



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS

DANILO CHAGAS DOS SANTOS

MODELAGEM ECOLÓGICA DE FUNGOS POROIDES OCORRENTES NO
BRASIL COM ENFÂSE NA MATA ATLÂNTICA

RECIFE
2021

DANILO CHAGAS DOS SANTOS

**MODELAGEM ECOLÓGICA DE FUNGOS POROIDES OCORRENTES NO
BRASIL COM ENFÂSE NA MATA ATLÂNTICA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Biologia de Fungos.

Área de concentração: Ecologia e Taxonomia.

Orientadora: Prof^ª. Dra. Tatiana Baptista Gibertoni

Coorientador: Dr. Renato Lúcio Mendes Alvarenga

Recife

2021

Catálogo na Fonte:
Bibliotecário Bruno Márcio Gouveia, CRB-4/1788

Santos, Danilo Chagas dos
Modelagem ecológica de fungos poroides ocorrentes no Brasil com ênfase na Mata Atlântica / Danilo Chagas dos Santos. - 2021.

143 f. : il.

Orientadora: Profa. Dra. Tatiana Baptista Gibertoni.

Coorientador: Dr. Renato Lúcio Mendes Alvarenga

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de Biociências. Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos, Recife, 2021.

Inclui referências e apêndices.

1. Fungos. 2. Mata Atlântica. 3. Ecologia. I. Gibertoni, Tatiana Baptista (orientadora). II. Alvarenga, Renato Lúcio Mendes (coorientador). III. Título.

579.5

CDD (22.ed.)

UFPE/CB-2021-363

DANILO CHAGAS DOS SANTOS

**MODELAGEM ECOLÓGICA DE FUNGOS POROIDES OCORRENTES NO
BRASIL COM ENFÂSE NA MATA ATLÂNTICA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Área de Concentração Taxonomia e Ecologia de Fungos, da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Biologia de Fungos.

Aprovada em: ____/____/____

BANCA EXAMINADORA

Prof^a. Dra. Tatiana Baptista Gibertoni (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof^o. Dr. Robert Lücking
Botanic Garden and Botanical Museum Berlin-Dahlem

Prof^a. Dr^a. Taimy Cantillo Pérez
Universidade Estadual de Feira de Santana

*Dedico este trabalho, ao meu sobrinho,
Miguel Luiz Chagas Souza,
Motivo da minha felicidade e calma.
Luz da minha vida!*

AGRADECIMENTOS

Sempre achei essa a parte mais difícil para dissertar, talvez porque a vida não se analisa através de uma curva e não é pelo valor-p que descobrimos a significância das pessoas em nossa jornada.

Quero agradecer inicialmente a essa força maior a qual chamo de Deus, por permiti existir e realizar os sonhos inimagináveis dessa vida. Agradeço por me fazer suportar com maestria os desafios da caminhada e mapear minha trajetória em busca do conhecimento. Ao universo, por colocar tudo no lugar e na hora exata durante o tempo certo.

Agradeço a toda minha família que sempre esteve do meu lado nos momentos mais adversos e felizes, acompanhando, incentivando, colaborando com gestos e ações a favor das minhas ambições profissionais. Em especial a minha mãe Elianalva Chagas e ao meu pai Denilson Luiz por me educarem. Aprendi com vocês que o estudo é a ferramenta usada para quebrar a falta de oportunidades na vida. Aos meus irmãos Deysiane Mikaelly Chagas e Deyvison Everton Chagas por não me deixarem ser filho único, teria sido tudo sem graça, sem vocês. A minha amada prima Franciele Santos por me apoiar em todas minhas aventuras. Espero poder recompensá-los por todo amor e cuidado.

A minha orientadora, Prof^a Dr^a Tatiana Baptista Gibertoni por se dispor me orientar durante anos difíceis, sob condições de distanciamento em plena pandemia. Pelas correções de português, pelas vírgulas, diálogos e reuniões que comporão o processo. Obrigado por não medir esforços para ajudar e investir no desenvolvimento dessa pesquisa e por acreditar na minha capacidade de descoberta. Agradeço também pela flexibilidade, pelo computador cedido do laboratório para as análises em casa e pelas inúmeras ajudas para mitigar problemas durante a execução do projeto. Espero futuramente continuar colaborando para estudos na equipe do Lab-B.

Ao meu co-orientador Dr. Renato Lúcio Mendes Alvarenga pela ousadia em me guiar nesse projeto de pesquisa, por todas as dúvidas e conversas esclarecedoras sobre a linguagem da modelagem ecológica e suas façanhas, sem as quais não teria dado conta. Agradeço pela disponibilidade de tempo, esforço e por me mostrar o quanto a biogeografia é atraente.

Aos professores que tive durante minha história com a biologia, em especial aos doutores e especialistas em fungos, Dr. Robert Lücking, Dr^a Taimy Cantillo Pérez, Dr. Luís Fernando Pascholati Gusmão e Dr. Vitor Xavier de Lima por aceitarem participar da minha banca de mestrado em Biologia de Fungos.

Agradeço a pessoas especiais que foram colocadas ao meu lado, sem as quais não teria sido possível desbravar o fascinante mundo dos fungos, Camila Vogeley, Gabriel Ginane, Jaíne Parentes e Mayara Luiza membros do grupo “Tomamos na Taioaba-turma 2019.1” e os demais colegas de classe.

Aos colegas do Lab-B, Angelina Meiras-Ottoni, Carla Lira, Matheus Avelino, Virton Targino, Valéria Ferreira, PIBICs e BIAs, pela convivência no primeiro ano de curso. Aos demais colegas do departamento de micologia, em especial a Layanne Ferro por me acompanhar como representante discente do programa em meio ao caos do ano 2020 e o Isaías Júnior antigo colega de graduação na Universidade Federal Rural de Pernambuco-UFRPE que me encorajou durante a seleção para o programa. Espero ter a oportunidade de realizar parcerias e trabalhos com todos vocês.

A família de amigos que construí fora da UFPE, em especial aos “pernambucaninhos” amigos de intercâmbio na Universidade de Coimbra, Aleksandra Kumar, Amanda Gusmão, Márcia Silva, Mark Rodrigues, Nathália Nogueira e Tássia Souza. Aos demais, portugueses e brasileiros que conheci durante a graduação e minha estadia em Portugal. Espero que estejam trilhando vossos caminhos, bem e felizes. Ao meu fã-amigo, jornalista, futuro médico, gaúcho e gremista Márcio Stefani, por sempre ouvir minhas frustrações e confortá-las. Te desejo sucesso em sua nova carreira.

À Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências, Departamento de Micologia e Laboratório de Basidiomycota pelo apoio na construção de mais um degrau da minha história acadêmica e profissional.

Ao Programa de Biologia de Fungos-PPGBF pelo conhecimento que reuni ao longo desses anos sobre fungos. A Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia de Pernambuco-FACEPE, pelo incentivo financeiro.

Por fim, estou profundamente grato aos envolvidos de forma direta ou indireta pelas contribuições, correndo o risco de ter esquecido alguns nomes quero deixar expresso os meus agradecimentos a todos. Como diria William Shakespeare “O que importa não é o que você tem na vida, mas quem você tem na vida”. Obrigado!

“Ah!

Ah se meu pensamento não sangrasse!

Ah se meu coração não tivesse memória!

Como seria menos linda e mais suave a minha história.”

Cacaso

RESUMO

Fungos poroides são caracterizados por apresentar himenóforo tubular na superfície inferior do basidioma, formando poros. Os fungos desse grupo são, em sua maioria, representantes das ordens Hymenochaetales Oberw. e Polyporales Gäum. Contudo, estudos sobre a distribuição das espécies desse grupo ainda são escassos para o Brasil. Este trabalho, então, teve como objetivos a elaboração de modelos de distribuição de espécies poroides, com ênfase nas com potencial medicinal e biotecnológico, e analisar as variáveis ambientais que influenciam o aparecimento e permanência destes organismos, principalmente na Mata Atlântica. Seis espécies de cada ordem foram selecionadas (*Fomitiporella umbrinella*, *Hymenochaete damicornis*, *H. iodina*, *H. luteobadia*, *Phellinus extensus*, e *P. fastuosus*, *Coriolopsis rigida*, *Earliella scabrosa*, *Fomes fasciatus*, *Hexagonia hydroides*, *Microporellus obovatus* e *Rigidoporus lineatus*), utilizando-se a plataforma Specieslink e pontos de ocorrência baixados através do GBIF. As espécies modeladas através do programa MaxEnt e editadas pelo QGIS foram analisadas por meio de 20 variáveis extraídas do WorldClim somadas a 10 variáveis de vegetação derivadas do EarthEnv. As espécies foram avaliadas e validadas pelos valores de AUC e pela técnica bootstrap. Os modelos mostraram valores altos de desempenho e boa performance para todas as espécies. As análises demonstram que a precipitação e vegetação foram as variáveis que mais influenciaram na distribuição das espécies, além da temperatura. Áreas de Mata Atlântica apresentam alta adequação para ocorrência de fungos poroides, embora muitas áreas adequadas ainda permaneçam desprotegidas. Além disso, poucos registros de herbários podem gerar modelos de bom desempenho para essas espécies. Estudos futuros são necessários para outras espécies, novas áreas e biomas do Brasil.

Palavras-chave: Hymenochaetales. Polyporales. Biogeografia. Distribuição. Ecologia.

ABSTRACT

Poroid fungi are characterized by tubular hymenophore on the lower surface of the basidioma, forming pores. The fungi of this group are, in their majority, representatives of the orders Hymenochaetales Oberw. and Polyporales Gäum. Their importance is related to the variety of ecological strategies, the dynamics of relations with the environment they inhabit and their economic and biotechnological potential. However, studies on the distribution of species in this group are still scarce for Brazil. Thus, this work had as objectives the elaboration of maps of distribution of poroid species, with emphasis on the ones with medicinal and biotechnological potential, and the analyses of the environmental variables that influence the appearance and permanence of these organisms, mainly in the Atlantic Forest. Six species of each order were selected (*Fomitiporella umbrinella*, *Hymenochaete damicornis*, *H. iodina*, *H. luteobadia*, *Phellinus extensus*, and *P. fastuosus*, *Coriolopsis rigida*, *Earliella scabrosa*, *Fomes fasciatus*, *Hexagonia hydroides*, *Microporellus obovatus* and *Rigidoporus lineatus*), using the Specieslink platform and occurrence points downloaded through GBIF. The species modeled using the MaxEnt program and edited by QGis were analyzed using 20 variables extracted from WorldClim added to 10 vegetation variables derived from EarthEnv. The species were evaluated and validated by the AUC values and by the bootstrap technique. The models showed high values of performance and good performance for all species. The analyzes show that precipitation and vegetation were the variables that most influenced species distribution, in addition to temperature. Areas of the Atlantic Forest are highly suitable for the occurrence of poroid fungi, although many suitable areas still remain unprotected. In addition, few herbarium records can generate models of good performance for these species. Future studies are needed for other species, new areas and biomes in Brazil.

Key-words: Hymenochaetales. Polyporales. Biogeography. Distribution. Ecology.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 — Formulação matemática aplicada no modelo MaxEnt numa perspectiva geográfica (Phillips et al., 2016).	30
Figura 2 — Formulação matemática de Bayes para MaxEnt numa perspectiva estatística ecológica (Elith et al. 2011).	30
Figura 3 — Representação da curva ROC para dados de treinamento de A- <i>F. umbrinella</i> B- <i>H. damicornis</i> , C- <i>H. iodina</i> , D- <i>H. luteobadia</i> , E- <i>P. extensus</i> , F- <i>P. fastuosus</i> . Em azul, a medida de dispersão em torno da média das execuções de replicação de todas as réplicas.	54
Figura 4 — Representação da taxa de omissão e da área prevista em função do limite cumulativo para os modelos de A- <i>F. umbrinella</i> , B- <i>H. damicornis</i> C- <i>H. iodina</i> , D- <i>H. luteobadia</i> , E- <i>P. extensus</i> , F- <i>P. fastuosus</i> . Em laranja, a medida de dispersão em torno da média para as execuções replicadas da taxa de erros de omissão.	55
Figura 5 — Teste Jackknife de importância variável para A- <i>F. umbrinella</i> , B- <i>H. damicornis</i> , C- <i>H. iodina</i> , D- <i>H. luteobadia</i> , E- <i>P. extensus</i> , F- <i>P. fastuosus</i>	57
Figura 6 — Representação em gráficos da curva ROC para dados de treinamento de A- <i>C. rigida</i> , B- <i>E. scabrosa</i> , C- <i>F. fasciatus</i> , D- <i>H. hydroides</i> , E- <i>M. obovatus</i> , F- <i>R. lineatus</i> . Em azul, a medida de dispersão em torno da média das execuções de replicação de todas as réplicas.	58
Figura 7 — Representação em gráficos da taxa de omissão e da área prevista em função do limite cumulativo para os modelos de A- <i>C. rigida</i> , B- <i>E. scabrosa</i> , C- <i>F. fasciatus</i> , D- <i>M. obovatus</i> , E- <i>H. hydroides</i> , F- <i>R. lineatus</i> . Em laranja, a medida de dispersão em torno da média para as execuções replicadas da taxa de erros de omissão.	59
Figura 8 — Teste Jackknife de importância variável para A- <i>C. rigida</i> , B- <i>E. scabrosa</i> , C- <i>F. fasciatus</i> , D- <i>M. obovatus</i> , E- <i>H. hydroides</i> , F- <i>R. lineatus</i>	60
Figura 9 — A. Modelo de distribuição MaxEnt para <i>F. umbrinella</i>	62
Figura 10 — B. Modelo MaxEnt para <i>H. damicornis</i>	63
Figura 11 — C. Modelo MaxEnt para <i>H. iodina</i>	64
Figura 12 — D. Modelo MaxEnt para <i>H. luteobadia</i>	65
Figura 13 — E. Modelo de distribuição MaxEnt para <i>P. extensus</i>	66
Figura 14 — F. Modelo MaxEnt para <i>P. fastuosus</i>	67

Figura 15 – A. Modelo MaxEnt para <i>C. rigida</i>	68
Figura 16 – B. Modelo MaxEnt para <i>E. scabrosa</i>	69
Figura 17 – C. Modelo MaxEnt para <i>F. fasciatus</i>	70
Figura 18 – D. Modelo MaxEnt para <i>H. hydroides</i>	71
Figura 19 – E. Modelo MaxEnt para <i>M. obovatus</i>	72
Figura 20 – F. Modelo MaxEnt para <i>R. lineatus</i>	73
Figura 21 – Modelos da Mata Atlântica para A- <i>F. umbrinella</i> , B- <i>H. damicornis</i> , C- <i>H. iodina</i> , D- <i>H. luteobadia</i> , E- <i>P. extensus</i> , F- <i>P. fastuosus</i>	76
Figura 22 – Modelos da Mata Atlântica para A- <i>C. rigida</i> , B- <i>E. scabrosa</i> , C- <i>F. fasciatus</i> , D- <i>M. obovatus</i> , E- <i>H. hydroides</i> , F- <i>R. lineatus</i>	77

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 — Indicadores e descrição das variáveis bioclimáticas.	38
Tabela 2 — Lista das espécies e número de registros usados para cada espécie no estudo.	42
Tabela 3 — Variáveis com maior percentual de contribuição para cada espécie no estudo em ordem decrescente.	47
Tabela 4 — Valores da área abaixo da curva (AUC) para Hymenochaetales na análise por bootstrap.	54
Tabela 5 — Variáveis de importância para Hymenochaetales no teste jackknife.	56
Tabela 6 — Valores da área abaixo da curva (AUC) para Polyporales na análise por bootstrap.	57
Tabela 7 — Variáveis de importância para Polyporales no teste jackknife.	60
Tabela 8 — Valores do limite mínimo logístico de presença e o valor-p para as espécies de Hymenochaetales.	74
Tabela 9 — Valores do limite mínimo logístico de presença e o valor-p para as espécies de Polyporales.	75

LISTA DE SIGLAS

AOGCM- Modelos de Circulação Geral Atmosfera-Oceano

ASCII- Padrão Americano de Intercâmbio de informações para Computador

AVG- Média (Average)

AUC- Área abaixo da curva

CSV- Valores separados por vírgula

CRIA- Centro de Referência de Informação Ambiental

ENFA- Análise de Fator de Nicho Ambiental

GBIF- Facilitador de Informação Global sobre Biodiversidade

GeoTIFF- Formato tag de arquivo de imagem georreferenciado

GLM- Modelos Lineares Generalizados

GAM- Modelos Aditivos Generalizados

GARP- Algoritmo Genético de Produção de Conjunto de Regras

ICMBio- Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade

INCT- Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia

IPP- Processo interrompido de Poisson

KOH- Hidróxido de Potássio

QGis- Programa de Sistema de Informação Geográfica Livre

MaxEnt- Máxima Entropia

MDE- Modelagem de Distribuição de espécie

MNE- Modelagem de Nicho Ecológico

PE- Pernambuco

ROC- Curva Característica de Operação do Receptor

RPPN- Reserva Particular do Patrimônio Natural

RSV- Refúgio de Vida Silvestre

SVM- Máquina de Vetores de Suporte

UC's- Unidades de Conservação

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	17
1.1 OBJETIVOS	19
1.1.1 Objetivo Geral	19
1.1.2 Objetivos Específicos	19
2 REVISÃO DA LITERATURA	19
2.1 FUNGOS POROIDES HYMENOGASTRALES E POLYPORALES	19
2.2 MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES (MDE)	24
2.2.1 PERSPECTIVA DE NICHOS ECOLÓGICO	27
2.2.2 MAXENT COMO FERRAMENTA PARA ANÁLISE DE DADOS	29
2.3 MODELAGEM ECOLÓGICA APLICADA A FUNGOS	31
2.4 FUNGOS POROIDES NA MATA ATLÂNTICA	34
3 MATERIAIS E MÉTODOS	35
3.1 SELEÇÃO DAS ESPÉCIES	35
3.2 DADOS DE OCORRÊNCIA DAS ESPÉCIES	36
3.3 MÉTODO PARA ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO DAS ESPÉCIES	37
3.3.1 VARIÁVEIS BIOCLIMÁTICAS	37
3.3.2 MAXENT	39
3.4 CONSTRUÇÃO E EDIÇÃO DOS MODELOS	40
3.5 AVALIAÇÃO E VALIDAÇÃO DOS MODELOS	41
4 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS DADOS	41
4.1 LISTA DAS ESPÉCIES	41
4.1.1 ESPÉCIES DE HYMENOGASTRALES	44
4.1.2 ESPÉCIES DE POLYPORALES	45
4.2 ANÁLISE DAS BIOVARIÁVEIS	47
4.3 ANÁLISE MAXENT PARA AS ORDENS	53
4.3.1 ORDEM HYMENOGASTRALES	53
4.3.2 ORDEM POLYPORALES	57
4.4 ANÁLISES DOS MODELOS	61
4.4.1 MODELOS PARA ESPÉCIES DE HYMENOGASTRALES	61
4.4.2 MODELOS PARA ESPÉCIES DE POLYPORALES	67
4.4.3 VALORES DE TREINAMENTO PARA AS ESPÉCIES	74
4.4.4 MODELOS PARA MATA ATLÂNTICA	75

5 CONCLUSÕES	80
6 REFERÊNCIAS	80
7 APÊNDICES	119
7.1 TESTE PCA PARA HYMENOGASTRALES	119
7.2 TESTE PCA PARA POLYPORALES	129

1 INTRODUÇÃO

Atualmente, a compreensão sobre padrões e processos associados às faixas de espécies e aos limites de alcance se tornou importante para melhoria dos planos de conservação, pois um melhor conhecimento permite a adoção de estratégias para aumentar a viabilidade populacional e até mesmo para prever onde espécies não descobertas podem ser encontradas (Bini et al., 2006). Uma das características primordiais da organização da vida é o padrão de distribuição da diversidade dos organismos (Carvalho e Almeida, 2011). Assim, o maior foco do estudo da biogeografia seria explicar os processos para tal diversidade e as razões para a variação do padrão de ocorrência das diferentes espécies (Cox e Moore, 2011), que continuaram influenciando os padrões geográficos da biodiversidade futura. Análises ecológicas que permitam aferir os padrões biogeográficos para espécies poroides são importantes para pavimentar o conhecimento sobre os fatores que afetam no seu aparecimento para diferentes áreas do Brasil (Lima et al., 2018).

Estudos sobre modelagem de distribuição de espécies (MDE) ou modelagem de nicho ecológico (MNE) são alternativas ecológicas que permitem verificar a possível ocorrência de espécies. Essas relações podem, então, ser usadas para gerar previsões adequadas que quantificam a correlação entre fatores ambientais e a distribuição de espécies (Miller, 2010), tornando as MDEs ferramentas poderosas e amplamente utilizadas para embasar estudos ecológicos, para identificar áreas potenciais de conservação da biodiversidade (Siqueira e Durigan, 2007), conservação de espécies raras ou ameaçadas (Araújo e Williams, 2000; Engler et al., 2004), reintrodução de espécies (Hirzel et al., 2002), perda de biodiversidade (Polasky et al., 2001) e impactos climáticos (Peterson et al., 2002; Oberhauser et al., 2003; Siqueira et al., 2003; Pearson et al., 2006; Araújo e Luoto, 2007; Thuiller et al., 2008; Wiens et al., 2009).

Fungos da classe Agaricomycetes estão alocados no Filo Basidiomycota e correspondem a um quinto de todos os fungos conhecidos (Kirk et al. 2008). As ordens atualmente inclusas neste grupo foram consideradas monofiléticas em análises moleculares suportadas para alguns grupos (Binder e Hibbett, 2002; Hibbett et al., 2014). Polyporales e Hymenochaetales são ordens posicionadas nessa classe e apresentam uma enorme variedade morfológica e taxonômica, sendo beneficiados pelas condições de temperatura e umidade encontradas em ambientes de florestas

(Schmit et al., 2005). Devido às constantes mudanças observadas em áreas climaticamente adequadas para espécies de fungos, os aspectos sobre sua conservação devem compor um estudo minucioso sobre a distribuição atual desses organismos que são ecologicamente e economicamente importantes, estimulando e ampliando o conhecimento de sua ocorrência.

O Brasil apresenta diferentes fitofisionomias, entre elas a Mata Atlântica que atualmente em decorrência da substituição da vegetação natural, esse bioma apresenta necessidades de intervenções para sua conservação (Tabarelli et al., 2005) e consequentemente dos organismos presentes nele, dentre os quais os fungos, que desempenham papel chave no ecossistema, como na ciclagem da matéria orgânica. Apresentam importância econômica, como agentes de biocontrole e produtores para indústria farmacêutica (Poucheret et al., 2006; Bisen et al., 2010) e sem uma estimativa da diversidade fúngica, torna-se difícil determinar o nível de importância de cada indivíduo na funcionalidade desses ecossistemas (Schmit e Mueller, 2007).

Além disso, a Mata Atlântica é reconhecida como área de importância ecológica na América do Sul, constitui uma das prioridades para a conservação da biodiversidade em todo o mundo (Myers et al. 2000; Mittermeier et al., 2005). Atualmente, a cobertura original desse bioma, considerando sua extensão territorial é de aproximadamente 13% de área ocupada, sendo o mais ameaçado entre os biomas que ocorrem no Brasil, restando cerca de 27% de sua cobertura florestal original, além disso, sua área encontra-se reduzida e fragmentada com remanescentes florestais localizados principalmente em áreas de difícil acesso (IBGE, 2019). Esse bioma apresenta alto nível de endemismo e constantes ameaças a sua biodiversidade. Está distribuído atualmente em 17 estados do território brasileiro, estendendo-se pela costa litorânea, uma região de grande importância para o país, pois abriga mais de 50% da população brasileira e é responsável por quase 70% do PIB nacional (Conservation International do Brasil et al., 2000).

Portanto, métodos que priorizem a conservação de áreas consideradas *hotspots* de biodiversidade, que são mapeadas globalmente com base em estruturas de vulnerabilidade e insubstituibilidade (Margules e Pressey, 2000; Mittermeier et al., 2011), fornecem novas oportunidades para redução da perda da diversidade de organismos que podem ocorrer nesses locais e pavimentam o caminho para reduzir os impactos ambientais através de uma gestão eficaz (Butchart et al., 2010; Carwardine et al., 2012). Assim, permitiriam aferir a possível ocorrência de espécies de fungos

presentes em áreas de vegetação de Mata Atlântica e orientariam ações para ampliação de unidades de conservação (UC's) existentes, (Lei nº 9.985, de 18 de julho de 2000). Nesse contexto, estratégias para caracterizar a distribuição dessas ordens de fungos e seus nichos ecológicos serão descritas, de maneira a permitir comparações, definições de medidas quantitativas desses indivíduos e, se necessário, sugerir unidades de conservação para recuperação de habitats que fortaleçam a prevalência e sobrevivência das populações de Basidiomycota que sofrem com os impactos das mudanças em seu habitat.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo Geral

Avaliar a distribuição e conservação de espécies de fungos poroides (Hymenochaetales e Polyporales, Basidiomycota) em áreas de Mata Atlântica do Brasil.

1.1.2 Objetivos Específicos

- Delimitar a ocorrência de espécies de fungos poroides, principalmente as com interesse econômico e biotecnológico.
- Avaliar a distribuição observada das espécies em estudo e selecionar as de maior ocorrência.
- Elaborar mapas da distribuição esperada das espécies.
- Verificar a atuação das atuais UCs de Mata Atlântica de Pernambuco na conservação de fungos poroides.
- Avaliar a funcionalidade dos modelos para as UCs de Mata Atlântica de Pernambuco.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 FUNGOS POROIDES (HYMENOGHAETALES E POLYPORALES)

Os fungos poroides são caracterizados por apresentar himenóforo tubular na superfície inferior do basidioma, formando poros onde são encontradas estruturas férteis e estéreis (Fidalgo, 1968; Ryvarden, 2004). São principalmente sapróbios e

predominantemente xilófilos (Pires et al., 2016), mas certas espécies são parasitas ou micorrízicas (Ryvarden, 1991; Tedersoo et al. 2007). Esse grupo de fungos pertence ao filo Basidiomycota e tem maior número de representantes em Hymenochaetales Oberw. 1977 e Polyporales Gäum. 1926 (Hibbett et al., 2007; Miettinen, 2011).

Hymenochaetales Oberw. é uma ordem caracterizada por apresentar macromorfologia e micromorfologia variada. A maioria das espécies possui basidioma efuso-reflexo, apesar de alguns representantes disporem de outras formas de basidioma, incluindo clavarióides, pileadas e ressupinadas (Parmasto, 2010). O himênio é geralmente poroide, mas também pode ser liso ou lamelado. Os Hymenochaetales poroides apresentam hifas generativas e/ou esqueléteas, seus esporos são lisos, mas espécies de alguns gêneros como *Coltriciella* Murrill, apresentam algum tipo de ornamentação (Larsson et al., 2006).

Os Hymenochaetales poroides são particularmente identificados por reação xantocróica com KOH, quando o basidioma torna-se amarelo a marrom escuro (Lee e Yun, 2011; Hibbet et al., 2014). Na sua maioria, fazem parte da família Hymenochaetaceae, um grupo geralmente aceito como uma unidade taxonômica natural bem definida (Jahn, 1963; Ryvarden, 1991; Hibbett e Donoghue, 1995), sendo sua monofilia apoiada pela reação xantocróica, ausência de grampos de conexão e ocorrência frequente de setas (Wagner e Fischer, 2001).

Com mais de 900 representantes distribuídos em cerca de 75 gêneros reconhecidos, a maioria das espécies de Hymenochaetales poroides pode ser degradadoras generalistas, causando podridão branca ao degradar lignina, celulose e hemicelulose, (Ryvarden, 2004) ou parasitas de diferentes gêneros de angiospermas e gimnospermas, como por exemplo espécies dos gêneros *Phellinus* Quél. e *Inonotus* P. Karst. (Wikstrom, 1976; Dai et al., 2010). Patógenos economicamente importantes incluem *Phellinus noxius* (Corner) G. Cunn em seringueiras e outras plantações de árvores tropicais (Nadris et al., 1983; Farid et al., 2009), *Inonotus ulmicola* (Corfixen) Spirin, Zmitr. e Malysheva em várias silviculturas e paisagismo urbano (Corfixen, 1990), *Phellinus weirii* (Murrill) Gilb. (Hansen e Goheen, 2000) e *Phellinus sulphurascens* (Pilát) L.W. Zhou e Y.C. Dai (Lim et al., 2005) como agentes de perturbação em florestas de coníferas em ambientes temperados. Exibem também papel importante na dinâmica e estrutura de comunidades de insetos (Jonsell et al., 2016).

Hymenochaetales poroides apresentam interesse medicinal, que inclui atividades anti-inflamatórias, capacidade de reduzir níveis lipídicos séricos do sangue, auxílio no tratamento para diabetes e alívio de choques sépticos (Dai et al., 2009; 2010; De Silva, 2012). São usados como fitoterápicos devido a suas propriedades anticancerígenas (Ju et al., 2010; Wu et al., 2012; Park et al., 2014), antioxidantes, antiproliferativas e antimicrobianas, como por exemplo *Inonotus sanghuan* (Wu et al., 2012; Dai e Cui, 2014; Liu et al., 2017, Zhang et al., 2019). *Inonotus obliquus* (Fr.) Pilát, *Phellinus baumii* (Pilát) L.W. Zhou e Y.C. Dai e *Phellinus gilvus* (Schwein.) Pat., são estudados em pesquisas sobre tratamentos para problemas do sistema respiratório (Jang et al., 2004; Youn et al., 2008; Géry et al., 2018), enquanto *Inocutis levis* (P. Karst.) Y. C. Dai, apresenta potencial na prevenção da diabetes do tipo II (Ehsanifard et al., 2017). *Inonotus hispidus* (Bull.) P. Karst., se mostrou benéfico para o tratamento de hepatocarcinoma em estudo com camundongos (Yang et al., 2019), enquanto *Fulvifomes fastuosus* (Lév.) Bondartseva e S. Herrera, revela ser eficaz no estudo sobre compostos anti-hepatoma numa nova perspectiva de estudo *in silico* por meio da análise farmacológica preditiva (Fernando et al., 2019). Representantes *Phellinus* exercem uma promissora atividade no desenvolvimento de medicamentos para uso clínico (Azeem et al., 2018).

Polyporales Gäum. é caracterizada por apresentar uma grande variedade no tipo de basidioma e configuração do himenóforo tornando-se uma das maiores ordens entre os Agaricomycetes. Exibem formas efuso-reflexas, ressupinadas, pileadas com ou sem estipe entre outras formas (Binder et al., 2013). A configuração do himenóforo é majoritariamente composta por formas poroides, mas também podem ser hidnóides, lamelados, merulióides ou lisos (Hibbet et al., 2014). O sistema hifálico inclui formas monomíticas (apenas com hifas generativas), bem como formas dimíticas e trimíticas com hifas esqueléticas e/ou conectivas de paredes espessas e variáveis formas dos basidiósporos (Gilbertson e Ryvarden, 1986).

Polyporales, à qual pertence a maior parte das espécies de fungos poroides, é composta por 23 famílias e 289 gêneros com aproximadamente 1.800 espécies descritas, representando cerca de 1,5% das espécies conhecidas de fungos (Kirk et al., 2008). Estudos filogenéticos baseados em regiões de DNA e genoma apoiam a monofila da ordem (Matheny et al. 2006; Justo e Hibbett 2011; Floudas et al. 2012; Miettinen et al. 2012; Sjöëvist et al. 2012; Binder et al. 2013; Justo et al., 2017).

Além de importantes decompositores, Jacobsen et al. (2017) relatam que insetos que habitam a madeira atuam como vetores da decomposição de árvores por espécies dos gêneros *Fomes* (Fr.) Fr. e *Trametes* Fr. Associações mutualistas com insetos também são reportadas para esses organismos (You et al., 2015; Biedermann e Veiga, 2019), assim como parasitismo de *Rigidoporus lignosus* (Klotzch) Imazeki, (Surdiman et al., 1992) e *Rigidoporus microporus* (Sw.) Overeem, (Farid et al., 2009; Oghenekaro et al., 2014) em seringueiras.

Pela sua capacidade de secretar enzimas hidrolíticas e lignolíticas, gêneros como *Hexagonia* Fr., *Datronia* Donk, *Earliella* Murrill, *Trametes*, entre outros, são estudados na biorremediação de compostos sintéticos atuando na descoloração de corantes na indústria têxtil (Lorenzo et al., 2002; Chander et al., 2004; Lyra et al., 2009; Solís et al., 2012; Ka et al., 2018; Patel et al., 2020; Uribe-Arizmendi et al., 2020).

Na medicina, Polyporales poroides contribuem para o desenvolvimento de novas pesquisas no tratamento de doenças como, por exemplo, espécies de *Ganoderma* P. Karst. que apresentam atividade anticancerígenas, antitumorais, antiproliferativas, antioxidantes e antimicrobianos (Sliva et al., 2002; Sliva, 2003; Saltarelli et al., 2015; Dai et al., 2017; Shamsaei et al., 2020). Muitas espécies são comercializadas como fitoterápicos e suplementos alimentares para o controle de sintomas hiperglicêmicos e hiperlipidêmicos por populações ocidentais, além de espécies venenosas que metabolizam micotoxinas e podem expressar uma enorme riqueza de produtos naturais ainda inexploradas (Chen et al., 2017; Wu et al., 2019). Embora apresente uma maior utilidade como medicamentos, espécies de *Ganoderma* também são formulados em cápsulas, comprimidos, chás, pastas e vários alimentos saudáveis e funcionais como nutracêuticos que melhoram a saúde humana e promovem a longevidade (Hsu e Chang, 2018). *Polyporus umbellatus* (Pers.) Fr., também é usado em medicamentos e suplementos alimentares para tratar edemas, demonstrando atividade anti-diurética, anti-inflamatória, anti-viral e melhoradora do sistema imunológico, além de efeito cosmético para crescimento capilar (Sun e Yasukawa, 2008; Bandara et al., 2015).

Outras espécies como *Fomes fomentarius* (L.) Fr. e *Trametes versicolor* (L.) Lloyd, apresentam compostos biologicamente ativos e promotores de saúde, como polissacarídeos β -glucanos com importantes propriedades que auxiliam nas atividades e funcionamento do sistema digestivo humano (Bulam et al., 2018).

Adicionalmente apresentam importância para o desenvolvimento de produtos cosméticos e cosmeceúticos sendo incorporados como ingredientes em cremes, loções, pomadas, soros e preparações faciais junto com outros representantes desse grupo, exemplo *Ganoderma lucidum* (Curtis) P. Karst e *Trametes lactinea* (Berk.) Sacc., (Wu et al., 2016; Taofiq et al., 2016, 2017). Vários outros cogumelos medicinais também são consumidos e apresentam valores nutricionais e dietéticos. Os processos recentes na pesquisa permitem novas perspectivas para aplicações futuras envolvendo representantes poroides e são bem abordados sobre o ponto de vista farmacológico para diferentes fins e interesses (Badalyan et al., 2019).

O uso gastronômico é relatado para alguns organismos e existem cerca de 200 gêneros de macrofungos utilizados por populações no mundo todo, incluindo representantes desta ordem, que demonstram sua importância na comercialização de produtos que adicionam fungos a sua composição (Boa, 2004; Kinge et al., 2014; Gupta et al., 2018). No Brasil, o uso de cogumelos comestíveis compreende a procura e o consumo de algumas espécies que complementam a dieta de muitos povos desde o passado até hoje. Os povos indígenas, por exemplo, usavam espécies de *Polyporus* P. Micheli ex Adans. e *Favolus* Fr. para seu consumo como os índios Yanomamis que ferviam e assavam essas espécies e outras para sua dieta (Vargas-Isla et al., 2013; Amopo, 2016).

Polyporales poroide também exibe potencial econômico devido ao seu papel nutricional como alimento para animais. *Fomes fomentarius*, por exemplo, foi estudado no uso para melhoramento nutricional e descarte de resíduos de azeitona que favorecem a digestibilidade do substrato por ruminantes devido ao aumento de proteína bruta pelo fungo (Neifar et al., 2013). *Polyporus squamosus* (Huds.) Quel., também revela propriedades nutritivas e composição química nutricional com altos níveis de carboidratos e proteínas presentes em seus basidiomas e suas propriedades biológicas indicam que ele pode ser mais explorado como um cogumelo medicinal na composição de diferentes produtos farmacêuticos, bem como suplemento dietético (Mocan et al., 2018).

A compreensão sobre fungos poroides em ambientes de clima tropical ainda apresenta lacunas (Gilbert et al., 2002; Muller et al., 2006) a serem preenchidas por estudos de distribuição de áreas e habitats em relação aos distúrbios ambientais, efeitos negativos da fragmentação das paisagens e necessidades de conservação (Sverdrup-Thygeson e Lindermayer, 2003; Hattori et al., 2012). Desse modo,

trabalhos que envolvam novas perspectivas de análise da ocorrência para espécies poroides demonstram uma visão futura em busca do entendimento potencial da sua distribuição e biogeografia (Gibertoni et al., 2015; Lima et al., 2018). Essas abordagens facilitariam o acesso de forma rápida e abrangente a locais de presença em áreas ainda desconhecidas, reduzindo os esforços contínuos e custos de coletas, permitindo estratégias de mapeamentos para conservação. Alcantara et al. (2019), por exemplo, relatam que áreas restauradas revelam nova ocorrência para Polyporales poroides e ressaltam a importância do conhecimento da distribuição desses organismos para traçar estratégias para a sua conservação. Entretanto, poucos estudos sobre modelos ecológicos foram previamente desenvolvidos na Mata Atlântica e pouco ainda se sabe sobre a distribuição desses fungos em florestas tropicais.

2.2 MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES (MDE)

Inicialmente, ecologistas realizaram estudos sobre modelos matemáticos para distribuição de plantas e animais concentrando seus esforços para elucidar padrões espaciais e temporais do comportamento dos organismos (Walker, 1990; Gaston, 1991; Booth e Wellington, 1998; Kriticos et al., 2003), utilizando modelos e processos relacionados ao potencial de crescimento e persistência das espécies (Carpenter et al., 1993). Trabalhos para entender a permanência das espécies em determinados habitats exibem um conhecimento detalhado das respostas dos organismos a um determinado intervalo de fatores ambientais ao longo do tempo (Shugart, 1980; Solomon e Cramer, 1993).

Embora proporcionassem importantes *insights* biológicos e ecológicos, esses modelos não satisfaziam as necessidades imediatas de conservação, para as quais geralmente faltavam informações adequadas sobre este processo (Carpenter et al., 1993). A biogeografia, a fim de entender a distribuição dos organismos no passado e no presente em relação às variações de padrões e processos geográficos ocorridas no planeta ao longo do tempo, busca gerar modelos espaciais que permitem compreender a biodiversidade (Myers e Giller, 1988; Brown e Lomolino 2006, Carvalho e Almeida, 2011), atualmente se concentrando na distribuição espacial e na abundância das espécies (Godsoe et al., 2017).

Nos últimos 25 anos, vários estudos foram desenvolvidos para estimar áreas de distribuição de espécies com base em correlações entre os locais de ocorrências conhecidas com variáveis ambientais. Os reconhecidos modelos de distribuição de espécies (MDE) (Species Distribution Models, em inglês) (Guisan e Zimmermann, 2000; Hirzel et al., 2002; Araújo e Guisan, 2006; Elith e Leathwick, 2009; Franklin, 2010) ou ENM (Ecological Niche Models) (Soberón e Peterson, 2005, 2012; Peterson et al., 2006; Soberón, 2010) são atualmente ferramentas que possibilitam melhor compreender a distribuição preditiva dos organismos. A modelagem de distribuição de espécies (MDE) é uma das ferramentas mais recentes e robustas usadas em ecologia, biogeografia e macroecologia (Soberón, et al. 2017). Outro termo também utilizado para abordar o estudo da modelagem ecológica é o “Modelo de Envelope Bioclimático” proposto por Araújo e Peterson (2012). O uso de metodologias envolvendo essa área de estudo teve um elevado crescimento nos últimos anos, com centenas de artigos sendo publicados (Lobo et al. 2010).

Tanto a importância das áreas de distribuição quanto os conceitos em biogeografia e ecologia, bem como a aplicação dessas duas ciências, explicam o crescente interesse nesse campo de estudo que é a modelagem (Peterson et al. 2011). São conhecidos diferentes métodos analíticos para definir o nicho ecológico de uma espécie e consequentemente sua distribuição geográfica, sendo estes divididos em modelos correlativos e modelos mecanísticos (Thuiller, 2003; Lima-Ribeiro e Diniz-Filho, 2013). Os modelos mecanísticos apresentam limitações em relação aos correlativos, pois sua aplicação é restrita a dados específicos da biologia das espécies. Uma discussão sobre esse modelo foi realizada por Guisan e Zimmermann (2000), que explicam que o modelo mecanístico é baseado nas funções fisiológicas das espécies e limitado quando não se conhece suas tolerâncias. Já os modelos correlativos admitem que a distribuição geográfica das espécies está diretamente relacionada às condições ambientais que delimitam seu nicho (Franklin, 2010).

Os programas que abordam esse último método de análise para estudos bioclimáticos atribuem diferentes estratégias para definir a distribuição dos organismos. Entre esses, estão os modelos de presença/ausência que predizem o nicho real, uma vez que os pontos de ausência podem inferir na influência das interações bióticas sobre o nicho (Jiménez-Valverde et al., 2008), levando em consideração localidades onde a espécie não ocorre, como por exemplo os modelos

lineares generalizados (GLM) (Nelder e Wedderburn, 1972), modelos aditivos generalizados (GAM) (Hastie e Tibshirani, 1990), entre outros. Já os modelos que usam somente dados de presença adicionam os pontos de ocorrência conhecidos das espécies com as variáveis ambientais para predizer as condições favoráveis de distribuição. Alguns programas que usam essas metodologias são Domain (Carpenter et al., 1993), ENFA (Environmental Niche Factor Analysis) (Hirzel et al., 2002) e BIOCLIM (Busby, 1991a, 1991b; Nix, 1986; Busby, 1991a, 1991b), que utilizam algoritmos de envelope multidimensional.

Por último, o método de presença/background compara condições ambientais das áreas de ocorrência e usa pontos aleatórios a partir de um “*background*” para determinar o nicho das espécies, permitindo, assim, verificar a especificidade do modelo utilizando omissões, pela ausência em um local onde a espécie é presente (pseudo-ausência) e comissões, pela ocorrência dentro da área de presença conhecida (Peterson et al., 2011), resultando em um nicho intermediário entre o nicho realizado e o fundamental (Jiménez-Valverde et al., 2008), chamado de nicho potencial. Os algoritmos que utilizam esse método são: algoritmo genético para produção de conjuntos de regras, do inglês Genetic Algorithm for Rule-set Production (GARP) (Stockwell e Peters, 1999), vetores de suporte de máquina, do inglês Support Vector Machine (SVM) (Tax e Duin, 2004), e o algoritmo de Máxima Entropia (MaxEnt) (Phillips et al., 2006).

Os estudos são promissores por todo o mundo e os trabalhos utilizando modelos, especificadamente o MaxEnt, tiveram um amplo e crescente desenvolvimento na última década (Anderson e Gonzalez, 2011; Ibarra-Montoya et al., 2012; Kumar e Stohlgreen J., 2009; Khanum et al., 2013; Yang et al., 2013; Fourcade et al., 2014; Radosavljevic e Anderson, 2014; Chen et al., 2015; Yuan et al., 2015; Coelho et al., 2016; Chahouki e Sahragard, 2016; Qin et al., 2017; Préau et al., 2018; Sarikaya et al., 2018; Cobos et al., 2019; Wang et al., 2020). Contribuições significativas são encontradas para a botânica (Coelho et al., 2016; Inácio-Silva et al., 2017; Costa et al., 2017; Chagas et al., 2020; Cordeiro, 2018) e zoologia (Lacerda, 2013; Jaramillo, 2018), em particular a ornitologia (Matos, 2010), ictiologia (Latini, 2006), entomologia (Júnior et al., 2009; Corrêa, 2014), herpetologia (Giovanelli, 2009) e carcinologia (Nabout et al., 2009), além de trabalhos para conservação de áreas (Ferraz et al. 2012; Sobral-Souza, 2016; Negrão e Löwenberg-Neto, 2018).

No Brasil, o Ministério do Meio Ambiente, por meio do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio), usa MDEs na orientação de propostas e ações de monitoramento para proteção de espécies ameaçadas através de planos de recuperação de espécies (Ferraz et al., 2012). Novos desafios da modelagem preditiva de espécies são reportados por Giannini et al. (2012). Assim, a modelagem preditiva de distribuição de espécies pode apoiar decisões estratégicas na conservação da natureza e dos organismos vivos para regiões tropicais e os modelos de nicho ecológico são ferramentas viáveis no entendimento da distribuição das espécies de fungos poroides, na investigação sobre sua biogeografia e ecologia e ampliação do conhecimento das áreas com potencial ocorrência.

2.2.1 PERSPECTIVA DE NICHOS ECOLÓGICO

A ideia das espécies se comportarem de maneiras distintas diante das características do ambiente e suas relações com fatores ambientais, despertou atenções e abriu caminho para o surgimento do conceito de nicho ecológico. Inicialmente, Grinnell (1917) estabeleceu relações sobre a dinâmica ecológica entre as espécies e sua ocupação espacial. A dimensão grinnelliana abrange os efeitos do ambiente na distribuição das espécies e fatores que conduzem a evolução orgânica dos organismos (Griesemer, 1990), incluindo análises elaboradas dos componentes abióticos e bióticos em um ecossistema.

Para Grinnell (1924), as condições de distribuição das espécies e as causas para sua existência e persistência estão intimamente ligadas ao ambiente que ocupam. Darwin e Wallace (1858) já apresentavam ideias de distribuição geográfica em seus argumentos, favorecendo a seleção natural como mecanismo principal da evolução. Em seguida, Elton (1927) atribui ao conceito de nicho ecológico o papel funcional das espécies em uma rede trófica. No que compreende a dinâmica de comunidades, os organismos participam das atividades que realizam no meio ambiente através de interações entre eles. Nessa interpretação o papel funcional de um organismo e seus efeitos locais estão alocados nos impactos causados pela dinâmica das populações.

Hutchinson (1957) atribui uma nova perspectiva sobre a qual dimensiona o espaço fundamental para ocorrência das espécies. Trata-se de uma classificação entre dois eixos, na qual atribui uma formulação abstrata matemática sobre o que

chama de nicho fundamental e nicho efetivo ou real. De acordo com Hutchinson (1957), o nicho fundamental ou potencial é um conjunto de condições ambientais viáveis que possibilitam o estabelecimento e a sobrevivência de determinada espécie, enquanto o nicho efetivo compreende a existência da interação com outros organismos, além das características físicas do ambiente que possibilita a ocorrência em um espaço menor em que a espécie realmente se encontra.

Bergon et al. (2007) destacam que a distribuição geográfica de espécies, gêneros, famílias, e outras categorias taxonômicas superiores refletem as condições de divergência geográfica dos organismos. O nicho ecológico serve como entendimento para as atuais mudanças entre grupos de organismos no espaço geográfico e atualmente é um conceito central no estudo da ecologia moderna (Leibold, 1995), permitindo que as espécies satisfaçam seus requerimentos mínimos para sua existência. Uma estrutura para tais previsões certamente fortaleceria a ecologia de comunidades como uma ciência preditiva e facilitaria nossa compreensão dos padrões de diversidade (Chase e Leibold, 2002), visto que diferentes áreas e pesquisadores apresentam conceitos e convenções distintas sobre a aplicação de nicho ecológico em sua terminologia (Peters, 1991; Holt, 2009).

Diferentes abordagens sobre o uso do conceito de nicho ecológico em relação à modelagem de distribuição de espécies são estabelecidas por McInerny e Etienne (2012, 2012a, 2012b). Atualmente, diferentes áreas de estudo, sejam na biologia, biogeografia ou outras ciências relacionadas, reconhecem a importância da ecologia e dos fatores que perpassam a dinâmica das populações e modo de vida dos organismos. Para Peterson e Soberón (2012), o nicho específico que está intimamente relacionado ao problema de estimar áreas de distribuição das espécies permite mensurar, caracterizar e usar como base terminológica para descrever e entender as práticas relacionadas à modelagem de distribuição de espécies.

Os estudos atuais sobre ecologia de comunidades apresentam um crescimento no desenvolvimento de modelos de nicho ecológico (Peterson, 2001). A ciência se estabelece na busca da transformação do conhecimento por não se tratar de uma ciência meramente exata e, ao longo do tempo, novos conceitos se fundamentam na compreensão das diferentes áreas da ecologia. Holt (2009) sugere que o termo “modelo de nicho ecológico” seja amplamente utilizado para abranger modelos experimentais, bem como modelos estatísticos de distribuição, permitindo novas abordagens para o entendimento de nicho no século XXI.

2.2.2 MAXENT COMO FERRAMENTA PARA ANÁLISE DE DADOS

A aplicação da entropia máxima para estudos sobre distribuição de espécies está fundamentada no princípio da segunda lei da termodinâmica (Aoki et al., 1989; Ozawa et al., 2003). Esta aplicação específica que, em um sistema sem interferências externas, as partículas se movem em uma direção que maximiza a desordem em função da temperatura. Abordagens sobre o princípio da máxima entropia são fornecidas por Jaynes (1982), que discute as relações entre a entropia máxima e outros métodos de análise espectral e conclui que a máxima entropia leva em consideração informações convincentes de multiplicidades, diferente de outras metodologias ortodoxas que devido às suas falhas em admitir probabilidades anteriores nas análises dos dados e reconstrução de imagens não apresentam sucesso.

MaxEnt é um modelo estatístico, originário nos estudos sobre mecânica estatística estabelecida por Jaynes (1957). Desenvolvido como um aplicativo para análise de dados é um software que usa algoritmo aplicando uma técnica de aprendizagem de máquina baseada no princípio de entropia máxima. Foi desenvolvido como método para realizar previsões ou inferir áreas por meio de informações incompletas através de conjuntos de dados somente de presença, a fim de modelar a distribuição das espécies (Phillips et al., 2006). É um programa baseado em Java e foi especificadamente criado para estimar a probabilidade alvo de distribuição dos organismos.

O programa estima distribuições geográficas potenciais calculando a relação entre os dados de ocorrência conhecidos pelos registros disponíveis para estudo e os parâmetros ambientais (Phillips et al. 2006). Quando comparado a outros métodos e algoritmos usados para modelar espécies, MaxEnt obtém ótimos resultados em relações aos demais (Elith et al., 2009; Costa et al., 2018). O pacote MaxEnt é um dos programas mais populares em estudo de distribuição e modelagem de nicho ambiental atualmente (Urbina-Cardona et al., 2019). Assim, esse algoritmo é usado para resolver problemas cada vez mais complexos e não simples análises exploratórias (Merow et al., 2013).

A construção do MaxEnt através das medidas de Shannon (1948) envolve o entendimento da distribuição de probabilidade π para as ocorrências de cada espécie nos pixels da área de estudo (X), baseado na ideia de que a melhor aproximação

satisfaça quaisquer restrições da distribuição desconhecida e essa tenha uma entropia máxima (Fig. 1). De tal modo, a verdadeira distribuição de uma espécie é representada como a probabilidade de distribuição π sobre um conjunto X de locais na área de estudo, em que π atribui um valor não negativo para cada local X e os valores $\pi(x)$ somam 1. A aproximação de π é conhecida como distribuição de probabilidade, representada por $\hat{\pi}$ e sua entropia é definida como um logaritmo natural (ln) do número de elementos em X . (Phillips e Dudík, 2008).

$$H(\hat{\pi}) = - \sum_{x \in X} \hat{\pi}(x) \ln \hat{\pi}(x)$$

Figura 1 – Formulação matemática aplicada no modelo MaxEnt numa perspectiva geográfica (Phillips et al., 2016).

Outra perspectiva ao entendimento do modelo MaxEnt por uma nova descrição seria por um viés ecológico, considerando o espaço ambiental ao invés do espaço geográfico, definindo covariáveis que estima a relação $f_1(\mathbf{z})/f(\mathbf{z})$, em que $f_1(\mathbf{z})$ é a densidade de probabilidade de covariáveis em locais em que a espécie está presente e $f(\mathbf{z})$ corresponde a densidade probabilística de covariáveis em uma amostra aleatória. De acordo com essa nova perspectiva a paisagem de interesse é denotada por L , $y = 1$ seria a presença da espécie, $y = 0$ ausência da espécie e $\mathbf{z}$ = vetor de covariáveis representando as condições ambientais (Elith et al., 2011).

De acordo com Elith et al. (2011), esta seria a saída bruta do modelo e, portanto, representaria uma distribuição com máxima entropia mais irrestrita, fornecendo informações sobre quais recursos são importantes em estimar a adequação relativa de um local versus outro. Os dados de presença/background para essa descrição permitem modelar a distribuição dentro de uma constante de $Pr(y = 1/\mathbf{z})$, com aplicação da regra de Bayes (Fig. 2- Elith et al., 2011) e, busca a prevalência das espécies, ou seja, a proporção de locais ocupados na paisagem representado pelo segundo termo $Pr(y = 1)$.

$$Pr(y = 1 | \mathbf{z}) = f_1(\mathbf{z})Pr(y = 1)/f(\mathbf{z})$$

Figura 2 – Formulação matemática de Bayes para MaxEnt numa perspectiva estatística ecológica (Elith et al., 2011).

Phillips et al. (2017) disponibilizam uma nova versão de uso livre do programa para análises de dados que contém pequenas alterações funcionais, principalmente o uso de uma transformação complementar de log-log (cloglog) para produzir uma estimativa da probabilidade de ocorrência. A transformação deriva da interpretação com o método não homogêneo de Poisson (IPP) (Aarts et al.; 2012; Fithian e Hastie, 2013; Renner e Warton, 2013). Esse objeto matemático modela os registros de ocorrência como sendo obtidos com probabilidade proporcional à abundância local das espécies, deixando de lado as complicações devido ao viés de seleção da amostra (Phillips et al., 2009; Fithian e Hastie, 2013; Renner et al., 2015).

A versão mais atual do programa permite correções de erros da versão 3.4.0 e está disponível para download na plataforma online (https://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/). Estudos que comparam o desempenho do MaxEnt comprovam sua eficácia em relação à precisão nas análises preditivas que se sobressai em relação a outros algoritmos de MDE, devido à sua capacidade de ajustar funções complexas e variáveis ambientais (Elith et al., 2006; Daniel, 2014). Como resultado, o programa se tornou o MDE mais usado para prever possíveis distribuições para diversos fins em biogeografia, biologia da conservação e ecologia, sendo usado em 73% dos artigos que usam modelagem de distribuição de espécies na América Latina (Urbina-Cardona et al., 2019).

2.3 MODELAGEM ECOLÓGICA APLICADA A FUNGOS

Determinar a amplitude e os padrões da diversidade de espécies de fungos tem sido um desafio contínuo para os micologistas (Hyde 2001; Hawksworth, 2001; Hawksworth e Mueller, 2005; Blackwell, 2011; Maia et al., 2015; Hawksworth e Lücking, 2017). Os fungos são pouco conhecidos e muitas vezes efêmeros e enigmáticos, o que dificulta o inventário para o entendimento de sua ocorrência (Mueller et al. 2004). A identificação de áreas propícias para conservação representa um passo importante para determinar a presença desses organismos. No entanto, isso depende muito dos mapas de distribuição de espécies, que ainda são escassos ou baseados em dados

incompletos especialmente nas regiões mais ricas em espécies do mundo (Loiselle et al., 2007).

As informações disponíveis em bancos de dados sobre os registros e ocorrência dos taxóons (Godown e Peterson, 2000; Sánchez-Cordero e Martinez-Meyer, 2000), apresenta uma fonte inexplorada para o estudo de distribuição de espécies como uma ferramenta poderosa para prever a área de ocupação dos organismos (Andrew et al., 2019). A quantidade de espécies de fungos para a qual se conhece sua distribuição atual é escassa e, além disso, a maioria das espécies possui um pequeno número de registros de ocorrência catalogados em bancos de dados disponíveis.

Poucos são os trabalhos sobre modelagem para fungos e os que se conhece dispõe de dados prévios da ocorrência desses organismos como os registros de herbário para analisar a potencial distribuição desses organismos. No estudo realizado por Wollan et al. 2008 no norte da Noruega, foram utilizados dados de herbário para modelar áreas potenciais para nove espécies de macrofungos, analisando a influência dos parâmetros climáticos na distribuição das espécies. O sucesso dos modelos levantou discussão sobre quão adequado é o estudo da modelagem para fungos e para análises de padrões ecológicos e biogeográficos para esses organismos. Concluindo que fungos podem responder fortemente ao aquecimento global, que o sucesso da modelagem é parcialmente dependente das espécies e características da distribuição, principalmente em relação a área de estudo e, por fim, constatando que os dados de herbário aprimoram a percepção dos fatores que controlam a distribuição de macrofungos.

Por este motivo, os estudos sobre modelagem ecológica e a distribuição geográfica potencial das espécies são métodos importantes para auxiliar nas práticas conservacionistas, sobre o comportamento das espécies frente às ações antrópicas, na definição de áreas prioritárias para conservação, manutenção e equilíbrio dos serviços ecossistêmicos (Costa et al., 2018;), pois essas representam características favoráveis a ocorrências das espécies (Guisan; Zimmermann 2000; Guisan e Thuiller 2005). Modelar os processos que produzem a área de distribuição potencial e remete às casualidades dos fatores no tempo e no espaço, obviamente, requer algumas hipóteses sobre a ecologia das espécies através da investigação relacionada ao nicho (Peterson e Saberón 2012).

Yuan et al. (2015) estudaram um grupo de basidiomicetos chamados “Sanghuang” da ordem Hymenochaetales, tradicionalmente conhecidos pela sua

importância medicinal e, portanto, altamente valorizados no leste da Ásia. Devido à demanda substancial e coleta excessiva desses fungos selvagens, sua população diminuiu drasticamente e, nesse estudo, buscaram analisar os principais fatores ambientais que influenciam as faixas de alcance das espécies afim de fornecer o entendimento para medidas de conservação apropriadas desse grupo de fungo. Os resultados mostraram que para cada uma das três espécies de *Phellinus* do grupo as áreas de distribuição foram distintas, variando entre as regiões e espécies e tendo o Nordeste Chinês como a região com ocorrência potencial em comum para todas. Elias et al. (2020) também desenvolveram um estudo para essa ordem sobre a biogeografia e distribuição de *Phellinotus piptadeniae* (Texeira) Drechsler-Santos e Robledo, usando relações prévias do hospedeiro afim de discutir o atual padrão de distribuição da espécie e concluíram que a espécie é generalista com ampla distribuição geográfica, provavelmente devido à associação de múltiplos hospedeiros, possibilitando sua ocorrência em habitats heterogêneos. Outros estudos sobre modelagem envolvendo fungos são relatados para líquens (Szczepanská et al., 2015; Dymytrova et al., 2016; Smith et al., 2016; Oh et al., 2019; Menezes et al., 2020), para ordem Boletales (Pietras et al., 2019; Banasiak et al., 2019), fungos ectomicorrízicos (Guo et al., 2017; Pietras, 2019), clararióides (González-Ávila et al., 2013), Ascomycota (Yan et al., 2017) e outros organismos como Mixomicetos (Almadrones-Reyes e Dagamac, 2018).

Apesar de estudos com modelos ecológicos apresentarem um avanço constante ao longo dos anos em todo mundo e para diferentes grupos de seres vivos (Phillips e Dudík, 2008; Wollan et al., 2008; Tittensor et al., 2009; Tognelli et al., 2009; Williams et al., 2009; Isbell e Yong, 2009), pouco ainda foi realizado para fungos. A maioria dos modelos é dirigida aos fungos micorrízicos arbusculares ou patógenos (Ron, 2005; Baptista-Rosas et al., 2007; Reed et al., 2008; Veresoglou et al., 2013; Escobar et al., 2014; Xiang et al., 2016; Kivlin et al., 2017; Větrovský et al., 2019; Zimkus et al., 2020; Davison et al., 2021) e poucos trabalhos analisam a distribuição desses organismos em áreas do Brasil (Elias et al., 2020).

Portanto, é essencial formular medidas robustas de conservação e restauração para fungos das ordens Hymenochaetales e Polyporales que apresentam interesse econômico e biotecnológico importantes devido à pouca informação sobre seu crescimento e distribuição na natureza.

2.4 FUNGOS POROIDES NA MATA ATLÂNTICA

Criado por Myers (1988), o termo “*Hotspots*” de biodiversidade refere-se a uma área de importância ecológica que apresenta vegetação com características próprias e, conseqüentemente, abriga espécies endêmicas. A Mata Atlântica é considerada um dos 35 *hotspots* globais de biodiversidade, com uma taxa de diversidade de organismos alta, exibindo um elevado grau de endemismo (Mittermeier et al., 2005), embora muito ameaçada pelas crescentes atividades humanas (Myers et al., 2000; Mittermeier et al., 2011), que causam desaparecimento de espécies devido à sua fragmentação e destruição.

Dean (1996), em seu trabalho sobre a história e a devastação na Mata Atlântica brasileira, defende que as causas imediatas da perda de habitat seriam a exploração excessiva dos recursos florestais pelo ser humano, além do uso da terra para agricultura e povoamento de forma não sustentável à medida que as florestas seguem sendo ocupadas. Mori et al. (1981) já acreditavam ser a Mata Atlântica o ecossistema tropical, em todo o mundo, em estado mais crítico de degradação. Portanto, ao longo de sua história esse domínio enfrentou transformações negativas e, atualmente, está fortemente fragmentado. Os impactos das mudanças climáticas compõem uma crescente parcela nessa transformação, pois a alteração na precipitação e a temperatura, o aumento do nível e a acidificação dos oceanos, assim como a perda de habitat ameaçam uma grande fração de espécies (Bellard et al, 2012).

A distribuição da vegetação é fortemente influenciada pela umidade do ar trazido pelos ventos marinhos do oceano, seguido do regime de distribuição de chuvas, da altitude e do tempo de duração da estação seca (Oliveira-Filho e Fontes 2000). Alterações climáticas e a fragmentação de habitats interrompem os processos ecológicos, testam a tolerância fisiológica das espécies, transformam florestas em desertos e levam populações humanas a degradarem o ambiente (Turner, 2010). À medida que as ameaças continuam inabaláveis e os impactos das mudanças climáticas se multiplicam, a estratégia mais utilizada tem sido a conservação de ecossistemas naturais em unidades de conservação da natureza para proteger áreas e conseqüentemente indivíduos que habitam nela (Rylands e Brandon, 2005).

Vários estudos sobre fungos poroides vêm sendo realizados na Mata Atlântica brasileira, sendo muitos de listagem de espécies ocorrentes nesta área (Baltazar e Gibertoni, 2009; Motatto-Vásquez et al., 2014; Gibertoni et al., 2014; Lira et al., 2015;

Pires e Gugliotta, 2016) e vários outros sobre delimitação de espécies que indicam grande diversidade desses organismos (Campos-Santana et al., 2015; Maia et al., 2015; Komonen et al., 2018; Lima et al., 2020; Motato-Vásquez et al., 2020) e poucos de ecologia e distribuição (Gibertoni et al., 2007; Gibertoni et al., 2015, Nogueira-Melo et al., 2017; Lima et al., 2018; Elias et al., 2020). Existe apenas um trabalho com MDE para líquens nesse bioma (Menezes et al., 2020), o que indica a necessidade de mais estudos usando modelos de distribuição para outros grupos de fungos, a fim de analisar áreas adequadas que podem sofrer alterações climáticas e que são prioritárias para conservação.

O estabelecimento de estratégias para recuperação da biodiversidade da Mata Atlântica é complexo (Almeida, 2016), mas necessário, visto que o panorama atual não é dos mais animadores e a Mata Atlântica compreende um dos mais alterados ecossistemas terrestres. Em um ecossistema em que as espécies estão muito entrelaçadas em uma rede complexa de interdependência, o mapeamento é importante, porque a partir dele se obtém diversas informações das espécies que habitam nesta área e possibilitam possíveis planos de conservação (Trindade et al., 2005). Mapeamentos dos remanescentes de Mata Atlântica já têm sido realizados pelo Instituto Nacional de Pesquisa Espaciais (INPE) e têm se mostrado uma ferramenta primordial para o entendimento da expansão territorial atual da Mata Atlântica. Devemos nos questionar até que ponto existem substitutos espaciais para garantir a biodiversidade e quais os fatores de vulnerabilidade que medem os riscos para presença das espécies numa dada região. Se as espécies e os ecossistemas altamente ameaçados não estiverem protegidos agora, não teremos outra chance futuramente.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 SELEÇÃO DAS ESPÉCIES

Foram selecionadas preferencialmente espécies de interesse econômico e biotecnológico com aplicações na farmacologia, biorremediação e alimentação, além de parasitas e decompositoras com ocorrência conhecida para a Mata Atlântica do Brasil, sendo as espécies com maiores registros nos bancos de dados priorizados, com intuito de evitar problemas de amostragens relacionado ao número de registros

insuficientes. Foram evitadas, a princípio, as espécies pertencentes a complexos de espécies e com registros de ocorrência fora da região pantropical. As espécies da ordem Hymenochaetales e Polyporales foram previamente organizadas em uma checklist de acordo com o número de ocorrência e foi realizada uma triagem para seleção das que apresentavam maior número de registros no specieslink (<http://splink.cria.org.br/>) sendo seis espécies selecionadas para cada ordem.

3.2 DADOS DE OCORRÊNCIA DAS ESPÉCIES

A maioria dos dados disponíveis para modelagem é proveniente de herbários, que, portanto, são dados típicos de presença dos organismos, coletados durante expedições de campo e registrados em planilhas disponíveis para consulta (Zaniewski et al., 2002). Eles continuam sendo uma fonte disponível de magnitude suficiente no que diz respeito a dados relevantes e amplos de distribuição.

Os dados para as áreas com registros de ocorrência das espécies entre Hymenochaetales e Polyporales foram obtidos utilizando a plataforma GBIF- Global Biodiversity Information Facility (<https://www.gbif.org/>), afim de compila o máximo de registros para diferentes bancos de dados no mundo e evitar duplicações circulares das informações com outros bancos de dados mais restritos, já que o número de registros de herbário para o GBIF, é maior e algumas espécies selecionadas apresentam ocorrência conhecida para região pantropical. A nomenclatura das espécies seguiu o Index Fungorum (IF) (<http://www.indexfungorum.org>) e o Mycobank (MB) (<http://www.mycobank.org/>), além de literatura específica recente ou de referência para cada táxon. Os pontos de ocorrência (longitude e latitude) foram extraídos para uma planilha no formato CSV com ponto como separador decimal na planilha. As coordenadas ou georeferenciamento que não foram informados nas planilhas foram localizados pela ferramenta Google Earth utilizando o site (<https://www.mapcoordinates.net/pt>), considerando as georreferências dos municípios ou localidades mais próximas disponíveis nas planilhas de coletas. Mesmo assim, alguns registros foram desconsiderados, pois não apresentavam quaisquer informações de coordenadas geográficas ou locais de referência.

3.3 MÉTODO PARA ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO DAS ESPÉCIES

O método analítico usado para determinar o nicho ecológico das espécies foi o modelo correlativo que se baseiam nas informações ambientais relacionadas ao conjunto de pontos de ocorrência de uma espécie, como forma de inferir seu nicho (Pearce e Ferrier, 2000; Thuiller, 2003). Inicialmente, as planilhas com os registros das espécies foram salvas em formato CSV (texto separado por vírgulas), seguindo a formatação do computador na linguagem inglesa, e as colunas foram organizadas por nome da espécie, longitude e latitude respectivamente. Após a configuração das planilhas contendo as coordenadas, foram incorporadas no programa as variáveis bioclimáticas mais a variável de altitude convertidas do formato GeoTIFF para ASCII pelo programa QGis -Sistema de informação geográfica livre, (<https://www.qgis.org/en/site/>) e as camadas de classes vegetais. Posteriormente essas foram associadas a um local de saída e ao fim da análise os modelos foram discutidos.

3.3.1 VARIÁVEIS BIOCLIMÁTICAS

A teoria ecológica revela que a distribuição das espécies é determinada pelas variáveis ambientais e que a proporção dos indivíduos ocorre conforme os gradientes de recursos e condições ambientais (Austin, 2007). Dessa forma, foram utilizadas variáveis preditivas para geração dos modelos (Tabela 1), sendo a variável elevação somada à 19 variáveis bioclimáticas preditoras provenientes de simulações climáticas, sendo todas essas derivadas dos Atmosphere-Ocean General Circulation Models (AOGCM), disponíveis no site Bioclim (<https://www.worldclim.org/data/worldclim21.html>) versão 2.1 para 1970-2000 lançada em janeiro de 2020 (Fick e Hijmans 2017). Além disso, 10 variáveis de vegetação extraídas do EarthEnv, disponíveis no site (<https://www.earthenv.org/landcover.html>) foram incorporadas, totalizando 30 variáveis preditoras.

As variáveis ambientais utilizadas são fatores abióticos, como temperatura, precipitação, isothermalidade, entre outras, que apresentam um nível de complexidade mais elevado em relação a fatores bióticos (Soberón e Peterson, 2005). Entretanto, 10 classes bióticas correspondentes a cobertura vegetal terrestre foram adicionadas

ao estudo, já que os fungos aqui estudados apresentam alta dependência do substrato vegetal. Foram usados pontos em grids com resolução espacial de 30 segundos correspondente a aproximadamente 1 km².

Foi realizada análise de componentes principais (PCA) com as 30 variáveis preditoras para as 12 espécies do estudo, a fim de selecionar as variáveis com melhor contribuição para cada modelo, removendo possíveis autocorrelações espaciais entre elas. Em seguida, foi realizada a análise no MaxEnt usando a técnica (bootstrap) com 10 réplicas dos modelos para cada espécie, as quais foram obtidas 100% de contribuição das variáveis para cada espécie, totalizando 120 modelos finais.

Tabela 1. Indicadores e descrição das variáveis bioclimáticas

Indicador	Variável Bioclimática	Referência
BIO1	Temperatura média anual	WorldClim
BIO2	Intervalo médio diurno (Média mensal)	
BIO3	Isotermalidade (BIO2 / BIO7)	
BIO4	Sazonalidade da temperatura	
BIO5	Temperatura máxima do mês mais quente	
BIO6	Temperatura mínima do mês mais frio	
BIO7	Faixa anual de temperatura (BIO5-BIO6)	
BIO8	Temperatura média do quadrimestre mais chuvoso	
BIO9	Temperatura média do quadrimestre mais seco	
BIO10	Temperatura média do quadrimestre mais quente	
BIO11	Temperatura média do quadrimestre mais frio	
BIO12	Precipitação anual	
BIO13	Precipitação do mês mais chuvoso	
BIO14	Precipitação do mês mais Seco	
BIO15	Sazonalidade da precipitação	
BIO16	Precipitação do quadrimestre mais chuvoso	
BIO17	Precipitação do quadrimestre mais seco	
BIO18	Precipitação do quadrimestre mais quente	
BIO19	Precipitação do quadrimestre mais frio	
Elev	Elevação	

Class1	Árvores perenes/decíduas em folha agulha	
Class2	Árvores perenes de folha larga	
Class3	Árvores decíduas de folhas larga	
Class4	Árvores mistas/Outras	
Class5	Arbustos	Tuanmu e
Class6	Vegetação Herbácea	Jetz (2014)
Class7	Vegetação Cultivada e Manejada	
Class8	Vegetação regularmente inundada	
Class9	Urbano/Construído	
Class11	Árido	

3.3.2 MAXENT

Embora existam outros algoritmos utilizados para práticas de modelagem de distribuição de espécies, como é o caso do GARP, SVM, Domain, ENFA, BIOCLIM e outros, para o presente estudo foi utilizado o modelo de entropia máxima MaxEnt (versão 3.4.1). A escolha do algoritmo foi baseada na sua capacidade de considerar pseudoausências e gerar modelos mais robustos (Elith et al., 2006), como ferramenta de modelagem potencial, utilizando a configuração padrão do software (Phillips et al., 2006). Geralmente, faltam informações sobre a ausência de espécies em determinadas localidades, portanto, pseudo-ausências são frequentemente incorporadas aos dados de treinamento para alguns algoritmos (Lobo et al., 2010).

Esse algoritmo declara de maneira sucinta que quando fazemos inferências baseadas em informações incompletas, devemos extraí-las daquela distribuição de probabilidade que possui a maior entropia permitida pelas informações que possuímos. Para a execução dos modelos, foram utilizados dados de presença das espécies e uma formulação matemática que apresenta uma predição precisa amostral (Phillips et al., 2006; Pearson et al., 2006). O MaxEnt considerou a similaridades dos registros de ocorrência usados, reduzindo o total de locais de presença para todas as espécies ao final de cada análise, ou seja, as coordenadas repetidas foram interpretadas como um único local de presença.

O teste jackknife foi utilizado para avaliar a importância relativa de variáveis explicativas únicas incluídas no desenvolvimento do modelo e responsável por calcular uma distribuição estimada, criando várias amostras da amostra original (reamostragem). Foi analisado o desempenho individual de cada variável para determinar qual a que apresentava maior adequação por si só nos modelos e qual variável possuía maior ganho de omissão com informações contidas que não estavam presentes em outras variáveis. As variáveis ambientais com maiores ganhos de treinamento quando usadas isoladamente foram consideradas com a maior influência relativa na AUC dos modelos.

3.4 CONSTRUÇÃO E EDIÇÃO DOS MODELOS

Mapas de distribuição geográfica são essenciais, independentemente do tipo de abordagem de conservação (Graham e Hijmans, 2006; Kocha et al., 2017). Para construção dos mapas de distribuição, foi utilizado o algoritmo MaxEnt para o formato saída 'logistic' e verificado os valores de AUC (Area Under Curve) obtidos para cada espécie, os quais variam entre 0-1, sendo os valores $<0,7$ não significativos, entre 0,7-0,9 moderadamente significativos e $>0,9$ estimados modelos de excelente desempenho (Pearce e Ferrier 2000, Elith et al. 2006).

Após a elaboração dos modelos, foi realizada a edição dos mapas por meio do programa QGIS (Versão 3.16.5). Os modelos foram tratados usando a ferramenta raster (Calculadora raster) e o arquivo AVG de cada espécie extraído do MaxEnt ao fim das análises. Foi utilizada a média do valor mínimo de presença das espécies usadas no treinamento (Minimum training presence logistic threshold) extraído da planilha de resultados.

Posteriormente, o arquivo em formato GeoTIFF binário foi multiplicado pelo arquivo AVG, fornecido dos resultados da análise pelo MaxEnt para serem adicionadas as camadas de cores aos mapas através da ferramenta Symbology do QGIS. As cores foram ajustadas com uma 'renderização pseudocolor' de banda única, usando seis classes de cores com intervalos iguais. As áreas com valores baixos representam áreas com menor adequabilidade bioclimática e corresponde as cores fracas nos mapas, e as que correspondem a cores mais fortes com maior adequação bioclimática para as espécies no estudo com valores que se aproximam de 1.

Adicionalmente, foram feitas pranchas dos modelos finais usando o shapefile do Bioma Mata Atlântica, extraído do Portal TerraBrasilis (<http://terrabrasilis.dpi.inpe.br/>) e o shapefile dos 17 estados do Brasil em que esse bioma ocorre, extraído do portal de mapas do IBGE (<https://portaldemapas.ibge.gov.br/portal.php#homepage>), para analisar as áreas dos estados em que as espécies apresentam maior distribuição potencial no Bioma.

3.5 AVALIAÇÃO E VALIDAÇÃO DOS MODELOS

A avaliação dos modelos foi realizada através da técnica de Bootstrap que permite a obtenção de um novo conjunto de dados por reamostragem do conjunto de dados original (Efron e Tibishirani, 1993). Uma vantagem dessa técnica é a obtenção de boas estimativas dos erros de distribuição gerados pelas estimativas dos parâmetros nas iterações de reamostragem e assim avaliar as estimativas desses parâmetros (Lepage e Billard, 1992). No programa MaxEnt, foi realizada análise com 10 réplicas dos modelos para cada espécie afim de verificar se o valor de AUC em ambas as réplicas mostraram adequabilidade e excelente desempenho sem grandes variações nos valores. Além disso, foram analisados os valores do limite mínimo logístico de presença de treinamento e o valor de P (Probabilidade binomial de presença mínima de treinamento) para saber qual o nível de significância dos modelos.

4 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS DADOS

4.1 LISTA DAS ESPÉCIES

A lista das espécies para as ordens Hymenochaetales e Polyporales foi elaborada com base no seu número de distribuição existente e seu nome como consta nas bases de dados, os quais se encontram, muitas vezes, desatualizados (Tabela 2), o que acarreta em poucos ou inexistentes registros com o nome aceito. Para cada ordem, seis espécies foram modeladas e sua distribuição analisada de acordo com a ocorrência conhecida nas áreas de Mata Atlântica, viabilizando as informações preditivas dos modelos através dos pontos de ocorrência dos registros de herbário por meio de dados do INCT/CRIA (<http://www.splink.org.br/>). A quantidade de

registros nos bancos de dados para todas as espécies variou de 35 a 406 para ordem Hymenochaetales e de 498 a 2039 para Polyporales, sendo *Hexagonia hydroides* a espécie com maior número (2039) registros.

Tabela 2. Lista das espécies e número de registros usados para cada espécie no estudo.

Táxons				
Nome aceito	Nome na base de dados (GBIF)	Registros usados	Locais obtidos.	Pontos para teste
Hymenochaetales				
<i>Fomitiporella</i>	<i>Fomitiporella</i>			
<i>coruscans</i> (Murrill)	<i>umbrinella</i> (Bres.)	39	5	2
Salvador-Montoya e Popoff (IF)	Murrill			
<i>Fomitiporella</i>				
<i>umbrinella</i> (Bres.)				
Murrill (MB)				
<i>Hymenochaete</i>	<i>Hymenochaete</i>			
<i>damicornis</i> (Link)	<i>damicornis</i> (Link)	406	100	42
Lév. (IF/MB)	Lév.			
<i>Hymenochaete iodina</i>	<i>Cyclomyces iodinus</i>			
(Mont.) Baltazar e Gibertoni (IF/MB)	(Mont.) Pat.	177	67	28
<i>Hymenochaete</i>	<i>Hymenochaete</i>			
<i>luteobadia</i> (Fr.) Höhn e Litsch. (IF/MB)	<i>luteobadia</i> (Fr.) Höhn e Litsch.	278	77	33
<i>Fomes extensus</i>	<i>Phellinus extensus</i>			
(Lév.) Cooke (IF)	(Lév.) Pat.	35	12	4
<i>Fulvifomes</i>				
<i>nilgheriensis</i> (Mont.)				

Bondartseva e S.

Herrera (MB)

Phellinus fastuosus

(Lév.) S. Ahmand

(IF/MB)

Phellinus fastuosus

(Lév.) S. Ahmand

295

71

30

Polyporales*Funalia floccosa*

(Jungh.) Zmitr. e

Malysheva (IF)

Coriolopsis rigida

(Beck. e Mont.)

Murrill

616

232

99

Coriolopsis floccosa

(Jungh.) Ryvarden

(MB)

Earliella scabrosa

(Pers.) Gilb. e

Ryvarden (IF/MB)

Earliella scabrosa

(Pers.) Gilb. e

Ryvarden

1190

440

188

Fomes fasciatus

(Sw.) Cooke (IF/MB)

Fomes fasciatus

(Sw.) Cooke

498

203

86

*Microporellus**obovatus* (Jungh.)

Ryvarden (IF/MB)

*Flabellophora**obovata* (Jungh.)

Núñez e Ryvarden

511

159

67

Cerrena hydroides

(Sw.) Zmitr. (IF)

Hexagonia hydroides

(Sw.) M. Fidalgo

2039

871

372

Hexagonia hydroides

(Sw.) M. Fidalgo (MB)

Rigidoporus lineatus

(Pers.) Ryvarden (IF)

Rigidoporus lineatus

(Pers.) Ryvarden

924

252

108

Physiporinus lineatus

(Pers.) F. Wu, Jia J.

Chen e Y.C. Dai (MB)

4.1.1 ESPÉCIES DE HYMENOGAETALES

Fomitiporella umbrinella é uma espécie sapróbia presente em áreas subtropicais, tropicais e temperadas das Américas (Salvador-Montoya et al., 2020). *Fomitiporella coruscans*, apresenta sobreposição de ocorrência, pois está presente em áreas tropicais da América Central e Sul, mas apresenta poros menores que *F. umbrinella*, além de ser filogeneticamente distinta (Salvador-Montoya et al., 2020). Atualmente não há relatos sobre potencial econômico ou biotecnológico de ambas as espécies.

Phellinus extensus é uma espécie sapróbia que apresenta distribuição para região pantropical com relatos para várias regiões do Brasil (Ryvarden, 2004; Gibertoni et al., 2015). Entretanto, um estudo ainda não publicado (Xavier de Lima et al., submetido à *Cyptogamie Mycologie*) indica que esta espécie pertence a um gênero novo de Hymenochaetaceae de distribuição neotropical. Adicionalmente, o gênero *Fomes* pertence à Polyporaceae e *Fulvifomes nilgheriensis* foi originalmente coletada na Índia. Não há relatos de potencial econômico e biotecnológico para *Phellinus extensus*.

Hymenochaete iodina é uma espécie sapróbia, mas também relatada em árvore viva (Ryvarden 2004; Gibertoni et al., 2015), e com distribuição neotropical (Léger, 1998; Ryvarden, 2004). Apresenta atividade antibacteriana (Santos et. al., 2020).

Hymenochaete damicornis é relatada como uma espécie sapróbia (Léger, 1998; Gomes-Silva et al., 2012), mas existem relatos como parasita de raízes de plantas (Ryvarden, 1985; Parmasto, 2001). Apresenta distribuição nas Américas (Léger, 1998; Parmasto, 2001; Gibertoni et al., 2015). Não há relatos sobre seu potencial econômico ou biotecnológico.

Hymenochaete luteobadia é uma espécie sapróbia e trabalhos indicam distribuição pantropical, com relatos para países do centro-sul da América, África e Ásia (Job, 1987; Léger, 1998; Parmasto, 2001) e para várias regiões do Brasil (Gibertoni et al., 2015). Não há relatos sobre seu potencial econômico ou biotecnológico.

Phellinus fastuosus é uma espécie reportada ora como parasita, ora como sapróbia (Larsen e Cobb-Pouille, 1990; Wagner e Fischer, 2002). Para os Neotrópicos, registros dessa espécie representam *Fulvifomes kawakamii* (Jayawardena et al.,

2019), que apresenta ampla distribuição nas Américas. *Phellinus fastuosus* é reportada para região pantropical (Ryvarden, 2004) e citada para várias regiões do Brasil (Gibertoni et al., 2015). Aqui usamos registros para *P. fastuosus* considerando sua ampla distribuição tropical e devido os poucos registros para *F. kawakamii* no banco de dados. *Phellinus fastuosus* apresenta potencial como conservante natural, pois extratos desse fungo inibem o crescimento microbiano nos alimentos (Sharifi et al., 2005), além de apresentar atividade antimicrobiana (Ranadive et al., 2013), anticancerígena (Bhonde et al., 2002) podendo ser usado na produção de farmacêuticos e nutracêuticos (Azeem et al., 2018). Não há relatos de potencial econômico e biotecnológico para *F. kawakamii*.

4.1.2 ESPÉCIES DE POLYPORALES

Coriolopsis rigida é uma espécie sapróbia e atualmente aceita como *Funalia floccosa* ou *Coriolopsis floccosa*, Entretanto, *C. rigida* tem como localidade tipo o Brasil (Gugliotta et al., 2015), enquanto *C. floccosa* foi originalmente coletada na Indonésia. Desse modo, não foram incluídos nas análises os registros de *C. floccosa* e os registros desta espécie conhecidos para o Neotrópico foram tratados como *C. rigida* (Gilbertson e Ryvarden, 1986). Estudos com *C. rigida* apresentam potencial na extração de enzimas para uso na transformação de resíduos sólidos (Díaz et al., 2010) e processos bioquímicos (Saparrat et al., 2014), como também na biorremediação para o tratamento de solo (Siles et al., 2014) e produção de enzimas com aplicação na indústria de papel, têxtil e alimentícia (Sánchez-López et al., 2008; Saparrat et al., 2014; Rodríguez et al., 2018).

Earliella scabrosa é uma espécie sapróbia, reportada para região pantropical, muito comum em locais abertos, que aparentemente suportam condições de seca razoáveis (Núnêz e Ryvarden, 2001; Ryvarden, 2015). Apresenta atividade antioxidante, antibacteriana e cicatrizantes (Liew et al., 2015; Wanying et al., 2016; Zmitrovich et al., 2017; Kithiyon et al., 2019). Além disso, é capaz de produzir princípios ativos com potencial de inibir o crescimento de outros fungos que causam doenças em plantações de seringueiras (Teoh e Don, 2013). Apresenta potencial para descoloração de corantes sintéticos providos da indústria têxtil (Lyra et al., 2009) e, recentemente, essa espécie foi relatada como patógeno humano raro causando endoftalmite em paciente com histórico de problemas visuais (He et al., 2018).

Fomes fasciatus é uma espécie sapróbia e fornece micro-habitats para nidificação e abrigo de animais (Gilbertson 1980). Apresenta distribuição neotropical, conhecida para desde o sudeste dos Estados Unidos até o norte da Argentina, e citada para várias regiões do Brasil (Gugliotta et al., 2015; Ryvarden, 2015). É economicamente importante porque reduz a qualidade da madeira extraível (Boyce 1961, Manion 1991, Tainter e Baker 1996) e apresenta uso potencial em aplicações biotecnológicas com enzimas biodegradadoras de corantes em efluentes de lavanderia (Miranda et al., 2012), além de estudos com modelos para processos de remoção de metais pesados por bioissorção (Sutherland e Venkobacha, 2013). Estudos para os EUA apontam a importância da temperatura e precipitação sobre a distribuição regional dessa espécie (McCormick et al., 2013).

Hexagonia hydroides é uma espécie relatada como sapróbia (Fidalgo, 1968; Loguercio-Leite, 1994), reportada para toda região tropical e várias regiões do Brasil (Fidalgo, 1968; Núnêz e Ryvarden 2001; Gugliotta et al., 2015; Ryvarden, 2015). Apresenta potencial antimicrobiano (Rosa et al., 2003) e na biodegradabilidade de corantes sintéticos usados na indústria têxtil (Sánchez-López et al., 2008; Lyra et al., 2009).

Microporellus obovatus é uma espécie sapróbia, com distribuição reportada para região pantropical e registros para vários estados do Brasil (Núnêz e Ryvarden 2001; Gugliotta et al., 2015; Ryvarden, 2015). Apresenta atividade antibacteriana (Ferreira-Silva et al., 2017).

Rigidoporus lineatus é uma espécie sapróbia, com distribuição para região pantropical (Núnêz e Ryvarden, 2001, Ryvarden, 2015) e relatos para várias regiões do Brasil (Gugliotta et al., 2015). Apresenta atividade antimicrobiana e antioxidante (Ferreira-Silva et al., 2017; Falade et al., 2017; Jia et al., 2018; Badalyan et al., 2019; Kezo et al., 2019). Estudos também demonstram essa espécie como potencial patógeno de plantas (Dai et al., 2001), em árvores produtoras de látex como as seringueiras (Oghenekaro et al., 2014, 2020; Dalimunthe et al., 2017; Go et al., 2019) e outras angiospermas de importância medicinal (Madushani et al., 2013).

4.2 ANÁLISE DAS BIOVARIÁVEIS

As variáveis que mais contribuíram para cada modelo foram selecionadas para analisar a relação da importância da distribuição das espécies com as características

abióticas climáticas dos locais preditos e as características bióticas das classes vegetais associadas. As variáveis climáticas mais ocorrentes e com bons desempenhos nos modelos para as espécies de Hymenochaetales foram variáveis de precipitação, mostrando que a distribuição das espécies de fungos poroides desse grupo é bastante influenciada pelas condições de chuva. Além disso, duas espécies apresentaram influência da temperatura, mostrando que intervalos de temperatura também influenciam a ocorrência destas espécies. A BIO19 (Precipitação do quadrimestre mais frio) e BIO4 (Sazonalidade da temperatura) apresentaram contribuição para três das seis espécies, BIO16 (Precipitação do quadrimestre mais chuvoso), BIO17 (Precipitação do quadrimestre mais seco), BIO18 (Precipitação do quadrimestre mais quente), elevação e a variável biótica class9 (urbano/construído) apresentaram contribuição para duas das seis espécies (Tabela 3).

Para Polyporales, as variáveis climáticas de precipitação também foram as que mais se sobressaíram, e para três espécies temperatura apresentou boa contribuição também. A variável biótica Class9 (urbano/construído) apresentou bom desempenho para todas as seis espécies. BIO19 (Precipitação do quadrimestre mais frio) contribuiu para quatro das seis espécies, já BIO10 (Sazonalidade da temperatura) e Class2 (Árvores perenes de folha larga) tiveram melhores contribuições para três. BIO16 (Precipitação do quadrimestre mais úmido) e BIO18 (Precipitação do quadrimestre mais quente) contribuíram ainda para duas espécies (Tabela 3).

De forma geral, para as variáveis climáticas a análise mostra que a precipitação tem maior influência para um grande número de espécies, embora a temperatura também apareça contribuído com bons valores para algumas. Já para as variáveis bióticas, Class9 foi a variável de maior peso, seguida de class2 e Class11 entre as ordens. Estas variáveis mais ocorrentes podem ser determinantes para a distribuição das espécies, tanto para Hymenochaetales como para Polyporales (Tabela 3).

Tabela 3. Variáveis com maior percentual de contribuição para cada espécie no estudo em ordem decrescente.

Hymenochaetales		
Espécies	Variáveis	Contribuição (%)
<i>Fomitiporella umbrinella</i>	BIO4	78.6
	BIO19	19.6

	BIO16	1.8
<i>Hymenochaete damicornis</i>	BIO4	45.1
	Class9	16.9
	Class2	11.6
	BIO17	8.9
	BIO14	7.3
	BIO18	2.6
	Class4	1.4
	BIO2	1.2
	Class7	1
	Class6	0.8
	Class8	0.8
	Class3	0.7
	Class5	0.7
	Class1	0.5
	BIO18	43.8
	BIO6	21.1
	Class9	16.6
	BIO11	6.5
	Class5	3
<i>Hymenochaete iodina</i>	BIO18	43.8
	BIO6	21.1
	Class9	16.6
	BIO11	6.5
	Class5	3
	BIO2	2.4
	Class7	2.1
	Class8	1.8
	Class11	1.4
	Class3	1
	Class1	0.3
<i>Hymenochaete luteobadia</i>	BIO19	46.8
	BIO18	14.9

	BIO15	13
	Class1	9.8
	Class9	8.9
	Class6	1.8
	Class5	1.4
	Class7	1.1
	BIO2	1
	Class3	1
	Class8	0.3
<i>Phellinus extensus</i>	BIO12	48.2
	BIO19	36.6
	BIO16	7.3
	Elev	6.6
	BIO18	1.2
<i>Phellinus fastuosus</i>	BIO17	29.1
	BIO10	18.2
	Class9	16.5
	Class11	10.1
	BIO8	6
	BIO15	3.9
	Elev	2.7
	Class1	2.5
	BIO14	2.3
	Class3	1.8
	Class8	1.4
	Class6	1.4
	Class4	1.3
	Class5	1.3
	Class7	1.1
	BIO2	0.3
	BIO5	0.2
Polyporales		
Espécies	Variáveis	Contribuição (%)

<i>Coriolopsis rigida</i>	BIO16	40.3
	BIO7	11.5
	Class9	11.2
	BIO10	5.4
	BIO17	5.2
	BIO14	3.2
	Class7	3.2
	BIO13	2.6
	BIO2	2.5
	BIO5	2.1
	Class11	2.1
	BIO18	1.9
	Class4	1.9
	Class6	1.8
	Elev	1.1
	BIO15	1
	Class3	1
	Class8	0.7
	Class1	0.6
	Class5	0.5
<i>Earliella scabrosa</i>	BIO16	26
	Class2	23.9
	Class9	11.1
	BIO19	7.4
	BIO4	6.1
	Class7	3.6
	BIO13	3.6
	BIO3	3.3
	BIO6	2.6
	BIO1	2.2
	BIO11	2
	BIO14	1.6
	BIO5	1.2

	BIO17	1.2
	BIO2	1.1
	Class4	0.7
	Class5	0.6
	Class6	0.5
	Class3	0.4
	BIO9	0.3
	Class1	0.2
	BIO15	0.2
	Class11	0.2
	Class8	0.1
<i>Fomes fasciatus</i>	Class9	18.9
	BIO19	16.3
	Class2	15.5
	BIO18	14.8
	BIO10	9.5
	Class11	5.2
	BIO15	4.2
	BIO17	2.7
	Class7	2.5
	BIO14	2.3
	BIO2	1.7
	Class4	1.7
	Class3	0.9
	Class1	0.8
	Class6	0.8
	BIO5	0.6
	Class5	0.6
	Elev	1.1
<i>Hexagonia hydroides</i>	BIO13	50.5
	Class9	16.9
	BIO10	7.7
	BIO19	7

	Class7	3.4
	BIO14	2.7
	BIO8	2.4
	Class2	1.6
	Class6	1.4
	Elev	1.3
	BIO2	1.1
	BIO5	0.9
	BIO18	0.7
	Class5	0.7
	Class1	0.7
	BIO15	0.4
	BIO17	0.2
	Class3	0.2
	Class8	0
<i>Microporellus obovatus</i>	BIO19	43.8
	Class9	16.6
	BIO18	13.5
	BIO10	6.8
	Class11	4.1
	Class2	3.3
	BIO17	2.8
	BIO14	1.6
	Class4	1.6
	Class7	1.6
	Class6	1
	BIO5	0.8
	BIO2	0.6
	Class8	0.5
<i>Rigidoporus lineatus</i>	BIO17	30.4
	Class2	28.5
	Class9	24.9
	Class11	5

Elev	2.2
BIO14	1.8
Class1	1.5
BIO2	1.3
Class6	1.2
Class4	1.1
Class5	1
Class3	0.8
Class8	0.3

4.3 ANÁLISE MAXENT PARA AS ORDENS

O MaxEnt informou curvas de respostas para cada combinação de variável ambiental e, assim, a importância de cada uma na distribuição das 14 espécies do estudo foi estimada. O algoritmo finalizou as análises após 500 iterações para todos os modelos e com 10 réplicas para testar qual o melhor valor de teste de AUC na análise bootstrap.

4.3.1 ORDEM HYMENOCHAETALES

A curva característica de operação do receptor (ROC) mostrou a sensibilidade em relação à especificidade para as espécies de Hymenochaetales, usando a área prevista para o modelo. Todas as espécies apresentaram valores para área abaixo da curva (AUC) maiores que 0.9 para os dados de treinamento (Tabela 4), o que permitiu categorizar o modelo como de excelente desempenho em áreas propícias para distribuição da espécie.

Tabela 4. Valores da área abaixo da curva (AUC) para Hymenochaetales na análise por bootstrap.

Espécies	AUC
<i>F. umbrinella</i>	0.904
<i>H. damicornis</i>	0.976
<i>H. iodina</i>	0.963

<i>H. luteobadia</i>	0.958
<i>P. extensus</i>	0.939
<i>P. fastuosus</i>	0.965

Os gráficos com os valores da área abaixo da curva mostram a especificidade de cada espécie (Figura 3. A-F). A sensibilidade indica a ausência de erro de omissão, conhecida como a taxa positiva verdadeira para a distribuição da espécie. Já a especificidade é conhecida como taxa de falsos positivos e representa os erros de comissão.

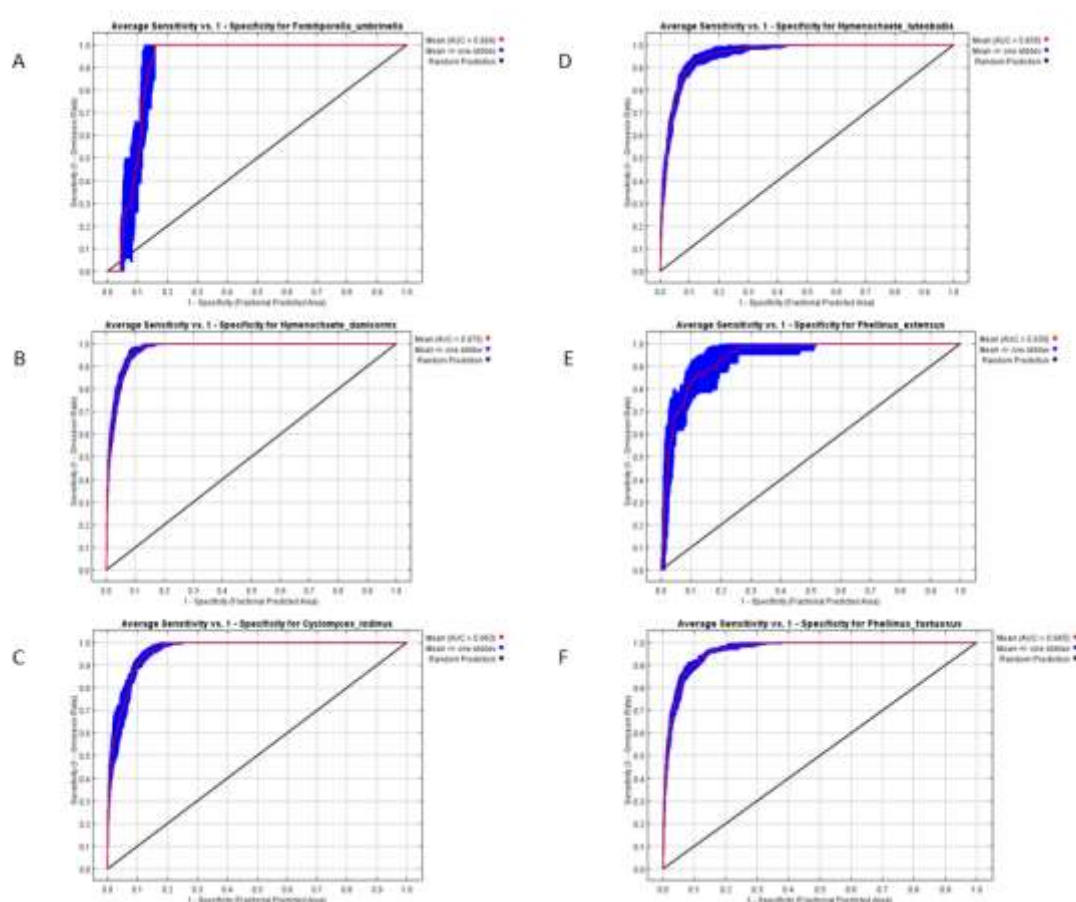


Figura 3 – Representação da curva ROC para dados de treinamento de **A-** *umbrinella* **B-** *H. damicornis*, **C-** *H. iodina*, **D-** *H. luteobadia*, **E-** *P. extensus*, **F-** *P. fastuosus*. Em azul, a medida de dispersão em torno da média das execuções de replicação de todas as réplicas.

Adicionalmente e de acordo com a taxa de omissão calculada pelos registros de presença de treinamento, o modelo atribui um desempenho desejado e próximo à

previsão da área para as espécies de Hymenochaetales, uma vez que o gráfico mostra a curva de proximidade de treinamento em verde abaixo da linha de omissão prevista (Figura 4. A-F). Apenas *Fomitiporella umbrinella* e *Phellinus extensus* apresentaram uma leve ascendência da linha de omissão prevista nos gráficos, provavelmente devido ao pequeno número de registros fornecidos e locais de presenças obtidos. Apesar disso, o valor de desempenho AUC para essas espécies foi de excelente desempenho.

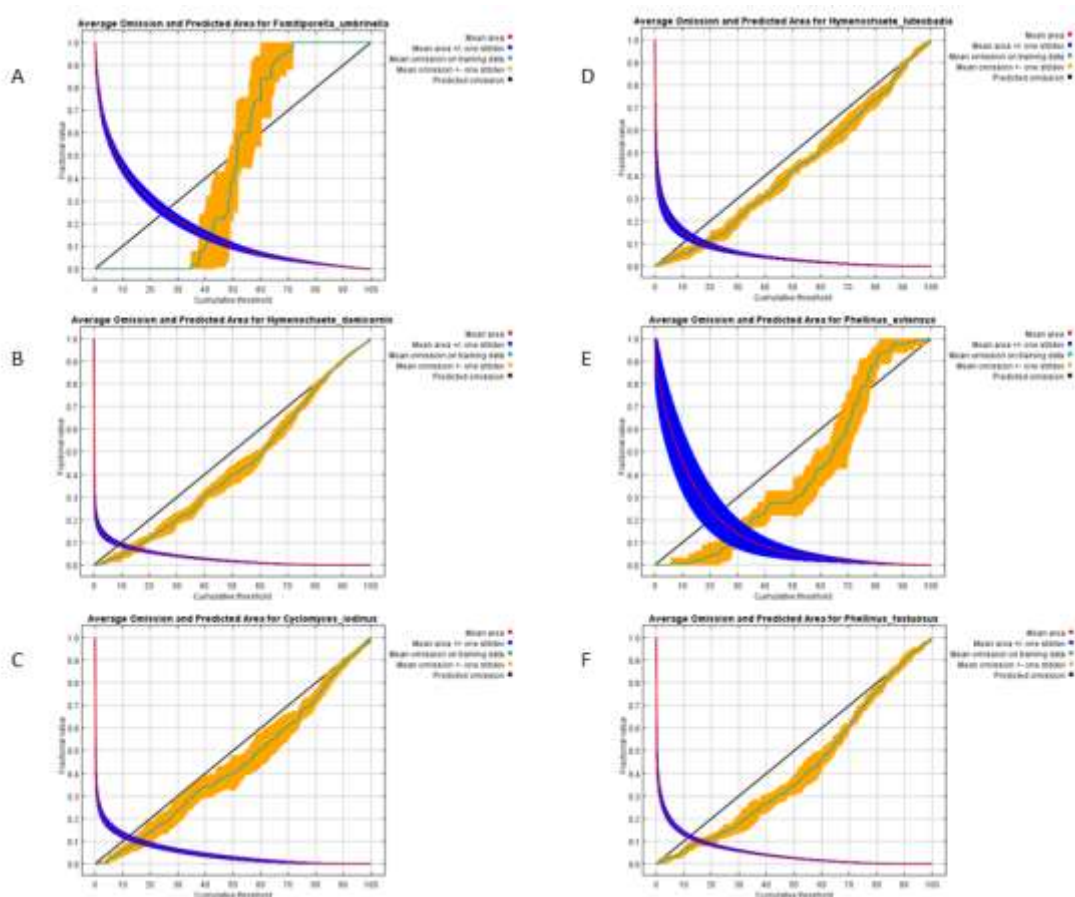


Figura 4 – Representação da taxa de omissão e da área prevista em função do limite cumulativo para os modelos de **A-** *F. umbrinella*, **B-** *H. damicornis* **C-** *H. iodina*, **D-** *H. luteobadia*, **E-** *P. extensus*, **F-** *P. fastuosus*. Em laranja, a medida de dispersão em torno da média para as execuções replicadas da taxa de erros de omissão.

O teste jackknife para as espécies de Hymenochaetales revelou que as variáveis BIO4, BIO10, BIO18 e BIO19 tiveram maior ganho de contribuição quando usadas isoladamente e que BIO4, BIO19 e Class9 foram as que diminuíram esse ganho quando omitidas da análise (Tabela 5, Figura 5. A-F).

Tabela 5. Variáveis de importância para Hymenochaetales no teste jackknife.

Jackknife			
Espécies	Variável de maior ganho	Variável de menor ganho	
<i>F. umbrinella</i>	BIO4	BIO4	
<i>H. damicornis</i>	BIO4	BIO4	
<i>H. iodina</i>	BIO18	Class9	
<i>H. luteobadia</i>	BIO19	BIO19	
<i>P. extensus</i>	BIO19	BIO19	
<i>P. fastuosus</i>	BIO10	Class9	

Os gráficos abaixo representam as contribuições pelo teste jackknife para cada variável e a sua regularização do ganho de treinamento para as espécies de Hymenochaetales, em que as barras são representadas pela presença ou ausência das variáveis e a soma de todas representam a barra em vermelho.

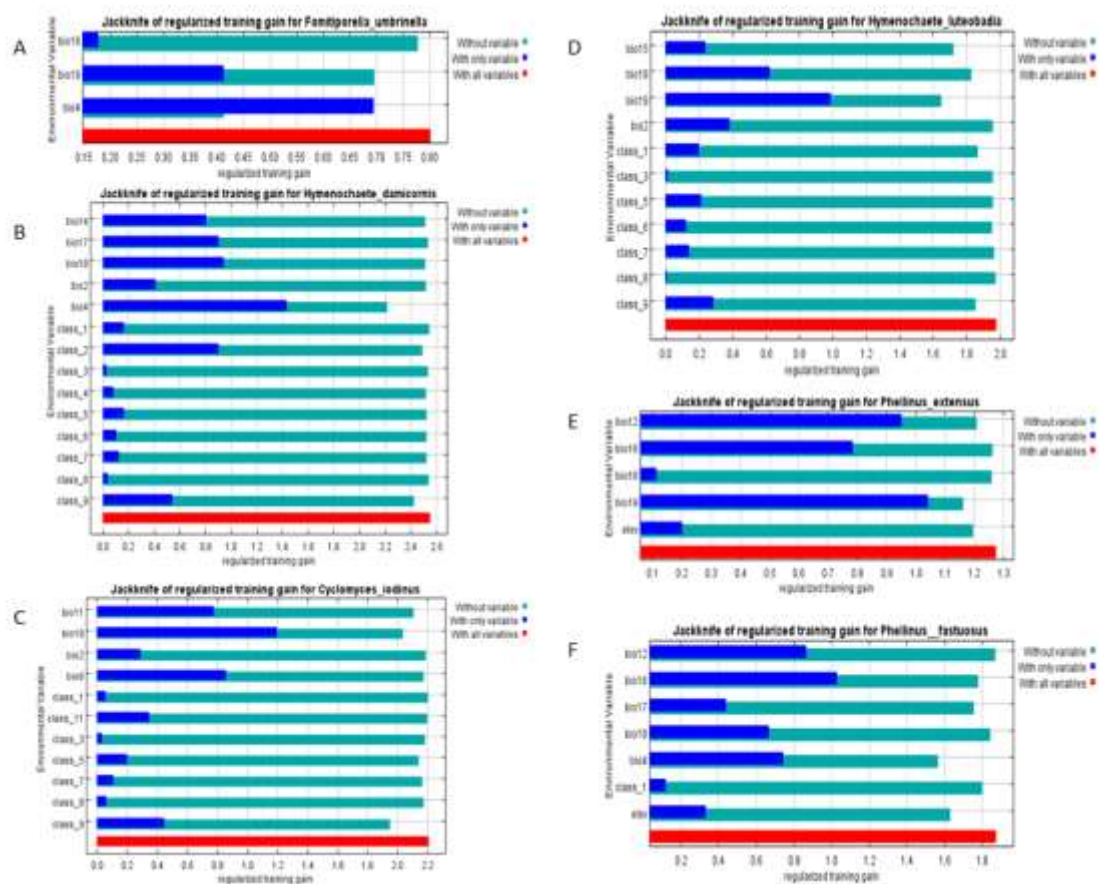


Figura 5 – Teste Jackknife de importância variável para **A-** *F. umbrinella*, **B-** *H. damicornis*, **C-** *H. iodina*, **D-** *H. luteobadia*, **E-** *P. extensus*, **F-** *P. fastuosus*. (■ sem a variável, ■ variável sozinha, ■ todas as variáveis

4.3.2 ORDEM POLYPORALES

A curva característica de operação do receptor (ROC) mostrou a sensibilidade em relação à especificidade para as espécies de Polyporales, usando a área prevista para o modelo. Todas as espécies apresentaram valores para área abaixo da curva (AUC) maiores que 0.9 para os dados de treinamento (Tabela 5), o que permitiu categorizar o modelo como de excelente desempenho em áreas propícias para distribuição da espécie.

Tabela 6. Valores da área abaixo da curva (AUC) para Polyporales na análise por bootstrap.

Espécies	AUC
<i>C. rigida</i>	0.963
<i>E. scabrosa</i>	0.957
<i>F. fasciatus</i>	0.964
<i>H. hydroides</i>	0.927
<i>M. obovatus</i>	0.967
<i>R. lineatus</i>	0.943

Os gráficos com os valores da área abaixo da curva mostram a especificidade de cada espécie (Figura 6. A-F). A sensibilidade indica a ausência de erro de omissão, conhecida como a taxa positiva verdadeira para a distribuição da espécie. Já a especificidade é conhecida como taxa de falsos positivos e representa os erros de comissão.

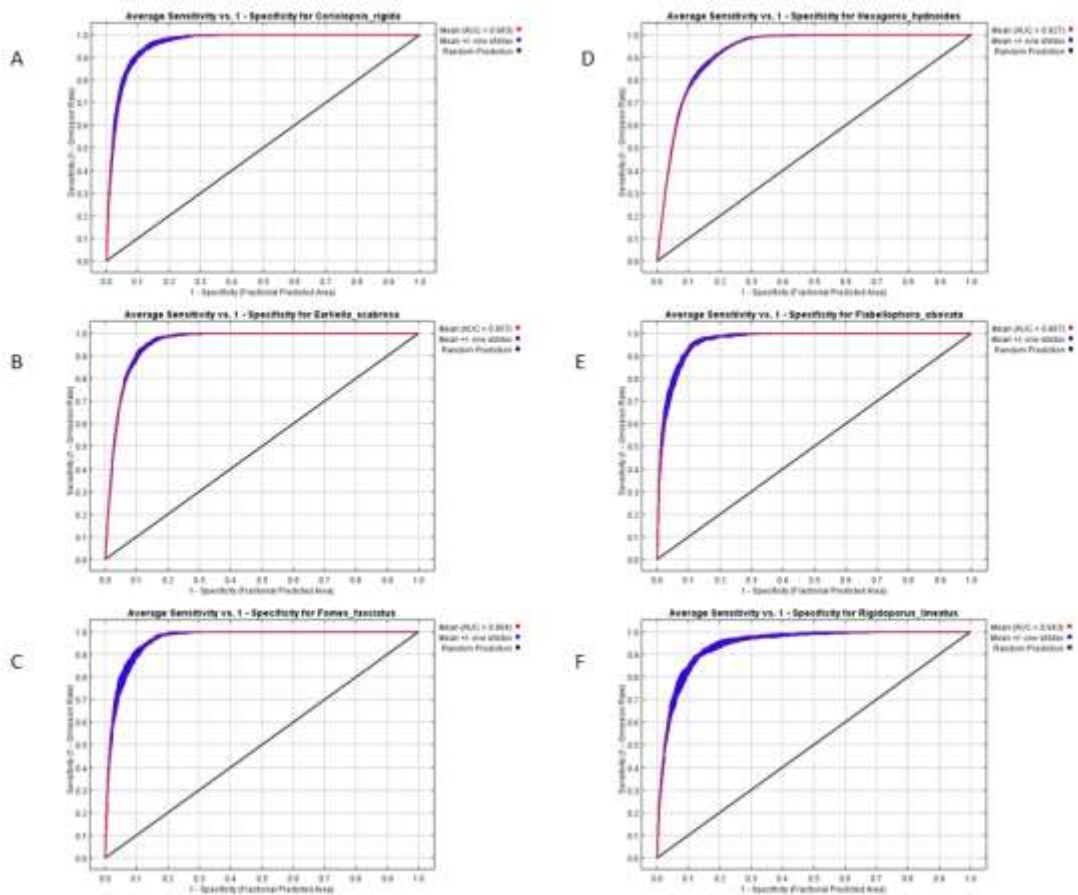


Figura 6 – Representação em gráficos da curva ROC para dados de treinamento de **A-** *C. rigida*, **B-** *E. scabrosa*, **C-** *F. fasciatus*, **D-** *H. hydroides*, **E-** *M. obovatus*, **F-** *R. lineatus*. Em azul, a medida de dispersão em torno da média das execuções de replicação de todas as réplicas.

Adicionalmente e de acordo com a taxa de omissão calculada pelos registros de presença de treinamento (Figura 7. A-F), o modelo atribui um desempenho desejado e próximo a previsão da área para as espécies de Polyporales, uma vez que o gráfico mostra a curva de proximidade de treinamento em azul abaixo da linha de omissão prevista.

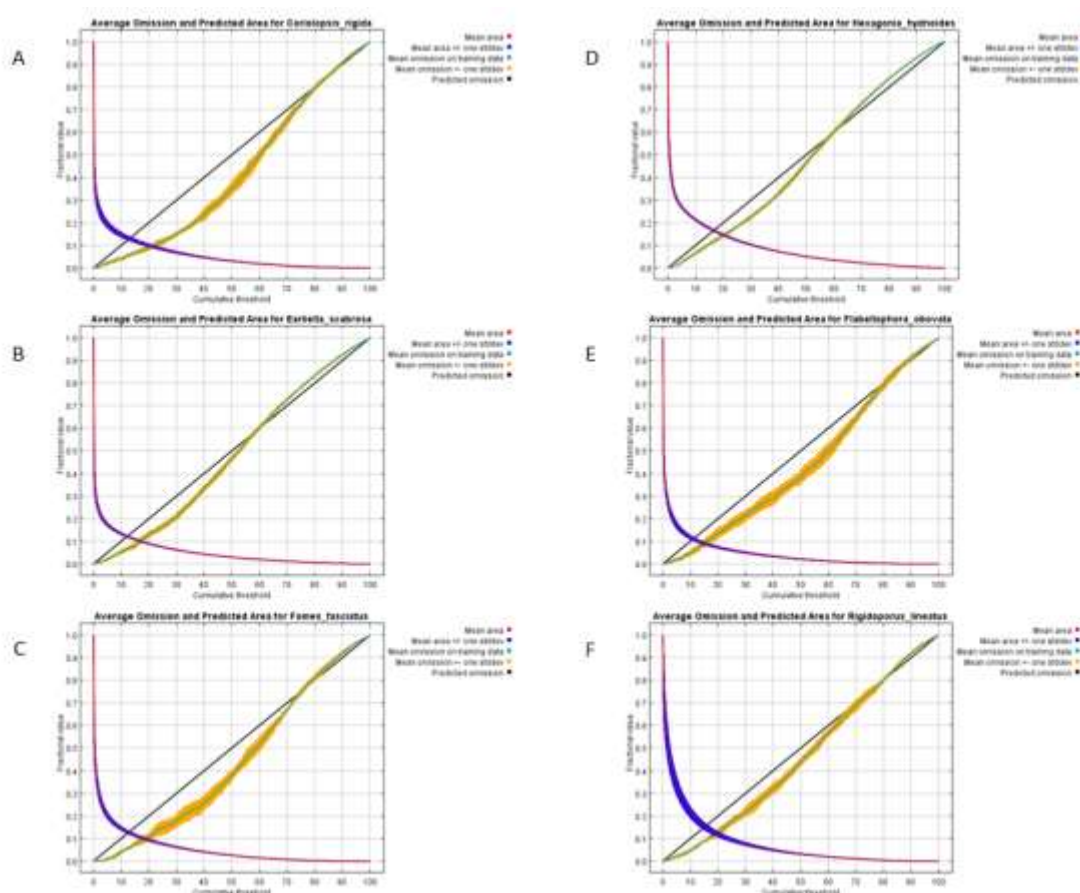


Figura 7 – Representação em gráficos da taxa de omissão e da área prevista em função do limite cumulativo para os modelos de **A- *C. rigida*, B- *E. scabrosa*, C- *F. fasciatus*, D- *H. hydroides*, E- *M. obovatus*, F- *R. lineatus***. Em laranja, a medida de dispersão em torno da média para as execuções replicadas da taxa de erros de omissão.

O teste jackknife para as seis de espécies de Polyporales revelou que variáveis distintas tiveram maior importância e, então, são mais úteis quando usadas isoladamente. Já as variáveis BIO7, BIO19 e Class9 foram as que diminuiriam o ganho quando omitidas da análise. Observa-se ainda que a variável Class9 (vegetação Urbana/Construído) diminuiu o ganho em quatro das seis espécies do total (Tabela 7, Figura 8. A-F).

Tabela 7. Variáveis de importância para Polyporales no teste jackknife.

Jackknife		
Espécies	Variável de maior ganho	Variável de menor ganho

<i>C. rigida</i>	BIO16	BIO7
<i>E. scabrosa</i>	BIO13	Class9
<i>F. fasciatus</i>	BIO18	Class9
<i>H. hydroides</i>	BIO10	Class9
<i>M. obovatus</i>	BIO19	BIO19
<i>R. lineatus</i>	BIO17	Class9

Os gráficos abaixo representam as contribuições pelo teste jackknife para cada variável e a sua regularização do ganho de treinamento para as espécies de Polyporales, em que as barras são representadas pela presença ou ausência das variáveis e a soma de todas representam a barra em vermelho.

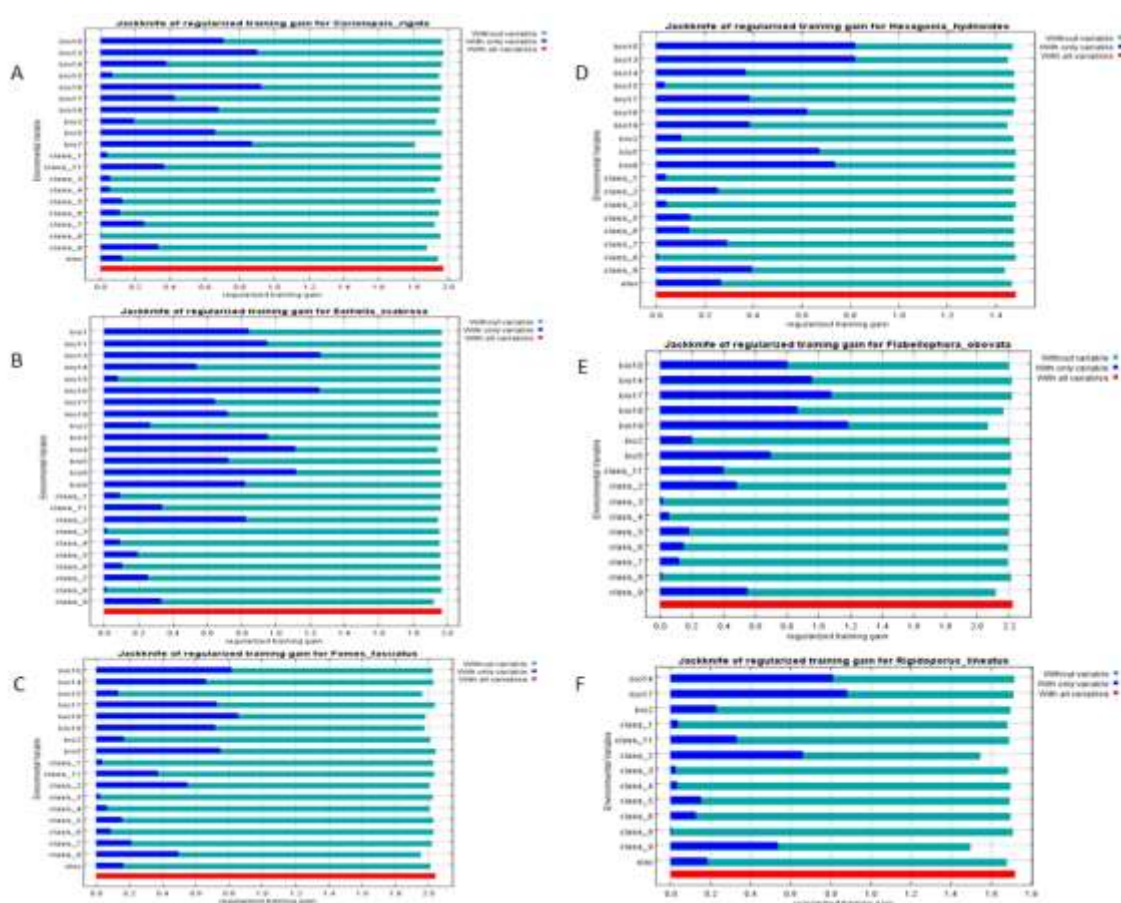


Figura 8 – Teste Jackknife de importância variável para **A- *C. rigida***, **B- *E. scabrosa***, **C- *F. fasciatus***, **D- *H. hydroides***, **E- *M. obovatus***, **F- *R. lineatus***. (■ sem a variável, ■ variável sozinha, ■ todas as variáveis).

4.4 ANÁLISES DOS MODELOS

Para análise dos modelos, foram observadas as respostas das variáveis para cada espécie e sua área de ocorrência atual conhecida. Os modelos responderam às curvas de especificidade com valores de AUC favoráveis e próximos do esperado para cada uma das espécies das ordens no estudo. As cores representadas por valores maiores de adequabilidade bioclimática demonstram áreas adequadas com melhores condições previstas para ocorrência das espécies, enquanto as cores com valores baixos mostram a baixa entropia para ocorrência da espécie na área analisada (Figuras 9-20).

4.4.1 MODELOS PARA ESPÉCIES DE HYMENOCHAETALES

Fomitiporella umbrinella

Fomitiporella umbrinella apresentou distribuição potencial para a região norte da América do sul, Golfo do México e toda faixa tropical com valores de adequação mínimo de 0.19 e máximo de 0.90. Para o Brasil, áreas adequadas estão bem representadas para região Norte, onde se localiza a Amazônia, com pontos também para áreas de Mata Atlântica (Figura 9).

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), apenas três não estão correlacionadas e foram usadas na análise no MaxEnt, sendo BIO4 (Sazonalidade da temperatura) a que apresentou melhor contribuição, seguida da BIO19 (Precipitação do quadrimestre mais frio) e BIO16 (Precipitação do quadrimestre mais úmido), totalizando 100% de contribuição no modelo (Tabela 3).

Na análise bootstrap, todas as réplicas apresentam valores altos da área abaixo da curva e uma excelente performance. O teste por jackknife mostrou que a variável com maior ganho quando usada isoladamente para esta espécie foi BIO4, assim como também é a variável que quando omitida da análise diminuiu seu ganho (Tabela 5, Figura 5), verificando que a sazonalidade da temperatura por si só pode influenciar fortemente na ocorrência dessa espécie.

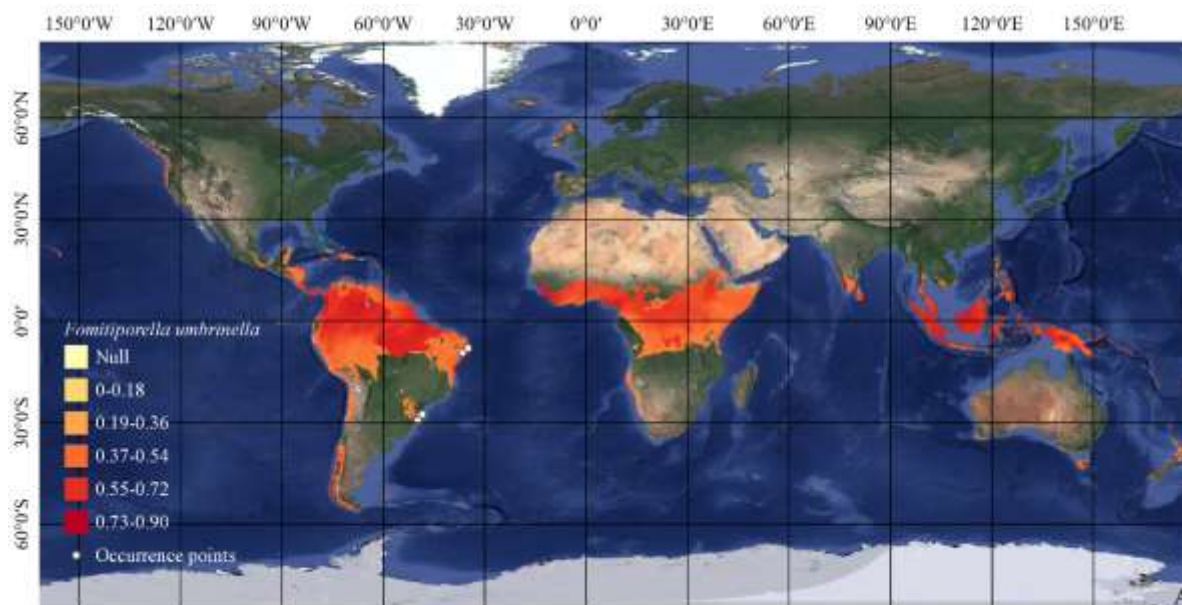


Figura 9 – Modelo de distribuição MaxEnt para *F. umbrinella*.

Hymenochaete damicornis

Hymenochaete damicornis apresentou distribuição potencial para a região norte da América do Sul com pontos evidentes no Brasil, região do Golfo do México, sul dos Estados Unidos, além de adequação para toda faixa tropical (Figura 10). No Brasil, o Norte, Centro-sul e a faixa litorânea do Sul ao Nordeste apresentam maior entropia com valores que podem variar do mínimo de 0.19 ao máximo de 0.99, evidenciando uma ampla distribuição para Floresta Amazônica e Mata Atlântica. Há uma lacuna para região central do país o que demonstra que, em áreas de Cerrado, a distribuição dessa espécie pode ser limitada.

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), 14 não estão correlacionadas e foram usadas para análise no programa, sendo BIO4, Class9 (vegetação Urbana/Construído), Class2 (Árvores perenes de folha larga) e BIO17 (Precipitação do quadrimestre mais seco) as que demonstraram maior contribuição, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 82,5% de contribuição para o modelo (Tabela 3).

Na análise bootstrap, todas as réplicas apresentam excelentes valores de desempenho para área abaixo da curva. No teste jackknife, BIO4 foi a variável com maior ganho quando usada isoladamente, assim como a variável que quando omitida da análise diminuiu o ganho do modelo (Tabela5, Figura 5), mostrando que a

sazonalidade da temperatura por si só pode influenciar fortemente na ocorrência da espécie.

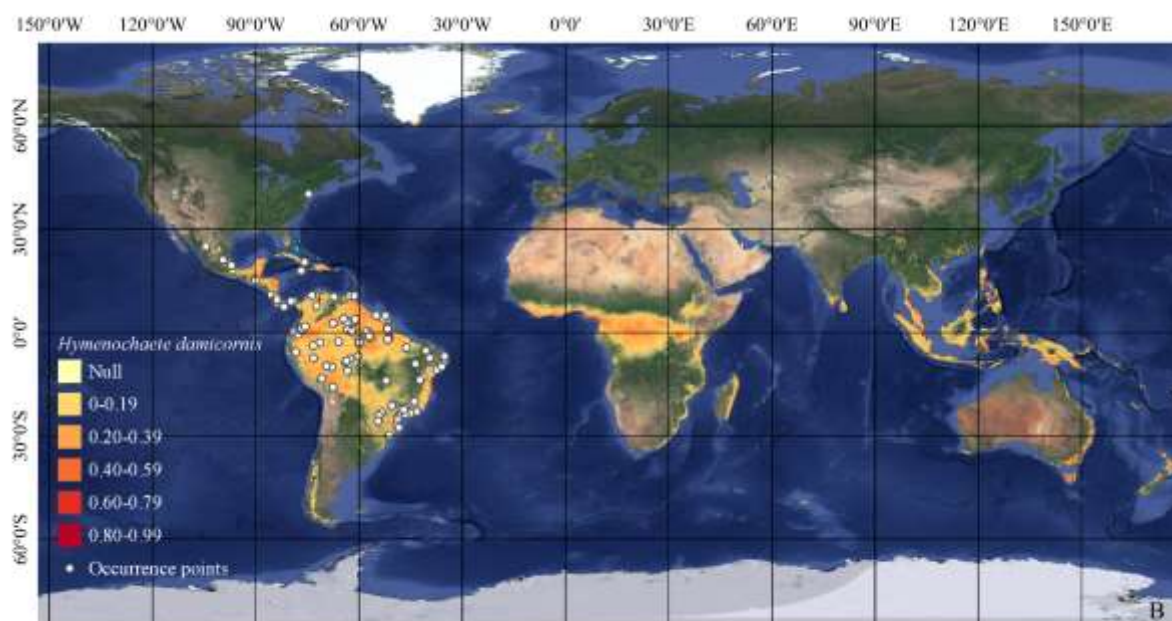


Figura 10 – Modelo MaxEnt para *H. damicornis*.

Hymenochaete iodina

Hymenochaete iodina apresentou distribuição potencial para o norte da América do Sul, região do Golfo do México e Sul dos Estados Unidos (Figura 11). No Brasil, o Norte, Sul e a faixa litorânea do Sudeste ao Nordeste apresentam áreas adequadas com valores de entropia que podem variar do mínimo de 0.19 ao máximo de 0.98 e com pontos evidentes para distribuição da espécie na Floresta Amazônica e Mata Atlântica.

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), 11 não estão correlacionadas e foram usadas para análise no programa. BIO18 (Precipitação do quadrimestre mais quente), BIO6 (Temperatura mínima do mês mais frio), Class9 e BIO11 (Temperatura média do quadrimestre mais frio) demonstraram maior desempenho com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 88% de contribuição para o modelo (Tabela 3).

Na análise bootstrap, todas as réplicas apresentam excelentes valores de desempenho para área abaixo da curva. No teste jackknife, a variável com maior

ganho quando usada isoladamente foi BIO18 que, desse modo, parece ter as informações mais úteis por si só relacionadas à precipitação. A variável que mais diminuiu o ganho quando omitida foi Class9 que, portanto, apresenta informações que não estão presentes nas outras variáveis (Tabela 5, Figura 5), demonstrando que a vegetação antropizada pode influenciar na ocorrência dessa espécie.

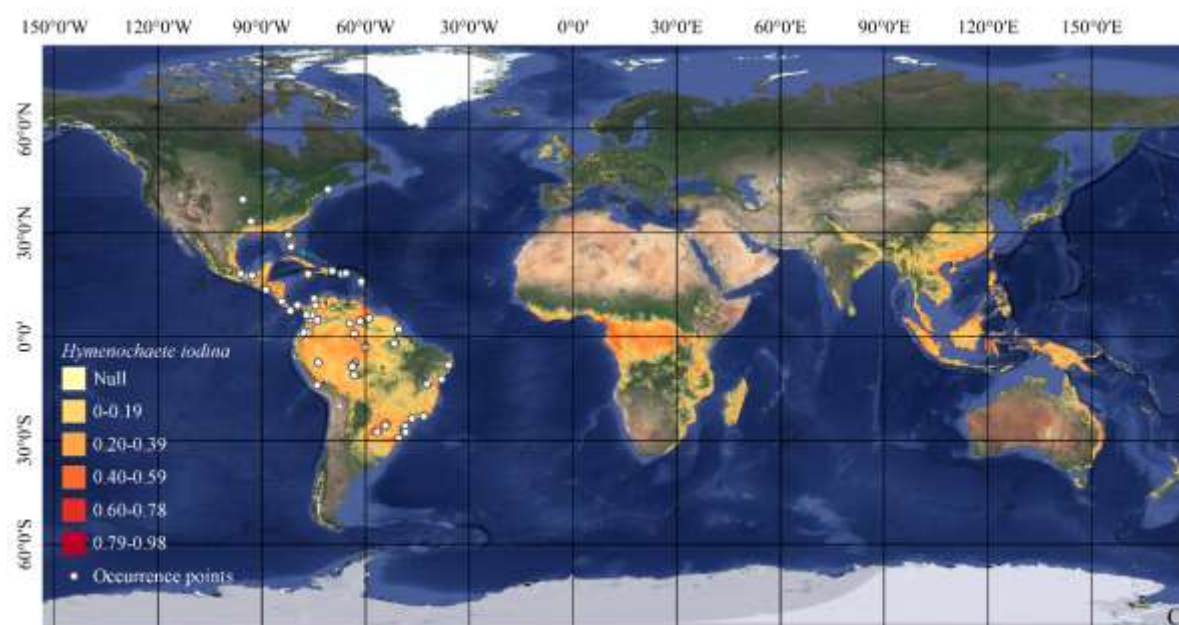


Figura 11– Modelo MaxEnt para *H. iodina*.

Hymenochaete luteobadia

Hymenochaete luteobadia apresentou distribuição potencial para o norte da América do Sul, região do Golfo do México e sul dos Estados Unidos. No Brasil, o modelo sugere forte adequação para áreas do Norte, como também para faixa litorânea que vai do Sul a Nordeste, evidenciando a importância da Floresta Amazônica e Mata Atlântica para essas espécies (Figura 12). Além disso, observou-se que a região central do Brasil apresenta uma lacuna que pode indicar que o clima seco da Caatinga e do Cerrado limita a distribuição da espécie.

Das 30 variáveis usadas na análise de componentes principais (PCA), 11 não estão correlacionadas e foram usadas para análise no MaxEnt. BIO19, BIO18, BIO15 (Sazonalidade de precipitação) e Class1 (Árvores perenes/decíduas em folha agulha) demonstraram maior desempenho no modelo com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 84,5% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap todas as replicações tiveram valores altos da área abaixo da curva, com boa performance dos modelos. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO16, demonstrando que a precipitação e umidade parece exercer maior influência na ocorrência dessa espécie. Além disso, a variável que mais diminui o ganho quando omitida foi BIO4 (Tabela 5, Figura5) ou seja, a sazonalidade da temperatura também é um fator determinante na distribuição desta espécie.

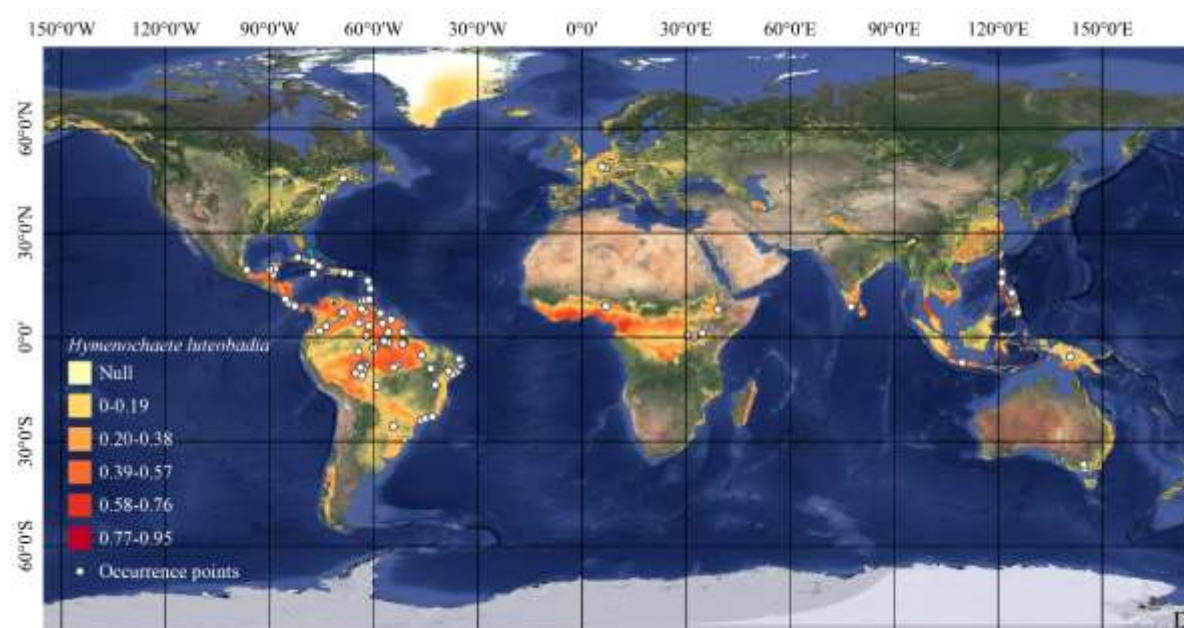


Figura 12 – Modelo MaxEnt para *H. luteobadia*.

Phellinus extensus

Phellinus extensus apresentou distribuição potencial para região norte da América do Sul, região central da América e toda faixa tropical. No Brasil, o Norte apresenta a maior entropia em relação às demais regiões, embora alguns pontos para faixa litorânea do Nordeste sejam evidentes demonstrando a importância da Floresta Amazônica e Mata Atlântica (Figura 13).

Das 30 variáveis usadas na análise de componentes principais (PCA), cinco não estão correlacionadas e foram usadas para análise no MaxEnt. BIO12 (Precipitação anual), BIO19 e BIO16 apresentaram maior desempenho no modelo, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 92,1% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as replicações obtiveram valores da área abaixo da curva de excelente desempenho. No teste jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO19, como também é esta que mais diminui o ganho quando omitida e, portanto, parece ter mais informações que não estão presentes nas outras variáveis que contribuíram para o modelo (Tabela 5. Figura 5), mostrando ser a precipitação a influenciar acentuadamente a ocorrência desta espécie.

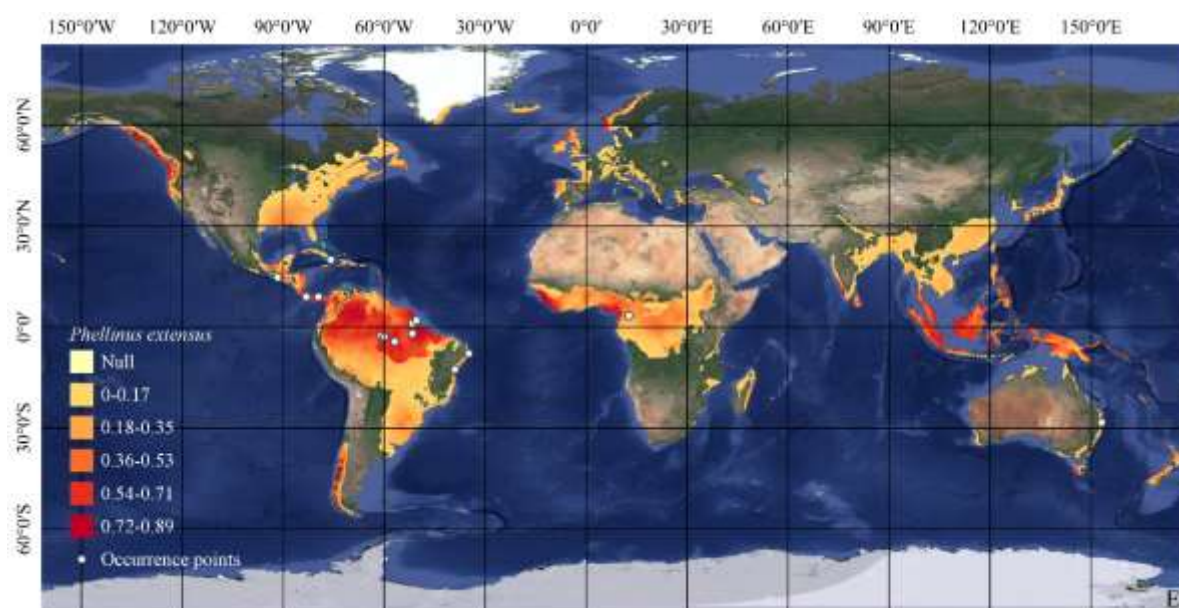


Figura 13 – Modelo de distribuição MaxEnt para *P. extensus*.

Phellinus fastuosus

Phellinus fastuosus apresentou distribuição potencial para regiões tropicais com pontos evidentes para o sul da América do Sul, região do Golfo do México, sul dos Estados Unidos, Ásia e Oceania. No Brasil o modelo maximizou a entropia principalmente para região Norte, além da faixa litorânea que vai do Sul até o Nordeste, evidenciando a importância da Amazônia e Mata Atlântica nestas áreas (Figura 14).

Das 30 variáveis usadas na análise de componentes principais (PCA), 17 não estão correlacionadas e foram usadas para análise, sendo BIO17, BIO10 (Temperatura média do quadrimestre mais quente), Classe9 e Class11 as que

demonstraram maior desempenho no modelo com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 73,9% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentaram excelentes valores de desempenho da área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO10, demonstrando que a temperatura parece ter melhor influência por si só para ocorrência desta espécie. Além disso, Class9 foi a variável que mais diminuiu o ganho quando omitida e, portanto, parece ter mais informações que não estão presentes nas outras variáveis e que afetam o desempenho do modelo (Tabela 5, Figura 5).

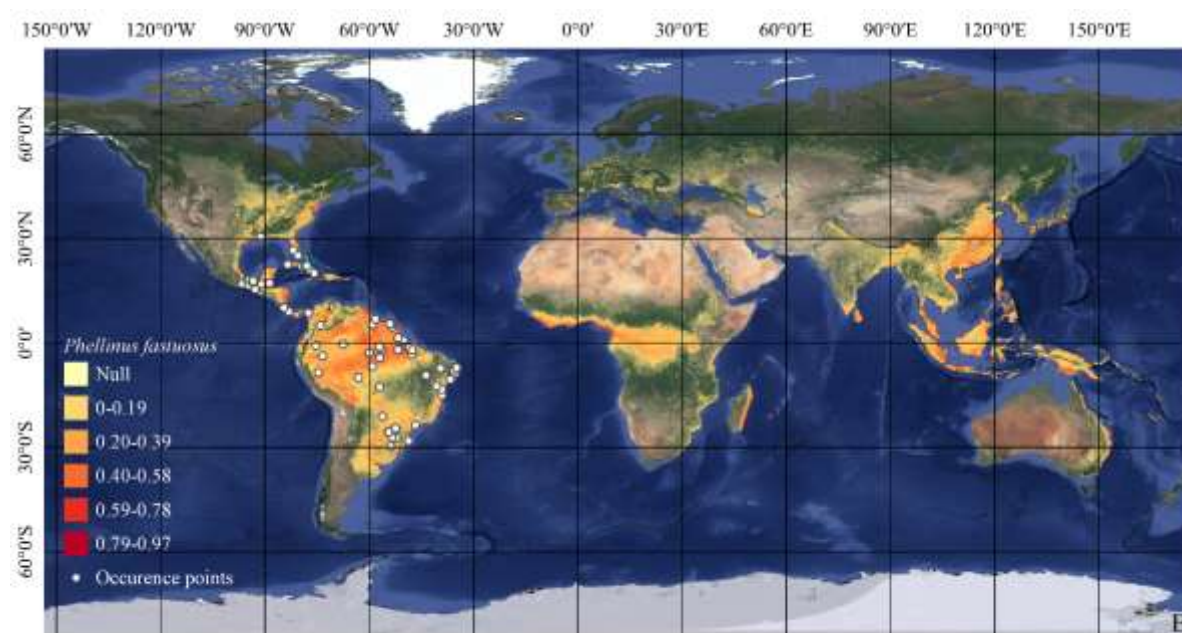


Figura 14 – Modelo MaxEnt para *P. fastuosus*.

4.4.2 MODELOS PARA ESPÉCIES DE POLYPORALES

Coriolopsis rigida

Coriolopsis rigida apresentou uma maior distribuição para grande parte da América do Sul, região do Golfo do México e sul dos Estados Unidos, além de adequabilidade para algumas áreas da África e Ásia. No Brasil, aparece bem distribuída por todas as regiões, exceto das áreas do Centro sul do Nordeste e região central do país, com pontos bem evidentes para as áreas de Floresta Amazônica e Mata Atlântica (Figura 15).

Das 30 variáveis usadas na análise de componentes principais (PCA), 20 não estão correlacionadas e foram usadas para análise. BIO16 (Precipitação do quadrimestre mais úmido), BIO7 (Faixa anual de temperatura), que leva em consideração outras duas variáveis de temperatura (BIO5 - temperatura máxima do mês mais quente e BIO6 - Temperatura mínima do mês mais frio), Class9 (vegetação Urbano/Construído), e BIO10 (Temperatura média do quadrimestre mais quente) foram as variáveis que demonstraram maior desempenho no modelo, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 68,4% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentaram valores próximo de 1 para área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO16 que, desse modo, parece ter as informações mais úteis por si só, mostrando que precipitação e umidade podem afetar fortemente na distribuição da espécie. A variável que mais diminuiu o ganho quando omitida foi BIO7 que, portanto, parece conter informações que não estão presentes nas outras variáveis, referente à temperatura, e que pode influenciar o modelo (Tabela 7, Figura 8).

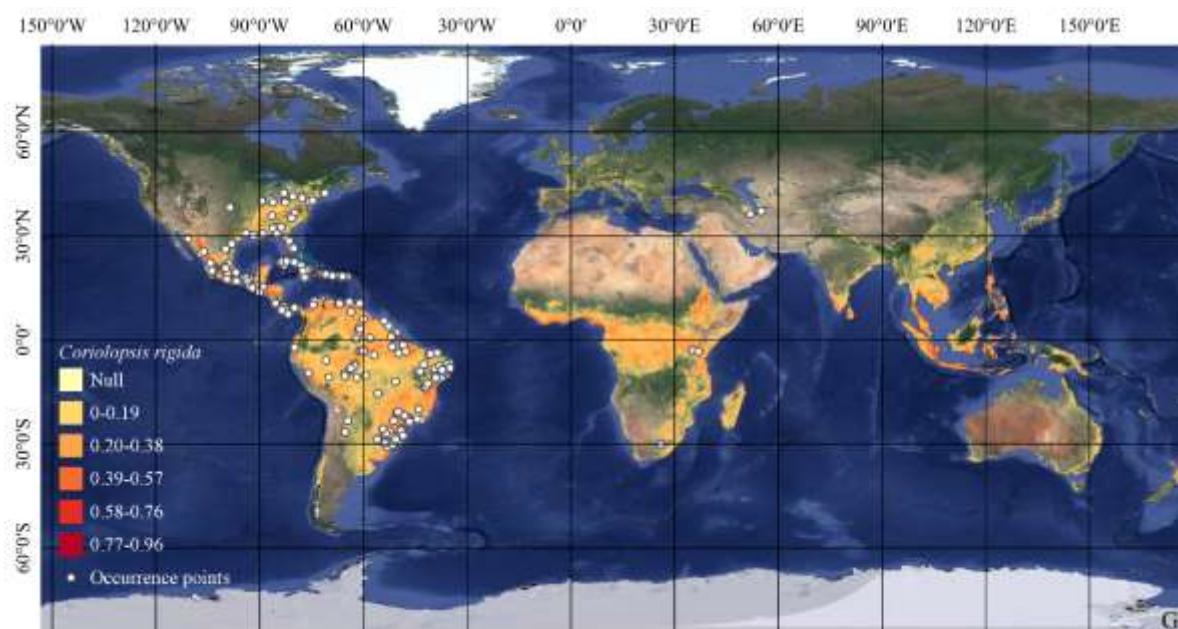


Figura 15 – Modelo MaxEnt para *C. rigida*.

Earliella scabrosa

Earliella scabrosa apresentou distribuição potencial para a região do Norte da América do Sul, região do Golfo do México e sul dos Estados Unidos, como também alguns pontos para regiões tropicais da África, sul asiático e Oceania. No Brasil, o modelo mostra adequação para boa parte do Norte, Nordeste, Sul e Sudeste, evidenciando a presença das florestas dessas áreas e sua importância como habitat para essa espécie (Figura 16).

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), 24 não estão correlacionadas e foram usadas para executar os modelos. BIO16, Class2 (Árvores perenes de folha larga), Class9 e BIO19 (Precipitação do quadrimestre mais frio) demonstraram maior desempenho, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 68,4% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentaram valores da área abaixo da curva próximos de 1. No teste jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO13 (Precipitação do mês mais chuvoso), mostrando que o regime de chuvas parece influenciar fortemente a ocorrência dessa espécie. A variável que mais diminui o ganho quando omitida foi Class9 e, portanto, parece ter mais informações que não estão presentes nas outras variáveis, evidenciando a influência da vegetação antropizada para espécie (Tabela 7, Figura 8).

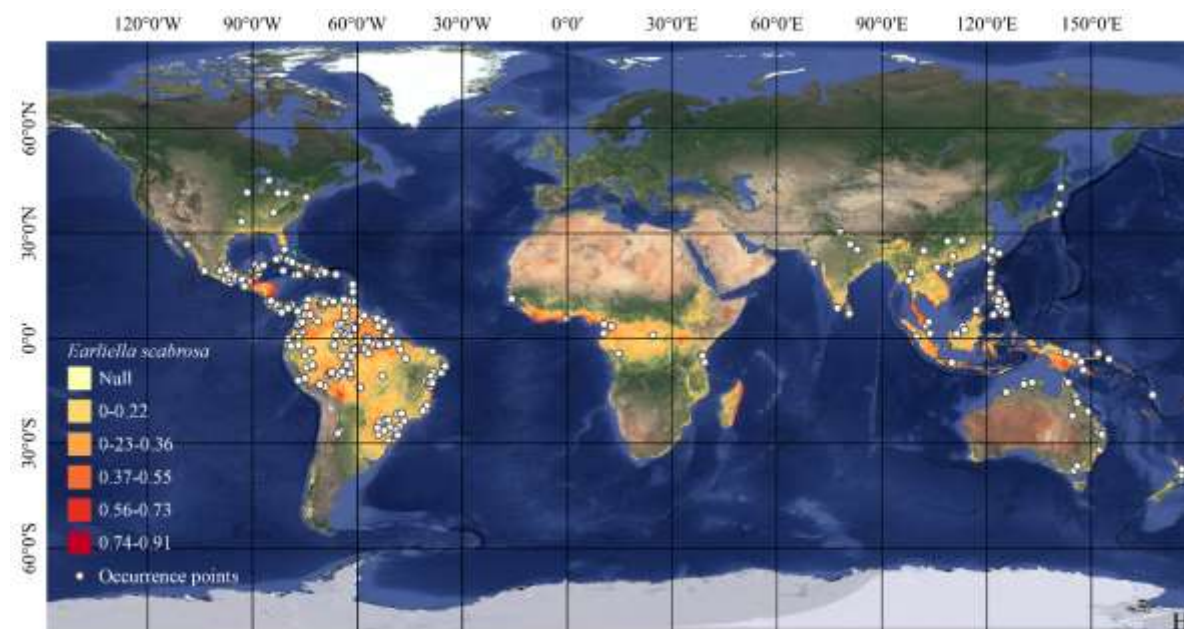


Figura 16 – Modelo MaxEnt para *E. scabrosa*.

Fomes fasciatus

Fomes fasciatus apresentou ampla distribuição para regiões da América do Sul, Golfo do México e sul dos Estados Unidos, além de apresentar distribuição potencial para várias áreas da faixa tropical. No Brasil, o modelo maximizou a entropia em regiões do Norte, Nordeste, Sul e Sudeste, com baixa ou nenhuma adequação para região da Caatinga e Cerrado, áreas caracterizadas por vegetação seca (Figura 17). Portanto, áreas de Floresta Amazônica e Mata Atlântica indicam ser mais propícias para distribuição dessa espécie.

Das 30 variáveis usadas para análise de componentes principais (PCA), 18 não estão correlacionadas e foram usadas para rodar os modelos. Class9, BIO19, Class2, BIO18 (Precipitação do quadrimestre mais quente) e BIO10, demonstraram maior desempenho no modelo, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 75% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentaram valores próximos de 1 para área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO18, o que demonstra que a precipitação parece ter maior peso na ocorrência dessa espécie. Além disso, a variável que mais diminuiu o ganho quando omitida foi Class9, permitindo cogitar que a espécie também sofre influência da vegetação antropizada (Tabela 7, Figura 8).

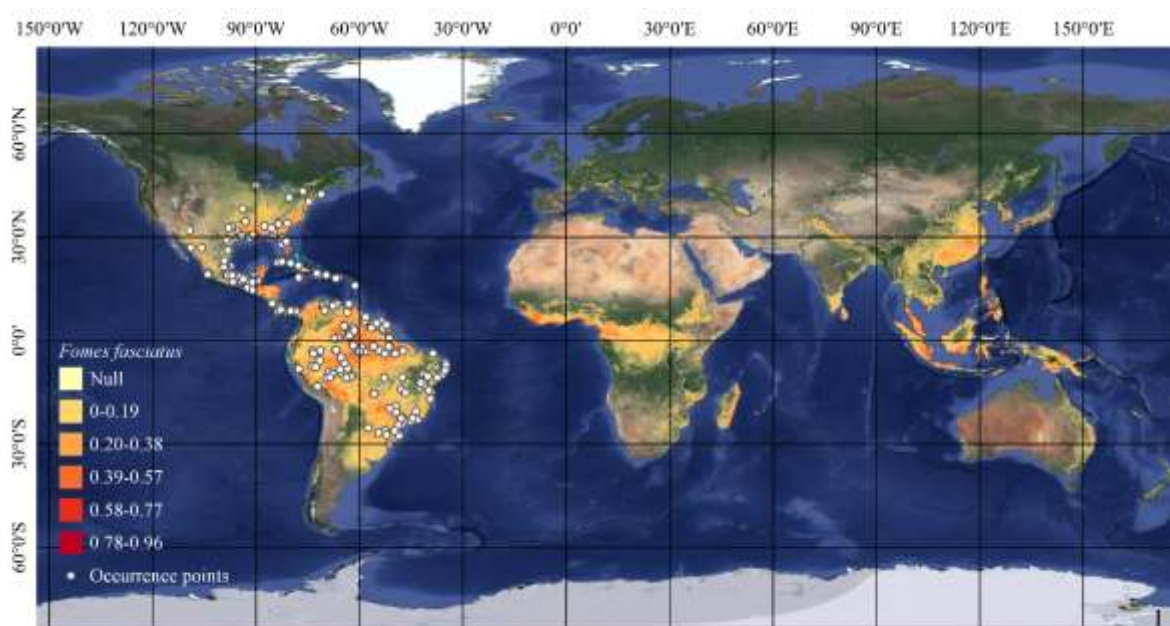


Figura 17 – Modelo MaxEnt para *F. fasciatus*.

Hexagonia hydroides

Hexagonia hydroides apresentou distribuição para a toda região centro-sul da América, com pontos expressivos para América central, sul dos Estados Unidos e Brasil, além de pontos para regiões tropicais na África, Europa e sul da Ásia. No Brasil, o modelo maximizou a entropia praticamente para todas as regiões do país com pontos mais evidentes para áreas de Mata Atlântica e Floresta Amazônica, constatando a importância da vegetação destas áreas para espécie (Figura 18).

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), 19 não estão correlacionadas e foram usadas para rodar os modelos. BIO13, Class9, BIO10 e BIO19 demonstraram maior desempenho no modelo com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 82,1% de contribuição (Tabela 3).

Na análise por bootstrap, todas as réplicas tiveram valores de excelente desempenho para área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO10, mostrando que para essa espécie a temperatura exerce maior influência em sua distribuição. A variável que mais diminuiu o ganho quando omitida foi Class9, ou seja, a vegetação urbana e em locais antropizados parece conter informações importantes para o modelo (Tabela 7, Figura 8).

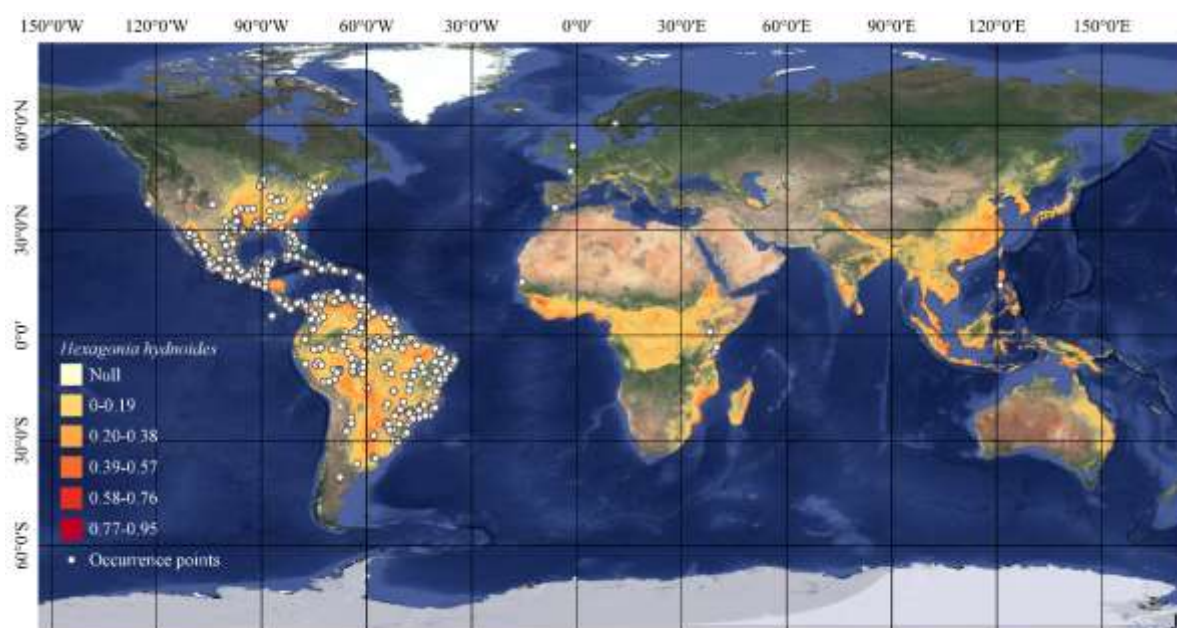


Figura 18 – Modelo MaxEnt para *H. hydroides*.

Microporellus obovatus

Microporellus obovatus apresentou maior distribuição para a região centro-sul da América com pontos expressivos para América Central, sul dos Estados Unidos e outros países do sul da América, além de apresenta adequação e pontos para regiões tropicais da África, sul asiático e Oceania. No Brasil, o modelo maximizou a entropia para regiões da Amazônia, com áreas adequadas também para faixa litorânea do sul ao Nordeste, ressaltando a presença da Mata Atlântica nestas áreas (Figura 19).

Das 30 variáveis submetidas à análise de componentes principais (PCA), 16 não estão correlacionadas e foram usadas para rodar os modelos. BIO19, Class9, BIO18 e BIO10 demonstraram maior desempenho, com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 80,7% de contribuição.

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentam valores próximos de 1 para área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente é BIO19, que também diminui o ganho quando omitida da análise (Tabela 7, Figura 8), demonstrando que a precipitação do quadrimestre mais frio por si só pode ter maior influência na ocorrência desta espécie.

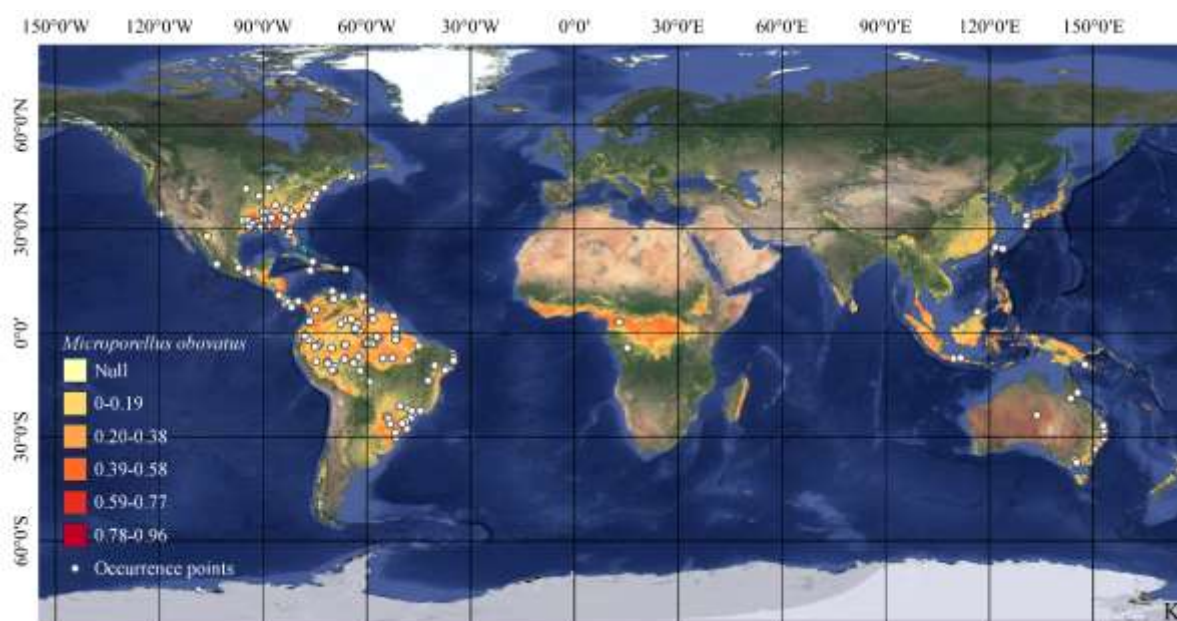


Figura 19 – Modelo MaxEnt para *M. obovatus*.

Rigidoporus lineatus

Rigidoporus lineatus apresentou maior distribuição para a região Centro-sul da América, sul dos Estados Unidos, com pontos expressivos para parte norte da América do sul, além de pontos para África, Ásia oriental e Oceania. No Brasil o modelo maximizou a entropia para região Norte, Sul e faixa litorânea, apresentando maiores adequações em áreas com presença de vegetação florestal para essas regiões (Figura 20).

Das 30 variáveis usadas na análise de componentes principais (PCA), 13 não estão correlacionadas e foram usadas para rodar os modelos. BIO17 (Precipitação do quadrimestre mais seco), Class2 e Class9 demonstraram maior desempenho no modelo com maior percentual em relação às demais variáveis, totalizando 83,8% de contribuição.

Na análise por bootstrap, todas as réplicas apresentaram valores de desempenho próximos de 1 para área abaixo da curva. No teste por jackknife, a variável com maior ganho quando usada isoladamente foi BIO17, indicando a precipitação como o fator que mais influencia a ocorrência da espécie. Já a variável que mais diminui o ganho quando omitida é Class9, ou seja, apresenta informações que não estão contidas nas demais variáveis e sem essas o modelo para espécie diminui seu desempenho (Tabela7, Figura 8).

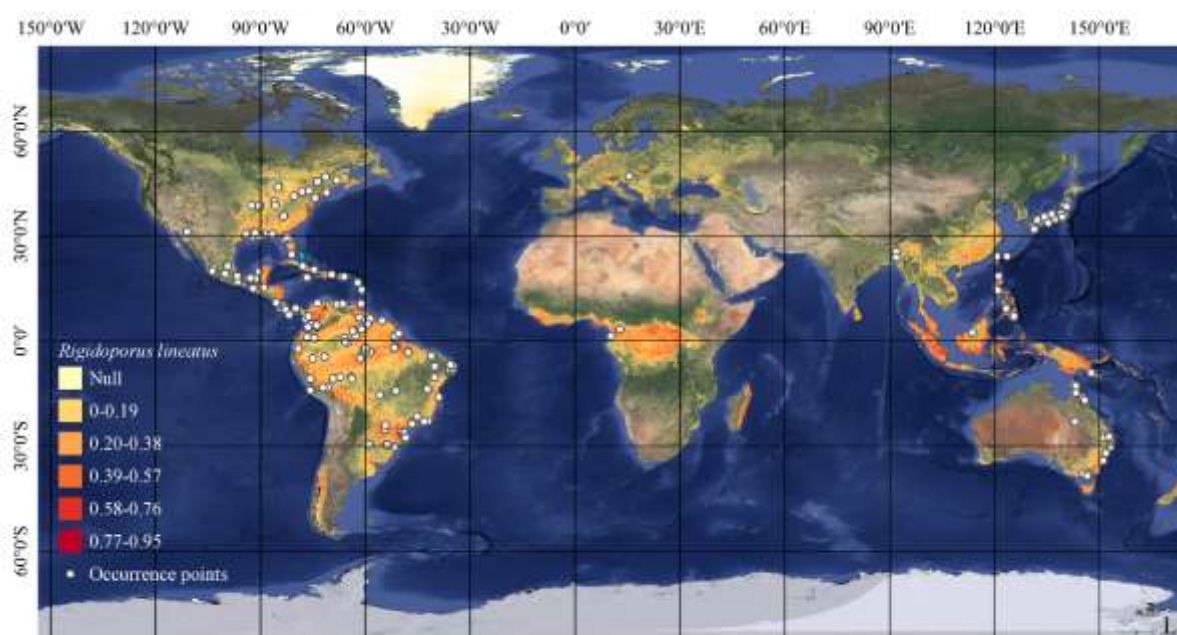


Figura 20 – Modelo MaxEnt para *R. lineatus*.

4.4.3 VALORES DE TREINAMENTO PARA AS ESPÉCIES

Os valores do limite mínimo logístico de presença para as espécies de Hymenochaetales apresentaram significância para cinco das seis espécies (Tabela 8), com exceção de *F. umbrinella* que apresentou valor acima do aceitável (> 0.2). Esse valor acima do esperado pode ser explicado pelo baixo número de registros disponíveis e utilizado para essa espécie durante a execução dos modelos, o que levou a ruídos durante a análise. Já o valor-p de probabilidade binomial de presença mínima (Tabela 8), apresentou significância para cinco das seis espécies com exceção também de *F. umbrinella*, que apresentou valor 0.061 de significância, ou seja, acima do esperado (> 0.5).

Tabela 8. Valores do limite mínimo logístico de presença e o valor-p para as espécies de Hymenochaetales.

Hymenochaetales		
Espécies	Limite mínimo logístico	Valor-p (Probabilidade binomial)
<i>F. umbrinella</i>	0.4726	0.061
<i>H. damicornis</i>	0.0529	0
<i>H. iodina</i>	0.0665	0
<i>H. luteobadia</i>	0.0202	0
<i>P. extensus</i>	0.1834	0.0179
<i>P. fastuosus</i>	0.0336	0

Para as espécies de Polyporales, também foram utilizados os valores do limite mínimo logístico para análise de significância e todas as espécies apresentaram valores dentro do esperado, ou seja, abaixo de 0,2 (Tabela 9). O valor-p de probabilidade binomial de presença mínima para todas as espécies foi 0 (Tabela 9), o que demonstra que todas as seis espécies apresentam adequação para os resultados dos modelos.

Tabela 9. Valores do limite mínimo logístico de presença e o valor-p para as espécies de Polyporales.

Polyporales		
Espécies	Limite mínimo logístico	Valor-p (Probabilidade binomial)
<i>C. rigida</i>	0.0175	0
<i>E. scabrosa</i>	0.0163	0
<i>F. fasciatus</i>	0.0369	0
<i>H. hydroides</i>	0.0054	0
<i>M. obovatus</i>	0.0174	0
<i>R. lineatus</i>	0.0129	0

4.4.4 MODELOS PARA MATA ATLÂNTICA

Os modelos apresentam a distribuição potencial para as espécies de Hymenochaetales e Polyporales nos 17 estados de ocorrência da Mata Atlântica (Figura 21-22). Para Hymenochaetales, nota-se que parte bioma já não apresenta boa adequação para as espécies e que muitas dessas áreas de ocorrência estão atualmente fragmentadas e isoladas umas das outras. As áreas mais adequadas estão geralmente localizadas no litoral e cada espécie apresenta distribuição pontencial distinta, provavelmente acompanhando o regime de precipitação de cada região, uma vez que esta variável foi a de maior contribuição para a ocorrência das espécies, influenciando mais os modelos. Por exemplo, o modelo para *F. umbrinella*, apresenta adequação para áreas disjuntas no Nordeste e no Sul do Brasil. Já *H. damicornis* e *H. iodina* apresentam poucas áreas com alta adequação. em pontos isolados no Sul. *Hymenochaete luteobadia* e *P. extensus* tiveram maior adequação no Nordeste, enquanto *P. fastuosus* apresentou alta entropia para o Sul que consequentemente é a região de maior percentual de Mata Atlântica atualmente.

Para as espécies de Polyporales, restam poucas áreas adequadas para sua ocorrência na Mata Atlântica, representadas por alguns pontos isolados geralmente próximos à costa. Além disso, muitas dessas áreas podem ainda estar desprotegidas e sofrem frequentemente com alterações e intervenções antrópicas. Vale salientar que as áreas que os modelos maximizaram a entropia estão, muitas vezes em locais

que atualmente são unidades de conservação (UCs) (<https://www.icmbio.gov.br/porta/unidadesdeconservacao/biomas-brasileiros>), pelo menos em Pernambuco, embora muitas outras analisadas não.

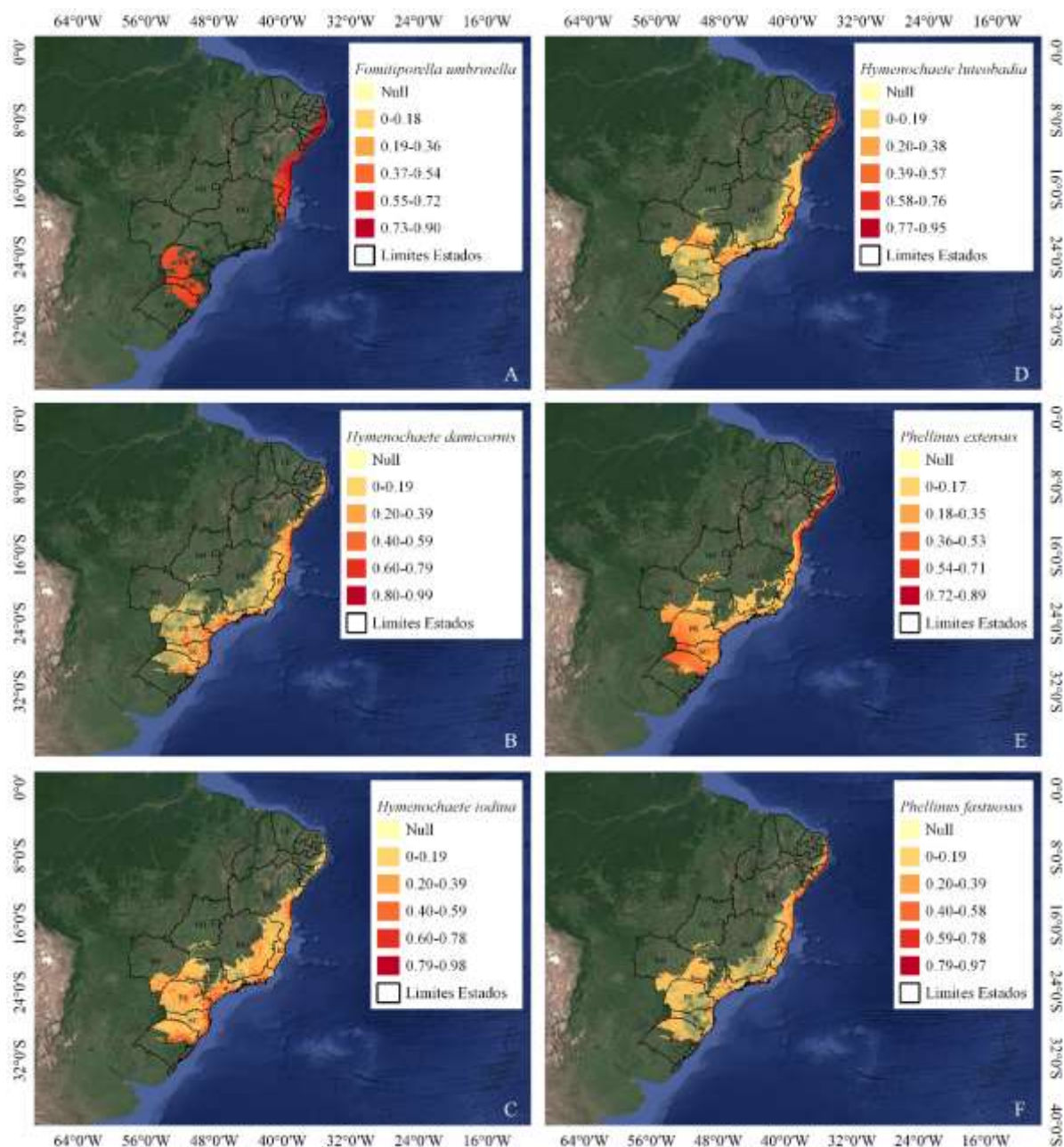


Figura 21 – Modelos da Mata Atlântica para **A** - *F. umbrinella*, **B** - *H. damicornis*, **C** - *H. iodina*, **D** - *H. luteobadia*, **E** - *P. extensus*, **F** - *P. fastuosus*.

Assim como para Hymenochaetales, as espécies apresentam, de modo geral, distribuição diferenciada uma das outras. Numa visão macrogeográfica dos modelos,

C. rigida aparentemente foi a espécie com mais áreas maximizadas enquanto *E. scabrosa*, *F. fasciatus* e *H. hydroides* apresentaram pontos similares de alta adequação no Sudeste e Nordeste. Para *M. obovatus*, áreas do Nordeste apresentaram boa adequação, além de pontos isolados no Sudeste e Sul, enquanto *R. lineatus* mostrou locais mais propícios nos estados do Sul e Sudeste do Brasil.

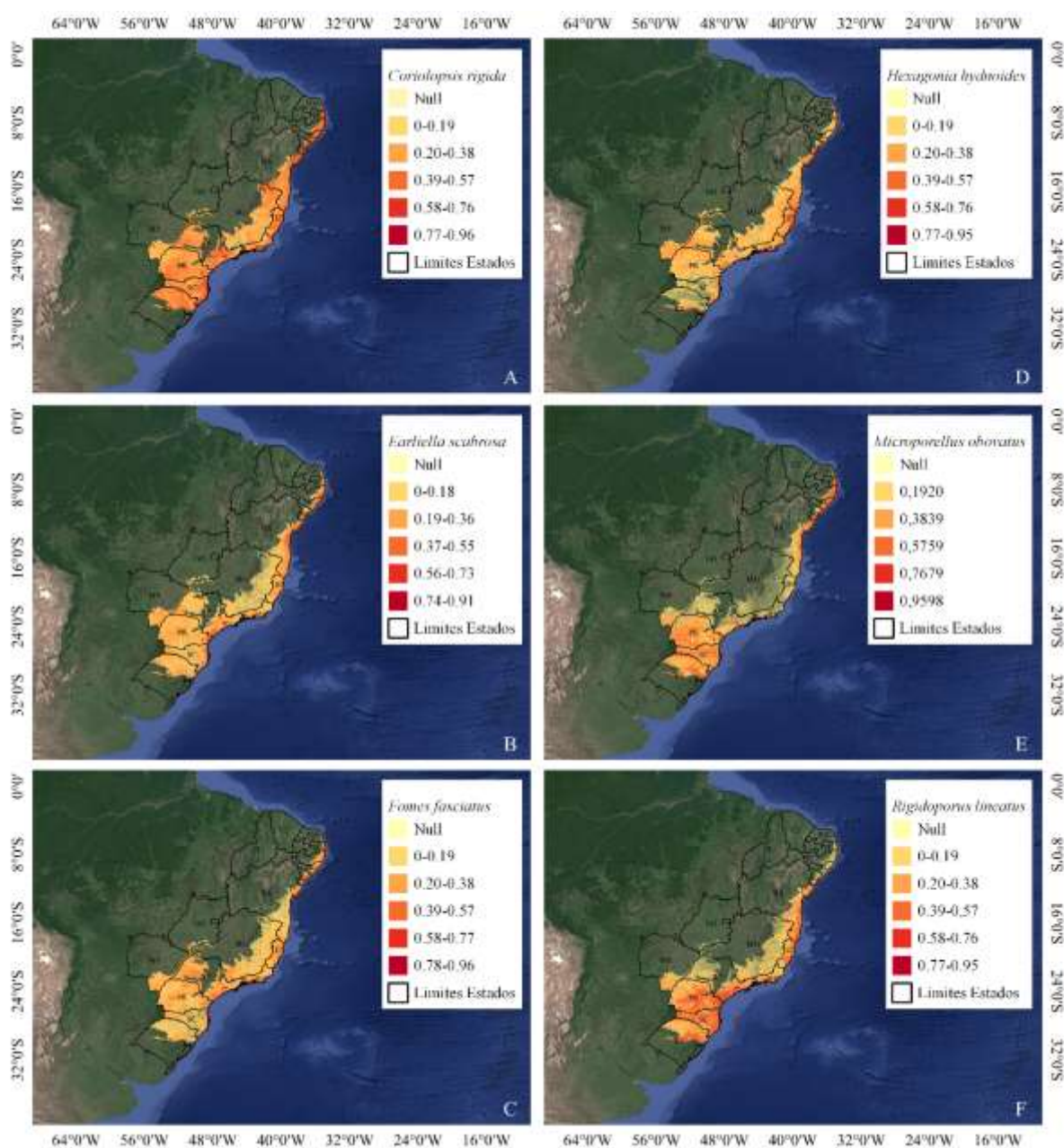


Figura 22 – Modelos da Mata Atlântica para **A** - *C. rigida*, **B** - *E. scabrosa*, **C** - *F. fasciatus*, **D** - *M. obovatus*, **E** - *H. hydroides*, **F** - *R. lineatus*.

Embora a presença de fungos dependa de diversos fatores (Deacon, 2006), as condições ambientais se mostram importantes para adequação de áreas propícias para ocorrência desses organismos. Fatores climáticos podem se comportar de formas distintas para cada região do país e nosso estudo mostrou que a precipitação teve maior influência nos modelos para maioria das espécies poroides aqui estudadas, enquanto a temperatura teve sua contribuição para algumas espécies pontuais. Entre as variáveis explicativas usadas, a vegetação também parece influenciar acentuadamente na distribuição da maioria das espécies, sendo a variável vegetal de antropização a que mais aparece contribuindo para os modelos ou interferindo negativamente quando retirada da análise.

De modo geral, os modelos demonstram que áreas de Mata Atlântica exibem uma boa adequabilidade para as espécies do estudo e novas áreas potenciais podem ser encontradas para esse bioma como também para outros. Além disso, a região Sul atualmente contém a maior porcentagem de áreas de Mata Atlântica, enquanto os estados do Nordeste possuem o menor percentual (IBGE, 2019), o que permite concluir que áreas para esse Bioma na região Nordeste merecem atenção para o desenvolvimento de medidas de conservação e consequentemente para os fungos poroides que vivem nela. O estudo ainda constatou que o uso de poucos registros para modelar espécies com o programa MaxEnt é viável, uma vez que três espécies de Hymenochaetales (*F. umbrinella*, *P. extensus* e *P. fastuosus*) apresentavam poucos registros e obtiveram bons desempenhos para as médias de execução das replicações na análise bootstrap (Tabela 4), apesar de *F. umbrinella* apresentar valores de significância acima do esperado.

Diante das alterações do clima e devido às mudanças na fisionomia das florestas causadas principalmente pela devastação e ocupação urbana no bioma Mata Atlântica, é preciso criar ou fortalecer políticas para conservação de áreas que ainda se mantêm propícias para fungos poroides como indicam os modelos, fornecendo condições para sua permanência. Regimes de pouca chuva e o aumento da temperatura podem transformar em inóspitos os habitats desses organismos, que primordialmente necessitam de condições de umidade ideais para seu desenvolvimento e substrato vegetal para o seu estabelecimento e colonização. Trabalhos que modelam a distribuição para outros grupos de fungos e Myxomycetes evidenciam essa relação entre a precipitação e temperatura, assim como outros fatores que também contribuem para os modelos das espécies estudadas (González-

Ávila et al., 2013; Szcepańska et al., 2015; Dymytrova et al., 2016; Guo et al., 2017; Pietras et al., 2018; Oh et al., 2019; Elias et al., 2020).

Estudos ainda atribuem alterações de fatores ambientais como a precipitação e temperatura causadas por mudanças climáticas para América do Sul, interferindo diretamente na fisionomia das florestas ao longo dos anos (Marengo et al., 2009). Apontam ainda um aumento da temperatura com consequente aquecimento em várias regiões do Brasil, enquanto a precipitação é fortemente reduzida (Chou et al., 2014; Sampaio e Dias, 2014; Cera e Ferraz, 2015; Lacerda et al. 2015; Lyra et al., 2017; Alves et al., 2020; Carvalho et al., 2020). Outros fatores também como fluxos de umidade, emissão de gás carbônico por desmatamento e degradação de florestas (Lejeune et al., 2014; Pearson et al, 2017; Bustamante et al., 2019; Montibeller et al., 2020) podem interferir negativamente no clima. Assim, em um cenário próximo de mudanças, áreas de Mata Atlântica podem desaparecer, como já vem acontecendo, e os fungos poroides que habitam essa área e apresentam potencial biotecnológico podem consequentemente ter sua distribuição restrita ou mesmo desaparecer.

O presente estudo mostrou que, ao contrário das regiões centrais do Brasil, o litoral apresenta elevado potencial de adequação para ocorrência das 12 espécies selecionadas, com melhores valores principalmente em florestas que anteriormente ocupavam grandes áreas e hoje estão frequentemente divididas em pequenos fragmentos. Essas áreas podem ainda estar sendo pressionadas por ações antrópicas, como cultivos, estradas ou cidades. Como consequência, os fungos estudados podem desaparecer caso elas estejam desprotegidas, sofrer isolamento geográfico com consequente especiação ou colapso populacional devido à distribuição restrita, espécies tolerantes às condições adversas podem tornar-se dominantes, ou ainda espécies pouco tolerantes a climas secos se extinguirem, causando perda de biodiversidade (Muller et al., 2006).

Fungos poroides estão intimamente relacionados ao substrato que colonizam. Dessa forma, entender melhor as condições que interferem, direta ou indiretamente, na dinâmica das florestas úmidas, em especial a Mata Atlântica, permite melhor compreender os fatores que podem limitar a distribuição dos organismos aqui estudados. É importante ressaltar que a MAt Alt atualmente é o mais ameaçado entre os biomas que ocorrem no Brasil (IBGE, 2019) e que sua preservação implicaria também na conservação dos fungos estudados. Nesse contexto, análise de

modelagem para evidência de novos habitats potenciais para as espécies podem servir como base para estudos de conservação.

5 CONCLUSÕES

- Condições de precipitação, temperatura e vegetação interferem diretamente na ocorrência dos fungos poroides estudados.
- Áreas bem representadas para distribuição desses fungos estão localizadas em florestas pluviais, como a Amazônia e a Mata Atlântica.
- No caso da Mata Atlântica, a faixa litorânea, atualmente fragmentada, apresenta as áreas mais propícias para a ocorrência dos fungos estudados.
- O Nordeste deve ser priorizado em ações de conservação de fungos poroides, devido à alta adequação para ocorrência desses e a menor porcentagem de áreas de Mata Atlântica.
- Poucos registros de herbário podem gerar modelos de excelente desempenho para espécies poroides.
- Modelos de distribuição de espécies podem ser úteis como base para planos de conservação e análise de áreas propícias para fungos poroides e fornecem subsídios para criação de novas áreas de conservação ambiental ou ampliação das já existentes.

6 REFERÊNCIAS

Aarts, G.; Fieberg, J.; Matthiopoulos, J. 2011. Comparative interpretation of count, presence-absence and point methods for species distribution models. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(1), 177–187.

Abrahão, M. C.; Gugliotta, A. de M.; Da Silva, R.; Fujieda, R. J. Y.; Boscolo, M.; Gomes, E. 2008. Ligninolytic Activity from Newly Isolated Basidiomycete Strains and Effect of These Enzymes on the Azo Dye Orange II Decolourisation. *Annals of Microbiology*, 58(3), 427–432.

Abrahão, M.C.; Pires, R.M.; Gugliotta, A.M.; Gomes, E.P.C.; Bononi, V.L.R. 2019. Wood-decay fungi (Agaricomycetes, Basidiomycota) in three physiognomies in the savannah region in Brazil. *Hoehnea*, 46: e692018.

Aime, M. C.; Henkel, T. W.; Ryvarden, L. 2003. Studies in Neotropical Polypores 15: New and Interesting Species from Guyana. *Mycologia*, 95(4), 614.

Ajith, T.A., Janardhanan, K.K. 2002. Antioxidant and antihepatotoxic activities of *Phellinus rimosus* (Berk) Pilat. *Journal of Ethnopharmacology*, 81(3), 387–391. doi:10.1016/s0378-8741(02)00042-9.

Ajith, T.A.; Janardhanan, K.K. 2003. Cytotoxic and Antitumor Activities of a Polypore Macrofungus, *Phellinus rimosus* (Berk) Pilat. *Journal of Ethnopharmacology*, 84(2-3), 157–162. doi:10.1016/s0378-8741(02)00292-1.

Ajith, T. A.; Sheena, N.; Janardhanan, K. K. 2006. *Phellinus rimosus*. Protects Carbon Tetrachloride-Induced Chronic Hepatotoxicity In Rats: Antioxidant Defense Mechanism. *Pharmaceutical Biology*, 44(6), 467–474.

Almeida, D.S. 2016. *Recuperação Ambiental da Mata Atlântica*. 3rd ed. rev. and enl. Ilhéus, BA. 200 p. SciELO Books.

Almadrones-Reyes, A.; Dagamac, N.H.A. 2018. Predicting Local Habitat Suitability in Changing Climate Scenarios: Applying Species Distribution Modelling for *Diderma Hemisphaericum*. *Journal of Fungal Biology*. 8(5): 492–500.

Alcantara, A.A.; Gugliotta, A.M.; Barbosa, L.M. 2019. Áreas restauradas revelam nova ocorrência de *Neofavolus subpurpurascens* (Murrill) Palacio & Robledo (Basidiomycota, Polyporaceae) para o Estado de São Paulo, Brasil. *Hoehnea* 46: e732019.

Amopö, A. 2016. Sanöma samakönö sama tökö nii pewö oa wi ī tökö waheta. *Enciclopédia dos Alimentos Yanomami (Sanöma)*. Cogumelos. São Paulo: Instituto

Socioambiental. Série uli tä uli naha tökö kupai ï tökö pewö taö wi: saberes da floresta 4.

Anderson, R. P.; Jr., I.G. 2011. Species-specific Tuning Increases Robustness to Sampling Bias in Models of Species Distributions: An Implementation with Maxent. *Ecological Modelling*, 222(15), 2796–2811.

Andrew, C.; Diez, J.; James, T. Y.; Kauserud, H. 2018. Fungarium specimens: a largely untapped source in global change biology and beyond. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 374(1763), 20170392.

Aoki, I. 1983. Entropy Productions on the Earth and Other Planets of the Solar System, *J. Phys. Soc. Jpn.*, 52, 1075– 1078.

Araújo, M.B.; Williams, P. 2000. Selecting Areas for Species Persistence Using Occurrence Data. *Biological Conservation* 96: 331-345.

Araújo, M. B.; Guisan, A. 2006. Five (or so) Challenges for Species Distribution Modelling. *Journal of Biogeography*, 33(10), 1677–1688.

Araújo, M.B.; Luoto, M. 2007. The Importance of Biotic Interactions for Modelling Species Distributions Under Climate Change. *Global Ecology and Biogeography*, 16(6), 743–753.

Araújo, M.B.; Peterson, A.T. 2012. Uses and Misuses of Bioclimatic Envelope Models. *Ecology* 93(7):1527-39.

Austin, M. 2007. Species Distribution Models and Ecological Theory: A Critical Assessment and Some Possible New Approaches. *Ecological Modelling*, 200(1-2), 1–19.

Azeem, U.; Dhingra, G.S.; Shri, R. 2018. Pharmacological potential of wood inhabiting fungi of genus *Phellinus* Quél.: An overview. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 7(2): 1161-1171.

Azeem, U.; Shri, R.; Dhingra, G.S. 2018. Comparative analysis of taxonomy, physicochemical characteristics and mycochemical screening of two wood degrading *Phellinus* mushrooms (*P. fastuosus* (Lèv.) S. Ahmad and *P. sanfordii* (Lloyd) Ryvarden). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7, 2151-2158.

Baptista-Rosas RC, Hinojosa A, Riquelme M. 2007. Ecological niche modeling of *Coccidioides spp.* in western North American deserts. *Ann N Y Acad Sci.*, 1111:35-46.

Baltazar, J. M.; Trierveiler-Pereira, L.; Loguercio-Leite, C. 2009. A checklist of xylophilous basidiomycetes (Basidiomycota) in mangroves. *Mycotaxon*, 107(1), 221–224.

Baltazar, J.M. ; Drechsler-Santos, E.R. ; Ryvarden, L.; Cavalcanti, M.A.Q.; Gibertoni, T.B. 2012. Contribution to the Knowledge of Polypores (Agaricomycetes) from the Atlantic Forest and Caatinga, with New Records from Brazil. *Mycosphere Online - Journal of Fungal Biology*, v. 3, p. 267-280.

Bandara, A.R.; Rapior, S.; Bhat, D.J.; Kakumyan, P.; Chamyang, S.; Xu, J.; Hyde, K.D. 2015. *Polyporus umbellatus*, an Edible-Medicinal Cultivated Mushroom with Multiple Developed Health-Care Products as Food, Medicine and Cosmetics: A Review. *Cryptogam Mycol* 36(1):3–42.

Badalyan, S.M.; Barkhudaryan, A.; Rapior, S. 2019. Recent Progress in Research on the Pharmacological Potential of Mushrooms and Prospects for Their Clinical Application. In: *Med Mushrooms*. Agrawal, D.; Dhanasekaran, M. (eds) Springer, Singapore.

Banasiak, Ł.; Pietras, M.; Wrzosek, M.; Okrasińska, A.; Gorczak, M.; Kolanowska, M.; Pawłowska, J. 2019. *Aureoboletus projectellus* (Fungi, Boletales) – Occurrence Data, Environmental Layers and Habitat Suitability Models for North America and Europe. *Data in Brief*, 103779.

Bergon, M.; Townsend, C.R.; Haper, J.L. 2007. Ecology De Indivíduos a Ecosystemas: Capítulo 1 -Organismos em seus Ambientes: O Cenário Evolutivo. Edição (4), 25-29.

Bellard, C.; Bertelsmeier, C.; Leadley, P.; Thuiller, W.; Courchamp, F. 2012. Impacts of Climate Change on the Future of Biodiversity.

Bhond, R.; Lamrood, P.; Vaidya, J.G. 2002. Anticarcinogenic Activity of Two Samples of Phansomba-*Phellinus merillii* (Murr.) Ryv. and *P. fastuosus* (Lev.) Ryv. on SiHa Cell Lines. International Journal of Medicinal Mushrooms 3(2-3):1.

Binder M; Hibbett D.S. 2002. Higher-Level Phylogenetic Relationships of Homobasidiomycetes (Mushroom-Forming Fungi) Inferred from Four rDNA Regions. Mol Phylogenet Evol 22:76–90.

Binder, M.; Justo, A.; Riley, R.; Salamov, A.; Lopez-Giraldez, F.; Sjökvist, E.; Copeland, A.; Foster, B.; Sun, H.; Larsson, E.; Larsson, K.-H.; Townsend, J.P.; Grigoriev, I.; Hibbett, D. 2013. Phylogenetic and Phylogenomic Overview of the Polyporales. Mycologia 105:1350–1373.

Bisen, P. S.; Baghel, R. K.; Sanodiya, B. S.; Thakur, G. S.; Prasad, G. B. K. S. 2010. Lentinus edodes: A Macrofungus with Pharmacological Activities. Current Medicinal Chemistry, 17(22), 2419–2430.

Biedermann, P. H. W.; Vega, F. E. 2019. Ecology and Evolution of Insect–Fungus Mutualisms. Annual Review of Entomology, 65(1).

Blackwell, M. 2011. The Fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? American Journal of Botany, 98(3), 426–438.

Boyce JS. 1961. Forest Pathology. 3rd ed. New York: McGraw-Hill. 572 p.

Booth, D. J.; Wellington, G. 1998. Settlement Preferences in Coral-Reef Fishes: Effects on Patterns of Adult and Juvenile Distributions, Individual Fitness and Population Structure. *Austral Ecology*, 23(3), 274–279.

Boa, E.R. 2004. Wild Edible Fungi. A Global Overview of Their Use and Importance to People. Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Brown, J. H.; Lomolino, M. V. 2006. Biogeografia. 2. ed. Ribeirão Preto, SP: FUNPEC.

Busby, J.R. 1991a. BIOCLIM – A Bioclimate Analysis and Prediction System. *Nature Conservation: Cost Effective Biological Surveys and Data Analysis* (ed. by C.R. Margules and M.P. Austin), pp. 64–68. CSIRO, Melbourne.

Busby, J.R. 1991b. BIOCLIM – A Bioclimate Analysis and Prediction System. *Plant Protection Quarterly*, 6,8–9.

Butchart, S.H.; Walpole, M.; Collen, B.; et al. 2010. Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science*. 328(5982):1164-1168.

Bulam, S.; Üstün, N.S.; Peksen, A. β -Glucans: An Important Bioactive Molecule of Edible and Medicinal Mushrooms. 2018. In *Proceedings of the International Technological Sciences and Design Symposium*, Giresun, Turkey, 27–29.

Bustamante, M. M. C.; Silva, J. S.; Scariot, A.; Sampaio, A. B.; Mascia, D. L.; Garcia, E.; Nobre, C.; et al. 2019. Ecological Restoration as a Strategy for Mitigating and Adapting to Climate Change: Lessons and Challenges from Brazil. *Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change*. 24(3).

Carpenter, G.; Gillison, A. N.; Winter, J. 1993. DOMAIN: A Flexible Modelling Procedure for Mapping Potential Distributions of Plants and Animals. *Biodiversity and Conservation*, 2(6), 667–680.

Carvalho, C.J.B.; Almeida, E.A.B. 2011. Biogeografia da América do Sul: Padrões e Processos. São Paulo: Roca.

Carwardine, J.; O'Connor, T.; Legge, S.; Mackey, B.; Possingham, H. P.; Martin, T. G. 2012. Prioritizing Threat Management for Biodiversity Conservation. *Conservation Letters*, 5(3), 196–204.

Campos-Santana, M. D.; Robledo, G.; Decock, C.; Silveira, R.M.B.D. 2015. Diversity of the Poroid Hymenochaetaceae (Basidiomycota) from the Atlantic Forest and Pampa in Southern Brazil. *Cryptogamie, Mycologie*, 36(1), 43–78.

Cera, J.C.; Ferraz, S.E.T. 2015. Variações Climáticas na Precipitação no Sul do Brasil no Clima Presente e Futuro. *Revista Brasileira de Meteorologia*, v. 30, n. 1, 81 - 88, 2015.

Chase, J.M.; Leibold, M.A. 2002. Spatial Scale Dictates the Productivity-Biodiversity Relationship. *Nature* 416: 427-430.

Chander, M.; Arora, D. S.; Bath, H. K. 2004. Biodecolourisation of Some Industrial Dyes by White-Rot Fungi. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 31(2), 94–97.

Chen, F.; Du, Y.; Niu, S., Zhao, J. 2015. Modeling Forest Lightning Fire Occurrence in the Daxinganling Mountains of Northeastern China with MAXENT. *Forests*, 6(12), 1422–1438.

Chahouki, M. A. Z.; Sahragard, H. P. 2016. Maxent Modelling for Distribution of Plant Species Habitats of Rangelands (Iran). *Polish Journal of Ecology*, 64(4), 453–467.

Chen, B.; Tiana, J.; Zhang, J.; Wang, K.; Liu, L.; Yang, B.; Bao, L.; Liu, H. 2017. Triterpenes and Meroterpenes from *Ganoderma lucidum* with Inhibitory Activity Against HMGs Reductase, Aldose Reductase and α -glucosidase. *Fitoterapia* 120:6–16.

Chen, H.H.X.; Liu, H.; Wu, J.; Zhong, X. 2018. *Earliella scabrosa*-Associated Postoperative Endophthalmitis After Phacoemulsification with Intraocular Lens Implantation: A Case Report. BMC Ophthalmol. 18: 47.

Chen, H.H.X.; Liu, H.; Wu, J.; Zhong, X. 2018. *Earliella scabrosa*-Associated Postoperative Endophthalmitis After Phacoemulsification with Intraocular Lens Implantation: A Case Report. BMC Ophthalmol. 18: 47

Chagas, K.P.T.; Lucas, F.M.F.; Vieira, F. A. 2020. Predictive Modeling of *Mimosa tenuiflora* (Willd) Poiret: How Can Climate Change Affect its Potential Distribution Range. Revista Floresta. ISSN:1982-4688.

Chikowski, R.S.; Lira, C.R.S.; Larsson, K.-H.; Gibertoni, T.B. 2020. A checklist of corticioid fungi (Agaricomycetes, Basidiomycota) from Brazil. Mycotaxon, v. 135, p. 1-42.

Corfixen, P. 1990. A New Species of *Inonotus* (Hymenochaetaceae) from Scandinavia. Nordic Journal of Botany, 10(4), 451–455.

Corrêa, R.C. 2014. Uso da Modelagem Ecológica de Nichos como Ferramenta para o Conhecimento da Distribuição Geográfica Potencial de Coleoptera de Importância Forense no Brasil. Tese. Curitiba.

Coelho, G.L.N.; Carvalho, L.M.T.; Gomide, L.R. 2016. Modelagem Preditiva de Distribuição de Espécies Pioneiras no Estado de Minas Gerais. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.51, n.3, p.207-214.

Costa, T.R.; Moura, C.C.; Machado, E.L.M.; Bueno, M.L. 2018. Modelagem Preditiva da Espécie *Lychnophora pohlii* SCH. BIP., no Estado de Minas Gerais. Nativa, Sinop, v. 6, n. 1, p. 100-106.

Cordeiro, P.F. 2018. Modelagem de Distribuição Potencial, Impactos Ambientais e Econômicos do Aguapé (*Eichhornia crassipes*). Dissertação. Belo Horizonte. Instituto de Geociências da UFMG.

Cobos, M. E.; Peterson, A. T.; Barve, N.; Osorio-Olvera, L. 2019. kuenm: An R Package for Detailed Development of Ecological Niche Models Using Maxent. PeerJ, 7, e6281.

Darwin, C.R.; Wallace, A.R. 1858. On the Tendency of Species to form Varieties; and on the Perpetuation of Varieties and Species by Natural Means of Selection. Proc. Linn. Soc. Lond., Zool. 3: 45-62.

Dai, Y.-C.; Xu, M.-Q.; Wu, X.-L. 2001. A new Forest Pathogen on in Subtropical China: *Rigidoporus lineatus* (Pers.: Fr.) Ryvarden. Forest Research, 14(1):47-49.

Dai, Y.-C.; Yang, Z.-L.; Cui, B.-K.; Yu, C.-J.; Zhou, L.-W. 2009. Species Diversity and Utilization of Medicinal Mushroom and Fungi in China (Review). Int J Med. Mushr. 11:287-302.

Dai, Y.-C.; Zhou, L.-W.; Cui, B.-K.; Chen, Y.-Q.; Decock, C. 2010. Current Advances in *Phellinus* Sensu Lato: Medicinal Species, Functions, Metabolites and Mechanisms. Applied Microbiology and Biotechnology, 87(5), 1587–1593.

Davison, et a. 2021. Temperature and pH define the realised niche space of arbuscular mycorrhizal fungi. New Phytol. PMID: 33507570.

Dai, Y.-C.; Cui, B.-K. 2014. Progress on the Species of Medicinal Fungus *Inonotus sanghuang*. Journal of Beijing Forestry University 36(5):1-6.

Daniel, J.T. 2014. Diagnostic Methods for Maxent Models in Ecology. A Thesis presented to The University of Guelph. Ontario, Canadá.

Dai, Y.-C.; Zhou, L.-W.; Hattori, T.; Cao, Y.; Stalpers, J. A.; Ryvarden, L.; Buchanam, P.; Oberwinkler, F.; Hallenberg, N.; Liu, P.-G.; Wu, S.-H. 2017. Ganoderma lingzhi (Polyporales, Basidiomycota): the scientific binomial for the widely cultivated medicinal fungus Lingzhi. Mycological Progress, 16(11-12), 1051–1055.

Dalimunthe, C. I.; Tistama, R.; Wahyni, S. 2017. Detection of White Root Disease (*Rigidoporus Microporus*) in Various Soil Types in the Rubber Plantations Based on The Serological Reaction. IOP Conference Series Earth and Environmental Science 97(1):012043.

Dean, W. 1996. A Ferro e Fogo: A História e a Devastação da Mata Atlântica Brasileira. Companhia das Letras, São Paulo.

Deacon, J.W. Fungal biology. 4a Edição. Massachusetts: Blackwell Publishing, 2006.

De Silva, D.D.; Rapior, S.; Hyde, K.D.; Bahkali, A.H. 2012. Medicinal Mushrooms in Prevention and Control of Diabetes Mellitus. Fungal Diversity, 56(1), 1–29.

Díaz, R.; Saparrat, M. C. N.; Jurado, M.; García-Romera, I.; Ocampo, J. A.; Martínez, M. J. 2010. Biochemical and Molecular Characterization of *Coriopsis rigida* Laccases Involved in Transformation of the Solid Waste from Olive Oil Production. Applied Microbiology and Biotechnology, 88(1), 133–142.

Dymytrova, L.; Stofer, S.; Ginzler, C.; Breiner, F. T.; Scheidegger, C. 2016. Forest-Structure Data Improve Distribution Models of Threatened Habitat Specialists: Implications for Conservation of Epiphytic Lichens in Forest Landscapes. Biological Conservation, 196, 31–38.

Efron, B.; Tibishirani, R.J. 1993. An Introduction to Bootstrap. New York: John Wiley & Sons. p. 642.

Ehsanifard, Z.; Mir-Mohammadrezaei, F.; Safarzadeh, A.; Ghobad-Neihad, M. 2017. Aqueous Extract of *Inocutis levis* Improves Insulin Resistance and Glucose Tolerance in High Sucrose-Fed Wistar Rats. Journal of Herbmec Pharmacology 6(4):160-164.

Elton, C. 1927. Animal Ecology. Sidgwick and Jackson. London, England.

Elith, J.; Graham, C.H.; Anderson, R.P.; Dudík, M.; Ferrier, S.; Guisan, A.; Hijmans, R.J.; Huettmann, F.; Leathwick, J.R.; Lehmann, A.; Li, J.; Lohmann, L.G.; Loiselle, B.

A.; Manion, G.; Moritz, C.; Nakamura, M.; Nakazawa, Y.; Overton, J. McC.; Peterson, A.T.; Phillips, S.J.; Richardson, K.S.; Scachetti, P.R.; Schapire, R.E.; Soberón, J.; Williams, S.; Wisz, M. S.; Zimmermann, N.E. 2006. Novel Methods Improve Prediction of Species' Distributions from Occurrence Data. *Ecography* 29: 129-151.

Elith, J.; Leathwick, J. R. 2009. Species Distribution Models: Ecological Explanation and Prediction Across Space and Time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40(1), 677–697.

Elisashvili, V.; Kachlishvili, E.; Tsiklauri, N.; Metreveli, E.; Khardziani, T.; Agathos, S.N. 2009. Lignocellulose-Degrading Enzyme Production by White-Rot Basidiomycetes Isolated from the Forests of Georgia. *World J Microbiol Biotechnol* 25:331–339.

Elith, J.; Phillips, S. J.; Hastie, T.; Dudík, M.; Chee, Y. E.; Yates, C. J. 2011. A Statistical Explanation of MaxEnt for Ecologists. *Diversity and Distributions*, 17(1), 43–57.

Elias, S. G.; Salvador-Montoya, C. A.; Costa-Rezende, D. H.; Guterres, D. C.; Fernandes, M.; Olkoski, D.; Klabunde, G.H.F.; Drechsler-Santos, E. R. 2020. Studies on the Biogeography of *Phellinotus piptadeniae* (Hymenochaetales, Basidiomycota): Expanding the Knowledge on Its Distribution and Clarifying Hosts Relationships. *Fungal Ecology*, 45, 100912.

Engler, R.; Guisan, A.; Rechsteiner, L. 2004. An Improved Approach for Predicting the Distribution of Rare and Endangered Species from Occurrence and Pseudo-Absence Data. *Journal of Applied Ecology* 41: 263-274.

Escobar, L. E.; Lira-Noriega, A.; Medina-Vogel, G.; Townsend Peterson, A. 2014. Potential for spread of the white-nose fungus (*Pseudogymnoascus destructans*) in the Americas: use of Maxent and NicheA to assure strict model transference. *Geospatial Health*, 9(1), 221.

Farid, A.M.; Lee, S.S.; Maziah, Z.; Patahayah, M. 2009. Pathogenicity of *Rigidoporus microporus* and *Phellinus noxius* Against Four Major Plantation Tree Species in Peninsular Malaysia. J Trop Forest Sci 21:289– 298.

Falade, O.E.; Oyetayo, O.V.; Awala, S.I. 2017. Evaluation of the Mycochemical Composition and Antimicrobial Potency of Wild Macrofungus, *Rigidoporus microporus* (Sw). The Journal of Phytopharmacology; 6(2): 115-125.

Ferreira-Silva, V.; Gusmão, N.B.; Gibertoni, T.B. 2017. Antibacterial Activity of Ethyl Acetate Extract of Agaricomycetes Collected in Northeast Brazil. Current Research in Environmental & Applied Mycology 7(4): 267–274.

Fernando, M.D.M.; Adhikari, A.; Senathilake, N.H.K.S.; Silva, E. D.; Nanayakkara, C.M.; Wijesundera, R.L.C; Soya, P.; Silva, B.G.D.N.K. 2019. In Silico Pharmacological Analysis of a Potent Anti-Hepatoma Compound of Mushroom Origin and Emerging Role as an Adjuvant Drug Lead. Food and Nutrition Sciences, 2019, 10, 1313-1333.
Grinnell, J. 1917. Field Test of Theories Concerning Distributional Control. The American Naturalist, 51, 115-128.

Fithian, W.; Hastie, T. 2013. Finite-Sample Equivalence in Statistical Models for Presence-Only Data. The Annals of Applied Statistics, 7(4), 1917–1939.

Fick, S.E. and R.J. Hijmans, 2017. WorldClim 2: new 1km spatial resolution climate surfaces for global land areas. International Journal of Climatology 37 (12): 4302-4315
Fidalgo, M.E.P.K. 1968. Contribution to the Fungi of Mato Grosso, Brazil. Rickia 3: 171-219.

Floudas, D.; Binder, M.; Riley, R.; Barry, K.; Blanchette, R.A.; Henrissat, B.; Yadav, J.S.; Hibbett, D.S. et al. 2012. The Paleozoic Origin of Enzymatic Lignin Decomposition Reconstructed from 31 Fungal Genomes. Science, 336(6089), 1715–1719.

Fourcade, Y.; Engler, J. O.; Rödder, D.; Secondi, J. 2014. Mapping Species Distributions with MAXENT Using a Geographically Biased Sample of Presence Data: A Performance Assessment of Methods for Correcting Sampling Bias. PLoS ONE, 9(5), e97122.

Fragoso, C. R.; Jr., Ferreira, T. F.; Motta Marques, D. 2009, Modelagem Ecológica em Ecossistemas Aquáticos. Oficina de Textos, São Paulo. Brazil.

Franklin, J. 2010. Moving Beyond Static Species Distribution Models in Support of Conservation Biogeography. Diversity and Distributions, 16(3), 321–330.

Ferraz, K. M. P. M. B.; Ferraz, S. F. B.; Paula, R. C.; Beisiegel, B.; Breitenmoser, C. 2012. Species Distribution Modeling for Conservation Purposes. Natureza e Conservação, 10, 214–220.

Gaston, K. 2000. Global Patterns in Biodiversity. Nature 405, 220–227.

Géry, A.; Dubreule, C.; André, V.; Rioult, J.-P.; Bouchart, V.; Heutte, N.; Krivomaz, T.; Pécoulas, P.E.; Garon, D. 2018. Chaga (*Inonotus obliquus*), a Future Potential Medicinal Fungus in Oncology? A Chemical Study and a Comparison of the Cytotoxicity Against Human Lung Adenocarcinoma Cells (A549) and Human Bronchial Epithelial Cells (BEAS-2B). Integrative Cancer Therapies, 17(3), 832–843.

Ghate, S.D.; Sridhar, K.R. 2016. Contribution to the knowledge on macrofungi in mangroves of the southwest India, Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology, 150:5, 977-986.

Gilbertson, R.L. 1980. Wood-rooting fungi of North America. Mycologia, 72(1):1-47.

Gilbertson, R.L.; Ryvarden, L. 1986. North American Polypores 1. Fungiflora, Oslo.

Gibertoni, T. B.; Cavalcanti, M.A.Q. 2000. Novos registros de Aphylllophorales para o Brasil. Acta Botanica Brasílica (Impresso), São Paulo, v. 14, n.3, p. 267-271.

Gilbert, G.S.; Ferrer, A.; Carranza, J. 2002. Polypore Fungal Diversity and Host Density in a Moist Tropical Forest. *Biodiversity and Conservation* **11**, 947–957.

Gibertoni, T.B.; Cavalcanti, M.A. Q. 2003. A Mycological Survey of the Aphyllophorales (Basidiomycotina) of the Atlantic Rain Forest in the State of Pernambuco, Brazil. *Mycotaxon*, Hanover, Pensilvania, v. 87, p. 203-211.

Gibertoni, T.B.; Ryvardeen, L.; Cavalcanti, M.A.Q. 2004. New Records of Aphyllophorales (Basidiomycota) in the Atlantic Rain Forest in Northeast Brazil. *Acta Botanica Brasílica*, v. 18, p. 975-979.

Giovanelli, J.G.B. 2009. Modelagem de Nicho Ecológico de Anuros da Mata Atlântica. Dissertação. Instituto de Biociências-Rio Claro.

Giannini, T.C.; Siqueira, M.F.; Acosta, A.L.; Barreto, F.C.C.; Saraiva, A.; Alves-dos-Santos, I. 2012. Current Challenges of Species Distribution Predictive Modeling. *Rodriguesia* 63(3):733-749.

Gibertoni, T.B.; Lira, C.R.S.; Melo, G.S.N.; Henriques, I.M.M.M.; Neta, L.S.A.; Santos, M.N.; Costa, R.T.G.; Coimbra, V.R.M.; Wartchow, F. 2014. Agaricomycetes in the Atlantic Rain Forest in Northeast Brazil. *Bol. Mus. Biol. Mello Leitão (N. Sér.)* 36:51-61.

Gibertoni, T.B.; Nogueira-Melo, G.S.; Lira, C.R.S.; Baltazar, J. M.; Santos, P. J. P. 2015. Distribution of poroid fungi (Basidiomycota) in the Atlantic Rain Forest in Northeast Brazil: Implications for Conservation. *Biodiversity and Conservation*, 24(9), 2227–2237.

Gibertoni, T.B., Gomes-Silva, A.C., Chikowski, R.S., Lira, C.R.S., Soares, A.M.S., Melo, G.S.N., Araújo Neta, L., Gugliotta, A.M., Medeiros, P.S., Silva, V.F., Silveira, R.M.B., Drechsler-Santos, E.R., Montoya, C.A.S. 2015. Hymenochaetales in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.

Gibertoni, T.B.; Gomes-Silva, A.C.; Chikowski, R.S.; Lira, C.R.S.; Soares, A.M.S.; Melo, G.S.N.; Araújo Neta, L.; Gugliotta, A.M.; Medeiros, P.S.; Silva, V.F.; Silveira, R.M.B.; Drechsler-Santos, E.R.; Montoya, C.A.S. 2015. Hymenochaetales in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Acesso em: 25 abr. 2021.

Godown, M. E.; Peterson, A. T. 2000. Biodiversity and Conservation, 9(9), 1313–1322.

Gomes-Silva, A. C.; Baltazar, J. M.; Gibertoni, T. B. 2012. *Coltricia* and *Hymenochaete* (Hymenochaetaceae) from the Amazonia and the Atlantic Forest, Brazil: One New Combination and New Records¹. The Journal of the Torrey Botanical Society, 139(4), 428–436.

Go, W.Z., H'ng, P.S., Wong, M.Y., Chin, K.L., Ujang, S., Noran, A.S. 2019. Evaluation of *Trichoderma asperellum* as a potential biocontrol agent against *Rigidoporus microporus* *Hevea brasiliensis*. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 52(7-8), 639–666.

González-Ávila, A.; Torres-Miranda, A.; Villegas-Ríos, M.; Luna-Vega I. 2013. Species Diversity and Ecological Patterns of *Phaeoclavulina* Species in Mexico with Implications for Conservation. North American Fungi 8:1.

Godsoe, W.; Jankowski, J.; Holt, R.D.; Gravel, D. 2017. Integrating Biogeography with Contemporary Niche Theory. Trends in Ecology & Evolution, 02 May 2017, 32(7):488-499.

Grinnell, J. 1924. Geography and Evolution. Ecology, 5(3), 225–229.

Griesemer, J.R. 1990. Modeling in the Museum: On the Role of Remnant Models in the Work of Joseph Grinnell. Biol Philos 5, 3–36.

Guisan, A.; Zimmermann, N.E. 2000. Predictive Habitat Distribution Models in Ecology. Ecological Modelling 135: 147-186.

Guisan, A.; Thuiller, W. 2005. Predicting Species Distribution: Offering More than Simple Habitat Models. *Ecology Letters* 8: 993-1009.

Graham, C. H.; Hijmans, R. J. 2006. A comparison of Methods for Mapping Species Ranges and Species Richness. *Global Ecology and Biogeography*, 15(6), 578–587.

Gugliotta, A.M.; Gibertoni, T.B.; Drechsler-Santos, E.R.; Silveira, R.M.B.; Chikowski, R.S.; Pires, R.M.; Montoya, C.A.S.; Souza, J.F.; Palacio, M.; Rezende, D.H.C. 2015. Polyporales in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Acesso em: 25 abr. 2021.

Guo, Y.; Li, X.; Zhao, Z.; Wei, H.; Gao, B.; Gu, W. 2017. Prediction of the Potential Geographic Distribution of the Ectomycorrhizal Mushroom *Tricholoma matsutake* under multiple climate change scenarios. *Scientific Reports*, 7(1).

Gupta, S.; Summuna, B.; Gupta, M.; Annepu, S. K. 2018. Edible Mushrooms: Cultivation, Bioactive Molecules, and Health Benefits. *Reference Series in Phytochemistry*, 1–33.

Hastie, T.; Tibshirani, R. 1990. Generalized Additive Models. *Statistical Science*, Vol. 1, No.3, 297-318.

Hansen, E.M.; Goheen, E.M. 2000. *Phellinus Weirii* and Other Native Root Pathogens as Determinants of Forest Structure and Process in Western North America. *Annual Review of Phytopathology*, 38(1), 515–539.

Hawsworth, D.L. 2001. The Magnitude of Fungal Diversity: the 1.5 Million Species Estimate Revisited. *Mycological Research* 105(12):1422-1432.

Hawsworth, D.L.; Muller, G.M. Fungal Communities: Their Diversity and Distribution. 2005. *The Fungal Community Its Organization and Role in the Ecosystem*. Nova York: Taylor & Francis Group. p. 27 - 37.

Hattori, T.; Yamashita, S.; Lee, S.-S. 2012. Diversity and Conservation of Wood-Inhabiting Polypores and other Aphyllophoraceous Fungi in Malaysia. *Biodiversity and Conservation*, 21(9), 2375–2396.

Hawsworth, D.L.; Lücking, R. 2017. Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 Million Species. (n.d.). *The Fungal Kingdom*, 79–95.

Hao, T.; Guillera-Aroita, G.; May, T. W.; Lahoz-Monfort, J. J.; Elith, J. 2020. Using Species Distribution Models for Fungi. *Fungal Biology Reviews*.

Henn, C.; Monteiro, D. A.; Boscolo, M.; Da Silva, R.; Gomes, E. 2020. Biodegradation of Atrazine and Ligninolytic Enzyme Production by Basidiomycete Strains. *BMC Microbiology*, 20(1).

He, H.; Chen, X.; Liu, H.; Wu, J.; Zhong, X. 2018. *Earliella scabrosa*-associated postoperative Endophthalmitis after Phacoemulsification with intraocular lens implantation: a case report. *BMC Ophthalmology*, 18(1).

Hibbett, D. S.; Donoghue, M. J. 1995. Progress Toward a Phylogenetic Classification of the Polyporaceae Through Parsimony Analysis of Mitochondrial DNA Sequences. *Canadian Journal of Botany* 73(Suppl. 1): S583–S861.

Hirzel, A.; Guisan, A. 2002. Which is the Optimal Sampling Strategy for Habitat Suitability Modelling. *Ecological Modelling* 157: 331-341.

Hibbett, D.S. et al. 2007. A Higher-Level Phylogenetic Classification of the Fungi. *Mycological Research*, v. 111, p. 509-547.

Hibbett, D.S.; Bauer, R.; Binder, M.; Giachini, A.J.; Hosaka, K.; Justo, A.; Larsson, E.; Larsson, K.H.; Lawrey, J.D.; Miettinen, O.; Nagy, L.G.; Nilsson, R.H.; Weiss, M.; Thorm, R. G. 2014. Agaricomycetes. Book: *Systematics and Evolution*. P.373-429.

Holf, J.A. et al. Roles of Woody Root-Associated Fungi in Forest Ecosystem Processes: Recent Advances in Fungal Identification. Rocky Mountain Research Station: USDA Forest Service, 2004.

Hsu, K.-D.; Cheng, K.-C. 2018. From Nutraceutical to Clinical Trial: Frontiers in *Ganoderma* Development. Applied Microbiology and Biotechnology.

Hutchinson, G. 1957. Concluding Remarks. – Cold Spring Harbour Symposium 22: 415–427.

Hyde, K. D. 2001. Where are the Missing Fungi? Mycological Research, 105(12), 1409–1410.

Ibarra-Montoya, J.L.; Rangel-Peraza, G.; González-Farias, F.A; De Anda, J.; Martínez-Meyer, E.; Macias-Cuellar, H. 2012. Uso del modelado de Nicho Ecológico como Una Herramienta para Predecir la Distribución Potencial de *Microcystis sp* (Cianobacteria) en la Presa Hidroeléctrica de Aguamilpa, Nayarit, México. Ambi-Agua, Taubaté, v. 7, n. 1, p. 218-234.

Isbell, L.A.; Young, T.P. 2009. Ecological Models of Female Social Relationships in Primates: Similarities, Disparities, and Some Directions for Future Clarity. Behaviour 139:177-202.

Jaynes, E. T. 1957. Information Theory and Statistical Mechanics. II. Physical Review, 108(2), 171–190.

Jahn, H. 1963. Mitteleuropäische Porlingen (Polyporaceae. lato) und ihr Vorkommen in Westfalen. Westf Pilzbr 4:91–112.

Jaynes, E.T. 1982. On the of Maximum-Entropy Method. Proceedings of the IEEE, Vol. 70, No.9.

Jang, B.; Kim, J.; Bae, J. et al. 2004. Extracts of *Phellinus gilvus* and *Phellinus baumii* Inhibit Pulmonary Inflammation Induced by Lipopolysaccharide in Rats. Biotechnology Letters 26, 31–33.

Jacobsen, R. M.; Kauserud, H.; Sverdrup-Thygeson, A.; Bjorbækmo, M. M.; Birkemoe, T. 2017. Wood-Inhabiting Insects Can Function as Targeted Vectors for Decomposer Fungi. *Fungal Ecology*, 29, 76–84. No.3.

Jaramillo, M.I.D. 2018. Modelagem de Pressão, Ameaças e Oportunidade para a Conservação de Morcegos no Brasil. Tese. Centro de Biociências. Recife.

Jayawardena, R.S.; et al. 2019. One stop shop II: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: 26–50 (2019). *Fungal Diversity*, 94:41–129.

Jiménez-Valverde, A.; Lobo, J.M.; Hortal, J. 2008. Not as Good as They Seem: The Importance of Concepts in Species Distribution Modelling. *Diversity and Distributions*, 14, 885–890.

Ji, X.-H.; Vlasák, J.; Zhou, L.-W.; Wu, F.; Dai, Y.-C. 2017. Phylogeny and diversity of *Fomitiporella* (Hymenochaetales, Basidiomycota). *Mycologia*, 109(2), 308–322.

Ji, X.-H.; Vlasák, J.; Tian, X.-M.; Dai, Y.-C. 2018. Three new species of *Fomitiporella* (Hymenochaetales, Basidiomycota) based on the evidence from morphology and DNA sequence data. *MycKeys* 30: 73-89.

Jia, X.; Qu, L.; Panpan, R.; Liu, S.; Wu, Y.; Xu, C. 2018. Characterization and Antioxidant Activity of an Exopolysaccharide Produced by *Rigidoporus microporus* (Agaricomycetes). *Int J Med Mushrooms*. 20(4):311-320.

Job, D. J. 1987. South African species of Hymenochaete (Aphyllphorales). *South African Journal of Botany*, 53(4), 293–299.

Jonsell, M.; González Alonso, C.; Forshage, M.; van Achterberg, C.; Komonen, A. 2016. Structure of Insect Community in the Fungus *Inonotus Radiatus* in Riparian Boreal Forests. *Journal of Natural History*, 50 (25-26), 1613–1631.

Ju, H. K.; Chung, H. W.; Hong, S.-S.; Park, J. H.; Lee, J.; Kwon, S. W. 2010. Effect of Steam Treatment on Soluble Phenolic Content and Antioxidant Activity of the Chaga mushroom (*Inonotus obliquus*). Food Chemistry, 119(2), 619–625.

Justo, A.; Hibbett, D.S. 2011. Phylogenetic Classification of *Trametes* (Basidiomycota, Polyporales) Based on a Five-Marker Dataset. TAXON, 60(6), 1567–1583.

Justo, A.; Miettinen, O.; Floudas, D.; Ortiz-Santana, B.; Sjökvist, E.; Lindner; Nakasone, K.; Niemela, T.; Larsson, K.-H.; Ryvarden, L.; D.; Hibbett, D. S.; et al. 2017. A Revised Family-Level Classification of the Polyporales (Basidiomycota). Fungal Biology, 121(9), 798–824.

Ka, N.; Wikee, S.; Lumyong, S. 2018. Brief Review: Lignocellulolytic Enzymes from Polypores for Efficient Utilization of Biomass. Mycosphere 9(6): 1073–1088.

Khanum, R.; Mumtaz, A. S.; Kumar, S. 2013. Predicting Impacts of Climate Change on Medicinal Asclepiads of Pakistan Using Maxent Modeling. Acta Oecologica, 49, 23–31.

Kezo, K., Sugantha, G., Talanao, L., Malarvizhi, K. 2019. Taxonomic Characterization and Diversity of Wood Inhabiting Polypores from Chennai. Kavaka 52: 122-129.

Kirk, P. M.; Cannon, P. F.; Minter, D. W.; Stalpers, J. A. 2008. Dictionary of the Fungi, 10th edn., Wallingford, CABI, 22.

Kinge, T.R.; Niji, T.M.; Ndam, L.M.; Mih,A.M. 2014. Mushroom Research, Production and Marketing in Cameroon: A Review. Issues in Biological Sciences and Pharmaceutical Research Vol.2 (7), pp. 069-074.

Kivlin, S. N.; Muscarella, R.; Hawkes, C. V.; Treseder, K. K. 2017. The Predictive Power of Ecological Niche Modeling for Global Arbuscular Mycorrhizal Fungal Biogeography. Ecological Studies, 143–158.

Kithiyon, M.; Pannerselvam, B.; Madhukumar, S.S.B., Sridharan, J., Alagumuthu, T.S. 2019. Efficacy of mycosynthesised AgNPs from *Earliella scabrosa* as an *in vitro* antibacterial and wound healing agent. IET Nanobiotechnol, 13(3):339-344. doi: 10.1049/iet-nbt.2018.5237. PMID: 31053699.

Koch, L. K.; Kochmann, J.; Klimpel, S.; Cunze, S. 2017. Modeling the Climatic Suitability of Leishmaniasis Vector Species in Europe. Scientific Reports, 7(1).

Komonen, A.; Kokkonen, M.; Araujo, L. S.; Halme, P.; Lopes-Andrade, C. 2018. Polypore Communities and Their Substrate Characteristics in Atlantic Forest Fragments in Southeast Brazil. Tropical Conservation Science, 11, 194008291877711.

Kriticos, D.J.; Sutherst, R.W.; Brown, J.R.; Adkins, S.W.; Maywald, G.F. 2003. Climate Change and the Potential Distribution of an Invasive Alien Plant: *Acacia nilotica* ssp. *indica* in Australia. Journal of Applied, pp. 111-124.

Kumar, S.; Stohlgreen, T.J. 2009. Maxent Modeling for Predicting Suitable Habitat for Threatened and Endangered Tree. Journal of Ecology and Natural Environment Vol. 1(4), pp. 094-098.

Kumari, A.; Harsh, N. S. K.; Singh, A.N. 2021. Host range of *Phellinus* sensu lato in India: An overview. Journal of Applied and Natural Science, 13(1), 157-169.

Larsen, M.J.; Cobb-Poullé, L.A. 1990. The Genus *Phellinus* (Hymenochaetaceae): A Survey of the World Taxa. Fungiflora, Oslo. Pp. 1-206.

Larsson, K. H.; Parmasto, E.; Fischer, M.; Langer, E.; Nakasone, K. K.; Redhead, S. A. 2006. Hymenochaetales: A Molecular Phylogeny of the Hymenochaetoid clade. Mycologia 98:926–936.

Lacerda, P.O. 2013. Modelagem da Distribuição Geográfica Atual e Futura de *Guerlinguetus* (Rodentia, Sciuridae) no Brasil. Dissertação. Espírito Santo. Centro de Ciências Humanas e Naturais.

Lacerda, F.F.; Nobre, P., Sobral, M.C.; Lopes, G.M.B. 2014. Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agronômica, Recife, vols. 11/12, p.121-154.

Lepage, R.; Billard, L.1992. Exploring the Limits of Bootstrap. New York: John Wiley & Sons. p.632.

Leite, C.L. 1994. Polyporaceae na Ilha de Santa Catarina III: O Gênero *Hexagonia* Fr. Polyporaceae on the Santa Catarina Island. Insula. Florianópolis. Nº23, 3-14.

Leibold, M. A. 1995. The Niche Concept Revisited: Mechanistic Models and Community Context. Ecology, 76(5), 1371–1382.

Léger, J.-C. 1998. Le Genre *Hymenochaete* Lévillé. Bibliotheca Micologica, 171. 319p.

Lee, I.-K.; Yun, B.-S. 2011. Styrylpyrone-class Compounds from Medicinal Fungi *Phellinus* and *Inonotus spp.*, and Their Medicinal Importance. The Journal of antibiotics 64(5):349-359.

Lejeune, Q.; Davin, E.L.; Guillod, B.P.; Seneviratne, S. 2014. Influence of Amazonian Deforestation on the Future Evolution of Regional Surface Fluxes, Circulation, Surface Temperature and Precipitation. Clim Dyn 44, 2769–2786.

Lim, Y. W.; Yeung, Y. C. A.; Sturrock, R.; Leal, I.; Breuil, C. 2005. Differentiating the Two Closely Related species, *Phellinus weirii* and *P. sulphurascens*. Forest Pathology, 35(4), 305–314.

Lima-Ribeiro, M.S.; Diniz-Filho, J.A.F. 2013c. Modelos Ecológicos e a Extinção da Megafauna: Clima e Homem na América do Sul. Cubo, São Carlos.

Liew, G.M.; Khong, H.Y.; Kutoi, C.J.; Sayok, A. 2015. Phytochemical Screening: Antimicrobial and Antioxidant Activities of Selected Fungi from Mount Singai, Sarawak, Malaysia. Int J Res Stud Biosci 3:191–197.

Lira, C.R.S.; Nogueira-Melo, G.S.; Ryvarden, L.; Gibertoni, T.B. 2015. A Checklist of Hymenochaetaceae from Northeast Brazil. *Mycotaxon*, v. 130, p. 1213.

Liu, K.; Xiao, X.; Wang, J.; Chen, C.-Y. O.; Hu, H. 2017. Polyphenolic Composition and antioxidant, antiproliferative, and antimicrobial activities of mushroom *Inonotus sanghuang*. *LWT - Food Science and Technology*, 82, 154–161.

Lima, V. X.; Nogueira-Melo, G. S.; Baltazar, J. M.; Medeiros, P. S.; Soares, A. M.; Lira, C. R. S.; Gibertoni, T. B. 2018. Fungal Perspective on Neotropical Biogeography: Poroid Fungi (Agaricomycetes: Hymenochaetales and Polyporales) and the Brazilian Moist Forests. *Fungal Ecology*, 36, 1–7.

Loguercio-Leite, C. 1994. Polyporaceae na Ilha de Santa Catarina III: O Gênero *Hexagonia* Fr. *Insula*, Florianópolis, vol.23, 3-14.

Lorenzo, M.; Moldes, D.; Rodríguez C.S.; Sanromán, A. 2002. Improving Laccase Production by Employing Different Lignocellulosic Wastes in Submerged Cultures of *Trametes versicolor*. *Bioresource Technology*, 82(2), 109–113.

Loiselle, B. A.; Jørgensen, P. M.; Consiglio, T.; Jiménez, I.; Blake, J. G.; Lohmann, L. G.; Montiel, O. M. 2007. Predicting Species Distributions from Herbarium Collections: Does Climate Bias in Collection Sampling Influence Model Outcomes? *Journal of Biogeography*, 35, 105–116.

Lobo, J. M.; Jiménez-Valverde, A.; Hortal, J. 2010. The Uncertain Nature of Absences and Their Importance in Species Distribution Modelling. *Ecography*, 33, 103–114.

Lyra, E. S.; Moreira, K. A.; Porto, T. S.; Carneiro da Cunha, M. N.; Paz Júnior, F. B., Neto, B. B.; Lima-Filho, J.L.; Cavalcanti, M.A.Q.; Converti, A.; Porto, A. L. P. 2009. Decolorization of Synthetic Dyes by Basidiomycetes Isolated from Woods of the Atlantic Forest (PE), Brazil. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 25(8), 1499–1504.

Lyra, A.; Tavares, P.; Chou, S. C.; Sueiro, G.; Dereczynski, C.; Sondermann, M.; Silva, A.; Morengo, J.; Giarolla, A. 2017. Erratum to: Climate Change Projections Over Three Metropolitan Regions in Southeast Brazil Using the Non-Hydrostatic Eta Regional Climate Model at 5-km Resolution. *Theoretical and Applied Climatology*, 132(1-2), 683–683.

Margules, C.R.; Pressey, R.L. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.

Matheny, P. B.; Curtis, J. M.; Hofstetter, V.; Aime, M. C.; Moncalvo, J.-M.; Ge, Z.-W.; Hibbett, D. S.; et al. 2006. Major Clades of Agaricales: A Multilocus Phylogenetic Overview. *Mycologia*, 98(6), 982–995.

Matos, R. S. 2010. Avaliação das Ferramentas de Modelagem Preditiva de Nicho Fundamental para espécies de aves do Parque Estadual da Serra do Mar e Núcleo São Sebastião – SP. Dissertação. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba.

Madushani, H.K.I.; Fernando, T.H.P.S.; Wijesundara, R.L.C.; Siriwardane, D. 2013. First Report of White Root Disease of *Artocarpus nobilis* in Sri Lanka Caused by *Rigidoporus microporus*. *J.Natn.Sci.Foundation Sri Lanka*. 42 (2): 197-198.

Maia, L. C.; Carvalho Júnior, A. A.; Gugliotta, A.M.; Drechsler-Santos, E.R.; Santiago, A.L.M.A.; Cavalcanti, L.H.; et al. 2015. Diversity of Brazilian Fungi. *Rodriguésia*, 66(4), 1033–1045.

McInerny, G. J.; Etienne, R. S. 2012. Ditch the Niche - Is the Niche a Useful Concept in Ecology or Species Distribution Modelling? *Journal of Biogeography*, 39(12), 2096–2102.

McInerny, G. J.; Etienne, R. S. 2012a. Stitch the Niche - A Practical Philosophy and Visual Schematic for the Niche Concept. *Journal of Biogeography*, 39(12), 2103–2111.

McInerny, G. J.; Etienne, R. S. 2012b. Pitch the Niche - Taking Responsibility for the Concepts we Use in Ecology and Species Distribution Modelling. *Journal of Biogeography*, 39(12), 2112–2118.

McCormick, M. A.; Grand, L. F.; Post, J. B.; Cubeta, M. A. 2013. Phylogenetic and phenotypic characterization of *Fomes fasciatus* and *Fomes fomentarius* in the United States. *Mycologia*, 105(6), 1524–1534.

Merow, C.; Smith, M.; Silander, J. 2013 A Practical Guide to Maxent for Modeling Species` Distributions: What it Does, and Why Inputs and Settings Matter. *Ecography* 36:1-12.

Meera, C.R.; Janardhanan, K.K.; Karunagaran, D. 2018. Antiproliferative and Apoptotic Activities of the Medicinal Mushroom *Phellinus rimosus* (Agaricomycetes) on HCT116 Human Colorectal Carcinoma Cells. *Int J Med Mushrooms*. 2018;20(10):935-945.

Mittermeier, R. A.; Fonseca, G.A.A.; Rylands, A.B.; Brandon, K. 2005. A Brief History of Biodiversity Conservation in Brazil. *Conservation Biology*, v. 19, n. 3, p. 601–607.

Miettinen, O. 2011. Academic Dissertation: Taxonomy and Phylogeny of White-Rot Polypores: Case Studies in Hymenochaetales and Polyporales (Basidiomycota).

Mittermeier, R. A.; Turner, W. R.; Larsen, F.W.; Brooks, T. M.; Gascon, C. 2011. Global Biodiversity Conservation: The Critical Role of *Hotspots*. Pp. 3-22. In: Zachos F.E.; Habel, J.C.; (eds.). *Biodiversity Hotspots: Distribution and Protection of Conservation Priority Areas*. Heidelberg, Berlin.

Ministério do Meio Ambiente. 2018. Impacts of Climate Change on the Atlantic Forest. Ministry of Environment Secretariat of Biodiversity Department of Ecosystem Conservation SEP/505. Brasília. Distrito Federal.

Mori, S. A., Boom, B. M.; Prance, G. T. 1981. Distribution Patterns and Conservation of Eastern Brazilian Coastal Forest Tree Species. *Brittonia*, 33(2), 233.

Mocan, A.; Fernandes, Â.; Barros, L.; Crişan, G.; Smiljković, M.; Soković, M.; Ferreira, I. C. F. R. 2018. Chemical Composition and Bioactive Properties of the Wild Mushroom *Polyporus squamosus* (Huds.) Fr: A Study with Samples from Romania. *Food & Function*, 9(1), 160–170.

Montibeller, B.; Kmoch, A.; Virro, H.; Mander, Ü.; Uuemaa, E. 2020. Increasing Fragmentation of Forest Cover in Brazil's Legal Amazon from 2001 to 2017. *Scientific Reports*, 10(1).

Mueller G.M.; Bills G.F.; Foster M.S. 2004. *Biodiversity of Fungi: Inventory and Monitoring Methods*. Elsevier Academic Press, San Diego.

Mueller, G.M.; Schmit, J.P.; Leacock, P.R.; Buyck, B.; Cifuentes, J.; Desjardin, D.E.; Wu, Q.; et al. 2006. Global Diversity and Distribution of Macrofungi. *Biodiversity and Conservation*, 16(1), 37–48.

Myers, A.A.; Giller, P.S. 1988. *Process, Pattern and Scale in Biogeography*. (eds) Analytical Biogeography. Springer, Dordrecht.

Myers, N.; Mittermeier, R.A.; Mittermeier, C.G.; Fonseca, G.A.B.; Kent, J. 2000. Biodiversity *Hotspots* for Conservation Priorities. *Nature* 403: 853-858.

Nandris, D.; Nicole, M.; Geiger, J. P. 1983. Infections Artificielles de Jeunes plants *Hevea brasiliensis* par *Rigidoporus lignosus* (Kl.) Imaz. et *Phellinus noxius* (Corner) G. H. Cunn. *Forest Pathology*, 13(2), 65–76.

Nabout, J. C.; Marco Júnior, P.; Bini, L. M.; Diniz-Filho, J. A. F. 2009. Distribuição Geográfica Potencial de Espécies Americanas do Caranguejo “violinista” (*Uca spp.*) (Crustacea, Decapoda) com Base em Modelagem de Nicho Ecológico. *Iheringia. Série Zoologia*, 99(1), 92–98.

Nelder, J. A.; Wedderburn, R. W. M. 1972. Generalized Linear Models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, 135(3), 370.

Neifar, M.; Jaouani, A.; Ayari, A.; Abid, O.; Salem, H. B.; Boudabous, A.; Najar, T.; Ghorbel, R. E. 2013. Improving the Nutritive Value of Olive Cake by Solid State Cultivation of the Medicinal Mushroom *Fomes fomentarius*. *Chemosphere*, 91(1), 110–114.

Negrão, D.S.G.; Löwenberg-Neto, P. 2018. Seleção de Variáveis Preditoras para Modelagem Correlativa de Distribuição de Espécies na América do Sul. *Oecologia Australis* 22(2).

Nix, H.A. 1986. A Biogeographic Analysis of Australian Elapid Snakes. *Atlas of Elapid Snakes of Australia: Australian Flora and Fauna Series 7* (ed. by R. Longmore), pp. 4–15. Bureau of Flora and Fauna, Canberra.

Núñez M, Ryvarden L. 2001 – East Asian Polypores. Vol. 2. Polyporaceae s.l. *Synopsis Fungorum* 14, 170–522.

Oberhauser, K.; Peterson, A.T. 2003. Modeling Current and Future Potential Wintering Distributions of Eastern North American Monarch Butterflies. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100: 14063-14068.

Oghenekaro, A. O.; Miettinen, O.; Omorusi, V. I.; Evueh, G. A.; Farid, M. A.; Gazis, R.; Asiegbu, F. O. 2014. Molecular Phylogeny of *Rigidoporus microporus* Isolates Associated with White Rot Disease of Rubber Trees (*Hevea brasiliensis*). *Fungal Biology*, 118(5-6), 495–506.

Oghenekaro, A. O.; Kovalchuk, A.; Raffaello, T.; Camarero, S.; Gressler, M., Henrissat, B.; Asiegbu, F. O.; et al. 2020. Genome Sequencing of *Rigidoporus microporus* Provides Insights on Genes Important for Wood Decay, Latex Tolerance and Interspecific Fungal Interactions. *Scientific Reports*, 10(1).

Oh, S.-Y.; Woo, J.-J.; Hur, J.-S. 2019. Distribution of Follicolous Lichen *Strigula* and Genetic Structure of *S. multiformis* on Jeju Island, South Korea. *Microorganisms*, 7(10), 430.

Oliveira-Filho, A. T.; Fontes, M. A. L. 2000. Patterns of Floristic Differentiation Among Atlantic Forests in Southeastern Brazil and the Influence of Climate¹. *Biotropica*, 32(4b), 793–810.

Ozawa, H. 2003. The Second Law of Thermodynamics and the Global Climate System: A Review of the Maximum Entropy Production Principle. *Reviews of Geophysics*, 41(4).

Parmasto, E. 2001. Hymenochaetoid fungi (Basidiomycota) of North America. *Mycotaxon* 79: 107-176.

Patel, A.; Patel, V.; Patel, R.; Trivel, U.; Patel, K. 2020. Fungal Laccases: Versatile Green Catalyst for Bioremediation of Organopollutants. *Emerging Technologies in Environmental Bioremediation*, 85–129.

Peters, R.H. 1991. *A Critical Ecology*. Book: Cambridge University Press. Montreal, Quebec, Canada.

Pearce, J.; Ferrier, S. 2000. Evaluating the Predictive Performance of Habitat Models Developed Using Logistic Regression. *Ecological Modelling*, 133, 225–245.

Peterson, A.T. 2001. Predicting Species' Geographic Distributions Based on Ecological Niche Modeling. *Condor* 103:599–605.

Polasky R.S.; Solow, A.R. 2001. The Value of Information in Reserve Site Selection. *Biodiversity and Conservation* 10: 1051-1058.

Peterson, A.T.; Ortega, H.M.A.; Bartley, J.; Sánchez, C.V.; Soberón, J.; Buddemeier, R.H.; Stockwell, D.R.B. 2002. Future Projections for Mexican Faunas Under Global Climate Change Scenarios. *Nature* 416: 626-629.

Peterson, A. T. 2006. Uses and Requirements of Ecological Niche Models and Related Distributional Models. *Biodiversity Informatics*, 3(0).

Pearson, R.G.; Thuiller, W.; Araújo, M.B.; Martinez, M.E.; Brotons, L.; McClean, C.; Miles, L.; Segurado, P.; Dawson, T.C.; Lees, D.C. 2006. Model-based Uncertainty in Species Range Prediction. *Journal of Biogeography* 33: 1704-1711.

Peterson, A.T.; Soberón, J.; Pearson, R.G.; Anderson, R.P.; Martínez-Meyer, E.; Nakamura, M.; Araújo, M.B. 2011. *Ecological Niches and Geographic Distributions*. Princeton: Princeton University Press.

Peterson, A. T.; Soberón, J. 2012. Species Distribution Modeling and Ecological Niche Modeling: Getting the Concepts Right. *Natureza & Conservação*, 10(2), 102–107.

Pearson, T.R.; Brown, S.; Murray, L.; Sidman, G. 2017. Greenhouse Gas Emissions from Tropical Forest Degradation: An Underestimated Source. *Carbon Balance Manag* 12(3):1–11.

Phillips, S.J.; Anderson, R.P.; Schapire, R.E. 2006. Maximum Entropy Modeling of Species Geographic Distributions. *Ecological Modelling* 190: 231-259.

Phillips, S. J.; Dudík, M. 2008. Modeling of Species Distributions with Maxent: New Extensions and a Comprehensive Evaluation. *Ecography* 31(2):161 – 175.

Phillips, S. J.; Anderson, R. P.; Dudík, M.; Schapire, R. E.; Blair, M. E. 2017. Opening the Black Box: An Open-Source Release of Maxent. *Ecography*, 40(7), 887–893.

Pires, R.M.; Gugliotta, A.M. 2016. Poroid Hymenochaetaceae (Basidiomycota) from Parque Estadual da Serra do Mar, Núcleo Santa Virgínia, São Paulo, Brazil. *Rodriguésia* 67(3): 667-676.

Pietras, M.; Kolanowska, M. 2019. Predicted Potential Occurrence of the North American False Truffle *Rhizopogon salebrosus* in Europe. *Fungal Ecology*, 39, 225–230.

Poucheret, P.; Fons, F.; Rapior, S. 2006. Biological and Pharmacological Activity of Higher Fungi: 20-Year Retrospective Analysis. 27 (4): 311-333.

Préau, C.; Trochet, A.; Bertrand, R.; Isselin-Nondedeu, F. 2018. Modeling Potential Distributions of Three European Amphibian Species Comparing ENFA and MaxEnt. *Herpetological Conservation and Biology* 13(1).

Qin, A.; Liu, B.; Guo, Q.; Bussmann, R. W.; Ma, F.; Jian, Z.; Xu, G.; Pei, S. 2017. Maxent Modeling for Predicting Impacts of Climate Change on the Potential Distribution of *Thuja sutchuenensis* Franch., an Extremely Endangered Conifer from Southwestern China. *Global Ecology and Conservation*, 10, 139–146.

Radosavljevic, A.; Anderson, R. P. 2013. Making Better Maxent Models of Species Distributions: Complexity, Overfitting and Evaluation. *Journal of Biogeography*, 41(4), 629–643.

Reed, K. D.; Meece, J. K.; Archer, J. R.; Peterson, A. T. 2008. Ecologic Niche Modeling of *Blastomyces dermatitidis* in Wisconsin. *PLoS ONE*, 3(4), e2034.

Renner, I. W.; Elith, J.; Baddeley, A.; Fithian, W.; Hastie, T.; Phillips, S. J.; Popovic, G.; Warton, D. I. 2015. Point Process Models for Presence-Only Analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(4), 366–379.

Rosa, L. H.; Machado, K. M. G.; Jacob, C. C.; Capelari, M.; Rosa, C. A.; Zani, C. L. 2003. Screening of Brazilian Basidiomycetes for Antimicrobial Activity. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 98(7), 967–974.

Ron, S. R. 2005. Predicting the Distribution of the Amphibian Pathogen *Batrachochytrium dendrobatidis* in the New World¹. *Biotropica*, 37(2), 209–221.

Rony, K. A.; Ajith, T. A.; Nima, N.; Janardhanan, K. K. 2014. Hypolipidemic Activity of *Phellinus rimosus* against triton WR-1339 and High Cholesterol Diet Induced Hyperlipidemic Rats. *Environmental Toxicology and Pharmacology*, 37(2), 482–492.

Rodríguez, R. D.; Heredia, G.; Siles, J. A.; Jurado, M.; Saparrat, M. C. N.; García-Romera, I.; Sampedro, I. 2018. Enhancing laccase production by white-rot fungus *Funalia floccosa* LPSC 232 in co-culture with *Penicillium commune* GHAI86. *Folia Microbiologica*, 64, 91-99.

Ryvarden, L. 1991. Genera of Polypores - Nomenclature and Taxonomy. Synopsis Fungorum 5. Oslo: Fungiflora, 1991. 363 p.

Ryvarden, L. 2004. Neotropical Polypores 19: Introduction, Ganodermataceae & Hymenochaetaceae. Synopsis Fungorum 19: 229p.

Rylands, A.B.; Brandon, K. 2005. Unidades de Conservação Brasileiras. Revista Megadiversidade, Brasília, v.1, n.1, p.27-35.

Sánchez-Cordero, V.; Martinez-Meyer, E. 2000. Museum Specimen Data Predict Crop Damage by Tropical Rodents. Proceedings of the National Academy of Sciences 97(13):7074-7.

Sánchez-López, M.I.; Vanhulle, S.F.; Mertens, V.; Guerra, G.; Figueroa, S.H.; Decock, C.; Corbisier, A.-M.; Penninckx, M.J. 2008. Autochthonous white rot fungi from the tropical forest: Potential of Cuban strains for dyes and textile industrial effluents decolourisation. African Journal of Biotechnology, vol. 7 (12), pp. 1983-1990.

Santos, G.S.; Peters, L.P.; Carvalho, C.M. 2020. Study of Antibacterial Activity of Amazonian Agaricomycetes Mushrooms from Brazil. International Journal of Medicinal Mushrooms, 22(6), 573-580.

Saparrat, M.C.N.; Balatti, P.A.; Arambarri, A.M.; Martínez, M.J. 2014. *Coriolopsis rigida*, a potential model of white-rot fungi that produce extracellular laccases. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology, 41(4), 607–617.

Sampaio, G.; Dias, P.L.S. 2014. Evolução dos Modelos Climáticos e de Previsão de Tempo e Clima. Revista USP, (103), 41.

Saparrat, M. C. N.; Balatti, P. A.; Arambarri, A. M.; Martínez, M. J. 2014. *Coriolopsis rigida*, a Potential Model of White-Rot Fungi that Produce Extracellular Laccases. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology, 41(4), 607–617.

Saltarelli, R.; Ceccaroli, P.; Buffalini, M.; Vallorani, L.; Casadei, L.; Zambonelli, A.; Loti, M.; Badalyan, S.; Stocchi, V. 2015. Biochemical Characterization and Antioxidant and Antiproliferative Activities of Different *Ganoderma* Collections. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*, 25(1), 16–25.

Sarikaya, O.; 2018. Maximum Entropy Modeling (Maxent) of Current and Future Distributions of *Ips Mannsfeldi* (Wachtl, 1879) (Curculionidae: Scolytinae) in Turkey. *Applied Ecology and Environmental Research* 16(3):2527-2535.

Salvador-Montoya, C. A.; Popoff, O. F.; Góes-Neto, A.; Drechsler-Santos, E. R. 2020. Global Phylogenetic and Morphological Reassessment of *Fomitiporella* s.l. (Hymenochaetales, Basidiomycota): Taxonomic Delimitation of *Fomitiporella* s.s. and segregation of *Rajchenbergia*, gen. nov. *Plant Systematics and Evolution*, 306(2).

Schmit J.P.; Mueller G.M.; Leacock P.R.; Mata J.L.; Wu, Q.X.; Huang, Y.Q. 2005. Assessment of Tree Species Richness as a Surrogate for Macrofungal Species Richness. *Biological Conservation* 121: 99–110.

Schmit, J.P.; Mueller, G.M. 2007. An Estimate of the Lower Limit of Global Fungal Diversity. *Biodiversity and Conservation* 16 (1): 99-111.

Shannon, C.E. 1948. A Mathematical Theory of Communication. *The Bell System Technical Journal*, Vol. 27, pp. 379–423, 623–656.

Shugart, H. H.; West, D. C. 1980. Forest Succession Models. *BioScience*, 30(5), 308–313.

Sharifi, A.; Bhosle, S.R.; Vaidya, J.G. 2005. Evaluation of Crude Sesquiterpenoid Extract of *Phellinus fastuosus* as a Natural Preservative. *Hindustan Antibiotics Bulletin*, 47-48(1-4):20-3.

Sheena, N.; Ajith, T. A.; Mathew, A.; Janardhanan, K. K. 2008. Antibacterial Activity of Three Macrofungi, *Ganoderma lucidum*, *Navesporus floccosa* and *Phellinus rimosus* Occurring in South India. *Pharmaceutical Biology*, 41(8), 564–567.

Sharma, J. R.; Mishra, D. 2015. A synoptic mycoflora of Wood-Rotting Fungi of Andaman. *Nelumbo*, 57, 135-164.

Shamsaei, S.; Getso, M.; Ahmadikia, K.; Yarahmadi, M.; Farahani, H. E.; Aslani, R.; Mohammadzade, A.S.; Raissi, V.; Soleimani, A.; Arghavan, B.; Karami, S.; Mohseni, M.; Mohseni, M.S.; Raiesi, O. 2020. Recent findings on the role of fungal products in the treatment of cancer. *Clinical and Translational Oncology*.

Siqueira, M.F.; Peterson, A.T. 2003. Consequences of Global Climate Change for Geographic Distributions of Cerrado Tree Species. *Biota Neotropica* 3: 1-14.

Siles, J. A.; González-Menéndez, V.; Platas, G.; Sampedro, I.; García-Romera, I.; Bills, G. F. 2014. Effects of Dry Olive Residue Transformed by *Coriolopsis floccosa* (Polyporaceae) on the Distribution and Dynamic of a Culturable Fungal Soil Community. *Microbial Ecology*, 67(3), 648–658.

Silva, M. I.; Carmo, D.M.; Peralta, D.F. 2017. As Espécies Brasileiras Endêmicas de *Campylopus* Brid. (Bryophyta) estão ameaçadas? Uma Análise Usando Modelagem para Avaliar os seus Estados de Conservação. *Hoehnea* 44(3):464-472.

Sjokvist, E.; Larsson, E.; Eberhardt, U.; Ryvarden, L.; Larsson, K.-H.; 2012. Stipitate Stereoid Basidiocarps Have Evolved Multiple Times. *Mycologia* 104: 1046e1055.

Sliva, D.; Labarrere, C.; Slivova, V.; Sedlak, M.; Lloyd, F. P.; Ho, N. W. 2002. *Ganoderma lucidum* Suppresses Motility of Highly Invasive Breast and Prostate Cancer Cells. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 298(4), 603–612.

Sliva, D. 2003. *Ganoderma Lucidum* (Reishi) in Cancer Treatment. *Integrative Cancer Therapies*, 2(4), 358–364.

Smith, B. E.; Johnston, M. K.; Lücking, R. 2016. From GenBank to GBIF: Phylogeny-Based Predictive Niche Modeling Tests Accuracy of Taxonomic Identifications in Large Occurrence Data Repositories. PLOS ONE, 11(3), e0151232.

Solomon, A.M.; Cramer, W. 1993. Biospheric Implications of Global Environmental Change. (eds) Vegetation Dynamics & Global Change. Springer, Boston, MA.

Soberón, J.; Peterson, A. T. 2005. Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas. Biodiversity Informatics, 2(0).

Soberón, J. M. 2010. Niche and Area of Distribution Modeling: A Population Ecology Perspective. Ecography, 33(1), 159–167.

Solís, M.; Solís, A.; Pérez, H. I.; Manjarrez, N.; Flores, M. 2012. Microbial Decolouration of Azo Dyes: A review. Process Biochemistry, 47(12), 1723–1748.

Souza, T.S. 2016. Biogeografia Histórica e Conservação das Florestas Úmidas da América do Sul: Uma Abordagem Baseada em Modelos de Nicho ecológico. Tese. Instituto de Biologia. Campinas.

Soberón, J.; Osorio-Olvera, L.; Peterson, T. 2017. Diferencias Conceptuales entre Modelación de Nichos y Modelación de Áreas de Distribución. Revista Mexicana de Biodiversidad, 88(2), 437–441.

Soares, A.M.; Oliveira-Filho, J.R.C.; Gomes-Silva, A.C.; Ryvardeen, L.; Gibertoni, T.B. 2018. Notes on Some Poroid Hymenochaetaceae from Brazil: One New Species, Two New Combinations and one Synonymy. Synopsis Fungorum, v. 38, p. 56-61.

Stockwell, D.; Peters, D. 1999. The GARP Modelling System: Problems and Solutions to Automated Spatial Prediction. International Journal of Geographical Information Science, 13(2), 143–158

Sudirman, L. I.; Iraqi Housseini, A. I.; Le Febvre, G.; Kiffer, E.; Botton, B. 1992. Screening of Some Basidiomycetes for Biocontrol of *Rigidoporus lignosus*, a

Parasite of the Rubber Tree *Hevea brasiliensis*. Mycological Research, 96(8), 621–625.

Sun, Y.; Yasukawa, K. 2008. New Anti-Inflammatory Ergostane-Type Ecdysteroids from the Sclerotium of *Polyporus umbellatus*. Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters, 18(11), 3417–3420.

Sutherland, C.; Venkobachar, C. 2013. Equilibrium modeling of Cu (II) biosorption onto untreated and treated forest macro-fungus *Fomes fasciatus*. Int J Plant Animal Environ Sci 4:193–203.

Sverdrup-Thygeson, A.; Lindenmayer, D. 2003. Ecological Continuity and Assumed Indicator Fungi in Boreal Forest: The Importance of the Landscape Matrix. Forest Ecology and Management, 174(1-3), 353–363.

Szczepańska, K.; Pruchniewicz, D.; Kossowska, M. 2015. Modeling the potential distribution of three lichens of the *Xanthoparmelia pulla* group (Parmeliaceae, Ascomycota) in Central Europe. Acta Societatis Botanicorum Poloniae 84(4).

Tainter FH, Baker FA. 1996. Principles of forest pathology. New York: John Wiley. 805 p.

Tax, D. M. J.; Duin, R. P. W. 2004. Support Vector Data Description. Machine Learning, 54(1), 45–66.

Tabarelli, M.; Pinto, L.P.; Silva, J.M.C.; Hirota, M.M.; Bedê, L.C. 2005. Desafios e Oportunidades para Conservação da Biodiversidade na Mata Atlântica Brasileira. Megadiversidade, Volume 1.

Taofiq, O.; González-Paramás, A. M.; Martins, A.; Barreiro, M. F.; Ferreira, I. C. F. R. 2016. Mushrooms Extracts and Compounds in Cosmetics, Cosmeceuticals and Nutricosmetics-A Review. Industrial Crops and Products, 90, 38-48.

Tedersoo, L.; Suvi, T.; Beaver, K.; Saar, I. 2007. Ectomycorrhizas of *Coltricia* and *Coltriciella* (Hymenochaetales, Basidiomycota) on Caesalpiniaceae, Dipterocarpaceae and Myrtaceae in Seychelles. *Mycol Prog* 6:101–107.

Teoh, Y.P.; Don, M.M. 2012. Antifungal Activity of In-vitro Grown *Earliella Scabrosa*, a Malaysian Fungus on Selected Wood-degrading Fungi of Rubberwood. *Journal of Physical Therapy Science* 24(2):21-33.

Thuiller, W. 2003. BIOMOD - Optimizing Predictions of Species Distributions and Projecting Potential Future Shifts Under Global Change. *Global Change Biology*, 9(10), 1353–1362.

Thuiller, W.; Albert, C.; Araújo, M. B.; Berry, P. M.; Cabeza, M.; Guisan, A.; Hickler, T.; Midgley, G.F.; Peterson, J.; Schurr, F.M.; Sykes, M.T.; Zimmermann, N. E. 2008. Predicting Global Change Impacts on Plant Species' Distributions: Future Challenges. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 9(3-4), 137–152.

Tittensor, D.P.; Baco, A. R.; Brewin, P.E.; Clark, M.R.; Consalvey, M.; Hall-Spencer, J.; Rowden, A.A.; Schlacher, T.; Stocks, K.I.; Rogers, A.D. 2009. Predicting Global Habitat Suitability for Stony Corals on Seamounts. *Journal of Biogeography*, 36(6), 1111–1128.

Tognelli, M.F., Roig-Juñent, S.A.; Marvaldi, A.E.; Flores, G.E.; Lobo, J.M. 2009. An Evaluation of Methods for Modelling Distribution of Patagonian Insects. *Revista Chilena de História Natural*, 82(3).

Trindade, M.B.; Figueira, S.B.; Silva, H.P.; Silva, A.C.B.L.; Schessl, M. 2005. Uso de Sensoriamento Remoto na Análise da Fragmentação da Mata Atlântica no Litoral Norte de Pernambuco, Brasil. *Anais XII Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto*, Goiânia, Brasil, INPE, p. 705-712.

Turner, M. G. 2010. Disturbance and Landscape Dynamics in a Changing World1. *Ecology*, 91(10), 2833–2849.

Tuanmu, M.-N.; Jetz, W. 2014. A global 1-km consensus land-cover product for biodiversity and ecosystem modelling. *Global Ecology and Biogeography*, 23(9), 1031–1045.

Urbina-Cardona, N.; Blair, M. E.; Londoño, M. C.; Loyola, R.; Velásquez-Tibatá, J.; Morales-Devia, H. 2019. Species Distribution Modeling in Latin America: A 25-Year Retrospective Review. *Tropical Conservation Science*, 12, 194008291985405.

Uribe-Arizmendi, I.; Anducho-Reyes, M.A.; Ramírez-Vargas, M.R.; Cadena-Ramírez, A.; Muro-Urista, C.R.; Telles-Jurado, A. 2020. Biological Decolorization of Amaranth, Denim Blue, and Orange G with *Trametes polyzona*. *Water Air Soil Pollut* 231, 307.

Vargas-Isla, R.; Ishikawa, N.K.; py-Daniel, V. 2013. Contribuições etnomicológicas dos povos indígenas da Amazônia. *Biota Amazônia* 3(1): 58-65.

Veresoglou, S.D.; Caruso, T.; Rillig, M.C. 2013. Modelling the environmental and soil factors that shape the niches of two common arbuscular mycorrhizal fungal families. *Plant Soil* 368, 507–518.

Větrovský, T.; et al. 2019. A meta-analysis of global fungal distribution reveals climate-driven patterns. *Nat Commun* 10, 5142.

Walker, P. A. 1990. Modelling Wildlife Distributions Using a Geographic Information System: Kangaroos in Relation to Climate. *Journal of Biogeography*, 17(3), 279.7

Wanying, C.; Xiao-Na, Y.; Wen-Jie, H.; Feng, Z.; Chunfang, C. 2016. Chemical components and antioxidant activity of essential oil from *Earliella scabrosa* (Pers.) Gilb. & Ryvardeen. *Journal of Southern Agriculture*, 47: 2129-2133.

Wagner, T.; Fischer, M. 2001. Natural Groups and a Revised System for the European Poroid Hymenochaetales (Basidiomycota) Supported by nLSU rDNA Sequence Data. *Mycological Research*, 105(7), 773–782.

Wagner, T.; Fischer, M. 2002. Proceedings Towards a Natural Classification of the Worldwide Taxa *Phellinus* s.l. and *Inonotus* s.l., and Phylogenetic Relationships of Allied Genera. *Mycologia*, 94(6), 998–1016.

Wang, G.; Wang, C.; Guo, Z.; Dai, L.; Wu, Y.; Liu, H.; Li, Y.; Chen, H.; Zhang, H.; Zhao, Y.; Cheng, H.; Ma, T.; Xue, F. 2020. Integrating Maxent Model and Landscape Ecology Theory for Studying Spatiotemporal Dynamics of Habitat: Suggestions for Conservation of Endangered Red-crowned Crane. *Ecological Indicators*, 116, 106472.

Wikström, C. 1976. The Occurrence of *Phellinus tremulae* (Bond.) Bond. and Borisov as a Primary Parasite in *Populus tremula* L. *Forest Pathology*, 6(6), 321–328.

Wiens, J.A.; Stralberg, D.; Jongsomjit, D.; Howell, C.A.; Snyder, M.A. 2009. Niches, Models, and Climate Change: Assessing the Assumptions and Uncertainties. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106: 19729-19736.

Williams, J.N.; Seo, C.; Thorne, J.; Nelson, J.K.; Erwin, S.; O'Brien, J.M.; Schwartz, M.W. 2009. Using Species Distribution Models to Predict New Occurrences for Rare Plants. *Diversity and Distributions* 15(4):565 – 576.

Wollan A.K.; Bakkestuen, V.; Kauserud, H.; Gulden, G.; Halvorsen, R. 2008. Modelling and Predicting Fungal Distribution Patterns Using Herbarium Data. *Journal of Biogeography* 35: 2298–2310.

Wu, S.-H.; Dai, C.-Y.; Hatotti, T.; Yu, T.-W.; Wang, D.-M.; Parmasto, E.; Chang, H.-Y.; Shih, S.-H. 2012. Species Clarification for the Medicinally Valuable 'sanghuang' Mushroom. *Botanical Studies*. 53: 135-149.

Wu, Y.; Choi, M.H.; Li, J.; Yang, H.; Shin, H.-J. 2016. Mushroom Cosmetics: The Present and Future. *Cosmetics* 3:22.

Wu, F.; Chen, J.J.; Ji, X.H.; Vlasák, J.; Dai, Y.C. 2017 Phylogeny and diversity of the morphologically similar polypore genera *Rigidoporus*, *Physisporinus*, *Oxyporus*, and *Leucophellinus*. *Mycologia*, 109(5):749-765.

Wu, F.; Zhou, L.-W.; Yang, Z.-L.; Bau, T.; Li, T.-H.; Dai, Y.-C. 2019. Resource Diversity of Chinese Macrofungi: Edible, Medicinal and Poisonous Species. *Fungal Diversity*.

Yang, X.-Q.; Kushwaha, S. P. S.; Saran, S.; Xu, J.; Roy, P. S. 2013. Maxent Modeling for Predicting the Potential Distribution of Medicinal plant, *Justicia adhatoda* L. in Lesser Himalayan Foothills. *Ecological Engineering*, 51, 83–87.

Yang, S., Bao, H., Wang, H., & Li, Q. 2019. Anti-tumour Effect and Pharmacokinetics of an Active Ingredient Isolated from *Inonotus hispidus*. *Biological and Pharmaceutical Bulletin*, 42(1), 10–17.

Yan, Y.; Li, Y.; Wang, W.-J.; He, J.-S.; Yang, R.-H.; Wu, H.-J.; Wang, X.-L.; Jiao, L.; Tang, Z.; Yao, Y.-J. 2017. Range Shifts in Response to Climate Change of *Ophiocordyceps sinensis*, a Fungus Endemic to the Tibetan Plateau. *Biological Conservation*, 206, 143–150.

Youn, M.-J.; Kim, J.-K.; Park, S.-Y.; Kim, Y.; Kim, S.-J.; Lee, J. S.; Park, R.; Kim, H.-J.; Chai, K.Y.; Cui, M.-X.; Kim, K.-Y.; So, H.S. 2008. Chaga Mushroom (*Inonotus obliquus*) Induces G0/G1 Arrest in Human Hepatoma HepG2 Cells. *World Journal of Gastroenterology*, 14(4), 511.

Yuan, H.S.; Wei, H.J.; Wang, X.G. 2015. Maxent Modeling for Predicting the Potential Distribution of Sanghuang, an Important Group of Medicinal Fungi in China. *Fungal Ecology* 17: 140-145.

Xiang, D.; Veresoglou, S.D.; Rillig, M.C. et al. Relative Importance of Individual Climatic Drivers Shaping Arbuscular Mycorrhizal Fungal Communities. *Microb Ecol* 72, 418–427.

Zaniewski, A.E.; Lehmann, A.; Overton, J.Mc.C. 2002. Predicting Species Distribution Using Presence-Only Data: A Case Study of Native New Zealand ferns. *Ecological Modelling*, 157, 261–280.

Zhang, M.; Xie, Y.; Su, X.; Liu, K.; Zhang, Y.; Pang, W.; Wang, J. 2019. *Inonotus sanghuang* Polyphenols Attenuate Inflammatory Response Via Modulating the Crosstalk Between Macrophages and Adipocytes. *Frontiers in Immunology*, 10.

Zimkus, B.M.; et al. 2020. Chytrid Pathogen (*Batrachochytrium dendrobatidis*) in African Amphibians: A Continental Analysis of Occurrences and Modeling of Its Potential Distribution. *Herpetologica*, 76(2):201–215.

Zmitrovich, I.V.; Ezhov, O.N.; Ranadive, K.R.; Wasser, S.P. 2017. Profiles of Little-Known Medicinal Polypores: *Earliella scabrosa* (Agaricomycetes). *Int J Med Mushrooms*, 19 (11):1023-1027.

7 APÊNDICES

7.1 TESTE PCA PARA HYMENOGASTRALES

F. UMBRINELA

Variables	PC1	PC2
Bio01_cor	0.009013342	-0.0071125634
Bio02_cor	-0.001599631	-0.0005548455
Bio03_cor	0.017595022	-0.0433942149
Bio04_cor	-0.172740326	0.3431405648
Bio05_cor	0.005587598	-0.0031672114
Bio06_cor	0.012060505	-0.0120510481
Bio07_cor	-0.006472906	0.0088838357
Bio08_cor	0.007542871	0.0037827492
Bio09_cor	0.010319273	-0.0150923646
Bio10_cor	0.006703457	-0.0024863713
Bio11_cor	0.010933057	-0.0110471800
Bio12_cor	-0.252750806	-0.3199738543
Bio13_cor	0.051967034	-0.1457937003
Bio14_cor	-0.079898378	0.0990986769
Bio15_cor	0.042968114	-0.0695974757
Bio16_cor	0.151894421	-0.4057547336
Bio17_cor	-0.258535590	0.2730078531
Bio18_cor	-0.183141735	0.2397710528
Bio19_cor	0.170961366	-0.5830064732
class_1	0.000000000	0.000000000
class_11	0.000000000	0.000000000
class_2	-0.050191273	-0.0398530032
class_3	-0.012693531	-0.0008998935
class_4	0.016913347	-0.0346021229
class_5	0.007078043	-0.0127609717
class_6	0.000000000	0.000000000
class_7	0.020405108	0.0431265518
class_8	0.000000000	0.000000000
class_9	0.000000000	0.000000000
elev_cor	-0.859239984	-0.3163015358
Eigenvalues	1.975100e+05	2.906077e+04
% Variance	8.025743e+01	1.180873e+01
% Cumulative	80.25743	92.06616

H. DAMICORNIS

Variables	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10
Bio01_ cor	0.27104 096	0.18680 9473	0.05798 40826	0.01961 307	0.05849 97214	0.00147 26664	0.03264 8816	0.01070 544	0.01540 875	0.02801 57733
Bio02_ cor	0.13136 335	0.15060 6915	0.07805 98715	0.35637 268	0.34984 69277	0.16797 55000	0.04882 8799	0.12498 172	0.24005 042	0.08028 43064
Bio03_ cor	0.22597 907	0.03239 3697	0.25756 80194	0.05013 849	0.07011 13446	0.23258 50705	0.00121 6981	0.09717 016	0.02423 067	0.09601 94671
Bio04_ cor	0.22256 509	0.00456 1059	0.32295 34697	0.01337 764	0.06905 44367	0.00014 83719	0.08720 6864	0.16040 060	0.05809 656	0.04115 84167
Bio05_ cor	0.21575 671	0.25496 1077	0.20097 67005	0.12230 082	0.08216 49936	0.05192 15989	0.01448 4875	0.04707 498	0.03907 102	0.05807 52392
Bio06_ cor	0.28609 385	0.09236 2381	0.06142 70019	0.10977 561	0.03736 74134	0.01051 60797	0.00202 2755	0.01258 781	0.03156 777	0.04221 76738
Bio07_ cor	0.22064 260	0.08971 7829	0.26217 07625	0.26279 299	0.12466 05737	0.03009 85701	0.01546 5945	0.05884 085	0.07895 904	0.11065 47790
Bio08_ cor	0.22868 098	0.21448 0622	0.22766 27976	0.03295 375	0.09036 16718	0.05014 78750	0.02771 3855	0.02645 051	0.05561 082	0.03246 04758
Bio09_ cor	0.28039 210	0.14015 7204	0.06224 22632	0.06012 429	0.00722 40328	0.02604 17372	0.01191 2721	0.01639 691	0.03217 588	0.01028 77524
Bio10_ cor	0.23785 519	0.22057 8891	0.20788 59504	0.01067 318	0.02705 98611	0.00337 38761	0.00250 2841	0.06010 556	0.02567 084	0.03206 71685
Bio11_ cor	0.27917 569	0.14577 6331	0.04710 36713	0.01842 393	0.06243 76733	0.00032 75302	0.04861 9740	0.05594 158	0.02236 352	0.00075 12951
Bio12_ cor	0.21637 537	0.27935 2742	0.02311 21219	0.15355 009	0.13169 77450	0.03337 31623	0.11609 2983	0.10698 705	0.01399 767	0.05023 29557
Bio13_ cor	0.19909 327	0.21411 4409	0.13885 67986	0.19894 968	0.21926 59134	0.02938 86580	0.19943 0127	0.15964 764	0.12961 685	0.01058 05478
Bio14_ cor	0.09206 393	0.32019 0318	0.29520 63505	0.09652 834	0.02279 47119	0.24332 20271	0.01840 2107	0.14949 395	0.11316 573	0.19549 88111
Bio15_ cor	0.04990 380	0.27113 5525	0.38139 15084	0.10953 819	0.15116 85434	0.00826 84449	0.19344 9340	0.07342 615	0.15310 175	0.01247 20824
Bio16_ cor	0.21544 094	0.20304 5664	0.11510 59864	0.20265 175	0.19953 13865	0.00674 63127	0.16990 6073	0.17603 148	0.10774 138	0.02766 67805
Bio17_ cor	0.10655 263	0.32283 7577	0.29689 35327	0.07153 307	0.04091 74033	0.21566 70715	0.02527 4663	0.10752 213	0.14590 642	0.17607 13701
Bio18_ cor	0.10657 042	0.22619 7236	0.11459 80981	0.12251 191	0.34285 09687	0.16682 91161	0.41497 8796	0.11513 997	0.03385 919	0.11809 40589
Bio19_ cor	0.22918 703	0.15782 3569	0.00086 36122	0.15029 752	0.07198 38762	0.20411 82487	0.12298 3287	0.14593 660	0.05057 738	0.15838 06229
class_ 1	0.06368 239	0.03549 7830	0.12641 43533	0.20850 091	0.18754 05893	0.27833 05155	0.06472 0061	0.58471 724	0.37558 574	0.11266 78433

	-	-		-	-	-	-	-	-	-
class_11	0.08829 271	0.20144 9930	0.28233 91180	0.03150 020	0.08502 31854	0.07495 00726	0.23878 5829	0.02239 473	0.08181 006	0.15547 55919
class_2	0.18471 648	0.10024 8658	0.09008 34737	0.40100 612	0.14624 39716	0.16880 79644	0.26115 0973	0.02615 850	0.10287 232	0.01999 18421
class_3	0.12577 206	0.14293 9583	0.01004 64167	0.20437 685	0.20723 84209	0.37852 97672	0.08614 9170	0.06509 257	0.23825 660	0.41897 69770
class_4	0.13080 906	0.25984 4466	0.11297 83125	0.03408 221	0.00150 32946	0.34764 33407	0.28800 0687	0.17670 254	0.10613 877	0.20430 78100
class_5	0.10340 369	0.14440 4198	0.08965 23155	0.21185 401	0.44370 68097	0.16602 14348	0.20476 8079	0.06294 362	0.05220 890	0.20210 39986
class_6	0.06460 409	0.03172 8974	0.08390 99051	0.23892 909	0.44902 47867	0.20793 03310	0.35509 8218	0.28530 570	0.05504 378	0.13464 31391
class_7	0.04461 102	0.00695 3507	0.04461 00537	0.40763 890	0.15719 38411	0.13446 46094	0.50162 6421	0.30493 584	0.33593 242	0.27164 60971
class_8	0.05551 838	0.06028 8095	0.08116 96280	0.10146 536	0.00027 17695	0.30489 38191	0.02896 7796	0.47874 037	0.50770 954	0.57290 05112
class_9	0.08476 254	0.00606 7502	0.10297 24247	0.26962 994	0.20990 29818	0.40088 54652	0.19166 0700	0.01186 963	0.47978 102	0.35211 78242
elev_c or	0.20265 058	0.19325 1895	0.29661 33476	0.03322 268	0.03082 53506	0.12326 18260	0.01896 4708	0.08688 925	0.03674 356	0.10460 34961
Eigenv alues	1.12051 8e+01	4.25557 1e+00	3.14336 2e+00	1.87016 2e+00	1.81131 4e+00	1.35408 7e+00	1.11507 6e+00	1.09981 1e+00	9.64943 5e-01	7.95795 9e-01
% Varian ce	3.73506 0e+01	1.41852 4e+01	1.04778 7e+01	6.23387 5e+00	6.03771 3e+00	4.51362 2e+00	3.71692 2e+00	3.66603 8e+00	3.21647 8e+00	2.65265 3e+00
% Cumul ative	37.3506 0	51.5358 4	62.0137 1	68.2475 8	74.2853 0	78.7989 2	82.5158 4	86.1818 8	89.3983 6	92.0510 1

H. IODINA

Variab les	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11
Bio01	0.3107	0.1477	0.0694	0.0129	0.0900	0.0010	0.0115	0.0077	0.0458	0.0589	0.0065
_cor	89321	55375	81093	323672	96118	086717	0203	78810	67857	22424	59476
Bio02	0.0299	0.2556	0.0211	0.2466	0.4004	0.0473	0.0454	0.1529	0.0480	0.2224	0.2193
_cor	67110	55565	89075	781776	48757	574664	7913	63068	14826	81503	68504
Bio03	0.2390	0.0949	0.2595	0.1756	0.0244	0.0243	0.1507	0.0930	0.0185	0.1723	0.0278
_cor	37680	16925	30705	236240	20819	227510	6288	02152	44725	23426	38092
Bio04	0.2512	0.1402	0.2764	0.0337	0.0022	0.0758	0.0383	0.0456	0.0790	0.0656	0.0132
_cor	27822	96369	17517	387022	68498	192410	9229	82510	79718	94791	53096
Bio05	0.2011	0.2977	0.2152	0.0606	0.0263	0.0466	0.0163	0.0551	0.0045	0.0806	0.0467
_cor	37965	00306	81451	441129	92913	458515	7790	42309	46811	70609	54092
Bio06	0.3221	0.0062	0.0574	0.0238	0.1739	0.0139	0.0309	0.0371	0.0583	0.0461	0.0470
_cor	11841	77665	00996	093756	58622	630931	6710	28276	30182	96713	05956
Bio07	0.2107	0.2328	0.2279	0.0728	0.2162	0.0511	0.0473	0.0836	0.0692	0.0090	0.0884
_cor	53982	42966	98689	428131	11399	221953	4598	91979	34773	74905	71094
Bio08	0.2194	0.2079	0.2025	0.0004	0.1077	0.0657	0.0729	0.0986	0.1373	0.0439	0.0787
_cor	76981	40465	84763	066854	17055	892284	2403	29539	77530	58294	04715
Bio09	0.3086	0.0856	0.0035	0.0542	0.0613	0.0238	0.0946	0.1135	0.0465	0.0633	0.0682
_cor	76220	57284	95997	229863	71543	174964	1193	33789	94462	22860	34376
Bio10	0.2123	0.2536	0.2598	0.0171	0.1131	0.0585	0.0063	0.0093	0.0190	0.0246	0.0081
_cor	17031	77146	05657	556794	32133	713443	2092	17795	82352	45835	86889
Bio11	0.3269	0.0477	0.0563	0.0124	0.0692	0.0259	0.0273	0.0300	0.0744	0.0694	0.0073
_cor	93896	78995	36444	434872	30639	357745	2125	23758	64987	02941	69494
Bio12	0.2154	0.2621	0.1482	0.1725	0.2048	0.0043	0.0151	0.0088	0.0366	0.0541	0.0554
_cor	36955	34820	00591	504997	70941	778488	8420	10416	01808	21587	31521
Bio13	0.2621	0.1397	0.0174	0.1553	0.2833	0.0299	0.0519	0.0407	0.0794	0.1996	0.0081
_cor	06777	38778	48751	589032	46736	423035	0753	14516	67215	25657	91948
Bio14	0.0616	0.3076	0.2966	0.1755	0.1464	0.0246	0.0284	0.1066	0.0173	0.1409	0.0539
_cor	34868	35928	57851	440401	15815	579996	2915	47138	16262	34038	85003
Bio15	0.1538	0.2268	0.2912	0.0516	0.2152	0.0596	0.0700	0.0776	0.0395	0.1627	0.0874
_cor	95773	78973	40689	402080	11468	904756	9529	88611	18187	08890	34312
Bio16	0.2650	0.1377	0.0322	0.1460	0.3004	0.0002	0.0540	0.0627	0.0474	0.1736	0.0127
_cor	81215	01312	47142	244982	70789	405083	8748	75855	16208	14467	54430
Bio17	0.0348	0.3375	0.2707	0.1897	0.1002	0.0362	0.0403	0.1100	0.0393	0.1275	0.0636
_cor	34349	17844	16360	649999	40856	768860	0675	26888	24256	76304	71117
Bio18	0.0012	0.1564	0.2854	0.0998	0.1372	0.2598	0.2032	0.1872	0.2949	0.3545	0.1214
_cor	97578	35222	51047	161651	52514	016986	4753	05433	01518	70175	79730
Bio19	0.1225	0.2600	0.1129	0.2703	0.1155	0.1978	0.2038	0.1479	0.1324	0.1584	0.1401
_cor	91440	22509	14942	471343	33588	333808	1310	09810	93479	02347	94469

class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1	0.0682	0.1758	0.1670	0.1827	0.1774	0.1307	0.3875	0.1058	0.1568	0.2321	0.1004
	62207	43692	87556	413489	25863	390286	6419	25879	05979	48429	83059
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0.0149	0.0179	0.1859	0.0484	0.1336	0.2931	0.3857	0.1617	0.3272	0.5204	0.2627
	42513	37933	71559	078736	09855	614774	6829	18335	86062	36013	56511
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	0.0952	0.1927	0.0768	0.4927	0.3116	0.0095	0.0568	0.0614	0.0758	0.1932	0.0680
	71369	63002	24349	567216	06115	152142	3289	52274	89485	23382	72972
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	0.0977	0.0737	0.1030	0.0634	0.0867	0.2642	0.4766	0.1726	0.1474	0.0153	0.7232
	15869	95112	00013	135354	12083	143575	9422	54359	45682	59673	84564
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	0.0942	0.1727	0.1574	0.2447	0.1481	0.3005	0.2179	0.1315	0.0667	0.2567	0.3153
	05607	23896	40110	436788	23912	987246	5224	01288	62608	51340	07639
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	0.0759	0.0254	0.0632	0.2778	0.0534	0.0987	0.0166	0.5191	0.4943	0.2388	0.1624
	78595	70738	16237	547150	44924	151621	9113	97712	38329	36825	41079
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	0.0939	0.0561	0.1657	0.2963	0.2046	0.2297	0.2560	0.1545	0.0587	0.1907	0.1749
	01453	12379	02690	568052	39050	929299	0383	33776	29507	04228	22996
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	0.0071	0.0451	0.0986	0.2522	0.3413	0.3989	0.3909	0.2233	0.1892	0.2563	0.1620
	73851	47864	91612	184455	99833	271647	5219	75565	88363	57629	43543
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	0.0130	0.0091	0.0507	0.0103	0.1862	0.1072	0.2034	0.6371	0.5893	0.0996	0.2125
	73701	77215	09157	029156	68157	809866	5222	07434	83936	74780	12470
class_	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	0.0621	0.1035	0.0616	0.2517	0.0659	0.6037	0.1433	0.0178	0.1717	0.0756	0.2001
	07574	01525	00402	188545	33597	870843	8146	46411	42287	05655	97892
elev_c	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
or	0.1342	0.2106	0.3501	0.1780	0.1466	0.0577	0.0376	0.0293	0.1086	0.0596	0.0233
	11637	96434	34140	516350	52622	860171	8935	81450	83244	87961	84823
Eigen											
value	8.7903	4.7862	3.7635	1.9849	1.7916	1.4040	1.1201	1.0933	9.8635	8.7799	7.1644
s	10e+00	25e+00	71e+00	22e+00	14e+00	38e+00	73e+00	43e+00	50e-01	51e-01	84e-01
%											
Varian	2.9301	1.5954	1.2545	6.6164	5.9720	4.6801	3.7339	3.6444	3.2878	2.9266	2.3881
ce	03e+01	08e+01	24e+01	06e+00	48e+00	26e+00	11e+00	77e+00	50e+00	50e+00	61e+00
%											
Cumu	29.301	45.255	57.800	64.416	70.388	75.068	78.802	82.447	85.735	88.661	91.049
lative	03	11	35	76	80	93	84	32	17	82	98

H. LUTEOBADIA

Variabl es	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10
Bio01_ cor	0.29424 9589	0.15663 076	- 0.08190 2168	0.02219 447	- 0.03575 52324	0.03322 2372	- 0.02363 2716	0.02385 6625	- 0.01558 1353	0.05098 7977
Bio02_ cor	- 0.03818 2773	- 0.13406 310	- 0.34267 8459	- 0.28148 692	- 0.18482 03840	- 0.02428 9109	- 0.00632 5847	- 0.27004 9959	- 0.08716 4349	- 0.06360 2409
Bio03_ cor	- 0.26407 1311	- 0.05858 243	- 0.16071 7828	- 0.11282 165	- 0.17047 98661	- 0.12507 8831	- 0.00965 3843	- 0.04421 0561	- 0.17221 1020	- 0.00944 4869
Bio04_ cor	- 0.28253 3455	- 0.01566 426	- 0.16916 6348	- 0.15105 413	- 0.10188 49015	- 0.01249 0232	- 0.11398 5440	- 0.00526 3732	- 0.06142 8289	- 0.11195 2951
Bio05_ cor	- 0.21169 8516	- 0.25351 102	- 0.10916 9209	- 0.21798 807	- 0.19080 64537	- 0.01361 1943	- 0.08112 7317	- 0.07862 2734	- 0.04084 4618	- 0.03615 2505
Bio06_ cor	- 0.30436 1519	- 0.08086 118	- 0.08123 0221	- 0.10012 758	- 0.06993 05078	- 0.00451 3572	- 0.01395 9137	- 0.06128 6416	- 0.02185 2168	- 0.06750 1154
Bio07_ cor	- 0.25722 8706	- 0.07259 254	- 0.03102 3015	- 0.29011 114	- 0.23016 60131	- 0.01578 2076	- 0.07669 2700	- 0.13841 9179	- 0.05850 6917	- 0.11641 8210
Bio08_ cor	- 0.24252 1556	- 0.19197 019	- 0.17271 7732	- 0.15165 262	- 0.13465 88787	- 0.05651 0604	- 0.02816 3596	- 0.02520 0510	- 0.00131 2994	- 0.04150 7946
Bio09_ cor	- 0.30145 2159	- 0.11682 954	- 0.04695 0983	- 0.08006 797	- 0.02765 71835	- 0.01345 5821	- 0.00624 0638	- 0.01322 7199	- 0.01545 8949	- 0.05261 8036
Bio10_ cor	- 0.23797 3018	- 0.21818 651	- 0.20995 0483	- 0.11999 139	- 0.10326 10138	- 0.02430 1419	- 0.04009 2544	- 0.02257 9690	- 0.02530 2966	- 0.00279 1359
Bio11_ cor	- 0.30776 9055	- 0.10808 906	- 0.00736 0053	- 0.03207 389	- 0.00970 13382	- 0.02265 7279	- 0.05228 3577	- 0.01446 8848	- 0.02558 2951	- 0.07464 1084
Bio12_ cor	- 0.19013 2486	- 0.31625 910	- 0.05651 9609	- 0.15232 580	- 0.01513 14335	- 0.10088 8457	- 0.05553 0012	- 0.07257 8806	- 0.07594 2627	- 0.05403 4319
Bio13_ cor	- 0.17887 0868	- 0.27834 457	- 0.21916 2788	- 0.06732 752	- 0.00096 31148	- 0.08999 3000	- 0.06258 3396	- 0.09670 1018	- 0.04666 1210	- 0.11918 9986
Bio14_ cor	- 0.03598 6085	- 0.29366 629	- 0.29510 8214	- 0.18812 473	- 0.16676 01487	- 0.14607 3221	- 0.01358 5078	- 0.05085 7810	- 0.06650 1228	- 0.07805 0221
Bio15_ cor	- 0.15073 1641	- 0.19439 891	- 0.36109 8050	- 0.04740 891	- 0.01208 09701	- 0.06783 0768	- 0.03627 9177	- 0.08904 5785	- 0.00993 1795	- 0.09905 0698
Bio16_ cor	- 0.20756 3008	- 0.26009 534	- 0.16897 9347	- 0.10177 103	- 0.02480 36769	- 0.07555 3253	- 0.10616 5975	- 0.08462 4376	- 0.09646 5285	- 0.12858 4152
Bio17_ cor	- 0.05413 9454	- 0.29902 134	- 0.28671 7567	- 0.20380 003	- 0.14011 43162	- 0.13124 7026	- 0.01303 7410	- 0.04780 7603	- 0.04223 9031	- 0.05823 9596
Bio18_ cor	- 0.04999 1665	- 0.15569 417	- 0.00426 0936	- 0.23741 173	- 0.09727 42302	- 0.54440 9869	- 0.40429 3569	- 0.13209 6454	- 0.01197 8197	- 0.17560 6628
Bio19_ cor	- 0.15896 0212	- 0.17128 907	- 0.17349 0686	- 0.03091 215	- 0.20101 61908	- 0.23035 5221	- 0.39091 7601	- 0.00412 3951	- 0.08161 0486	- 0.27449 5773
class_1	- 0.06796 0964	- 0.01318 463	- 0.03406 1107	- 0.43024 030	- 0.07332 78272	- 0.29255 1355	- 0.01061 0062	- 0.47447 1609	- 0.34076 9556	- 0.14404 5239

	-	-	-	-						
class_1	0.19102	0.04493	0.17463	0.10084	0.03110	0.07325	0.15806	0.01766	0.31805	0.22067
1	4486	394	6923	981	61871	3487	7287	3404	8118	9206
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.14636	0.25322	0.15344	0.09552	0.28251	0.25577	0.06562	0.09763	0.16539	0.19971
class_2	5014	785	6194	909	26729	9339	4706	1055	2494	4369
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.05671	0.15220	0.08727	0.39689	0.35162	0.25820	0.08553	0.22758	0.01022	0.16712
class_3	3205	207	0298	808	26313	8525	1467	7595	9900	9117
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.02803	0.24936	0.19062	0.18356	0.21843	0.24552	0.02170	0.16799	0.01585	0.02527
class_4	7629	395	7724	324	43748	2126	7328	8698	7921	2203
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.01762	0.16309	0.01122	0.07846	0.52233	0.02286	0.01339	0.11529	0.32652	0.34656
class_5	6219	685	3700	734	18762	0874	7884	4974	1701	1906
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.00180	0.14411	0.05557	0.06349	0.20244	0.40916	0.32558	0.15213	0.27639	0.47296
class_6	7146	470	6331	859	29230	7439	9083	1706	5759	7301
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.12439	0.14632	0.14693	0.28274	0.01243	0.27736	0.14103	0.35158	0.42063	0.05200
class_7	6053	833	4791	918	61810	2945	0874	6479	1485	6631
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.04037	0.03217	0.12140	0.10356	0.21265	0.08436	0.11520	0.59867	0.49371	0.11641
class_8	3290	513	8854	230	91399	0007	2469	9267	2231	6012
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	0.00955	0.03272	0.17537	0.10250	0.13985	0.14044	0.66685	0.08390	0.19271	0.54189
class_9	0856	395	1607	728	74706	8259	3782	5346	5117	6531
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
elev_co	0.08805	0.18228	0.38304	0.12883	0.25812	0.07704	0.10506	0.03678	0.18824	0.02207
r	4527	324	5325	819	04484	4003	1166	8228	9229	6960
Eigenv	9.71525	5.09376	3.34104	1.98558	1.61671	1.40870	1.10279	1.04360	9.14599	8.72525
alues	2e+00	6e+00	2e+00	7e+00	5e+00	9e+00	4e+00	9e+00	4e-01	9e-01
%										
Varian	3.23841	1.69792	1.11368	6.61862	5.38904	4.69569	3.67597	3.47869	3.04866	2.90842
ce	7e+01	2e+01	1e+01	2e+00	9e+00	6e+00	9e+00	6e+00	5e+00	0e+00
%										
Cumul	32.3841	49.3633	60.5002	67.1188	72.5078	77.2035	80.8795	84.3582	87.4069	90.3153
ative	7	9	0	2	7	7	5	4	1	3

P. EXTENSUS

Variables	PC1	PC2
Bio01_cor	-0.0027335208	0.0057023321
Bio02_cor	-0.0009999221	-0.0007103833
Bio03_cor	-0.0132738918	0.0084406465
Bio04_cor	0.0876383066	-0.0753993640
Bio05_cor	-0.0025191337	0.0046065592
Bio06_cor	-0.0035210392	0.0074183540
Bio07_cor	0.0010019054	-0.0028117946
Bio08_cor	-0.0018344442	0.0041986732
Bio09_cor	-0.0040006891	0.0074511193
Bio10_cor	-0.0018186394	0.0048769755
Bio11_cor	-0.0039229184	0.0067156364
Bio12_cor	-0.8019923114	-0.2817780051
Bio13_cor	-0.1344438182	-0.0690052536
Bio14_cor	0.0018796906	0.0024852649
Bio15_cor	-0.0166992880	-0.0021608383
Bio16_cor	-0.4023865174	-0.1084261815
Bio17_cor	0.0008774828	-0.0010942267
Bio18_cor	0.0252045197	-0.3887864511
Bio19_cor	-0.3722592664	0.3617090894
class_1	0.0000000000	0.0000000000
class_11	-0.0001878243	0.0016939473
class_2	-0.0404750979	-0.0084734748
class_3	-0.0003954559	-0.0015683278
class_4	0.0027591167	-0.0044574347
class_5	0.0001073458	0.0009523117
class_6	0.0013722941	0.0008649092
class_7	0.0330215580	0.0013749931
class_8	-0.0005767764	0.0023445463
class_9	0.0067911472	0.0040129681

elev_cor	0.1631414105	-0.7848217096
Eigenvalues	3.288206e+05	1.773460e+05
% Variance	6.152413e+01	3.318240e+01
% Cumulative	61.52413	94.70652

P. FASTUOSUS

Variables	PC1	PC2	PC3	PC4
Bio01_cor	-0.0001439531	0.0007940075	0.0110701671	0.0042614714
Bio02_cor	-0.0014599710	0.0018492449	0.0006170324	-0.0005421531
Bio03_cor	0.0066995170	-0.0203305300	0.0159202369	0.0399579428
Bio04_cor	-0.1199865305	0.1974279600	-0.2407024267	-0.6475172682
Bio05_cor	-0.0026283999	0.0043775054	0.0094855702	-0.0050845365
Bio06_cor	0.0027965881	-0.0046622579	0.0126748091	0.0127879889
Bio07_cor	-0.0054249877	0.0090397630	-0.0031892386	-0.0178725256
Bio08_cor	-0.0006623729	0.0046703283	0.0059284533	-0.0027649525
Bio09_cor	-0.0008015052	-0.0011895428	0.0163162530	0.0057196406
Bio10_cor	-0.0015297815	0.0029150480	0.0082789576	-0.0039735053
Bio11_cor	0.0015021438	-0.0021161925	0.0138727563	0.0120045951
Bio12_cor	0.8416664098	-0.0787994355	-0.1992618584	-0.0756309096
Bio13_cor	0.1424796413	0.2239907179	0.2389725535	-0.0163469992
Bio14_cor	0.0208881645	-0.0526789506	-0.1145404649	-0.0686145596
Bio15_cor	-0.0219651617	0.0746689817	0.1206547529	0.0105451016
Bio16_cor	0.3530325778	0.3767223353	0.5502387690	0.1041202811
Bio17_cor	0.0757236922	-0.1573764726	-0.3777792050	-0.1936449055
Bio18_cor	0.2929144487	0.3259762647	-0.3306764328	-0.0792096300
Bio19_cor	0.1944964728	-0.7689476022	0.1448647326	0.0612648446
class_1	-0.0001000145	-0.0002418183	-0.0016499327	-0.0058173357
class_11	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
class_2	0.0238272270	-0.0036449627	-0.0824842495	0.0454845276
class_3	-0.0007574748	0.0002842492	-0.0038034182	-0.0056244226
class_4	-0.0015812867	0.0017220825	0.0043226345	0.0223617253
class_5	-0.0003707386	-0.0009663767	0.0001110384	0.0017652121
class_6	0.0002528258	0.0011707135	0.0017215785	0.0007243968
class_7	-0.0097761736	0.0076198271	0.0676588306	0.0134031550
class_8	0.0004515376	-0.0018277276	0.0011895294	-0.0002341789
class_9	-0.0133505247	0.0036607049	0.0081156503	-0.0551469752
elev_cor	-0.0323406039	0.1771800471	-0.4786152114	0.7094821964
Eigenvalues	5.411802e+05	8.544163e+04	7.423400e+04	4.009624e+04
% Variance	6.948700e+01	1.097062e+01	9.531573e+00	5.148318e+00
% Cumulative	69.48700	80.45762	89.98920	95.13751

7.2 TESTE PCA PARA POLYPORALES

C. RIGIDA

Varia veis	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
Bio01	0.307	0.101	0.145	0.020	-	-	0.058	0.016	0.043	0.011	0.017	-
_cor	74217	95768	69891	73418	0.079	0.03121	16637	07653	97193	23084	49436	0.011
	1	42	16	8	21810	8502	9	7	70	4	36	07355
Bio02	0.146	0.255	0.037	0.366	-	-	0.057	0.040	0.088	0.187	0.030	-
_cor	06873	60776	94787	03032	0.012	0.08172	93494	45261	33938	72243	52094	0.143
	6	72	09	7	04455	3587	3	0	27	9	15	96286
Bio03	0.265	0.152	0.205	0.059	-	-	0.006	0.085	0.024	0.016	0.017	-
_cor	94779	79022	93561	71164	0.010	0.02660	04571	72690	00458	68526	04127	0.086
	8	68	52	6	12353	6509	9	4	53	6	98	27466
Bio04	0.271	0.104	0.233	0.172	-	-	0.083	0.012	0.063	0.001	0.061	-
_cor	33446	60034	42861	00323	0.027	0.07707	46287	20074	05143	32279	86248	0.098
	5	47	35	4	95940	8158	5	4	18	1	75	12218
Bio05	0.132	0.196	0.347	0.338	-	-	0.020	0.027	0.000	0.117	0.130	-
_cor	94126	88369	82453	15212	0.041	0.03117	61413	60375	66639	34821	01712	0.154
	6	20	50	3	62826	3218	8	3	44	3	22	46722
Bio06	0.318	0.028	0.015	0.165	-	-	0.030	0.017	0.015	0.041	0.011	-
_cor	31237	17744	03595	06782	0.046	0.00614	60062	87956	89899	52499	95911	0.083
	7	76	90	5	47935	5192	1	6	48	1	02	88143
Bio07	0.273	0.057	0.138	0.322	-	-	0.041	0.006	0.016	0.095	0.045	-
_cor	55641	71492	24289	03385	0.030	0.02021	07807	45340	89733	29941	05623	0.155
	5	34	14	0	11137	4050	5	6	32	8	41	95831
Bio08	0.208	0.073	0.255	0.086	-	-	0.117	0.137	0.004	0.099	0.292	-
_cor	91551	85425	75774	06816	0.179	0.05107	69262	44910	72478	06087	53692	0.137
	1	05	60	1	22712	5738	5	4	50	8	23	24096
Bio09	0.288	0.102	0.057	0.038	-	-	0.005	0.054	0.110	0.032	0.222	-
_cor	98762	83818	35272	82892	0.022	0.02631	54736	56912	16785	06445	99606	0.074
	9	48	78	0	88566	4292	1	4	39	6	65	48955
Bio10	0.221	0.045	0.418	0.119	-	-	0.003	0.004	0.008	0.005	0.086	-
_cor	79906	63452	57291	86842	0.088	0.04071	05253	89009	82990	14081	88464	0.069
	3	85	51	8	17218	2227	7	2	48	5	50	33259
Bio11	0.313	0.104	0.000	0.085	-	-	0.068	0.009	0.049	0.005	0.008	-
_cor	51756	01927	12048	94717	0.063	0.04609	38243	53112	15142	64753	75092	0.044
	8	28	65	7	20968	8094	5	5	15	6	85	38209
Bio12	0.212	0.264	0.126	0.237	-	-	0.040	0.126	0.052	0.049	0.004	-
_cor	64475	21814	04875	38971	0.026	0.05461	95146	06991	58406	30700	99512	0.032
	1	78	32	6	84986	5968	5	8	20	5	20	40106
Bio13	0.239	0.074	0.201	0.334	-	-	0.083	0.130	0.100	0.010	0.044	-
_cor	46406	57424	97643	92054	0.106	0.03835	28017	68758	48518	08237	88240	0.073
	1	64	69	4	51677	2714	7	7	24	7	20	22671
Bio14	0.044	0.396	0.090	0.026	-	-	0.047	0.056	0.086	0.118	0.114	-
_cor	91015	19810	25511	55783	0.121	0.03599	21322	74409	22252	88001	79127	0.048
	0	18	43	9	60597	8080	6	4	95	7	81	78517

				-					-			
Bio15	0.069	0.377	0.176	0.159			0.029	0.002	0.041	0.036	0.056	-
_cor	91568	68633	81412	58190	0.103	0.06301	95766	69695	34959	23420	63111	0.070
	4	81	20	3	71304	1910	8	4	65	8	56	05218
				-								
Bio16	0.244	0.086	0.201	0.323		-	0.064	0.129	0.094	0.005	0.046	-
_cor	65298	42526	47288	13945	0.083	0.03165	22145	16307	11077	53342	32584	0.077
	7	42	95	1	76724	3553	2	8	36	0	00	21350
				-								
Bio17	0.029	0.403	0.084	0.003	-		0.038	0.057	0.090	0.121	0.116	
_cor	65646	12411	41652	70094	0.110	0.02560	86050	87507	72312	44999	41401	0.044
	5	29	51	7	41865	4194	3	6	83	8	78	67592
				-								
Bio18	0.004	0.216	0.085	0.155	-		0.255	0.489	0.070	0.072	0.416	-
_cor	42474	28991	38218	05236	0.167	0.24076	24724	42098	82639	31882	50453	0.027
	5	62	30	8	92718	2865	3	3	63	0	26	50694
				-								
Bio19	0.182	0.235	0.043	0.135		-	0.149	0.138	0.107	0.061	0.291	
_cor	98268	66966	87093	38454	0.050	0.16816	58251	73045	15674	34056	13790	0.012
	7	61	93	1	92475	2059	5	5	31	5	77	49113
				-								
class	0.093	0.037	0.004	0.253	-	-	0.024	0.055	0.631	0.361	0.138	
_1	92609	11828	85178	27560	0.107	0.21694	04252	34285	20614	44497	40589	0.169
	6	89	05	0	94697	5763	4	0	06	2	90	12155
				-								
class	0.009	0.013	0.012	0.091	-		0.619	0.144	0.031	0.572	0.041	-
_11	68482	40231	37126	78051	0.193	0.24204	03993	05118	41688	67408	37249	0.295
	4	55	87	0	78560	1327	3	1	53	8	93	83019
				-								
class	0.114	0.236	0.248	0.105		-	0.105	0.169	0.047	0.007	0.104	-
_2	28042	12562	01623	78662	0.030	0.04819	35982	44615	02063	08621	66083	0.021
	3	60	78	8	11999	6671	7	8	70	7	81	66447
				-								
class	0.076	0.053	0.021	0.068	-	-	0.027	0.066	0.505	0.178	0.318	
_3	76559	10717	13928	60695	0.139	0.54179	49638	30135	18169	89368	68124	0.108
	0	12	71	6	73043	4913	6	2	71	5	85	42952
				-								
class	0.051	0.215	0.113	0.058	-	-	0.159	0.155	0.141	0.015	0.130	
_4	69393	18208	99870	65706	0.384	0.34210	38431	05166	30622	65483	76705	0.082
	2	95	97	9	92258	9158	4	4	67	6	58	71759
				-								
class	0.057	0.100	0.147	0.160	-		0.088	0.232	0.204	0.293	0.248	-
_5	66368	07996	95452	34269	0.437	0.10544	48564	89937	62672	04434	57073	0.438
	3	86	22	4	26516	4780	8	7	43	9	28	38388
				-								
class	0.051	0.131	0.116	0.030	-		0.480	0.365	0.113	0.328	0.106	
_6	71911	09073	37101	50950	0.042	0.14530	35479	72040	99209	38602	93264	0.630
	8	30	76	7	45624	5236	5	8	09	9	70	22701
				-								
class	0.030	0.047	0.238	0.220		-	0.003	0.278	0.128	0.082	0.139	-
_7	05858	14185	71727	01982	0.594	0.04051	69984	98103	44069	70375	62996	0.230
	6	17	67	7	03175	0999	5	9	59	9	99	43051
				-								
class	0.039	0.037	0.021	0.007	-		0.355	0.416	0.317	0.387	0.542	-
_8	95616	56753	20252	09881	0.269	0.03663	85286	14909	11185	32360	20167	0.136
	8	74	04	4	48327	4082	1	8	76	3	73	04764
				-								
class	0.062	0.000	0.098	0.206	-		0.268	0.363	0.231	0.199	0.055	
_9	41105	93668	35426	57818	0.074	0.55595	47747	96951	59560	30360	64900	0.208
	7	51	98	6	82875	5826	0	3	24	2	34	58795
				-								
elev	0.156	0.183	0.406	0.072			0.037	0.006	0.112	0.077	0.000	
_cor	49958	29838	83213	69992	0.118	0.12929	37858	86162	12145	04465	49947	0.116
	1	49	68	0	17725	7493	9	5	50	9	95	02799
Eigen	9.114	5.148	2.663	2.027	1.440		1.127	1.069	1.015	8.946	8.865	7.150
value	392e+	431e+	705e+	724e+	348e+	1.36796	696e+	899e+	504e+	353e-	963e-	808e-
s	00	00	00	00	00	2e+00	00	00	00	01	01	01

%	3.038	1.716	8.879	6.759	4.801		3.758	3.566	3.385	2.982	2.955	2.383
Varia	131e+	144e+	015e+	079e+	161e+	4.55987	985e+	330e+	014e+	118e+	321e+	603e+
nce	01	01	00	00	00	3e+00	00	00	00	00	00	00
%												
Cum												
ulativ	30.38	47.54	56.42	63.18	67.98	72.5418	76.30	79.86	83.25	86.23	89.18	91.57
e	131	274	176	084	200	7	086	719	220	432	964	324

E. SCABROSA

Variables	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12		
Bio01_cor	-	0.3219 67727	-	0.0643 09944	0.0103 4043	-	0.0478 35033	0.0023 38351	0.0227 6746	0.0156 23758	0.0343 78485	-	0.0494 77802	0.0213 67442
Bio02_cor	0.0763 69457	0.1866 8297	0.2900 77857	0.0785 8426	0.3634 08725	0.0542 03958	0.0042 8779	0.2928 34538	0.0668 22169	0.1207 17380	0.0294 63209	0.3438 84396		
Bio03_cor	-	0.2305 21005	-	0.0963 9157	0.0280 48269	0.3611 3859	0.1611 88060	0.0478 99095	0.0374 4323	0.0995 99629	0.0335 60256	0.0008 62863	0.0886 5	84551
Bio04_cor	0.2632 73183	0.0786 2555	0.0376 65231	0.3727 6058	0.0487 48341	0.0107 08522	0.0736 8615	0.0158 67980	0.0107 2	0.0012 71559	0.0552 62278	-	0.0158 3	33395
Bio05_cor	-	0.1857 76314	0.3232 6286	0.0293 19211	0.2170 3204	0.1696 78682	0.0357 29155	0.0603 2164	0.1373 10673	0.0486 57920	0.0574 53221	0.0531 93923	0.1324 7	0.07150
Bio06_cor	-	0.3351 29440	0.0241 7336	0.1117 46037	0.1142 7490	0.0250 49621	0.0201 81574	0.0154 3363	0.0673 76528	0.0008 20755	-	0.0287 08196	0.0293 9	0.0758 74202
Bio07_cor	0.2524 40667	0.1743 7968	0.1408 97858	0.2603 4304	0.1329 59783	0.0443 62098	0.0544 3473	0.1593 08717	0.0311 43344	0.0672 1	0.0652 24787	0.1655 4	0.89810	
Bio08_cor	-	0.2342 27780	0.2374 0463	0.0974 79921	0.2273 5171	0.0041 54486	0.0057 53545	0.0252 8507	0.0614 30544	0.0170 88644	-	0.1276 75954	0.0975 0	41493
Bio09_cor	-	0.3209 33058	0.1014 2546	0.0639 63082	0.0732 1737	0.0802 83871	0.0103 26550	0.0010 9045	0.0141 33418	0.0846 11260	0.0416 0.0780	0.0224 35602	0.25364	
Bio10_cor	-	0.2380 91022	0.2646 5536	0.1042 69076	0.2543 5853	0.0248 08557	0.0205 76111	0.0284 2778	0.0293 35376	0.0213 93136	-	0.0120 69104	0.0067 6	69649
Bio11_cor	-	0.3324 18581	0.0848 1776	0.0301 80998	0.1469 5347	0.0523 26786	0.0006 93695	0.0426 7423	0.0034 51276	0.0220 60367	-	0.0499 53190	0.0175 3	77560
Bio12_cor	-	0.2030 16040	0.2233 9472	0.3047 78951	0.1709 9737	0.0754 71358	0.0431 18804	0.0663 2711	0.0515 75822	0.0787 99585	0.0674 0.0978	0.0279 74909	0.99460	
Bio13_cor	-	0.1788 27033	0.0533 7824	0.4366 25746	0.1423 0769	0.0901 46638	0.0159 49715	0.0990 7798	0.0958 83321	0.0863 42189	0.1024 0.1066	-	0.0498 6	29568
Bio14_cor	-	0.0671 27054	0.3336 6068	0.1591 34002	0.2294 9464	0.3176 66477	0.0876 22625	0.0636 3880	0.0077 44922	0.0068 04880	-	0.0635 07624	0.0560 0	71403
Bio15_cor	-	0.0268 23917	0.3090 3868	0.3235 58852	0.0949 2400	0.2314 61367	0.0723 84078	0.0770 8507	0.0607 25368	0.0631 41570	-	0.0345 80738	-	0.0154 52028

	-	-					-	-	0.0817		0.0648	-
Bio16 _cor	0.1892 96665	0.0746 7665	0.4277 72019	0.1486 1482	0.0664 39100	0.0260 51906	0.0998 7537	0.0867 27897	50748 6	0.0930 94672	96173 6	0.0544 23576
	-	-	-		-		-		0.0262		0.0366	
Bio17 _cor	0.0754 79862	0.3509 6757	0.1421 57461	0.2254 1370	0.3053 10097	0.0897 31885	0.0574 5851	0.0036 49499	97235 1	0.0089 67435	36157 9	0.0532 45244
	-	-	-		-		-	-	0.0320	-	0.2795	
Bio18 _cor	0.0284 13836	0.1750 6514	0.2505 40091	0.2917 8773	0.0738 78669	0.1518 27483	0.1823 1259	0.0910 50930	88120 5	0.2556 82064	40811 9	0.1688 61827
	-	-	-		-	-	-	-	0.1820		0.2856	-
Bio19 _cor	0.1852 03243	0.2198 4492	0.0719 27105	0.0544 8871	0.0635 01798	0.1288 20785	0.0228 8702	0.0081 58848	30778 0	0.3443 05217	25419 3	0.1417 13100
					-	-	-	-	0.5557		0.2522	-
class _1	0.0514 31489	0.0578 8306	0.0721 04109	0.1072 8663	0.3640 17568	0.1254 40596	0.1266 3992	0.2470 05307	47485 9	0.0126 34684	70489 7	0.3497 41635
			-		-	-	-	-	0.2971	-	0.5473	-
class _11	0.0286 85202	0.0522 6861	0.0739 12361	0.0654 4783	0.0470 03930	0.1329 18885	0.3604 6938	0.3637 49136	61266 8	0.3760 89528	78157 9	0.2920 35632
	-	-	-		-	-	-	-	0.2161	-	0.0690	
class _2	0.1105 33374	0.2605 9933	0.1155 76291	0.0397 0190	0.1268 29500	0.3306 25707	0.2428 0889	0.3841 80768	98108 9	0.1642 87384	58875 8	0.1333 04063
					-	-	-	-	0.5427		0.0531	
class _3	0.0782 73753	0.0676 8011	0.0124 40388	0.0385 2675	0.1254 14805	0.2539 50574	0.3901 6004	0.0811 78407	89131 9	0.3537 98971	53086 4	0.0147 04409
			-		-	-	-	-	0.0733	-	0.3670	-
class _4	0.0750 96752	0.1522 1998	0.1775 68215	0.0751 8293	0.2779 82136	0.1642 14131	0.0194 9508	0.2286 39633	88459 5	0.1393 37866	98923 7	0.4996 86254
			-		-	-	-	-	0.2615	-	0.3720	
class _5	0.0845 25553	0.0787 4339	0.0791 95240	0.0370 6479	0.3073 55339	0.1334 99005	0.4345 6902	0.0584 32394	46135 5	0.0373 17216	14099 1	0.0154 75353
			-		-	-	-	-	0.1139		0.2500	
class _6	0.0932 78891	0.1051 8572	0.0100 57678	0.1878 1174	0.2438 89175	0.0047 30487	0.2716 4377	0.2835 51221	35672 9	0.0808 99365	20272 2	0.3823 44939
			-		-		-	-	0.2063	-	0.1469	-
class _7	0.0027 88726	0.1473 3492	0.0046 95827	0.0470 9054	0.1074 75669	0.7466 40048	0.1975 3623	0.0640 73558	34596 2	0.0689 24863	53764 1	0.0209 83720
	-	-	-		-	-	-	-	0.1547	-	0.2012	
class _8	0.0491 16154	0.0138 7180	0.1294 30310	0.0888 3368	0.0860 60223	0.3367 96776	0.0108 0759	0.5746 24304	88093 8	0.2972 92671	23872 7	0.3509 36807
			-		-	-	-	-	0.1730		0.0482	-
class _9	0.0756 56809	0.0727 2000	0.1602 53272	0.1117 9277	0.2820 84863	0.0053 13973	0.4901 8167	0.0118 43226	22385 3	0.5434 27402	25091 0	0.0538 44899
		-		-	-	-	-	-	0.0193	-	0.0922	
elev_ cor	0.1610 93030	0.1640 2588	0.2484 28832	0.3116 4968	0.0930 69899	0.0638 35511	0.1080 8749	0.0260 66540	91563 2	0.0992 63803	72806 8	0.0533 58924
Eigen value s	8.0303 04e+0 0	4.5698 08e+0 0	3.0226 57e+0 0	2.5983 78e+0 0	1.5247 97e+0 0	1.3036 88e+0 0	1.1972 92e+0 0	1.1046 22e+0 0	1.0143 71e+0 0	9.5698 74e- 01	9.2751 39e- 01	8.1640 08e- 01
% Varia nce	2.6767 68e+0 1	1.5232 69e+0 1	1.0075 52e+0 1	8.6612 60e+0 0	5.0826 57e+0 0	4.3456 28e+0 0	3.9909 73e+0 0	3.6820 75e+0 0	3.3812 37e+0 0	3.1899 58e+0 0	3.0917 13e+0 0	2.7213 36e+0 0

% Cumulative	26.767	42.000	52.075	60.737	65.819	70.165	74.156	77.838	81.219	84.409	87.501	90.222
	68	37	90	16	81	44	41	49	73	68	40	73

F. FASCIATUS

Varia bles	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
Bio01	0.2859	0.0828	-	0.0455	0.0694	2.1670	-	-	0.0320	-	-	-
_cor	33885	7905	0.2047	0.0455	0.0694	91e-	0.0035	5.1587	52240	0.0121	0.0490	0.0519
			42552	70891	8552	02	28556	02	9	63618	64681	67149
Bio02	0.1970	0.0624	0.0084	0.3597	0.0513	1.9066	-	1.4565	0.0325	-	-	-
_cor	24628	4523	75582	78246	3047	58e-	0.0561	26e-	65179	0.0926	0.1283	0.3476
						01	28278	01	8	82055	90859	52413
Bio03	0.2601	0.1655	0.1179	-	0.0962	2.3609	-	1.2367	0.0454	-	-	-
_cor	88091	9954	75220	0.1114	0.0962	59e-	0.1290	71e-	36414	0.0429	0.0438	0.0805
				12963	6409	02	71437	01	1	43603	68456	83569
Bio04	0.2609	0.2248	0.1025	0.0603	0.1474	9.6924	-	8.2859	0.0209	-	-	-
_cor	27849	7192	17172	52988	2482	49e-	0.0288	22e-	06534	0.0820	0.0446	0.0970
						05	29372	02	1	83268	61089	72600
Bio05	0.1057	0.1024	0.4225	0.2889	0.1634	1.1885	-	2.0342	0.0245	-	-	-
_cor	92925	5109	30493	02767	0417	13e-	0.0254	12e-	16367	0.1550	0.0785	0.0917
						01	23658	02	1	82035	01714	13623
Bio06	0.2981	0.1151	0.0701	0.0691	0.0984	2.6002	-	3.9527	0.0301	-	-	-
_cor	97148	2195	02803	59034	4575	55e-	0.0199	27e-	01811	0.0494	0.0115	0.0115
						02	82539	02	9	69397	12651	65415
Bio07	0.2749	0.1544	0.0694	0.1694	0.1576	6.7165	-	3.4314	0.0230	-	-	-
_cor	48403	6862	63355	66314	5233	78e-	0.0122	69e-	88765	0.1038	0.0144	0.0429
						02	41820	02	2	28481	80272	75489
Bio08	0.1985	0.0572	0.2528	0.2254	0.2228	4.8721	-	8.4734	0.0872	-	-	-
_cor	70014	9623	82725	51389	9435	43e-	0.0320	19e-	09451	0.0051	0.1901	0.0341
						02	78395	02	2	86841	17606	65230
Bio09	0.2709	0.0414	0.1289	0.0955	0.0726	8.8763	-	1.0439	0.0006	-	-	-
_cor	31410	6364	00566	80831	4730	12e-	0.0075	21e-	20131	0.0803	0.1690	0.0284
						02	03073	02	4	52241	87748	72955
Bio10	0.1800	0.1265	0.4276	0.1220	0.0662	4.2712	-	1.6068	0.0281	-	-	-
_cor	34840	8679	88234	55852	7640	43e-	0.0069	55e-	07492	0.0763	0.0245	0.0410
						02	76449	02	2	27041	22366	30888
Bio11	0.2922	0.1452	0.0784	0.0034	0.1042	1.6762	-	6.6109	0.0300	-	-	-
_cor	51572	8821	35624	89728	8717	60e-	0.0209	45e-	29937	0.0441	0.0492	0.0700
						02	57188	02	4	25267	33523	88006
Bio12	0.2334	0.1960	0.2348	0.1758	0.0562	5.8759	-	4.2000	0.0097	-	-	-
_cor	43116	9746	23726	34291	9560	21e-	0.1147	92e-	22977	0.0163	0.0150	0.1248
						02	48247	02	8	67959	57076	02055
Bio13	0.2177	0.0444	0.2506	0.2802	0.2117	6.3127	-	1.0502	0.0432	-	-	-
_cor	67672	9966	70667	13780	2644	53e-	0.1387	82e-	74403	0.0479	0.0262	0.1999
						02	99961	01	4	43501	45996	69270
Bio14	0.0624	0.4201	0.0865	0.0542	0.2897	2.1687	-	1.7630	0.1563	-	-	-
_cor	55923	0024	85660	22840	4090	39e-	0.0171	82e-	42340	0.0350	0.0127	0.0307
						02	01732	01	7	00062	56391	10992

% Cumulative	33.57518	46.97252	56.91617	64.07096	68.69814	72.88844	76.93512	80.47171	83.65309	86.65852	89.58142	91.96460
-----------------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------	----------

H. HYDNOIDES

Varia bles	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
Bio01	0.2722	0.2002	-	-	-	0.0002	0.0028	-	0.0186	0.0574	-	-
_cor	74547	39171	34466	29993	43550	92093	84308	0.0087	51676	36223	0.0150	0.0737
						2	9	94473	7	5	59021	35956
Bio02	-	-	-	-	-	0.0371	0.1574	-	0.0526	0.0005	-	-
_cor	0.1698	0.2031	0.1200	0.3478	0.0306	60775	58580	0.0358	45728	40586	0.0197	0.1823
	43107	40162	05037	10936	52168	6	4	18754	0	8	45942	35441
Bio03	-	-	-	-	-	0.0338	0.1374	-	0.0741	0.0772	-	-
_cor	0.2785	0.0826	0.1884	0.0748	0.0293	94291	14487	0.0279	93647	68044	0.0368	0.0599
	42335	28528	16616	34597	35560	8	4	61195	0	2	83469	48027
Bio04	-	-	-	-	-	0.0215	0.0119	-	0.0632	0.0302	-	-
_cor	0.2982	0.0730	0.1736	0.1233	0.0255	56267	33952	0.0018	19684	48058	0.0278	0.0855
	27201	19792	57331	11381	09850	4	6	19259	2	6	67537	13015
Bio05	-	-	-	-	-	0.0653	0.1588	-	0.0274	0.0459	-	-
_cor	0.0293	0.2557	0.3297	0.2851	0.0160	97135	44505	0.0477	85992	30602	0.0479	0.0202
	69921	64447	89827	61538	92730	2	7	61272	2	1	29112	96607
Bio06	-	-	-	-	-	0.0211	0.0267	-	0.0221	0.0348	-	-
_cor	0.3173	0.0863	0.0542	0.1410	0.0402	54756	50446	0.0142	47044	30702	0.0058	0.0180
	12133	54228	82426	15258	04023	5	6	33774	1	2	87893	71350
Bio07	-	-	-	-	-	0.0062	0.0866	-	0.0309	0.0138	-	-
_cor	0.3012	0.0213	0.0796	0.2404	0.0430	97711	35342	0.0317	85863	12935	0.0133	0.0085
	19424	25543	00146	34924	10333	7	5	01568	2	1	95543	50607
Bio08	-	-	-	-	-	0.1524	0.0934	-	0.0350	0.0295	-	-
_cor	0.1170	0.2091	0.3363	0.1274	0.0586	25882	86934	0.0192	74101	88668	0.0127	0.1789
	53136	96168	29726	99628	56124	9	1	29050	0	3	17284	85745
Bio09	-	-	-	-	-	0.0520	0.0075	-	0.0049	0.0162	-	-
_cor	0.2886	0.1622	0.0710	0.0362	0.0701	21431	47643	0.0776	74032	83073	0.0138	0.0421
	67146	72320	04969	26106	04721	9	5	48645	6	7	85110	71543
Bio10	-	-	-	-	-	0.0344	0.0366	-	0.0489	0.0447	-	-
_cor	0.0457	0.1812	0.4483	0.1332	0.0129	89073	07348	0.0207	79537	86331	0.0483	0.0263
	50089	18823	28160	75911	81616	0	3	85919	0	0	70005	47247
Bio11	-	-	-	-	-	0.0078	0.0013	-	0.0418	0.0463	-	-
_cor	0.3114	0.1541	0.0290	0.0609	0.0330	21230	32331	0.0041	19043	65607	0.0077	0.0774
	32784	58544	27975	68061	94045	1	0	08094	4	7	18783	72666
Bio12	-	-	-	-	-	0.0082	0.0051	-	0.0939	0.0279	-	-
_cor	0.2461	0.2196	0.0426	0.2737	0.0720	62374	36763	0.0336	82117	57387	0.1259	0.1724
	92672	61585	67649	83983	79960	4	0	85479	6	8	64673	67144
Bio13	-	-	-	-	-	0.0438	0.0149	-	0.1365	0.0021	-	-
_cor	0.2488	0.0664	0.1205	0.3261	0.1057	00645	32282	0.0686	29115	96673	0.1398	0.2542
	27277	33718	52929	84250	70685	0	7	01970	5	0	92092	46937
Bio14	-	-	-	-	-	0.0656	0.0297	-	0.0008	0.1502	-	-
_cor	0.0246	0.4001	0.1910	0.0386	0.1050	69315	94783	0.0845	39713	22233	0.0972	0.1849
	13147	36566	81969	78363	26385	0	1	24045	6	1	94260	06221
Bio15	-	-	-	-	-	0.0870	0.0004	-	-	-	-	-
_cor	0.0563	0.3846	0.2110	0.1198	0.0349	66088	71734	0.0112	-	-	0.0064	0.0729
	97458	96409	80711	85459	65379	5	4	47822	0.0355	0.0223	87756	50673

									08109	26491		
									9	6		
									-	-		
		-				0.0454	0.0097	-	0.1246	0.0097	-	
Bio16	0.2558	0.0818	0.1128	0.3182	0.0875	87991	36668	0.0437	39879	03706	0.1401	0.2414
_cor	43571	26586	17405	07137	06439	5	9	71863	6	5	04836	82150
						-	-		-	-		
		-	-		-	0.0776	0.0295		0.0041	0.1458	-	-
Bio17	0.0428	0.4025	0.1893	0.0483	0.0983	32797	77536	0.0859	71314	25993	0.0987	0.1533
_cor	92982	81680	54894	35296	28800	0	5	17812	9	0	09104	81358
									-	-		
		-				0.3175	0.2728		0.0287	0.2267	-	-
Bio18	0.0992	0.1468	0.0813	0.4039	0.0541	83743	71437	0.0136	79887	68475	0.0099	0.2184
_cor	83713	67227	48820	55501	28957	4	0	43580	7	2	09678	25305
						-	-					
		-	-	-	-	0.2583	0.2244		0.0022	0.0623	-	
Bio19	0.1749	0.2100	0.1203	0.0864	0.1139	05177	86929	0.1029	29981	17776	0.0756	0.4283
_cor	59348	56997	31903	84625	90663	7	4	68482	5	8	36626	95982
									-	-		
		-			-	0.2138	0.4146		0.1309	0.5071	-	-
class	0.1214	0.0342	0.0059	0.1472	0.2641	45082	73773	0.1018	61776	99239	0.1513	0.1908
_1	87058	34692	31282	58654	47914	4	5	73986	6	8	38739	51923
									-	-		
		-		-	-	0.0892	0.0068	-	0.9173	0.0843		-
class	0.0033	0.0358	0.0026	0.1850	0.0465	31138	09094	0.1328	13918	62221	0.2050	0.0330
_11	50842	21076	67245	62955	62027	1	2	78893	2	4	78384	43551
		-			-	0.0748	0.3423	-	0.0420	0.1448		-
class	0.1859	0.1853	0.0800	0.1405	0.1780	22467	99155	0.1640	41574	48094	0.2904	0.3663
_2	81234	49655	65393	44660	59706	4	3	78028	4	1	30072	09184
		-			-	0.1431	0.1276		0.0520	0.4908		
class	0.0923	0.1448	0.0239	0.1803	0.3264	87463	51560	0.2638	96252	03275	0.3995	0.2301
_3	78601	27732	37463	66711	18506	4	7	87207	7	0	34374	35185
									-	-		
		-			-	0.2650	0.1264		0.0675	0.1288	-	
class	0.1161	0.1512	0.1450	0.1083	0.3008	30519	69911	0.1334	70269	79718	0.2579	0.2444
_4	81760	51522	43187	46292	31396	8	7	65788	9	5	80142	20437
		-		-	-	0.1816	0.1946	-	0.0449	0.3774	-	-
class	0.0391	0.1224	0.0765	0.1972	0.2914	77456	33402	0.0463	94740	24829	0.7002	0.1717
_5	81566	48499	07256	09088	26776	0	6	10328	8	6	02725	87043
									-	-		
		-			-	0.0589	0.3536	-	0.0031	0.1307	-	
class	0.1575	0.0058	0.1078	0.0029	0.3149	78916	69076	0.4607	56710	12021	0.1560	0.1069
_6	30265	39122	82170	45277	39566	1	7	78743	8	2	67443	39197
									-	-		
		-			-	0.3219	0.2664		0.0008	0.2730	-	-
class	0.0461	0.0993	0.0090	0.0927	0.6244	61396	01303	0.2366	33542	86823	0.0796	0.1019
_7	83089	36201	53203	60534	50186	0	1	40217	1	5	76419	70820
									-	-		
		-		-	-	0.0402	0.4706	-	0.2133	0.2289		
class	0.0215	0.0171	0.0779	0.0674	0.2161	98940	10699	0.6933	09071	64046	0.1100	0.1841
_8	45271	84011	25678	17702	36270	6	8	97192	6	4	42922	55567
		-		-	-	0.6927	0.0387		0.1048	0.2118		
class	0.0586	0.0713	0.1518	0.1211	0.0113	36933	42449	0.2396	01142	05405	0.0541	0.2974
_9	30241	49920	56557	74021	24249	3	7	29955	1	9	66879	89320
		-				0.0617	0.0847	-	0.0920	0.0790	-	-
elev_	0.0651	0.0167	0.4481	0.0446	0.0091	03222	65517	0.0568	20896	11079	0.0178	0.0629
_cor	55566	69093	15881	47582	20963	5	2	39986	9	2	82011	07507
Eigen	8.8549	4.3046	3.8072	2.3074	1.3959	1.2733	1.0791	1.0143	9.7621	9.0714	8.3431	6.9738
value	73e+0	94e+0	20e+0	86e+0	68e+0	41e+0	02e+0	34e+0	73e-	10e-	34e-	42e-
s	0	0	0	0	0	0	0	0	01	01	01	01
%	2.9516	1.4348	1.2690	7.6916	4.6532	4.2444	3.5970	3.3811	3.2540	3.0238	2.7810	2.3246
Varia	58e+0	98e+0	73e+0	19e+0	28e+0	70e+0	05e+0	14e+0	58e+0	03e+0	45e+0	14e+0
nance	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

% Cumulative	29.516	43.865	56.556	64.247	68.901	73.145	76.742	80.123	83.377	86.401	89.182	91.507
	58	56	29	91	14	61	61	72	78	59	63	24

M. OBOVATUS

Varia bles	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
Bio01	0.2866	0.1058	-	-	-	-	0.0015	-	-	-	-	-
_cor	7339	51556	0.1871	0.0204	0.0356	0.0181	61819	0.0774	0.0453	0.0237	0.0035	0.0469
	-	-	0116	48588	1048	04556	0	47971	03912	86654	41121	8055
Bio02	0.1735	0.1416	-	-	-	-	0.0406	-	-	-	-	-
_cor	3361	30800	0.0646	0.3330	0.1874	0.1935	31885	0.1048	0.0886	0.3003	0.0206	0.1307
	-	-	4276	65778	4895	34790	3	97039	07184	90739	81631	6465
Bio03	0.2823	0.0889	-	-	-	-	0.0702	-	-	-	-	-
_cor	6078	09459	0.0490	0.0049	0.0486	0.1017	58256	0.0307	0.0670	0.1494	0.1337	0.0783
	-	-	4306	08112	5362	44121	3	20750	06396	61096	29224	4523
Bio04	0.2886	0.1514	-	-	-	-	0.0330	-	-	-	-	-
_cor	5823	09392	0.0398	0.0336	0.0695	0.0348	95579	0.0890	0.0793	0.0664	0.0554	0.1092
	-	-	3083	49663	0008	32018	3	51332	18622	67797	47059	9118
Bio05	0.0690	0.3503	-	-	-	-	0.0001	-	-	-	-	-
_cor	0566	32744	0.3124	0.1090	0.1367	0.0955	42039	0.0687	0.0360	0.1071	0.0467	0.1320
	-	-	5702	52080	8663	98827	9	58293	89208	38654	90321	7819
Bio06	0.3087	0.0289	-	-	-	-	0.0121	-	-	-	-	-
_cor	6363	13416	0.0670	0.0612	0.0844	0.0036	34025	0.0861	0.0318	0.0032	0.0415	0.0825
	-	-	8755	77248	2587	37338	1	25819	73593	79925	41984	1801
Bio07	0.2817	0.1649	-	-	-	-	0.0120	-	-	-	-	-
_cor	6805	90085	0.0543	0.1036	0.1375	0.0335	71427	0.1127	0.0458	0.0383	0.0596	0.1337
	-	-	3419	03427	1197	02322	6	83800	73737	42426	93293	7618
Bio08	0.1696	0.1890	-	-	-	-	0.0751	-	-	-	-	-
_cor	6734	70973	0.1934	0.2323	0.1224	0.0153	12393	0.1299	0.0085	0.0319	0.3505	0.0130
	-	-	6016	22303	1111	33514	8	26739	19354	36563	22195	4316
Bio09	0.2612	0.0822	-	-	-	-	0.0012	-	-	-	-	-
_cor	3715	45648	0.1619	0.1294	0.0294	0.0551	76956	0.0244	0.0236	0.0653	0.2341	0.1005
	-	-	7291	03527	7381	46448	7	93375	14181	33405	02474	9382
Bio10	0.1293	0.3326	-	-	-	-	0.0348	-	-	-	-	-
_cor	1278	32373	0.3195	0.0145	0.0267	0.0060	28783	0.0093	0.0292	0.0335	0.0551	0.0544
	-	-	1117	21158	1029	78547	6	46211	55652	85479	83882	8404
Bio11	0.3066	0.0019	-	-	-	-	0.0146	-	-	-	-	-
_cor	5440	48443	0.0933	0.0248	0.0532	0.0294	06578	0.0848	0.0615	0.0465	0.0270	0.0761
	-	-	2897	68453	1763	50826	2	63400	27309	85011	03071	7463
Bio12	0.1912	0.2326	-	-	-	-	0.0281	-	-	-	-	-
_cor	3474	84972	0.2937	0.1456	0.0939	0.1260	28082	0.0481	0.1003	0.0021	0.0839	0.0473
	-	-	0123	98930	2530	13314	7	81849	46325	57674	22565	3973
Bio13	0.2243	0.1083	-	-	-	-	0.0074	-	-	-	-	-
_cor	6090	61276	0.2059	0.2480	0.2228	0.1969	82119	0.1140	0.0952	0.0951	0.0987	0.0709
	-	-	9734	39199	9178	62333	6	77716	96247	97068	01749	1159
Bio14	0.0652	0.3510	-	-	-	-	0.0710	-	-	-	-	-
_cor	4778	87535	0.2576	0.0976	0.2744	0.0469	68470	0.1293	0.0545	0.1611	0.1035	0.0297
	-	-	9182	23401	2552	71121	0	34047	81305	55333	75719	9476
Bio15	0.1718	0.2932	-	-	-	-	0.0046	-	-	-	-	-
_cor	6788	66576	0.1491	0.2187	0.2611	0.0955	21809	0.0867	0.0556	0.0793	0.0349	0.0331
	-	-	8804	22351	0030	36556	8	09428	57939	77907	92060	4683
Bio16	0.2391	0.1132	-	-	-	-	0.0148	-	-	-	-	-
_cor	9278	44437	0.2141	0.2074	0.1996	0.1666	39343	0.1255	0.0944	0.0738	0.0821	0.0630
	-	-	1100	21703	3335	31715	9	11113	33728	08305	33134	5817
Bio17	0.0558	0.3596	-	-	-	-	0.0527	-	-	-	-	-
_cor	3585	31129	0.2720	0.0855	0.2564	0.0447	03409	0.1389	0.0387	0.1696	0.0939	0.0115
	-	-	2608	76601	0822	97178	2	42306	11816	06098	51039	8434

	-				-	-	0.0046	-			-	-
Bio18	0.0388	0.1405	0.2530	0.4169	0.0678	0.3227	45919	0.2414	0.1567	0.2076	0.1727	0.0557
_cor	5356	73264	3322	46197	5215	68171	2	78377	81414	09455	21910	0703
				-		-	0.0340		-	-		
Bio19	0.2025	0.1433	0.1059	0.2417	0.0388	0.0104	88161	0.2595	0.1101	0.0586	0.3594	0.0705
_cor	7361	57654	0358	61053	8411	53029	1	88045	54487	51338	85357	6777
							-					
class	-		-	-	-	-	0.0263	-				-
_1	0.1656	0.1938	0.0418	0.1700	0.3176	0.0324	66448	0.1990	0.2104	0.0930	0.2938	0.0328
	5596	95888	7062	09196	3258	51251	5	81676	68521	48450	92220	8039
	-	-	-	-	-	-	0.2969	-	-			
class	0.0029	0.0445	0.1297	0.1261	0.1664	0.1756	20534	0.5244	0.3139	0.4449	0.2328	0.2902
_11	3596	05659	5749	50897	2856	39451	9	75321	04353	57970	73952	8556
							-					
class	-		-	-	-	-	0.0394	-	-	-	-	-
_2	0.1677	0.0172	0.2688	0.1133	0.2562	0.3907	16580	0.0958	0.1384	0.0396	0.3553	0.0498
	9451	03360	5968	41914	7421	52842	3	77287	84451	62921	43268	7883
	-	-	-	-	-	-	0.4237	-	-			-
class	0.1196	0.0856	0.0327	0.1226	0.1676	0.0687	59748	0.2588	0.3565	0.2351	0.0649	0.0652
_3	1090	78147	3354	81855	9199	90459	3	71327	78832	17591	98187	4571
							-					
class	-		-	-	-	-	0.0442	-	-	-	-	-
_4	0.1352	0.0710	0.1523	0.0199	0.3801	0.1819	79056	0.3527	0.2603	0.0168	0.2276	0.3446
	8408	70715	2208	77678	7291	87719	3	71451	84745	56436	19193	0948
	-	-	-	-	-	-	0.3439	-	-	-	-	-
class	0.0544	0.1037	0.1282	0.3655	0.0992	0.2098	77775	0.0519	0.1532	0.3362	0.2660	0.2349
_5	2880	10948	2142	89718	1421	21009	5	43833	07588	25293	21446	6228
	-	-	-	-	-	-	0.0406	-	-	-	-	-
class	0.1081	0.0232	0.1023	0.2581	0.0905	0.0308	96388	0.0017	0.5284	0.2019	0.0432	0.6873
_6	3708	25706	6026	74330	6558	28695	2	86327	45912	60422	16201	5964
	-	-	-	-	-	-	0.0729	-	-	-	-	-
class	0.0260	0.1222	0.1597	0.0976	0.2394	0.6638	53853	0.0078	0.1096	0.2980	0.0202	0.2245
_7	5500	30637	9940	59884	5720	45794	6	22050	48620	80008	17526	5803
	-	-	-	-	-	-	0.6131	-	-	-	-	-
class	0.0390	0.0814	0.0246	0.0348	0.1165	0.0032	94520	0.2695	0.4481	0.2336	0.2125	0.2750
_8	1221	94807	3236	82915	3744	31889	6	80823	19791	94815	66209	3780
							-					
class	-		-	-	-	-	0.4419	-	-	-	-	-
_9	0.0631	0.0484	0.0670	0.2371	0.3463	0.1440	26392	0.3554	0.1350	0.3950	0.3237	0.0891
	0116	68072	4228	47442	0001	84577	0	91891	99425	60779	86838	8720
	-	-	-	-	-	-	0.0793	-	-	-	-	-
elev_	0.0688	0.2980	0.3035	0.1624	0.0523	0.0851	86705	0.0835	0.0805	0.1471	0.2008	0.0860
cor	4097	63316	3800	37394	7675	38085	5	39863	53585	24683	32087	6193
Eigen	9.8576	4.0926	3.3552	1.7626	1.4830	1.2667	1.1742	1.0388	9.4033	9.0721	8.3442	7.5716
value	77e+0	10e+0	55e+0	86e+0	07e+0	73e+0	19e+0	39e+0	81e-	49e-	30e-	28e-
s	0	0	0	0	0	0	0	0	01	01	01	01
%	3.2858	1.3642	1.1184	5.8756	4.9433	4.2225	3.9140	3.4627	3.1344	3.0240	2.7814	2.5238
Varia	92e+0	03e+0	18e+0	18e+0	56e+0	77e+0	64e+0	96e+0	60e+0	50e+0	10e+0	76e+0
nance	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
%												
Cum												
ulativ	32.858	46.500	57.685	63.560	68.504	72.726	76.640	80.103	83.238	86.262	89.043	91.567
e	92	96	14	76	11	69	76	55	01	06	47	35

R. LINEATUS

Varia bles	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
Bio01	-	-	-	-	-	0.0314	-	-	-	-	-	-
_cor	0.3140	0.1293	0.0806	0.0275	3,99E	82564	0.0531	0.0278	0.0456	0.0320	0.0843	0.0289
	4923	45087	30260	5683	+03	0	41676	57159	82248	7236	74077	1584
Bio02	-	-	-	-	-	0.2191	-	-	-	-	-	-
_cor	0.0312	0.2059	0.2362	0.2049	2,16E	02976	0.2068	0.1231	0.0183	0.3122	0.0303	0.3301
	7893	93027	32202	8586	+05	2	85505	49264	61098	5035	44129	1791
Bio03	-	-	-	-	-	0.1197	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2779	0.1079	0.0072	0.1890	1,49E	74427	0.0669	0.0725	0.1084	0.0608	0.0624	0.0230
	9245	11601	99227	4941	+05	5	34569	74831	30794	2962	04912	3154
Bio04	-	-	-	-	-	0.0595	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2856	0.0797	0.0574	0.2460	2,54E	38046	0.0626	0.0901	0.1599	0.0856	0.0374	0.0272
	3449	91786	75494	9386	+04	0	65469	33724	34442	4242	34176	3750
Bio05	-	-	-	-	-	0.0592	-	-	-	-	-	-
_cor	0.1911	0.1948	0.2355	0.3099	6,67E	65148	0.0535	0.1062	0.0991	0.0519	0.0429	0.1221
	9262	29600	32854	0571	+04	8	57739	91307	53016	6223	83912	1672
Bio06	-	-	-	-	-	0.0179	-	-	-	-	-	-
_cor	0.3170	0.0910	0.0098	0.1227	5,75E	75870	0.0152	0.0596	0.0856	0.0079	0.0484	0.0244
	9728	23042	88191	4507	+03	6	60680	58191	29780	7246	07436	0341
Bio07	-	-	-	-	-	0.0088	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2682	0.0073	0.1285	0.2948	3,98E	86728	0.0091	0.1212	0.1474	0.0167	0.0340	0.0887
	4504	73253	13333	3993	+04	8	58570	45377	55226	1647	85564	1979
Bio08	-	-	-	-	-	0.1002	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2072	0.1821	0.1153	0.2272	1,32E	37442	0.1496	0.0601	0.0784	0.0160	0.1139	0.0754
	3246	97053	10228	1881	+05	6	80980	25302	76117	5861	50740	4954
Bio09	-	-	-	-	-	0.1031	-	-	-	-	-	-
_cor	0.3045	0.0992	0.0492	0.0553	8,37E	57055	0.0297	0.0229	0.0868	0.0639	0.0848	0.0369
	1210	97081	79341	1028	+04	5	58464	99030	57169	6779	24119	1891
Bio10	-	-	-	-	-	0.0108	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2165	0.2721	0.1576	0.2569	2,95E	95918	0.0313	0.0418	0.0761	0.0289	0.0794	0.0227
	5780	45832	69888	3068	+04	6	56292	22541	51726	4242	78888	6142
Bio11	-	-	-	-	-	0.0449	-	-	-	-	-	-
_cor	0.3216	0.0551	0.0232	0.0853	8,14E	57820	0.0617	0.0557	0.0967	0.0575	0.0676	0.0312
	1328	80188	76098	6946	+03	3	71453	23089	44169	2519	69180	4370
Bio12	-	-	-	-	-	0.1086	-	-	-	-	-	-
_cor	0.1925	0.1997	0.2732	0.2639	7,97E	61787	0.1144	0.0168	0.0191	0.0487	0.0229	0.0274
	7592	86683	34356	0360	+01	5	75949	46285	54087	3319	71076	6731
Bio13	-	-	-	-	-	0.0199	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2069	0.3037	0.0918	0.2426	1,02E	48542	0.0819	0.0328	0.0105	0.0656	0.0182	0.0779
	5226	92632	25063	6014	+05	9	55803	47553	06145	9645	25907	7974
Bio14	-	-	-	-	-	0.2374	-	-	-	-	-	-
_cor	0.0590	0.2171	0.4144	0.1394	6,38E	70315	0.0716	0.0245	0.1065	0.0975	0.1148	0.0625
	8346	42594	01442	8239	+04	4	43690	72607	25327	8657	49020	6409
Bio15	-	-	-	-	-	0.1184	-	-	-	-	-	-
_cor	0.1653	0.2983	0.2833	0.0113	8,50E	79069	0.0046	0.0509	0.0060	0.0228	0.0626	0.0781
	2105	82345	32491	3083	+04	5	23165	69562	59164	5417	00774	6881
Bio16	-	-	-	-	-	0.0103	-	-	-	-	-	-
_cor	0.2168	0.2847	0.1176	0.2399	7,84E	-	0.0833	0.0117	0.0252	0.0595	0.0290	0.0728
	0595	67365	89851	8687	+04	0.0103	94286	12920	14560	8656	10083	3329

						92903							
						1							
						-							
						-	0.2481	-	-			-	-
Bio17	0.0430	0.2087	0.4216	0.1514	9,83E	60431	0.0902	0.0042	0.0968	0.0692	0.0853	0.0371	
_cor	5074	75516	63758	5130	+04	7	89112	18572	95374	4801	00078	6872	
						-							
						-	0.0409	-	-			-	-
Bio18	0.0118	0.2890	0.1837	0.3154	2,95E	10561	0.0332	0.1432	0.0988	0.0122	0.2204	0.0717	
_cor	0595	68976	20903	9662	+05	9	46927	35048	14362	3618	32332	3699	
						-							
						-	0.0902	-	-			-	-
Bio19	0.1611	0.2031	0.1810	0.0925	2,49E	32925	0.1546	0.1633	0.0958	0.0481	0.2765	0.2211	
_cor	8031	64877	68026	6941	+05	8	24075	07547	29491	9230	40605	5626	
						-							
						-	0.0523	-	-			-	-
class	0.0628	0.0499	0.1185	0.2959	3,93E	66167	0.0303	0.2358	0.0832	0.0131	0.1635	0.3151	
_1	9523	91349	70294	2658	+05	5	78059	09050	26591	5866	25904	3415	
						-							
						-	0.3854	-	-			-	-
class	0.0445	0.0758	0.0559	0.1137	8,79E	24444	0.2559	0.0825	0.4798	0.1385	0.5527	0.3900	
_11	5640	02362	51645	6798	+04	6	56795	61712	44416	3040	82410	7374	
						-							
						-	0.3124	-	-			-	-
class	0.1244	0.1463	0.2819	0.0152	2,34E	04818	0.2505	0.0982	0.3415	0.0488	0.1724	0.2101	
_2	9769	57873	07671	3841	+05	3	49085	78728	06846	7177	25338	2173	
						-							
						-	0.2920	-	-			-	-
class	0.0860	0.0126	0.0446	0.0110	2,76E	37667	0.1213	0.1754	0.4818	0.3019	0.5227	0.1956	
_3	3628	19550	69577	0015	+05	8	31314	83421	99500	7183	04540	3507	
						-							
						-	0.0459	-	-			-	-
class	0.0870	0.0502	0.1900	0.1471	3,41E	94702	0.0998	0.3092	0.2804	0.2535	0.0223	0.3134	
_4	9385	24325	14214	6466	+05	5	29338	11320	85039	9351	53530	8034	
						-							
						-	0.0970	-	-			-	-
class	0.1119	0.0926	0.0380	0.1590	2,38E	97453	0.1156	0.3795	0.0399	0.5554	0.1175	0.1544	
_5	2445	04279	26705	4020	+05	3	67164	02027	27081	9988	18686	4640	
						-							
						-	0.5439	-	-			-	-
class	0.0452	0.0376	0.1510	0.0399	1,14E	07533	0.0595	0.0336	0.0821	0.3126	0.2593	0.4455	
_6	0331	62021	39033	2538	+05	0	11892	88800	49327	8668	78719	3679	
						-							
						-	0.1203	-	-			-	-
class	0.0381	0.0390	0.2467	0.0846	1,01E	37384	0.7060	0.0474	0.0653	0.1406	0.1799	0.1184	
_7	8282	41781	24836	9936	+05	9	03892	49433	60794	1193	63041	2053	
						-							
						-	0.0002	-	-			-	-
class	0.0155	0.1184	0.0439	0.0248	9,49E	19493	0.3006	0.6266	0.0228	0.4971	0.0982	0.0258	
_8	2631	91352	44185	1758	+04	4	62972	34352	02420	7282	61523	1815	
						-							
						-	0.2064	-	-			-	-
class	0.0664	0.0854	0.0679	0.0673	4,45E	76916	0.2987	0.3719	0.4016	0.0193	0.2004	0.3253	
_9	8989	66250	34854	1428	+05	6	54884	30701	35906	4962	13788	5595	
						-							
						-	0.2314	-	-			-	-
elev_	0.0602	0.4162	0.0373	0.1908	1,27E	23896	0.0261	0.0575	0.1117	0.0203	0.0053	0.0657	
cor	4865	31337	55049	0269	+05	8	37832	15395	53057	2655	95189	0967	
Eigen	9.0174	3.8332	3.4091	2.5839	1.4990	1.3043	1.1994	1.1261	9.5166	9.0356	8.4961	7.8704	
value	85e+0	29e+0	64e+0	96e+0	37e+0	19e+0	58e+0	21e+0	74e-	66e-	42e-	00e-	
s	0	0	0	0	0	0	0	0	01	01	01	01	
%	3.0058	1.2777	1.1363	8.6133	4.9967	4.3477	3.9981	3.7537	3.1722	3.0118	2.8320	2.6234	
Varia	28e+0	43e+0	88e+0	20e+0	88e+0	31e+0	95e+0	35e+0	25e+0	89e+0	47e+0	67e+0	
nance	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
%													
Cum													
ulativ	30.058	42.835	54.199	62.812	67.809	72.157	76.155	79.909	83.081	86.093	88.925	91.548	
e	28	71	59	91	70	43	63	36	59	48	52	99	