. *Phil. Trans. R. Soc. B* 368, rstb.2012.0341, 20120341. <https://doi.org/10.1098/rstb.2012.0341>

Katoh, K., Standley, D.M., 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular biology and evolution* 30, 772–780.

Kendall, L.K., Rader, R., Gagic, V., Cariveau, D.P., Albrecht, M., Baldock, K.C.R., Freitas, B.M., Hall, M., Holzschuh, A., Molina, F.P., Morten, J.M., Pereira, J.S., Portman, Z.M., Roberts, S.P.M., Rodriguez, J., Russo, L., Sutter, L., Vereecken, N.J., Bartomeus, I., 2019. Pollinator size and its consequences: Robust estimates of body size in pollinating insects. *Ecology and Evolution* 9, 1702–1714. <https://doi.org/10.1002/ece3.4835>

Krasnov, B.R., Poulin, R., Mouillot, D., 2011. Scale-dependence of phylogenetic signal in ecological traits of ectoparasites. *Ecography* 34, 114–122. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2010.06502.x>

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K., 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution* 35, 1547.

Lai, S., Liu, W., Chen, H., 2021. Exploring trophic role similarity and phylogenetic relatedness between species in food webs. *Community Ecology* 22, 427–440. <https://doi.org/10.1007/s42974-021-00067-2>

Lanfear, R., Calcott, B., Ho, S.Y., Guindon, S., 2012. PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular biology and evolution* 29, 1695–1701.

Lemos-Costa, P., Miller, Z.R., Allesina, S., 2023. Phylogeny structures species' interactions in experimental ecological communities. <https://doi.org/10.1101/2023.09.04.556236>

Lira, A., Angelini, R., Le Loc'h, F., Ménard, F., Lacerda, C., Frédou, T., Frédou, F.L., 2018. Trophic flow structure of a neotropical estuary in northeastern Brazil and the comparison of ecosystem model indicators of estuaries. *Journal of Marine Systems* 182, 31–45.

Losos, J.B., 1996. Phylogenetic Perspectives on Community Ecology. *Ecology* 77, 1344–1354. <https://doi.org/10.2307/2265532>

Macarthur, R., Levins, R., 1967. The Limiting Similarity, Convergence, and Divergence of Coexisting Species. *The American Naturalist* 101, 377–385. <https://doi.org/10.1086/282505>

Macedo, M., Fabr e, N.N., da Silva, V.E.L., Santos, M.E.F., Albuquerque-Ten rio, M.D., Angelini, R., 2023. Influence of the river flow pulse on the maturity, resilience, and sustainability of tropical coastal ecosystems. *Marine Environmental Research* 183, 105806. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2022.105806>

Macedo, M.M., Angelini, R., da Silva, VictorE.L., Fabr e, N.N., 2021. Trophic structure of coastal meta-ecosystems in the tropical Southwestern Atlantic. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 263, 107654. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2021.107654>

Menezes, N.A., Buckup, P.A., de Figueiredo, J.L., de Moura, R.L., 2003. Cat logo das esp cies de peixes marinhos do Brasil. Museu de Zoologia da Universidade de S o Paulo S o Paulo.

Miller, M.A., Pfeiffer, W., Schwartz, T., 2011. The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic analyses, in: *Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: Extreme Digital Discovery*. Presented at the TG'11: TeraGrid 2011, ACM, Salt Lake City Utah, pp. 1–8. <https://doi.org/10.1145/2016741.2016785>

Moen, D.S., 2006. Cope's rule in cryptodiran turtles: do the body sizes of extant species reflect a trend of phyletic size increase? *Journal of Evolutionary Biology* 19, 1210–1221. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2006.01082.x>

Molina, A., Duque, G., Cogua, P., 2020. Influences of environmental conditions in the fish assemblage structure of a tropical estuary. *Marine Biodiversity* 50, 1–13.

Molina-Venegas, R., Rodr guez, M. ., 2017. Revisiting phylogenetic signal; strong or negligible impacts of polytomies and branch length information? *BMC Evol Biol* 17, 53. <https://doi.org/10.1186/s12862-017-0898-y>

M nkem ller, T., Lavergne, S., Bzeznik, B., Dray, S., Jombart, T., Schiffrers, K., Thuiller, W., 2012. How to measure and test phylogenetic signal: *How to measure and test phylogenetic signal*. *Methods in Ecology and Evolution* 3, 743–756. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00196.x>

- Novakowski, G.C., Hahn, N.S., Fugl, R., 2008. Diet seasonality and food overlap of the fish assemblage in a pantanal pond. *Neotropical Ichthyology* 6, 567–576.
- Pagel, M., 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature* 401, 877–884. <https://doi.org/10.1038/44766>
- Passos, C.V.B., Fabr e, N.N., Malhado, A.C.M., Batista, V.S., Ladle, R.J., 2016. Estuarization increases functional diversity of demersal fish assemblages in tropical coastal ecosystems. *Journal of fish biology* 89, 847–862.
- Pearse, W.D., Davies, T.J., Wolkovich, E.M., 2023. How to define, use, and interpret Pagel’s  $\lambda$  (lambda) in ecology and evolution. <https://doi.org/10.1101/2023.10.10.561651>
- Pontarp, M., 2021. Ecological opportunity and adaptive radiations reveal eco-evolutionary perspectives on community structure in competitive communities. *Sci Rep* 11, 19560. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-98842-8>
- Potter, I.C., Tweedley, J.R., Elliott, M., Whitfield, A.K., 2015. The ways in which fish use estuaries: a refinement and expansion of the guild approach. *Fish and Fisheries* 16, 230–239.
- R Core Team, 2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2012.
- Rambaut, A., 2009. FigTree. Tree figure drawing tool. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Rambaut, A., Drummond, A.J., Xie, D., Baele, G., Suchard, M.A., 2018. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic biology* 67, 901–904.
- Rangely, J., Barros, M. de, Souto-Vieira, D., Oliveira, M. das N.T.S.C., Silva, V.E.L. da, Assis, I.O. de, Fabr e, N.N., 2024. Congeneric and sympatric tropical mullets respond differently to environmental variability: insights into coexistence. *Mar. Freshwater Res.* 75, NULL-NULL. <https://doi.org/10.1071/MF23108>
- River n, S., Raoult, V., Baylis, A.M.M., Jones, K.A., Slip, D.J., Harcourt, R.G., 2021. Pelagic and benthic ecosystems drive differences in population and individual specializations in marine predators. *Oecologia* 196, 891–904. <https://doi.org/10.1007/s00442-021-04974-z>
- Romero-Berny, E.I., Vel zquez-Vel zquez, E., Schmitter-Soto, J.J., Salgado-Ugarte, I.H., 2020. The influence of habitat on the spatio-temporal dynamics of fish assemblages in a lagoon-estuarine system of the Mexican Pacific. *Lat. Am. J. Aquat. Res.* 48, 23–37. <https://doi.org/10.3856/vol48-issue1-fulltext-2349>
- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., H hna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A., Huelsenbeck, J.P., 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology* 61, 539–542.
- Sabal, M.C., Boyce, M.S., Charpentier, C.L., Furey, N.B., Luhring, T.M., Martin, H.W., Melnychuk, M.C., Srygley, R.B., Wagner, C.M., Wirsing, A.J., Ydenberg, R.C., Palkovacs, E.P., 2021. Predation landscapes influence migratory prey ecology and

evolution. *Trends in Ecology & Evolution* 36, 737–749.  
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.04.010>

Souto-Vieira, D., da Silva, V.E.L., Fabr e, N.N., 2023. Seasonal rearrangements in the use of coastal habitat mosaics by tropical fishes create a cyclic functional trajectory. *Regional Studies in Marine Science* 67, 103225.  
<https://doi.org/10.1016/j.rsma.2023.103225>

Unger, P.A., Lewis, W.M., 1983. Selective Predation with Respect to Body Size in a Population of the Fish *Xenomelaniris Venezuelae* (Atherinidae). *Ecology* 64, 1136–1144.  
<https://doi.org/10.2307/1937824>

Zaccarelli, N., Bolnick, D.I., Mancinelli, G., 2013. RInSp: an r package for the analysis of individual specialization in resource use. *Methods in Ecology and Evolution* 4, 1018–1023. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12079>

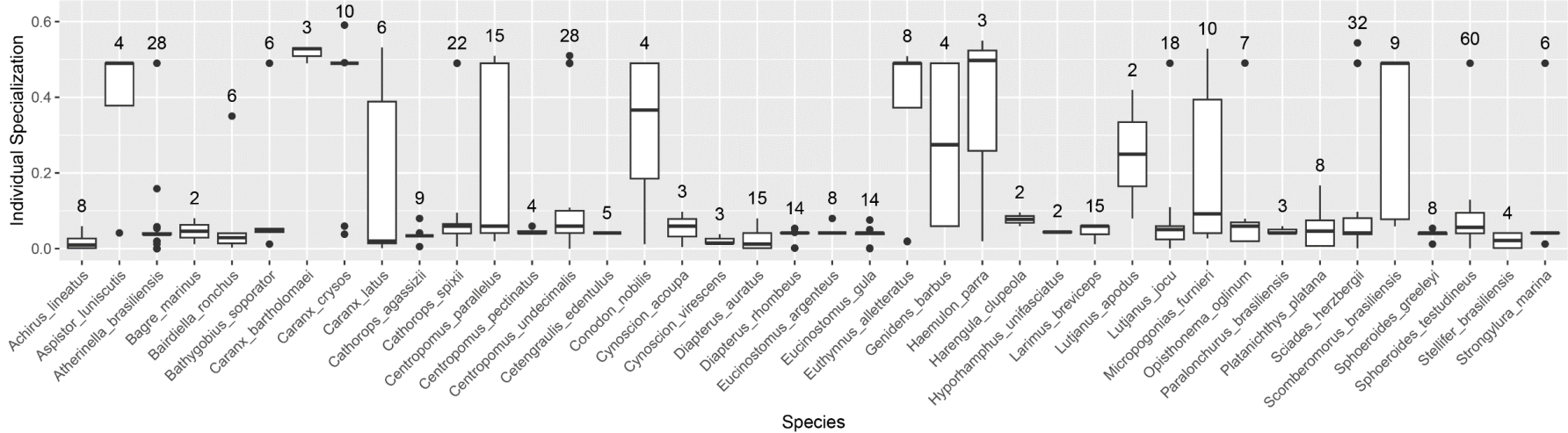
#### **4. CONCLUSÕES**

Os resultados obtidos mostram a importância de considerar múltiplos fatores ao estudar a ecologia trófica de peixes predadores. Nossos achados destacam a complexa interação filogenética entre os traços tróficos das espécies de peixes tropicais, com diferentes padrões encontrados para cada traço analisado. Enquanto o comprimento máximo e a especialização individual da dieta exibiram sinais filogenéticos, a amplitude do nicho trófico e o nível trófico não o fizeram, sugerindo que fatores além das relações evolutivas desempenham um papel significativo na formação dos aspectos tróficos das espécies de peixes. Essas descobertas reforçam que o entendimento integrado da distância filogenética entre as espécies e suas funcionalidades ecológicas tem potencial para contribuir no desenvolvimento de estratégias pertinentes de manejo e conservação das espécies.

**Supplementary Data 1 – List of species and their respective trophic levels, niche breadth, and maximum size.**

<b>Species</b>	<b>Trophic Level</b>	<b>Niche Breadth</b>	<b>Total Length</b>
<i>Achirus lineatus</i>	3,2057	1,156792141	33,09999847
<i>Aspistor luniscutis</i>	4,175	1,243132071	120
<i>Atherinella brasiliensis</i>	3,212857143	3,419070012	17,70000076
<i>Bagre marinus</i>	2,651717172	2,318452545	69
<i>Bairdiella ronchus</i>	3,178	3,25720844	35
<i>Bathygobius soporator</i>	2,768166667	2,166198926	15
<i>Caranx bartholomaei</i>	4,181	1,475373433	100
<i>Caranx crysos</i>	4,2581	1,558049204	70
<i>Caranx latus</i>	3,050833333	2,724177802	101
<i>Cathorops agassizii</i>	3,123555556	2,473488658	22,5
<i>Cathorops spixii</i>	3,399436364	4,530260909	30
<i>Centropomus parallelus</i>	3,795666667	2,978276544	72
<i>Centropomus pectinatus</i>	3,35	1,427008132	56
<i>Centropomus undecimalis</i>	3,605185714	3,247524844	140
<i>Cetengraulis edentulus</i>	3,2	1	20,5
<i>Conodon nobilis</i>	3,615	1,015528378	31,20000076
<i>Cynoscion acoupa</i>	3,833333333	1,741496499	110
<i>Cynoscion virescens</i>	3,566666667	1,096285429	115
<i>Diapterus auratus</i>	2,814352475	2,934174364	42,79999924
<i>Diapterus rhombeus</i>	3,198071429	1,173526689	40
<i>Eucinostomus argenteus</i>	3,22025	1,034180776	21,20000076
<i>Eucinostomus gula</i>	3,298914286	2,396508234	25,5
<i>Euthynnus alletteratus</i>	4,1875	1,243796098	122
<i>Genidens barbatus</i>	4	1,852197818	120
<i>Haemulon parra</i>	3,45	2,755385543	41,20000076
<i>Harengula clupeola</i>	3,39625	1,849046439	22,5
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i>	3,2	1,002247188	30
<i>Larimus breviceps</i>	3,486666667	1,064753745	31
<i>Lutjanus apodus</i>	3,561	1,823415205	79,09999847
<i>Lutjanus jocu</i>	3,381444444	3,010048572	128
<i>Micropogonias furnieri</i>	3,66003	1,715283685	60
<i>Opisthonema oglinum</i>	2,967142857	3,057198139	38
<i>Paralonchurus brasiliensis</i>	3,3	1,180327869	33,70000076
<i>Platanichthys platana</i>	3,150309091	1,185372776	18,5
<i>Sciades herzbergii</i>	3,393690341	1,951162795	94,19999695
<i>Scomberomorus brasiliensis</i>	4,5	1,632560169	125
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	3,113175	1,571898851	18
<i>Sphoeroides testudineus</i>	3,264797919	3,832624572	38,79999924
<i>Stellifer brasiliensis</i>	3,275	2,214703272	22,20000076
<i>Strongylura marina</i>	3,5455	1,558948927	111

**Supplementary Data 2 – Individual diet specialization of each species, with N sample values for each.**



**Supplementary Data 3 – Species and their respective GenBank sequence access codes.**

<b>Species</b>	<b>Access code</b>
<i>Achirus lineatus</i>	MEFM674-6
	MEFM825-6
	MXII321-7
	MXII335-7
	TZAIB183-6
	MEFM825-6
	MXII321-7
	MXII335-7
	TZAIB183-6
	MEFM674-6
<i>Alepocephalus tenebrosus</i>	MOP443-12
	MOP443-12
<i>Aspistor luniscutis</i>	MFSP344-10
	MFSP368-10
	MFSP752-11
	MFSP344-10
	MFSP368-10
	MFSP752-11
<i>Atherinella brasiliensis</i>	GBMND65209-21
	GBMND65216-21
	MFSP403-10
	MFSP455-10
	MFSP456-10
	MFSP403-10
	MFSP455-10
	MFSP456-10
	GBMND65216-21
	GBMND65209-21
<i>Bagre marinus</i>	ANGBF24330-19
	ANGBF24331-19
	ANGBF24332-19
	ANGBF24333-19
	ANGBF24334-19
	ANGBF24330-19
	ANGBF24331-19
	ANGBF24332-19
	ANGBF24333-19
	ANGBF24334-19
<i>Bairdiella ronchus</i>	ANGBF30184-19
	MFSP366-10
	MFSP372-10
	MFSP508-10
	MFSP509-10
	ANGBF30184-19
MFSP366-10	

	MFSP372-10
	MFSP508-10
	MFSP509-10
<i>Bathygobius soporator</i>	ANGBF36109-19
	GBMIN119401-17
	GBMIN124322-17
	GBMIN129440-17
	GBMIN129442-17
	ANGBF36109-19
	GBMIN119401-17
	GBMIN124322-17
	GBMIN129440-17
	GBMIN129442-17
<i>Caranx bartholomaei</i>	ANGBF17246-19
	ANGBF17247-19
	ANGBF17248-19
	ANGBF17249-19
	BAHA233-8
	ANGBF17246-19
	ANGBF17247-19
	ANGBF17248-19
	ANGBF17249-19
	BAHA233-8
<i>Caranx crysos</i>	BAHB144-15
	BZLWD649-9
	CFSAN109-11
	CURA392-9
	MEFM087-5
	BAHB144-15
	BZLWD649-9
	CFSAN109-11
	CURA392-9
	MEFM087-5
<i>Caranx latus</i>	BAHIA139-14
	BAHIA141-14
	BZLWB321-6
	MLIII464-8
	MLIII557-8
	BAHIA139-14
	BAHIA141-14
	BZLWB321-6
	MLIII464-8
	MLIII557-8
<i>Cathorops agassizii</i>	BAGR024-24
	BAGR025-24
	BAGR026-24
	BAGR027-24
	BAGR024-24
	BAGR025-24
	BAGR026-24
	BAGR027-24
<i>Cathorops spixii</i>	MFSP439-10
	MFSP440-10

	MFSP679-10
	MFSP758-11
	MFSP760-11
	MFSP439-10
	MFSP440-10
	MFSP679-10
	MFSP758-11
	MFSP760-11
<i>Centropomus parallelus</i>	GBMND69420-21
	GBMND69427-21
	GBMND69431-21
	GBMND69436-21
	GBMND69443-21
	GBMND69420-21
	GBMND69427-21
	GBMND69431-21
	GBMND69436-21
	GBMND69443-21
<i>Centropomus pectinatus</i>	GBMNF49327-22
	GBMNF49328-22
	GBMNF49329-22
	LIDM1346-8
	MFLIV118-9
	GBMNF49327-22
	GBMNF49328-22
	GBMNF49329-22
	LIDM1346-8
	MFLIV118-9
<i>Centropomus undecimalis</i>	GBMND69477-21
	GBMND69499-21
	GBMND69505-21
	GBMND69518-21
	GBMND69522-21
	GBMND69477-21
	GBMND69499-21
	GBMND69505-21
	GBMND69518-21
	GBMND69522-21
<i>Cetengraulis edentulus</i>	GBMND65890-21
	GBMNE77481-22
	GBMNE77482-22
	GBMNE77486-22
	GBMNE77487-22
	GBMND65890-21
	GBMNE77481-22
	GBMNE77482-22
	GBMNE77486-22
	GBMNE77487-22
<i>Conodon nobilis</i>	MXIV325-10
	MXIV327-10
	MXIV411-10
	MXIV412-10
	MXIV414-10

	MXIV325-10
	MXIV327-10
	MXIV411-10
	MXIV412-10
	MXIV414-10
<i>Cynoscion acoupa</i>	GBMNE86924-22
	GBMNE86925-22
	GBMNE86927-22
	GBMNE86929-22
	GBMNE86931-22
	GBMNE86924-22
	GBMNE86925-22
	GBMNE86927-22
	GBMNE86929-22
	GBMNE86931-22
<i>Cynoscion virescens</i>	GBMND69803-21
	GBMND69804-21
	GBMND69805-21
	GBMND69807-21
	GBMND69808-21
	GBMND69803-21
	GBMND69804-21
	GBMND69805-21
	GBMND69807-21
	GBMND69808-21
<i>Diapterus auratus</i>	BAHIA197-14
	BAHIA198-14
	BAHIA200-14
	SMSA098-9
	SMSA261-9
	BAHIA197-14
	BAHIA198-14
	BAHIA200-14
	SMSA098-9
	SMSA261-9
<i>Diapterus rhombeus</i>	BAHIA181-14
	BAHIA189-14
	BAHIA193-14
	BAHIA195-14
	BAHIA196-14
	BAHIA181-14
	BAHIA189-14
	BAHIA193-14
	BAHIA195-14
	BAHIA196-14
<i>Eucinostomus argenteus</i>	MFLII132-7
	MFLII144-7
	MFLII152-7
	MFLII181-7
	MFLII188-7
	MFLII132-7
	MFLII181-7
	MFLII188-7

	MFLII144-7
	MFLII152-7
<i>Eucinostomus gula</i>	MEFM779-6
	MEFM791-6
	MEFM809-6
	MFLII166-7
	MFLII168-7
	MEFM779-6
	MEFM791-6
	MEFM809-6
	MFLII166-7
	MFLII168-7
<i>Euthynnus alletteratus</i>	BZLWE263-8
	DNATR038-12
	MFLV592-10
	MFLV634-10
	MFLV657-10
	BZLWE263-8
	DNATR038-12
	MFLV592-10
	MFLV634-10
	MFLV657-10
<i>Genidens barbuis</i>	MFSP512-10
	MFSP673-10
	MFSP674-10
	MFSP675-10
	MFSP773-11
	MFSP512-10
	MFSP673-10
	MFSP674-10
	MFSP675-10
	MFSP773-11
<i>Haemulon parra</i>	FJMI057-10
	MFLS034-10
	MXII628-10
	MXV098-11
	MXV144-11
	FJMI057-10
	MFLS034-10
	MXII628-10
	MXV098-11
	MXV144-11
<i>Harengula clupeiola</i>	MEFM083-5
	MEFM1000-6
	MEFM1025-6
	MEFM964-6
	MFLE043-12
	MEFM083-5
	MEFM1000-6
	MEFM1025-6
	MEFM964-6
	MFLE043-12
<i>Hyporhamphus unifasciatus</i>	MXV795-15

	MXV796-15
	MXV797-15
	SMSA247-9
	SMSA442-9
	MXV795-15
	MXV796-15
	MXV797-15
	SMSA247-9
	SMSA442-9
<i>Larimus breviceps</i>	MFSP012-9
	MFSP014-9
	MFSP242-9
	MFSP783-11
	MFSP855-11
	MFSP012-9
	MFSP014-9
	MFSP242-9
	MFSP783-11
	MFSP855-11
<i>Lutjanus apodus</i>	LIDM437-7
	LIDM559-7
	LIDM632-7
	MFLII016-7
	MFLII272-7
	LIDM437-7
	LIDM559-7
	LIDM632-7
	MFLII016-7
	MFLII272-7
<i>Lutjanus jocu</i>	ANGBF7613-12
	FJMI149-10
	LIDM1125-8
	LIDM494-7
	MFLE143-12
	ANGBF7613-12
	FJMI149-10
	LIDM1125-8
	LIDM494-7
	MFLE143-12
<i>Micropogonias furnieri</i>	MFSP027-9
	MFSP236-9
	MFSP788-11
	MFSP789-11
	MFSP790-11
	MFSP027-9
	MFSP236-9
	MFSP788-11
	MFSP789-11
	MFSP790-11
<i>Opisthonema oglinum</i>	GBMNF44970-22
	GBMNF44971-22
	GBMNF44980-22
	GBMNF44982-22

	GBMNF44992-22
	GBMNF44970-22
	GBMNF44971-22
	GBMNF44980-22
	GBMNF44982-22
	GBMNF44992-22
<i>Paralonchurus brasiliensis</i>	MFSP658-10
	MFSP659-10
	MFSP864-11
	MFSP865-11
	MFSP868-11
	MFSP658-10
	MFSP659-10
	MFSP864-11
	MFSP865-11
	MFSP868-11
<i>Platanichthys platana</i>	FARG421-8
	PEDII340-22
	PEDII353-22
	PEDII370-22
	PEDII376-22
	FARG421-8
	PEDII340-22
	PEDII353-22
	PEDII370-22
	PEDII376-22
<i>Sciades herzbergii</i>	BAGR039-24
	BAGR040-24
	BAGR041-24
	BAGR042-24
	BAGR043-24
	BAGR039-24
	BAGR040-24
	BAGR041-24
	BAGR042-24
	BAGR043-24
<i>Scomberomorus brasiliensis</i>	MFSP337-9
	MFSP612-10
	MFSP614-10
	MFSP890-11
	MFSP897-11
	MFSP337-9
	MFSP612-10
	MFSP614-10
	MFSP890-11
	MFSP897-11
<i>Sphoeroides greeleyi</i>	ANGBF24968-19
	ANGBF24976-19
	ANGBF24977-19
	ANGBF24991-19
	ANGBF24999-19
	ANGBF24968-19
	ANGBF24976-19

	ANGBF24977-19
	ANGBF24991-19
	ANGBF24999-19
<i>Sphoeroides testudineus</i>	GBMIN119486-17
	GBMIN129521-17
	GBMIN129522-17
	GBMIN94840-17
	GBMIN94857-17
	GBMIN119486-17
	GBMIN129521-17
	GBMIN129522-17
	GBMIN94840-17
	GBMIN94857-17
<i>Stellifer brasiliensis</i>	MFSP020-9
	MFSP022-9
	MFSP024-9
	MFSP735-10
	MFSP802-11
	MFSP020-9
	MFSP022-9
	MFSP024-9
	MFSP735-10
	MFSP802-11
<i>Strongylura marina</i>	MFIV177-10
	MFIV178-10
	MXV791-15
	MFIV177-10
	MFIV178-10
	MXV791-15