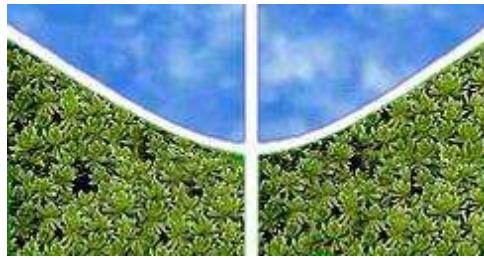


Universidade de Brasília
Instituto de Ciências Biológicas
Programa de Pós-graduação em Ecologia

**Revelando a Biodiversidade Oculta: Um Estudo de
Complementaridade Ambiental com Pequenos Mamíferos
Não-Voadores em Dois *Hotspots* Globais de Conservação**

Adriano Silva de Paiva
Orientador: Prof. Dr. Emerson Monteiro Vieira

Brasília
2024



Universidade de Brasília
Instituto de Ciências Biológicas
Programa de Pós-graduação em Ecologia

**Revelando a Biodiversidade Oculta: Um Estudo de
Complementaridade Ambiental com Pequenos Mamíferos
Não-Voadores em Dois *Hotspots* Globais de Conservação**

Dissertação apresentada ao
Programa de Pós-Graduação em
Ecologia, da Universidade de
Brasília, como requisito parcial
para a obtenção do Título de
Mestre em Ecologia.

Adriano Silva de Paiva
Orientador: Prof. Dr. Emerson Monteiro Vieira

Brasília

2024

Enquanto este planeta girava seguindo a lei imutável da gravidade, de um começo tão simples, infinitas formas, as mais belas e as mais maravilhosas, evoluíram e continuam evoluindo.

Charles Darwin

Folha de Aprovação

Defesa da dissertação de mestrado de Adriano Silva de Paiva, intitulada: “Revelando a Biodiversidade Oculta: Um Estudo de Complementaridade Ambiental com Pequenos Mamíferos Não-Voadores em Dois *Hotspots* Globais de Conservação”, orientado pelo Prof. Dr. Emerson Monteiro Vieira, apresentado à banca examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ecologia da UnB, em (22) de (Novembro) de (2024).

Os membros da Banca Examinadora consideraram o(a) candidato(a): **Aprovado**

Banca Examinadora:

(Assinatura) _____

Professor Dr. André Faria Mendonça (Presidente)

Universidade de Brasília - UnB

(Assinatura) _____

Professor Dr. Pedro Henrique Bruno Togni (Membro interno - Suplente)

Universidade de Brasília - UnB

(Assinatura) _____

Professor Dr. Carlos Eduardo de Viveiros Grelle (Membro Externo)

Universidade Federal do Rio de Janeiro - UFRJ

Dedicatória

Dedico esta dissertação de mestrado à minha mãe, Lucia Gomes Silva de Paiva, uma mulher de humildade e coragem inigualáveis, cujo amor incondicional e força para criar quatro filhos sozinha moldaram meu caráter e trajetória. Os valores de honestidade, respeito, solidariedade e perseverança que você incutiu em nós foram os pilares que sustentaram cada passo que dei até aqui. Sua presença constante e seu apoio inabalável foram essenciais para que eu alcançasse esta conquista, que é tanto sua quanto minha.

Estendo minha gratidão a Wilian Fernandes Pereira, uma presença extraordinária em minha vida, cujo apoio e incentivo iluminaram meu caminho durante este percurso acadêmico. Sua paciência, compreensão e encorajamento foram decisivos nos momentos de desafio e vital para manter minha motivação viva. Sem você, este trabalho não teria chegado à conclusão. Sua presença é o mais precioso dos dons.

A ambos, minha eterna gratidão e amor profundo. Esta obra é dedicada a vocês, meus pilares, minha inspiração e minha família.

Agradecimentos

Desejo expressar minha profunda gratidão a todas as pessoas e instituições que contribuíram para a realização desta dissertação de mestrado.

Agradeço ao Departamento de Ecologia da Universidade de Brasília e ao Programa de Pós-graduação em Ecologia, incluindo os estimados professores do programa, por seus valiosos ensinamentos e suporte ao longo deste trabalho.

Agradeço ao Professor Dr. André Mendonça pela sugestão e ajuda na elaboração deste projeto de mestrado.

Agradeço em especial ao Professor Dr. Emerson Monteiro Vieira, por sua orientação precisa e pelo acolhimento em seu laboratório, nos momentos mais desafiadores desta jornada.

Agradeço também ao Professor Dr. Ricardo Machado Bonfim, pela coorientação essencial e pela assistência nas análises que fundamentaram este trabalho.

Agradeço à minha colega Laís Brasileiro por sua ajuda indispensável nas análises e adaptação dos scripts.

Aos profissionais da Biblioteca Central da UnB, meu reconhecimento por facilitarem a pesquisa bibliográfica e o acesso a diversas bases de dados.

Expresso minha gratidão aos cientistas brasileiros que disponibilizaram seus dados, contribuindo significativamente para o avanço do conhecimento em nossa área.

À minha família, especialmente à minha mãe, Lucia, e à minha irmã, Lígia, meu profundo agradecimento pelo apoio inabalável e paciência ao longo de minha jornada acadêmica. Seu incentivo tem sido uma constante fonte de inspiração.

Aos colegas de laboratório, especialmente às estagiárias Yasmin e Nathalia, agradeço pelos conhecimentos compartilhados em nossas enriquecedoras reuniões semanais.

Aos meus amigos do Planetário de Brasília, Paloma, Ingrid, Lucas e Deisy, meu sincero agradecimento pelo suporte durante o processo seletivo do mestrado, o que me permitiu conciliar as aulas remotas com o trabalho durante a pandemia de Covid 19.

Um agradecimento especial à minha colega de PPG, Illana Holanda, por sua amizade e pelo apoio mútuo durante o mestrado, e ao Wil, cujo incentivo constante foi crucial para a conclusão deste trabalho.

Agradeço aos profissionais de saúde, Dr. Vitor Guerra, Nataly Sá e Dra. Sônia Maria Geralda, por cuidarem de minha saúde física e mental, fornecendo apoio essencial durante um período de grande fragilidade.

Minha gratidão ao CNPQ pela concessão da Bolsa de Mestrado que possibilitou dedicação exclusiva a este projeto durante o período vigente da bolsa.

Agradeço também aos meus alunos do CEF 01 de Sobradinho e CEM 01 de Sobradinho e à Secretaria de Educação do DF, pela oportunidade de trabalho como docente no ensino básico, oportunidade essa que foi muito importante após o término de minha bolsa de pesquisa.

Agradeço sinceramente aos membros da banca por suas contribuições valiosas para a conclusão desta dissertação.

Por último, mas não menos importante, estendo meus sinceros agradecimentos a todos os cidadãos brasileiros cujos impostos financiaram minha educação, sustentando o progresso e a inovação em nossa sociedade. Desejo expressar minha profunda gratidão a todas as pessoas e instituições que contribuíram para a realização desta dissertação de mestrado.

Resumo

Inventários faunísticos são cruciais para aumentar o conhecimento da nossa biodiversidade, influenciando nossa capacidade de descrever e quantificar a riqueza biológica e possibilitando previsões efetivas sobre mudanças futuras nos padrões das comunidades e na dinâmica dos ecossistemas. Esta dissertação visa identificar áreas prioritárias para futuros inventários de fauna, explorando como regiões com características ambientais distintas podem contribuir de maneira complementar para a preservação da biodiversidade em dois importantes *hotspots* globais de conservação: o Cerrado e a Mata Atlântica. Neste estudo, adaptamos para os pequenos mamíferos (roedores e marsupiais) uma metodologia já utilizada para morcegos. Essa metodologia se baseia na combinação de modelagem ecológica e análise de complementaridade ambiental, permitindo identificar áreas que, ao serem protegidas, maximizam a representatividade de diferentes espécies e habitats. Ao aplicar essa abordagem, buscamos preencher lacunas críticas no conhecimento biológico, oferecendo uma ferramenta robusta para a tomada de decisões estratégicas na conservação de espécies ameaçadas, promovendo uma gestão mais eficiente dos recursos destinados à pesquisa e conservação nesses biomas megadiversos. Para a avaliação das áreas prioritárias selecionamos 19 variáveis ambientais que caracterizam as áreas de localidades únicas de ocorrência das espécies. Utilizando apenas dados de presença, identificamos regiões com características ambientais únicas em ambos os biomas, que ainda não foram suficientemente amostradas. Um modelo linear generalizado (GLM) foi gerado para estimar os valores dessas variáveis ambientais. Em seguida, comparamos os valores ambientais projetados para locais onde pequenos mamíferos não-voadores foram recentemente descobertos com aqueles de regiões onde as espécies foram descritas anteriormente. Este estudo ainda integrou o modelo de similaridade ambiental a um índice de pegada humana, permitindo priorizar áreas sob maior pressão antropogênica para inventários futuros. A análise realizada indicou regiões subamostradas com potencial de abrigar espécies não descritas ou ainda insuficientemente conhecidas, desse grupo, bem como novos registros para espécies já conhecidas. Isso ressalta a importância dessas regiões para a preservação da diversidade biológica. Esperamos que as regiões com condições ambientais similares às recentemente pesquisadas e onde foram encontradas novas espécies possam abrigar espécies ainda não descritas de acordo com a teoria de conservadorismo de nicho que sugere que espécies relacionadas tendem a ocupar nichos semelhantes. Nossos resultados revelaram vastas áreas sem registros nos dois biomas e diferenças ambientais significativas entre áreas com e sem registros de pequenos mamíferos. Na Mata Atlântica, espécies recentemente descritas foram encontradas em ambientes diferentes daqueles das espécies descritas antes de 2010, enquanto no Cerrado, essa diferença não foi observada, sugerindo que essa região como um todo ainda precisa ser adequadamente inventariada. Este trabalho oferece perspectivas valiosas para o planejamento de estratégias de conservação mais eficazes e direcionadas, sublinhando a urgência de expandir e refinar os inventários de biodiversidade em regiões ecologicamente ricas e ainda pouco exploradas.

PALAVRAS-CHAVE: Pequenos mamíferos não-voadores, Complementariedade ambiental, Lacunas no conhecimento, Cerrado, Mata Atlântica

Abstract

Faunal inventories are crucial for advancing our understanding of biodiversity, influencing our ability to describe and quantify biological richness, and enabling effective predictions regarding future changes in community patterns and ecosystem dynamics. This dissertation aims to identify priority areas for future faunal inventories, exploring how regions with distinct environmental characteristics can complement each other to enhance biodiversity conservation in two major global conservation hotspots: the Cerrado and the Atlantic Forest. In this study, we adapted a methodology previously employed for bats to focus on small non-flying mammals, specifically rodents and marsupials. This methodology integrates ecological modeling with environmental complementarity analysis, allowing us to identify areas that, when protected, maximize the representativeness of diverse species and habitats. By applying this approach, we aim to fill critical gaps in biological knowledge and provide a robust tool for strategic decision-making in the conservation of threatened species, promoting more efficient management of resources dedicated to research and conservation efforts within these megadiverse biomes. To assess priority areas, we selected 19 environmental variables that characterize the unique occurrence sites of these species. Using only presence data, we identified regions with distinctive environmental features in both biomes that remain insufficiently sampled. A generalized linear model (GLM) was employed to estimate the values of these environmental variables. We then compared the projected environmental values for locations where small non-flying mammals were recently discovered with those of regions where species had been previously described. This study also integrated an environmental similarity model with a human footprint index, enabling us to prioritize areas under greater anthropogenic pressure for future inventories. Our analysis identified undersampled regions with the potential to harbor either undescribed species or species insufficiently known, as well as new records for previously known species. This underscores the importance of these regions for preserving biological diversity. We anticipate that areas with environmental conditions similar to those recently surveyed, where new species were found, may host yet-undescribed species, in accordance with the niche conservatism theory, which suggests that related species tend to occupy similar niches. Our results revealed extensive areas lacking records in both biomes, along with significant environmental differences between areas with and without records of small mammals. In the Atlantic Forest, newly described species were found in sites environmentally distinct from those of species described prior to 2010. In contrast, this difference was not observed in the Cerrado, suggesting that the region as a whole remains insufficiently inventoried. This study provides valuable insights for the planning of more effective and targeted conservation strategies, emphasizing the urgent need to expand and refine biodiversity inventories in ecologically rich yet underexplored regions.

KEYWORDS: Non-volant small mammals, Environmental complementarity, Knowledge gaps, Cerrado, Atlantic Forest.

Sumário

| | |
|---------------------------------|----|
| Folha de Aprovação..... | 4 |
| Dedicatória..... | 5 |
| Agradecimentos..... | 6 |
| Resumo..... | 8 |
| Abstract..... | 9 |
| Sumário..... | 10 |
| Lista de figuras e tabelas..... | 12 |
| Lista de anexos..... | 13 |
| Introdução..... | 12 |
| Metodologia..... | 21 |
| Resultados..... | 34 |
| Discussão..... | 40 |
| Referências Bibliográficas..... | 56 |
| Material Suplementar..... | 67 |

Lista de figuras e tabelas

| | |
|---|----|
| Fig 1: Curva acumulada de descrição de espécies de pequenos mamíferos não voadores descritas desde a década de 1750 nos seis biomas brasileiros: Amazônia(AM), Caatinga (CA), Cerrado (CE), Mata Atlântica (MA), Pantanal (PT) e Pampa (PA)..... | 17 |
| Tabela 1: Fator de inflação da variância VIF utilizada para construção do modelo GLM para o bioma Cerrado..... | 33 |
| Tabela 2: Fator de inflação da variância VIF utilizada para construção do modelo GLM para o bioma Mata Atlântica..... | 34 |
| Fig 2: Extrapolação dos valores previstos do modelo GLM para o território do bioma Cerrado (a) e Mata Atlântica (b)..... | 35 |
| Fig 3: Comparação dos valores preditos pelo GLM para regiões com (c/) e sem (s/) registros de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Cerrado (a) e Mata Atlântica (b) | 37 |
| Tabela 3. Novas espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas nos biomas Cerrado e Mata Atlântica desde 2010..... | 38 |
| Fig 4: Localidades com registros de ocorrências de pequenos mamíferos não-voadores em todo o território dos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b)..... | 39 |
| Fig 5: Comparação dos valores preditos pelo GLM para localidades com espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas antes e depois de 2010 nos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b)..... | 40 |
| Fig 6: Áreas prioritárias para inventários de pequenos mamíferos não-voadores nos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b) determinadas pela combinação das características ambientais das localidades com e sem ocorrências e do índice de pegada humana..... | 41 |
| Fig 7: Classificação das áreas prioritárias para conservação nos biomas Cerrado e Mata Atlântica, baseada na integração entre a similaridade ambiental e o impacto humano..... | 53 |

Lista de anexos

| | |
|--|----|
| Fig S1: Distribuição dos pontos utilizados para caracterizar a similaridade ambiental relativa de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Cerrado..... | 68 |
| Fig S2: Distribuição dos pontos utilizados para caracterizar a similaridade ambiental relativa de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Mata Atlântica..... | 69 |
| Fig S3: Avaliação da precisão do modelo com base nos valores previstos (derivados de um GLM) para x pontos de teste no bioma Cerrado..... | 70 |
| Fig S4: Avaliação da precisão do modelo com base nos valores previstos (derivados de um GLM) para x pontos de teste no bioma Mata Atlântica..... | 71 |
| Tabela S1: Proporção de registros de famílias encontradas antes e depois de 2010 nos dois biomas..... | 71 |
| Tabela S2: Lista de espécies consideradas neste estudo..... | 72 |
| Tabela S3: Artigos utilizados para complementação das bases de dados com trabalhos realizados no período de 2018 a 2023..... | 82 |
| Script utilizado para análise, processamento de dados e produção de mapas utilizando o software R. | 88 |

Introdução

A representação de forma abrangente e precisa da diversidade biológica é um dos grandes desafios nas pesquisas de fauna. Apesar do aumento significativo nos investimentos globais para estudos de biodiversidade nas últimas décadas, grande parte do nosso conhecimento permanece limitado, especialmente em zonas tropicais e megadiversas como o Brasil. Muitas regiões do país ainda apresentam altos níveis de lacunas no conhecimento e forte viés de amostragem (Costello, May, e Stork 2013; Pimenta et al. 2022; Candelária et al. 2022). Informações precisas sobre identificação, evolução e dinâmica das espécies são cruciais. A ausência desses dados implica diretamente na nossa capacidade de descrever e quantificar a riqueza biológica, dificultando previsões sobre mudanças futuras nos padrões das comunidades e na dinâmica dos ecossistemas. Além disso, dados tendenciosos levam à identificação incorreta de processos ecológicos e evolutivos, resultando em um uso ineficiente de recursos destinados à conservação (Hortal et al., 2015).

A complementaridade ambiental é um conceito central em biogeografia e conservação, que mede o quanto uma área ou conjunto de áreas contribui com características ambientais não representadas em áreas já protegidas (Margules e Sarkar. 2007). Esse conceito está relacionado à identificação de regiões que, quando adicionadas a uma rede de áreas protegidas, maximizam a representação de diferentes componentes da biodiversidade (Kullberg et al. 2015). De maneira simples, pode ser entendida como o número de espécies não representadas (ou outras características de biodiversidade) que uma nova área adiciona a uma área utilizada para conservação (Margules e Pressey 2000). A ideia central é que áreas com características ambientais complementares às áreas já amostradas podem apresentar maior probabilidade de abrigar espécies não detectadas em inventários anteriores, incluindo espécies raras ou novas para a Ciência, bem como novos registros e novas populações de espécies já conhecidas, em locais até então não registrados. Ao identificar

áreas complementares, podemos direcionar futuros esforços de inventários para áreas onde os dados biológicos ainda são escassos ou inexistentes (Margules e Pressey 2000).

A relevância da avaliação da complementaridade ambiental é evidente no estudo de pequenos mamíferos não-voadores. Estes animais formam o maior e mais diversificado grupo de mamíferos neotropicais, sendo representados no Brasil por marsupiais e pequenos roedores. Apresentam diferentes estilos de vida, incluindo espécies arborícolas, scansoriais, terrestres e semifossoriais (Paglia et al. 2012). Desempenham papéis ecológicos cruciais nos ecossistemas, tais como: controle das populações de insetos (De Camargo et al. 2022) remoção e dispersão de sementes (Cáceres e Monteiro-Filho 2007; Lessa, Paula, e Pessoa 2019), predação de plântulas, sementes, frutos e artrópodes. Constituem, também, uma parte fundamental da dieta de diversos predadores, como pequenos carnívoros, répteis e aves de rapina (Paglia et al. 2012; Pereira et al. 2023). Além disso, algumas espécies, são importantes vetores de doenças humanas (Luza et al. 2016).

Apesar de sua grande riqueza e importância ecológica são constantemente negligenciados em estudos de conservação (Amori e Gippoliti 2001). Isso é devido, pelo menos em parte, ao fato de não apresentarem muitas espécies consideradas carismáticas, atraindo pouca atenção de pesquisadores e autoridades responsáveis pelo financiamento e direcionamento de recursos para pesquisa (Fleminge e Bateman 2016). Adicionalmente, este grupo inclui algumas das espécies de mamíferos menos conhecidas do mundo, ainda sendo necessárias informações detalhadas sobre biologia em geral, ecologia e distribuição geográfica; incluindo dados sobre riqueza de espécies, diversidade, história natural, biogeografia e sistemática (Formoso et al. 2019; Pereira et al. 2023).

A falta de informações sobre aspectos biológicos e biogeográficos sobre o grupo abrange duas das principais lacunas de conhecimento em biodiversidade, conhecidas como déficit de Wallace e déficit de Linnaeus (Hortal et al. 2015). A primeira, homenageia Alfred Russell Wallace, coautor da teoria da evolução por seleção natural com Charles Darwin, e refere-se à falta de dados sobre a distribuição geográfica das espécies. Já a segunda, homenageia Carl Von Linnaeus, botânico sueco

considerado o pai da taxonomia moderna e refere-se à falta de conhecimento sobre o real número de espécies existentes (Hortal et al. 2015). Essas informações são essenciais para conhecer os padrões ecológicos que influenciam a distribuição das espécies e para o planejamento eficaz da conservação (Bini et al. 2006; Hortal et al. 2008). Os inventários de campo são ferramentas cruciais para superar essas deficiências. No entanto, sua realização de forma a obter dados de alta qualidade requer um investimento considerável de tempo e recursos financeiros (Bini et al. 2006; Raven e Wilson 1992).

Atualmente, com o aumento da interdisciplinaridade e o avanço de métodos inovadores, como análise de dados espaciais, modelagem preditiva e uso de sensores remotos, os estudos de biodiversidade têm sido significativamente impulsionados (Elith et al. 2006; Lobo et al. 2018; Malavasi 2020). Nas últimas duas décadas, houve um aumento substancial na utilização de modelos de distribuição de espécies (Norberg et al. 2019), que buscam correlações entre variáveis ambientais e a ocorrência de espécies em locais específicos (Couto et al. 2011; Santini et al. 2021). A maior disponibilidade de dados geoespaciais e recursos computacionais levou a uma rápida expansão dos métodos analíticos, que evoluíram a ponto de serem usados com sucesso em inúmeros esforços de conservação (Cayuela et al. 2009; Fourcade 2016; Srivastava, Lafond, e Griess 2019).

Além dos modelos de distribuição de espécies nos últimos anos observamos também o surgimento de modelos de nicho ecológico que são capazes de prever os limites do nicho ecológico para a ocorrência de uma espécie (Peterson e Soberon, 2012). Acrescentamos que há diferenças entre estimar o nicho ambiental de uma espécie e sua distribuição geográfica. Estimar o nicho de uma espécie envolve analisar a adequação ambiental determinada por condições climáticas enquanto estimar a distribuição geográfica implica prever os locais onde de fato a espécie deve ocorrer, considerando a influência conjunta do ambiente, interações bióticas e acessibilidade (Mendes et al. 2020).

A modelagem ainda pode ser utilizada para prever a distribuição de espécies em cenários futuros, como demonstrado no estudo conduzido por De Castro, Leite e Loss (2024). Neste trabalho

os autores desenvolveram modelos de distribuição de pequenos mamíferos não-voadores para quatro cenários futuros de mudanças climáticas nos biomas Cerrado e Mata Atlântica. Os resultados indicaram que as mudanças climáticas impactarão negativamente as espécies de pequenos mamíferos, mesmo no cenário mais otimista, reduzindo gradualmente suas áreas de distribuição, com sérias implicações para a conservação dessas espécies. O estudo também revelou que espécies endêmicas do Cerrado enfrentarão uma maior redução de suas áreas de ocorrência em comparação com as espécies de Mata Atlântica, sugerindo que o Cerrado poderá abrigar mais espécies ameaçadas em um futuro próximo, ressaltando a urgência de ações eficazes para mitigar os impactos na fauna desses dois importantes biomas brasileiros.

A utilização da modelagem em estudos ecológicos surge como uma ferramenta que pode atuar para reduzir lacunas no conhecimento, pois combina a ocorrência de registros com variáveis ambientais e interpola e extrapola a distribuição potencial das espécies (Pena, 2024). Neste trabalho utilizamos um método de modelagem recentemente desenvolvido por Aguiar et al. (2020) que visa diminuir os vieses de coleta, reduzindo ao máximo a influência do pesquisador na escolha dos locais de amostragem, enquanto otimiza a seleção de áreas prioritárias para a realização de levantamentos de fauna. O método é baseado na identificação de locais não amostrados e que são ambientalmente diferentes de locais onde inventários biológicos já foram conduzidos. Assim se espera que novas ocorrências de espécies já conhecidas, bem como espécies ainda desconhecidas pela Ciência sejam encontradas ao amostrar essas áreas distintas. Também combinamos o gradiente de similaridade ambiental com um mapa de pressão humana, permitindo assim priorizar temporalmente áreas sob intensa pressão antropogênica.

O Brasil abriga uma alta diversidade de pequenos mamíferos sendo a ordem Didelphimorphia representada no país por 73 espécies das quais 15 são endêmicas e a ordem Rodentia, 273 espécies das quais 133 são endêmicas (Percequillo et al. 2024). A descoberta de novas espécies ainda persiste, seja por meio de revisões taxonômicas ou da coleta de espécimens, em seus habitats naturais, representantes de táxons ainda não descritos (Fonseca e Venticinque

2018). Um exemplo notável é a recente descoberta de novas espécies de roedores na Amazônia por Percequillo et al. (2017), que aplicaram modelos de distribuição de espécies para identificar áreas potenciais de ocorrência de roedores sigmodontíneos raros dos gêneros *Rhagomys* e *Neusticomys*. Esses roedores, até então desconhecidos na Amazônia brasileira, foram encontrados em áreas previstas pelos modelos. Este estudo destaca a riqueza ainda subestimada da fauna brasileira de pequenos mamíferos e a necessidade de realizar inventários mais abrangentes em todo território nacional. Outro fator a ser considerado é que as curvas de descrição de espécies não estão totalmente estabilizadas nos biomas brasileiros, (Fig 1), indicando um alto potencial para novas descobertas se levantamentos adicionais forem realizados em regiões estrategicamente selecionadas.

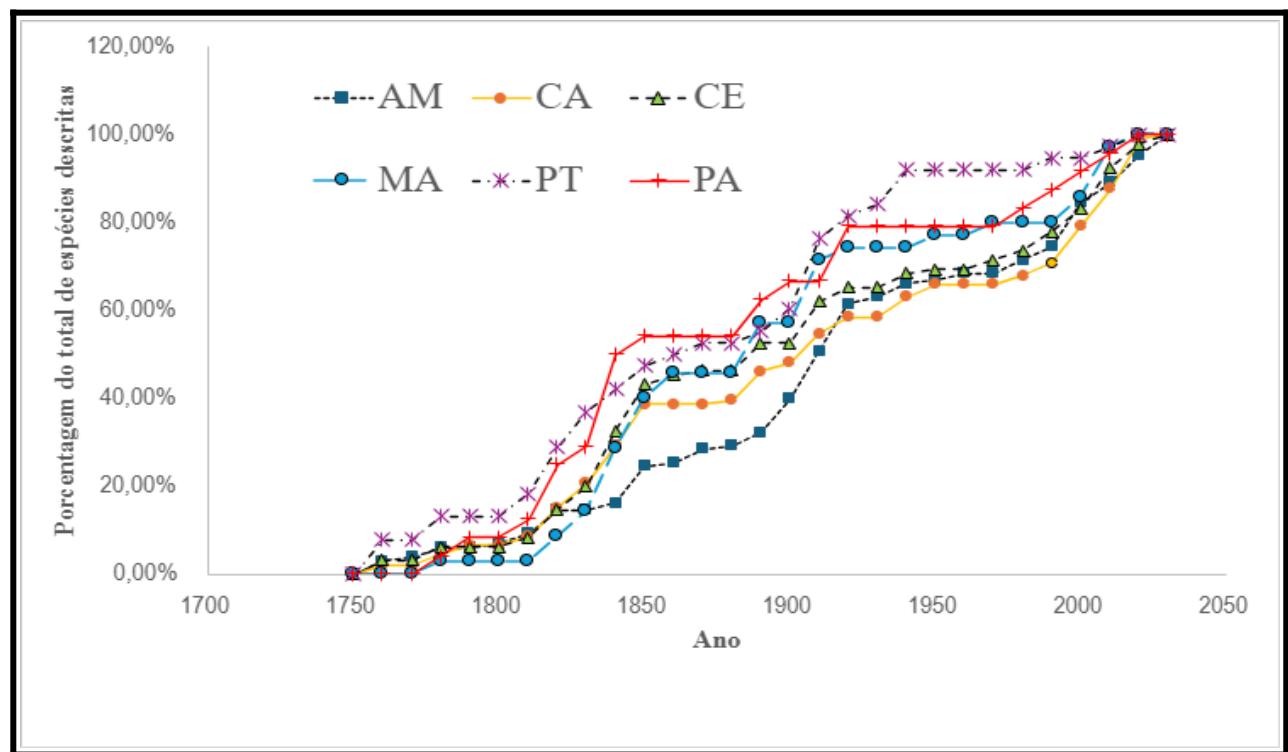


Fig 1: Curva acumulada de descrição de espécies de pequenos mamíferos não voadores descritas desde a década de 1750 nos seis biomas brasileiros: Amazônia(AM), Caatinga (CA), Cerrado (CE), Mata Atlântica (MA), Pantanal (PT) e Pampa (PA).

O conceito de conservadorismo de nicho oferece uma base teórica para orientar futuras expedições. Segundo essa hipótese, espécies estreitamente relacionadas tendem a ocupar nichos

semelhantes (Peterson, Soberón & Sánchez-Cordero, 1999; Wiens & Graham, 2005). Desta forma, regiões com condições ambientais similares àquelas pesquisadas mais recentemente e onde novas espécies foram descritas poderiam abrigar espécies ainda não descritas e potencialmente crípticas. Para pequenos mamíferos não-voadores, desde 2010, vinte espécies, principalmente roedores, foram descritas nos dois biomas (Tabela 1). Com base nessa hipótese, é plausível que novas espécies ainda possam ser encontradas em regiões ambientalmente semelhantes às já descritas recentemente, preferencialmente com o inventariamento de novas áreas, longe daquelas já pesquisadas (Peterson 2011; Peterson e Soberón 2012).

Ao considerar a dinâmica dos levantamentos faunísticos no Brasil, observa-se uma concentração significativa de estudos na região Sudeste, especialmente na Mata Atlântica (Figueiredo et al. 2021). No Cerrado, a maioria dos estudos está concentrada nas áreas centrais e no sudeste do bioma, onde estão localizados os principais centros de pesquisa (Couto et al. 2011). Essas regiões, que estão longe de representar a totalidade da área coberta pelo Cerrado (Françoso et al 2019; Vieira et al 2022), têm sido as mais inventariadas até o momento.

Além disso, diante das iminentes mudanças climáticas, muitas espécies podem enfrentar extinção ou ter suas áreas de distribuição drasticamente reduzidas. Nesse contexto, é provável que espécies ainda não descritas pela ciência estejam vulneráveis, uma vez que espécies raras e especialistas, terão seus habitats reduzidos devido às mudanças no uso do solo e às alterações ambientais. Em um estudo conduzido por Hidasi-Neto et al. (2019), foram modelados cenários futuros para o bioma Cerrado até 2070 e foi previsto que a riqueza de espécies diminuirá em grande parte do bioma, resultando em uma maior homogeneização na parte sul, onde espécies generalistas predominarão devido à extinção de especialistas. Além disso, o estudo apontou um turnover temporal na região norte, o que pode ter sérias implicações para o funcionamento dos ecossistemas. Os autores também previram que, com base no status atual da IUCN, nove espécies de roedores podem se tornar regionalmente extintas (i.e. *Kunsia fronto*, *Microakodontomys transitorius*, *Oecomys cleberi*, *Oligoryzomys rupestris*, *Oxymycterus delator*, *Phyllomys brasiliensis*, *Thrichomys*

inermis, *Trinomys moojeni* e *Wiedomys cerradensis*). Além destas potenciais extinções, os modelos indicaram que a composição de espécies pode ser drasticamente alterada, com 138 espécies de outros biomas podendo potencialmente passar a ocorrer no Cerrado nos próximos anos.

Essa tendência de expansão e redistribuição de espécies pode já estar em curso, um exemplo é o primeiro registro do roedor echimídeo *Euryzygomatomys spinosus* realizado por Loss et al. (2015) para o Cerrado brasileiro, a partir de dois espécimes de machos adultos coletados no Parque Nacional das Sempre Vivas em Minas Gerais. Até então registros de ocorrência deste táxon eram conhecidos apenas nos Pampas, no Chaco úmido argentino e na Mata Atlântica do sudeste e sul do Brasil. Esse registro sugere que mudanças na distribuição de espécies podem já estar em andamento possivelmente impulsionadas pelas alterações ambientais e climáticas em curso, corroborando a previsão de uma futura reestruturação da fauna do Cerrado. Essa dinâmica de extinção e substituição de espécies pode alterar a funcionalidade dos ecossistemas e a estabilidade dos serviços ecológicos prestados pelos pequenos mamíferos na região (Hidasi-Neto et al, 2019).

Essa vulnerabilidade acentua ainda mais a importância de focar em áreas chaves para a realização de inventários. Para maximizar os resultados de qualquer levantamento, a escolha das características do local a ser amostrado é fundamental. Certas regiões são consideradas pontos críticos e classificadas como *hotspots* de biodiversidade para conservação devido às suas altas taxas de endemismo e ao intenso risco de degradação ambiental. Essas áreas têm uma alta concentração de espécies endêmicas e enfrentam perdas significativas de habitat. No Brasil, os biomas Cerrado e Mata Atlântica se enquadram nessa categoria devido à sua rica diversidade biológica e às ameaças ambientais contínuas que enfrentam (Myers et al. 2000; Diniz-Filho et al. 2009; D'Arrigo, Lorini, e Rajão 2020).

Diante desse cenário, e considerando a importância dos pequenos mamíferos não voadores nos ecossistemas destes dois importantes *hostspots*, o objetivo deste trabalho foi identificar áreas prioritárias para a realização de inventários de pequenos mamíferos não-voadores no Cerrado e na Mata Atlântica (Myers et al. 2000; De Castro Evaldt, Leite, e Loss 2024), a fim de identificar

regiões que diferem ambientalmente das áreas já pesquisadas. Destacamos possíveis locais onde os inventários podem ser realizados tanto para permitir novos registros de espécies conhecidas, aumentando assim sua faixa de distribuição, como para permitir potenciais registros de novas espécies, ainda não descritas pela ciência.

No presente trabalho avaliamos duas hipóteses não excludentes, referentes à características ambientais e potencial ocorrência de novas espécies de pequenos mamíferos: (1) áreas não amostradas em ambos os biomas devem apresentar diferenças ambientais significativas em comparação com as já estudadas, onde a ocorrência de pequenos mamíferos já foi registrada; e (2) espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas recentemente (desde 2010) tenderão a ocorrer em áreas ambientalmente distintas das regiões onde as espécies foram descritas antes de 2010. Além disso, integramos as análises ambientais a dados de pressão humana, permitindo refinar a priorização das áreas para inventários. Esta abordagem visa identificar padrões de distribuição e reduzir possíveis lacunas no conhecimento em estudos de biodiversidade, contribuindo assim para o aumento do conhecimento sobre a real diversidade de pequenos mamíferos e para o estabelecimento de estratégias de conservação mais eficazes e direcionadas.

Metodologia

Áreas de estudo

A metodologia aplicada neste trabalho e descrita a seguir foi baseada, com modificações, na metodologia aplicada por Aguiar et al. (2020) para avaliação da relação entre características ambientais e ocorrência de espécies de morcegos em todo o território brasileiro. No entanto, no presente estudo, além de termos como grupo-alvo os pequenos mamíferos não-voadores (pequenos roedores e marsupiais), avaliamos a ocorrência destes ao longo da extensão territorial de dois biomas brasileiros, considerados como *hotspots* para conservação, o Cerrado e a Mata Atlântica

(Myers et al. 2000). Esses biomas, apresentados mais detalhadamente a seguir, enfrentam um processo acelerado de degradação, impulsionado principalmente pela exploração excessiva de seus recursos naturais e mudanças no uso da terra para atividades agrícolas (Klink e Machado 2005; Bogoni e Tagliari 2021). Vale destacar que, enquanto o Cerrado é um bioma não florestal, caracterizado principalmente por mosaicos de fitofisionomias savânicas e campestres (Vieira et al. 2022), a Mata Atlântica é um bioma predominantemente florestal. Essas diferenças influenciam a composição de espécies, que podem responder de forma distinta às variações na vegetação.

O Cerrado

O Cerrado é a savana tropical mais biodiversa e ameaçada do mundo, comparável em riqueza às maiores florestas tropicais (Klink e Machado 2005; Strassburg et al. 2017), abrigando cerca de 10.000 espécies de plantas vasculares, muitas delas endêmicas (Françoso et al. 2019; Vieira et al. 2022). O bioma é descrito como um mosaico de fitofisionomias que variam ao longo de um gradiente de complexidade, desde campos e savanas até formações florestais, resultando em alta heterogeneidade ambiental (Ribeiro e Walter 1998). Como outras savanas tropicais, apresenta adaptações ao fogo e, devido ao seu clima sazonal com marcada estação seca, enfrenta um regime de queimadas periódicas (Miranda et al 2009) que têm se intensificado acentuadamente com a ocupação humana e o avanço do agronegócio, constituindo atualmente uma grande ameaça ao bioma.

Geograficamente, o Cerrado está localizado na região central da América do Sul, conectando dois biomas de vegetação aberta, o Chaco a Sudoeste e a Caatinga a Nordeste, formando um corredor diagonal de ambientes secos no continente ao mesmo tempo que forma uma barreira geográfica entre dois biomas florestais, Amazônia e Mata Atlântica (Colli, Vieira e Dianese 2020). Originalmente, ocupava uma área de aproximadamente 2 milhões de km², sendo classificado como o segundo maior bioma brasileiro, cobrindo uma área correspondente a 21% do território

nacional, superado apenas pela Floresta Amazônica (IBGE 2019). A vegetação predominante é o cerrado *sensu stricto*, uma formação de savana dominada por gramíneas com árvores dispersas, geralmente baixas e retorcidas, com cascas grossas, folhas largas e sistemas radiculares profundos (Ribeiro e Walter 1998; Sano et al. 2019).

Como a savana tropical mais ameaçada, o Cerrado teve mais de 50% de sua área original convertida em áreas antropizadas devido à expansão e intensificação das atividades agrícolas, especialmente a pecuária e monoculturas de grãos, representando a maior ameaça aos ecossistemas naturais do Cerrado (Françoso et al. 2015). Nos últimos anos, o bioma sofreu uma degradação alarmante, com uma taxa média de perda de 11% ao ano, resultando na conversão de 48% a 55% de sua área total para uso humano, um processo que se intensificou bastante nas últimas três décadas (IBGE 2019).

O Cerrado abriga uma alta diversidade e endemismo de espécies vegetais. Devido a este cenário de intensa atividade antrópica e alto endemismo de plantas, o Cerrado foi classificado como uma das 25 áreas originais mais relevantes para a conservação da biodiversidade global (Myers et al. 2000). Sua biodiversidade permanece pouco compreendida, e muitas novas espécies continuam a ser descritas a cada ano indicando que ainda há uma parcela significativa de sua biodiversidade a ser explorada (Colli et al. 2016). O bioma ainda abriga muitas espécies de mamíferos, contendo cerca de 118 espécies de pequenos mamíferos não-voadores das ordens Rodentia e Didelphimorphia, representando 44% do total de espécies no Brasil (Mendonça et al. 2018).

A Mata Atlântica

A Mata Atlântica é um dos principais biomas brasileiros e, originalmente, a segunda maior floresta tropical das Américas. Historicamente, esse bioma se estendia ao longo da costa brasileira, do Rio Grande do Norte ao Rio Grande do Sul, alcançando áreas no leste do Paraguai e nordeste da Argentina (IBGE 2019). Assim como o Cerrado, foi considerada uma das áreas prioritárias para a

conservação da biodiversidade, sendo um dos biomas tropicais mais ameaçados do mundo, com cerca de 93% de sua área original desmatada (Myers et al. 2000). Uma porção considerável do bioma consiste em fragmentos em vários estágios de degradação. A maioria desses fragmentos se concentram nas regiões serranas, principalmente ao longo da fachada da Serra do Mar, e foram preservadas devido à sua inadequação para práticas agrícolas, (Colombo e Joly 2010). Apesar de sua destruição histórica, ainda preserva uma rica diversidade de espécies endêmicas de plantas e animais, destacando sua importância ecológica e de conservação (Bogoni e Tagliari 2021).

O bioma abriga aproximadamente 19.400 espécies de plantas, das quais 40% são endêmicas. Estima-se que cerca de 2.200 espécies de vertebrados ocorram lá, com sua flora e fauna representando entre 1% e 8% da biodiversidade mundial (D'Arrigo, Lorini, e Rajão 2020; Dalapicolla et al. 2021). Além disso, abriga aproximadamente 260 espécies de mamíferos, 69 das quais são endêmicas, representando mais da metade da diversidade de mamíferos neotropicais (Paglia et al. 2012; Pinto et al. 2009; Percequillo, Weksler, e Costa 2011).

Embora atualmente esteja geograficamente isolada da Amazônia pelo Cerrado e Caatinga, há evidências de uma conexão histórica entre essas duas grandes formações florestais durante o Pleistoceno. Corredores de florestas ripárias ligaram essas regiões durante períodos interglaciais, facilitando o fluxo genético entre as florestas (Costa, 2003). Atualmente o bioma é composto por uma diversidade de formações florestais, incluindo florestas de Araucária em regiões de alta altitude no sul do Brasil, bem como trechos de florestas deciduais e semideciduais no interior. Associadas a este bioma também estão áreas de manguezais, restingas costeiras, campos de altitude e florestas úmidas em zonas semiáridas no nordeste do Brasil (Grelle, Lorini, e Pinto 2010; Grazzini, Gatto-Almeida, e Tiepolo 2021).

Apesar de toda essa heterogeneidade de habitats e rica biodiversidade, a Mata Atlântica vem sofrendo um intenso processo de desmatamento, e extinções locais e até globais de várias espécies são quase inevitáveis nas próximas décadas (Colli et al. 2016). Mesmo com todos os avanços recentes no conhecimento sobre a fauna de pequenos mamíferos nesse bioma, ainda persistem

lacunas, especialmente em relação aos processos populacionais. Essas deficiências de conhecimento precisam de atenção para que as estratégias de conservação vigentes sejam mais eficazmente planejadas e implementadas (Fonseca e Venticinque 2018; Dalapicolla et al. 2021).

Os pequenos mamíferos não-voadores

Neste estudo, focamos em pequenos mamíferos não-voadores, marsupiais e roedores de pequeno porte, como modelos para investigar a biodiversidade nos dois *hotspots* brasileiros, o Cerrado e a Mata Atlântica. Este grupo representa a maior diversidade entre os mamíferos brasileiros (Paglia et al. 2012; Abreu-Júnior e Percequillo 2019). Para o Cerrado, são descritas 118 espécies, incluindo 29 marsupiais e 87 roedores (Mendonça et al. 2018), e para a Mata Atlântica, são descritas 124 espécies, incluindo 30 marsupiais e 94 roedores (Bovendorp et al. 2017).

Bancos de Dados de Ocorrência de Pequenos Mamíferos no Cerrado e na Mata Atlântica

No presente estudo, utilizamos duas bases de dados pré-existentes: Mendonça et al. (2018) para o Cerrado e Bovendorp et al. (2017) para a Mata Atlântica. Além disso, essas bases de dados foram complementadas com dados mais recentes coletados de artigos publicados até 2023. Realizamos uma busca sistemática nas principais bases de dados acadêmicas (SCOPUS, Web of Science, ProQuest e Google Scholar) usando os termos de busca [("Small mammals" OR "pequenos mamíferos") AND ("Atlantic Forest" OR "Mata Atlântica" OR "Cerrado" OR "Brazilian savanna")]. Considerando apenas artigos científicos publicados, inicialmente selecionamos 218 artigos.

Dos artigos pré-selecionados, filtramos aqueles publicados a partir de 2017 e 2018 para os biomas Mata Atlântica e Cerrado respectivamente e que continham listas de espécies e coordenadas geográficas das áreas amostradas nesses biomas. Após essa triagem, 82 artigos foram selecionados, para complementar a base de dados (Tabela S2). Para definir as espécies descritas recentemente,

utilizamos um corte temporal de 2010. Para minimizar a incerteza taxonômica, verificamos as espécies listadas usando a lista de espécies brasileiras mais atualizada fornecida pela Sociedade Brasileira de Mastozoologia disponível em <https://sbmz.org/mamiferos-do-brasil/> (Abreu et al. 2023).

Após classificar as espécies pelo ano de descrição, pesquisamos individualmente cada artigo de descrição original e extraímos os dados de ocorrência, incluindo latitude e longitude das novas espécies descritas na natureza desde 2010. Espécies que foram reclassificadas devido a mudanças taxonômicas não foram incluídas nesta seleção para manter o foco em descobertas genuínas de espécies coletadas em campo. Para a análise do Cerrado, utilizamos um total de 2.931 registros de ocorrência, dos quais 2.336 foram filtrados e considerados como pontos únicos. Para a Mata Atlântica, trabalhamos com 3.187 registros, que após a filtragem resultaram em 2.998 pontos únicos.

Variáveis Ambientais

Para cada bioma analisado, escolhemos variáveis ambientais considerando as diferenças específicas que podem influenciar a ocorrência de pequenos mamíferos em cada ambiente. Selecionamos 19 variáveis bioclimáticas do projeto WorldClim 1.4 (disponíveis em <http://worldclim.org/bioclim>; Hijmans et al., 2005), indicadas a seguir: Bioclim 1 = Temperatura Média Anual, Bioclim 2 = Amplitude Diurna Média (Média mensal (temp máxima - temp mínima)), Bioclim 3 = Isotermalidade (Bioclim 2/Bioclim 7) (* 100), Bioclim 4 = Sazonalidade da Temperatura (desvio padrão * 100), Bioclim 5 = Temperatura Máxima do Mês Mais Quente, Bioclim 6 = Temperatura Mínima do Mês Mais Frio, Bioclim 7 = Amplitude Anual da Temperatura, Bioclim 8 = Temperatura Média do Trimestre Mais Úmido, Bioclim 9 = Temperatura Média do Trimestre Mais Seco, Bioclim 10 = Temperatura Média do Trimestre Mais Quente, Bioclim 11 = Temperatura Média do Trimestre Mais Frio, Bioclim 12 = Precipitação Anual, Bioclim 13 =

Precipitação do Mês Mais Úmido, Bioclim 14 = Precipitação do Mês Mais Seco, Bioclim 15 = Sazonalidade da Precipitação (Coeficiente de Variação), Bioclim 16 = Precipitação do Trimestre Mais Úmido, Bioclim 17 = Precipitação do Trimestre Mais Seco, Bioclim 18 = Precipitação do Trimestre Mais Quente, Bioclim 19 = Precipitação do Trimestre Mais Frio (73).

Análises

Conduzimos as análises separadamente para cada bioma, utilizando técnicas de modelagem espacial para explorar como características ambientais distintas podem contribuir para a complementação de áreas ainda não suficientemente amostradas. O processo foi realizado em várias etapas, conforme descrito a seguir. Primeiro convertemos as coordenadas geográficas dos pontos de ocorrência das espécies para objetos sf (*Simple Features*) utilizando as bibliotecas sf (Pebesma 2018) e dplyr (Wickham et al. 2023). Utilizamos o Sistema de Referência de Coordenadas Sirgas 2000. Os *shapefiles* dos biomas foram importados usando a função *read_biomes* da biblioteca *geobr* (Pereira e Gonçalves 2023).

As coordenadas de ocorrência foram transformadas para o sistema de referência das variáveis ambientais, e arquivos raster das variáveis ambientais foram carregados e empilhados usando as funções *dir* e *stack* da biblioteca terra (Hijmans 2023). As camadas raster foram reamostradas e projetadas para o sistema de coordenadas de cada bioma, garantindo compatibilidade espacial entre os dados de ocorrência e as variáveis ambientais. Para evitar redundâncias nos registros de ocorrência, realizamos uma filtragem espacial utilizando a função *filterByProximity*, que remove pontos próximos entre si (dentro de uma distância de 10 km), mantendo apenas um ponto representativo por célula, de aproximadamente 5 km². Isso é essencial para reduzir o viés de amostragem e garantir que cada ponto represente uma localidade única.

Para capturar a variabilidade ambiental ao redor dos pontos de ocorrência, criamos buffers de 50 km em torno das localidades únicas, utilizando a função *st_buffer*. Essa escolha foi motivada

pela necessidade de delimitar áreas próximas que possuam características ambientais semelhantes aos pontos de ocorrência, permitindo uma análise mais representativa das condições ambientais relevantes. A distância de 50 km foi selecionada por equilibrar representatividade ambiental e especificidade local, garantindo assim a captura de uma diversidade de condições ambientais adjacentes, sem incluir áreas muito distantes que poderiam acrescentar ruídos na análise. Além disso, esse tamanho de *buffer* é comumente utilizado em estudos de modelagem ecológica, servindo como referência em trabalhos semelhantes especialmente no contexto de pequenos mamíferos e outros grupos taxonômicos, tendo sido também utilizado no trabalho de Aguiar et al (2020).

Além disso, uma máscara espacial foi criada para excluir áreas fora dos limites do bioma de interesse. Para garantir que somente pontos que interceptam a área do bioma fossem retidos na análise foi gerado um *buffer* de 2 km de raio ao redor do contorno do bioma, garantindo assim que todos os pontos considerados na análise estejam totalmente dentro da área de cada bioma. Para comparar as características ambientais de pontos onde havia registro de pequenos mamíferos com os pontos sem ocorrências deste grupo, geramos a mesma quantidade de pontos aleatórios (2.336 registros únicos para o Cerrado e 2.998 para a Mata Atlântica) localizados fora dos *buffers* de 50 km, para representar regiões sem ocorrência de pequenos mamíferos. Desta forma, obtivemos um total equivalente ao dobro do N original, 50% deles representando a ocorrência de pequenos mamíferos e 50% indicando locais sem registros.

Foi utilizada validação cruzada para dividir os dados em conjuntos de treinamento e teste para cada um dos biomas, sendo 80% para o modelo e 20% para o teste. No Cerrado, utilizamos 1.869 pontos para treinamento e 467 para teste, enquanto na Mata Atlântica foram empregados 2.398 pontos para o treinamento e 600 para teste. Essa divisão garante uma validação robusta do modelo, permitindo verificar sua capacidade de generalização para novos dados além de aprimorar a confiabilidade das previsões. A acurácia do modelo foi avaliada utilizando a técnica de validação cruzada k-fold e métricas de desempenho como a curva ROC. Fig (S3 e S4). A área sob a curva (c) quantifica a capacidade do modelo de discriminar entre pontos de ocorrência e pontos aleatórios.

Uma AUC próxima de 1 indica excelente poder discriminatório, enquanto uma AUC próxima de 0,5 indica um modelo aleatório sem capacidade de discriminação (Sing et al. 2005).

As variáveis ambientais foram extraídas para pontos com e sem registros de ocorrência, utilizando a função *exact_extractr*, que calcula valores médios para cada ponto amostrado. Posteriormente, os valores extraídos foram analisados para identificar diferenças significativas entre áreas com e sem registros de espécies, utilizando o teste de Kruskal-Wallis, adequado para comparar grupos de dados não paramétricos. Em seguida, desenvolvemos um modelo linear generalizado (GLM) para predizer a presença de pequenos mamíferos não-voadores com base nas variáveis ambientais. Nesse modelo, a variável dependente foi a presença ou ausência de registros de espécies (binária), enquanto as variáveis independentes foram as variáveis ambientais extraídas, como temperatura, precipitação, etc. Esse algoritmo oferece uma abordagem flexível, permitindo modelar a influência das variáveis ambientais na presença das espécies e avaliar quais fatores ambientais são mais relevantes. Além disso, as previsões geradas pelo GLM foram utilizadas para criar mapas preditivos, projetando áreas ambientalmente adequadas para a ocorrência dos pequenos mamíferos. Essa abordagem, que é relativamente fácil de implementar e apresenta resultados facilmente interpretáveis, foi essencial para identificar regiões prioritárias para inventários futuros, integrando análises espaciais com as previsões do modelo para priorização de conservação.

Inicialmente, o modelo completo foi ajustado e, em seguida, realizamos uma seleção de variáveis ambientais utilizando o VIF (*Variance Inflation Factor*) para minimizar problemas de colinearidade. Durante o refinamento, variáveis com VIF superior a 3 foram removidas iterativamente, começando pelas de maior valor, até eliminar aquelas que apresentavam multicolinearidade significativa. Após essa análise, o modelo inicial foi refinado, resultando ao final na inclusão de 5 variáveis ambientais para o modelo do Cerrado (Tabela 2) e 6 para o modelo da Mata Atlântica (Tabela 3). Seguido de uma seleção de modelo otimizada por meio do critério AIC (*Akaike Information Criterion*) para encontrar o modelo de regressão logística que melhor explicasse a presença de pequenos mamíferos não-voadores com base nas variáveis ambientais.

Comparamos as medianas destas variáveis ambientais entre pontos de ocorrência e pontos aleatórios, para testar a hipótese de que as espécies deste grupo ocorrem em áreas ambientalmente diferentes das áreas onde não há registro de ocorrência das mesmas. Para validar as diferenças entre as áreas com e sem registros de espécies, utilizamos o teste de Wilcoxon. Este teste não paramétrico é apropriado quando as distribuições não seguem uma distribuição normal (avaliada por meio do teste de Shapiro-Wilk). Resultados significativos indicam que as previsões do modelo diferem entre os dois grupos. Essas análises podem confirmar a existência de diferenças significativas nas características ambientais entre as regiões analisadas, justificando a priorização dessas áreas para inventários futuros.

Além disso, realizamos uma análise das diferenças entre espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas antes e depois de 2010. O objetivo dessa análise foi investigar se as espécies descritas recentemente (após 2010) apresentariam padrões de ocorrência em locais ambientalmente distintos comparados às espécies descritas anteriormente. As espécies de pequenos mamíferos foram divididas em dois grupos distintos com base na data de sua descrição: espécies descritas antes de 2010 (identificadas e catalogadas antes desse ano, representando uma parte significativa do conhecimento já estabelecido sobre o grupo); e espécies descritas após 2010: grupo que inclui espécies que foram recentemente descritas e que, portanto, possuem registros mais novos e podem estar associadas a ambientes ainda não suficientemente amostrados.

Para cada ponto de ocorrência das espécies, foi criado um *buffer* espacial de 10 km em torno das localidades de ocorrência com o intuito de capturar a variabilidade ambiental imediata ao redor das ocorrências conhecidas e garantir que áreas próximas também fossem consideradas na análise. Esse tamanho foi escolhido com base na literatura e em estudos anteriores, considerando que 10 km é uma escala que equilibra a captura da variabilidade ambiental local e a manutenção da especificidade da ocorrência. O buffer foi gerado utilizando a função *st_buffer*, que delinea uma zona de influência ao redor de cada ponto de ocorrência. Essa abordagem permite incluir áreas adjacentes que podem compartilhar condições ambientais similares, aumentando a

representatividade e a robustez das análises ambientais realizadas e da área de dispersão das espécies. Além disso, ela auxilia na mitigação de possíveis vieses de amostragem relacionados à localização exata dos pontos, ampliando a compreensão sobre os padrões de ocorrência das espécies em diferentes cenários ambientais.

Em seguida realizamos uma extração de variáveis ambientais para esses *buffers* utilizando a função *exact_extract*, para calcular valores médios das variáveis ambientais de cada área delimitada pelo *buffer*. Essas variáveis são importantes para determinar quais condições ambientais específicas estão associadas a cada grupo de espécies bem como identificar diferenças significativas entre os grupos descritos antes e depois de 2010. Após a extração das variáveis ambientais, o teste de Wilcoxon foi aplicado para comparar os valores ambientais médios entre as espécies descritas antes e depois de 2010. Este teste não paramétrico é recomendado quando os dados não seguem uma distribuição normal, como indicado pelo teste de Shapiro-Wilk realizado previamente, que revelou que os dados não apresentavam uma distribuição normal para todos os grupos (espécies antigas no Cerrado: $W= 0.936$, $P < 0.001$; espécies antigas em Mata Atlântica: $W=0.958$, $p < 0.005$). Desta forma, aplicamos o teste de Wilcoxon para avaliar se os valores médios extraídos dos *buffers* de 10 km ao redor das ocorrências de novas e antigas espécies diferiam de forma significativa. Nesse caso, espécies descritas mais recentemente poderiam ocupar nichos ecológicos diferentes ou inexplorados.

Como seria de se esperar, o número de pontos de ocorrências recentes e de ocorrências anteriores das espécies era bastante desigual. Desta forma, para assegurar uma comparação mais equilibrada das condições ambientais das espécies descritas antes e depois de 2010, selecionamos aleatoriamente um subconjunto de localidades de ocorrência das espécies descritas antes de 2010, igualando o número de registros disponíveis para as espécies descritas após essa data (total de 14 registros para o Cerrado e 38 para a Mata Atlântica, após 2010). Esse processo foi repetido 1.000 vezes, criando um conjunto de dados balanceado que permitiu uma análise robusta das diferenças ambientais entre as duas categorias. Em cada iteração, aplicamos o teste de Wilcoxon para comparar

as distribuições dos valores preditos pelo modelo linear generalizado (GLM) entre as categorias de espécies, calculando a média dos valores de W e de p obtidos. Essa abordagem foi adotada para minimizar o impacto causado pelo desequilíbrio nos dados de ocorrência, garantindo que as conclusões sobre as diferenças ambientais fossem baseadas em uma análise estatisticamente sólida, fornecendo uma avaliação mais precisa das condições ambientais que influenciaram a distribuição das espécies descritas nos dois períodos.

Pegada Humana e Mapas de Prioridade Temporal

Para os mapas de prioridade temporal, utilizamos os arquivos *raster* do Projeto *Human Footprint*, que são índices de pegada humana compostos por múltiplas camadas com informações sobre densidade populacional, uso do solo e infraestrutura construída, refletindo o nível de influência humana e os impactos antrópicos nos biomas terrestres, para identificar áreas sob maior pressão humana (Sanderson et al. 2002). Essa integração nos permitiu priorizar áreas que, além de apresentarem condições ambientais favoráveis para a ocorrência de espécies, estão sob ameaça crescente de degradação ambiental.

Os mapas de priorização foram criados utilizando pacotes como o *tmap*, que nos permitiu visualizar áreas de alta, média e baixa prioridade para futuros inventários biológicos. Esses mapas oferecem uma base visual clara para apoiar decisões estratégicas de conservação, destacando áreas que devem ser alvo prioritário de inventários e esforços de proteção. Os valores da pegada humana foram empregados para determinar a urgência de realização dos levantamentos, sendo que valores mais altos indicam maior prioridade temporal.

Para integrar os mapas de previsão do GLM com a pegada humana reclassificamos os valores do mapa de previsão do GLM em uma escala de 0 a 100, de acordo com a escala do *Human Footprint*. Ambos os mapas foram combinados e seus valores médios calculados. Valores baixos no mapa indicam áreas de baixa similaridade ambiental e menor pressão antrópica, enquanto valores

altos sugerem áreas de alta similaridade ambiental e maior pressão. Todas as análises estatísticas foram realizadas no software R versão 4.3.2 (R Core team 2023) e os mapas foram produzidos utilizando os pacotes *sf* (Pebesma 2018), *terra* (Hijmans 2023) e *tmap* (Tennekes 2018).

Resultados

Com base nos resultados das projeções do modelo linear generalizado, identificamos diferenças significativas entre as áreas com e sem registros de pequenos mamíferos não-voadores nos dois biomas estudados. O modelo evidenciou que as variáveis ambientais selecionadas desempenham um papel crucial na distinção entre essas áreas. Essas diferenças são ilustradas de forma clara no mapa, onde os contrastes de similaridade ambiental são representados por uma escala de cores. Áreas sem registros mostram-se ambientalmente distintas daquelas onde a maior parte dos inventários foi realizada, indicando potenciais lacunas no conhecimento e reforçando a importância de direcionar esforços de amostragem para essas regiões sub-representadas (Fig. 2).

Para a construção do Modelo do Cerrado foram selecionadas as seguintes variáveis bioclimáticas utilizando o Fator de inflação da variância (VIF): Bioclim 2: Amplitude diurna média que consiste na média mensal (temperatura máxima/temperatura mínima), Bioclim 8: Temperatura média do trimestre mais úmido, Bioclim 12: Precipitação anual, Bioclim 18: Precipitação do trimestre mais quente e Bioclim 19: Precipitação do trimestre mais frio (Tabela 1). Já para a Mata Atlântica foram utilizadas a seguintes variáveis bioclimáticas: Bioclima 2: Amplitude diurna média, Bioclim 8: Temperatura média do trimestre mais úmido, Bioclim 12: Precipitação anual, Bioclim 9: Temperatura Média do Trimestre Mais Seco e Bioclima 13: Precipitação do Mês Mais Úmido (Tabela 2).

Tabela 1: Fator de inflação da variância VIF utilizada para construção do modelo GLM para o bioma Cerrado. A coluna "Modelo Completo" mostra os valores de VIF quando todas as variáveis foram consideradas. A coluna "Modelo Inicial" mostra o VIF após excluir variáveis com valores maiores que 3. A coluna "Modelo Final" mostra o valor de VIF após a análise stepwise GLM. Variáveis em negrito são aquelas usadas na análise GLM.

| Variável | Modelo completo | Fator de inflação da variância (VIF) Cerrado | | Resultados GLM | | |
|-------------------|-----------------------|--|-----------------|------------------|----------------|-----------------|
| | | Modelo inicial | Modelo final | Estimado | z valor | p |
| | | | | | | |
| Bioclim 1 | 723,349 | — | — | — | — | — |
| Bioclim 2 | 652,436 | 1,325 | 1,168 | 0,054 | -20,048 | <,002 |
| Bioclim 3 | 304,344 | 1,447 | — | — | — | — |
| Bioclim 4 | 343,018 | — | — | — | — | — |
| Bioclim 5 | $2,35 \times 10^{12}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclim 6 | $2,98 \times 10^{12}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclim 7 | $7,95 \times 10^{11}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclim 8 | 109,983 | 1,314 | 1,128 | - 0,457 | -16,679 | <,002 |
| Bioclim 9 | 573,572 | — | — | — | — | — |
| Bioclim 10 | 451,238 | — | — | — | — | — |
| Bioclim 11 | $2,15 \times 10^3$ — | — | — | — | — | — |
| Bioclim 12 | 80,784 | 1,309 | 1,236 | - 0,00056 | -2,849 | <,004 |
| Bioclim 13 | 18,488— | — | — | — | — | — |
| Bioclim 14 | 54,812— | — | — | — | — | — |
| Bioclim 15 | 66,471— | — | — | — | — | — |
| Bioclim 16 | 103,163— | — | — | — | — | — |
| Bioclim 17 | 80,860— | — | — | — | — | — |
| Bioclim 18 | 7,642 | 1,737 | 1,293 | 0,0027 | 8,721 | <,002 |
| Bioclim 19 | 2,557 | 1,219 | 1,199 | -0,00053 | -7,541 | <,004 |

Tabela 2: Fator de inflação da variância VIF utilizada para construção do modelo GLM para o bioma Mata Atlântica A coluna "Modelo Completo" mostra os valores de VIF quando todas as variáveis foram consideradas. A coluna "Modelo Inicial" mostra o VIF após excluir variáveis com valores maiores que 3. A coluna "Modelo Final" mostra o valor de VIF após a análise stepwise GLM. Variáveis em negrito são aquelas usadas na análise GLM.

| Variável | Modelo completo | Fator de inflação da variância (VIF) Cerrado | | Resultados GLM | | |
|-------------|-----------------------|--|-----------------|----------------|---------------|-------|
| | | Modelo inicial | Modelo final | Estimado | z valor | p |
| | | | | | | |
| Bioclima 1 | $1,45 \times 10^3$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 2 | 537,943 | 1,711 | 1,711 | -0,813 | -26,416 | <,002 |
| Bioclima 3 | 123,348 | 2,030 | 2,030 | -0,138 | -13,074 | <,002 |
| Bioclima 4 | 636,489 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 5 | $2,09 \times 10^{12}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 6 | $9,68 \times 10^{12}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 7 | $5,77 \times 10^{12}$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 8 | 6,104 | 2,355 | 2,355 | - 0,044 | -2,137 | <,003 |
| Bioclima 9 | 9,990 | 3,004 | 3,004 | -0,086 | -4,303 | <,001 |
| Bioclima 10 | $1,20 \times 10^3$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 11 | $4,48 \times 10^3$ | — | — | — | — | — |
| Bioclima 12 | 73,642 | | | | | |
| Bioclima 13 | 38,939 | 1,423 | 1,423 | 0,018 | 20,019 | <,002 |
| Bioclima 14 | 96,410 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 15 | 63,241 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 16 | 81,119 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 17 | 167,472 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 18 | 11,125 | — | — | — | — | — |
| Bioclima 19 | 18,207 | 2,14 | 2,14 | -0,0025 | -7,143 | <,009 |

No Cerrado, a região norte, particularmente a área conhecida como Matopiba, que abrange

áreas pertencentes aos estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia, apresentou diferenças ambientais significativas, especialmente nas zonas de transição com a Amazônia, e grandes lacunas de registros, sugerindo uma subamostragem dessas áreas de ecótono. Já na Mata Atlântica, duas regiões se destacaram por suas características contrastantes: áreas de baixa similaridade (em azul) localizam-se principalmente no sul da Bahia e no norte do Espírito Santo, que são regiões com remanescentes significativos de floresta primária, e no sudoeste do bioma, próximo à fronteira com o Paraguai e Argentina. Essas áreas diferem substancialmente das regiões de alta similaridade (em laranja), sugerindo um potencial ainda não explorado para descobertas de novas espécies ou populações remanescentes de espécies raras.

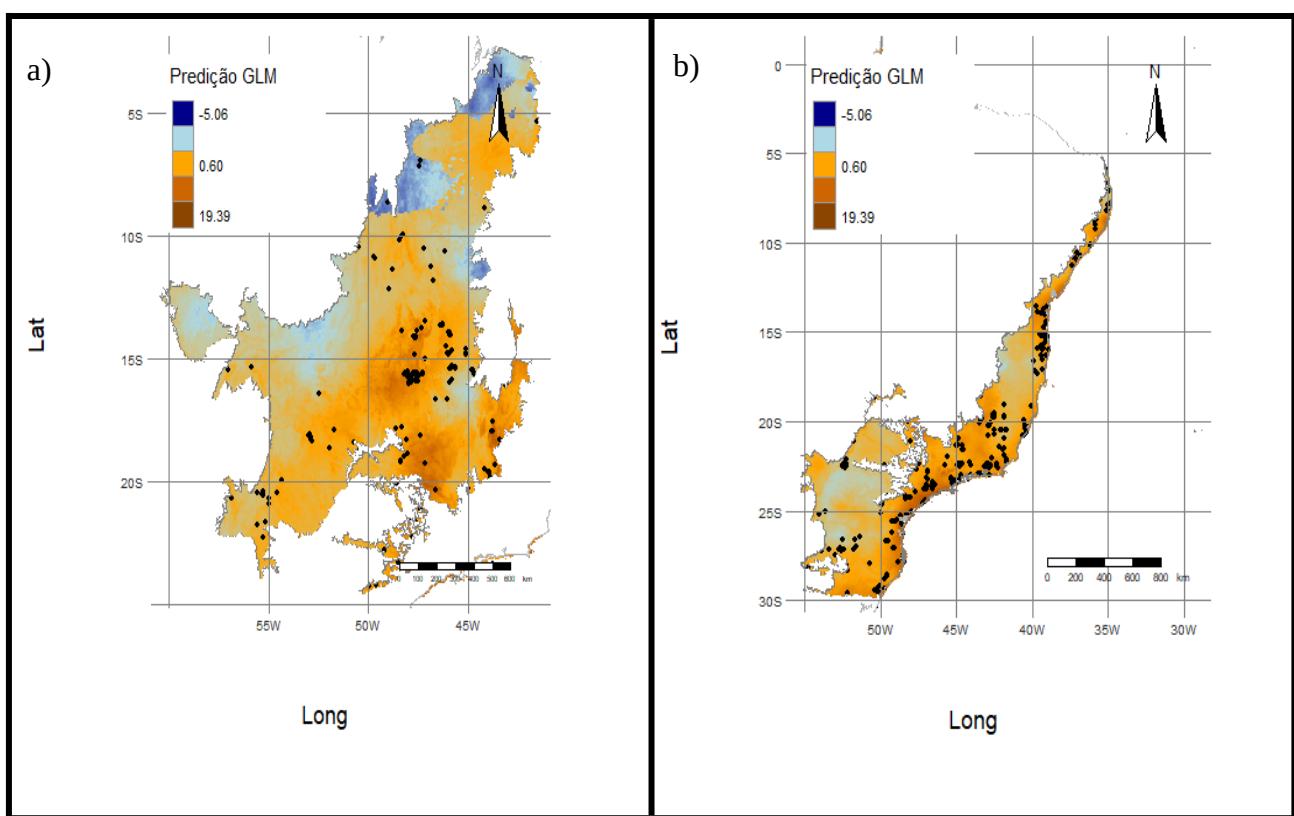


Fig 2: Extrapolação dos valores previstos do modelo GLM para o território do bioma Cerrado (a) e Mata Atlântica (b). Os valores representam uma combinação de variáveis bioclimáticas para o Cerrado (Tabela 2: 2, 8, 12, 18 e 19) e Mata Atlântica (Tabela 3: 2, 3, 8, 9, 13 e 19). Regiões com valores positivos (tons de amarelo) são ambientalmente similares entre si, mas diferentes das regiões com valores negativos (tons de azul). Os pontos pretos representam as localidades com registros de pequenos mamíferos não-voadores.

Além disso, as regiões de alta similaridade no Cerrado (laranja) mostram maior compatibilidade ambiental com a parte centro-sul do bioma (Fig 2a), enquanto na Mata Atlântica essas regiões estão localizadas principalmente ao longo da costa brasileira, formando duas regiões distintas: uma no nordeste e outra se estendendo do norte do Espírito Santo até a fronteira com o Pampa no estado do Rio Grande do Sul. As áreas com as diferenças ambientais mais significativas estão em uma pequena porção do estado da Bahia, na zona de transição com o Cerrado, e nas regiões do sul do Brasil onde são encontradas florestas de Araucária, uma formação típica de ambientes de alta altitude e clima subtropical (Fig 2b).

Observamos grandes lacunas de registros em ambos os biomas, com maior densidade de pontos de amostragem nas porções central e sul do Cerrado. Regiões ao norte do bioma e próximas ao sul da Amazônia parecem estar subamostradas, dado o grande número de áreas sem registros de ocorrência. Essas regiões também aparentam ser ambientalmente distintas (indicado pela cor azul) em relação a áreas com mais registros de ocorrência (Figura. 2a). Já para a Mata Atlântica, os pontos de distribuição de espécies de pequenos mamíferos não-voadores estão espalhados por quase todo o bioma. No entanto, as poucas áreas em azul, indicadas como ambientalmente diferentes, também correspondem a zonas com baixa ocorrência de pequenos mamíferos não-voadores (Fig 2b).

No Cerrado, os valores previstos pelo GLM para localidades com registros de pequenos mamíferos não-voadores diferiram das localidades sem registros (Fig. 3a). As localidades com registros apresentaram valores geralmente positivos (média = 871,5, N = 2236), enquanto aquelas sem registros tenderam a valores negativos (média = -0,87, N = 2336). De forma semelhante, na Mata Atlântica, as localidades com registros foram ambientalmente distintas das sem registros (Fig. 3b). Os valores do GLM para localidades com registros foram positivos (média = 798,79, N = 2998), enquanto as sem registros apresentaram valores negativos (média = -0,20, N = 2998).

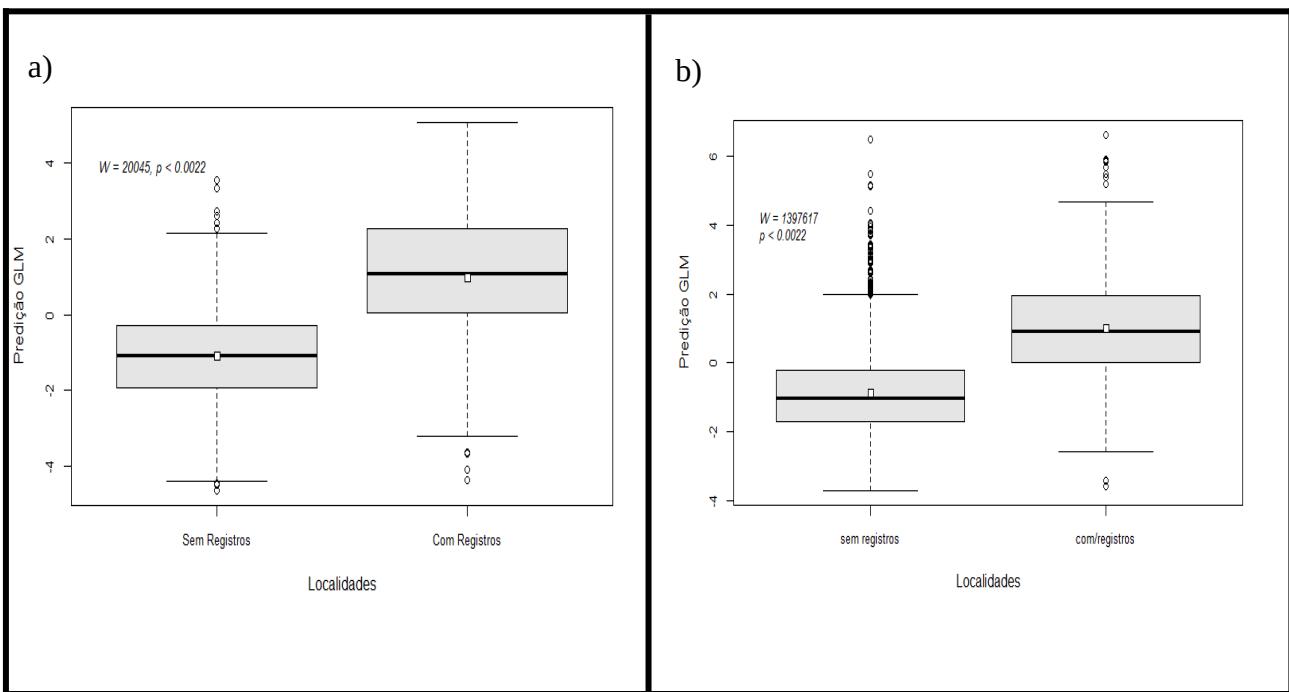


Fig 3: Comparação dos valores preditos pelo GLM para regiões com (c/) e sem (s/) registros de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Cerrado (a) e Mata Atlântica (b). Os pontos quadrados brancos representam os valores médios, e as linhas horizontais representam a mediana para cada categoria.

Como resultado da pesquisa bibliográfica realizada, identificamos um total de 20 espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas recentemente, sendo 8 registradas no Cerrado e 12 na Mata Atlântica. Esses números foram obtidos com base na lista mais atualizada da Sociedade Brasileira de Mastozoologia (SBMZ) (Pereira et al. 2023) e na análise dos artigos científicos que documentaram essas descrições originais a partir de 2010. Esses dados estão sintetizados na Tabela 3, que apresenta informações detalhadas sobre as espécies, incluindo o bioma de ocorrência e as referências dos artigos de descrição original.

Tabela 3 . Novas espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas nos biomas Cerrado e Mata Atlântica desde 2010 com localização e coordenadas de onde foi coletado o holótipo de cada espécie.

| Espécie | Família | Ano | Autores | Localidade | Coordenadas | Bioma |
|------------------------------------|-------------|------|-------------------------------|-------------------------|------------------------|----------------|
| <i>Calomys cerqueirai</i> | Cricetidae | 2010 | Bonvicino, Oliveira & Gentile | Capitão Andrade, MG | -19.076389, -41.875 | Cerrado |
| <i>Rhipidomys ipukensis</i> | Cricetidae | 2011 | Rocha <i>et al</i> | Caseara , TO | -9.266667, -49.950000 | Cerrado |
| <i>Drymoreomys albimaculatus</i> | Cricetidae | 2011 | Percequillo, Wesckler & Costa | Ribeirão Grande, SP | -24.333441, -48.416645 | Mata Atlântica |
| <i>Cerradomys goytaca</i> | Cricetidae | 2011 | Tavares, Pessôa & Gonçalves | Carapebus, RJ | -22.2578, -41.6636 | Mata Atlântica |
| <i>Rhipidomys itoan</i> | Cricetidae | 2011 | B. Costa <i>et al.</i> | Guapimirim, RJ | -22.4744, -42.9961 | Mata Atlântica |
| <i>Rhipidomys tribei</i> | Cricetidae | 2011 | B. Costa <i>et al.</i> | Catas Altas, MG | -20.083145, -43.500015 | Mata Atlântica |
| <i>Calassomys apicalis</i> | Cricetidae | 2014 | Pardiñas <i>et al.</i> | PARNA Sempre ViVas, MG | -17.963889, -43.788333 | Cerrado |
| <i>Cerradomys akroai</i> | Cricetidae | 2014 | Bovincino, Casado & Weksler | Novo Jardim, TO | -11.799863, -46.769989 | Cerrado |
| <i>Scapteromys meridionalis</i> | Cricetidae | 2014 | Quintela <i>et al.</i> | São Francisco Paula, RS | -29.5036, -50.2303 | Mata Atlântica |
| <i>Delomys altimontanus</i> | Cricetidae | 2014 | Gonçalves & Oliveira | Itatiaia, RJ | -22.389999, -44.670556 | Mata Atlântica |
| <i>Monodelphis pinocchio</i> | Didelphidae | 2015 | S. Pavan | Cotia, SP | -23.727065, -46.963777 | Mata Atlântica |
| <i>Phyllomys centralis</i> | Echimyidae | 2016 | Machado <i>et al.</i> | Brasília, DF | -15.951222, -47.963572 | Cerrado |
| <i>Juliomys ximenezi</i> | Cricetidae | 2016 | Christoff <i>et al.</i> | Cambará do Sul, RS | -29.159794, -50.100011 | Mata Atlântica |
| <i>Deltamys araucaria</i> | Cricetidae | 2017 | Quintela <i>et al.</i> | São Francisco Paula, RS | -29.4975, -50.2303 | Mata Atlântica |
| <i>Brucepattersonius nebulosus</i> | Cricetidae | 2018 | Abreu-Júnior <i>et al.</i> | Bananal, SP | -22.797828, -44.35969 | Mata Atlântica |
| <i>Oxymycterus itapeby</i> | Cricetidae | 2019 | Peçanha <i>et al.</i> | Itapevi, SP | -23.594854, -46.975164 | Mata Atlântica |
| <i>Holochilus oxe</i> | Cricetidae | 2021 | Prado <i>et al</i> | Quebrângulo, AL | -9.20970, -35.870041 | Mata Atlântica |
| <i>Akodon kadiweu</i> | Cricetidae | 2021 | Brandão <i>et al.</i> | Bodoquena, MS | -20.699223, -56.849995 | Cerrado |
| <i>Rhipidomys caracolensis</i> | Cricetidae | 2022 | Campos <i>et al.</i> | Caracol, PI | -9.216434, -43.449979 | Cerrado |
| <i>Rhipidomys ybyrae</i> | Cricetidae | 2023 | Lanes & Bonvicino | São José do Xingu, MT | -10.77527, -52.741399 | Cerrado |

Em relação aos registros recentes de ocorrência de espécies, no Cerrado encontramos um total de 17 registros de pequenos mamíferos não-voadores pertencentes a 9 espécies ocorrendo no bioma que foram descritas após 2010. Já para Mata Atlântica, encontramos um total de 32 registros pertencentes a 12 espécies que foram descritas após 2010 (Tabela 1). A maioria das novas espécies está concentrada na mesma região central do Cerrado e na transição com a Mata Atlântica, especialmente na região Sudeste (Fig. 4a). Já na Mata Atlântica. A maioria das novas espécies está concentrada na porção sul do bioma, em uma faixa que se estende do Rio de Janeiro até o Rio

Grande do Sul. Apenas uma nova espécie foi descrita durante este período na parte norte do bioma, no nordeste do Brasil (Fig. 4b).

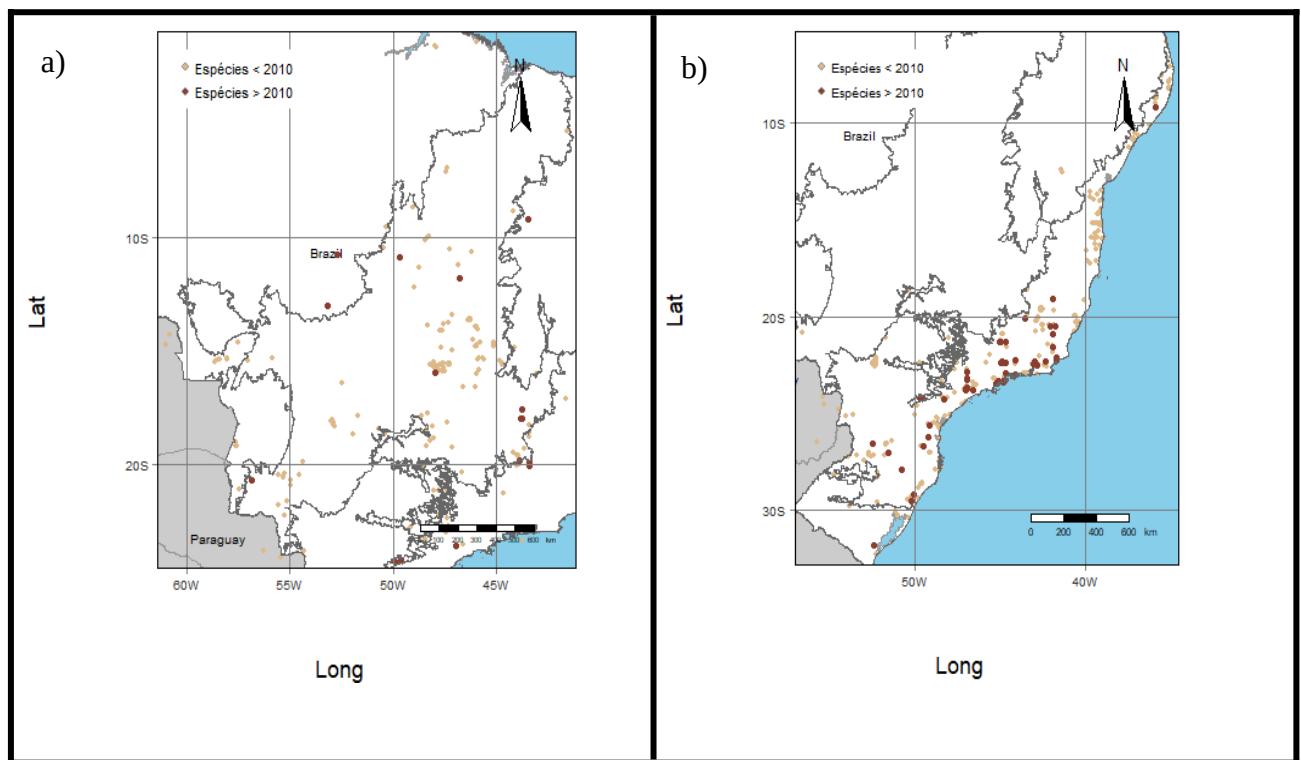


Fig 4: Localidades com registros de ocorrências de pequenos mamíferos não-voadores em todo o território dos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b). Pontos claros representam as espécies descritas antes de 2010 e pontos escuros as espécies descritas após 2010.

Nossos resultados indicaram que, no bioma Cerrado, não há diferenças ambientais significativas entre as áreas onde espécies foram descritas antes e depois de 2010 ($P = 0,86$; Fig. 5a). Em contraste, na Mata Atlântica, as espécies descritas a partir de 2010 foram registradas em locais ambientalmente distintos daqueles onde as espécies mais antigas foram descritas, apresentando assim uma diferença estatisticamente significativa ($P = 0,02$; Fig. 5b).

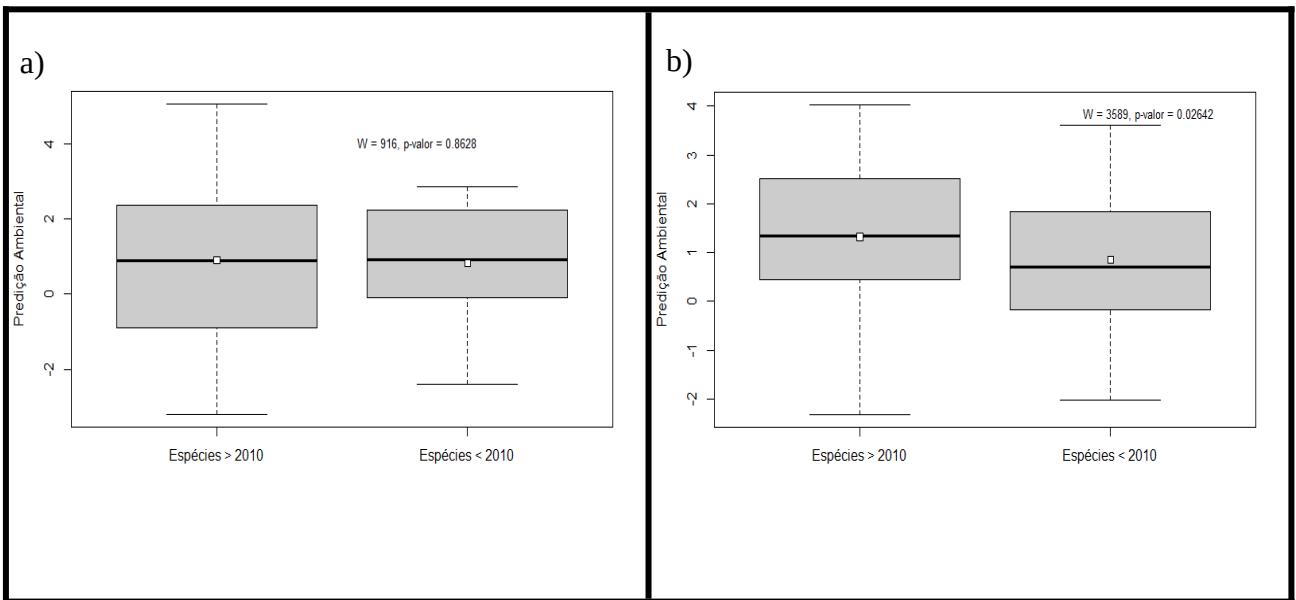


Fig 5: Comparação dos valores preditos pelo GLM para localidades com espécies de pequenos mamíferos não-voadores descritas antes e depois de 2010 nos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b). Os pontos quadrados brancos representam os valores médios, e as linhas horizontais representam a mediana para cada categoria.

A combinação dos mapas de similaridade ambiental com a pegada humana revelou um gradiente de priorização de áreas para novos levantamentos de campo em ambos os biomas. No Cerrado, áreas de alta prioridade, caracterizadas por baixa similaridade ambiental e alta pressão humana, concentram-se na região norte, conhecida como MATOPIBA (Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia), além das divisas leste com a Caatinga, oeste com a Amazônia e sul, próximo ao Pantanal. Áreas de prioridade média, com baixa similaridade ambiental e baixa pressão, delineiam um gradiente que separa as regiões mais preservadas ao norte das mais antropizadas ao sul, refletindo o histórico de colonização do Cerrado, que avança de sul para norte. Por fim, áreas de baixa prioridade, com alta similaridade ambiental e alta pressão humana, estão localizadas nas partes central e sudeste do bioma, em regiões de transição com a Mata Atlântica, marcadas por intensa antropização e alta densidade populacional (Fig. 6a).

Já para a Mata Atlântica, nosso modelo revelou um gradiente de priorização para novos levantamentos de campo, localizado na região Nordeste e em grande parte do Sudeste, nas regiões da Serra do Mar, e Sul da Bahia e Norte do Espírito Santo bem como as regiões do oeste da região

sul. Atualmente essas regiões concentram as maiores áreas remanescentes do bioma Mata Atlântica. Subsequentemente, áreas de prioridade média com baixa similaridade ambiental e baixa pressão humana incluem extensas regiões no Nordeste e Minas Gerais, Rio de Janeiro e São Paulo, além de regiões no sul do Brasil, principalmente nos limites com o bioma do Pampa. Finalmente, áreas de baixa prioridade e alta pressão humana estão localizadas ao longo da costa, em torno dos principais centros urbanos no Nordeste, Sudeste e Sul (com exceção da região do sul da Bahia e norte do Espírito santo que apresenta alta prioridade) (Fig. 6b).

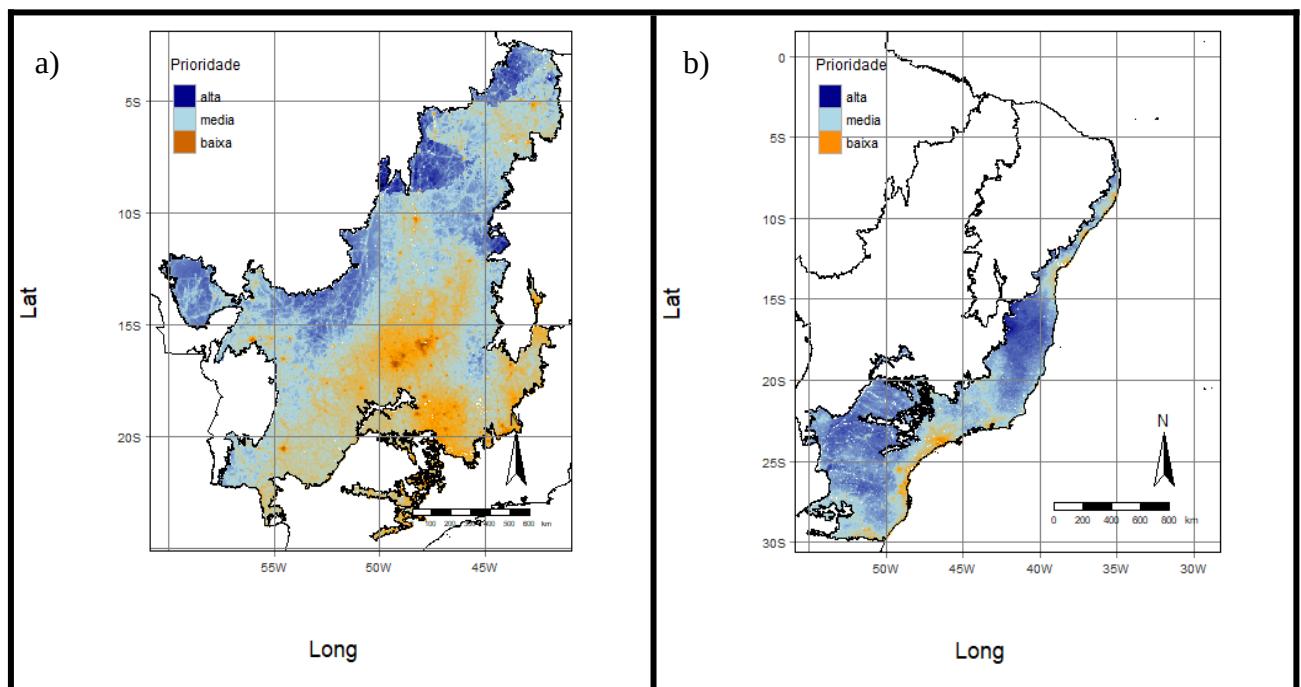


Fig 6: Áreas prioritárias para inventários de pequenos mamíferos não-voadores nos biomas Cerrado (a) e Mata Atlântica (b) determinadas pela combinação das características ambientais das localidades com e sem ocorrências e do índice de pegada humana. As áreas em azul-escuro indicam máxima prioridade para novos inventários (baixa similaridade ambiental e alta pressão humana). As áreas em azul-claro representam prioridade média (baixa similaridade ambiental e baixa pressão humana). As áreas em laranja indicam baixa prioridade (alta similaridade ambiental e alta pressão humana).

Discussão

Identificamos características ambientais distintas entre localidades com e sem registros de pequenos mamíferos, além de vastas regiões subamostradas. Essa ausência de registros, sugere um potencial para novas descobertas, incluindo populações remanescentes de espécies raras e ainda não descritas. Na Mata Atlântica, identificamos uma dinâmica diferenciada de ocupação para espécies descritas recentemente, enquanto no Cerrado, vastas áreas ainda demandam maior esforço de amostragem devido à sua aparente subexploração. Além disso ao integrar os modelos de similaridade ambiental com o índice de pegada humana podemos indicar quais áreas estão sob maior pressão antropogênica e devem ser priorizadas em futuros inventários de fauna.

Há várias possíveis explicações para a falta de inventários de campo para pequenos mamíferos em várias áreas dos biomas avaliados, sendo as principais delas a dificuldade de acesso e logística para realizar grandes inventários em áreas distantes dos principais centros de pesquisa. Além disso, essa limitação não é exclusiva dos biomas avaliados, mas reflete um viés de coleta amplamente documentado na biodiversidade terrestre brasileira. Dados disponíveis frequentemente não representam uma amostragem adequada da biodiversidade, sendo concentrados em áreas próximas a grandes cidades, estradas e rotas navegáveis, o que deixa vastas regiões remotas subamostradas. Esse viés é intensificado pela limitação de recursos financeiros e dificuldades de acesso em locais isolados, especialmente em florestas tropicais extensas, conforme destacado por Oliveira et al. (2016).

Além disso as diferenças históricas no processo de ocupação e colonização dos dois biomas podem ter influenciado diretamente a distribuição dos inventários e dos estudos realizados com o grupo. A região da Mata Atlântica foi o primeiro bioma a ser ocupado durante o processo de colonização do Brasil (Dean, 1996), fazendo com que os principais centros urbanos e acadêmicos brasileiros se concentrassem ali, o que facilitou o desenvolvimento de pesquisas científicas na região. No entanto, ao longo dos séculos, sofreu grande exploração, sendo atualmente o bioma

brasileiro mais fragmentado e alterado (Colombo e Joly 2010). Já o Cerrado, permaneceu relativamente subamostrado em termos de levantamentos de fauna por muitos anos, passando a ser intensamente explorado somente após a construção da nova capital brasileira em região central do Cerrado no início dos anos 1960 e só mais recentemente, passou a contar com maior número de centros de pesquisa (Ratter et al 1997). O bioma apresenta ainda hoje vastas áreas rurais e menor densidade populacional, porém vem sofrendo intensa pressão devido à expansão agropecuária nas últimas décadas (Sano et al. 2019). Essa disparidade histórica entre os dois biomas reflete-se na atual distribuição dos inventários de campo entre as duas regiões, com a Mata Atlântica apresentando uma maior concentração de estudos, enquanto o Cerrado permanece relativamente menos explorado.

No Cerrado, as regiões subamostradas incluem a parte norte do bioma, zonas de transição com a Amazônia meridional, Pantanal e sul da Caatinga (Fig. 2a), caracterizadas por ecótonos com mudanças ambientais acentuadas e alta riqueza biológica devido à convergência de diferentes ecossistemas (Holland, Risser e Naiman, 1991; Brooks et al. 2006). Essa alta heterogeneidade ambiental, composta por campos, savanas e formações florestais, suporta uma ampla gama de espécies adaptadas a condições específicas, favorecendo o endemismo e destacando a importância de inventários para documentar espécies raras e endêmicas (Cardoso Da Silva e Bates 2002; Strassburg et al. 2017). Um exemplo conhecido na literatura é a espécie *Juscelinomys candango*, descrita na década de 1960 na região de Brasília e atualmente considerada extinta (Nomura 1993; IUCN 2022).

Já para a Mata Atlântica, as regiões com lacunas de registros e com menor similaridade ambiental foram menores do que as observadas no Cerrado. Na Mata Atlântica, encontramos lacunas de registros na região central do bioma entre os estados da Bahia e Espírito Santo, bem como na região sudoeste do bioma, localizada nos estados do Paraná e Santa Catarina (Fig. 2b). Essa lacuna para o estado do Paraná também foi sugerida por Pereira et al. (2023), que detectou a existência de regiões, como o sudoeste do estado, sem um único registro de pequenos mamíferos,

revelando uma área com um possível déficit de Wallace de aproximadamente 138.584 km². Além disso, a Mata Atlântica possui uma ampla gama de condições climáticas, variando desde florestas tropicais úmidas ao norte até florestas subtropicais ao sul (Ribeiro et al. 2009). Essa diversidade climática resulta em diferentes comunidades biológicas presentes ao longo do bioma.

Nossos resultados confirmaram que localidades com registros de pequenos mamíferos não-voadores possuem características ambientais distintas daquelas sem registros em ambos os biomas, validando nossa hipótese de que áreas não amostradas apresentam diferenças ambientais significativas em relação às já estudadas. Tais diferenças podem indicar condições fora do nicho ocupado pelas espécies, tornando essas regiões inadequadas para a persistência de populações ou clados (Wiens et al. 2010). Contudo, essas áreas ainda podem abrigar espécies adaptadas a condições específicas, representando potenciais locais para novos inventários, especialmente considerando o viés amostral em áreas mais distantes de centros urbanos. Esperávamos que regiões com condições ambientais distintas fossem associadas a espécies descritas após 2010. Na Mata Atlântica, isso de fato aconteceu, pois o padrão observado foi que as espécies descritas a partir de 2010 estão sendo registradas em ambientes com características diferentes dos registros anteriores (Fig. 5b). Já no Cerrado, o mesmo padrão não foi observado, não havendo diferença entre os dois grupos (Fig 5a).

Uma possível explicação para o padrão observado na Mata Atlântica relativo à ocorrência de novas espécies é que esse bioma possui, principalmente, formações florestais complexas, densas e fechadas, com uma maior diversidade potencial de microhabitatdisponíveis, ocasionando em uma maior riqueza local de espécies. Além disso, a Mata Atlântica é o bioma brasileiro mais fragmentado, com uma longa história de exploração que resultou em um mosaico de fragmentos florestais e isolamento de populações (Pardini, 2004). Esse histórico, aliado à proximidade de grandes cidades e centros de pesquisa em uma região densamente povoada, facilitou a logística para realização de inventários e contribuiu para uma amostragem mais eficiente. Por ter sido ocupada mais cedo e já amplamente amostrada, a Mata Atlântica possui áreas remanescentes de vegetação

contínua bem menores que as do Cerrado (Dean, 1996). Na Mata Atlântica, novas espécies tenderiam, portanto, a ocorrer em habitats com características específicas, como regiões de maior altitude, que são mais inacessíveis e desafiadoras para amostragem. É provável que esses locais estejam sendo investigados de forma mais ampla somente em período recente (nos últimos 20 anos), favorecendo a descoberta de espécies adaptadas a condições ambientais distintas daquelas descritas anteriormente.

Esse padrão também é consistente com os resultados encontrados por Amori et al (2013) que identificaram a Serra do Mar, como uma das três regiões de maior riqueza de roedores na América do Sul, acompanhado da margem ocidental da Bacia Amazônica e o Escudo das Guianas. Nossos resultados também apontaram essa região como sendo a que abriga a maior concentração de registros de novas espécies para o bioma. A identificação da Mata Atlântica ao longo da Serra do Mar como um *hotspot* de riqueza para roedores, reforça a importância dessas áreas de altitudes elevadas, que, apesar de apresentarem maior dificuldade de acesso para realização de inventários, ainda abrigam uma alta diversidade de pequenos mamíferos e continuam revelando novas espécies à medida que os esforços de amostragem se intensificam.

Já no Cerrado, que possui remanescentes maiores, e extensas áreas de vegetação contínua, que pode favorecer a dispersão das espécies em um território mais extenso e menos fragmentado com grande variedade de habitats (Strassburg et al. 2017), a identificação de padrões claros de ocupação como os observados na Mata Atlântica é dificultado. É possível também que novas espécies ainda sejam encontradas em locais semelhantes aos já inventariados devido à menor amostragem realizada na região do Cerrado. Considerando sua ocupação recente e menor amostragem, novas espécies continuam a ser descritas nessas áreas. Isso sugere que mesmo em locais com características ambientais similares e que já foram inventariadas ainda existe uma probabilidade expressiva de encontrar novas espécies, dado que, como indicado em nossos resultados, o bioma ainda mantém extensas áreas subamostradas, especialmente nas fronteiras com outros biomas e em zonas de ecótonos pouco acessíveis.

Esta possível subamostragem do Cerrado se reflete na própria ocorrência de espécies novas. Ao analisar a distribuição das espécies descritas desde 2010, encontramos apenas 14 registros para o Cerrado e 38 para a Mata Atlântica. No Cerrado, estes pontos estão dispersos e alguns são adjacentes ou estão em áreas de transição com outros biomas. Estes resultados podem indicar uma falta de levantamentos em áreas de Cerrado ambientalmente distintas de áreas onde há registros de ocorrência de espécies. Já na Mata Atlântica, observamos uma alta concentração de pontos de novos registros na região Sudeste e parte do Sul, com apenas um ponto na Mata Atlântica do Nordeste. Esse resultado pode estar enviesado pela falta de inventários robustos no Nordeste ou pode indicar que a vegetação nessa região esteja muito fragmentada e degradada a ponto de não apresentar mais nichos viáveis para a manutenção de espécies especialistas.

Observamos ainda que, para a Mata Atlântica, nossos resultados não estão em concordância com a teoria do “conservadorismo de nicho”, pela qual espécies próximas tenderiam a ocorrer em áreas ambientalmente similares (Peterson et al., 1999; Wiens & Graham, 2005), uma vez que as novas espécies ocorreram em áreas ambientalmente distintas em relação às espécies descritas anteriormente. Apesar de o conservadorismo de nicho ter grande importância no processo evolutivo, ele pode variar entre grupos e entre regiões, como proposto pela teoria de conservadorismo de nicho tropical de Wiens e Donoghue, (2004). Também é importante ressaltar que o nicho é multidimensional (Hutchinson 1957) e que em certos clados alguns aspectos podem ser conservados enquanto outros se diversificam (Schluter 2000).

Outros estudos também contrariam a visão de que os nichos são conservados, alegando que os nichos são evolutivamente lábeis. Em um estudo realizado sobre preferências de micro-habitat por lagartos *Anolis*, Losos et al. (2003) concluíram que a divergência evolutiva supera o conservadorismo de nicho e que espécies intimamente relacionadas não são mais ecologicamente semelhantes do que o esperado por divergências aleatória, e que algumas espécies distorcidas relacionadas são ecologicamente semelhantes, levando a uma comunidade em que a relação entre similaridade ecológica e parentesco filogenético seria muito fraca.. Esse trabalho fornece um

contexto teórico que pode ser aplicado à análise de grupos altamente diversificados como os roedores da família Cricetidae, que formam a grande maioria das espécies descritas, a partir de 2010, no Cerrado e na Mata Atlântica.

O nosso estudo indicou que, com exceção de uma espécie de roedor da família Echimyidae e um marsupial didelfídeo, todas as outras espécies descritas a partir de 2010 foram roedores Cricetídeos, pertencentes à subfamília Sigmodontinae (Tabela 1). A representatividade deste grupo em relação ao total de espécies passou de 63% para 75% no Cerrado e de 48% para 84% na Mata Atlântica. Os sigmodontíneos possuem uma ampla distribuição geográfica na região Neotropical, e ocupam desde florestas úmidas na Amazônia até ambientes áridos no Deserto do Atacama (Formoso et al., 2019). Atualmente, o grupo é representado por 86 gêneros vivos e aproximadamente 400 espécies, sendo que 85 gêneros e 381 espécies ocorrem na América do Sul (Musser e Carleton, 2005), constituindo assim o grupo mais diversificado de roedores na região Neotropical.

Acredita-se que a chegada dos sigmodontíneos à América do Sul tenha ocorrido por dispersão transoceânica, possivelmente por meio de uma ou poucas linhagens oriundas da América Central, antes do fechamento do Istmo do Panamá, que ocorreu há ~2.8 milhões de anos (Leite et al., 2014). Essa história evolutiva, associada à alta taxa de diversificação, resultou em um grupo altamente adaptável, capaz de ocupar uma ampla gama de nichos ecológicos (Maestri et al. 2017). Considerando a sua enorme diversidade e plasticidade ecológica, os cricetídeos também não apresentam apresentar conservadorismo de nicho, já que o grupo demonstrou grande capacidade em explorar novas condições ambientais, e se adaptou a diferentes contextos ecológicos ao longo do tempo.

O aumento na proporção de novas espécies de cricetídeos após 2010, em ambos os biomas (Tabela S1), sugere maior plasticidade ecológica do grupo, refletida no aumento do número de novas descobertas dentro dessa família. Esse padrão pode também estar relacionado ao aumento das áreas de amostragem nos últimos anos, permitindo que espécies anteriormente não detectadas

fossem registradas. Essa expansão das áreas de inventário pode ter contribuído para que cricetídeos, com ampla distribuição e adaptabilidade, fossem mais frequentemente encontrados e descritos.

Já as famílias Didelphidae e Echimyidae aparentam estar próximas de uma estabilização, com menor representatividade de novas espécies descritas após 2010 em ambos os biomas. Estas duas outras famílias são grupos menos especiosos em relação aos sigmodontíneos (com cerca de 90-100 espécies cada um) e mais antigos na América do Sul, onde se originaram há pelo menos 70–80 milhões de anos (didelfídeos) e 40-50 milhões de anos (equimiídeos) (Jansa et al. 2014; Fabre et al. 2016, Simpson 1980). Esses dois grupos possivelmente apresentam um maior conservadorismo de nicho em relação aos cricetídeos, com uma menor capacidade de colonizar ambientes novos distintos dos que já ocupavam.

Os resultados observados para a Mata Atlântica também são consistentes com os obtidos por Aguiar et al. (2020) para morcegos, que utilizaram a mesma metodologia e incluíram nas análises todo o território brasileiro. Nesse estudo, foi utilizada uma base de dados com 8110 registros, resultando em 1531 localidades únicas, considerando um buffer de 10 km. Esses autores também encontraram uma sobreposição significativa de áreas prioritárias para conservação com regiões onde houve descobertas recentes de novas espécies de morcegos. A diferença observada no Cerrado para pequenos mamíferos em comparação com os dados existentes para morcegos pode estar relacionada à menor quantidade de inventários realizados nesse bioma, uma vez que a maior parte dos estudos relacionados ao grupo tem se concentrado na Mata Atlântica. Isso é evidenciado pela discrepância no número de estudos incluídos nos conjuntos de dados utilizados nesse estudo: enquanto Bovendorp et al. (2017) compilou dados de 136 estudos sobre pequenos mamíferos não-voadores na Mata Atlântica, Mendonça et al. (2018) reuniu 96 estudos para o Cerrado, respectivamente.

Além disso os quirópteros e os pequenos mamíferos não voadores apresentam diferenças marcantes na forma de utilização do ambiente, bem como em sua capacidade de dispersão e deslocamento, que podem levar a diferenças nos padrões de ocorrência das espécies de cada grupo.

Os morcegos exploram o ambiente de uma forma tridimensional sem muitas barreiras que impeçam sua capacidade de dispersão e deslocamento, podendo se deslocar mais facilmente pela matriz antropogênica enquanto exploram diferentes habitats (Bernard e Fenton 2003; Heithaus e Fleming 1978). Além disso, devido a sua capacidade de voo, algumas espécies podem alcançar grandes distâncias conectando-se com diferentes populações que de outra forma estariam isoladas. (Norquay et al. 2013). Por outro lado, os pequenos mamíferos não voadores apresentam uma movimentação mais restrita ocupando áreas de vida relativamente pequenas e em geral com uma menor capacidade de dispersão (Paglia et al 2012) embora algumas espécies possam se deslocar pelo dossel (Hannibal e Caceres 2010), isso os torna mais dependente da continuidade dos habitats sendo esses animais potencialmente mais prejudicados pela fragmentação e isolamento populacional (Pardini 2004; Paise, Vieira, e Prado 2020).

Ao cruzar o mapa de similaridade ambiental com o Índice de Pegada Humana, pudemos identificar áreas sob forte pressão antrópica que devem ser priorizadas temporalmente devido ao seu alto nível de ameaça e perda de espécies. Para este fim, utilizamos os dados do projeto *Human Footprint*, uma métrica que quantifica o impacto das atividades humanas sobre o ambiente natural, combinando combina diversos fatores, como densidade populacional, infraestrutura (estradas, ferrovias, etc.), uso do solo (agricultura, urbanização), e outros indicadores de presença humana, para fornecer uma avaliação espacial do grau de pressão antrópica sobre o meio ambiente (Sanderson et al. 2002).

Identificamos que grande parte do norte do Cerrado e algumas regiões da Mata Atlântica requerem atenção imediata (Fig. 6a e 6b). A degradação ambiental gerada por ações humanas, como o desmatamento, tem afetado de maneira desigual diferentes biomas brasileiros, sendo o Cerrado e a Mata Atlântica especialmente vulneráveis (Klink e Machado 2005; Myers et al. 2000).

As áreas identificadas com alta prioridade temporal correspondem a locais onde a pressão antropogênica é significativamente elevada e a similaridade ambiental é alta, indicando maior potencial para ocorrência de pequenos mamíferos não-voadores. Essas regiões, principalmente

situadas em zonas de transição (ecótonos), enfrentam desafios adicionais devido à degradação do habitat e à intensificação das atividades humanas (Luza et al 2016).

Por outro lado, áreas classificadas com baixa prioridade temporal apresentaram menor pressão humana e menor similaridade ambiental, sugerindo uma menor urgência imediata para inventários, mas, ainda assim, importantes para a realização de estudos de longo prazo, reforçando a importância de uma abordagem estratégica para conservação que considere tanto a vulnerabilidade dos ecossistemas quanto a ação antrópica, direcionando esforços de conservação para regiões onde os riscos de perda de biodiversidade são mais iminentes e significativos (Margules e Pressey 2000; Aguiar et al 2020).

Ao considerar a pressão humana sobre os ecossistemas, sugerimos que algumas regiões recebam atenção urgente. No Cerrado, as principais prioridades estão concentradas em sua maioria na porção norte. Essa região ainda possui menor ocupação humana e menos registros, com diferenças ambientais significativas e regiões de transição, com a Amazônia e a Caatinga, atualmente sob forte pressão de desmatamento (Fig. 6a). Para a Mata Atlântica, as áreas mais urgentes para inventários estão concentradas no sul da Bahia e norte do Espírito Santo bem como na porção oeste da região Sul (Fig. 6b).

Nossa metodologia combinou modelagem ecológica com análise de impacto humano, oferecendo uma estratégia sistemática e robusta para identificar áreas prioritárias para inventários de biodiversidade. Ao otimizar a alocação de recursos em estratégias de conservação, nosso estudo contribui significativamente para ações de conservação e proteção de biomas ameaçados como o Cerrado e Mata Atlântica. Nossos achados ressaltam não apenas a importância de ampliar inventários biológicos em regiões pouco amostradas, mas também a relevância de considerar o impacto humano ao planejar estratégias eficazes de conservação e gestão dos recursos naturais.

Implicações para a Conservação

Os resultados deste trabalho podem contribuir para o planejamento da conservação ao definir áreas inexploradas e biodiversas que podem complementar as unidades de conservação (UCs) já existentes, a fim de proteger uma gama mais ampla de condições ecológicas. A principal finalidade dessas UCs é promover a sobrevivência a longo prazo das espécies e outros elementos da biodiversidade, mantendo populações estáveis e garantindo o funcionamento de processos naturais. Porém, a prática de planejamento da conservação nem sempre tem sido sistemática e muitas vezes novas unidades de conservação são estabelecidas em locais que não contribuem para a representação total da biodiversidade ou sua área é demasiado pequena para evitar a extinção de muitas espécies a longo prazo (Margules e Pressey 2000).

Embora os biomas Cerrado e Mata Atlântica possuam grande relevância ecológica e cubram uma vasta área do país, abrangendo uma ampla diversidade de ecossistemas únicos, as regiões protegidas por unidades de conservação federais ainda são insuficientes. O Cerrado por exemplo, mesmo sendo o segundo maior bioma da América do Sul têm a menor porcentagem de áreas sobre proteção integral, contando com apenas 8,21 % de seu território legalmente protegido por unidades de conservação (Brasil, 2024). Além disso, muitas das áreas protegidas são escolhidas com base em critérios que priorizam sua beleza cênica, o que, embora importante, nem sempre reflete a diversidade biológica que precisa ser preservada (Margules e Pressey ,2000). Como resultado, vastas regiões ricas em biodiversidade permanecem desprotegidas. Algumas destas, foram indicadas pelo presente estudo como potencialmente relevantes para a biodiversidade de pequenos mamíferos, como as zonas de transição entre o Cerrado e a Amazônia (zonas de ecótono extremamente ricas) em biodiversidade. Da mesma forma, na Mata Atlântica, mesmo considerada um patrimônio nacional com uma grande importância para o Brasil, na qual vivem 120 milhões de brasileiros e onde são gerados cerca de 70% do PIB brasileiro, conta com apenas 9,5 % do seu território protegido por unidades de conservação de proteção integral (Brasil, 2024).

Os resultados obtidos em nossa análise também podem ser utilizados para direcionar políticas públicas de conservação. Além disso ao cruzar os modelos de similaridade ambiental com

um Índice de Pegada Humana, é possível priorizar áreas que além de serem ambientalmente complementares, também estão sob forte pressão antrópica. Essas áreas com alta pegada humana são consideradas de alta prioridade para inventários e ações de conservação, pois estão mais vulneráveis à degradação acelerada e perda de espécies. A figura 7 apresenta uma classificação das áreas prioritárias para conservação nos biomas Cerrado e Mata Atlântica, baseada na integração entre a similaridade ambiental e o impacto humano. Essa abordagem permite identificar zonas que demandam ações imediatas devido à elevada pressão antrópica, bem como regiões de alta relevância ecológica que, apesar de menos ameaçadas, merecem atenção para garantir a representatividade da biodiversidade. A categorização detalhada ilustra como as características ambientais e o impacto humano influenciam a alocação de esforços para inventários e conservação.



Fig 7: Classificação das áreas prioritárias para conservação nos biomas Cerrado e Mata Atlântica, baseada na integração entre a similaridade ambiental e o impacto humano.

Ao integrar essas duas abordagens (similaridade ambiental e pressão humana), nossa metodologia permite que os recursos (financeiros, humanos e tempo) sejam direcionados de maneira mais eficiente para áreas que oferecem maior retorno em termos de conservação da biodiversidade, considerando tanto a necessidade de inventariar a riqueza biológica quanto a urgência de intervenção devido às pressões humanas. Identificar áreas ambientalmente diferentes sob alta pressão antrópica, como as descritas neste trabalho, é de extrema importância, dada a rápida degradação que esses ambientes estão sofrendo. Um estudo recente conduzido por Vieira et al (2021) avaliando a degradação do solo na região do Matopiba, uma das áreas consideradas como prioritária de acordo com os nossos resultados, utilizou sensoriamento remoto e “*machine learning*” e indicou que, até 2050, a região poderá perder aproximadamente 120.000 km² de vegetação natural para uso antrópico. A fragmentação de habitats e a perda de biodiversidade nos ecossistemas terrestres estão em avanço constante e podem se agravar nas próximas décadas. As atividades humanas ainda são a principal causa da perda de habitat, fragmentação e extinção de espécies, mas espera-se que as mudanças climáticas tenham um papel igual ou ainda mais importante, em um futuro próximo (Formoso et al. 2019).

Em um estudo realizado por Loyola et al (2012), os autores demonstraram uma perda significativa de condições climáticas para a ocorrência de marsupiais até 2050. Em seu estudo, os autores modelaram a provável distribuição de 55 espécies de marsupiais no Brasil, utilizando modelos de distribuição de espécies, e constataram que a maioria das espécies analisadas deverá perder áreas climáticas adequadas dentro de suas distribuições atuais. O estudo destaca ainda a importância de integrar análises de mudança no uso do solo e monitoramento contínuo como uma ferramenta eficiente para maximizar a eficiência de ações de conservação. Assim como em nosso trabalho, o estudo evidencia que a fragmentação de habitats e as mudanças no uso do solo, causadas pelas atividades humanas exercem forte influência na distribuição e sobrevivência das espécies, ressaltando a necessidade de criar e ampliar áreas protegidas.

As regiões identificadas em nosso estudo possuem características únicas que, diante das mudanças climáticas e da expansão agrícola, podem servir como refúgios para diversos táxons, promovendo a resiliência dos ecossistemas. Ao conservar os pequenos mamíferos não-voadores e suas interações ecológicas com outros componentes das comunidades biológicas estamos atuando na estabilização de áreas relevantes ecologicamente nos biomas Cerrado e Mata Atlântica. A proteção dessas áreas não beneficia apenas esse táxon mas pode promover um verdadeiro efeito cascata que beneficia diversas espécies de plantas e outros animais que compartilham o mesmo habitat e as mesmas necessidades ecológicas, promovendo assim uma maior adaptação a condições ambientais mutáveis enquanto mantém a diversidade genética e funcional de espécies que podem ser fundamentais para a adaptação de toda a comunidade frente a novos desafios ambientais (Kinzig et al. 2006; Vieira et al. 2021).

Considerações Finais

A conservação da biodiversidade é um dos maiores desafios para o futuro uma vez que as atividades humanas têm causado uma crise de biodiversidade sem precedentes com taxas de extinção até 1000 vezes maiores que as registradas naturalmente, ao mesmo tempo que diminui a capacidade de sustentação de serviços ecológicos da qual a própria humanidade depende (Brooks et al. 2006). Os pequenos mamíferos não-voadores podem atuar como bioindicadores importantes da saúde dos ecossistemas. Ao garantir a sua conservação, o estudo contribui para a manutenção da estrutura e da funcionalidade dos ecossistemas, o que é essencial para a sobrevivência de outros organismos (Paglia et al 2012).

A metodologia aplicada neste trabalho utilizou o conceito de complementaridade ambiental, para a seleção de áreas que possam maximizar a representação da biodiversidade e minimizar lacunas críticas no conhecimento, principalmente aquelas relacionadas a distribuição (Déficit de Wallace) e Taxonomia (Déficit de Linnaeus) relacionadas a pequenos mamíferos não-voadores em

dois *hotspots* globais de biodiversidade, o Cerrado e a Mata Atlântica, ao mesmo tempo que prioriza áreas sob maior risco de degradação, ao combinar mapas de similaridade ambiental com um índice de pegada humana.

Nossos resultados corroboraram parcialmente nossa primeira hipótese: áreas não amostradas em ambos os biomas apresentaram diferenças ambientais significativas em relação às já estudadas, sugerindo potenciais regiões para novas descobertas. Entretanto, a segunda hipótese, que previa que espécies descritas após 2010 tenderiam a ocorrer em áreas ambientalmente distintas, foi confirmada apenas para a Mata Atlântica, indicando dinâmicas diferenciadas de ocupação entre os biomas. Esses resultados evidenciam a importância de estratégias específicas para cada bioma.

Nossa metodologia demonstrou que, ao integrar mapas de similaridade ambiental e índices de pegada humana, é possível priorizar áreas críticas para conservação, ampliando a representatividade ecológica. Apesar disso, ressaltamos limitações no uso de dados bioclimáticos em escala ampla, que podem não captar microhabitats únicos, e na representatividade amostral limitada, que ainda reflete vieses históricos nos esforços de coleta. Além disso precisamos determinar a quantidade necessária de dados que melhor se adéquem ao modelo utilizado, bem como selecionar modelos mais adequados entre as diversas opções disponíveis. Para estudos desse tipo uma grande quantidade de registros é recomendada uma vez que à medida que o número de registros aumenta, a capacidade do modelo em capturar padrões ecológicos e ambientais relevantes também é aprimorada. No entanto, embora trabalhar com amostras grandes seja o ideal, também é possível alcançar resultados confiáveis com amostras menores, desde que os modelos sejam adequadamente calibrados e interpretados (Stockwell e Peterson 2000).

Recomendamos a expansão das análises para outros biomas brasileiros e grupos taxonômicos, uma vez que a maioria dos dados disponíveis ainda se restringe a poucos táxons, principalmente vertebrados e plantas vasculares, que apesar de sua grande importância ainda representam uma fração muito pequena da biodiversidade global (Brooks et al. 2004), permitindo uma visão mais abrangente da biodiversidade. A aplicação de abordagens colaborativas, envolvendo

museus, instituições de pesquisa e especialistas, é essencial para integrar dados taxonômicos e genômicos, promovendo inventários mais robustos e alinhados às demandas da conservação (Lessa et al 2014).

Essa abordagem integrada aplicada em nosso trabalho é fundamental para desenvolver políticas eficazes e sustentáveis de conservação, para biomas em estados críticos como o Cerrado e a Mata Atlântica. Esse trabalho, portanto, não apenas expande o conhecimento sobre a biodiversidade de pequenos mamíferos não-voadores, como oferece uma ferramenta prática para o estabelecimento de políticas públicas e estratégias de conservação mais eficazes e direcionadas.

Referências Bibliográficas

- Abreu, Edson F., Daniel Casali, Rodrigo Costa-Araújo, Guilherme S. T. Garbino, Gustavo S. Libardi, Diogo Loretto, Ana Carolina Loss, et al. 2023. “Lista de Mamíferos do Brasil”. *Zenodo*. <https://doi.org/10.5281/ZENODO.10428436>.
- Abreu-Júnior, Edson Fiedler De, e Alexandre Reis Percequillo. 2019. “Small Mammals of the Estação Ecológica de Bananal, Southeastern Atlantic Forest, Brazil, with Description of a New Species of *Brucepattersonius* (Rodentia, Sigmodontinae)”. *Arquivos de Zoologia* 50 (1): 1–116. <https://doi.org/10.11606/2176-7793/2019.50.01>.
- Aguiar, Ludmilla M. S., Maria João R. Pereira, Marlon Zortéa, e Ricardo B. Machado. 2020. “Where Are the Bats? An Environmental Complementarity Analysis in a Megadiverse Country”. Editado por Orly Razgour. *Diversity and Distributions* 26 (11): 1510–22. <https://doi.org/10.1111/ddi.13137>.
- Amori, Giovanni, Federica Chiozza, Bruce D. Patterson, Carlo Rondinini, Jan Schipper, e Luca Luiselli. 2013. “Species richness and distribution of Neotropical rodents, with conservation implications”. *mammalia* 77 (1): 1–19. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2012-0050>.
- Amori, Giovanni, e Spartaco Gippoliti. 2001. “Identifying Priority Ecoregions for Rodent Conservation at the Genus Level”. *Oryx* 35 (2): 158–65. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3008.2001.00164.x>.
- Bernard, Enrico, e M. Brock Fenton. 2003. “Bat Mobility and Roosts in a Fragmented Landscape in Central Amazonia, Brazil”. *Biotropica* 35 (2): 262–77. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2003.tb00285.x>.

Bini, Luis Mauricio, José Alexandre F. Diniz-Filho, Thiago F. L. V. B. Rangel, Rogério P. Bastos, e Miriam P. Pinto. 2006. "Challenging Wallacean and Linnean Shortfalls: Knowledge Gradients and Conservation Planning in a Biodiversity Hotspot". *Diversity and Distributions* 12 (5): 475–82. <https://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2006.00286.x>.

Bogoni, Juliano A., e Mario Muniz Tagliari. 2021. "Potential Distribution of Piscivores across the Atlantic Forest: From Bats and Marsupials to Large-Bodied Mammals under a Trophic-Guild Viewpoint". *Ecological Informatics* 64 (setembro):101357. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101357>.

Bovendorp, Ricardo S., Nacho Villar, Edson F. De Abreu-Junior, Carolina Bello, André L. Regolin, Alexandre R. Percequillo, e Mauro Galetti. 2017. "Atlantic Small-mammal: A Dataset of Communities of Rodents and Marsupials of the Atlantic Forests of South America". *Ecology* 98 (8): 2226–2226. <https://doi.org/10.1002/ecy.1893>.

Brasil. 2015. First National Report to the Convention on Biological Diversity – Brazil (p. 231). Retrieved from <https://www.cbd.int/doc/world/br/br-nr-05-en.pdf>

Brasil. Decreto nº 11.075, de 19 de maio de 2022. "Estabelece os procedimentos para a elaboração dos Planos Setoriais de Mitigação das Mudanças Climáticas, institui o Sistema Nacional de Redução de Emissões de Gases de Efeito Estufa e altera o Decreto nº 11.003, de 21 de março de 2022." *Diário Oficial da União*, 20 de maio de 2022 .

Brasil. 2024. Ministério do Meio Ambiente e Mudança do Clima. "Cadastro Nacional de Unidades de Conservação." Acesso em 20 de outubro de 2024. <https://cnuc.mma.gov.br>.

Brooks, Thomas M., Gustavo A. B. da Fonseca, e Ana S. L. Rodrigues. 2004. "Protected Areas and Species". *Conservation Biology* 18 (3): 616–18. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2004.01836.x>.

Brooks, T. M., R. A. Mittermeier, G. A. B. Da Fonseca, J. Gerlach, M. Hoffmann, J. F. Lamoreux, C. G. Mittermeier, J. D. Pilgrim, e A. S. L. Rodrigues. 2006. "Global Biodiversity Conservation Priorities". *Science* 313 (5783): 58–61. <https://doi.org/10.1126/science.1127609>.

Cáceres, Nilton Carlos, e Emygdio Leite de Araújo Monteiro-Filho. 2007. "Germination in Seed Species Ingested by Opossums: Implications for Seed Dispersal and Forest Conservation". *Brazilian Archives of Biology and Technology* 50 (6): 921–28. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132007000700002>.

Candelária, Lana Pavão, Nicolas Silva Bosco, Viviane Maria Guedes Layme, Thadeu Sobral-Souza, e Domingos Jesus Rodrigues. 2022. "Spatial Bias in Sampling Small Rodents in the Atlantic Forest: A Landscape and Accessibility Perspective" *Research Square*. Preprint. In Review. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1654418/v1>.

Cardoso Da Silva, José Maria, e John M. Bates. 2002. "Biogeographic Patterns and Conservation in the South American Cerrado: A Tropical Savanna Hotspot". *BioScience* 52 (3): 225. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2002\)052\[0225:BPACIT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2002)052[0225:BPACIT]2.0.CO;2).

Cayuela, L., D. J. Golicher, A. C. Newton, M. Kolb, F. S. de Alburquerque, E. J. M. M. Arets, J. R. M. Alkemade, e A. M. Pérez. 2009. "Species Distribution Modeling in the Tropics:

Problems, Potentialities, and the Role of Biological Data for Effective Species Conservation”. *Tropical Conservation Science* 2 (3): 319–52. <https://doi.org/10.1177/194008290900200304>.

Colli, Guarino R., Jéssica Fenker, Leonardo G. Tedeschi, André F. Barreto-Lima, Tamí Mott, e Síria L.B. Ribeiro. 2016. “In the Depths of Obscurity: Knowledge Gaps and Extinction Risk of Brazilian Worm Lizards (Squamata, Amphisbaenidae)”. *Biological Conservation* 204 (dezembro):51–62. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.07.033>.

Colombo, Af., e Ca. Joly. 2010. “Brazilian Atlantic Forest Lato Sensu: The Most Ancient Brazilian Forest, and a Biodiversity Hotspot, Is Highly Threatened by Climate Change”. *Brazilian Journal of Biology* 70 (3 suppl): 697–708. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842010000400002>.

Costa, Leonora P. 2003. “The Historical Bridge between the Amazon and the Atlantic Forest of Brazil: A Study of Molecular Phylogeography with Small Mammals”. *Journal of Biogeography* 30 (1): 71–86. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2699.2003.00792.x>.

Costello, Mark J., Robert M. May, e Nigel E. Stork. 2013. “Can We Name Earth’s Species Before They Go Extinct?” *Science* 339 (6118): 413–16. <https://doi.org/10.1126/science.1230318>.

Couto, Maria Socorro D. da Silva, Laerte G. Ferreira, Bryon Richard Hall, Geci José P. Da Silva, e Fanuel N. Garcia. 2011. “Identificação de Áreas Prioritárias para a Conservação da Biodiversidade e Paisagens no Estado de Goiás: Métodos e Cenários no Contexto da Bacia Hidrográfica”. *Revista Brasileira de Cartografia* 62 (2). <https://doi.org/10.14393/rbcv62n2-43673>.

Dalapicolla, Jeronymo, Edson Fiedler Abreu, Joyce Rodrigues do Prado, Elisandra de Almeida Chiquito, Paulo Ricardo de Oliveira Roth, Pamella Gusmão de Góes Brennand, Ana Carolina D’Oliveira Pavan, et al. 2021. “Areas of Endemism of Small Mammals Are Underprotected in the Atlantic Forest”. *Journal of Mammalogy* 102 (5): 1390–1404. <https://doi.org/10.1093/jmammal/gyab073>.

D’Arrigo, Rosana Cristina Pezzi, Maria Lucia Lorini, e Henrique Rajão. 2020. “A Seleção de Áreas para Conservação na Mata Atlântica Brasileira: Revisão dos Estudos Voltados para Priorização Espacial”. *Biodiversidade Brasileira - BioBrasil*, nº 2 (agosto), 36–49. <https://doi.org/10.37002/biobrasil.v10i2.1462>.

Dean, W. 1996. "A ferro e fogo: a história da devastação da Mata Atlântica brasileira". *Livros & Redes*São Paulo, Brazil: Companhia das Letras. <https://doi.org/10.1590/S0104-59701996000300014>.

De Camargo, Nícholas F., Guilherme G. Dos Reis, André F. Mendonça, Raúl A. Laumann, Gabriela B. Nardoto, Amabílio J. A. De Camargo, e Emerson M. Vieira. 2022. Native Marsupial Acts as an in Situ Biological Control Agent of the Main Soybean Pest (*Euschistus Heros*) in the Neotropics”. *European Journal of Wildlife Research* 68 (5): 62. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01609-3>.

De Castro Evaldt, Bruno Henrique, Yuri Luiz Reis Leite, e Ana Carolina Loss. 2024. “Climate Change Impact on Small Mammals from Two Neotropical Hotspots”. *Biological Journal of the Linnean Society*, fevereiro, blae014. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blae014>.

De Oliveira Santos, Fernando, Bernardo Rodrigues Teixeira, José Luis Passos Cordeiro, Rute Hilário Albuquerque De Sousa, Camila Dos Santos Lucio, Pablo Rodrigues Gonçalves, Hudson Lemos, et al. 2018. "Expansion of the Range of Necromys Lasiurus (Lund, 1841) into Open Areas of the Atlantic Forest Biome in Rio de Janeiro State, Brazil, and the Role of the Species as a Host of the Hantavirus". *Acta Tropica* 188 (dezembro):195–205. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.08.026>.

Diniz-Filho, José Alexandre Felizola, Guilherme de Oliveira, Fábio Lobo, Laerte Guimarães Ferreira, Luis Mauricio Bini, e Thiago Fernando Lopes Valle Brito Rangel. 2009. "Agriculture, Habitat Loss and Spatial Patterns of Human Occupation in a Biodiversity Hotspot". *Scientia Agricola* 66 (6): 764–71. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162009000600007>.

Elith, Jane, Catherine H. Graham, Robert P. Anderson, Miroslav Dudík, Simon Ferrier, Antoine Guisan, Robert J. Hijmans, et al. 2006. "Novel Methods Improve Prediction of Species' Distributions from Occurrence Data". *Ecography* 29 (2): 129–51. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x>.

Fabre, Pierre-Henri, James L. Patton, and Yuri L. R. Leite. 2016. "Family Echimyidae (Hutias, South American Spiny-Rats and Coypu)." In *Handbook of the Mammals of the World. Vol. 6. Lagomorphs and Rodents I*, edited by Don E. Wilson, Thomas E. Lacher Jr., and Russell A. Mittermeier, 552–641. Barcelona: Lynx Edicions. ISBN 978-84-941892-3-4.

Figueiredo, Valquiria Vilalba, Nicolay Leme Da Cunha, Alessandro Ribeiro De Moraes, Levi Carina Terribile, e Wellington Hannibal. 2021. "The Importance of Sampling Methods and Landscape Variation on Explaining Small Mammal Communities in a Neotropical Ecotone Region". *Mammal Research* 66 (2): 301–12. <https://doi.org/10.1007/s13364-021-00558-7>.

Fonseca, Carlos Roberto, e Eduardo Martins Venticinque. 2018. "Biodiversity Conservation Gaps in Brazil: A role for systematic conservation planning". *Perspectives in Ecology and Conservation* 16 (2): 61–67. <https://doi.org/10.1016/j.pecon.2018.03.001>.

Fleming, Patricia A., e Philip W. Bateman. 2016. "The Good, the Bad, and the Ugly: Which Australian Terrestrial Mammal Species Attract Most Research?" *Mammal Review* 46 (4): 241–54. <https://doi.org/10.1111/mam.12066>.

Formoso, Anahí, e Pablo Teta. 2019. "Richness, endemism and Conservation of Sigmodontine Rodents in Argentina". *Mastozoología Neotropical* 26 (1): 99–116. <https://doi.org/10.31687/saremMN.19.26.1.0.17>.

Fourcade, Yoan. 2016. "Comparing Species Distributions Modelled from Occurrence Data and from Expert-Based Range Maps. Implication for Predicting Range Shifts with Climate Change". *Ecological Informatics* 36 (novembro):8–14. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2016.09.002>.

Françoso, Renata D., Kyle G. Dexter, Ricardo B. Machado, R. Toby Pennington, José R. R. Pinto, Reuber A. Brandão, e James A. Ratter. 2019. "Delimiting Floristic Biogeographic Districts in the Cerrado and Assessing Their Conservation Status". *Biodiversity and Conservation* 29 (5): 1477–1500. <https://doi.org/10.1007/s10531-019-01819-3>.

Françoso, Renata D., Reuber Brandão, Cristiano C. Nogueira, Yuri B. Salmona, Ricardo Bomfim Machado, e Guarino R. Colli. 2015. "Habitat Loss and the Effectiveness of Protected Areas

in the Cerrado Biodiversity Hotspot". *Natureza & Conservação* 13 (1): 35–40. <https://doi.org/10.1016/j.ncon.2015.04.001>.

Graham, C, S Ferrier, F Huettman, C Moritz, e A Peterson. 2004. "New Developments in Museum-Based Informatics and Applications in Biodiversity Analysis". *Trends in Ecology & Evolution* 19 (9): 497–503. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2004.07.006>.

Grazzini, Guilherme, Fernanda Gatto-Almeida, e Liliani M. Tiepolo. 2021. "Small Mammals from the Lasting Fragments of Araucaria Forest in Southern Brazil: A Study about Richness and Diversity". *Iheringia. Série Zoologia* 111:e2021015. <https://doi.org/10.1590/1678-4766e2021015>.

Grelle, Carlos Eduardo Viveiros, Maria Lucia Lorini, e Míriam Plaza Pinto. 2010. "Reserve Selection Based on Vegetation in the Brazilian Atlantic Forest". *Natureza & Conservação* 08 (01): 46–53. <https://doi.org/10.4322/natcon.00801007>.

Hannibal, Wellington, e Nilton C. Caceres. 2010. "Use of Vertical Space by Small Mammals in Gallery Forest and Woodland Savannah in South-Western Brazil". *Mammalia* 74 (3): 247–55. <https://doi.org/10.1515/mamm.2010.007>

Heithaus, E. Raymond, e Theodore H. Fleming. 1978. "Foraging Movements of a Frugivorous Bat, *Carollia Perspicillata* (Phyllostomatidae)". *Ecological Monographs* 48 (2): 127–43. <https://doi.org/10.2307/2937296>.

Helmus, Matthew R., Wendel (Bill) Keller, Michael J. Paterson, Norman D. Yan, Charles H. Cannon, e James A. Rusak. 2010. "Communities Contain Closely Related Species during Ecosystem Disturbance". *Ecology Letters* 13 (2): 162–74. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2009.01411.x>.

Hidasi-Neto, José, Daiany Caroline Joner, Fernando Resende, Lara De Macedo Monteiro, Frederico Valtuille Faleiro, Rafael Dias Loyola, e Marcus Vinicius Cianciaruso. 2019. "Climate Change Will Drive Mammal Species Loss and Biotic Homogenization in the Cerrado Biodiversity Hotspot". *Perspectives in Ecology and Conservation* 17 (2): 57–63. <https://doi.org/10.1016/j.pecon.2019.02.001>.

Hijmans RJ, Guarino L, Cruz M, Rojas E. 2002. "Computer tools for spatial analysis of plant genetic resource data: 1. DIVA-GIS". Plant Genetic Resources Newsletter 127:15–19

Hijmans, Robert J., Susan E. Cameron, Juan L. Parra, Peter G. Jones, and Andy Jarvis. 2005. "Very High Resolution Interpolated Climate Surfaces for Global Land Areas." *International Journal of Climatology* 25 (15): 1965–1978. <https://doi.org/10.1002/joc.1276>.

Hijmans, Robert J. 2023. "Raster, Package R." *Geographic Data Analysis and Modeling*. R package version 3.6-26. Available at: <https://rspatial.org/raster/>.

Holland, M., Risser, P., and Naiman, R. 1991. "Ecotones". *Chapman & Hall*, New York.

Hortal, Joaquín, Francisco de Bello, Jonathan A. F. Diniz-Filho, T. Michael Blackburn, José Alexandre F. Diniz, Marcos B. Araújo, Richard J. Ladle, Richard D. Holt, and Catherine

- Rahbek. 2015. "Seven Shortfalls that Beset Large-Scale Knowledge of Biodiversity." *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 46: 523-549. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-112414-054400>.
- Hortal, Joaquín, Alberto Jiménez-Valverde, José F. Gómez, Jorge M. Lobo, e Andrés Baselga. 2008. "Historical Bias in Biodiversity Inventories Affects the Observed Environmental Niche of the Species". *Oikos* 117 (6): 847–58. <https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2008.16434.x>.
- Hutchinson GE. 1957. "A Treatise on Limnology". *Wiley & Sons*. New York: 1015 pp.
- IBGE, 2019. "Biomas e sistema costeiro-marinho do Brasil : compatível com a escala 1:250 000 , Coordenação de Recursos Naturais e Estudos Ambientais". - Rio de Janeiro. 168 p. - *Relatórios metodológicos*, ISSN 0101-2843 ; v. 45.
- IUCN 2022. s.d. "The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2022-2." Acessado em 22 de dezembro de 2023. <https://www.iucnredlist.org>.
- Jansa, S. A., F. K. Barker, and R. S. Voss. 2014. "The Early Diversification History of Didelphid Marsupials: A Window into South America's 'Splendid Isolation'." *Evolution* 68, no. 3: 684–695. <https://doi.org/10.1111/evo.12290>.
- Klink, Carlos A., and A. G. Moreira. 2002. "Past and Current Human Occupation, and Land Use." In *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*, edited by P. S. Oliveira and R. J. Marquis, 69–88. New York: Columbia University Press. .
- Klink, Carlos A., e Ricardo B. Machado. 2005. "Conservation of the Brazilian Cerrado". *Conservation Biology* 19 (3): 707–13. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00702.x>.
- Kolasa, Jurek, e Maciej Zalewski. 1995. "Notes on Ecotone Attributes and Functions". Em *The Importance of Aquatic-Terrestrial Ecotones for Freshwater Fish*, editado por F. Schiemer, M. Zalewski, e J. E. Thorpe, 1–7. Dordrecht: Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-017-3360-1_1.
- Leite, Rafael N., Sergios-Orestis Kolokotronis, Francisca C. Almeida, Fernanda P. Werneck, Duke S. Rogers, e Marcelo Weksler. 2014. "In the Wake of Invasion: Tracing the Historical Biogeography of the South American Cricetid Radiation (Rodentia, Sigmodontinae)". Editado por Roscoe Stanyon. *PLoS ONE* 9 (6): e100687. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0100687>.
- Lessa, Enrique P., Joseph A. Cook, Guillermo D'Elia, e Juan C. Opazo. 2014. "Rodent diversity in South America: transitioning into the genomics era". *Frontiers in Ecology and Evolution* 2 (julho). <https://doi.org/10.3389/fevo.2014.00039>.
- Lessa, Leonardo G., Camilla S. Paula, e Rafael S. Pessoa. 2019. "Food Habits and Endozoochorous Seed Dispersal by Small Rodents (Cricetidae and Echimyidae) in a Riparian Forest in Southeastern Brazil". *Neotropical Biology and Conservation* 14 (3): 349–59. <https://doi.org/10.3897/neotropical.14.e47403>.
- Lobo, Jorge M., Joaquín Hortal, José Luís Yela, Andrés Millán, David Sánchez-Fernández, Emilio García-Roselló, Jacinto González-Dacosta, Juergen Heine, Luís González-Vilas, e Castor Guisande. 2018. "KnowBR: An Application to Map the Geographical Variation of Survey

Effort and Identify Well-Surveyed Areas from Biodiversity Databases". *Ecological Indicators* 91 (8):241–48. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.03.077>.

Loss, Ana Carolina, Marco Aurélio C. Pacheco, Yuri Luiz Reis Leite, Vilacio Caldara-Junior, e Leonardo G. Lessa. 2015. "Range extension and first record of Euryzygomatomys spinosus (Rodentia, Echimyidae) in the Brazilian Cerrado". *Check List* 11 (5): 1742. <https://doi.org/10.15560/11.5.1742>.

Losos, Jonathan B., Manuel Leal, Richard E. Glor, Kevin De Queiroz, Paul E. Hertz, Lourdes Rodríguez Schettino, Ada Chamizo Lara, Todd R. Jackman, e Allan Larson. 2003. "Niche Lability in the Evolution of a Caribbean Lizard Community". *Nature* 424 (6948): 542–45. <https://doi.org/10.1038/nature01814>.

Loyola, Rafael D., Priscila Lemes, Frederico V. Faleiro, Joaquim Trindade-Filho, e Ricardo B. Machado. 2012. "Severe Loss of Suitable Climatic Conditions for Marsupial Species in Brazil: Challenges and Opportunities for Conservation". Editado por David L. Roberts. *PLoS ONE* 7 (9): e46257. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0046257>.

Luza, André Luís, Gislene Lopes Gonçalves, Valério D. Pillar, e Sandra Maria Hartz. 2016. "Processes Related to Habitat Selection, Diversity and Niche Similarity in Assemblages of Non-Volant Small Mammals at Grassland–Forest Ecotones". *Natureza & Conservação* 14 (2): 88–98. <https://doi.org/10.1016/j.ncon.2016.09.003>

Kinzig, Ann P., Paul Ryan, Michel Etienne, Helen Allison, Thomas Elmquist, e Brian H. Walker. 2006. "Resilience and Regime Shifts: Assessing Cascading Effects". *Ecology and Society* 11 (1): art20. <https://doi.org/10.5751/ES-01678-110120>

Kullberg, Peter, Tuuli Toivonen, Federico Montesino Pouzols, Joona Lehtomäki, Enrico Di Minin, e Atte Moilanen. 2015. "Complementarity and Area-Efficiency in the Prioritization of the Global Protected Area Network". Editado por Robert Guralnick. *PLOS ONE* 10 (12): e0145231. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0145231>.

Maestri, Renan, Leandro Rabello Monteiro, Rodrigo Fornel, Nathan S. Upham, Bruce D. Patterson, e Thales Renato Ochotorena Freitas. 2017. "The Ecology of a Continental Evolutionary Radiation: Is the Radiation of Sigmodontine Rodents Adaptive?" *Evolution* 71 (3): 610–32. <https://doi.org/10.1111/evo.13155>.

Malavasi, Marco. 2020. "The Map of Biodiversity Mapping". *Biological Conservation* 252 (12):108843. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108843>.

Margules, C. R., e R. L. Pressey. 2000. "Systematic Conservation Planning". *Nature* 405 (6783): 243–53. <https://doi.org/10.1038/35012251>.

Margules, C. R., e S. Sarkar. 2007. "Systematic Conservation Planning" 1^a ed. Cambridge: Cambridge University Press.

Mendes, Poliana, Santiago José Elías Velazco, André Felipe Alves De Andrade, e Paulo De Marco. 2020. "Dealing with Overprediction in Species Distribution Models: How Adding Distance Constraints Can Improve Model Accuracy". *Ecological Modelling* 431 (setembro):109180. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.109180>.

Mendonça, André, Alexandre R. Percequillo, Nicholas F. Camargo, Juliana F. Ribeiro, Alexandre R. T. Palma, Leonardo C. Oliveira, Edeltrudes M. V. C. Câmara, e Emerson M. Vieira. 2018. “Cerrado Small Mammals: Abundance and Distribution of Marsupials, Lagomorphs, and Rodents in a Neotropical Savanna”. *Ecology* 99 (8): 1900–1900. <https://doi.org/10.1002/ecy.2367>.

Miranda HS, Sato MN, Nascimento WN, Aires FS 2009. Fires in the Cerrado, the Brazilian savanna. In:Cochrane MA (ed) Tropical fire ecology: climate change, land use, and ecosystem dynamics. Springer and Praxis Publishing Ltd, Chichester, UK, pp 427–450

Myers, Norman, Russell A. Mittermeier, Cristina G. Mittermeier, Gustavo A. B. da Fonseca, e Jennifer Kent. 2000. “Biodiversity Hotspots for Conservation Priorities”. *Nature* 403 (6772): 853–58. <https://doi.org/10.1038/35002501>.

Musser, G. M., and M. D. Carleton. 2005. "Superfamily Muroidea." In *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*, edited by D. E. Wilson and D. M. Reeder, 3rd ed., 894–1531. Baltimore, MD: Johns Hopkins University Press.

Nomura, Hitoshi. 1993. “João Moojen de Oliveira (1904-1985)”. *Revista Brasileira de Zoologia* 10 (3): 553–58. <https://doi.org/10.1590/S0101-81751993000300024>.

Norberg A., N. Abrego, F. G. Blanchet, F. R. Adler, B. J. Anderson, J. Anttila, M. B. Araújo, T. Dallas, D. Dunson, J. Elith, S. D. Foster, R. Fox, J. Franklin, W. Godsoe, A. Guisan, B. O’Hara, N. A. Hill, R. D. Holt, F. K. C. Hui, M. Husby, J. A. Kéry, A. Lehikoinen, M. Luoto, H. K. Mod, G. Newell, I. Renner, T. Roslin, J. Soininen, W. Thuiller, J. Vanhatalo, D. Warton, M. White, N. E. Zimmermann, D. Gravel, and O. Ovaskainen. 2019. A comprehensive evaluation of predictive performance of 33 species distribution models at species and community levels. *Ecological Monographs* 89(3):e01370. 10.1002/ecm.1370

Norquay, Kaleigh J. O., Felix Martinez-Nuñez, Jack E. Dubois, Kim M. Monson, e Craig K. R. Willis. 2013. “Long-Distance Movements of Little Brown Bats (Myotis Lucifugus)”. *Journal of Mammalogy* 94 (2): 506–15. <https://doi.org/10.1644/12-MAMM-A-065.1>.

Oliveira, Ubirajara, Adriano Pereira Paglia, Antonio D. Brescovit, Claudio J. B. Carvalho, Daniel Paiva Silva, Daniella T. Rezende, Felipe Sá Fortes Leite, et al. 2016. “The Strong Influence of Collection Bias on Biodiversity Knowledge Shortfalls of Brazilian Terrestrial Biodiversity”. Editado por Jeremy VanDerWal. *Diversity and Distributions* 22 (12): 1232–44. <https://doi.org/10.1111/ddi.12489>.

Oliveira, Ubirajara, Britaldo Silveira Soares-Filho, Adriano Pereira Paglia, Antonio D. Brescovit, Claudio J. B. De Carvalho, Daniel Paiva Silva, Daniella T. Rezende, et al. 2017. “Biodiversity Conservation Gaps in the Brazilian Protected Areas”. *Scientific Reports* 7 (1): 9141. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-08707-2>.

Paglia, Adriano P., Gustavo A. B. da Fonseca, Anthony B. Rylands, Gisela Herrmann, Ludmilla M.S. Aguiar, Adriano G. Chiarello, Yuri L. R. Leite, et al. 2012. “Lista Anotada dos Mamíferos do BrasilAnnotated Checklist of Brazilian Mammals. 2ª Edição *Conservation International* copy.pdf”.

Paise, Gabriela, Emerson M. Vieira, e Paulo Inácio Prado. 2020. “Small Mammals Respond to Extreme Habitat Fragmentation in the Brazilian Atlantic Forest According to the Landscape

- Continuum Model”. *Mammal Research* 65 (2): 309–22. <https://doi.org/10.1007/s13364-019-00464-z>.
- Pardini, Renata. 2004. “Effects of Forest Fragmentation on Small Mammals in an Atlantic Forest Landscape”. *Biodiversity and Conservation* 13 (13): 2567–86. <https://doi.org/10.1023/B:BIOC.0000048452.18878.2d>.
- Pebesma, Edzer. 2018. “Simple Features for R: Standardized Support for Spatial Vector Data”. *The R Journal* 10 (1): 439. <https://doi.org/10.32614/RJ-2018-009>.
- Pena, Simone Almeida, Cláudia Regina Silva, e Thiago Bernardi Vieira. 2024. “Where Are the Small Non-volant Mammals (Didelphimorphia and Rodentia) of the Brazilian Amazon and Who Will Protect Them?” *Research Square*. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3909513/v1>.
- Percequillo, A. R., Gregorin, R., Costa-Araújo, R., Bonvicino, C., Boubli, J., Brennand, P., Carmignotto, A. P., Casali, D., Cherem, J., Chiquito, E. A., Christoff, A., Cozzuol, M., Dalapicolla, J., Duarte, J. M. B., Eizirik, E., Estrela, P., Freitas, T. R. O., Garbino, G. S. T., Gonçalves, P. R., Iack-Ximenes, G. E., Oliveira, M. L., Loss, C., Leite, Y., Moras, L., Moratelli, R., Nascimento, F. O., Nascimento, M. C., Oliveira, J. A., Pardiñas, U., Pavan, A. C., Rossi, R. V., Roth, P. R. de O., Tirelli, F., Vivo, M., Velazco, P., Weksler, M., Marmontel, M., e Pavan, S. 2024. "Mammalia." Em *Catálogo Taxonômico da Fauna do Brasil*. Disponível em: <http://fauna.jbrj.gov.br/fauna/faunadobrasil/64>. Acesso em 26 de novembro de 2024.
- Percequillo, Alexandre R., Jeronymo Dalapicolla, Edson F. Abreu-Júnior, Paulo Ricardo O. Roth, Katia M.P.M.B. Ferraz, e Elisandra A. Chiquito. 2017. “How Many Species of Mammals Are There in Brazil? New Records of Rare Rodents (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) from Amazonia Raise the Current Known Diversity”. *PeerJ* 5 (dezembro):e4071. <https://doi.org/10.7717/peerj.4071>.
- Percequillo, Alexandre R., Marcelo Weksler, e Leonora P. Costa. 2011. “A New Genus and Species of Rodent from the Brazilian Atlantic Forest (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with Comments on Oryzomyine Biogeography: Oryzomyini Phylogeny and Biogeography”. *Zoological Journal of the Linnean Society* 161 (2): 357–90. <https://doi.org/10.1111/j.1096-3642.2010.00643.x>.
- Pereira, Alan Deivid, Juliano André Bogoni, Micaela Heloise Siqueira, Ricardo Siqueira Bovendorp, Ana Paula Vidotto-Magnoni, e Mário Luís Orsi. 2023. “Sampling Biases of Small Non-Volant Mammals (Mammalia: Rodentia and Didelphimorphia) Surveys in Paraná State, Brazil”. *Studies on Neotropical Fauna and Environment* 58 (1): 1–15. <https://doi.org/10.1080/01650521.2021.1891818>.
- Pereira, R. H. M., Gonçalves, C. N., et al. 2023. geobr: Download Official Spatial Data Sets of Brazil. R package version 1.8.1. Available at: <https://github.com/ipeaGIT/geobr>
- Peterson, A. Townsend., Soberón, J., e Sánchez-Cordero, V. 1999. Conservatism of ecological niches in evolutionary time. *Science*, 285(5431), 1265–1267. <https://doi.org/10.1126/science.285.5431.1265>

- Peterson, A. Townsend. 2011. "Ecological Niche Conservatism: A Time-Structured Review of Evidence: Ecological Niche Conservatism". *Journal of Biogeography* 38 (5): 817–27. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2010.02456.x>.
- Peterson, A. Townsend, e Jorge Soberón. 2012. "Species Distribution Modeling and Ecological Niche Modeling: Getting the Concepts Right". *Natureza & Conservação* 10 (2): 102–7. <https://doi.org/10.4322/natcon.2012.019>.
- Pimenta, Mayra, André Felipe Alves De Andrade, Fernando Hiago Souza Fernandes, Mayra Pereira De Melo Amboni, Renata Silva Almeida, Ana Hermínia Simões De Bello Soares, Guth Berger Falcon, Daniel Santana Lorenzo Raíces, e Paulo De Marco Júnior. 2022. "One Size Does Not Fit All: Priority Areas for Real World Problems". *Ecological Modelling* 470 (agosto):110013. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2022.110013>.
- Pinto, Israel De Souza, Ana Carolina Covre Loss, Aloísio Falqueto, e Yuri Luiz Reis Leite. 2009. "Pequenos mamíferos não voadores em fragmentos de Mata Atlântica e áreas agrícolas em Viana, Espírito Santo, Brasil". *Biota Neotropica* 9 (3): 355–60. <https://doi.org/10.1590/S1676-06032009000300030>.
- Procheş, Şerban, e Syd Ramdhani. 2013. "Eighty-three Lineages That Took over the World: A First Review of Terrestrial Cosmopolitan Tetrapods". Editado por Malte Ebach. *Journal of Biogeography* 40 (10): 1819–31. <https://doi.org/10.1111/jbi.12125>.
- Ratter, J. 1997. "The Brazilian Cerrado Vegetation and Threats to Its Biodiversity". *Annals of Botany* 80 (3): 223–30. <https://doi.org/10.1006/anbo.1997.0469>.
- Raven, Peter H., e Edward O. Wilson. 1992. "A Fifty-Year Plan for Biodiversity Surveys". *Science* 258 (5085): 1099–1100. <https://doi.org/10.1126/science.258.5085.1099>.
- Ribeiro, J. F., e Walter, B. M. T. 1998. "Fitofisionomias do bioma Cerrado." In *Cerrado: Ambiente e Flora*, editado por S. M. Sano e S. P. Almeida, 89–166. EMBRAPA, Planaltina.
- Ribeiro, Milton Cezar, Jean Paul Metzger, Alexandre Camargo Martensen, Flávio Jorge Ponzoni, e Márcia Makiko Hirota. 2009. "The Brazilian Atlantic Forest: How Much Is Left, and How Is the Remaining Forest Distributed? Implications for Conservation". *Biological Conservation* 142 (6): 1141–53. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.02.021>.
- Sanderson, Eric W., Malanding Jaiteh, Marc A. Levy, Kent H. Redford, Antoinette V. Wannebo, e Gillian Woolmer. 2002. "The Human Footprint and the Last of the Wild". *BioScience* 52 (10): 891. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2002\)052\[0891:THFATL\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2002)052[0891:THFATL]2.0.CO;2).
- Sano, Edson E., Ariane A. Rodrigues, Eder S. Martins, Giovana M. Bettiol, Mercedes M.C. Bustamante, Amanda S. Bezerra, Antônio F. Couto, Vinicius Vasconcelos, Jéssica Schüler, e Edson L. Bolfe. 2019. "Cerrado Ecoregions: A Spatial Framework to Assess and Prioritize Brazilian Savanna Environmental Diversity for Conservation". *Journal of Environmental Management* 232 (fevereiro):818–28. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2018.11.108>.
- Santini, Luca, Ana Benítez-López, Luigi Maiorano, Mirza Čengić, e Mark A. J. Huijbregts. 2021. "Assessing the Reliability of Species Distribution Projections in Climate Change Research". Editado por Yoan Fourcade. *Diversity and Distributions* 27 (6): 1035–50. <https://doi.org/10.1111/ddi.13252>.

- Schlüter, Dolph. 2000. "Ecological Character Displacement in Adaptive Radiation". *The American Naturalist* 156 (S4): S4–16. <https://doi.org/10.1086/303412>.
- Simpson, G. G. 1980. "Splendid Isolation: The Curious History of South American Mammals". Vol. 275. New Haven: Yale University Press.
- Sing, T., O. Sander, N. Beerenwinkel, e T. Lengauer. 2005. "ROCR: Visualizing Classifier Performance in R". *Bioinformatics* 21 (20): 3940–41. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti623>.
- Srivastava, V., V. Lafond, e V. C. Griess. 2019. "Species Distribution Models (SDM): Applications, Benefits and Challenges in Invasive Species Management." *CABI Reviews*, abril, 1–13. <https://doi.org/10.1079/PAVSNNR201914020>.
- Stockwell, David R.B, e A.Townsend Peterson. 2002. "Effects of Sample Size on Accuracy of Species Distribution Models". *Ecological Modelling* 148 (1): 1–13. [https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(01\)00388-X](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(01)00388-X).
- Strassburg, Bernardo B. N., Thomas Brooks, Rafael Feltran-Barbieri, Alvaro Iribarrem, Renato Crouzeilles, Rafael Loyola, Agnieszka E. Latawiec, et al. 2017. "Moment of Truth for the Cerrado Hotspot". *Nature Ecology & Evolution* 1 (4): 0099. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0099>.
- Tennekes, Martijn. 2018. "Tmap : Thematic Maps in R". *Journal of Statistical Software* 84 (6). <https://doi.org/10.18637/jss.v084.i06>.
- Turvey, Samuel T., Rosalind J. Kennerley, Michael A. Hudson, Jose M. Nuñez-Miño, e Richard P. Young. 2020. "Assessing Congruence of Opportunistic Records and Systematic Surveys for Predicting Hispaniolan Mammal Species Distributions". *Ecology and Evolution* 10 (11): 5056–68. <https://doi.org/10.1002/ece3.6258>.
- Vieira, Leandro T.A., Thaís N. Azevedo, Antonio A.J.F. Castro, e Fernando R. Martins. 2022. "Reviewing the Cerrado's Limits, Flora Distribution Patterns, and Conservation Status for Policy Decisions". *Land Use Policy* 115 (abril):106038. <https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2022.106038>.
- Vieira, Rita Marcia da Silva Pinto, Javier Tomasella, Alexandre Augusto Barbosa, Silvia Palotti Polizel, Jean Pierre Henry Balbaud Ometto, Fabrícia Cristina Santos, Yara da Cruz Ferreira, e Peter Mann de Toledo. 2021. "Land degradation mapping in the MATOPIBA region (Brazil) using remote sensing data and decision-tree analysis". *Science of The Total Environment* 782 (8):146900. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146900>.
- Wickham, H., François, R., Henry, L., Muller, K., e Vaughan, D. s.d. "dplyr: A grammar of Data Manipulation". R. <https://github.com/tidyverse/dplyr>, <https://dplyr.tidyverse.org>.
- Wiens, John. J., e Donoghue, M. J. 2004. Historical biogeography, ecology and species richness. *Trends in Ecology and Evolution*, 19(12), 639–644. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2004.09.011>

Wiens, John J., e Catherine H. Graham. 2005. “Niche Conservatism: Integrating Evolution, Ecology, and Conservation Biology”. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 36 (1): 519–39. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.36.102803.095431>.

Wiens, John J., David D. Ackerly, Andrew P. Allen, Brian L. Anacker, Lauren B. Buckley, Howard V. Cornell, Ellen I. Damschen, et al. 2010. “Niche Conservatism as an Emerging Principle in Ecology and Conservation Biology”. *Ecology Letters* 13 (10): 1310–24. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2010.01515.x>.

Material Suplementar

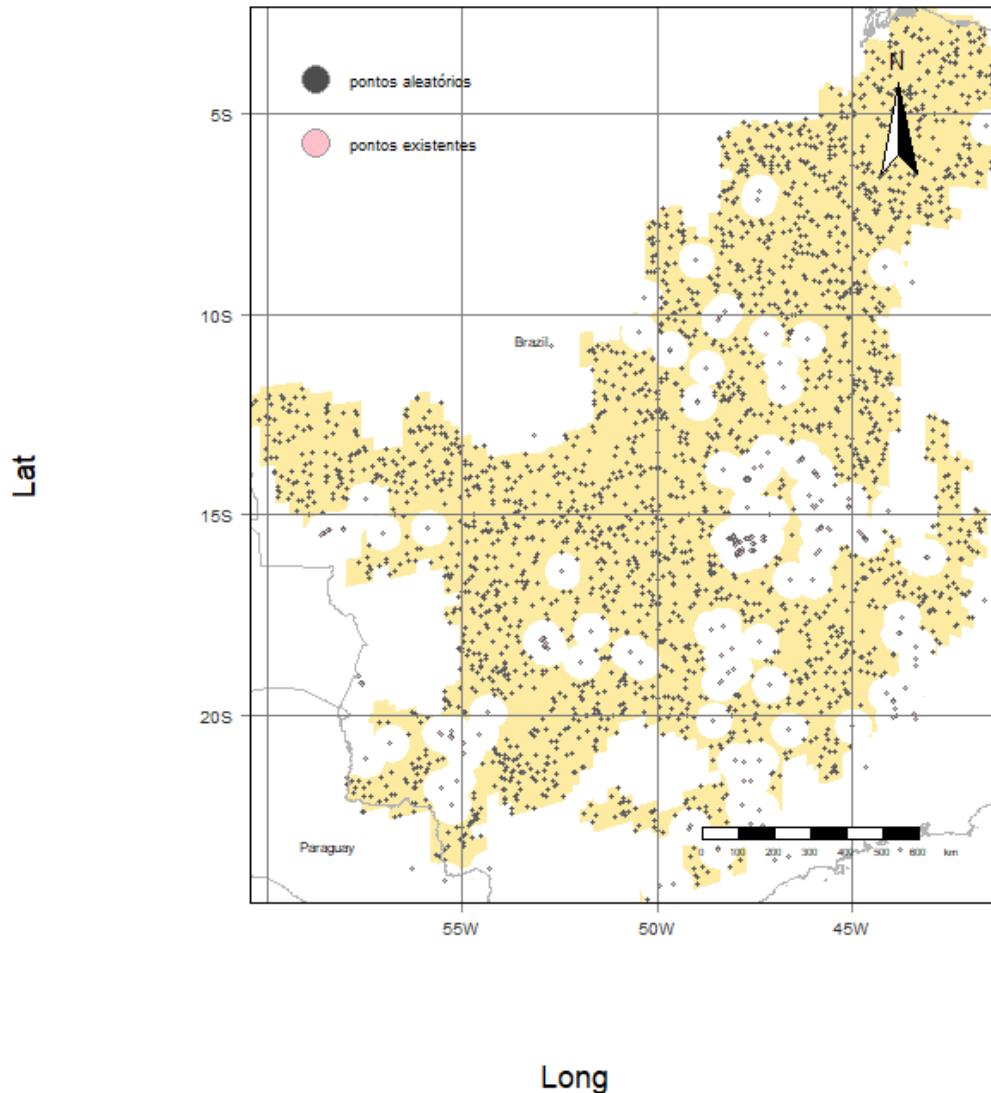


Fig S1: Distribuição dos pontos utilizados para caracterizar a similaridade ambiental relativa de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Cerrado. As regiões amarelas indicam um *buffer* de 50 km ao redor das localidades com registros existentes (pontos rosa). Pontos pretos, selecionados aleatoriamente dentro dessas regiões amarelas (máscara espacial), foram utilizados para comparar as características ambientais das áreas com e sem ocorrências.

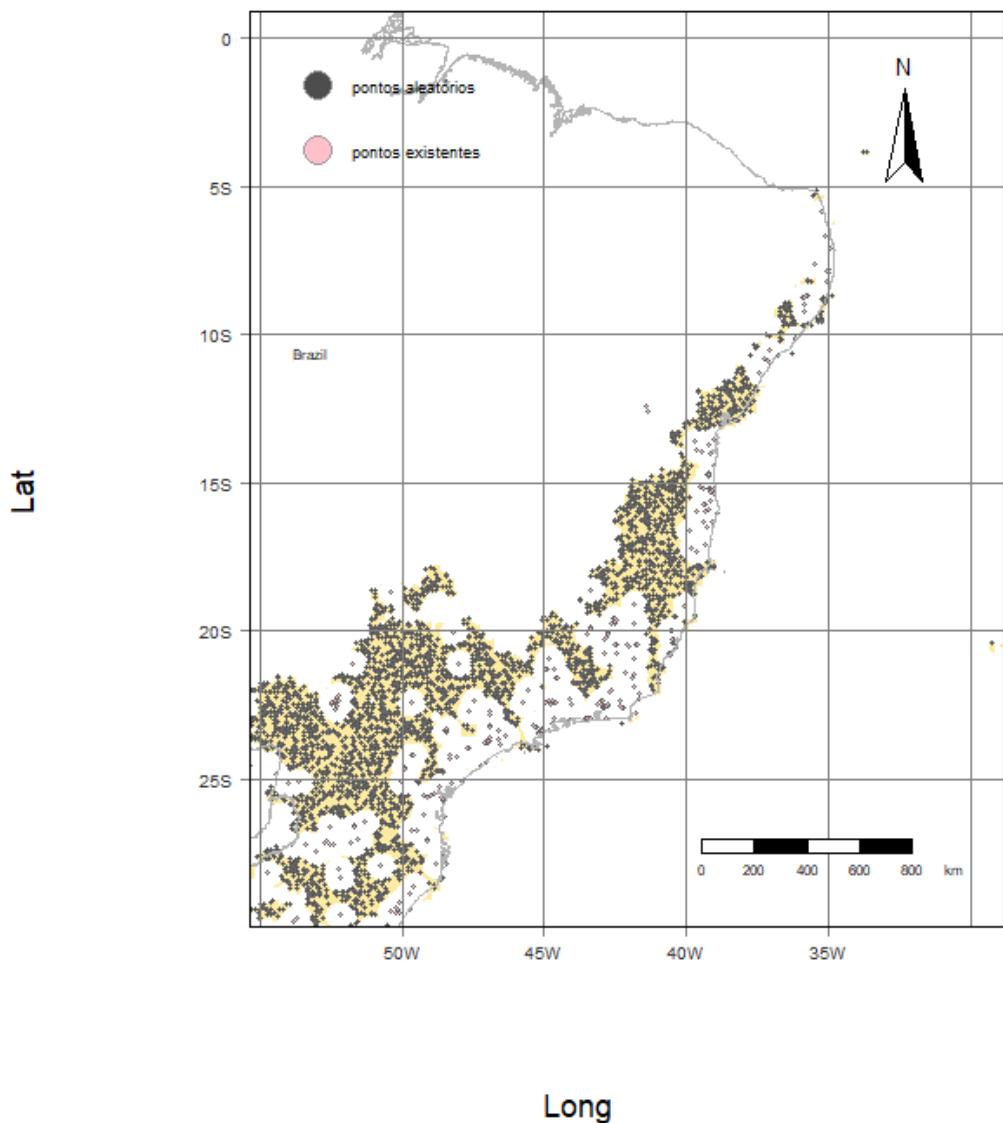


Fig S2: Distribuição dos pontos utilizados para caracterizar a similaridade ambiental relativa de pequenos mamíferos não-voadores no bioma Mata Atlântica. As regiões amarelas indicam um *buffer* de 50 km ao redor das localidades com registros existentes (pontos rosa). Pontos pretos, selecionados aleatoriamente dentro dessas regiões amarelas (máscara espacial), foram utilizados para comparar as características ambientais das áreas com e sem ocorrências.

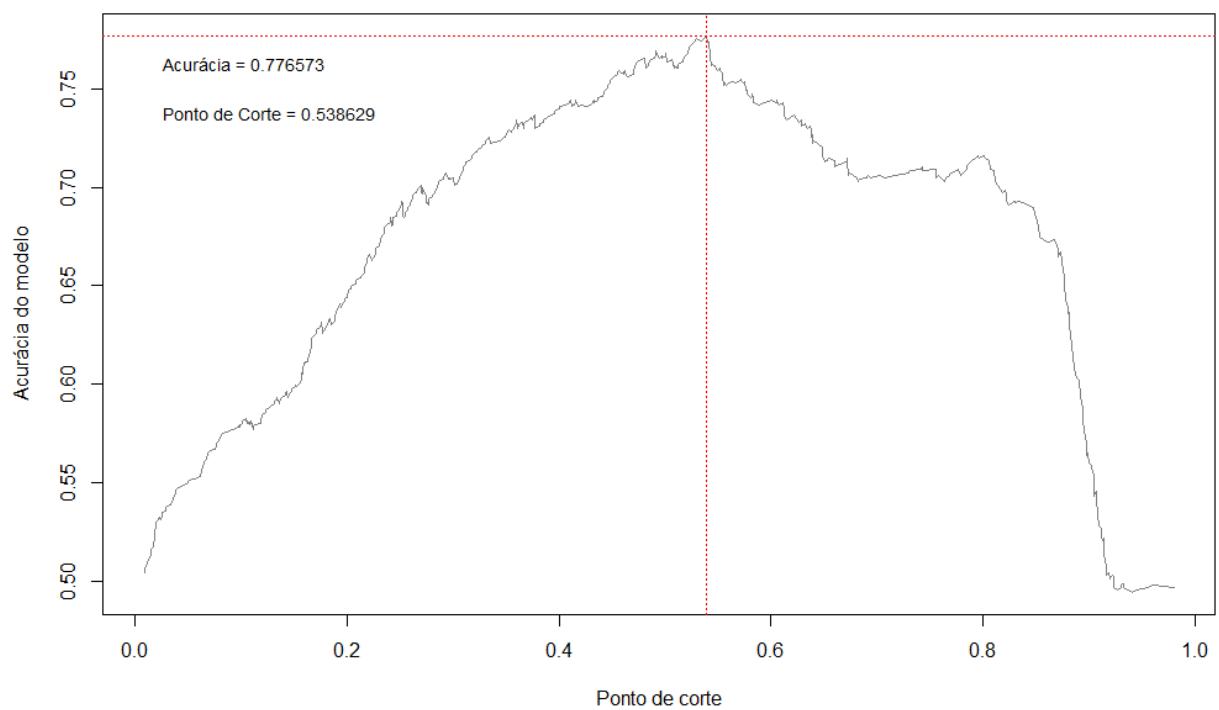


Fig S3: Avaliação da precisão do modelo com base nos valores previstos (derivados de um GLM) para x pontos de teste no bioma Cerrado. A precisão máxima (o pico da curva) ocorre quando a maioria dos pontos é classificada corretamente nos dois grupos (localidades com registros de pequenos mamíferos não-voadores)

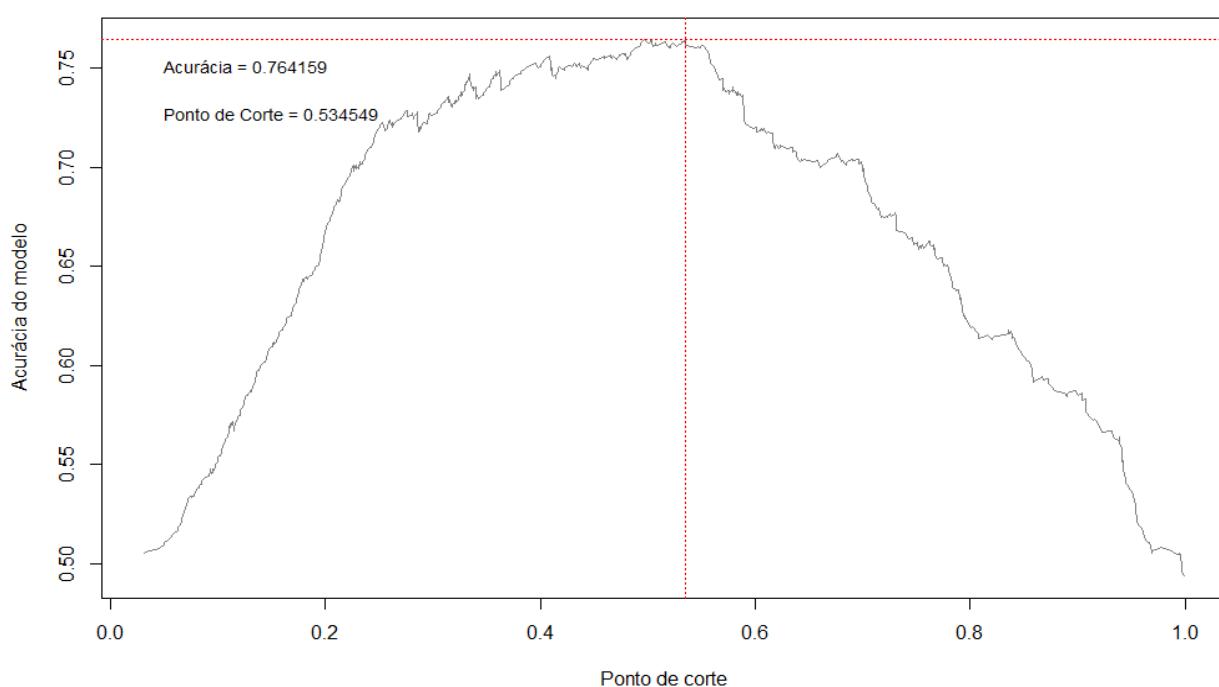


Fig S4: Avaliação da precisão do modelo com base nos valores previstos (derivados de um GLM) para x pontos de teste no bioma Mata Atlântica. A precisão máxima (o pico da curva) ocorre quando a maioria dos pontos é classificada corretamente nos dois grupos (localidades com registros de pequenos mamíferos não-voadores).

Tabela S1: Proporção de registros de famílias de pequenos mamíferos encontradas antes e depois de 2010 nos dois biomas avaliados.

| Família | Cerrado | | Mata Atlântica | |
|-------------|---------------|----------------|----------------|----------------|
| | Antes de 2010 | Depois de 2010 | Antes de 2010 | Depois de 2010 |
| Cricetidae | 63.23 % | 75 % | 47,69% | 84,37% |
| Didelphidae | 26.64 % | 0 % | 33,26% | 15,62% |
| Echymidae | 7.27 % | 25 % | 8,47% | 0% |
| Caviidae | 1,19 % | 0 % | 1,34% | 0% |
| Muridae | 0,99 % | 0 % | 2,32% | 0% |
| Sciuridae | 0 % | 0 % | 0,03% | 0% |
| Leporidae | 0,17 % | 0 % | 0% | 0% |

Tabela S2: Lista de espécies consideradas neste estudo.

| Espécie | Abreu <i>et al.</i> 2023 SBMZ | Espécie descrita a partir de 2010 |
|--|-------------------------------------|--|
| Ordem Didelphimorphia | | |
| Família Didelphidae | | |
| Subfamília Caluromyinae | | |
| <i>Caluromys lanatus</i> (Olfers, 1818) | | 1 |
| <i>Caluromys philander</i> (Linnaeus, 1758) | | 1 |
| <i>Caluromysiops irrita</i> (Sanborn, 1951) | | 1 |
| Subfamília Didelphinae | | |
| <i>Chironectes minimus</i> (Zimmermann, 1780) | | 1 |
| <i>Cryptonanus agricolai</i> (Moojen, 1943) | | 1 |
| <i>Cryptonanus chacoensis</i> (Tate, 1931) | | 1 |
| <i>Cryptonanus guahybae</i> (Tate, 1931) | | 1 |
| <i>Cryptonanus unduaviensis</i> (Tate, 1931) | | 1 |
| <i>Didelphis albiventris</i> (Lund, 1840) | | 1 |
| <i>Didelphis aurita</i> (Wied-Neuwied, 1826) | | 1 |
| <i>Didelphis imperfecta</i> (Mondolfi & Pérez Hernández, 1984) | | 1 |
| <i>Didelphis marsupialis</i> (Linnaeus, 1758) | | 1 |
| <i>Gracilinanus agilis</i> (Burmeister, 1854) | | 1 |
| <i>Gracilinanus emiliae</i> (Thomas, 1909) | | 1 |
| <i>Gracilinanus microtarsus</i> (Wagner, 1842) | | 1 |
| <i>Gracilinanus peruanus</i> (Tate, 1931) | | 1 |
| <i>Lutreolina crassicaudata</i> (Desmarest, 1804) | | 1 |
| <i>Marmosa constantiae</i> (Thomas, 1904) | | 1 |
| <i>Marmosa demerarae</i> (Thomas, 1905) | | 1 |
| <i>Marmosa lepida</i> (Thomas, 1888) | | 1 |
| <i>Marmosa macrotarsus</i> (Wagner, 1842) | | 1 |
| <i>Marmosa murina</i> (Linnaeus, 1758) | | 1 |
| <i>Marmosa paraguayana</i> (Tate, 1931) | | 1 |

| | |
|--|---|
| <i>Marmosa phaea</i> (Thomas, 1899) | 1 |
| <i>Marmosa rapposa</i> (Thomas, 1899) | 1 |
| <i>Marmosa rutteri</i> (Thomas, 1924) | 1 |
| <i>Marmosa waterhousei</i> (Tomes, 1860) | 1 |
| <i>Marmosops bishopi</i> (Pine, 1981) | 1 |
| <i>Marmosops caucae</i> (Thomas, 1900) | 1 |
| <i>Marmosops incanus</i> (Lund, 1840) | 1 |
| <i>Marmosops marina</i> (Ferreira et al., 2020) | 1 |
| <i>Marmosops noctivagus</i> (Tschudi, 1845) | 1 |
| <i>Marmosops ocellatus</i> (Tate, 1931) | 1 |
| <i>Marmosops parvidens</i> (Tate, 1931) | 1 |
| <i>Marmosops paulensis</i> (Tate, 1931) | 1 |
| <i>Marmosops pinheiroi</i> (Pine, 1981) | 1 |
| <i>Marmosops woodalli</i> (Pine, 1981) | 1 |
| <i>Metachirus aritanai</i> (Miranda et al., 2023) | 1 |
| <i>Metachirus myosuros</i> (Temminck, 1824) | 1 |
| <i>Metachirus nudicaudatus</i> (É. Geoffroy St.-Hilaire, 1803) | 1 |
| <i>Monodelphis americana</i> (Müller, 1776) | 1 |
| <i>Monodelphis arlindoi</i> (S. Pavan, Rossi & Schneider, 2012) | 1 |
| <i>Monodelphis brevicaudata</i> (Erxleben, 1777) | 1 |
| <i>Monodelphis dimidiata</i> (Wagner, 1847) | 1 |
| <i>Monodelphis domestica</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Monodelphis emiliae</i> (Thomas, 1912) | 1 |
| <i>Monodelphis glirina</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Monodelphis iheringi</i> (Thomas, 1888) | 1 |
| <i>Monodelphis kunsi</i> (Pine, 1975) | 1 |
| <i>Monodelphis peruviana</i> (Osgood, 1913) | 1 |
| <i>Monodelphis pinocchio</i> (S. Pavan, 2015) | 1 |
| <i>Monodelphis ronaldi</i> (Solari, 2004) | 1 |
| <i>Monodelphis saci</i> (S. Pavan, Mendes-Oliveira & Voss, 2017) | 1 |
| <i>Monodelphis scalops</i> (Thomas, 1888) | 1 |
| <i>Monodelphis touan</i> (Shaw, 1800) | 1 |
| <i>Monodelphis unistriata</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Monodelphis vossi</i> (S. Pavan, 2019) | 1 |
| <i>Philander andersoni</i> (Osgood, 1913) | 1 |
| <i>Philander canus</i> (Osgood, 1913) | 1 |
| <i>Philander mcilhennyi</i> (Gardner & Patton, 1972) | 1 |
| <i>Philander opossum</i> (Linnaeus, 1758) | 1 |

Philander pebas (Voss, Díaz-Nieto & Jansa, 2018) 1

Philander quica (Temminck, 1824) 1

Thylamys karimii (Petter, 1968) 1

Thylamys macrurus (Olfers, 1818) 1

Thylamys velutinus (Wagner, 1842) 1

Subfamília Glironiinae

Glironia venusta (Thomas, 1912) 1

Subfamília Hyladelphinae

Hyladelphys kalinowskii (Hershkovitz, 1992) 1

Ordem Rodentia

Família Caviidae

Subfamília Caviinae

Cavia aperea (Erxleben, 1777) 1

Cavia fulgida (Wagler, 1831) 1

Cavia intermedia (Cherem, Olimpio & Ximenez, 1999) 1

Cavia magna (Ximenez, 1980) 1

Galea flavidens (Brandt, 1835) 1

Galea spixii (Wagler, 1831) 1

Subfamília Hydrochoerinae

Kerodon acrobata (Moojen, Locks & Langguth, 1997) 1

Kerodon rupestris (Wied-Neuwied, 1820) 1

Família Cricetidae

Subfamília Sigmodontinae

Abrawayaomys ruschii (Cunha & Cruz, 1979) 1

Akodon azarae (Fischer, 1829) 1

Akodon cursor (Winge, 1887) 1

Akodon diauarum (Brandão et al., 2022) 1

Akodon kadiweu (Brandão et al., 2021) 1

Akodon lindberghi (Hershkovitz, 1990) 1

Akodon montensis (Thomas, 1913) 1

| | |
|---|---|
| <i>Akodon mystax</i> (Hershkovitz, 1998) | 1 |
| <i>Akodon paranaensis</i> (Christoff et al., 2000) | 1 |
| <i>Akodon reigi</i> (González, Langguth & Oliveira, 1998) | 1 |
| <i>Akodon sanctipaulensis</i> (Hershkovitz, 1990) | 1 |
| <i>Akodon toba</i> (Thomas, 1921) | 1 |
| <i>Bibimys labiosus</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Blarinomys breviceps</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Brucepattersonius griserufescens</i> (Hershkovitz, 1998) | 1 |
| <i>Brucepattersonius iheringi</i> (Thomas, 1896) | 1 |
| <i>Brucepattersonius nebulosus</i> (Abreu-Júnior et al., 2019) | 1 |
| <i>Brucepattersonius soricinus</i> (Hershkovitz, 1998) | 1 |
| <i>Calassomys apicalis</i> (Pardiñas et al., 2014) | 1 |
| <i>Calomys callidus</i> (Thomas, 1916) | 1 |
| <i>Calomys callosus</i> (Rengger, 1830) | 1 |
| <i>Calomys cerqueirai</i> (Bonvicino, Oliveira & Gentile, 2010) | 1 |
| <i>Calomys expulsus</i> (Lund, 1840) | 1 |
| <i>Calomys hummelincki</i> (Husson, 1960) | 1 |
| <i>Calomys laucha</i> (Fischer, 1814) | 1 |
| <i>Calomys mattevii</i> (Gurgel-Filho, Feijó & Langguth, 2015) | 1 |
| <i>Calomys tener</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Calomys tocantinsi</i> (Bonvicino, Lima & Almeida, 2003) | 1 |
| <i>Castoria angustidens</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Cerradomys akroai</i> (Bovincino, Casado & Weksler, 2014) | 1 |
| <i>Cerradomys goytaca</i> (Tavares, Pessôa & Gonçalves, 2011) | 1 |
| <i>Cerradomys langguthi</i> (Percequillo, Hingst-Zaher & Bonvicino, 2008) | 1 |
| <i>Cerradomys maracajuensis</i> (Langguth & Bonvicino, 2002) | 1 |
| <i>Cerradomys marinhus</i> (Bonvicino, 2003) | 1 |
| <i>Cerradomys scotti</i> (Langguth & Bonvicino, 2002) | 1 |
| <i>Cerradomys subflavus</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Cerradomys vivoi</i> (Percequillo, Hingst-Zaher & Bonvicino, 2008) | 1 |
| <i>Daptomys ferreirai</i> (Percequillo, Carmignotto & Silva, 2005) | 1 |
| <i>Daptomys oyapocki</i> (Dubost & Petter, 1978) | 1 |
| <i>Delomys altimontanus</i> (Gonçalves & Oliveira, 2014) | 1 |
| <i>Delomys dorsalis</i> (Hensel, 1872) | 1 |
| <i>Delomys sublineatus</i> (Thomas, 1903) | 1 |
| <i>Deltamys araucaria</i> (Quintela et al., 2017) | 1 |
| <i>Deltamys kempfi</i> (Thomas, 1917) | 1 |
| <i>Drymoreomys albimaculatus</i> (Percequillo, Weksler & Costa, 2011) | 1 |

| | |
|--|---|
| <i>Euryoryzomys emmonsae</i> (Musser et al., 1998) | 1 |
| <i>Euryoryzomys lamia</i> (Thomas, 1901) | 1 |
| <i>Euryoryzomys macconnelli</i> (Thomas, 1910) | 1 |
| <i>Euryoryzomys nitidus</i> (Thomas, 1884) | 1 |
| <i>Euryoryzomys russatus</i> (Wagner, 1848) | 1 |
| <i>Gyldenstolpia planaltensis</i> (Avila-Pires, 1972) | 1 |
| <i>Holochilus brasiliensis</i> (Desmarest, 1819) | 1 |
| <i>Holochilus chacarius</i> Thomas, 1906 | 1 |
| <i>Holochilus nanus</i> (Thomas 1897) | 1 |
| <i>Holochilus oxe</i> (Prado, Knowles & Percequillo, 2021) | 1 |
| <i>Holochilus sciureus</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Hylaeamys megacephalus</i> (Fischer, 1814) | 1 |
| <i>Hylaeamys oniscus</i> (Thomas, 1904) | 1 |
| <i>Hylaeamys perenensis</i> (Allen, 1901) | 1 |
| <i>Hylaeamys seuanzezi</i> (Weksler, Geise & Cerqueira, 1999) | 1 |
| <i>Hylaeamys yunganus</i> (Thomas, 1902) | 1 |
| <i>Juliomys ossitenuis</i> (L. Costa et al., 2007) | 1 |
| <i>Juliomys pictipes</i> (Osgood, 1933) | 1 |
| <i>Juliomys rimofrons</i> (Oliveira & Bonvicino, 2002) | 1 |
| <i>Juliomys ximenezi</i> (Christoff et al., 2016) | 1 |
| <i>Juscelinomys candango</i> (Moojen, 1965) | 1 |
| <i>Kunsia tomentosus</i> (Lichtenstein, 1830) | 1 |
| <i>Lundomys molitor</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Microakodontomys transitorius</i> (Hershkovitz, 1993) | 1 |
| <i>Neacomys aletheia</i> (Semedo, da Silva, Carmignotto & Rossi, 2021) | 1 |
| <i>Neacomys amoenus</i> (Thomas, 1903) | 1 |
| <i>Neacomys dubosti</i> (Voss, Lunde & Simmons, 2001) | 1 |
| <i>Neacomys elieceri</i> (Semedo, da Silva, Carmignotto & Rossi, 2021) | 1 |
| <i>Neacomys guianae</i> (Thomas, 1905) | 1 |
| <i>Neacomys jau</i> (Semedo, da Silva, Carmignotto & Rossi, 2021) | 1 |
| <i>Neacomys marajoara</i> (Semedo et al., 2020) | 1 |
| <i>Neacomys minutus</i> (Patton, da Silva & Malcolm, 2000) | 1 |
| <i>Neacomys musseri</i> (Patton, da Silva & Malcolm, 2000) | 1 |
| <i>Neacomys oliveirai</i> (Caccavo & Weksler, 2021) | 1 |
| <i>Neacomys paracou</i> (Voss, Lunde & Simmons, 2001) | 1 |
| <i>Neacomys vossi</i> (Semedo et al., 2020) | 1 |
| <i>Neacomys xingu</i> (Semedo et al., 2020) | 1 |
| <i>Necromys lasiurus</i> (Lund, 1841) | 1 |

| | |
|--|---|
| <i>Necromys lenguarum</i> (Thomas, 1898) | 1 |
| <i>Nectomys apicalis</i> (Peters, 1861) | 1 |
| <i>Nectomys ratus</i> (Pelzeln, 1883) | 1 |
| <i>Nectomys squamipes</i> (Brants, 1827) | 1 |
| <i>Oecomys auyantepui</i> (Tate, 1939) | 1 |
| <i>Oecomys bicolor</i> (Tomes, 1860) | 1 |
| <i>Oecomys catherinae</i> (Thomas, 1909) | 1 |
| <i>Oecomys cleberi</i> (Locks, 1981) | 1 |
| <i>Oecomys concolor</i> (Wagner, 1845) | 1 |
| <i>Oecomys franciscorum</i> (Pardiñas et al., 2016) | 1 |
| <i>Oecomys mamorae</i> (Thomas, 1906) | 1 |
| <i>Oecomys matogrossensis</i> (Saldanha & Rossi, 2021) | 1 |
| <i>Oecomys paricola</i> (Thomas, 1904) | 1 |
| <i>Oecomys rex</i> Thomas, 1910 | 1 |
| <i>Oecomys roberti</i> (Thomas, 1904) | 1 |
| <i>Oecomys rutilus</i> (Anthony, 1921) | 1 |
| <i>Oecomys superans</i> (Thomas, 1911) | 1 |
| <i>Oecomys tapajinus</i> (Thomas 1909) | 1 |
| <i>Oecomys trinitatis</i> (Allen & Chapman, 1893) | 1 |
| <i>Oligoryzomys chacoensis</i> Myers & Carleton, 1981 | 1 |
| <i>Oligoryzomys flavescens</i> (Waterhouse, 1837) | 1 |
| <i>Oligoryzomys mattogrossae</i> (Allen, 1916) | 1 |
| <i>Oligoryzomys messorius</i> (Thomas, 1901) | 1 |
| <i>Oligoryzomys microtis</i> (Allen, 1916) | 1 |
| <i>Oligoryzomys mojeni</i> Weksler & Bonvicino, 2005 | 1 |
| <i>Oligoryzomys nigripes</i> (Olfers, 1818) | 1 |
| <i>Oligoryzomys rupestris</i> Weksler & Bonvicino, 2005 | 1 |
| <i>Oligoryzomys stramineus</i> (Bonvicino & Weksler, 1998) | 1 |
| <i>Oligoryzomys utiaritensis</i> (Allen, 1916) | 1 |
| <i>Oxymycterus amazonicus</i> (Hershkovitz, 1994) | 1 |
| <i>Oxymycterus caparae</i> (Hershkovitz, 1998) | 1 |
| <i>Oxymycterus dasytrichus</i> (Schinz, 1821) | 1 |
| <i>Oxymycterus delator</i> (Thomas, 1903) | 1 |
| <i>Oxymycterus inca</i> (Thomas, 1900) | 1 |
| <i>Oxymycterus itapeby</i> (Peçanha et al., 2019) | 1 |
| <i>Oxymycterus nasutus</i> (Waterhouse, 1837) | 1 |
| <i>Oxymycterus quaestor</i> Thomas, 1903 | 1 |
| <i>Oxymycterus rufus</i> (G. Fischer, 1814) | 1 |

| | |
|--|---|
| <i>Phaenomys ferrugineus</i> (Thomas, 1894) | 1 |
| <i>Pseudoryzomys simplex</i> (Winge, 1887) | 1 |
| <i>Reithrodon typicus</i> (Waterhouse, 1837) | 1 |
| <i>Rhagomys longilingua</i> (Luna & Patterson, 2003) | 1 |
| <i>Rhagomys rufescens</i> (Thomas, 1886) | 1 |
| <i>Rhipidomys baturiteensis</i> (Tribe, 2005) | 1 |
| <i>Rhipidomys bezerrensis</i> (Campos, Percequillo, Langguth, 2022) | 1 |
| <i>Rhipidomys caracolensis</i> (Campos, Percequillo, Langguth, 2022) | 1 |
| <i>Rhipidomys cariri</i> (Tribe, 2005) | 1 |
| <i>Rhipidomys cearanus</i> (Thomas, 1910) | 1 |
| <i>Rhipidomys emiliae</i> (Allen, 1916) | 1 |
| <i>Rhipidomys gardneri</i> (Patton, da Silva & Malcolm, 2000) | 1 |
| <i>Rhipidomys ipukensis</i> (Rocha, Costa & Costa, 2011) | 1 |
| <i>Rhipidomys itoan</i> (B. Costa et al., 2011) | 1 |
| <i>Rhipidomys leucodactylus</i> (Tschudi, 1845) | 1 |
| <i>Rhipidomys macconnelli</i> (De Winton, 1900) | 1 |
| <i>Rhipidomys macrurus</i> (Gervais, 1855) | 1 |
| <i>Rhipidomys mastacalis</i> (Lund, 1840) | 1 |
| <i>Rhipidomys nitela</i> (Thomas, 1901) | 1 |
| <i>Rhipidomys tribei</i> (B. Costa et al., 2011) | 1 |
| <i>Rhipidomys ybyrae</i> (Lanes & Bonvicino, 2023) | 1 |
| <i>Scapteromys aquaticus</i> (Thomas, 1920) | 1 |
| <i>Scapteromys meridionalis</i> (Quintela et al., 2014) | 1 |
| <i>Scapteromys tumidus</i> (Waterhouse, 1837) | 1 |
| <i>Scolomys ucayalensis</i> (Pacheco, 1991) | 1 |
| <i>Sigmodon alstoni</i> (Thomas, 1881) | 1 |
| <i>Sooretamys angouya</i> (Fischer, 1814) | 1 |
| <i>Thalpomys cerradensis</i> (Hershkovitz, 1990) | 1 |
| <i>Thalpomys lasiotis</i> (Thomas, 1916) | 1 |
| <i>Thaptomys nigrita</i> (Lichtenstein, 1829) | 1 |
| <i>Wiedomys cerradensis</i> (Gonçalves, Almeida & Bonvicino, 2005) | 1 |
| <i>Wiedomys pyrrhorhinos</i> (Wied-Neuwied, 1821) | 1 |
| <i>Wilfredomys oenax</i> (Thomas, 1928) | 1 |
| <i>Zygodontomys brevicauda</i> (Allen & Chapman, 1893) | 1 |
| Família Ctenomyidae | |
| <i>Ctenomys bicolor</i> (Miranda-Ribeiro, 1914) | 1 |
| <i>Ctenomys flamarioni</i> (Travi, 1981) | 1 |

| | |
|--|---|
| <i>Ctenomys ibicuiensis</i> (Freitas et al., 2012) | 1 |
| <i>Ctenomys lami</i> (Freitas, 2001) | 1 |
| <i>Ctenomys minutus</i> (Nehring, 1887) | 1 |
| <i>Ctenomys nattereri</i> (Wagner, 1848) | 1 |
| <i>Ctenomys rondoni</i> (Miranda-Ribeiro, 1914) | 1 |
| <i>Ctenomys torquatus</i> (Lichtenstein, 1830) | 1 |

Família Echimyidae

Subfamília Carterodontinae

| | |
|--|---|
| <i>Carterodon sulcidens</i> (Lund, 1838) | 1 |
|--|---|

Subfamília Echimyinae

| | |
|---|---|
| <i>Callistomys pictus</i> (Pictet, 1843) | 1 |
| <i>Dactylomys boliviensis</i> (Anthony, 1920) | 1 |
| <i>Dactylomys dactylinus</i> (Desmarest, 1817) | 1 |
| <i>Echimys chrysurus</i> (Zimmermann, 1780) | 1 |
| <i>Echimys vieirai</i> (Iack-Ximenes, Vivo & Percequillo, 2005) | 1 |
| <i>Isothrix bistriata</i> (Wagner, 1845) | 1 |
| <i>Isothrix negrensis</i> (Thomas, 1920) | 1 |
| <i>Isothrix pagurus</i> (Wagner, 1845) | 1 |
| <i>Isothrix sinnamariensis</i> (Vié et al., 1996) | 1 |
| <i>Kannabateomys amblyonyx</i> (Wagner, 1845) | 1 |
| <i>Lonchothrix emiliae</i> (Thomas, 1920) | 1 |
| <i>Makalata didelphoides</i> (Desmarest, 1817) | 1 |
| <i>Makalata macrura</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Makalata obscura</i> (Wagner, 1840) | 1 |
| <i>Mesomys hispidus</i> (Desmarest, 1817) | 1 |
| <i>Mesomys occultus</i> (Patton, da Silva & Malcolm, 2000) | 1 |
| <i>Mesomys stimulax</i> (Thomas, 1911) | 1 |
| <i>Myocastor coypus</i> (Molina, 1782) | 1 |
| <i>Phyllomys blainvillii</i> (Jourdan, 1837) | 1 |
| <i>Phyllomys brasiliensis</i> (Lund, 1840) | 1 |
| <i>Phyllomys centralis</i> (Machado et al., 2018) | 1 |
| <i>Phyllomys dasythrix</i> (Hensel, 1872) | 1 |
| <i>Phyllomys kerri</i> (Moojen, 1950) | 1 |
| <i>Phyllomys lamarum</i> (Thomas, 1916) | 1 |
| <i>Phyllomys lundi</i> (Leite, 2003) | 1 |

| | |
|---|---|
| <i>Phyllomys mantiqueirensis</i> (Leite, 2003) | 1 |
| <i>Phyllomys medius</i> (Thomas, 1909) | 1 |
| <i>Phyllomys nigrispinus</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Phyllomys pattoni</i> (Emmons et al., 2002) | 1 |
| <i>Phyllomys sulinus</i> (Leite, Christoff & Fagundes, 2008) | 1 |
| <i>Phyllomys thomasi</i> (Ihering, 1897) | 1 |
| <i>Phyllomys unicolor</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Proechimys brevicauda</i> (Günther, 1876) | 1 |
| <i>Proechimys cuvieri</i> (Petter, 1978) | 1 |
| <i>Proechimys echinothrix</i> (da Silva, 1998) | 1 |
| <i>Proechimys gardneri</i> (da Silva, 1998) | 1 |
| <i>Proechimys goeldii</i> (Thomas, 1905) | 1 |
| <i>Proechimys guyannensis</i> (É. Geoffroy St.-Hilaire, 1803) | 1 |
| <i>Proechimys kulinae</i> (da Silva, 1998) | 1 |
| <i>Proechimys longicaudatus</i> (Rengger, 1830) | 1 |
| <i>Proechimys pattoni</i> (da Silva, 1998) | 1 |
| <i>Proechimys quadruplicatus</i> (Hershkovitz, 1948) | 1 |
| <i>Proechimys roberti</i> (Thomas, 1901) | 1 |
| <i>Proechimys simonsi</i> (Thomas, 1900) | 1 |
| <i>Proechimys steerei</i> (Goldman, 1911) | 1 |
| <i>Thrichomys apereoides</i> (Lund, 1839) | 1 |
| <i>Thrichomys fosteri</i> (Thomas, 1903) | 1 |
| <i>Thrichomys inermis</i> (Pictet, 1843) | 1 |
| <i>Thrichomys laurentius</i> (Thomas, 1904) | 1 |
| <i>Thrichomys pachyurus</i> (Wagner, 1845) | 1 |
| <i>Toromys grandis</i> (Wagner, 1845) | 1 |

Subfamília Euryzygomatomyinae

| | |
|---|---|
| <i>Clyomys laticeps</i> (Thomas, 1909) | 1 |
| <i>Euryzygomatomys spinosus</i> (Fischer, 1814) | 1 |
| <i>Trinomys albispinus</i> (I. Geoffroy St.-Hilaire, 1838) | 1 |
| <i>Trinomys dimidiatus</i> (Günther, 1877) | 1 |
| <i>Trinomys eliasi</i> (Pessôa & dos Reis, 1993) | 1 |
| <i>Trinomys gratiosus</i> (Moojen, 1948) | 1 |
| <i>Trinomys iheringi</i> (Thomas, 1911) | 1 |
| <i>Trinomys mirapitanga</i> (Lara, Patton & Hingst-Zaher, 2002) | 1 |
| <i>Trinomys moojeni</i> (Pessôa, Oliveira & dos Reis, 1992) | 1 |
| <i>Trinomys paratus</i> (Moojen, 1948) | 1 |

| | |
|---|---|
| <i>Trinomys setosus</i> (Desmarest, 1817) | 1 |
| <i>Trinomys yonenagae</i> (Rocha, 1995) | 1 |

Família Sciuridae

Subfamília Sciurinae

| | |
|--|---|
| <i>Guerlinguetus aestuans</i> (Linnaeus, 1766) | 1 |
| <i>Guerlinguetus brasiliensis</i> (Gmelin, 1788) | 1 |
| <i>Hadrosciurus ignitus</i> (Gray, 1867) | 1 |
| <i>Hadrosciurus igniventris</i> (Wagner, 1842) | 1 |
| <i>Hadrosciurus pyrrhinus</i> (Thomas, 1898) | 1 |
| <i>Hadrosciurus spadiceus</i> (Olfers, 1818) | 1 |
| <i>Microsciurus flaviventer</i> (Gray, 1867) | 1 |

Subfamília Sciurillinae

| | |
|--|---|
| <i>Sciurillus pusillus</i> (É. Geoffroy Saint-Hilaire, 1803) | 1 |
|--|---|

Referências

- Abreu, E. F., Casali, D., Costa-Araújo, R., Garbino, G. S. T., Libardi, G. S., Loretto, D., Loss, A. C., Marmontel, M., Moras, L. M., Nascimento, M. C., Oliveira, M. L., Pavan, S. E., & Tirelli, F. P. (2023). Lista de Mamíferos do Brasil (2023-1) [Data set]. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.10428436>
- Bovendorp, Ricardo S., Nacho Villar, Edson F. De Abreu-Junior, Carolina Bello, André L. Regolin, Alexandre R. Percequillo, e Mauro Galetti. 2017. “Atlantic Small-mammal: A Dataset of Communities of Rodents and Marsupials of the Atlantic Forests of South America”. *Ecology* 98 (8): 2226–2226. <https://doi.org/10.1002/ecy.1893>.
- Mendonça, André, Alexandre R. Percequillo, Nicholas F. Camargo, Juliana F. Ribeiro, Alexandre R. T. Palma, Leonardo C. Oliveira, Edeltrudes M. V. C. Câmara, e Emerson M. Vieira. 2018. “CERRADO SMALL MAMMALS: Abundance and Distribution of Marsupials, Lagomorphs, and Rodents in a Neotropical Savanna”. *Ecology* 99 (8): 1900–1900. <https://doi.org/10.1002/ecy.2367>.

Tabela S3: Artigos utilizados para complementação das bases de dados com trabalhos realizados no período de 2018 a 2023.

| Trabalho | Autor e ano | Bioma |
|---|-------------------------|--------------------------|
| A new genus and species of rodent from the Brazilian Atlantic Forest (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with comments on oryzomyine biogeography | Percequillo et al. 2011 | Mata Atlântica |
| A new genus of sigmodontine rodent from eastern Brazil and the origin of the tribe Phyllotini | Pardini et al. 2014 | Cerrado |
| A new record of <i>Pseudoryzomys simplex</i> (Winge, 1887) (Rodentia, Sigmodontinae) in the Mineira Forest Zone, Minas Gerais, Brazil | Faria et al. 2019 | Mata Atlântica |
| A new species of <i>Akodon</i> Meyen, 1833 (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) endemic from the Brazilian Cerrado | Brandão et al. 2021 | Cerrado |
| A new species of <i>Calomys</i> (Rodentia: Sigmodontinae) from Eastern Brazil | Bonvicino et al. 2010 | Mata Atlântica |
| A new species of <i>Cerradomys</i> (Mammalia: Rodentia: Cricetidae) from Central Brazil, with remarks on the taxonomy of the genus | Bonvicino et al. 2014 | Cerrado |
| A new species of <i>Deltamys</i> Thomas, 1917 (Rodentia: Cricetidae) endemic to the southern Brazilian Araucaria Forest and notes on the expanded phylogeographic scenario of <i>D. kempi</i> | Quintela et al. 2017 | Mata Atlântica |
| A new species of <i>Juliomys</i> (Rodentia, Cricetidae, Sigmodontinae) from the Atlantic Forest of Southern Brazil | Christoff et al. 2016 | Mata Atlântica |
| A New Species of <i>Monodelphis</i> (Didelphimorphia: Didelphidae) from the Brazilian Atlantic Forest | Pavan 2015 | Mata Atlântica |
| A new species of <i>Oxymycterus</i> (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) from a transitional area of Cerrado – Atlantic Forest in southeastern Brazil | Peçanha et al. 2019 | Cerrado e Mata Atlântica |
| A new species of swamp rat of the genus <i>Scapteromys</i> Waterhouse, 1837 (Rodentia: Sigmodontinae) endemic to | Quintela et al. 2014 | Mata Atlântica |

Araucaria angustifolia Forest in Southern Brazil

A new species of South America marsh rat (*Holochilus*, Cricetidae) from northeastern Brazil

Prado et al. 2021

Cerrado e Mata Atlântica

An endemic new species of tuco-tuco, genus *Ctenomys* (Rodentia: Ctenomyidae), with a restricted geographic distribution in southern Brazil

Freitas et al. 2012

Mata Atlântica

An integrative appraisal of the diversification in the Atlantic forest genus *Delomys* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) with the description of a new species

Gonçalves & Oliveira 2014

Mata Atlântica

Availability of food resources and habitat structure shape the individual-resource network of a Neotropical marsupial

Camargo et al. 2018

Cerrado

Bamboo shapes the fine-scale richness, abundance, and habitat use of small mammals in a forest fragment

André et al. 2022

Mata Atlântica

Bottom-up effect: a rodent outbreak following the bamboo blooming in a Neotropical rainforest

Bovendorp et al. 2020

Mata Atlântica

Can an exotic tree (Jackfruit, *Artocarpus heterophyllus* Lam.) influence the non-volant small mammals assemblage in a protected area of Atlantic Forest?

Matos et al. 2020

Mata Atlântica

Changes in aboveground locomotion of a scansorial opossum associated to habitat fragmentation

Delciellos et al. 2020

Mata Atlântica

Community structure and population dynamics of small mammals in an urban-sylvatic interface area in Rio de Janeiro, Brazil

Gentile et al. 2018

Mata Atlântica

Community of small mammals along an elevational gradient in Biological Reserve of Serra do Japi, municipality of Jundiaí-SP, Brazil

Sakani et al. 2019

Mata Atlântica

Comparative genomic mapping reveals mechanisms of chromosome diversification in *Rhipidomys* species (Rodentia, Thomasomyini) and syntenic relationship between species of Sigmodontinae

Paixão et al. 2021

Cerrado

Coupled population dynamics of two Neotropical marsupials driven by mesopredator's abundance

Kuhnen et al. 2018

Mata Atlântica

Detection of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis* in small wild mammals in northeastern Brazil

Fehlberg et al. 2021

Mata Atlântica

Diversity of small mammals on the early second

Vásquez et. al. 2021

Mata Atlântica

commercial cycle of Eucalyptus plantations in southeast Brazil

| | | |
|---|--------------------------------|----------------|
| Effects of severe fires on the survival and body condition of <i>Gracilinanus agilis</i> in a Cerrado remnant | Rossi & Leiner 2023 | Cerrado |
| Fire Occurrence Mediates Small-Mammal Seed Removal of Native Tree Species in a Neotropical Savanna | Cazetta & Vieira 2021 | Cerrado |
| Food habits and endozoochorous seed dispersal by small rodents (Cricetidae and Echimyidae) in a riparian forest in southeastern Brazil | Lessa et al. 2019 | Mata Atlântica |
| Forest amount determines the occupancy of the arboreal rodent <i>Oecomys cleberi</i> (Rodentia: Cricetidae) in Atlantic Forest fragmented landscapes | Dias et al. 2023 | Mata Atlântica |
| Forest vertical complexity affects alpha and beta diversity of small mammals | Camargo et al. 2018 | Cerrado |
| Gleasonian structure in the helminth metacommunity of the opossum <i>Didelphis albiventris</i> in two extremes of the Atlantic Forest | Cirino et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Habitat type and seasonality influence the isotopic trophic niche of small mammals in a neotropical savanna | Ribeiro et al. 2019 | Cerrado |
| High levels of infectiousness of asymptomatic <i>Leishmania (Viannia) braziliensis</i> infections in wild rodents highlights their importance in the epidemiology of American Tegumentary Leishmaniasis in Brazil | Marinho-Júnior et al. 2023 | Mata Atlântica |
| Implications of an agricultural mosaic in small mammal communities | Rodrigues et al. 2019 | Mata Atlântica |
| Investigation of <i>Bartonella</i> spp. in brazilian mammals with emphasis on rodents and bats from the Atlantic Forest | Gonçalves-Oliveira et al. 2020 | Mata Atlântica |
| Is shadier better? The effect of agroforestry management on small mammal diversity | Silva et al 2019 | Mata Atlântica |
| Landscape use by two opossums is shaped by habitat preferences rather than by competitive interactions | Cruz et al. 2019 | Mata Atlântica |
| Linear forest patches and the conservation of small mammals in human-altered landscapes | Fialho et al. 2018 | Mata Atlântica |
| Molecular detection of <i>Rickettsia</i> spp. in ticks associated with non-volant small mammals from the Brazilian | Pacheco et al. 2021 | Cerrado |

Cerrado, with notes on a divergent morphotype of
Ornithodoros guaporensis

Movement and use of environmental structures, climbing supports and shelters by Akodon montensis (Sigmodontinae, Rodentia) in the Atlantic Forest of southern Brazil

Movement distances for four small mammals in two Atlantic forests fragments, Southern Brazil

Microhabitat use by Rhipidomys mastacalis and Marmosops incanus (Mammalia) in a restinga areas in north-eastern Brazil

Native marsupial acts as an in situ biological control agent of the main soybean pest (*Euschistus heros*) in the Neotropics

New data on the threatened Cerradomys goytaca (Rodentia, Cricetidae)

New record of Juliomys ossitenuis Costa, Pavan, Leite & Fagundes, 2007 (Rodentia, Sigmodontinae) in Santa Catarina state, southern Brazil

New species of Cerradomys from coastal sandy plains of southeastern Brazil (Cricetidae: Sigmodontinae)

Non-volant mammals of the Ibura National Forest, northeastern Brazil

Non-volant small mammals (Rodentia and Didelphimorphia) diversity in an isolated area of the Serra da Mantiqueira, Minas Gerais state, Brazil

Non-volant small mammals in the different vegetation types of two protected restinga areas, Southeastern Brazil

Novel genotypes of Hepatozoon spp. in small mammals, Brazil

Orthopoxvirus Circulation in an Endemic Area in Brazil: Investigation of Infections in Small Mammals during an Absence of Outbreaks

Phylogeny and biogeography of Phyllomys (Rodentia: Echimyidae) reveal a new species from the Cerrado and

Machado et al. 2020

Mata Atlântica

Lima et al. 2021

Mata Atlântica

Calazan & Bocchiglieri, 2019

Mata Atlântica

Camargo et al. 2022

Cerrado

Brandão et al. 2020

Mata Atlântica

Souza et al. 2020

Mata Atlântica

Tavares et al. 2011

Mata Atlântica

Beltrão-Mendes et al. 2020

Mata Atlântica

Faria et al. 2020

Mata Atlântica

Bortolo et al. 2021

Mata Atlântica

Weck et al. 2022

Mata Atlântica

Domingos et al. 2023

Cerrado e Mata Atlântica

Machado et al. 2018

Cerrado

suggest Miocene connections of the Amazon and Atlantic Forest

| | | |
|---|----------------------------------|--------------------------|
| Phylogeography of <i>Rhipidomys</i> (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) and description of two new species from southeastern Brazil | Costa et al. 2011 | Mata Atlântica |
| Population genetic structure and morphological diversity of <i>Cruzia tentaculata</i> (Nematoda: Ascaridida), a parasite of marsupials (Didelphinae), along the Atlantic Forest on the eastern coast of South America | Souza et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Population genetic structure and phenotypic diversity of <i>Aspidodera raillieti</i> (Nematoda: Heterakoidea), a parasite of Didelphini marsupials in Brazil's South and Southeast Atlantic Forest | Varella et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Prevalence of <i>Trypanosoma lainsoni</i> and its effects of parasitism on the health of non-volant small mammals from the Brazilian Cerrado | Oliveira et al. 2023 | Cerrado |
| Rickettsial infection in ticks from a natural area of Atlantic Forest biome in southern Brazil | Krawczak et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Silent Orthohantavirus Circulation Among Humans and Small Mammals from Central Minas Gerais, Brazil | Amaral et al. 2018 | Cerrado e Mata Atlântica |
| Small mammals and microhabitat selection in forest fragments in the transition zone between Atlantic Forest and Pampa biome | Skupie et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Small mammals from the lasting fragments of Araucaria Forest in southern Brazil: a study about richness and diversity | Grazzini et al. 2021 | Mata Atlântica |
| Small mammals in high fragmented landscape in Cerrado/Atlantic Forest ecotone, Southeastern Brazil | Machado et al. 2021 | Cerrado e Mata Atlântica |
| Small mammals of the Estação Ecológica de Bananal, southeastern Atlantic Forest, Brazil, with description of a new species of <i>Brucepattersonius</i> (Rodentia, Sigmodontinae) | Abreu-Junior & Percequillo, 2019 | Mata Atlântica |
| Small mammals respond to extreme habitat fragmentation in the Brazilian Atlantic Forest according to the landscape continuum model | Paise et al. 2020 | Mata Atlântica |
| Snapshot of the Atlantic Forest canopy: surveying arboreal | Kaiser et al.2022 | Mata Atlântica |

mammals in a biodiversity hotspot

| | | |
|--|----------------------------|--------------------------|
| Species composition of small non-volant mammals in the Parque Estadual das Fontes do Ipiranga, São Paulo, Brasil | Monticelli et al. 2021 | Mata Atlântica |
| Species richness and seasonal dynamics of ticks with notes on rickettsial infection in a Natural Park of the Cerrado biome in Brazil | Barbieri et al. 2019 | Cerrado |
| Taxonomic and natural history notes on <i>Oecomys cleberi</i> (Rodentia: Cricetidae) and first records in the Atlantic Forest, Brazil | Brandão et al. 2022 | Mata Atlântica |
| Taxonomic review of the slender mouse opossums of the “Parvidens” group from Brazil (Didelphimorphia: Didelphidae: Marmosops), with description of a new species | Ferreira et al. 2020 | Cerrado |
| Temporal dynamics of small mammals in Eucalyptus plantations in Southeast Brazil | Verdade et al. 2020 | Mata Atlântica |
| The impact of botfly parasitism on the health of the gracile mouse opossum (<i>Gracilinanus agilis</i>) | Zangrandi et al. 2019 | Cerrado |
| The importance of sampling methods and landscape variation on explaining small mammal communities in a Neotropical ecotone region | Figueiredo et al. 2021 | Cerrado e Mata Atlântica |
| The influence of sugarcane pre-harvest fire on hantavirus prevalence in Neotropical small mammals | Gheler-Costa et al. 2021 | Mata Atlântica |
| Ticks on <i>Didelphis albiventris</i> from a Cerrado area in the Midwestern Brazil | De Sá et al. 2018 | Cerrado |
| Ticks, fleas and endosymbionts in the ectoparasite fauna of the black-eared opossum <i>Dipelphis aurita</i> in Brazil | Bezerra-Santos et al. 2020 | Mata Atlântica |
| Ticks, rickettsial and erlichial infection in small mammals from Atlantic forest remnants in northeastern Brazil | Lopes et al. 2018 | Mata Atlântica |
| Trypanosomatid Richness in Wild and Synanthropic Small Mammals from a Biological Station in Rio de Janeiro, Brazil | Berbigier et al. 2021 | Mata Atlântica |
| Trypanosomatids in Small Mammals of an Agroecosystem in Central Brazil: Another Piece in the Puzzle of Parasite Transmission in an Anthropogenic Landscape | Brandão et al. 2019 | Cerrado |
| Two new species of <i>Rhipidomys</i> (Rodentia: | Campos et al. 2022 | Mata Atlântica |

Sigmodontinae) from Eastern Brazil, with comments on the taxonomy of the genus

Weather, fire, and density drive population dynamics of small mammals in the Brazilian Cerrado

What are the main drivers of survival and recruitment in tropical forest marsupials? A 16-year study

Who ate my chocolate? Small mammals and fruit damage in cacao agroforestry

Winners and Losers: How Woody Encroachment Is Changing the Small Mammal Community Structure in a Neotropical Savanna

Rossi & Leiner, 2022

Cerrado

Ferreira et al. 2020

Mata Atlântica

Cassano et al. 2021

Mata Atlântica

Furtado et al. 2021

Cerrado

Script utilizado para análise, processamento de dados e produção de mapas utilizando o software R. O mesmo script foi utilizado para a análise nos dois biomas. Adaptado de Aguiar et al (2020).

```
#setwd("~/Documents/smals_mamals_analysis/")
```

Loading required packages

```
library(sf)
```

```
library(raster)
```

```
library(stars)
```

```
library(rangeBuilder)
```

```
library(fasterize)
```

```
library(dismo)
```

```
library(exactextractr)
```

```
library(MASS)
```

```
library(car)
```

```
library(tmap)
```

```

library(grid)
library(psych)
library(geobr)
library(spThin)
library(terra)

options (scipen = 9999)

# Species Points, Biome, and Environmental Variables

# Load a CSV table with species occurrence

pt = read.csv("Dados originais/Tabelas/pt_cerrado.csv")

pt = st_as_sf(pt, coords = c("Longitude", "Latitude"))

biomes = geobr::read_biomes(year = 2019)

cerrado = biomes |> dplyr::filter(name_biome == "Cerrado")

wc = "Dados originais/Img/" # # Define the path for the environmental variables

arq = dir(wc, pattern = ".tif")           # store list of "asc" files

s = stack(paste(wc, arq, sep = ""))      # create a stack from explanatory variables

s = terra::rast(s)

#s = raster::stack(s)

s = terra::project(s, st_crs(cerrado)$wkt)

st_crs(pt) <- crs(s)

pt <- st_transform(pt, crs(s))

cell.size = res(s)[1]                      # Store the map resolution (~5 km2)

# Filtering unique points according to the distance (~10 km)

pt1 = as(pt, "Spatial")                   # Convert sf to a spatial object

pt_unique = filterByProximity(pt1, cell.size * 2) ## Filter points by distance of two cells

pt_unique = st_as_sf(pt_unique)    # return to sf format sf

saveRDS(pt_unique,"Dados processados/Shape/pt_unique.sf") # salva os pontos filtrados

```

```

#Filtering unique points for each species

pt_filtered = pt[0,]      # copy file structure, but no records

spp = unique(pt1$Actual_species_name) # store list of species

i = 1

for(i in 1:length(spp)) {

  print(paste("Processing species",spp[i]))

  temp = subset(pt1, Actual_species_name == spp[i])

  temp1 = filterByProximity(temp, cell.size * 2) # filter by distance

  temp1 = st_as_sf(temp1)

  pt_filtered = rbind(pt_filtered, temp1)

}

dim(pt)      # 2931 records (all Cerrado's records)

dim(pt_filtered) # 2336 records (Cerrado's unique localities for each species)

# dim(pt_unique) # 348 records (unique localities)

saveRDS(pt_filtered,"Dados processados/Shape/pt_species_filtered.sf")

# Generating data for the model's spatial prediction

#pt_50km = terra::buffer(terra::vect(pt_unique), cell.size * 10) # create a 50km buffer around
unique points

pt_50km = sf::st_buffer(pt_filtered, 50000) # 50 km

plot(pt_filtered[1:5]$"geometry")

plot(pt_50km[1:5]$"geometry", add = T)

s = crop(s,cerrado)

cerrado.r = terra::rasterize(cerrado, s[[1]])

# Create a raster mask from the points

pt_filtered.r = terra::rasterize(pt_filtered, s[[1]], background = 0)

pt_50km.r = terra::rasterize(pt_50km, s[[1]], background = 0)

```

```

# load a mask for the biome

#br = geobr::read_country(year = 2010)

#br = terra::rasterize(br, s[[1]])

# pt_50km.r = pt_50km.r * br # # Remove cells outside of Brazil

cerrado_expandido <- st_buffer(cerrado, 2000)

cerrado_expandido.r = terra::rasterize(cerrado_expandido, s[[1]])

pts_to_exclude = st_intersects(pt_50km, cerrado_expandido)

pts_to_keep = lengths(pts_to_exclude) > 0

plot(pt_50km[pts_to_keep,]$geometry)

plot(cerrado_expandido$geom, add = T)

pt_50km = pt_50km[pts_to_keep,]

pt_50km.r = terra::rasterize(pt_50km, s[[1]], background = 0)

plot(pt_50km.r)

plot(cerrado_expandido.r, add = T, alpha = .6)

pt_50km.r[pt_50km.r == 1] = 2 # # Create a mask for regions without records

pt_50km.r[pt_50km.r == 0] = 1

pt_50km.r[pt_50km.r == 2] = 0

terra::plot(pt_50km.r)

plot(cerrado_expandido.r)

Mask50 = pt_50km.r * cerrado_expandido.r

Mask50[Mask50 == 0] = NA

plot(Mask50)

writeRaster(pt_50km.r, "Dados processados/Img/Buffer_50km.tif", overwrite = TRUE)

writeRaster(Mask50, "Dados processados/Img/mask_50km.tif", overwrite = T) #salva o mapa resultante

pt_50km.r = terra::rast("Dados processados/Img/Buffer_50km.tif")

```

```

plot(pt_50km.r)

# Generating random points for the unsearched region

pt0 = data.frame(randomPoints(raster(Mask50), nrow(pt_filtered)))

pt0 = st_as_sf(pt0, coords=c("x","y"), crs = 4674)

saveRDS(pt0,"Dados processados/Shape/pt_random_points.sf")

# Cria um buffer de 10 Km em volta dos pontos

pt0_10km = st_buffer(pt0, 10000)      ## Buffer the random points

pt1_10km = st_buffer(pt_filtered, 10000) ## Buffer the existing points

# Adapt to exactextractr functions !

val.pt0 = exact_extract(s, pt0_10km, fun = "mean") ## Extract mean values for random points

val.pt1 = exact_extract(s, pt1_10km, fun = "mean") ## Extract values for existing points

val.pt0 = data.frame(na.omit(val.pt0))      ## Suppress NA values

val.pt1 = data.frame(na.omit(val.pt1))      # same

names(val.pt0) = names(s)                  # change the variable names

names(val.pt1) = names(s)                  # same

id0 = rep(0, nrow(val.pt0))      ## Create an ID column for random points

id1 = rep(1, nrow(val.pt1))      # Create an ID column for existing points

val.pt0 = cbind(id0,val.pt0)      ## Combine ID and values

val.pt1 = cbind(id1,val.pt1)      ## Combine ID and values

names(val.pt0)[1] = "sp"          ## Rename the variables

names(val.pt1)[1] = "sp"          # same

val.all = rbind(val.pt0,val.pt1)    # Combine data.frames

write.csv(val.all,"Dados processados/Tabelas/valores_TODAS_var.csv", row.names = F) # inclui

bio19

# Testing variables (points with records vs. points without records)

#kruskal.test(alt ~ sp, data = val.all)

```

```

#chi-squared = 119.21, df = 1, p-value < 2.2e-16

#tapply(val.all$alt,val.all$sp,mean)

#tapply(val.all$alt,val.all$sp,sd)

names(s)

kruskal.test(bio_01 ~ sp, data = val.all)

#Kruskal-Wallis chi-squared

tapply(val.all$bio_01, val.all$sp, mean)

tapply(val.all$bio_01, val.all$sp, sd)

kruskal.test(bio_02 ~ sp, data = val.all)

# Kruskal-Wallis chi-squared

tapply(val.all$bio_02, val.all$sp, mean)

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_2, val.all$sp, sd)

kruskal.test(wc2.1_2.5m_bio_3 ~ sp, data = val.all)

# Kruskal-Wallis chi-squared

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_3, val.all$sp, mean) # 0 1

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_3, val.all$sp, sd)

kruskal.test(wc2.1_2.5m_bio_4 ~ sp, data = val.all)

# Kruskal-Wallis chi-squared

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_4, val.all$sp, mean)

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_4, val.all$sp, sd)

kruskal.test(wc2.1_2.5m_bio_5 ~ sp, data = val.all)

# Kruskal-Wallis chi-squared

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_5, val.all$sp, mean)

tapply(val.all$wc2.1_2.5m_bio_5, val.all$sp, sd)

# um por um

```

```

boxplot(val.all$wc2.1_2.5m_bio_18 ~ val.all$sp, outline = F, xlab="Non-volant smal mammals
records",col="grey80",
ylab = "Bioclimatic variable 18", names = c("No", "Yes"), cex.axis=0.8)

# GLM model for random points vs. existing points

group = kfold(val.all, 5) # create codes for 5 groups

train = val.all[group != 1,] # selecting 80% for training

test = val.all[group == 1,] # selecting 20% for testing model's accuracy

mod10km = glm(sp ~., family = "binomial", data = train) # full GLM model

x = vif(mod10km)

max(x)

x[order(x, decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_6) # dropping variable in deacreasing VIF
order

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_11) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_7) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_9) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_10) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_1) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_16) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

```

```

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_17) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_5) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_15) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_4) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

mod10km = update(mod10km, . ~ . -wc2.1_2.5m_bio_14) #

vif(mod10km)[order(vif(mod10km), decreasing = TRUE)]

vif(mod10km)

step = stepAIC(mod10km, trace = F, direction = "both")

step$anova

vif(step)

summary(step)

#Coeficientes:

#Estimate Std. Error z value      Pr(>|z|)

#(Intercept) 21.7777471 1.2138271 17.941 < 0.0000000000000002

#wc2.1_2.5m_bio_13 -0.0040105 0.0010841 -3.699  0.000216

#wc2.1_2.5m_bio_18  0.0027184 0.0003402  7.992  0.0000000000000133

#wc2.1_2.5m_bio_19 -0.0041598 0.0005404 -7.697  0.00000000000001388

#wc2.1_2.5m_bio_2  -1.0433322 0.0568059 -18.367 < 0.0000000000000002

#wc2.1_2.5m_bio_3  0.0293572 0.0164167  1.788   0.073736

#wc2.1_2.5m_bio_8  -0.4632309 0.0278239 -16.649 < 0.0000000000000002

#(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

#Null deviance: 5109.1 on 3685 degrees of freedom

```

```

#Residual deviance: 3712.8 on 3679 degrees of freedom
#AIC: 3726.8

#Number of Fisher Scoring iterations: 5

saveRDS(step,"GLM_model_Step_Selection.rds") # VIf < 3 + step selection

# Load required libraries

library(ROCR)

# Ensure that 'step' is the trained model you want to use for prediction

# Generating predictions

# Assuming 'test' is your test dataframe and contains all the necessary variables for the model

new.pred <- predict(step, newdata = test, type = "response") # Use 'type="response"' para modelos de classificação binária

## Save the predictions for future reference

saveRDS(new.pred, "new_pred.rds")

saveRDS(test, "test.rds")

## Model evaluation

# Ensure that 'test$sp' contains the true labels for the observations in 'test'

pred <- prediction(new.pred, test$sp)

acc.perf <- performance(pred, "acc")

ind <- which.max(acc.perf@y.values[[1]])

max.accuracy <- acc.perf@y.values[[1]][ind]

cutoff <- acc.perf@x.values[[1]][ind]

# Print accuracy and cutoff point

print(paste("Accuracy: ", max.accuracy))

print(paste("Cutoff: ", cutoff))

#Plot the model performance

plot(acc.perf, ylab = "Model Accuracy", xlab = "Cutoff", col = "grey50")

```

```

abline(v = cutoff, col = "red", lty = 3)

abline(h = max.accuracy, col = "red", lty = 3)

ylim <- par("usr")[3:4]

new_y_position <- max.accuracy - (ylim[2] - ylim[1]) * 0.09 # Mova o texto para baixo por 5% do
range do eixo y

text(new_x_position, new_y_position, paste("Accuracy = ", round(max.accuracy, 4),"\nCutoff = ",
round(cutoff, 4)), pos = 4, cex = 0.8)

# Additional statistical analysis using Wilcoxon tests to compare groups with and without records

x <- tapply(new.pred, test$sp, mean)

wilcox.test_result <- wilcox.test(new.pred ~ test$sp)

boxplot(new.pred ~ test$sp, xlab = "Regions", ylab = "GLM Prediction", col = "grey80", names =
c("Without Records", "With Records"), cex.axis = 0.8)

text(0.7,      0.8,      paste("W      =",      wilcox.test_result$statistic,      ",      p-value      <",
format.pval(wilcox.test_result$p.value, digits=3)), cex = 0.8, font = 3)

# Model spatialization (for prioritizing inventory areas)

modelo = predict(s, step, index = 1)

writeRaster(modelo, "GLM_model.tif", overwrite = TRUE)

# Testing predictions for locations with and without records

pt0 = readRDS("Dados processados/Shape/pt_random_points.sf") # read points without bat records

pt1 = readRDS("Dados processados/Shape/pt_species_filtered.sf") # read unique points with bat
records

pt0.buff = st_buffer(pt0, 10000) # create a 10km buffer

pt1.buff = st_buffer(pt1, 10000) # create a 10km buffer

# modelo1 = velox(modelo)

modelo1 = modelo

pt0.val = exact_extract(modelo1, pt0.buff, fun = "mean")

```

```

pt1.val = exact_extract(modelo1, pt1.buff, fun = "mean")

pt0.val = na.omit(pt0.val); pt0.val = as.data.frame(pt0.val)

pt0.val$id <- 0

pt1.val = na.omit(pt1.val); pt1.val = as.data.frame(pt1.val)

pt1.val$id = 1

names(pt0.val) = c("val", "id")

names(pt1.val) = c("val", "id")

pt.all = rbind(pt0.val, pt1.val)

shapiro.test(pt.all$val)

# Shapiro-Wilk normality test

#data: pt.all$val

#W = 0.97624, p-value < 0.0000000000000022

wilcox.test(pt0.val$val, pt1.val$val) # compara valores entre grupos

# Wilcoxon rank sum test with continuity correction

#data: pt0.val$val and pt1.val$val

#W = 882873, p-value < 0.0000000000000022

#alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

# Figure 3 - # Boxplot of GLM values for locations with and without records

boxplot(pt0.val$val, pt1.val$val, col="grey90", xlab = "Localities", ylab = "GLM prediction",
names = c("w/o records","w/ records"), cex.axis = 0.8)

points(1,mean(pt0.val$val),pch = 22, bg = "white", cex = 1.1)

points(2,mean(pt1.val$val),pch = 22, bg = "white", cex = 1.1)

text(0.5,3.9,"W = 898693, p < 0.001", cex = 0.8, font = 3, pos = 4)

# Splitting newer and older species and calculating values within a 10 km buffer

#n.spp = readRDS("pt_newer_spp.sf")

```

```

n.spp = read.csv("Dados originais/Tabelas/Novas_especies_Cerrado.csv") |> st_as_sf(coords =
c("Longitude", "Latitude"))

nomes = as.list(unique(n.spp$Especie))

pt1 = subset(pt, Actual_species_name %in% nomes)

pt2 = subset(pt, !(Actual_species_name %in% nomes))

pt2 = st_transform(pt2, st_crs(cerrado))

pt1 = st_transform(pt1, st_crs(cerrado))

saveRDS(pt1, "Dados processados/Shape/pt_newer_spp.sf")

saveRDS(pt2, "Dados processados/Shape/pt_older_spp.sf")

# Creating a buffer around each point

pt1(buff = st_buffer(pt1, 10000) # 10km buffer for older species

pt2(buff = st_buffer(pt2, 10000) # 10km buffer for newer species

saveRDS(pt1(buff), "Dados processados/Shape/pt1_buff.sf")      # salva o resultado

saveRDS(pt2(buff), "Dados processados/Shape/pt2_buff.sf")      # salva o resultado

pt1(buff = readRDS("Dados processados/Shape/pt1_buff.sf"))

pt2(buff = readRDS("Dados processados/Shape/pt2_buff.sf"))

#Testando valores preditos pelo modelo para espécies mais velhas e mais novas

modelo1

pt1.val = exact_extract(modelo1, pt1(buff, fun = "mean") |> as.data.frame() # extract values (newer
species)

pt2.val = exact_extract(modelo1, pt2(buff, fun = "mean") |> as.data.frame() # extract values (older
species)

pt1.val = na.omit(pt1.val)                      # suppress NA values

names(pt1.val) = "val"

pt2.val = na.omit(pt2.val)

pt2.val = pt2.val[sample(nrow(pt2.val), 100),]    # sampling 100 records for testing

```

```

pt2.val = data.frame(pt2.val)

names(pt2.val) = "val"

id = rep(0,nrow(pt1.val))

pt1.val = cbind(id,pt1.val)

id = rep(1,nrow(pt2.val))

pt2.val = cbind(id,pt2.val)

pt.buff.val = rbind(pt1.val, pt2.val)

write.csv(pt.buff.val, "Dados processados/Tabelas/pt_buff_val_new.csv", row.names=F)

v.old = subset(pt.buff.val, id==1)

v.new = subset(pt.buff.val, id==0)

run = 100

test.new = data.frame(run=integer(run), w=numeric(run), p=numeric(run))

i=1

for(i in 1:run){

  pt2.samp = v.old[sample(nrow(v.old), 94),]

  temp = wilcox.test(v.new$val,pt2.samp$val)

  test.new[i,1] = i

  test.new[i,2] = temp$statistic

  test.new[i,3] = temp$p.value

}

x = which(test.new$p > 0.05)

1 - (length(x) / run) #[1] 0

mean(test.new$w) # [1] 884.54

mean(test.new$p) # [1] 0.4874517

shapiro.test(pt1.val$val)

#Shapiro-Wilk normality test

```

```

#data: pt1.val$val
#W = 0.97816, p-value = 0.9385
shapiro.test(pt2.samp$val)
#Shapiro-Wilk normality test
#data: pt2.samp$val
#W = 0.92669, p-value = 0.0000551
wilcox.test(pt1.val$val, pt2.samp$val)
# Wilcoxon rank sum test with continuity correction
#data: pt1.val$val and pt2.samp$val
#W = 882, p-value = 0.4993
#alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
run = 1000
test.new = data.frame(run=integer(run), w=numeric(run), p=numeric(run))
i=1
for(i in 1:run){
  pt2.samp = pt2.val[sample(nrow(pt2.val), 94),]
  temp = wilcox.test(pt1.val$val, pt2.samp$val)
  test.new[i,1] = i
  test.new[i,2] = temp$statistic
  test.new[i,3] = temp$p.value
}
x = which(test.new$p > 0.05)
1 - (length(x) / run) #[1] 0
mean(test.new$w) #[1] 883.826
mean(test.new$p) #[1] 0.4910721
# Ploting results

```

```

# Figure 5 - plot older and newer species values

boxplot(pt.buff.val$val~pt.buff.val$id, col="grey80",
        names=c("species > 2013","species < 2013"),
        ylab = "Environmental measurement", xlab="")

points(1,mean(pt1.val$val), pch=22, bg="white", cex=1.2)
points(2,mean(pt2.val$val), pch=22, bg="white", cex=1.2)
text(1.8,4,"W = 139713.3, p-value = 0.6812777", cex=0.8)

#Creating maps

as = st_read("Dados originais/Shape/americadosul.gpkg") # importing reference file

biomes = st_transform(biomes, st_crs(as)) # importing reference file

biomes = biomes[1:6,]

pt1  =  readRDS("Dados processados/Shape/pt_newer_spp.sf")  |>  st_transform(st_crs(as))  #
occurencies of newly described species

pt2  =  readRDS("Dados processados/Shape/pt_older_spp.sf")  |>  st_transform(st_crs(as))      #
occurencies of older described species

pt_unique = st_transform(pt_unique, st_crs(as))

# Result GLM (Figure 2)

cor1          =
colorRampPalette(c("darkred","darksalmon","darkolivegreen1","darkolivegreen3","darkolivegreen4"))

fig2 = tm_shape(modelo) +
tm_raster(colorNA = "white", palette = cor1(100), n=100, style="cont",
legend.show = F, title = "GLM prediction", textNA=" ",
midpoint =-0.2779) +
tm_layout(legend.position = c("left","bottom"),frame = F,
legend.bg.color = "white") +

```

```

tm_shape(pt_unique) +
  tm_symbols(col="black", size = 0.2, shape=20) +
  tm_shape(as) +
  #tm_text("Pais", size=0.5) +
  tm_polygons(alpha=0, border.col = "grey70") +
  tm_shape(biomes) +
  tm_polygons(alpha=0, border.col = "grey50") +
  tm_xlab("Long", size = 1.1, space = 1) +
  tm_ylab("Lat", size = 1.1, space = 1) +
  tm_grid(n.x = 5, n.y=5, labels.cardinal = T) +
  tm_compass(position=c("right","top")) +
  tm_scale_bar(position = c("right","bottom")) +
  tm_add_legend(title="GLM prediction", col=cor1(5),border.col = "gray60",
    size=0.2,
    labels = c("-5.06","","0.60","","19.39"))

fig2 + tm_layout(legend.position = c("left", "top"))

fig2

fig2a = tm_shape(biomes) +
  tm_layout(frame = F) +
  tm_polygons(col="ivory2") +
  tm_text("name_biome", size=0.75, fontface = "bold")
  vp_m1 = viewport(x = 0.29, y = 0.42, width = 0.25, height = 0.25)
  tmap_save(fig2, insets_vp = vp_m1, filename = "Figuras e Mapas/figure_2.eps", dpi=300)
  tmap_save(fig2,insets_vp = vp_m1, filename = "Figuras e Mapas/figure_2.png", dpi=300)

# Occurrences - spatial filter (~10km) applied (Figure 3)

fig3 = tm_shape(pt2) +

```

```

tm_symbols(col="white", size=0.01) +
tm_layout(bg.color = "skyblue", legend.bg.color = "white") +
tm_shape(as) +
tm_polygons(col="cor", palette = c("white","grey80"), border.col = "grey60", legend.show = F) +
tm_text("Pais", size=0.6) +
#tm_shape(rivers) +
#tm_lines(col="skyblue", legend.lwd.show = F) +
tm_shape(pt2) +
tm_symbols(col="burlywood", size = 0.2, shape=20) +
tm_shape(pt1) +
tm_symbols(col="coral4", size = 0.3, shape=20) +
tm_shape(biomes) +
tm_polygons(alpha = 0, border.col = "grey40") +
tm_xlab("Long", size = 1.1, space = 1) +
tm_ylab("Lat", size = 1.1, space = 1) +
tm_grid(n.x = 3, n.y=3, labels.cardinal = T) +
tm_compass(position=c("right","top")) +
tm_scale_bar() +
tm_add_legend(type="symbol", col=c("burlywood","coral4"), border.col="grey60",
labels=c("species < 2013","species > 2013"), size=0.4)

```

fig3

```

fig3a <- tm_shape(biomes) +
tm_polygons(col = "ivory2") + # Define a cor dos polígonos
tm_text("name_biome", size = 0.75, fontface = "bold") # Adiciona texto aos polígonos
vp_m1 <- viewport(x = 0.29, y = 0.35, width = 0.25, height = 0.25)
## Save the final map as an EPS file

```

```

tmap_save(fig3, insets_tm = fig3a, insets_vp = vp_m1, filename = "figure_3.eps", dpi = 300)

# Testando variáveis explanatórias por grupo de espécie (nova x velha)

pt1.val1 = exact_extract(s, pt1.buff,"mean")    # extract values (newer species)

names(pt1.val1) = names(s)                      # update column names

pt2.val1 = exact_extract(s, pt2.buff,"mean")    # extract values (olde species)

names(pt2.val1) = names(s)                      # update column names

#Summarizing descriptive statistics - Table 1

id = rep(0,nrow(pt1.val1))

pt1.val1 = cbind(id,pt1.val1)

id = rep(1,nrow(pt2.val1))

pt2.val1 = cbind(id,pt2.val1)

pt2.val1 = pt2.val1[sample(nrow(pt2.val1), 100),]    # sampling 100 records for testing

pt2.val1 = data.frame(pt2.val1)

pt12.val = rbind(pt1.val1,pt2.val1)

res = describeBy(pt12.val, pt12.val$id)

write.csv(res$`0`,"Dados processados/Tabelas/res0_summary_val.csv", row.names = F)

write.csv(res$`1`,"Dados processados/Tabelas/res1_summary_val.csv", row.names = F)

detach("package:psych", unload=T)

# Figure 6 - research priority map

hfp = rast ("cerrado_human_footprint.tif")

hfp = resample(hfp,modelo1)

# Reamostrar o raster 'mask' para coincidir com a extensão e resolução de 'hfp'

# Usando o método 'near' para evitar interpolação que pode alterar os dados de máscara

mask <- resample(mask, hfp, method="near")

hfp = hfp * mask

hfp = stretch(hfp,1,100)

```

```

mod = stretch(modelo,1,100)

prio = (hfp + mod) / 2

cor2 = colorRampPalette(c("darksalmon","darkred","darkolivegreen1","darkolivegreen3","darkolivegreen4"))

fig6 = tm_shape(prio) +
  tm_raster(palette=cor2(100), n=100, colorNA = "white", legend.show = F) +
  tm_shape(biomes) +
  tm_polygons(alpha=0, border.col = "black", lwd=1) +
  tm_xlab("Long", size = 1.1, space = 1) +
  tm_ylab("Lat", size = 1.1, space = 1) +
  tm_grid(n.x = 5, n.y=5, labels.cardinal = T) +
  tm_compass(position=c("right","bottom")) +
  tm_scale_bar() +
  tm_add_legend(title="Priority",
    labels=c("high","medium","low"),
    col=c("darkred", "darksalmon","darkolivegreen1"),size=0.5, border.col = "grey70") +
  tm_layout(legend.position = c("left","top"),
    legend.title.size = 0.9)

fig6

# Setting up the viewport to define where the inset (fig6c) will be placed on the main map (fig6)
vp_m1 <- viewport(x = 0.84, y = 0.28, width = 0.15, height = 0.15)

# Suponha que 'fig6' seja um mapa já definido anteriormente no seu código

# Aqui está como você salvaria 'fig6' com 'fig6c' como um inset
tmap_save(fig6, insets_tm = fig6c, insets_vp = vp_m1, filename = "figure_6.eps", dpi = 300)

#Figure 6A - Reclassified GLM Model

```

```

fig6a = tm_shape(mod) +
  tm_raster(colorNA = "white", palette = cor1(100), n=100, style="cont",
            legend.show = F, title="GLM prediction", textNA=" ") +
  tm_layout(frame = F, legend.position = c(0.75,0.1),
            legend.text.size = 0.8, legend.title.size=1.1) +
  tm_add_legend(title="GLM prediction", labels=c("low","","medium","","high"),
                col=cor1(5),border.col = "gray60", size=0.1)

```

fig6a

Figure 6B - Human Footprint

```

fig6b = tm_shape(hfp) +
  tm_raster(colorNA = "white", palette = cor2(100), n=100, legend.show = F,
            title = "Human Footprint", style="log10_pretty", textNA=" ") +
  tm_layout(frame = F, legend.position = c(0.75,0.1),
            legend.text.size = 0.8, legend.title.size=1.1) +
  tm_add_legend(title="Human Footprint",
                labels=c("low","","medium","","high"), col=cor2(5),border.col = "gray60", size=0.4)

```

fig6b

Joining figures 6 a and b

```
fig6ab=tmap_arrange(fig6a, fig6b, ncol=1, nrow=2)
```

fig6ab

```
tmap_save(fig6ab,"figure_6ab.eps", dpi=200)
```

Figure S1 background mask for random points outer species occurrence

```
pt_50km.r = raster("Dados processados/Img/mask_50km.tif")
```

```
pt0 = readRDS("Dados processados/Shape/pt_random_points.sf")
```

```
pt_unique = readRDS("Dados processados/Shape/pt_unique.sf")
```

```
figS1 = tm_shape(pt_50km.r) +
```

```

tm_raster(legend.show = F) +
tm_layout(legend.position = c("left","bottom")) +
tm_shape(pt0) +
tm_symbols(col="grey30", size = 0.05) +
tm_shape(pt_unique) +
tm_symbols(col="pink", size = 0.05) +
tm_shape(as) +
tm_text("Pais", size=0.5) +
tm_polygons(alpha=0, border.col = "grey70") +
tm_xlab("Long", size = 1.1, space = 1) +
tm_ylab("Lat", size = 1.1, space = 1) +
tm_grid(n.x = 5, n.y=5, labels.cardinal = T) +
tm_compass(position=c("right","top")) +
tm_scale_bar() +
tm_add_legend(type="symbol", col=c("grey30","pink"), border.col="grey60",
labels=c("random points","existing points"),
size=1.2) + tm_layout(legend.position = c("left", "top"))

```

figS1

```

tm_layout(legend.position
= c("left", "top"))

tmap_save(figS1,"Figuras e Mapas/figure_S1_points_analysis.png", dpi=150)

cores = c("antiquewhite1","antiquewhite3","coral","chocolate")

id = c(1,2,3,4)

cores.id = data.frame(id,cores, stringsAsFactors = F)

# Histogram of pixels values - map of priorities (Figure S3)

x = hist(prio, plot=F)

```

```
plot(x, main="", xlab="Priority", col="grey90", cex.axis=0.8)
abline(v=25,col="red")
text(18,90000, "(66.8%)", cex=0.8, font=3)
text(60,90000, "(33.2%)", cex=0.8, font=3)
## EOF ()
```

Referências

Aguiar, Ludmilla M. S., Maria João R. Pereira, Marlon Zortéa, e Ricardo B. Machado. 2020. “Where Are the Bats? An Environmental Complementarity Analysis in a Megadiverse Country”. Editado por Orly Razgour. *Diversity and Distributions* 26 (11): 1510–22. <https://doi.org/10.1111/ddi.13137>.