UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA ANIMAL

VALÉRIA RIBEIRO MACHADO

PADRÕES DE DISTRIBUIÇÃO E ÁREAS DE ENDEMISMO DE MAMÍFEROS NEOTROPICAIS

Porto Alegre

2022

Valéria Ribeiro Machado

PADRÕES DE DISTRIBUIÇÃO E ÁREAS DE ENDEMISMO DE MAMÍFEROS NEOTROPICAIS

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Instituto de Biociências da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Biologia Animal.

Área de concentração: Biologia comparada

Orientador: Dr. Augusto Ferrari.

Coorientadora: Dra. Maria João Ramos Pereira.

Porto Alegre

2022

Valéria Ribeiro Machado

PADRÕES DE DISTRIBUIÇÃO E ÁREAS DE ENDEMISMO DE MAMÍFEROS NEOTROPICAIS

Aprovado em de de ..

BANCA EXAMINADORA

Dr. Leonora Pires Costa

Dr. Diego Janisch Alvares

Dr. Renan Maestri

Agradecimentos

A minha família, especialmente meus pais, Rosane e João, por constituírem a base do que sou hoje, priorizarem minha educação e terem me dado todas as condições para chegar até aqui, sempre com muito amor e compreensão. Ao meu irmão, cunhada e sobrinho, que nos momentos de minha ausência dedicados ao estudo superior, sempre fizeram entender que o futuro é feito a partir da constante dedicação no presente.

Ao meu namorado, Eduardo, por toda a ajuda, pelas palavras encorajadoras, pelo apoio e pela compreensão nos momentos mais difíceis.

A meu orientador, Prof. Dr. Augusto Ferrari, por orientar minha caminhada sempre com muita dedicação, por toda a ajuda e por dividir comigo parte de seu grande conhecimento. A minha co-orintadora , Prafª Drª Maria João Ramos, que apesar da intensa rotina de sua vida acadêmica aceitou me co-orientar nesta monografia. As suas valiosas indicações fizeram toda a diferença.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Biologia Animal da UFRGS, pelo esforço realizado durante o período de ensino remoto e por todo o conhecimento compartilhado durante as aulas.

Aos membros da comissão examinadora da minha defesa de dissertação, Drª. Leonora Pires Costa, Dr. Diego Janisch Alvares e Dr. Renan Maestri, por terem aceitado ler e avaliar o meu trabalho.

À CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior –, pela bolsa de estudos.

A todos os pesquisadores e cientistas do Brasil, muito obrigada.

Resumo

O padrão de distribuição de um táxon é consequência de processos históricos e contemporâneos, ecológico-evolutivos, havendo tendencialmente congruência distribucional entre espécies que respondem de forma semelhante aos mesmos processos. Esta congruência é responsável pela fixação de áreas de endemismo, as quais são de suma importância para a delimitação de regiões biogeográficas. Para a região neotropical existem diferentes definições de área de endemismo associadas a padrões de distribuição de espécies de mamíferos, cada qual de acordo com distintos métodos e pressupostos. Esta dissertação de mestrado teve como objetivo identificar áreas de endemismo de mamíferos neotropicais, representados por 361 espécies dos táxons Placentalia (Xenarthra, Chiroptera e Carnivora) e Marsupialia (Didelphimorphia e Paucituberculata), a partir da análise de endemicidade (NDM) e propor uma regionalização com base em uma análise hierárquica de cluster com o emprego de métrica de dissimilaridade Simpson's beta (βsim). Nossos resultados mostram que a Região Neotropical é composta por 24 grupos de áreas de endemismo, suportado por 172 espécies endêmicas. Embora o presente estudo não tenha o objetivo de propor um novo esquema de regionalização, os padrões convergentes recuperados pelas duas abordagens analíticas sugerem atenção aos limites da região Neotropical.

Palavras-chave: mamíferos, endemismo, região Neotropical, padrão de distribuição, análise de endemicidade.

Abstract

The distribution pattern of a given taxa is a consequence of historical and contemporary, ecological-evolutionary processes, with a tendency towards distributional congruence between species that respond similarly to the same processes. This congruence is responsible for the establishment of areas of endemism, which are important for the delimitation of biogeographic regions. For the Neotropical region, there are different definitions of area of endemism associated with distributional patterns of mammals, each according to different methods and assumptions. This study aimed to identify areas of endemism for Neotropical mammals, represented by 361 species of the taxa Placentalia (Xenarthra, Chiroptera and Carnivora) and Marsupialia (Didelphimorphia and Paucituberculata), based on the endemicity analysis (NDM) and to propose a regionalization based on in a hierarchical cluster analysis using Simpson's beta (βsim) dissimilarity metric. Our results show that the Neotropical region is composed of 24 groups of areas of endemism, supported by 172 endemic species. Although the present study does not aim to propose a new regionalization scheme, the convergent patterns recovered by the two analytical approaches suggest attention to the limits of the Neotropical region.

Key words: mammals, endemism, Neotropical region, distributional pattern, endemicity analysis.

Sumário

Introdução geral 1

Região Neotropical 1

Áreas de endemismo 2

Áreas de endemismo baseada em distribuição de mamíferos 3

Objetivos 5

Estrutura da Dissertação 5

Referências 6

CAPÍTULO I 17

Padrões de distribuição e áreas de endemismo de mamíferos neotropicais 17

Resumo 17

Introdução 18

Material e Métodos 23

Dados de distribuição das espécies 23

Análise de endemicidade (NDM/VNDM) 23

Análise de Cluster WPGMA-βsim (Biodiverse) 25

Resultados 27

Análise de Endemicidade - AE (NDM – VNDM) 27

Caracterização de táxons endêmicos 28

Congruência espacial de Áreas de Endemismo – Critério de Metaconsenso 29

Análise de Cluster (WPGMA-βsim) 30

Discussão 31

Areas de Endemismo de Mamíferos Neotropicais e táxons endêmicos.....31

Regionalização e limites do Neotrópico (Análise de Cluster-Bsim).....34

Avanços na identificação de AE e Regionalização de Mamíferos Neotropicais 35

Agradecimentos 45

Dados Suplementares.....45

Literatura Citada 45

Legenda das Figuras 56

Tabelas.....64

Conclusão geral 68

Referências.....69

Introdução geral

Região Neotropical

A região neotropical é conhecida por sua ampla diversidade, abrigando a maior riqueza de espécies de vertebrados do globo (Mittermeier et al. 2004; Loyola et al. 2009). A evolução da diversidade neotropical está intimamente relacionada com processos biogeográficos, onde tanto eventos geomorfológicos quanto climáticos são determinantes para os processos de diversificação de espécies. Estes eventos podem levar à dispersão e imigração de indivíduos, a exemplo do evento conhecido como grande intercâmbio biótico americano associado com a formação do Istmo do Panamá (Carrillo et al. 2020), além da fragmentação de populações, interrupção de fluxo gênico e até mesmo a extinções em decorrência de mudanças bruscas de variáveis biofísicas (Narváez-Gómez et al. 2018; Almeida e Santos, 2011).

O Neotrópico contempla quase toda a américa latina, sendo definido inicialmente por Sclater (1858) e Wallace (1876) como a área desde o centro do México até ao sul da América do Sul, ainda podendo ser classificado como reino, organizado em regiões, ecorregiões ou domínios. Estas classificações são de suma importância para a compreensão da distribuição dos organismos e permitem a comparação entre áreas diferentes a partir da análise de distribuição de determinados táxons. Entretanto, essas classificações constituem modelos, ou seja, simplificações da realidade e podem ser mutáveis à medida que a compreensão dos padrões geobióticos se modificam (Morrone, 2011) e a qualidade dos dados distribucionais aumenta.

Morrone (2014) propôs um sistema de classificação hierárquico de regiões, sub-regiões, domínios e províncias, baseado na congruência distribucional de espécies vegetais e animais. Nesse trabalho, considerou-se que a Região Neotropical era composta por três sub-regiões, duas zonas de transição e sete domínios, incluindo 53 províncias biogeográficas (Morrone 2014). Em atualização

recente, Morrone et al. (2022) reconheceram 57 províncias biogeográficas para a região Neotropical. O estudo foi conduzido de modo a unificar os esquemas biogeográficos e ecorregionais já existentes, analizando os limites das ecorregiões em conjunto com variáveis climáticas, geológicas e áreas de endemismo.

Áreas de endemismo

Segundo Narváes-Gomes et al. (2018) o padrão de distribuição de um táxon é consequência de processos históricos e contemporâneos, visto que tanto eventos que ocorrem ao longo de longas escalas temporais quanto fatores ambientais do presente são determinantes para a dispersão, fragmentação e eventualmente a distribuição das populações que observamos atualmente. Quando duas ou mais espécies apresentam respostas semelhantes a esses fatores histórico-contemporâneos haverá similaridade nas suas áreas de distribuição (Platnick 1991).

Neste sentido, áreas de endemismo são hipóteses de homologia biogeográfica definidas a partir da congruência distribucional de diferentes táxons (Platnick 1991; Morrone 1994). Estas áreas são importantes para a delimitação de unidades naturais ou regiões biogeográficas (Escalante et al., 2009), pois contribuem para a elaboração de hipóteses sobre os processos envolvidos na formação da biota de uma região (Carvalho, 2011); além disso, enfatizam áreas com feições singulares da biodiversidade que devem ser priorizadas para conservação.

Diferentes abordagens metodológicas são utilizadas para a delimitação de áreas de endemismo, podendo englobar conceitos de homologia biogeográfica a exemplo da Análise de Parcimônia de Endemismo (PAE) (Morrone 1994), um dos primeiros métodos proposto para identificação de áreas de endemismo. Além do PAE, outros métodos ainda podem ser citados, como por exemplo o de agrupamento fenético (Linder 2001), áreas aninhadas de análise de endemismo (Deo e DeSalle 2006), análise de elementos bióticos (Hausdorf e Hennig 2003),

Interpolação Geográfica de Endemismo (GIE) com base na interpolação espacial do kernel (Oliveira et al. 2015), identificação de área com base em redes bipartidas de clusters (Infomap Bioregions; Edler et al. 2017) e a Análise de Endemicidade (AE – NDM/VNDM) (Szumik et al. 2002; Szumik e Goloboff 2004). Porém, o PAE não foi desenvolvido para a identificação de padrões biogeográficos (Navarro et al. 2009), visto que o método propõe a união de áreas com base nas espécies compartilhadas e sugere fatores históricos que expliquem estes grupos de áreas, enquanto a análise de endemicidade (AE), foi desenvolvida com o objetivo de identificar áreas de congruência entre duas ou mais espécies baseado em um critério de otimização NDM-VNDM, considerando a variável espacial para a identificação de áreas de endemismo (Szumik et al. 2002; Szumik e Goloboff 2004). A AE atribui um índice de endemicidade para cada área de acordo com o ajuste da distribuição dos táxons (Szumik et al. 2002; Casagranda et al. 2012). Assim, o uso deste critério permite um melhor entendimento da contribuição de cada táxon para o estabelecimento de determinada área de endemismo de acordo com a sua área de distribuição e o ajuste à referida área.

Áreas de endemismo baseada em distribuição de mamíferos

Os mamíferos constituem um grupo de organismos de variados tamanhos corporais, comportamentos e diversificada dieta (Vaughan et al. 2000). De fato, apresentam uma variação de tamanho impressionante, incluindo espécies que vão dos 2 g até às 150 toneladas e tendo virtualmente ocupado todos os ambientes da Terra. Ao longo de sua história evolutiva, os mamíferos desenvolveram caracteres que permitem a ocupação de diferentes nichos (Vaughan et al. 2000), conferindo-lhes uma distribuição bastante heterogênea (Ceballos et al. 2005). Por possuir relações filogenéticas e áreas de distribuição relativamente bem conhecidas (Escalante et al., 2010), O táxon frequentemente é utilizado para a compreensão dos padrões biogeográficos e delimitação

de regionalizações (Wallace 1876; Hershkovitz 1958; Escalante et al. 2007; Holt et al. 2013; Kreft e Jetz 2013).

No que diz respeito à região Neotropical, poucos trabalhos foram publicados sobre áreas de endemismo baseados exclusivamente em mamíferos. Escalante et. al. (2013) identificou padrões de endemismo para mamíferos na Zona de Transição Mexicana, área da região Neotropical que se sobrepõe aos limites da região Neártica. Noguera-Urbano e Escalante (2015), identificaram 101 áreas de endemismo a partir da Análise de Endemicidade de 1782 espécies de mamíferos, tendo definido nove grandes áreas de endemismo para o Neotrópico e identificado 28 táxons endêmicos. Posteriormente, foram observadas 10 áreas de endemismo suportadas por 82 táxons endêmicos (Noguera-Urbano e Escalante 2018). Em ambos estudos, as análises foram realizadas a partir de mapas de distribuição de espécies que, embora sejam uma base útil para interpretação e caracterização em larga escala da distribuição de espécies, apresentam uma limitação de detalhes espaciais e temporais. As análises de distribuição de espécies devem, portanto, considerar mecanismos a fim de contornar tais problemas, como o uso de dados brutos e atualizados, além de métodos de extrapolação e otimização de dados.

Neste sentido, o presente estudo teve por objetivo estimar as áreas de endemismo de Mamíferos Netropicais representados pelos táxons Placentalia (Xenarthra, Chiroptera e Carnivora) e Marsupialia (Didelphimorphia e Paucituberculata), a partir de 157.351 registros brutos de ocorrência de 361 espécies, usando análise de endemicidade (NDM) e propor uma regionalização com base em uma análise hierárquica de cluster com o emprego de métrica de dissimilaridade Simpson's beta (βsim). Os resultados das análises de AE (NDM-VNDM) e cluster (WPGMA-βsim) foram comparados entre si e com outros sistemas de classificação existentes na literatura. Buscamos explorar os padrões restritos de distribuição para o Neotrópico através da identificação

de Áreas de Endemismo, bem como definir os limites entre regiões, em especial a Zonas de Transições Mexicana e Sul Americana identificado na análise de cluster.

Objetivos

O objetivo geral deste trabalho foi identificar padrões de distribuição e áreas de endemismo no neotrópico para os seguintes táxons:

a) Placentalia: Xenarthra (Pilosa e Cingulata), Chiroptera, Carnivora;

b) Marsupialia: Didelphimorphia e Paucituberculata.

Além disso, objetivou-se comparar os padrões obtidos entre os grupos, estabelecendo um comparativo entre áreas encontradas e esquemas de classificação propostos na literatura. Especificamente, procurou-se comparar os esquemas de classificação propostos na literatura, nomeadamente em Nogueira-Urbano e Escalante (2015; 2018) e Morrone et al. (2022) com as áreas resultantes das análises do presente estudo, verificando se os padrões obtidos apresentam mudanças significativas relativamente aos sistemas de classificação já existentes e buscando identificar as propostas mais adequadas, assim como existência de diferenças entre os táxons analisados.

Estrutura da Dissertação

A presente dissertação encontra-se estruturada em três segmentos: introdução geral, incluindo os objetivos e estrutura da dissertação; capítulo I em formato de artigo científico a ser submetido para a revista Journal of Mammalogy e conclusão geral. A formatação da dissertação seguiu as normas de formatação do periódico onde o artigo será submetido, disponíveis em https://academic.oup.com/jmammal/pages/General_Instructions.

Referências

ALMEIDA, E.A.B. AND SANTOS, C.M.D. 2011. LÓGICA DA BIOGEOGRAFIA DE VICARIÂNCIA. IN: CARVALHO, C.J.; ALMEIDA, E.A. BIOGEOGRAFIA DA AMÉRICA DO SUL: PADRÕES E PROCESSOS. ROCA: 52-62.

ANTONELLI, A., M. ARIZA, J. ALBERT, T. ANDERMANN, J. AZEVEDO AND C. BACON. 2018. Conceptual and empirical advances in Neotropical biodiversity research: 1–53.

AAGESEN, L., C. A. SZUMIK, F. O. ZULOAGA, AND O. MORRONE. 2009. Quantitative biogeography in the South America highlands - Recognizing the Altoandina, Puna and Prepuna through the study of Poaceae. Cladistics 25:295–310.

AGUIAR, L. M. S., M. J. R. PEREIRA, M. ZORTÉA, AND R. B. MACHADO. 2020. Where are the bats? An environmental complementarity analysis in a megadiverse country. Diversity and Distributions 26:1510–1522.

ALVARES, D. J., A. FERRARI, AND M. BORGES-MARTINS. 2022. Geographic distribution patterns of amphibians and reptiles from the Uruguayan Savanna. Systematics and Biodiversity 20:1–17.

ANTONELLI, A., M. ARIZA, J. ALBERT, T. ANDERMANN, J. AZEVEDO, AND C. BACON. 2018. Conceptual and empirical advances in Neotropical biodiversity research:1–53.

BEIN, B., M. C. EBACH, S. W. LAFFAN, D. J. MURPHY, AND G. CASSIS. 2020. Quantifying vertebrate zoogeographical regions of Australia using geospatial turnover in the species composition of mammals, birds, reptiles and terrestrial amphibians. Zootaxa 4802:61–81.

BENNET, D. 2019. Gap analysis of Neotropical marsupials: knowledge gaps, protected areas coverage and modelled distribution for present and future. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

BERNARD, E., L. M. S. AGUIAR, AND R. B. MACHADO. 2011. Discovering the Brazilian bat fauna:

A task for two centuries? Mammal Review 41:23–39.

BOGONI, J. A., C. A. PERES, AND K. M. P. M. B. FERRAZ. 2020. Extent , intensity and drivers of mammal defaunation : a continental - scale analysis across the Neotropics. Scientific Reports:1–16.

BRITO, J. ET AL. 2020. A new genus of oryzomyine rodents (Cricetidae, Sigmodontinae) with three new species from montane cloud forests, western Andean cordillera of Colombia and Ecuador. PeerJ 8.

BURGIN, C. J., J. P. COLELLA, P. L. KAHN, AND N. S. UPHAM. 2018. How many species of mammals are there? Journal of Mammalogy 99:1–14.

BURGIN, C. J., D. E. WILSON, R. A. MITTERMEIER, A. B. RYLANDS, T. E. LACHER, AND W. SECHREST. 2020. Illustrated Checklist of the Mammals of the World.

CARMIGNOTTO, A. P., AND D. ASTÚA. 2018. Mammals of the Caatinga: Diversity, ecology, biogeography, and conservation. Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America.

CARRILLO, J. D. ET AL. 2020. Disproportionate extinction of South American mammals drove the asymmetry of the Great American Biotic Interchange. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 117:26281–26287.

CARVALHO, W. D. DE, AND K. MUSTIN. 2017. The highly threatened and little known Amazonian savannahs. Nature Publishing Group:1–3.

CASAGRANDA, M. D. ET AL. 2009a. Proximity, interpenetration, and sympatry networks: A reply to dos santos et al. Systematic Biology 58:271–276.

CASAGRANDA, M. D., S. ROIG-JUNENT, AND C. SZUMIK. 2009b. Endemismo a diferentes escalas espaciales : un ejemplo con Carabidae (Coleoptera : Insecta) de América del Sur austral 82:17–42.

CASAGRANDA, M. D., L. TAHER, AND C. A. SZUMIK. 2012. Endemicity analysis, parsimony and biotic elements: A formal comparison using hypothetical distributions. Cladistics 28:645–654.

CEBALLOS, G., P. R. EHRLICH, J. SOBERÓN, I. SALAZAR, AND J. P. FAY. 2005. Ecology: Global mammal conservation: What must we manage? Science 309:603–607.

COLE, F. R., D. M. REEDER, AND D. E. WILSON. 1994. A synopsis of distribution patterns and the conservation of mammal species. Journal of Mammalogy 75:266–276.

COSTA, L. P., AND Y. R. L. LEITE. 2000. Biogeography of South American Forest Mammals: Endemism and Diversity in the Atlantic Forest. BlOTROPlCA 32:872–881.

COURCELLE, M., M. K. TILAK, Y. L. R. LEITE, E. J. P. DOUZERY, AND P. H. FABRE. 2019. Digging for the spiny rat and hutia phylogeny using a gene capture approach, with the description of a new mammal subfamily. Molecular Phylogenetics and Evolution 136:241–253.

COX, C. B. 2001. The biogeographic regions reconsidered: Journal of Biogeography. Journal of Biogeography 28:511–523.

CRAW, R. C., J. R. GRAHAN, AND M. J. HEADS. 1999. Panbiogeography. 1999, New York.

DALAPICOLLA, J. ET AL. 2021. Areas of endemism of small mammals are underprotected in the Atlantic Forest. Journal of Mammalogy 102:1390–1404.

DASILVA, M. B., R. PINTO-DA-ROCHA, AND A. M. DESOUZA. 2015. Cladistics A protocol for the delimitation of areas of endemism and the historical regionalization of the Brazilian Atlantic Rain Forest using harvestmen distribution data. Cladistics:1–14.

DEO, A. J., AND R. DESALLE. 2006. Nested areas of endemism analysis. Journal of Biogeography 33:1511–1526.

DINIZ-FILHO, J. A. F., AND R. BALESTRA. 1998. Hierarchical effects on body size evolution and the macroecology of South American rainforest mammals:23–30.

EDLER, D., T. GUEDES, A. ZIZKA, M. ROSVALL, AND A. ANTONELLI. 2017. Infomap bioregions:

Interactive mapping of biogeographical regions from species distributions. Systematic Biology 66:197–204.

ESCALANTE, T. 2005. Las bases de datos curatoriales y el estudio espacial de la biodiversidad : Un ejemplo con los mamíferos terrestres de México. Pp. 339–350 in egionalización biogeográfica en Iberoamérica y tópicos afines: Primeras Jornadas Biogeográficas de la Red Iberoamericana de Biogeografía y Entomología Sistemática.

ESCALANTE, T. 2017. A natural regionalization of the world based on primary biogeographic homology of terrestrial mammals. Biological Journal of the Linnean Society 120:349–362.

ESCALANTE, T., AND J. J. MORRONE. 2020. Evolutionary biogeography and the regionalization of the Neotropics.pdf. Mastozoología Neotropical 27:4–14.

ESCALANTE, T., J. J. MORRONE, AND G. RODRÍGUEZ-TAPIA. 2013. Biogeographic regions of north american mammals based on endemism. Biological Journal of the Linnean Society 110:485–499.

ESCALANTE, T., G. RODRIGEZ-TAPIA, C. SZUMIK, J. J. MORRONE, AND M. RIVAS. 2010a. Delimitation of the Nearctic region according to mammalian distributional patterns 91:1381–1388.

ESCALANTE, T., G. RODRÍGUEZ-TAPIA, M. LINAJE, AND J. J. MORRONE. 2014. Mammal species richness and biogeographic structure at the southern boundaries of the Nearctic region 78:159–169.

ESCALANTE, T., G. RODRIGUEZ-TAPIA, C. A. SZUMIK, J. J. MORRONE, AND M. RIVAS. 2010b. Delimitation of the Nearctic region according to mammalian distributional patterns. Journal of Mammalogy 91:1381–1388.

ESCALANTE, T., V. SÁNCHEZ-CORDERO, J. J. MORRONE, AND M. LINAJE. 2007. Areas of endemism of Mexican terrestrial mammals : A case study using species ' ecological niche modeling ,

Parsimony Analysis of Endemicity and Goloboff fit.

FEIJÓ, A., AND T. C. ANACLETO. 2021. Taxonomic revision of the genus Cabassous McMurtrie, 1831 (Cingulata: Chlamyphoridae), with revalidation of Cabassous squamicaudis (Lund, 1845). Zootaxa 4974.

FEIJÓ, A., D. GE, Z. WEN, L. XIA, AND Q. YANG. 2022. Identifying hotspots and priority areas for xenarthran research and conservation. Diversity and Distributions:1–13.

FERRARI, A. 2017. Biogeographical units matter Biogeographical units matter. Bio One 30:391–402.

FERRARI, A., D. ALVARES, P. M. BURATTO, AND K. BARÃO. 2022. Distribution patterns of Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) in the Americas: an analysis based on networks and endemicity. Cladistics:1–19.

FERRO, I., AND J. J. MORRONE. 2014. Biogeographical transition zones: A search for conceptual synthesis. Biological Journal of the Linnean Society 113:1–12.

FICETOLA, G. F., F. MAZEL, AND W. THUILLER. 2017. Global determinants of zoogeographical boundaries. Nature Ecology and Evolution 1:1–7.

GOLOBOFF, P. A. 2005. NDM/VNDM ver. 3.1. Programs for identification of areas of endemism. <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/endemism>.

GONZÁLEZ-MAYA, J. F., E. MARTÍNEZ-MEYER, R. MEDELLÍN, AND G. CEBALLOS. 2017. Distribution of mammal functional diversity in the Neotropical realm: Influence of land-use and extinction risk. Plos One.

GONZÁLEZ-OROZCO, C. E. ET AL. 2014. Quantifying phytogeographical regions of Australia using geospatial turnover in species composition. PLoS ONE 9.

GONZÁLEZ-OROZCO, C. E., A. H. THORNHILL, N. KNERR, S. LAFFAN, AND J. T. MILLER. 2013. Biogeographical regions and phytogeography of the eucalypts. Diversity and Distributions:1–

13.

HAUSDORF, B., AND C. HENNIG. 2003. Biotic Element Analysis in Biogeography. Systematic Biology 52:717–723.

HERSHKOVITZ, P. A. 1958. Geographic Classification of Neotropical Mammals. Zoology.

HERSHKOVITZ, P. A. 1969. The evolution of mammals on southern continents 33.

HOFFMEISTER, C. H., AND A. FERRARI. 2016. Areas of endemism of arthropods in the Atlantic Forest (Brazil): an approach based on a metaconsensus criterion using endemicity analysis. Biological Journal of the Linnean Society 119:126–144.

HOLT, B. G. ET AL. 2013. An Update of Wallace's Zoogeographic Regions of the World. Science 339:74–79.

HORTAL, J., F. BELLO, A. F. DINIZ-FILHO, T. M. LEWINSOHN, J. M. LOBO, AND R. J. LADLE. 2015. Seven Shortfalls that Beset Large-Scale Knowledge of Biodiversity:523–549.

KREFT, H., AND W. JETZ. 2010. A framework for delineating biogeographical regions based on species distributions. Journal of Biogeography 37:2029–2053.

KREFT, H., AND W. JETZ. 2013. Comment on "An update of Wallace's zoogeographic regions of the world." Science 341:9–11.

LAFFAN, S. W., E. LUBARSKY, AND D. F. ROSAUER. 2010. Biodiverse , a tool for the spatial analysis of biological and related diversity:643–647.

LINDER, H. P. 2001. On areas of endemism, with an example from the African restionaceae. Systematic Biology 50:892–912.

LINDER, H. P., H. M. DE KLERK, J. BORN, N. D. BURGESS, AND J. FJELDSA. 2012. The partitioning of Africa : statistically defined biogeographical regions in sub-Saharan Africa:1189–1205.

LOYOLA, R. D., U. KUBOTA, G. A. B. DA FONSECA, AND T. M. LEWINSOHN. 2009. Key Neotropical ecoregions for conservation of terrestrial vertebrates. Biodiversity and Conservation 18:2017–

2031.

LUZA, A. L., R. MAESTRI, V. J. DEBASTIANI, AND B. D. PATTERSON. 2021. Is evolution faster at ecotones ? A test using rates and tempo of diet Is evolution faster at ecotones ? A test using rates and tempo of diet transitions in Neotropical Sigmodontinae (Rodentia , Cricetidae). Ecology and Evolution.

MAESTRI, R. 2020. A macroecological perspective on Neotropical rodents. Mastozoología Neotropical 27:27–36.

MAESTRI, R., S. M. HARTZ, A. FERRARI, T. R. O. DE, AND L. D. S. DUARTE. 2016. Geographical variation of body size in sigmodontine rodents depends on both environment and phylogenetic composition of communities:1192–1202.

MALDONADO, C. ET AL. 2015. Estimating species diversity and distribution in the era of Big Data : to what extent can we trust public databases ? Journal of Macroecology:973–984.

MARSH, C. J. ET AL. 2022. Expert range maps of global mammal distributions harmonised to three taxonomic authorities. Journal of biogeography.

MEYER, C., H. KREFT, R. GURALNICK, AND W. JETZ. 2015. Global priorities for an effective information basis of biodiversity distributions. Nature Communications 6:1–8.

MITTERMEIER, R. A., P. ROBLES-GIL, AND M. HOFFMAN. 2004. Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. CEMEX, Mexico.

MITTERMEIER, R. A., A. B. RYLANDS, AND D. E. WILSON. 2013. Handbook of the mammals of the world: Vol. 3: Primates. Linx Edictions, Barcelona.

MORRONE, J. J. 1994. On the Identification of Areas of Endemism. Systematic Biology 43:438–441.

MORRONE, J. J. 2001a. Homology, biogeography and areas of endemism. Diversity and Distributions 7:297–300.

MORRONE, J. J. 2001b. Homology, biogeography and areas of endemism. Diversity and Distributions 7:297–300.

MORRONE, J. J. 2014. Biogeographical regionalisation of the neotropical region. Zootaxa.

MORRONE, J. J. 2015. Halffter's Mexican transition zone (1962-2014), cenocrons and evolutionary biogeography. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 53:249–257.

MORRONE, J., E. TANIA, AND M. ARANA. 2022. Biogeographic regionalization of the Neotropical region : New map and shapefile Biogeographic regionalization of the Neotropical region : New map and shapefi le.

MUSTIN, K. ET AL. 2017. Biodiversity, threats and conservation challenges in the Cerrado of Amapá, an Amazonian savanna. Nature Conservation 22:107–127.

MYERS, N., R. A. MITTERMEIER, C. G. MITTERMEIER, G. A. . FONSECA, AND J. KENT. 2000. Conservation: Biodiversity as a bonus prize. Nature 468:895.

NARVÁEZ-GÓMEZ, J. P., A. CABRAL, M. COLLI-SILVA, A. FRAZÃO, AND P. SANTANA. 2018. Biogeografia Neotropical: história e conceitos. VIII Botânica no Inverno:275.

NAVARRO, F. R., F. CUEZZO, P. A. GOLOBOFF, C. SZUMIK, M. L. DE GROSSO, AND M. G. QUINTANA. 2009. Can insect data be used to infer areas of endemism? An example from the Yungas of Argentina. Revista Chilena de Historia Natural 82:507–522.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2015a. Áreas De Endemismo De Los Mamíferos (Mammalia) Neotropicales. Acta Biológica Colombiana 20:47–65.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2015b. Áreas De Endemismo De Los Mamíferos (Mammalia). Acta biológica Colombiana 20:47–65.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2018. The Neotropical region sensu the areas of endemism of terrestrial mammals. Australian Systematic Botany 30:470–484.

NOROOZI, J., A. TALEBI, M. DOOSTMOHAMMADI, S. B. RUMPF, H. P. LINDER, AND G. M.

SCHNEEWEISS. 2018. Hotspots within a global biodiversity hotspot-areas of endemism are associated with high mountain ranges. Scientific Reports 8:1–10.

NOVAES, R. L. M. ET AL. 2022. Erratum: Variation in the Myotis keaysi complex (Chiroptera, Vespertilionidae), with description of a new species from Ecuador (Journal of Mammalogy DOI: 10.1093/jmammal/gyab139). Journal of Mammalogy 103:481.

OJEDA, R. A. 2013. Diversity and Conservation of Neotropical Mammals. Encyclopedia of Biodiversity: Second Edition 2:582–594.

OLIVEIRA, U., A. D. BRESCOVIT, AND A. J. SANTOS. 2015. Delimiting areas of endemism through kernel interpolation. PLoS ONE 10:1–18.

OLSON, D. M. ET AL. 2001. Terrestrial ecoregions of the world: A new map of life on Earth. BioScience 51:933–938.

PEÇANHA, W. T. ET AL. 2019. A new species of Oxymycterus (Rodentia : Cricetidae : Sigmodontinae) from a transitional area of Cerrado – Atlantic Forest in southeastern Brazil 100:578–598.

PERCEQUILLO, A. R., M. WEKSLER, AND L. P. COSTA. 2011. A new genus and species of rodent from the Brazilian Atlantic Forest (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with comments on oryzomyine biogeography. Zoological Journal of the Linnean Society 161:357–390.

PLATNICK, N. I. 1991. On Areas of Endemism. Australian Systematic Botany 4:11–13.

PRADO, J. R. ET AL. 2015. Species richness and areas of endemism of oryzomyine rodents (Cricetidae, Sigmodontinae) in South America: An ndm/vndm approach. Journal of Biogeography 42:540–551.

PRANCE, G. T. 1996. Islands in Amazonia. Biological Sciences 351:823–833.

PROCHEŞ, Ş., AND S. RAMDHANI. 2012. The world's zoogeographical regions confirmed by cross-

taxon analyses. BioScience 62:260–270.

RAMOS PEREIRA, M. J., AND J. M. PALMEIRIM. 2013. Latitudinal Diversity Gradients in New World Bats: Are They a Consequence of Niche Conservatism? PLoS ONE 8:1–12.

SANDOVAL, M. L., AND R. M. BARQUEZ. 2013. The Chacoan bat fauna identity : Patterns of distributional congruence and conservation implications. Revista Chilena de Historia Natural 86:75–94.

SCLATER, W. L. 1895. The Geography of Mammals: No. III. The Neotropical Region (Continued). The Geographical Journal 5:471.

SILVA, A. P., AND A. R. M. PONTES. 2008. The effect of a mega-fragmentation process on large mammal assemblages in the highly-threatened Pernambuco Endemism Centre, north-estern Brazil. Biodiversity and conservation 17:1455–1464.

SMITH, C. H. 1983. A System of World Mammal Faunal Regions. I. Logical and Statistical Derivation of the Regions. Journal of Biogeography 10:455.

SMITH, J. R. ET AL. 2018. A global test of ecoregions. Nature Ecology and Evolution 2:1889–1896.

SUPERINA, M., AND A. M. ABBA. 2020. Conservation perspectives for a highly disparate lineage of mammals: The xenarthra. Mastozoologia Neotropical 27:48–67.

SZUMIK, C. A., F. CUEZZO, P. A. GOLOBOFF, AND A. E. CHALUP. 2002. An optimality criterion to determine areas of endemism. Systematic Biology 51:806–816.

SZUMIK, C. A., AND P. A. GOLOBOFF. 2004. Areas of endemism: An improved optimality criterion. Systematic Biology 53:968–977.

TOGNELLI, M. F., AND D. A. KELT. 2004. Analysis of determinants of mammalian species richness in South America using spatial autoregressive models 4.

VAUGHAN, T., J. M. RYAN, AND N. J. CZAPLEWSKI. 2000. Mammalogy. 4ª. Toronto.

WALLACE, AL. R. 1876. The geographical distribution of animals, with a study of the relations of

living and extinct faunas as elucidating the past changes of the Earth's surface.

WILSON, D. E. ., AND R. A. MITTERMEIER. 2018. Handbook of the mammals of the world. Vol. 8: Insectivores, sloths and colugos. Linx Edicions.

WILSON, D. E., J. LACHER, T. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2016. Handbook of the mammals of the world. Vol. 6: Lagomorphs and Rodents. Linx Edicions.

WILSON, D. E., J. LACHER, T. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2017. Handbook of the mammals of the world: Vol. 7: Rodents II. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2009. Handbook of the mammals of the world. Vol. 1: Carnivores. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2011. Handbook of the mammals of the world. Vol. 2: Hoofed mammals. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2014. Handbook of the mammals of the world. Vol. 4: Sea mammals. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2015. Handbook of the mammals of the world. Vol. 5: Monotremes and marsupials. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2019. Handbook of the mammals of the world. Vol. 9: Bats. Linx Edicions.

CAPÍTULO I

Padrões de distribuição e áreas de endemismo de mamíferos neotropicais

VALÉRIA RIBEIRO MACHADO, MARIA JOÃO RAMOS PEREIRA, FLÁVIA PEREIRA TIRELLI, DAVID BENNET & AUGUSTO FERRARI

Resumo

O padrão de distribuição de um táxon é consequência de processos históricos e contemporâneos, ecológico-evolutivos, havendo tendencialmente congruência distribucional entre espécies que respondem de forma semelhante aos mesmos processos. Esta congruência é responsável pela fixação de áreas de endemismo, as quais são de suma importância para a delimitação de regiões biogeográficas. Para a região neotropical existem diferentes definições de área de endemismo associadas a padrões de distribuição de espécies de mamíferos, cada qual de acordo com distintos métodos e pressupostos. Este estudo teve como objetivo identificar áreas de endemismo de mamíferos neotropicais, representados por 361 espécies dos táxons Placentalia (Xenarthra, Chiroptera e Carnivora) e Marsupialia (Didelphimorphia e Paucituberculata), a partir da análise de endemicidade (NDM) e propor uma regionalização com base em uma análise hierárquica de cluster com o emprego de métrica de dissimilaridade Simpson's beta (βsim). Nossos resultados mostram que a Região Neotropical é composta por 24 grupos de áreas de endemismo, suportado por 172 espécies endêmicas. Embora o presente estudo não tenha o objetivo de propor um novo esquema de regionalização, os padrões convergentes recuperados pelas duas abordagens analíticas sugerem atenção aos limites da região Neotropical.

Palavras-chave: mamíferos, endemismo, região Neotropical, padrão de distribuição, análise de endemicidade.

Introdução

Mammalia representa um grupo de vertebrados com grande diversidade de tamanho corporal, comportamento, histórias de vida e dieta (Vaughan et al. 2000). Sua complexa trajetória evolutiva permitiu o desenvolvimento de caracteres que possibilitam aos mamíferos a ocupação de diferentes nichos (Vaughan et al. 2000) e diversificada distribuição (Ceballos et al. 2005). A região neotropical, que se estende desde o México até ao sul da América do Sul (Morrone 2014), abriga 25% das espécies de mamíferos do globo (Cole et al. 1994), contemplando a maior diversidade de mamíferos do Novo Mundo (Ojeda 2013).

Um razoável conhecimento de suas relações filogenéticas e disponibilidade de dados de distribuição de espécies fazem dos mamíferos um excelente modelo para a compreensão dos padrões biogeográficos e delimitação de regionalizações (Wallace 1876; Hershkovitz 1958; Escalante et al. 2007). Desde Wallace (1876), cuja análise resultou na definição dos limites da região Neotropical, os padrões biogeográficos de mamíferos são explorados em diferentes perspectivas e escalas biogeográficas abrangendo análises de biogeografia histórica (Sandoval e Barquez 2013; Escalante e Morrone 2020), macroecologia (Diniz-Filho e Balestra 1998; Tognelli e Kelt 2004; Ramos Pereira e Palmeirim 2013; Maestri 2020) e endemismo (Silva e Pontes 2008; Noguera-Urbano e Escalante 2015b, 2018).

As áreas de endemismo são consideradas unidades básicas das análises biogeográficas (Ferrari 2017; Noguera-Urbano e Escalante 2018), definidas a partir de padrões de distribuição congruentes de duas ou mais espécies (Platnick 1991; Morrone 1994). A definição de áreas de endemismo e padrões de distribuição são de suma importância para a compreensão da história evolutiva do táxon e padrões biogeográficos (Morrone 2001a), além disso, auxiliam na compreensão de áreas ancestrais e mudanças de distribuição ao longo do tempo (Ferrari 2017). As

áreas de endemismo ainda podem servir de base para a definição de unidades de regionalizações (Morrone 1994).

Para a região neotropical a identificação padrões de distribuição e áreas de endemismo de mamíferos já foi realizada através de diferentes abordagens, subgrupo de mamíferos e com distintas escalas. Desde estudos empregando Análise de Parcimônia de Endemismo (PAE) (Costa e Leite 2000; Escalante 2017), Análise de Endemicidade (AE) (Escalante et al. 2010a; Noguera-Urbano e Escalante 2015b; Prado et al. 2015; Noguera-Urbano e Escalante 2018) e ainda estudos baseados em métricas de distância e índices ecológicos através do emprego de Ecoregiões como unidades (Procheş e Ramdhani 2012; González-Maya et al. 2017). Noguera-Urbano e Escalante (2015) identificaram 101 áreas de endemismo de mamíferos neotropicais, através de análises que visavam a identificação de padrões restritos em uma escala correspondente a províncias biogeográficas. Os autores sobrepuseram as AE e recuperaram duas zonas de transição na América Central e Andes, correspondentes às Zonas de transição Mexicana e Sul-Americana (Noguera-Urbano e Escalante 2015b). Posteriormente, Noguera-Urbano e Escalante (2018) localizaram 109 áreas de endemismo, a partir de dados de distribuição de 1605 espécies de mamíferos neotropicais disponibilizados pela União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN). Segundo os autores, a região neotropical é composta por 9 áreas de endemismo suportadas por 82 táxons endêmicos, com limites variáveis e grande sobreposição entre si (Noguera-Urbano e Escalante 2018).

A Análise de Endemicidade (AE) considera a variável espacial para a identificação de áreas de endemismo, com base em um critério de otimização NDM-VNDM (Szumik et al. 2002; Goloboff 2005), identificando áreas de congruência entre duas ou mais espécies. A AE fornece uma pontuação de endemicidade para cada táxon em uma área em potencial, onde o índice de endemicidade de uma área é calculado através da soma das espécies endêmicas incluídas nessa área (Szumik et al. 2002; Casagranda et al. 2009b). O uso deste critério permite um melhor

entendimento da contribuição de cada táxon para o estabelecimento de área de cada endemismo de acordo com a sua área de distribuição e o ajuste à referida área (Ferrari et al. 2022).

A região Neotropical corresponde a uma extensa área que compreende a América do Sul, América Central até ao México central (Morrone 2014). Sua complexa trajetória geomorfológica combinada com suas características físico-topográficas conferem à região neotropical uma grande diversidade de ecossistemas, abrangendo desde ambientes florestais até ambientes desérticos, além de uma vasta biodiversidade, sendo observado para alguns grupos uma grande riqueza de espécies quando comparados com outras regiões biogeográficas (Antonelli et al. 2018). Esta grande diversidade ocasionada pela heterogeneidade de ambientes fazem da região neotropical abrigo de sete dos 34 hotspots mundiais de biodiversidade (Craw et al. 1999; Myers et al. 2000; Morrone 2001a; Noroozi et al. 2018), havendo um alta taxa de endemismo (Escalante et al. 2010a).

O Neotrópico já foi dividido de acordo com diferentes esquemas de regionalizações, cada qual seguindo distintos pressupostos analíticos, táxons-alvo dentro de Mammalia e com distintas fontes de dados de distribuição (e.g. IUCN, 2014, Mittermeier et al. 2013; registros brutos ou ainda compilações de mais de uma fonte). Na região neotropical as propostas de regionalização de mamífero tem se alterado ao longo do tempo, modificando o número e limites das áreas dentro do Neotrópico, como também os limites junto as áreas transição ao norte (Neártica) e ao Sul (Andina) (e.g. Wallace 1876; Hershkovitz 1969; Smith 1983; Cox 2001; Kreft e Jetz 2010; Procheş e Ramdhani 2012; Holt et al. 2013; Escalante 2017). Recentemente, Morrone et al. (2022) identificou 57 províncias biogeográficas para a região Neotropical, baseado em dados de espécies endêmicas. O estudo foi conduzido de modo a unificar os esquemas biogeográficos e ecorregionais já existentes, analizando os limites das ecorregiões combinando variáveis climáticas, geológicas e áreas de endemismo.

As regionalizações biogeográficas representam abstrações que servem de base para a organização geográfica de vida na Terra em resposta a problemas físicos e forças biológicas, e estes esquemas de áreas geralmente têm sido considerados como uma questão de biogeografia histórica ou evolutiva, ainda que as regionalizações também cumpram propósitos pragmáticos em muitos outras disciplinas (Kreft e Jetz 2010). Diferentes escolas e abordagens na biogeografia, aliado a táxon alvo, escala e qualidade dos dados, deixaram muitas regiões biogeográficas ambiguamente definidas, como por exemplo os limites da Região Neotropical com Zonas de Transição Americanas (Cox 2001; Kreft e Jetz 2010; Morrone et al. 2022). As biorregiões (fitogeográficas e zoogeográficas) quando definidas com base em distribuições de grupos taxonômicos específicos, apresentam características acessíveis quanto às suas interpretação e comparação com outras áreas ou esquemas de áreas, ainda que para muitos autores o conceito chave para a regionalização é o *turnover* espécies, ou seja, a taxa de mudança na composição de espécies entre locais (González-Orozco et al. 2014). Ainda que métodos de identificação de áreas de endemismo, como o NDM, apresentem vantagens por se tratarem de métodos não-hierárquicos de identificação de áreas, possibilitando a identificação de áreas sobrepostas, por outro lado, se o foco está em investigar as relações entre as regiões e de grupos discretos que podem ser nomeados e classificados, um algoritmo de agrupamento hierárquico é mais apropriado (Kreft e Jetz 2010).

O uso integrado de informações diversas de biodiversidade tem sido observado em análises de distribuição de espécies de mamíferos. Entretanto, discrepâncias entre dados amostrados e dados reais podem levar a interpretações errôneas de processos ecológicos e evolutivos (Hortal et al. 2015). Apesar da enorme disponibilidade de informações sobre a biodiversidade, a aplicação de bancos de dados globais em estudos de distribuição de espécies também apresenta limitações (Maldonado et al. 2015), tais como falhas na identificação taxonômica dos espécimes, lacunas de informação em determinadas regiões por ausência de dados e erros de georreferenciamento de

pontos de ocorrência (Maldonado et al. 2015; Meyer et al. 2015). Marsh et al. (2022) gerou mapas de distribuição (*range maps*) globais para mamíferos a partir da interpretação digital e georreferenciada de dados de distribuição publicados em três fontes: *Mammal Diversity Database* (MDD v1.2, Burgin et al. 2018), *Handbook of the Mammals of the World* (Wilson e Mittermeier 2009, 2011, 2014, 2015, 2018, 2019; Mittermeier et al. 2013; Wilson et al. 2016, 2017) e *Illustrated Checklist of the Mammals of the World* (Burgin et al. 2020). Embora sejam uma base útil para interpretação e caracterização em larga escala da distribuição de espécies, os mapas de distribuição apresentam limitações espaciais e temporais. As análises de distribuição de espécies devem, portanto, considerar mecanismos a fim de contornar tais problemas, como o uso de dados brutos atualizados, compilados a partir de publicações recentes.

Neste sentido, o presente estudo teve por objetivo estimar as áreas de endemismo de Mamíferos Netropicais representados pelos táxons Placentalia (Xenarthra, Chiroptera e Carnivora) e Marsupialia (Didelphimorphia e Paucituberculata), a partir de 157.351 registros brutos de ocorrência de 361 espécies, usando análise de endemicidade (NDM) e propor uma regionalização com base em uma análise hierárquica de cluster com o emprego de métrica de dissimilaridade Simpson's beta (βsim). Os resultados das análises de AE (NDM-VNDM) e cluster (WPGMA-βsim) foram comparados entre si e com outros sistemas de classificação existentes na literatura. Buscamos explorar os padrões restritos de distribuição para o Neotrópico através da identificação de Áreas de Endemismo, bem como definir os limites entre regiões, em especial a Zonas de Transições Mexicana e Sul Americana identificado na análise de cluster.

Material e Métodos

Dados de distribuição das espécies

As análises foram realizadas com base em um banco de dados de 157.351 registros brutos de ocorrência para 361 espécies de mamíferos com distribuição predominante na região neotropical, representados pelos seguintes táxons: Placentalia: Xenarthra (29 espécies; 31.961 pontos), Chiroptera (183 espécies; 40.590 pontos), Carnivora (62 espécies; 72.629 pontos); e de Marsupialia: Didelphimorphia (81 espécies; 11.997 pontos) e Paucituberculata (6 espécies; 174 pontos). A lista completa de espécies e seus respectivos pontos de ocorrência é apresentado no material suplementar (Dados suplementares SD_1).

Os dados de ocorrência dos táxons Carnivora, Chiroptera e Xenarthra foram obtidos a partir dos seguintes datapapers Nagy-Reis et al, (2020), Aguiar et al. (2020) e Santos et al. (2019) respectivamente. Os dados de Marsupialia foram obtidos em Bennet (2019). Os dados foram compilados em uma tabela de acordo com o ponto georreferenciado de ocorrência e sua respectiva fonte. Registros duplicados, com informações de distribuição imprecisas e com erro de georreferenciamento foram desconsiderados no levantamento dos dados. Além disso, registros *Incertae sedis* e a categoria subespécie não foram considerados.

Análise de endemicidade (NDM/VNDM)

As áreas de endemismo foram identificadas utilizado o critério de otimização implementado nas análises de endemicidade (Szumik et al. 2002), através do programa NDM/VNDM 3.1 (Goloboff 2005) (Dados Suplementares SD_2). Este método divide a área de estudo em quadrículas, onde são plotados os pontos georreferenciados das espécies do estudo, que serve de base para a construção de uma matriz de presença/ausência das espécies nas quadrículas.

O algoritmo se baseia em uma busca heurística, onde conjuntos de quadrículas são selecionados para a quantificação do índice de endemicidade (I.E) de cada espécie. O índice de endemicidade de uma espécie é definido de acordo com o ajuste de sua distribuição a um conjunto de células pré-definidas, deste modo, quanto melhor for o ajuste, maior o índice de endemicidade. O valor máximo é atribuído a uma espécie que ocorre em cada uma das células de uma determinada área e exclusivamente neste conjunto de células. O grau de endemicidade da área em questão é obtido através das somas dos índices de endemicidade dos táxons endêmicos presentes.

As áreas de endemismo foram definidas pelo conjunto de quadrículas com alto grau de endemicidade com duas ou mais espécies endêmicas. A fim de analisar efeito da variável espacial na identificação das áreas de endemismo (Casagranda et al. 2009b), os dados foram analisados considerando-se cinco tamanhos de quadrículas: 3º, 3,5º, 4º, 4,5º e 5º lat/long. Para cada uma das escalas foram efetuadas buscas através de 50 réplicas. Diferentemente de Hoffmeister e Ferrari (2016) optamos por testar apenas os efeitos da variável espacial, testando grades de diferentes tamanhos; deste modo, os parâmetros de busca mantiveram-se constantes para as cinco análises. A busca foi realizada definindo a seleção de áreas com pelo menos duas espécies endêmicas (IE >2), com permutação de duas células por vez e sobreposição de 50%. A opção *edge portions* foi utilizada, a fim de contabilizar as bordas adjacentes da área encontrada. Foi aplicada a regra de consenso flexível, a qual agrupa áreas que apresentam mais de 50% de similaridade na composição das espécies. Esta opção ajuda a minimizar áreas com padrões repetidos. As análises foram nomeadas por ordem alfabética (i.e. A, B, C, D e E). As áreas consenso foram enumeradas, deste modo, cada área consenso de uma análise recebe um número específico (ex. A1 refere-se à análise A, área consenso 1). Tamanhos de quadrículas inferiores a 3º foram desconsideradas, uma vez que o número de áreas de endemismo encontrado se mostrou muito restrito quando comparado com as áreas encontradas no grid de 3º. Empregamos análises comparativas as utilizadas por Noguera-

Urbano e Escalante (2015) e Noguera-Urbano e Escalante (2018), atráves da utilização dos mesmos parâmetros descritos nestes estudos. Em ambos os conjuntos de parâmetros (i.e. Noguera-Urbano e Escalante, 2015; Noguera-Urbano e Escalante, 2018) as análise não foram concluídas ou apresentaram a mensagem de erro no NDM (*'Not enough memory to run'*). Os testes foram realizados com a versão do NDM-VNDM(3.0) e com a versão mais recente do software (3.1, disponíveis em http://www.lillo.org.ar/phylogeny/endemism/). Assim nossas comparações com estes estudos se restringem ao tamanho das quadrículas, mas com diferentes parâmetros de busca heurística e consenso.

De modo a facilitar a comparação das áreas identificadas nas distintas análises, foi utilizada a métrica de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmatic mean) baseada em um índice de betadissimilaridade de Simpson (βsim) (Ferrari et al. 2022). O UPGMA foi empregue como critério de metaconsenso e a fim de agrupar áreas recuperadas por diferentes conjuntos de parâmetros (i.e. análises) e como um critério de sensitividade para os parâmetros testados (Hoffmeister e Ferrari 2016; Ferrari et al. 2022). A UPGMA foi realizada no software R (R Development Core Team, 2021), sendo utilizado os pacotes *cluster* (Maechler et al., 2011) *raster* (Hijimans et al., 2013) e *vegan* (Oksanen et al., 2011), conforme descrito em Ferrari et al. (2022). A UPGMA também serviu de base para definir as unidades de trabalho, onde áreas similares, proximamente relacionadas no dendrograma, foram agrupadas e receberam um código. Os agrupamentos de áreas da UPGMA receberam o prefixo AEG (Grupos de Áreas de Endemismo) e foram numerados sequencialmente (Figura 1).

Análise de Cluster WPGMA-βsim (*Biodiverse)*

Foi realizada uma análise de agrupamento de células com base em uma matriz de dissimilaridade de βsim, onde as células foram agrupadas em uma análise de WPGMA. Os valores

da matriz gerada variam de 0 a 1, onde 0 indica que não há troca de espécies entre os locais (todas as espécies em comum) e 1 indica rotatividade completa (nenhuma espécie em comum). É interessante salientar que a análise de cluster de WPGMA-βsim se distingue da análise de UPGMA das áreas de endemismo resultantes do NDM. As áreas do NDM, que preconizam distribuições congruente restritas de duas ou mais espécies (i.e. áreas de endemismo), sendo estas submetidas a uma análise de UPGMA a fim de agrupar áreas similares entre as análises com distintos tamanhos de quadrículas. Enquanto que a análise de WPGMA-βsim emprega as células como unidades analíticas, e o resultado final são cluster de quadriculas agrupadas com base em uma matriz de dissimilaridade entre as células. Ainda que ambas as análises empreguem a mesma métrica (βsim), o NDM se propõe a identificar áreas de endemismo e padrões restritos de distribuição, enquanto a análise de cluster visa a regionalização da área de estudo.

A análise espacial foi realizada usando Biodiverse v.3.9 (Laffan et al. 2010), executando uma análise de agrupamento com a métrica S2 (Simpsons-Beta), que corrige diferenças na riqueza de espécies entre as células do grid (Kreft e Jetz 2010; Linder et al. 2012). Nosso fluxo de trabalho se baseou em metodologias de trabalho recentes (e.g. González-Orozco et al. 2013, 2014; Bein et al. 2020) e os critérios para identificar as regiões biogeográficas dos clusters obtidos foram baseados em Bein et al (2020), onde: 1. as regiões ou sub-regiões biogeográficas devem consistir em células de grid contíguas ou próximas (com 5 ou mais células de grid); 2. cada cluster designado deve ser claramente discernível dos nós descendentes e parentais no dendrograma. O índice de "Endemismo Ponderado Máximo" (WE; índice ENDW_WE no Biodiverse) foi usado como único critério de desempate, nos casos em que mais de um par de células de grid agrupadas na matriz apresentaram a mesma pontuação de rotatividade. Para os casos em que mais de um par de subclusters pôde ser mesclado, o par escolhido foi aquele com a pontuação máxima de WE.

Resultados

Análise de Endemicidade - AE (NDM – VNDM)

As análises resultaram em 116 áreas consenso a partir de 266 áreas individuais (Tabela 1, Figuras 1 a 3; Dados suplementares SD_3). Das 361 espécies incluídas na análise, 172 contribuíram para a definição de alguma área, enquanto que 189 não suportaram nenhuma área (Tabela 3). Destas últimas, observa-se que espécies com poucos registros apresentam distribuição restrita, como por exemplo *Leopardus guigna*, felídeo nativo da região andina. Apesar de possuírem distribuição restrita, algumas espécies não contribuem para a definição de áreas devido a fatores como escala da análise (tamanho das células) bem como a ausência de outras espécies que co-ocorrem nas mesmas áreas. Para a maioria das espécies que não contribuem para a definição de áreas de endemismo, foram observadas espécies com distribuições amplas, dispersas e descontínuas. No primeiro caso, inclui-se por exemplo *Cerdocyon thous* que apresenta uma ampla área de distribuição, contemplando praticamente todo o território sul-americano, ocorrendo na maior parte do Brasil com exceção de parte da Amazônia, no norte da Colômbia, na Venezuela, no Paraguai, no norte da Argentina e em quase todo o Uruguai, e na Bolívia nas encostas a leste dos Andes, com poucos registros no Suriname, tendo sido registrada recentemente no Panamá. No segundo caso, temos como exemplo *Conepatus semistriatus* cuja área de distribuição é descontínua e contempla áreas que vão desde a Caatinga, incluindo parte do Cerrado, norte da Colômbia, Venezuela, Peru e parte das Províncias de Veracruz e Yucatan, no México, não ocorrendo na América Central. Além disso, para algumas áreas resultantes de diferentes tamanhos de grade, foi observada a mesma composição de espécies (Tabela 2; Figuras 1 a 3).

Os índices de endemicidade das áreas consenso variaram entre 2.00 e 9.52, com valor médio geral de 3.90 (Tabela 1). A área de endemismo E4 foi a mais rica em espécies endêmicas (N=17),

enquanto 20 áreas apresentaram apenas três espécies endêmicas, a saber: A03, A06, A07, A10, A11, A12, A15, A16, A17, B2, B10, B11, B15, B17, B18, B19, C4, E11, E22 e E24 (Dados suplementares SD_3).

Foi observado um aumento do número de áreas e cobertura geográfica mais ampla à medida que se aumentou o tamanho das unidades de análise (Tabela 1; Figuras 1 a 3). Tamanhos de grade menores resultaram em padrões de endemismo mais restritos, a exemplo das áreas A02, A05, A11, B18 e B10 (veja Dados suplementares SD_3).

Caracterização de táxons endêmicos

Os táxons Carnivora e Chiroptera se destacaram por apresentar a maior densidade de registros, contemplando 46% (N= 72.642) e 26% dos registros (N= 40.745), respectivamente. Xenarthra representou 20% (N = 32.439) dos registros e 8% (N = 29) da riqueza de espécies. O táxon com menor densidade de registros foi Marsupialia, representando 8% (N = 12.296) do total de registros; entretanto, quando observada a riqueza de espécies, este grupo representou 24% (N = 88) do total de espécies analisadas no estudo, riqueza superior à Carnivora que, apesar de ser o táxon com maior densidade de registros, representou apenas 17% (N = 62) do total de espécies. O grupo com a maior riqueza foi Chiroptera, com 51% (N = 184) das espécies.

De acordo com a análise de endemicidade, Carnivora e Chiroptera possuem o menor número de espécies contribuindo para a definição de áreas endêmicas (Tabela 3). Conforme mencionado anteriormente, 189 espécies não suportaram áreas de endemismo, e destas, cerca de 10% possuem menos de 10 registros de ocorrência.

Congruência espacial de Áreas de Endemismo – Critério de Metaconsenso

Através da análise de agrupamento UPGMA-βsim das 116 áreas consenso foi possível estabelecer 24 Grupos de Áreas de Endemismo (i.e. AEG) definidos a partir de um índice de dissimilaridade, que agrupou as áreas de endemismo com base na composição de espécies (Figuras 1 a 3). Deste modo, áreas consenso agrupadas de acordo com os critérios estabelecidos pela análise UPGMA-βsim (ver Material e Métodos) foram considerados como uma única área. Oito áreas consenso não foram agrupadas com outras áreas, sendo consideradas individualmente (Material Suplementar SD3 e SD5). As pontuações de *bootstrap* dos grupos de áreas apresentaram-se, no geral, bem suportados, com 17 dos 24 grupos com pontuação acima de 50 (AEG-1, AEG-2, AEG-3, AEG-3, AEG-4, AEG-5, AEG-6, AEG-7, AEG-8, AEG-9, AEG-10, AEG-13, AEG-16, AEG-17, AEG-18, AEG-19, AEG-20 e AEG-21) (Figuras 1 a 3). AEG-1 e AEG-3 apresentaram pontuação máxima de *boostrap* (Figura 1), além disso, são grupos formados por áreas de composição idêntica de espécies (Tabela 2). Sete grupos foram fracamente suportados pelo valor de *bootstrap* com pontuação menor do que 50 (AEG-11, AEG-12, AEG-14, AEG-15, AEG-22, AEG-23 e AEG-24) (Figuras 2 e 3). Embora pouco suportados pelo valor de *bootstrap*, estes grupos apresentam similaridade quanto à composição das espécies (Tabela 2). Entre os 24 grupos de áreas definidas pela análise de metaconsenso, quatro foram agrupadas por áreas que possuem composição de espécies idênticas (AEG- 1, AEG- 3, AEG- 4 e AEG- 20), 10 grupos de áreas apresentam um padrão hierárquico, onde se identificou áreas restritas dentro de áreas mais amplas (AEG- 7, AEG- 8, AEG- 9, AEG- 10, AEG- 12, AEG- 13, AEG- 19, AEG- 21 e AEG- 23) (Figuras 1 a 3) e, por fim, 10 grupos variaram quanto ao número de espécies compartilhadas (AEG- 2, AEG- 5, AEG- 6, AEG- 11, AEG- 14, AEG- 15, AEG-16, AEG- 17, AEG- 18 e AEG- 22) (Figuras 1 a 3, Tabela 2).

De modo geral as áreas agrupadas apresentam limites congruentes, a exemplo do que ocorre em AEG-4 (Figura 1) onde as áreas agrupadas apresentam limites correspondentes à Caatinga e os grupos AEG-16 (Figura 2) e AEG-17 (Figura 3) ambos com área correspondente à Amazônia. AEG-7 compreende áreas com limites congruentes, localizados em área correspondente às Províncias Pampeana, Floresta de Araucária, Mata Atlântica e Floresta do Alto Rio Paraná (Figura 1). O mesmo é observado em AEG-19 cujos limites se sobrepões à região correspondente à Mata Atlântica (Figura 3).

A área correspondente à Zona de Transição Mexicana é recuperada pelos grupos AEG-1, AEG-10, AEG-11 e AEG-12 (Figuras 1 e 2). AEG-11 possui limites congruentes à área correspondente à Região Neártica (Figura 2).

Análise de Cluster (WPGMA-βsim)

A partir da análise de cluster (WPGMA-βsim) selecionamos três grandes cluster de áreas estruturados espacialmente, que foram subdivididos em 27 subgrupos de áreas menores (Figura 4). O grupo CL1 corresponde a áreas congruentes à Zona de Transição Mexicana e Domínio Mesoamérico. CL 2 engloba grande parte da Região Neotropical, incluindo a América do Sul e parte da América Central, contemplando 20 subgrupos. CL3 é congruente a área corresponde à Zona de Transição Sul Americana, Região Andina e limite sul do Domínio Chacoan.

Os limites do subgrupo CL 2.1.1.3 localizam-se próximo ao Istmo do Panamá, fazendo limite com o subgrupo CL 2.1.1.2 cujos limites correspondem à Província de Mosquito. Estes subgrupos, juntamente com CL 2.1.1.1 correspondem aos limites entre os grupos CL1 e CL2. A área correspondente Amazônia foi recuperada pelo subgrupo CL 2.2.1.1, apresentando fragmentos de células de CL 2.2.1.2.2. O subgrupo CL 2.2.2 possui limites congruentes com o domínio da

Caatinga, enquanto CL 2.2.1.2.2 possui área correspondente ao limite do Cerrado. A Savana Uruguaia é congruente aos limites recuperados pelo subgrupo CL 2.2.3.2

No grupo CL3 é possível observar três subgrupos de áreas distintas. A área correspondente à Zona de Transição Sul Americana pode ser observada em CL 3.1 e CL 3.2, sendo que esta última ainda comtempla área correspondente à Região Andina. O subgrupo CL 3.3, por outro lado, é congruente com a Província Pampeana.

Discussão

Areas de Endemismo de Mamíferos Neotropicais e táxons endêmicos

Diferentes estudos biogeográficos propuseram divisões das áreas com base em diferentes níveis taxonômicos (Wallace 1876; Sclater 1895; Procheş e Ramdhani 2012; Noguera-Urbano e Escalante 2015a), e de acordo com Nogueira-Urbano e Escalante (2018) os dados de Mamíferos suportam a região Neotropical em três níveis taxonômicos (família, gênero e espécie).

Noguera-Urbano e Escalante (2018) relataram um total de 47 espécies endêmicas para a Região Neotropical e Zonas de Transição, número inferior às 172 espécies por nós identificadas, onde apenas 12 são compartilhadas em ambos os estudos (*Carollia perspicillata, Diaemus youngi, Lonchorhina aurita, Macrophyllum macrophyllum, Noctilio albiventris, Peropteryx macrotis, Phyllostomus elongatus, Phyllostomus discolor, Phyllostomus hastatus, Saccopteryx leptura, Trachops cirrhosus* e *Uroderma bilobatum*). Em contraste Noguera-Urbano e Escalante (2015a) relatam 458 espécies de mamíferos endêmicos para a Região Neotropical, destas, apenas *Bassariscus sumichrasti* e *Calyptophractus retusus* são igualmente identificadas em nossas análises. Interessante notar que, apesar de dispormos de uma base de dados menor, que não contempla a totalidade de espécies ocorrentes no Neotrópico, ainda assim encontramos em nossas

339 análises um número maior de espécies endêmicas do que observado por Noguera-Urbano e
340 Escalante (2018). Acreditamos que as diferenças entre nossos resultados e os de Nogueira-Urbano
341 e Escalante (2015, 2018) se devem a uma base de dados baseada em registros, ao invés de mapas
342 de distribuição (*range maps*) para representar as áreas de ocorrências das espécies.

343 As áreas de endemismo encontradas nas análises são parcialmente congruentes com
344 esquemas biogeográficos definidos para a região Neotropical (Morrone 2014; Morrone et al. 2022).
345 Assim como Escalante (2017), recuperamos a região Neotropical em seu sentido amplo,
346 abrangendo áreas que vão do México à Argentina (Figuras 1 a 3). Nogueira-Urbano e Escalante
347 (2018) propuseram que a região Neotropical é uma grande área de endemismo de mamíferos, com
348 grande sobreposição de áreas. Nossos resultados corroboram esta ideia embora as áreas de
349 endemismo aqui encontradas sejam, em sua maioria, mais restritas espacialmente do que as
350 identificadas anteriormente.

351 O Neotrópico *sensu stricto* foi recuperado em AEG-2. Esta área é definida por pelo menos
352 23 espécies únicas, das quais seis (*Macrophyllum macrophyllum, Noctilio albiventris,*
353 *Phyllostomus elongatus, Phyllostomus hastatus, Saccopteryx leptura* e *Uroderma bilobatum*;
354 Figura 1, Tabela 2) são igualmente recuperadas em área parcialmente congruente proposta por
355 Noguera-Urbano e Escalante (2018). O domínio Mesoamericano e Zona de transição Sul
356 Americana são reconhecidos pela alta diversidade e por serem zonas de forte intercâmbio
357 filogenético e de espécies restritas. Noguera-Urbano e Escalante (2015b) recuperaram uma área de
358 endemismo sobreposta a estas regiões, a qual é geograficamente congruente com os grupos AEG-
359 11 e AEG-12 (Figura 2), embora a composição de espécies seja diferente.

360 A Mata Atlântica é reconhecida por ser abrigo de uma elevada diversidade de mamíferos,
361 a qual é fortemente influenciada pela variação latitudinal (Prado et al. 2015; Dalapicolla et al.
362 2021). No presente estudo recuperamos a Mata Atlântica em AEG-9. Esta área é congruente com

a AE encontrada por Noguera-Urbano e Escalante (2015), sendo encontradas duas espécies endêmicas comuns entre os trabalhos (*Marmosa paraguayana* e *Monodelphis iheringi*).

Nogueira-Urbano e Escalante (2018) encontraram um limite da ZTM em formato de "Y" que difere dos resultados aqui encontrados. Noguera-Urbano e Escalante (2018) utilizam grades nas etapas iniciais da análise de endemicidade, porém as AE são definidas posteriormente com base nos pontos de ocorrência das espécies que compõem cada AE. No presente estudo utilizamos como unidade a grade da análise de endemicidade (NDM), desta forma, obtivemos limites em formato de quadrículas. Métodos baseados em grade pressupõem que um intervalo de espécies inclui todas as unidades analíticas (grade) onde existem pontos de ocorrência (DaSilva et al. 2015). A Análise de Endemicidade é especialmente sensível a essa suposição analítica, pois o IE considera não apenas as células de uma determinada área onde a espécie ocorre, mas também as ocorrências fora da área (Szumik et al. 2002; Szumik e Goloboff 2004; Hoffmeister e Ferrari 2016). Neste sentido, embora o descarte da grade após a análise possa permitir uma melhor definição espacial das áreas e seus limites, infringe algumas das premissas do método de endemicidade (Hoffmeister e Ferrari 2016).

Embora as regionalizações propostas por Morrone (2014, 2015) e Morrone e colaboradores (Morrone et al. 2022) e Ecorregiões (Olson et al. 2001) não sejam explicitamente desenvolvidos para definição de áreas de endemismo, estas áreas são frequentemente usadas como unidades analíticas em estudos evolutivos e de AE de mamíferos (Procheş e Ramdhani 2012; Maestri et al. 2016; Burgin et al. 2018; Peçanha et al. 2019; Bogoni et al. 2020; Luza et al. 2021). No presente estudo, fazemos uso destas unidades para fins comparativos.

Regionalização e limites do Neotrópico (Análise de Cluster-Bsim)

Desde Sclater (1895) e Wallace (1876) as regionalizações biogeográficas têm sido alvo de revisão (e.g. Cox 2001; Kreft e Jetz 2010; Procheş e Ramdhani 2012; Escalante et al. 2013; Holt et al. 2013; Morrone 2014; Morrone et al. 2022). A Região Neotropical reconhecida por Sclater (1895) e Wallace (1876) compreende uma área que se entende do centro do México até à Patagônia. Alguns estudos propõem uma regionalização do Neotrópico que se estende do México ao centro da Argentina (Smith 1983; Morrone 2001b; Kreft e Jetz 2010; Holt et al. 2013) e exclui a região Andina (Escalante et al. 2007; Kreft e Jetz 2010; Procheş e Ramdhani 2012; Morrone 2014).

Recentemente, Escalante e Morrone (2020) reconheceram a região Neotropical *sensu stricto* abrangendo as áreas da planície de Veracruz e costa mexicana do Pacífico até ao limite sul da Amazônia brasileira. Aqui recuperamos uma região Neotropical geograficamente mais restrita, se estendendo desde a Província de Mosquito até à Província Pampena. Observamos um limite mais ao sul entre as regiões Neártica e Neotropical, situado na Província de Veracruz (Figura 4), o qual é congruente com o limite encontrado por Kreft e Jetz (2010).

Nossos resultados suportam a posição intermediária entre a região Neotropical e Andina, reconhecida como Zona de Transição Sul Americana. Esta é uma área de sobreposição biótica fortemente influenciada pela resistência ambiental dos Andes que atua como barreira contra a expansão das áreas de distribuição de mamíferos na metade sul da América do Sul. (Noguera-Urbano e Escalante 2018). Usualmente, os métodos de agrupamento não são capazes de diferenciar zonas centrais e zonas de transição, uma vez que as zonas de transição são normalmente ligadas com áreas centrais com as quais apresentam maior afinidade (Kreft e Jetz 2010). Apesar disso, recuperamos a Zona de Transição Sul Americana em CL3 (Figura 4) como agrupamento

separadamente do restante da Região Neotropical e intimamente relacionado com a Região Andina. Esse resultado é parcialmente congruente com o encontrado por Smith (1983).

Para a região Andina (Figura 4), encontramos um limite semelhante ao encontrado por Procheş e Ramdhani (2012). Em contrapartida, Escalante e Morrone (2020) recuperaram a Região Andina mais ao sul e com menor abrangência geográfica do que a observada por nós.

Embora o presente estudo não tenha o objetivo de propor um novo esquema de regionalização, os padrões convergentes recuperados pelas duas abordagens analíticas sugerem atenção aos limites da região Neotropical. As análises de padrões de distribuição envolvendo outros grupos em Mammalia provavelmente contribuirão para o esclarecimento deste limite. Compreender se distintos táxons de Mamíferos suportam limites congruentes entre distintas regiões bióticas, ou se as barreiras afetam estes grupos de maneiras distintas continuam sendo questões em aberto, mesmo em um grupo foco de inúmeros estudos biogeográficos.

Avanços na identificação de AE e Regionalização de Mamíferos Neotropicais

Até onde conhecemos, aqui apresentamos, pela primeira vez, áreas de endemismo e padrões de distribuição de mamíferos neotropicais com base em dados brutos de ocorrência através da utilização de duas abordagens (NDM/VNDM e WPGMA-βsim), onde uma foca no aspecto restrito das distribuições e a outra na composição das comunidades e no *turnover* de espécies. Este é um passo importante na compreensão da história biogeográfica do táxon; além disso, áreas biogeográficas recuperadas para um mesmo conjunto de dados através de diferentes métodos viabilizam a sugestão de arranjos alternativos de áreas, que podem servir de critério para a avaliação de homologias biogeográficas (Morrone 2001a; Ferrari et al. 2022).

Várias regiões biogeográficas são claramente separadas por barreiras à dispersão, onde as fronteiras terrestres são assumidas como consequência de múltiplos fatores que limitam trocas bióticas entre regiões, como a presença de climas desfavoráveis, alta rotatividade ou imprevisibilidade das condições ambientais, barreiras orográficas, histórico geológico e isolamento climático (Ficetola et al. 2017). A natureza complexa das fronteiras biogeográficas, e suas características espacialmente heterogêneas, impossibilitam uma definição única generalizada para identificação destes limites entre áreas. As fronteiras podem separar comunidades muito distintas, como também regiões com reduzida dissimilaridade, onde podemos eleger um tipo de hierarquia entre as áreas e as barreiras (Ficetola et al. 2017 – e as referências ali contidas). Os endemismos desempenham um importante papel na estruturação biogeográfica das áreas, onde endemismo de vertebrados em regiões com clima mais estável seriam explicados principalmente pela velocidade das mudanças climáticas, desde o último máximo glacial, como um importante fator para o estabelecimento de áreas distribuição restrita (Kreft e Jetz 2013) Ainda que Ficetola et al. (2017) não tenham identificado relação entre os limites biogeográficos e a velocidade das mudanças climáticas do final do Quaternário, a heterogeneidade da temperatura explica os limites entre Neotrópico e Neártico, enquanto a heterogeneidade da sazonalidade da temperatura explicou melhor os limites de áreas, como o caso da Amazônia. Não existem barreiras nítidas entre o Neotrópico e o Neártico, pois a transição entre esses dois domínios é difusa, sendo o limite norte de distribuição dos táxons neotropicais de mamíferos altamente heterogêneo. De acordo com Ficetola et al. (2017) múltiplos processos agem em conjunto para definir estas profundas dissimilaridades, mesmo quando do emprego de regionalizações alternativas como linhas de base para as análises.

De acordo com Ficetola et al. (2017) a hierarquia biogeográfica entre barreiras pode ser classificada em superficial, intermediária e profunda (i.e. S*hallow*, *Intermediate e Deep*) quanto

aos limites das bioregiões. O limite entre região Neártica e Neotropical é classificado como profundo (*Deep*), em decorrência de uma substituição abrupta das faunas ao longo dos limites entre estas áreas, especialmente no sul da ZTM. Quando compararmos os limites das áreas de endemismo sobre a ZTM (Fig.2, AEG-10 e AEG-12) com as áreas identificadas na análise de cluster (CL1-Neartica e CL2-Neotropical, Fig. 4), verificamos que várias AE em diversas escalas apresentam limites que não se sobrepõem aos limites das áreas do componente Neotropical (Fig. 2, AEG-2). Podemos afirmar que os limites entre a região Neártica+ZTM e a região Neotropical são congruentes entre a análise do NDM/VNDM e WPGMA-βsim (Fig.1-4).

As zonas de transição são áreas geográficas de sobreposição, com gradiente de substituição e conjuntos de táxons que compartilham uma distribuição geográfica semelhante como produto de sua história comum, onde características físicas, condições ambientais e fatores ecológicos permitem a mistura e co-ocorrência de táxons de diferentes origens geográficas (Ferro e Morrone 2014; Morrone 2015). Desde sua formulação original há meio século, a Zona de Transição Mexicana deu um grande impulso na compreensão dos padrões biogeográficos e na definição dos limites entre a região Neártica e a Neotropical, ainda que os estudos tenham apresentado resultados conflitantes quanto aos limites destas áreas, dependendo do táxon analisado e das áreas de endemismo empregues (Morrone 2015). Morrone (2014; 2015) reconhece as Províncias Sierra Madre Ocidental, Sierra Madre Oriental, Cinturão Vulcânico Transmexicano, Sierra Madre do Sul e Terras Altas de Chiapas como fazendo parte da Zona de Transição Mexicana (*sensu stricto*). Nossas análises não recuperam o padrão em "Y" da ZTM, e o limite norte da região Neotropical está situado ao sul da península de Yucatán, sobre a região mediana da Província de Chiapas (Guatemala). Estas diferenças podem ser decorrentes do tamanho das nossas unidades de análise (tamanho das quadrículas), como também uma consequência dos táxons e dos dados por nós analisados. De acordo com Smith et al. (2018) existem limites relativamente nítidos que podem ser

usados para descrever tanto os padrões de acumulação de espécies quanto à similaridade de comunidades, ainda que certos grupos taxonômicos respondam mais fortemente às fronteiras das ecorregiões do que outros, e que estas diferenças ainda não tenham sido satisfatoriamente exploradas. Aparentemente, mamíferos e anfíbios estariam mais fortemente associados aos limites das ecorregiões, do que grupos como répteis, aves, artrópodes e plantas. (Smith et al. 2018).

Essa correspondência entre os limites das áreas de endemismo e os limites das áreas da análise de cluster não é tão evidente entre as regiões dos Andes, Zona de Transição Sul Americana e Neotropical (Fig. 1-4). Não foram recuperadas áreas inteiramente contidas sobre a Zona de Transição Sul Americana nas análises de endemicidade, ainda que várias áreas estendam seus limites até às províncias da zona de transição, como os agrupamentos AEG-20 e AEG-21 (Figura 3), ao norte da Puna e da Província Desértica, e as áreas AEG-14 e AEG-15 sobre a Província de Monte.

Na análise de cluster a Zona de Transição Sul Americana foi recuperada dentro do cluster CL3.1 (Puna e Província Desértica), e em menor medida pelo cluster CL3.2 (Figura 4), que corresponde à região Andina incluindo a Província de Monte e sudoeste do Pampa e Chaco. A correspondência entre os limites das áreas de endemismo Neotropicais (i.e. AEG-2, AEG-04, AEG-05, AEG-06, AEG-06, AEG-07, AEG-08, AEG-09, AEG-13, AEG-16, AEG-17, AEG-18, AEG-19, AEG-20, AEG-21, AEG-22, AEG-23 e AEG-24; Fig-1-3) com áreas da análise de cluster localizadas sobre a região Andina e Zona de Transição Sul Americana não são inteiramente congruentes entre as nossas análises. A principal diferença entre as análises quanto aos limites Neotropical- Zona de Transição Sul Americana é decorrente das áreas AEG-14 e AEG-15, que se estendem sobre as Províncias de Rondônia (sul), Chaco, Pampa (oeste), Monte, e região ao norte dos Andes. Nossos resultados indicam que os limites ao sul da região Neotropical parecem ser mais difusos e graduais, do que os limites ao norte, onde os métodos identificaram padrões que não são

inteiramente congruentes entre limites das áreas e potenciais barreiras, podendo as áreas AEG-14 e AEG-15 conter elementos tanto neotropicais quanto da Zona de Transição Sul Americana, o que se torna particularmente evidente entre os Cingulata. Contudo, a taxonomia deste grupo experimenta atualmente um nível de atividade sem precedentes, tendo o número de espécies aumentado significativamente nos últimos anos com o advento de novas técnicas morfométricas e, em particular, moleculares (Superina e Abba 2020). Por esse motivo, é provável que novos arranjos taxonômicos venham ajudar a estabelecer limites mais claros para o sul da região Neotropical.

A definição dos limites destas áreas em estudos biogeográficos evolutivos precisa ser criteriosa, reafirmando a necessidade de testar mais de um esquema de classificação de áreas e levar em consideração os táxons analisados e os objetivos do estudo, uma vez que as unidades de análise podem acarretar em distintas reconstruções de áreas ancestrais e padrões de vicariância-dispersão (Ferrari 2017).

A Região Andina foi recuperada em ambas as análises, onde AEG-3 foi suportada por elevados valores de *bootstrap* e suportada pelas espécies *Dromiciops gliroides; Lontra provocax; Lycalopex fulvipes; Rhyncholestes raphanurus* (Figura 1, Tabela 2). Já na análise de cluster, a região Andina foi recuperada em CL 3.2 com uma maior abrangência geográfica (Figura 4).

Assim como já observado em outros estudos, a abordagem de metaconsenso de área de endemismo (UPGMA-βsim) revelou-se eficiente para a comparação de AE, permitindo agrupamentos de áreas de diferentes escalas espaciais (Hoffmeister e Ferrari 2016; Ferrari et al. 2022). Além disso, ambos os métodos de agrupamento aqui utilizados (UPGMA-βsim e WPGMA-βsim) apresentam áreas de abrangência geográfica semelhantes, embora o método de cluster permita uma comparação visual das áreas de maneira mais simplificada do que a análise de endemicidade, por ser um método hierárquico e que não resulta em sobreposição de áreas. De modo geral, as áreas consenso do NDM agrupadas pelo critério de metaconsenso possuem uma maior

abrangência geográfica do que os grupos formados pela análise de cluster. Por exemplo, AEG-4 (Figura 1) (correspondente à Caatinga), também foi identificada em CL 2.2.2 (Figura 4), mas com uma área de menor abrangência geográfica. Da mesma forma, a área correspondente à Savana Uruguaia foi identificada em AEG-7 (Figura 1) e com área de menor abrangência geográfica em CL 2.2.3.2 (Figura 4). Essas diferenças são justificáveis uma vez que a abrangência geográfica das áreas resultantes da análise de endemicidade (NDM) é fortemente influenciada pela escala espacial, a qual apresenta diferenças significativas.

Maiores tamanhos de grade no NDM resultaram em áreas de endemismo mais amplas e inclusão de mais espécies, a exemplo do que ocorre em AEG-2, que compreende grande parte da região Neotropical (Figura 1). Por outro lado, células de menor tamanho resultaram em padrões mais restritos e IE menores (Figura 1-3, Tabela 1). Neste sentido, o uso de diferentes tamanhos de quadrícula apresenta-se como uma forma assertiva de extrapolação de padrões de distribuição (Aagesen et al. 2009; Casagranda et al. 2009a; Navarro et al. 2009; Hoffmeister e Ferrari 2016; Alvares et al. 2022).

Os resultados da análise de cluster apoiam a região Neártica como unidade biogeográfica, recuperando os domínios Neártico Ocidental e Oriental em CL 1.2 e CL 1.1 respectivamente (Figura 4) (Escalante et al. 2010b). Uma área mais ampla abrangendo a Zona de Transição Mexicana e o limite sul da região Neártica foi encontrada em AEG-10, AEG-11 e AEG-12 (Figura 2), com pelo menos 16 espécies únicas (*Bassariscus astutus*, *Canis latrans*, *Canis lupus*, *Conepatus leuconotus*, *Lontra canadensis*, *Lynx rufus*, *Mephitis macroura*, *Mephitis mephitis*, *Procyon lotor*, *Spilogale putorius*, *Taxidea taxus*, *Urocyon cinereoargenteus*, *Spilogale gracilis*, *Ursus americanus*, *Ursus arctos* e *Vulpes macrotis*) (Tabela 2). A Zona de Transição Mexicana é reconhecida por sua complexidade topográfica, climática e biogeográfica, apresentando numerosas

548 áreas de endemismo e grande riqueza de espécies (Escalante et al. 2014; Noguera-Urbano e
549 Escalante 2015a).

550 A área correspondente à Mesoamérica foi recuperada em ambos os métodos com limites
551 semelhantes em CL 1.4 (Figura 4) e AEG-1 (Figura 1). AEG-1 é um grupo formado por duas áreas
552 de diferentes análises do NDM, sendo fortemente suportado pelo valor de *bootstrap* (Figura 1). Na
553 Análise de Endemicidade a Mesoamérica é também recuperada em AEG-2 (Figura 1), se
554 estendendo até os Domínios do Paraná e Chaco. O Domínio do Pacífico foi recuperado em diversas
555 áreas. Na análise de cluster o Domínio do Pacífico foi recuperado em CL2.1, sendo observado um
556 limite entre os CL 2.1.1.2 e CL 2.1.1.3 congruente com o limite entre a Mesoamérica e o Domínio
557 do Pacífico (Figura 4). Os grupos de áreas AEG-18 e AEG-19 (Figura 3) são congruentes com o
558 Domínio do Pacífico, sendo AEG-19 fortemente suportado pelo valor de *bootstrap*. AEG-18 é um
559 grupo formado por sete áreas de cinco rodadas diferentes da análise de endemicidade congruentes
560 com o Domínio do Pacífico, revelando um padrão fracamente dependente de procedimentos
561 analíticos.

562 A área correspondente à Amazônia *sensu lato*, formada pelos domínios Sudoeste
563 Americano, Sul Brasileiro e Boreal Brasileiro, foi encontrada em AEG-17 (Figura 3) e em menor
564 abrangência em AEG-16 (Figura 2). AEG-16 é um grupo formado por 11 áreas de cinco análises,
565 enquanto que AEG-17 é formado por duas áreas de diferentes análises. Ambos os grupos são
566 suportados fortemente pelo valor de *bootstrap* (Figura 2) e juntos somam pelo menos 32 espécies
567 únicas, sendo que duas destas espécies são compartilhadas entre si (Tabela 2). Ainda foi possível
568 recuperar áreas menores resultantes da análise de endemicidade dentro do Domínio Amazônico,
569 como em AEG-22, AEG-23 e AEG-24 (Figura 3), correspondentes aos Domínios Boreal Brasileiro
570 e Sul Brasileiro. A análise de cluster recuperou o Domínio Amazônico em CL 2.2.1.1 (Figura 4)
571 sem uma delimitação precisa e apresentando fragmentos de outros subclusters, podendo ser

interpretado como uma recuperação dos fragmentos de fisionomias do Cerrado que ocorrem na Amazônia, também conhecido como Savana Amazônica. Estas áreas representam um ecossistema distinto dentro da região Amazônica (Prance 1996; Mustin et al. 2017) com composições de comunidades florísticas e faunísticas significativamente heterogêneas (Carvalho e Mustin 2017).

A sub-região do Chaco (sensu Morrone, 2014) é conhecida por sua evolução biogeográfica intimamente relacionada com o soerguimento dos Andes que se refletiu em modificações dos sistemas fluviais e do clima, acompanhado da formação da diagonal árida Sul-americana e extensiva mudança de habitats (Morrone 2014; Antonelli et al. 2018). Esta sub-região foi recuperada em diversas áreas de ambas as análises, sendo reconhecidos pelo menos oito padrões para Mamíferos, conforme segue.

AEG-14 e AEG-15 (Figura 3) compreendem a Zona de Transição Sul Americana (Cuyan, Monte e Puna), Chaco e Pampa. Juntas estas duas áreas apresentam um total treze espécies endêmicas (Tabela 2), das quais três espécies de Cingulata, mais uma vez, são compartilhadas entre as áreas (*Tolypeutes matacus*, *Cabassous chacoensis* e *Calyptophractus retusus*).

CL 2.2.3.2 está bem alinhado com a Savana Uruguaia (Figura 4) e AEG-7 corresponde parcialmente à Savana Uruguaia (Figura 1). Embora geograficamente restrito, AEG-7 apresenta sete espécies endêmicas (*Cryptonanus guahybae*, *Eptesicus taddeii*, *Histiotus alienus*, *Monodelphis dimidiata*, *Monodelphis iheringi*, *Myotis izecksohni* e *Myotis levis*) (Tabela 2). Interessantemente, quatro destas espécies são Chiroptera, um grupo com potencial elevada capacidade de dispersão; contudo, nossos resultados indicam que existe uma relativa restrição destas espécies a esta fisionomia mais aberta da América do Sul.

O Cerrado foi reconhecido como um território amplo em CL 2.2.1.2 (Figura 4), mostrando um padrão mais aninhado em CL 2.2.1.2.2 (Figura 4). Na análise de endemicidade, AEG-4, AEG-5, AEG-6 e AEG-13 são parcialmente congruentes com o Cerrado.

A Província da Caatinga foi identificada em ambas as análises de agrupamento, embora a análise de cluster tenha retornado uma área melhor ajustada ao limite da província (CL 2.2.2). Embora a Caatinga ainda apresente níveis de endemismo mais baixos do que outras áreas, certamente não é pobre em espécies, albergando endemismos de distribuição aparentemente restrita, sendo por exemplo reconhecida como uma área ambientalmente dissemelhante das já amostradas para morcegos e, por isso, prioritária para a procura de novas espécies deste grupo (Aguiar et al. 2020).

AEG-4 compreende a Província do Cerrado, metade leste da Província do Pará, sudeste da Província do Cerrado e porção norte das Províncias Atlântica e Floresta do Paraná (Figura 1), sendo uma área fortemente suportada pelo valor de *bootstrap*, e apresentando pelo menos quatro espécies endêmicas (*Chiroderma vizottoi*, *Lonchophylla inexpectata, Tolypeutes tricinctus* e *Xeronycteris vieirai*) (Tabela 2).

A Mata Atlântica *sensu lato*, correspondente ao Domínio do Paraná (sensu Morrone, 2014) é uma área reconhecida pela alta endemicidade (Olson et al. 2001; Morrone 2014; Ferrari et al. 2022) e padrões restritos de distribuição de espécies aninhados (Hoffmeister e Ferrari 2016). A Mata Atlântica foi recuperada com seus limites norte e sul em CL 2.2.1.2 (Figura 4), AEG-8 e AEG-9 (Figura 1). No critério de metaconsenso grupos de áreas que compõem a Mata Atlântica também incluem parte do Cerrado (AEG-5, Figura 1) e Caatinga (AEG-6, Figura 1). Com efeito, tal como referido por Carmignotto e Astúa (2018) os padrões de compartilhamento de espécies de mamíferos entre Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Amazônia são muito mais complexos do que se pensava anteriormente, e só recentemente começaram a ser desvendados.

A Zona de Transição Sul Americana foi recuperada em AEG-20 e AEG-21 (Figura 3), sendo ambas as áreas relativamente bem suportadas pelo valor de *bootstrap*. Na análise de cluster a Zona de Transição Sul Americana foi recuperada em CL3.1 (Figura 4).

A Região Andina foi recuperada em ambas as análises de agrupamento. Na AE foi recuperada em AEG-3, sendo fortemente suportada pelo valor de *bootstrap*. Este é um grupo formado por cinco áreas de distintas rodadas com pelo menos quatro espécies endêmicas (Tabela 2). No cluster, a região Andina foi recuperada em CL 3.2 com uma maior abrangência geográfica.

Concluímos que bancos de dados globais e mapas de distribuição de espécies são fontes de informações fundamentais para o desenvolvimento de estudos e para a compreensão da distribuição da biota, embora claramente possam apresentar vieses de amostragem que acabam por interferir na determinação de padrões biogeográficos (Escalante 2005). Neste sentido, acreditamos que a incongruência dos nossos resultados com estudos prévios realizados para mamíferos neotropicais (i.e. Noguera-Urbano e Escalante 2015b, 2018) é, em parte, explicado pelo uso de dados brutos de ocorrência atualizados, quer do ponto de vista geográfico, quer taxonômico.

A definição de áreas de endemismo e padrões de distribuição são sensíveis aos vieses de amostragem, em especial à ausência de dados em determinados setores geográficos, visto que a descontinuidade espacial reduz a simpatria entre as espécies, refletindo em uma alteração dos padrões encontrados (Casagranda et al. 2009b). Embora mamíferos sejam foco de muitos trabalhos, e certamente muito melhor estudados e conhecidos do que outros grupos animais, a verdade é que, particularmente em regiões megadiversas, existem ainda enormes lacunas de conhecimento, com 'revoluções' ou mudanças taxonômicas ocorrendo com frequência em diversas ordens de Mammalia (e.g. Percequillo et al. 2011; Courcelle et al. 2019; Brito et al. 2020; Feijó e Anacleto 2021; Novaes et al. 2022) e áreas gigantescas ainda por amostrar (e.g. Bernard et al. 2011; Aguiar et al. 2020; Feijó et al. 2022)

Assim como mencionado por Escalante e Morrone (2020) embora estudos recentes tenham buscado contemplar grandes bancos de dados de distribuição de espécies, ainda existem pendências para compreender a história biogeográfica de mamíferos neotropicais. Neste sentido, este estudo

vem contribuir para uma melhor compreensão da biogeografia deste grupo, uma vez que avaliou a distribuição dos táxons a partir de dados brutos de ocorrência em diferentes escalas espaciais.

Agradecimentos

Agradecemos aos autores dos datapapers Santos et al. (2019), Aguiar et al. (2020) e Nagy-Reis et al. (2020) pela disponibilização de dados utilizados neste trabalho. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) (Código de Financiamento 001) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq (MJRP, Processo 309833/2021-3)

Dados Suplementares

Dados suplementares estão disponíveis.

Dados suplementares SD_1. Lista completa dos dados brutos de ocorrência de cada espécie utilizada na análise e respectivas referências.

Dados suplementares SD_2. Arquivo de entrada NDM/VNDM (format 'xyd').

Dados suplementares SD_3. Áreas individuais e áreas consenso produzido por cada uma das analyses NDM/VNDM.

Dados suplementares SD_4. Matriz de presença/ ausência empregadas em analises UPGMA e arquivos de saída.

Dados suplementares SD_5. Composição de espécies do NDM com base na UPGMA-βsim.

Dados suplementares SD_6. Arquivo de entrada WPGMA.

Literatura Citada

AAGESEN, L., C. A. SZUMIK, F. O. ZULOAGA, AND O. MORRONE. 2009. Quantitative biogeography

665 in the South America highlands - Recognizing the Altoandina, Puna and Prepuna through the
666 study of Poaceae. Cladistics 25:295–310.
667 AGUIAR, L. M. S., M. J. R. PEREIRA, M. ZORTÉA, AND R. B. MACHADO. 2020. Where are the bats?
668 An environmental complementarity analysis in a megadiverse country. Diversity and
669 Distributions 26:1510–1522.
670 ALVARES, D. J., A. FERRARI, AND M. BORGES-MARTINS. 2022. Geographic distribution patterns of
671 amphibians and reptiles from the Uruguayan Savanna. Systematics and Biodiversity 20:1–17.
672 ANTONELLI, A., M. ARIZA, J. ALBERT, T. ANDERMANN, J. AZEVEDO, AND C. BACON. 2018.
673 Conceptual and empirical advances in Neotropical biodiversity research:1–53.
674 BEIN, B., M. C. EBACH, S. W. LAFFAN, D. J. MURPHY, AND G. CASSIS. 2020. Quantifying vertebrate
675 zoogeographical regions of Australia using geospatial turnover in the species composition of
676 mammals, birds, reptiles and terrestrial amphibians. Zootaxa 4802:61–81.
677 BENNET, D. 2019. Gap analysis of Neotropical marsupials: knowledge gaps, protected areas
678 coverage and modelled distribution for present and future. Universidade Federal do Rio
679 Grande do Sul.
680 BERNARD, E., L. M. S. AGUIAR, AND R. B. MACHADO. 2011. Discovering the Brazilian bat fauna:
681 A task for two centuries? Mammal Review 41:23–39.
682 BOGONI, J. A., C. A. PERES, AND K. M. P. M. B. FERRAZ. 2020. Extent , intensity and drivers of
683 mammal defaunation : a continental - scale analysis across the Neotropics. Scientific
684 Reports:1–16.
685 BRITO, J. ET AL. 2020. A new genus of oryzomyine rodents (Cricetidae, Sigmodontinae) with three
686 new species from montane cloud forests, western Andean cordillera of Colombia and Ecuador.
687 PeerJ 8.
688 BURGIN, C. J., J. P. COLELLA, P. L. KAHN, AND N. S. UPHAM. 2018. How many species of mammals

689 are there? Journal of Mammalogy 99:1–14.
690 BURGIN, C. J., D. E. WILSON, R. A. MITTERMEIER, A. B. RYLANDS, T. E. LACHER, AND W.
691 SECHREST. 2020. Illustrated Checklist of the Mammals of the World.
692 CARMIGNOTTO, A. P., AND D. ASTÚA. 2018. Mammals of the Caatinga: Diversity, ecology,
693 biogeography, and conservation. Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South
694 America.
695 CARRILLO, J. D. ET AL. 2020. Disproportionate extinction of South American mammals drove the
696 asymmetry of the Great American Biotic Interchange. Proceedings of the National Academy
697 of Sciences of the United States of America 117:26281–26287.
698 CARVALHO, W. D. DE, AND K. MUSTIN. 2017. The highly threatened and little known Amazonian
699 savannahs. Nature Publishing Group:1–3.
700 CASAGRANDA, M. D. ET AL. 2009a. Proximity, interpenetration, and sympatry networks: A reply to
701 dos santos et al. Systematic Biology 58:271–276.
702 CASAGRANDA, M. D., S. ROIG-JUNENT, AND C. SZUMIK. 2009b. Endemismo a diferentes escalas
703 espaciales : un ejemplo con Carabidae (Coleoptera : Insecta) de América del Sur austral
704 82:17–42.
705 CASAGRANDA, M. D., L. TAHER, AND C. A. SZUMIK. 2012. Endemicity analysis, parsimony and
706 biotic elements: A formal comparison using hypothetical distributions. Cladistics 28:645–654.
707 CEBALLOS, G., P. R. EHRLICH, J. SOBERÓN, I. SALAZAR, AND J. P. FAY. 2005. Ecology: Global
708 mammal conservation: What must we manage? Science 309:603–607.
709 COLE, F. R., D. M. REEDER, AND D. E. WILSON. 1994. A synopsis of distribution patterns and the
710 conservation of mammal species. Journal of Mammalogy 75:266–276.
711 COSTA, L. P., AND Y. R. L. LEITE. 2000. Biogeography of South American Forest Mammals:
712 Endemism and Diversity in the Atlantic Forest. BIOTROPICA 32:872–881.

COURCELLE, M., M. K. TILAK, Y. L. R. LEITE, E. J. P. DOUZERY, AND P. H. FABRE. 2019. Digging for the spiny rat and hutia phylogeny using a gene capture approach, with the description of a new mammal subfamily. Molecular Phylogenetics and Evolution 136:241–253.

COX, C. B. 2001. The biogeographic regions reconsidered: Journal of Biogeography. Journal of Biogeography 28:511–523.

CRAW, R. C., J. R. GRAHAN, AND M. J. HEADS. 1999. Panbiogeography. 1999, New York.

DALAPICOLLA, J. ET AL. 2021. Areas of endemism of small mammals are underprotected in the Atlantic Forest. Journal of Mammalogy 102:1390–1404.

DASILVA, M. B., R. PINTO-DA-ROCHA, AND A. M. DESOUZA. 2015. Cladistics A protocol for the delimitation of areas of endemism and the historical regionalization of the Brazilian Atlantic Rain Forest using harvestmen distribution data. Cladistics:1–14.

DEO, A. J., AND R. DESALLE. 2006. Nested areas of endemism analysis. Journal of Biogeography 33:1511–1526.

DINIZ-FILHO, J. A. F., AND R. BALESTRA. 1998. Hierarchical effects on body size evolution and the macroecology of South American rainforest mammals:23–30.

EDLER, D., T. GUEDES, A. ZIZKA, M. ROSVALL, AND A. ANTONELLI. 2017. Infomap bioregions: Interactive mapping of biogeographical regions from species distributions. Systematic Biology 66:197–204.

ESCALANTE, T. 2005. Las bases de datos curatoriales y el estudio espacial de la biodiversidad : Un ejemplo con los mamíferos terrestres de México. Pp. 339–350 in egionalización biogeográfica en Iberoamérica y tópicos afines: Primeras Jornadas Biogeográficas de la Red Iberoamericana de Biogeografía y Entomología Sistemática.

ESCALANTE, T. 2017. A natural regionalization of the world based on primary biogeographic homology of terrestrial mammals. Biological Journal of the Linnean Society 120:349–362.

ESCALANTE, T., AND J. J. MORRONE. 2020. Evolutionary biogeography and the regionalization of the Neotropics.pdf. Mastozoología Neotropical 27:4–14.

ESCALANTE, T., J. J. MORRONE, AND G. RODRÍGUEZ-TAPIA. 2013. Biogeographic regions of north american mammals based on endemism. Biological Journal of the Linnean Society 110:485–499.

ESCALANTE, T., G. RODRIGEZ-TAPIA, C. SZUMIK, J. J. MORRONE, AND M. RIVAS. 2010a. Delimitation of the Nearctic region according to mammalian distributional patterns 91:1381–1388.

ESCALANTE, T., G. RODRÍGUEZ-TAPIA, M. LINAJE, AND J. J. MORRONE. 2014. Mammal species richness and biogeographic structure at the southern boundaries of the Nearctic region 78:159–169.

ESCALANTE, T., G. RODRIGUEZ-TAPIA, C. A. SZUMIK, J. J. MORRONE, AND M. RIVAS. 2010b. Delimitation of the Nearctic region according to mammalian distributional patterns. Journal of Mammalogy 91:1381–1388.

ESCALANTE, T., V. SÁNCHEZ-CORDERO, J. J. MORRONE, AND M. LINAJE. 2007. Areas of endemism of Mexican terrestrial mammals : A case study using species ' ecological niche modeling , Parsimony Analysis of Endemicity and Goloboff fit.

FEIJÓ, A., AND T. C. ANACLETO. 2021. Taxonomic revision of the genus Cabassous McMurtrie, 1831 (Cingulata: Chlamyphoridae), with revalidation of Cabassous squamicaudis (Lund, 1845). Zootaxa 4974.

FEIJÓ, A., D. GE, Z. WEN, L. XIA, AND Q. YANG. 2022. Identifying hotspots and priority areas for xenarthran research and conservation. Diversity and Distributions:1–13.

FERRARI, A. 2017. Biogeographical units matter Biogeographical units matter. Bio One 30:391–402.

761 FERRARI, A., D. ALVARES, P. M. BURATTO, AND K. BARÃO. 2022. Distribution patterns of
762 Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) in the Americas: an analysis based on networks and
763 endemicity. Cladistics:1–19.
764 FERRO, I., AND J. J. MORRONE. 2014. Biogeographical transition zones: A search for conceptual
765 synthesis. Biological Journal of the Linnean Society 113:1–12.
766 FICETOLA, G. F., F. MAZEL, AND W. THUILLER. 2017. Global determinants of zoogeographical
767 boundaries. Nature Ecology and Evolution 1:1–7.
768 GOLOBOFF, P. A. 2005. NDM/VNDM ver. 3.1. Programs for identification of areas of endemism.
769 <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/endemism>.
770 GONZÁLEZ-MAYA, J. F., E. MARTÍNEZ-MEYER, R. MEDELLÍN, AND G. CEBALLOS. 2017.
771 Distribution of mammal functional diversity in the Neotropical realm: Influence of land-use
772 and extinction risk. Plos One.
773 GONZÁLEZ-OROZCO, C. E. ET AL. 2014. Quantifying phytogeographical regions of Australia using
774 geospatial turnover in species composition. PLoS ONE 9.
775 GONZÁLEZ-OROZCO, C. E., A. H. THORNHILL, N. KNERR, S. LAFFAN, AND J. T. MILLER. 2013.
776 Biogeographical regions and phytogeography of the eucalypts. Diversity and Distributions:1–
777 13.
778 HAUSDORF, B., AND C. HENNIG. 2003. Biotic Element Analysis in Biogeography. Systematic
779 Biology 52:717–723.
780 HERSHKOVITZ, P. A. 1958. Geographic Classification of Neotropical Mammals. Zoology.
781 HERSHKOVITZ, P. A. 1969. The evolution of mammals on southern continents 33.
782 HOFFMEISTER, C. H., AND A. FERRARI. 2016. Areas of endemism of arthropods in the Atlantic
783 Forest (Brazil): an approach based on a metaconsensus criterion using endemicity analysis.
784 Biological Journal of the Linnean Society 119:126–144.

785 HOLT, B. G. ET AL. 2013. An Update of Wallace's Zoogeographic Regions of the World. Science
786 339:74–79.
787 HORTAL, J., F. BELLO, A. F. DINIZ-FILHO, T. M. LEWINSOHN, J. M. LOBO, AND R. J. LADLE. 2015.
788 Seven Shortfalls that Beset Large-Scale Knowledge of Biodiversity:523–549.
789 KREFT, H., AND W. JETZ. 2010. A framework for delineating biogeographical regions based on
790 species distributions. Journal of Biogeography 37:2029–2053.
791 KREFT, H., AND W. JETZ. 2013. Comment on "An update of Wallace's zoogeographic regions of
792 the world." Science 341:9–11.
793 LAFFAN, S. W., E. LUBARSKY, AND D. F. ROSAUER. 2010. Biodiverse , a tool for the spatial analysis
794 of biological and related diversity:643–647.
795 LINDER, H. P. 2001. On areas of endemism, with an example from the African restionaceae.
796 Systematic Biology 50:892–912.
797 LINDER, H. P., H. M. DE KLERK, J. BORN, N. D. BURGESS, AND J. FJELDSA. 2012. The partitioning
798 of Africa : statistically defined biogeographical regions in sub-Saharan Africa:1189–1205.
799 LOYOLA, R. D., U. KUBOTA, G. A. B. DA FONSECA, AND T. M. LEWINSOHN. 2009. Key Neotropical
800 ecoregions for conservation of terrestrial vertebrates. Biodiversity and Conservation 18:2017–
801 2031.
802 LUZA, A. L., R. MAESTRI, V. J. DEBASTIANI, AND B. D. PATTERSON. 2021. Is evolution faster at
803 ecotones ? A test using rates and tempo of diet Is evolution faster at ecotones ? A test using
804 rates and tempo of diet transitions in Neotropical Sigmodontinae (Rodentia , Cricetidae).
805 Ecology and Evolution.
806 MAESTRI, R. 2020. A macroecological perspective on Neotropical rodents. Mastozoología
807 Neotropical 27:27–36.
808 MAESTRI, R., S. M. HARTZ, A. FERRARI, T. R. O. DE, AND L. D. S. DUARTE. 2016. Geographical

809 variation of body size in sigmodontine rodents depends on both environment and phylogenetic
810 composition of communities:1192–1202.
811 MALDONADO, C. ET AL. 2015. Estimating species diversity and distribution in the era of Big Data :
812 to what extent can we trust public databases ? Journal of Macroecology:973–984.
813 MARSH, C. J. ET AL. 2022. Expert range maps of global mammal distributions harmonised to three
814 taxonomic authorities. Journal of biogeography.
815 MEYER, C., H. KREFT, R. GURALNICK, AND W. JETZ. 2015. Global priorities for an effective
816 information basis of biodiversity distributions. Nature Communications 6:1–8.
817 MITTERMEIER, R. A., P. ROBLES-GIL, AND M. HOFFMAN. 2004. Hotspots revisited: Earth's
818 biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. CEMEX, Mexico.
819 MITTERMEIER, R. A., A. B. RYLANDS, AND D. E. WILSON. 2013. Handbook of the mammals of the
820 world: Vol. 3: Primates. Linx Edictions, Barcelona.
821 MORRONE, J. J. 1994. On the Identification of Areas of Endemism. Systematic Biology 43:438–
822 441.
823 MORRONE, J. J. 2001a. Homology, biogeography and areas of endemism. Diversity and
824 Distributions 7:297–300.
825 MORRONE, J. J. 2001b. Homology, biogeography and areas of endemism. Diversity and
826 Distributions 7:297–300.
827 MORRONE, J. J. 2014. Biogeographical regionalisation of the neotropical region. Zootaxa.
828 MORRONE, J. J. 2015. Halffter's Mexican transition zone (1962-2014), cenocrons and evolutionary
829 biogeography. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 53:249–257.
830 MORRONE, J., E. TANIA, AND M. ARANA. 2022. Biogeographic regionalization of the Neotropical
831 region : New map and shapefile Biogeographic regionalization of the Neotropical region :
832 New map and shapefi le.

MUSTIN, K. ET AL. 2017. Biodiversity, threats and conservation challenges in the Cerrado of Amapá, an Amazonian savanna. Nature Conservation 22:107–127.

MYERS, N., R. A. MITTERMEIER, C. G. MITTERMEIER, G. A. . FONSECA, AND J. KENT. 2000. Conservation: Biodiversity as a bonus prize. Nature 468:895.

NARVÁEZ-GÓMEZ, J. P., A. CABRAL, M. COLLI-SILVA, A. FRAZÃO, AND P. SANTANA. 2018. Biogeografia Neotropical: história e conceitos. VIII Botânica no Inverno:275.

NAVARRO, F. R., F. CUEZZO, P. A. GOLOBOFF, C. SZUMIK, M. L. DE GROSSO, AND M. G. QUINTANA. 2009. Can insect data be used to infer areas of endemism? An example from the Yungas of Argentina. Revista Chilena de Historia Natural 82:507–522.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2015a. Áreas De Endemismo De Los Mamíferos (Mammalia) Neotropicales. Acta Biológica Colombiana 20:47–65.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2015b. Áreas De Endemismo De Los Mamíferos (Mammalia). Acta biológica Colombiana 20:47–65.

NOGUERA-URBANO, E. A., AND T. ESCALANTE. 2018. The Neotropical region sensu the areas of endemism of terrestrial mammals. Australian Systematic Botany 30:470–484.

NOROOZI, J., A. TALEBI, M. DOOSTMOHAMMADI, S. B. RUMPF, H. P. LINDER, AND G. M. SCHNEEWEISS. 2018. Hotspots within a global biodiversity hotspot-areas of endemism are associated with high mountain ranges. Scientific Reports 8:1–10.

NOVAES, R. L. M. ET AL. 2022. Erratum: Variation in the Myotis keaysi complex (Chiroptera, Vespertilionidae), with description of a new species from Ecuador (Journal of Mammalogy DOI: 10.1093/jmammal/gyab139). Journal of Mammalogy 103:481.

OJEDA, R. A. 2013. Diversity and Conservation of Neotropical Mammals. Encyclopedia of Biodiversity: Second Edition 2:582–594.

OLIVEIRA, U., A. D. BRESCOVIT, AND A. J. SANTOS. 2015. Delimiting areas of endemism through

kernel interpolation. PLoS ONE 10:1–18.

OLSON, D. M. ET AL. 2001. Terrestrial ecoregions of the world: A new map of life on Earth. BioScience 51:933–938.

PEÇANHA, W. T. ET AL. 2019. A new species of Oxymycterus (Rodentia : Cricetidae : Sigmodontinae) from a transitional area of Cerrado – Atlantic Forest in southeastern Brazil 100:578–598.

PERCEQUILLO, A. R., M. WEKSLER, AND L. P. COSTA. 2011. A new genus and species of rodent from the Brazilian Atlantic Forest (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae: Oryzomyini), with comments on oryzomyine biogeography. Zoological Journal of the Linnean Society 161:357–390.

PLATNICK, N. I. 1991. On Areas of Endemism. Australian Systematic Botany 4:11–13.

PRADO, J. R. ET AL. 2015. Species richness and areas of endemism of oryzomyine rodents (Cricetidae, Sigmodontinae) in South America: An ndm/vndm approach. Journal of Biogeography 42:540–551.

PRANCE, G. T. 1996. Islands in Amazonia. Biological Sciences 351:823–833.

PROCHEŞ, Ş., AND S. RAMDHANI. 2012. The world's zoogeographical regions confirmed by cross-taxon analyses. BioScience 62:260–270.

RAMOS PEREIRA, M. J., AND J. M. PALMEIRIM. 2013. Latitudinal Diversity Gradients in New World Bats: Are They a Consequence of Niche Conservatism? PLoS ONE 8:1–12.

SANDOVAL, M. L., AND R. M. BARQUEZ. 2013. The Chacoan bat fauna identity : Patterns of distributional congruence and conservation implications. Revista Chilena de Historia Natural 86:75–94.

SCLATER, W. L. 1895. The Geography of Mammals: No. III. The Neotropical Region (Continued). The Geographical Journal 5:471.

SILVA, A. P., AND A. R. M. PONTES. 2008. The effect of a mega-fragmentation process on large mammal assemblages in the highly-threatened Pernambuco Endemism Centre, north-estern Brazil. Biodiversity and conservation 17:1455–1464.

SMITH, C. H. 1983. A System of World Mammal Faunal Regions. I. Logical and Statistical Derivation of the Regions. Journal of Biogeography 10:455.

SMITH, J. R. ET AL. 2018. A global test of ecoregions. Nature Ecology and Evolution 2:1889–1896.

SUPERINA, M., AND A. M. ABBA. 2020. Conservation perspectives for a highly disparate lineage of mammals: The xenarthra. Mastozoologia Neotropical 27:48–67.

SZUMIK, C. A., F. CUEZZO, P. A. GOLOBOFF, AND A. E. CHALUP. 2002. An optimality criterion to determine areas of endemism. Systematic Biology 51:806–816.

SZUMIK, C. A., AND P. A. GOLOBOFF. 2004. Areas of endemism: An improved optimality criterion. Systematic Biology 53:968–977.

TOGNELLI, M. F., AND D. A. KELT. 2004. Analysis of determinants of mammalian species richness in South America using spatial autoregressive models 4.

VAUGHAN, T., J. M. RYAN, AND N. J. CZAPLEWSKI. 2000. Mammalogy. 4ª. Toronto.

WALLACE, AL. R. 1876. The geographical distribution of animals, with a study of the relations of living and extinct faunas as elucidating the past changes of the Earth's surface.

WILSON, D. E. ., AND R. A. MITTERMEIER. 2018. Handbook of the mammals of the world. Vol. 8: Insectivores, sloths and colugos. Linx Edicions.

WILSON, D. E., J. LACHER, T. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2016. Handbook of the mammals of the world. Vol. 6: Lagomorphs and Rodents. Linx Edicions.

WILSON, D. E., J. LACHER, T. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2017. Handbook of the mammals of the world: Vol. 7: Rodents II. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2009. Handbook of the mammals of the world. Vol. 1:

Carnivores. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2011. Handbook of the mammals of the world. Vol. 2: Hoofed mammals. Linx Edicions.

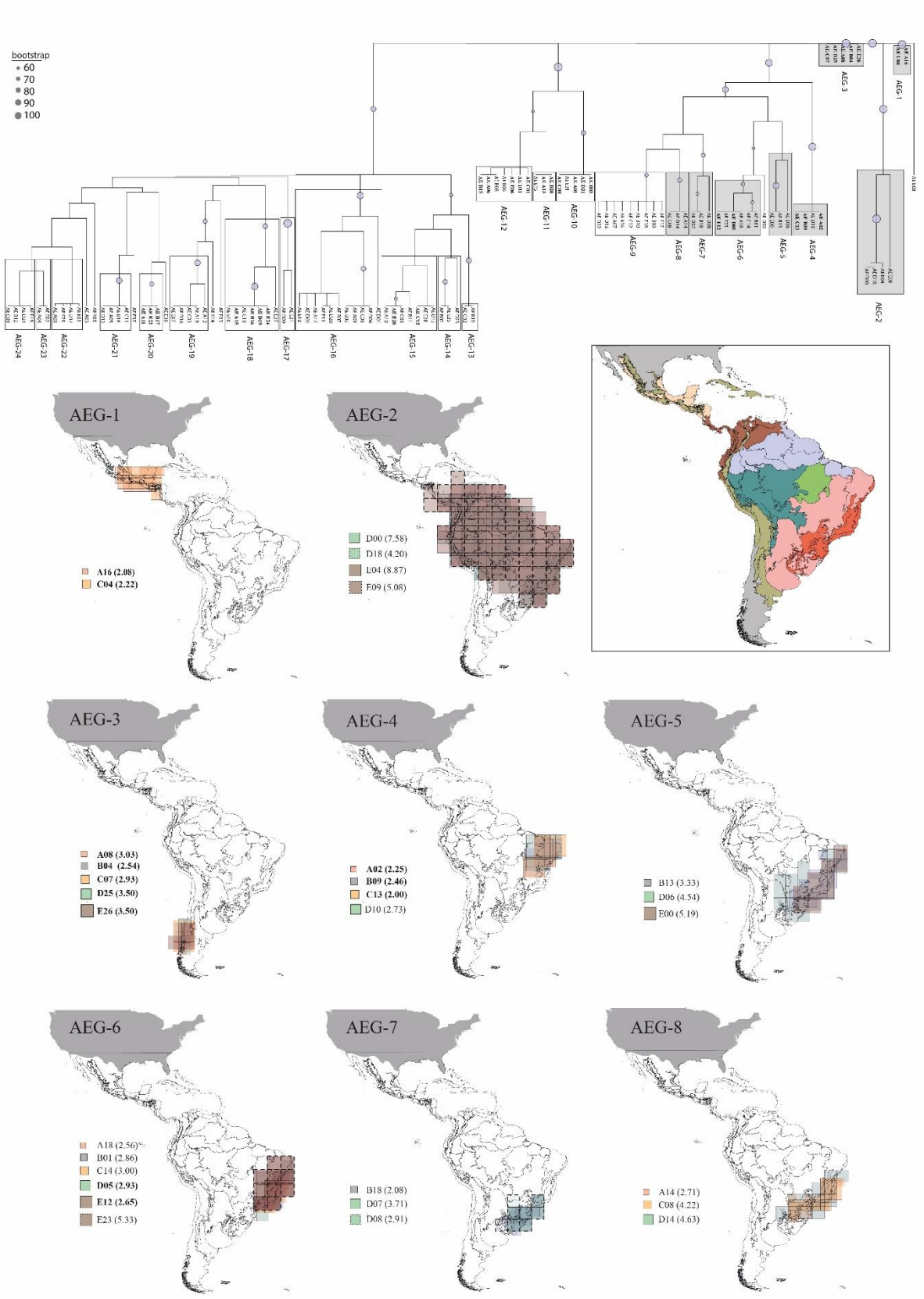
WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2014. Handbook of the mammals of the world. Vol. 4: Sea mammals. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2015. Handbook of the mammals of the world. Vol. 5: Monotremes and marsupials. Linx Edicions.

WILSON, D. E., AND R. A. MITTERMEIER. 2019. Handbook of the mammals of the world. Vol. 9: Bats. Linx Edicions.

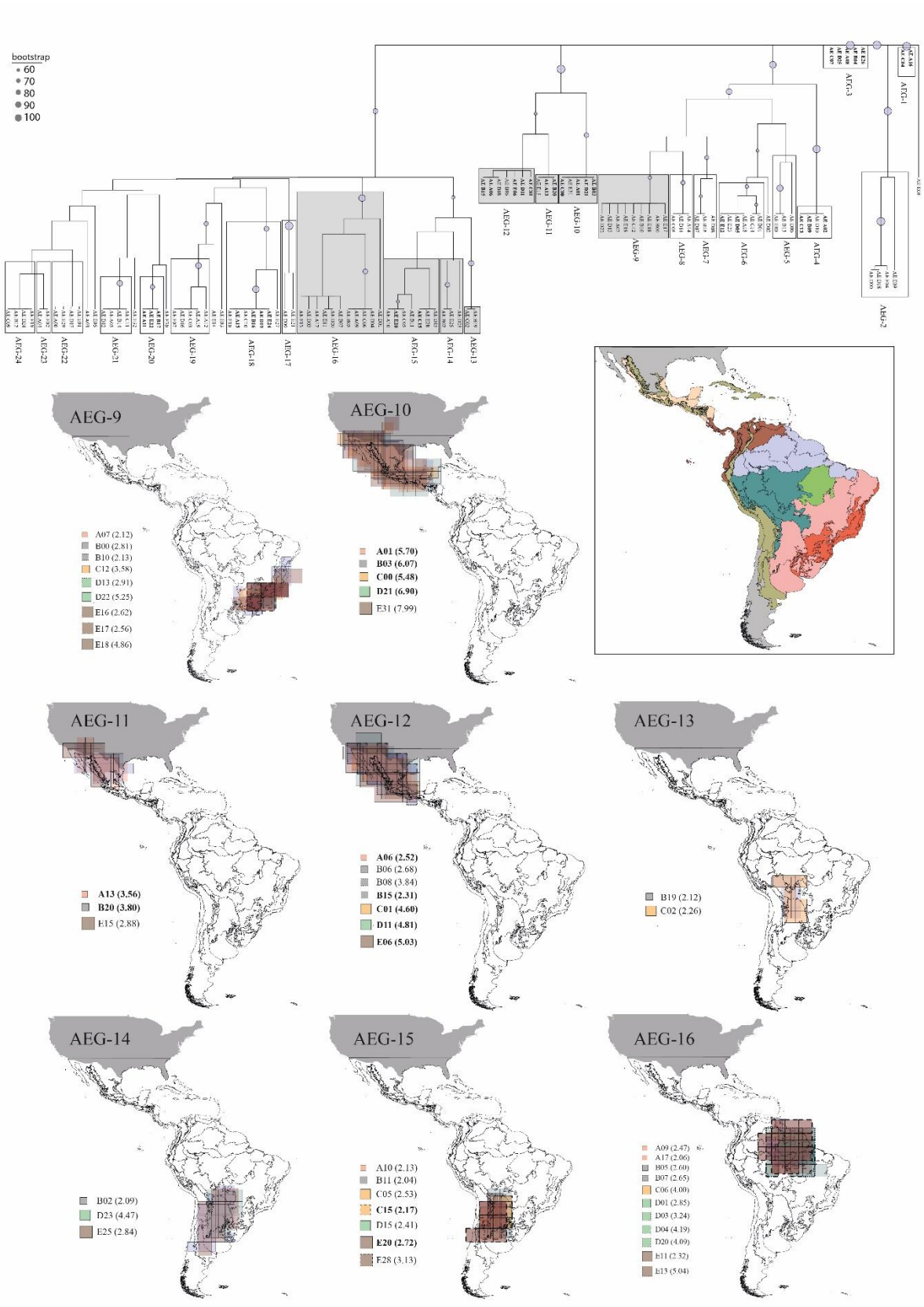
Legenda das Figuras

Figura 1 - Agrupamento de áreas de NDM com base na análise UPGMA do índice de dissimilaridade βsim de espécies e matrizes de área NDM, representando grupos AEG-1 a AEG-8 selecionados no UPGMA (grupos em caixas cinza). Os mapas mostram a abrangência de grupos e áreas com seus respectivos índices de endemicidade médio (entre parênteses), e as linhas pretas representam os domínios biogeográficos propostos por Morrone (2022). Áreas terminais de igual composição de espécies dentro do mesmo grupo de áreas estão destacadas em negrito. Os valores de *bootstrap* são indicados por círculos e escala de acordo com a legenda inserida.


bootstrap
60
70
80
90
100
AEG-1
AEG-2
AEG-3
AEG-4
AEG-5
AEG-6
AEG-7
AEG-8
AEG-9
AEG-10
AEG-11
AEG-12
AEG-13
AEG-14
AEG-15
AEG-16
AEG-17
AEG-18
AEG-19
AEG-20
AEG-21
AEG-22
AEG-23
AEG-24
AEG-1
A16 (2.08)
C04 (2.22)
AEG-2
D00 (7.58)
D18 (4.20)
L04 (8.87)
F09 (5.08)
AEG-3
A08 (3.03)
B04 (2.54)
C07 (2.93)
D25 (3.50)
E26 (3.50)
AEG-4
A02 (2.25)
B09 (2.46)
C13 (2.00)
D10 (2.73)
AEG-5
B13 (3.33)
D06 (4.54)
E00 (5.19)
AEG-6
A18 (2.56)
B01 (2.86)
C14 (3.00)
D05 (2.93)
E12 (2.65)
E23 (5.33)
AEG-7
B18 (2.08)
D07 (3.71)
D08 (2.91)
AEG-8
A14 (2.71)
C08 (4.22)
D14 (4.63)

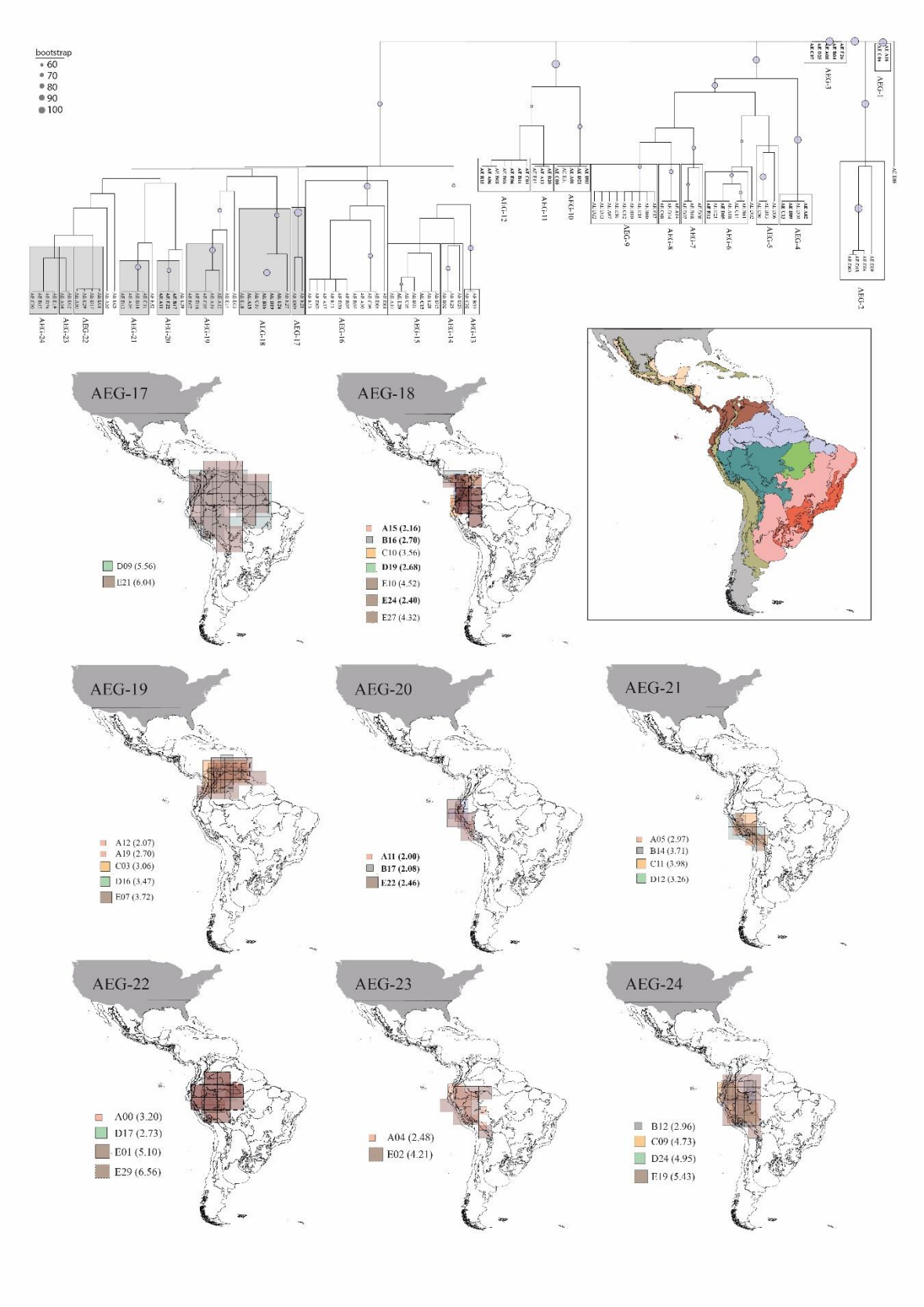
923

Figura 2 - Agrupamento de áreas de NDM com base na análise UPGMA do índice de dissimilaridade βsim de espécies e matrizes de área NDM, representando grupos AEG-9 a AEG-16 selecionados no UPGMA (grupos em caixas cinza). Os mapas mostram a abrangência de grupos e áreas com seus respectivos índices de endemicidade médio (entre parênteses), e as linhas pretas representam os domínios biogeográficos propostos por Morrone (2022). Áreas terminais de igual composição de espécies dentro do mesmo grupo de áreas estão destacadas em negrito. Os valores de *bootstrap* são indicados por círculos e escala de acordo com a legenda inserida.


bootstrap
60
70
80
90
100
AEG-1
AEG-2
AEG-3
AEG-4
AEG-5
AEG-6
AEG-7
AEG-8
AEG-9
AEG-10
AEG-11
AEG-12
AEG-13
AEG-14
AEG-15
AEG-16
AEG-17
AEG-18
AEG-19
AEG-20
AEG-21
AEG-22
AEG-23
AEG-24
AEG-9
A07 (2.12)
B00 (2.81)
B10 (2.13)
C12 (3.58)
D13 (2.91)
D22 (5.25)
E16 (2.62)
E17 (2.56)
E18 (4.86)
AEG-10
A01 (5.70)
B03 (6.07)
C00 (5.48)
D21 (6.90)
E31 (7.99)
AEG-11
A13 (3.56)
B20 (3.80)
E15 (2.88)
AEG-12
A06 (2.52)
B06 (2.68)
B08 (3.84)
B15 (2.31)
C01 (4.60)
D11 (4.81)
E06 (5.03)
AEG-13
B19 (2.12)
C02 (2.26)
AEG-14
B02 (2.09)
D23 (4.47)
E25 (2.84)
AEG-15
A10 (2.13)
B11 (2.04)
C05 (2.53)
C15 (2.17)
D15 (2.41)
E20 (2.72)
F28 (3.13)
AEG-16
A09 (2.47)
A17 (2.06)
B05 (2.60)
B07 (2.65)
C06 (4.00)
D01 (2.85)
D03 (3.24)
D04 (4.19)
D20 (4.09)
E11 (2.32)
E13 (5.04)

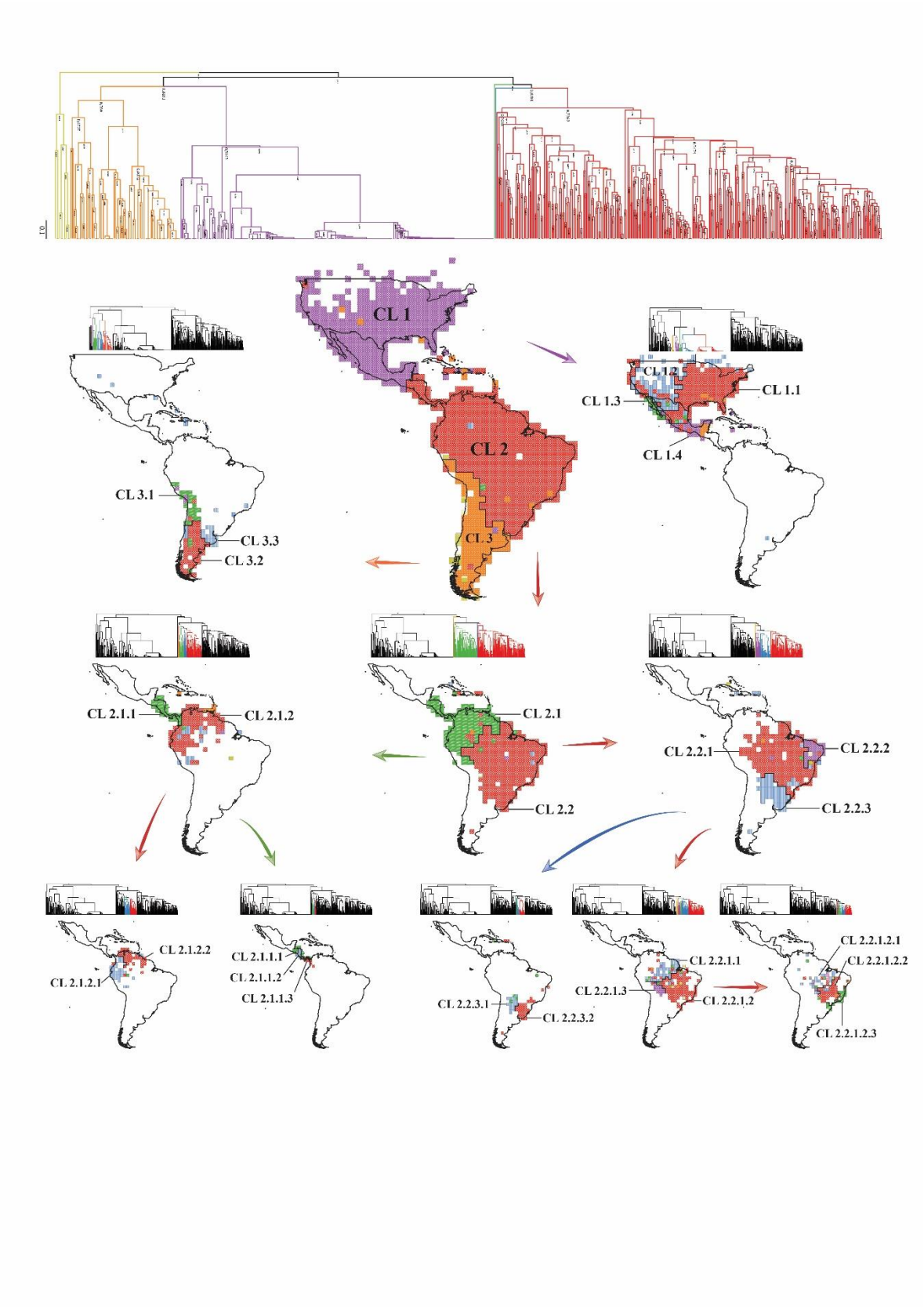
931

Figura 3 - Agrupamento de áreas de NDM com base na análise UPGMA do índice de dissimilaridade βsim de espécies e matrizes de área NDM, representando grupos AEG-17 a AEG-24 selecionados no UPGMA (grupos em caixas cinza). Os mapas mostram a abrangência de grupos e áreas com seus respectivos índices de endemicidade médio (entre parênteses), e as linhas pretas representam os domínios biogeográficos propostos por Morrone (2022). Áreas terminais de igual composição de espécies dentro do mesmo grupo de áreas estão destacadas em negrito. Os valores de *bootstrap* são indicados por círculos e escala de acordo com a legenda inserida.


bootstrap
60
70
80
90
100
AEG-17
D09 (5.56)
E21 (6.04)
AEG-18
A15 (2.16)
B16 (2.70)
C10 (3.56)
D19 (2.68)
E10 (4.52)
E24 (2.40)
E27 (4.32)
AEG-19
A12 (2.07)
A19 (2.70)
C03 (3.06)
D16 (3.47)
E07 (3.72)
AEG-20
A11 (2.00)
B17 (2.08)
E22 (2.46)
AEG-21
A05 (2.97)
B14 (3.71)
C11 (3.98)
D12 (3.26)
AEG-22
A00 (3.20)
D17 (2.73)
E01 (5.10)
E29 (6.56)
AEG-23
A04 (2.48)
E02 (4.21)
AEG-24
B12 (2.96)
C09 (4.73)
D24 (4.95)
E19 (5.43)

939

Figura 4 - Cluster de áreas com base na análise WPGMA do índice de dissimilaridade βsim de espécies, representando grupos CL1, CL2 e CL3 e respectivos subclusters selecionados no WPGMA. As cores das regiões no mapa correspondem àquelas usadas para traçar o dendrograma. O dendrograma é uma representação da relação espacial de dissimilaridades na composição de espécies entre regiões.


CL 1
CL 2
CL 3
CL 1.1
CL 1.2
CL 1.3
CL 1.4
CL 3.1
CL 3.2
CL 3.3
CL 2.1
CL 2.2
CL 2.1.1
CL 2.1.2
CL 2.2.1
CL 2.2.2
CL 2.2.3
CL 2.1.1.1
CL 2.1.1.2
CL 2.1.1.3
CL 2.1.2.1
CL 2.1.2.2
CL 2.2.1.1
CL 2.2.1.2
CL 2.2.1.3
CL 2.2.3.1
CL 2.2.3.2
CL 2.2.1.2.1
CL 2.2.1.2.2
CL 2.2.1.2.3

945

Tabelas

Tabela 1 - Síntese dos resultados das análises A-F, incluindo o número da grade de cada análise, número de áreas individuais (AI), número de áreas consenso (AC), valor mínimo, máximo e médio do índice de endemicidade (IE) de cada análise.

Análise	Grid	AI	AC	IE (min - max)	IE (méd.)	Total sp.
A	3°	39	20	2.00 - 6.48	2.87	73
B	3.5º	40	21	2.00 - 6.85	3.14	76
C	4º	45	16	2.11 - 7.15	3.9	77
D	4.5º	64	26	2.04 - 7.90	4.38	122
E	5º	78	33	2.31 - 9.52	3.48	153

Tabela 2 - Relação de grupo de áreas UPGMA, incluído áreas consenso, espécies endêmicas e valor mínimo e máximo do Índice de Endemicidade (IE) das áreas consenso de cada grupo. Áreas com composição idêntica são identificadas com asterisco (*).

Grupo UPGMA	Áreas Consenso	Espécies Endêmicas	IE (min-max)
AEG-1	A16*; C04*	*Bassariscus sumichrasti; Philander pallidus; Spilogale angustifrons*	2.08 - 2.22
AEG-2	D00; D18; E04; E09	*Anoura caudifer; Artibeus obscurus; Artibeus planirostris; Cabassous unicinctus; Cynomops planirostris; Dermanura gnoma; Gardnerycteris crenulatum; Lophostoma silvicola; Macrophyllum macrophyllum; Micoureus demerarae; Molossus coibensis; Myotis riparius; Noctilio albiventris; Phyllostomus elongatus; Phyllostomus hastatus; Priodontes maximus; Rhinophylla pumilio; Saccopteryx leptura; Speothos venaticus; Sturnira tildae; Tonatia bidens; Trinycteris nicefori; Uroderma bilobatum*	4.20 - 8.87
AEG-3	A08*; B04*; C07*; D25*; E26*	*Dromiciops gliroides; Lontra provocax; Lycalopex fulvipes; Rhyncholestes raphanurus*	2.54 - 3.50

AEG-4	A02*; B09*; C13*; D10	*Chiroderma vizottoi; Lonchophylla inexpectata; Tolypeutes tricinctus; Xeronycteris vieirai*	2.00 - 2.73
AEG-5	B13; D06; E00	*Artibeus fimbriatus; Cabassous tatouay; Chiroderma doriae; Didelphis aurita; Dryadonycteris capixaba; Leopardus guttulus; Lonchophylla peracchii; Marmosa paraguayana; Marmosops incanus; Monodelphis americana; Philander quica; Platyrrhinus recifinus; Pygoderma bilabiatum*	3.33 - 5.13
AEG-6	A18; B01; C14; D05*; E12*; E23	*Bradypus torquatus; Dryadonycteris capixaba; Lonchophylla bokermanni; Lonchophylla peracchii; Marmosops incanus; Monodelphis americana; Platyrrhinus recifinus; Thyroptera wynneae; Tolypeutes tricinctus; Xeronycteris vieirai*	2.56 - 5.33
AEG-7	B18; D07; D08	*Cryptonanus guahybae; Eptesicus taddeii; Histiotus alienus; Monodelphis dimidiata; Monodelphis iheringi; Myotis izecksohni; Myotis levis*	2.08 - 3.71
AEG-8	A14; C08; D14	*Chiroderma doriae; Didelphis aurita; Leopardus guttulus; Marmosa paraguayana; Marmosops incanus; Monodelphis americana; Monodelphis iheringi; Myotis levis; Philander quica*	2.71 - 4.63
AEG-9	A07; B00; B10; C12; D13; D22; E16; E17; E18	*Didelphis aurita; Eptesicus taddeii; Lasiurus ebenus; Lonchophylla peracchii; Marmosa paraguayana; Marmosops incanus; Monodelphis iheringi; Myotis izecksohni; Myotis levis; Philander quica*	2.12 - 5.25
AEG-10	A01*; B03*; C00**; D21**; E31	*Bassariscus astutus; Canis latrans; Canis lupus; Conepatus leuconotus; Lontra canadensis; Lynx rufus; Mephitis macroura; Mephitis mephitis; Procyon lotor; Spilogale putorius; Taxidea taxus; Urocyon cinereoargenteus*	5.48 - 7.99
AEG-11	A13*; B20*; E15	*Mephitis mephitis; Spilogale gracilis; Taxidea taxus; Ursus americanus; Ursus arctos; Vulpes macrotis*	2.88 - 3.80
AEG-12	A06*; B06; B08; B15*; C01**; D11**; E06**	*Bassariscus astutus; Canis lupus; Lontra canadensis; Lynx rufus; Mephitis mephitis; Spilogale gracilis; Taxidea taxus; Ursus americanus; Ursus arctos; Vulpes macrotis*	2.31 - 5.03
AEG-13	B19; C02	*Calyptophractus retusus; Cryptonanus unduaviensis; Marmosops dorothea; Thylamys sponsorius*	2.12 - 2.26

AEG-14	B02; D23; E25	*Cabassous chacoensis; Calyptophractus retusus; Chaetophractus vellerosus; Cryptonanus chacoensis; Eumops patagonicus; Thylamys karimii; Thylamys macrurus; Thylamys pallidior; Tolypeutes matacus*	2.09 - 4.47
AEG-15	A10; B11; C05; C15*; D15; E20*; E28	*Cabassous chacoensis; Calyptophractus retusus; Chlamyphorus truncatus; Dasypus mazzai; Thylamys elegans; Thylamys sponsorius; Tolypeutes matacus*	2.04 - 3.13
AEG-16	A09; A17; B05; B07; C06; D01; D03; D04; D20; E11; E13	*Bradypus tridactylus; Cynomops mastivus; Dasypus kappleri; Diclidurus isabella; Didelphis imperfecta; Gracilinanus emiliae; Hsunycteris pattoni; Lonchorhina inusitata; Lophostoma schulzi; Marmosa tyleriana; Marmosops pinheiroi; Monodelphis arlindoi; Monodelphis touan; Mustela africana; Pteronotus alitonus; Saccopteryx gymnura; Scleronycteris ega; Vampyriscus bidens; Vampyriscus brocki*	2.32 - 5.04
AEG-17	D09; E21	*Chiroderma trinitatum; Dasypus pastasae; Hsunycteris thomasi; Lophostoma carrikeri; Marmosa lepida; Marmosops parvidens; Mesophylla macconnelli; Monodelphis brevicaudata; Platyrrhinus brachycephalus; Pteronura brasiliensis; Rhinophylla fischerae ; Saccopteryx canescens; Vampyressa thyone; Vampyriscus bidens; Vampyriscus brocki*	5.56 - 6.04
AEG-18	A15*; B16**; C10; D19**; E10; E24*; E27	*Caenolestes convelatus; Caenolestes fuliginosus; Caluromysiops irrupta; Gracilinanus dryas; Marmosa rubra; Marmosa waterhousei; Marmosops invictus; Micoureus phaeus; Philander andersoni; Philander pebas*	2.16 - 4.52
AEG-19	A12; A19; C03; D16; E07	*Dasypus sabanicola; Didelphis imperfecta; Gracilinanus dryas; Gracilinanus marica; Marmosa tyleriana; Marmosa waterhousei; Marmosa xerophila; Marmosops fuscatus; Monodelphis palliolata; Platyrrhinus aurarius*	2.07 - 3.72
AEG-20	A11*; B17*; E22*	*Caenolestes caniventer; Lycalopex sechurae; Thylamys tatei*	2.00 - 2.46
AEG-21	A05; B14; C11; D12	*Gracilinanus aceramarcae; Lestoros inca; Monodelphis osgoodi; Monodelphis peruviana; Philander mcilhennyi; Tremarctos ornatus*	2.97 - 3.98

AEG-22	A00; D17; E01; E29	*Bassaricyon alleni; Carollia benkeithi; Dasypus pastasae; Eumops trumbulli; Marmosa waterhousei; Marmosops impavidus; Marmosops neblina; Marmosops noctivagus; Micoureus regina; Philander andersoni; Philander mcilhennyi; Philander pebas; Rhinophylla fischerae; Sturnira magna*	2.73 - 6.56
AEG-23	A04; E02	*Bassaricyon alleni; Caenolestes caniventer; Caluromysiops irrupta; Gracilinanus aceramarcae; Marmosa rubra; Marmosops neblina ; Monodelphis peruviana; Philander mcilhennyi; Philander pebas; Sturnira magna ; Thylamys tatei*	2.48 - 4.21
AEG-24	B12; C09; D24; E19	*Bassaricyon alleni; Caluromysiops irrupta; Dasypus pastasae; Didelphis pernigra; Marmosa rubra; Marmosops impavidus; Marmosops neblina; Micoureus regina; Monodelphis peruviana; Philander andersoni; Philander mcilhennyi; Philander pebas; Platyrrhinus infuscus; Sturnira magna*	2.96 - 5.43

954

955 **Tabela 3 -** Número total de registros e riqueza de espécies para cada táxon, incluindo
956 número de espécies que contribuem para a definição de áreas de endemismo através do método de
957 análise de endemicidade (NDM/VNDM) e número de espécies que não contribuem para a definição
958 de áreas de endemismo.

Taxa	Nº total de registros	Nº total sp.	Nº sp. Contribuem para definição de AE	Nº sp. não contribuem para definição de AE
CARNIVORA	72629 (47%)	62 (17%)	27 (44%)	35 (56%)
CHIROPTERA	40590 (26%)	183 (51%)	73 (40%)	110 (60%)
MARSUPIALIA	12171 (8%)	87 (24%)	56 (64%)	31 (36%)
XENARTHRA	31961 (20%)	29 (8%)	16 (55%)	13 (45%)

959

Conclusão geral

Pela primeira vez áreas de endemismo e padrões de distribuição de mamíferos neotropicais são propostos a partir de dados brutos de ocorrência baseados em dois métodos diferentes (NDM/VNDM e WPGMA(βsim)), cujos resultados são comparados entre si. As análises foram realizadas a partir de 157.351 registros brutos de ocorrência para 361 espécies de mamíferos dos táxons Placentalia (Xenarthra, Chiroptera e Carnivora) e Marsupialia (Didelphimorphia e Paucituberculata) com distribuição predominante na região neotropical. Apesar de dispormos de uma base de dados menor que não contempla a totalidade de espécies ocorrentes no Neotrópico, ainda assim encontramos em nossas análises um número maior de espécies endêmicas do que o observado em estudos pretéritos envolvendo mamíferos na região Neotropical (Noguera-Urbano e Escalante, 2018). Acreditamos que a incongruência entre os nossos resultados e os de Nogueira-Urbano e Escalante (2015, 2018) se deve ao uso de diferentes critérios de consenso além do uso de registros de ocorrência atualizados ao invés de mapas de distribuição.

De modo geral, ambos os métodos de agrupamento utilizados (UPGMA-βsim e WPGMA-βsim) apresentam áreas de abrangência geográfica semelhantes. Além disso, as áreas consenso da análise de endemicidade (NDM) agrupadas pelo critério de metaconsenso (UPGMA) possuem uma maior abrangência geográfica do que os grupos formados pela análise de cluster (WPGMA). As áreas de endemismo encontradas nas análises são parcialmente congruentes com esquemas biogeográficos definidos para a região Neotropical (Morrone, 2014; Morrone et al., 2022;). A região Neotropical é recuperada no seu sentido amplo, abrangendo áreas que vão do México à Argentina (Escalante 2017).

Acreditamos que o presente estudo contribui para uma melhor compreensão da biogeografia de Mammalia do Novo Mundo, uma vez que avaliou a distribuição dos táxons a partir

de dados brutos de ocorrência em diferentes escalas espaciais. Além disso, ao comparar resultados de diferentes métodos de análise auxilia na compreensão na história biogeográfica do táxon e viabiliza a sugestão de arranjos alternativos de áreas, que podem servir de critério para avaliação de homologia biogeográfica (Morrone 2001a; Ferrari et al. 2022).

Finalmente, as áreas de endemismo aqui encontradas certamente não serão definitivas ou estáticas. Com efeito, persistem grandes lacunas de conhecimento, quer do ponto de vista taxonômico, quer do ponto de vista amostral, mostrando que mesmo em Mammalia, uma classe particularmente bem estudada por incluir a nossa espécie, há um grande caminho a percorrer para descrever os padrões de distribuição de espécies e os processos a eles subjacentes. Além disso, esses processos continuam operando, sendo de destacar a extinção de espécies resultante do impacto das atividades humanas sobre o nosso planeta.

Referências

VAUGHAN, T.; RYAN, J. & CZAPLEWSKI, N. 2000. Mammalogy. Toronto: Brooks Cole,4ª ed.

WALLACE, A.R. The geographical distribution of animals, with a study of the relations of living and extinct faunas as elucidating the past changes of the Earth's surface. London: Macmillan and Company. 1876. em: ESCALANTE, T. A natural regionalization of the world based on primary biogeographic homology of terrestrial mammals. Biological Journal of the Linnean Society. 2016.

HERSHKOVITZ, P. A.. 1958. Geographic Classification of Neotropical Mammals. Zoology: 583-620.

GOLOBOFF, P. 2015. NDM/VNDM: Programs for identification of areas of endemism (Versión 3.0) [Software]. 2004. In: NOGUERA-URBANO, E. A.; ESCALANTE, T. Áreas de endemismo de los mamíferos (mammalia) neotropicales. Acta Biológica Colombiana: 47-65.

ALMEIDA, E.A.B. & SANTOS, C.M.D. 2011. Lógica da Biogeografia de Vicariância. In: CARVALHO, C.J.; ALMEIDA, E.A. Biogeografia da América do Sul: padrões e processos. Roca: 52-62.