



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO**  
**UNIVERSIDADE DE PERNAMBUCO**  
**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ETNOBIOLOGIA E**  
**CONSERVAÇÃO DA NATUREZA - PPGETNO**

**ANDERSON SILVA PINTO**

**BREJOS DE ALTITUDE: ASPECTOS FILOGENÉTICOS E**  
**CONSERVACIONISTAS**

**CAMPINA GRANDE - PB**  
**2023**

ANDERSON SILVA PINTO

**REJOS DE ALTITUDE: ASPECTOS FILOGENÉTICOS E  
CONSERVACIONISTAS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em  
Etnobiologia e Conservação da Natureza (UFRPE,  
UPE, UEPB e UFPE) como parte dos requisitos para  
a obtenção do título de doutor

Orientador: Prof. Dr. Sergio de Faria  
Lopes (Universidade Estadual da Paraíba)

CAMPINA GRANDE – PB  
2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

- P659b Pinto, Anderson Silva  
BREJOS DE ALTITUDE: ASPECTOS FILOGENÉTICOS E CONSERVACIONISTAS / Anderson Silva Pinto. -  
2023.  
104 f. : il.
- Orientador: Sergio de Faria Lopes.  
Inclui referências.
- Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Etnobiologia e  
Conservação da Natureza, Recife, 2023.
1. filtragem ambiental. 2. semiárido. 3. áreas protegidas. I. Lopes, Sergio de Faria, orient. II. Título

CDD 304.2

---

Anderson Silva Pinto. BREJOS DE ALTITUDE: ASPECTOS FILOGENÉTICOS E CONSERVACIONISTAS. Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Etnobiologia e Conservação da Natureza (PPGEtno) como requisito para obtenção do título de doutor.

Aprovado em 20 de outubro de 2023

### **BANCA EXAMINADORA**

#### **Prof. Dr. Sérgio de Faria Lopes**

Universidade Estadual da Paraíba – UEPB  
Presidente da banca avaliadora – Orientador

#### **Prof. Dr. José da Silva Mourão**

Universidade Estadual da Paraíba – UEPB  
Membro interno ao PPGEtno

#### **Prof. Dr. Alexandre Fadigas de Souza**

Universidade Federal do Rio Grande do Norte – UFRN  
Membro externo ao PPGEtno

#### **Profa. Dra. Julia Caram Sfair**

Universidade Estadual do Ceará – UECE  
Membro externo ao PPGEtno

#### **Dra. Kamila Marques Pedrosa**

Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS  
Membro externo ao PPGEtno

*Dedico aos meus pais, que  
incansavelmente entregaram o melhor  
de si em cada momento, cultivando em  
nós os valores mais profundos.*

*As raízes mais profundas alimentam os sonhos mais altos*  
*ASP*

## AGRADECIMENTOS

Em muitos momentos pensei em desistir. Pensei que não era bom o suficiente. Tive medo, sofri com a ansiedade e me perdi na descrença. Mas em alguns momentos pude sentir que existia uma mão estendida em minha direção. Foi essa mão que levantou quando estava no chão, e me confortou quando mais precisei. Obrigado, Deus. Sem a crença não teria chegado até aqui.

Gostaria de agradecer a todos os meus familiares, em especial meus pais e irmão, por todo carinho, incentivo e apoio. Sou grato por dividir a vida com pessoas tão maravilhosas. Espero que um dia possa fazer por vocês metade do que vocês já fizeram por mim.

Agradeço ao meu orientador Sérgio por todos os conselhos, conversas, risadas e parceria. Infelizmente muitas pessoas passam pela pós-graduação e não conseguem ter uma boa relação com seu comitê de orientação. Eu tive sorte, pois tive um orientador e um amigo.

Gostaria de agradecer a minha companheira, Fernanda. Você me acompanhou em todas as etapas da minha vida acadêmica. Partilhamos momentos bons e não tão bons ao longo desses 12 anos. Só queria dizer que essa conquista é tão sua quanto minha, pois sem seu apoio, sem sua ajuda e sem seu abraço carinhoso nos momentos de adversidade, eu não teria conseguido. Eu amo você.

Também gostaria de agradecer a minha grande amiga, Macelly. O doutorado me deu a oportunidade de conviver mais de perto com uma das melhores pessoas que já passaram pela minha vida. Por muitas vezes foi você que me sustentou ao longo dessa jornada. O processo se tornou mais leve por sua causa, obrigado.

Gostaria de agradecer ao parceiro, Écio Diniz. Sua ajuda ao longo desses anos foi fundamental para que conseguíssemos obter produtos de qualidade. Você é um profissional extremamente competente e solícito, espero que brevemente possamos trabalhar juntos novamente.

Gostaria de agradecer a todos aos meus amados amigos e amigas da UEPB, da Pós, do EcoTropics e da vida. Para não falhar com ninguém, não citarei nomes. Mas saibam que nossas conversas, nossas risadas, nossas brincadeiras, os conselhos, as ajudas... tudo está guardado no meu coração. Sem vocês eu não teria chegado até aqui.

Agradeço as flores do 303 que me acolheram enquanto estava em Recife. Foi uma grande alegria ser o cacto do apartamento.

Agradeço ao PPGEtno e a UFRPE, em especial aos professores e demais funcionários, pela oportunidade e por terem me dado condições de crescer enquanto profissional.

Agradeço a UEPB e ao EcoTropics por me cederem a infraestrutura necessária para que eu pudesse desenvolver minha pesquisa. Além disso, agradeço todo o acolhimento por parte dos professores, técnicos e terceirizados dessa instituição. Sempre fui muito bem tratado por todos.

Agradeço a FAPESQ e CAPES pela concessão da bolsa de estudos. Sem esse auxílio financeiro eu não teria conseguido.

Por último gostaria de agradecer ao governo federal por todas as políticas de ações afirmativas. Eu venho de uma família humilde, da zona rural do interior da Paraíba, e sem o olhar cuidadoso dos governos que de fato se comprometeram com a educação brasileira, eu não teria chagado até aqui. Agradeço o programa “caminhos da escola” que por muitos anos me fez chegar ao colégio. Aos programas “bolsa escola” e “bolsa família” que ajudavam meus pais a manter as contas pagas e nos manter na escola. As cotas que facilitaram o acesso dos menos favorecidos a universidade. As bolsas de ensino, pesquisa e extensão que garantem a permanência do pobre na academia. Se hoje eu sou pós-graduado é porque um dia alguém disse: “se o rico pode, o pobre também tem que poder”.



## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	10
Objetivos e questionamentos .....	10
Estratégias de pesquisa .....	11
Estrutura da tese.....	13
<b>CAPÍTULO 1: REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	16
<b>CAPÍTULO 2: PHYLOGENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE IN MOIST AND DRY UPLAND FORESTS IN THE SEMI-ARID REGION OF BRAZIL</b> ...	26
<b>CAPÍTULO 3: BREJOS DE ALTITUDE: BRIDGING PHYLOGENETIC DIVERSITY AND CONSERVATION IN A BRAZILIAN HOTSPOT</b> .....	63
<b>CAPÍTULO 4: CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	94
Principais conclusões.....	94
Contribuições teóricas e/ou metodológicas da tese .....	95
Principais limitações do estudo .....	95
Propostas de investigações futuras .....	96
Orçamento.....	97
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	98

## RESUMO

Compreender os fatores que influenciam a variação na diversidade e estrutura de comunidades vegetais diversas, como é o caso das florestas de terras altas neotropicais, é essencial no contexto das mudanças climáticas. Diante desta problemática, examinamos na presente tese como filtros ambientais (temperatura, precipitação e altitude) e habitats distintos (“Brejos de Altitude” - *moist upland forests* - MUF e “Serras de Caatinga” - *dry upland forests* - DUF) influenciam a diversidade e estrutura filogenética de 54 comunidades de árvores (28 MUF e 26 DUF). Utilizamos o tamanho do efeito padronizado (ses) das métricas diversidade filogenética (ses.PD), distância média entre pares (ses.MPD) e distância média até o vizinho mais próximo (ses.MNTD) para quantificar as mudanças na diversidade e estrutura das comunidades de árvores. Em seguida, avaliamos as relações das métricas filogenéticas com os filtros ambientais como preditores usando modelos lineares generalizados (GLMs). Nossos resultados indicam que o aumento da temperatura possui relação negativa com os índices filogenéticos analisados, direcionando comunidades filogeneticamente menos diversas e mais agrupadas. Já o aumento da precipitação e elevação apresentaram significativa relação positiva com os índices analisados, direcionando comunidades filogeneticamente mais diversas e com estrutura aleatória ou sobredispersa. Nossos achados também mostram que a diversidade e estrutura filogenética variam com o tipo de habitat. Enquanto MUFs apresentam maior diversidade filogenética e estrutura aleatória, DUFs exibem menor diversidade filogenética e estrutura agrupada. Após identificar que as MUFs apresentaram maior diversidade filogenética, direcionamos nossos esforços para entender se essas localidades estão protegidas por unidades de conservação (UCs). Além disso, com o entendimento de que uma UC não se faz efetiva apenas com sua demarcação, buscamos entender como a gestão dessas áreas está sendo conduzida. Descobrimos que 67,85% das MUFs consideradas no estudo estão dentro de UCs, a maioria das quais permite o uso sustentável de recursos naturais. No entanto, é importante destacar que a maioria das UCs apresentaram deficiências de gestão, como a ausência de plano de manejo. Também vimos que dentre as dez áreas que apresentaram os maiores de diversidade filogenética, oito pertencem a UCs, sendo sete destas de uso sustentável. Tratando das três áreas que apresentaram os menores valores de diversidade filogenética, vimos que elas também pertencem a UCs, sendo que duas delas não possuem plano de manejo e mecanismos de gestão participativa. Com base nesses resultados, podemos extrair duas conclusões principais para a tese. A primeira conclusão é que os padrões filogenéticos das comunidades de terras altas analisadas possuem forte relação com temperatura, precipitação, elevação e o habitat ao qual pertencem. Assim, caso o aumento de temperaturas e a redução da precipitação previstos nos cenários de mudanças climáticas para a região semiárida se concretizarem, essas comunidades podem enfrentar uma significativa perda de biodiversidade. A segunda conclusão é que áreas com alta diversidade filogenética ainda estão vulneráveis na região estudada, e simplesmente implementar UCs pode não assegurar a conservação do patrimônio evolutivo. O estabelecimento UCs bem geridas em áreas de alta diversidade filogenética é necessário, assim como fortalecer a gestão das UCs existentes, alocando recursos financeiros e envolvendo vários setores da sociedade civil nos processos de tomada de decisão.

**Palavras-chave:** filtragem ambiental; semiárido; áreas protegidas

## ABSTRACT

Understanding the factors that influence the variation in diversity and structure of diverse plant communities, such as neotropical upland forests, is essential in the context of climate change. Given this issue, in this thesis, we examined how environmental filters (temperature, precipitation, and altitude) and distinct habitats (“Brejos de Altitude” - moist upland forests - MUF and “Serras de Caatinga” - dry upland forests - DUF) influence the phylogenetic diversity and structure of 54 tree communities (28 MUF and 26 DUF). We used the standardized effect size (ses) of phylogenetic diversity metrics (ses.PD), mean pairwise distance (ses.MPD), and mean distance to the nearest neighbor (ses.MNTD) to quantify changes in the diversity and the structure of tree communities. We then evaluated the relationships of the phylogenetic metrics with environmental filters as predictors using generalized linear models (GLMs). Our results indicate that temperature increase has a negative relationship with the analyzed phylogenetic indices, directing communities that are phylogenetically less diverse and more clustered. Meanwhile, increased precipitation and elevation showed a significant positive relationship with the analyzed indices, directing communities that are phylogenetically more diverse with either a random or over-dispersed structure. Our findings also revealed that phylogenetic diversity and structure vary with habitat type. While MUFs exhibit greater phylogenetic diversity and a random structure, DUFs display lesser phylogenetic diversity and a clustered structure. After identifying that MUFs had greater phylogenetic diversity, we directed our efforts to understand whether these locations are Safeguarded by Protected Areas (PAs). Furthermore, recognizing that a PA is not only effective by its designation, we sought to understand how the management of these areas is being conducted. We found that 67.85% of the MUFs considered in the study are within PAs, most of which allow sustainable use of natural resources. However, it's important to note that most PAs showed management deficiencies, such as the absence of a management plan. We also observed that among the ten areas that exhibited the highest phylogenetic diversity, eight belong to PAs, with seven of these for sustainable use. Concerning the three areas that showed the lowest phylogenetic diversity values, all belong to PAs, and two lack both a management plan and participatory management mechanisms. Based on these results, we can draw two main conclusions for the thesis. The first conclusion is that the phylogenetic patterns of the analyzed highland communities are strongly related to temperature, precipitation, elevation, and the habitat they belong to. Thus, if the predicted temperature increase and precipitation decrease in the semi-arid region's climate change scenarios materialize, these communities may face a significant loss of biodiversity. The second conclusion is that areas with high phylogenetic diversity remain vulnerable in the studied region, and merely implementing PAs might not ensure the conservation of evolutionary heritage. Establishing well-managed PAs in high phylogenetic diversity areas is crucial, as is strengthening the management of existing PAs, allocating financial resources, and involving various sectors of civil society in decision-making processes.

**Keywords:** environmental filtering; semi-arid; protected areas

## INTRODUÇÃO GERAL

### Objetivos e questionamentos

Minha relação com os Brejos de Altitude se iniciou ainda na graduação, quando nosso grupo de pesquisa (EcoTropics) realizou um levantamento fitossociológico em um fragmento de floresta estacional semidecidual submontana (IBGE, 2012) em minha cidade natal (Lagoa Seca – PB). A floresta apresentava uma complexidade e diversidade notáveis, o que despertou meu interesse sobre o objeto de estudo. Durante o mestrado, optei por aprofundar meus conhecimentos nessa área. Assim, investigamos como as características edáficas influenciavam a estrutura e composição da comunidade vegetal daquele fragmento.

Com o passar dos anos, aquele fragmento foi se tornando pequeno diante minha curiosidade. Então no doutorado decidi dar um passo além. Queria entender como florestas tão diversas poderiam ocorrer justamente em meio ao semiárido. Percebi que para saciar minha curiosidade era necessário olhar para trás. Assim, busquei respostas em um campo que envolvia a ecologia e evolução, a “ecofilogenética”.

Guiado por minha curiosidade e inspirado pelo trabalho de alguns grandes nomes, minha jornada de pesquisa começou. Em meio as minhas buscas, me deparei com alguns estudos clássicos que me marcaram. Posso citar como exemplo o estudo de Webb *et al.* (2002), que demonstra como as relações filogenéticas assumem um papel importante na formação das comunidades. Depois disso, me deparei com as ideias reveladoras de Faith (1992) e Cavender-Bares *et al.* (2009), que propunham unir os campos da filogenética, ecologia e conservação. Esses e outros estudos, aliados a relevância regional dos Brejos de Altitude - que são vistos como refúgios cruciais para a biodiversidade e fornecedores de serviços ecossistêmicos (Pôrto; Cabral; Tabarelli, 2004) - motivaram não apenas a mim, mas também a todo o nosso grupo de pesquisa a compreender como esses padrões evolutivos se manifestam nessas comunidades.

Apesar das muitas dificuldades e frustrações impostas pela pandemia de Covid-19, iniciamos nossos estudos buscando descrever os padrões filogenéticos das comunidades vegetais de Brejos de Altitude e identificar os principais fatores ambientais que influenciam esses padrões. À medida que nossa pesquisa avançava, começamos a perceber que algumas comunidades vegetais também ocorriam em localidades elevadas no semiárido, mas eram diferentes em termos de composição taxônomica e estrutura das

vistas nos Brejos de Altitude. Essas comunidades foram chamadas por nosso grupo de pesquisa de “Serras de Caatinga” (Lopes; Ramos; Almeida, 2017). Ao constatar a coexistência de ecossistemas distintos em localidades muito próximas dentro da região semiárida, percebemos que ali havia uma oportunidade de pesquisa. Então investigamos se as comunidades de Brejos de Altitude e Serras de Caatinga apresentavam padrões distintos de diversidade e estrutura filogenética e quais fatores ambientais conduziam essas possíveis diferenças. Após investigarmos essas relações, um dos resultados que nos chamou atenção foi o fato de que as comunidades de Brejo de Altitude apresentaram maior diversidade filogenética em comparação as Serras de Caatinga (Pinto; Diniz; Lopes, 2023).

Após identificar as áreas de Brejo de Altitude possuem maior diversidade filogenética, direcionamos nossos esforços para entender se essas localidades estão protegidas por unidades de conservação (UCs). Além disso, com o entendimento de que uma UC não se faz efetiva apenas com sua demarcação (Leverington *et al.*, 2010), buscamos entender como a gestão dessas áreas está sendo conduzida. Essa etapa da pesquisa teve como objetivo identificar não apenas se as áreas de alta diversidade filogenética estão tecnicamente protegidas, mas também avaliar a efetividade dessa proteção, oferecendo uma visão ampla sobre as políticas de conservação aplicadas aos Brejos de Altitude.

Assim, com essa tese, pretendemos fornecer um olhar aprofundado sobre os padrões filogenéticos em comunidades vegetais que ocorrem em terras altas no semiárido, identificar os principais fatores ambientais que os influenciam e analisar como a gestão atual de conservação está protegendo, ou não, essas áreas críticas. Desta forma, buscamos contribuir para o conhecimento científico e para a aplicação prática no planejamento de conservação e gestão dessas áreas.

### **Estratégias de pesquisa**

O arcabouço metodológico da presente tese foi planejado para alcançar os objetivos propostos anteriormente. Iniciamos nossa pesquisa a partir do embasamento teórico, conduzindo uma análise da literatura existente em bases de dados como *Web of Science*, *Scopus* e *Google Scholar* que resultou em nossa fundamentação teórica. Este primeiro passo nos permitiu delinear o panorama das questões que nos propusemos a investigar, identificando lacunas de conhecimento e metodologias predominantes na literatura científica. Essa compreensão dos debates e enfoques teóricos existentes, assim

como o exame dos estudos precedentes, foi essencial para a concepção da presente tese. Esse esforço, segundo Hart (1998), é crucial para situar nosso trabalho dentro do conhecimento existente e justificar sua relevância.

Para descrever os padrões filogenéticos das comunidades dos Brejos de Altitude e compará-los aos das Serras de Caatinga, primeiramente, realizamos o levantamento das áreas a partir da base de dados NeotroTree, que é um banco de dados interativo, o qual reúne listas de verificação de espécies arbóreas, referentes a mais de sete mil sites da Região Neotropical (Oliveira-Filho, 2017). Optamos por esta base devido ao seu amplo acervo de dados de comunidades vegetais arbóreas e pela veracidade de seus registros. Desse modo, selecionamos 54 comunidades de árvores (28 Brejos de Altitude e 26 Serras de Caatinga) e com as listas florísticas obtidas construímos uma mega árvore filogenética, conforme a metodologia sugerida por Jin e Qian (2019). A mega árvore proporciona um panorama dos relacionamentos evolutivos entre as espécies das comunidades estudadas (Li *et al.*, 2019), dando corpo à nossa análise filogenética.

A partir da árvore filogenética gerada, os índices PD, MPD e MNTD foram calculados para cada área. A diversidade filogenética (PD) é o cálculo da soma do comprimento dos ramos - ou seja, a "distância evolutiva" - que conecta um grupo de espécies em uma árvore filogenética (Faith, 1992). Em termos práticos, se as espécies forem muito diferentes entre si em termos evolutivos (ou seja, se elas são muito distantes uma da outra na árvore filogenética), a diversidade filogenética será maior. MPD que é a sigla para "Mean Pairwise Distance" (Distância Média aos Pares), é uma métrica que calcula a média das distâncias evolutivas entre todas as combinações de pares de espécies em uma localidade (Webb, 2000; Webb *et al.*, 2002). Já o MNTD que é a sigla para "Mean Nearest Taxon Distance" (Distância Média do Táxon Mais Próximo), é uma métrica que calcula a média das distâncias filogenéticas de cada espécie para a sua mais próxima (Webb, 2000; Webb *et al.*, 2002). Em seguida, calculamos o "standardized effect sizes" (ses) para cada métrica (ses.PD, ses.MPD e ses.MNTD), para corrigir o efeito de colinearidade comumente esperado com a riqueza de espécies. Usar diferentes índices nos permitiu entender os padrões de diversidade evolutiva nas comunidades estudadas a partir de diferentes óticas, aumentando a robustez de nossas descobertas.

Para as variáveis ambientais, utilizamos dados da base "WorldClim". A referida base fornece dados climáticos de alta resolução (Hijmans *et al.*, 2005), permitindo que obtivéssemos informações detalhadas sobre as condições ambientais em nossos locais de estudo. Essa escolha nos permitiu avaliar a influência de fatores como temperatura média

anual, precipitação média anual e elevação das áreas de estudos nas métricas filogenéticas das comunidades estudadas.

Para avaliar as relações entre os índices filogenéticos e as variáveis ambientais utilizamos modelos lineares generalizados (GLMs). Esta abordagem estatística, como mencionada na obra “Generalized Linear Models” de McCullagh (2018), permite modelar respostas a variáveis de entrada que podem ter diferentes tipos de distribuição de probabilidade. Essa versatilidade torna essa análise particularmente adequada para exames de dados ecológicos.

Para avaliar o grau de proteção oferecido às áreas de alta diversidade filogenética de Brejos de Altitude, empregamos uma abordagem geoespacial usando “shapefiles” que representam a distribuição das UCs no semiárido brasileiro. Esses “shapefiles”, obtidos a partir do banco de dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE, fornecem informações espaciais detalhadas sobre o alcance e a distribuição dessas áreas protegidas. Esses dados espaciais foram então sobrepostos a um mapa de densidade que refletia os valores de diversidade filogenética obtidos em nosso estudo. Esta etapa permitiu uma análise espacial da interseção entre as áreas de alta diversidade filogenética em Brejos de Altitude e as UCs existentes, além disso nos permitiu identificar áreas de alta diversidade filogenética que possam estar desprotegidas e, portanto, em risco. Complementamos essa análise espacial com uma avaliação do status de gestão dessas UCs. Avaliamos especificamente se as UCs tinham planos de manejo formalmente estabelecidos e conselhos gestores ativos, com base nas informações disponíveis no banco de dados do Instituto Socioambiental e sites dos órgãos responsáveis pela gestão ambiental local. Esta análise de gestão foi importante para identificar possíveis lacunas na proteção das áreas de alta diversidade filogenética e oferecer *insights* para futuras intervenções de conservação e manejo.

## **Estrutura da tese**

Esta tese é composta por quatro capítulos. Cada um desses capítulos contribui para a nossa exploração dos padrões filogenéticos das comunidades vegetais existentes nas terras altas do semiárido, com foco especial nos Brejos de Altitude. Eles nos ajudam a entender como esses padrões de diversidade são moldados por variáveis ambientais e a maneira como tais áreas são protegidas por unidades de conservação.

### *Capítulo 1: Referencial teórico*

Este capítulo concentra-se em explorar e sintetizar os conceitos-chave que permeiam nossos objetivos de pesquisa, com ênfase particular na compreensão dos conceitos ligados a diversidade e estrutura filogenética e suas aplicações à conservação da natureza, e a caracterização dos Brejos de Altitude e as pressões ambientais que essas comunidades enfrentam. Além disso, para atender às exigências do programa para teses e dissertações, é essencial que o referencial teórico enfatize a importância de discutir as dimensões sócio-culturais relacionadas ao tema do trabalho de conclusão, especialmente se o foco do trabalho não for estritamente a etnobiologia. Assim, foi incorporado ao referencial teórico o tópico "Etnobiologia e filogenias: estratégias integrativas para conservação biocultural". Esta seção explora as interações entre culturas humanas e a biodiversidade, destacando a influência das relações filogenéticas no uso de recursos naturais.

*Capítulo 2: Phylogenetic diversity and structure in moist and dry upland forests in the semi-arid region of Brazil*

Neste capítulo, descrevemos os padrões filogenéticos das comunidades arbóreas nos Brejos de Altitude e nas Serras de Caatinga. Utilizamos três índices de diversidade filogenética - PD, MPD e MNTD - e analisamos como esses índices são influenciados por fatores ambientais como temperatura, precipitação e elevação. Também comparamos a diversidade filogenética entre diferentes habitats. Nosso estudo revela que todas as variáveis ambientais examinadas têm um impacto significativo na diversidade e estrutura filogenética das comunidades estudadas. Além disso, notamos diferenças significativas dos índices filogenéticos entre as comunidades estabelecidas em diferentes habitats. As comunidades estabelecidas em Brejos de Altitude exibiram valores mais altos para todos os três índices filogenéticos em comparação com as comunidades estabelecidas em Serras de Caatinga.

*Capítulo 3: Brejos de Altitude: bridging phylogenetic diversity and conservation in a Brazilian hotspot*

Neste capítulo, nos concentramos nas questões relacionadas à conservação dos Brejos de Altitude. Usamos dados geoespaciais para analisar a distribuição das UCs na região e como essa distribuição se sobrepõe às áreas de alta diversidade filogenética. No entanto, também identificamos lacunas na proteção, incluindo áreas de alta diversidade filogenética que não estão atualmente protegidas e UCs que não possuem planos de



manejo ou conselhos gestores ativos. Essas descobertas ressaltam a necessidade de esforços de conservação contínuos e direcionados para proteger a diversidade filogenética dos Brejos de Altitude.

#### *Capítulo 4: Considerações finais*

O último capítulo da tese sintetiza as principais descobertas dos capítulos anteriores e destaca suas implicações para a conservação da diversidade filogenética de terras altas no semiárido do Brasil, com ênfase particular nos Brejos de Altitude. Discutimos como nossas descobertas contribuem para a compreensão atual do tema e sugerimos direções para futuras pesquisas. Além disso, enfatizamos a importância de se ampliar os esforços de conservação para proteger principalmente as áreas de alta diversidade filogenética.

## CAPÍTULO 1: REFERENCIAL TEÓRICO

### **Brejos de Altitude: perspectivas e conservação**

A Floresta Atlântica é considerada a segunda maior floresta tropical do continente americano, com seus remanescentes estendendo-se desde a costa brasileira até áreas interiores da Argentina e Paraguai (Oliveira-Filho; Fontes, 2000; Oliveira-Filho et al., 2013). Dada sua ampla distribuição latitudinal, este ecossistema apresenta grande variação de composição e estrutura em respostam, também, a grande variação climática e topográfica experimentada nesse intervalo (Oliveira-Filho; Fontes, 2000; Marques; Swaine; Liebsch, 2011). Devido à distribuição heterogênea das espécies em função do clima, Prance (1982) definiu três centros de endemismo para a Floresta Atlântica, sendo eles o centro de endemismo de Pernambuco, centro de endemismo Bahia-Espírito Santo e centro de endemismo Rio de Janeiro-São Paulo.

O centro de endemismo Pernambuco está situado ao norte do rio São Francisco e engloba os estados de Alagoas, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte, apresentando encraves nos estados do Ceará e Piauí (Tabarelli; Santos, 2004). Nesses estados, a Floresta Atlântica se apresenta na forma de um mosaico de florestas estacionais, florestas ombrófilas densas e abertas, situadas em terras baixas, sub-montanas e montanas (IBGE, 2012). Outra particularidade do centro de endemismo de Pernambuco são os encraves de floresta úmida em meio a uma matriz de vegetação xerófila (Andrade-Lima, 1982). Esses encraves são chamados de Brejos de Altitude, ou seja, ilhas de vegetação úmida que ocorrem em meio a matriz de vegetação seca da Caatinga, por esse motivo os Brejos de Altitude são considerados zonas exceção no semiárido do Brasil (Lins, 1989).

Os referidos Brejos geralmente estão associados a planaltos e chapadas com altitudes variando entre 600-1.100 metros (Andrade-Lima, 1960), onde a precipitação média anual varia entre 240-900 mm (Lins, 1989). Geralmente essas localidades são submetidas a chuvas orográficas, que podem garantir níveis de precipitação acima de 1.000 mm (Andrade-Lima, 1960). Apesar da referida conceituação, Andrade-Lima (1960) chamou atenção para a definição de Brejo de Altitude, pois nem toda mata serrana pode ser chamada de Brejo. Para Andrade-Lima (1966) os verdadeiros Brejos são aqueles obrigatoriamente rodeados por matriz de Caatinga.

Essa definição pode estar diretamente relacionada a origem vegetacional dos Brejos de Altitude. Durante o Pleistoceno, a Floresta Atlântica passou por um processo

de expansão, permitindo que sua vegetação penetrasse nos domínios da Caatinga (Andrade-Lima,1982). Após um período interglacial a floresta sofreu um processo de retração, no entanto, ilhas de floresta úmida permaneceram em localidades elevadas (Andrade-Lima,1982). Nesse sentido, algumas matas serranas podem ser apenas projeções das florestas litorâneas que perderam sua continuidade e não brejos (Andrade-Lima, 1966). Já Vasconcelos Sobrinho (1971) foi além e propôs que o conceito de Brejos de Altitude também deve incluir fatores ligados a clima, solo e fauna. No entanto, alguns autores destacam que ainda existem questões terminológicas, conceituais e sobre a origem da flora dos brejos que precisam ser esclarecidas (Andrade-Lima, 1966; Andrade-Lima,1982).

Outro ponto preocupante acerca dos Brejos é a questão da diminuição das suas áreas por conta da sobre-exploração (Taberelli; Santos, 2004). De forma contínua, os Brejos de Altitude têm sido substituídos tanto por grandes lavouras como por pequenas culturas de subsistência (Lins, 1989). A extração de madeira é outro grande problema enfrentado por esses ecossistemas. Vasconcelos Sobrinho (1971) relata que grandes populações de Cedro (*Cedrela fissilis* Vell.) eram presentes nos Brejos de Altitude, no entanto, após a década de 1960, essas populações diminuíram substancialmente em virtude da exploração madeireira. Devido a esse processo de exploração, grupos de espécies sensíveis a perturbações são continuamente substituídas por espécies resistentes a esse tipo de impacto (Ribeiro-Neto *et al.*, 2016), podendo algumas dessas serem exóticas invasoras (Olden; Rooney, 2006). À medida que as perturbações e invasões persistem, as semelhanças taxonômicas, filogenéticas e funcionais aumentam localmente, levando ao empobrecimento da comunidade de plantas (Olden; Rooney, 2006; Ribeiro *et al.*, 2015).

Diante da importância local desses ecossistemas, em 1997 foi implementado o subprojeto “Recuperação e Manejo dos Ecossistemas Naturais de Brejos de Altitude de Pernambuco e Paraíba” (Projeto Brejos de Altitude), vinculado ao projeto de “Conservação e Utilização Sustentável da Biodiversidade Biológica Brasileira – PROBIO”, financiado pelo Banco Mundial e Ministério do Meio Ambiente (Braga; Pôrto, 2004). O projeto teve uma duração de quatro anos e gerou três importantes produtos: Plano de Conservação dos Brejos de Altitude de Pernambuco e Paraíba, o Zoneamento de Potencialidades de Uso do Solo de Caruaru e o Plano de Manejo do Parque João Vasconcelos Sobrinho (Braga; Pôrto, 2004).

O Projeto Brejos de Altitude, juntamente com seus produtos, pode ser considerado como uma das maiores iniciativas para conservação de áreas de Brejo no Nordeste. No entanto, outras iniciativas da mesma magnitude não foram identificadas na literatura. Por esse motivo, outros projetos e estudos visando a conservação dos diversos aspectos biológicos e ecológicos dos Brejos de Altitude se fazem necessários na atualidade.

### **Mapeando a ascensão da ecologia filogenética**

A ecologia filogenética está relacionada a dois importantes campos da biologia: a ecologia e a evolução. Esta disciplina busca entender como a história evolutiva de uma espécie ou clado pode influenciar seu nicho ecológico, sua distribuição e suas interações com outras espécies (Webb *et al.*, 2002). Diante desse contexto, é possível perceber que os fundamentos apresentados pela ecologia filogenética possuem forte influência dos trabalhos seminais de Charles Robert Darwin e Alfred Russel Wallace no século XIX. Em "On the Origin of Species", Darwin postulou a ideia inovadora da seleção natural, onde enfatizou que um organismo mais bem adaptado ao seu ambiente tende a sobreviver e reproduzir mais do que os menos adaptados (Darwin, 1859). Esta obra foi fundamental não apenas para o campo da evolução, mas também lançou as bases para entender as adaptações ecológicas em termos evolutivos. Já Alfred Russel Wallace, referido como o "co-fundador" da teoria da evolução por seleção natural, fez observações importantes sobre a distribuição geográfica dos animais. Seu trabalho em "The Geographical Distribution of Animals" foi um dos primeiros a aprofundar o conceito de biogeografia, sugerindo que padrões evolutivos e históricos influenciam a distribuição das espécies (Wallace, 1876). Wallace observou, por exemplo, que barreiras geográficas, como montanhas e corpos d'água, muitas vezes coincidiam com transições na fauna, um padrão que poderia ser explicado pela evolução em isolamento de populações em diferentes áreas geográficas.

Durante o século XX, as fortes relações entre evolução e ecologia começaram a ser investigadas de forma mais aprofundada. Ao longo desse período, começou-se a entender de forma detalhada como a proximidade filogenética poderia ser traduzida em similaridades ecológicas (Felsenstein, 1985; Futuyma; Moreno, 1988; Brooks; McLennan, 1991; Harvey; Pagel, 1991; Ricklefs; Latham, 1992; Losos, 1996). A partir das várias contribuições de diferentes autores começou a surgir o conceito de conservação de nicho, que implica que espécies estreitamente relacionadas, devido à sua herança

evolutiva comum, tenderiam a exibir preferências e tolerâncias ecológicas semelhantes em relação a recursos e habitats (Losos, 2008).

No entanto, para entender tais relações com precisão, era necessário um entendimento mais detalhado das relações evolutivas entre as espécies. Foi nesse ponto que a sistemática cladística, introduzida por Willi Hennig em seu livro "Phylogenetic Systematics", desempenhou um papel revolucionário (Hennig, 1966). Hennig propôs um método para reconstruir árvores evolutivas com base na ideia de ancestralidade comum (Hennig, 1965) e propôs conceitos que são fundamentais na biologia evolutiva moderna, como o de grupo natural ou monofilético (Santos, 2008). Esta abordagem abriu caminho para um entendimento mais detalhado da história evolutiva das espécies e estabeleceu uma forte base metodológica para futuros estudos em ecologia filogenética (Santos; Klassa, 2012).

Com o avanço de tecnologias ligadas ao sequenciamento de DNA nas décadas subsequentes, a capacidade de traçar relações filogenéticas só se fortaleceu, levando a descobertas mais detalhadas sobre a influência da filogenia na ecologia (Hillis, 1991). Este avanço tecnológico foi paralelo a um crescimento na disponibilidade de informações filogenéticas, tornando a construção de árvores filogenéticas precisas uma tarefa cada vez mais acessível (Cavender-Bares *et al.*, 2009). Por exemplo, atualmente é possível gerar filogenias para grandes conjuntos de espécies rapidamente e sem grandes custos a partir de outras filogenias que já foram construídas, como a *Open Tree of Life* (<https://tree.opentreeoflife.org/opentree>) (Li *et al.*, 2019).

Mas foi no início do século XXI que a formalização e consolidação da ecologia filogenética começou a ganhar forma. Neste período, trabalhos pioneiros destacaram a relevância de unir a história evolutiva com a análise ecológica de comunidades, propondo a criação de índices que unem esses dois campos (Webb, 2000; Webb *et al.*, 2002). No artigo "Exploring the Phylogenetic Structure of Ecological Communities: An Example for Rain Forest Trees", Campbell Webb introduziu e discutiu métricas que mais tarde seriam refinadas e popularizadas como MPD e MNTD (Webb, 2000).

Segundo as ideias expostas por Webb nesse estudo, pode-se definir MPD ("Mean Pairwise Distance") como a média das distâncias filogenéticas entre todos os pares de espécies em uma comunidade. Em termos simples, para uma comunidade específica, todas as espécies presentes são analisadas, e as distâncias filogenéticas entre cada par de táxons são computadas com base em uma árvore filogenética. A média dessas distâncias é o MPD. Já o MNTD ("Mean Nearest Taxon Distance") é a média das distâncias

filogenéticas de cada espécie para o táxon mais próximo dentro da comunidade. Para calcular o MNTD para cada espécie na comunidade, é preciso identificar qual outra espécie é sua parente mais próxima na filogenia e computar essa distância. Após computar, se faz a média das distâncias mais curtas para obter o MNTD. O trabalho de Webb (2000) também foi pioneiro ao introduzir os conceitos de NRI e NTI. Segundo o autor, NRI (“Net Relatedness Index”) é uma versão padronizada do MPD, e representa o grau de parentesco entre todas as espécies de uma comunidade em comparação com um conjunto de comunidades geradas aleatoriamente. Assim, um NRI positivo indica um agrupamento filogenético, ou seja, as espécies na comunidade são mais relacionadas do que se esperaria ao acaso, enquanto um NRI negativo indica sobredispersão filogenética. Já o NTI (“Nearest Taxon Index”) é uma versão padronizada do MNTD e foca de forma específica no parentesco das espécies com seus parentes mais próximos dentro da comunidade. Um NTI negativo sugere que as espécies na comunidade estão mais distantes de seus parentes mais próximos do que se esperaria ao acaso (sobredispersão), enquanto um NTI positivo sugere agrupamento. O artigo de Webb *et al.* (2002), "Phylogenies and Community Ecology", reforça os achados trazidos em Webb (2000), e fornece uma estrutura conceitual e metodológica ainda mais ampla para que informações filogenéticas pudessem ser incorporadas a ecologia de comunidades.

Uma vez lançadas as bases teóricas e metodológicas com trabalhos como o de Webb *et al.* (2002), pesquisadores embarcaram na tarefa de expandir, refinar e aplicar essas ideias. Trabalhos como os de Cavender-Bares *et al.* (2004, 2006), Chazdon *et al.* (2003), Kembel e Hubbell (2006), Silvertown *et al.* (2006), Valiente-Banuet e Verdú (2007) e Verdú e Pausas (2007) que buscavam entender e descrever a estrutura filogenética de comunidades vegetais, demonstrando a aplicabilidade prática das métricas filogenéticas na ecologia, foram fundamentais ao destacar como a história evolutiva pode clarear nossa compreensão dos processos ecológicos atuais.

Devido ao crescente número de publicações sobre o tema, Vamosi *et al.* (2009) em seu trabalho, "Emerging Patterns in the Comparative Analysis of Phylogenetic Community Structure", abordaram o campo a partir de uma perspectiva meta-analítica. Os autores revisaram estudos que empregavam métricas filogenéticas para entender a estrutura de 39 comunidades e encontraram padrões emergentes. Um dos principais resultados encontrados pelos autores foi que o agrupamento filogenético é o padrão estrutural mais encontrado em comunidades contemporâneas. Apesar do número limitado

de estudos, esse trabalho contribuiu para o campo de pesquisa ao mostrar que padrões consistentes podem emergir quando se considera um conjunto de dados maior.

Com o aumento do poder computacional, foi possível processar conjunto de dados maiores o que permitiu a expansão de estudos que integram abordagens filogenéticas à ecologia comunitária (Cavender-Bares *et al.*, 2009). Esse avanço tecnológico permitiu a criação de ferramentas analíticas de fácil utilização, a exemplo do “Phylocom” (software que fornece ferramentas para a análise da estrutura de comunidades em relação à filogenia) (Webb; Ackerly; Kembel, 2008). Além disso, concomitante ao avanço tecnológico, disponibilidade de informações filogenéticas e interesse crescente sobre a área, surgiram novos métodos, métricas e termos ligados a ecologia filogenética, consolidando ainda mais esse campo de pesquisa (Pausas; Verdú, 2010)

### **Ecologia e filogenias: conservando a história evolutiva**

Diante da incessante luta que é o combate contra grandes eventos de extinção em massa, a comunidade científica é frequentemente pressionada a propor estratégias sólidas para definição de áreas e grupos prioritários para a conservação (Myers *et al.*, 2000; Pereira *et al.*, 2010, Pellens; Grandcolas, 2016). Tradicionalmente, os principais critérios utilizados para se definir áreas prioritárias para a conservação levam em conta a riqueza de espécies, o endemismo taxonômico e o número de espécies ameaçadas (Myers *et al.*, 2000; Myers, 2003).

A partir desses critérios, importantes ferramentas foram desenvolvidas para apontar grupos que estão em risco eminente de extinção, a exemplo da lista de vermelha de espécies ameaçadas da IUCN (International Union for Conservation of Nature) (Pellens; Grandcolas, 2016). Apesar dessas medidas serem importantes, priorizar apenas a riqueza e endemismo taxonômicos em ações de conservação pode não ser a estratégia que permite a manutenção da biodiversidade em contexto amplo (Forest *et al.*, 2015; Cadotte; Davies, 2016).

Estratégias de conservação baseadas apenas em riqueza e endemismo taxonômicos têm a limitação de considerar todas as espécies como iguais, sendo cegas para determinados para sua história evolutiva (Pellens; Grandcolas, 2016). Em resposta a essa problemática, o uso de filogenias em estudos ecológicos/conservacionistas é apresentado como uma alternativa sólida que possibilita a caracterização de espécies em termos ligados a suas respectivas histórias evolutivas, além de mostrar que as diferenças

entre estas espécies não são definidas apenas por suas abundâncias (Vane-Wright *et al.*, 1991; Faith, 1992).

Essa ideia do uso de filogenias no campo da conservação foi expressa inicialmente por Atkinson (1989), quando ele propôs que essa abordagem pode ser de fundamental importância para a tomada de decisão. Para exemplificar esse raciocínio, o autor afirma que na presença de dois táxons ameaçados, um não relacionado a outras espécies vivas e outro relacionado a espécies comuns e amplamente distribuídas, seria razoável dar prioridade de conservação ao táxon filogeneticamente mais diferente. A partir da década de 1990 essa abordagem ganhou força e importantes estudos reafirmaram a ideia de Atkinson, mostrando que extinção de um táxon que não possui parentes próximos pode levar uma perda maior de informação genética (May, 1990; Vane-Wright *et al.*, 1991; Williams *et al.*, 1991).

Se a diversidade filogenética exerce papel fundamental em esforços voltados a conservação, uma consideração igualmente importante deve ser a escolha da medida que capta adequadamente os aspectos filogenéticos que são importantes para estratégias conservacionistas (Tucker *et al.*, 2017). Um dos primeiros esforços para definir áreas prioritárias para a conservação baseadas em critérios filogenéticos foi desenvolvida por Vane-Wright *et al.* (1990). Nesse estudo os autores propõem um índice que avalia a diversidade filogenética de espécies baseada na topologia de cladogramas. Esta abordagem estima o grau de parentesco entre duas espécies pela quantidade de nós ou conexões que as diferenciam dentro de uma árvore filogenética (Ricotta 2004, Cianciaruso; Silva; Batalha, 2009). Desse modo, quanto menor o número de nós uma espécie possuir entre a raiz da árvore filogenética e seu ramo terminal, mais isolada e basal é a espécie (Vane-Wright *et al.*, 1991). O valor obtido para cada espécie após análises de nós é chamado pelos autores de “distinguibilidade taxonômica”. Posadas *et al.* (2001) ampliou o índice de distinguibilidade taxonômica, ponderando o seu valor pela endemicidade de cada espécie. Os autores chamaram esse índice de “peso padronizado de endemicidade taxonômica”, e foi recentemente utilizado em estudos que visam a identificação de áreas prioritárias para a conservação de acordo com critérios filogenéticos (López-Osorio; Miranda-Esquível, 2010; Alzate *et al.* 2018).

Uma alternativa para medidas topológicas baseadas na contagem de nós, são os índices filogenéticos baseados em comprimentos dos ramos da árvore filogenética (Faith, 2016). Faith *et al.* (1992) foi o primeiro a propor uma medida de diversidade filogenética baseada em comprimento de ramos. O autor considera o ramo como um segmento de um



cladograma, situado entre dois nós, de modo que ramos mais compridos correspondem a tempos evolutivos maiores e consequentemente grupos taxonômicos mais distintos. O índice criado por Faith foi chamado de índice PD (“phylogenetic diversity”) é um dos mais utilizados no campo da diversidade filogenética (Faith, 2016).

Atualmente o número de métricas filogenéticas cresce dia após dia (Winter; Devictor; Schweiger, 2013), com mais de 70 métricas disponíveis e que podem ser utilizadas em estudos ecológicos e conservacionistas (Tucker *et al.*, 2017). De acordo com suas dimensões matemáticas, essas métricas podem ser divididas em medidas de riqueza, divergência e regularidade (Pavoine; Love; Bonsall, 2009). A riqueza abriga métricas que tratam da soma das diferenças filogenéticas acumuladas entre táxons; a divergência representa a diferença filogenética média entre táxons presentes em um clado; a regularidade representa quão regulares são as diferenças filogenéticas entre os táxons em uma assembleia (Tucker *et al.*, 2017).

A escolha da medida filogenética mais apropriada para uma determinada questão pode ser complicada dada a vasta coleção de métricas de diversidade disponíveis. Para diminuir as chances de erro, Tucker *et al.* (2017) sugerem que os pesquisadores avaliem suas questões de pesquisa e escolham métricas dentro de dimensões filogenéticas que venham a convergir seus objetivos.

Desse modo, a escolha de índices capazes de identificar “pontos de ruptura” filogenéticos, situações em que o último dos representantes de um ramo ancestral da árvore da vida é perdido, são essenciais no processo identificação de áreas prioritárias para a conservação (Faith *et al.*, 2010; Faith; Richards, 2012; Faith, 2016).

### **Etnobiologia e filogenias: estratégias integrativas para conservação biocultural**

A compreensão das relações filogenéticas entre espécies fornece *insights* cruciais sobre a evolução biológica e as interações ecológicas (Cavender-Bares *et al.*, 2009). Em particular, a etnobiologia, que estuda as complexas relações entre seres humanos e seu ambiente natural (Anderson *et al.*, 2011; Albuquerque; Medeiros, 2013), tem encontrado nas filogenias uma importante ferramenta para compreender a evolução das práticas tradicionais e o uso de recursos biológicos (Garnatje; Panuelas; Valles, 2017).

Essa abordagem interdisciplinar entre filogenia e etnobiologia foi fortemente influenciada pelos estudos de Daniel Moerman, que evidenciaram que a escolha de plantas medicinais e alimentícias por comunidades tradicionais não é arbitrária (Moerman, 1979; Moerman, 1991; Moerman, 1996). Segundo Moerman (1991), algumas

famílias botânicas, como Asteraceae, possuem metabólitos secundários eficazes em práticas medicinais que foram herdados de ancestrais comuns, enquanto outras famílias apresentam compostos menos úteis.

Ao incluir as filogenias nos estudos etnobiológicos, foi possível testar as ideias de Daniel Moerman e entender como diferentes espécies estão relacionadas, além de inferir sobre as possíveis propriedades medicinais, nutricionais ou simbólicas compartilhadas entre as plantas com base na sua herança evolutiva (Souza; Williamson; Hawkins, 2018; Pedrosa *et al.*, 2021; Zaman *et al.*, 2021). Por exemplo, atualmente é amplamente aceito que a seleção de espécies medicinais não é meramente casual, mas sim influenciada por associações evolutivas claras, onde parentes próximos compartilham composições químicas similares e, conseqüentemente, propriedades terapêuticas (Saslis-Lagoudakis *et al.*, 2011; Garnatje; Panuelas; Valles, 2017; Gaoue *et al.*, 2021). Devido a esses avanços, o uso semelhante de plantas incluídas em um mesmo nó de uma filogenia recebeu o nome de “convergência etnobotânica”, e faz alusão tanto a questões relacionadas a fatores culturais intrínsecos a prática do uso, quanto às questões evolutivas (Garnatje; Panuelas; Valles, 2017). Adicionalmente, a informação filogenética pode elucidar a origem e dispersão de técnicas e conhecimentos tradicionais entre diferentes culturas e grupos étnicos (Saslis-Lagoudakis *et al.*, 2011). Assim, a integração das árvores filogenéticas aos estudos etnobiológicos tem permitido uma melhor compreensão das escolhas feitas por comunidades locais na seleção de espécies para uso (Pedrosa *et al.*, 2021).

Essa abordagem interdisciplinar entre filogenia e etnobiologia também se apresenta como uma alavanca para o campo da conservação. O entendimento profundo das relações evolutivas entre espécies, em conjunto com o conhecimento tradicional encontrado em comunidades locais, fornece uma matriz informativa que pode ser aplicada a conservação.

Primeiramente, ao integrar informações filogenéticas aos dados etnobiológicos, é possível identificar linhagens taxonômicas que não apenas são valiosas do ponto de vista evolutivo, mas que também são fundamentais para a subsistência e cultura de comunidades humanas (Pedrosa *et al.*, 2021). Clados únicos em uma comunidade, podem oferecer serviços também únicos (Faith *et al.*, 2010). Identificar tais clados ameaçados é um passo importante para se evitar “pontos de ruptura” filogenéticos, ou seja, situações em que o último dos representantes de um ramo ancestral de uma árvore filogenética é perdido (Faith *et al.*, 2010; Faith; Richards, 2012; Faith, 2016). Evitar a perda de ramos

únicos da árvore filogenética contribui para a diminuição do risco de desaparecimento serviços também únicos em uma comunidade (Faith *et al.*, 2010).

Adicionalmente, esta abordagem integrativa pode realçar regiões geográficas específicas que são tanto hotspots de biodiversidade quanto centros de riqueza cultural (Kunwar *et al.*, 2022; Jha; Smith-Hall, 2023). A conservação destas áreas, portanto, não apenas preserva a diversidade biológica, mas também salvaguarda patrimônios culturais intangíveis, enraizados nas interações humanas com a natureza ao longo de gerações (Shebitz *et al.*, 2023).

A correlação de dados etnobiológicos com filogenias também tem relevância prática para a conservação *in situ*. Comunidades humanas locais frequentemente têm conhecimentos sobre espécies que são resilientes ou adaptáveis a perturbações ambientais (Berkes; Colding; Folke, 2000), informações estas que podem ser corroboradas através de análises filogenéticas. Assim, espécies identificadas como importantes tanto pela ciência quanto pelo saber tradicional podem ser priorizadas em projetos de conservação (Reyes-García; Benyei, 2019; Molnár; Babai, 2021).

Contudo, é crucial reconhecer que a implementação destas estratégias conservacionistas deve ocorrer em colaboração estreita com comunidades locais, respeitando seus direitos e conhecimentos (Albuquerque *et al.*, 2009). Ao valorizar e incorporar saberes tradicionais, é possível estabelecer estratégias de conservação mais holísticas e eficazes, garantindo a preservação simultânea da biodiversidade e da herança cultural humana (Shebitz *et al.*, 2023).

Em conclusão, a integração entre filogenia e etnobiologia oferece uma perspectiva revigorante para a conservação biológica. Ela não apenas enfatiza a necessidade de proteger a diversidade biológica em sua plenitude evolutiva, mas também reconhece o papel intrínseco das culturas humanas como partes essenciais desses ecossistemas que devem ser preservados.

**CAPÍTULO 2: PHYLOGENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE IN MOIST AND DRY UPLAND FORESTS IN THE SEMI-ARID REGION OF BRAZIL**

Manuscrito publicado pela revista *Brazilian Journal of Biology*

Submissão: 06 de maio de 2023

Aceite: 24 de agosto de 2023

Link para ter acesso ao artigo publicado:

<https://www.scielo.br/j/bjb/a/3gxXHBjMHwvvggC6BVZ5QDJb/?lang=en>

**Phylogenetic diversity and structure in moist and dry upland forests in the semi-arid region of Brazil**

A. S. Pinto<sup>a,b\*</sup> (<https://orcid.org/0000-0001-9253-7486>), E. S. Diniz<sup>c</sup> (<https://orcid.org/0000-0002-3543-6571>), S. F. Lopes<sup>a,b</sup> (<https://orcid.org/0000-0001-6472-6765>)

<sup>a</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Pós-graduação em Etnobiologia e Conservação da Natureza, Departamento de Biologia, Recife, Pernambuco, Brasil.

<sup>b</sup> Universidade Estadual da Paraíba – UEPB, Departamento de Biologia, Laboratório de Ecologia Neotropical – EcoTropics, Campina Grande, Paraíba, Brasil.

<sup>c</sup> Universidade Federal de Viçosa – UFV, Departamento de Engenharia Florestal, Laboratório de Geoprocessamento e Sensoriamento Remoto, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Number of figures: 3 (three)

Number of tables: 1 (one)

Palavras-chave: filogenia, filtro ambiental, Brejo de Altitude, Caatinga, Floresta Atlântica.

Keywords: phylogeny, environmental filter, Brejo de Altitude, Caatinga, Atlantic Forest.

Short title: Phylogenetic Diversity in the Brazilian Semi-arid

\*Corresponding author: [anderson.slv@gmail.com](mailto:anderson.slv@gmail.com)

**Abstract**

Understanding the factors influencing variation in the diversity and structure of rich biological communities (e.g., Neotropical upland forests) is essential in the context of climate change. In this study, we examine how environmental filters (temperature, precipitation, and elevation) and distinct habitats (moist upland forests - MUF and dry upland forests - DHF) influence the phylogenetic diversity and structure of 54 tree

communities (28 MHF and 26 DHF). We used the standardized effect size (ses) of the metrics phylogenetic diversity (ses.PD), mean pairwise distance (ses.MPD), and mean nearest neighbor distance (ses.MNTD) to quantify changes in tree community diversity and structure. Then, we assessed the relationships of the phylogenetic metrics with the environmental filters as predictors using generalized linear models (GLMs). Our results indicate that increasing temperature negatively affects the phylogenetic indices analyzed, leading to less diverse and more clustered communities. In contrast, increasing precipitation and elevation showed a significant positive relationship with the analyzed indices, directing communities towards greater phylogenetic diversity and random or overdispersed structure. Our findings also reveal that phylogenetic diversity and structure vary with habitat type. For example, while MUFs exhibit higher phylogenetic diversity and random structure, DUFs display lower phylogenetic diversity and clustered structure. In conclusion, our results suggest that the phylogenetic patterns exhibited by upland communities in the semiarid region are strongly related to climatic conditions and the habitat in which they are found. Therefore, if the predicted temperature increases and precipitation decreases in climate change scenarios for the semi-arid region materialize, these communities may face significant biodiversity loss.

## **Diversidade e estrutura filogenética em florestas úmidas e secas de terras altas na região semiárida do Brasil**

### **Resumo**

Compreender os fatores que influenciam a variação na diversidade e estrutura de comunidades biológicas diversas (por exemplo, florestas de terras altas neotropicais) é essencial no contexto das mudanças climáticas. Por esse motivo, examinamos como os filtros ambientais (temperatura, precipitação e altitude) e habitats distintos (florestas úmidas de altitude - MUF e florestas secas de altitude - DUF) influenciam a diversidade e estrutura filogenética de 54 comunidades de árvores (28 MUF e 26 DUF). Utilizamos o tamanho do efeito padronizado (ses) das métricas diversidade filogenética (ses.PD), distância média entre pares (ses.MPD) e distância média até o vizinho mais próximo (ses.MNTD) para quantificar as mudanças na diversidade e estrutura das comunidades de árvores. Em seguida, avaliamos as relações das métricas filogenéticas com os filtros ambientais como preditores usando modelos lineares generalizados (GLMs). Nossos resultados indicam que o aumento da temperatura possui relação negativa com os índices filogenéticos analisados, direcionando comunidades filogeneticamente menos diversas e mais agrupadas. Já o aumento da precipitação e elevação apresentaram significativa relação positiva com os índices analisados, direcionando comunidades filogeneticamente mais diversas e com estrutura aleatória ou sobredispersas. Nossos achados também mostram que a diversidade e estrutura filogenética variam com o tipo de habitat. Enquanto MUFs apresentam maior diversidade filogenética e estrutura aleatória, DUFs exibem menor diversidade filogenética e estrutura agrupada. Em conclusão, nossos resultados indicam que os padrões filogenéticos apresentados pelas comunidades de terras altas do semiárido possuem forte relação com as condições climáticas e o habitat no qual estão inseridos. Assim, caso o aumento de temperaturas e a redução da precipitação previstos

nos cenários de mudanças climáticas para a região semiárida se concretizarem, essas comunidades podem enfrentar uma significativa perda de biodiversidade.

## **Introduction**

Upland ecosystems are among the world's most important environments due to their high biodiversity (Körner, 2004) and provision of essential ecosystem services (e.g., water and food resources, carbon sequestration, soil conservation) (Mengist et al., 2020). The high biodiversity of these environments is linked to the multitude of unique habitats created by the variation of abiotic conditions along their elevation gradients (Körner, 2004; Körner et al., 2017). The most influential abiotic filters contributing to habitat diversification and shaping biodiversity patterns in upland ecosystems encompass temperature, precipitation, and soil properties (Zhang et al., 2016; Chun and Lee, 2018; Sabatini et al., 2018; Luo et al., 2019; Zhu et al., 2019; Ohdo and Takahashi, 2020). In the Neotropics, these abiotic filters stand out as significant drivers of shifts in taxonomic diversity patterns among different plant communities established in uplands, such as Andean forests (Cuesta et al., 2017), Tepuis (Campos et al., 2022a), Inselbergs (Pinto-Junior et al., 2020), Páramos (Campos et al., 2018; Neri et al., 2017), and Caatinga Uplands (Santos et al., 2007a; Ramos et al., 2020; Diniz et al., 2021). Recent studies also indicate that these abiotic filters have a strong relationship with phylogenetic diversity and structure patterns observed in Neotropical upland ecosystems (Mattos et al., 2019; Campos et al., 2021; Cisneros et al., 2021, Campos et al., 2022b).

Phylogenetic diversity refers to the sum of the evolutionary ages of species in a community (Faith, 1992). Simultaneously, the phylogenetic structure is related to the organization of these species (i.e., clustering, overdispersion, and randomness) based on their evolutionary relationships (Webb, 2000; Webb et al., 2002). In communities with clustered structures, species tend to be phylogenetically closer than expected by chance



(Webb, 2000), while having similar functional traits conserved in their evolutionary lineages (Connolly et al., 2011). Clustering is commonly determined by environmental filtering, which selects species with conserved functional adaptations suited to local conditions (Wiens and Graham 2005; Cavender-Bares et al., 2009). For example, high temperatures and low precipitation in upland dry forests filter drought-tolerant lineages, promoting phylogenetic clustering (Cisneros et al., 2021).

On the other hand, when biotic interactions (e.g., competition) are more powerful drivers of community assembly than environmental filtering, phylogenetically less related species coexist (i.e., overdispersion), thus enriching the phylogenetic diversity of biological communities (Weiher and Keddy, 1995; Webb et al., 2002). Further, phylogenetic overdispersion can also be an outcome of the effects of environmental filtering on species with convergent trait evolution (Cavender-Bares et al., 2009; Ndiribe et al., 2013; Mori et al., 2021). Conversely, when abiotic and biotic drivers exert balanced or little influence on community assembly, stochastic factors (e.g., dispersal limitation) play a more important role and lead to random phylogenetic structure (Vellend, 2010; Rosindell et al., 2011).

In this context, it is evident that there is a strong relationship between climatic variables (e.g., temperature and precipitation) and phylogenetic diversity and structure (Qian et al., 2017ab; Luo et al., 2019; Liu et al., 2020; Zhang et al., 2020). Owing to this relationship, global climate change is altering the phylogenetic patterns of plant communities exposed to adverse conditions (Li et al., 2019). The effects of climate on phylogenetic diversity might be more pronounced in tropical upland ecosystems, as they are among the most threatened by such global changes (Mata-Guel et al., 2023). Therefore, a better understanding of the effects of climatic variables on the current

phylogenetic patterns can provide insights into how these communities will respond to future climate changes.

Despite the growing number of studies describing the relationships between climatic variables and phylogenetic diversity and structure in upland ecosystems, we identified a significant gap related to the Neotropics. Currently, there are no large-scale studies investigating how the environmental heterogeneity of the Brazilian semi-arid region relates to the phylogenetic patterns of the upland forests in this area. This region is of great interest for conservation, as it is one of South America's most vulnerable locations to climate change (Marengo and Bernasconi, 2015; Marengo et al., 2017). To address this gap, the present study investigates two co-occurring upland ecosystems in the semi-arid region: the *Serras de Caatinga* (dry upland forests - DUF) and the *Brejos de Altitude* (moist upland forests - MUF). The DUFs harbor communities within the phytogeographic domain of the Caatingas (Silva et al., 2014; Moro et al., 2016; Lopes et al., 2017; Ramos et al., 2020; Diniz et al., 2021). In contrast, the MUFs consist of islands of moist vegetation belonging to the Atlantic Forest domain (tropical moist forest), also present in elevated areas of the semi-arid region (Tabarelli and Santos, 2004; Rodal and Nascimento, 2006; Santos et al., 2007b; Rodal et al., 2008; Queiroz et al., 2017; Marques et al., 2021).

With this study, we aimed to investigate the effects of environmental filters (temperature, precipitation, and elevation) and habitat type (DUF and MUF) on the phylogenetic diversity and structure of tree communities in upland ecosystems in the Brazilian semi-arid region. We hypothesize that environmental filters display relevant roles in assembling the tree communities with phylogenetic patterns (clustering or overdispersion) according to their habitat type. Thus, we expect that an increase in the effects of environmental filtering will result in phylogenetically clustered and less diverse

communities (DUF), while overdispersed and more diverse communities will occur in less stressful habitats (MUF).

## **Methods**

### *Study area*

The present study comprises 54 tree communities located in five states of the Northeast Region of Brazil: Alagoas, Ceará, Paraíba, Pernambuco, and Rio Grande do Norte (Supplementary Material, Table S1). Together, these states occupy a territorial area of approximately 385,000 km<sup>2</sup> (IBGE, 2022). The regional climate is Bsw<sup>h</sup> (warm semi-arid) according to the updated Köppen-Geiger climate classification (Alvares et al., 2014). The states are predominantly occupied by the Caatinga, a mosaic of physiognomies influenced by variations in relief, precipitation, and soils (Moro et al., 2016; Queiroz et al., 2017). In the present study, we focus exclusively on the vegetation found in upland locations in the semi-arid region, particularly MUF and DUF. MUF ecosystems occur in elevated locations in the semi-arid region, such as plateaus, flat-topped hills, mountain ranges, low mountains, and peaks (Tabarelli and Santos, 2004; Santos et al., 2007; Queiroz et al., 2017; Marques et al., 2021). These ecosystems are refuges of the current Atlantic Forest (moist forest) that have persisted in locations with less arid and more stable conditions throughout the evolutionary history of Brazil's semi-arid region (Silveira et al., 2019). Due to this context, MUFs are considered "islands of moist forest" within a semi-arid matrix, supporting a wide range of ecosystem services and high biodiversity (Pôrto et al., 2004). On the other hand, DUFs are ecosystems that house forests belonging to the phytogeographic domain of the Caatingas, dry forest *sense* of Pennington et al. (2009). Therefore, they are typically associated with mountain ranges, isolated low mountains, and inselbergs (Moro et al., 2016; Lopes et al., 2017), and are

considered "biodiversity refuges" due to their high diversity associated with the elevation gradient (Silva et al., 2014; Lopes et al., 2017; Ramos et al., 2020).

#### *Data acquisition*

The floristic data used in the analyzes were obtained from the NeoTropTree (NTT) database (Oliveira-Filho, 2017), which consists of a compilation of checklists of tree species over three meters in height derived from floristic surveys from the published literature and herbarium records. NTT has information on more than 20,000 species of woody plants and 7,000 georeferenced areas that extending from southern Florida (USA) to Patagonia. Each georeferenced area corresponds to a single type of vegetation that can occur within a radius of five kilometers.

We accessed the NTT data tab and selected the geographical data option to collect the necessary information for our study. From this option, it is possible to filter habitats based on information related to the country of occurrence, state or province, and phytogeographic domain, among other criteria. Thus, we initially filtered the study areas by state, taking into consideration the five states mentioned previously. We focused our sampling searches on the five mentioned states as they harbor most MUFs (Tabarelli and Santos, 2004). As an additional criterion, we included communities belonging to the Atlantic Forest and Caatinga domains in the study, which are in locations that presented a minimum elevation of 600 m within the semi-arid region. We used this criterion because DUF (Silva et al., 2014; Moro et al., 2016; Lopes et al., 2017; Ramos et al., 2020; Diniz et al., 2021) and MUF (Tabarelli and Santos, 2004; Santos et al., 2007; Queiroz et al., 2017; Marques et al., 2021) are intrinsically related to features such as plateaus, flat-topped hills, mountain ranges, low mountains, inselbergs, and peaks.

Based on the criteria established (i.e., five states and 600 m elevation), we selected 28 communities belonging to the Atlantic Forest domain (MUF) and 26

communities belonging to the Caatinga domain (DUF) (Figure 1), totaling 54 communities and a list of 1,015 sampled species.

We used the WorldClim database (Hijmans et al., 2005) to obtain data on mean annual temperature, mean annual precipitation, and elevation (spatial resolution of 30 arc seconds  $\approx 1\text{km}^2$ ) for each sampled area. We used these variables because mean annual temperature and mean annual precipitation are two key climatic variables for species distribution at broad spatial scales (Kreft and Jetz, 2007; Kooyman et al., 2012)

#### *Phylogenetic reconstruction*

We subsequently inserted our species list into the GBOTB.extended mega tree contained in the V.PhyloMaker package algorithm to generate a calibrated phylogeny of our study areas using the phylo.maker function (Jin and Qian, 2019). This mega tree is an updated and corrected version of the phylogeny for plants published by Smith and Brown (2018) combined with the phylogeny published including pteridophytes by Zanne et al. (2014). Since the mega tree was constructed based on fossil and molecular records from GenBank and phylogenetic data from Open Tree of Life, this enables reconstructing phylogenies with high resolution, having all families and most genera resolved.

The phylo.maker function creates phylogenetic hypotheses, which generate evolutionary relationships among different species, in three scenarios (scenarios 1-3) (Jin and Qian, 2019). We used the hypothesis based on scenario 3 to add missing branches to generate our phylogenetic tree. Using the scenario, the V.PhyloMaker algorithm defines the length of the taxa branches to be inserted, adding an absent genus between the basal node of its respective family, and an absent species between the basal node of its respective genus (Qian and Jin, 2016). Since scenario 3 consider average distances to bind the tips of the phylogeny, it reduces bias caused by polytomies.

### *Phylogenetic diversity and structure*

First, we calculated Faith's Phylogenetic Diversity (PD) (Faith, 1992), Mean Pairwise Distance (MPD), and Mean Nearest Taxon Distance (MNTD) (Webb et al., 2002). Then, we calculated their standardized effect sizes (ses): ses.PD, ses.MPD and ses.MNTD, to correct for the commonly expected collinearity effect with species richness on these metrics. The ses calculation consists of randomly extracting 999 times the same number of species present in each resultant random community, generating means of randomized communities that are compared with the communities observed for each metric (i.e., PD, MPD, and MNTD) (Kembel et al., 2010). The ses was computed using 10,000 randomizations under the null model phylogeny pool (Kembel and Hubbell, 2006). Next, we used the values of ses.MPD, ses.MNTD and of ses.PD, to assess, respectively, if the phylogenetic structure and diversity of the communities are significantly different from the expected by chance. For that, we assessed the significance of the averaged single values of ses.PD, ses.MPD and ses.MNTD of each tree community belonging to DUF and MUF, by applying the 95% confidence interval, which ranged between 1.96 and -1.96. Values within this range (1.96 and -1.96) imply non-significance, while values outside this range deviate from the mean and are considered significant (Forthofer et al., 2006; Zar, 2010). In summary, we considered values less than -1.96 as significantly clustered, greater than 1.96 as significantly overdispersed, and within the range between -1.96 and 1.96 as random (Gotelli and Entsminger, 2003). The phylogenetic structure and diversity metrics were calculated using the functions ses.PD, ses.MPD and ses.MNTD of the picante package (Kembel et al., 2010).

### *Generalized Linear Models (GLMs)*

We conducted Generalized Linear Models (GLMs) with a Gaussian distribution to test whether environmental factors, such as mean annual temperature (°C), mean annual

precipitation (mm), and elevation (m), influence and explain the distribution patterns of phylogenetic diversity (ses.PD, ses.MPD, and ses.MNTD) in forest communities. We also added a categorical variable defined as “habitat” as a predictor to verify whether the phytophysiology itself influences phylogenetic diversity.

We verified the normality of the residuals of the response variables using the Shapiro–Wilk test ( $p < 0.05$ ) to meet the assumptions required by the analysis. We also checked for multicollinearity between the predictor variables by calculating the Variance Inflation Factor (VIF) through the `vif` function of the R package `car` (Fox and Weisberg, 2019). All variables present in the models had a VIF value  $< 5$  (Borcard et al., 2018). We also verified the linear relationship between dependent and independent variables through the L2 and SUP tests using the `gof` package (Holst, 2015). All predictors were linearly related to the phylogenetic target variables.

During the pre-tests, we noticed that temperature and elevation were collinear variables ( $VIF > 5$ ). Thus, we decided to create two models for each response variable. The first one includes the response variables (ses.PD, ses.MPD, and ses.MNTD) and the predictors mean annual temperature, mean annual precipitation and habitat (v. response ~ temp. + precipitation + habitat). Then, we individually evaluated the influence of elevation on the response variables (v. response ~ elevation) in the second model.

After performing the models, we tested the significance ( $p < 0.05$ ) of the relationships found between the response and predictive variables using ANOVA, calculated from the built-in R function `anova`. All analyzes were developed in the R version 4.2.2 software program (R Development Core Team, 2022).

## Results

We found that temperature, precipitation, and elevation influence the phylogenetic diversity and structure of semi-arid upland tree communities (Table 1). All the analyzed

environmental filters (temperature, precipitation, and elevation) and habitat types (DUF and MUF) significantly influenced phylogenetic diversity (ses.PD). We observed that phylogenetic diversity (ses.PD) in upland communities (DUF or MUF) decreases with increasing temperature and increases with higher precipitation and elevation (Figure 2ABC). Regarding ses.MPD, we found that a significant increase in precipitation has a positive linear relationship with the increase in index values, while a decrease in temperature leads to a reduction in ses.MPD values (Figure 2DE). Upon analyzing ses.MNTD, we discovered that an increase in temperature is significantly related to a decrease in index values, while an increase in elevation positively influences ses.MNTD values (Figure 2GI).

We also found that communities established in distinct habitats (DUF or MUF) exhibit significant phylogenetic diversity and structure differences. MUF showed greater phylogenetic diversity (ses.PD) and higher values of ses.MPD and ses.MNTD compared to DUF (Figure 3). Considering the values of ses.MPD, our results indicate that approximately 80% of MUFs exhibit a random phylogenetic structure. The remaining 20% consisted of communities that displayed significant phylogenetic overdispersion. When considering the values of ses.MNTD, the random phylogenetic structure becomes even more apparent in MUFs, as 90% of their communities showed values distributed between 1.96 and -1.96 for this metric.

On the other hand, the low values of ses.MPD and ses.MNTD displayed by DUF indicates that many of their communities tend to have a more clustered phylogenetic structure than expected by chance. This tendency becomes clear when we observe that approximately 60% of DUF communities showed ses.MPD values below -1.96, indicating phylogenetic clustering based on this index. When considering ses.MNTD values, we note that 30% of DUF communities exhibited phylogenetic clustering.



## Discussion

Our study revealed that temperature, precipitation, and elevation are environmental filters that promote significant changes in the phylogenetic structure and diversity of upland forests in the Brazilian semi-arid region. Consequently, communities established in habitats exposed to harsher environmental conditions (DUF) tend to exhibit low phylogenetic diversity and clustering, as expected. On the other hand, the communities established in habitats under lower pressure of the environmental filters (MUF) harbor higher phylogenetic diversity, and phylogenetic structure ranging from random to overdispersed, partially confirming our expectations. These results highlight the importance of environmental heterogeneity in the semi-arid region for determining distinct phylogenetic patterns in upland communities.

Precipitation and temperature were the primary environmental filters influencing the species phylogenetic relationships. This is congruent with the importance of higher water availability and moderate temperatures as essential drivers of increased phylogenetic diversity in upland forests (Qian et al., 2014; Zhang et al., 2020; Cisneros et al., 2021; Tolmos et al., 2022). Although elevation is also an essential variable influencing the patterns of phylogenetic diversity and structure of upland forests (Mattos et al., 2019; Campos et al., 2021, Campos et al. 2022b), its effect on phylogenetic diversity and structure was less pronounced than precipitation and temperature in our study. Since elevation directly affects local environmental conditions (e.g., temperature, atmospheric pressure, soils), its impact on biological communities is indirect (Körner et al., 2017), thus possibly masking its actual effects in our analysis.

Despite its minor effect on the phylogenetic diversity of our studied upland forests, elevation is a relevant factor due to its influence on variations have temperature and precipitation that lead to orographic rainfall in the semi-arid region (Lyra et al., 2014;

Andrade et al., 2016; Mutti et al., 2020). Orographic rainfall occurs when moist air masses encounter elevated areas, and the lower atmospheric pressure and temperature cause water vapor to condense, forming clouds and increasing local precipitation (Roe, 2004). This phenomenon might have been directly linked to the patterns of phylogenetic diversity that we observed, as the increase in ses.PD corresponds to lower temperatures, higher precipitation, and elevation. Moreover, locations exposed to orographic rainfall typically harbor moist ecosystems within the semi-arid region, such as MUF (Queiroz et al., 2017), which exhibited the highest values of ses.PD, ses.MPD and ses.MNTD in our study. Therefore, our findings suggest that orographic rainfall may represent a critical factor in enhancing phylogenetic diversity in upland forests in the semi-arid region, as less stressful environmental conditions and greater resource availability tend to favor an increase in the number of lineages in upland plant communities (Qian et al., 2023).

As stress imposed by environmental filtering increased, exemplified by higher temperatures, we observed a decrease in the values of phylogenetic metrics (i.e., ses.PD, ses.MPD and ses.MNTD). This pattern was expected since factors related to increased water stress tend to reduce phylogenetic diversity in plant communities due to the exclusion of non-tolerant species (Anacker and Harrison, 2012). Thus, our results indicate that the increase in environmental stress in the semi-arid region leads to the assembly of communities mostly composed of phylogenetically close species adapted to harsher conditions, as also observed in other upland forests (González-Caro et al., 2014; Liu et al., 2019; Zhang et al., 2020; Cisneros et al., 2021).

When analyzing the differences in phylogenetic diversity and structure patterns between habitats, we noticed that although MUFs have higher phylogenetic diversity and overdispersion than DUFs, they tend to exhibit random phylogenetic structure, which contradicts part of our initial expectations. This phylogenetic random trend might be an

outcome of unmeasured stochastic influence (e.g., dispersal limitation) inherently encompassed in our study (Vellend, 2010). However, the observed MUF communities exhibiting phylogenetic overdispersion regarding the basal clades and older nodes (ses.MPD) could be related to the formation process of these habitats. According to Costa et al. (2018), the climate (Last 30,000 years) constrained MUFs to isolated enclaves in northeastern Brazil, while most of their surroundings were occupied by seasonally dry forests (Caatinga). These MUF enclaves maintained more stable and less stressful climatic conditions than their surrounding areas (Silveira et al., 2019). Thus, in this study, for some MUFs this scenario may have favored increased phylogenetic diversity and structural patterns toward overdispersion. Environments with higher productivity, moderate climatic conditions and higher availability of resources tend to support greater species diversity (Kreft and Jetz, 2007; Ricklefs and He, 2016).

The phylogenetic clustering observed in DUF communities possibly also depicts their historical processes linked to the formation of their regional pool of species. Although current semi-arid conditions have only been established in the last 4,500 years (Oliveira et al., 1999), fossil records indicate that some of the most representative plant groups of today's Neotropical dry forests diversified in the Miocene (Pennington et al., 2018). Furthermore, phylogenetic studies show that Neotropical dry forests exhibit a high degree of monophyly and phylogenetic conservatism (Pennington et al., 2009). This is congruent with our results showing that the phylogenetic clustering in DUF communities is more related to basal nodes and older clades (ses.MPD) of the phylogenetic tree.

Overall, our results indicate that the studied tree communities' phylogenetic components (diversity and structure) are sensitive to variations in temperature and precipitation. This supports a major concern, as studies predict drought events will become more intense and frequent in northeastern Brazil throughout this century

(Marengo and Bernasconi, 2015; Marengo et al., 2017). If these predictions are confirmed, MUFs may be one of the most affected ecosystems within the semi-arid context, as the phylogenetic patterns observed in these communities are associated with less stressful environmental conditions. Consequently, a possible increase in temperature and decrease in precipitation could contribute to the extinction of species from lineages drought-intolerant in MUFs, causing significant phylogenetic diversity loss in their communities.

## **Conclusion**

Our findings lead us to conclude that greater resource availability (higher precipitation, i.e., water availability) and milder environmental conditions (temperature) were critical factors in increasing phylogenetic diversity, expressed by *ses.PD*, *ses.MPD*, and *ses.MNTD*. Our results also allowed us to conclude that the phylogenetic diversity and structure are also significantly influenced by the habitat type (MUF or DUF) in upland forests of the Brazilian semi-arid region. Thus, these results allow us to better understand the mechanisms driving the phylogenetic diversity and structure of upland forests in the semi-arid region and provide clues on how these communities might be affected by future environmental changes.

Thus, we hope that our contribution to a better understanding of the mechanisms governing the phylogenetic diversity and structure of upland forests in the semi-arid region may encourage further studies. Considering the present, we believe that additional research could explore the influence of other filters, such as soils and chronic anthropogenic disturbances, on the phylogenetic patterns of the communities studied. In light of future risks, studies presenting modeling for different climate change scenarios are important for more accurately understanding how the phylogenetic component of these communities may respond to increased environmental stress. Integrating these

approaches could improve our ability to predict and mitigate the impacts of global changes on these communities and their associated ecosystems.

### Acknowledgments

We thank Programa de Apoio à Pós-Graduação – PROAP and Programa de Pós-graduação em Etnobiologia e Conservação da Natureza for financial support; ASP thanks Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba – FAPESQ and Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES for a doctoral scholarship (grant nº 423/18); SFL thanks Universidade Estadual da Paraíba - UEPB for financial support.

### References

- ALVARES, C.A., STAPE, J.L., SENTELHAS, P.C., DE MORAES GONÇALVES, J.L. and SPAROVEK, G., 2014. Köppen’s climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, vol. 22, no. 6, pp. 711–728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>
- ANACKER, B.L. and HARRISON, S.P., 2012. Historical and Ecological Controls on Phylogenetic Diversity in Californian Plant Communities. *The American Naturalist*, vol. 180, no. 2, pp. 257–269. <https://doi.org/10.1086/666650>
- ANDRADE, E.M., SENA, M.G.T., SILVA, A.G.R., PEREIRA, F.J.S. and LOPES, F.B., 2016. Uncertainties of the rainfall regime in a tropical semi-arid region: the case of the State of Ceará. *REVISTA AGRO@MBIENTE ON-LINE*, vol. 10, no. 2, pp. 88–95. <https://doi.org/10.18227/1982-8470RAGRO.V10I2.3500>
- BORCARD, D., GILLET, F. and LEGENDRE, P., 2018. *Numerical ecology with R*. 2nd ed. Cham: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-71404-2>
- CAMPOS, P.V., SCHAEFER, C.E.G.R., PONTARA, V., SENRA, E.O., VIANA, P.L., OLIVEIRA, F.S., CANDIDO, H.G. and VILLA, P.M., 2021. Exploring the relationship

between soil and plant evolutionary diversity in the Roraima table mountain OCBIL, Guayana Highlands. *Biological Journal of the Linnean Society*, vol. 133, no. 2, pp. 587–603. <https://doi.org/10.1093/BIOLINNEAN/BLAB013>

CAMPOS, P.V., SCHAEFER, Carlos Ernesto G.R., PONTARA, V., XAVIER, M.V.B., DO VALE JÚNIOR, J.F., CORRÊA, G.R. and VILLA, P.M., 2022b. Local-scale environmental filtering shape plant taxonomic and phylogenetic diversity in an isolated Amazonian tepui (Tepequém table mountain). *Evolutionary Ecology*, vol. 36, no. 1, pp. 55–73. <https://doi.org/10.1007/S10682-021-10141-W/FIGURES/5>

CAMPOS, P.V., SCHAEFER, Carlos E.G.R., SENRA, E.O., VIANA, P.L., CANDIDO, H.G., OLIVEIRA, F.S., VALE JÚNIOR, J.F. and VILLA, P.M., 2022a. Disentangling fine-scale effects of soil properties as key driver of plant community diversity on Roraima table mountain, Guayana Highlands. *Plant Biosystems*, vol. 156, no. 4, pp. 982–993. [https://doi.org/10.1080/11263504.2021.1985003/SUPPL\\_FILE/TPLB\\_A\\_1985003\\_SM1153.DOC](https://doi.org/10.1080/11263504.2021.1985003/SUPPL_FILE/TPLB_A_1985003_SM1153.DOC)

CAMPOS, P.V., VILLA, P.M., NUNES, J.A., SCHAEFER, C.E.G.R., POREMBSKI, S. and NERI, A.V., 2018. Plant diversity and community structure of Brazilian Páramos. *Journal of Mountain Science*, vol. 15, no. 6, pp. 1186–1198. <https://doi.org/10.1007/S11629-017-4674-7/METRICS>

CAVENDER-BARES, J., KOZAK, K.H., FINE, P.V.A. and KEMBEL, S.W., 2009. The merging of community ecology and phylogenetic biology. *Ecology Letters*, vol. 12, no. 7, pp. 693–715. <https://doi.org/10.1111/J.1461-0248.2009.01314.X>

CHUN, J.H. and LEE, C.B., 2018. Diversity patterns and phylogenetic structure of vascular plants along elevational gradients in a mountain ecosystem, South Korea. *Journal of*

*Mountain Science*, vol. 15, no. 2, pp. 280–295. <https://doi.org/10.1007/S11629-017-4477-X/METRICS>

CISNEROS, C.M.G., HERINGER, G., DOMEN, AND.S.M., SÁNCHEZ, L.R. and MEIRANETO, J.A.A., 2021. The environmental filtering and the conservation of tropical dry forests in mountains in a global change scenario. *Biodiversity and Conservation*, vol. 30, no. 10, pp. 2689–2705. <https://doi.org/10.1007/S10531-021-02215-6/FIGURES/5>

CONNOLLY, J., CADOTTE, M.W., BROPHY, C., ÁINE, D., FINN, J., KIRWAN, L., ROSCHER, C. and WEIGELT, A., 2011. Phylogenetically diverse grasslands are associated with pairwise interspecific processes that increase biomass. *Ecology*, vol. 92, no. 7, pp. 1385–1392. <https://doi.org/10.1890/10-2270.1>

COSTA, G.C., HAMPE, A., LEDRU, M.P., MARTINEZ, P.A., MAZZOCHINI, G.G., SHEPARD, D.B., WERNECK, F.P., MORITZ, C. and CARNAVAL, A.C., 2018. Biome stability in South America over the last 30 kyr: Inferences from long-term vegetation dynamics and habitat modelling. *Global Ecology and Biogeography*, vol. 27, no. 3, pp. 285–297. <https://doi.org/10.1111/GEB.12694>

CUESTA, F., MURIEL, P., LLAMBÍ, L.D., HALLOY, S., AGUIRRE, N., BECK, S., CARILLA, J., MENESES, R.I., CUELLO, S., GRAU, A., GÁMEZ, L.E., IRAZÁBAL, J., JÁCOME, J., JARAMILLO, R., RAMÍREZ, L., SAMANIEGO, N., SUÁREZ-DUQUE, D., THOMPSON, N., TUPAYACHI, A., VIÑAS, P., YAGER, K., BECERRA, M.T., PAULI, H. and GOSLING, W.D., 2017. Latitudinal and altitudinal patterns of plant community diversity on mountain summits across the tropical Andes. *Ecography*, vol. 40, no. 12, pp. 1381–1394. <https://doi.org/10.1111/ECOG.02567>

DINIZ, F.C., RAMOS, M.B., DE ALMEIDA, H.A., PINTO, A.S. and DE FARIA LOPES, S., 2021. Effects of topographic factors on distribution of cacti along an elevation gradient

in Brazilian Caatinga. *Rodriguésia*, vol. 72, no. 1, pp. 1–9. <https://doi.org/10.1590/2175-7860202172129>

FAITH, D.P., 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, vol. 61, no. 1, pp. 1–10. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(92\)91201-3](https://doi.org/10.1016/0006-3207(92)91201-3)

FORTHOFFER, R.N., LEE, E.S. and HERNANDEZ, M., 2006. *Biostatistics: A Guide to Design, Analysis and Discovery*. 2nd ed. San Diego: Elsevier.

FOX, J. and WEISBERG, S., 2019. *An R companion to applied regression*. 3rd ed. Thousand Oaks: Sage.

GONZÁLEZ-CARO, S., UMAÑA, M.N., ÁLVAREZ, E., STEVENSON, P.R. and SWENSON, N.G., 2014. Phylogenetic alpha and beta diversity in tropical tree assemblages along regional-scale environmental gradients in northwest South America. *Journal of Plant Ecology*, vol. 7, no. 2, pp. 145–153. <https://doi.org/10.1093/JPE/RTT076>

GOTELLI, N.J. and ENTSMINGER, G.L., 2003. Swap algorithms in null model analysis. *Ecology*, vol. 84, no. 2, pp. 532–535.

HIJMANS, R.J., CAMERON, S.E., PARRA, J.L., JONES, P.G. and JARVIS, A., 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, vol. 25, no. 15, pp. 1965–1978. <https://doi.org/10.1002/joc.1276>

HOLST, K.K., 2015. [viewed 3 May 2021]. *Model Diagnostics Based on Cumulative Residuals: The R-package gof* [online]. Available from: <https://arxiv.org/abs/1507.01173>

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2022 [viewed 5 May 2023]. *Área territorial - Brasil, Grandes Regiões, Unidades da Federação e Municípios*. [online]. Available from: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/estrutura-territorial/15761-areas-dos-municipios.html>.



- JIN, Y. and QIAN, H., 2019. VPhyloMaker: an R package that can generate very large phylogenies for vascular plants. *Ecography*, vol. 42, no. 8, pp. 1353–1359. <https://doi.org/10.1111/ecog.04434>
- KEMBEL, S.W., COWAN, P.D., HELMUS, M.R., CORNWELL, W.K., MORLON, H., ACKERLY, D.D., BLOMBERG, S.P. and WEBB, C.O., 2010. Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, vol. 26, no. 11, pp. 1463–1464. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>
- KEMBEL, S.W. and HUBBELL, S.P., 2006. The phylogenetic structure of a neotropical forest tree community. *Ecology*, vol. 87, no. 7, pp. 86–99. <https://doi.org/10.1890/0012-9658>
- KOOYMAN, R., ROSSETTO, M., ALLEN, C. and CORNWELL, W., 2012. Australian Tropical and Subtropical Rain Forest Community Assembly: Phylogeny, Functional Biogeography, and Environmental Gradients. *Biotropica*, vol. 44, no. 5, pp. 668–679. <https://doi.org/10.1111/J.1744-7429.2012.00861.X>
- KÖRNER, C., 2004. Mountain Biodiversity, Its Causes and Function. *AMBIO: A Journal of the Human Environment*, vol. 33, no. sp13, pp. 11–17. <https://doi.org/10.1007/0044-7447-33.SP13.11>
- KÖRNER, C., JETZ, W., PAULSEN, J., PAYNE, D., RUDMANN-MAURER, K. and M. SPEHN, E., 2017. A global inventory of mountains for bio-geographical applications. *Alpine Botany*, vol. 127, no. 1, pp. 127:1–15. <https://doi.org/10.1007/S00035-016-0182-6/TABLES/6>
- KREFT, H. and JETZ, W., 2007. Global patterns and determinants of vascular plant diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 104, no. 14, pp. 5925–5930. [https://doi.org/10.1073/PNAS.0608361104/SUPPL\\_FILE/08361FIG6.PDF](https://doi.org/10.1073/PNAS.0608361104/SUPPL_FILE/08361FIG6.PDF)

- LI, D., MILLER, J.E.D. and HARRISON, S., 2019. Climate drives loss of phylogenetic diversity in a grassland community. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 116, no. 40, pp. 19989–19994. [https://doi.org/10.1073/PNAS.1912247116/SUPPL\\_FILE/PNAS.1912247116.SAPP](https://doi.org/10.1073/PNAS.1912247116/SUPPL_FILE/PNAS.1912247116.SAPP).
- LIU, C., QIAO, X., WANG, Z., LU, S., HOU, M., WENTWORTH, T.R., HOU, D. and GUO, K., 2020. Distinct taxonomic and phylogenetic patterns of plant communities on acid and limestone soils in subtropical and tropical China. *Journal of Vegetation Science*, vol. 31, no. 1, pp. 194–207. <https://doi.org/10.1111/JVS.12820>
- LIU, M., CHE, AND., JIAO, J., LI, L. and JIANG, X., 2019. Exploring the community phylogenetic structure along the slope aspect of subalpine meadows in the eastern Qinghai–Tibetan Plateau, China. *Ecology and Evolution*, vol. 9, no. 9, pp. 5270–5280. <https://doi.org/10.1002/ECE3.5117>
- LOPES, S.F., RAMOS, M.B. and DE ALMEIDA, G.R., 2017. The role of mountains as refugia for biodiversity in Brazilian Caatinga: Conservationist implications. *Tropical Conservation Science*, vol. 10, pp. 1–12. <https://doi.org/10.1177/1940082917702651>
- LUO, AND.H., CADOTTE, M.W., BURGESS, K.S., LIU, J., TAN, S.L., XU, K., LI, D.Z. and GAO, L.M., 2019. Forest community assembly is driven by different strata-dependent mechanisms along an elevational gradient. *Journal of Biogeography*, vol. 46, no. 10, 3546–3558. <https://doi.org/10.1002/JOC.3926>
- LYRA, G.B., OLIVEIRA-JÚNIOR, J.F. and ZERI, M., 2014. Cluster analysis applied to the spatial and temporal variability of monthly rainfall in Alagoas state, Northeast of Brazil. *International Journal of Climatology*, vol. 34, no. 13, pp. 3546–3558. <https://doi.org/10.1002/JOC.3926>

- MARENGO, J.A. and BERNASCONI, M., 2015. Regional differences in aridity/drought conditions over Northeast Brazil: present state and future projections. *Climatic Change*, vol. 129, no. 1-2, pp. 103–115. <https://doi.org/10.1007/S10584-014-1310-1/FIGURES/5>
- MARENGO, J.A., TORRES, R.R. and ALVES, L.M., 2017. Drought in Northeast Brazil—past, present, and future. *Theoretical and Applied Climatology*, vol. 129, no. 3-4, pp. 1189–1200. <https://doi.org/10.1007/S00704-016-1840-8/FIGURES/9>
- MARQUES, M.C.M., TRINDADE, W., BOHN, A. and GRELE, C.E. V., 2021. The Atlantic Forest: An Introduction to the Megadiverse Forest of South America. In: M.C.M. MARQUES and C.E.V GRELE, eds. *The Atlantic Forest: History, Biodiversity, Threats and Opportunities of the Mega-diverse Forest*. Cham: Springer, pp. 3-23.
- MATA-GUEL, E.O., SOH, M.C.K., BUTLER, C.W., MORRIS, R.J., RAZGOUR, O. and PEH, K.S.H., 2023. Impacts of anthropogenic climate change on tropical montane forests: an appraisal of the evidence. *Biological Reviews*, <https://doi.org/10.1111/BRV.12950>
- MATTOS, J.S., MORELLATO, L.P.C., CAMARGO, M.G.G. and BATALHA, M.A., 2019. Plant phylogenetic diversity of tropical mountaintop rocky grasslands: local and regional constraints. *Plant Ecology*, vol. 220, no. 12, pp. 1119–1129. <https://doi.org/10.1007/S11258-019-00982-5/TABLES/3>
- MORI, G.B., POORTER, L., SCHIETTI, J. and PIEDADE, M.T.F., 2021. Edaphic characteristics drive functional traits distribution in Amazonian floodplain forests. *Plant Ecology*, vol. 222, no. 3, pp. 349–360. <https://doi.org/10.1007/S11258-020-01110-4/FIGURES/5>
- MORO, M.F., NIC LUGHADHA, E., DE ARAÚJO, F.S. and MARTINS, F.R., 2016. A Phytogeographical Metaanalysis of the Semiarid Caatinga Domain in Brazil. *Botanical*

*Review*, vol. 82, no. 2, pp. 91–148. <https://doi.org/10.1007/S12229-016-9164-Z/TABLES/6>

MUTTI, P.R., DE ABREU, L.P., DE M. B. ANDRADE, L., SPYRIDES, M.H.C., LIMA, K.C., DE OLIVEIRA, C.P., DUBREUIL, V. and BEZERRA, B.G., 2020. A detailed framework for the characterization of rainfall climatology in semiarid watersheds. *Theoretical and Applied Climatology*, vol. 139, no. 1-2, 109–125. <https://doi.org/10.1007/S00704-019-02963-0/FIGURES/10>

NDIRIBE, C., PELLISSIER, L., ANTONELLI, S., DUBUIS, A., POTTIER, J., VITTOZ, P., GUISAN, A. and SALAMIN, N., 2013. Phylogenetic plant community structure along elevation is lineage specific. *Ecology and Evolution*, vol. 3, no. 15, pp. 4925. <https://doi.org/10.1002/ECE3.868>

NERI, A.V., BORGES, G.R.A., MEIRA-NETO, J.A.A., MAGNAGO, L.F.S., TROTTER, I.M., SCHAEFER, C.E.G.R. and POREMBSKI, S., 2017. Soil and altitude drive diversity and functioning of Brazilian Páramos (campo de altitude). *Journal of Plant Ecology*, vol. 10, no. 5, pp. 771–779. <https://doi.org/10.1093/JPE/RTW088>

OHDO, T. and TAKAHASHI, K., 2020. Plant species richness and community assembly along gradients of elevation and soil nitrogen availability. *AoB PLANTS*, vol. 12, no. 3, pp. 1–10. <https://doi.org/10.1093/AOBPLA/PLAA014>

OLIVEIRA, P.E., BARRETO, A.M.F. and SUGUIO, K., 1999. Late Pleistocene/Holocene climatic and vegetational history of the Brazilian caatinga: the fossil dunes of the middle São Francisco River. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, vol. 152, no. 3-4, pp. 319–337. [https://doi.org/10.1016/S0031-0182\(99\)00061-9](https://doi.org/10.1016/S0031-0182(99)00061-9)

- OLIVEIRA-FILHO, A., 2017 [viewed 2 April 2020]. *NeoTropTree, Flora arbórea da Região Neotropical: Um banco de dados envolvendo biogeografia, diversidade e conservação* [online]. Available from: <http://www.neotropree.info>
- PENNINGTON, R.T., LAVIN, M. and OLIVEIRA-FILHO, A., 2009. Woody Plant Diversity, Evolution, and Ecology in the Tropics: Perspectives from Seasonally Dry Tropical Forests. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, vol. 40, no. 1, pp.437–457. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ECOLSYS.110308.120327>
- PENNINGTON, R.T., LEHMANN, C.E.R. and ROWLAND, L.M., 2018. Tropical savannas and dry forests. *Current Biology*, vol. 28, no. 9, pp. R541–R545. <https://doi.org/10.1016/J.CUB.2018.03.014>
- PINTO-JUNIOR, H.V., VILLA, P.M., DE MENEZES, L.F.T. and PEREIRA, M.C.A., 2020. Effect of climate and altitude on plant community composition and richness in Brazilian inselbergs. *Journal of Mountain Science*, vol. 17, no. 8, pp. 1931–1941. <https://doi.org/10.1007/S11629-019-5801-4/METRICS>
- PÔRTO, K.C., CABRAL, J.J.P. and TABARELLI, M., 2004. 1st ed. *Brejos de altitude em Pernambuco e Paraíba: história natural, ecologia e conservação*. Brasília: Ministério do Meio Ambiente.
- QIAN, H., CHEN, S. and ZHANG, J., 2017a. Disentangling environmental and spatial effects on phylogenetic structure of angiosperm tree communities in China. *Scientific Reports*, vol. 7, no. 1, pp. 1–8. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-04679-5>
- QIAN, H., HAO, Z. and ZHANG, J., 2014. Phylogenetic structure and phylogenetic diversity of angiosperm assemblages in forests along an elevational gradient in Changbaishan, China. *Journal of Plant Ecology*, vol. 7, no. 2, pp. 154–165. <https://doi.org/10.1093/JPE/RTT072>

- QIAN, H. and JIN, Y., 2016. An updated megaphylogeny of plants, a tool for generating plant phylogenies and an analysis of phylogenetic community structure. *Journal of Plant Ecology*, vol. 9, no. 2, pp. 233–239. <https://doi.org/10.1093/jpe/rtv047>
- QIAN, H., JIN, Y. and RICKLEFS, R.E., 2017b. Patterns of phylogenetic relatedness of angiosperm woody plants across biomes and life-history stages. *Journal of Biogeography*, vol. 44, no. 6, pp. 1383–1392. <https://doi.org/10.1111/JBI.12936>
- QIAN, H., KESSLER, M. and JIN, Y., 2023. Spatial patterns and climatic drivers of phylogenetic structure for ferns along the longest elevational gradient in the world. *Ecography*, vol. 2023, no. 1, pp. e06516. <https://doi.org/10.1111/ECOG.06516>
- QUEIROZ, L.P., CARDOSO, D., FERNANDES, M.F. and MORO, M.F., 2017. Diversity and evolution of flowering plants of the Caatinga Domain. In: J.M.C. SILVA, I.R. LEAL and M. TABARELLI, eds. *Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America*. Cham: Springer, pp. 23-63.
- R CORE TEAM, 2022. *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing.
- RAMOS, M.B., DINIZ, F.C., DE ALMEIDA, H.A., DE ALMEIDA, G.R., PINTO, A.S., MEAVE, J.A. and LOPES, S.D.F., 2020. The role of edaphic factors on plant species richness and diversity along altitudinal gradients in the Brazilian semi-arid region. *Journal of Tropical Ecology*, vol. 36, no. 5, pp. 199–212. <https://doi.org/10.1017/S0266467420000115>
- RICKLEFS, R.E. and HE, F., 2016. Region effects influence local tree species diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 113, no. 3, pp. 674–679.

[https://doi.org/10.1073/PNAS.1523683113/SUPPL\\_FILE/PNAS.1523683113.SAPP.PDF](https://doi.org/10.1073/PNAS.1523683113/SUPPL_FILE/PNAS.1523683113.SAPP.PDF)

RODAL, M.J.N., BARBOSA, M.R.V. and THOMAS, W.W., 2008. Do the seasonal forests in northeastern Brazil represent a single floristic unit?. *Brazilian Journal of Biology*, v. 68, no. 3, pp. 467-475. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842008000300003>

RODAL, M.J.N. and NASCIMENTO, L.M., 2006. The arboreal component of a dry forest in Northeastern Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, v. 66, no. 2a, pp. 479-491. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842006000300014>

ROE, G.H., 2004. Orographic Precipitation. *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*, vol. 33, no. 1, pp. 645–671. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV.EARTH.33.092203.122541>

ROSINDELL, J., HUBBELL, S.P. and ETIENNE, R.S., 2011. The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography at Age Ten. *Trends in Ecology & Evolution*, vol. 26, no. 7, pp. 340–348. <https://doi.org/10.1016/J.TREE.2011.03.024>

SABATINI, F.M., JIMÉNEZ-ALFARO, B., BURRASCANO, S., LORA, A. and CHYTRÝ, M., 2018. Beta-diversity of central European forests decreases along an elevational gradient due to the variation in local community assembly processes. *Ecography*, vol. 41, no. 6, pp. 1038–1048. <https://doi.org/10.1111/ECOG.02809>

SANTOS, A.M.M., CAVALCANTI, D.R., DA SILVA, J.M.C. and TABARELLI, M., 2007b. Biogeographical relationships among tropical forests in north-eastern Brazil. *Journal of Biogeography*, vol. 34, no. 3, pp. 437–446. <https://doi.org/10.1111/J.1365-2699.2006.01604.X>

- SANTOS, B.A., BARBOSA, D.C.A. and TABARELLI, M., 2007. Directional changes in plant assemblages along an altitudinal gradient in northeast Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, v. 67, no. 4, pp. 777-779. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842007000400028>
- SILVA, F.K.G., DE FARIA LOPES, S., LOPEZ, L.C.S., DE MELO, J.I.M. and TROVÃO, D.M.B.M., 2014. Patterns of species richness and conservation in the Caatinga along elevational gradients in a semiarid ecosystem. *Journal of Arid Environments*, vol. 110, no. 1, pp. 47–52. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2014.05.011>
- SILVEIRA, M.H.B., MASCARENHAS, R., CARDOSO, D. and BATALHA-FILHO, H., 2019. Pleistocene climatic instability drove the historical distribution of forest islands in the northeastern Brazilian Atlantic Forest. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, vol. 527, no. 1, pp. 67–76. <https://doi.org/10.1016/J.PALAEO.2019.04.028>
- SMITH, S.A. and BROWN, J.W., 2018. Constructing a broadly inclusive seed plant phylogeny. *American Journal of Botany*, vol. 105, no. 3, pp. 302–314. <https://doi.org/10.1002/ajb2.1019>
- TABARELLI, M. and SANTOS, A.M.M., 2004. Uma Breve Descrição Sobre a História Natural dos Brejos Nordestinos. In: K.C. PORTO, J.J.P. CABRAL and M. TABARELLI, eds. *Brejos de Altitude em Pernambuco e Paraíba: História Natural, Ecologia e Conservação*. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, pp. 17-24.
- TOLMOS, M.L., KREFT, H., RAMIREZ, J., OSPINA, R. and CRAVEN, D., 2022. Water and energy availability mediate biodiversity patterns along an elevational gradient in the tropical Andes. *Journal of Biogeography*, vol. 49, no. 4, pp. 712–726. <https://doi.org/10.1111/JBI.14332>

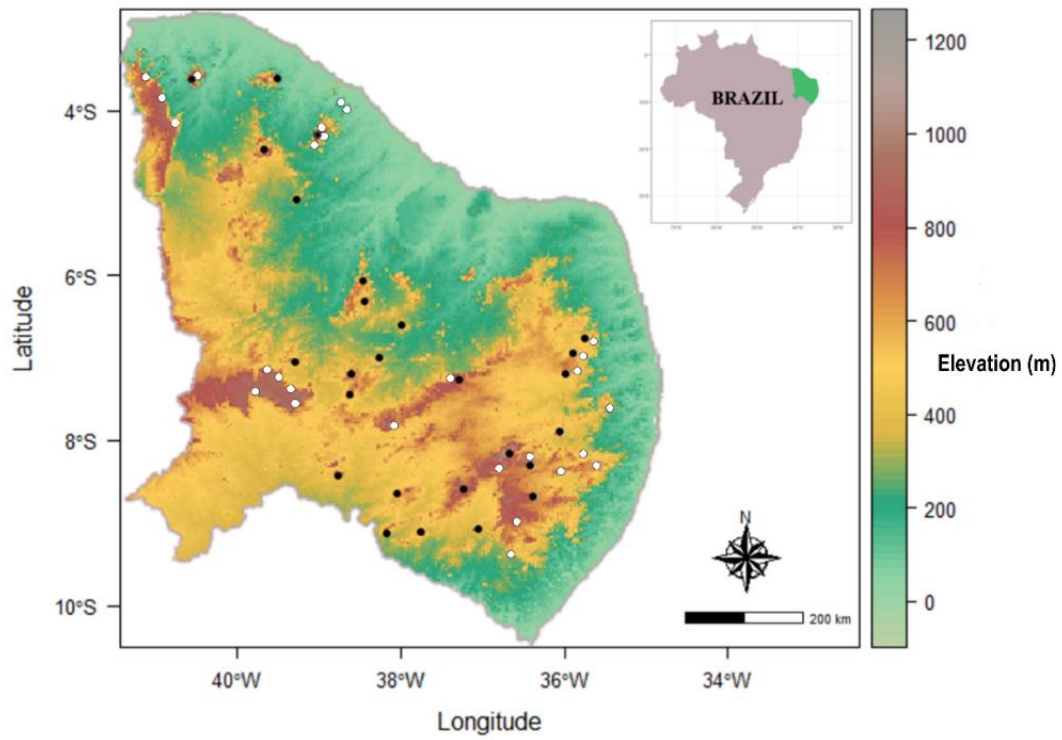


- VELLEND, M., 2010. Conceptual Synthesis in Community Ecology. *Quarterly Review of Biology*, vol. 85, no. 2, pp. 183–206. <https://doi.org/10.1086/652373>
- WEBB, C.O., 2000. Exploring phylogenetic structure of Ecological Communities: an example for Rain Forest Trees. *The American Naturalist*, vol. 156, no. 2, pp. 145–155.
- WEBB, C.O., ACKERLY, D.D., MCPEEK, M.A. and DONOGHUE, M.J., 2002. Phylogenies and community ecology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, vol. 33, no. 1, pp. 475–505. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.33.010802.150448>
- WEIHER, E. and KEDDY, P.A., 1995. Assembly Rules, Null Models, and Trait Dispersion: New Questions from Old Patterns. *Oikos*, vol. 74, no. 1, pp. 159. <https://doi.org/10.2307/3545686>
- WIENS, J.J. and GRAHAM, C.H., 2005. Niche Conservatism: Integrating Evolution, Ecology, and Conservation Biology. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, vol. 36, no. 1, pp. 519–539. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ECOLSYS.36.102803.095431>
- ZANNE, A.E., TANK, D.C., CORNWELL, W.K., EASTMAN, J.M., SMITH, S.A., FITZJOHN, R.G., MCGLINN, D.J., O'MEARA, B.C., MOLES, A.T., REICH, P.B., ROYER, D.L., SOLTIS, D.E., STEVENS, P.F., WESTOBY, M., WRIGHT, I.J., AARSEN, L., BERTIN, R.I., CALAMINUS, A., GOVAERTS, R., HEMMINGS, F., LEISHMAN, M.R., OLEKSYN, J., SOLTIS, P.S., SWENSON, N.G., WARMAN, L. and BEAULIEU, J.M., 2014. Three keys to the radiation of angiosperms into freezing environments. *Nature*, vol. 506, no. 7486, pp. 89–92. <https://doi.org/10.1038/nature12872>
- ZAR, J.H., 2010. The normal distribution. In: J.H. ZAR, ed. *Biostatistical analysis*. 5. New Jersey: Prentice Hall, pp. 66-91.

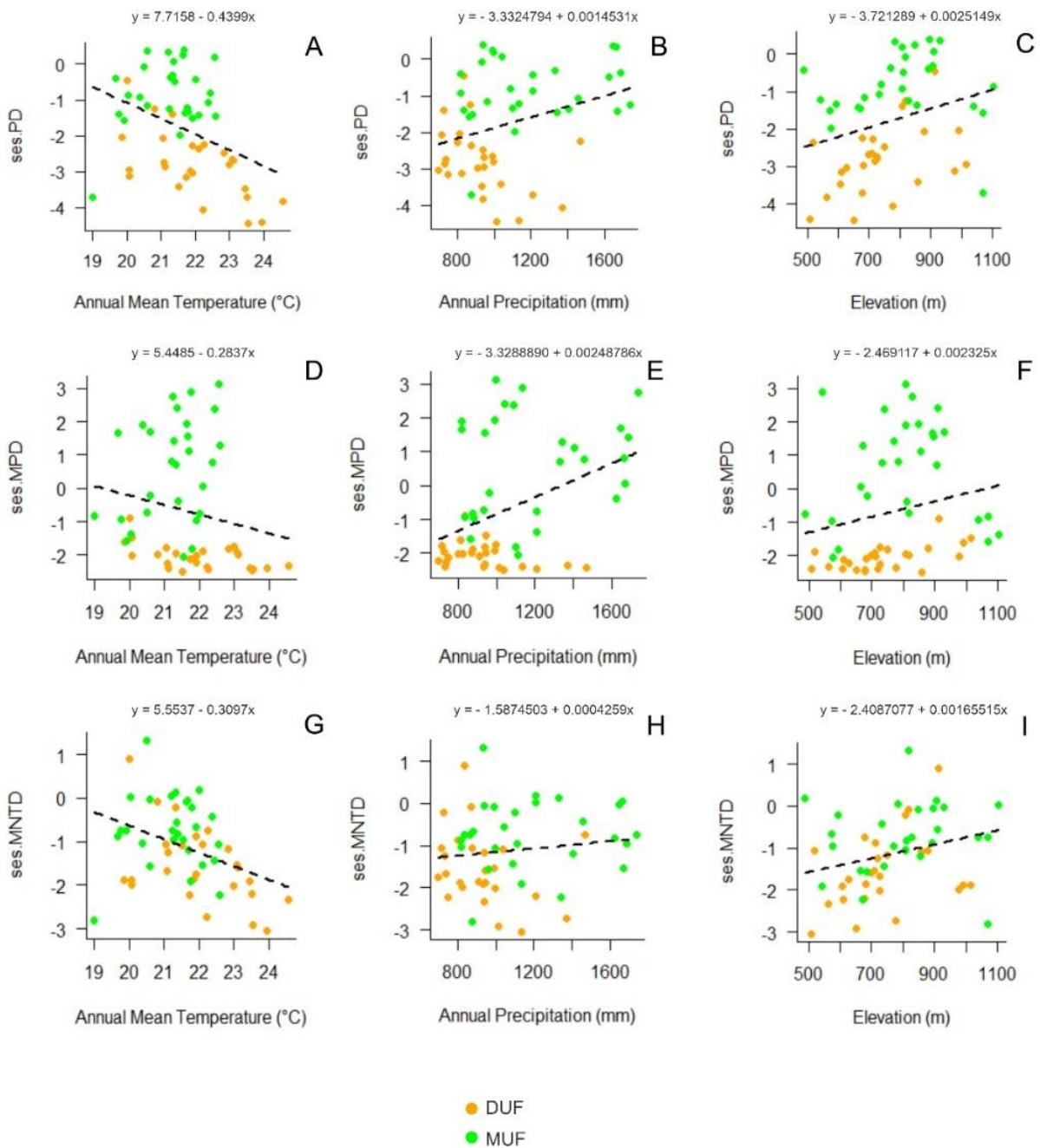
- ZHANG, C., ZHOU, H. and MA, Z., 2020. Phylogenetic structure of alpine steppe plant communities along a precipitation and temperature gradient on the Tibetan Plateau. *Global Ecology and Conservation*, vol. 24, pp. e01379. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2020.E01379>
- ZHANG, W., HUANG, D., WANG, R., LIU, J. and DU, N., 2016. Altitudinal Patterns of Species Diversity and Phylogenetic Diversity across Temperate Mountain Forests of Northern China. *PLOS ONE*, vol. 11, no. 7, pp. e0159995. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0159995>
- ZHU, Z.X., NIZAMANI, M.M., SAHU, S.K., KUNASINGAM, A. and WANG, H.F., 2019. Tree abundance, richness, and phylogenetic diversity along an elevation gradient in the tropical forest of Diaoluo Mountain in Hainan, China. *Acta Oecologica*, vol. 101, pp. 103481. <https://doi.org/10.1016/J.ACTAO.2019.103481>

**Table 1.** Results of the analyses of variance (ANOVA) of the GLMs for the effects of habitat type, temperature, precipitation and elevation among these factors on ses.PD, ses.MPD, ses.MNTD.

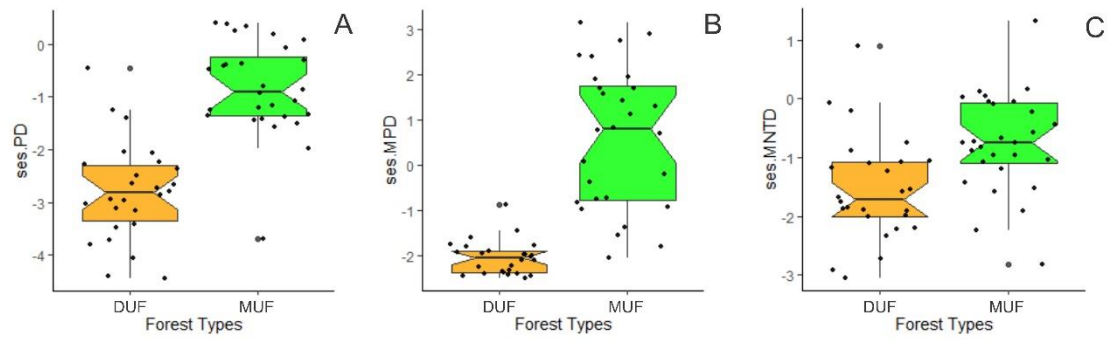
	F	df	<i>P-values</i>
<b>ses.PD</b>			
Habitat	32.05	1	< 0.001
Temperature	17.74	1	< 0.001
Precipitation	16.97	1	< 0.001
Elevation	4.70	1	0.03
<b>ses.MPD</b>			
Habitat	42.85	1	< 0.001
Temperature	4.46	1	0.03
Precipitation	24.20	1	< 0.001
Elevation	2.23	1	0.14
<b>ses.MNTD</b>			
Habitat	4.04	1	0.04
Temperature	40.42	1	0.002
Precipitation	2.53	1	0.11
Elevation	4.05	1	0.04



**Figure 1.** Location of the study areas in the semi-arid region of Brazil. White dots indicate sampling points in moist upland forests; black dots indicate sampling points in dry upland forests.



**Figure 2.** Relationships between the predictive variables (temperature, precipitation and elevation) and the phylogenetic metrics (ses.PD, ses.MPD, ses.MNTD).



**Figure 3.** Variation in standardized effect sizes of phylogenetic diversity (ses.PD) (A), mean pairwise distance (ses.MPD) (B) and mean nearest neighbor distance (MNTD) (C) between moist upland forests (MUF) and dry upland forests (DUF).

## Supplementary material

**Table S1.** Characterization of the study areas according to geographical location, local name of areas, state of Brazil where are the areas, phytogeographic domains to which the areas belong.

Sites	Latitude	Longitude	Area	State	Domain
P01	-4.1953	-38.9508	<i>Baturité (Pacoti)</i>	CE	Atlantic Forest
P02	-4.3008	-38.9444	<i>Baturité (Guaramiranga)</i>	CE	Atlantic Forest
P03	-3.9775	-38.6344	<i>Serra de Aratanha</i>	CE	Atlantic Forest
P04	-4.3022	-38.9200	<i>Baturité</i>	CE	Atlantic Forest
P05	-3.5619	-40.4608	<i>Serra da Meruoca</i>	CE	Atlantic Forest
P06	-3.5836	-41.0914	<i>Viçosa do Ceará</i>	CE	Atlantic Forest
P07	-3.8397	-40.8994	<i>Ubajara</i>	CE	Atlantic Forest
P08	-3.8978	-38.7214	<i>Serra de Maranguape</i>	CE	Atlantic Forest
P09	-4.1386	-40.7414	<i>Guaraciaba do Norte</i>	CE	Atlantic Forest
P10	-4.4136	-39.0375	<i>Baturité (Aratuba)</i>	CE	Atlantic Forest
P11	-7.1428	-39.6156	<i>Nova Olinda do Araripe</i>	CE	Atlantic Forest
P12	-7.2211	-39.4747	<i>Crato</i>	CE	Atlantic Forest
P13	-7.3678	-39.3300	<i>Barbalha</i>	CE	Atlantic Forest
P14	-7.5547	-39.2725	<i>Jardim</i>	CE	Atlantic Forest
P15	-3.6036	-39.4939	<i>Uruburetama</i>	CE	Caatinga
P16	-6.0625	-38.4497	<i>Serra do Pereiro</i>	CE	Caatinga
P17	-7.0450	-39.2767	<i>Caririaçu</i>	CE	Caatinga
P18	-7.4378	-38.6019	<i>Mauriti</i>	CE/PB	Caatinga
P19	-3.6022	-40.5372	<i>Alcântaras</i>	CE	Caatinga
P20	-4.2869	-39.0003	<i>Baturité (Mulungu)</i>	CE	Caatinga
P21	-4.4650	-39.6564	<i>Serra do Machado</i>	CE	Caatinga
P22	-5.0694	-39.2658	<i>Serrinha de Santa Maria</i>	CE	Caatinga
P23	-7.6069	-35.4319	<i>São Vicente Férrer</i>	PE	Atlantic Forest
P24	-8.2986	-35.5850	<i>Gravatá</i>	PE	Atlantic Forest
P25	-8.1581	-35.7539	<i>Bezerros</i>	PE	Atlantic Forest
P26	-8.2008	-36.4089	<i>Brejo da Madre de Deus</i>	PE	Atlantic Forest
P27	-8.3408	-36.7775	<i>Pesqueira</i>	PE	Atlantic Forest
P28	-8.3778	-36.0303	<i>Caruaru</i>	PE	Atlantic Forest
P29	-8.9889	-36.5628	<i>Brejão</i>	PE	Atlantic Forest
P30	-7.4144	-39.7614	<i>Exu</i>	PE	Atlantic Forest
P31	-7.8208	-38.0564	<i>Triunfo</i>	PE/PB	Atlantic Forest
P32	-8.4381	-38.7569	<i>Serra do Arapuá</i>	PE	Caatinga
P33	-8.5964	-37.2181	<i>Buíque</i>	PE	Caatinga
P34	-8.6517	-38.0242	<i>Serra Negra</i>	PE	Caatinga
P35	-9.1247	-38.1564	<i>Tacaratu</i>	PE	Caatinga
P36	-7.8878	-36.0467	<i>Taquaritinga do Norte</i>	PE	Caatinga
P37	-8.1583	-36.6578	<i>Poção</i>	PE	Caatinga
P38	-8.3042	-36.3967	<i>Belo Jardim</i>	PE	Caatinga

P39	-8.6761	-36.3731	<i>Lajedo</i>	PE	Caatinga
P40	-9.0842	-37.0381	<i>Serra das Antas</i>	PE	Caatinga
P41	-6.9678	-35.7458	<i>Areia</i>	PB	Atlantic Forest
P42	-7.2522	-37.3853	<i>Maturéia</i>	PB	Atlantic Forest
P43	-6.7942	-35.6275	<i>Borborema</i>	PB	Atlantic Forest
P44	-7.1575	-35.8322	<i>Lagoa Seca</i>	PB	Atlantic Forest
P45	-6.6069	-37.9764	<i>Serra do Comissário</i>	PB	Caatinga
P46	-6.9947	-38.2544	<i>Serra de Santa Catarina</i>	PB	Caatinga
P47	-7.1897	-38.5903	<i>Monte Horebe</i>	PB	Caatinga
P48	-6.7664	-35.7361	<i>Solânea</i>	PB	Caatinga
P49	-7.2717	-37.2706	<i>Teixeira</i>	PB/PE	Caatinga
P50	-6.9344	-35.8867	<i>Remígio</i>	PB	Caatinga
P51	-7.1922	-35.9731	<i>Campina Grande</i>	PB	Caatinga
P52	-9.3806	-36.6314	<i>Palmeira dos Índios</i>	Al	Atlantic Forest
P53	-9.1042	-37.7339	<i>Mata Grande</i>	Al	Caatinga
P54	-6.3047	-38.4211	<i>Coronel João Pessoa</i>	RN	Caatinga

---

CE: Ceará; PE: Pernambuco; PB: Paraíba; AL: Alagoas; RN: Rio Grande do Norte.



**CAPÍTULO 3: BREJOS DE ALTITUDE: BRIDGING PHYLOGENETIC DIVERSITY AND CONSERVATION IN A BRAZILIAN HOTSPOT**

Manuscrito submetido a revista *Biodiversity and Conservation*, mas não publicado até a data de divulgação do presente documento

Link para ter acesso as normas da revista:

<https://www.springer.com/journal/10531/submission-guidelines>

## **Brejos de Altitude: bridging phylogenetic diversity and conservation in a Brazilian hotspot**

Anderson Silva Pinto<sup>1,3</sup> (<https://orcid.org/0000-0001-9253-748>), Erimáigna de Morais Rodrigues<sup>2</sup> (<https://orcid.org/0000-0003-4281-3555>), D`Ávilla Ruama Fernandes Lopes Gomes<sup>3</sup> (<https://orcid.org/0000-0003-4916-106X>), Macelly Correia Medeiros<sup>3</sup> (<https://orcid.org/0000-0002-8151-8690>), Sérgio de Faria Lopes<sup>1,3</sup> (<https://orcid.org/0000-0001-6472-6765>)

1: Federal Rural University of Pernambuco, Department of Biology, Postgraduate Program in Ethnobiology and Nature Conservation, Recife, Pernambuco, Brazil.

2: Federal University of Rio de Janeiro, Institute of Biology, Postgraduate Program in Ecology, Rio de Janeiro, Brazil.

3: State University of Paraíba, Department of Biology, Campina Grande, Paraíba, Brazil.

Corresponding author: Anderson Silva Pinto ([anderson.slv@gmail.com](mailto:anderson.slv@gmail.com))

### **Abstract**

Brejos de Altitude, ecosystems of Brazil's Atlantic Forest (hotspot), preserve ancient clades currently threatened by logging and agricultural expansion. Given the risk of phylogenetic ruptures and loss of option values for future generations, this study employs Faith's Phylogenetic Diversity (PD) to identify priority conservation areas within these ecosystems while also providing a comprehensive view of the management of phylogenetic resources in this region. For this purpose, 28 Brejos de Altitude Forest areas were selected and a calibrated phylogeny was constructed with 826 species to calculate the PD of each location. The PD values were subsequently overlain with shapefiles containing information on the region's Protected Areas (PAs) to identify conservation gaps. We found that 67.85% of the areas are within PAs, most of which allow for sustainable resource use. However, most PAs exhibit management deficiencies, such as the lack of a management plan. Moreover, eight among the ten areas that present the highest PD values belong to PAs, and seven of these have sustainable use. In contrast, three areas with the lowest PD values belong to PAs, with two of them lacking a management plan and participatory management mechanisms. These findings demonstrate that high PD areas remain unprotected in the region, but the implementation of PAs alone may not ensure the conservation of phylogenetic heritage. Establishing well-managed PAs in high PD areas is necessary, as is strengthening the management of existing PAs by allocating financial resources and involving various sectors of civil society in decision-making processes.

**Keywords** Biodiversity assessment, Participative management, Protected areas, Semiarid

### **Acknowledgements**

The corresponding author thanks the Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba – FAPESQ and the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES for the doctoral scholarship (grant n°. 423/18).

## Introduction

Increasing global concern for biodiversity conservation is being driven by environmental challenges such as climate change, land-use changes, and biological invasions (Nelson et al. 2006; Bellard et al. 2012; Song et al. 2018). In response to these challenges, international commitments such as the Aichi Biodiversity Targets have been established to protect terrestrial and aquatic ecosystems and promote their sustainable management (CDB 2010). A significant aspect of this strategic plan is Aichi Target 11, which encourages signatory countries to conserve 17% of the world's terrestrial and inland water areas through protected zones by 2020 (CDB 2010). However, many of these protected zones have been established in places of lesser biodiversity importance, while areas with high conservation value often remain under-protected and face substantial exploitation threat (Joppa and Pfaff 2009; Devillers et al. 2015).

The systematic identification and conservation of high-importance biodiversity locations become crucial (Venter et al. 2014; Butchart et al. 2015). In fact, selecting biodiversity hotspots known for their high taxonomic endemism and significant threats (Myers et al. 2000) has become a prevalent trend in prioritizing conservation areas (Ribeiro et al. 2017). However, the hotspot-focused approach, which relies on taxonomic criteria as its primary indicator, has faced criticism for potentially leading to the underrepresentation of various biological diversity dimensions (Forest et al. 2007; Tucker et al. 2012; Thornhill et al. 2017). For improved efficiency, protection programs should encompass various dimensions of biodiversity, including integrating phylogenetic measures into their planning (Mace et al. 2003; Tucker et al. 2012).

One of the most-used phylogenetic metrics in conservation is Faith's Phylogenetic Diversity (PD) (Tucker et al. 2017). PD measures the total length of all the branches in a community's phylogenetic tree, offering a reflection of how evolutionary traits have accumulated over time (Faith 1992). As an implication of this, studies suggest that communities with high PD can offer a broader array of functions and ecosystem services attributable to the presence of a wide variety of species from different evolutionary lineages (Faith et al. 2010; Tucker et al. 2018, 2019). Thus, by preserving communities with high PD, we not only increase the chance of

conserving known benefits related to evolutionary heritage, but also safeguard potential future benefits yet to be discovered and utilized by future generations (Faith 2021).

A viable approach to maximizing the efficiency of prioritization projects would be to identify areas with high phylogenetic diversity within current biodiversity hotspots (Sechrest et al. 2002; Forest et al. 2007). Given these ecosystems are under severe threat, the chances of PD loss are high, thereby elevating the possibility of phylogenetic disruptions - the loss of the last representative of an ancestral branch within the phylogeny (Faith et al. 2010; Faith and Richards 2012; Faith 2015). Of the most threatened biodiversity hotspots, Brazil's Atlantic Forest is particularly significant. This forest retains a mere seven to eight percent of its original distribution (Myers et al. 2000; Joly et al. 2014), with less than 10% of its present range being safeguarded by protected areas (Brasil 2023). Many Atlantic Forest remnants may represent significant phylogenetic hotspots, like refuge areas (Carnaval and Moritz 2008; Carnaval et al. 2014). Some of these areas, which have remained stable throughout the Pleistocene climate variations, are in the interior of Northeastern Brazil and are known as Brejos de Altitude (Costa et al. 2018).

The Brejos de Altitude are islands of humid forests located on uplands within Brazil's semi-arid region (Tabarelli and Santos 2004; Santos et al. 2007; Queiroz et al. 2017; Marques et al. 2021). These ecosystems are considered "oases" in the semi-arid region, hosting significant biodiversity and varied ecosystem services (Pôrto et al. 2004). However, the Brejos de Altitude are gradually being reduced due to timber exploitation and agricultural expansion (Tabarelli and Santos 2004; Pereira-Filho and Montingelli 2011). One way to protect this biodiversity is through Protected Areas (PAs). These legally designated areas are vital for conservation efforts, as they aim to protect natural habitats and the biodiversity they harbor (Brasil 2000). Still, the mere establishment of a PA does not automatically guarantee effective conservation. Efficient management of PAs is crucial to maintain their ecological and cultural values (Dudley et al. 2004). Regrettably, many PAs in Brazil currently suffer from a lack of operational resources and even lack physical demarcation (Drummond et al. 2009).

Given this context, the primary aim of this study is to identify areas of high phylogenetic diversity associated with the Brejos de Altitude, refuges within one of the world's major

biodiversity hotspots. Furthermore, this study seeks to provide a comprehensive and critical analysis of effective management of these phylogenetic resources. In doing so, we strive to underline the need for sustainable resource use practices and to accentuate the pivotal role of participatory management in augmenting the effectiveness of PAs in sustaining biodiversity in high-priority conservation areas.

## **Materials and methods**

### *Study area*

This investigation encompassed 28 arboreal communities situated across four Northeastern Brazilian states: Alagoas, Ceará, Paraíba and Pernambuco. These states collectively span an estimated 330,000 km<sup>2</sup> territorial expanse (IBGE 2022). The region's climate is primarily classified as Bsw<sup>h</sup> (warm semi-arid) in line with the revised Köppen-Geiger climate classification system (Alvares et al. 2014). The dominant biome of the area is the Caatinga, composed of a mosaic of physiognomies shaped by the regional variation in topography, precipitation, and soil types (Moro et al. 2016; Queiroz et al. 2017). In this study, we focus solely on tree communities found in the Brejos de Altitude which occur on plateaus, mesas, mountain ranges, low mountains, and peaks in the semi-arid region (Tabarelli and Santos 2004; Queiroz et al. 2017; Marques et al. 2021; Silveira-Junior et al. 2021). Due to their elevation, the Brejos de Altitude exhibit milder temperatures and higher humidity due to phenomena such as orographic rainfall (Queiroz et al. 2017). While these conditions are ideal for the presence of moist forest species, they can also encourage agricultural expansion through opening up of areas for pasture creation, as seen in the following figure (Fig. 1).

### *Woody plant occurrence data*

We used the interactive database NeoTropTree (NTT) to collect floristic data from each community (Oliveira-Filho 2017). The NTT is a compilation of georeferenced site-specific tree species lists, excluding lianas. The database currently holds checklists for more than 7,000 areas, spanning a vast region that extends from southern Florida (USA) to southern Patagonia. Each

location in the NTT is defined as a circular area with a five-kilometer radius centered on the geographical coordinates of the first information source used to create it and typically includes a single type of vegetation. Locations with occurrence records without indication or evidence of vegetation type, or with incomplete species lists, are excluded from the NTT database.

We initiated our searches on the platform by filtering all sites present in Northeast Brazil, particularly focusing on the states of Ceará, Paraíba, and Pernambuco. We did this because these states have the highest number of areas known as Brejos de Altitude (Tabarelli and Santos 2004). We then checked which sites were classified as part of the Atlantic Forest Domain. However, we did not consider lowland areas close to the Atlantic Ocean coast or sites located in areas with less than 600 meters of elevation within the semi-arid limits to ensure we were excluding moist forest areas that do not match the Brejos de Altitude profile. We established this elevation limit as a reference, as it is the minimum elevation considered for the occurrence of the Brejos de Altitude (Tabarelli and Santos 2004). Following this area selection process, 28 tree communities were included in our study, totaling 826 species.

#### *Phylogenetic tree and calculation of phylogenetic diversity*

We generated a species-level phylogenetic tree with the floristic lists using the phylo.maker function implemented in the R package V.PhyloMaker (Jin and Qian 2019). The package uses the dated mega-tree GBOTB.extended, which is the largest calibrated phylogeny for vascular plants. This mega tree is an updated and corrected version of the plant phylogeny published by Smith and Brown (2018), combined with the phylogeny published by Zanne et al. (2014) that includes the pteridophyte group. The phylo.maker function creates phylogenetic hypotheses that establish the evolutionary connections between different species in three distinct scenarios (scenario 1-3) (Jin and Qian 2019). During the construction of the phylogenetic tree, we used the hypothesis based on scenario 3 for adding missing branches. In this approach, V.PhyloMaker sets the branch length of the taxa to be inserted, adding a missing genus between the basal node of its respective family, and a missing species between the basal node of its

respective genus (Qian and Jin 2016). As scenario 3 considers average distances to join the tips of the phylogeny, it reduces the bias caused by polytomies.

Then with the phylogenetic tree ready, we calculated Faith's Phylogenetic Diversity (PD) (Faith 1992) for each community. We also calculated its standardized size effects (ses.PD) to correct the effect of collinearity commonly expected with species richness on PD. The ses calculation involves randomly extracting the same number of species present in each area 999 times, generating averages of randomized communities that are compared with the observed communities for each metric (PD) (Kembel et al. 2010). We used the R package Picante for the calculation of PD and ses.PD for all communities (Kembel et al. 2010).

#### *Identification of phylogenetic hotspots and management gaps*

We used the georeferenced files of PAs in Brazil, provided by the database of the *Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística* - IBGE (Brazilian Institute of Geography and Statistics) (<https://downloads.ibge.gov.br/>), to identify the PAs associated with the Brejos de Altitude areas. The PAs for the present study were categorized into two groups based on their use/management regime, as established by Brazilian legislation (Brasil 2000). The first group included Sustainable Use PAs, which are protected areas with management equivalent to IUCN categories IV to VI (Dudley 2008). The second group included Full Protection PAs, which includes protected areas with a management regime equivalent to IUCN categories I to III (Dudley 2008).

We also assessed whether the PAs involved in the study had two fundamental elements for effective management of their territories: the management plan and the management council. The management plan is a technical document, mandatory by law in Brazil, which aims to establish the norms, restrictions, and actions for the use and management of a PA (Brasil 2000). The management council is a collegial body, which can be advisory or deliberative in nature, whose main objective is to involve society in the PA management (Brasil 2000). In addition, we consulted the database PAs in Brazil (<https://uc.socioambiental.org/>) provided by the *Instituto Socioambiental* (Socio-Environmental Institute) to verify whether the PAs had the management mechanisms. It is possible to find documents related to the approval of management instruments

(management plan), creation, appointment, and approval of the regulations of the management councils, actions related to the regularization of land ownership, legal reserves and compensations. We also consulted the websites of the bodies responsible for environmental management in the states of Ceará (SEMA - *Secretaria do Meio Ambiente e Mudança do Clima* - <https://www.sema.ce.gov.br/>) (Secretary of Environment and Climate Change), Paraíba (SUDEMA - *Superintendência de Administração do Meio Ambiente* - <https://sudema.pb.gov.br/>) (Superintendent of Environment Administration) and Pernambuco (CPRH - *Agência Estadual de Meio Ambiente* - <https://www2.cprh.pe.gov.br/>) (State Environmental Agency) to complement the research.

Finally, we carried out a cartographic overlap procedure with the aim of identifying the regions with the highest phylogenetic diversity and checking their inclusion under the tutelage of PAs. We incorporated a map outlining the distribution of protected areas in the study region to an additional map that highlighted the quantitative values of ses.PD for each area classified as a Brejos de Altitude using ArcGIS 10.5 (ESRI 2015). Thus, it was possible to visualize and determine which regions of high phylogenetic diversity were contained in the PAs, as well as to identify gaps related to the management of these areas.

## Results

We initially found that 67.85% of the 28 communities studied (equivalent to 19 communities) are located within PAs, while the remaining 32.15% (9 communities) are not within PAs. Of the 19 areas located within PAs, 73.68% (14 communities) are in areas designated for sustainable use, while 26.32% (5 communities) are in areas of full protection. Regarding management mechanisms, we found that 78.57% (11 communities) within the sustainable use protected areas have a management council, however only one has a management plan. On the other hand, 60% (3 communities) in the full protected areas have a management council and management plan (Fig. 2).

In terms of phylogenetic diversity indices, ses.PD values varied from -4.048 to 0.344 (-0.940 ± 0.930) between areas (Online Resource 1: Table. 1). Among the plant communities that



presented the highest ses.PD values, we highlight the areas belonging to the municipalities of: Guaraciaba do Norte (-0.370) (Fig.3a), Guaramiranga (0.344), Pacoti (0.313), Baturité (-0.251) (Fig.3b), Exu (0.255), Jardim (0.168), Barbalha (0.095), Nova Olinda do Araripe (0.093) (Fig.3c), Brejão (-0.264) and Caruaru (-0.476) (Fig.3h).

Of the 10 communities mentioned, eight are located within PAs, while seven among these eight belong to sustainable use PAs. The Chapada do Araripe and Serra de Baturite PAs (Fig. 3bc) receive positive highlights in the study for containing seven of the 10 communities that presented higher ses.PD values. On the other hand, the PAs Pico do Jabre (Fig. 3e), Mata do Pau Ferro (Fig. 3f) and Serras and Brejos do Capibaribe (Fig. 3h) stand out for holding the communities which presented the lowest ses.PD values among the 28 included in the study. Another concerning result is the fact that two of the 10 areas with the highest ses.PD, Guaraciaba do Norte (Fig. 3a) and Brejão (Fig. 3g), are not located within PAs. For this reason, we highlight Guaraciaba do Norte and Brejão as priority areas for conservation, taking into account the ses.PD values.

## **Discussion**

Our study reveals important phylogenetic diversity patterns in Brejo de Altitude communities and their relation with PAs in northeastern Brazil, unveiling crucial insights into their conservation status and management. Among the main results, we discovered that the majority of analyzed areas are under the protection of PAs, yet a significant portion of these PAs lack a management plan. PAs have generally been recognized as effective tools for conserving forest habitats (Geldmann et al. 2013). Nonetheless, it is crucial to bear in mind that the management strategies employed can significantly influence these PAs' effectiveness in preserving biodiversity (Leverington et al. 2010). Some of the main indicators related to good management of protected areas are based on the recommendations of the IUCN-WCPA (International Union for the Conservation of Nature - World Commission on Protected Areas), such as the legal establishment of the reserve, implementation project, resolution of ownership issues and reserve demarcation (Dudley 2008). The management plan, mandatory for PAs in Brazil, contemplates most of the recommendations of the IUCN-WCPA, as its main objective is

to establish zoning and norms that must govern the area usage and the management of natural resources (Brasil 2000). Thus, we highlight that it is necessary that the study areas are located in PAs that follow national legislation and international recommendations for effective conservation of phylogenetic resources and associated ecosystem services. Without primary elements, such as the management plan, it may be difficult to define and prioritize the necessary management actions, assess whether the PAs management is being effective and whether conservation objectives are being achieved.

Although most PAs do not have a management plan, we are struck by the fact that most of them have a management council, which we consider positive. Due to the different drivers of conflicts (land regulation, agriculture, urban expansion) in PAs in Brazil (Silveira-Junior et al. 2021), the management process of these PAs must consider the diversity of perceptions, knowledge, and values of all stakeholders (Allendorf 2022; Moreira and Nascimento 2023). Considering this scenario, the management council becomes vital to administer a PA. It is a mechanism which ensures participatory and democratic governance, and thereby facilitates interaction and collaboration between different sectors of society (Brasil 2000). Thus, we suggest that conservation units which still do not have a management plan use the structure of their respective management councils for preparing this document. With the effective participation of various sectors of society, it is possible to make better decisions about issues related to management models and socio-environmental conflicts (Reed 2008; Fedreheim and Blanco 2017; Walker and Daniels 2019).

Another important finding is the fact that the majority of the study's PAs are categorized as sustainable use. These PAs are natural areas where controlled use of their natural resources is allowed in order to combine the conservation of nature with the sustainable use of its biodiversity (Brasil 2000). This is an important conservation strategy, since models that restrict access to natural resources exploited for generations by local populations can generate retaliation and hostile attitudes against PAs (Soliku and Schraml 2018). Conversely, PAs that permit access to cultural and subsistence benefits for local populations tend to yield more effective conservation results compared to stricter management regimes (Oldekop et al. 2016). Furthermore, PAs that

include local populations in the management process not only benefit these populations, but also benefit the PA's own management (Andrade and Rhodes 2012). Local and/or traditional populations manage and conserve natural resources in vast territories worldwide (Sangha et al. 2019; Sangha 2020). Due to this accumulated experience, these actors possess deep knowledge about sustainable management and the local environment that is extremely useful for PA management (Reyes-García and Benyei 2019; Tengö et al. 2021; Molnár and Babai 2021). Nevertheless, we would like to reiterate the crucial importance of establishing a management plan for these areas. While the presence of a management council is undoubtedly significant, without a clear framework for the usage of local resources, it may be challenging to effectively manage these protected areas.

We also observed that locations displaying the highest phylogenetic diversity indexes are associated with PAs, particularly those designated for sustainable use. These findings are notable given the growing evidence in current literature that the use of plants by local populations can be mediated by phylogenetic relationships (Leso et al. 2017; Garnatje et al. 2017; Souza et al. 2018; Gaoue et al. 2021; Pedrosa et al. 2021). Phylogenetically related species tend to share morphological and physiological characteristics due to their shared evolutionary heritage (Cadotte 2013). When this occurs, it is common to observe an “ethnobotanical convergence,” which means plants present in the same phylogeny node have similar usage (Garnatje et al. 2017). Taking this into consideration, the use of plants in PAs harboring high phylogenetic diversity may favor identifying new groups of related species sharing unique attributes, adding greater conservationist importance to these areas. Moreover, integrating local knowledge with phylogenies can facilitate the discovery of new applications for plants in various fields, such as pharmacology (Hao and Xiao 2020; Zaman et al. 2021; Sultana et al. 2022; Nurlybekova et al. 2022), providing an additional economic incentive for the conservation of the areas where these species are found.

However, it is also crucial to highlight that the Serras e Brejos do Capibaribe, Parque Estadual Mata do Pau Ferro, and Parque Estadual Pico do Jabre PAs displayed the lowest ses.PD values, demonstrating that merely being a PA does not guarantee high phylogenetic diversity values. The absence of management mechanisms may be one of the primary determinants of the

low ses.PD values observed for these areas, given that the Serras and Brejos do Capibaribe and Parque Estadual Pico do Jabre PAs do not have a management plan or a management council. Nevertheless, it is important to emphasize that efforts to improve the management of these PAs are underway. Parque Estadual Mata do Pau Ferro has recently been granted its management plan, which is the result of a great endeavor undertaken by researchers from the Universidade Federal da Paraíba (Federal University of Paraíba) and the state government of Paraíba (Santos et al. 2020). Given that universities have a significant role in promoting sustainable development at local and regional levels (Zilahy and Huisingsh 2009; Soini et al. 2018; Leal-Filho et al. 2019), their collaboration with regulatory bodies can offer valuable perspectives and more efficient strategies for improving PA management. In addition to assisting in the collection and interpretation of ecological data (Huenneke 1995), universities in developing countries cooperate with local communities in various ways (Leal-Filho et al. 2019). They encourage adoption of low-impact agricultural practices, promote conservation of key species and act as mediators in conflict resolution (Leal-Filho et al. 2019). According to 76 PA managers in Brazil, the primary solution for conflict resolution in PAs would be the promotion of education geared towards sustainable development (Silveira-Junior et al. 2021).

We found that two of the areas (Guaramiranga do Norte and Brejão) that showed the highest ses.PD values are not protected by PAs. The forests in the Guaramiranga do Norte region are already recognized by the Brazilian government as being a priority for conservation due to their high biological importance, but there is no recommendation for the creation of PAs in the region, only for the recovery of degraded areas (Brasil 2018). Meanwhile, the Brejão area has not been identified as a priority area for conservation according to the national government's guidelines (Brasil 2018). Given the high evolutionary value presented by these areas and the increasing degradation in Brejos de Altitude (Tabarelli and Santos 2004; Pereira-Filho and Montingelli 2011), we argue that these two areas are priorities for conservation actions by the creation of PAs. Without adequate protection and management mechanisms, these areas become more vulnerable to various anthropogenic disturbances, which can lead to the extinction of unique species in evolutionary terms (Grandcolas and Trewick 2016). This vulnerability could also

jeopardize the option values associated with these areas, limiting the alternatives to face change situations and unexpected future needs due to potential losses in phylogenetic diversity (Barker 2002).

Finally, we emphasize that the situation depicted in this study is not limited to the Brejos de Altitude communities or to the PAs of Northeastern Brazil. As previously stated, global conservation success increasingly hinges on identifying priority areas, establishing PAs, effective management planning and active involvement from multiple societal sectors. Despite the fact that each region possesses distinct characteristics which may necessitate unique management strategies, the broad principles associated with effective governance and achieving equilibrium between utilization and conservation, as outlined in this article, have universal applicability.

## **Conclusion**

Based on the results obtained in this study, it is crucial to emphasize the importance of establishing and efficiently managing PAs to preserve areas with high phylogenetic diversity in Brejos de Altitude. Despite most areas with high phylogenetic diversity being safeguarded by PAs, they present basic management issues (absence of a management plan), which may compromise the effective protection of the phylogenetic heritage. In addition, areas that also showed high phylogenetic diversity are currently not under any protection regime, putting the phylogenetic diversity of these locations even more at risk. Given this problem, we believe that the involvement of various sectors of society in decision-making processes can result in better solutions for management issues, strengthening the effectiveness of existing PAs and encouraging the creation of new ones in priority areas.

Ultimately, our findings underline the importance of comprehensive, local-level research to inform conservation strategies and biodiversity management worldwide. Through understanding the specifics of biodiversity and its relationship with PAs in distinct regions, we can better design strategies to protect our global biodiversity heritage.

## References

- Allendorf TD (2022) A global summary of local residents' perceptions of benefits and problems of protected areas. *Biodivers Conserv* 31:379–396. <https://doi.org/10.1007/S10531-022-02359-Z/TABLES/6>
- Alvares CA, Stape JL, Sentelhas PC et al (2014) Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift* 22:711–728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>
- Andrade GSM, Rhodes JR (2012) Protected Areas and Local Communities: an Inevitable Partnership toward Successful Conservation Strategies? *Ecology and Society* 17. <https://doi.org/10.5751/ES-05216-170414>
- Barker GM (2002) Phylogenetic diversity: a quantitative framework for measurement of priority and achievement in biodiversity conservation. *Biological Journal of the Linnean Society* 76:165–194. <https://doi.org/10.1111/J.1095-8312.2002.TB02081.X>
- Bellard C, Bertelsmeier C, Leadley P et al (2012) Impacts of climate change on the future of biodiversity. *Ecol Lett* 15:365–377. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2011.01736.x>
- Brasil (2023) Painel de Unidades de Conservação Brasileiras. Ministério do Meio Ambiente. <https://app.powerbi.com/view?r=eyJrIjoiMDNmZTA5Y2ItNmFkMy00Njk2LWI4YjYtZDJlNzFkOGM5NWQ4IiwidCI6IjJiMjY2ZmE5LTNmOTMtNGJiMS05ODMwLTYzNDY3NTJmMDNlNCIsImMiOjF9>. Accessed 03 June 2023
- Brasil (2018) 2ª Atualização das Áreas Prioritárias para Conservação da Biodiversidade 2018. Ministério do Meio Ambiente. <http://areasprioritarias.mma.gov.br/2-atualizacao-das-areas-prioritarias>. Accessed 11 January 2023
- Brasil (2000) Lei 9985, de 18 de junho de 2000. Presidência da República, Casa Civil. [http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/Leis/L9985.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Leis/L9985.htm). Accessed 11 January 2023

- Butchart SHM, Clarke M, Smith RJ et al (2015) Shortfalls and Solutions for Meeting National and Global Conservation Area Targets. *Conserv Lett* 8:329–337.  
<https://doi.org/10.1111/CONL.12158>
- Cadotte MW (2013) Experimental evidence that evolutionarily diverse assemblages result in higher productivity. *Proc Natl Acad Sci U S A* 110:8996–9000.  
[https://doi.org/10.1073/PNAS.1301685110/SUPPL\\_FILE/PNAS.201301685SI.PDF](https://doi.org/10.1073/PNAS.1301685110/SUPPL_FILE/PNAS.201301685SI.PDF)
- Carnaval AC, Moritz C (2008) Historical climate modelling predicts patterns of current biodiversity in the Brazilian Atlantic forest. *J Biogeogr* 35:1187–1201.  
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2007.01870.x>
- Carnaval AC, Waltari E, Rodrigues MT et al (2014) Prediction of phylogeographic endemism in an environmentally complex biome. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 281. <https://doi.org/10.1098/RSPB.2014.1461>
- CDB (2010) COP 10 Decision X/2. Strategic Plan for Biodiversity 2011-2020.  
<https://www.cbd.int/decision/cop/?id=12268>. Accessed 6 February 2022
- Costa GC, Hampe A, Ledru MP et al (2018) Biome stability in South America over the last 30 kyr: Inferences from long-term vegetation dynamics and habitat modelling. *Global Ecology and Biogeography* 27:285–297. <https://doi.org/10.1111/GEB.12694>
- Devillers R, Pressey RL, Grech A et al (2015) Reinventing residual reserves in the sea: are we favouring ease of establishment over need for protection? *Aquat Conserv* 25:480–504.  
<https://doi.org/10.1002/AQC.2445>
- Drummond JA, De Andrade Franco JL, Ninis AB (2009) Brazilian federal conservation units: A historical overview of their creation and of their current status. *Environ Hist Camb* 15:463–491. <https://doi.org/10.3197/096734009X12532652872036>
- Dudley N (2008) Guidelines for Applying Protected Area Management Categories. IUCN

- Dudley N, Hockings M, Stolton S (2004) Options For Guaranteeing the Effective Management of the World's Protected Areas. *Journal of Environmental Policy & Planning* 6:131–142.  
<https://doi.org/10.1080/1523908042000320713>
- ESRI - Environmental Systems Research Institute (2015) ArcGIS Desktop: Release 10.5.1. Redlands, California.
- Faith DP (1992) Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biol Conserv* 61:1–10.  
[https://doi.org/10.1016/0006-3207\(92\)91201-3](https://doi.org/10.1016/0006-3207(92)91201-3)
- Faith DP (2021) Valuation and Appreciation of Biodiversity: The “Maintenance of Options” Provided by the Variety of Life. *Front Ecol Evol* 9:201.  
<https://doi.org/10.3389/FEVO.2021.635670/BIBTEX>
- Faith DP (2015) Phylogenetic diversity, functional trait diversity and extinction: avoiding tipping points and worst-case losses. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 370:1–10. <https://doi.org/10.1098/RSTB.2014.0011>
- Faith DP, Magallón S, Hendry AP et al (2010) Evosystem services: an evolutionary perspective on the links between biodiversity and human well-being. *Curr Opin Environ Sustain* 2:66–74. <https://doi.org/10.1016/J.COSUST.2010.04.002>
- Faith DP, Richards ZT (2012) Climate Change Impacts on the Tree of Life: Changes in Phylogenetic Diversity Illustrated for Acropora Corals. *Biology* 1:906–932.  
<https://doi.org/10.3390/BIOLOGY1030906>
- Fedreheim GE, Blanco E (2017) Co-management of protected areas to alleviate conservation conflicts: experiences in Norway. *Int J Commons* 11:754–773.  
<https://doi.org/10.18352/ijc.749>
- Forest F, Grenyer R, Rouget M et al (2007) Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature* 2006 445:7129 445:757–760.  
<https://doi.org/10.1038/NATURE05587>



- Gaoue OG, Yessoufou K, Mankga L, Vodouhe F (2021) Phylogeny reveals non-random medicinal plant organ selection by local people in Benin. *Plants, People, Planet* 3:710–720. <https://doi.org/10.1002/PPP3.10202>
- Garnatje T, Peñuelas J, Vallès J (2017) Ethnobotany, Phylogeny, and ‘Omics’ for Human Health and Food Security. *Trends Plant Sci* 22:187–191. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.01.001>
- Geldmann J, Barnes M, Coad L et al (2013) Effectiveness of terrestrial protected areas in reducing habitat loss and population declines. *Biol Conserv* 161:230–238. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2013.02.018>
- Grandcolas P, Trewick SA (2016) What Is the Meaning of Extreme Phylogenetic Diversity? The Case of Phylogenetic Relict Species. In: Pellens R, Grandcolas P (eds) *Biodiversity Conservation and Phylogenetic Systematics - Preserving our evolutionary heritage in an extinction crisis*. Springer, Cham, pp 99–115
- Hao D cheng, Xiao P gen (2020) Pharmaceutical resource discovery from traditional medicinal plants: Pharmacophylogeny and pharmacophylogenomics. *Chin Herb Med* 12:104–117. <https://doi.org/10.1016/J.CHMED.2020.03.002>
- Huenneke LF (1995) Involving Academic Scientists in Conservation Research: Perspectives of a Plant Ecologist. *Ecological Applications* 5:209–214. <https://doi.org/10.2307/1942064>
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2022) Área territorial - Brasil, Grandes Regiões, Unidades da Federação e Municípios. <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/estrutura-territorial/15761-areas-dos-municipios.html>. Accessed 11 January 2023
- Jin Y, Qian H (2019) V.PhyloMaker: an R package that can generate very large phylogenies for vascular plants. *Ecography* 42:1353–1359. <https://doi.org/10.1111/ecog.04434>

- Joly CA, Metzger JP, Tabarelli M (2014) Experiences from the Brazilian Atlantic Forest: ecological findings and conservation initiatives. *New Phytologist* 204:459–473.  
<https://doi.org/10.1111/NPH.12989>
- Joppa LN, Pfaff A (2009) High and Far: Biases in the Location of Protected Areas. *PLoS One* 4:e8273. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0008273>
- Kembel SW, Cowan PD, Helmus MR et al (2010) Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics* 26:1463–1464.  
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>
- Leal-Filho W, Vargas VR, Salvia AL et al (2019) The role of higher education institutions in sustainability initiatives at the local level. *J Clean Prod* 233:1004–1015.  
<https://doi.org/10.1016/J.JCLEPRO.2019.06.059>
- Leso LK, Elansary HO, Mearns K, Yessoufou K (2017) Ethnobotany at a local scale: Diversity of knowledge of medicinal plants and assessment of plant cultural importance in the Polokwane local municipality, South Africa. *Bot Lett* 164:93–102.  
<https://doi.org/10.1080/23818107.2016.1268064>
- Leverington F, Costa KL, Pavese H et al (2010) A global analysis of protected area management effectiveness. *Environ Manage* 46:685–698.  
<https://doi.org/10.1007/S00267-010-9564-5/TABLES/7>
- Mace GM, Gittleman JL, Purvis A (2003) Preserving the tree of life. *Science* 300:1707–1709.  
<https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1085510/ASSET/877DFA71-D4A3-47D9-82F3-6BDDE6061DED/ASSETS/GRAPHIC/SE2331600001.JPEG>
- Marques MCM, Trindade W, Bohn A, Grelle CE V. (2021) The Atlantic Forest: An Introduction to the Megadiverse Forest of South America. In: Marques MCM, Grelle CEV (eds) *The Atlantic Forest: History, Biodiversity, Threats and Opportunities of the Mega-diverse Forest*. Springer International Publishing, pp 3–23

- Molnár Z, Babai D (2021) Inviting ecologists to delve deeper into traditional ecological knowledge. *Trends Ecol Evol* 36:679–690. <https://doi.org/10.1016/J.TREE.2021.04.006>
- Moreira SM, Nascimento AF (2023) Managing State Parks in Brazil: Strategies for Resolving Conflicts and Promoting Sustainable Conservation Practices. *Environmental Sciences and Ecology: Current Research (ESECR)* 4:1–2. <https://doi.org/10.54026/ese-cr/1091>
- Moro MF, Nic Lughadha E, de Araújo FS, Martins FR (2016) A Phytogeographical Metaanalysis of the Semi-arid Caatinga Domain in Brazil. *Botanical Review* 82:91–148. <https://doi.org/10.1007/S12229-016-9164-Z/TABLES/6>
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG et al (2000) Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403:853–858. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- Nelson GC, Bennett E, Berhe AA et al (2006) Anthropogenic drivers of ecosystem change: An overview. *Ecology and Society* 11. <https://doi.org/10.5751/ES-01826-110229>
- Nurlybekova A, Kudaibergen A, Kazymbetova A et al (2022) Traditional Use, Phytochemical Profiles and Pharmacological Properties of Artemisia Genus from Central Asia. *Molecules* 27:5128. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES27165128>
- Oldekop JA, Holmes G, Harris WE, Evans KL (2016) A global assessment of the social and conservation outcomes of protected areas. *Conservation Biology* 30:133–141. <https://doi.org/10.1111/COBI.12568>
- Oliveira-Filho A (2017) NeoTropTree, Flora arbórea da Região Neotropical: Um banco de dados envolvendo biogeografia, diversidade e conservação. <http://www.neotropree.info>. Accessed 1 Apr 2020
- Pedrosa KM, Almeida HA, Ramos MB, Lopes SF (2021) Plants with similar characteristics drive their use by local populations in the semi-arid region of Brazil. *Environ Dev Sustain* 23:16834–16847. <https://doi.org/10.1007/S10668-021-01355-7/FIGURES/2>

- Pereira-Filho GA, Montingelli GG (2011) Check list of snakes from the Brejos de Altitude of Paraíba and Pernambuco, Brazil. *Biota Neotrop* 11:145–151.  
<https://doi.org/10.1590/S1676-06032011000300011>
- Pôrto KC, Cabral JJP, Tabarelli M (2004) Brejos de altitude em Pernambuco e Paraíba: história natural, ecologia e conservação, 1st edn. Ministério do Meio Ambiente, Brasília
- Qian H, Jin Y (2016) An updated megaphylogeny of plants, a tool for generating plant phylogenies and an analysis of phylogenetic community structure. *Journal of Plant Ecology* 9:233–239. <https://doi.org/10.1093/jpe/rtv047>
- Queiroz LP, Cardoso D, Fernandes MF, Moro MF (2017) Diversity and evolution of flowering plants of the Caatinga Domain. In: Silva JMC, Leal IR, Tabarelli M (eds) *Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America*, 1st edn. Springer, pp 23–63
- Reed MS (2008) Stakeholder participation for environmental management: A literature review. *Biol Conserv* 141:2417–2431. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2008.07.014>
- Reyes-García V, Benyei P (2019) Indigenous knowledge for conservation. *Nature Sustainability* 2:8 2:657–658. <https://doi.org/10.1038/S41893-019-0341-Z>
- Ribeiro BR, Brum FT, Pressey RL, Loyola R (2017) Scoring methods do not provide reliable conservation priorities for marine biodiversity protection. *Biol Conserv* 210:349–350.  
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.02.038>
- Sangha KK (2020) Global Importance of Indigenous and Local Communities' Managed Lands: Building a Case for Stewardship Schemes. *Sustainability* 12:7839.  
<https://doi.org/10.3390/SU12197839>
- Sangha KK, Maynard S, Pearson J et al (2019) Recognising the role of local and Indigenous communities in managing natural resources for the greater public benefit: Case studies from Asia and Oceania region. *Ecosyst Serv* 39:100991.  
<https://doi.org/10.1016/J.ECOSER.2019.100991>

- Santos AMM, Cavalcanti DR, Silva JMC, Tabarelli M (2007) Biogeographical relationships among tropical forests in north-eastern Brazil. *J Biogeogr* 34:437–446.  
<https://doi.org/10.1111/J.1365-2699.2006.01604.X>
- Santos HA, Costa EG, Araújo HF et al (2020) Plano de Manejo do Parque Estadual Mata do Pau-ferro. UNIESP, Cabedelo
- Sechrest W, Brooks TM, Fonseca GAB et al (2002) Hotspots and the conservation of evolutionary history. *Proc Natl Acad Sci USA* 99:2067–2071.  
<https://doi.org/10.1073/PNAS.251680798/ASSET/062FFF8B-E3F9-4CFA-B777-08017C72C4E2/ASSETS/GRAPHIC/PQ0326807003.JPEG>
- Silveira-Junior WJ, Souza CR, Mariano RF et al (2021) Conservation conflicts and their drivers in different protected area management groups: a case study in Brazil. *Biodivers Conserv* 30:4297–4315. <https://doi.org/10.1007/S10531-021-02308-2/FIGURES/4>
- Smith SA, Brown JW (2018) Constructing a broadly inclusive seed plant phylogeny. *Am J Bot* 105:302–314. <https://doi.org/10.1002/ajb2.1019>
- Soini K, Jurgilevich A, Pietikäinen J, Korhonen-Kurki K (2018) Universities responding to the call for sustainability: A typology of sustainability centres. *J Clean Prod* 170:1423–1432.  
<https://doi.org/10.1016/J.JCLEPRO.2017.08.228>
- Soliku O, Schraml U (2018) Making sense of protected area conflicts and management approaches: A review of causes, contexts and conflict management strategies. *Biol Conserv* 222:136–145. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2018.04.011>
- Song XP, Hansen MC, Stehman SV et al (2018) Global land change from 1982 to 2016. *Nature* 560:639–643. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0411-9>
- Souza ENF, Williamson EM, Hawkins JA (2018) Which plants used in ethnomedicine are characterized? Phylogenetic patterns in traditional use related to research effort. *Front Plant Sci* 9:344201. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2018.00834/BIBTEX>

- Sultana A, Hossain MJ, Kuddus MR et al (2022) Ethnobotanical Uses, Phytochemistry, Toxicology, and Pharmacological Properties of *Euphorbia neriifolia* Linn. against Infectious Diseases: A Comprehensive Review. *Molecules* 27:4374.  
<https://doi.org/10.3390/MOLECULES27144374>
- Tabarelli M, Santos AMM (2004) Uma Breve Descrição Sobre a História Natural dos Brejos Nordestinos. In: Porto KC, Cabral JJP, Tabarelli M (eds) *Brejos de Altitude em Pernambuco e Paraíba: História Natural, Ecologia e Conservação*, 1st edn. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp 17–24
- Tengö M, Austin BJ, Danielsen F, Fernández-Llamazares Á (2021) Creating Synergies between Citizen Science and Indigenous and Local Knowledge. *Bioscience* 71:503–518.  
<https://doi.org/10.1093/BIOSCI/BIAB023>
- Thornhill AH, Baldwin BG, Freyman WA et al (2017) Spatial phylogenetics of the native California flora. *BMC Biol* 15:1–18. <https://doi.org/10.1186/S12915-017-0435-X/TABLES/1>
- Tucker CM, Aze T, Cadotte MW et al (2019) Assessing the utility of conserving evolutionary history. *Biological Reviews* 94:1740–1760. <https://doi.org/10.1111/BRV.12526>
- Tucker CM, Cadotte MW, Carvalho SB et al (2017) A guide to phylogenetic metrics for conservation, community ecology and macroecology. *Biological Reviews* 92:698–715.  
<https://doi.org/10.1111/BRV.12252>
- Tucker CM, Cadotte MW, Davies TJ, Rebelo TG (2012) Incorporating Geographical and Evolutionary Rarity into Conservation Prioritization. *Conservation Biology* 26:593–601.  
<https://doi.org/10.1111/J.1523-1739.2012.01845.X>
- Tucker CM, Davies TJ, Cadotte MW, Pearse WD (2018) On the relationship between phylogenetic diversity and trait diversity. *Ecology* 99:1473–1479.  
<https://doi.org/10.1002/ECY.2349>

- Venter O, Fuller RA, Segan DB et al (2014) Targeting Global Protected Area Expansion for Imperiled Biodiversity. *PLoS Biol* 12:e1001891.  
<https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PBIO.1001891>
- Walker GB, Daniels SE (2019) Collaboration in environmental conflict management and decision-making: Comparing best practices with insights from collaborative learning work. *Front Commun (Lausanne)* 4:1–12. <https://doi.org/10.3389/fcomm.2019.00002>
- Zaman W, Ye J, Saqib S et al (2021) Predicting potential medicinal plants with phylogenetic topology: Inspiration from the research of traditional Chinese medicine. *J Ethnopharmacol* 281:114515. <https://doi.org/10.1016/J.JEP.2021.114515>
- Zanne AE, Tank DC, Cornwell WK et al (2014) Three keys to the radiation of angiosperms into freezing environments. *Nature* 506:89–92. <https://doi.org/10.1038/nature12872>
- Zilahy G, Huisingh D (2009) The roles of academia in Regional Sustainability Initiatives. *J Clean Prod* 17:1057–1066. <https://doi.org/10.1016/J.JCLEPRO.2009.03.018>

**Funding**

This work was supported by the Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba – FAPESQ and the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, through the granting of a doctoral scholarship (grant no. 423/18) to the author ASP.

**Competing interests**

The authors have no relevant financial or non-financial interests to disclose.

**Conflict of interest**

The authors declare that they have no competing interests.

**Contributions**

ASP and SFL conceived and designed the study, wrote the initial text, and conducted the data collection. ASP carried out the phylogenetic analyses, and EMR created the density map. All authors edited and reviewed the manuscript.

**Data Availability**

The datasets produced and/or evaluated during this study are accessible from the corresponding author upon a reasonable request.



**Figure captions**

**Fig. 1** Brejos de Altitude areas located in Northeast Brazil. Fig. 1 (a,b) Brejo de Altitude in the Lagoa Seca region, Paraíba, Brazil. Fig. 1 (c,d) Brejo de Altitude in the Areia region, Paraíba, Brazil.

**Fig. 2** Graphical summary of the main findings related to protection and management of the studied sites.

**Fig. 3** Mapping of phylogenetic diversity across Brejos de Altitude and depiction of these areas within their respective Protected Areas.

Figure 1



Figure 2

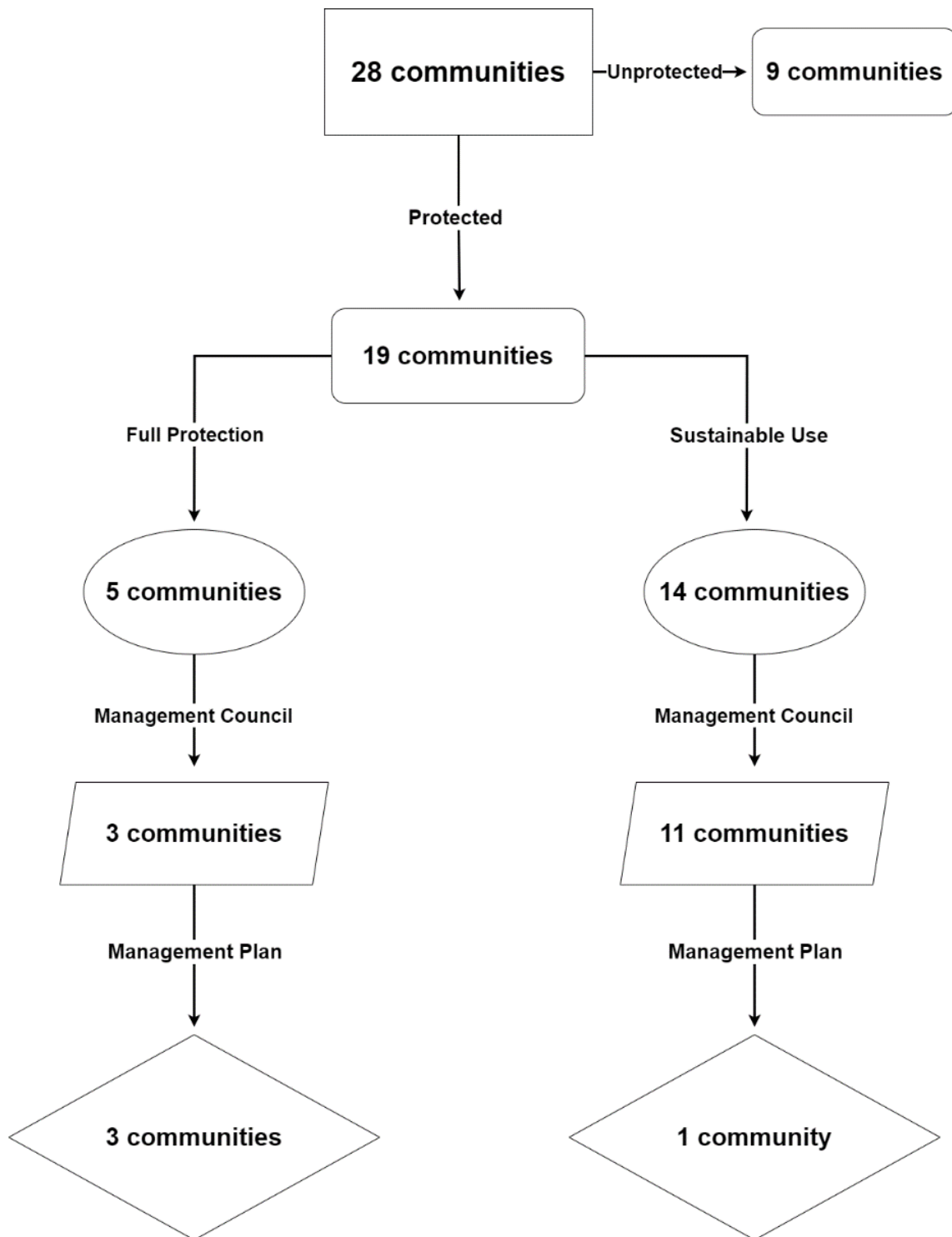
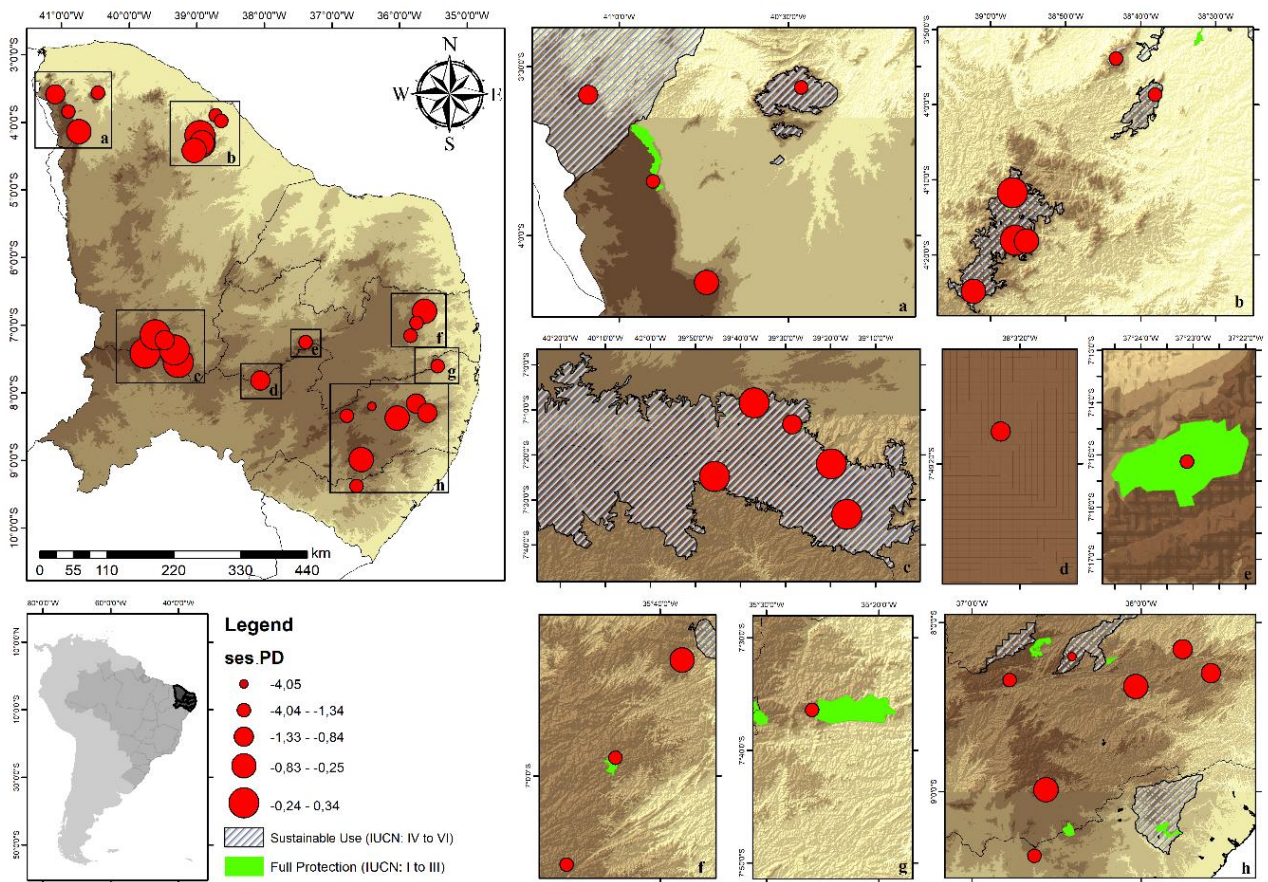


Figure 3



## Supplementary material

### Online Resource 1

#### **Brejos de Altitude: bridging phylogenetic diversity and conservation in a Brazilian hotspot**

##### *Biodiversity and Conservation*

Anderson Silva Pinto<sup>1,3</sup>, Erimáigna de Moraes Rodrigues<sup>2</sup>, D`Ávilla Ruama Fernandes Lopes Gomes<sup>3</sup>, Macelly Correia Medeiros<sup>3</sup>, Sérgio de Faria Lopes<sup>1,3</sup>

1: Federal Rural University of Pernambuco, Department of Biology, Postgraduate Program in Ethnobiology and Nature Conservation, Recife, Pernambuco, Brazil.

2: Federal University of Rio de Janeiro, Institute of Biology, Postgraduate Program in Ecology, Rio de Janeiro, Brazil.

3: State University of Paraíba, Department of Biology, Neotropical Ecology Laboratory – EcoTropics, Campina Grande, Paraíba, Brazil.

Corresponding author: Anderson Silva Pinto (anderson.slvp@gmail.com)

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9253-7486>

This file contains more details about the results of the study.

**Table 1:** *Summary of phylogenetic diversity and protected area information pertaining to the studied site*

**Table 1:** Summary of phylogenetic diversity and protected area information pertaining to the studied sites

Latitude	Longitude	State	County	Protect Area	Type of Protected Area	Management Plan	Management council	ses.PD
-4.3008	-38.9444	Ceará	Guaramiranga	APA Serra de Baturité	sustainable use	no	yes	0.344
-4.1953	-38.9508	Ceará	Pacoti	APA Serra de Baturité	sustainable use	no	yes	0.313
-7.4144	-39.7614	Pernambuco	Exú	APA Chapada do Araripe	sustainable use	no	yes	0.255
-7.5547	-39.2725	Pernambuco	Jardim	APA Chapada do Araripe	sustainable use	no	yes	0.168
-7.3678	-39.3300	Ceará	Barbalha	APA Chapada do Araripe	sustainable use	no	yes	0.095
-7.1428	-39.6156	Ceará	Nova Olinda do Araripe	APA Chapada do Araripe	sustainable use	no	yes	0.093
-4.3022	-38.9200	Ceará	Baturité	APA Serra de Baturité	sustainable use	no	yes	-0.251
-8.9889	-36.5628	Pernambuco	Brejão	-	-	-	-	-0.264
-4.1386	-40.7414	Ceará	Guaraciaba do Norte	-	-	-	-	-0.370
-8.3778	-36.0303	Pernambuco	Caruaru	PNM Professor João Vasconcelos Sobrinho	full protection	yes	yes	-0.476
-6.7942	-35.6275	Paraíba	Borborema	-	-	-	-	-0.514
-4.4136	-39.0375	Ceará	Aratuba	APA Serra de Baturité	sustainable use	no	yes	-0.642
-7.2211	-39.4747	Ceará	Crato	APA Chapada do Araripe	sustainable use	no	yes	-0.837
-7.8208	-38.0564	Pernambuco	Triunfo	-	-	-	-	-0.859
-8.1581	-35.7539	Pernambuco	Bezerros	-	-	-	-	-1.060
-3.5836	-41.0914	Ceará	Viçosa do Ceará	APA Serra de Ibiapaba	sustainable use	yes	yes	-1.236
-8.2986	-35.5850	Pernambuco	Gravata	-	-	-	-	-1.289
-8.3408	-36.7775	Pernambuco	Pesqueira	-	-	-	-	-1.343
-3.8978	-38.7214	Ceará	Maranguape	APA Serra de Maranguape	sustainable use	no	yes	-1.374
-7.6069	-35.4319	Pernambuco	São Vicente Ferrer	RVS Matas de Siriji	full protection	no	no	-1.393
-3.5619	-40.4608	Ceará	Meruoca	APA Serra da Meruoca	sustainable use	no	no	-1.449
-3.9775	-38.6344	Ceará	Pacatuba	APA Serra da Aratanha	sustainable use	no	yes	-1.476
-3.8397	-40.8994	Ceará	Ubajara	PN Ubajara	full protection	yes	yes	-1.574
-7.1575	-35.8322	Paraíba	Lagoa Seca	-	-	-	-	-1.602
-9.3806	-36.6314	Alagoas	Palmeira dos Índios	-	-	-	-	-1.605

-7.2522	-37.3853	Paraíba	Matureia	PE Pico do Jabre	full protection	no	no	-1.772
-6.9678	-35.7458	Paraíba	Areia	PE Mata do Pau Ferro	full protection	yes	yes	-2.162
-8.2008	-36.4089	Pernambuco	Brejo da Madre de Deus	APA Serras e Brejos do Capibaribe	sustainable use	no	no	-4.048

---

*APA: Área de Proteção Ambiental (Environmental Protection Area); PNM: Parque Natural Municipal (Municipal Natural Park); RVS: Refúgio da Vida Silvestre (Wildlife Refuge); PN: Parque Nacional (National Park); PE: Parque Estadual (State Park).*

## **CAPÍTULO 4: CONSIDERAÇÕES FINAIS**

### **Principais conclusões**

A pesquisa apresentada nesta tese permitiu um maior entendimento dos mecanismos que impulsionam a diversidade e a estrutura filogenética de comunidades vegetais estabelecidas em áreas altas do semiárido do Nordeste do Brasil. Além disso, também enfatiza a importância e urgência da criação e gestão eficiente de Unidades de Conservação (UCs) para que possa ser propiciada uma maior proteção de locais de alta diversidade evolutiva associados aos ecossistemas de Brejo de Altitude.

Dentre os principais achados, destacamos que as condições ambientais menos estressantes, como alta precipitação e temperaturas mais amenas, foram fatores críticos para o aumento dos valores das métricas de *ses.PD*, *ses.MPD* e *ses.MNTD* nas comunidades estudadas. A diversidade e a estrutura filogenéticas também são significativamente influenciadas pelo tipo de habitat, seja Brejo de Altitude ou Serra de Caatinga. Estas conclusões fornecem pistas sobre como essas comunidades podem ser afetadas por futuras mudanças climáticas, o que reforça a necessidade de políticas robustas de conservação voltadas às especificidades da região.

Em relação à gestão das UCs, a presente pesquisa ressaltou que, embora grande parte das áreas de alta diversidade filogenética esteja protegidas por UCs, muitas enfrentam desafios básicos de gerenciamento, como a falta do plano de manejo. Essa deficiência pode colocar em risco a proteção eficaz do patrimônio filogenético contido nestas áreas. Além disso, algumas áreas de alta diversidade filogenética ainda não estão amparadas por qualquer forma de proteção, aumentando ainda mais a vulnerabilidade desse patrimônio filogenético. Neste contexto, enfatizamos a importância do envolvimento de vários setores da sociedade nos processos de tomada de decisão como uma solução eficaz para os problemas de gestão, fortalecendo a eficácia das UCs existentes e incentivando a criação de novas unidades em áreas prioritárias.

Por fim, as descobertas reforçam a importância de pesquisas locais, mas que podem ser replicadas em diferentes ecossistemas e outros contextos, para informar sobre estratégias eficientes de descrição, conservação e gestão da biodiversidade. Através da compreensão das especificidades da biodiversidade e sua relação com UCs em regiões distintas, podemos projetar melhores estratégias para proteger nosso patrimônio global de biodiversidade.



### **Contribuições teóricas e/ou metodológicas da tese**

Esta tese apresenta contribuições teóricas e metodológicas significativas para o campo da biologia da conservação e para o estudo da diversidade e estrutura filogenética em diferentes contextos.

No aspecto teórico, a tese expande a nossa compreensão sobre os fatores que influenciam a diversidade e estrutura filogenética de comunidades florestais em regiões semiáridas. Além disso, a análise detalhada da diversidade filogenética em relação à proteção ambiental fornece um olhar atual sobre a necessidade de gestão eficaz das UCs, bem como a importância de envolver vários setores da sociedade nos processos de tomada de decisão para a conservação.

Do ponto de vista metodológico, esta pesquisa reforça a utilidade de índices filogenéticos (ses.PD, ses.MPD e ses.MNTD) na avaliação da biodiversidade. A aplicação destes índices em um contexto de gestão de áreas de conservação é uma contribuição metodológica significativa, pois oferece uma abordagem alternativa para avaliar a biodiversidade e priorizar áreas para conservação. Adicionalmente, o estudo apresenta um modelo metodológico que pode ser replicado em outras regiões (semiáridas ou não) do mundo, servindo como mais um referencial para pesquisadores que buscam entender a interação entre aspectos ecológicos/evolutivos e os fatores ambientais nessas regiões.

Por fim, ao destacar a necessidade de uma gestão eficiente das UCs e a inclusão de diferentes setores da sociedade nas decisões de conservação, a tese também oferece uma contribuição prática para a biologia da conservação, sugerindo potenciais estratégias para melhorar a proteção do patrimônio regional de biodiversidade.

### **Principais limitações do estudo**

Primordialmente, gostaríamos de ressaltar as limitações impostas pela pandemia de Covid-19. Acreditamos que esse espaço é adequado para deixarmos registrado que o período pandêmico foi o principal evento que impôs limitações para o desenvolvimento da presente tese e de muitos outros trabalhos acadêmicos desenvolvidos entre os anos de 2020-2022. As imposições do isolamento necessário, a permanente preocupação com o risco de contaminação, a ausência de ambientes funcionais que propiciassem produtividade e a incerteza gerada pela desconexão política no que tange à proteção da vida, constituíram um conjunto de circunstâncias que desviavam incessantemente a nossa atenção ao longo desse período. A pandemia impôs uma série de desafios à saúde de nossa comunidade acadêmica. Assim, consideramos que a condição humana fragilizada, tanto

física quanto mentalmente, representa a principal limitação para qualquer estudo desenvolvido durante este período.

Tratando em específico da presente tese, embora a pesquisa tenha alcançado resultados significativos, é importante reconhecer as limitações inerentes ao estudo. O distanciamento social e as restrições de deslocamento impostas pela pandemia limitaram severamente a nossa capacidade de coletar dados em campo. Devido a essa problemática, fomos obrigados a repensar a presente tese, retirando do nosso planejamento todas as etapas que envolviam atividades em que a quebra do isolamento fosse necessária. Dada a dificuldade de coletar novos dados, tivemos que depender de dados secundários ou existentes. Embora esses dados sejam úteis, eles podem não ser tão atualizados ou específicos quanto os dados coletados especificamente para o estudo. Além disso, as universidades fechadas, a falta de infraestrutura adequada e muitas vezes um ambiente que não estimulava a produção, pode ter comprometido a nossa capacidade de processar dados e conduzir análises mais robustas na presente tese.

Um aspecto adicional a ser considerado é que nosso estudo empregou unicamente métricas filogenéticas como um indicador de biodiversidade, o que pode não abranger a complexidade integral da biodiversidade em sua essência. A diversidade biológica é afetada por uma série de elementos que não foram completamente explorados nesta pesquisa, evidenciando uma limitação em nossa abordagem. Embora as métricas filogenéticas, como demonstrado por nossa pesquisa, sejam ferramentas valiosas, elas devem ser empregadas com o objetivo de responder questões específicas sobre a biodiversidade.

Uma outra limitação a ser discutida é relacionada à avaliação das UCs. Nosso estudo contemplou questões relativas à gestão das UCs e identificou regiões de elevada diversidade filogenética que atualmente não estão sob qualquer regime de proteção. Contudo, devido à dificuldade para obtenção de informações, nós não nos aprofundamos suficientemente nas razões fundamentais para a ausência de certos mecanismos de gestão, como o plano de manejo. Para fortalecer a compreensão da gestão das UCs, seria essencial realizar estudos adicionais que sondem mais detalhadamente as causas da falta de gerenciamento eficaz, bem como investigar possíveis soluções para esses problemas.

### **Propostas de investigações futuras**

A presente tese lançou luz sobre aspectos significativos da diversidade filogenética em regiões semiáridas brasileiras e da interação desta com UCs. No entanto,

simultaneamente, revelou novos caminhos e possibilidades para investigações futuras que poderiam preencher as lacunas ainda não exploradas.

Um caminho de pesquisa promissor seria a ampliação do escopo das métricas de biodiversidade utilizadas. Embora o estudo tenha aplicado de forma satisfatória a abordagem filogenética para compreender a diversidade biológica da região, é preciso lembrar que a biodiversidade é um conceito multidimensional e complexo. Deste modo, incorporar outras métricas, tais como a diversidade taxonômica e a funcional em estudos futuros, poderia fornecer uma perspectiva mais completa da biodiversidade da região.

O papel das condições climáticas na diversidade filogenética é um dos destaques desta pesquisa. No entanto, os impactos potenciais das mudanças climáticas nessa diversidade ainda não foram totalmente explorados. Assim, uma linha de pesquisa futura poderia se dedicar a entender como as alterações nas condições climáticas poderiam impactar a biodiversidade das comunidades vegetais de terras altas no semiárido do Brasil.

Por fim, ainda que este estudo tenha demonstrado a importância do tipo de habitat na diversidade filogenética, o impacto da interferência humana nesses habitats, principalmente em Brejos de Altitude, ainda é pouco compreendido. Portanto, seria relevante conduzir investigações adicionais sobre a influência das atividades humanas na diversidade e estruturação filogenética dessas florestas.

### **Orçamento**

Este estudo foi financiado pela Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba – FAPESQ e pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES por meio de Bolsa (grant nº 423/18) para o aluno Anderson Silva Pinto. A pandemia exigiu uma readequação da presente tese. Todas as atividades de campo, inicialmente previstas no cronograma do projeto, foram canceladas. Em consequência, os custos associados ao projeto foram reduzidos para R\$ 1.000,00 (mil reais), destinados exclusivamente à tradução dos manuscritos da tese.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, U. P.; MEDEIROS, P. M. Introdução à etnobiologia de bases ecológicas e evolutivas. *In*: ALBUQUERQUE, U. P. (Ed.). **Etnobiologia: bases ecológicas e evolutivas**. Recife: NUPEEA, p. 9-14, 2013.
- ALBUQUERQUE, U. P. et al. How ethnobotany can aid biodiversity conservation: reflections on investigations in the semi-arid region of NE Brazil. **Biodiversity and Conservation**, v. 18, n. 1, p. 127-150, 2009.
- ALZATE, F. et al. Aplicación de índices filogenéticos para la definición de prioridades de conservación en los páramos del noroeste de los Andes. **Revista de Biología Tropical**, v. 66, n. 4, p. 1353-1361, 2018.
- ANDERSON, E. N. Ethnobiology: overview of a growing field. *In*: ANDERSON, E. N.; PEARSALL, D.; HUNN, E.; TURNER, N. (Eds.). **Ethnobiology**. Wiley-Blackwell, New Jersey.
- ANDRADE-LIMA, D. **Esboço fitoecológico de alguns brejos de Pernambuco**. Boletim Técnico IPA, 7 p, 1966.
- ANDRADE-LIMA, D. Estudos fitogeográficos de Pernambuco. **Arquivo do Instituto de Pesquisas Agronômicas de Pernambuco**, 1960.
- ANDRADE-LIMA, D. Present-day forest refuges in northeastern Brazil. *In*: PRANCE, G. T. (Ed.). **Biological diversification in the tropics**, Columbia University Press, New York., v. 245, p. 251, 1982.
- ATKINSON, I. Introduced animals and extinctions. *In*: WESTERN, D.; PEARL, M. (Eds.). **Conservation for the Twenty-first Century**, Oxford University Press, New York., pp. 54-75, 1989.
- BERKES, F.; COLDING, J.; FOLKE, C. Rediscovery of traditional ecological knowledge as adaptive management. **Ecological applications**, v. 10, n. 5, p. 1251-1262, 2000.
- BRAGA, R. A. P.; PÔRTO, K. C. Projeto Brejos de Altitude – Uma Experiência Interdisciplinar na Proteção da Biodiversidade. **Brejos de Altitude em Pernambuco e Paraíba, História Natural, Ecologia e Conservação**, v. 9, p. 11-16, 2004.
- BROOKS, Daniel R.; MCLENNAN, Deborah A. **Phylogeny, ecology, and behavior: a research program in comparative biology**. University of Chicago Press, Chicago, 1991.
- CADOTTE, M. W.; DAVIES, T. J. **Phylogenies in ecology: a guide to concepts and methods**. Princeton University Press, Princeton, 2016.
- CAVENDER-BARES, J. et al. The merging of community ecology and phylogenetic biology. **Ecology letters**, v. 12, n. 7, p. 693-715, 2009.

CHAZDON, R. L. et al. Community and phylogenetic structure of reproductive traits of woody species in wet tropical forests. **Ecological Monographs**, v. 73, n. 3, p. 331-348, 2003.

CIANCIARUSO, M. V.; SILVA, I. A.; BATALHA, M. A. Diversidades filogenética e funcional: novas abordagens para a ecologia de comunidades. **Biota Neotropica**, v. 9, n. 3, p. 93-103, 2009.

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

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

FAITH, D. P. et al. Evosystem services: an evolutionary perspective on the links between biodiversity and human well-being. **Current Opinion in Environmental Sustainability**, v. 2, n. 1-2, p. 66-74, 2010.

FAITH, D. P.; RICHARDS, Z. T. Climate change impacts on the tree of life: changes in phylogenetic diversity illustrated for *Acropora* corals. **Biology**, v. 1, n. 3, p. 906-932, 2012.

FAITH, D. P. The PD phylogenetic diversity framework: linking evolutionary history to feature diversity for biodiversity conservation. In: PELLENS, R.; GRANDCOLAS, P. (Eds.). **Biodiversity Conservation and Phylogenetic Systematics**. Springer, Cham, p. 39-56. 2016.

FELSENSTEIN, J. Phylogenies and the comparative method. **The American Naturalist**, v. 125, n. 1, p. 1-15, 1985.

FOREST, F. et al. Phylogeny, extinction and conservation: embracing uncertainties in a time of urgency. **Philosophical Transactions of The Royal Society B. Biological Sciences**, v. 370, n. 1662, p. 20140002, 2015.

FUTUYMA, D. J.; MORENO, G. The evolution of ecological specialization. **Annual review of Ecology and Systematics**, v. 19, n. 1, p. 207-233, 1988.

GAOUE, O. G. et al. Phylogeny reveals non-random medicinal plant organ selection by local people in Benin. **Plants, People, Planet**, v. 3, n. 6, p. 710-720, 2021.

GARNATJE, T.; PEÑUELAS, J.; VALLÈS, J. Ethnobotany, phylogeny, and 'omics' for human health and food security. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 3, p. 187-191, 2017.

HART, C. **Doing a literature review: Releasing the research imagination**. Sage Publishing, London, p. 1-352, 2018.

HASSAN, R. et al. **Ecosystems and human well-being: current state and trends**. Millennium Ecosystem Assessment, Washington, DC, 2005.

HARVEY, P. H.; PAGEL, M. D. **The comparative method in evolutionary biology**. Oxford University Press, Oxford, 1991.

HENNIG, W. **Phylogenetic systematics**. Annual review of entomology, v. 10, n. 1, p. 97-116, 1965.

HENNIG, W. **Phylogenetic systematics**. University of Illinois Press, Champaign, 1966.

HIJMANS, R. J. et al. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology: A Journal of the Royal Meteorological Society*, v. 25, n. 15, p. 1965-1978, 2005.

HILLIS, D. M. Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. *In*: MIYAMOTO, M. M.; CRACRAFT, M. **Phylogenetic analysis of DNA sequences**, Oxford University Press, New York, p. 278-294, 1991.

HOOPER, D. U. et al. Effects of biodiversity on ecosystem functioning: a consensus of current knowledge. **Ecological monographs**, v. 75, n. 1, p. 3-35, 2005.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Manual Técnico da Vegetação Brasileira**. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 271 p, 2012.

JHA, K.; SMITH-HALL, C. Three models to illustrate plant-people relationships in the medicinal plant hotspots of North East India. **Ethnobotany Research and Applications**, v. 26, n. 2, p. 1-48, 2023.

JIN, Y.; QIAN, H. V. PhyloMaker: an R package that can generate very large phylogenies for vascular plants. **Ecography**, v. 42, n. 8, p. 1353-1359, 2019.

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

LEVERINGTON, F. et al. A global analysis of protected area management effectiveness. **Environmental management**, v. 46, n. 5, p. 685-698, 2010.

LI, D. et al. For common community phylogenetic analyses, go ahead and use synthesis phylogenies. **Ecology**, v. 100, n. 9, p. e02788, 2019.

LINS, R. C. **As áreas de exceção do agreste de Pernambuco**. Recife, Sudene, v. 10, 1989.

LOPES, S. F.; RAMOS, M. B.; ALMEIDA, G. R. The role of mountains as refugia for biodiversity in Brazilian Caatinga: conservationist implications. **Tropical Conservation Science**, v. 10, p. 1940082917702651, 2017.

LÓPEZ-OSORIO, F.; MIRANDA-ESQUIVEL, D. R. A phylogenetic approach to conserving Amazonian biodiversity. **Conservation Biology**, v. 24, n. 5, p. 1359-1366, 2010.

- LOSOS, J. B. Ecological and evolutionary determinants of the species-area relation in Caribbean anoline lizards. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, v. 351, n. 1341, p. 847-854, 1996.
- LOSOS, J. B. Phylogenetic niche conservatism, phylogenetic signal and the relationship between phylogenetic relatedness and ecological similarity among species. **Ecology Letters**, v. 11, n. 10, p. 995-1003, 2008.
- MARQUES, M. C. M.; SWAINE, M. D.; LIEBSCH, D. Diversity distribution and floristic differentiation of the coastal lowland vegetation: implications for the conservation of the Brazilian Atlantic Forest. **Biodiversity and Conservation**, v. 20, n. 1, p. 153-168, 2011.
- MAY, R. M. Taxonomy as destiny. **Nature**, v. 347, n. 6289, p. 129-130, 1990.
- MCCULLAGH, P. Generalized linear models. Routledge: Abingdon, UK, 2019.
- MOERMAN, D. E. Symbols and selectivity: a statistical analysis of native American medical ethnobotany. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 1, n. 2, p. 111-119, 1979.
- MOERMAN, Daniel E. The medicinal flora of native North America: an analysis. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 31, n. 1, p. 1-42, 1991.
- MOERMAN, D. E. An analysis of the food plants and drug plants of native North America. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 52, n. 1, p. 1-22, 1996.
- MOLNÁR, Z.; BABAI, D. Inviting ecologists to delve deeper into traditional ecological knowledge. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 36, n. 8, p. 679-690, 2021.
- MYERS, N. Biodiversity hotspots revisited. **BioScience**, v. 53, n. 10, p. 916-918, 2003.
- MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853, 2000.
- OLDEN, J. D.; ROONEY, T. P. On defining and quantifying biotic homogenization. **Global Ecology and Biogeography**, v. 15, n. 2, p. 113-120, 2006.
- OLIVEIRA-FILHO, A., 2017. NeoTropTree, Flora arbórea da Região Neotropical: Um banco de dados envolvendo biogeografia, diversidade e conservação [online]. Available from: <http://www.neotropree.info>. Acesso em 02 de abril de 2020.
- OLIVEIRA-FILHO, A. T.; FONTES, M. A. L. Patterns of floristic differentiation among Atlantic Forests in Southeastern Brazil and the influence of climate 1. **Biotropica**, v. 32, n. 4b, p. 793-810, 2000.
- OLIVEIRA-FILHO, A. T. et al. Delving into the variations in tree species composition and richness across South American subtropical Atlantic and Pampean forests. **Journal of Plant Ecology**, v. 8, n. 3, p. 242-260, 2013.
- PAVOINE, S.; LOVE, M. S.; BONSALE, M. B. Hierarchical partitioning of evolutionary and ecological patterns in the organization of phylogenetically-structured

- species assemblages: application to rockfish (genus: *Sebastes*) in the Southern California Bight. **Ecology letters**, v. 12, n. 9, p. 898-908, 2009.
- 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, 2010.
- PEDROSA, K. M. et al. Plants with similar characteristics drive their use by local populations in the semi-arid region of Brazil. **Environment, Development and Sustainability**, v. 23, n. 11, p. 16834-16847, 2021.
- PELLENS, R.; GRANDCOLAS, P. Phylogenetics and conservation biology: drawing a path into the diversity of life. *In*: PELLENS, R., GRANDCOLAS, P. (Eds). **Biodiversity Conservation and Phylogenetic Systematics**. Springer, Cham, v. 14, p. 1-15, 2016.
- PEREIRA, H. M. et al. Scenarios for global biodiversity in the 21st century. **Science**, v. 330, n. 6010, p. 1496-1501, 2010.
- PINTO, A. S.; DINIZ, E. S.; LOPES, S. F. Phylogenetic diversity and structure in moist and dry upland forests in the semi-arid region of Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 83, p. e274577, 2023.
- PÔRTO, K. C.; CABRAL, J. J. P; TABARELLI, M. **Brejos de altitude em Pernambuco e Paraíba. História natural, ecologia e conservação**. Universidade Federal do Pernambuco, Ministério do Meio Ambiente: Brasília, DF, 324 p., 2004.
- POSADAS, P.; ESQUIVEL, D. R. M.; CRISCI, J. V. Using phylogenetic diversity measures to set priorities in conservation: an example from southern South America. **Conservation Biology**, v. 15, n. 5, p. 1325-1334, 2001.
- PRANCE, G. T. Forest refuges: evidence from woody angiosperms. *In*: PRANCE, G. T. (Ed.). **Biological Diversification in the Tropics**, Columbia University Press, New York, p. 137-158, 1982.
- REYES-GARCÍA, V.; BENYEL, P. Indigenous knowledge for conservation. **Nature Sustainability**, v. 2, n. 8, p. 657-658, 2019.
- RIBEIRO, E. M. S et al. Chronic anthropogenic disturbance drives the biological impoverishment of the Brazilian Caatinga vegetation. **Journal of applied Ecology**, v. 52, n. 3, p. 611-620, 2015.
- RIBEIRO-NETO, J. D. et al. Chronic anthropogenic disturbance causes homogenization of plant and ant communities in the Brazilian Caatinga. **Biodiversity and Conservation**, v. 25, n. 5, p. 943-956, 2016.
- RICKLEFS, R. E.; LATHAM, R. E. Intercontinental correlation of geographical ranges suggests stasis in ecological traits of relict genera of temperate perennial herbs. **The American Naturalist**, v. 139, n. 6, p. 1305-1321, 1992.



- RICOTTA, C. A parametric diversity measure combining the relative abundances and taxonomic distinctiveness of species. **Diversity and Distributions**, v. 10, n. 2, p. 143-146, 2004.
- SANTOS, C. M. D.; KLASSA, B. Sistemática filogenética hennigiana: revolução ou mudança no interior de um paradigma?. **Scientiae Studia**, v. 10, p. 593-612, 2012.
- SANTOS, C. M. D. Os dinossauros de Hennig: sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica. **Scientiae Studia**, v. 6, p. 179-200, 2008.
- SASLIS-LAGOUDAKIS, C. H. et al. The use of phylogeny to interpret cross-cultural patterns in plant use and guide medicinal plant discovery: an example from *Pterocarpus* (Leguminosae). **PloS one**, v. 6, n. 7, p. e22275, 2011.
- SHEBITZ, D. J. et al. Let it Grow (Back): A Call for the Conservation of Secondary Forests as Medicinal Plant Habitat. **Ethnobiology Letters**, v. 14, n. 2, p. 37-46, 2023.
- SOUZA, E. N. F; WILLIAMSON, E. M.; HAWKINS, J. A. Which plants used in ethnomedicine are characterized? Phylogenetic patterns in traditional use related to research effort. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 834, 2018.
- SILVERTOWN, J. et al. Phylogeny and the hierarchical organization of plant diversity. **Ecology**, v. 87, n. sp7, p. S39-S49, 2006.
- TABARELLI, M.; SANTOS, A. M. M. Uma breve descrição sobre a história natural dos brejos nordestinos. In: PÔRTO, K. C.; CABRAL, J. J. P.; TABARELLI, M. (Eds.), **Brejos de Altitude em Pernambuco e Paraíba: História Natural, Ecologia e Conservação**. Ministério do Meio Ambiente: Brasília, DF, Brasil, v. 9, p. 17-24, 2004.
- TUCKER, C. M. et al. A guide to phylogenetic metrics for conservation, community ecology and macroecology. **Biological Reviews**, v. 92, n. 2, p. 698-715, 2017.
- VALIENTE-BANUET, A.; VERDÚ, M. Facilitation can increase the phylogenetic diversity of plant communities. **Ecology Letters**, v. 10, n. 11, p. 1029-1036, 2007.
- VANE-WRIGHT, R. I.; HUMPHRIES, C. J.; WILLIAMS, P. H. What to protect? Systematics and the agony of choice. **Biological Conservation**, v. 55, n. 3, p. 235-254, 1991.
- VASCONCELOS SOBRINHO, J. Os brejos de altitude e as matas serranas. In: VASCONCELOS-SOBRINHO, J. (Ed.), **As regiões naturais do Nordeste, o meio e a civilização**. Conselho de Desenvolvimento de Pernambuco, Recife, p. 79-86, 1971.
- VERDÚ, M.; PAUSAS, J. G. Fire drives phylogenetic clustering in Mediterranean Basin woody plant communities. **Journal of Ecology**, v. 95, n. 6, p. 1316-1323, 2007.
- WALLACE, A. R. **The geographical distribution of animals**. Harper & Brothers - Publishers, New York, 1876.

WEBB, C. O.; ACKERLY, D. D.; KEMBEL, S. W. Phylocom: software for the analysis of phylogenetic community structure and trait evolution. **Bioinformatics**, v. 24, n. 18, 2008.

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. Exploring the phylogenetic structure of ecological communities: an example for rain forest trees. **The American Naturalist**, v. 156, n. 2, p. 145-155, 2000.

WILLIAMS, P. H.; HUMPHRIES, C. J.; VANE-WRIGHT, R. I. Measuring biodiversity: taxonomic relatedness for conservation priorities. **Australian Systematic Botany**, v. 4, n. 4, p. 665-679, 1991.

WINTER, M.; DEVICTOR, V.; SCHWEIGER, O. Phylogenetic diversity and nature conservation: where are we?. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 28, n. 4, p. 199-204, 2013.

ZAMAN, W. et al. Predicting potential medicinal plants with phylogenetic topology: Inspiration from the research of traditional Chinese medicine. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 281, p. 114515, 2021.