

Universidade Federal de Alfenas

LUCAS ANDRIGO MAURE

**PERDA DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA E ALTERAÇÃO DA
ESTRUTURA FILOGENÉTICA EM COMUNIDADES DE AVES EM
PAISAGENS FRAGMENTADAS**

Alfenas/MG
2016

LUCAS ANDRIGO MAURE

**PERDA DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA E ALTERAÇÃO DA
ESTRUTURA FILOGENÉTICA EM COMUNIDADES DE AVES EM
PAISAGENS FRAGMENTADAS**

Dissertação apresentado como parte dos requisitos para obtenção do Título de Mestre em Ecologia e Tecnologia Ambiental pela Universidade Federal de Alfenas. Área de concentração: Ecologia. Orientados: Erica Hasui

Alfenas/MG
2016

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
Biblioteca Central da Universidade Federal de Alfenas

Maure, Lucas Andriago.

Perda de diversidade filogenética e alteração da estrutura filogenética em comunidades de aves em paisagens fragmentadas / Lucas Andriago Maure. -- Alfenas/MG, 2016.

79 f.

Orientadora: Érica Hasui.

Dissertação (Mestrado em Ecologia e Tecnologia Ambiental) - Universidade Federal de Alfenas, 2016.

Bibliografia.

1. Fragmentação. 2. Ecologia - Filogenia. 3. Altitudes. 4. Ecossistemas. 5. Biota. 6. Desmatamento. I. Hasui, Érica. II. Título.

CDD-577

LUCAS ANDRIGO MAURE

“Perda de diversidade filogenética e alteração da estrutura filogenética em comunidades de aves de paisagens fragmentadas”

A Banca julgadora, abaixo assinada, aprova a Dissertação apresentada como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ecologia e Tecnologia Ambiental pela Universidade Federal de Alfenas. Área de Pesquisa: Meio Ambiente Sociedade e Diversidade Biológica.

Aprovado em: 29 de abril de 2016.

Profa. Dra. Érica Hasui
Instituição: UNIFAL - MG

Assinatura: 

Prof. Dr. Danilo Muniz da Silva
Instituição: UFSCar

Assinatura: 

Prof. Dr. Rogério Grassetto Teixeira da Cunha
Instituição: UNIFAL - MG

Assinatura: 

AGRADECIMENTOS

Agradeço às forças naturais que regem este universo, que permitiram com que em 13.5 bilhões de anos, um simples elemento com um único elétron, um único próton e um único nêutron pudesse se fundir e originar outros elementos mais pesados que se organizaram de diferentes maneiras, formando nebulosas, estrelas e planetas e nestes, pequenas formas metabolizantes que se adaptaram, se diferenciaram e evoluíram para seres com as mais belas e infinitas formas.

Agradeço às interações ecológicas e coevolutiva. Não me lembro de ver essas interações de forma tão impressionante como ente insetos e plantas. Enquanto em alguns grupos a coadaptação surge para benefício mútuo, em outros há uma verdadeira corrida armamentista. Nesses grupos em especial, para se defender do ataque de herbívoros, algumas plantas desenvolveram um composto químico alcaloide que, quando por nós é ingerido em infusões, aumentam as atividades metabólicas e neurais. Esse composto foi de grande importância no desenvolvimento do meu projeto e de muitos outros pós-graduandos. A cafeína.

Agradeço aos meus pais, José e Conceição, meus primeiros professores, que me ensinaram que simplicidade, humildade, honestidade, educação e respeito são os maiores bens que uma pessoa possa ter. E ainda por me darem todo apoio. Agradeço a flor que faz dos meus dias mais bonitos e que tem muito me ajudado. Cíntia.

Agradeço a todos os professores que passaram pela minha vida, mas em especial os que conheci na faculdade. Além de todo o conhecimento ensinado, que revolucionaram minha vida e forma como olho para ela, foram grandes companheiros e amigos. Foram alguns eles: Flávio Nunes, Rogério Grassetto, Vinícius Xavier e Humberto Mendes. Dentre todos os professores, uma pela qual tenho profunda gratidão e admiração que, além de me orientar nos princípios da pesquisa científica, indiretamente me orientou para uma nova forma mais alegre, mais simples e humilde de lidar com as pessoas e a vida. À minha grande mestre com eterno carinho. Erica Hasui.

Agradeço ao Prof. Marco Antônio Portugal Luttembarck Batalha e ao amigo Marco Túlio Pacheco Coelho que muito contribuíram para esse trabalho. Também ao Felipe Souza, pela ajuda com o banco de dados.

Agradeço aos gigantes que, sobre seus ombros, nos permitiram ver mais longe. Também, aos que contribuíram para a divulgação da ciência e que fizeram parte da minha

infância, instigando minha curiosidade sobre a própria ciência e a natureza: Paul Zaloon (Beackman), Bill Nye (The Science guy) e Antonio Sadao Mori (O Professor). E ainda os que contribuem para o mesmo: David Attenborough, Carl Sagan, Brian Cox, Neil deGrasse Tyson, Stephen Hawking e James Randi.

À todos o meu mais sincero obrigado.

RESUMO

A perda e fragmentação do hábitat estão entre as principais ameaças à biodiversidade tropical terrestre. Entender como essas alterações ambientais afetam a biodiversidade tem sido um desafio para ecólogos e conservacionistas. Neste estudo, testamos o efeito da fragmentação florestal sobre a diversidade filogenética e a estrutura filogenética de comunidades de aves ao longo de um gradiente de fragmentação na Mata Atlântica. Avaliamos comunidades de aves em 83 fragmentos florestais e descrevemos a paisagem ao redor com três índices: quantidade de hábitat, conectividade estrutural e agregação das manchas. Esses índices foram calculados em paisagens circulares de 1 km ao redor dos pontos amostrais. Além dessas medidas de paisagem, também incluímos dados de elevação como variável preditiva ou aleatória, usando modelos lineares ou não-lineares. Nossos resultados mostraram que a quantidade de hábitat e agregação das manchas tem forte efeito sobre a diversidade filogenética. No entanto, esse efeito é condicionado à altitude. Assim, maiores valores de diversidade filogenética se encontram em paisagens de maior quantidade de hábitat, maior agregação das manchas e maior altitude. O aumento da diversidade filogenética com o aumento de quantidade de hábitat e agregação das manchas se deve principalmente à relação da riqueza de espécies com a quantidade de hábitat e a proximidade entre as manchas de hábitat. Por outro lado, o aumento da diversidade filogenética com a altitude provavelmente é consequência das condições ambientais de montanhas tropicais e de aspectos evolutivos e biogeográficos da Mata Atlântica. Também, verificamos que a conectividade estrutural interferiu no padrão de estrutura filogenética das comunidades mostrando: padrão agrupado em baixa conectividade e disperso em alta conectividade. Assim, valores baixos de conectividade estrutural atuaram como filtro ambiental, selecionando espécies mais próximas filogeneticamente.

Palavras-chave: fragmentação. ecologia filogenética. elevação. regras de montagem. perda de hábitat.

ABSTRACT

Habitat loss and fragmentation are among the main threats of terrestrial tropical biodiversity. Understanding how these factors affect biodiversity has been a challenge for ecologists and conservationists. In this study, we tested the effect of forest loss and fragmentation in the phylogenetic diversity and in the phylogenetic structure in ecological bird communities along fragmentation gradient in Atlantic Forest. We evaluated bird communities in 83 forest fragments and described the surrounding landscapes with three indices: habitat amount, structural connectivity and patch aggregation. These metrics were calculated in 1 km buffers around the centroid of sampling fragment. Beside these landscape metrics, we also included elevation data as predictive or random variable, using linear and non-linear models. Our results showed that habitat amount and patch aggregation had strong effect in the phylogenetic diversity. However, this effect is conditioned by the elevation. Thus, the higher phylogenetic diversities were found in landscapes that simultaneously had higher values of habitat amount, patch aggregation and elevation. The increment of phylogenetic diversity with patch aggregation and habitat amount is mainly related with the increment of species richness in these landscape conditions. On the other hand, the elevation interferences in phylogenetic diversity is probably related with climatic, evolutionary and biogeographic factors of the Atlantic Forest. We also found that structural connectivity interfered in the of phylogenetic structure pattern showing: clustered pattern in lower connectivity and dispersed pattern in higher connectivity. Thus, lower structural connectivity may act as environmental filter, selecting phylogenetically closely species.

Keywords: fragmentation. community phylogenetics. elevation. assembly rules. habitat loss.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - quadro conceitual de processos e escalas de Vellend	17
Figura 2 - quadro conceitual de processos e escalas de Belyea.....	19
Figura 3 - quadro conceitual de processos e escalas de Brooker.....	20
Figura 4 - quadro conceitual de processos e estrutura fenotípica e filogenética.....	23

SUMÁRIO

1	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	9
1.2	ECOLOGIA DE COMUNIDADES	9
1.2.1	Montagem de Comunidades.....	10
1.2.1.1	Abordagem clássica baseada no nicho.....	11
1.2.1.2	Abordagem com base nos processos neutros.....	14
1.2.1.3	Abordagem com base nos processos evolutivos.....	15
1.2.2	Processos, escalas e modelos.....	16
1.3	ECOFILOGENÉTICA.....	20
1.3.1	Metodologia embasada nos fenótipos.....	21
1.3.2	Metodologia embasada na filogenia.....	22
1.3.3	Metodologia embasada no ambiente.....	25
1.3.4	Aplicações.....	26
1.4	FRAGMENTAÇÃO E ECOFILOGENÉTICA.....	27
1.4.1	Abordagem orientada nas espécies.....	28
1.4.2	Abordagem orientada nos padrões.....	29
1.4.3	Abordagem evolutiva.....	30
2	PERDA DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA E ALTERAÇÃO DA ESTRUTURA FILOGENÉTICA EM COMUNIDADES DE AVES EM PAISAGENS FRAGMENTADAS.....	32
2.1	MATERIAIS E MÉTODOS.....	33
2.1.1	Área de estudos.....	33
2.1.2	Seleção dos dados ecológicos e desenho experimental.....	34
2.1.3	Medidas de paisagem.....	35
2.1.4	Filogenia das espécies amostradas.....	35
2.1.5	Estrutura e diversidade filogenética.....	35
2.1.6	Análises estatística.....	36
2.2	RESULTADOS.....	37
2.3	DISCUSSÃO.....	38
2.3.1	Fragmentação e estrutura filogenética.....	38
2.3.2	Altitude, fragmentação e PD.....	39
2.3.3	Direções futuras.....	42
2.3.4	Implicações.....	42
2.4	CONCLUSÃO.....	43
	REFERÊNCIAS.....	44
	APÊNDICES.....	63

1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Nessa revisão, discutiremos as abordagens clássicas sobre assembléias de comunidades, bem como seus processos. Por fim, apresentaremos como a abordagem clássica se enquadra nessa nova tendência que é a ecofilogenética, assim como se deu seu desenvolvimento, quais são suas principais aplicações e perspectivas.

1.2 ECOLOGIA DE COMUNIDADES

Comunidades ou assembleias ecológicas geralmente são definidas como populações de espécies que co-ocorrem no mesmo tempo e espaço e que interagem entre si (BEGON; TOWNSEND; HARPER, 2006). De um modo geral, o padrão de composição de espécies das comunidades e conseqüentemente sua estrutura, são resultantes da inter-relação entre processos ecológicos e evolutivos ou biogeográficos (RICKLEFS, 1987). Os processos ecológicos exercem influência em pequena escala espacial e temporal, mantendo ou excluindo espécies a partir de forças externas e internas como o filtro ambiental e a similaridade limitante (WEIHER; KEDDY, 2004). Eventos estocásticos como a dispersão, extinção e colonização também são determinantes na composição das comunidades e sua influência tem sido profundamente estudada (HUBBELL, 2001). Por outro lado, os processos evolutivos ou biogeográficos atuam em escala espacial e temporal mais ampla, definindo a ocorrência das espécies em uma região pela evolução e radiação adaptativa (HE et al., 2005; RICKLEFS, 1987; WEIHER; KEDDY, 2004). Portanto, comunidades ecológicas não são estáticas, elas apresentam variabilidade através de diferentes escalas espaciais e uma dinâmica ao longo do tempo (BOOTH; SWANTON, 2002; BROOKER et al., 2009). Assim, a ecologia de comunidade tem como principal objetivo compreender os padrões na diversidade, abundância e composição de espécies das comunidades através do tempo e do espaço, bem como os mecanismos que determinam tais padrões (CLEMETS, 1936; GLEASON, 1927; VELLEND, 2010; WEIHER; KEDDY, 2004).

Para resolver essas questões ecólogos desenvolveram uma miríade de hipóteses, métricas e modelos (PAUSAS; VERDÚ, 2010; VELLEND, 2010). Isso resultou em uma

confusão de definições e conceitos que muitas vezes recebem vários nomes (PAVOINE; BONSALL, 2011). Além disso, grandes debates têm surgido em razão da divergência entre duas teorias básicas, a Teoria do Nicho e a Teoria Neutra (ELTON, 1927; GRINNELL, 1924; HUBBELL, 2001). Outro fator que fomentou importantes discussões é a influência da escala espacial. Ricklefs (2008), por exemplo, defende a desintegração do conceito de comunidades ecológicas por conta da dificuldade em estabelecer seus limites devido à atuação dos processos nas diferentes escalas. Por outro lado Brooker et al. (2009), defendem que os processos ocorrem com maior intensidade em determinadas escalas. Estes problemas relacionados à escala são resultados principalmente da falta de leis e princípios gerais na ecologia, que reduz a capacidade de previsão e generalização de seus estudos (LAWTON, 1999; PETERS, 1991; VELLEND, 2010). De fato, tudo isso contribuiu para que a ecologia de comunidades fosse reconhecida como uma “bagunça” de padrões e processos com suas aparentes controvérsias e influências em diversas escalas espaciais e temporais (VELLEND, 2010).

Neste contexto, a incorporação de informações filogenéticas promete integrar uma perspectiva evolutiva à análise ecológica e relacionar os padrões de diversidade e estrutura das comunidades com os processos em suas diferentes escalas (SWENSON et al., 2006; WEBB et al., 2002; WEBB, 2000). Isso pode resolver o problema da falta de princípios gerais e questões ainda pouco compreendidas como, por exemplo, o gradiente latitudinal de riqueza de espécies (BELMAKER; JETZ, 2015). Além disso, essa nova abordagem conhecida como “Ecofilogenética” pode fornecer informações sobre áreas e grupos prioritários para conservação, a relação entre diversidade e funcionamento do ecossistema e a resposta da biodiversidade frente às mudanças globais relacionadas ao clima e a perda e alteração do hábitat (ARROYO-RODRÍGUEZ et al., 2012; CADOTTE; CARDINALE; OAKLEY, 2008; FAITH, 1992, 1996, 2008; FOREST et al., 2007; FRISHKOFF et al., 2014; LAVERGNE et al., 2010; MOUQUET et al., 2012; SRIVASTAVA et al., 2012a; THUILLER et al., 2011).

1.2.1 Montagem de Comunidades

Existem três paradigmas pelos quais pode-se analisar a estruturação de assembleias ecológicas no que se refere a composição e diversidade, bem como seus

fatores determinantes (CAVENDER-BARES et al., 2009). O primeiro deles, a abordagem clássica, postula que a estruturação das comunidades ocorre a partir de processos relacionados ao nicho e obedece aos princípios determinísticos das “regras de montagem”, como o filtro ambiental e as “regras de resposta”, como a exclusão competitiva (DIAMOND, 1975a; KEDDY, 1992; WEIHER; KEDDY, 2004). O segundo paradigma possui uma visão oposta à clássica por abandonar a teoria do nicho. Nessa abordagem, as comunidades são o resultado de processos neutros e estocásticos e suas espécies são consideradas ecologicamente equivalentes (HUBBELL, 2001; KEMBEL; HUBBELL, 2006). O terceiro paradigma afirma que a composição das assembleias ecológicas é determinada principalmente por processos históricos de ampla escala como a especiação e a dispersão geográfica, responsáveis por adicionarem espécies às comunidades (RICKLEFS; SCHLUTER, 1993; RICKLEFS, 1987).

1.2.1.1 Abordagem clássica baseada no nicho

Regras de montagem (*assembly rules*), são processos ecológicos que exercem influência sobre um banco regional de espécies estabelecendo os padrões de estrutura das comunidades no tempo e espaço. Seu objetivo é prever quais das espécies do total de um determinado banco regional irão ocorrer em um hábitat local em específico (KEDDY, 1992). O termo foi primeiramente citado por Diamond (1975a) em seu celebre estudo sobre comunidades de aves na ilha da Nova Guiné, onde observou que determinados pares de espécies raramente apresentavam co-ocorrência. Devido à ausência de restrições à dispersão, Diamond concluiu que essa relação de ocorrência é resultado da exclusão competitiva. Desse modo, sob um conjunto de regras, pode-se prever como a competição determina o padrão não aleatório da composição de espécies coexistentes em comunidades. No entanto, esse conjunto de regras se mostrou controverso e foi profundamente criticado pois os padrões de composição das espécies não foram testados por modelos nulos apropriados (CONNOR; SIMBERLOFF, 1979). Neste caso, não se pode afirmar que a comunidade apresenta um padrão de co-ocorrência maior ou menor em relação ao que seria esperado ao acaso (GOTELLI, 2000). A partir de então, houve um intenso debate sobre padrões de estrutura de comunidades e as regras que os determinam (WEIHER; KEDDY, 2004).

Apesar da discussão sobre a influência da competição na composição da comunidade ser relativamente recente, a ideia de que uma espécie pode causar a exclusão de outra devido à similaridade fenotípica vem desde Darwin. Em seu livro, “A origem das espécies” (1859, p. 76), Darwin hipotetizou que a competição é mais forte entre espécies do mesmo gênero em razão da similaridade de suas estruturas e dos seus habitats do que entre espécies de gêneros diferentes. Contudo, a similaridade fenotípica entre espécies que compartilham um ancestral comum remete a um paradoxo. Uma situação em que por um lado, espécies proximamente aparentadas tendem a apresentar exigências ambientais similares e, por isso, possivelmente ocorram juntas. Por outro lado, essa mesma semelhança as colocam em forte competição por recursos, o que limita sua co-ocorrência (CAVENDER-BARES et al., 2009). Essa visão influenciou estudos que formularam a teoria do nicho, onde a distribuição e a ocorrência de uma espécie é determinada por seus requerimentos de habitat e suas funções ecológicas. Esses aspectos, por sua vez, influenciam a interação entre as espécies (ELTON, 1927; GRINNELL, 1924). Uma importante contribuição fundamentada na teoria do nicho é o princípio da exclusão competitiva. Esse princípio foi postulado por Gause (1934) a partir do seu famoso experimento em que duas espécies de paramécios disputam recursos limitantes até a exclusão de uma delas. Basicamente, o que estes estudos sugerem é uma restrição na coexistência entre espécies ecologicamente semelhantes pela disputa de recursos limitantes em comum, levando uma das espécies a extinção local (PAUSAS; VERDÚ, 2010). O conceito de similaridade limitante é semelhante ao princípio da exclusão competitiva. Contudo, na similaridade limitante, o número de espécies em uma comunidade seria determinado pela saturação do espaço do nicho (HUTCHINSON, 1959; MACARTHUR; LEVINS, 1967). Essas ideias formaram as bases para a formulação das regras de assembleias cunhadas por Diamond (1975a), como citado acima. No entanto, a coexistência de espécies semelhantes pode ser possível devido a fatores como a heterogeneidade espacial e temporal das condições ambientais, abundância de recursos, deslocamento de caracteres, plasticidade fenotípica e variações intraespecífica das características (ABRAMS, 1983; BOLNICK et al., 2011; FENCHEL, 1975; MINER et al., 2005; TILMAN, 1985).

Além da competição, o filtro ambiental é outro processo baseado no nicho que tem sido amplamente abordado em estudos sobre estrutura de comunidades. De certo modo, esse processo de assembleia de comunidades funciona de forma análoga ao processo de evolução por seleção natural. Nessa perspectiva, o padrão de composição das

comunidades é o resultado de um determinado conjunto de condições do meio abiótico agindo na seleção de espécies com determinados fenótipos que as permitam persistir sob tais condições (KEDDY, 1992). O resultado desse processo seria uma comunidade formada por um subconjunto de espécies do banco regional que compartilham características em comum.

Em estudos sobre regras de montagem, a busca por padrões na composição de espécies de uma comunidade se faz comparando os padrões observados com os resultados de modelos nulos (GOTELLI; GRAVES, 1996). Essa prática tornou-se essencial desde a publicação das críticas de Connor e Simberloff (1979) às regras de montagem de Diamond (1975). Modelos nulos são métodos estatísticos que aleatorizam um conjunto de dados observados de múltiplas formas a fim de eliminar os padrões de composição das espécies e os efeitos dos processos (GOTELLI; GRAVES, 1996). Os resultados das aleatorizações são comparados ao conjunto de dados observado. Caso haja um padrão maior ou menor do que o esperado ao acaso pode-se concluir que há o efeito das regras de montagem na estruturação das comunidades. Portanto, o modelo nulo é um representante da hipótese nula (GOTELLI; GRAVES, 1996; GOTZENBERGER et al., 2012).

Um modelo nulo pode ser gerado a partir da permutação dos dados das linhas e das colunas das matrizes de co-ocorrência de espécies (GOTELLI, 2000). Desse modo, Gotelli (2000) elaborou nove algoritmos de modelos nulos simplesmente alterando a forma como as linhas e colunas são aleatorizadas. A diferença entre os modelos consiste em se linhas e colunas são consideradas somas fixas, equiprováveis ou proporcionais. Esses modelos também diferem na probabilidade de ocorrência dos erros Tipo I, quando há um falso positivo (i.e., rejeição incorreta da hipótese nula) e Tipo II, quando há falso negativo (i.e., aceitação incorreta da hipótese nula) (GOTELLI; GRAVES, 1996; GOTELLI, 2000). Portanto, é preciso escolher o modelo apropriado pois, cada um gera um resultado diferente. A escolha do modelo também depende se o conjunto de dados está organizado de acordo com a clássica “lista de espécies insular” ou a “lista de amostragem padronizada”, onde espécies foram coletadas com igual esforço amostral (GOTELLI, 2000).

Weihner e Keddy (2004), apresentam dois paradigmas de análise das regras de montagem. O primeiro deles, chamado de paradigma da ilha, basicamente aborda a assembleia de comunidades a partir de uma lista de espécies de um determinado local e cria modelos nulos para testar os padrões de co-ocorrência das espécies das listas. Com

base nos resultados, o próximo passo seria explicar como a competição determina tais padrões. Segundo essa abordagem, as espécies que compartilham características semelhantes também apresentam nichos semelhantes (i.e., sobreposição de nicho) e, portanto, não deveriam ocorrer juntas na mesma comunidade. Isso porque a competição por recursos similares levaria à exclusão de uma delas. Assim, a estrutura da assembleia apresentaria um padrão disperso, ou seja, as espécies da comunidade possuem fenótipos diferentes entre si.

O segundo, chamado de paradigma das características ligadas ao ambiente, trabalha com as características funcionais ou fenotípicas das espécies ao invés da lista de espécies em si e com a relação dessas características com as variáveis ambientais do hábitat. A identificação de padrões na relação entre as características das espécies e as variáveis ambientais, é feita através de comparações com modelos nulos. Isso torna possível especificar como a composição das características das espécies da assembleia mudam com determinadas mudanças ambientais. De acordo com essa perspectiva, o padrão da estrutura das assembleias seria estabelecido pelo conjunto dos fatores ambientais que atuaria como um filtro selecionando determinadas características das espécies. Assim, a comunidade apresentaria um padrão agrupado fenotipicamente, onde as espécies possuem características semelhantes entre si.

1.2.1.2 Abordagem com base nos processos neutros

A ideia de que processos estocásticos são determinantes na composição das assembleias vêm desde MacArthur e Wilson (1967) com a Teoria de Biogeografia de Ilhas (TBI). Posteriormente, com base nos mesmos princípios, surgiu a Teoria Neutra Unificadora (TNU) que foi desenvolvida ao longo de duas décadas por Hubbell e explica os padrões encontrados nas comunidades ecológicas a partir de modelos neutros (HUBBELL, 1979, 1997, 2001). Segundo a teoria neutra, a presença ou ausência de uma espécie na comunidade depende de eventos estocásticos como dispersão, colonização e extinção. Além disso, as espécies não se especializam para habitats específicos, o que as torna idênticas em suas adaptabilidades. Isso faz com que espécies de um determinado nível trófico sejam ecologicamente equivalentes. Assim, após o estabelecimento em uma comunidade, as dinâmicas populacionais estão sujeitas à deriva ecológica, ou seja, uma

estocasticidade demográfica influenciada por eventos aleatórios de nascimento e morte. Portanto, são as similaridades entre as espécies, e não as diferenças, que explicam a diversidade das comunidades (HUBBELL, 2001, 2006). No entanto, os eventos estocásticos poderiam extinguir as espécies de uma comunidade deixando somente uma. Desse modo, a alta diversidade em comunidades neutras pode ocorrer se a taxa de extinção for menor do que a taxa de especiação, que também ocorre ao acaso (ADLER; HILLERISLAMBERS; LEVINE, 2007).

Desde o seu surgimento, a teoria neutra tem sido o foco de grandes debates por se opor à teoria do nicho. Principalmente porque existe grande quantidade de evidências que comprovam a diferenciação de nicho, contudo, existe uma falha de evidências que comprovam a coexistência baseada no nicho (REES et al., 2001; WRIGHT, 2002). Pois, quantificar o nicho e a sua importância para a diversidade é uma dura tarefa que poucos estudos conseguiram (ADLER; HILLERISLAMBERS; LEVINE, 2007). Além do mais, esses estudos se apoiam somente em processos determinísticos e em espécies cujas interações podem ser expressas por regras fixas (CHAVE, 2004). Nesse contexto, a teoria neutra tem ganhado espaço por explicar com sucesso a riqueza de espécies de comunidades, a relação espécie-área e distribuição da abundância (ADLER; HILLERISLAMBERS; LEVINE, 2007; BELL, 2000, 2001; CHAVE, 2004; HUBBELL, 2001). Embora tenham visões divergentes sobre a comunidade, alguns ecólogos acreditam que a teoria do nicho e a teoria neutra são complementares, não conflitantes. Contudo, a unificação das duas teorias enfrenta dificuldades matemáticas (CHAVE, 2004).

1.2.1.3 Abordagem com base nos processos evolutivos

Nessa perspectiva, informações de biogeografia histórica são incorporadas às análises de comunidades ecológicas por terem sua composição e diversidade principalmente determinadas por processos evolutivos e biogeográficos. Trazida para a ecologia de comunidades por Ricklefs (1987), essa abordagem afirma que em comunidades há um equilíbrio entre processos de escala regional, como os processos históricos e a dispersão geográfica e processos locais de predação, exclusão competitiva e variações estocásticas. Enquanto os processos regionais são os responsáveis por

adicionarem espécies às comunidades, os processos locais promovem a extinção local dessas espécies. Esse equilíbrio é o mesmo encontrado por MacArthur e Wilson (1967), no estudo em que desenvolveram a Teoria de Biogeografia de Ilhas. Ricklefs (1987) também mostrou que aspectos ambientais e a similaridade limitante atuam com menor intensidade do que os processos regionais na assembleia de comunidades. Assim, a diversidade da comunidade depende principalmente da diversidade regional.

1.2.2 Processos, escalas e modelos

Como visto, cada um dos paradigmas apresenta os processos pelos quais as assembleias são montadas. No entanto, também é preciso ressaltar que a influência de tais processos e, conseqüentemente, a estrutura das comunidades, altera de acordo com a escala espacial e temporal em questão (BROOKER et al., 2009; LEVIN, 1992; MCGILL, 2010). Na tentativa de um melhor entendimento dos mecanismos de assembleia, muitos autores apresentaram propostas de um quadro conceitual relacionando as escalas aos processos e os padrões das comunidades. Apesar do vasto número de mecanismos, Vellend (2010), em um esquema análogo aos “grande quatro” (*big four*) da genética de populações (seleção, deriva, mutação e fluxo gênico), afirma que a montagem das assembleias, no que se refere a padrões na composição e diversidade, geralmente depende de apenas quatro classes de processos: seleção, deriva, especiação e dispersão. A seleção está relacionada com a diferença determinística na adaptabilidade (*fitness*) entre indivíduos de diferentes espécies, em que tais diferenças seriam selecionadas ou excluídas das comunidades por interações ecológicas denso-dependentes (e.g. competição, predação, mutualismo, parasitismo, etc.) e por filtros ambientais (CHESSON, 2000; DARWIN, 1859). Por tanto, juntamente com o próximo processo, a seleção seria um dos responsáveis pela regulação da abundância das espécies por resultar em diferentes taxas de replicação dos indivíduos das populações das espécies que compõe a comunidade (DARWIN, 1859; VELLEND, 2010). A deriva, processo que estabelece as bases do segundo paradigma citado acima, são eventos estocásticos ou aleatórios, referentes a nascimento, morte e prole, que alteram a abundância relativa das populações das espécies que compõe as comunidades. Entretanto, a deriva também está relacionada a questões como a especiação e dispersão (HUBBELL, 2001). O próximo processo da lista de

Vellend (2010) é a especiação. Um dos responsáveis por adicionar espécies às comunidades, este fator se refere ao processo de diversificação e formação de novas espécies (RICKLEFS, 1987; VELLEND, 2010). Finalmente, a dispersão é definida como o movimento das espécies através do espaço e, junto com a especiação, esse processo é responsável pela adição de novas espécies à comunidade (RICKLEFS, 1987; VELLEND, 2010). Segundo o quadro conceitual apresentado por Vellend (2010), os processos de especiação, deriva e seleção atuam na dinâmica da comunidade nas escalas local, regional e global, enquanto a dispersão faz a inter-relação entre uma escala e a outra mais próxima. Enquanto a especiação e dispersão adicionam espécies às comunidades, suas abundâncias relativas são moldadas pela seleção e deriva (Fig.1).



Figura 1- Os processos de especiação, deriva, seleção e dispersão desempenham seu papel na estruturação das comunidades através das escalas local, regional e global.

Fonte: Adaptado de Vellend (2010).

Outra proposta relevante de um quadro conceitual relacionando padrões, processos e escalas é o apresentado por Belyea e Lancaster (1999), cujos três principais

determinantes que atuam na estruturação das comunidades são as restrições à dispersão e restrições ambientais, que configuram os fatores externos, e as dinâmicas internas, representando os processos internos à comunidade. Neste caso, cada um dos três determinantes exerce seu papel selecionando subconjuntos de espécies que poderão ocorrer em determinado local. Assim, os fatores externos como as restrições ambientais e à dispersão selecionam seus subgrupos a partir do banco de espécies total (BET), estabelecido por processos evolutivos e biogeográficos de larga escala (Fig.2). Restrições ambientais são condições do meio abiótico impostas sobre o banco de espécies total que, como um filtro, selecionam ou excluem espécies de acordo com suas características inerentes, fazendo com que estas possam ou não ocorrer e prosperar em um determinado conjunto de tais condições. Esse novo subgrupo de espécies, selecionadas pelo filtro ambiental, passa a compor o banco de espécies do hábitat (BEH) (Fig.2) (KEDDY, 1992). Ainda no grupo de processos externos, as restrições à dispersão estão relacionadas com a capacidade das espécies do banco total em se movimentar pelo espaço e invadir uma comunidade (HOLYOAK; LEIBOLD; HOLT, 2005). Esses colonizadores em potencial constituem o banco de espécies geográfico (BEG) (Fig.2). A intersecção dos bancos de espécies geográfico e do hábitat, determinados pelas restrições ambientais e à dispersão respectivamente, forma o banco ecológico de espécies (BEE) e, por sua vez, as dinâmicas internas estabelecem o banco de espécies atual (BEA) (Fig.2). Portanto, uma localidade deve conter espécies pertencentes aos cinco bancos de espécies e, à medida em que se amplia a escala, o banco de espécie é determinado pelo processo específico da respectiva escala.

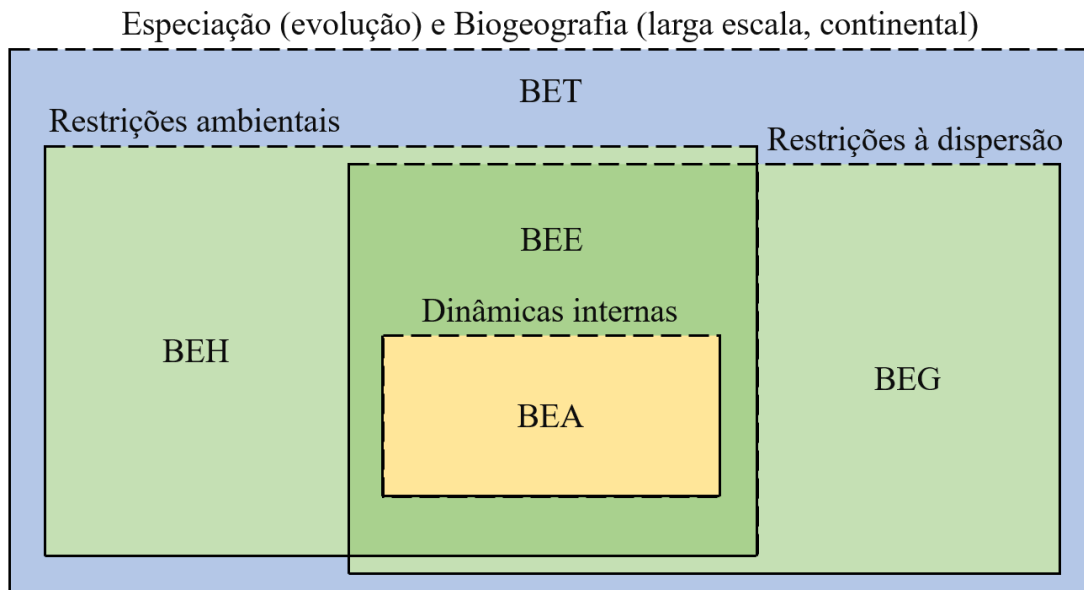


Figura 2- Processos evolutivos e biogeográficos são os responsáveis pelo estabelecimento do banco de espécies total (BET) que sofrerão influência das restrições ambientais e à dispersão para formarem o banco de espécies do hábitat (BEH) e o banco de espécies geográfico (BEG). A sobreposição dos dois bancos forma o banco ecológico de espécies (BEE). Por sua vez, as dinâmicas internas estabelecem o banco de espécies atual (BEA).

Fonte: Adaptado de Belyea e Lancaster (1999).

Embora o quadro conceitual proposto por Vellend (2010) apresente os mesmos processos agindo na estruturação da comunidade através das escalas, muitos autores têm mostrado a influência da escala de análise em seus estudos (e.g. LEVIN, 1992; MCGILL, 2010; MUNKEMULLER et al., 2014; PAVOINE; BONSALL, 2011; SWENSON et al., 2006). Isso ocorre por conta de alguns processos desempenharem seu papel com maior intensidade em determinadas escalas, influenciando a composição de espécies (BROOKER et al., 2009) (Fig. 3).

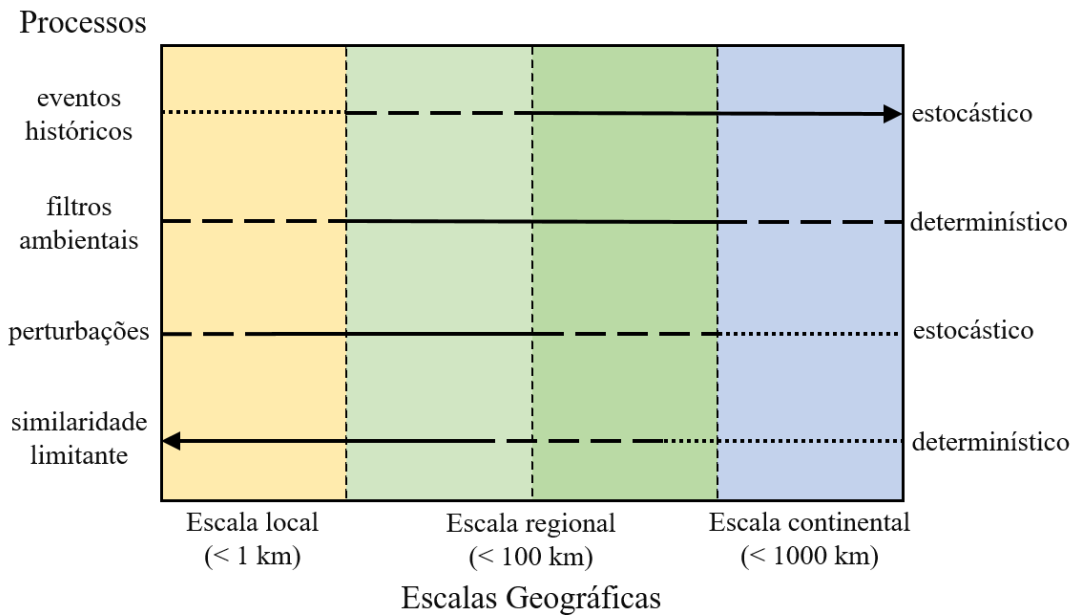


Figura 3- Esquema mostrando a intensidade da influência dos processos nas escalas local, regional e continental. As linhas pontilhadas indicam fraca influência na composição da comunidade. As linhas tracejadas indicam média influência e as linhas contínuas indicam forte influência.

Fonte: Adaptado de Brooker et al. (2009).

1.3 ECOFILOGENÉTICA

A ideia de uma abordagem filogenética em estudos ecológicos data desde Brooks (1985), em seu trabalho sobre ecologia histórica. A partir de então, árvores filogenéticas têm sido amplamente utilizadas, principalmente para quantificar a diversidade de espécies e o histórico evolutivo de um determinado local para fins conservacionistas (FAITH, 1992, 1996). Filogenias também permitem entender melhor os padrões e os processos que estruturam comunidades ecológicas (LOSOS, 1996; WEBB et al., 2002; WEBB, 2000). A composição de uma comunidade ecológica é o resultado da inter-relação entre processos ecológicos (i.e. filtro ambiental e similaridade limitante) e processos históricos (i.e. evolutivos e biogeográficos) (GAUSE, 1934; MACARTHUR; LEVINS, 1967; RICKLEFS, 1987; WEIHER; KEDDY, 2004). No entanto, um estudo que queira conciliar essas duas abordagens encontrará dificuldades em integrá-las por trabalharem em diferentes escalas espaciais e temporais e a falta de ferramentas analíticas (LEVIN, 1992; MOUQUET et al., 2012). Essa lacuna metodológica tem sido preenchida com o uso de filogenias em estudos sobre montagem de comunidades em termos de regras de assembleia e processos históricos em suas diferentes escalas (HARDY; SENTERRE,

2007; LEIBOLD; ECONOMO; PERES-NETO, 2010; SWENSON et al., 2006; WEBB et al., 2002; WEBB, 2000). Neste contexto, a filogenia é utilizada como um indicador da semelhança entre as espécies de uma comunidade, ou seja, um indicador do nicho que ocupam, uma vez que as características se alteram ao longo do processo evolutivo, mas tendem a se manter similares mais entre espécies que compartilham o mesmo ancestral comum exclusivo. Tais alterações ficam registradas como assinaturas nas filogenias. Deste modo, seu uso permite acessar a similaridade ecológica das espécies de uma comunidade, já que a distância filogenética está relacionada com a diferença fenotípica entre elas (WEBB et al., 2002).

Assim, a ecofilogenética pode ser vista como a combinação entre ecologia, biogeografia e macroevolução e tem como principal objetivo compreender os mecanismos que determinam a composição de comunidades locais. Seus métodos incorporam informações filogenéticas, dados sobre as características das espécies e variáveis ambientais (MOUQUET et al., 2012; PAUSAS; VERDÚ, 2010; WEBB et al., 2002). Essa abordagem é possível uma vez que as regras de montagem e os eventos históricos produzem padrões específicos de estrutura fenotípica e filogenética nas comunidades em que atuam, distribuindo as características das espécies de formas diferentes (PAUSAS; VERDÚ, 2010; VAMOSI et al., 2009). Contudo, esses padrões podem ser controversos dependendo da evolução das características (convergente ou conservada), dos processos envolvidos e das escalas de análise, já que podem produzir padrões similares ou inverter os padrões esperados (CAVENDER-BARES; KEEN; MILES, 2006; EMERSON; GILLESPIE, 2008; GOMEZ et al., 2010; HILLERISLAMBERS et al., 2012; MAYFIELD; LEVINE, 2010; SWENSON et al., 2007). A ecofilogenética realiza seus estudos sobre a co-ocorrência de espécies em comunidades a partir de três abordagens metodológicas baseadas na distribuição dos fenótipos, na relação filogenética e nos gradientes ambientais (PAUSAS; VERDÚ, 2010). Nesse tópico discutiremos as principais abordagens da ecofilogenética, suas controvérsias e aplicações.

1.3.1 Metodologia embasada nos fenótipos

A distribuição das características das espécies pode apresentar padrões agrupados ou dispersos. O agrupamento fenotípico é a situação em que as espécies de um determinado banco, apresentam características mais semelhantes entre si do que esperado ao acaso (WEBB et al., 2002). Geralmente, esse padrão é característico de comunidades cujo processo dominante é o filtro de hábitat, que atua selecionando determinadas características das espécies, que as permitem sobreviver e prosperar sob um conjunto de condições ambientais. Por outro lado, quando a competição for o processo dominante, espécies com características semelhantes serão excluídas devido à sobreposição de nichos e, conseqüentemente, à disputa por recursos. Por tanto, a comunidade irá apresentar um padrão disperso de distribuição das características pois, as espécies são menos similares entre si do que esperado ao acaso (KRAFT; VALENCIA; ACKERLY, 2008; RICKLEFS; TRAVIS, 1980; WEIHER; KEDDY, 2004).

1.3.2 Metodologia embasada na filogenia

A partir da perspectiva filogenética, a seleção de características pelo filtro ambiental e competição também resulta em padrões na relação de parentesco entre as espécies selecionadas de um banco regional (KRAFT et al., 2007; WEBB et al., 2002; WEBB, 2000). No entanto, esses padrões também dependem da evolução das características em questão (Fig.4). Um dos tipos de evolução ocorre quando as características são conservadas ao longo da filogenia, ou seja, as espécies mais proximamente aparentadas apresentam pouca variação fenotípica entre si (Fig.4a). Nesse caso, se o processo dominante for o filtro de hábitat, a comunidade irá apresentar um padrão fenotípico e filogenético agrupado. Indicando que as espécies que co-ocorrem são mais semelhantes e mais aparentadas entre si do que esperado ao acaso (Fig.4a, Com-1). Contrariamente, se o processo dominante for a competição, a similaridade entre as espécies irá limitar sua coexistência levando uma delas à extinção local. Então, a comunidade será composta por espécies com características diferentes entre si, resultando em uma dispersão fenotípica. Assim, o padrão filogenético também será disperso, pois as espécies do banco são menos aparentadas entre si do que o esperado ao acaso (Fig.4a, Com-2). O outro tipo de evolução das características ocorre quando estas são convergentes (Fig.4b): espécies distantemente aparentadas possuem características

semelhantes (PAUSAS; VERDÚ, 2010). Nesse contexto, comunidades sob o efeito do filtro de hábitat ainda irão apresentar um padrão fenotípico agrupado, no entanto, filogeneticamente disperso. Apesar das espécies da comunidade serem semelhantes entre si, elas possuem relação de parentesco mais distante (Fig.4b, Com-3). Se a competição for o principal fator estruturador de uma comunidade com uma característica convergente, essa comunidade apresentará em um padrão disperso fenotípico, mas, como não há como prever quais das espécies fenotipicamente semelhantes persistirá com a competição, a estrutura filogenética será aleatória (Fig.4b, Com-4) (PAUSAS; VERDÚ, 2010; WEBB et al., 2002). Com base nesse quadro, muitos pesquisadores têm encontrado padrões não-aleatórios em comunidades através de diversas escalas em seus estudos (e.g. CAVENDER-BARES et al., 2004; HARDY; SENTERRE, 2007; KOZAK et al., 2005; LOSOS et al., 2003; SWENSON et al., 2006).

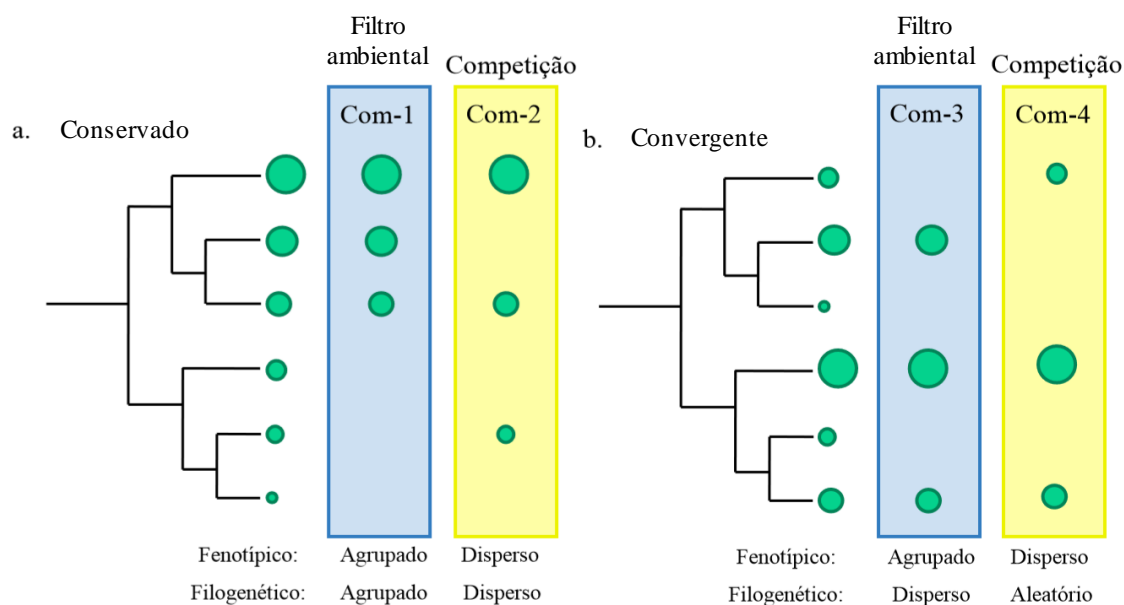


Figura 4- Evolução de uma característica, que pode ser conservada (a) ou convergente (b), juntamente com o processo de assembleia dominante, como o filtro de hábitat ou competição, determinam o padrão de distribuição fenotípica e filogenética da comunidade.

Fonte: Adaptado de Pausas e Verdú (2010).

Contudo, estudos recentes têm mostrado que esse quadro hipotético proposto por Webb et al. (2002), conhecido como a hipótese da competição de parentesco, possui uma

visão simplista e dicotômica. Isso porque a similaridade limitante e o filtro de hábitat não são os únicos processos que estruturam as comunidades (CAHILL et al., 2008; CAVENDER-BARES et al., 2009; GRIME, 2006; HILLERISLAMBERS et al., 2012; MAYFIELD; LEVINE, 2010; WILSON, 2007). É preciso considerar outros tipos de interações ecológicas e seus níveis tróficos, eventos estocásticos e processos evolutivos ou biogeográficos (CAVENDER-BARES et al., 2009; HUBBELL, 2001; KEMBEL; HUBBELL, 2006; KEMBEL, 2009; RICKLEFS, 1987; VELLEND et al., 2014; WEIHER; KEDDY, 2004). Além disso, a atuação mútua entre o filtro ambiental e a competição pode obscurecer os efeitos um do outro. Neste caso, comunidades locais são compostas por espécies proximamente aparentadas que possuem similaridade ecológica, e por espécies menos aparentadas com traços diferentes (LOVETTE; HOCHACHKA, 2006). Também, é importante considerar a escala de análise, seja espacial, temporal ou taxonômica (CAVENDER-BARES; KEEN; MILES, 2006; EMERSON; GILLESPIE, 2008; MUNKEMULLER et al., 2014; SWENSON et al., 2006, 2007). Embora estudos apontam para a existência de uma hierarquia entre processos evolutivos, ecológicos e estocásticos, a complexidade em definir comunidades em termos espaciais e taxonômicos, dificulta as análises (LAVERGNE et al., 2010; VAMOSI et al., 2009).

Várias interações ecológicas e processos não considerados na hipótese da competição de parentesco também podem resultar em padrões filogenéticos dispersos, agrupados ou aleatórios (CAVENDER-BARES et al., 2009). A própria competição é capaz de resultar em um padrão filogenético agrupado se a característica que confere maior habilidade competitiva for conservada (MAYFIELD; LEVINE, 2010). A facilitação é outro exemplo de interação ecológica que pode favorecer a coexistência de espécies de plantas distantemente aparentadas. Desse modo, comunidades cuja montagem é determinada pela facilitação apresentam dispersão filogenética (VALIENTE-BANUET; VERDU, 2007). Por outro lado, a polinização pode resultar em padrões tanto agrupado quanto disperso, isso se a evolução das características do polinizador forem conservadas (SARGENT; ACKERLY, 2008). Características comportamentais também podem interferir nos padrões filogenéticos da comunidade. No caso das aves, é comum a ocorrência de bandos mistos devido às vantagens que essa associação interespecífica proporciona (MOYNIHAN, 1962; SRIDHAR; BEAUCHAMP; SHANKER, 2009). Embora Gomez et al. (2010) tenham considerado bandos mistos em seu estudo, o efeito desse comportamento na estrutura filogenética ainda não foi ampla e explicitamente testado. No entanto, a ocorrência de bandos mistos pode levar à dispersão filogenética em

escalas locais. Essa hipótese é fundamentada no fato de que, mesmo pertencendo à mesma guilda, a competição tem pouco efeito na coexistência de espécies distantemente aparentadas em bandos (GRAVES; GOTELLI, 1993).

Interações tróficas como a relação entre parasitas e hospedeiro e a herbivoria entre inseto e planta, também podem resultar em padrões filogenéticos disperso, agrupado ou aleatório. Espécies proximamente aparentadas tendem a compartilhar pestes e patógenos, reduzindo a capacidade de sobrevivência de suas plântulas e a habilidade competitiva, levando à dispersão filogenética em escala local (GILBERT; WEBB, 2007; WEBB; GILBERT; DONOGHUE, 2006; WEIBLEN et al., 2006). Entretanto, interações tróficas entre herbívoros e patógenos e plantas, determinam a estrutura filogenética da comunidade sob a ação conjunta de três variáveis: (1) a intensidade das interações, (2) o grau de especialização das interações e (3) a quantidade de características conservadas ou convergentes encontradas na defesa da presa ou do hospedeiro contra níveis tróficos superiores (CAVENDER-BARES et al., 2009). Comunidades de plantas são predadas de formas diferentes, algumas com maior ou menor intensidade do que outras. Em casos de maior complexidade trófica, onde ocorre maior diversidade e abundância de parasitas e herbívoros, a influência destes na comunidade será maior do que o filtro de hábitat e a competição (CARSON; ROOT, 2000). Dificilmente herbívoros e patógenos possuem uma relação estritamente específica com uma planta, no entanto, herbívoros dominantes tendem a apresentar forte sinal filogenético em sua dieta (AGRAWAL; FISHBEIN, 2006). Por fim, estudos mostram que, na maioria dos casos, as características de defesa das plantas são filogeneticamente conservadas pois, alguns insetos se alimentam apenas de um grupo específico de espécies de determinadas famílias ou gêneros (COLEY et al., 2005; FINE et al., 2006).

1.3.3 Metodologia embasada no ambiente

Ainda tendo o quadro de Webb (ver tabela 1 de WEBB et al., 2002) como base teórica, nessa abordagem o principal determinante do processo de assembleia seria a resposta das espécies às condições ambientais. No entanto essa resposta depende das características das espécies em análise. (PAUSAS; VERDÚ, 2010). Assim, a resposta das espécies ao ambiente indicaria qual o processo é responsável pela coexistência das

espécies em uma determinada comunidade. Além de considerar as características das espécies, essa abordagem considera também variáveis referentes às condições ambientais (CAVENDER-BARES et al., 2004; GOMEZ et al., 2010). Nesse caso, o padrão de estrutura da comunidade também depende se a evolução das características é conservada ou convergente (PAUSAS; VERDÚ, 2010).

1.3.4 Aplicações

Além de permitir um melhor entendimento dos processos de assembleia, o uso de informações filogenéticas em ecologia tem sido amplamente aplicado em um contexto de conservação. Por meio do índice de diversidade filogenética, por exemplo, é possível identificar locais específicos para a conservação da biodiversidade e recursos. Esses pontos de diversidade são estabelecidos considerando o número de táxons, a raridade de alguns e o tempo evolutivo (FAITH, 1992, 1996; FOREST et al., 2007). O índice de diversidade filogenética também é um bom indicador da qualidade do ecossistema. Quanto maior seu valor, melhor o funcionamento e maior a produtividade e estabilidade dos ecossistemas. Isso porque a diversidade filogenética também é um representante da diversidade de funções ecológicas desempenhadas pelas espécies (CADOTTE; ALBERT; WALKER, 2013; CADOTTE; DINNAGE; TILMAN, 2012; SRIVASTAVA et al., 2012). Além disso, recentemente a ecofilogenética vem sendo aplicada em estudos sobre os impactos das mudanças globais na biodiversidade. A mudança climática é considerada uma das principais ameaças à diversidade. Contudo, é difícil prever a resposta da biodiversidade frente aos seus impactos (LAVERGNE et al., 2010). Estudos que possuem uma abordagem evolutiva mostraram que os impactos das mudanças climáticas causam alterações na árvore da vida (DAVIS et al., 2010; THUILLER et al., 2011).

A alteração e perda do hábitat pelo uso da terra também são ameaças cujos efeitos podem ser analisados a partir de informações filogenéticas. Por exemplo, a intensificação da agricultura reduz a diversidade filogenética de aves e a quantidade de histórico evolutivo (CORBELLI et al., 2015; FRISHKOFF et al., 2014; MEYNARD et al., 2011; NDIRIBE et al., 2013). Outra consequência do uso da terra é a perda e fragmentação do hábitat. Sabe-se que, em alguns casos, a fragmentação causa a perda da diversidade

filogenética (ARROYO-RODRÍGUEZ et al., 2012; SANTOS et al., 2014). No entanto, pouco se conhece sobre como seus efeitos influenciam nas comunidades.

1.4 FRAGMENTAÇÃO E ECOFILOGENÉTICA

Analisado em nível de paisagem, a fragmentação do habitat é um processo de perda e descontinuidade do hábitat original, reduzindo-o a várias manchas de menor tamanho e isoladas entre si por uma matriz de hábitat diferente do original (EWERS; DIDHAM, 2006; FAHRIG, 2003). Esse processo pode ter origem tanto natural quanto antropogênica (FAHRIG, 2003; WATSON, 2002). No entanto, a fragmentação antropogênica tem ocorrido em escala superior à natural (ANDREN, 1994; EWERS; DIDHAM, 2006). Sua causa se deve principalmente à expansão das fronteiras agrícolas sobre florestas tropicais, inserindo as manchas de habitats restantes em matrizes de plantações e pastagem (FOLEY et al., 2005; GIBBS et al., 2010). Os impactos da perda e fragmentação do hábitat causado pelo uso da terra são as maiores ameaças à biodiversidade de ambientes tropicais terrestres, que abrigam a maior diversidade de espécies do planeta (JENKINS; PIMM; JOPPA, 2013; PIMM; RAVEN, 2000; SALA, 2000; WILLIG; KAUFMAN; STEVENS, 2003). Assim, entender a resposta da biodiversidade frente à fragmentação, tem sido um dos principais objetivos para estudiosos conservacionistas (FAZEY; FISCHER; LINDENMAYER, 2005). Contudo, muitos e diferentes paradigmas de análise têm surgido devido aos vários subcomponentes da modificação da paisagem e restrição desses paradigmas conceituais têm limitado os avanços no tema da fragmentação (FISCHER; LINDENMAYER, 2007; HAILA, 2002).

A fim de melhorar os estudos e o manejo em paisagens fragmentadas, Fischer e Lindenmayer (2007) propuseram um quadro conceitual com uma visão holística entre os diferentes temas de pesquisa em ecologia de paisagens. Segundo os autores, existem principalmente duas abordagens nas quais as diversas linhas de pesquisa se baseiam para estudar os efeitos de fragmentação sobre a biodiversidade, a orientada nas espécies e a orientada nos padrões. A abordagem orientada nas espécies foca na resposta individual de uma espécie ao ambiente, assumindo que essa resposta depende de seus requerimentos ecológicos relacionados aos fatores exógenos do ambiente (e.g. recursos e condições climáticas) e aos fatores endógenos (e.g. interações interespecíficas). Sua limitação

consiste no fato de que, em um estudo, é impossível considerar todas as espécies de uma paisagem (FISCHER; B LINDENMAYER, 2006; FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Por sua vez, a abordagem orientada nos padrões relaciona as medidas de paisagem, a partir de uma percepção humana, com os índices de diversidade e riqueza de espécies. A limitação dessa abordagem é subestimar a complexidade dos processos ecológicos e a diferença entre as espécies. Apesar de teórica e metodologicamente diferentes, as duas abordagens são complementares (FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Nesse contexto, a incorporação de informações filogenéticas no estudo dos impactos da fragmentação, resolveria as limitações das duas abordagens e adicionaria uma nova a esse quadro conceitual, a evolutiva. Além disso, seria metodologicamente possível abordar as três perspectivas em conjunto. Isso porque a ecofilogenética permite considerar o histórico evolutivo de cada espécie, bem como suas características e os processos ecológicos envolvidos na assembleia. Discutiremos os principais pontos sobre a fragmentação considerados nas duas abordagens que estão relacionados a esse estudo e como afetam a biodiversidade. Também, discutiremos como a ecologia filogenética pode contribuir para o avanço nas pesquisas de paisagens alteradas.

1.4.1 Abordagem orientada nas espécies

Os efeitos negativos da fragmentação sobre as espécies podem ser divididos em exógenos e endógenos (FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Dentre as ameaças exógenas, um dos primeiros e principais impactos que afeta a biodiversidade em escala global é a perda de hábitat (FAHRIG, 2003; SALA, 2000). No entanto, grande parte dos estudos tem ignorado a percepção de hábitat para as espécies ao simplesmente considerar hábitat como vegetação nativa (ANDREN, 1994; FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Apesar da vegetação nativa ter grande importância, muitas espécies nativas e a biodiversidade podem persistir mesmo em uma paisagem antrópica, caso seja bem manejada (FAHRIG et al., 2011; FISCHER; LINDENMAYER, 2007).

O isolamento entre as manchas de hábitat é outra ameaça exógena às espécies. Isso porque o isolamento das manchas de hábitat em meio a matriz podem conduzir a uma estrutura espacial de metapopulação e metacomunidade (COLLINGE, 2009; DRISCOLL, 2008). No entanto, as dinâmicas metapopulacionais e de metacomunidade

dependem principalmente da movimentação de indivíduos pela paisagem, que é dificultada pela distância entre os habitats (DRISCOLL, 2008; HANSKI; GILPIN, 1991; HOLYOAK; LEIBOLD; HOLT, 2005). Além disso, ao reduzir a movimentação das espécies, o isolamento pode prejudicar tanto deslocamentos diários em pequena escala quanto eventos de migração e alterações da distribuição em consequência das mudanças climáticas (FISCHER; LINDENMAYER, 2007; LUCK; DAILY, 2003; SOULÉ et al., 2004).

Por sua vez, as ameaças endógenas causadas pela fragmentação, estão relacionadas a alterações na biologia das espécies como o comportamento e as interações ecológicas. Por isolar as comunidades em manchas de habitats onde os recursos tendem a ser mais escassos, a fragmentação pode aumentar a competição entre as espécies, principalmente entre as ecologicamente similares (FOX; FOX, 2000; LAURANCE, 2008). Além disso, outras consequências negativas da fragmentação já foram evidenciadas em aves, como aumento da predação e o parasitismo de seus ninhos, diminuição do período reprodutivo, diminuição da taxa reprodutiva e o número de ovos (HINSLEY; ROTHERY; BELLAMY, 1999; ROBINSON, 1995; ZANETTE; DOYLE; TRÉMONT, 2000). Também podem ocorrer mudanças no comportamento das espécies, como alterações na dispersão, na movimentação e nos padrões de vocalização (BROOKER; BROOKER, 2002; LINDENMAYER; CUNNINGHAM; LINDENMAYER, 2004; NORRIS; STUTCHBURY, 2001).

1.4.2 Abordagem orientada nos padrões

A abordagem orientada nos padrões relaciona os padrões das paisagens, como quantidade, tamanho e conectividade das manchas com índices de riqueza e diversidade de espécies (FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Considerando que a perda do habitat é um dos principais responsáveis pela extinção de espécies, a quantidade de habitat na paisagem é um fator importante para a conservação (ANDREN, 1994; FAHRIG, 2003; SALA, 2000). O efeito positivo da quantidade de habitat sobre a riqueza de espécies se deve principalmente pela relação espécie-área (ARRHENIUS, 1921; MCGUINNESS, 1984). Essa relação ocorre pois, áreas maiores possuem maior área de habitats intactos, das quais muitas espécies dependem (HARRIS, 1984). Também, possuem maior taxa de

colonização do que extinção, já que são mais propensas a receber ao acaso espécies distribuídas nas manchas pela paisagem (CONNOR; MCCOY, 1979; MACARTHUR; WILSON, 1967).

Contudo, esses dois últimos fatores dependem também da conectividade entre as manchas (LEIBOLD et al., 2004; MACARTHUR; WILSON, 1967). A conectividade é entendida de diferentes formas na literatura, mas sua função é garantir ou facilitar a movimentação dos indivíduos pela paisagem (FISCHER; LINDENMAYER, 2007; TAYLOR et al., 1993). Essa movimentação pode ser promovida pela proximidade entre os habitats, por corredores ecológicos, pela conexão estrutural entre os fragmentos e por *stepping stones* (COLLINGE, 2009; DIAMOND, 1975b; MADER, 1984; TAYLOR et al., 1993; UEZU; METZGER; VIELLIARD, 2005). Por sua vez, a movimentação mantém as dinâmicas populacionais e permite que indivíduos busquem por recursos em outras manchas, reduzindo o risco de extinção local (TAYLOR et al., 1993). Desse modo, quanto maior a quantidade de habitat e mais conectadas as manchas na paisagem, maior a riqueza de espécies de suas comunidades em escala local e melhor o funcionamento ecossistêmico (DEBINSKI; HOLT, 2000; SMITH; FAHRIG; FRANCIS, 2011; STADDON et al., 2010).

1.4.3 Abordagem evolutiva

Estudos em ecologia filogenética têm relacionado os padrões fenotípicos e filogenéticos das comunidades com processos evolutivos e ecológicos como o filtro ambiental, a similaridade limitante e processos neutros (EMERSON; GILLESPIE, 2008; KEMBEL; HUBBELL, 2006; WEBB et al., 2002). No contexto da fragmentação, as novas condições ambientais impostas atuam como um filtro ambiental, selecionando espécies que possuem características que as permitam prosperar nesses ambientes e excluir as que não possuem tais características (ANDREN, 1994; BELL; DONNELLY, 2006; MCKINNEY; LOCKWOOD, 1999; STADDON et al., 2010). Assim, a fragmentação poderia interferir na estrutura filogenética das comunidades. Além disso, a ecofilogenética considera as diferenças fenotípicas e filogenéticas entre as espécies de uma comunidade e pode incorporar dados de abundância em suas análises (CADOTTE et al., 2010; CAVENDER-BARES et al., 2009; WEBB et al., 2002). Outro ponto

importante, é a crescente consciência de se considerar a variação intraespecífica das características bem como a plasticidade fenotípica, uma vez que esses fatores podem influenciar na interação entre as espécies e sua resposta às condições ambientais (ABRAMS; CORTEZ, 2015; BOLNICK et al., 2011; BURNS; STRAUSS, 2012; KNEITEL; CHASE, 2004). A abordagem evolutiva pode também aprimorar o foco da abordagem orientada nos padrões, que é relacionar os padrões da paisagem com índices de diversidade. Nesse caso, a relação seria entre os padrões de estrutura fenotípica e filogenética e os índices de diversidade filogenética com os padrões da paisagem.

Na literatura há poucos estudos sobre fragmentação a partir de uma perspectiva evolutiva. Contudo, muitos deles mostram fortes evidências da relação entre a fragmentação e a diversidade e estrutura filogenética das comunidades. Por exemplo, em um contexto de metacomunidade, Aizen et al. (2016) encontraram que a congruência co-filogenética de redes de interações entre planta e polinizador aumentam com o tamanho e o isolamento das manchas de hábitat. Isso porque quanto mais isoladas as manchas, menor a probabilidade de ocorrência de espécies invasoras interferindo na relação coevolutiva entre plantas e polinizadores. O tamanho da área também foi importante para o aumento da diversidade filogenética de plantas, já que quanto maior a área mais filogeneticamente dispersa é a comunidade (ANDRADE et al., 2015; SANTOS et al., 2014). Em comunidades de morcegos, o tamanho do fragmento e a proximidade entre eles afetou positivamente sua diversidade filogenética (CISNEROS; FAGAN; WILLIG, 2015). O efeito de borda é outro componente da fragmentação que afeta negativamente a relação de parentesco entre espécies de plantas. Embora os padrões de estrutura filogenética não tenham sido influenciados pela borda, a diversidade filogenética foi menor nessas áreas do que no interior dos fragmentos (PERALTA et al., 2015; SANTOS et al., 2010). Contrariamente, Arroyo-Rodríguez et al. (2012) não encontraram relação entre a diversidade e o padrão filogenético com a fragmentação. Segundo os autores, a fragmentação é um processo que pode ocorrer de maneira aleatória ou uniforme. Assim, a extinção local não ocorreu em linhagens inteiras de árvores. Contudo, esse resultado pode ser consequência do tempo de resposta dos organismos à fragmentação, já que a alteração da paisagem pode ser um fenômeno recente em alguns locais (HELM; HANSKI; PÄRTEL, 2006; MUNGUIA-ROSAS et al., 2014).

2 PERDA DE DIVERSIDADE FILOGENÉTICA E ALTERAÇÃO DA ESTRUTURA FILOGENÉTICA EM COMUNIDADES DE AVES EM PAISAGENS FRAGMENTADAS

Florestas tropicais abrigam a maior e mais ameaçada diversidade de espécies do planeta (JENKINS; PIMM; JOPPA, 2013; PIMM; RAVEN, 2000; WILLIG; KAUFMAN; STEVENS, 2003). Resultado da expansão das fronteiras agrícolas, que insere as manchas de habitats restantes em matrizes de não-habitat, a perda e fragmentação do habitat são as principais causas do declínio da diversidade (GIBBS; STANTON, 2001; RAMANKUTTY; FOLEY, 1999; SALA, 2000). Compreender os efeitos dessas ameaças sobre a diversidade se tornou um objeto de estudo para muitos ecólogos e conservacionistas. No entanto, a maioria dos estudos apenas considera os efeitos da fragmentação sobre a riqueza e abundância das espécies, ignorando a relação de parentesco entre elas (FAZEY; FISCHER; LINDENMAYER, 2005; FISCHER; LINDENMAYER, 2007; HARPER; HAWKSWORTH, 1994). Assim, informações filogenéticas têm sido usadas como indicador da relação de parentesco e proximidade ecológica das espécies e têm um reconhecido valor em conservação (FAITH, 1992; FOREST et al., 2007). Além disso, filogenias têm permitido inferir a diversidade através da distância evolutiva, calculada pela soma total do comprimento dos ramos de todas as espécies de uma comunidade (Phylogenetic diversity – PD) (FAITH, 1992). Também, filogenias permitem avaliar como regras de assembleia padrões de coexistência a partir da estrutura filogenética e da evolução de características que permitem a persistência de certas espécies ou linhagens na comunidade (WEBB et al., 2002).

Por alterar as condições ambientais naturais, a fragmentação pode agir como filtro ambiental, selecionando espécies por características que as permitam prosperar nesses ambientes e alterar a composição das comunidades (ANDREN, 1994; BELL; DONNELLY, 2006; MCKINNEY; LOCKWOOD, 1999; STADDON et al., 2010). Principalmente porque em diversos táxons, inclusive aves, há uma relação entre características de história de vida e a fragmentação (BARBARO; VAN HALDER, 2009). Também, a afinidade em ocupar tipos específicos de habitats, até mesmo ambientes alterados, pode ser conservado em algumas linhagens de aves (FRISHKOFF et al., 2014; GIANUCA et al., 2014). No entanto, pouco se sabe sobre como a perda e fragmentação do habitat afeta a estrutura e a diversidade filogenética de comunidades de animais

(AIZEN et al., 2016; CISNEROS; FAGAN; WILLIG, 2015). Estudos sobre plantas de florestas tropicais descobriram que fragmentos naturais e experimentais causam redução da PD e alteração da estrutura filogenética (MUNGUIA-ROSAS et al., 2014; SANTOS et al., 2014). Contudo, não encontraram essa relação em fragmentos antrópicos (ARROYO-RODRÍGUEZ et al., 2012; SANTOS et al., 2010).

Além de preencher esta lacuna no conhecimento, entender como a fragmentação afeta as comunidades pode ajudar a traçar estratégias e localizar áreas prioritárias para a manutenção da diversidade filogenética. Comunidades com maior diversidade filogenética possuem maior estabilidade, produtividade e melhor funcionamento dos ecossistemas (CADOTTE; ALBERT; WALKER, 2013; CADOTTE; DINNAGE; TILMAN, 2012; SRIVASTAVA et al., 2012b). Portanto, nosso estudo objetiva testar se a perda e fragmentação florestal alteram estrutura filogenética e PD de comunidades de aves florestais. Nossa hipótese é a de que a fragmentação age como filtro ambiental sobre certas características, estruturando as comunidades de aves em padrão filogenético agrupado em paisagens altamente fragmentadas e dispersas em paisagens menos fragmentadas. Também, a perda e fragmentação afeta negativamente a PD. Assim, esperamos que em paisagens altamente fragmentadas, comunidades apresentem agrupamento filogenético e baixo PD.

2.1 MATERIAIS E MÉTODOS

A metodologia utilizada nesse estudo está detalhada nos tópicos abaixo.

2.1.1 Área de estudo

Nosso estudo foi realizado em paisagens distribuídas nas ecorregiões florestais do Alto Paraná, Mata de Araucárias e Serra do Mar, pertencentes a Mata Atlântica (Fig.1). Abrangendo uma extensão de 1.200.000 km², a área de estudo apresenta condições ambientais heterogêneas. Sua variação latitudinal e longitudinal é de aproximadamente 10° e se estende tanto pelas regiões tropicais como subtropicais, com variações

altitudinais de até 1200m. Principalmente na ecorregião da Serra do Mar, essas variações topográficas interferem no padrão de distribuição da precipitação na área em função das chuvas orográficas oriundas do litoral. Embora as delimitações das ecorregiões apresentem variações em relação às ecorregiões usadas neste estudo Ribeiro et al., (2009) determinaram que a Serra do Mar possui 32.2% de cobertura vegetal remanescente; Araucária, 12.6% e Alto Paraná, 7.0%. Das florestas remanescentes, 25.2% delas estão sob proteção na Serra do Mar, 6.8% no Alto Paraná e, apenas, 3.1% na Mata de Araucária (OLSON et al., 2001).

2.1.2 Seleção dos dados ecológicos e desenho experimental

Os dados sobre a ocorrência das espécies de aves foram obtidos a partir de uma compilação de artigos, teses e dissertações com registros georreferenciados feitos em fragmentos florestais de Mata Atlântica. A pesquisa foi realizada por meio do Web of Science, Zoological Record, Biological Abstracts e Biblioteca Digital Brasileira de Teses e Dissertações e Banco de Teses da Capes. Para reduzir o viés nas análises, os trabalhos foram selecionados de acordo com alguns critérios: 1) amostragem por redes de neblina em dois períodos do ano; 2) fragmentos florestais amostrados com no mínimo 20 anos de regeneração para padronizar a estrutura vegetacional e o estágio sucessional; 3) amostragens realizadas entre os anos de 2000 e 2008, devido à disponibilidade de imagens de satélite para obtenção das medidas de paisagem. Amostragens inferiores a 200 m e superiores a 1100m foram excluídas. Em função das diferenças nos esforços amostrais, os dados de abundância foram padronizados pelo número de capturas para cada 100 horas/rede, excluindo as recapturas (STOUFFER; BIERREGAARD JR, 1995).

Os pontos de amostragem foram sobrepostos a um mapa de ecorregiões terrestres utilizando o software ArcGIS 10.0 (ESRI, 2010) (OLSON et al., 2001). Foram selecionados somente os pontos referentes às ecorregiões do Alto Paraná, Mata de Araucárias e Serra do Mar por apresentarem estrutura florestal semelhante. Em razão de alguns pontos estarem muito próximos, foi estabelecido um círculo com 500 m de raio e excluídos os que eram sobrepostos. Deste modo, os pontos amostrais ficaram a uma distância mínima de 1 km. Após todo o procedimento, restaram 83 pontos onde o conjunto de espécies amostradas em cada ponto foi considerado uma comunidade.

2.1.3 Medidas de paisagem

As medidas de paisagens referentes a quantidade e distribuição da cobertura vegetal foram calculadas em paisagens circulares com raio de 1 km ao redor de cada um dos pontos amostrais. Para isso, utilizamos o mapa do Atlas de Remanescentes da Mata Atlântica, com ano de referência 2005 e resolução espacial de 50 m (SOS MATA ATLÂNTICA; INPE, 2008). Dentro de cada círculo calculamos a porcentagem de cobertura florestal (*Pland*) a conectividade física das manchas (daqui em diante chamada de conectividade estrutural) (*Cohesion*) e o grau de agregação entre elas (*Clumpy*) (Tab.1). Estas medidas foram calculadas com o auxílio do programa *FragstatsTM* (MCGARIGAL et al., 2002).

2.1.4 Filogenia das espécies amostradas

Nos 83 pontos selecionados houve registros de um total de 248 espécies de aves, distribuídas em 36 famílias (BirdLife Taxonomic Checklist v3.0, 2010) (Tab.2). Esse conjunto foi considerado o banco regional de espécies (*pool*), para o qual construímos um cladograma com base na filogenia de aves do mundo (JETZ et al., 2012). Utilizando o software Mesquite 3.04, a construção desse cladograma foi feita através do método estrito por meio de 500 das 10.000 árvores datadas de Hackett et al., (2008) (JETZ et al., 2012; MADDISON; MADDISON, 2015).

2.1.5 Estrutura e diversidade filogenética

As medidas de diversidade e estrutura filogenética das espécies de cada uma das 83 comunidades foram estimadas pelo software Phylocom 4.2 (WEBB; ACKERLY; KEMBEL, 2008). A estrutura filogenética de cada comunidade foi calculada com base em duas medidas: o índice de parentesco líquido (NRI, *net relatedness index*) e o índice do táxon mais próximo (NTI, *nearest taxon index*). Estes índices são formas padronizadas

e derivadas respectivamente das medidas de distância filogenética média par-a-par (MPD, *mean pairwise distance*) e distância filogenética média do vizinho mais próximo (MNND, *mean nearest neighbor distance*, também referido como MNTD, *mean nearest phylogenetic taxon distance*). Os índices NRI e NTI são medidas comparadas a uma hipótese nula gerada por 999 aleatorizações de acordo com o modelo nulo de permutação independente (*Independent swap*). Testamos a significância dos resultados por meio do teste-t bicaudal, dividindo o valor do MPDrankHi da tabela de saída, pelo número de aleatorizações. Desse modo, valores de NRI e/ou NTI positivos com $p \leq 0.05$ indicam agrupamento filogenético e valores negativos com $p \geq 0.95$ indicam dispersão filogenética. Comunidades com valores de p entre 0.05 e 0.95 foram consideradas sem estruturação filogenética (WEBB et al., 2002; WEBB, 2000).

A diversidade filogenética (PD, *phylogenetic diversity*) foi calculada pela soma total do comprimento dos ramos de todos os terminais representados em cada comunidade até a raiz da árvore. Assim, a diferença do comprimento dos ramos entre as espécies corresponde à diferença entre elas em termos de tempo evolutivo. Desse modo, quanto menor o comprimento dos ramos, maior a relação de parentesco e menor a diversidade filogenética da comunidade (FAITH, 1992).

2.1.6 Análise estatística

Todas as análises estatísticas foram feitas no ambiente computacional R, usando os pacotes *BBMLE* e *lme4* (R CORE TEAM, 2014). Avaliamos a relação entre a estrutura filogenética com as medidas da paisagem por meio de modelos de regressão logística para distribuição binomial dos dados (GLM). Nessas análises, consideramos apenas as comunidades agrupadas e dispersas obtidas através dos valores NRI e/ou NTI significativos. Testamos o efeito da fragmentação sobre a PD por meio da construção e seleção de modelos de regressão lineares e não lineares simples e múltiplos (modelos lineares generalizados (GLM), modelos generalizados lineares mistos (GLMM) e modelos aditivos generalizados (GAM)). Os modelos apresentaram diversidade filogenética como variável resposta, as medidas da paisagem como variável preditiva e a altitude como variável preditiva ou randômica (Tab.3).

Selecionamos os melhores modelos através do critério de informação de Akaike corrigido para amostras pequenas (AICc). Assim, estimamos os valores de ΔAICc (diferença no valor de AICc entre o melhor modelo e o valor de AICc de todos os outros) e pesos para os AICcs (i.e. $w\text{AICc}$). Os pesos referem-se à contribuição relativa de um determinado modelo em explicar os padrões observados em uma estrutura de dados, dado uma lista de modelos concorrentes. Consideramos como modelos plausíveis aqueles que apresentaram os seguintes critérios: 1) valor do ΔAICc menor que 2; 2) $w\text{AICc}$ maior 0,1; modelo nulo (representando a ausência de efeito) com ΔAICc maior que 2; 3) análise de resíduo com distribuição normal (teste de Pearson) (Tab.4 e 5). Além disto, identificamos a intensidade do efeito da variável preditiva por meio do Wald-test (Tab.6).

2.2 RESULTADOS

Das 83 comunidades de aves analisadas, 81.93% (n=68) apresentaram padrão filogenético aleatório, 10, 84% (n=9) agrupado e 7.23% disperso (n=6). Excluindo as comunidades com padrões aleatórios, observamos que a conectividade estrutural na paisagem (*Cohesion*) interferiu na estrutura filogenética das comunidades (Tab.4, Fig.2). As comunidades com agrupamento filogenético (i.e., NRI e/ou NTI com valor positivo e significativo) ocorreram nas paisagens menos conectadas e as com dispersão filogenética (i.e., NRI e/ou NTI com valor negativo e significativo) nas mais conectadas. Testamos as relações com as outras variáveis preditivas (*Pland* e *Clumpy* e a altitude), mas os modelos não foram válidos.

A partir da seleção de modelos, pudemos verificar os efeitos positivos que a quantidade de hábitat (*Pland*) e grau de agregação das manchas (*Clumpy*) exercem sobre PD (Tab.5 e 6, Fig. 3). Estes fatores atuam de maneira independente, mas seus efeitos são condicionados pela altitude. Assim, os maiores valores de diversidade filogenética foram encontrados nas comunidades inseridas em paisagens com maior quantidade de hábitat, maior grau de agregação das manchas e em maiores altitudes. Testamos as outras variáveis preditivas da paisagem, mas não detectamos efeito sobre a diversidade filogenética.

2.3 DISCUSSÃO

Nossos resultados mostraram que a perda e fragmentação do habitat podem atuar como um filtro ambiental, interferindo sobre os padrões filogenéticos e sobre a diversidade filogenética. Especificamente a conectividade estrutural da paisagem interferiu no padrão filogenético, gerando um padrão disperso em paisagens menos conectadas e agrupada em conectadas. Por outro lado, o aumento na perda de habitat e o isolamento entre as manchas provocaram a redução na diversidade filogenética, com intensidades distintas dependendo da altitude em que se encontra a comunidade. No entanto, o padrão filogenético aleatório da maioria das comunidades analisadas neste estudo pode ser resultante de diversos processos inclusive a fragmentação, como discutiremos mais adiante.

2.3.1 Fragmentação e estrutura filogenética

A conectividade estrutural é fundamental para a manutenção das populações por aumentar a taxa de migração e a probabilidade de colonização (TAYLOR et al., 1993). Outro mecanismo que é favorecido pela conectividade é o efeito resgate, que reduz as chances de extinção das populações locais ou mesmo aceleram os processos de recolonizações, resultando em um número de espécies maior do que o esperado em paisagens com baixa conectividade (DIAMOND, 1975b). No entanto, as espécies não respondem da mesma forma à fragmentação, determinadas características tornam as espécies mais vulneráveis ou fazem com que outras sejam beneficiadas (BARBARO; VAN HALDER, 2009; FARNEDA et al., 2015; PAVOINE et al., 2014). A massa corporal, por exemplo, é altamente conservada entre aves e um dos principais indicadores de sensibilidade à fragmentação, de modo que aves de maior massa são negativamente afetadas (BARBARO; VAN HALDER, 2009; FARNEDA et al., 2015; LAIOLO et al., 2015). Portanto, espécies de menor massa corporal provavelmente prosperaram em paisagens com menor conectividade estrutural, resultando no agrupamento filogenético dessas comunidades. Por outro lado, a dispersão filogenética nas comunidades em paisagens com maior conectividade estrutural pode ser consequência da influência da

competição sobre a massa corporal, resultando na coexistência de espécies fenotípica e filogeneticamente distantes (WEBB et al., 2002). Além disso, o padrão disperso também pode ser devido ao fato de a conectividade estrutural beneficiar espécies estritamente florestais, que é uma característica convergente em aves (LAILOLO et al., 2015; UEZU; METZGER; VIELLIARD, 2005).

A estrutura filogenética aleatória da maioria das comunidades possivelmente se deve tanto a processos baseados no nicho quanto a processos estocásticos. Em comunidades naturais, onde as condições ambientais são amenas, a competição e os eventos estocásticos podem influenciar sua estrutura (GRAHAM et al., 2009; KEMBEL; HUBBELL, 2006). No entanto, a fragmentação também pode intensificar esses processos por isolar as comunidades em manchas de habitats onde os recursos são escassos e as colocar em um contexto de metacomunidade (AIZEN et al., 2016; DRISCOLL, 2008; LAURANCE, 2008). Assim, o padrão aleatório pode ter se estabelecido antes mesmo da fragmentação e, por ser um fenômeno recente em alguns locais, a biodiversidade ainda não tenha respondido aos seus efeitos (HELM; HANSKI; PÄRTEL, 2006; MUNGUIA-ROSAS et al., 2014). Por outro lado, o padrão aleatório pode ser um efeito da própria fragmentação por não extinguir linhagens inteiras e sim espécies dispostas ao acaso na filogenia (ARROYO-RODRÍGUEZ et al., 2012). Em ambos os casos, a atuação da competição sobre características convergentes resultaria em estrutura filogenética aleatória. Desse modo, a comunidade seria composta por espécies localizadas aleatoriamente ao longo da filogenia (WEBB et al., 2002). Também, é possível que a atuação conjunta do filtro ambiental com a competição obscureça o efeito um do outro e a comunidade seja filogeneticamente aleatória (HELMUS et al., 2007; LOVETTE; HOCHACHKA, 2006). Por sua vez, o padrão aleatório é comumente encontrado em comunidades onde há a predominância de processos estocásticos associados à neutralidade dos indivíduos das espécies. Segundo essa abordagem, comunidades são influenciadas principalmente por eventos como a dispersão, colonização e extinção que ocorrem ao acaso (HARDY; SENTERRE, 2007; HUBBELL, 2001; KEMBEL; HUBBELL, 2006). Contudo, a partir de nossos resultados é impossível saber quais processos são responsáveis pelo padrão aleatório e se eles ocorreram antes ou depois da fragmentação.

2.3.2 Altitude, fragmentação e PD

Além de ter ocorrido de forma esperada, o forte efeito da altitude sobre a PD contraria estudos sobre gradiente de elevação e PD com diferentes grupos taxonômicos, inclusive aves (CHAZOT et al., 2014; CISNEROS et al., 2014; DEHLING et al., 2014; KLUGE; KESSLER, 2011). Por outro lado, corrobora estudos com amostragens padronizadas em que a riqueza de espécies atinge o valor máximo nas elevações médias de aproximadamente 1400 m (RAHBK, 1995). Nossos dados foram padronizados em horas/rede e os pontos amostrais mais elevados (valor máximo de 1026 m) se encontram nessa faixa de elevação média. Essa questão metodológica pode ter contribuído para esse resultado. Além disso, elaboramos uma explicação com base em dois fatores que possivelmente atuaram juntos para o aumento da PD com a altitude.

O primeiro fator é a composição e a grande riqueza de espécies de aves da Serra do Mar, região que concentra os pontos amostrais mais altos nesse estudo (Tab.3). Sua biodiversidade é resultado do histórico geológico, climático e biogeográfico da Mata Atlântica (CÂMARA, 2003; SILVA; CASTELETI, 2003; JENKINS et al., 2013). Durante o Pleistoceno, oscilações climáticas promoveram sucessivos períodos de conexão e isolamento da Mata Atlântica com outros biomas da América do Sul, como as florestas Amazônica e Andina. O intercâmbio de espécies entre os biomas durante os períodos de conexão e as especiações alopátricas nos períodos de isolamento contribuiu para que a biota da Mata Atlântica seja composta por espécies antigas do Plioceno e espécies recentes do Pleistoceno-Holoceno (CRACRAFT, 1985; SILVA; CASTELETI, 2003). As espécies recentes provavelmente evoluíram em refúgios florestais que se mantiveram isolados e estáveis durante os períodos de clima frio e seco (SILVA et al., 2004; CARNAVAL et al., 2014). Essa dinâmica também resultou em cinco distintos e bem definidos centros de espécies, sendo a região da Serra do Mar o centro de maior riqueza (> 600 spp) e endemismo (15 spp) de espécies de aves (SILVA; CASTELETI, 2003) (JENKINS; PIMM; JOPPA, 2013; TABARELLI et al., 2010). A variedade de nichos gerados pela heterogeneidade de hábitat e as barreiras formadas pelo seu relevo, podem ter sido os responsáveis pelos eventos de especiação durante os longos períodos de isolamento (GRAVES, 1985; RAHBK; GRAVES, 2001; RAHBK et al., 2007). Assim, o tempo de divergência entre as espécies antigas e recentes podem ter contribuído para o aumento da PD com o aumento da elevação. Nesse trabalho, a Serra do Mar é o único centro de espécies dentre as outras ecorregiões.

O segundo fator que pode ter contribuído para o aumento da PD com a altitude está relacionado às condições ambientais das maiores altitudes de nossa área de estudo. Isso

porque os trabalhos sobre elevação e PD citados acima, possuem amostragens em altitudes que ultrapassam os 3000 m. Assim, as condições ambientais extremas de baixa umidade e temperatura das altitudes elevadas foram determinantes na redução da diversidade filogenética. De modo geral, a baixa latitude e as altas temperaturas exigem que a elevação seja muito maior para atingir condições extremas de baixas temperaturas em montanhas tropicais. Ainda mais, a precipitação não apresenta variações ou é maior nas elevações médias dessas montanhas (MCCAIN; GRYTNES, 2010). Na Serra do Mar, sua elevação e a proximidade do litoral proporcionam a ocorrência de chuvas orográficas que mantém a precipitação constante durante todo o ano, alcançando cerca de 4000 mm/ano. Esse valor é maior do que o das nossas outras ecorregiões (CÂMARA, 2003; RIBEIRO et al., 2011). Essas condições reduzem o estresse ambiental nas montanhas da Serra do Mar pelo aumento da disponibilidade de energia e recursos no ecossistema, aumentando a riqueza de espécies (GASTON, 2000; HAWKINS et al., 2003; MCCAIN; GRYTNES, 2010).

Os efeitos positivos da quantidade de hábitat (*Pland*) e agregação das manchas (*Clumpy*) sobre a PD podem ser explicados a partir de um contexto de paisagem, considerando a hipótese espécie-área e a teoria de metacomunidade. Os efeitos positivos dessas variáveis sobre a biodiversidade é bem conhecida na literatura sobre fragmentação (FAHRIG, 2003; FISCHER; LINDENMAYER, 2007). Grandes manchas possuem maior área de hábitat mais preservado e maior variedade de condições ambientais adequadas para diferentes grupos de espécies (HARNER; HARPER, 1976; HARRIS, 1984; KOHN; WALSH, 1994). Manchas grandes também são mais propensas a receber, ao acaso, as espécies distribuídas pelas manchas da paisagem e possuem maior taxa de colonização do que de extinção (CONNOR; MCCOY, 1979; MACARTHUR; WILSON, 1967). Contudo, a taxa de colonização e extinção dependem também da agregação entre as manchas (LEIBOLD et al., 2004; MACARTHUR; WILSON, 1967). Isso porque a movimentação dos indivíduos das espécies na paisagem é promovida pela proximidade entre as manchas de hábitats (MADER, 1984). Por sua vez, a movimentação mantém as dinâmicas populacionais e permite que indivíduos busquem por recursos em outras manchas, reduzindo o risco de extinção local (TAYLOR et al., 1993). Desse modo, quanto maior a quantidade de hábitat e mais agregadas as manchas na paisagem, maior a riqueza de espécies de suas comunidades em escala local (DEBINSKI; HOLT, 2000; SMITH; FAHRIG; FRANCIS, 2011).

Devido a pouca quantidade de estudos sobre fragmentação e PD grande parte dos trabalhos citados nessa discussão utilizaram índices de diversidade que consideram somente a identidade taxonômica das espécies e sua abundância relativa (ARROYO-RODRÍGUEZ et al., 2012; CISNEROS; FAGAN; WILLIG, 2015; MUNGUIA-ROSAS et al., 2014; SANTOS et al., 2010, 2014). Consideramos esses estudos pois, o índice de PD apresenta respostas semelhantes ao índice de riqueza de espécies por ser matematicamente dependente desta (DAVIES et al., 2007; PAVOINE; BONSAI, 2011; TUCKER; CADOTTE, 2013). Contudo, é importante o uso do índice de diversidade filogenética nesse estudo por este expressar a distância evolutiva entre as espécies, permitindo uma análise dos efeitos da fragmentação em um contexto evolutivo (FAITH, 1992).

2.3.3 Direções futuras

Estudos que almejam entender a resposta da diversidade filogenética e padrões de estrutura fenotípica e filogenética de comunidades ecológicas frente à fragmentação devem considerar alguns fatores. Um deles são os processos históricos e biogeográficos de grande escala como especiação e radiação adaptativa. Isso porque a composição de comunidades ecológicas sofre grande influência do banco regional de espécies que é determinado por esses processos (RICKLEFS, 1987, 2007; WEIHER; KEDDY, 2004). A variação intraespecífica de características é outra promissora via de pesquisa em ecologia de comunidades (BOLNICK et al., 2011; VIOLLE et al., 2012). Essa informação permite um melhor entendimento de como processos de assembleia atuam na estruturação de comunidades e na coexistência de suas espécies (BOLNICK et al., 2011; BURNS; STRAUSS, 2012). Aplicando essa perspectiva em um contexto de fragmentação, é possível compreender em detalhes sua influência sobre determinadas características. Além disso, a plasticidade fenotípica também pode influenciar nas interações entre as espécies e sua resposta à diferentes condições ambientais, alterando a dinâmica e estrutura das comunidades (ABRAMS; CORTEZ, 2015; KNEITEL; CHASE, 2004).

2.3.4 Implicações

Nossos resultados preenchem parte de uma lacuna no conhecimento sobre a influência da perda e fragmentação dos habitats a partir de uma perspectiva evolutiva das espécies de comunidades ecológicas. Especificamente como esses processos afetam a PD e o padrão de estrutura filogenética. Essas informações podem ter implicações práticas na conservação da biodiversidade em dois contextos, principalmente: no manejo da paisagem, em relação à sua estrutura e configuração e nas mudanças climáticas. Sabe-se que a composição e configuração dos elementos da paisagem contribuem para a manutenção da diversidade (FAHRIG, 2003; FAHRIG et al., 2011). Também, que uma das principais consequências do aquecimento do clima é a migração latitudinal e altitudinal das espécies à procura de temperaturas amenas (WALTHER et al., 2002). Além disso, determinadas linhagens estão em maior risco do que outras em relação às alterações climáticas (DAVIS et al., 2010; FAITH, 2008; THULLER et al., 2011). Nesse estudo, descobrimos que perda e fragmentação associada à altitude afeta a PD. Essas informações direcionariam a criação de unidades de conservação visando o estabelecimento da conectividade da paisagem em altitudes médias, o que facilitaria o evento de migração altitudinal. Futuramente, a identificação dos clados mais vulneráveis e quais suas características mais afetadas pelas mudanças climáticas e ambientais poderia direcionar esforços e traçar estratégias para sua conservação em específico.

2.4 CONCLUSÃO

Concluimos que a baixa quantidade de habitat e agregação das manchas na paisagem reduzem a diversidade filogenética principalmente das comunidades em baixa altitude. Por outro lado, a conectividade estrutural das manchas na paisagem influenciou a estrutura filogenética que variou de agrupado a disperso quanto maior o grau de conectividade estrutural das manchas. Desse modo, a conectividade estrutural das manchas na paisagem age como filtro ambiental sobre determinadas características resultando nessa variação ao padrão de estrutura filogenética.

REFERÊNCIAS

- ABRAMS, P. The theory of limiting similarity. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 14, p. 359–376, 1983.
- ABRAMS, P.; CORTEZ, M. Is competition needed for ecological character displacement? Does displacement decrease competition? **Evolution**, 2015.
- ADLER, P. B.; HILLERISLAMBERS, J.; LEVINE, J. M. A niche for neutrality. **Ecology Letters**, v. 10, n. 2, p. 95–104, 2007.
- AGRAWAL, A. A.; FISHBEIN, M. Plant defense syndromes. **Ecology**, v. 87, n. 7, p. S132–S149, 2006.
- AIZEN, M. A. et al. The phylogenetic structure of plant-pollinator networks increases with habitat size and isolation. **Ecology Letters**, v. 19, n. 1, p. 29–36, 2016.
- ANDRADE, E. R. et al. Effects of habitat loss on taxonomic and phylogenetic diversity of understory Rubiaceae in Atlantic forest landscapes. **Forest Ecology and Management**, v. 349, p. 73–84, 2015.
- ANDREN, H. Effects of habitat fragmentation on birds and mammals in landscapes with different proportions of suitable habitat: a review. **Oikos**, p. 355–366, 1994.
- ARRHENIUS, O. Species and area. **Journal of Ecology**, v. 9, n. 1, p. 95–99, 1921.
- ARROYO-RODRÍGUEZ, V. et al. Maintenance of tree phylogenetic diversity in a highly fragmented rain forest. **Journal of Ecology**, v. 100, n. 3, p. 702–711, 2012.
- ATLÂNTICA, S. O. S. M.; INPE. **Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica: Período 2005-2008**, 2008.
- BARBARO, L.; VAN HALDER, I. Linking bird, carabid beetle and butterfly life-history traits to habitat fragmentation in mosaic landscapes. **Ecography**, v. 32, n. 2, p. 321–333, 2009.
- BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. **Ecology: from individuals to ecosystems**. 4. ed. Oxford: Blackwell Publishing, 2006.

- BELL, G. The distribution of abundance in neutral communities. **The American Naturalist**, v. 155, n. 5, p. 606–617, 2000.
- BELL, G. Neutral macroecology. **Science**, v. 293, n. 5539, p. 2413–2418, 2001.
- BELL, K. E.; DONNELLY, M. A. Influence of forest fragmentation on community structure of frogs and lizards in northeastern Costa Rica. **Conserv Biol**, v. 20, n. 6, p. 1750–1760, 2006.
- BELMAKER, J.; JETZ, W. Relative roles of ecological and energetic constraints, diversification rates and region history on global species richness gradients. **Ecology Letters**, v. 18, n. 6, p. 563–571, 2015.
- BELYEA, L. R.; LANCASTER, J. Assembly rules within a contingent ecology. **Oikos**, p. 402–416, 1999.
- BENDER, D.; TISCHENDORF, L.; FAHRIG, L. Using patch isolation metrics to predict animal movement in binary landscapes. **Landscape Ecology**, 2003.
- BirdLife Taxonomic Checklist v3.0. 2010. Disponível em: <http://www.birdlife.org/datazone/info/taxonomy>. Acesso em: 31 mai. 2016
- BOLNICK, D. I. et al. Why intraspecific trait variation matters in community ecology. **Trends Ecol Evol**, v. 26, n. 4, p. 183–192, 2011.
- BOOTH, B. D.; SWANTON, C. J. Assembly theory applied to weed communities. **Weed Science**, v. 50, n. 1, p. 2–13, 2002.
- BROOKER, L. C.; BROOKER, M. G. Dispersal and population dynamics of the blue-breasted fairy-wren, *Malurus pulcherrimus*, in fragmented habitat in the Western Australian wheatbelt. **Wildlife research**, v. 29, n. 3, p. 225–233, 2002.
- BROOKER, R. W. et al. Don't diss integration: a comment on Ricklefs's disintegrating communities. **Am Nat**, v. 174, n. 6, p. 919–931, 2009.
- BROOKS, D. R. Historical ecology: a new approach to studying the evolution of ecological associations. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, p. 660–680, 1985.

BURNS, J. H.; STRAUSS, S. Y. Effects of competition on phylogenetic signal and phenotypic plasticity in plant functional traits. **Ecology**, v. 93, n. sp8, p. S126–S137, 2012.

CADOTTE, M.; ALBERT, C. H.; WALKER, S. C. The ecology of differences: assessing community assembly with trait and evolutionary distances. **Ecol Lett**, v. 16, n. 10, p. 1234–1244, 2013.

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, jan. 2010.

CADOTTE, M. W.; CARDINALE, B. J.; OAKLEY, T. H. Evolutionary history and the effect of biodiversity on plant productivity. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 105, n. 44, p. 17012–17017, 2008.

CADOTTE, M. W.; DINNAGE, R.; TILMAN, D. Phylogenetic diversity promotes ecosystem stability. **Ecology**, v. 93, n. sp8, p. S223–S233, 2012.

CAHILL, J. F. et al. Does phylogenetic relatedness influence the strength of competition among vascular plants? **Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics**, v. 10, n. 1, p. 41–50, 2008.

CARDOSO DA SILVA, J. M.; CARDOSO DE SOUSA, M.; CASTELLETTI, C. H. M. Areas of endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South America. **Global Ecology and Biogeography**, v. 13, n. 1, p. 85–92, 2004.

CARNAVAL, A. C. et al. Prediction of phylogeographic endemism in an environmentally complex biome. **Proc Biol Sci**, v. 281, n. 1792, 2014.

CARSON, W. P.; ROOT, R. B. Herbivory and plant species coexistence: community regulation by an outbreaking phytophagous insect. **Ecological Monographs**, v. 70, n. 1, p. 73–99, 2000.

CAVENDER-BARES, J. et al. Phylogenetic overdispersion in Floridian oak communities. **The American naturalist**, v. 163, n. 6, p. 823–43, jun. 2004.

CAVENDER-BARES, J. et al. The merging of community ecology and phylogenetic biology. **Ecol Lett**, v. 12, n. 7, p. 693–715, 2009.

CAVENDER-BARES, J.; KEEN, A.; MILES, B. Phylogenetic structure of Floridian plant communities depends on taxonomic and spatial scale. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S109–S122, 2006.

CHAVE, J. Neutral theory and community ecology. **Ecology Letters**, v. 7, n. 3, p. 241–253, 2004.

CHAZOT, N. et al. Mutualistic mimicry and filtering by altitude shape the structure of Andean butterfly communities. **Am Nat**, v. 183, n. 1, p. 26–39, 2014.

CHESSON, P. Mechanisms of maintenance of species diversity. **Annual Review of Ecology and Systematics**, p. 343–366, 2000.

CISNEROS, L. M. et al. Multiple dimensions of bat biodiversity along an extensive tropical elevational gradient. **J Anim Ecol**, v. 83, n. 5, p. 1124–1136, 2014.

CISNEROS, L. M.; FAGAN, M. E.; WILLIG, M. R. Effects of human-modified landscapes on taxonomic, functional and phylogenetic dimensions of bat biodiversity. **Diversity and Distributions**, v. 21, n. 5, p. 523–533, 2015.

CLEMENTS, F. E. Nature and structure of the climax. **Journal of Ecology**, v. 24, n. 1, p. 252–284, 1936.

COLEY, P. D. et al. Divergent defensive strategies of young leaves in two species of *Inga*. **Ecology**, v. 86, n. 10, p. 2633–2643, 2005.

COLLINGE, S. K. **Ecology of fragmented landscapes**. Baltimore: JHU Press, 2009.

CONNOR, E. F.; MCCOY, E. D. The statistics and biology of the species-area relationship. **The American Naturalist**, v. 113, n. 6, p. 791–833, 1979.

CONNOR, E. F.; SIMBERLOFF, D. The assembly of species communities: chance or competition? **Ecology**, p. 1132–1140, 1979.

CORBELLI, J. M. et al. Integrating Taxonomic, Functional and Phylogenetic Beta Diversities: Interactive Effects with the Biome and Land Use across Taxa. **PLoS One**, v. 10, n. 5, p. e0126854, 2015.

CRACRAFT, J. Historical biogeography and patterns of differentiation within the South American avifauna: areas of endemism. **Ornithological monographs**, p. 49–84, 1985.

DA SILVA, J. M. C.; CASTELETTI, C. H. M. Status of the biodiversity of the Atlantic Forest of Brazil. **The Atlantic Forest of South America: Biodiversity Status, Threats, and Outlook**. CABS and Island Press, Washington, p. 43–59, 2003.

DARWIN, C. The origin of species by means of natural selection: or, the preservation of favored races in the struggle for life. **London, John Murray**, 1859.

DAVIES, R. G. et al. Environmental predictors of global parrot (Aves: Psittaciformes) species richness and phylogenetic diversity. **Global Ecology and Biogeography**, v. 16, n. 2, p. 220–233, 2007.

DAVIS, C. C. et al. The importance of phylogeny to the study of phenological response to global climate change. **Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci**, v. 365, n. 1555, p. 3201–3213, 2010.

DE GUSMÃO CÂMARA, I. Brief history of conservation in the Atlantic forest. **The Atlantic forest of South America: biodiversity status, threats, and outlook**. Island Press, Washington, DC, p. 31–42, 2003.

DEBINSKI, D. M.; HOLT, R. D. A survey and overview of habitat fragmentation experiments. **Conservation Biology**, v. 14, n. 2, p. 342–355, 2000.

DEHLING, D. M. et al. Functional and phylogenetic diversity and assemblage structure of frugivorous birds along an elevational gradient in the tropical Andes. **Ecography**, p. no–no, 2014.

DIAMOND, J. M. Assembly of species communities. **Ecology and Evolution of Communities**, p. 342–444, 1975a.

DIAMOND, J. M. The island dilemma: lessons of modern biogeographic studies for the design of natural reserves. **Biological conservation**, v. 7, n. 2, p. 129–146, 1975b.

DRISCOLL, D. A. The frequency of metapopulations, metacommunities and nestedness in a fragmented landscape. **Oikos**, v. 117, n. 2, p. 297–309, 2008.

ELTON, C. **Animal Ecology**. Sidgwick & Jackson, LTD, London, 1927.

EMERSON, B. C.; GILLESPIE, R. G. Phylogenetic analysis of community assembly and structure over space and time. **Trends Ecol Evol**, v. 23, n. 11, p. 619–630, 2008.

ESRI. ArcGIS 10.0 A Complete Integrated System. Environmental Systems Research Institute, Inc. Redlands, California. **Redlands, California.**, 2010.

EWERS, R. M.; DIDHAM, R. K. Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. **Biological Reviews**, v. 81, n. 01, p. 117–142, 2006.

FAHRIG, L. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, p. 487–515, 2003.

FAHRIG, L. et al. Functional landscape heterogeneity and animal biodiversity in agricultural landscapes. **Ecol Lett**, v. 14, n. 2, p. 101–112, 2011.

FAITH, D. P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. **Biological Conservation**, v. 61, n. 1, p. 1–10, jan. 1992.

FAITH, D. P. Conservation priorities and phylogenetic pattern. **Conservation Biology**, v. 10, n. 4, p. 1286–1289, 1996.

FAITH, D. P. Threatened species and the potential loss of phylogenetic diversity: conservation scenarios based on estimated extinction probabilities and phylogenetic risk analysis. **Conserv Biol**, v. 22, n. 6, p. 1461–1470, 2008.

FARNEDA, F. Z. et al. Trait-related responses to habitat fragmentation in Amazonian bats. **Journal of Applied Ecology**, v. 52, n. 5, p. 1381–1391, 2015.

FAZEY, I.; FISCHER, J.; LINDENMAYER, D. B. What do conservation biologists publish? **Biological conservation**, v. 124, n. 1, p. 63–73, 2005.

FENCHEL, T. Character displacement and coexistence in mud snails (Hydrobiidae). **Oecologia**, v. 20, n. 1, p. 19–32, 1975.

FINE, P. V. A. et al. The growth-defense trade-off and habitat specialization by plants in Amazonian forests. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S150–S162, 2006.

FISCHER, J.; B LINDENMAYER, D. Beyond fragmentation: the continuum model for fauna research and conservation in human-modified landscapes. **Oikos**, v. 112, n. 2, p. 473–480, 2006.

FISCHER, J.; LINDENMAYER, D. B. Landscape modification and habitat fragmentation: a synthesis. **Global Ecology and Biogeography**, v. 16, n. 3, p. 265–280, 2007.

FLATHER, C. H.; BEVERS, M. Patchy reaction-diffusion and population abundance: the relative importance of habitat amount and arrangement. **The American Naturalist**, v. 159, n. 1, p. 40–56, 2002.

FOLEY, J. A. et al. Global consequences of land use. **Science**, v. 309, n. 5734, p. 570–574, 2005.

FOREST, F. et al. Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. **Nature**, v. 445, n. 7129, p. 757–760, 2007.

FOX, B. J.; FOX, M. D. Factors determining mammal species richness on habitat islands and isolates: habitat diversity, disturbance, species interactions and guild assembly rules. **Global Ecology and Biogeography**, v. 9, n. 1, p. 19–37, 2000.

FRISHKOFF, L. O. et al. Loss of avian phylogenetic diversity in neotropical agricultural systems. **Science**, v. 345, n. 6202, p. 1343–1346, 2014.

GASTON, K. J. Global patterns in biodiversity. **Nature**, v. 405, n. 6783, p. 220–227, 2000.

GAUSE, G. F. **The struggle for existence**. Williams and Wilkins, Baltimore, 1934.

GIANUCA, A. T. et al. Habitat filtering influences the phylogenetic structure of avian communities across a coastal gradient in southern Brazil. **Austral Ecology**, v. 39, n. 1, p. 29–38, 2014.

GIBBS, H. K. et al. Tropical forests were the primary sources of new agricultural land in the 1980s and 1990s. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 107, n. 38, p. 16732–16737, 2010.

GIBBS, J. P.; STANTON, E. J. Habitat fragmentation and arthropod community change: carrion beetles, phoretic mites, and flies. **Ecological Applications**, v. 11, n. 1, p. 79–85, 2001.

GILBERT, G. S.; WEBB, C. O. Phylogenetic signal in plant pathogen-host range. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 104, n. 12, p. 4979–4983, 2007.

GLEASON, H. A. Further views on the succession-concept. **Ecology**, v. 8, n. 3, p. 299–326, 1927.

GOMEZ, J. P. et al. A phylogenetic approach to disentangling the role of competition and habitat filtering in community assembly of Neotropical forest birds. **Journal of Animal Ecology**, v. 79, n. 6, p. 1181–1192, 2010.

GOTELLI, N. J. Null model analysis of species co-occurrence patterns. **Ecology**, v. 81, n. 9, p. 2606–2621, 2000.

GOTELLI, N. J.; GRAVES, G. R. Null models in ecology. 1996.

GOTZENBERGER, L. et al. Ecological assembly rules in plant communities-- approaches, patterns and prospects. **Biol Rev Camb Philos Soc**, v. 87, n. 1, p. 111–127, 2012.

GRAHAM, C. H. et al. Phylogenetic structure in tropical hummingbird communities. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 106 Suppl , p. 19673–19678, 2009.

GRAVES, G. R. Elevational correlates of speciation and intraspecific geographic variation in plumage in Andean forest birds. **The Auk**, p. 556–579, 1985.

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.

GRIME, J. P. Trait convergence and trait divergence in herbaceous plant communities: Mechanisms and consequences. **Journal of Vegetation Science**, v. 17, n. 2, p. 255, 2006.

GRINNELL, J. Geography and evolution. **Ecology**, v. 5, n. 3, p. 225–229, 1924.

- HACKETT, S. J. et al. A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. **Science**, v. 320, n. 5884, p. 1763–1768, 2008.
- HAILA, Y. A conceptual genealogy of fragmentation research: from island biogeography to landscape ecology*. **Ecological applications**, v. 12, n. 2, p. 321–334, 2002.
- HANSKI, I.; GILPIN, M. Metapopulation dynamics: brief history and conceptual domain. **Biological journal of the Linnean Society**, v. 42, n. 1-2, p. 3–16, 1991.
- 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, maio 2007.
- HARNER, R. F.; HARPER, K. T. The role of area, heterogeneity, and favorability in plant species diversity of pinyon-juniper ecosystems. **Ecology**, p. 1254–1263, 1976.
- HARPER, J. L.; HAWKSWORTH, D. L. Biodiversity: measurement and estimation. **Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci**, v. 345, n. 1311, p. 5–12, 1994.
- HARRIS, L. D. **The fragmented forest: island biogeography theory and the preservation of biotic diversity**. [s.l.] University of Chicago press, 1984.
- HAWKINS, B. A. et al. Energy, water, and broad-scale geographic patterns of species richness. **Ecology**, v. 84, n. 12, p. 3105–3117, 2003.
- HE, F. et al. The local-regional relationship: immigration, extinction, and scale. **Ecology**, v. 86, n. 2, p. 360–365, 2005.
- HELM, A.; HANSKI, I.; PÄRTEL, M. Slow response of plant species richness to habitat loss and fragmentation. **Ecology Letters**, v. 9, n. 1, p. 72–77, 2006.
- HELMUS, M. R. et al. Separating the determinants of phylogenetic community structure. **Ecol Lett**, v. 10, n. 10, p. 917–925, 2007.
- HILLERISLAMBERS, J. et al. Rethinking Community Assembly through the Lens of Coexistence Theory. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 43, n. 1, p. 227–248, dez. 2012.

HINSLEY, S. A.; ROTHERY, P.; BELLAMY, P. E. Influence of woodland area on breeding success in Great Tits *Parus major* and Blue Tits *Parus caeruleus*. **Journal of Avian Biology**, p. 271–281, 1999.

HOLYOAK, M.; LEIBOLD, M. A.; HOLT, R. D. **Metacommunities: spatial dynamics and ecological communities**. [s.l.] University of Chicago Press, 2005.

HUBBELL, S. P. Tree dispersion, abundance, and diversity in a tropical dry forest. **Science**, v. 203, n. 4387, p. 1299–1309, 1979.

HUBBELL, S. P. A unified theory of biogeography and relative species abundance and its application to tropical rain forests and coral reefs. **Coral reefs**, v. 16, n. 1, p. S9–S21, 1997.

HUBBELL, S. P. **The unified neutral theory of biodiversity and biogeography (MPB-32)**. Princeton University Press, 2001.

HUBBELL, S. P. Neutral theory and the evolution of ecological equivalence. **Ecology**, v. 87, n. 6, p. 1387–1398, 2006.

HUTCHINSON, G. E. Homage to Santa Rosalia or why are there so many kinds of animals? **The American Naturalist**, v. 93, n. 870, p. 145–159, 1959.

JENKINS, C. N.; PIMM, S. L.; JOPPA, L. N. Global patterns of terrestrial vertebrate diversity and conservation. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 110, n. 28, p. E2602–E2610, 2013.

JETZ, W. et al. The global diversity of birds in space and time. **Nature**, v. 491, p. 444–8, 2012.

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

KEMBEL, S. W. Disentangling niche and neutral influences on community assembly: assessing the performance of community phylogenetic structure tests. **Ecol Lett**, v. 12, n. 9, p. 949–960, 2009.

KEMBEL, S. W.; HUBBELL, S. P. The phylogenetic structure of a neotropical forest tree community. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S86–S99, 2006.

KLUGE, J.; KESSLER, M. Phylogenetic diversity, trait diversity and niches: species assembly of ferns along a tropical elevational gradient. **Journal of Biogeography**, v. 38, n. 2, p. 394–405, 2011.

KNEITEL, J. M.; CHASE, J. M. Trade-offs in community ecology: linking spatial scales and species coexistence. **Ecology Letters**, v. 7, n. 1, p. 69–80, 2004.

KOHN, D. D.; WALSH, D. M. Plant species richness--the effect of island size and habitat diversity. **Journal of Ecology**, p. 367–377, 1994.

KOZAK, K. H. et al. Phylogenetic Analysis of Ecomorphological Divergence, Community Structure, and Diversification Rates in Dusky Salamanders (Plethodontidae: *Desmognathus*). **Evolution**, v. 59, n. 9, p. 2000, 2005.

KRAFT, N. J. B. et al. Trait evolution, community assembly, and the phylogenetic structure of ecological communities. **The American Naturalist**, v. 170, n. 2, p. 271–283, 2007.

KRAFT, N. J. B.; VALENCIA, R.; ACKERLY, D. D. Functional traits and niche-based tree community assembly in an Amazonian forest. **Science**, v. 322, n. 5901, p. 580–582, 2008.

LAIOLO, P. et al. **The evolutionary convergence of avian lifestyles and their constrained coevolution with species' ecological niche**. Proc. R. Soc. B. **Anais...The Royal Society**, 2015

LAURANCE, W. Theory meets reality: How habitat fragmentation research has transcended island biogeographic theory. **Biological Conservation**, v. 141, n. 7, p. 1731–1744, 2008.

LAVERGNE, S. et al. Biodiversity and Climate Change: Integrating Evolutionary and Ecological Responses of Species and Communities. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 41, n. 1, p. 321–350, dez. 2010.

LAWTON, J. H. Are there general laws in ecology? **Oikos**, p. 177–192, 1999.

LEIBOLD, M. A.; ECONOMO, E. P.; PERES-NETO, P. Metacommunity phylogenetics: separating the roles of environmental filters and historical biogeography. **Ecology letters**, v. 13, n. 10, p. 1290–9, out. 2010.

LEIBOLD, M. A. et al. The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology. **Ecology Letters**, v. 7, n. 7, p. 601–613, 2004.

LEVIN, S. A. The problem of pattern and scale in ecology: the Robert H. MacArthur award lecture. **Ecology**, v. 73, n. 6, p. 1943–1967, 1992.

LINDENMAYER, D. B.; CUNNINGHAM, R. B.; LINDENMAYER, B. D. Sound recording of bird vocalisations in forests. II. Longitudinal profiles in vocal activity. **Wildlife Research**, v. 31, n. 2, p. 209–217, 2004.

LOSOS, J. B. Phylogenetic perspectives on community ecology. **Ecology**, p. 1344–1354, 1996.

LOSOS, J. B. et al. Niche lability in the evolution of a Caribbean lizard community. **Nature**, v. 424, n. 6948, p. 542–545, 2003.

LOVETTE, I. J.; HOCHACHKA, W. M. Simultaneous effects of phylogenetic niche conservatism and competition on avian community structure. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S14–S28, 2006.

LUCK, G. W.; DAILY, G. C. Tropical countryside bird assemblages: richness, composition, and foraging differ by landscape context. **Ecological Applications**, v. 13, n. 1, p. 235–247, 2003.

MACARTHUR, R. H.; WILSON, E. O. The theory of island biogeography. **Princeton, New Jersey**, 1967.

MACARTHUR, R.; LEVINS, R. The limiting similarity, convergence, and divergence of coexisting species. **American naturalist**, p. 377–385, 1967.

MADDISON, W. P.; MADDISON, D. R. Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. v3.4. 2015.

MADER, H.-J. Animal habitat isolation by roads and agricultural fields. **Biological Conservation**, v. 29, n. 1, p. 81–96, 1984.

MAYFIELD, M. M.; LEVINE, J. M. Opposing effects of competitive exclusion on the phylogenetic structure of communities. **Ecology letters**, v. 13, n. 9, p. 1085–93, set. 2010.

MCCAIN, C. M.; GRYTNES, J. Elevational gradients in species richness. **eLS**, 2010.

MCGARIGAL, K. et al. FRAGSTATS: spatial pattern analysis program for categorical maps. 2002.

MCGILL, B. J. Matters of scale. **Science**, v. 328, n. 5978, p. 575–576, 2010.

MCGUINNESS, K. A. Equations and explanations in the study of species–area curves. **Biological Reviews**, v. 59, n. 3, p. 423–440, 1984.

MCKINNEY, M. L.; LOCKWOOD, J. L. Biotic homogenization: a few winners replacing many losers in the next mass extinction. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 14, n. 11, p. 450–453, 1999.

MEYNARD, C. N. et al. Beyond taxonomic diversity patterns: how do α , β and γ components of bird functional and phylogenetic diversity respond to environmental gradients across France? **Global Ecology and Biogeography**, v. 20, n. 6, p. 893–903, 28 nov. 2011.

MINER, B. G. et al. Ecological consequences of phenotypic plasticity. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 20, n. 12, p. 685–692, 2005.

MOUQUET, N. et al. Ecophylogenetics: advances and perspectives. **Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society**, v. 87, n. 4, p. 769–85, nov. 2012.

MOYNIHAN, M. **The organization and probable evolution of some mixed species flocks of neotropical birds**. [s.l.] Smithsonian Institution, 1962. v. 143

MUNGUIA-ROSAS, M. A. et al. Continuous forest has greater taxonomic, functional and phylogenetic plant diversity than an adjacent naturally fragmented forest. **Journal of Tropical Ecology**, v. 30, p. 323–333, 2014.

MUNKEMULLER, T. et al. Scale decisions can reverse conclusions on community assembly processes. **Glob Ecol Biogeogr**, v. 23, n. 6, p. 620–632, 2014.

NDIRIBE, C. et al. Plant functional and phylogenetic turnover correlate with climate and land use in the Western Swiss Alps. **Journal of Plant Ecology**, v. 7, n. 5, p. 439–450, 2013.

NORRIS, D. R.; STUTCHBURY, B. J. M. Extraterritorial movements of a forest songbird in a fragmented landscape. **Conservation Biology**, v. 15, n. 3, p. 729–736, 2001.

OLSON, D. M. et al. Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth. A new global map of terrestrial ecoregions provides an innovative tool for conserving biodiversity. **BioScience**, v. 51, n. 11, p. 933–938, 2001.

PAUSAS, J. G.; VERDÚ, M. The Jungle of Methods for Evaluating Phenotypic and Phylogenetic Structure of Communities. **BioScience**, v. 60, n. 8, p. 614–625, 2010a.

PAUSAS, J. G.; VERDÚ, M. The Jungle of Methods for Evaluating Phenotypic and Phylogenetic Structure of Communities. **BioScience**, v. 60, n. 8, p. 614–625, set. 2010b.

PAVOINE, S. et al. Life history traits, but not phylogeny, drive compositional patterns in a butterfly metacommunity. **Ecology**, v. 95, n. 12, p. 3304–3313, 2014.

PAVOINE, S.; BONSALE, M. B. Measuring biodiversity to explain community assembly: a unified approach. **Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society**, v. 86, n. 4, p. 792–812, nov. 2011.

PERALTA, G. et al. Phylogenetic diversity and co-evolutionary signals among trophic levels change across a habitat edge. **J Anim Ecol**, v. 84, n. 2, p. 364–372, 2015.

PETERS, R. H. **A critique for ecology**. [s.l.] New York: Cambridge University Press, 1991.

PIMM, S. L.; RAVEN, P. Biodiversity: extinction by numbers. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 843–845, 2000.

RAHBEK, C. The elevational gradient of species richness: a uniform pattern? **Ecography**, v. 18, n. 2, p. 200–205, 1995.

RAHBEK, C. et al. Predicting continental-scale patterns of bird species richness with spatially explicit models. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 274, n. 1607, p. 165–174, 2007.

RAHBK, C.; GRAVES, G. R. Multiscale assessment of patterns of avian species richness. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 98, n. 8, p. 4534–4539, 2001.

RAMANKUTTY, N.; FOLEY, J. A. Estimating historical changes in global land cover: Croplands from 1700 to 1992. **Global Biogeochemical Cycles**, v. 13, n. 4, p. 997–1027, 1999.

REES, M. et al. Long-term studies of vegetation dynamics. **Science**, v. 293, n. 5530, p. 650–655, 2001.

RIBEIRO, M. C. et al. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141–1153, jun. 2009.

RIBEIRO, M. C. et al. The Brazilian Atlantic Forest: a shrinking biodiversity hotspot. In: **Biodiversity hotspots**. [s.l.] Springer, 2011. p. 405–434.

RICKLEFS, R. E. Community diversity: relative roles of local and regional processes. **Science**, v. 235, n. 4785, p. 167–171, 1987.

RICKLEFS, R. E. History and diversity: explorations at the intersection of ecology and evolution. **The American Naturalist**, v. 170, n. S2, p. S56–S70, 2007.

RICKLEFS, R. E. Disintegration of the ecological community. **Am Nat**, v. 172, n. 6, p. 741–750, 2008.

RICKLEFS, R. E.; SCHLUTER, D. Species diversity: regional and historical influences. **Species diversity in ecological communities**, p. 350–363, 1993.

RICKLEFS, R. E.; TRAVIS, J. A morphological approach to the study of avian community organization. **The Auk**, p. 321–338, 1980.

ROBINSON, S. K. Regional forest fragmentation and the nesting success of migratory birds. **Science**, v. 267, n. 5181, p. 93–102, 1995.

SALA, O. E. Global Biodiversity Scenarios for the Year 2100. **Science**, v. 287, n. 5459, p. 1770–1774, 2000.

- SANTOS, B. A. et al. Edge-related loss of tree phylogenetic diversity in the severely fragmented Brazilian Atlantic forest. **PLoS One**, v. 5, n. 9, p. e12625, 2010.
- SANTOS, B. A. et al. Phylogenetic Impoverishment of Amazonian Tree Communities in an Experimentally Fragmented Forest Landscape. **PLoS One**, v. 9, n. 11, p. 7, 2014.
- SARGENT, R. D.; ACKERLY, D. D. Plant-pollinator interactions and the assembly of plant communities. **Trends Ecol Evol**, v. 23, n. 3, p. 123–130, 2008.
- SMITH, A. C.; FAHRIG, L.; FRANCIS, C. M. Landscape size affects the relative importance of habitat amount, habitat fragmentation, and matrix quality on forest birds. **Ecography**, v. 34, n. 1, p. 103–113, 2011.
- SOULÉ, M. E. et al. The role of connectivity in Australian conservation. **Pacific Conservation Biology**, v. 10, n. 4, p. 266–279, 2004.
- SRIDHAR, H.; BEAUCHAMP, G.; SHANKER, K. Why do birds participate in mixed-species foraging flocks? A large-scale synthesis. **Animal Behaviour**, v. 78, n. 2, p. 337–347, 2009.
- SRIVASTAVA, D. S. et al. Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. **Ecol Lett**, v. 15, n. 7, p. 637–648, 2012a.
- SRIVASTAVA, D. S. et al. Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. **Ecology letters**, v. 15, n. 7, p. 637–48, jul. 2012b.
- STADDON, P. et al. Connectivity, non-random extinction and ecosystem function in experimental metacommunities. **Ecol Lett**, v. 13, n. 5, p. 543–552, 2010.
- STOUFFER, P. C.; BIERREGAARD JR, R. O. Use of Amazonian forest fragments by understory insectivorous birds. **Ecology**, v. 76, n. 8, p. 2429–2445, 1995.
- SWENSON, N. G. et al. The problem and promise of scale dependency in community phylogenetics. **Ecology**, v. 87, n. 10, p. 2418–24, out. 2006.
- SWENSON, N. G. et al. The influence of spatial and size scale on phylogenetic relatedness in tropical forest communities. **Ecology**, v. 88, n. 7, p. 1770–80, jul. 2007.

TABARELLI, M. et al. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: lessons from aging human-modified landscapes. **Biological Conservation**, v. 143, n. 10, p. 2328–2340, 2010.

TAYLOR, P. D. et al. Connectivity is a vital element of landscape structure. **Oikos**, p. 571–573, 1993.

TEAM, R. C. R: A Language and Environment for Statistical Computing. **R Foundation for Statistical Computing, Vienna**, 2014.

THUILLER, W. et al. Consequences of climate change on the tree of life in Europe. **Nature**, v. 470, n. 7335, p. 531–534, 2011.

TILMAN, D. The resource-ratio hypothesis of plant succession. **American naturalist**, p. 827–852, 1985.

TUCKER, C. M.; CADOTTE, M. W. Unifying measures of biodiversity: understanding when richness and phylogenetic diversity should be congruent. **Diversity and Distributions**, v. 19, n. 7, p. 845–854, 2013.

UEZU, A.; METZGER, J. P.; VIELLIARD, J. M. E. Effects of structural and functional connectivity and patch size on the abundance of seven Atlantic Forest bird species. **Biological Conservation**, v. 123, n. 4, p. 507–519, 2005.

VALIENTE-BANUET, A.; VERDU, M. Facilitation can increase the phylogenetic diversity of plant communities. **Ecol Lett**, v. 10, n. 11, p. 1029–1036, 2007.

VAMOSI, S. M. et al. Emerging patterns in the comparative analysis of phylogenetic community structure. **Mol Ecol**, v. 18, n. 4, p. 572–592, 2009.

VELLEND, M. Conceptual synthesis in community ecology. **The Quarterly review of biology**, v. 85, n. 2, p. 183–206, 2010.

VELLEND, M. et al. Assessing the relative importance of neutral stochasticity in ecological communities. **Oikos**, v. 123, n. 12, p. 1420–1430, 2014.

VIOLLE, C. et al. The return of the variance: intraspecific variability in community ecology. **Trends Ecol Evol**, v. 27, n. 4, p. 244–252, 2012.

WALTHER, G.-R. et al. Ecological responses to recent climate change. **Nature**, v. 416, n. 6879, p. 389–395, 2002.

WATSON, D. M. A conceptual framework for studying species composition in fragments, islands and other patchy ecosystems. **Journal of Biogeography**, v. 29, n. 5-6, p. 823–834, 2002.

WEBB, C. Exploring the Phylogenetic Structure of Ecological Communities: An Example for Rain Forest Trees. **The American naturalist**, v. 156, n. 2, p. 145–155, ago. 2000.

WEBB, C. O. et al. Phylogenies and Community Ecology. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 33, n. 1, p. 475–505, 2002.

WEBB, C. O.; ACKERLY, D. D.; KEMBEL, S. W. Phylocom: software for the analysis of phylogenetic community structure and trait evolution. **Bioinformatics (Oxford, England)**, v. 24, n. 18, p. 2098–100, 15 set. 2008.

WEBB, C. O.; GILBERT, G. S.; DONOGHUE, M. J. Phylodiversity-dependent seedling mortality, size structure, and disease in a Bornean rain forest. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S123–S131, 2006.

WEIBLEN, G. D. et al. Phylogenetic dispersion of host use in a tropical insect herbivore community. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S62–S75, 2006.

WEIHER, E.; KEDDY, P. **Ecological assembly rules: perspectives, advances, retreats.** [s.l.] New York: Cambridge University Press, 2004.

WILLIG, M. R.; KAUFMAN, D. M.; STEVENS, R. D. Latitudinal Gradients of Biodiversity: Pattern, Process, Scale, and Synthesis. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 34, n. 1, p. 273–309, 2003.

WILSON, J. B. Trait-divergence assembly rules have been demonstrated: Limiting similarity lives! A reply to Grime. **Journal of Vegetation Science**, v. 18, n. 3, p. 451–452, 2007.

WRIGHT, J. S. Plant diversity in tropical forests: a review of mechanisms of species coexistence. **Oecologia**, v. 130, n. 1, p. 1–14, 2002.

ZANETTE, L.; DOYLE, P.; TRÉMONT, S. M. Food shortage in small fragments: evidence from an area-sensitive passerine. **Ecology**, v. 81, n. 6, p. 1654–1666, 2000.

APÊNDICES

Apêndice A - Figuras

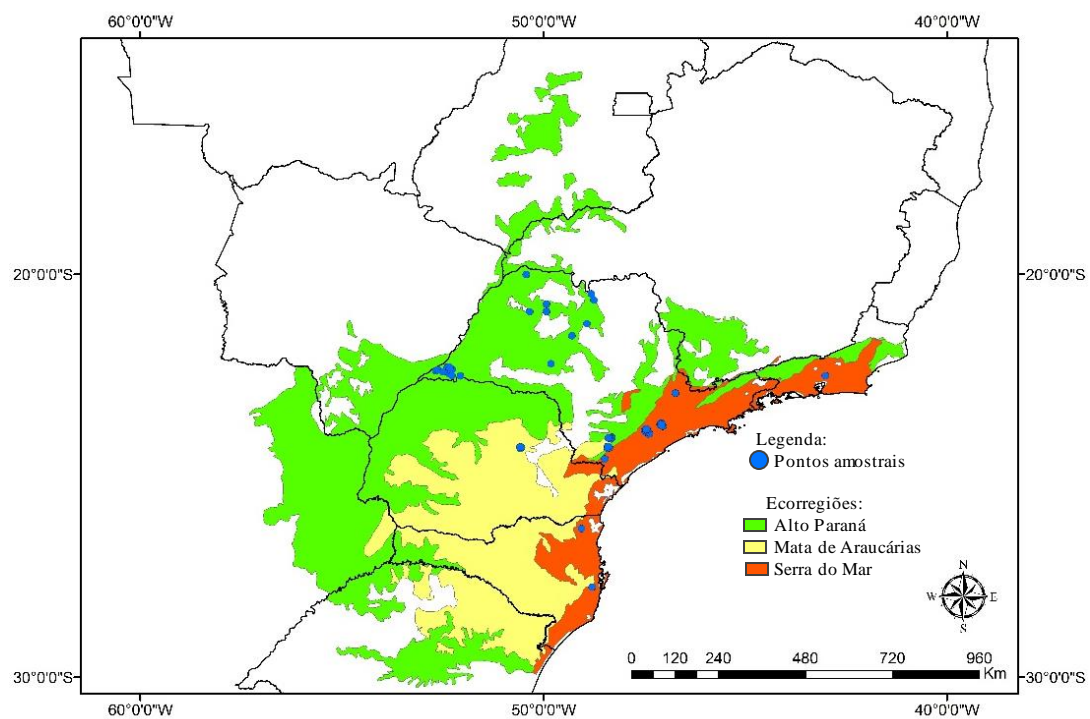


Figura 1- mapa da área de estudo com as ecorregiões Alto Paraná (verde) Mata de Araucárias (amarelo) e Serra do Mar (vermelho) e a localização dos pontos amostrais (pontos em azul).

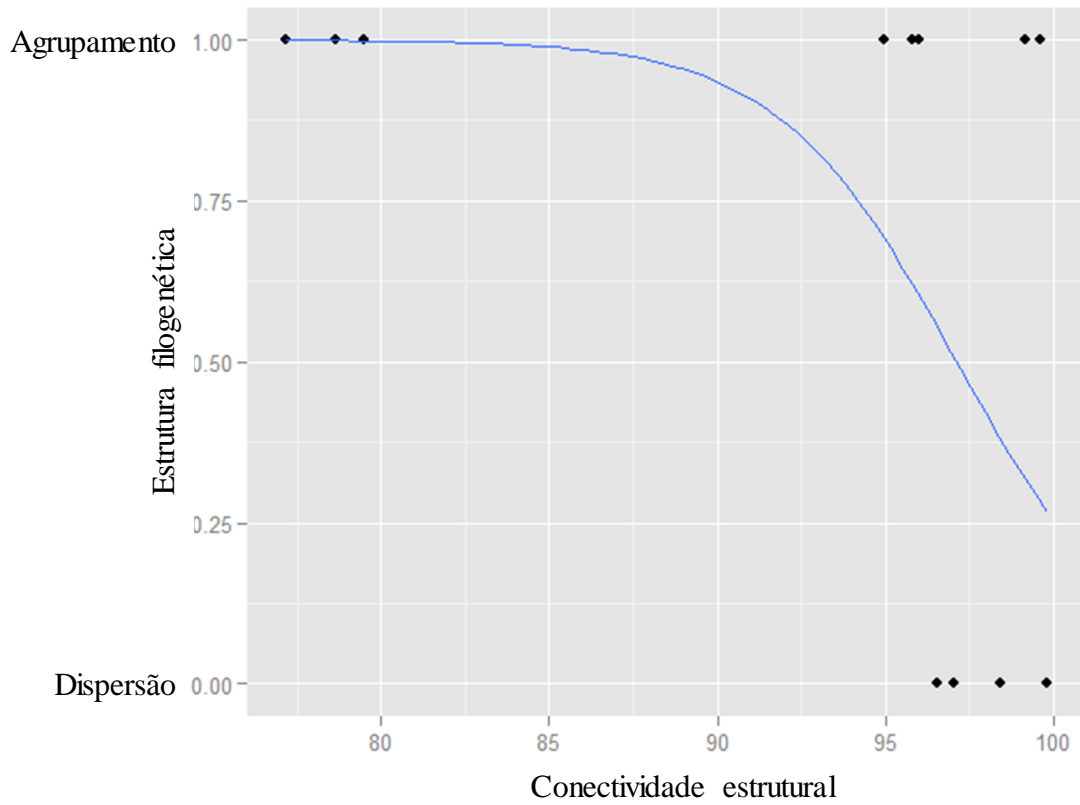
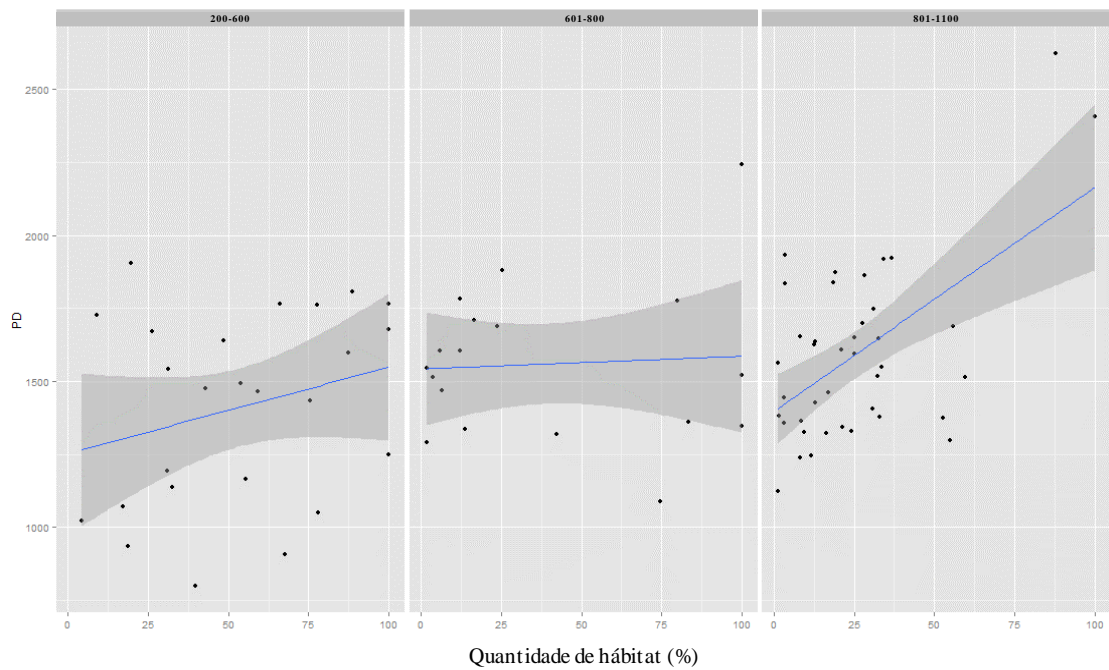


Figura 2- gráfico do modelo GLM mostrando a disposição dos valores categóricos de NRI e/ou NTI positivos e negativos significativos em relação a conectividade estrutural das manchas de habitat na paisagem (*Cohesion*) (dAIC=0).

A



B

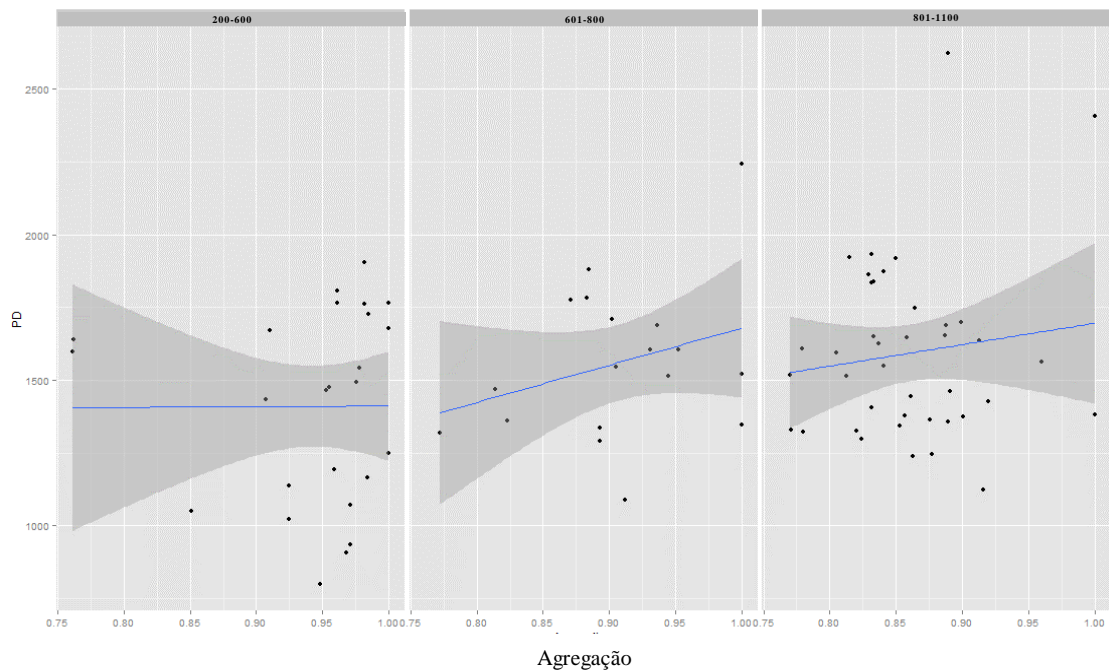


Figura 3- representação gráfica do modelo GLMM mostrando a resposta dos valores de PD das comunidades em relação a quantidade de hábitat (*Pland*) na paisagem ($p < 0,00001$) (A) e a resposta dos valores de PD das comunidades em relação a agregação das manchas na paisagem (*Clumpy*) ($p < 0,00001$) (B) nas faixas de altitude de 200 à 600, 601 à 800 e 801 à 1100 m.

Apêndice B - Tabelas

Tabela 1- medidas da paisagem com suas respectivas descrições e importância ecológica (para maiores detalhes ver McGarigal *et al.*, 2002).

Métrica	Acrônimo	Descrição	Relevância ecológica
Abundância proporcional	PLAND	Porcentagem de cobertura florestal (m ²) na paisagem.	A porcentagem de hábitat na paisagem está relacionada com o sucesso reprodutivo e com a riqueza de aves, além da manutenção do tamanho de suas populações (FAHRIG, 2003; FLATHER; BEVERS, 2002).
Agrupamento das manchas	CLUMPY	Distribuição das manchas florestais na paisagem: -1 manchas minimamente agregadas; 0 aleatório e 1 maximamente agregadas.	O agrupamento reflete o grau de isolamento entre as manchas, o que afeta a dispersão das espécies de pela paisagem. Este fator interfere nas dinâmicas metapopulacionais e na riqueza e composição de espécies das comunidades (BENDER; TISCHENDORF; FAHRIG, 2003; FAHRIG, 2003).
Coesão das manchas	COHESION	Porcentagem de conectividade física das manchas florestais na paisagem.	A conectividade física entre as manchas de hábitat também facilita a movimentação das espécies na paisagem. No entanto, a conectividade física pode favorecer espécies de aves de alta dependência florestal (UEZU; METZGER; VIELLIARD, 2005).

Fonte: do autor.

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Continua)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Tinamidae	<i>Crypturellus obsoletus</i>	Brown Tinamou
Tinamidae	<i>Crypturellus tataupa</i>	Tataupa Tinamou
Cracidae	<i>Penelope superciliaris</i>	Rusty-margined Guan
Odontophoridae	<i>Odontophorus capueira</i>	Spot-winged Wood-quail
Falconidae	<i>Micrastur ruficollis</i>	Barred Forest-falcon
Accipitridae	<i>Accipiter poliogaster</i>	Gray-bellied Hawk
Accipitridae	<i>Buteo magnirostris</i>	Roadside Hawk
Columbidae	<i>Zenaida auriculata</i>	Eared Dove
Columbidae	<i>Columbina talpacoti</i>	Ruddy Ground-dove
Columbidae	<i>Claravis pretiosa</i>	Blue Ground-dove
Columbidae	<i>Leptotila verreauxi</i>	White-tipped Dove
Columbidae	<i>Leptotila rufaxilla</i>	Grey-fronted Dove
Columbidae	<i>Geotrygon violacea</i>	Violaceous Quail-dove
Columbidae	<i>Geotrygon montana</i>	Ruddy Quail-dove
Cuculidae	<i>Piaya cayana</i>	Squirrel Cuckoo
Cuculidae	<i>Coccyzus melacoryphus</i>	Dark-billed Cuckoo
Strigidae	<i>Megascops choliba</i>	Tropical Screech-owl
Strigidae	<i>Glaucidium minutissimum</i>	Least Pygmy-owl
Strigidae	<i>Glaucidium brasilianum</i>	Ferruginous Pygmy-owl
Caprimulgidae	<i>Nyctidromus albicollis</i>	Common Pauraque
Caprimulgidae	<i>Nyctiphrynus ocellatus</i>	Ocellated Poorwill
Caprimulgidae	<i>Caprimulgus rufus</i>	Rufous Nightjar
Trochilidae	<i>Ramphodon naevius</i>	Saw-billed Hermit
Trochilidae	<i>Glaucis hirsutus</i>	Rufous-breasted Hermit
Trochilidae	<i>Phaethornis eurynome</i>	Scale-throated Hermit
Trochilidae	<i>Phaethornis squalidus</i>	Dusky-throated Hermit
Trochilidae	<i>Phaethornis pretrei</i>	Planalto Hermit
Trochilidae	<i>Phaethornis ruber</i>	Reddish Hermit
Trochilidae	<i>Eupetomena macroura</i>	Swallow-tailed Hummingbird
Trochilidae	<i>Florisuga fusca</i>	Black Jacobin
Trochilidae	<i>Chlorostilbon lucidus</i>	Glittering-bellied Emerald
Trochilidae	<i>Thalurania glaucopis</i>	Violet-capped Woodnymph
Trochilidae	<i>Hylocharis sapphirina</i>	Rufous-throated Sapphire
Trochilidae	<i>Hylocharis cyanus</i>	White-chinned Sapphire
Trochilidae	<i>Hylocharis chrysura</i>	Gilded Hummingbird
Trochilidae	<i>Leucochloris albicollis</i>	White-throated Hummingbird
Trochilidae	<i>Amazilia versicolor</i>	Versicoloured Emerald
Trochilidae	<i>Amazilia fimbriata</i>	Glittering-throated Emerald
Trochilidae	<i>Amazilia lactea</i>	Sapphire-spangled Emerald
Trochilidae	<i>Clytolaema rubricauda</i>	Brazilian Ruby
Trogonidae	<i>Trogon rufus</i>	Black-throated Trogon
Trogonidae	<i>Trogon surrucura</i>	Surucua Trogon

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Continuação)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Alcedinidae	<i>Chloroceryle americana</i>	Green Kingfisher
Alcedinidae	<i>Chloroceryle aenea</i>	American Pygmy Kingfisher
Momotidae	<i>Momotus momota</i>	Blue-crowned Motmot
Momotidae	<i>Baryphthengus ruficapillus</i>	Rufous-capped Motmot
Ramphastidae	<i>Pteroglossus castanotis</i>	Chestnut-eared Aracari
Ramphastidae	<i>Pteroglossus bailloni</i>	Saffron Toucanet
Ramphastidae	<i>Selenidera maculirostris</i>	Spot-billed Toucanet
Ramphastidae	<i>Ramphastos dicolorus</i>	Red-breasted Toucan
Picidae	<i>Picumnus cirratus</i>	White-barred Piculet
Picidae	<i>Picumnus temminckii</i>	Ochre-collared Piculet
Picidae	<i>Picumnus albosquamatus</i>	White-wedged Piculet
Picidae	<i>Veniliornis passerinus</i>	Little Woodpecker
Picidae	<i>Veniliornis spilogaster</i>	White-spotted Woodpecker
Picidae	<i>Veniliornis maculifrons</i>	Yellow-eared Woodpecker
Picidae	<i>Colaptes melanochloros</i>	Green-barred Woodpecker
Picidae	<i>Celeus flavescens</i>	Blond-crested Woodpecker
Galbulidae	<i>Galbula ruficauda</i>	Rufous-tailed Jacamar
Bucconidae	<i>Malacoptila striata</i>	Crescent-chested Puffbird
Bucconidae	<i>Nonnula rubecula</i>	Rusty-breasted Nunlet
Pipridae	<i>Neopelma pallescens</i>	Pale-bellied Tyrant-manakin
Pipridae	<i>Neopelma aurifrons</i>	Wied's Tyrant-manakin
Pipridae	<i>Neopelma chrysolophum</i>	Serra do Mar Tyrant-manakin
Pipridae	<i>Ilicura militaris</i>	Pin-tailed Manakin
Pipridae	<i>Machaeropterus regulus</i>	Striped Manakin
Pipridae	<i>Manacus manacus</i>	White-bearded Manakin
Pipridae	<i>Antilophia galeata</i>	Helmeted Manakin
Pipridae	<i>Chiroxiphia caudata</i>	Swallow-tailed Manakin
Pipridae	<i>Pipra fasciicauda</i>	Band-tailed Manakin
Cotingidae	<i>Tityra cayana</i>	Black-tailed Tityra
Cotingidae	<i>Schiffornis virescens</i>	Greenish Schiffornis
Cotingidae	<i>Laniisoma elegans</i>	Shrike-like Cotinga
Cotingidae	<i>Pachyramphus polychopterus</i>	White-winged Becard
Cotingidae	<i>Pachyramphus validus</i>	Crested Becard
Cotingidae	<i>Carpornis cucullata</i>	Hooded Berryeater
Cotingidae	<i>Oxyruncus cristatus</i>	Sharpbill
Cotingidae	<i>Procnias nudicollis</i>	Bare-throated Bellbird
Cotingidae	<i>Lipaugus lanioides</i>	Cinnamon-vented Piha
Cotingidae	<i>Pyroderus scutatus</i>	Red-ruffed Fruitcrow
Tyrannidae	<i>Phyllomyias fasciatus</i>	Planalto Tyrannulet
Tyrannidae	<i>Myiopagis viridicata</i>	Greenish Elaenia
Tyrannidae	<i>Elaenia parvirostris</i>	Small-billed Elaenia
Tyrannidae	<i>Elaenia mesoleuca</i>	Olivaceous Elaenia

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Continuação)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Tyrannidae	<i>Elaenia obscura</i>	Highland Elaenia
Tyrannidae	<i>Camptostoma obsoletum</i>	Southern Beardless-tyrannulet
Tyrannidae	<i>Capsiempis flaveola</i>	Yellow Tyrannulet
Tyrannidae	<i>Corythopis delalandi</i>	Southern Antpipit
Tyrannidae	<i>Euscarthmus meloryphus</i>	Tawny-crowned Pygmy-tyrant
Tyrannidae	<i>Phylloscartes paulista</i>	Sao Paulo Tyrannulet
Tyrannidae	<i>Phylloscartes oustaleti</i>	Oustalet's Tyrannulet
Tyrannidae	<i>Phylloscartes ventralis</i>	Mottle-cheeked Tyrannulet
Tyrannidae	<i>Mionectes oleagineus</i>	Ochre-bellied Flycatcher
Tyrannidae	<i>Mionectes rufiventris</i>	Grey-hooded Flycatcher
Tyrannidae	<i>Leptopogon amaurocephalus</i>	Sepia-capped Flycatcher
Tyrannidae	<i>Myiophobus fasciatus</i>	Bran-coloured Flycatcher
Tyrannidae	<i>Hemitriccus diops</i>	Drab-breasted Bamboo-tyrant
Tyrannidae	<i>Hemitriccus obsoletus</i>	Brown-breasted Bamboo-tyrant
Tyrannidae	<i>Hemitriccus orbitatus</i>	Eye-ringed Tody-tyrant
Tyrannidae	<i>Hemitriccus nidipendulus</i>	Hangnest Tody-tyrant
Tyrannidae	<i>Hemitriccus margaritaceiventer</i>	Pearly-vented Tody-tyrant
Tyrannidae	<i>Myiornis auricularis</i>	Eared Pygmy-tyrant
Tyrannidae	<i>Poecilatriccus plumbeiceps</i>	Ochre-faced Tody-flycatcher
Tyrannidae	<i>Poecilatriccus latirostris</i>	Rusty-fronted Tody-flycatcher
Tyrannidae	<i>Tolmomyias sulphurescens</i>	Yellow-olive Flycatcher
Tyrannidae	<i>Tolmomyias flaviventris</i>	Yellow-breasted Flycatcher
Tyrannidae	<i>Platyrrinchus mystaceus</i>	White-throated Spadebill
Tyrannidae	<i>Platyrrinchus leucoryphus</i>	Russet-winged Spadebill
Tyrannidae	<i>Onychorhynchus coronatus</i>	Amazonian Royal Flycatcher
Tyrannidae	<i>Myiobius barbatus</i>	Bearded Flycatcher
Tyrannidae	<i>Myiobius atricaudus</i>	Black-tailed Flycatcher
Tyrannidae	<i>Lathrotriccus euleri</i>	Euler's Flycatcher
Tyrannidae	<i>Cnemotriccus fuscatus</i>	Fuscous Flycatcher
Tyrannidae	<i>Knipolegus cyanirostris</i>	Blue-billed Black-tyrant
Tyrannidae	<i>Myiozetetes similis</i>	Social Flycatcher
Tyrannidae	<i>Pitangus sulphuratus</i>	Great Kiskadee
Tyrannidae	<i>Myiodynastes maculatus</i>	Streaked Flycatcher
Tyrannidae	<i>Tyrannus melancholicus</i>	Tropical Kingbird
Tyrannidae	<i>Sirystes sibilator</i>	Sirystes
Tyrannidae	<i>Casiornis rufus</i>	Rufous Casiornis
Tyrannidae	<i>Myiarchus swainsoni</i>	Swainson's Flycatcher
Tyrannidae	<i>Myiarchus ferox</i>	Short-crested Flycatcher
Tyrannidae	<i>Myiarchus tyrannulus</i>	Brown-crested Flycatcher
Tyrannidae	<i>Ramphotrigon megacephalum</i>	Large-headed Flatbill
Tyrannidae	<i>Attila rufus</i>	Grey-hooded Attila
Thamnophilidae	<i>Hypoedaleus guttatus</i>	Spot-backed Antshrike

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Continuação)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Thamnophilidae	<i>Batara cinerea</i>	Giant Antshrike
Thamnophilidae	<i>Taraba major</i>	Great Antshrike
Thamnophilidae	<i>Thamnophilus doliatus</i>	Barred Antshrike
Thamnophilidae	<i>Thamnophilus pelzelni</i>	Planalto Slaty-antshrike
Thamnophilidae	<i>Thamnophilus caerulescens</i>	Variable Antshrike
Thamnophilidae	<i>Dysithamnus stictothorax</i>	Spot-breasted Antwreio
Thamnophilidae	<i>Dysithamnus mentalis</i>	Plain Antwreio
Thamnophilidae	<i>Dysithamnus xanthopterus</i>	Rufous-backed Antwreio
Thamnophilidae	<i>Thammomanes caesius</i>	Cinereous Antshrike
Thamnophilidae	<i>Myrmotherula gularis</i>	Star-throated Antwren
Thamnophilidae	<i>Myrmotherula axillaris</i>	White-flanked Antwren
Thamnophilidae	<i>Myrmotherula minor</i>	Salvadori's Antwren
Thamnophilidae	<i>Myrmotherula unicolor</i>	Unicoloured Antwren
Thamnophilidae	<i>Herpsilochmus atricapillus</i>	Black-capped Antwren
Thamnophilidae	<i>Herpsilochmus longirostris</i>	Large-billed Antwren
Thamnophilidae	<i>Drymophila ferruginea</i>	Ferruginous Antbird
Thamnophilidae	<i>Drymophila ochropyga</i>	Ochre-rumped Antbird
Thamnophilidae	<i>Drymophila malura</i>	Dusky-tailed Antbird
Thamnophilidae	<i>Drymophila squamata</i>	Scaled Antbird
Thamnophilidae	<i>Pyriglena leucoptera</i>	White-shouldered Fire-eye
Thamnophilidae	<i>Myrmeciza loricata</i>	White-bibbed Antbird
Thamnophilidae	<i>Myrmeciza squamosa</i>	Squamate Antbird
Conopophagidae	<i>Conopophaga lineata</i>	Rufous Gnateater
Conopophagidae	<i>Conopophaga melanops</i>	Black-cheeked Gnateater
Rhinocryptidae	<i>Scytalopus speluncae</i>	Mouse-coloured Tapaculo
Formicariidae	<i>Formicarius colma</i>	Rufous-capped Antthrush
Formicariidae	<i>Chamaeza campanisona</i>	Short-tailed Antthrush
Formicariidae	<i>Chamaeza meruloides</i>	Such's Antthrush
Formicariidae	<i>Grallaria varia</i>	Variiegated Antpitta
Furnariidae	<i>Leptasthenura setaria</i>	Araucaria Tit-spinetail
Furnariidae	<i>Synallaxis ruficapilla</i>	Rufous-capped Spinetail
Furnariidae	<i>Synallaxis frontalis</i>	Sooty-fronted Spinetail
Furnariidae	<i>Synallaxis spixi</i>	Spix's Spinetail
Furnariidae	<i>Synallaxis cinerascens</i>	Grey-bellied Spinetail
Furnariidae	<i>Synallaxis scutata</i>	Ochre-cheeked Spinetail
Furnariidae	<i>Cranioleuca pallida</i>	Pallid Spinetail
Furnariidae	<i>Certhiaxis cinnamomeus</i>	Yellow-chinned Spinetail
Furnariidae	<i>Anabacerthia amaurotis</i>	White-browed Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Syndactyla rufosuperciliata</i>	Buff-browed Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Philydor lichtensteini</i>	Ochre-breasted Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Philydor rufum</i>	Buff-fronted Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Philydor atricapillus</i>	Black-capped Foliage-gleaner

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Continuação)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Furnariidae	<i>Anabazenops fuscus</i>	White-collared Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Cichlocolaptes leucophrus</i>	Pale-browed Treehunter
Furnariidae	<i>Automolus leucophthalmus</i>	White-eyed Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Hylocryptus rectirostris</i>	Chestnut-capped Foliage-gleaner
Furnariidae	<i>Sclerurus scansor</i>	Rufous-breasted Leaf-tosser
Furnariidae	<i>Lochmias nematura</i>	Sharp-tailed Streamcreeper
Furnariidae	<i>Heliobletus contaminatus</i>	Sharp-billed Treehunter
Furnariidae	<i>Xenops minutus</i>	Plain Xenops
Furnariidae	<i>Xenops rutilans</i>	Streaked Xenops
Furnariidae	<i>Dendrocincla turdina</i>	Plain-winged Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Sittasomus griseicapillus</i>	Olivaceous Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Xiphocolaptes albicollis</i>	White-throated Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Dendrocolaptes platyrostris</i>	Planalto Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Xiphorhynchus fuscus</i>	Lesser Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Lepidocolaptes angustirostris</i>	Narrow-billed Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Lepidocolaptes squamatus</i>	Scaled Woodcreeper
Dendrocolaptidae	<i>Campylorhamphus trochilirostris</i>	Red-billed Scythebill
Dendrocolaptidae	<i>Campylorhamphus falcularius</i>	Black-billed Scythebill
Vireonidae	<i>Cyclarhis gujanensis</i>	Rufous-browed Peppershrike
Vireonidae	<i>Vireo olivaceus</i>	Red-eyed Vireo
Vireonidae	<i>Hylophilus poicilotis</i>	Rufous-crowned Greenlet
Corvidae	<i>Cyanocorax chrysops</i>	Plush-crested Jay
Troglodytidae	<i>Thryothorus genibarbis</i>	Moustached Wren
Troglodytidae	<i>Thryothorus leucotis</i>	Buff-breasted Wren
Troglodytidae	<i>Thryothorus longirostris</i>	Long-billed Wren
Troglodytidae	<i>Troglodytes aedon</i>	House Wren
Turdidae	<i>Turdus flavipes</i>	Yellow-legged Thrush
Turdidae	<i>Turdus subalaris/nigriceps</i>	Eastern Slaty Thrush
Turdidae	<i>Turdus rufiventris</i>	Rufous-bellied Thrush
Turdidae	<i>Turdus leucomelas</i>	Pale-breasted Thrush
Turdidae	<i>Turdus amaurochalinus</i>	Creamy-bellied Thrush
Turdidae	<i>Turdus albicollis</i>	White-necked Thrush
Parulidae	<i>Parula pitiayumi</i>	Tropical Parula
Parulidae	<i>Basileuterus culicivorus</i>	Golden-crowned Warbler
Parulidae	<i>Basileuterus hypoleucus</i>	White-bellied Warbler
Parulidae	<i>Basileuterus leucoblepharus</i>	White-browed Warbler
Parulidae	<i>Basileuterus flaveolus</i>	Flavescent Warbler
Parulidae	<i>Phaeothlypis rivularis</i>	Neotropical River Warbler
Icteridae	<i>Cacicus haemorrhous</i>	Red-rumped Cacique
Icteridae	<i>Cacicus chrysopterus</i>	Golden-winged Cacique
Icteridae	<i>Gnorimopsar chopi</i>	Chopi Blackbird
Coerebidae	<i>Coereba flaveola</i>	Bananaquit

Tabela 2- lista das 248 espécies de aves distribuídas em 36 famílias (BirdLife International V3, 2010), amostradas nos 83 pontos.

(Conclusão)

Família	Nome científico	Nome em Inglês
Emberizidae	<i>Zonotrichia capensis</i>	Rufous-collared Sparrow
Emberizidae	<i>Haplospiza unicolor</i>	Uniform Finch
Emberizidae	<i>Poospiza lateralis</i>	Buff-throated Warbling-finch
Emberizidae	<i>Volatinia jacarina</i>	Blue-black Grassquit
Emberizidae	<i>Tiaris fuliginosus</i>	Sooty Grassquit
Emberizidae	<i>Arremon taciturnus</i>	Pectoral Sparrow
Emberizidae	<i>Arremon semitorquatus</i>	Half-collared Sparrow
Emberizidae	<i>Arremon flavirostris</i>	Saffron-billed Sparrow
Emberizidae	<i>Coryphospingus cucullatus</i>	Red-crested Finch
Thraupidae	<i>Orthogonys chloricterus</i>	Olive-green Tanager
Thraupidae	<i>Thlypopsis sordida</i>	Orange-headed Tanager
Thraupidae	<i>Pyrrhocomma ruficeps</i>	Chestnut-headed Tanager
Thraupidae	<i>Trichothraupis melanops</i>	Black-goggled Tanager
Thraupidae	<i>Eucometis penicillata</i>	Grey-headed Tanager
Thraupidae	<i>Tachyphonus cristatus</i>	Flame-crested Tanager
Thraupidae	<i>Tachyphonus coronatus</i>	Ruby-crowned Tanager
Thraupidae	<i>Ramphocelus bresilius</i>	Brazilian Tanager
Thraupidae	<i>Thraupis sayaca</i>	Sayaca Tanager
Thraupidae	<i>Thraupis cyanopectera</i>	Azure-shouldered Tanager
Thraupidae	<i>Thraupis ornata</i>	Golden-chevroned Tanager
Thraupidae	<i>Thraupis palmarum</i>	Palm Tanager
Thraupidae	<i>Stephanophorus diadematus</i>	Diademed Tanager
Thraupidae	<i>Pipraeidea melanonota</i>	Fawn-breasted Tanager
Thraupidae	<i>Tangara seledon</i>	Green-headed Tanager
Thraupidae	<i>Tangara cyanocephala</i>	Red-necked Tanager
Thraupidae	<i>Tangara desmaresti</i>	Brassy-breasted Tanager
Thraupidae	<i>Tangara cayana</i>	Burnished-buff Tanager
Thraupidae	<i>Dacnis cayana</i>	Blue Dacnis
Thraupidae	<i>Hemithraupis flavicollis</i>	Yellow-backed Tanager
Thraupidae	<i>Conirostrum speciosum</i>	Chestnut-vented Conebill
Thraupidae	<i>Euphonia violacea</i>	Violaceous Euphonia
Thraupidae	<i>Euphonia xanthogaster</i>	Orange-bellied Euphonia
Thraupidae	<i>Euphonia pectoralis</i>	Chestnut-bellied Euphonia
Cardinalidae	<i>Habia rubica</i>	Red-crowned Ant-tanager
Cardinalidae	<i>Amaurospiza moesta</i>	Blackish-blue Seedeater
Cardinalidae	<i>Saltator fuliginosus</i>	Black-throated Grosbeak
Cardinalidae	<i>Saltator maximus</i>	Buff-throated Saltator
Cardinalidae	<i>Saltator similis</i>	Green-winged Saltator

Fonte: do autor

Tabela 3- lista dos 83 pontos amostrais com suas respectivas informações sobre a identificação (ID), localização (Latitude, Longitude e Altitude), Diversidade Filogenética (PD) e Estrutura filogenética (NRI e NTI) com os valores de significância das medidas (p NRI e p NTI). Para valores positivos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\leq 0,05$ (*) e, para valores negativos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\geq 0,95$ (**).

(Continua)

ID	Ecorregion	Localização			Medidas da Paisagem			PD	Estrutura filogenética			
		Latitude	Longitude	Altitude	Pland	Clumpy	Cohesion		NRI	p NRI	NTI	p NTI
1	Alto Paraná Atlantic forests	-24.269166	-48.415555	848	54.984	0.824	95.788	1299	2.075	0.018*	0.734	0.227
2	Alto Paraná Atlantic forests	-24.304722	-48.364722	848	100.000	1.000	100.000	2408	-0.943	0.82	-1.561	0.927
3	Alto Paraná Atlantic forests	-24.316666	-48.416666	716	100.000	1.000	100.000	2243	-1.199	0.879	0.165	0.487
4	Alto Paraná Atlantic forests	-24.278333	-48.407778	914	87.896	0.889	99.807	2622	-2.338	0.991**	-0.316	0.654
43	Alto Paraná Atlantic forests	-22.216666	-49.816666	586	4.265	0.925	89.096	1022	-0.668	0.762	1.061	0.131
80	Alto Paraná Atlantic forests	-24.059167	-48.324444	650	5.934	0.952	91.013	1605	-0.691	0.767	-0.457	0.707
81	Alto Paraná Atlantic forests	-24.058611	-48.352778	699	12.025	0.931	94.548	1603	0.608	0.26	-0.138	0.592
82	Alto Paraná Atlantic forests	-24.065278	-48.394444	783	12.184	0.883	91.753	1781	-0.444	0.674	-1.037	0.845
83	Alto Paraná Atlantic forests	-24.063611	-48.375278	748	16.614	0.902	95.794	1709	-0.423	0.664	-0.461	0.715
84	Alto Paraná Atlantic forests	-24.049444	-48.313889	668	1.661	0.905	80.441	1545	-0.473	0.691	0.695	0.25
85	Alto Paraná Atlantic forests	-24.041389	-48.309444	659	3.560	0.945	87.556	1515	-0.323	0.641	0.056	0.526
86	Alto Paraná Atlantic forests	-24.066111	-48.318611	650	1.899	0.893	81.891	1292	0.321	0.388	1.410	0.063
104	Alto Paraná Atlantic forests	-22.360800	-52.260000	390	9.063	0.985	93.411	1728	0.055	0.463	-0.541	0.739
105	Alto Paraná Atlantic forests	-22.367200	-52.625700	390	19.726	0.982	96.448	1906	-1.106	0.862	-0.741	0.783
106	Alto Paraná Atlantic forests	-22.396400	-52.674900	327	31.379	0.978	97.772	1542	-0.479	0.68	0.511	0.333
107	Alto Paraná Atlantic forests	-22.416900	-52.497700	417	77.837	0.982	99.621	1760	0.228	0.409	1.798	0.015*
108	Alto Paraná Atlantic forests	-22.473900	-52.341700	297	88.652	0.961	99.824	1806	-1.726	0.968**	-0.264	0.643
109	Alto Paraná Atlantic forests	-22.516600	-52.277400	430	99.924	1.000	99.999	1765	0.862	0.178	1.135	0.127
110	Alto Paraná Atlantic forests	-22.523800	-52.062400	282	53.999	0.976	98.976	1493	-0.497	0.692	-0.062	0.545
111	Alto Paraná Atlantic forests	-22.366300	-52.339500	425	32.445	0.925	95.952	1136	0.654	0.218	1.386	0.068
112	Alto Paraná Atlantic forests	-22.324900	-52.324800	431	66.108	0.961	99.348	1766	0.115	0.452	0.886	0.199

Tabela 3- lista dos 83 pontos amostrais com suas respectivas informações sobre a identificação (ID), localização (Latitude, Longitude e Altitude), Diversidade Filogenética (PD) e Estrutura filogenética (NRI e NTI) com os valores de significância das medidas (p NRI e p NTI). Para valores positivos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\leq 0,05$ (*) e, para valores negativos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\geq 0,95$ (**).

(Continuação)

ID	Ecorregion	Localização			Medidas da Paisagem			PD	Estrutura filogenética			
		Latitude	Longitude	Altitude	Pland	Clumpy	Cohesion		NRI	p NRI	NTI	p NTI
113	Alto Paraná Atlantic forests	-22.295700	-52.379700	401	26.200	0.910	94.993	1672	0.512	0.305	-0.013	0.541
114	Alto Paraná Atlantic forests	-22.294000	-52.345200	405	59.254	0.953	98.099	1464	0.570	0.269	0.526	0.312
116	Alto Paraná Atlantic forests	-22.331100	-52.397200	352	55.369	0.984	99.024	1165	0.727	0.203	-1.834	0.939
117	Alto Paraná Atlantic forests	-21.522413	-49.300961	422	100.000	1.000	100.000	1250	1.059	0.126	1.089	0.125
119	Alto Paraná Atlantic forests	-20.923932	-49.932047	481	67.631	0.968	99.387	906	-0.699	0.773	-0.299	0.688
122	Alto Paraná Atlantic forests	-20.481300	-48.819559	458	77.989	0.851	98.316	1050	-0.458	0.693	0.487	0.35
124	Alto Paraná Atlantic forests	-20.927245	-50.348978	400	100.000	1.000	100.000	1677	1.358	0.074	0.119	0.492
125	Alto Paraná Atlantic forests	-20.743102	-49.930310	474	39.756	0.948	97.338	798	-0.513	0.716	0.702	0.249
126	Alto Paraná Atlantic forests	-20.743102	-49.930310	474	18.736	0.971	96.281	933	0.407	0.306	-0.025	0.571
128	Alto Paraná Atlantic forests	-20.006152	-50.432974	413	42.955	0.955	98.508	1477	-1.014	0.845	-0.852	0.835
131	Alto Paraná Atlantic forests	-20.639673	-48.753289	562	30.775	0.959	97.029	1194	-1.583	0.95**	-0.878	0.826
133	Alto Paraná Atlantic forests	-21.225581	-48.928374	578	17.213	0.971	95.997	1070	-0.474	0.689	1.422	0.05*
44	Araucaria moist forests	-24.283333	-50.583333	767	25.286	0.885	94.945	1879	6.009	0*	0.577	0.306
141	Araucaria moist forests	-24.294444	-50.593055	748	23.839	0.936	97.025	1689	-1.510	0.95**	-2.424	0.988**
142	Araucaria moist forests	-24.301944	-50.586388	737	13.861	0.893	92.030	1335	-1.160	0.877	-0.178	0.609
144	Araucaria moist forests	-24.287500	-50.553055	811	30.693	0.832	95.406	1404	-0.750	0.772	0.529	0.334
145	Araucaria moist forests	-24.296944	-50.551388	795	42.270	0.772	92.747	1320	-0.241	0.594	1.017	0.154
147	Araucaria moist forests	-24.320000	-50.578333	784	6.398	0.814	79.486	1467	1.639	0.049*	0.885	0.195
148	Araucaria moist forests	-24.285277	-50.573611	811	31.226	0.864	95.707	1746	-1.370	0.91	0.056	0.546
12	Serra do Mar coastal forests	-24.583333	-48.483333	439	75.475	0.907	99.563	1435	1.153	0.129	-0.486	0.788
14	Serra do Mar coastal forests	-27.766666	-48.800000	355	48.497	0.762	96.545	1641	-0.747	0.791	-2.609	0.976**
45	Serra do Mar coastal forests	-22.950000	-46.733333	826	3.481	0.832	78.652	1933	-0.897	0.842	0.968	0.046*

Tabela 3- lista dos 83 pontos amostrais com suas respectivas informações sobre a identificação (ID), localização (Latitude, Longitude e Altitude), Diversidade Filogenética (PD) e Estrutura filogenética (NRI e NTI) com os valores de significância das medidas (p NRI e p NTI). Para valores positivos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\leq 0,05$ (*) e, para valores negativos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\geq 0,95$ (**).

(Continuação)

ID	Ecorregion	Localização			Medidas da Paisagem			PD	Estrutura filogenética			
		Latitude	Longitude	Altitude	Pland	Clumpy	Cohesion		NRI	p NRI	NTI	p NTI
46	Serra do Mar coastal forests	-22.950000	-46.733333	826	3.481	0.832	78.652	1836	-1.784	0.945	1.126	0.007*
49	Serra do Mar coastal forests	-23.849444	-47.461667	1025	1.266	0.916	77.171	1122	-0.178	0.578	1.259	0.031*
51	Serra do Mar coastal forests	-23.920556	-47.450556	968	55.854	0.888	99.022	1688	0.183	0.458	0.269	0.428
52	Serra do Mar coastal forests	-23.888611	-47.460278	973	8.070	0.863	88.987	1237	-0.247	0.622	0.804	0.152
54	Serra do Mar coastal forests	-23.885278	-47.481944	882	8.070	0.887	92.706	1653	-1.580	0.932	0.094	0.544
55	Serra do Mar coastal forests	-23.961389	-47.405833	706	79.826	0.871	98.839	1776	0.589	0.283	-0.133	0.674
56	Serra do Mar coastal forests	-23.843333	-47.451389	1026	19.146	0.841	90.967	1872	-0.155	0.592	-0.026	0.615
58	Serra do Mar coastal forests	-23.867500	-47.443611	939	32.358	0.770	93.819	1518	0.223	0.438	0.214	0.486
59	Serra do Mar coastal forests	-23.902778	-47.465556	887	18.671	0.833	91.972	1839	0.476	0.347	-0.229	0.744
60	Serra do Mar coastal forests	-23.867500	-47.471667	929	25.000	0.805	93.407	1594	-0.232	0.668	0.248	0.455
61	Serra do Mar coastal forests	-23.913333	-47.480000	917	36.867	0.815	93.081	1921	0.113	0.479	-0.556	0.842
64	Serra do Mar coastal forests	-23.878611	-47.433611	978	59.573	0.813	97.221	1512	1.045	0.126	0.546	0.278
65	Serra do Mar coastal forests	-23.907500	-47.453611	927	21.440	0.853	96.644	1343	0.968	0.154	-0.125	0.664
66	Serra do Mar coastal forests	-23.951667	-47.409722	651	83.465	0.823	98.378	1361	-0.731	0.788	0.687	0.18
67	Serra do Mar coastal forests	-23.947222	-47.396389	714	74.604	0.912	98.403	1089	-1.778	0.964**	0.144	0.497
68	Serra do Mar coastal forests	-23.918056	-47.469444	897	33.465	0.841	93.413	1548	0.518	0.322	0.048	0.58
69	Serra do Mar coastal forests	-23.833333	-47.446389	1008	34.098	0.850	95.109	1919	-0.439	0.708	-0.731	0.894
71	Serra do Mar coastal forests	-23.892778	-47.478889	899	1.345	0.960	77.939	1561	0.482	0.339	0.719	0.194
72	Serra do Mar coastal forests	-23.957500	-47.377222	759	100.000	1.000	100.000	1345	0.353	0.379	0.532	0.292
73	Serra do Mar coastal forests	-23.851111	-47.475556	896	25.158	0.833	95.276	1649	0.531	0.298	-0.867	0.915
75	Serra do Mar coastal forests	-23.854167	-47.448889	979	12.421	0.837	87.981	1625	-1.261	0.907	-0.378	0.794

Tabela 3- lista dos 83 pontos amostrais com suas respectivas informações sobre a identificação (ID), localização (Latitude, Longitude e Altitude), Diversidade Filogenética (PD) e Estrutura filogenética (NRI e NTI) com os valores de significância das medidas (p NRI e p NTI). Para valores positivos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\leq 0,05$ (*) e, para valores negativos de NRI e NTI, o valor de significância deve ser $\geq 0,95$ (**).

(Conclusão)

ID	Ecorregion	Localização			Medidas da Paisagem			PD	Estrutura filogenética			
		Latitude	Longitude	Altitude	Pland	Clumpy	Cohesion		NRI	p NRI	NTI	p NTI
77	Serra do Mar coastal forests	-23.875278	-47.480833	888	24.130	0.771	92.102	1330	0.124	0.468	0.209	0.49
78	Serra do Mar coastal forests	-23.873333	-47.490556	942	16.377	0.780	91.375	1321	-0.799	0.801	0.426	0.344
87	Serra do Mar coastal forests	-23.702222	-47.081111	923	27.532	0.899	97.046	1699	0.876	0.18	0.090	0.571
89	Serra do Mar coastal forests	-23.737500	-47.072777	966	52.769	0.901	98.221	1374	1.111	0.114	-0.921	0.914
90	Serra do Mar coastal forests	-23.725555	-47.063055	953	16.930	0.891	94.064	1463	0.267	0.404	-0.624	0.81
91	Serra do Mar coastal forests	-23.689444	-47.090833	910	3.085	0.889	86.418	1356	0.689	0.248	0.728	0.212
92	Serra do Mar coastal forests	-23.694167	-47.067222	912	28.323	0.829	96.818	1863	0.555	0.302	0.064	0.552
93	Serra do Mar coastal forests	-23.729166	-47.115833	913	12.975	0.913	90.851	1635	-0.127	0.567	0.365	0.375
94	Serra do Mar coastal forests	-23.715278	-47.087500	930	32.595	0.858	94.730	1646	0.571	0.3	0.068	0.577
95	Serra do Mar coastal forests	-23.711388	-47.097500	916	32.991	0.857	97.476	1378	0.022	0.499	0.514	0.294
96	Serra do Mar coastal forests	-23.715833	-47.072777	918	9.335	0.820	85.747	1326	0.966	0.166	0.712	0.172
97	Serra do Mar coastal forests	-23.735833	-47.058333	911	8.465	0.876	88.482	1362	0.357	0.351	0.010	0.589
99	Serra do Mar coastal forests	-23.724166	-47.073055	914	21.044	0.779	89.638	1608	0.386	0.366	0.309	0.4
100	Serra do Mar coastal forests	-23.743889	-47.064444	927	12.975	0.920	94.859	1427	1.011	0.136	0.725	0.159
101	Serra do Mar coastal forests	-23.708611	-47.072222	918	11.551	0.877	88.864	1245	-0.725	0.768	0.852	0.137
102	Serra do Mar coastal forests	-23.750000	-47.055556	899	1.424	1.000	78.642	1381	-1.514	0.925	0.269	0.454
103	Serra do Mar coastal forests	-23.768056	-47.046111	950	3.165	0.861	86.625	1444	-0.522	0.711	-0.346	0.743
138	Serra do Mar coastal forests	-22.516666	-43.016666	402	87.500	0.761	99.182	1598	3.173	0*	0.570	0.243
140	Serra do Mar coastal forests	-26.309166	-49.062500	679	100.000	1.000	100.000	1519	-0.788	0.808	0.552	0.261

Fonte: do autor.

Tabela 4- Seleção de modelos lineares (GLM) para a estrutura filogenética (NRI e/ou NTI) com a combinação das variáveis altitude, quantidade de hábitat (*Pland*), agregação das manchas (*Clumpy*) e conectividade estrutural entre as manchas (*Cohesion*) e seus valores de critério de informação de Akaike (AICc), delta do critério de informação de Akaike (Δ AICc) e pesos do critério de informação de Akaike (AICc pesos).

Modelos	Tipo de Regressão	AICc	ΔAICc	AICc pesos
NRI e/ou NTI~cohesion	glm	19.2	0	0.642
NRI e/ou NTI~pland	glm	22.4	3.2	0.128
NRI e/ou NTI~1	glm	22.5	3.3	0.123
NRI e/ou NTI~altitude	glm	24	4.8	0.057
NRI e/ou NTI~~clumpy	glm	24.3	5.1	0.049

Fonte: do autor

Tabela 5- Seleção de modelos lineares e não lineares (GLM, GAM e GLMM) para a diversidade filogenética (PD) com a combinação das variáveis altitude, quantidade de hábitat (*Pland*), agregação das manchas (*Clumpy*) e conectividade estrutural entre as manchas (*Cohesion*) e seus valores de critério de informação de Akaike (AICc), delta do critério de informação de Akaike (Δ AICc) e pesos do critério de informação de Akaike (AICc pesos).

Modelos	Tipo de Regressão	AICc	ΔAICc	AICc pesos
PD~pland+clumpy+(1 altitude)	glmer	1306.9	0	1
PD~clumpy+(1 altitude)	glmer	1360	53.1	<0.001
PD~pland + cohesion+(1 altitude)	glmer	1389.6	82.7	<0.001
PD~pland+(1 altitude)	glmer	1393.2	86.3	<0.001
PD~cohesion+(1 altitude)	glmer	1497.4	190.5	<0.001
PD~1+(1 altitude)	glmer	1821.2	514.3	<0.001
PD ~ cohesion+pland+altitude	gam	2866.9	1560	<0.001
PD~clumpy+pland+altitude	glm	5353.1	4046.2	<0.001

Fonte: do autor.

Tabela 6- Resultados dos melhores modelos de GLMM que analisam o efeito de *Pland*, *Clumpy* e altitude como variável aleatória. As especificações dos modelos GLMM são: erro de distribuição Poiseon e função log-link.

Variável	Estatística Wald	p	Declive	(± SE)
Intercept	32.64	<0.001	5.4917	0.1682
pland	7.41	<0.001	0.004	0.0005
clumpy	9.3	<0.001	1.8625	0.2002

Fonte: do autor.