

FUNDAÇÃO UNIVERSIDADE FEDERAL DO ABC

Impactos das mudanças climáticas: *Mismatches* e alterações na distribuição de plantas e morcegos polinizadores

Aluno Guilherme de Carvalho Chicarolli¹
Orientadora Simone Rodrigues de Freitas¹
Coorientador Guillermo Florez-Montero¹

30 de Setembro de 2021

¹ Fundação Universidade Federal do ABC, UFABC

Resumo

A modificação na distribuição geográfica das espécies é um dos inúmeros impactos que as alterações no clima podem causar nas comunidades, comprometendo o funcionamento de ecossistemas e interações ecológicas entre indivíduos. Como resposta às mudanças climáticas, as espécies que se adaptarem sua distribuição a lugares mais adequados serão selecionadas evolutivamente, caso contrário serão extintas. Se a adequação não for acompanhada também pela adaptação das outras espécies com os quais há relações ecológicas importantes, pode ocorrer o chamado *mismatch* espacial entre elas, que é dada pela não sobreposição geográfica das espécies. O presente projeto tem como objetivo avaliar os impactos das mudanças climáticas na distribuição geográfica da espécie de bromélia *Encholirium subsecundum* (Baker) Mez e seu único polinizador conhecido, o quiróptero *Lonchophylla bokermanni* Sazima *et al.*, 1978, compreendendo também a possível ocorrência do *mismatch* espacial entre ambas. Utilizando-se do algoritmo de modelagem Maxent foram criados modelos de distribuição potencial das espécies em dois cenários climáticos projetados para 2050, de RCP 4.5 e 8.5.

Palavras chave: Mudanças climáticas, modelagem, distribuição e sobreposição de espécies.

Área do conhecimento: Ecologia.

Conteúdo

Resumo	1
1. Introdução	3
2. Fundamentação teórica	5
2.1 Mudanças climáticas, alteração na distribuição de espécies e <i>mismatch</i> espacial	5
2.2 Modelos de Distribuição de Espécies (MDEs)	7
3. Materiais e métodos	9
3.1 Espécies	9
3.2 Ocorrências	10
3.3 Dados ambientais	11
3.4 Modelo de Distribuição Potencial	13
3.5 Estimativa da sobreposição e <i>mismatch</i> espacial	14
3.6 Etapas do projeto	15
3.7 Repositório dos códigos e dados	15
4. Resultados	16
5. Discussão	17
Apêndice	21
Tabelas	21
Figuras	30
Código em R	42
Referências	54

1. Introdução

As mudanças climáticas, especialmente o aumento das temperaturas, que ocorrem ao longo de décadas (IPCC, 2013) têm produzido alterações na distribuição geográfica de espécies (PARMESAN, 2006; PARMESAN e YOHE, 2003) e seus comportamentos (PECL e colab., 2017), impactando a maior parte da biodiversidade do planeta. Estudos indicam a tendência de que a redistribuição de espécies esteja acontecendo de maneira acelerada (PECL e colab., 2017), comprometendo o funcionamento dos ecossistemas e as interações ecológicas entre os indivíduos, os quais são expostos a condições ambientais incomuns que testam a sensibilidade da comunidade (WILLIAMS e colab., 2009).

Diante dessas condições, a migração para nichos climáticos adequados (PARMESAN, 2006) surge como possível resposta de algumas espécies ao cenário climático, o que não ocorre ao mesmo passo nos diferentes grupos de seres vivos, dados diferentes traços funcionais e características ambientais (DOAK e MORRIS, 2010). Caso a adaptação geográfica das espécies não seja acompanhada também pela adaptação dos outros indivíduos com os quais existem relações ecológicas, ocorre o chamado *mismatch* espacial (HEGLAND e colab., 2008; SCHWEIGER e colab., 2008), que se caracteriza pela diminuição ou ruptura total das interações ecológicas entre as espécies devido à incompatibilidade geográfica das mesmas.

A fim de investigar como determinadas espécies podem se comportar em cenários climáticos futuros, os Modelos de Distribuição de Espécies (MDEs) são as ferramentas comumente utilizadas para prever as distribuições potenciais de organismos (ELITH e LEATHWICK, 2009). Os MDEs são construídos a partir de combinações entre as ocorrências observadas (ou também ausentes) das espécies e as variáveis ambientais preditoras, juntamente com algoritmos de modelagem e métodos matemáticos (ANDERSON, 2013; FRANKLIN e MILLER, 2010). A partir dos dados reunidos e das variáveis ambientais estabelecidas, os algoritmos geram os modelos de distribuição das espécies. Esse modelo é então extrapolado para diferentes tempos e áreas geográficas de estudo, visando fazer previsões ou descrever padrões (ELITH e LEATHWICK, 2009).

No presente trabalho, utilizamos da Modelagem de Distribuição para projetar a distribuição potencial futura da espécie de vegetal *Encholirium subsecundum* (Baker) Mez e de seu único polinizador conhecido (DIAS e colab., 2013), o quiróptero *Lonchophylla bokermanni* Sazima *et al.*, 1978, projetando dois cenários de mudanças climáticas para 2050, de RCP 4.5 e 8.5 (FICK e HIJMAN, 2017). Os objetivos se dão em compreender qual a magnitude com que as mudanças climáticas podem alterar as distribuições potenciais das duas espécies e causar o *mismatch* espacial entre ambas. Foram propostas 3 hipóteses iniciais: 1. A incompatibilidade espacial entre ambas as espécies aumenta nos cenários futuros;

2. A incompatibilidade espacial aumenta apenas com relação à distribuição da planta (a distribuição do morcego não sofre *mismatch*); e 3. A incompatibilidade espacial aumenta apenas com relação à distribuição do morcego (a distribuição da planta não sofre *mismatch*).

O algoritmo utilizado para a modelagem foi o Maxent (PHILLIPS e colab., 2006), por apresentar ótima performance ao se utilizar poucos dados de ocorrências (HERNANDEZ e colab., 2006; WISZ e colab., 2008). A partir dos modelos gerados, foram criados mapas de distribuição para as espécies, os quais foram analisados e então sobrepostos a fim de verificar o *mismatch* espacial. O projeto obteve sucesso em sua realização e atingiu as metas propostas inicialmente de elaboração e análise da Modelagem de Distribuição das duas espécies, desenvolvida integralmente no ambiente da linguagem de programação R (R CORE TEAM, 2021).

2. Fundamentação teórica

2.1 Mudanças climáticas, alteração na distribuição de espécies e *mismatch* espacial

A distribuição de uma espécie se caracteriza pela área geográfica a qual ela pode ser encontrada (VAN DER PUTTEN, 2012), o que é estabelecido por uma série de fatores determinados pelo nicho ecológico da espécie (BEGON e colab., 2007). Ao serem afetadas por transformações do clima, a população de uma espécie pode ter três desfechos possíveis: adaptação às novas condições, extinção local ou migração para novos ambientes adequados à sobrevivência da espécie (GOROSTIAGUE e colab., 2018; PARMESAN, 2006).

Diversas observações de alterações na distribuição de espécies em paralelo às mudanças climáticas (compreendido aqui principalmente como o aquecimento do clima global) já foram documentadas ao redor do globo (PARMESAN e YOHE, 2003; WALTHER e colab., 2002). Essas alterações podem ter escalas muito distintas entre as espécies, algumas podem ter repostas evolutivas adequadas quanto às mudanças na distribuição devido ao aquecimento do clima (CHEN e colab., 2011), enquanto que outras tendem a não responder de maneira adequada e acabarem extintas localmente (PARMESAN, 2006).

Embora as respostas evolucionárias de alteração na distribuição tenham proporções distintas, observa-se uma tendência de muitas espécies a mudarem suas distribuições em direção altitudes maiores e latitudes polares PARMESAN e YOHE (2003). Nas regiões tropicais, espécies seguem a mesma tendência ao movimento para áreas mais temperadas (PARMESAN, 2006).

Além do mais, tem sido indicado que as mudanças climáticas podem perturbar interações ecológicas entre espécies, podendo levar ao chamado *mismatch* espacial (ruptura ou diminuição das interações ecológicas em razão do desencontro geográfico das espécies) (HEGLAND e colab., 2008; SCHWEIGER e colab., 2008). Pelas respostas evolutivas às mudanças climáticas não acontecerem de formas iguais é que ocorrem os *mismatches*. GOROSTIAGUE e colab. (2018) apontou que as chances que a população de uma espécie tem de colonizar novos habitats depende da possibilidade de que as espécies das quais ela dependa também expandam sua distribuição (*match* espacial com seus parceiros mutualistas), caso o contrário ocorrerá o *mismatch* espacial.

No caso de sistemas ecológicos planta-polinizador, há uma grande preocupação em compreender como as mudanças climáticas podem afetar as distribuições de plantas e seus polinizadores e também os impactos dos *mismatches* sobre os mesmos, tendo em vista a contribuição ambiental desses sistemas e o papel ecológico nos ecossistemas (BEGON e colab.,

2007; KEARNS e colab., 1998).

Para as plantas, o *mismatch* com polinizadores efetivos poderia causar a redução da deposição do pólen, aumentando a restrição deste, segundo HEGLAND e colab. (2008). É comum em diversas espécies de plantas a limitação da reprodução devido a polinização insuficiente, conhecido como *Efeito Allee*. Quanto aos polinizadores, pode-se esperar que o desencontro com plantas importantes à alimentação leve a uma redução na quantidade e acesso a alimentos, afetando diretamente sua sobrevivência. HEGLAND e colab. (2008) também discute que os efeitos dos *mismatches* podem ser mais rigoroso aos polinizadores, pois a dependência dos polinizadores na nutrição é maior do que a dependência das plantas que florescem na polinização. Contudo, a força com que espécies de polinizadores são afetados pelos *mismatches* pode depender dos traços funcionais (características fisiológicas, fenológicas e morfológicas) das espécies, como no caso de morcegos polinizadores (ZAMORA-GUTIERREZ e colab., 2021).

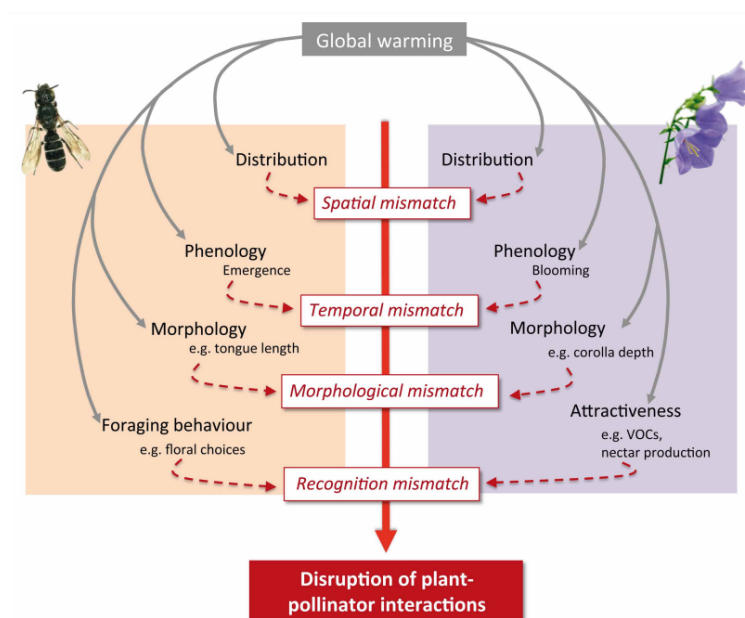


Figura 1: Possíveis impactos dos *mismatches* (espacial, temporal, morfológico e de reconhecimento) nas interações entre plantas e polinizadores. Imagem retirada da fonte: GÉRARD e colab. (2020)

Apesar dos possíveis efeitos negativos causados pelos *mismatches*, algumas características de muitos sistemas planta-polinizador podem agir para minimizar os impactos, como a estrutura aninhada de redes de polinização, na qual um núcleo de espécies generalistas interagem entre si e as espécies especialistas dessa rede interagem apenas com as generalistas (BASCOMPTE e colab., 2003; HEGLAND e colab., 2008). Ademais, há mais espécies generalistas nessas redes do que especialistas (WASER e colab., 1996), sendo que relações

de um único polinizador para uma planta são incomuns, o que pode contribuir para que muitas espécies não sejam afetadas gravemente pelos *mismatches*. Por fim, a maioria das interações de polinização são assimétricas, isto é, caso uma planta seja importante para um polinizador, então a importância desse polinizador para a planta é baixa (HEGLAND e colab., 2008; ZAMORA-GUTIERREZ e colab., 2021).

Por mais que essas propriedades das redes de polinização possam atuar como estabilizadores diante de distúrbios, as redes de polinização ainda podem ser enfraquecidas pelos impactos negativos dos *mismatches*. Tem sido proposto que em sistemas nos quais interações são formadas por generalistas, os polinizadores mostrem maior plasticidade para se adequar às mudanças, enquanto que em sistemas com espécies especialistas exista menor flexibilidade nas respostas, estando portanto mais vulneráveis (MEMMOTT e colab., 2007; RAFFERTY e colab., 2014). Espécies com distribuição restrita também podem ser mais frágeis, ao passo que são mais propícias a perderem habitat e serem extintas do que espécies com distribuições maiores (STAUDE e colab., 2020).

2.2 Modelos de Distribuição de Espécies (MDEs)

Os MDEs são ferramentas criadas para a predição da distribuição de espécies ao longo de áreas não amostradas a partir de algoritmos de computação que usam dados de ocorrências (ou ausência) de espécies e dados ambientais. Existem dois tipos principais de Modelos de Distribuição, correlativos e mecanísticos. Enquanto que estes incorporam características fisiológicas das espécies nos modelos, aqueles exploram a associação espacial entre os dados ambientais e de ocorrência da espécie (KEARNEY e colab., 2010).

Diversos algoritmos de modelagem correlativa podem ser encontrados, os quais possuem diferentes tratamentos matemáticos e computacionais para os dados recebidos, mas de maneira simplificada, os algoritmos dos MDEs recebem como *input* do usuário os registros de localidades de uma dada espécie (a distribuição observada) e as camadas ambientais (mais comumente dados climáticos de temperatura e precipitação) preditoras da distribuição da espécie. Assim, o algoritmo utiliza a distribuição observada como uma função de condições ambientais para criar um modelo de distribuição da espécie que avalia quais características de habitat são importantes à espécie, diante dos dados de treino (ELITH e LEATHWICK, 2009). O modelo pode ser então aplicado para tempos climáticos do presente ou outros, gerando como *output* os mapas com as predições da distribuição potencial para a espécie (ELITH e LEATHWICK, 2009; MILLER, 2010).

Os MDEs desempenham papel importante para a identificação de áreas potenciais à conservação, com risco de propagação de vetores de doenças, potenciais espécies invasoras

etc (LÓPEZ-ARÉVALO e colab., 2011; MILLER, 2010). Porém com a crescente preocupação com o impacto das mudanças climáticas, os MDEs tornaram-se essenciais para compreender a resposta de espécie e comunidades às alterações futuras no clima global.

Quanto ao *mismatch* espacial e sobreposição da distribuição de espécies, MDEs são instrumentos que podem prover estimativas confiáveis da distribuição futura de espécies que possuem interações ecológicas, auxiliando a avaliar o potencial de *mismatch* espacial. (GOROS-TIAGUE e colab., 2018) buscou compreender os possíveis impactos das mudanças climáticas em 11 espécies de cacto dos Andes e a sobreposição espacial com seus respectivos polinizadores através de modelos correlativos de distribuição, estimando contração na distribuição das espécies no futuro, porém diminuição no *mismatch* espacial entre elas. (GÓMEZ-RUIZ e LACHER JR., 2019) também utilizou a modelagem de distribuição para avaliar a sobreposição potencial de espécies de *Agave* e seus morcegos polinizadores no presente e em projeções futuras, encontrando uma diminuição da sobreposição entre as espécies.

3. Materiais e métodos

3.1 Espécies

Modelamos a distribuição de 2 espécies: a de quiróptero *Lonchophylla bokermanni* Sazima *et al.*, 1978, e de bromélia *Encholirium subsecundum* (Baker) Mez.

L. bokermanni Sazima *et al.*, 1978 (DIAS e colab., 2013; SAZIMA e colab., 1978) é uma espécie de morcego de porte médio endêmica do Brasil, fazendo parte do gênero *Lonchophylla* (família Phyllostomidae), que abrange espécies nectarívoras, com focinho alongado e língua comprida (FLEMING e colab., 2009). Com poucas ocorrências no bioma do Cerrado e da Caatinga, em Minas Gerais e Bahia (tabela 2), o quiróptero possui uma distribuição restrita (CLÁUDIO e colab., 2018). Ainda pouco se conhece sobre a biologia da espécie, porém sabe-se que alimenta-se de pólen, néctar e insetos (DIAS e colab., 2013; MORATELLI, 2013).

Em razão da degradação de seus habitats, a classificação de *L. bokermanni* quanto ao seu grau de ameaça está como “Em perigo” de acordo com a Listade Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) (CLÁUDIO e colab., 2018) e como “Quase ameaçada” pelo Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) (Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção, 2018).



Figura 2: *Lonchophylla bokermanni* Sazima *et al.*, 1978. Imagem retirada da fonte: CLÁUDIO e colab. (2018)

Encholirium subsecundum (Baker) Mez é uma espécie de bromélia do gênero *Encholirium* (família Bromeliaceae) que ocorre em formações rochosas, podendo atingir até 2 metros de altura e com um padrão floral quiropterófilo (CAVALLARI, 2004; DIAS e colab., 2013). A espécie é endêmica do Brasil, com ocorrências nos biomas da Caatinga, Mata Atlântica e,

principalmente, no Cerrado (CAVALLARI, 2004; FORZZA, 2005; SAZIMA e colab., 1989), nos estados de Minas Gerais e Bahia (tabela 1). Embora existam outras espécies de morcegos nectarívoros na área de ocorrência de *E. subsecundum*, *L. bokermanni* é o único polinizador conhecido da bromélia (SAZIMA e colab., 1989). *E. subsecundum* não se encontra no Livro Vermelho da Flora do Brasil (MARTINELLI e MORAES, 2013) ou na Lista Vermelha da IUCN (“The IUCN Red List of Threatened Species”, 2021).



Figura 3: *Encholirium subsecundum* (Baker) Mez. Imagem de: N. Taylor & D. Zappi

3.2 Ocorrências

Para o processo de Modelagem de Distribuição são necessários registros georreferenciados das espécies. Assim, foram coletados os registros de ocorrências de *Encholirium subsecundum* e *Lonchophylla bokermanni* em 3 bancos de registros online: Specielink, GBIF e SiBBR, que reúnem registros de coleções de espécies. Também foram utilizados registros de artigos que fizeram coletas de espécies.

Foram reunidos 24 registros ao todo da espécie *L. bokermanni*, com o único parâmetro prévio de possuírem coordenadas georreferenciadas. Em seguida, os registros com coordenadas geográficas duplicadas foram retirados da base de dados, sobrando apenas uma ocorrência entre as duplicadas. Então, um *buffer* com raio de 5 km foi criado ao redor de cada registro e foram selecionados apenas uma ocorrência dentro de cada *buffer*, a fim de

diminuir o viés amostral na seleção de ocorrências pelo modelo (HIJMANS e SPOONER, 2001). Por fim, sobraram 8 registros, os quais foram utilizados para as modelagens (tabela 2).

O mesmo método de limpeza e tratamento dos registros de ocorrência foram utilizados com os dados da *E. subsecundum*, inicialmente com 82 registros e após a retirada de registros duplicados e seleção de um registro por *buffer*, restaram 37 ocorrências de localidade da espécie (tabela 1) que foram utilizados nas modelagens.

Todos as ocorrências restantes tiveram a descrição de município e localidades dos registros confrontados com os pontos de georreferenciamento (latitude e longitude), com o objetivo de verificar se estavam de acordo. Nenhum registro restante possuía descrição de localidade que não estivesse de acordo com a posição geográfica descrita.

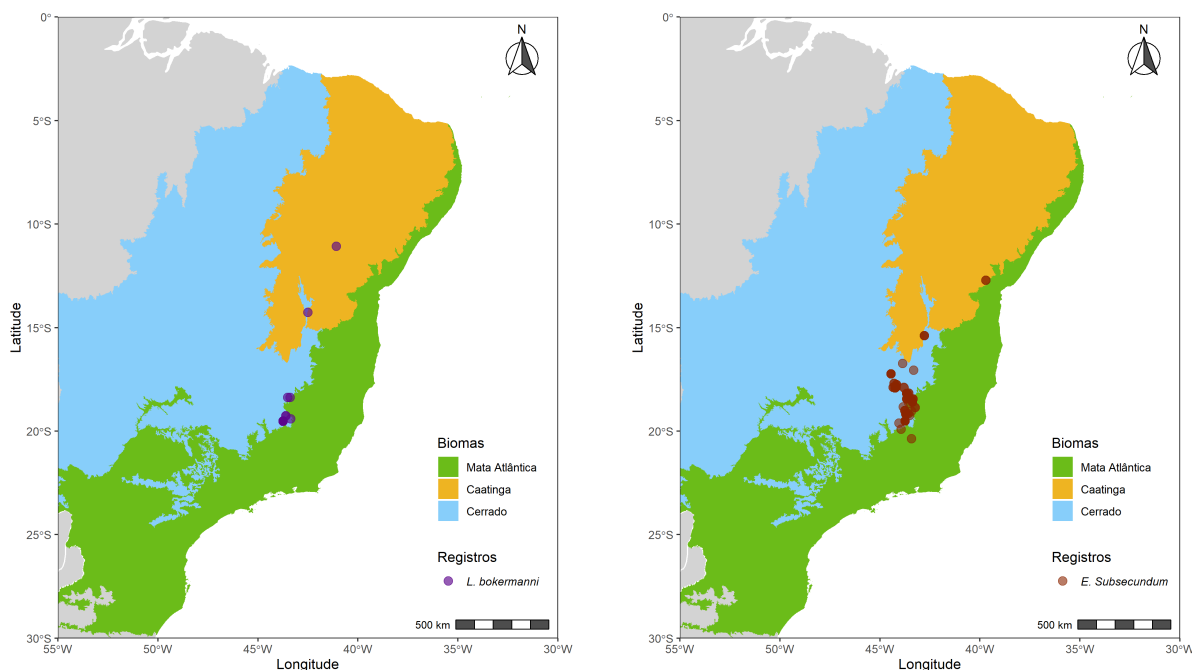


Figura 4: Gráfico das localidades de *L. bokermanni* (à esquerda) e *E. subsecundum* (à direita).

3.3 Dados ambientais

Para produzir os modelos de distribuição potencial das espécies utilizamos camadas ambientais obtidas do projeto WorldClim (FICK e HIJMANS, 2017), com resolução espacial de 2.5 arc-minutos (aproximadamente 4.5 km no equador) e representando o clima atual, correspondendo à média das observações de 1970 a 2000. As 19 variáveis bioclimáticas

(tabela 3) derivam de dados de temperatura e precipitação, representando tendências anuais, condições extremas e sazonalidade (FICK e HIJMANS, 2017; IPCC, 2013).

Para as predições de distribuições futuras, utilizamos camadas projetadas do clima global para o ano de 2050 (média de 2041 a 2060) de acordo com o Quinto Relatório de Avaliação do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (AR5) do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC, 2013), obtidas também através do projeto WorldClim (FICK e HIJMANS, 2017). São camadas de 19 biovariáveis (tabela 3) projetadas para o futuro, com resolução de 2.5 arc-minutos e usando o modelo de circulação CNRM-CM5, do laboratório francês *Centre National de Recherches Meteorologiques*, representando dois cenários distintos de emissão de gases do efeito estufa conforme o *Representative Concentration Pathways* (RCPs), o de RCP 45 (cenário no qual as emissões de CO_2 começam a diminuir a partir de 2045) e de RCP 85 (as emissões de gases continuam a crescer ao longo do século 21) (VUUREN e colab., 2011).

Diversos autores apontaram problemas de multicolinearidade de variáveis climáticas em modelagens de distribuição (BRAUNISCH e colab., 2013; CRUZ-CÁRDENAS e colab., 2014), afetando diretamente os resultados e performance dos modelos. A fim de avaliar a gravidade da colinearidade entre os pontos de ocorrências das duas espécies e o conjunto de biovariáveis do clima atual, medimos o Fator de Inflação da Variância (VIF) das camadas ambientais. Para os dados de ocorrência da planta *E. subsecundum*, o teste resultou em 12 (de 19) variáveis bioclimáticas com problemas de colinearidade (tabela 4). Enquanto que para o morcego *L. bokermanni*, 17 variáveis apresentaram alto grau de colinearidade (tabela 5). Valores de VIF maiores que o limiar 10 já indicam problema de colinearidade.

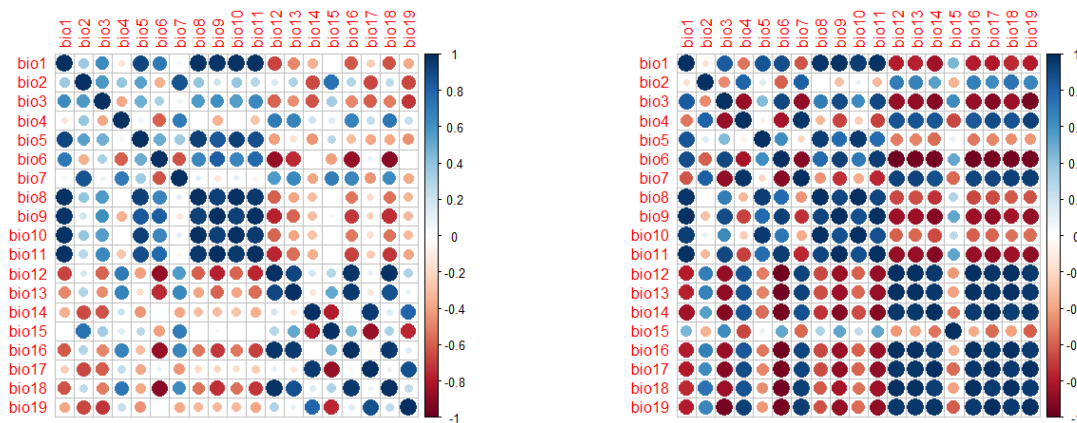


Figura 5: Matriz de correlação entre as variáveis bioclimáticas para a espécie *E. subsecundum* (à esquerda) e *L. bokermanni* (à direita)

3.4 Modelo de Distribuição Potencial

Para o processo de modelagem foi utilizado o pacote SDM (*Species Distribution Modelling*) (NAIMI e ARAÚJO, 2016), (versão 1.0-89), da linguagem de programação R (R CORE TEAM, 2021), versão 4.1.1, por apresentar uma série de funções importantes que automatizam o processo de modelagem, além de conter diversos algoritmos de modelagem.

Nós usamos o algoritmo correlativo de modelagem de distribuição Maxent (*Maximum Entropy*) (PHILLIPS e colab., 2006), versão 3.4.4, disponível no pacote SDM. Maxent é um *software*, de uso livre, para a modelagem da distribuição potencial de espécies a partir da técnica de *machine learning* conhecida como *maximum entropy modeling*.

Maxent recebe como *input* as ocorrências georreferenciadas da espécie e o conjunto de dados camadas ambientais (variáveis preditoras) determinados pelo usuário e dividido em *grid cells* ao longo de uma região escolhida (MEROW e colab., 2013). Diante disso, o algoritmo amostra uma quantidade de localizações de *background* das camadas ambientais, que são confrontadas com as localizações geográficas da espécie, gerando como *output* um modelo que traduz a probabilidade de distribuição da espécie para cada *grid cell*, dada a aptidão às condições ambientais preditas para a espécie. Maxent procura, assim, a distribuição mais espalhada (de entropia máxima) para a espécie na região de estudo.

O algoritmo foi escolhido devido a sua performance superior a outros quando utilizado quantidades pequenas de dados de ocorrência das espécies (HERNANDEZ e colab., 2006; WISZ e colab., 2008), crucial para nós devido a quantidade pequena de dados para a espécie de morcego *L. bokermanni*. Além disso, Maxent requer apenas ocorrências de presença das espécies, excluindo a necessidade de registros de ausência e facilitando o trabalho com espécies que possuem baixa quantidade de registros ou não possuam registros de ausência.

Como parâmetros de modelagem para o Maxent, utilizamos regularização igual a 1 e prevalência de 50%, ambos valores padrão. O parâmetro de extrapolação e *clamping* foram permitidos para gerar predições além da distribuição presente das espécies. Para cada espécie foram geradas 50 replicações, metade usando o método de validação por *bootstrap* e a outra metade por subamostragem. 70% dos registros de ocorrência foram separados e utilizados para treino e 30% para o teste dos modelos. 10 mil pontos de *background* foram gerados aleatoriamente ao longo de cada camada ambiental, os quais foram usados para a modelagem como amostras das variáveis ambientais. Foram utilizados parâmetros padrão para a modelagem devido à falta de informação sobre o habitat e capacidade de dispersão das espécies modeladas. Para gerar um modelo consenso dentre as 50 replicações, usamos a média ponderada das área de distribuição das replicações.

Fizemos uma modelagem prévia para cada espécie com os parâmetros mencionados e

todas as variáveis ambientais. A partir de então, as quatro camadas ambientais com maior importância para os modelos (gráficos 6 e 7), de acordo com o AUC, foram selecionadas e separadas. A variável com maior valor VIF e menor importância dentre as quatro selecionadas foi retirada e as três camadas restantes foram utilizadas em uma nova modelagem final, com os parâmetros apresentados no parágrafo anterior, que gerou as projeções dos modelos.

A fim de avaliar a performance dos modelos criados pelo Maxent, foi empregado o AUC (*Area Under the Curve*) parcial da curva ROC (*Receiver Operating Characteristic Curve*) (PHILLIPS e colab., 2006), obtido ao plotar valores de sensibilidade no eixo y e 1-especificidade no eixo x e com valores variando de 0 (modelo com 100% de taxa de erro) a 1 (modelo totalmente em acordo com a distribuição observada). O AUC é uma medida estatística independente da escolha do limiar (*threshold*) e tornou-se muito popular para esimar a performance de modelos de distribuição. O valor de limiar para os modelos de cada espécie foi obtido a partir da maximização da especificidade mais a sensibilidade (LIU e colab., 2013), o qual é independente da quantidade de pseudo-ausências, o que pode ser vantajoso ao se utilizar pequenas quantidade de dados. Com o limiar é possível converter os mapas de adequabilidade das espécies para mapas binários (presença-ausência).

O modelo de cada espécie foi então projetado para os cenários futuros, de RCP 4.5 e 8.5, e para o presente gerando como saída 6 mapas de distribuição potencial, 3 da planta e 3 do morcego. Foram então elaborados 5 mapas finais para cada espécie: 3 que mostram as distribuições nos cenários e 2 com as alterações nas distribuições com respeito ao presente. Criamos também 3 mapas com as sobreposições entre as distribuições das espécies nos três cenários distintos.

3.5 Estimativa da sobreposição e *mismatch* espacial

Seguindo o método apresentado por GOROSTIAGUE e colab. (2018), para o cálculo dos potenciais impactos das mudanças climáticas na distribuição espacial das espécies utilizamos uma variável da alteração na distribuição nos cenários futuros em relação à distribuição potencial no presente. Também estimamos a distribuição compartilhada (sobreposta) entre a planta e o morcego e então calculamos a diferença entre essa área nos cenários futuros com respeito ao presente. A distribuição compartilhada representa a área de encontro entre o morcego polinizador e a planta (*spatially matched range*), assumindo que o morcego é efetivo e sua presença já garante a polinização da planta.

A taxa de correspondência espacial (*spatial match*) foi calculada como a diferença entre a distribuição potencial de cada espécie e a distribuição não compartilhada. A índice de

mismatch é a taxa de correspondência espacial subtraída de 100. Valores de *mismatch* abaixo de 20% foram considerados baixos, isto é, menos de 20% da distribuição de uma espécie não está sobreposta com a distribuição da outra (GOROSTIAGUE e colab., 2018).

3.6 Etapas do projeto

O projeto segue as etapas para Modelagem de Distribuição de Espécie propostas por PINAYA (2013), organizada em 5 etapas: 1. Construção da hipótese científica; 2. Pré-análise dos dados; 3. Modelagem; 4. Predição e 5. Validação da hipótese científica.

1. Construção da hipótese científica: foi definida a proposta do projeto, assim como os objetivos e hipóteses científicas a serem testadas.
2. Pré-análise dos dados: foram coletados os dados de ocorrência das espécies (descrito na seção 2.2) de banco de registros online e artigos (tabela 1 e 2), os registros foram então tratados. Nesta etapa, também foram obtidos as variáveis ambientais bioclimáticas para o uso na modelagem (descrito na seção 2.3). Os dados obtidos foram analisados a fim de verificar a viabilidade de utilizá-los.
3. Modelagem: diante dos dados obtidos, foi escolhido o algoritmo mais adequado para a modelagem de distribuição potencial (seção 2.4). As variáveis ambientais preditoras foram então selecionadas por meio de uma modelagem prévia para cada espécie, utilizando o algoritmo Maxent. Após selecionar as três camadas preditoras foi obtido um modelo final para cada espécie, o qual teve sua performance avaliada.
4. Predição: o modelo criado na etapa anterior foi utilizado para projetar a distribuição das espécies para o cenário climático presente e os do futuro, de RCP 4.5 e 8.5.
5. Validação da hipótese científica: foram analisados os conjuntos de dados gerados pelos modelos de distribuição (ver resultados), gerando os mapas de predição. A partir de então foi possível confrontá-los com as hipóteses propostas inicialmente.

3.7 Repositório dos códigos e dados

Todos os dados e códigos utilizados no projeto, desde a obtenção e limpeza dos dados de ocorrência à elaboração dos mapas, estão disponíveis na plataforma online de hospedagem de códigos GitHub em <https://github.com/guilhermechicarolli/PDPD>, podendo ser baixados e reproduzidos.

4. Resultados

O algoritmo Maxent demonstrou boa performance preditiva, obtendo altos valores médios de AUC (gráficos 8 e 9). A proporção de área potencial ganha e perdida sob os diferentes cenários climáticos com relação ao presente variou entre ambas as espécies (tabela 6), todas apresentaram contração na área ambiental adequada nos cenários futuros de mudanças climáticas.

Os modelos previram redução de 36.98% de áreas adequadas (com respeito à área presente) para *Lonchophylla bokermanni* no cenário de RCP 4.5 para o ano de 2050 e diminuição de 58.06% de área para o panorama de RCP 8.5, para 2050 (tabela 7). A mesma tendência foi observada para *Encholirium subsecundum*, a qual previmos encolhimento de 72.70% de área apropriada (relativa à área do presente) para o futuro de RCP 4.5 (2050), enquanto que no cenário de RCP 8.5 a redução na área é de 81.11% (com respeito ao presente).

Previmos uma diminuição na área de sobreposição potencial entre a distribuição de ambas as espécies (planta+morcego), a qual diminui 67.76% no cenário de RCP 4.5 e 79.86% no RCP 8.5, em relação à sobreposição no presente (tabela 8). A taxa de *mismatch* espacial (desencontro geográfico) entre a planta e o morcego aumentou com relação à distribuição de *Lonchophylla bokermanni*, que apresentou 26.07% de sua distribuição potencial presente sem sobreposição com a da planta, no cenário de RCP 4.5, 61.56% da área do morcego não apresentou sobreposição e no RCP 8.5, 63.07% de sua área. Em contrapartida, observamos diminuição na taxa de *mismatch* para a planta, previmos 28.06% de sua área presente não tenha sobreposição com a distribuição do morcego, 15.07% da área no futuro RCP 4.5 sem sobreposição e 23.30% da área no RCP 8.5 (tabela 9).

5. Discussão

Nós desenvolvemos modelos correlativos com base unicamente em variáveis bioclimáticas, afim de uma primeira tentativa de acesso aproximado aos impactos potenciais das mudanças climáticas na distribuição da espécie de quiróptero *Lonchophylla bokermanni* Sazima *et al.*, 1978, e seu parceiro mutualista, a bromélia *Encholirium subsecundum* (Baker) Mez.

Os modelos para ambas as espécies mostraram que sob os dois cenários climáticos futuros (ano de 2050), é esperado redução de ambientes adequados, o que aumenta ainda mais sob o RCP (*Representative Concentration Pathway*) 8.5, o mais extremo. *E. subsecundum* apresentou as alterações mais severas em sua distribuição, chegando a perder até 81% de área potencial sob o cenário de RCP 8.5, em relação à área do presente (figura 15). *L. bokermanni* também teve sua distribuição potencial afetada de maneira aguda, perdendo até 58% de sua área potencial original no RCP 8.5 (figura 20). A maior perda de habitat sob o cenário pessimista sugere menor tolerância das espécies às mudanças climáticas mais intensas, além de ambas demonstrarem a tendência de contrair suas distribuições em direção ao bioma da Mata Atlântica.

Nos RCPs futuros, ambas as espécies apresentaram perda significativa de distribuição potencial nos biomas do Cerrado e da Caatinga (figuras 14, 15, 19 e 20). A aptidão à perda de habitat no Cerrado pelas espécies é plausível a medida em que o bioma é bastante ameaçado devido a processos antrópicos de uso exploratório do solo, desmatamento e queimadas, afetando diretamente o clima (FILHO e COSTA, 2016; INPE, 2021). O panorama negativo é previsto ainda a continuar, com previsões climáticas indicando intensificação dos períodos de seca e alterações no ciclo hidrológico do Cerrado no futuro (ARANTES e colab., 2016; PBMC, 2014; SIQUEIRA e PETERSON, 2003).

A área de sobreposição espacial potencial entre ambas as espécies também apresentou a propensão de contração nos cenários futuros, perdendo quase 80% da área de sobreposição com respeito ao presente, sob o cenário de RCP 8.5 (figura 6). Porém, a relação entre a sobreposição e a distribuição potencial é distinta entre ambas as espécies. *L. bokermanni* mostrou diminuição na taxa de sobreposição com relação à sua distribuição nos cenários futuros, obtendo apenas 36.9% de sobreposição espacial com a planta no cenário de RCP 8.5 (tabelas 8 e 9). Nos dois cenários climáticos futuros analisados, os modelos mostraram que mais de 60% da distribuição potencial do morcego não possuía correspondência espacial com a planta, caracterizando o *mismatch* espacial (HEGLAND e colab., 2008; SCHWEIGER e colab., 2008) por parte do morcego.

Em contrapartida, *E. subsecundum* apresentou aumento na taxa de sobreposição em relação a sua distribuição nos cenários futuros (tabelas 8 e 9), chegando a uma alta por-

centagem de 84.9% de sobreposição sob RCP 4.5, o que implica que apenas 15% de sua distribuição potencial nesse cenário está em desencontro geográfico com o morcego. No RCP 8.5, o desencontro espacial cresce para 23.3% da área potencial da planta. Os resultados do projeto apontam portanto a possibilidade de não ocorrer o *mismatch* espacial com respeito à distribuição da planta, a qual pode chegar a aumentar a sobreposição com o morcego, dando suporte a uma das hipóteses iniciais de que o *mismatch* pode ocorrer apenas com relação a distribuição do morcego, e não com a da planta. Uma explicação plausível é a de que o crescimento relativo na compatibilidade espacial seria devido à contração geográfica da espécie de planta, de tal forma que uma distribuição menor da planta seja mais provável de estar sobreposta com a de *L. bokermanni*, especialmente caso a distribuição do morcego sofra menor perda de área no futuro.

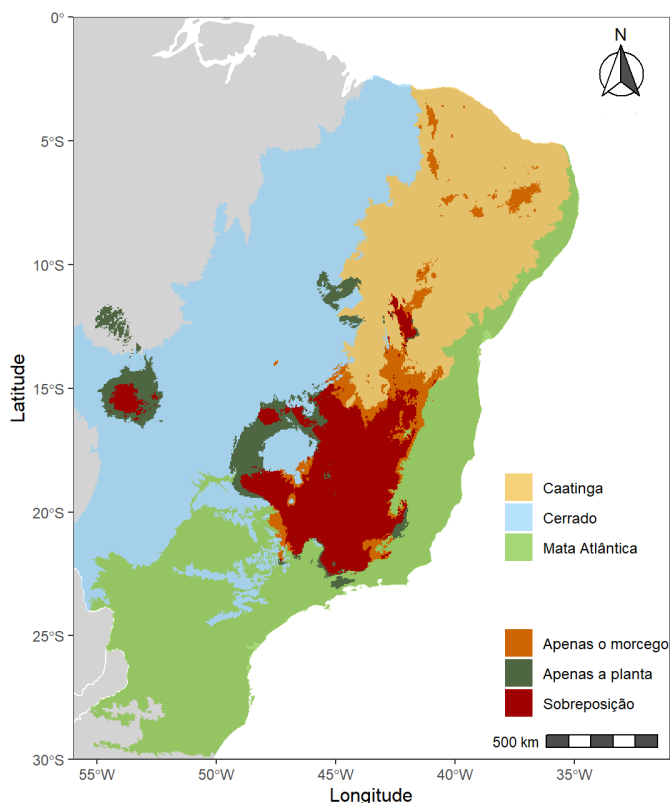


Figura 6: Mapa de sobreposição entre as distribuições da planta e do morcego no presente

Consideramos no projeto que os habitats adequados de acordo com a modelagem para *E. subsecundum* nos quais não há a presença de *L. bokermanni* não representam habitats viáveis para a espécie, de maneira análoga o mesmo foi considerado para *L. bokermanni*, seguindo o método adotado por GOROSTIAGUE e colab. (2018). Desta forma, em habitats sem a presença da espécie parceira há a falta da interação mutualista e em ambientes com ambas

as espécies a interação ocorre, considerando que a interação é contínua ao longo do espaço e tempo (ANDERSON, 2016; GOROSTIAGUE e colab., 2018).

Faltam conhecimentos sobre as características da interação mutualista entre *L. bokermanni* e *E. subsecundum*, o que limita a capacidade de avaliação e as suposições feitas com base nos modelos. Considerando a estrutura aninhada de redes de polinização (BASCOMPTE e colab., 2003) e a tendência a generalização entre as interações planta-polinizador (WASER e colab., 1996) é razoável pensar se na falta da interação com o morcego por conta de *mismatch* espacial, *E. subsecundum* possui ou possuirá espécies que também a polinizem de maneira efetiva. A mesma questão é válida para *L. bokermanni*, caso diante de uma lacuna entre a interação mutualista com a bromélia, haveriam espécies de plantas compensatórias da qual pudesse se alimentar.

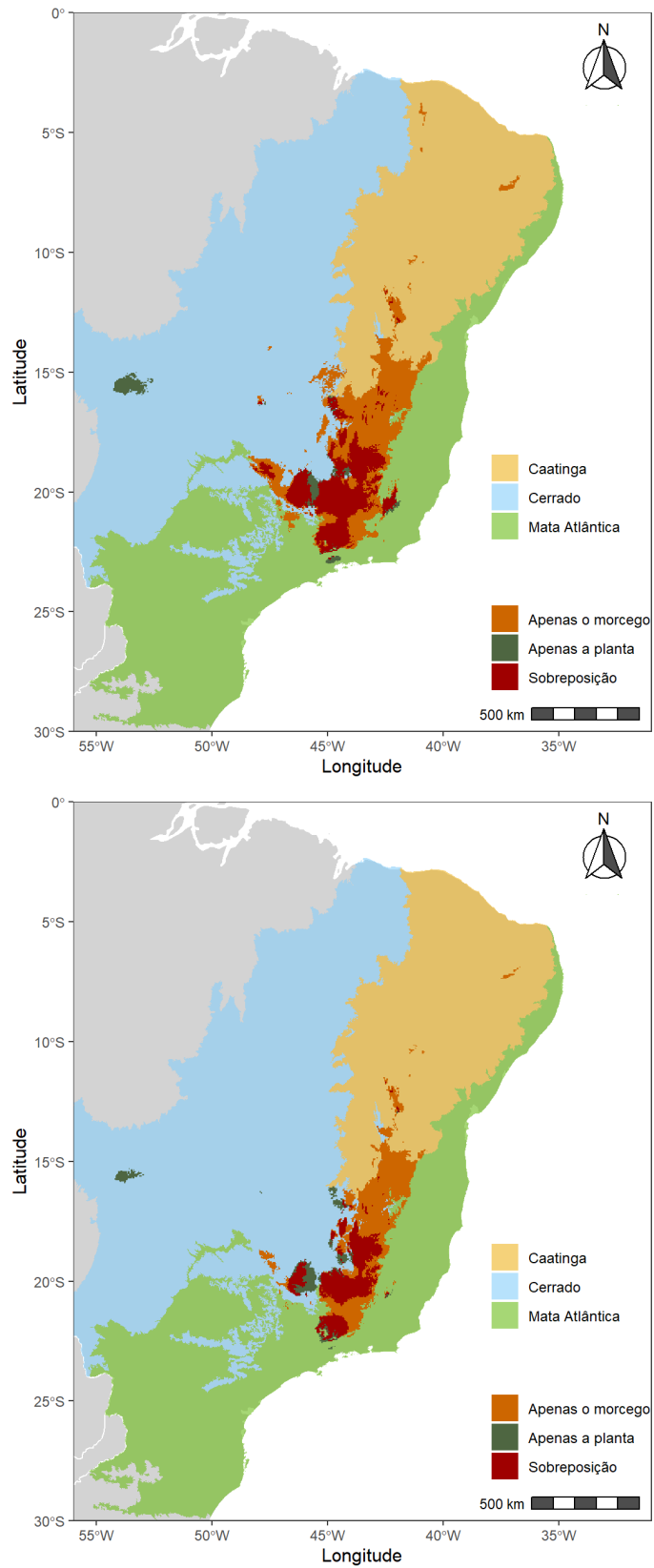


Figura 7: Mapas de sobreposição entre as distribuições da planta e do morcego no RCP 4.5 (acima) e RCP 8.5 (abaixo).

Apêndice

Tabelas

Tabela 1: Pontos de ocorrências de *Encholirium subsecundum* (Barker Mez).

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Belo Horizonte	-43.93780	-19.92080	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Santana do Riacho	-43.71440	-19.16890	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Conceição do Mato Dentro	-43.42500	-19.03720	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Serro	-43.37940	-18.60470	Coleção da Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz - USP
Minas Gerais	Serro	-43.44500	-18.47250	Herbário do Museu Nacional
Minas Gerais	Jequitaiá	-44.44560	-17.23560	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Buenópolis	-44.18000	-17.87330	Coleção da Universidade Federal de Viçosa

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Buenópolis	-44.23389	-17.92389	Coleção da Universidade Federal do Maranhão
Minas Gerais	Buenópolis	-44.24944	-17.90917	Coleção da Universidade Federal do Maranhão
Minas Gerais	Santana do Riacho	-43.71440	-19.16890	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Mariana	-43.41610	-20.37780	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Datas	-43.65580	-18.44560	Herbário do Museu Botânico Municipal
Minas Gerais	Joaquim Felício	-44.17220	-17.75750	Coleção da Universidade Estadual de Feira de Santana
Minas Gerais	Joaquim Felício	-44.29190	-17.69890	The New York Botanical Garden
Minas Gerais	Joaquim Felício	-44.17220	-17.75750	Herbário da Universidade Estadual de Feira de Santana

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Santana do Riacho	-43.71440	-19.16890	Instituto de Botânica
Minas Gerais	Penha da França	-43.83333	-18.83333	Coleção da Universidade de Brasília
Minas Gerais	Montes Claros	-43.86170	-16.73500	Coleção da UNICAMP
Minas Gerais	Santo Antônio do Itambé	-43.33944	-18.45694	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Pedro Leopoldo	-44.04310	-19.61810	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Itacambira	-43.30890	-17.06470	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Dom Joaquim	-43.23333	-18.86667	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Mato Verde	-42.77889	-15.38667	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Santana de Pirapama	-43.75556	-19.00611	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Diamantina	-43.55278	-18.35500	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Diamantina	-43.62806	-18.19194	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Presidente Kubitschek	-43.55722	-18.65389	MOURA (2014)
Minas Gerais	Santana do Riacho	-43.51667	19.25000	Herbário da UFMG
Bahia	Itatim	-39.69810	-12.71190	Instituto de Botânica
Minas Gerais	Jaboticatubas	-43.74500	-19.51360	The New York Botanical Garden
Minas Gerais	Jaboticatubas	-43.58333	-19.16667	Herbário do Museu Nacional

Tabela 2: Pontos de ocorrências de *Lonchophylla bokermanni* (Sazima, Vizotto & Taddei).

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas gerais	Jaboticatubas	-43.74472	-19.51361	Coleção de Mamíferos do Museu de Zoologia da UNICAMP
Minas gerais	Jaboticatubas	-43.74540	-19.52210	Coleção de Quirópteros da UNESP
Minas gerais	Jaboticatubas	-43.60000	-19.270000	NASCIMENTO e colab. (2013)
Minas gerais	Serra do Cipó	-43.60000	-19.26667	Coleção de Mamíferos do Museu de Zoologia da UNICAMP
Minas gerais	Itambé do Mato Dentro	-43.349444	-19.410278	NASCIMENTO e colab. (2013)
Minas gerais	Diamantina	-43.516667	-18.383333	DIAS e colab. (2013)
Minas gerais	Diamantina	-43.383333	-18.383333	ALMEIDA e colab. (2016)
Bahia	Caetité	-42.500000	-14.266667	CLÁUDIO e colab. (2018)
Bahia	Ourolândia	-41.083333	-11.083333	CLÁUDIO e colab. (2018)

Tabela 3: Descrição das variáveis bioclimáticas derivadas de valores de temperatura e pluviosidade (FICK e HIJMANS, 2017).

Variáveis bioclimáticas	Descrição
Bio 1	Temperatura média anual
Bio 2	Intervalo médio diurno (Média mensal (máx. temp. - mín temp.))
Bio 3	Isotermalidade
Bio 4	Sazonalidade de Temperatura (desvio padrão *100)
Bio 5	Temperatura máxima do mês mais quente
Bio 6	Temperatura mínima do mês mais frio
Bio 7	Intervalo da temperatura anual
Bio 8	Média da temperatura do quarto de ano mais úmido
Bio 9	Média da temperatura do quarto de ano mais seco
Bio 10	Média da temperatura do quarto de ano mais quente
Bio 11	Média da temperatura do quarto de ano mais frio
Bio 12	Precipitação anual
Bio 13	Precipitação do mês mais frio
Bio 14	Precipitação do mês mais seco
Bio 15	Sazonalidade de precipitação (Coeficiente de variação)
Bio 16	Precipitação do quadrimestre mais úmido
Bio 17	Precipitação do quadrimestre mais seco
Bio 18	Precipitação do quadrimestre mais quente
Bio 19	Precipitação do quadrimestre mais frio

Tabela 4: Valores VIF das variáveis sem problema de colinearidade ($VIF < 10$) da espécie *E. subsecundum*.

Variável	VIF
Bio 3	4.266921
Bio 4	6.135108
Bio 7	7.469114
Bio 9	2.401162
Bio 13	6.836922
Bio 14	6.308869
Bio 19	4.786559

Tabela 5: Valores VIF das variáveis sem problema de colinearidade ($VIF < 10$) da espécie *L. bokermanni*.

Variável	VIF
Bio 15	1.200694
Bio 18	1.200694

Tabela 6: Área potencial (em km^2) das espécies de acordo com o presente e os dois cenários climáticos futuros.

Espécie	Cenário climático	Área potencial
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	Presente	499674.7
	RCP 4.5 (2050)	309803.4
	RCP 8.5 (2050)	201510.3
<i>Encholirium subsecundum</i>	Presente	513506.5
	RCP 4.5 (2050)	140215.9
	RCP 8.5 (2050)	97012.5

Tabela 7: Contração, expansão ou não alteração relativa (em porcentagem) para a espécie de planta e morcego sob os dois cenários climáticos futuro, com relação à distribuição presente.

Espécie	Cenário	Ganho (%)	Perda (%)	Sem alteração (%)
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	RCP 4.5 (2050)	0.67	37.65	61.68
	RCP 8.5 (2050)	0.06	58.12	41.81
<i>Encholirium subsecundum</i>	RCP 4.5 (2050)	0.08	72.78	27.14
	RCP 8.5 (2050)	0.00	81.11	18.89

Tabela 8: Distribuição com sobreposição (planta+morcego) nos 3 cenário climáticos e alteração com respeito à sobreposição do presente.

Cenário climático	Área de sobreposição (km^2)	Sobreposição com relação à distribuição do morcego no cenário (%)	Sobreposição com relação à distribuição da planta no cenário (%)
Presente	369410.9	73.93	71.94
RCP 4.5 (2050)	119088.6	38.44	84.93
RCP 8.5 (2050)	74409.3	36.92	76.70

Tabela 9: Distribuição sem sobreposição (desencontro geográfico) entre planta e morcego nos três cenários climáticos.

Espécie	Cenário	Área de desencontro geográfico	Porcentagem com relação à distribuição da espécie no cenário
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	Presente	130263.7	26.07
	RCP 4.5 (2050)	190714.7	61.56
	RCP 8.5 (2050)	127101.0	63.07
<i>Encholirium subsecundum</i>	Presente	144095.6	28.06

Espécie	Cenário	Área de desencontro geográfico	Porcentagem com relação à distribuição da espécie no cenário
	RCP 4.5 (2050)	21127.3	15.07
	RCP 8.5 (2050)	22603.2	23.30

Figuras

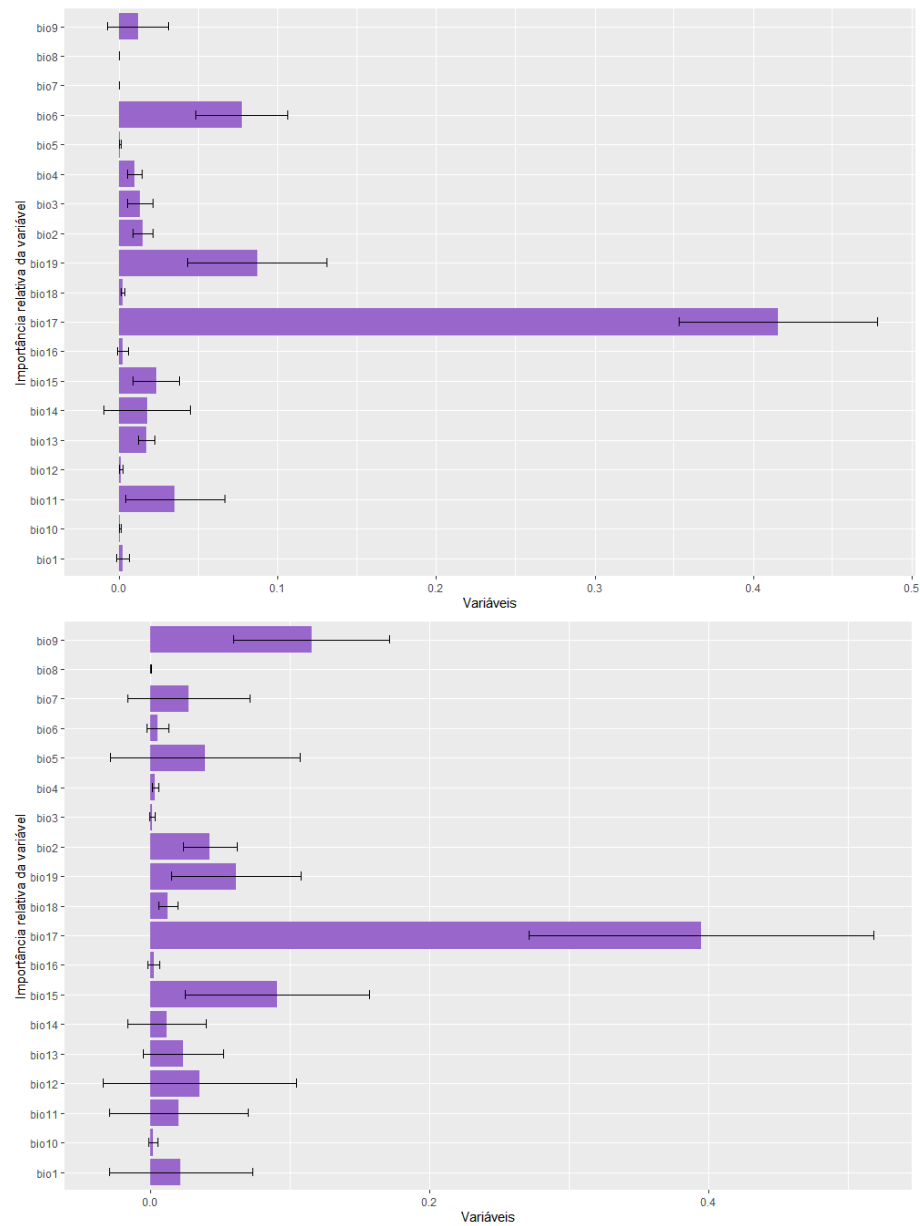


Figura 8: Importância relativa das variáveis para o modelo cheio da espécie de planta (acima) e para o morcego (abaixo)

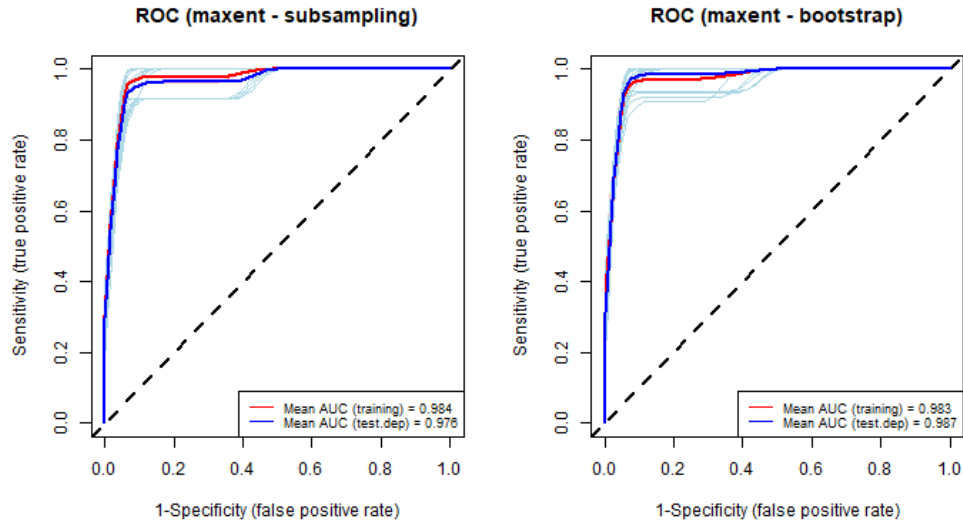


Figura 9: Valores médio de AUC para os 25 modelos gerados para a espécie *Encholirium subsecundum* com replicação por *subsampling* (à esquerda) e 25 por *bootstrap* (à direita)

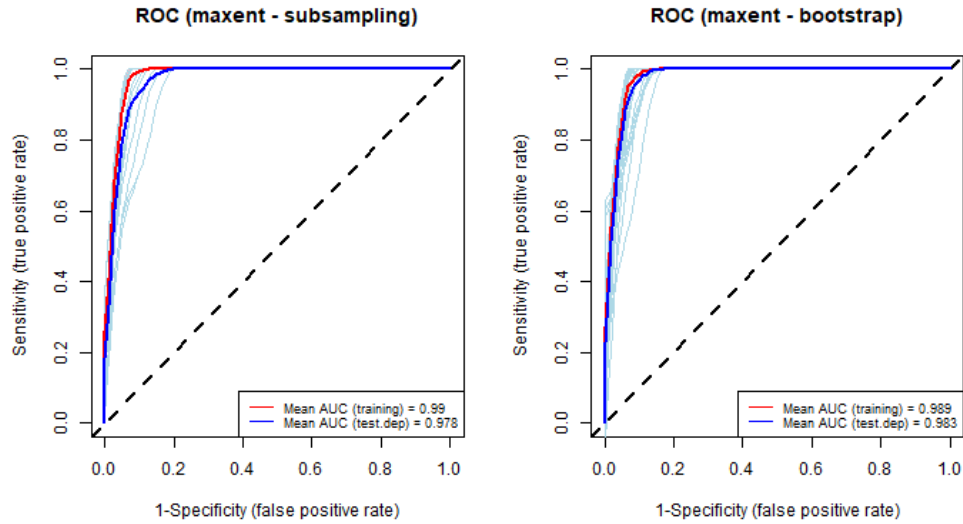


Figura 10: Valores médio de AUC para os 25 modelos gerados para a espécie *Lonchophylla bokermanni* com replicação por *subsampling* (à esquerda) e 25 por *bootstrap* (à direita)

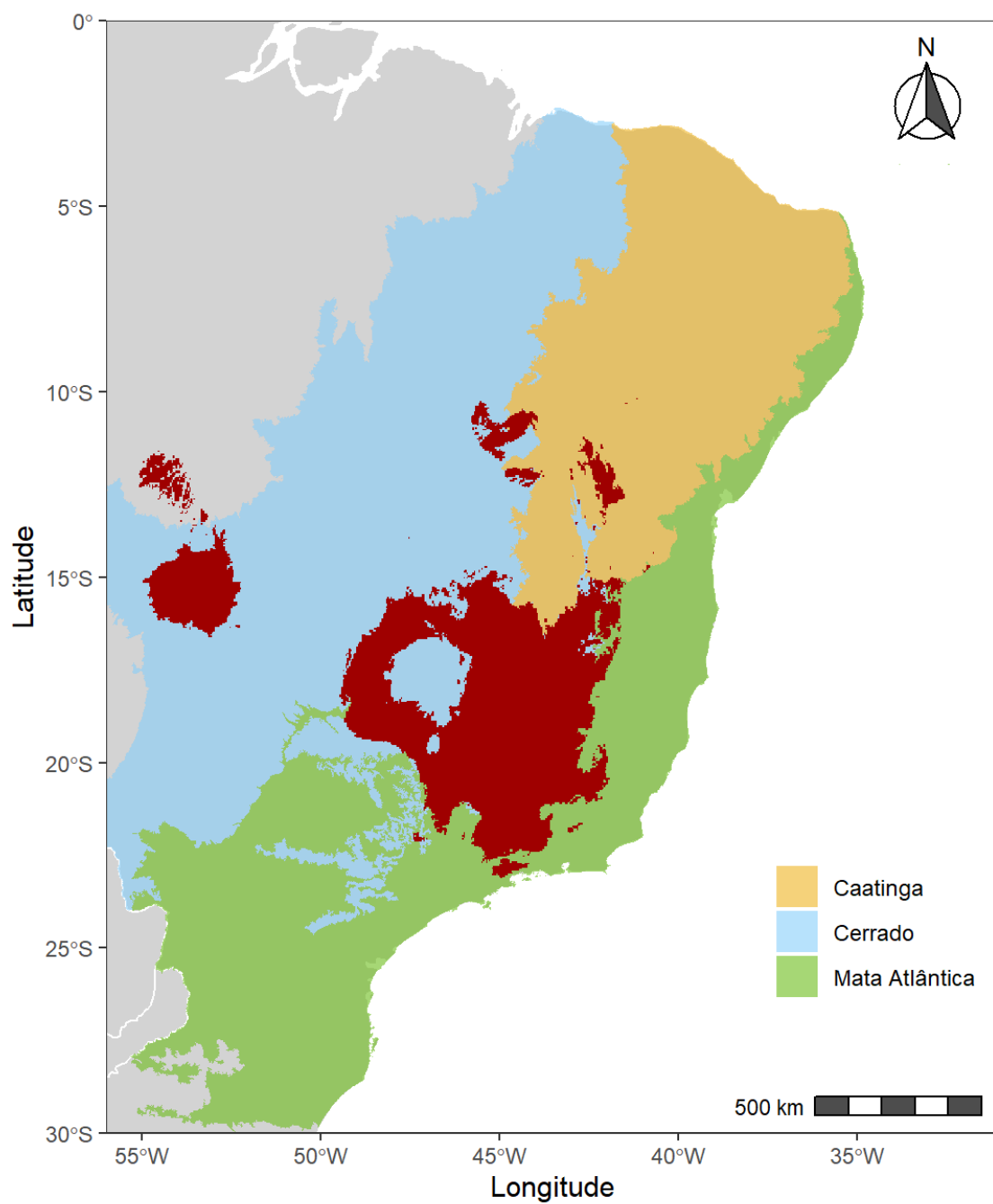


Figura 11: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o presente.

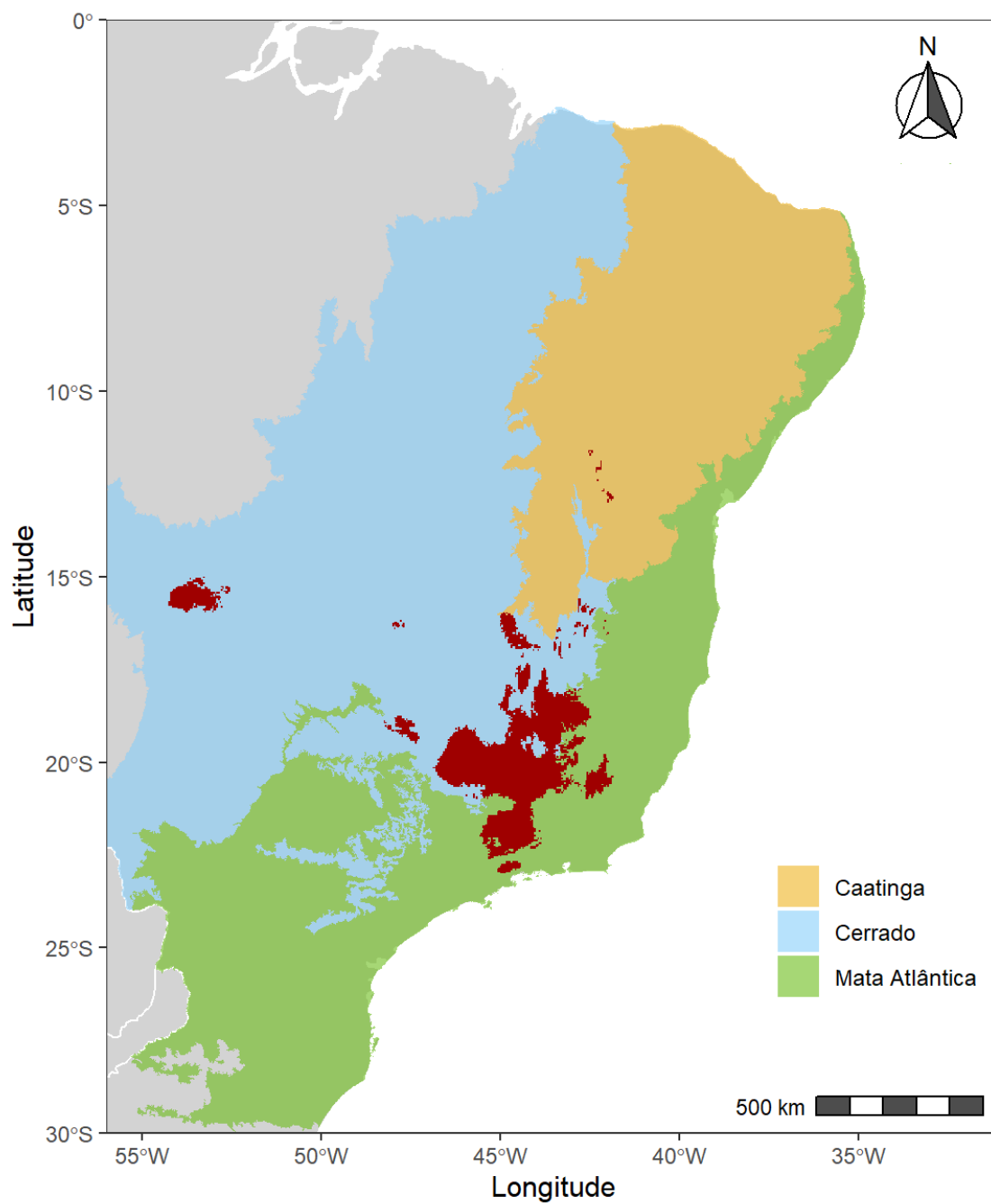


Figura 12: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 4.5 (2050).

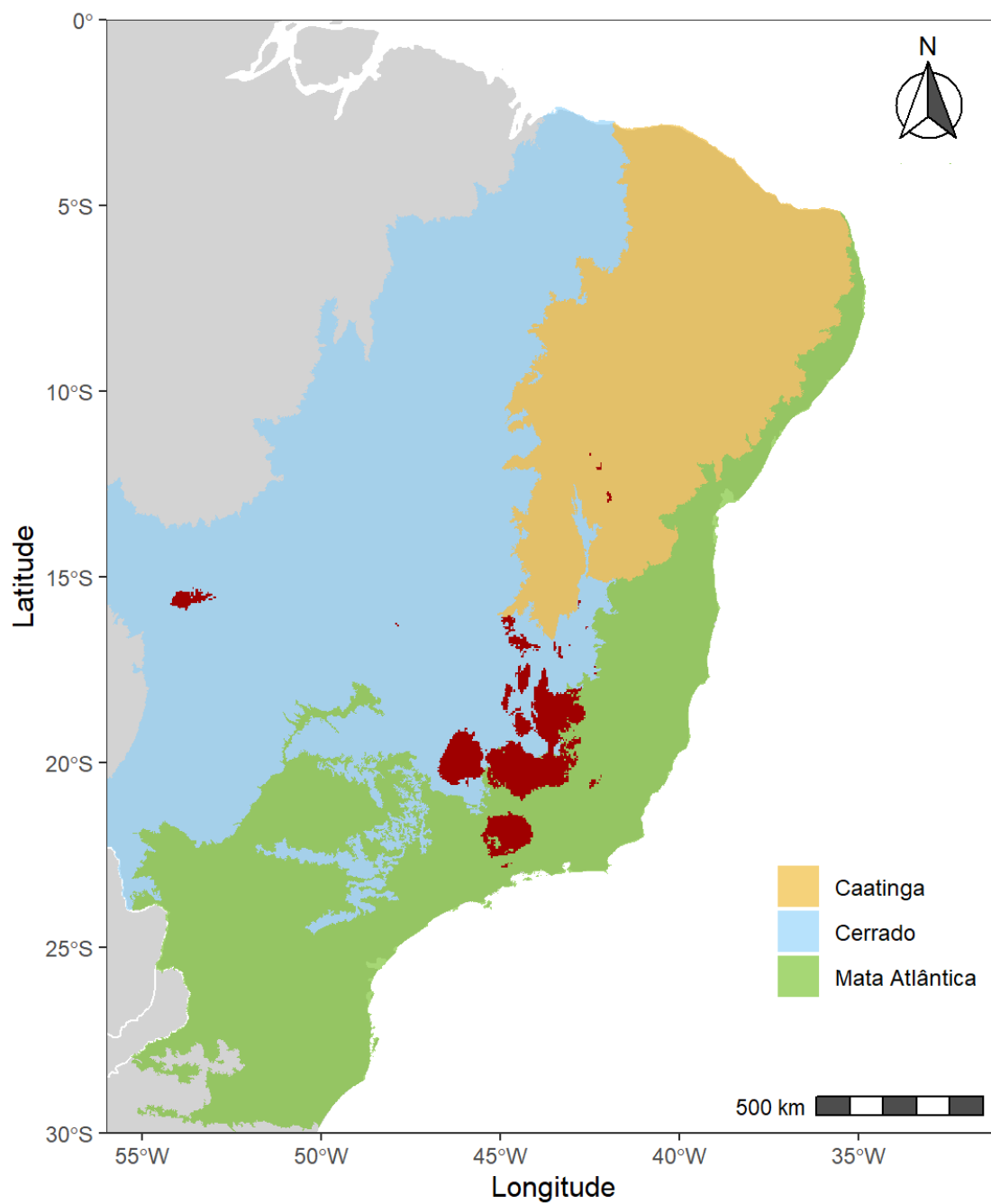


Figura 13: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 8.5 (2050).

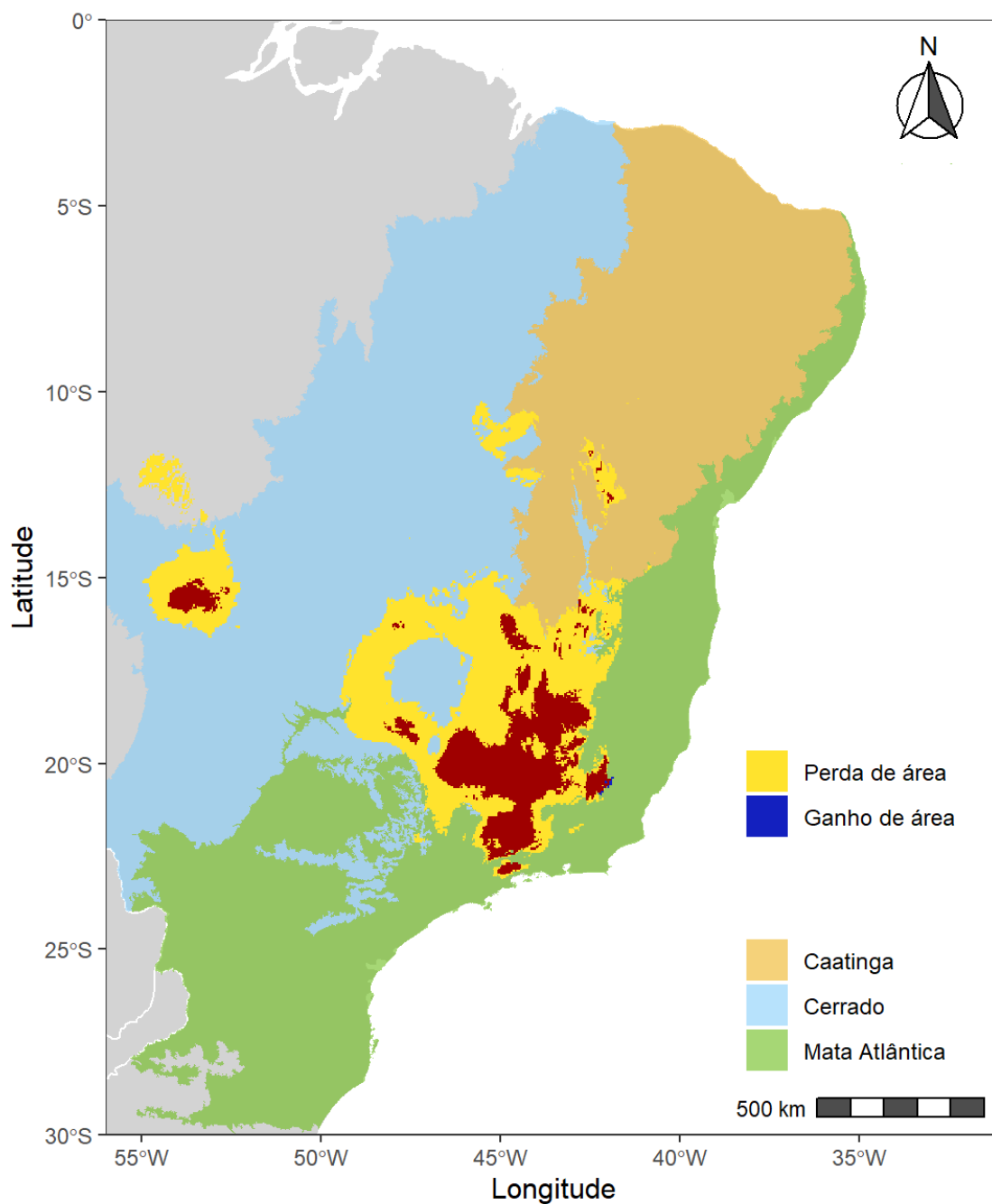


Figura 14: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* no cenário RCP 4.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

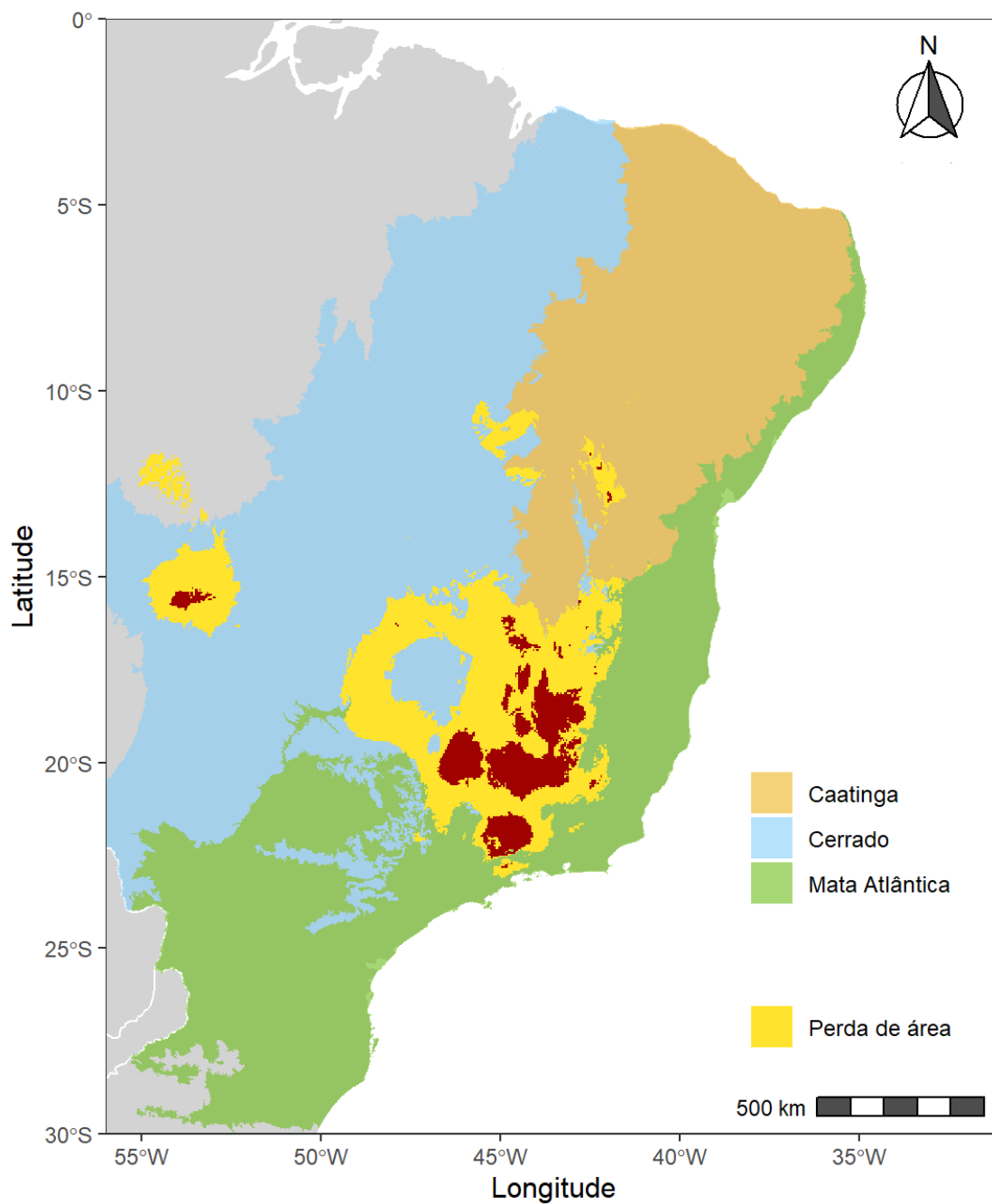


Figura 15: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* no cenário RCP 8.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho e amarelo representam a distribuição sem alteração e perda. Não houve distribuição ganha da planta no RCP 8.5.

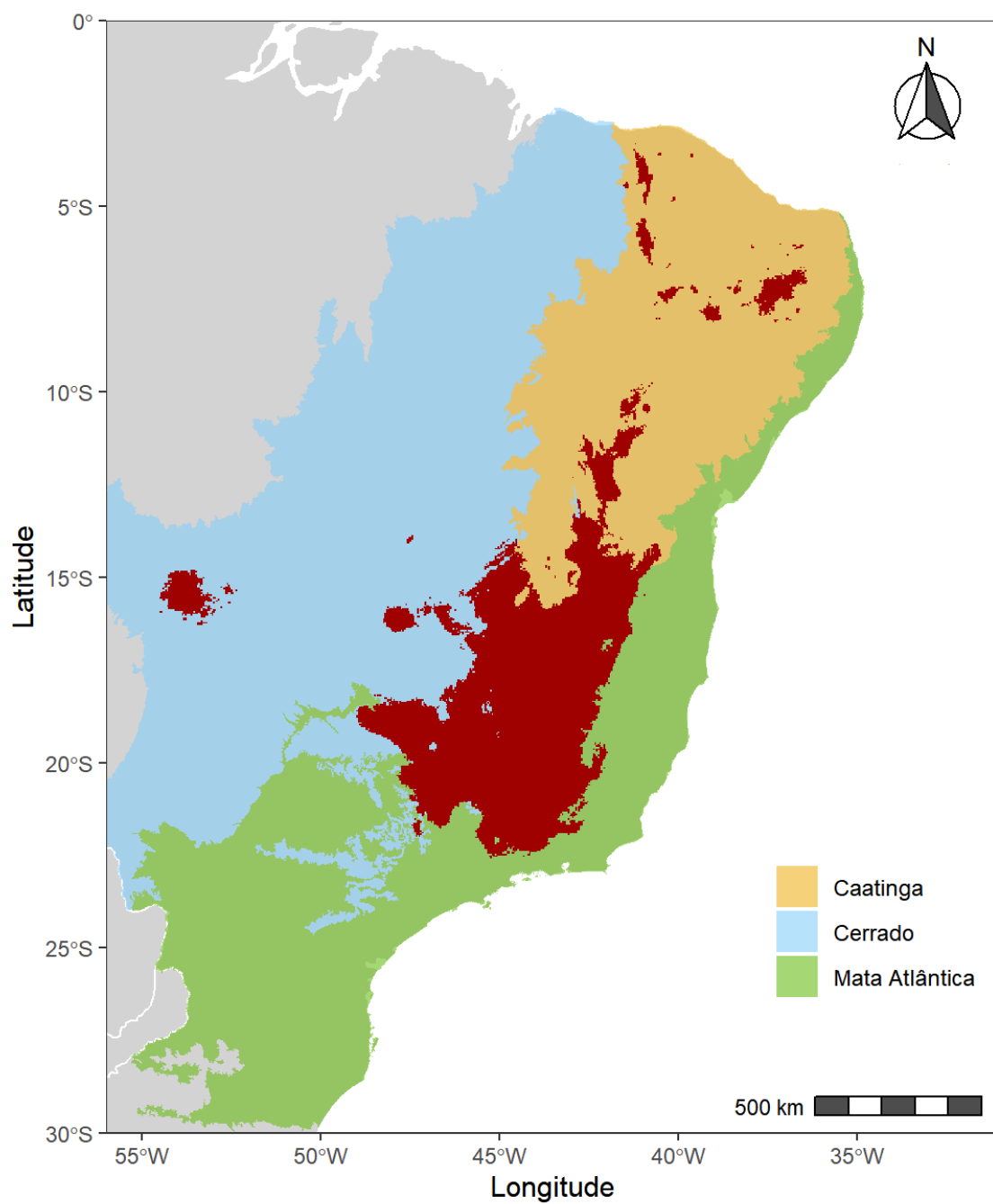


Figura 16: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o presente.

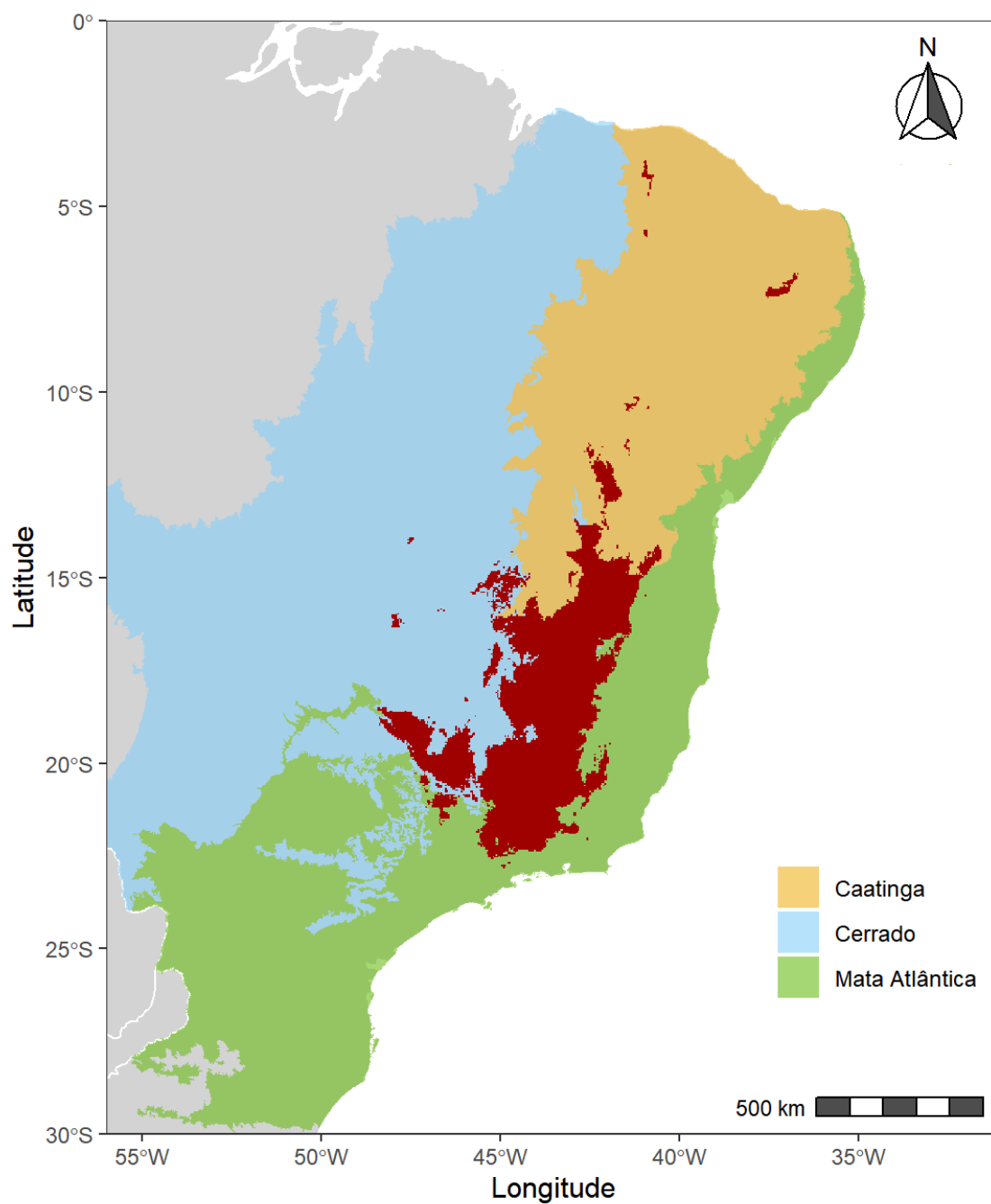


Figura 17: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 4.5.

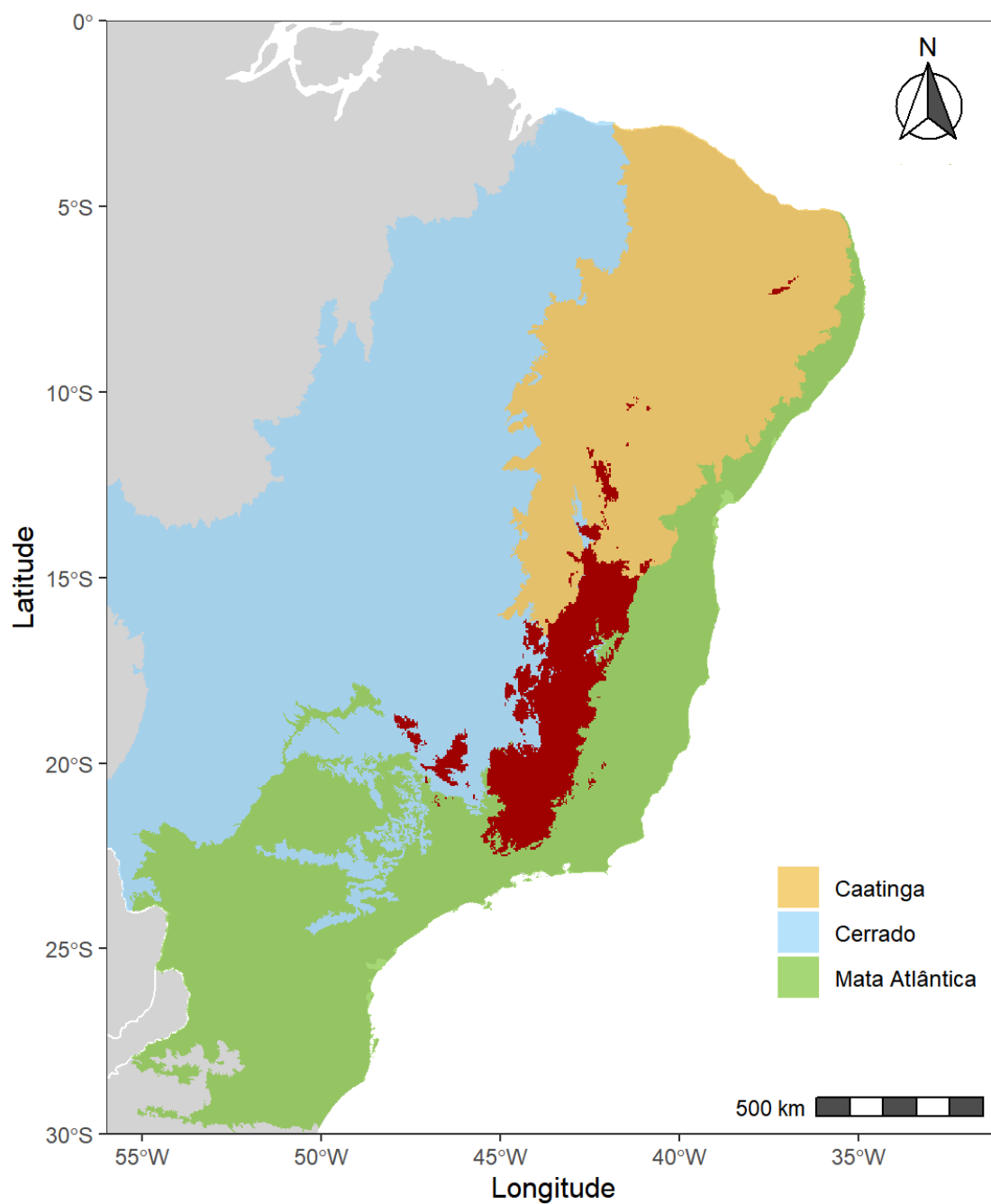


Figura 18: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 8.5.

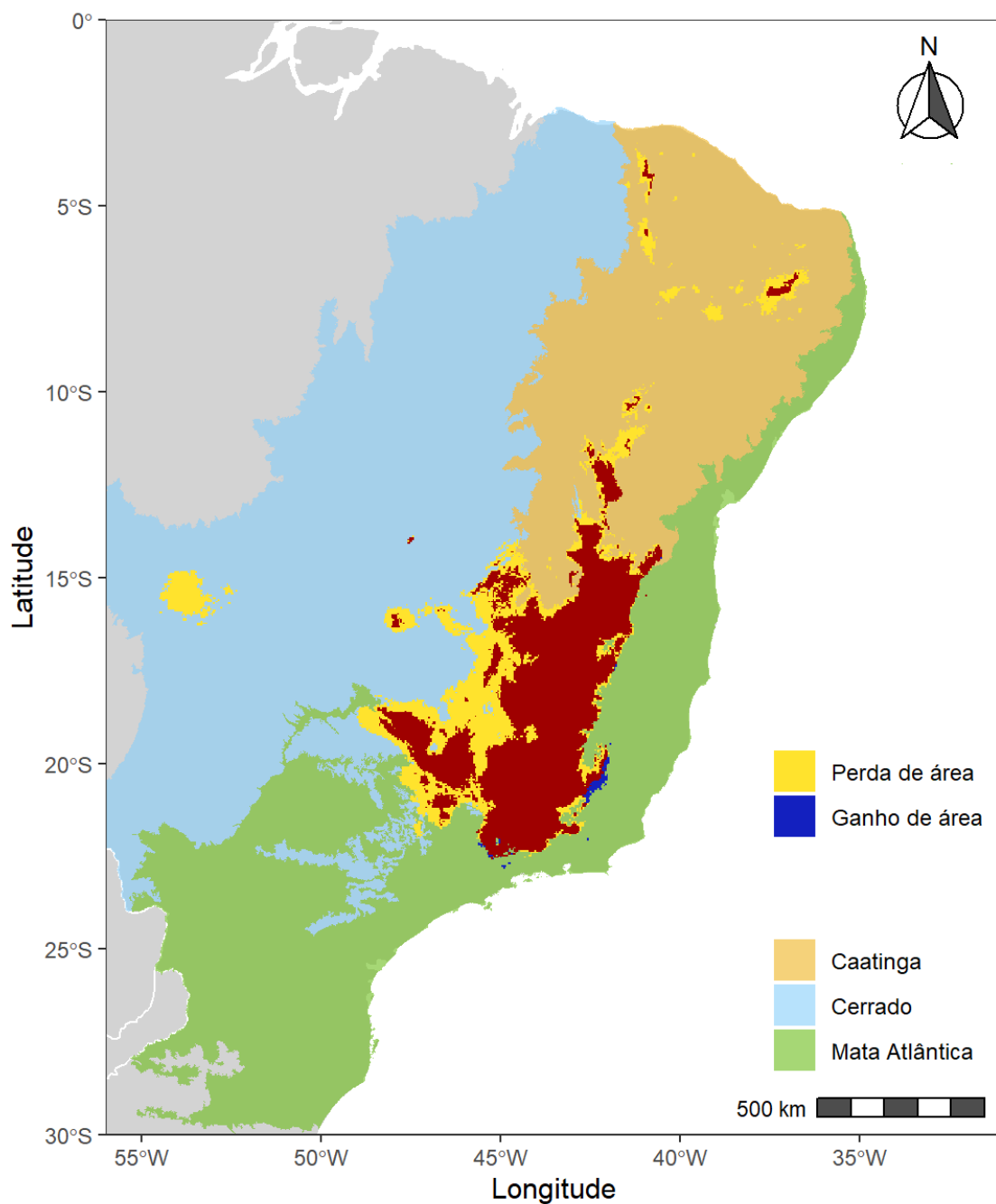


Figura 19: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* no cenário RCP 4.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

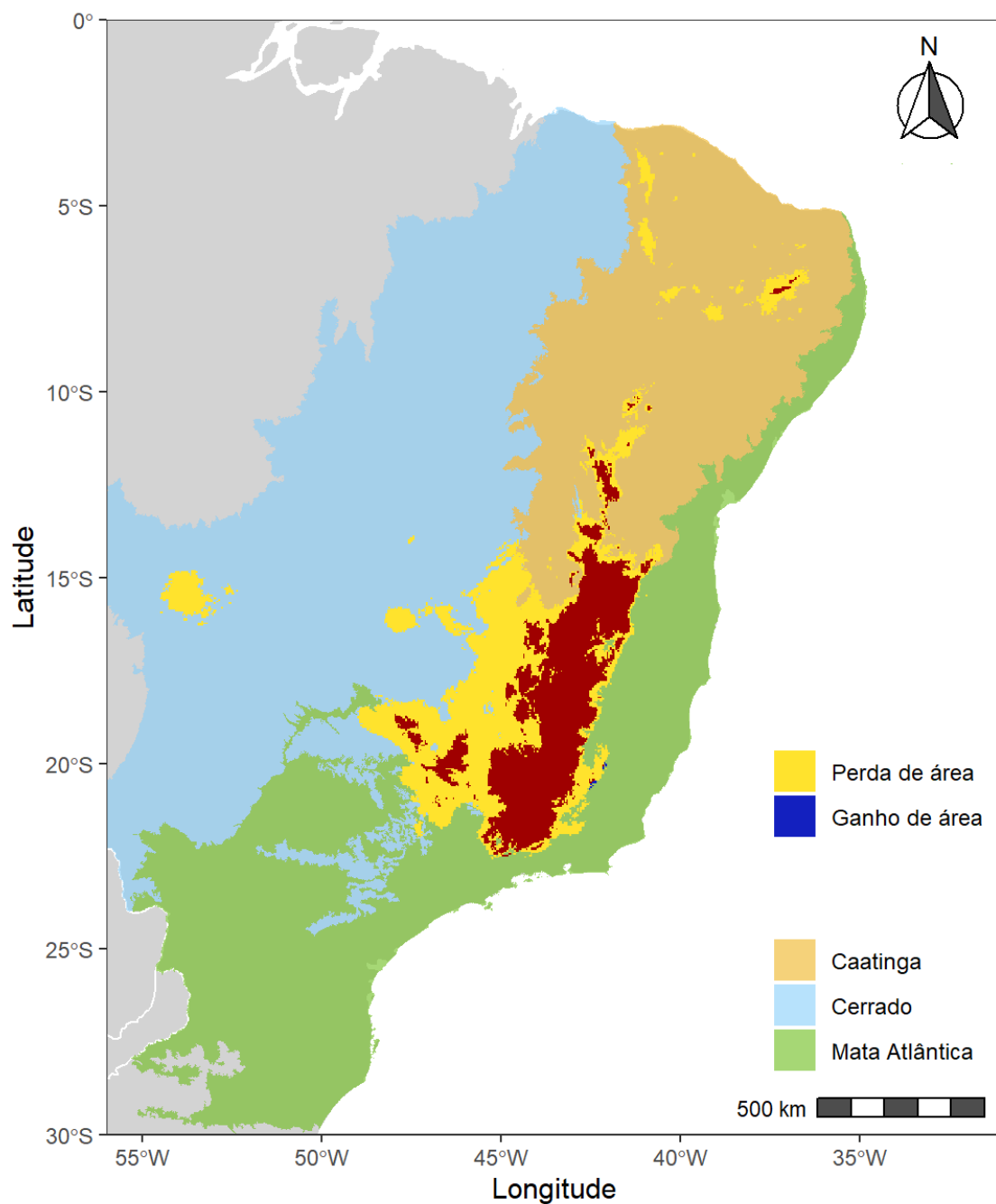


Figura 20: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* no cenário RCP 8.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

Código em R

```
##### SCRIPTS DO PROJETO DE PDPD #####

# 1. Carregamento e corte das camadas ambientais do presente
# 2. Rodagem dos modelos de distribuicao para a especie
#   de planta Encholirium subsecundum e selecao das camadas
# 3. Rodagem do modelo final com as camadas selecionadas
# 4. Criacao das projecoes no presente
# 5. Criacao das projecoes no cenario futuro de RCP 4.5
# 6. Criacao das projecoes no cenario futuro de RCP 8.5
# 7. Construção dos mapas simples, binarios e não binarios
# 7. Classificacao das alteracoes de area

#####

#### Carregamento das bibliotecas necessarias
if (!require(tidyverse)) install.packages('tidyverse')
if (!require(sdm)) install.packages('sdm')
if (!require(dismo)) install.packages('dismo')
if (!require(dplyr)) install.packages('dplyr')
if (!require(mapview)) install.packages('mapview')
if (!require(raster)) install.packages('raster')
if (!require(rgdal)) install.packages('rgdal')
if (!require(usdm)) install.packages('usdm')

# Rodar na primeira vez para instalar as dependencias que o 'sdm' precisa.
installAll()

#####
#----- 1. CARREGAMENTO E CORTE DAS CAMADAS
#           AMBIENTAIS E DADOS DE E. SUBSECUNDUM -----#

### CARREGAR DADOS DE E. SUBSECUNDUM
spg <- read.csv('./Dados/Ocorrencias/E_subsecundum_corrigido.csv')
```

```

# Adicionamos uma coluna com a especie (necesaria como argumento na modelagem)
spg$species <- 1

# Exploramos o data frame
head(spg)

# Transformar as coordenadas em um objeto "Spatial"
spg::coordinates(spg) <-c('x','y')
spg

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO PRESENTE

# Criar um objeto com o contorno (poligono) do Brasil
mascara <- raster::shapefile('Dados/Mascaras/mascara_brasil.shp')

# Baixar camadas presente do database online Worldclim
bio <- raster::getData('worldclim', var='bio',res=2.5, path="./Camadas_presente/")
plot(bio)

# cortar as camadas com o shape do brasil
corte <- bio
cam_rep <- bio[[1]]

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_rep <- raster::crop(cam_rep, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais do presente
bioCams <- raster::resample(corte, cam_rep, method="bilinear",
                           snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada
bioCams <- raster::mask(bioCams, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao

```

```

plot(bioCams)

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO FUTURO RCP45, ANO 2050

# Download das camadas futuras (RCP 45) do database online Worldclim
biof45 <- raster::getData('CMIP5', var='bio', res=2.5, rcp=45, model='CN',
                           year=50, path="./Camadas_RCP45/")
plot(biof45)

# As camadas futuras devem ter o mesmo nome que as do presente
names(biof45) <- names(bio)

# Carregar as camadas e uma camada representante (bio 1) para corte das camadas
cortef <- biof45
cam_repf <- biof45[[1]]

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_repf <- raster::crop(cam_repf, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais RCP 45
bio45 <- raster::resample(cortef, cam_repf, method="bilinear",
                          snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada do Brasil
bio45 <- raster::mask(bio45, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao
plot(bio45)

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO FUTURO RCP85, ANO 2050

# Download das camadas futuras (RCP 45) do database online Worldclim
biof85 <- raster::getData('CMIP5', var='bio', res=2.5, rcp=85, model='CN',

```

```

                                year=50, path="./Camadas_RCP85/")
plot(biof85)

# As camadas futuras devem ter o mesmo nome que as do presente
names(biof85) <- names(bio)

# Carregar as camadas e uma camada representante (bio 1) para corte das camadas
cortef85 <- biof85
cam_rep85 <- biof85[[1]]

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_rep85 <- raster::crop(cam_rep85, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais RCP 85
bio85 <- raster::resample(cortef85, cam_rep85, method="bilinear",
                           snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada do Brasil
bio85 <- raster::mask(bio85, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao
plot(bio85)

#####
#----- 2. RODAGEM DO MODELO PREVIO E
#          SELECAO DAS VARIAVEIS -----#

# MODELO CHEIO

# Adicionar os dados previo para fazer um modelo com todas as variaveis
dC <- sdm::sdmData(species~., spg, predictors = bioCams,
                   bg=list(method='gRandom', n=10000))
dC

# Ajustar e criar os modelos

```

```

mC <- sdm::sdm(species~., dC, methods = 'maxent', replication=c('sub', 'boot'),
               test.p=30, n=25, parallelSettings=list(ncore=5, method='parallel'))

# NOTAS: 1) Para o MaxEnt funcionar o Java do computador deve estar atualizado.
# 2) O parametro ncore e a quantidade de cores de processamento utilizados para
# a modelagem, altere conforme a capacidade do computador

mC

# Plot da importancia das variaveis
plot(getVarImp(mC), 'AUC', main="Importância relativa das biovariáveis",
     ylab='Variáveis', xlab="Importância relativa da variável") # Biovars: 6, 17, 19, 1
getVarImp(mC)

# Para abrir uma interface de exploracao do modelo
sdm::gui(mC)

#-----
# TESTE VIF COM AS VARIÁVEIS COM MAIOR IMPORTANCIA

# Tiramos a camada 14 (alto vif e importância menor do que a correlata 17)
bioc <- raster::subset(bioCams, c(6, 17, 19))
vif(bioc)

# Essa parte ? desnecessaria pois ja fizemos de forma manual
# ex <- raster::extract(bioc, spg)
# head(ex)

# v <- usdm::vifstep(ex)
# cor(ex)

# Deixar apenas as vars sem problema de colinearidade
# bioc <- usdm::exclude(bioc, v)
# bioc

```

```
#####
#----- 3. MODELAGEM COM AS CAMADAS SELECIONADAS
#
#          NA SECAO ANTERIOR -----#

# Adicionar os dados previos: ocorrencias, camadas e pontos de background
d <- sdm::sdmData(species~., spg, predictors = bioc, bg=list(method='gRandom',
                                                             n=10000))

d

# Ajustar os modelos, 50 replicacoes, 25 por Subsampling e 25 por Bootstrap
m <- sdm::sdm(species~., d, methods='maxent', replication=c('sub', 'boot'),
              test.p=30, n=25, parallelSettings=list(ncore=5, method='parallel'))

# NOTAS: Como mencionado no item 2, o parametro ncore é a quantidade de cores de
# processamento utilizados para a modelagem, altere conforme a configuracao do
# computador

m

# Plot das contribuicoes das variaveis
plot(getVarImp(m), 'AUC')
sdm::getVarImp((m))

# Para abrir uma interface de exploracao do modelo
sdm::gui(m)

#####
#----- 4. PROJECAO DO MODELO PARA O PRESENTE -----#

# Projecao dos 50 modelos criados na seção anterior para o presente
p1 <- predict(m, bioc, filename='./Resultados_subsecundum/presente.img',
              overwrite=TRUE)

p1

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o presente por meio da
```

```

# mediana ponderada
en <- sdm::ensemble(m, bioc, filename =
                    './Resultados_subsecundum/ensemble_presente.img',
                    setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                    overwrite=TRUE)

en

# Verificacao
plot(p1)
plot(en)

#####
#----- 5. PROJECAO DO MODELO PARA O FUTURO (RCP45) -----#

# Selecionar apenas as biovariaveis 6, 17, 19
bioS45 <- raster::subset(bio45, c(6, 17, 19))
plot(bioS45)

# Predicao utilizando o modelo criado na secao 3 para as camadas de RCP45
p2 <- predict(m, bioS45, filename='./Resultados_subsecundum/modelos_RCP45.img',
              overwrite=TRUE)

p2

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o futuro RCP45 por meio da
# mediana ponderada
en45 <- sdm::ensemble(m, bioS45, filename='./Resultados_subsecundum/futuro_RCP45.img',
                     setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                     overwrite=TRUE)

en45

# Verificacao
plot(p2)
plot(en45)

#####

```



```

#----- 6. PROJECAO DO MODELO PARA O FUTURO (RCP85) -----#

# Selecionar apenas as biovariaveis 6, 17, 19
bioS85 <- raster::subset(bio85, c(6, 17, 19))
plot(bioS85)

# Predicao utilizando o modelo criado na secao 3 para as camadas de RCP85
p3 <- predict(m, bioS85, filename='./Resultados_subsecundum/modelos_RC85.img',
              overwrite=TRUE)
p3

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o futuro RCP85 por meio da
# mediana ponderada
en85 <- sdm::ensemble(m, bioS85, filename='./Resultados_subsecundum/futuro_RC85.img',
                     setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                     overwrite=TRUE)

# Verificacao
plot(en85)

#####
#----- 7. CONSTRUCAO DE MAPAS BINARIOS E
#          DE DENSIDADE DE PROBABILIDADE -----#

# Paleta de cores
cores <- grDevices::colorRampPalette(c(
  '#3E49BB', '#3498DB', 'yellow', 'orange', 'red', 'darkred'))

# Plot dos mapa com a nova paleta de cores
plot(en, col=cores(200))
plot(en45, col=cores(200))
plot(en85, col=cores(200))

# Visualizacao alteranativa dos mapaP45 por meio do mapview
mapview::mapview(stack(en,en45,en85))

```

```

#-----
### Mapa de alteracao de adequabilidade (NAO BINARIO) entre o presente e o futuro
# de RCP 45
ch45 <- en45 - en

cores2<-grDevices::colorRampPalette(c('red', 'orange', 'yellow', 'gray',
                                       'green', 'blue'))

plot(ch45, col=cores2(200))
# Areas mais proximas ao azul representam areas ganhas no futuro (RCP45)
# Areas mais proximas ao vermelho representam areas ganhas perdidas (RCP45)
# Areas cinzas permaneceram inalteradas no futuro

#-----
### Mapa de alteracao de adequabilidade (NAO BINARIO) entre o presente e o futuro
# de RCP 85
ch85 <- en85 - en

cores2<-grDevices::colorRampPalette(c('red', 'orange', 'yellow', 'gray',
                                       'green', 'blue'))

plot(ch85, col=cores2(200))

#-----
### OBTENHA MEDIDAS DE THRESHOLD PARA A CONSTRUCAO DOS mapas45 BINARIOS
df <- as.data.frame(d)
df <- data.frame(species=df$species, coordinates(d))
xy = as.matrix(df[,c('x', 'y')])
head(xy)

# Extrair do raster da predicao do presente os valores das biovariaveis nos
# pontos de ocorrencias das especies
p<-raster::extract(en,xy)

# Avaliacao do modelo
ev <- evaluates(df$species,p)
ev@statistics

```

```

# Medidas de threshold
ev@threshold_based

th <- ev@threshold_based$threshold[2] #Threshold pelo metodo SSS: max(espec+sens)

# Verificar valor de threshold
th

#-----
### MAPA BINARIO DO PRESENTE UTILIZANDO O VALOR DE THRESHOLD th
pa1 <- raster(en)
pa1[] <- ifelse(en[] >= th, 1,0)
plot(pa1)

### MAPA BINARIO DO FUTURO (RCP45)
pa2 <- raster(en45)
pa2[] <- ifelse(en45[] >= th, 1,0)
plot(pa2)

### MAPA BINARIO DO FUTURO (RCP85)
pa3 <- raster(en85)
pa3[] <- ifelse(en85[] >= th, 1,0)
plot(pa3)

### MAPA BINARIO DE ALTERACAO DE ADEQUABILIDADE (Futuro RCP45 - Presente)
chp45 <- pa2 - pa1
plot(chp45, col=c('red','gray','blue'))

### MAPA BINARIO DE ALTERACAO DE ADEQUABILIDADE (Futuro RCP85 - Presente)
chp85 <- pa3 - pa1
plot(chp85, col=c('red','gray','blue'))

#####
#----- 7. CLASSIFICACAO DAS ALTERACOES DE AREA -----#

```

```

# Obter os tamanhos das celulas
cel_tam<-area(pa1, na.rm=TRUE, weights=FALSE)
cel_tam<-cel_tam[!is.na(cel_tam)]

#-----
### AREA PRESENTE (KM^2)
mapa <- pa1$layer@data@values==1
tamanho <- sum(mapa[!is.na(mapa)])
area <- tamanho*median(cel_tam)
area

#-----
### AREA FUTURA (RCP45) (KM^2)
mapaF45 <- pa2$layer@data@values==1
tamanhoF45 <- sum(mapaF45[!is.na(mapaF45)])
areaF45 <- tamanhoF45*median(cel_tam)
areaF45

#-----
### AREA FUTURA (RCP85) (KM^2)
mapaF85 <- pa3$layer@data@values==1
tamanhoF85 <- sum(mapaF85[!is.na(mapaF85)])
areaF85 <- tamanhoF85*median(cel_tam)
areaF85

#-----
### AREA ALTERADA ENTRE O PRESENTE E O FUTURO RCP45 (KM^2)
# area de perda < 0
# area de ganho > 0

mapaP45 <- chp45$layer@data@values < 0
tamanhoP45 <- sum(mapaP45[!is.na(mapaP45)])
areaP45 <- tamanhoP45*median(cel_tam)
areaP45          # Area perdida

```

```

# Porcentagem de perda
(areaP45/area)*100

mapaG45 <- chp45$layer@data@values >0
tamanhoG45 <- sum(mapaG45[!is.na(mapaG45)])
areaG45 <- tamanhoG45*median(cel_tam)
areaG45          # Area ganha

# Porcentagem de ganho
(areaG45/area)*100

#-----
### AREA ALTERADA ENTRE O PRESENTE E O FUTURO RCP85 (KM^2)
# area de perda < 0
# area de ganho > 0

mapaP85 <- chp85$layer@data@values < 0
tamanhoP85 <- sum(mapaP85[!is.na(mapaP85)])
areaP85 <- tamanhoP85*median(cel_tam)
areaP85          # Area perdida

# Porcentagem de perda
(areaP85/area)*100

mapaG85 <- chp85$layer@data@values >0
tamanhoG85 <- sum(mapaG85[!is.na(mapaG85)])
areaG85 <- tamanhoG85*median(cel_tam)
areaG85          # Area ganha

# Porcentagem de ganho
(areaG85/area)*100

```

Referências

ALMEIDA, Brunna e colab. **Karyotype of three Lonchophylla species (Chiroptera, Phyllostomidae) from Southeastern Brazil**. Comparative Cytogenetics, v. 10, n. 1, p. 109–115, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.3897/CompCytogen.v10i1.6646>>.

ANDERSON, Robert. **A framework for using niche models to estimate impacts of climate change on species distributions**. Annals of the New York Academy of Sciences, v. 1297, p. 8–28, Set 2013.

ANDERSON, Robert. **When and how should biotic interactions be considered in models of species niches and distributions?** Journal of Biogeography, v. 44, Ago 2016.

ARANTES, Arielle Elias e FERREIRA, Laerte G. e COE, Michael T. **The seasonal carbon and water balances of the Cerrado environment of Brazil: Past, present, and future influences of land cover and land use**. ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing, v. 117, p. 66–78, 2016.

BASCOMPTE, Jordi e colab. **The nested assembly of plant-animal mutualistic networks**. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 100, p. 9383–7, Set 2003.

BEGON, Michael e HARPER, John L. e TOWNSEND, Colin R. **Ecologia: De Indivíduos a Ecossistemas**. 4. ed. [S.l.]: Artmed, 2007.

BRAUNISCH, Veronika e colab. **Selecting from correlated climate variables: A major source of uncertainty for predicting species distributions under climate change**. Ecography, v. 36, Set 2013.

CAVALLARI, Marcelo Mattos. **Estrutura genética de populações de Encholirium (Bromeliaceae) e implicações para sua conservação**. 2004. mathesis – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (USP), 2004.

CHEN, I-Ching e colab. **Rapid Range Shifts of Species Associated with High Levels of Climate Warming**. Science (New York, N.Y.), v. 333, p. 1024–6, Ago 2011.

CLÁUDIO, Vinícius e colab. **First record of *Lonchophylla bokermanni* (Chiroptera, Phyllostomidae) for the Caatinga biome.** *Mastozoologia Neotropical*, v. 25, Jul 2018.

CRUZ-CÁRDENAS, Gustavo e colab. **Potential species distribution modeling and the use of principal component analysis as predictor variables.** *Revista Mexicana de Biodiversidad*, v. 85, n. 1, p. 189–199, 2014. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1870345314707444>>.

DIAS, Daniela e ESBÉRARD, Cel e MORATELLI, Ricardo. **A new species of *Lonchophylla* (Chiroptera, Phyllostomidae) from the Atlantic Forest of southeastern Brazil, with comments on *L. bokermanni*.** *Zootaxa*, v. 3722, p. 347–360, Out 2013.

DOAK, Daniel e MORRIS, William. **Demographic compensation and tipping points in climate-induced range shifts.** *Nature*, v. 467, p. 959–62, Out 2010.

ELITH, Jane e LEATHWICK, John R. **Species Distribution Models: Ecological Explanation and Prediction Across Space and Time.** *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, v. 40, n. 1, p. 677–697, 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>>.

FICK, Stephen E. e HIJMANS, Robert J. **WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas.** *International Journal of Climatology*, v. 37, n. 12, p. 4302–4315, 2017. Disponível em: <<https://rmets.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/joc.5086>>.

FILHO, Arnaldo Carneiro e COSTA, Karine. São Paulo: Agroicone, 2016. p. 1–30

FLEMING, Theodore e GEISELMAN, Cullen e KRESS, W. **The evolution of bat pollination: A phylogenetic perspective.** *Annals of botany*, v. 104, p. 1017–43, Set 2009.

FORZZA, Rafaela Campostrini. **REVISÃO TAXONÔMICA DE ENCHOLIRIUM MART. EX SCHULT. & SCHULT. F. (PITCAIRNIOIDEAE - BROMELIACEAE).** *Boletim de Botânica da Universidade de São Paulo*, v. 23, n. 1, p. 1–49, 2005. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/42871669>>.

FRANKLIN, Janet e MILLER, Jennifer A. **Mapping species distributions: Spatial inference and prediction.** [S.l: s.n.], 2010. p. 320

GÉRARD, Maxence e colab. **Global warming and plant-pollinator mismatches.** Emerging Topics in Life Sciences, v. 4, Abr 2020.

GOROSTIAGUE, Pablo e SAJAMA, Jesús e ORTEGA-BAES, Pablo. **Will climate change cause spatial mismatch between plants and their pollinators? A test using Andean cactus species.** Biological Conservation, v. 226, p. 247–255, 2018. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0006320717318426>>.

GÓMEZ-RUIZ, Emma P. e LACHER JR., Thomas E. **Climate change, range shifts, and the disruption of a pollinator-plant complex.** Scientific Reports, v. 9, n. 1, p. 14048, 1 Out 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41598-019-50059-6>>.

HEGLAND, Stein e colab. **How does climate warming affect plant-pollinator interactions?** Ecology letters, v. 12, p. 184–95, Dez 2008.

HERNANDEZ, Pilar A. e colab. **The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods.** Ecography, v. 29, n. 5, p. 773–785, 2006. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.0906-7590.2006.04700.x>>.

HIJMANS, Robert e SPOONER, David. **Geographic Distribution of Wild Potato Species.** American journal of botany, v. 88, p. 2101–12, Nov 2001.

INPE, COORDENAÇÃO GERAL DE OBSERVAÇÃO DA TERRA. **PRODES – Incremento anual de área desmatada no Cerrado Brasileiro.** Disponível em: <<http://www.obt.inpe.br/cerrado>>.

IPCC. Summary for Policymakers. STOCKER, T. F. e colab. (Org.). Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge, United Kingdom; New York, NY, USA: Cambridge University Press, 2013. p. 1–30.

KEARNEY, Michael e WINTLE, Brendan e PORTER, Warren. **Correlative and mech-**

anistic models of species distribution provide congruent forecasts under climate change. Conservation Letters, v. 3, p. 203–213, Jun 2010.

KEARNS, Carol A. e INOUE, David W. e WASER, Nickolas M. **ENDANGERED MUTUALISMS: The Conservation of Plant-Pollinator Interactions.** Annual Review of Ecology and Systematics, v. 29, n. 1, p. 83–112, 1998. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.29.1.83>>.

LIU, Canran e WHITE, Matt e NEWELL, Graeme. **Selecting thresholds for the prediction of species occurrence with presence-only data.** Journal of Biogeography, v. 40, p. 778–789, Abr 2013.

Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção. [S.l.]: ICMBio/MMA, 2018. v. 1.

LÓPEZ-ARÉVALO, H. e colab. **Local knowledge and species distribution models' contribution towards mammalian conservation.** Biological Conservation, v. 144, p. 1451–1463, 2011.

MARTINELLI, Gustavo e MORAES, Miguel Avila. **Livro vermelho da flora do Brasil.** [S.l.]: Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2013. v. 1. p. 1100

MEMMOTT, Jane e colab. **Global warming and the disruption of plant-pollinator interactions.** Ecology letters, v. 10, p. 710–7, Set 2007.

MEROW, Cory e SMITH, Matthew J. e SILANDER JR, John A. **A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter.** Ecography, v. 36, n. 10, p. 1058–1069, 2013.

MILLER, Jennifer. **Species Distribution Modeling.** Geography Compass, v. 4, p. 490–509, Jun 2010.

MORATELLI, Ricardo. **Nova espécie de morcego da Mata Atlântica homenageia o Dr. Adriano Peracchi e revela outra espécie do Cerrado que pode estar criticamente ameaçada.** Disponível em: <<https://sbeq.wordpress.com/2013/10/22/nova-especie-de-morcego-da-mata-atlantica-homenageia-o-dr-adriano-peracchi-e-revela-outra->

especie-do-cerrado-que-pode-estar-criticamente-ameacada/>.

MOURA, Mariana Neves. **Hipóteses filogenéticas baseadas em caracteres moleculares e estudos do tamanho do genoma em *Dyckia* Schult. & Schult.f. e *Encholirium* Mart. ex Schult. & Schult.f. (Bromeliaceae).** 2014. mathesis – Universidade Federal de Viçosa, 2014.

NAIMI, Babak e ARAÚJO, Miguel B. **sdm: a reproducible and extensible R platform for species distribution modelling.** *Ecography*, v. 39, n. 4, p. 368–375, 2016.

NASCIMENTO, Maria Clara e colab. **Rediscovery of *Lonchophylla bokermanni* Szima, Vizotto and Taddei, 1978 (Chiroptera: Phyllostomidae: Lonchophyllinae) in Minas Gerais, and new records for Espírito Santo, southeastern Brazil.** *Check List*, v. 9, p. 1046–1049, Out 2013.

PARMESAN, Camille. **Ecological and Evolutionary Responses to Recent Climate Change.** *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, v. 37, p. 637–669, Dez 2006.

PARMESAN, Camille e YOHE, Gary. **A globally coherent fingerprint of climate change impacts across natural systems.** *Nature*, v. 421, p. 37–42, Fev 2003.

PBMC. **Base científica das mudanças climáticas. Volume 1 - Primeiro relatório de avaliação nacional.** Rio de Janeiro, Brasil: Painel Brasileiro de Mudanças Climáticas, 2014. p. 1–356

PECL, Gretta T. e colab. **Biodiversity redistribution under climate change: Impacts on ecosystems and human well-being.** *Science*, v. 355, n. 6332, p. eaai9214, 2017. Disponível em: <<https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.aai9214>>.

PHILLIPS, Steven J. e ANDERSON, Robert P. e SCHAPIRE, Robert E. **Maximum entropy modeling of species geographic distributions.** *Ecological Modelling*, v. 190, n. 3, p. 231–259, 2006. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S030438000500267X>>.

PINAYA, Jorge Luiz Diaz. **Processo de pré-análise para a modelagem de distribuição**

de espécies. 2013. mathesis – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2013.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing.** Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2021. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>.

RAFFERTY, Nicole e CARADONNA, Paul e BRONSTEIN, Judith. **Phenological shifts and the fate of mutualisms.** *Oikos*, v. 124, Set 2014.

SAZIMA, Ivan e VIZOTTO, Luiz e TADDEI, Antonio. **Uma nova espécie de Lonchophylla da Serra do Cipó, Minas Gerais, Brasil (Mammalia, Chiroptera, Phyllostomidae).** *Revista Brasileira de Biologia*, v. 38, p. 81–89, Jan 1978.

SAZIMA, Ivan e VOGEL, Stefan e SAZIMA, Marlies. **Bat pollination of *Encholirium glaziovii*, a terrestrial bromeliad.** *Plant Systematics and Evolution*, v. 168, p. 167–179, Ago 1989.

SCHWEIGER, Oliver e colab. **CLIMATE CHANGE CAN CAUSE SPATIAL MISMATCH OF TROPHICALLY INTERACTING SPECIES.** *Ecology*, v. 89, n. 12, p. 3472–3479, 2008. Disponível em: <<https://esajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1890/07-1748.1>>.

SIQUEIRA, Marinez Ferreira de e PETERSON, Andrew Townsend. **Consequences of global climate change for geographic distributions of cerrado tree species.** *Biota Neotropica*, 2003. Disponível em: <<https://www.biodiversitylibrary.org/part/108087>>.

STAUDE, Ingmar R. e NAVARRO, Laetitia M. e PEREIRA, Henrique M. **Range size predicts the risk of local extinction from habitat loss.** *Global Ecology and Biogeography*, v. 29, n. 1, p. 16–25, 2020. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/geb.13003>>.

The IUCN Red List of Threatened Species. Disponível em: <<https://www.iucnredlist.org>>.

VAN DER PUTTEN, Wim H. **Climate Change, Aboveground-Belowground Interactions, and Species' Range Shifts.** *Annual Review of Ecology, Evolution, and System-*

atics, v. 43, n. 1, p. 365–383, 2012.

VUUREN, Detlef P. Van e colab. **The representative concentration pathways: an overview.** Climatic Change, v. 109, 2011.

WALTHER, Gian-Reto e colab. **Ecological Responses to Recent Climate Change.** Nature, v. 416, p. 389–95, Abr 2002.

WASER, Nikolas e colab. **Generalization in Pollination Systems, and Why it Matters.** Ecology, v. 77, p. 1043–1060, Jun 1996.

WILLIAMS, Stephen e colab. **Towards an Integrated Framework for Assessing the Vulnerability of Species to Climate Change.** PLoS biology, v. 6, p. 2621–6, Jan 2009.

WISZ, M. S. e colab. **Effects of sample size on the performance of species distribution models.** Diversity and Distributions, v. 14, n. 5, p. 763–773, 2008. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1472-4642.2008.00482.x>>.

ZAMORA-GUTIERREZ, Veronica e colab. **Vulnerability of bat–plant pollination interactions due to environmental change.** Global Change Biology, v. 27, n. 14, p. 3367–3382, 2021. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/gcb.15611>>.