UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

GABRIEL CEZAR SILVEIRA ROCHA

DIVERSIDADE MULTIDIMENSIONAL DE PEQUENOS MAMÍFEROS NÃO-
VOADORES DA MATA ATLÂNTICA

CURITIBA

2021

GABRIEL CEZAR SILVEIRA ROCHA

DIVERSIDADE MULTIDIMENSIONAL DE PEQUENOS MAMÍFEROS NÃO-
VOADORES DA MATA ATLÂNTICA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Setor de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial a obtenção do título de Mestre em Ciências Biológicas, área de concentração Zoologia.

Orientador: Prof. Dr. João M. D. Miranda

CURITIBA

2021

DADOS INTERNACIONAIS DE CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SISTEMA DE BIBLIOTECAS – BIBLIOTECA DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Rocha, Gabriel Cezar Silveira

Diversidade multidimensional de pequenos mamíferos não-voadores da Mata Atlântica / Gabriel Cezar Silveira Rocha. – Curitiba, 2021.

1 recurso on-line : PDF.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Zoologia.

Orientador: Prof. Dr. João M. D. Miranda.

1. Roedores. 2. Mamíferos. 3. Biodiversidade – Mata Atlântica. 4. Habitat (Ecologia). I. Miranda, João Marcelo Deliberador, 1979-. II. Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Zoologia. III. Título.

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em ZOOLOGIA da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **GABRIEL CEZAR SILVEIRA ROCHA** intitulada: **DIVERSIDADE MULTIDIMENSIONAL DE PEQUENOS MAMÍFEROS NÃO-VOADORES DA MATA ATLÂNTICA**, sob orientação do Prof. Dr. JOÃO MARCELO DELIBERADOR MIRANDA, que após terem inquirido o aluno e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa. A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 29 de Março de 2021.

Assinatura Eletrônica

29/04/2021 23:09:19.0

JOÃO MARCELO DELIBERADOR MIRANDA

Presidente da Banca Examinadora

Assinatura Eletrônica

29/04/2021 15:28:57.0

FABRICIUS MAIA CHAVES BICALHO DOMINGOS

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

29/04/2021 09:57:24.0

RENATO GARCIA RODRIGUES

Avaliador Externo (UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO)

Ao meu avô, meu professor da “disciplina vida”, que incentivou e presenciou o início
desta jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente aos meus pais, avós e irmãos que sempre me apoiaram em todas as decisões e deram-me suporte para que eu continuasse os estudos. Agradeço especialmente a Mylena Ferreira, minha amiga, namorada e parceira para todos os momentos.

Ao meu orientador, Prof. João Miranda, por mais esta oportunidade de crescimento pessoal, amadurecimento e aprendizado. A todos os colegas e amigos do Laboratório de Biologia de Vertebrados da UNICENTRO, pelo aprendizado, experiências compartilhadas, momentos de descontração e vários campos de trabalho árduo nestes últimos cinco anos.

Agradeço a todo ensino público de qualidade. A UNICENTRO pela minha graduação e ao PPG Biologia Evolutiva pelo meu aperfeiçoamento. Agradeço especialmente à UFPR, ao Programa de Pós-Graduação em Zoologia e todos do corpo docente por todo o ensinamento passado. À Prof^a. Lilian Manica e ao Ms. Luiz Varzinczak, pelas suas participações nas minhas bancas de Simpósio e valiosas contribuições neste trabalho. À CAPES por todo apoio financeiro, que sem este, esta jornada não seria possível. A Fabiane, secretária do programa, pelo seu excelente e essencial trabalho. As (Os) funcionárias(os) da limpeza do Setor de Biológicas, pelos seus fundamentais papéis dentro da universidade.

A todos os meus amigos e colegas da UNICENTRO. A todos os colegas e amigos da UFPR e do PPG Zoologia, em especial ao Henrique Schipanski, por todo o conhecimento compartilhado, parceria em trabalhos, conversas sobre o R, refeições no RU e momentos de descontração.

Por fim, agradeço a todos que passaram pela minha vida e de alguma forma contribuíram em minha formação acadêmica, profissional e pessoal.

RESUMO

Os pequenos mamíferos não-voadores são importantes modelos de estudo da biodiversidade. A ação antropogênica é a principal causa da perda de habitat e diversidade de espécies. Analisar a diversidade de espécies a partir de diferentes métricas é importante para compreender os padrões de montagem das comunidades. O objetivo deste estudo foi analisar a diversidade alfa e beta dos pequenos mamíferos ao longo da Mata Atlântica. Para isso, foram utilizados dados referentes à ocorrência de espécies obtidos do *Data paper – A dataset of communities of rodents and marsupials of the Atlantic Forests of South America*. Para o estudo foram avaliados 217 sítios amostrais. As análises foram aplicadas também para conjuntos de sítios, que consistiam em agrupamentos de regiões (Norte e Sul) e quatro sub regiões correspondentes (dividindo latitudinalmente cada região). Foi calculada a riqueza média para os fragmentos da Mata Atlântica, para as regiões e as sub regiões, bem como a Diversidade Filogenética (DP) e Diversidade Funcional (DF). Posteriormente, foram realizadas análises de Diversidade Beta (BD) e Diversidade Beta Filogenética (PBD), ambas particionadas em aninhamento (*nestedness*) e substituição de espécies (*turnover*). Realizaram-se análises de variância para avaliar se houve diferenças entre as duas regiões e quatro sub regiões em relação às três métricas de diversidade. Análises de regressão foram realizadas com intuito de verificar o efeito de algumas variáveis em relação a Diversidade Alfa e Beta. A riqueza média para os fragmentos de Mata Atlântica foi de $8,4 \pm 4$ (média $\pm$ desvio padrão) espécies. Para DP o padrão encontrado foi de diminuição da diversidade conforme avanço às sub regiões ao Sul. Norte e Sul diferem em relação as três métricas e o teste de regressão indicou baixa influência da variação latitudinal sobre a DP e DF. A BD teve resposta decrescente em relação à distância geográfica entre sítios. O *turnover* foi o fator preponderante para a BD e PBD, sendo mais influente em pares de sítios mais próximos geograficamente. Isto, em pequena escala, pode estar relacionado a ocorrência de espécies raras (pouco registradas) e fatores biológicos intrínsecos, relacionados à limitação na capacidade de dispersão dos pequenos mamíferos. Em grande escala as desigualdades encontradas podem ser consequência de fatores biogeográficos na história evolutiva da MA e dos pequenos mamíferos não-voadores.

Palavras-Chaves: Didelphimorphia. Diversidade. Ecologia. Rodentia.

ABSTRACT

The small non-flying mammals are important models of biodiversity studies. Anthropogenic action is the main cause of habitat loss and species diversity loss. Analyzing species diversity from different metrics is important to understand community assembly patterns. The aim this study was to analyze the alpha and beta diversity of small non-flying mammals along the Atlantic Forest. For this, we used data on the occurrence of species obtained from the Data paper – A dataset of communities of rodents and marsupials of the Atlantic Forests of South America. For the study 217 sample sites were analyzed. The analyzes were also applied to sets of sites, which consisted in the grouping of regions (North and South) and four corresponding sub-regions (dividing latitudinally each region). The average richness was calculated for fragments of the Atlantic Forests, for regions and sub-regions, well as the Phylogenetic Diversity (DP) and Functional Diversity (DF). Subsequently, Beta Diversity (BD) and Phylogenetic Beta Diversity (PBD) analysis were performed, partitioned in nestedness and turnover. Analysis of variance was performed to assess whether there are differences between the two regions and the four sub-regions in relation to the three metrics of diversity. Regression analysis was performed to verify the effect of some variables in relation to Alpha and Beta Diversity. The average richness of the Atlantic Forest fragments was $8,4 \pm 4$ (average $\pm$ standard deviation) species. For DP, the pattern found is a decrease in diversity as progression in the Southern regions. North and South differ in relation to the three metrics and the regression test indicated low influence of latitudinal variation on PD and DF. The BD had a decreasing response in relation to the geographical distance between the sample sites. The turnover was the major factor for BD and PBD, being more influential in pairs of geographically closest sites. This, on a small scale, may be related to the occurrence of rare species (few records) and intrinsic biological factors, related to the limited dispersal capacity of small mammals. On a large scale, the inequalities found may result from biogeographic factors in evolutionary history of MA and small non-flying mammals.

Key-words: Didelphimorphia. Diversity. Ecology. Rodentia.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	8
2 MATERIAL E MÉTODOS	12
2.1 Área de estudo	12
2.1 Sítios amostrais	13
2.2 Análise dos dados	14
2.2.1 Riqueza (S)	15
2.2.2 Diversidade Filogenética (DP)	15
2.2.3 Diversidade Funcional (DF)	17
2.2.4 Comparações entre as regiões e sub regiões	18
2.2.5 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Alfa	18
2.2.6 Beta Diversidade (BD)	19
2.2.7 Beta Diversidade Filogenética (PBD)	20
2.2.8 Análise de <i>Cluster</i>	20
2.2.9 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Beta taxonômica	20
3 RESULTADOS	22
3.1 Diversidade Alfa	22
3.1.1 Riqueza	22
3.1.2 Diversidade Filogenética	23
3.1.3 Diversidade Funcional	23
3.1.4 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Alfa	26
3.2 Diversidade Beta	28
3.2.1 Diversidade Beta Taxonômica (BD)	28
3.2.2 Diversidade Beta Filogenética (PBD)	28
4 DISCUSSÃO	32
5 CONCLUSÃO	37
REFERÊNCIAS	38
ANEXO 1	44
ANEXO 2	84
ANEXO 3	87

1 INTRODUÇÃO

A Mata Atlântica possui vasta amplitude latitudinal, o que condiciona grande heterogeneidade ambiental e paisagística (OLIVEIRA-FILHO; FONTES, 1999; TABARELLI et al., 2005). Consequentemente, isso aporta uma amplitude de condições ambientais e funcionais aos táxons animais. A Mata Atlântica possui mais de 3.300 Km de extensão latitudinal e abrange desde o extremo Nordeste até os domínios da região Sul do Brasil, com predomínio em toda sua região litorânea (LIPORACCI et al., 2017). Longitudinalmente se estende desde a costa litorânea do Oceano Atlântico até o Paraguai e Nordeste da Argentina (TABARELLI et al., 2005). Possui certa variação altitudinal, onde há predomínio do bioma ao nível do mar até regiões de montanhas que se elevam a aproximadamente dois mil metros de altitude (BARBOSA; MANSANO, 2018). É um dos biomas com maior biodiversidade do planeta e que tem sofrido muito com ações antrópicas (FRANKE et al., 2005), principalmente devido à intensa ocupação humana que ocasiona a descaracterização e a fragmentação de habitats naturais e consequente perda da biodiversidade (MMA, 2007). Sabe-se que a Mata Atlântica encontra-se reduzida a menos de 12,4% de sua cobertura original (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2019). Em virtude de sua biodiversidade, por abrigar inúmeras espécies endêmicas e as ameaças que sofre, é considerada uma das áreas prioritárias para conservação da biodiversidade global (MYERS et al., 2000).

A história biogeográfica da Mata Atlântica é marcada por períodos de conexão com outras florestas Sul Americanas, como a Floresta Amazônica e Andina, bem como períodos de isolamento (LEDO; COLLI, 2017; TABARELLI et al., 2005). Este pode ser um dos fatores que contribuíram para a presença de diversas áreas e regiões de endemismo de espécies na Mata Atlântica (CARNAVAL et al., 2014; DA SILVA; DE SOUSA; CASTELLETTI, 2004). Portanto, os estudos de diversidade de espécies são importantes para compreensão dos processos que modulam a diversidade desse bioma. Dessa forma, os pequenos mamíferos não-voadores se fazem importantes como modelos de estudo, pois exercem importante influência na dinâmica das florestas Neotropicais e são indicadores das alterações locais de habitats e de paisagem (PARDINI; UMETSU, 2006).

Os pequenos mamíferos não-voadores, no Brasil, têm destaque de representatividade pelas Ordens Didelphimorphia e Rodentia, com a massa variando

de alguns gramas até poucos quilos (menos de 3Kg quando adultos). Os métodos de estudo e captura dos Didelphimorphia e Rodentia são os mesmos, em maioria, o que favorece seu estudo ecológico em conjunto (PREVEDELLO; MENDONÇA; VIEIRA, 2008). Este grupo de animais tem despertado o interesse dos pesquisadores, não somente pela abundância e riqueza, mas também em virtude de suas adaptações e importância na composição dos ecossistemas terrestres (COGHETTO et al., 2014). Os pequenos mamíferos não-voadores contribuem para o controle populacional de invertebrados e pequenos vertebrados, atuam na dispersão de sementes (CADEMARTORI et al., 2011), e, excepcionalmente, em ilhas, atuam como polinizadores (FISCHER; ARAUJO; GONÇALVES, 2014). Além disso, estão também na base da dieta de carnívoros (ANDRADE; SAUTHIER; PARDINAS, 2004; CANEL et al., 2016). Por serem hospedeiros de agentes zoonóticos, também podem ser responsáveis indiretos e involuntários da disseminação de doenças (POVIL; LAZAR; BONVICINO, 2017). Estes fatores favorecem o uso do grupo para avaliação da diversidade, em escala filogenética e ecológica, bem como compreender os padrões de montagem de suas comunidades.

Para compreensão desses padrões é necessário a aplicação de métricas de diversidade, sendo que, muitos trabalhos utilizam a riqueza de espécies como principal métrica da diversidade biológica (MAGURRAN, 2004). A riqueza de espécies é responsável por uma grande proporção da variação na diversidade (WILSEY et al., 2005), todavia, ela não inclui as distinções entre as espécies e suas variações ecológicas intrínsecas (MAGURRAN, 2004). Em diferentes comunidades as várias espécies que as compõem podem apresentar diferentes padrões funcionais, bem como diferentes relações de parentesco evolutivo. As limitações impostas pelas análises de riqueza em relação aos padrões evolutivos e biogeográficos gerou a necessidade da criação e utilização de outras métricas de diversidade. Uma dessas abordagens é a Diversidade Filogenética (DP), que leva em consideração as relações filogenéticas e evolutivas das espécies ocorrentes em um dado local (VANE-WIGHT; HUMPHRIES; WILLIAMS, 1991). Além de contribuir para uma avaliação multidimensional da diversidade, as abordagens filogenéticas têm sido propostas na verificação de padrões de aninhamento de comunidades (MELO; CIANCIARUSO; ALMEIDA-NETO, 2014). A compreensão da dimensão filogenética das comunidades e sua interpretação ajudam a esclarecer os fatores ligados à biologia da conservação (FAITH, 1992), onde, por exemplo, pode-se compreender que diferentes ambientes

com riqueza de espécies semelhantes podem ser extremamente distintos em relação à diversificação filogenética. Além da riqueza e DP, outra métrica bastante informativa sobre os padrões de diversidade é a Diversidade Funcional (DF). A DF é utilizada como uma ferramenta para medir funcionalidades das espécies e descrever padrões ecológicos para as comunidades (PETCHEY; GASTON, 2002), a partir da concatenação de uma série de atributos funcionais, que resumidamente indicam a representatividade ecológica de cada espécie em seu nicho. Com valor mais explicativo, a adição de qualquer espécie a uma comunidade aumenta a DF, sendo que o valor de contribuição de cada espécie para a funcionalidade é independente da riqueza (PETCHEY; ECTOR; ASTON, 2004). E de fato, a DF se mostra como uma poderosa ferramenta para avaliar as consequências funcionais das extinções de espécies (PETCHEY; GASTON, 2002).

Além da compreensão dos padrões biogeográficos, a partir do uso de métricas de diversidade, entender como essas dimensões da diversidade se distinguem na natureza é fundamental. Nesse contexto, os estudos da variação da composição de espécies entre assembleias (Diversidade Beta) se fazem importantes. A análise da diversidade beta corresponde a um conceito clássico em ecologia e serve como medida para examinar a extensão da diferença entre duas ou mais áreas de diversidade alfa (MAGURRAN, 2004). Essa análise pode ser feita ao nível taxonômico (BD) e também filogenético (PBD). Podem ser avaliados dois diferentes fenômenos que compõem a Diversidade Beta: aninhamento (*nestedness*) de comunidades e substituição espacial de espécies (*turnover*) (BASELGA, 2010). Esses conjuntos de medidas exploratórias, tanto no nível métrico de diversidade, quanto na variação composicional, são aplicados a partir de modelos para estudos de processos ecológicos. Portanto, tais análises agregam informações a respeito da diversidade dos pequenos mamíferos no momento atual, bem como permitem atribuir previsões futuras sobre o assunto.

Portanto, o conhecimento acerca dos padrões de diversidade e os processos biológicos e não biológicos envolvidos na montagem das comunidades são de suma importância. Explorar os processos ambientais envolvidos na estruturação da biodiversidade ajuda na sua mais ampla compreensão, principalmente para buscar padrões de distribuição de espécies de pequenos mamíferos e promover fomento científico para ações de manejo e conservação (PAISE; VIEIRA; PRADO, 2020).

Deste modo, os objetivos deste trabalho foram: primeiramente, investigar a diversidade alfa e beta dos pequenos mamíferos não-voadores ao longo da Mata Atlântica. Baseando-se na hipótese da existência de diferenças latitudinais em relação às métricas de Riqueza, Diversidade Filogenética e Diversidade Funcional, esperou-se encontrar variações nas diversidades entre as regiões biogeográficas do bioma. Por segundo, buscou-se explorar os padrões e variáveis de efeito na Diversidade Alfa e Diversidade Beta com base na influência dos fatores geográficos e de amostragem. Com isso, levantou-se a hipótese de uma relação positiva entre Latitude, Esforço Amostral e Tamanho dos Fragmentos em relação às diversidades. Além disso, em relação à variável Altitude esperou-se encontrar uma relação negativa, onde maiores diferenças de altitude poderiam condicionar maiores variações na diversidade.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

A Mata Atlântica possui extensão geográfica desde o extremo Nordeste até o Sul do Brasil, ocupando toda região da costa litorânea, representando 15% do território brasileiro (MMA, 2007). Sendo que os maiores remanescentes concentram-se nos relevos da Serra do Mar, na região Sudeste e Sul do Brasil (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2019). Apresenta contraste de áreas baixas com regiões montanhosas que condicionam certa variação climática ao bioma (FRANKE et al., 2005). Visto esta variação latitudinal, de altitude e dinâmica climática, a Mata Atlântica também possui vasta biodiversidade florestal e faunística.

Certos sobre esta dinâmica e defronte com a descaracterização que a Mata Atlântica sofre, há o isolamento de espécies em pequenos fragmentos florestais. Há, ainda, a improvável ocorrência de todas as espécies de pequenos mamíferos em toda extensão da Mata Atlântica (SWENSON, 2014). Por exemplo, como ocorre com a diminuição de espécies representantes de Caviidae, Sygmodontinae e Phyllotini ao Sul do bioma (PARDINI; UMETSU, 2006). Além disso, existe a possibilidade de barreiras geográficas e processos biogeográficos distintos terem atuado como eventos estocásticos na conformação da diversidade do grupo (BOVENDORP et al., 2019).

Visto isso e seguindo o que é reportado na literatura, sobre a divisão da Mata Atlântica em regiões biogeográficas (COSTA et al., 2000), neste trabalho, as análises foram realizadas em diferentes escalas. Os sítios amostrais da Mata Atlântica utilizados nas análises foram agrupados nas regiões: Norte e Sul e quatro respectivas sub regiões: N1 (Sub região Norte 1), N2 (Sub região Norte 2), S1 (Sub região Sul 1) e S2 (Sub região Sul 2) (Figura 1). A separação dos sítios em regiões e sub regiões foi feita a partir do grau de latitude dos mesmos. Os sítios foram ordenados em ordem crescente de grau de latitude. O limite entre as chamadas regiões Norte e Sul foi definido aos 23° de latitude sul, ao que corresponde a latitude do primeiro sítio amostral nesta região. Esta divisão é próxima ao Trópico de Capricórnio (23°27" S), definindo-se então uma região tropical Norte e outra sub tropical Sul. A região Norte apresenta uma maior amplitude latitudinal (15° de latitude), enquanto a região Sul

apresentou 9° de latitude. As quatro sub regiões correspondentes foram definidas a partir da divisão igual dos graus de latitude de cada região.

2.1 Sítios amostrais

Os dados referentes à riqueza de espécies de sítios amostrais foram obtidos no *data paper: Atlantic Small-Mammal: a dataset of communities of rodents and marsupials of the Atlantic Forests of South America* (BOVENDORP et al., 2017). Com intuito de reduzir o viés das amostragens, foi realizada uma seleção de sítios, baseando-se no esforço amostral (armadilhas/noite). Foram selecionados para as análises somente sítios com esforço superior a 1000 armadilhas/noite. Posteriormente, foi realizada outra seleção de sítios com base no número de registros de espécies. Foram selecionados somente sítios com três ou mais registros de espécies. Estas seleções resultaram em um total de 217 sítios amostrais. Foi confeccionada uma matriz binária de presença/ausência de espécies por sítio amostral (Anexo 1). Em seguida, foram confeccionadas sub matrizes correspondendo às presenças das espécies para as regiões (Norte e Sul) e suas respectivas sub regiões (N1, N2, S1 e S2). Quanto ao número de sítios amostrais por região: Norte (n= 123) e Sul (n= 94). E para às sub regiões: N1 (n= 30), N2 (n= 93), S1 (n= 67) e S2 (n= 27) (Figura 1). A respectiva distribuição dos sítios em regiões e sub regiões foi inicialmente definida a partir do que já é proposto na literatura sobre determinação de regiões biogeográficas da Mata Atlântica.

Figura 1. América do Sul e em evidência o mapa do Brasil e Paraguai. Destaque dos domínios geográficos da Mata Atlântica e sítios amostrais presentes em cada região e sub região correspondentes. N1= Sub região Norte 1; N2= Sub região Norte 2; S1= Sub região Sul 1; S2= Sub região Sul 2.

2.2 Análise dos dados

Para cada sítio amostral foi calculado a riqueza, DP e DF. Posteriormente, estes dados foram agrupados de acordo com as respectivas regiões e sub regiões, e calculado a média e desvios para a riqueza, DP e DF. Nas análises de BD e PBD, primeiramente, foi avaliada a comparação entre sítios amostrais e registrado o valor de Beta Diversidade Global obtido para as regiões e sub regiões. Posteriormente, foi

realizado análises de BD a partir da comparação entre regiões e entre sub regiões, sendo registrado os valores absolutos de Beta Diversidade obtidos. Todas as análises foram realizadas no Ambiente R (R CORE TEAM, 2016).

2.2.1 Riqueza (S)

Os dados de riqueza (S) foram obtidos a partir do número de espécies registradas em cada sítio amostral. Para cada região e para cada sub região foi calculada riqueza média, bem como seus respectivos desvios padrão. Nos registros de espécies para os sítios amostrais, táxons identificados até o nível de gênero foram desconsiderados. Espécies exóticas, como: *Mus musculus* (Linnaeus, 1758), *Rattus rattus* (Linnaeus, 1758) e *Rattus norvegicus* (Berkenhout, 1769), também foram desconsideradas dos registros e análises.

2.2.2 Diversidade Filogenética (DP)

Para calcular a DP foi utilizada a filogenia de mamíferos do mundo, proposta por Faurby e Svenning (2015). Esta filogenia foi construída com dados moleculares de sequências de DNA mitocondrial e utilizando uma abordagem *Bayesiana* heurística-hierárquica. Nela está incluso o tempo de divergência e relacionamento filogenético para todos os mamíferos extintos e existentes do Quaternário, que são descritos até então. A árvore filogenética original foi podada com intuito de obter somente as relações filogenéticas para as 101 espécies registradas nos 217 sítios amostrais utilizados no presente estudo. A poda resultou em um total de 94 espécies, onde sete espécies tiveram de ser incluídas na filogenia por não estarem presentes na árvore original. O processo de inclusão das espécies se deu pela edição manual das espécies na filogenia podada gerada, utilizando-se o bloco de notas do arquivo em extensão *'nexus'* (notação *Newick*). As inclusões foram feitas a partir da consulta a literatura sobre as relações filogenéticas para cada espécie ausente na árvore original (BONVICINO; DE OLIVEIRA; GENTILE, 2010 para *Calomys cerqueirai*; LACEY; MYERS, 2005; NAGAMACHI et al., 2013 para *Cerradomys langguthi*; PAGLIA et al., 2005; PAVAN, 2015 para *Monodelphis pinocchio*; PESSÔA et al., 2015 para *Trinomys* sp.). *Calomys cerqueirai* foi colocado dentro do clado do gênero *Calomys* como espécie irmã de *C. tener* (BONVICINO; DE OLIVEIRA; GENTILE,

2010). *Cerradomys langguthi* foi colocado dentro de uma politomia junto à *Cerradomys subflavus* e *Cerradomys vivoi* (LACEY; MYERS, 2005; NAGAMACHI et al., 2013). *Monodelphis pinocchio* foi colocado junto à *Monodelphis kungsi*, como espécie irmã do grande agrupamento de *Monodelphis* spp. (PAGLIA et al., 2005; PAVAN, 2015). Algumas espécies, devido às incertezas das relações filogenéticas e a presença na árvore do seu respectivo gênero, foram inseridas como politomias dentro do gênero (*Juliomys ossitenuis*, *Hylaeamys seuanezi*, *Rhipidomys itoan* e *Thrichomys laurentius*) (Figura 2).

Posteriormente, foram geradas árvores filogenéticas para as espécies ocorrentes em cada sítio amostral (N=217), para cada região (N=2) e para cada sub-região (N=4). A DP foi calculada para a MA, cada região e sub região a partir da média dos comprimentos dos ramos entre os táxons de uma árvore filogenética. Desta forma, foi realizado o cálculo da média de DP para cada região e sub região, com base nos valores de DP dos respectivos sítios. Foi utilizado o método da média de distância por pares para os cálculos da DP (SWENSON, 2014).

Figura 2. Árvore filogenética podada das 101 espécies de pequenos mamíferos não-voadores da Mata Atlântica avaliadas neste estudo. Filogenia adaptada de Faurby; Svenning (2015).

2.2.3 Diversidade Funcional (DF)

Para calcular a DF dos pequenos mamíferos ocorrentes na Mata Atlântica foi construída uma matriz funcional (Anexo 2). A matriz funcional foi construída a partir da associação de cada espécie com as variáveis categóricas: hábitos alimentares e hábitos de uso do espaço; e contínuas: massa corporal e a razão entre o comprimento da cabeça-corpo e comprimento da cauda (Tabela 1). As informações de cada espécie foram obtidas da literatura (BONVICINO; OLIVEIRA; D'ANDREA, 2008; CÁCERES et al., 2012; PAGLIA et al., 2012; REIS et al., 2011). Para cada sítio amostral foi calculada a DF (N=217), assim como para cada região (N=2) e para cada sub região

(N=4). Posteriormente, foi realizado o cálculo da média de DF para cada região e sub região, com base nos valores de DF dos respectivos sítios.

Para os cálculos de DF foi utilizada a matriz funcional em uma análise de agrupamentos, a partir da distância de Gower e do método *average* (SWENSON, 2014), o que gerou um dendrograma. Esse dendrograma foi convertido em matriz de distância. Por conseguinte, foi calculado a média dos resultados obtidos a partir de uma função *apply*.

Tabela 1. Tabela de atributos usada para estimar a diversidade funcional dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica. (0= atributo ausente, 1 = atributo presente).

Tipo de dado	Componente funcional	Atributo	Valor
Categórico	Hábito alimentar	Piscívoro	0, 1
		Insetívoro	0, 1
		Frugívoro	0, 1
		Granívoro	0, 1
		Herbívoro	0, 1
	Hábito de uso do espaço	Semi aquático	0, 1
		Terrestre	0, 1
		Fossorial	0, 1
		Arborícola	0, 1
		Escansorial	0, 1
Contínuo	Tamanho	Massa	Média (g)
	Proporção corporal (CCmm)/(CAmm)	Comprimento do corpo (CC)	--
		Comprimento da cauda (CA)	--

2.2.4 Comparações entre as regiões e sub regiões

Para analisar se ocorrem diferenças em relação às métricas de diversidade (S, DP e DF), primeiramente foi realizado teste de normalidade para os dados das regiões e sub regiões. Os dados foram não paramétricos, portanto, foi utilizado a análise de variância não paramétrica de Kruskal-Wallis (com valor de significância $p < 0,05$).

2.2.5 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Alfa

A avaliação dos efeitos de Esforço amostral (armadilhas/noite), Latitude, Altitude e Tamanho dos sítios amostrais sobre as métricas de Diversidade (S, DP e DF), foram verificadas a partir de testes de regressão. Os testes foram repetidos para

cada métrica em separado. Foram utilizados os valores das métricas por sítio amostral como variável dependente. Como variável preditora foram utilizados: número de armadilhas/noite por sítio amostral (efeito esforço amostral), grau decimal da latitude de cada sítio (efeito latitude), dados da altitude em metros de cada sítio (efeito altitude) e tamanho da área em m² de cada sítio (efeito tamanho de fragmento).

Com intuito de testar os diferentes ajustes aos dados, foram avaliados quatro diferentes testes de Regressão: Linear e Quantílica; e não-lineares: Quadrática e Cúbica (ajustes por polinômios, de segunda e terceira ordem, respectivamente). Para a definição do melhor ajuste e modelo de Regressão, foi utilizado o Critério de Informação de Akaike (AIC), a partir da função *aic*, onde o modelo de melhor ajuste é o que corresponde ao menor valor de AIC. Este critério foi escolhido visto que ele é um dos mais indicados para análises com amostras de médio e grande tamanho (SOBRAL; BARRETO, 2016). As análises lineares foram realizadas a partir do pacote *vegan*. A regressão Quantílica foi calculada a partir do uso do pacote *quantreg*. As regressões não-lineares (Quadrática e Cúbica) também foram calculadas com o uso do pacote *vegan*, assumindo-se regressões polinomiais de forma quadrática e cúbica, respectivamente. No entanto, visto que o AIC nem sempre indica o melhor modelo, mas sim, o “menos pior”, quando os dados apresentam muito “ruído”, assim, justifica-se o teste Quantílico de forma a complementar e a identificar tal situação (SOBRAL; BARRETO, 2016).

2.2.6 Beta Diversidade (BD)

A Beta Diversidade Taxonômica foi calculada através do índice de dissimilaridade de Sørensen, avaliando-se as diferenças entre os sítios amostrais e levando-se em conta a ocorrência das espécies nos mesmos. Foram destacados os valores de Beta Diversidade Global encontrados para MA, regiões e sub regiões correspondentes. Posteriormente, as análises de BD foram realizadas entre as regiões e sub regiões, levando-se em conta as ocorrências das espécies para as regiões: Norte, Sul; e sub regiões: N1, N2, S1 e S2. Nesta, foram destacados os valores absolutos de BD encontrados entre cada comparação. As análises de Beta Diversidade e seus componentes, aninhamento (BD_{anin}) e *turnover* (BD_{turn}) foram calculados a partir da abordagem proposta por Baselga (2010). Os valores absolutos

de BD foram obtidos a partir da função *beta.pair* e os valores de Beta Global da função *beta.multi*, ambas utilizando-se do pacote *betapart* (BASELGA et al., 2018).

2.2.7 Beta Diversidade Filogenética (PBD)

A PBD foi calculada através do índice *PhyloSor* (BRYANT et al., 2009). Calculou-se as diferenças entre os sítios amostrais considerando-se a ocorrência das espécies nos mesmos. Foram destacados os valores de PBD Global encontrados para MA, regiões e sub regiões. As dissimilaridades filogenéticas são baseadas na Diversidade Filogenética de Faith e mede o quanto as comunidades são mais diferentes com base na proporção dos comprimentos dos ramos filogenéticos compartilhados, comparados com o comprimento total das ramificações filogenéticas das comunidades (BASELGA et al., 2018). Os componentes da beta diversidade filogenética associados ao aninhamento (PBD_{anin}) não podem ser distinguidos da substituição espacial de espécies (PBD_{turn}), portanto, para distinguir estes componentes foi utilizado o particionamento aditivo proposto por Leprieur et al. (2012), em uma extensão daquela proposta por Baselga (2010). Desta forma, a PBD foi particionada em PBD_{anin} e PBD_{turn} e obtidos os valores médios utilizando-se o pacote *phylo.beta.multi* (*index.family= 'sorensen'*) (BASELGA et al., 2018).

2.2.8 Análise de *Cluster*

Foi realizada análise de *Cluster* para representar os padrões de BD entre as sub regiões. A análise foi feita a partir da ocorrência das espécies para cada sub região. Foi utilizado a função *vegdist* e o índice “Sorensen” para calcular a dissimilaridade; e o método UPGMA (*Unweighted pair-group average*) utilizando-se a função *hclust* para gerar o *Cluster*, ambos do pacote *vegan*.

2.2.9 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Beta taxonômica

A avaliação dos efeitos de Esforço amostral (armadilhas/noite), Distância entre sítios e Altitude, sobre a Diversidade Beta, foi verificada a partir de testes de Regressão. Os testes foram realizados com uso de todas as informações das variáveis, entre todas as combinações possíveis de pares de sítios amostrais, que

correspondiam às respectivas diversidades beta, entre os mesmos pares de sítios. Sendo que, para a análise do esforço amostral utilizou-se os valores da diferença do esforço (armadilhas/noite) entre os pares de sítios, como variável preditora. Em relação a distância entre sítios, foi utilizado as informações de distância geográfica (km) entre cada par de sítio, como variável preditora. E para a altitude, foi utilizado a diferença entre altitudes (m) de cada respectiva combinação de pares de sítios, como variável preditora. Os dados de diversidade beta entre sítios foram utilizados como variável dependente, respectivamente, em cada teste. Os testes de regressão foram os mesmos utilizados nas análises de efeito sobre a Diversidade Alfa, sendo: Linear, Quantílica, Quadrática e Cúbica. Para a definição do melhor ajuste e modelo de regressão, também foi utilizado o AIC.

3 RESULTADOS

3.1 Diversidade Alfa

Um total de 101 espécies de pequenos mamíferos não-voadores foi registrado em 217 sítios, sendo: 26 espécies de marsupiais e 75 de roedores. As espécies com maior frequência nos sítios amostrais foram: *Didelphis aurita* (Wied-Neuwied, 1826) (registrado em 58,9% dos sítios amostrais); *Oligoryzomys nigripes* (Olfers, 1818) (registrado em 57,6% dos sítios amostrais); *Marmosops incanus* (Lund, 1840) (registrado em 42,4% dos sítios amostrais) e *Akodon montensis* Thomas, 1913 (registrado em 38,7% dos sítios amostrais). Das 101 espécies registradas, 25 espécies ocorreram em apenas um sítio e outras 10 em somente dois sítios, sendo consideradas espécies mais raras, sendo elas: *Chironectes minimus* (Zimmermann, 1780), *Cryptonanus guahybae* (Tate, 1931); *Monodelphis kungsi* Pine, 1975; *Abrawayaomys ruschii* Cunha & Cruz, 1979; *Akodon lindberghi* Hershkovitz, 1990, *Akodon mystax* Hershkovitz, 1998; *Akodon serrensis* Thomas, 1902; *Brucepattersonius griserufescens* Hershkovitz, 1998; *Calomys cerqueirai* Bonvicino, Oliveira & Gentile, 2010; *Calomys laucha* (G. Fischer, 1814); *Calomys expulsus* (Lund, 1841); *Cavia fulgida* Wagler, 1831; *Cerradomys vivoi* Percequillo, Hingst-Zaher & Bonvicino, 2008; *Ctenomys flamarioni* Travi, 1981; *Deltamys kempi* Thomas, 1917; *Galea spixii* (Wagler, 1831); *Holochilus sciureus* Wagner, 1842; *Hylaeamys oniscus* (Thomas, 1904); *Juliomys rimofrons* Oliveira & Bonvicino, 2002; *Kannabateomys amblyonyx* (Wagner, 1845); *Nectomys rattus* (Pelzeln, 1883); *Oxymycterus caparoe* Hershkovitz, 1998; *Oxymycterus delator* Thomas, 1903; *Oxymycterus rufus* (G. Fischer, 1814); *Phyllomys medius* (Thomas, 1909); *Phyllomys pattoni* Emmons, Leite, Kock & Costa, 2002; *Pseudoryzomys simplex* (Winge, 1887); *Rhagomys rufescens* (Thomas, 1886); *Rhipidomys macrurus* (Gervais, 1855); *Thrichomys inermis* (Pictet, 1841); *Thrichomys laurentius* (Thomas, 1904); *Trinomys mirapitanga* Lara, Patton & Hingst-Zaher, 2002; *Trinomys eliasi* (Pessôa & Reis, 1993); *Trinomys graciosus* (Moojen, 1948) e *Wilfredomys oenax* (Thomas, 1928) (Anexo 3).

3.1.1 Riqueza

A riqueza média por sítio amostral foi de $8,4 \pm 4$ (média $\pm$ desvio padrão) espécies. Para a região Norte foram registradas 75 espécies, com uma média de $7,4 (\pm 3,6)$ espécies por sítio amostral, enquanto a região Sul apresentou 66 espécies, com uma média de $9,6 (\pm 4)$ por sítio, havendo diferenças entre essas regiões ($H=38,26$; $p=0,0008$). Em relação as sub regiões, em N2 foram registradas 68 espécies ($7,82 \pm 3,7$) e em N1 34 espécies ($6,4 \pm 3$). Entre N1 e N2 não houve diferença ($H=3,23$; $p=0,07$). Para as sub regiões ao sul, na S1 foram registradas 56 espécies, onde se obteve a maior média de espécies por sítio amostral (10 ± 4). Em S2 foram registradas 38 espécies ($8,22 \pm 3,2$). Estas sub regiões diferiram entre si ($H=3,97$; $p=0,04$). A sub região N1 diferiu tanto de S1 quanto S2 ($H=16,5$; $p<0,0001$ e $H=4,18$; $p=0,04$ respectivamente). Por fim, N2 diferiu somente de S1 ($H=13,13$; $p=0,0002$) (Figura 3a).

3.1.2 Diversidade Filogenética

A DP total para a Mata Atlântica foi de 184,89 com média por sítio amostral de $195,3 \pm 63,4$. Para a região Norte a DP total foi 186,26 com maior média ($206,84 \pm 58,96$), enquanto a Sul apresentou um total de 193,76 e menor média ($180,82 \pm 66,3$), havendo diferenças entre elas ($H=22,23$; $p<0,0001$). Em relação as sub regiões, as maiores médias foram para N2 ($208,5 \pm 53,6$) e N1 ($201,7 \pm 74$), com DP total de 192,33 e 210,65 respectivamente. As sub regiões do Sul (S1 e S2) apresentaram médias mais baixas ($195 \pm 52,4$ e $145,6 \pm 83,3$ respectivamente), sendo que a DP total para S1 foi de 194,99 e S2 188,96. As sub regiões ao Norte não diferiram entre si ($H=0,54$; $p=0,4$). Entretanto, as sub regiões ao Sul apresentaram diferença ($H=5,85$; $p=0,01$), assim como, as sub regiões ao Norte em relação as duas sub regiões ao Sul ($H=25,88$; $p<0,01$) (Figura 3b).

3.1.3 Diversidade Funcional

A DF total para MA, Norte, Sul, N1 e N2 foi igual (0,23), sendo que para S1 a DF total foi de 0,22 e para S2 foi de 0,24. A média para Mata Atlântica foi de $0,21 \pm 0,03$ por sítio amostral. Os valores médios para as regiões Norte e Sul foram iguais ($0,21 \pm 0,02$ e $0,21 \pm 0,03$ respectivamente). No entanto, houve diferença entre estas regiões ($H=8,68$; $p=0,04$). Em relação as sub regiões, as maiores médias foram para

N1 ($0,22 \pm 0,03$), N2 e S1 ($0,21 \pm 0,02$). A sub região S2 apresentou menor média ($0,20 \pm 0,05$). As sub regiões N1 e N2 não diferiram entre elas ($H= 1,77$; $p= 0,1$). A sub região S1 diferiu de N1 e N2 ($H= 10,77$; $p<0,01$), e não teve diferença em relação a S2 ($H= 0,001$; $p= 0,9$) (Figura 3c).

Figura 3. *Box plot* evidenciando as variações das métricas Riqueza (a), DP (b) e DF (c); medianas e quartis para as regiões e sub regiões da Mata Atlântica. Abaixo o resultado *post hoc* (Mann-Whitney) de comparação entre as regiões e entre as sub regiões.

3.1.4 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Alfa

O efeito da distribuição latitudinal, para as três métricas, apresentou relação curvilínea, com polinômios de segunda e terceira ordem sendo significativos e resultando melhor ajuste, onde ambos tiveram menores valores de AIC (Tabela 2). Entretanto, o efeito é considerado fraco, tendo em vista que os valores das regressões variaram infimamente para riqueza ($r^2=0,05$) e para DP ($r^2=0,12$) (Tabela 2). As métricas de DP e DF tiveram tendência de diminuição conforme avanço às maiores latitudes, diferente da riqueza, com tendência de aumento (Figura 4 a, b, c). Para DP, ainda, destaca-se a incidência de um padrão de valores mais altos em direção às menores latitudes. Para as variáveis de esforço amostral e altitude, os melhores ajustes foram de: polinômios de terceira ordem para riqueza, quantílico para DP e lineares para DF (Figura 4 d, e, f, g, h, i). Entretanto, para DF, em ambas variáveis, os ajustes não foram significativos (Tabela 2). Destaca-se o ajuste de correlação positiva ($r^2= 0,22$) da riqueza em relação à altitude, com pouca tendência a apresentar um padrão de aumento da riqueza em relação a um gradiente de elevação da altitude (Figura 4g). Já para DP, o critério AIC definiu o tipo quantílico como o melhor ajuste, o que indica alta heterogeneidade nos dados, com ausência de padrões filogenéticos em relação aos diferentes esforços amostrais e também a não correspondência a um gradiente altitudinal (Figura 4 e, h). Em relação a variável tamanho dos fragmentos, o ajuste linear e de terceira ordem, para DP e DF, respectivamente, não foram significativos (Tabela 2). Já para a riqueza, o melhor ajuste foi de segunda ordem, sendo também significativo. Entretanto, apresentou baixa correlação ($r^2= 0,02$) (Tabela 2).

Tabela 2. Métricas de diversidade (S, DP e DF) corrigidas por Latitude, Esforço Amostral, Altitude e Tamanho dos Sítios. Modelos de regressão aplicadas (Linear, Quadrática, Cúbica e Quantílica). AIC= Informação Critério de Akaike; p= Significância (<0,05); r^2 = Valor ajustado de regressão; S= Riqueza; DP= Diversidade Filogenética; DF= Diversidade Funcional; -- Informação não se aplica. *Valor não significativo; **Análise não se aplicou. Em negrito as informações dos modelos de melhor ajuste.

	Modelo	AIC			p			r^2		
		S	DP	DF	S	DP	DF	S	DP	DF
Latitude	Linear	1208,39	1832,60	-943,24	0,01	<0,001	0,001	0,02	0,09	0,06
	Quadrático	1208,15	1826,56	-941,99	0,01	<0,001	0,005	0,03	0,12	0,06
	Cúbico	1204,19	1826,92	-951,61	0,002	<0,001	<0,001	0,05	0,13	0,11
	Quantílico	1231,84	1854,28	-898,46	--	--	--	--	--	--

	Modelo	S	AIC		S	p		r ²		
			DP	DF		DP	DF	S	DP	DF
Esforço	Linear	1201,35	2419	-937,78	0,002	0,1	0,2*	0,05	0,04	0,2
	Quadrático	1199,97	2421,48	-936,56	0,002	0,3	0,3	0,06	0,01	0,3
	Cúbico	1193,9	2422,24	-935,79	<0,001	0,3	0,3	0,09	0,02	0,3
	Quantílico	1260,99	2347,65	-904,77	--	--	--	--	--	--
Altitude	Linear	1162,92	2421,77	-936,21	<0,001	0,7	0,55*	0,21	-0,04	-0,03
	Quadrático	1162,33	2423,67	-934,27	<0,001	0,89	0,80	0,21	-0,08	-0,07
	Cúbico	1160,53	2425,66	-934,92	<0,001	0,97	0,21	0,22	-0,01	0,07
	Quantílico	1190,95	2358,38	-922,74	--	--	--	--	--	--
Tamanho	Linear	1175,68	2361,25	-913,36	0,02	0,5*	0,5	0,01	-0,02	-0,02
	Quadrático	1174,03	2361,84	-913,51	0,01	0,4	0,28	0,02	-0,09	0,02
	Cúbico	1175,65	2361,97	-914,49	0,03	0,3	0,14*	0,03	0,03	0,01
	Quantílico	**	**	**	--	--	--	--	--	--

Figura 4. Regressão Linear, Quadrática, Cúbica e Quantílica, para variáveis: Latitude, Esforço e Altitude; em relação às métricas: Riqueza, Diversidade Filogenética e Diversidade Funcional. S= Riqueza; DP= Diversidade Filogenética; DF= Diversidade Funcional. Regressão Quantílica: Estimativas (linha contínua preta); Intervalo de confiança de 95% (área hachurada em cinza) para coeficientes de regressão, considerando quantis de $\tau = 0,25$ a $0,75$; Referência em zero (linha horizontal cinza); Intervalo de confiança de mínimos quadrados ordinários (linhas em vermelho).

3.2 Diversidade Beta

A partir dos valores de BD e PBD globais, nota-se que o *turnover* é o fator mais preponderante na Diversidade Beta de espécies, para todas as escalas regionais analisadas. Porém, quando analisado pelo fator PBD, nota-se diminuição dos valores de *turnover* e aumento do aninhamento (Tabela 3). A análise de *Cluster* indicou a separação das sub regiões, onde N2 e S1 são um conjunto e possuem menor distância (<0,55), separados de S2 e N1 que possuem maiores distâncias (>0,65 e >0,70 respectivamente) (Figura 5).

3.2.1 Diversidade Beta Taxonômica (BD)

As regiões Norte e Sul apresentaram valores iguais de Beta-Sørensen global (0,97). Em relação às sub regiões, a N2 apresentou a maior Beta-Sørensen global, enquanto a S2 apresentou o menor valor (Tabela 3). Em todas as regiões e sub regiões o *turnover* foi o principal componente da diversidade beta (Tabela 3).

A Diversidade Beta entre Norte e Sul indicou 0,43 de Beta-Sørensen. Entre as sub regiões a maior Beta-Sørensen foi entre S2 em relação a N1 e N2 (0,72 e 0,58 respectivamente). O *turnover* também foi o fator mais preponderante para sub regiões (Tabela 4).

3.2.2 Diversidade Beta Filogenética (PBD)

Assim como para BD, a região Norte apresentou maiores valores de PBD quando comparada ao Sul e demais sub regiões. A Beta-Sørensen foi de (0,92), sendo o *turnover* o fator mais preponderante. No entanto, nota-se que em comparação à BD, na PBD há diminuição dos valores de *turnover* e aumento de aninhamento (Tabela 3). Este padrão de aumento do aninhamento é mais evidente a partir da observação dos valores para as sub regiões (Tabela 3).

Tabela 3. Valores de Diversidade Beta Global e Diversidade Beta Filogenética Global, ambas particionadas em *turnover* e aninhamento, para as regiões e sub regiões da Mata Atlântica. N1= Sub região Norte 1; N2= Sub região Norte 2; S1= Sub região Sul 1; S2= Sub região Sul 2. Padrão de escala cinza indicando variação latitudinal (cinza escuro região mais tropical e cinza claro região sub tropical).

Regiões	Diversidade Beta			Diversidade Beta Filogenética		
	Beta-Sørensen	Turnover	Aninhamento	Beta-Sørensen	Turnover	Aninhamento
Norte	0,97	0,96	0,01	0,92	0,85	0,07
Sul	0,97	0,95	0,01	0,91	0,82	0,08
N1	0,92	0,87	0,04	0,76	0,54	0,21
N2	0,97	0,95	0,01	0,89	0,80	0,09
S1	0,95	0,93	0,02	0,86	0,76	0,09
S2	0,90	0,86	0,04	0,77	0,53	0,23

Tabela 4. Valores absolutos da Diversidade Beta taxonômica particionada em *turnover* e aninhamento entre as regiões e sub regiões da Mata Atlântica.

Regiões	Particionamento	Norte		
Sul	Beta - Sørensen	0,43		
	Turnover	0,39		
	Aninhamento	0,03		
			N1	N2
N2	Beta -Sørensen	0,47		
	Turnover	0,20		
	Aninhamento	0,26		
S1	Beta -Sørensen	0,55	0,55	
	Turnover	0,41	0,30	
	Aninhamento	0,14	0,06	
S2	Beta -Sørensen	0,72	0,58	0,40
	Turnover	0,70	0,42	0,26
	Aninhamento	0,01	0,16	0,14

Figura 5. Mapa do Brasil e Paraguai. Destaque dos limites e domínios da Mata Atlântica e sítios amostrais, presentes em cada região e sub região correspondentes. Análise de *Cluster* (UPGMA) para Diversidade Beta (BD) entre as sub regiões da Mata Atlântica. N1= Sub região Norte 1; N2= Sub região Norte 2; S1= Sub região Sul 1; S2= Sub região Sul 2.

3.2.3 Padrões e variáveis de efeito na Diversidade Beta Taxonômica

Em relação à BD, o modelo de melhor ajuste foi o polinômio de terceira ordem, para as três variáveis (Tabela 5). O esforço amostral indicou uma relação positiva fraca ($r^2= 0,09$) (Figura 6a). Entretanto, para distância entre sítios, uma relação mais preponderante foi evidenciada ($r^2= 0,25$), o que indicou diminuição da diversidade beta conforme aumento das distâncias geográficas entre pares de sítios amostrais (Figura 6b). A relação positiva encontrada para altitude foi significativa, porém de fraca correlação ($r^2= 0,02$) (Figura 6c).

Tabela 5. Beta Diversidade corrigida por Esforço Amostral, Distância entre sítios e Altitude. Modelos de regressões aplicadas (Linear, Quadrática, Cúbica e Quantílica). AIC= Informação Critério de Akaike; p= Significância (<0,05); r^2 = Valor ajustado de regressão; -- Informação não se aplica. Em negrito = modelos de melhor ajuste.

	Modelo	AIC	p	r^2
		Beta Diversidade (BD)		
Esforço amostral	Linear	1201,35	0,0002	0,05
	Quadrático	1199,97	0,0002	0,06
	Cúbico	1193,9	<0,0001	0,09
	Quantílico	1260,99	--	--
Distância entre sítios	Linear	-20812,75	<0,0001	0,23
	Quadrático	-21218,98	<0,0001	0,25
	Cúbico	-21295,65	<0,0001	0,25
	Quantílico	-15112,38	--	--
Altitude	Linear	-15265,02	<0,0001	0,013
	Quadrático	-15382,17	<0,0001	0,018
	Cúbico	-15430,92	<0,0001	0,020
	Quantílico	-11,461,15	--	--

Figura 6. Regressões Cúbicas para Diversidade Beta taxonômica (BD) em relação às variáveis Esforço (a), Distância entre sítios (b) e Altitude (c).

4 DISCUSSÃO

As discussões acerca dos padrões de diversidade de espécies estão constantemente em trânsito. É um tópico com alterações contínuas, muito em decorrência das sucessivas alterações taxonômicas, novas filogenias, novos registros de ocorrência de espécies e estudos de dinâmica populacional (MAMBA et al., 2019; SANTOS; HENRIQUES, 2010; TALAMONI; DIAS, 1999).

As menores médias de riqueza registradas para N1 e N2 podem estar associadas ao número de sítios amostrados, para cada sub região ou até mesmo em relação à menor porcentagem de cobertura florestal de Mata Atlântica no nordeste brasileiro (SOS MATA ATLÂNTICA/INPE, 2018). Visto que, excedendo um limiar, algumas espécies tornam-se mais vulneráveis a distúrbios no habitat, o que pode afetar a riqueza de espécies (PALMEIRIM et al., 2019). Do contrário, S1 com maior média de riqueza pode ser explicado pelos maiores remanescentes florestais encontrados na sub região, pertencentes aos relevos da Serra do Mar; visto que manchas florestais maiores e maior cobertura florestal são associadas à maior diversidade de espécies (PARDINI et al., 2010). A maior quantidade de remanescentes pode potencializar o número de corredores de vegetação, que abrigam igual riqueza de espécies encontradas em fragmentos, e condicionam deslocamentos de pequenos mamíferos não-voadores entre os fragmentos (FIALHO et al., 2017). Neste aspecto, a quantidade de remanescentes florestais pode ser considerada influente sobre a riqueza de espécies.

A variação latitudinal é considerada uma das principais variáveis preditoras da riqueza de espécies, sendo que o padrão é de diminuição do número de espécies com o aumento da latitude (KAUFMAN; WILLIG, 1998; LYONS; WILLIG, 1997, 1999). Diferentemente, aqui, somente DP e DF tiveram tal relação, isso pode ser consequência de ausências, ao sul, de alguns grupos taxonômicos específicos que podem corresponder ao padrão biogeográfico-histórico da fauna da Mata Atlântica, visto que na América do Sul e também neste bioma, os pequenos mamíferos apresentam um padrão de diversificação em plano Norte-Sul (PATTERSON; COSTA, 2012). Exemplo disto, os ancestrais de *Didelphimorphia*, que se originaram na América do Norte, durante o Cretáceo Médio e Superior, e, posteriormente, dispersaram para a América do Sul (STEINER et al., 2005). Além disso, há correspondência de uma possível conexão biogeográfica histórica da Mata Atlântica

com os Andes tropicais, o que pode até ter impactado a outros grupos animais (MAESTRI; UPHAM; PATTERSON, 2019). Este padrão filogenético também pode ser suportado pela relação da PBD encontrada, que indica maior aninhamento em direção ao sul, o que corrobora o padrão de diversificação biogeográfico Norte-Sul dos pequenos mamíferos (PATTERSON; COSTA, 2012).

A baixa variação de DF registrada justifica-se, possivelmente, pela amplitude funcional que os pequenos mamíferos apresentam, tanto na alimentação quanto no uso do espaço (GRAIPEL; MORAES, 2004). Os pequenos mamíferos não-voadores possuem dieta muito similar, onívoros em maioria, com algumas especificidades (CÁCERES et al., 2012). A amplitude latitudinal da Mata Atlântica condiciona certa heterogeneidade ambiental e funcional aos táxons animais (OLIVEIRA-FILHO; FONTES, 1999; TABARELLI et al., 2005). Mas, apesar disto e das diferentes histórias evolutivas das espécies, funcionalmente as comunidades de pequenos mamíferos se assemelham ao longo do bioma. Portanto, isso pode corroborar a hipótese de que a radiação continental dos roedores condicionou uma ampla diversificação de espécies, mas com baixo grau de especialização fenotípica, com pouca explicação pela dieta e modos de vida (MAESTRI et al., 2017), tampouco pelas métricas corporais usadas para avaliação neste estudo.

A diminuição da DF dos pequenos mamíferos, conforme o avanço às sub regiões ao sul, não está associada aos esforços amostrais, tão pouco aos padrões de gradientes de elevação. Diferentemente do que pode ser equiparado para com morcegos, onde, com o aumento da altitude há aumento da competição interespecífica e diminuição da produtividade (CISNEROS et al., 2014); e em aves passeriformes onde o avanço às altitudes mais elevadas condicionam certa combinação de restrições fisiológicas, bem como a diminuição da abundância de recursos (BURGIO et al., 2019). Portanto, as diferenças ambientais das fitofisionomias mais sub tropicais, quanto à disponibilidade de recursos, podem ser condicionantes intrínsecas na variação funcional observada, tendo em vista a amplitude latitudinal da Mata Atlântica.

Os dados obtidos nas três métricas apresentaram variações consideráveis, o que possivelmente condicionou os baixos valores das regressões. No trabalho de Bovendorp et al. (2019), por exemplo, foi obtido que o tamanho das manchas florestais e o nível de defaunação influenciam indiretamente a DP e de forma mais pronunciada a DF dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica. Entretanto, para se compreender a

variação nas métricas de diversidade de espécies de pequenos mamíferos não-voadores, em adição ao efeito latitudinal, se faz necessário explorar outros fatores (KAUFMAN; WILLIG, 1998). Por exemplo, além dos fatores históricos e biogeográficos intrínsecos, o avanço às latitudes mais altas impõem limitações quanto às questões fisiológicas dos animais, exigindo maior plasticidade térmica, visto as condicionantes de temperatura ao Sul da Mata Atlântica. Portanto, além dos fatores latitudinais e bióticos, é provável que o processo de especiação dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica envolva múltiplos mecanismos estocásticos, que podem proporcionar condições variadas de especiação nos diferentes gradientes latitudinais do bioma (LARA; GEISE; SCHNEIDER, 2006). Um exemplo disso, é o maior isolamento alopátrico e especiação em regiões montanhosas tropicais (CADENA et al., 2011).

O *turnover* como principal componente da BD e da PBD – sendo que na segunda, as substituições são inerentes às linhagens evolutivas de pequenos mamíferos não-voadores –, tem como fonte de variação a ocorrência de espécies raras, com baixa captura e raros registros. Visto que, espécies de Caviidae, por exemplo, são de difícil captura com os métodos tradicionais de amostragem, bem como *Chironectes minimus*, espécie que demanda artefatos de amostragem em córregos e rios (BRESSIANI; GRAIPEL, 2008). Além disso, espécies como *Kannabateomys amblyonyx*, entre outras, estritamente arborícolas, também exigem particularidades nos métodos de amostragem, para maior sucesso de captura (GRAIPEL; MORAES, 2004). Isto é reportado também para Chiroptera, da qual há espécies que forrageiam com maior frequência ou quase exclusivamente em zona de dossel, o que restringe a captura ao nível do solo (VELAZCO; PACHECO; MESCHÉDE, 2011). Entretanto, outro fator inerente ao *turnover* é a distribuição restrita de alguns táxons, como para Didelphidae, onde *Gracilinanus agilis* e *Marmosa murina*, por exemplo, têm distribuição restrita ao norte tropical da Mata Atlântica, com a segunda espécie restrita a algumas regiões em específico. Além disso, representantes de Cricetidae como algumas espécies dos gêneros *Cerradomys* e *Oxymycterus*, também são restritos ao extremo norte tropical.

Entretanto, os fatores responsáveis pelos padrões de BD e PBD encontrados podem ir além dos supracitados, podem ser oriundos de diferenças ambientais entre os sítios ao longo da Mata Atlântica, em decorrência da própria amplitude latitudinal (DAMBROS et al., 2015). O fator distância geográfica mostrou preponderância em

relação à BD, todavia, de forma decrescente. Diferente do que é encontrado em outros grupos animais, onde para anfíbios, por exemplo, que também possuem limitada capacidade de dispersão, o relacionamento é de forma crescente (DA SILVA; ALMEIDA-NETO; ARENA, 2014). Contudo, a BD em pequenos mamíferos tem mais preponderância entre sítios próximos, sendo que as diferenças nas características biológicas das espécies podem ser mais influentes na montagem das comunidades (VARZINCZAK et al., 2018). Portanto, o papel da dispersão na determinação da montagem das comunidades pode ser maior do que é considerado, com algumas espécies mais influenciadas pela dinâmica ambiental do que outras (STEVENS; TELLO, 2012).

Dessa forma, os padrões de diversidade beta dos pequenos mamíferos da Mata Atlântica, entre as regiões e sub regiões, devem ir além da limitação na capacidade de dispersão, visto que, a capacidade de dispersão parece mais influente em sítios mais próximos geograficamente. No entanto, o *turnover* é o principal componente, tanto para BD quanto para PBD, e isto provavelmente reflete diferentes processos biogeográficos e da história evolutiva de diversificação dos pequenos mamíferos, com diversos centros de endemismos (LARA; GEISE; SCHNEIDER, 2006; VARZINCZAK et al., 2018). Um maior número de centros de endemismos ao longo do bioma também pode ter sido uma condicionante importante para existência do considerável *turnover* entre as regiões e sub regiões. Além da manutenção deste padrão de *turnover*, entre as regiões e sub regiões, há aumento do aninhamento tanto no extremo norte quanto no extremo sul da Mata Atlântica. Em direção ao norte tropical este aumento pode ser devido às pressões antropogênicas que ocorrem há mais tempo que no Sul, tendo em vista que o processo de perda da biodiversidade não é um processo aleatório (DIRZO et al., 2014). Ao Sul, assim como para DP e DF, o aumento de aninhamento pode estar associado às limitações fisiológicas e biológicas impostas como condicionantes a sobrevivência das espécies em fitofisionomias mais sub tropicais. Desta forma, os fatores biogeográficos do passado foram preponderantes na montagem das comunidades (COSTA et al., 2000). Sendo que, os padrões de diversidade beta observados em altas latitudes, são resultados de um passado de extinções e recentes recolonizações, com tendência a maiores níveis de aninhamento (DOBROVOLSKI et al., 2012).

Portanto, este conjunto de atributos corrobora uma história evolutiva complexa dos pequenos mamíferos não-voadores, e não um simples artefato dos métodos

analíticos empregados – onde há diferenças quando se analisa ao nível de sítios ou ao nível de regiões biogeográficas –, tendo em consideração que os padrões de diversidade beta são dependentes da escala analítica (SOININEN; MCDONALD; HILLEBRAND, 2007). A definição da Mata Atlântica em regiões biogeográficas distintas já foi reportada em outro estudo com análises moleculares, definindo duas áreas, uma ao Norte e outra ao Sul (COSTA, 2003). Além disso, a composição faunística historicamente distinta para essas regiões, sendo que ambas apresentam várias espécies endêmicas, corrobora tal definição (COSTA et al., 2000). Tendo em consideração os fatores responsáveis pela beta diversidade ao longo dos ambientes, a influência das diferenças ambientais entre locais é predominante na literatura ecológica (VARZINCZAK et al., 2018). Fatores, estes, que causarão contínuos debates, conforme avancem os estudos que contribuam com a compreensão das dinâmicas das comunidades faunísticas, em seus diferentes níveis – taxonômicos, filogenéticos, funcionais, genéticos, etc.

5 CONCLUSÃO

Os resultados aqui demonstrados apontam certa disparidade entre as métricas de diversidade para as divisões geográficas. As desigualdades encontradas podem ser consequência de fatores biogeográficos na história evolutiva da Mata Atlântica e dos pequenos mamíferos, acerca de suas relações filogenéticas e ecológicas. Além disso, a ocorrência de espécies raras ou raramente amostradas e fatores biológicos intrínsecos às espécies em relação à sua capacidade de dispersão, podem ocasionar montagens de comunidades, próximas geograficamente, com altos valores de *turnover* de espécies e de linhagens evolutivas. O mesmo padrão se mantém em comunidades equidistantes geograficamente, entretanto, quando analisado em maior escala, a possibilidade de diferentes centros de endemismos de espécies de pequenos mamíferos e a história biogeográfica-evolutiva da Mata Atlântica, podem ter acarretado tal montagem de comunidades observadas atualmente, em nível taxonômico e filogenético.

Em trabalhos macro ecológicos a forma como os dados são trabalhados e analisados, podem de alguma maneira influenciar os resultados encontrados, bem como as divergências acerca das metodologias de coletas utilizadas em campo. No entanto, para avaliação de padrões multidimensionais de diversidade, todo tipo de análise e forma avaliativa são pertinentes, no sentido de incrementar estudos posteriores e fomentar trabalhos de tomada de decisão em relação à biologia da conservação. Ressalta-se aqui a importância dos trabalhos de coletas de dados em campo. São os estudos em campo que fornecem subsídio para toda a ciência zoológica e ecológica.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, A.; SAUTHIER, D. E. U.; PARDINAS, U. F. J. Vertebrados depredados por la lechucita vizcachera (athene. Hornero, v. 19, n. 2, p. 91–93, 2004.
- BARBOSA, J. P. L.; MANSANO, S. REGINA V. O reflorestamento da Mata Atlântica Brasileira: um estudo sobre as relações de poder na área ambiental. *ORG & DEMO*, v. 19, p. 109–126, 2018.
- BASELGA, A. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography*, v. 19, n. 1, p. 134–143, 2010.
- BASELGA, A. et al. betapart: Partitioning Beta Diversity into Turnover and Nestedness Components, 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/betapart/betapart.pdf>>
- BONVICINO, C. R.; DE OLIVEIRA, J. A.; GENTILE, R. A new species of *Calomys* (Rodentia: Sigmodontinae) from Eastern Brazil. *Zootaxa*, v. 25, n. 2336, p. 19–35, 2010.
- BONVICINO, C. R.; OLIVEIRA, J. A.; D'ANDREA, O. S. Guia dos Roedores do Brasil. OPAS/OMS ed. Rio de Janeiro: [s.n.].
- BOVENDORP, R. S. et al. ATLANTIC SMALL-MAMMAL: a dataset of communities of rodents and marsupials of the Atlantic Forests of South America. *Ecology*, v. 98, n. 8, p. 2226–2226, 2017.
- BOVENDORP, R. S. et al. Defaunation and fragmentation erode small mammal diversity dimensions in tropical forests. *Ecography*, v. 42, n. 1, p. 23–35, 2019.
- BRESSIANI, V. B.; GRAIPEL, M. E. Comparação de métodos para captura da cuíca-d'água, *Chironectes minimus* (Zimmerman, 1780) (Mammalia, Didelphidae) no Sul do Brasil. *Mastozoología Neotropical* ISSN:, v. 15, n. 1, p. 33–39, 2008.
- BRYANT, J. A. et al. Microbes on mountainsides: Contrasting elevational patterns of bacterial and plant diversity. *In the Light of Evolution*, v. 2, p. 127–148, 2009.
- BURGIO, K. R. et al. Dimensions of passerine biodiversity along an elevational gradient: a nexus for historical biogeography and contemporary ecology. *bioRxiv*, p. 1–39, 2019.
- CÁCERES, N. C. et al. Os Marsupiais do Brasil: biologia, ecologia e conservação. Campo Grande: [s.n.].
- CADEMARTORI, C. V. et al. Lista comentada da mastofauna do Morro do Coco , RS : subsídio para a divulgação e conservação do patrimônio natural Commented list of mammals of Morro do Coco , RS : aid for the dissemination and conservation of the natural. *Mouseion*, v. 9, p. 77–95, 2011.

- CADENA, C. D. et al. Latitude, elevational climatic zonation and speciation in New World vertebrates. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 279, n. 1726, p. 194–201, 2011.
- CANEL, D. et al. Dieta del Zorro Gris Pampeano (*Lycolapex gymnocercus*) en la Provincia de Buenos Aires. *Mastozoología Neotropical*, v. 23, p. 359–370, 2016.
- CARNAVAL, A. C. et al. Prediction of phylogeographic endemism in an environmentally complex biome. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 281, n. 1792, 2014.
- CISNEROS, L. M. et al. Multiple dimensions of bat biodiversity along an extensive tropical elevational gradient. *Journal of Animal Ecology*, v. 83, n. 5, p. 1124–1136, 2014.
- COGHETTO, F. et al. Distribuição espaço-temporal de roedores silvestres na Floresta Nacional de Passo Fundo/RS. *Caderno de Pesquisa, série Biologia*, v. 26, n. 2, p. 6–15, 2014.
- COSTA, L. P. et al. Biogeography of South American Forest Mammals: Endemism and Diversity in the Atlantic Forest¹. *Biotropica*, v. 32, n. 4, p. 872, 2000.
- COSTA, L. P. The historical bridge between the Amazon and the Atlantic Forest of Brazil: A study of molecular phylogeography with small mammals. *Journal of Biogeography*, v. 30, n. 1, p. 71–86, 2003.
- DA SILVA, F. R.; ALMEIDA-NETO, M.; ARENA, M. V. N. Amphibian beta diversity in the brazilian atlantic forest: Contrasting the Roles of historical events and contemporary conditions at different spatial scales. *PLoS ONE*, v. 9, n. 10, 2014.
- DA SILVA, J. M. C.; DE SOUSA, M. C.; CASTELLETTI, C. H. M. Areas of endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South America. *Global Ecology and Biogeography*, v. 13, n. 1, p. 85–92, 2004.
- DAMBROS, C. S. et al. Effects of neutrality, geometric constraints, climate, and habitat quality on species richness and composition of Atlantic Forest small-mammals. *Global Ecology and Biogeography*, v. 24, n. 9, p. 1084–1093, 2015.
- DIRZO, R. et al. Defaunation in the Anthropocene. *Science*, v. 345, n. 6195, p. 401–406, 2014.
- DOBROVOLSKI, R. et al. Climatic history and dispersal ability explain the relative importance of turnover and nestedness components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography*, v. 21, n. 2, p. 191–197, 2012.
- FAITH, D. P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Analytical Biochemistry*, v. 61, p. 1–10, 1992.
- FAURBY, S.; SVENNING, J. C. A species-level phylogeny of all extant and late Quaternary extinct mammals using a novel heuristic-hierarchical Bayesian approach.

Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 84, p. 14–26, 2015.

FIALHO, M. Y. G. et al. Studies on Neotropical Fauna and Environment Can vegetation corridors support a small mammal community similar to that found within forest fragments? A case study in southeastern Brazil. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, v. 00, n. 00, p. 1–4, 2017.

FISCHER, E.; ARAUJO, A.; GONÇALVES, F. Polinização por Vertebrados (Capítulo 14). In: *Biologia da Polinização*. [s.l.: s.n.]. p. 311–326.

FRANKE, C. R. et al. *Mata Atlântica e Biodiversidade*. 1. ed. Salvador: [s.n.].

FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA. *SOS Mata Atlântica*. Disponível em: <<https://www.sosma.org.br/>>.

GRAIPEL, M. E.; MORAES, D. A. DE. EQUIPAMENTOS E TÉCNICAS Capturando Pequenos Mamíferos Arborícolas. *Sociedade Brasileira de Mastozoologia*, v. 39, p. 1–2, 2004.

KAUFMAN, D. M.; WILLIG, M. R. Latitudinal patterns of mammalian species richness in the New World: The effects of sampling method and faunal group. *Journal of Biogeography*, v. 25, n. 4, p. 795–805, 1998.

LACEY, E. A.; MYERS, P. Mammalian Diversification from Chromosomes to Phylogeography (A Celebration of the Career of James L. Patton). University ed. Los Angeles: [s.n.].

LARA, M. C.; GEISE, L.; SCHNEIDER, C. J. Diversification of Small Mammals in the Atlantic Forest of Brazil: Testing the Alternatives. *University of California Publications in Zoology*, n. January, p. 293–315, 2006.

LARA, M.; PATTON, J. L.; HINGST-ZAHER, E. *Trinomys mirapitanga*, a new species of spiny rat (Rodentia: Echimyidae) from the Brazilian Atlantic Forest. *Mammalian Biology*, v. 67, n. 4, p. 233–242, 2002.

LEDO, R. M. D.; COLLI, G. R. The historical connections between the Amazon and the Atlantic Forest revisited. *Journal of Biogeography*, v. 44, n. 11, p. 2551–2563, 2017.
LEPRIEUR, F. et al. Quantifying phylogenetic beta diversity: Distinguishing between “true” turnover of lineages and phylogenetic diversity gradients. *PLoS ONE*, v. 7, n. 8, p. 1–12, 2012.

LIPORACCI, H. S. N. et al. Where are the Brazilian ethnobotanical studies in the Atlantic Forest and Caatinga? Abstract The Atlantic Forest and Caatinga ecosystems differ in terms of biodiversity and geoclimatic conditions but are similar in their rich socio-diversity and heteroge. *Rodriguésia*, v. 68, n. 4, p. 1225–1240, 2017.

LYONS, S. K.; WILLIG, M. R. Latitudinal Patterns of Range Size: Methodological Concerns and Empirical Evaluations for New World Bats and Marsupials. *Oikos*, v. 79, n. 3, p. 568, 1997.

LYONS, S. K.; WILLIG, M. R. A hemispheric assessment of scale dependence in latitudinal gradients of species richness. *Ecology*, v. 80, n. 8, p. 2483–2491, 1999.

MAESTRI, R. et al. The ecology of a continental evolutionary radiation: Is the radiation of sigmodontine rodents adaptive? *Evolution*, v. 71, n. 3, p. 610–632, 2017.

MAESTRI, R.; UPHAM, N. S.; PATTERSON, B. D. Tracing the diversification history of a Neogene rodent invasion into South America. *Ecography*, v. 42, n. 4, p. 683–695, 2019.

MAGURRAN, A. E. *Measuring biological diversity*. Blackwell ed. [s.l.: s.n.].

MAMBA, M. et al. Influence of sugarcane plantations on the population dynamics and community structure of small mammals in a savanna-agricultural landscape. *Global Ecology and Conservation*, v. 20, p. 1–12, 2019.

MELO, A. S.; CIANCIARUSO, M. V.; ALMEIDA-NETO, M. treeNODF: Nestedness to phylogenetic, functional and other tree-based diversity metrics. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 5, n. 6, p. 563–572, 2014.

MMA. *Áreas Prioritárias para a Conservação, Uso Sustentável e Repartição de benefícios da Biodiversidade Brasileira: Atualização - Portaria MMA Na 09, de 23 de janeiro de 2007*. 9. ed. Brasília: [s.n.].

MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, v. 403, p. 853–858, 2000.

NAGAMACHI, C. Y. et al. FISH with whole chromosome and telomeric probes demonstrates huge karyotypic reorganization with ITS between two species of *Oryzomyini* (Sigmodontinae, Rodentia): *Hylaeamys megacephalus* probes on *Cerradomys langguthi* karyotype. *Chromosome Research*, v. 21, n. 2, p. 107–119, 2013.

OLIVEIRA-FILHO, A. T.; FONTES, M. A. L. Patterns of Floristic Differentiation among Atlantic Forests in Southeastern Brazil and the Influence of Climate. *Comptes Rendus de l'Academie de Sciences - Serie IIa: Sciences de la Terre et des Planetes*, v. 32, n. 4, p. 793–810, 1999.

PAGLIA, A. P. et al. Novo registro de *Blarinomys breviceps* (Winge, 1888) (Rodentia, Sigmodontinae) no estado de Minas Gerais, Brasil. *Lundiana*, v. 6, n. 2, p. 155–157, 2005.

PAGLIA, A. P. et al. Lista anotada dos mamíferos do Brasil. *Occasional Papers in Conservation Biology*, v. 4, n. 6, p. 1–38, 2012.

PAISE, G.; VIEIRA, E. M.; PRADO, P. I. Small mammals respond to extreme habitat fragmentation in the Brazilian Atlantic Forest according to the landscape continuum model. *Mammal Research*, 2020.

PALMEIRIM, A. F. et al. When does habitat fragmentation matter? A biome - wide

analysis of small mammals in the Atlantic Forest. *Journal of Biogeography*, n. September, p. 2811–2825, 2019.

PARDIÑAS, U. F. J.; TETA, P.; D'ELÍA, G. Taxonomy and distribution of *Abrawayomys* (rodentia: Cricetidae), an atlantic forest endemic with the description of a new species. *Zootaxa*, n. 2128, p. 39–60, 2009.

PARDINI, R. et al. Beyond the fragmentation threshold hypothesis: Regime shifts in biodiversity across fragmented landscapes. *PLoS ONE*, v. 5, n. 10, 2010.

PARDINI, R.; UMETSU, F. Pequenos mamíferos não-voadores da Reserva Florestal do Morro Grande: distribuição das espécies e da diversidade em uma área de Mata Atlântica. *Biota Neotropica*, v. 6, n. 2, p. 1–22, 2006.

PATTERSON, B. D.; COSTA, L. P. Bones, Clones and Biomes. *The History and Geography of Recent Neotropical Mammals*. [s.l.: s.n.].

PAVAN, S. E. A New Species of *Monodelphis* (Didelphimorphia: Didelphidae) from the Brazilian Atlantic Forest. *American Museum Novitates*, v. 3832, n. 3832, p. 1–15, 2015.

PESSÔA, L. M. et al. Genus *Trinomys* Thomas, 1921. *Mammals of South America, Volume 2 (Rodents)*, n. January 2016, p. 999–1019, 2015.

PETCHEY, O. L.; GASTON, K. J. Extinction and the loss of functional diversity. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 269, n. 1501, p. 1721–1727, 2002.

PETCHEY, O. W. E. N. L. P.; ECTOR, A. N. D. Y. H.; ASTON, K. E. J. G. HOW DO DIFFERENT MEASURES OF FUNCTIONAL DIVERSITY PERFORM? *Ecology*, v. 85, n. 3, p. 847–857, 2004.

POVIL, C.; LAZAR, A.; BONVICINO, C. R. Levantamento de agentes zoonóticos encontrados em pequenos marsupiais da américa do sul issn 1983-6996. *Heringeriana*, v. 11, n. 2, p. 13–32, 2017.

PREVEDELLO, J. A.; MENDONÇA, A. F.; VIEIRA, M. V. Space Utilization By Small Mammals: an Overview of Studies in Brazil. *Oecologia Brasiliensis*, v. 12, n. 4, p. 610–625, 2008.

R FOUNDATION FOR STATISTICAL COMPUTING. R Core Team R: a language and environment for statistical computing Vienna, Austria, 2016.

REIS, N. R. et al. *Mamíferos do Brasil*. Londrina: [s.n.]. v. 2

SANTOS, R. A. L.; HENRIQUES, R. P. B. Variação espacial e influência do habitat na estrutura de comunidades de pequenos mamíferos em áreas de campo rupestre no Distrito Federal. *Biota Neotropica*, v. 10, n. 1, p. 31–38, 2010.

SOBRAL, T. E.; BARRETO, G. Utilização dos critérios de informação na seleção de

modelos de regressão linear. Proceeding Series of the Brazilian Society of Applied and Computational Mathematics, v. 4, p. 1–7, 2016.

SOININEN, J.; MCDONALD, R.; HILLEBRAND, H. in ecological communities The distance decay of similarity. *Ecography*, v. 30, n. 1, p. 3–12, 2007.

SOS MATA ATLÂNTICA/INPE. Atlas dos Remanescentes Florestais da Mata Atlântica/INPE. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<http://scholar.google.com/scholar?hl=en&btnG=Search&q=intitle:Atlas+dos+remanescentes+florestais+da+Mata+Atlantica#1>>.

STEINER, C. et al. New DNA data from a transthyretin nuclear intron suggest an Oligocene to Miocene diversification of living South America opossums (Marsupialia: Didelphidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 35, n. 2, p. 363–379, 2005.

STEVENS, R. D.; TELLO, J. S. Do desert rodents form metacommunities? *Journal of Mammalogy*, v. 93, n. 4, p. 1029–1041, 2012.

SWENSON, N. G. *Functional and Phylogenetic Ecology* in R. Springer ed. New York: [s.n.].

TABARELLI, M. et al. Challenges and opportunities for Biodiversity Conservation in the Brazilian Atlantic Forest. *Conservation Biology*, v. 19, n. 3, p. 695–700, 2005.

TALAMONI, S. A.; DIAS, M. M. Population and community ecology of small mammals in southeastern Brazil. *Mammalia*, v. 63, n. 2, p. 167–181, 1999.

VANE-WIGHT, R. I.; HUMPHRIES, C. J.; WILLIAMS, P. H. Systematics and the Agony of Choice. *Biological Conservation*, v. 55, n. 2, p. 235–254, 1991.

VARZINCZAK, L. H. et al. How do bat , rodent , and marsupial communities respond to spatial and environmental gradients ? Insights from a deconstruction of mammal beta diversity from the Atlantic Forest of South America. *Oecologia*, n. 0123456789, 2018.

VELAZCO, S.; PACHECO, V.; MESCHEDE, A. First occurrence of the rare emballonurid bat *Cyttarops alecto* (Thomas, 1913) in Peru-Only hard to find or truly rare? *Mammalian Biology*, v. 76, n. 3, p. 373–376, 2011.

WILSEY, B. J. et al. Relationships among indices suggest that richness is an incomplete surrogate for grassland biodiversity. *Ecology*, v. 86, n. 5, p. 1178–1184, 2005.

ANEXO 1

Matriz primária (Marsupiais) de ocorrência de espécies nos respectivos sítios amostrais. C. phi= *Caluromys philander*; C. min= *Chironectes minimus*; C. agr= *Cryptonanus agricolai*; C. cha= *Cryptonanus chacoensis*; C. gua= *Cryptonanus guahybae*; D. alb= *Didelphis albiventris*; D. aur= *Didelphis aurita*; D. mar= *Didelphis marsupialis*; G. agi= *Gracilinanus agilis*; G. mic= *Gracilinanus microtarsus*; L. cra= *Lutrolina crassicaudata*; M. dem= *Micoureus demerarae*. ST= Sítios. (Tabela continua).

ST	C. phi	C. min	C. agr	C. cha	C. gua	D. alb	D. aur	D. mar	G. agi	G. mic	L. cra	M. dem
189	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
255	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
61	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
83	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
84	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
86	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
85	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
82	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
81	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
79	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
77	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
180	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1
179	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1
151	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
256	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
258	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
257	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
261	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
260	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
263	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
262	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
266	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
264	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
40	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
267	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
265	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
240	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
268	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
270	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
272	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
277	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
273	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
276	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
275	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
145	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

ST	C. phi	C. min	C. agr	C. cha	C. gua	D. alb	D. aur	D. mar	G. agi	G. mic	L. cra	M. dem
71	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
23	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
21	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
70	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
69	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
68	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
20	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
22	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
186	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0
187	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
203	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
204	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
42	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
207	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
205	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
206	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
202	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
41	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
201	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
200	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
66	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
67	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
210	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
37	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
138	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
243	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
241	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
244	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
246	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
64	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
63	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
62	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
65	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
26	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
28	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
248	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
175	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
176	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
156	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
157	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
158	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0

ST	C. phi	C. min	C. agr	C. cha	C. gua	D. alb	D. aur	D. mar	G. agi	G. mic	L. cra	M. dem
163	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
159	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
160	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
164	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
170	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
173	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
172	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
171	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
112	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
113	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
17	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
14	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
191	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
11	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
18	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
192	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
193	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
114	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
13	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
10	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
234	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
233	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
229	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
53	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
54	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
52	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
58	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
56	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
57	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
49	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
12	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
188	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
27	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0
36	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
120	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
121	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
119	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
122	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
124	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
123	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
125	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
74	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
89	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
91	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

ST	C. phi	C. min	C. agr	C. cha	C. gua	D. alb	D. aur	D. mar	G. agi	G. mic	L. cra	M. dem
73	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
72	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
90	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
93	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
38	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
185	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0
169	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0
195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
167	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
39	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
60	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
279	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
35	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
31	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
280	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
43	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
32	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
281	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
34	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
33	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
44	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
278	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
30	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
177	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
143	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
144	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
299	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
94	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
95	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
96	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
97	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
301	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
102	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0

ST	C. phi	C. min	C. agr	C. cha	C. gua	D. alb	D. aur	D. mar	G. agi	G. mic	L. cra	M. dem
103	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
104	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
100	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
302	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0
149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
228	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
227	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
118	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
147	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
128	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
127	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
126	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
288	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
290	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
300	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
139	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
111	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
155	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
190	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
183	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
304	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
19	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
208	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
237	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
98	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0

ST	M. mur	M. par	M. inc	M. pau	M. nud	M. ame	M. dim	M. dom	M. ihe	M. kun	M. pin	M. sca	P. fre	T. vel
158	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
164	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
170	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
173	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
172	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
171	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
113	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
17	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
191	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
11	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
192	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
193	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0
114	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
13	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
234	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
233	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
229	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
53	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
54	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
52	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0
58	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
56	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
49	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
12	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
188	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
120	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
121	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
119	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
122	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
124	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
123	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
125	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0
74	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
89	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
91	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0

ANEXO 1

Matriz primária (Roedores) de ocorrência de espécies nos respectivos sítios amostrais. A. rus= *Abrawayaomys ruschii*; A. cur= *Akodon cursor*; A. lin= *Akodon lindberghi*; A. mys= *Akodon mystax*; A. mon= *Akodon montensis*; A. par= *Akodon paranaensis*; A. rei= *Akodon reigi*; A. ser= *Akodon serrensis*; A. aza= *Akodon azarae*; B. lab= *Bibimys labiosus*; B. bre= *Blarinoys breviceps*; B. gri= *Bucepattersonius griserufescens*; B. ihe= *Bucepattersonius iheringi*; B. sor= *Bucepattersonius sorcinus*; C. cal= *Calomys callosus*. ST= Sítios. (Tabela continua).

ST	A. rus	A. cur	A. lin	A. my	A. mon	A. par	A. rei	A. ser	A. aza	B. lab	B. bre	B. gri	B. ihe	B. sor	C. cal
1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
4	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
21	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
26	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
28	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
29	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0
30	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
31	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
32	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
33	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
34	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
36	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
37	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
38	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
39	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0

ST	A. ru s	A. cur	A. lin	A. my	A. mon	A. par	A. rei	A. ser	A. aza	B. lab	B. bre	B. gri	B. ihe	B. sor	C. cal
40	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
43	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
44	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
45	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
46	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
47	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
48	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
49	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
51	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
52	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
53	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
54	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
56	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
57	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
58	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
60	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
62	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
63	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
64	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
65	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
67	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
68	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
69	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
70	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
71	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
73	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
75	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
76	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
77	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
81	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
83	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
84	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
85	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
86	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
89	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0

ANEXO 1

Matriz primária (Roedores) de ocorrência de espécies nos respectivos sítios amostrais. E. spi= *Euryzgomatomys spinosus*; G. spi= *Galea spixii*; H. bra= *Holochilus brasiliensis*; H. sci= *Holochilus sciureus*; H. meg= *Hylaeamys megacephalus*; H. oni= *Hylaeamys oniscus*; H. seu= *Hylaeamys seuanezi*; J. oss= *Juliomys ossitenuis*; J. pic= *Juliomys pictipes*; K. amb= *Kannabateomys amblyonyx*; N. las= *Necomys lasiurus*; N. rat= *Necomys rattus*; N. squ= *Necomys squamipes*; O. cat= *Oecomys catherinae*. ST= Sítios. (Tabela continua).

ST	E. sp i	G. spi	H. bra	H. sci	H. meg	H. oni	H. seu	J. oss	J. pic	J. rim	K. amb	N. las	N. rat	N. squ	O. cat
1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
7	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
9	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
26	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
28	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0
29	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0
30	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
31	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
32	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
33	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
34	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
35	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
39	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

ST	E. sp i	G. spi	H. bra	H. sci	H. meg	H. oni	H. seu	J. oss	J. pic	J. rim	K. amb	N. las	N. rat	N. squ	O. cat
40	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
43	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
45	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
51	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
53	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
58	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
60	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
62	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
63	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
65	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
67	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
68	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
69	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
71	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
73	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
77	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
81	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
83	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
84	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
85	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
86	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
89	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0

ST	E. sp i	G. spi	H. bra	H. sci	H. meg	H. oni	H. seu	J. oss	J. pic	J. rim	K. amb	N. las	N. rat	N. squ	O. cat
299	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
300	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
301	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
302	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
304	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0

ANEXO 2

Matriz de atributos funcionais das 101 espécies de pequenos mamíferos não-voadores da Mata Atlântica avaliadas neste trabalho. Pi= Piscívoro; In= Insetívoro; Fr= Frugívoro; Fo= Folívoro; Gr= Granívoro; He= Herbívoro; SA= Semi Aquático; Te= Terrestre; Fs= Fossorial; Ar= Arborícola; Es= Escansorial; Pe= Peso; CC= Comprimento cabeça-corpo; CA= Comprimento da cauda.

Espécies	Pi	In	Fr	Fo	Gr	He	SA	Te	Fs	Ar	Es	Pe	CC/CA
<i>Caluromys philander</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	265	0.71
<i>Chironectes minimus</i>	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	670	0.89
<i>Cryptonanus agricolai</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	18	0.82
<i>Cryptonanus chacoensis</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	16	0.80
<i>Cryptonanus guahybae</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	18	0.81
<i>Didelphis albiventris</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1600	1.09
<i>Didelphis aurita</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1235	1.04
<i>Didelphis marsupialis</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1350	1.04
<i>Gracilinanus agilis</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	26.5	0.73
<i>Gracilinanus microtarsus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	32	0.70
<i>Lutreolina crassicaudata</i>	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	500	1.17
<i>Micoureus demerarae</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	120	0.77
<i>Marmosa murina</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	52	0.68
<i>Micoureus paraguayanus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	105	1.00
<i>Marmosops incanus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	80	0.87
<i>Marmosops paulensis</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	43	0.70
<i>Metachirus nudicaudatus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	390	0.80
<i>Monodelphis americana</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	29	0.94
<i>Monodelphis dimidiata</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	62	0.17
<i>Monodelphis domestica</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	67	0.22
<i>Monodelphis iheringi</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	11	1.85
<i>Monodelphis kunsii</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	20	0.19
<i>Monodelphis pinocchio</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	NA	0.83
<i>Monodelphis scalops</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	74	2.29
<i>Philander frenatus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	450	0.93
<i>Thylamys velutinus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	24.5	1.21
<i>Abrawayaomys ruschii</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	59	1.24
<i>Akodon cursor</i>	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	50	1.11
<i>Akodon lindberghi</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	18	1.46
<i>Akodon mystax</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20.5	1.25
<i>Akodon montensis</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	43	1.31
<i>Akodon paranaensis</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	35	0.13
<i>Akodon reigi</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	40	1.22
<i>Akodon serrensis</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	29	1.14
<i>Akodon azarae</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	24	1.38
<i>Bibimys labiosus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	30	1.20
<i>Blarinomys breviceps</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	40	2.62

Espécies	Pi	In	Fr	Fo	Gr	He	SA	Te	Fs	Ar	Es	Pe	CC/CA
<i>Brucepattersonius griserufescens</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	23.5	0.96
<i>Brucepattersonius iheringi</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	25	1.13
<i>Brucepattersonius soricinus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	25	1.24
<i>Calomys callosus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	30.5	1.35
<i>Calomys cerqueirai</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	30	1.40
<i>Calomys laucha</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	17.5	1.34
<i>Calomys expulsus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	32.5	1.47
<i>Calomys tener</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	20	1.27
<i>Cavia aperea</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	549	NA
<i>Cavia fulgida</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	283	NA
<i>Cerradomys langguthi</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	62	NA
<i>Cerradomys subflavus</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	62	0.90
<i>Cerradomys vivoi</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	77.5	NA
<i>Ctenomys flamarioni</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	240	1.76
<i>Delomys dorsalis</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	60	1.05
<i>Delomys sublineatus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	60	1.05
<i>Deltamys kempii</i>	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	26	1.22
<i>Drymoreomys albimaculatus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	76	0.90
<i>Euryoryzomys russatus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	85	0.97
<i>Euryzgomatomys spinosus</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	185	2.88
<i>Galea spixii</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	350	NA
<i>Holochilus brasiliensis</i>	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	210	0.95
<i>Holochilus sciureus</i>	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	145	1.07
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	60	2.15
<i>Hylaeamys oniscus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	59	1.00
<i>Hylaeamys seuanezi</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	76	1.00
<i>Juliomys ossitenuis</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	23	1.81
<i>Juliomys pictipes</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	23.5	0.85
<i>Juliomys rimofrons</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	19	1.10
<i>Kannabateomys amblyonyx</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	420	0.74
<i>Necomys lasiurus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	60	1.51
<i>Necomys rattus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	240	0.97
<i>Necomys squamipes</i>	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	250	0.97
<i>Oecomys catherinae</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	70	0.84
<i>Oligoryzomys flavescens</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	20	0.75
<i>Oligoryzomys fornesi</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	14	0.71
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	25	0.97
<i>Oxymycterus caparoeae</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	46	1.40
<i>Oxymycterus dasytrichus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	95	1.18
<i>Oxymycterus delator</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	78	1.20
<i>Oxymycterus nasutus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	50	1.42
<i>Oxymycterus quaestor</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	45	1.37
<i>Oxymycterus rufus</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	70	1.48
<i>Phyllomys medius</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	220	0.63
<i>Phyllomys pattoni</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	212	1.26

Espécies	Pi	In	Fr	Fo	Gr	He	SA	Te	Fs	Ar	Es	Pe	CC/CA
<i>Phyllomys nigrispinus</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	250	0.98
<i>Pseudoryzomys simplex</i>	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	50	0.97
<i>Rhagomys rufescens</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	15	0.82
<i>Rhipidomys itoan</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	77	1.27
<i>Rhipidomys macrurus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	80	0.81
<i>Rhipidomys mastacalis</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	87	0.80
<i>Scapteromys tumidus</i>	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	146	1.15
<i>Sooretamys angouya</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	140	0.83
<i>Thaptomys nigrita</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	20	2.03
<i>Thrichomys inermis</i>	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	200	0.98
<i>Thrichomys laurentius</i>	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	190	1.04
<i>Trinomys mirapitanga</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	240	1.21
<i>Trinomys dimidiatus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	200	1.15
<i>Trinomys eliasi</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	230	0.91
<i>Trinomys gratiosus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	217.5	1.06
<i>Trinomys iheringi</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	200	0.98
<i>Trinomys paratus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	280	1.10
<i>Trinomys setosus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	180	0.92
<i>Wilfredomys oenax</i>	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	75	0.60

ANEXO 3

Tabela de espécies e números de ocorrências em toda amostragem para Mata Atlântica.

Espécie	Nº de ocorrência
<i>Caluromys philander</i>	26
<i>Chironectes minimus</i>	1
<i>Cryptonanus agricolai</i>	5
<i>Cryptonanus chacoensis</i>	3
<i>Cryptonanus guahybae</i>	2
<i>Didelphis albiventris</i>	45
<i>Didelphis aurita</i>	128
<i>Didelphis marsupialis</i>	3
<i>Gracilinanus agilis</i>	17
<i>Gracilinanus microtarsus</i>	80
<i>Lutreolina crassicaudata</i>	5
<i>Micoureus demerarae</i>	11
<i>Marmosa murina</i>	25
<i>Micoureus paraguayanus</i>	72
<i>Marmosops incanus</i>	92
<i>Marmosops paulensis</i>	9
<i>Metachirus nudicaudatus</i>	60
<i>Monodelphis americana</i>	47
<i>Monodelphis dimidiata</i>	8
<i>Monodelphis domestica</i>	10
<i>Monodelphis iheringi</i>	13
<i>Monodelphis kunsi</i>	1
<i>Monodelphis pinocchio</i>	5
<i>Monodelphis scalops</i>	22
<i>Philander frenatus</i>	69
<i>Thylamys velutinus</i>	4
<i>Abramyaomys ruschii</i>	2
<i>Akodon cursor</i>	57
<i>Akodon lindberghi</i>	1
<i>Akodon mystax</i>	1
<i>Akodon montensis</i>	84
<i>Akodon paranaensis</i>	8
<i>Akodon reigi</i>	1
<i>Akodon serrensis</i>	7
<i>Akodon azarae</i>	4
<i>Bibimys labiosus</i>	11
<i>Blarinomys breviceps</i>	16
<i>Brucepattersonius griserufescens</i>	1
<i>Brucepattersonius iheringi</i>	17

Espécie	Nº de ocorrência
<i>Brucepattersonius soricinus</i>	17
<i>Calomys callosus</i>	3
<i>Calomys cerqueirai</i>	1
<i>Calomys laucha</i>	2
<i>Calomys expulsus</i>	1
<i>Calomys tener</i>	19
<i>Cavia aperea</i>	8
<i>Cavia fulgida</i>	1
<i>Cerradomys langguthi</i>	10
<i>Cerradomys subflavus</i>	19
<i>Cerradomys vivoi</i>	1
<i>Ctenomys flamarioni</i>	1
<i>Delomys dorsalis</i>	21
<i>Delomys sublineatus</i>	27
<i>Deltamys kempii</i>	2
<i>Drymoreomys albimaculatus</i>	4
<i>Euryoryzomys russatus</i>	77
<i>Euryzgomatomys spinosus</i>	9
<i>Galea spixii</i>	1
<i>Holochilus brasiliensis</i>	5
<i>Holochilus sciureus</i>	1
<i>Hylaeamys megacephalus</i>	3
<i>Hylaeamys oniscus</i>	1
<i>Hylaeamys seuanezi</i>	17
<i>Juliomys ossitenuis</i>	3
<i>Juliomys pictipes</i>	37
<i>Juliomys rimofrons</i>	2
<i>Kannabateomys amblyonyx</i>	2
<i>Necomys lasiurus</i>	34
<i>Nectomys rattus</i>	2
<i>Nectomys squamipes</i>	71
<i>Oecomys catherinae</i>	37
<i>Oligoryzomys flavescens</i>	24
<i>Oligoryzomys fornesi</i>	5
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	125
<i>Oxymycterus caparoeae</i>	1
<i>Oxymycterus dasytrichus</i>	20
<i>Oxymycterus delator</i>	1
<i>Oxymycterus nasutus</i>	7
<i>Oxymycterus quaestor</i>	13
<i>Oxymycterus rufus</i>	1
<i>Phyllomys medius</i>	1
<i>Phyllomys pattoni</i>	2
<i>Phyllomys nigrispinus</i>	8

Espécie	Nº de ocorrência
<i>Pseudoryzomys simplex</i>	1
<i>Rhagomys rufescens</i>	1
<i>Rhipidomys itoan</i>	10
<i>Rhipidomys macrurus</i>	1
<i>Rhipidomys mastacalis</i>	37
<i>Scapteromys tumidus</i>	3
<i>Sooretamys angouya</i>	50
<i>Thaptomys nigrita</i>	62
<i>Thrichomys inermis</i>	1
<i>Thrichomys laurentius</i>	2
<i>Trinomys mirapitanga</i>	1
<i>Trinomys dimidiatus</i>	5
<i>Trinomys eliasi</i>	1
<i>Trinomys graciosus</i>	2
<i>Trinomys iheringi</i>	15
<i>Trinomys paratus</i>	5
<i>Trinomys setosus</i>	6
<i>Wilfredomys oenax</i>	1