**Apêndice 1.** Lista de funções em ambiente R que permitem a aplicação dos métodos apresentados. Essa lista não busca englobar todos os métodos disponíveis para a ecologia filogenética, e sim mostrar caminhos para usuários iniciantes. Em alguns casos, funções em pacotes diferentes permitem utilizar o mesmo método. Nesses casos, apresentamos apenas uma opção para o método.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Função** | **Pacote** | **Descrição** | **Referência** |
| **Importação e edição de árvores** |  |  |  |
| fishtree\_phylogeny | fishtree | A partir de uma lista de espécies ou um grupo taxonômico, a função retorna uma filogenia baseada na árvore de Rabosky *et al.* (2018) composta por todas as espécies encontradas na árvore ou por todas as espécies do grupo dado, respectivamente. | Chang *et al.* (2019) |
| fishPhyloMaker | fishPhyloMaker | A partir da filogenia de Rabosky *et al.* (2018), uma árvore de todas as espécies de uma lista dada de espécies e grupos taxonômicos é construída através de processos de adição guiadas pelo usuário e de deleção de espécies não-presentes na lista. | Nakamura & Soares (2021) |
| **Sinal filogenético** |  |  |  |
| phylosig | phytools | Calcula o sinal filogenético de atributos quantitativos através do K de Blomberg ou do ʎ de Pagel. | Revell (2012) |
| phylo.d | caper | Calcula o sinal filogenético de atributos categóricos através do valor D. | Orme *et al.* (2018) |
| mantel.test | ape | Calcula a correlação entre matrizes de distância, permitindo entender o grau de correlação entre uma matriz de distância filogenética com uma matriz de distância ecológica. | Paradis *et al.* (2019) |
| phyloCorrelogram | phylosignal | Constrói o correlogramas de Moran, permitindo avaliar em que grau de distância filogenética ocorrem os maiores níveis de sinal filogenético. | Keck *et al.* (2016) |
| PVR | PVR | Decompõe uma matriz de distância filogenética em eixos de variação filogenética e retorna a relação destes eixos com o atributo ecológico de interesse. | Santos (2018) |
| PEM | MPSEM | Calcula e manipula mapas de autovelores filogenéticos, permitindo entender como os padrões de sinal filogenético se comportam em diferentes porções da filogenia. | Guénard (2019) |
| **Estrutura de comunidades** |  |  |  |
| pd | picante | Calcula a diversidade filogenética segundo Faith (1992) através das somas dos tempos de divergência entre as espécies presentes na comunidade ou grupo de espécies dado. | Kembel *et al.* (2018) |
| mpd | picante | Calcula a diversidade filogenética através da distância filogenética média entre todos os pares de espécies da comunidade ou grupo de espécies dado. | Kembel *et al.* (2018) |
| mntd | picante | Calcula a diversidade filogenética através da média da distância filogenética entre cada espécie e a espécie mais próxima filogeneticamente. | Kembel *et al.* (2018) |
| pez.vpd | pez | Calcula a variância das distâncias filogenéticas entre todos os pares de espécies da comunidade ou do grupo de espécies dado. | Pearse *et al.* (2015) |
| pez.vntd | pez | Calcula a variância das distâncias filogenéticas entre todos as espécies e as espécies mais próximas filogeneticamente. | Pearse *et al.* (2015) |
| unifrac | picante | Calcula a diversidade-β através da soma das frações da árvore filogenética únicas de cada uma das comunidades ou grupo de espécies dados, ou seja, dos ramos não-compartilhados da árvore filogenética. | Kembel *et al.* (2018) |
| comdist | picante | Calcula a diversidade-β através da média da distância filogenética entre todos os pares de espécies de um grupo de espécies com outro. | Kembel *et al.* (2018) |
| comdistnt | picante | Calcula a diversidade-β através da média da distância filogenética entre todos os pares de espécies de um grupo de espécies com outro. | Kembel *et al.* (2018) |
| pcps | PCPS | Gera autovetores filogenéticos para comunidades que podem ser utilizados em análises subsequentes. | Debastiani & Duarte (2014) |
| rlqESLTP | adiv | Permite identificar como a variação ambiental está relacionada com a variação em atributos funcionais e linhagens filogenéticas em comunidades dentro de um contexto espacial. | Pavoine (2020) |
| **Índices para conservação** |  |  |  |
| evol.distinct | picante | Calcula duas medidas de distintividade evolutiva de cada espécie em uma comunidade ou grupo de espécies. | Kembel *et al.* (2018) |
| phylo\_endemism | phyloregion | Calcula duas medidas de endemismo filogenético para representar a história evolutiva única de cada comunidade em um conjunto dado. | Daru *et al.* (2020) |

**Referências**

Chang, J., Rabosky, D. L., Smith, S. A., & Alfaro, M. E. 2019. An r package and online resource for macroevolutionary studies using the ray-finned fish tree of life. Methods in Ecology and Evolution, 10(7), 1118–1124. DOI: 10.1111/2041-210X.13182

Daru, B. H., Karunarathne, P., & Schliep, K. 2020. phyloregion: R package for biogeographical regionalization and macroecology. Methods in Ecology and Evolution, 11(11), 1483–1491. DOI: 10.1111/2041-210X.13478

Debastiani, V. J., & Duarte, L. D. S. 2014. PCPS – an R-package for exploring phylogenetic eigenvectors across metacommunities. Frontiers of Biogeography, 6(3). DOI: 10.21425/f5fbg22943

Faith, D. P. 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. Biological Conservation, 61(1), 1–10. DOI: 10.1016/0006-3207(92)91201-3

Guénard, G. 2019. MPSEM-package: Modeling Phylogenetic Signals using Eigenvector Maps. Version 0.3-6.

Keck, F., Rimet, F., Bouchez, A., & Franc, A. 2016. Phylosignal: An R package to measure, test, and explore the phylogenetic signal. Ecology and Evolution, 6(9), 2774–2780. DOI: 10.1002/ece3.2051

Kembel, S. W., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., Cornwell, W. K., Cowan, P. D., Hel-, M. R., Morlon, H., & Webb, C. O. 2018. Package ‘ picante ’: Integrating Phylogenies and Ecology. Cran-R, 1–55. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq166>.License

Orme, D., Freckleton, R., Thomas, G., Petzoldt, T., Fritz, S., Isaac, N., & Pearse, W. 2018. caper: Comparative Analyses of Phylogenetics and Evolution in R. Version 1.0.1.

Paradis, E., Blomber, S., Bolker, B., Brown, J., Claude, J., Cuong, Hoa, S., Desper, R., Didier, G., Durand, B., Dutheil, J., Ewing, R., Gascuel, O., Guillerme, T., Heibl, C., Ives, A., Jones, B., Krah, F., Lawson, D., Lefort, V., Legendre, P., Lemon, J., Marcon, E., McCloskey, R., Nylander, J., Open-Rhein, R., Popescu, A.-A., Royer-Carenzi, M., Schliep, K., Strimmer, K., & de Vienne, D. 2019. Package “ape”: Analyses of Phylogenetics and Evolution Depends R (&gt;= 3.2.0).

Pavoine, S. 2020. adiv: An r package to analyse biodiversity in ecology. Methods in Ecology and Evolution, 11(9), 1106–1112. DOI: 10.1111/2041-210X.13430

Pearse, W. D., Cadotte, M. W., Cavender-Bares, J., Ives, A. R., Tucker, C. M., Walker, S. C., & Helmus, M. R. 2015. pez: Phylogenetics for the environmental sciences. Bioinformatics, 31(17), 2888–2890. DOI: 10.1093/bioinformatics/btv277

Rabosky, D. L., Chang, J., Title, P. O., Cowman, P. F., Sallan, L., Friedman, M., Kaschner, K., Garilao, C., Near, T. J., Coll, M., & Alfaro, M. E. 2018. An inverse latitudinal gradient in speciation rate for marine fishes. Nature, 559(7714), 392–395. DOI: 10.1038/s41586-018-0273-1

Revell, L. J. 2012. phytools: An R package for phylogenetic comparative biology (and other things). Methods in Ecology and Evolution, 3(2), 217–223. DOI: 10.1111/j.2041-210X.2011.00169.x

Santos, T. 2018. PVR: Phylogenetic Eigenvectors Regression and Phylogentic Signal-Representation Curve. Version 0.3.