

A expansão da floresta sobre o campo pode se dar por dinâmica de borda ou por nucleação. As espécies envolvidas neste processo estão vinculadas, em diferentes graus, pela sua história evolutiva. O objetivo deste estudo é avaliar o padrão filogenético do avanço por nucleação da floresta sobre o campo em dois locais de Floresta com Araucária no Sul do Brasil.

Os dados de composição de espécies são derivados de estudos realizados nos municípios de Santana da Boa Vista (SBV) e de São Francisco de Paula (CPCN Pró-Mata). Plântulas (indivíduos de espécies arbóreas com DAP < 5 cm) foram amostradas em diferentes categorias de habitat: sob a copa de árvores isoladas (AI) e em pequenas manchas florestais (M) na matriz campestre e no interior florestal (F). Para a localidade Pró-Mata, M foi dividida em mancha pequena (MP) e mancha grande (MG). Em SBV foram utilizadas 7 AI, 13 M e 20 F; em Pró-Mata, utilizou-se 15 AI, 10 MP, 5 MG e 13 F. Considerando todas as espécies amostradas, foi gerada uma árvore filogenética e calculadas as distâncias filogenéticas em milhões de anos entre espécies. Baseado em matrizes de presença/ausência de espécies foram calculados valores de NRI (índice de parentesco líquido) para cada unidade amostral. A significância dos valores de NRI entre as categorias de habitat foi avaliada usando-se ANOVA, com probabilidade gerada por teste de permutação ($P < 0,05$). Essa análise foi realizada considerando o conjunto de espécies local (SBV ou Pró-Mata) e regional (SBV + Pró-Mata). Quando a diferença entre as categorias de habitat foi significativa, foram analisados os contrastes par-a-par.

Foram amostradas 85 espécies. Em Pró-Mata, foram 59 espécies distribuídas em 24 famílias; em SBV, 40 espécies em 23 famílias. Considerando o conjunto regional de espécies, foi encontrada diferença significativa entre as categorias de habitats para os valores de NRI (Pró-Mata $P = 0,02$ e SBV $P = 0,04$). Em relação aos contrastes da ANOVA, em Pró-Mata houve diferença significativa entre AI-MG, MP-MG e MG-F, mas não houve um padrão relacionado ao processo de sucessão; já em SBV houve diferença entre AI-F e, além disso, foi encontrado que comunidades formadas por espécies mais dispersas filogeneticamente iniciam o processo de sucessão e à medida que o processo se desenvolve as comunidades passam a apresentar uma estrutura filogenética mais agrupada. Considerando o conjunto local de espécies, SBV apresentou diferença significativa entre os habitats ($P = 0,02$), mas em Pró-Mata não se pôde assumir diferença ($P = 0,07$). Em relação aos contrastes da ANOVA, em SBV a diferença ocorreu novamente entre AI-F e encontrou-se o mesmo padrão de estrutura filogenética de acordo com o estágio sucessional. Há, portanto, uma estruturação filogenética das comunidades em relação às categorias de hábitat em SBV, independente da escala analisada. No entanto, essa estruturação parece não ocorrer na localidade Pró-Mata.

Pretende-se, ainda, (1) detalhar as análises já feitas para descobrir quais clados estão associados a qual estágio de sucessão, (2) analisar a diversidade beta e funcional destes ambientes e (3) analisar o sinal filogenético em relação aos atributos reprodutivos das espécies.