



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

AILTON MATHEUS AVELINO DE OLIVEIRA

Biogeografia Histórica de *Favolus brasiliensis* (Fr.) Fr.

Recife

2023

AILTON MATHEUS AVELINO DE OLIVEIRA

Biogeografia Histórica de *Favolus brasiliensis* (Fr.) Fr.

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador (a): Tatiana Baptista Gibertoni

Coorientador (a): Renato Lúcio Mendes Alvarenga

Recife

2023

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do programa de geração automática do SIB/UFPE

Oliveira, Ailton Matheus Avelino de .
Biogeografia Histórica de Favolus brasiliensis (Fr.) Fr. / Ailton Matheus
Avelino de Oliveira. - Recife, 2023.
49 : il., tab.

Orientador(a): Tatiana Baptista Gibertoni
Cooorientador(a): Renato Lúcio Mendes Alvarenga
Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de
Pernambuco, Centro de Biociências, Ciências Biológicas - Bacharelado, 2023.

1. Biogeografia Histórica. 2. Favolus brasiliensis. 3. Modelagem de
Distribuição. 4. Mudanças climáticas. 5. Polyporales. I. Gibertoni, Tatiana
Baptista. (Orientação). II. Alvarenga, Renato Lúcio Mendes. (Cooorientação). III.
Título.

500 CDD (22.ed.)

AILTON MATHEUS AVELINO DE OLIVEIRA

Biogeografia Histórica de *Favolus brasiliensis* (Fr.) Fr.

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas.

Aprovado em: 18/04/2023

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Tatiana Baptista Gibertoni (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof. Dr. Rodrigo César Gonçalves de Oliveira (Avaliador 1)
Universidade de Pernambuco

Prof. Dr. Jefferson Rodrigues Maciel (Avaliador 2)
Jardim Botânico do Recife

Prof. Me. Victor Leandro Silva (Suplente)
Universidade Federal de Pernambuco

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço à minha família, em especial à minha mãe, Alcilene, que sempre tentou me ajudar da sua forma. Ela sempre foi alvo de piadas familiares, por causa de seu filho indisciplinado, pouco inteligente e pouco esforçado. Agradeço à minha mãe por não ter desistido de mim. Também agradeço às minhas irmãs, Andreza e Alícea, por estarem comigo e acreditarem em mim. Às minhas tias, que me ajudaram financeiramente nesta jornada, Tia Albani e Tia Aldeni. Aos meus primos/irmãos, Alyson e Abel, pelos nossos momentos juntos, escutando músicas e conversando sobre a vida.

Agradeço a cada passo que consegui dar e me tornar quem sou hoje, pois não foi fácil. Mas durante essa caminhada, conheci pessoas maravilhosas que vieram me ajudar e fortalecer em cada passo, como meus amigos Éber e Matheus, que estão comigo desde o ensino médio. Também agradeço aos meus amigos que fiz durante a graduação e que hoje fazem parte desta história, Amaury (Meeenson), Gabriel, Saulo, Pedro, Matheus, Eduarda, Laís, Julia, Louize, Cláudia e Claudinha. Agradeço a todos que fizeram parte da minha vida acadêmica, ajudando diretamente ou indiretamente.

Agradeço às professoras que tive no ensino médio, professora Lúcia e Alba, que sempre estiveram comigo, me apoiando e acreditando na minha aprovação em um curso superior.

A jornada da graduação não é fácil, exige tempo e esforço. Sou eternamente grato à minha orientadora, Dra. Tatiana Baptista Gibertoni, por me acolher desde o primeiro período como BIA, e até então vem me guiando e transmitindo seu vasto conhecimento. Agradeço também aos meus colegas que fiz no laboratório de Basidiomycota, que direta ou indiretamente, contribuíram para minha jornada científica.

Agradeço, de coração, ao meu amigo e querido co-orientador, Renato Lúcio, por ter aceitado me orientar e pela sua paciência de transmitir seu conhecimento. Ao meu querido co-orientador, que se preocupou comigo e sempre quis me ajudar, acreditando no meu potencial. Por todas as "broncas" e risadas pelos erros cometidos, por sempre tentar dar o seu melhor mesmo nos seus piores dias. Tudo que me tornei hoje, com toda certeza, você foi a responsável por esse resultado.

“Tudo o que temos de decidir é o que fazer com o tempo que nos é dado [...]”. (Gandalf, cap. 2; TOLKIEN, J. R. R., 2000.)

RESUMO

As mudanças climáticas vêm causando alterações na distribuição de diversos organismos e, no geral, são um dos desafios globais. A distribuição de uma espécie é determinada por um conjunto de fatores que interagem dinamicamente em diferentes escalas (por exemplo, local, regional e continental). Uma das aplicações da modelagem de distribuição de espécies (MDE) é entender como as mudanças climáticas alteram a distribuição das espécies ao longo do tempo. Neste trabalho, buscamos compreender como as mudanças climáticas afetaram, afetam e afetarão a distribuição de *Favolus brasiliensis* (Fr.) Fr. no passado, no presente e no futuro. As áreas potenciais de *F. brasiliensis* foram modeladas utilizando apenas os registros de presença para diferentes tempos históricos e cenários futuros. Os resultados deste estudo mostraram que, durante o último máximo glacial e no Holoceno médio, a distribuição da espécie foi extremamente reduzida. Já no cenário atual, a espécie está bem estabelecida, com áreas potenciais cobrindo todo o Neotrópico, inclusive em regiões onde não foram registradas ocorrências da espécie. No cenário futuro, a espécie deverá manter sua distribuição, sem que haja grandes contrações ou alterações, apresentando ainda áreas estáveis em todo o Neotrópico.

Palavras-chave: Biogeografia Histórica; *Favolus brasiliensis*; Modelagem de Distribuição; Mudanças climáticas; Polyporales.

ABSTRACT

Climate change has been causing alterations in the distribution of various organisms, and overall, is one of the global challenges. The distribution of a species is determined by a set of factors that dynamically interact at different scales (e.g., local, regional, and continental). One application of species distribution modeling (SDM) is to understand how climate change alters the distribution of species over time. In this work, we aimed to understand how climate change has affected, affect and will affect the distribution of *Favolus brasiliensis* (Fr.) Fr. in the past, present, and future. We modeled the potential areas of *F. brasiliensis*, using only the presence records, for different historical times and future scenarios. The results of this study showed that during the Last Glacial Maximum and the Mid-Holocene, the distribution of the species was extremely reduced. In the current scenario, however, the species is well-established, with potential areas covering the entire Neotropics, including regions where no occurrences of the species were recorded. In the future scenario, the species is expected to maintain its distribution, without major contractions or alterations, presenting stable areas throughout the Neotropics.

Keywords: Climate change; *Favolus brasiliensis*; Historical Biogeography; Poylporales; Species Distribution modeling.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Basidioma de *Favolus brasiliensis*. 21
- Figura 2 – Mapa da distribuição potencial de *F. brasiliensis* com ocorrências distribuídas no Neotrópico. 29
- Figura 3 – Distribuição de *F. brasiliensis* no cenário atual em vermelho, caminhos socioeconômicos compartilhados em amarelo e as áreas estáveis em laranja. As áreas estáveis foram obtidas pela diferença entre o cenário atual e os cenários futuros. 31

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Variáveis ambientais utilizadas para modelar a distribuição potencial de <i>F. brasiliensis</i> . Em negrito, as selecionadas pelo VIF.	23
Tabela 2 – Resultado do modelo com os valores em cada algoritmo e ensemble	24
Tabela 3 – Contribuições das variáveis ambientais em cada algoritmo. Em negrito as contribuições mais significativas.	25
Tabela 4 – Área ocupada e não ocupada por <i>F. brasiliensis</i>	27

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

LGM	Last Glacial Maximum
MDE	Modelagem de Distribuição de Espécie
MH	Mid-Holocene
MXS	Maxent
MYA	Million Years Ago
RF	Random Forest
SUP	Mean of the best models
SSP	Shared Socioeconomic Pathways
SVM	Support Vector Machine

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	17
2.1 MUDANÇAS CLIMÁTICAS	17
2.2 MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES	18
2.3 OS FUNGOS	19
3 METODOLOGIA	23
3.1 COLETA DOS REGISTROS DE OCORRÊNCIA	23
3.2 PROCESSO DE MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES	23
3.3 VARIÁVEIS BIOCLIMÁTICAS	24
3.4 CATEGORIZAÇÃO PELA THE GLOBAL FUNGAL RED LIST	26
4 RESULTADOS	27
4.1 AVALIAÇÕES DOS MODELOS	27
4.2 DISTRIBUIÇÃO PASSADA	28
4.3 DISTRIBUIÇÃO ATUAL	29
4.4 DISTRIBUIÇÃO FUTURA	31
5 DISCUSSÃO	33
6 CONCLUSÃO	37
REFERÊNCIAS	38

1 INTRODUÇÃO

As mudanças climáticas vêm causando alterações na distribuição das espécies, levando à perda e fragmentação dos habitats e alterações nas amplitudes latitudinais e altitudinais na distribuição das espécies (GUO *et al.*, 2017). O aumento na temperatura média global no século passado, relatado pelo Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC, em inglês), foi suficiente para causar efeitos substanciais na distribuição de animais e plantas (ROOT *et al.*, 2003).

O IPCC prevê um provável aumento de 1,5°C ~ 4°C na temperatura média global até o final do século 21, caso não haja medidas mitigadoras (IPCC, 2018). Com essas possíveis mudanças no clima, diversas espécies passarão a mudar suas áreas de distribuição geográficas, levando as espécies menos adaptáveis à extinção (PECL *et al.*, 2017; SALES *et al.*, 2019). Entender como as mudanças climáticas impactam na distribuição das espécies é uma das abordagens utilizadas nos modelos de distribuições de espécies (BEAUMONT; HUGHES; POULSEN, 2005).

Os modelos de distribuição de espécie (MDE) tem diversos objetivos e têm sido utilizados tanto para estudar e identificar áreas prioritárias de conservação da biodiversidade em escalas espaciais variadas (RODRÍGUEZ *et al.*, 2007; SIQUEIRA *et al.*, 2009), como também para conservação de espécies raras/ameaçadas (ARAÚJO; WILLIAMS, 2000); perda de biodiversidade (POLASKY; SOLOW, 2001) e impactos de mudanças climáticas (PETERSON *et al.*, 2002; OBERHAUSER; PETERSON, 2003; SIQUEIRA; PETERSON, 2003).

O MDE consiste em uma abordagem que utiliza os dados de ocorrência de uma determinada espécie e um conjunto de dados climáticos para identificar as condições ambientais que predizem a distribuição (PELLETIER *et al.*, 2014). O MDE pode ser utilizado para estimar a distribuição das espécies, fazendo projeções da distribuição do passado, presente e futuro (CORDELLIER; PFENNINGER, 2009). As aplicações dessas ferramentas são extremamente úteis para entender o padrão da distribuição atual das espécies e entender como a espécie irá responder às mudanças climáticas futuras (CORDELLIER; PFENNINGER, 2009). Por exemplo, o estudo realizado por Pietras, Kolanowska e Selosse (2021), que utilizaram dessa abordagem para verificar a distribuição do fungo *Clathrus archeri* (Berk.) Dring, e entender como esta espécie se dispersou desde o último máximo glacial até o

presente, além da sua potencial distribuição no futuro em diferentes cenários de mudanças climáticas.

Estudos como esse destacam a importância da abordagem biogeográfica e da conservação das espécies de fungos, uma vez que esses organismos desempenham um papel vital nos processos florestais, como decompositores nos diversos ecossistemas, além de serem encontrados também como mutualistas e patógenos de plantas (VĚTROVSKÝ *et al.*, 2019). No entanto, apesar de sua importância, os fungos têm recebido pouca atenção em relação às questões climáticas e como essas mudanças afetarão as suas distribuições, quando comparado a animais e plantas, uma vez que os fungos não estão imunes às ameaças enfrentadas por animais e plantas, sendo também propensos a extinção (MUELLER *et al.*, 2022).

Os fungos são seres eucarióticos e heterotróficos e obtêm seu alimento por meio de excreções enzimáticas (ALEXOPOULOS *et al.*, 1994). O reino Fungi, atualmente, está dividido em 18 filos, dentre os quais Basidiomycota, constituindo o segundo filo com o maior número de espécies descritas (WIJAYAWARDENE *et al.*, 2020). Basidiomycota apresenta 18 classes, entre as quais Agaricomycetes (HE *et al.*, 2019). Os Agaricomycetes são um grupo bastante diversificado, conhecidos popularmente como orelhas-de-pau, cogumelos, entre outros (ALEXOPOULOS *et al.*, 1994). Dentro os Agaricomycetes, a ordem Polyporales apresenta cerca de 2544 espécies descritas até o momento (HE *et al.*, 2019). Os fungos que constituem a Polyporales apresentam características macro e micromorfológicas importantes para a delimitação das espécies, com variações no sistema hifal, grampos de conexão, entre outros (RYVARDEN, 1991).

Favolus brasiliensis (Fr.) Fr., membro de Polyporaceae, é uma espécie comumente encontrada no Neotrópico (SOTOME *et al.*, 2013). Essa espécie é caracterizada por apresentar uma coloração branca quando fresca e laranja a castanho quando seca, um himenóforo com poros 3-5 cm, brancos e alongados radialmente, uma superfície glabra (SOTOME *et al.*, 2013). Esse fungo é utilizado como alimento por diferentes grupos étnicos, tendo relatos da comercialização no México, Guatemala e na Amazônia peruana e brasileira (OMARINI; LECHNER; ALBERTÓ, 2009). Diversas aplicações biotecnológicas (OMARINI *et al.*, 2015) e alimentícias (RUÁN-SOTO *et al.*, 2006) já foram discutidas para essa espécie, entre outros. O objetivo do presente do trabalho é verificar a distribuição potencial no

passado, presente e futuro de *Favolus brasiliensis*, testando duas hipóteses: 1) a distribuição de *F. brasiliensis* vem diminuindo progressivamente desde o último máximo glacial e 2) as mudanças climáticas irão afetar a distribuição potencial futura de *F. brasiliensis*.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Mudanças climáticas

As mudanças climáticas, segundo IPCC, já estão acontecendo e podem se intensificar caso não haja medidas para mitigá-las. De modo geral, as mudanças climáticas ocorrem de forma natural com a radiação solar e movimentos orbitais da Terra, como também pode ser de origem antropogênica (WWF, 2022).

As atividades humanas, como queima de combustíveis fósseis e a mudança no uso da terra, favorecem a emissão de gases de efeito estufa, como por exemplo, dióxido de carbono, metano e óxido nitroso (RICHARDSON *et al.*, 2009; WWF, 2022). Esses gases que são emitidos bloqueiam parte do calor que é liberado pelo planeta para o espaço, agindo como uma barreira e/ou "cúpula" e, como consequência disso, há um aumento na temperatura, ou um aquecimento global na atmosfera, no oceano e na terra (RICHARDSON *et al.*, 2009).

O efeito estufa torna a terra habitável, mas o excesso desses gases do efeito estufa leva a diversos problemas, como aquecimento global, que está atrelado à diminuição da camada de gelo, além de aumento da frequência e intensidade de eventos climáticos extremos e a alterações nos ecossistemas (RICHARDSON *et al.*, 2009). As camadas de gelo apresentam uma grande importância, pois elas conseguem refletir parte da radiação que advém do sol (RICHARDSON *et al.*, 2009). Na ausência desse elemento, a água do mar tende a absorver em grande parte da radiação solar, o que pode aumentar a temperatura da água e, conseqüentemente, ter um impacto na dinâmica climática global (RICHARDSON *et al.*, 2009).

Além disso, as mudanças que ocorrem no clima também ameaçam a vida e a biodiversidade global e, portanto, é um dos fatores que levam diversas espécies, incluindo as mais generalistas, à extinção (THOMAS *et al.*, 2004). A perda de espécies hospedeiras pode causar danos consideráveis aos ecossistemas, como diminuição da produtividade e estabilidade de diversos táxons (DUFFY *et al.*, 2017). Conseqüentemente, os danos causados aos ecossistemas não ficam restritos apenas a eles, pois o ser humano depende e está ligado às teias de interações com outras espécies vivas (DUFFY *et al.*, 2017). Além disso, diversos serviços que são importantes para a vida humana são fornecidos por processos biológicos, que por sua vez, são realizados por diversos organismos, como por exemplo os fungos (VĚTROVSKÝ *et al.*, 2019).

2.2 Modelagem de distribuição de espécies

A distribuição de uma espécie no espaço geográfico é influenciada por fatores como condições abióticas (ex.: clima), interações bióticas e capacidade de dispersão (PEARSON; DAWSON, 2003; SOBERÓN, 2010). Em primeiro lugar, as condições abióticas, por exemplo, o clima representa o conjunto de condições favoráveis (estabelecimento e reprodução), agindo em grandes escalas espaciais (escalas continentais, global (PEARSON; DAWSON, 2003). As interações bióticas compreendem as relações ou interações que uma determinada espécie tem com outra, modificando a capacidade da espécie de manter suas populações (interações positivas ou negativas) e essas interações geralmente agem em uma escala geográfica local e a distribuição da espécie pode ser restringida (PEARSON; DAWSON, 2003). As interações negativas (ex.: parasitismo, competição e predatismo) podem atuar restringindo a espécie de ocupar áreas potenciais (LIMA-RIBEIRO; DINIZ-FILHO, 2013), enquanto as interações positivas (ex.: mutualismo) auxiliam a espécie a se manter em um ambiente favorável (ex.: associação micorrízicas; LIMA-RIBEIRO; DINIZ-FILHO, 2013).

As regiões acessíveis à dispersão da espécie é uma dada região atingível desde a sua origem (SOBERÓN; PETERSON, 2005). A interseção entre os fatores bióticos e abióticos compreende uma região que apresenta as condições favoráveis, no entanto, inacessível para a espécie (SOBERÓN; PETERSON, 2005). Isso é devido a existência de barreiras que limitam a acessibilidade da espécie, que, por sua vez, é determinada pela capacidade de dispersão de cada espécie (SOBERÓN; PETERSON, 2005; LIMA-RIBEIRO; DINIZ-FILHO, 2013). A interseção entre os todos os fatores é compreendida como o nicho realizado expresso da espécie, ou seja, a região na qual a espécie está presente de fato (SOBERÓN; PETERSON, 2005).

A modelagem de distribuição de espécies (MDE) segue essa teoria supracitada, no entanto, a MDE é capaz de realizar simulações da distribuição da espécie, embora sejam considerados apenas os dados abióticos, pois, na maioria das vezes há escassez de informação sobre os dados bióticos (JIMÉNEZ-VALVERDE; LOBO; HORTAL, 2008). Apesar disso, a MDE é uma ferramenta útil para estudos em ecologia, biogeografia e paleoecologia (SVENNING *et al.*, 2011;

SOBERÓN; OSORIO-OLVERA; PETERSON, 2017). A MDE consiste em um método usado para analisar ocorrências de determinadas espécies e variações ambientais, para elaborar uma previsão espacial, bem como para identificação de áreas prioritárias para conservação (VELAZCO *et al.*, 2020). Dessa forma, a MDE mostra, por meio de algoritmos e previsões confiáveis, as áreas potenciais nas quais as condições ambientais do indivíduo se assemelham àquelas onde os indivíduos foram encontrados e, conseqüentemente, apresenta áreas propícias ao desenvolvimento dos mesmos. No entanto, não há certeza que área potencial esteja sendo ocupada pela espécie (GIANNINI *et al.*, 2012).

Como a MDE consiste no processamento computacional, que combina os pontos de ocorrência e variações ambientais, surge uma problemática, que é a confiabilidade nos registros depositados nos bancos de dados (GIANNINI *et al.*, 2012). Uma vez que, somente uma lista de coordenadas geográficas é disponibilizada, fica a critério de o pesquisador confiar na precisão dessa lista e na taxonomia da espécie (GIANNINI *et al.*, 2012). Portanto, essa incerteza geográfica e taxonômica pode gerar resultados enganosos, levando a prejuízos econômicos e de conservação (GIANNINI, *et al.*, 2012).

Os estudos da distribuição geográfica estão sendo amplamente utilizados como uma alternativa para estudar e identificar áreas prioritárias de conservação das biodiversidades, como por exemplo: a utilização para conservação de espécies raras/ameaçadas (ARAÚJO; WILLIAMS, 2000); perda de biodiversidade (POLASKY; SOLOW, 2001), impactos de mudanças climáticas (PETERSON *et al.*, 2002; OBERHAUSER; PETERSON, 2003; SIQUEIRA; PETERSON, 2003), estudo das possíveis rotas de disseminação de doenças infecciosas (LEVINE *et al.*, 2007), auxílio na determinação de áreas prioritárias para conservação (ORTEGA-HUERTA; PETERSON, 2004), entre outros.

2.3 Os fungos

Os fungos são seres eucariontes, heterotróficos e têm um papel importante como decompositores nos diversos ecossistemas, podendo ser encontrados ainda em associações de simbiose com vários organismos (ALEXOPOULOS; MIMS; BLACKWELL, 1996). Eles podem apresentar diversas formas, como cogumelos, orelhas-de-pau, bolores, leveduras, entre outros (ALEXOPOULOS; MIMS;

BLACKWELL, 1996). Estudos apontam a existência de cerca de 5,1 a 10 milhões de espécies de fungos, dos quais apenas 120.000 são conhecidas pela ciência (BLACKWELL, 2011; HAWKSWORTH; LÜCKING, 2017; HYDE et al., 2018).

No Reino Fungi, o filo Basidiomycota constitui o segundo em maior número de espécies descritas (WIJAYAWARDENE et al., 2020). Este filo é caracterizado pela produção de basidiósporos (esporos sexuais) em uma estrutura denominada de basídio (ALEXOPOULOS; MIMS; BLACKWELL, 1996). Os fungos desse filo apresentam uma grande diversidade, podendo contabilizar cerca de 41.270 espécies (HE et al., 2019). Os Agaricomycetes, uma das classes de Basidiomycota, apresenta aproximadamente 31.143 espécies (HE et al., 2019) e compreende basicamente os basidiomicetos macroscópicos conhecidos popularmente como cogumelos, orelhas-de-pau, estrelas da terra, entre outros (ALEXOPOULOS; MIMS; BLACKWELL, 1996).

Polyporales Gäum (1926), uma das ordens de Agaricomycetes, apresenta aproximadamente 18 famílias, 285 gêneros e 2544 espécies (HE et al., 2019). É um grupo bastante diversificado, ligado ao ciclo do carbono, pois representam os mais eficientes decompositores de madeira (DEACON, 2005). As espécies presentes nessa ordem, comumente, podem ser divididas em podridão branca, que são eficientes na decomposição tanto da lignina quanto da celulose, e podridão parda, possuindo somente a capacidade de decompor a celulose (EASTWOOD et al., 2011; BINDER et al., 2013).

Suas características macro- e micromorfológicas são de grande importância para a delimitação das espécies, possuindo variações no sistema hifal, septos, a presença de elementos estéreis e os basidiósporos (RYVARDEN, 1991). Grande parte dos fungos da ordem Polyporales é saprófita, se nutrindo da decomposição de matéria orgânica vegetal (madeira), enquanto outros são parasitas de plantas, causando danos às mesmas (DEACON, 2005). Diversas espécies possuem importância médica e são largamente utilizadas por diversas culturas ao redor do mundo, como por exemplo *Ganoderma lucidum* (Curtis) P. Karst, *Inonotus obliquus* (Ach. ex Pers.) Pilát, entre outras (GRIENKE et al., 2014).

O gênero *Favolus* Fr. é um dos 285 gêneros de Polyporales. Esse gênero foi proposto no ano de 1805 por Palisot de Beauvois, baseado apenas em uma única espécie coletada na África (ZHOU; CUI, 2017). Mais tarde, outro gênero diferente foi descrito também como *Favolus* (Fr.) Fr. por Fries em 1828, baseado nas

características morfológicas da espécie *F. brasiliensis* (Fr.) Fr. originalmente coletado no Brasil (FRIES, 1828).

Esse gênero por muito tempo foi considerado como sinônimo de *Polyporus*, sendo até considerado por diversos estudiosos como um dos seis morfogrupos infra genéricos de *Polyporus* (NÚÑEZ; RYVARDEN, 1995). Posteriormente, em uma análise filogenética, Sotome et al. (2013) perceberam que as espécies agrupadas no gênero *Favolus* Fr. formavam dois clados diferentes, separando em dois gêneros *Favolus* Fr. e *Neofavolus* Sotome & T. Hatt. O grupo *Favolus*, alvo do estudo atual, é caracterizado, atualmente, por apresentar uma superfície pilear radialmente estriada, glabra ou adornada com um pileipellis indiferenciado sem hifas aglutinadas (SOTOME et al., 2013).

Favolus Fr. compreende cerca de 30 espécies distribuídas mundialmente, das quais cinco ocorrem na região neotropical (PALACIO et al., 2021): *F. brasiliensis*, *F. biskeletalis* (Corner) Zmitr. & Kovalenko, *F. elongoporus* (Drechsler-Santos & Ryvarden) Zmitr. & Kovalenko, e *F. ianthinus* (Gibertoni & Ryvarden) Zmitr. & Kovalenko e *F. albostipes* (Ryvarden & Iturr.) Zmitr. & Kovalenko. Os representantes desse gênero são eficientes decompositores de madeiras e, no geral, são considerados generalistas de podridão branca (decompositores de lignina e celulose; PALACIO et al., 2021). Em termos ecológicos, nesse gênero há representantes que são hospedeiros de diversos grupos de artrópodes micófitos (AMARINGO-CORTEGANO et al., 2013; FALASCHI et al., 2019; SANTA-BRÍGIDA et al., 2019). Além da importância ecológica, algumas espécies desse gênero são consumidas e fazem parte da dieta de diversos grupos étnicos (FIDALGO; PRANCE, 1976; CHRISTENSEN et al., 2008; RUÁN-SOTO et al., 2006; FLORES ARZÚ; COMANDINI; RINALDI, 2012)

Favolus brasiliensis (Fr.) Fr. é a espécie tipo do gênero *Favolus* Fr., sendo considerado um complexo de espécie pela comunidade científica (SOTOME et al., 2013). Essa espécie apresenta basidiomas anuais, estipitados lateralmente, com um píleo reniforme, flabeliforme a espatulado, uma superfície glabra, radialmente estriada, com um contexto de grande, fino e branco quando fresco (SOTOME et al., 2013)(Fig. 1). *Favolus brasiliensis* é de grande importância ecológica, com registros de associação com diversos grupos de insetos, como os besouros (Coleoptera), mariposas (Lepidoptera), Collembola e Diplopoda (AMARINGO-CORTEGANO et al., 2013). Esse fungo também apresenta importância em algumas culturas, sendo

coletado por diferentes grupos étnicos para alimentação e comercialização no México, Guatemala e na Amazônia peruana e brasileira (OMARINI; LECHNER; ALBERTÓ, 2009). No Brasil, a espécie recebe o nome de “Waikasö amo e Waikasamo” pelo grupo dos Yanomami, enquanto na aldeia Hoti da Amazônia venezuelana, a espécie é conhecida como “OKOLE 0iOKliLOi e ULI t3iOKliLOi” (FIDALGO; PRANCE, 1976; ZENT; ZENT; ITURRIAGA, 2004; SANUMA *et al.*, 2016). Fora isso, diversas aplicações biotecnológicas (OMARINI; LECHNER; ALBERTÓ, 2009, OMARINI *et al.*, 2015) e alimentícias (RUÁN-SOTO *et al.*, 2006) já foram discutidas para essa espécie.

Figura 1. Basidioma de *Favolus brasiliensis*.



Fonte: SILVA-NETO *et al.*(2021)

3 METODOLOGIA

3.1 Coleta dos registros de ocorrência

Para coletar dados sobre a distribuição atual do *F. brasiliensis*, foram utilizados registros da literatura e herbários disponíveis no Global Biodiversity Information Facility (GBIF). Apenas os registros de ocorrência na região neotropical e com espécimes preservados em herbários foram selecionados, desconsiderando os registros sem coordenadas precisas ou depositadas incorretamente.

3.2 Processo de modelagem de distribuição de espécies

Para o processo de modelagem da espécie, foi utilizado o pacote "ENMTML" (ANDRADE; VELAZCO; JÚNIOR, 2020) no ambiente do R (R Core Team 2016). O processo do ENMTML foi dividido em três etapas: pré-processamento, processamento e pós-processamento (ANDRADE; VELAZCO; JÚNIOR, 2020).

Na etapa do pré-processamento, foram inseridas as ocorrências e variáveis preditoras. Para os dados de ocorrência, não foi utilizado nenhum parâmetro para redução da autocorrelação. Um ponto importante para construção do modelo é redução da colinearidade das variáveis preditoras, portanto, para esse estudo foi utilizado o Variance Inflation Factor (VIF) para reduzir a colinearidade das variáveis (MARQUARIDT, 1970; BEAUMONT; HUGHES; POULSEN, 2005).

As áreas acessíveis são determinadas regiões utilizadas pela espécie por um período relevante de tempo (ANDRADE; VELAZCO; JÚNIOR, 2020). No entanto, nem sempre essas informações estão disponíveis para grande maioria das espécies, desta forma, para uma aproximação da possível área acessível da espécie, utilizamos shapefile das ecorregiões do Neotrópico (PETERSON *et al.*, 2001; LÖWENBERG-NETO, 2014). De acordo com o WWF, as ecorregiões são áreas delimitadas que abrangem uma grande extensão territorial e apresentam características geográficas distintas entre si. Cada ecorregião possui um conjunto característico de comunidades naturais que compartilham a maior parte de suas espécies, dinâmicas ecológicas e condições ambientais específicas (WWF, 2023).

Para alocar as pseudo-ausências, ponto crucial para a MDE, utilizamos o método de restrição ambiental que se baseia na região mais baixa adequada prevista por um modelo bioclimático (ENGLER; GUIAN; RECHSTEINER, 2004). A

aplicação desse método apresenta um maior poder explicativo, em relação aos modelos que alocam as pseudo-ausências aleatoriamente.

Para validação dos modelos, foi utilizado o Bootstrap como método de partição, que compreende um conjunto aleatório entre os subconjuntos de treinamento e teste (FIELDING; BELL, 1997; ANDRADE; VELAZCO; JÚNIOR, 2020). Assim, foram realizadas 10 réplicas de cada modelo, com 70% dos dados destinados para os modelos de treinamento e 30% para validação dos modelos.

Na etapa de processamento, consideramos três métodos para modelagem (algoritmos): 1) Máxima Entropia (características linear e quadrática) – MXS e 2) Support Vector Machine – SVM e 3) Random Forest – RF, que são métodos de Machine Learning (LIAW; WIENER, 2002; KARATZOGLOU *et al.*, 2004; PHILLIPS *et al.*, 2017).

E, por fim, na etapa de pós-processamento, utilizou-se como método para avaliação do modelo utilizamos a métrica de Jaccard, um índice de similaridade (LEROY *et al.*, 2018). Para essa métrica, um valor próximo de 1 indica que as predições são semelhantes às observações, enquanto o inverso indica um maior número de erros, sendo assim, um menor valor de similaridade com uma quantidade maior de falso positivos e falsos negativos (LEROY *et al.*, 2018). Os índices de similaridade, segundo Leroy *et al.* (2018), não são influenciados pela prevalência da espécie (LEROY *et al.*, 2018; NASCIMENTO *et al.*, 2022).

Para ajustar os modelos dos diferentes algoritmos, utilizamos o método de agrupamento “SUP”, que realiza uma média dos melhores algoritmos baseado nos valores de Jaccard, ou seja, aqueles algoritmos que apresentaram o índice de Jaccard acima da média (VELAZCO *et al.*, 2019). Posteriormente, os mapas gerados no ensemble foram editados programa do Q-GIS versão 3.16.14 (disponível em: https://www.qgis.org/pt_BR/site/forusers/download.html)

3.3 Variáveis bioclimáticas

A relação espécie-clima foi projetada para o passado, presente e três cenários futuros de mudanças climáticas utilizando as configurações já descritas. As 19 variáveis bioclimáticas mais elevação foram baixadas do site WorldClim (<https://www.worldclim.org/>), e estão representadas na tabela 1. A média dos anos

1970-2000 foi utilizada para construir os modelos de distribuição próxima ao atual (FICK; HIJMANS, 2017).

Para prever dados futuros de 2061 a 2080, usamos o modelo climático global CNRM-CM6-1, seguindo os Caminhos Socioeconômicos compartilhados (SSP) 126, 370 e 585, que preveem um possível aquecimento global de 3 a 5°C até 2100 (HAUSFATHER, 2019). O SSP 126 prevê um aquecimento de 3-3,5°C até 2100 e é considerado o caminho sustentável (HAUSFATHER, 2018; FAN *et al.*, 2022). O SSP 370 é um caminho intermediário, prevendo um aquecimento de 3,9-4,6°C até 2100 (HAUSFATHER, 2018; FAN *et al.*, 2022). O SSP 585 prevê alta produção econômica e consumo deliberado de energia sem controle, com um possível aquecimento global de 4,7-5,1°C até 2100 (HAUSFATHER, 2018; FAN *et al.*, 2022).

Os dados bioclimáticos para avaliar a possível distribuição da espécie no passado referente ao Último Máximo Glacial (LGM) e Holoceno Médio (MH), foram retiradas do World Clim 1.4 (HIJMANS *et al.*, 2005; <https://www.worldclim.com/paleo-climate1>), baseados no Projeto Intercomparação de Modelo Acoplado, Fase 5 (CMIP5). Dentre os modelos climáticos globais (GCMs) disponíveis, utilizamos o modelo CCSM4 tanto para o LGM, quanto para o MH (HIJMANS *et al.*, 2005), seguindo a metodologia do estudo realizado por Fan *et al.* (2022). Todos os conjuntos de variáveis utilizadas no estudo foram recuperados em uma resolução espacial de 2,5" minutos de arco (aprox. 5 km).

Tabela 1. Variáveis ambientais utilizadas para modelar a distribuição potencial de *F. brasiliensis*. Em negrito, as selecionadas pelo VIF.

ID	Biovariáveis
bio1	Temperatura média anual
bio2	Amplitude diurna média (Média mensal (temperatura máxima - temperatura mínima))
bio3	Isotérmica (BIO2/BIO7) ($\times 100$)
bio4	Sazonalidade da temperatura (desvio padrão $\times 100$)
bio5	Temperatura máxima do mês mais quente
bio6	Temperatura mínima do mês mais frio
bio7	Amplitude anual de temperatura (BIO5-BIO6)
bio8	Temperatura média do trimestre mais úmido
bio9	Temperatura média do trimestre mais seco

bio10	Temperatura média do trimestre mais quente
bio11	Temperatura média do trimestre mais frio
bio12	Precipitação anual
bio13	Precipitação do mês mais chuvoso
bio14	Precipitação do mês mais seco
bio15	Sazonalidade da precipitação (Coeficiente de Variação)
bio16	Precipitação do trimestre mais úmido
bio17	Precipitação do trimestre mais seco
bio18	Precipitação do trimestre mais quente
bio19	Precipitação do trimestre mais frio
elev	Elevação

3.4 Categorização pela The Global Fungal Red List

O site "The Global Fungal Red List" é uma iniciativa que tem como objetivo abordar a conservação de espécies fúngicas, bem como trazer as questões de conservação ao público (<http://iucn.ekoo.se/en/iucn/welcome>). A Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) traz de forma mais abrangente e objetiva o estado de conservação de uma determinada espécie. Há 10 categorias na Lista Vermelha da IUCN: Extinta (EX) ou regionalmente extinta (RE), Criticamente em Perigo (CR), Em Perigo (EN), Vulnerável (VU), Quase Ameaçada (NT), Pouco Preocupante (LC), Dados Insuficientes (DD), Não Aplicável (NA) e Não Avaliada (NE). A categorização de *F. brasiliensis* seguiu Dahlberg e Mueller (2011), em que os autores resumiram os aspectos básicos da lista vermelha da IUCN, de forma que seja aplicável para a maioria dos grupos de fungos.

4 RESULTADOS

A distribuição de *F. brasiliensis* foi elaborada com base nos registros coletados em banco de dados abertos (GBIF), espécimes preservados em herbário e da literatura. Ao total, foram reunidos 1.081 registros de ocorrência, no entanto, para a construção do modelo de distribuição, foram utilizados apenas 445 pontos de ocorrência. Diversos registros estavam localizados em um mesmo *grid* de acordo com a resolução espacial de 2,5", de aproximadamente 5 km por *grid*. Desta forma, se em uma determinada área geográfica houver 20 registros de ocorrência da espécie em um raio de 5 km, o modelo considera apenas um desses registros para a realização da modelagem de distribuição.

4.1 Avaliações dos modelos

Para avaliar os modelos, utilizamos o índice de Jaccard, que obteve uma pontuação entre 0,7 e 0,940, com SUP atingindo 0,937, indicando excelente desempenho do modelo (Tab. 2). Entre os algoritmos usados neste estudo, o Maxent apresentou os piores resultados, com valores entre 0,652 e 0,893 nas métricas de avaliação, enquanto o Random Forest apresentou os melhores resultados, com valores acima de 0,9, indicando excelente desempenho desse algoritmo (Tab. 2). Com base nos modelos gerados, a Precipitação do trimestre mais quente (bio18) e a Faixa anual de temperatura (BIO5-BIO6) contribuíram significativamente para a distribuição da espécie entre as variáveis bioclimáticas utilizadas neste estudo (Tab. 3). Em relação às demais biovariáveis, a Sazonalidade da Precipitação (Coeficiente de Variação; bio15) apresentou a menor importância para os modelos.

Tabela 2. Resultado do modelo com os valores em cada algoritmo e com ensemble

Espécie	Algoritmos	Métricas de avaliação				
		AUC	Kappa	TSS	Jaccard	Sorensen
<i>F. brasiliensis</i>	MXS	0,893	0,652	0,652	0,718	0,836
	RDF	0,993	0,938	0,938	0,940	0,969
	SVM	0,967	0,832	0,832	0,850	0,919
	SUP	0,991	0,935	0,935	0,937	0,967

Tabela 3. Contribuições das variáveis ambientais em cada algoritmo. Em negrito as contribuições mais significativas.

	Algoritmos	Biovariáveis	Valores
	SVM	bio7	0,303
		bio9	0,118
		bio15	0,015
		bio17	0,031
		bio18	0,356
		bio19	0,081
		elev	0,096
<i>F. brasiliensis</i>	RDF	bio7	0,192
		bio9	0,092
		bio15	0,070
		bio17	0,182
		bio18	0,244
		bio19	0,127
		elev	0,093
	MXS	bio7	0,153
		bio9	0,042
		bio15	0,094
		bio17	0,048
		bio18	0,281
		bio19	0,118
		elev	0,265

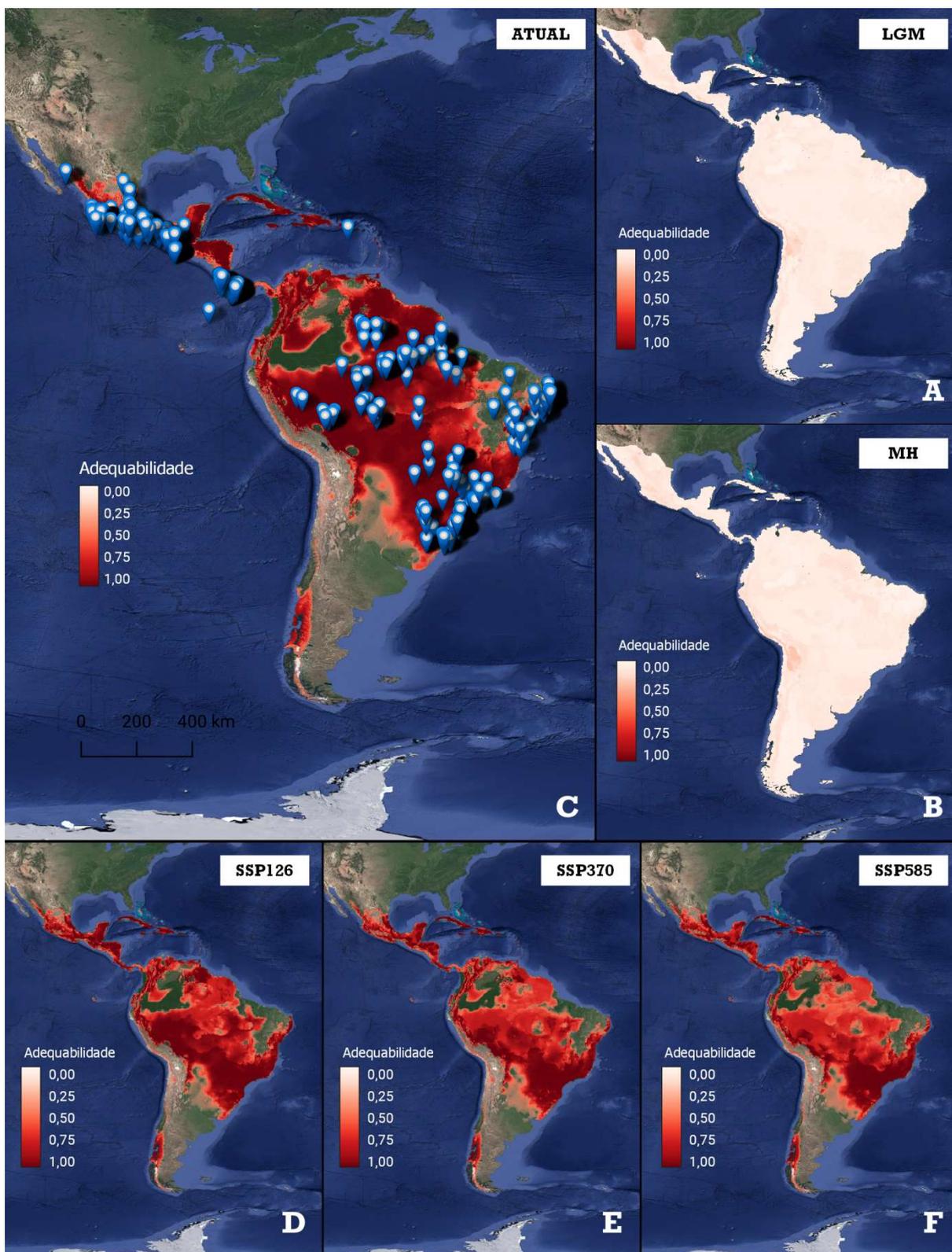
4.2 Distribuição passada

A distribuição estimada de *F. brasiliensis* não possuía áreas climaticamente adequadas durante o período glacial. A adequabilidade do mapa para esse período variou de 0,04 a 0,24, sugerindo que o resultado foi aleatório (Fig. 2a). O mesmo foi observado para o período do MH, quando a adequabilidade dos mapas seguiu a mesma variação, de 0,04 a 0,22 (Fig. 2b). Conforme o modelo, durante o LGM e o MH, a espécie não apresentava áreas climaticamente adequadas e provavelmente

também não permitindo inferir possíveis áreas de refúgio, o que sugere que o surgimento desta espécie seja relativamente recente.

4.3 Distribuição atual

Em nosso modelo, cerca de 12.9 milhões km² são climaticamente adequados para ocorrência de *F. brasiliensis*. No cenário atual, o mapa de adequabilidade da espécie cobriu, praticamente, todo Neotrópico (Fig. 2c). Segundo o modelo gerado, um total de 12.963.135,05 km² foi adequado para espécie nesse cenário, compreendendo aproximadamente 59% de toda extensão territorial do Neotrópico. A distribuição potencial condiz com a distribuição conhecida da espécie, com a presença de novas regiões potenciais de ocorrência da espécie, onde não há registros. Essas regiões compreendem parte do Chile, Bolívia, Peru, Equador, Colômbia, Venezuela, Guiana, Guiana Francesa, Suriname, Paraguai, Cuba, República Dominicana, pequenas áreas da Argentina e Uruguai, e também no Brasil, nos estados do Espírito Santo e Tocantins.

Figura 2. Mapa da distribuição potencial de *F. brasiliensis* com ocorrências distribuídas no Neotrópico.

Fonte: elaborado pelo autor (2023)

4.4 Distribuição futura

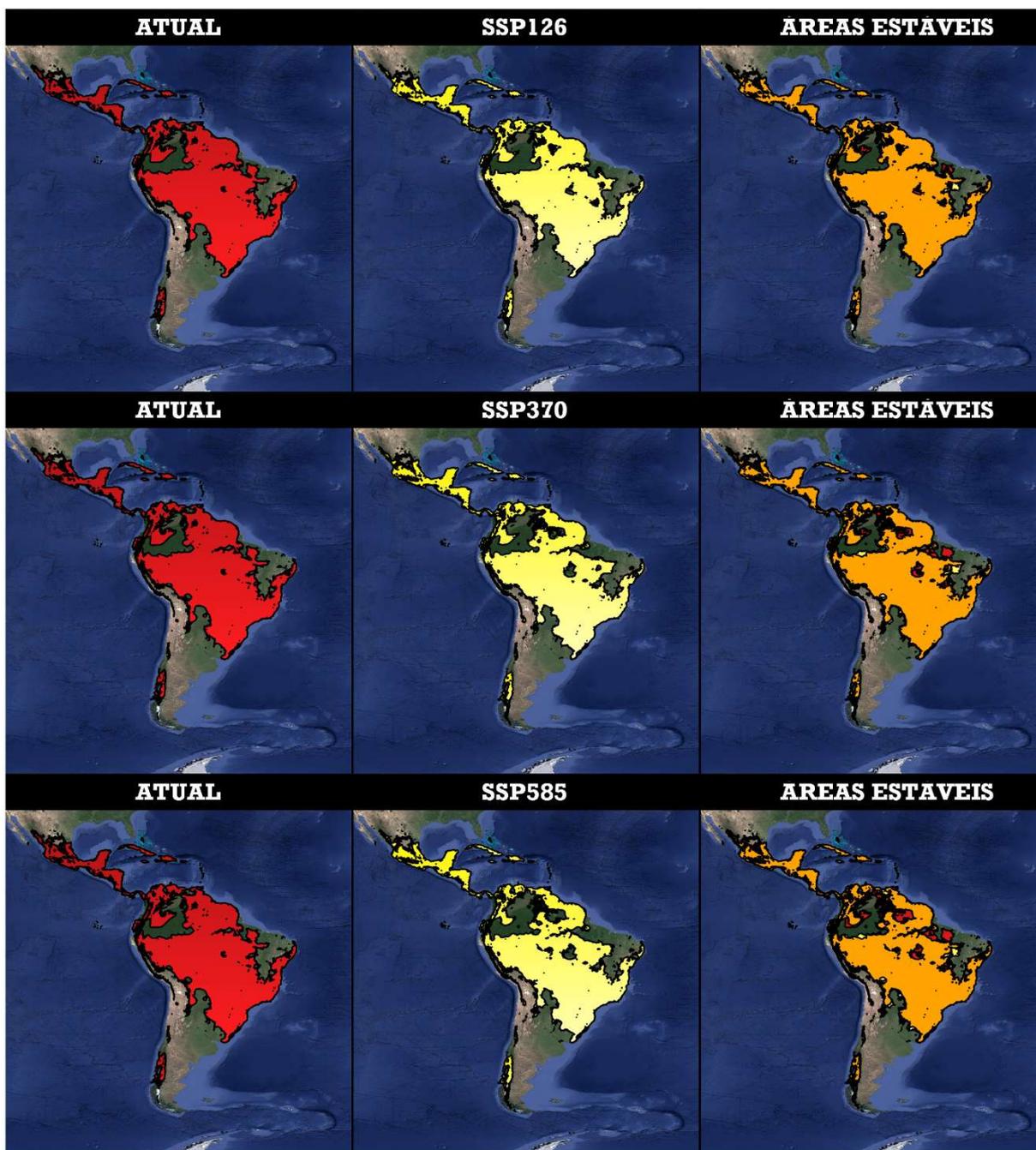
O modelo gerado mostrou que o alcance estimado da distribuição de *F. brasiliensis* pode apresentar pequenas reduções entre os cenários socioeconômicos compartilhados. O cenário SSP126 apresentou um total de 12.655.487,87 km² de área adequada, já no cenário SSP370, um total de 12.519.263,09 km² e, por fim, o cenário SSP585, com um total de 12.303.533,53 km² de área adequada (Tab. 4). O Neotrópico tem uma área total de 22 milhões de km². No cenário atual, cerca de 59% da área total do Neotrópico foi adequada para *F. brasiliensis*. Já para o cenário SSP126, cerca de 57% da área total do Neotrópico foi adequada. Houve uma contração do alcance estimado da espécie em 2% entre o cenário atual e SSP126. Para o cenário SSP370, cerca de 56% de área foi adequada para *F. brasiliensis*, uma contração do alcance da espécie de 3% entre o cenário atual e SSP370. E, por fim, no modelo gerado para o cenário SSP585, apenas 55% da área foi adequada para *F. brasiliensis*. Nesse cenário, houve uma contração de aproximadamente 4% do alcance da espécie (Tab. 4). De acordo com o modelo, espera-se que em todos os cenários haja pequenas diminuições na distribuição potencial da espécie diante das mudanças climáticas.

As áreas estáveis foram regiões que se mantiveram constantes entre o cenário atual e o cenário socioeconômico compartilhado. Todos os modelos gerados revelaram a existência de áreas estáveis para a espécie, como demonstrado na Figura 3. No cenário SSP126, dos 12.655.487,87 km² adequados, cerca de 12.276.306,187 km² foram as áreas comuns entre o cenário atual e SSP126 para *F. brasiliensis* (Fig. 3; Tab. 4). Para o cenário SSP370, dos 12.519.263,09 km² adequados, cerca de 11.917.616,841 km² foram as áreas estáveis para a espécie (Fig. 3; Tab. 4). E, para o cenário SSP585, as áreas estáveis compreenderam cerca de 11.626.678,811 km² de sua área total (Fig. 3; Tab. 4).

Tabela 4. Área ocupada e não ocupada por *F. brasiliensis*.

	Área não ocupada (km ²)	Área potencial futura(km ²)
Atual	9.108.737,95	12.963.135,05
SSP126	9.416.385,13	12.655.487,87
SSP370	9.552.609,91	12.519.263,09
SSP585	9.768.339,47	12.303.533,53

Figura 3. Distribuição de *F. brasiliensis* no cenário atual em vermelho, caminhos socioeconômicos compartilhados em amarelo e as áreas estáveis em laranja. As áreas estáveis foram obtidas pela diferença entre o cenário atual e os cenários futuros. Adequabilidade utilizada para construção das áreas estáveis foi $>0,7$.



Fonte: elaborado pelo autor (2023)

5 DISCUSSÃO

Os trabalhos com distribuição geográfica para fungos vêm crescendo ano após ano. Os modelos aqui gerados apresentaram excelente desempenho utilizando os dados presentes em diferentes herbários e em artigos científicos. A utilização desses organismos em estudos biogeográficos tem sido facilitada pelo uso de materiais de herbários/fungários e museus, uma vez que os espécimes representam o melhor registro de presença de uma espécie (WOLLAN *et al.*, 2008). No entanto, registros de herbários têm suas limitações, pois os espécimes muitas vezes são depositados com apenas identificação morfológica, como uma determinada espécie, e algumas vezes a identificação está incorreta, e isso pode prejudicar os estudos de modelagem de distribuição, pois não há uma forma efetiva para verificar todos os espécimes depositados (HORTAL *et al.*, 2011; LOBO; JIMÉNEZ-VALVERDE; REAL, 2008).

Apesar disso, o avanço tecnológico vem trazendo diversas abordagens e ferramentas estatísticas para prever a distribuição das espécies utilizando esses bancos de dados, com apenas dados de presença (ELITH; LEATHWICK, 2007). Para os fungos, há estudos que avaliam como os fatores ambientais influenciam as distribuições das espécies (WOLLAN *et al.*, 2008; YUAN; WEI; WANG, 2015), como também distribuição potencial de fungos ectomicorrízicos em múltiplos cenários de mudança climática (GUO *et al.*, 2017) ou até como os efeitos da incerteza taxonômica podem influenciar nos modelos de distribuição de fungos (FERNÁNDEZ-LÓPEZ *et al.*, 2021). Entretanto, há poucos estudos que abordam a modelagem passada, presente e futura para fungos não-patogênicos, como por exemplo estudo realizado por Pietras, Kolanowska e Selosse (2021).

Diferentemente das plantas e animais, os macros e microfósseis de fungos são raramente registrados em estudos paleoecológicos (PIETRAS; KOLANOWSKA; SELOSSE, 2021). Devido a suas estruturas delicadas, como por exemplo os basidiomas e esporos, dificilmente esses organismos fossilizam (ASCASO *et al.*, 2005; BEIMFORDE *et al.*, 2014). O primeiro fóssil fúngico, descoberto no ártico do Canadá, datou a existência dos fungos há 890-1,010 Mya (Milhões de anos atrás; LORON *et al.*, 2019). Estudos filogenéticos datam que o ancestral da ordem Polyporales se diversificou cerca de 141,81 Mya (JI *et al.*, 2022). No entanto, os

registros fósseis não estão disponíveis para essa ordem e para a grande maioria das linhagens de fungos.

Dessa forma, a modelagem de distribuição é uma ferramenta útil para reconstruir a história de fungos quando há ausência de material fóssil (PIETRAS; KOLANOWSKA; SELOSSE, 2021). Na Austrália, modelos de distribuição foram usados com sucesso para verificar a distribuição potencial no LGM do fungo *Clathrus archeri* (Berk.) Dring, uma espécie sapróbia australiana (PIETRAS; KOLANOWSKA; SELOSSE, 2021). Essa mesma abordagem contribui para o entendimento da distribuição da espécie até o momento atual. Dessa forma, nosso estudo mostrou pela primeira vez a distribuição potencial de um fungo saprotrófico neotropical, *F. brasiliensis*, há 22.000 anos durante o LGM e 6,000 anos no MH, no cenário atual e diferentes cenários futuros. No estudo realizado por Pietras, Kolanowska e Selosse (2021), os autores perceberam que as áreas adequadas para *Clathrus archeri* vêm diminuindo desde o LGM e que as mudanças climáticas antrópicas vêm acelerando a perda de habitat da espécie. Embora a espécie seja de uma linhagem diferente, nesse estudo, a área adequada para *F. brasiliensis* vem aumentando desde o LGM e MH.

Os ciclos glaciais do Pleistoceno, com destaque o período mais frio do LGM (26,000~19,000 anos atrás; CLARK *et al.*, 2009), fez com que houvesse uma reorganização dos ecossistemas, alterando a abundância das espécies e forçando movimentos em larga escala dos táxons, como consequente mudança nos padrões de distribuição das espécies (DAVIS, 1976; HUNTLEY; WEBB, 1989). Ocorrendo simultaneamente, diversos locais funcionavam como refúgios climáticos para diversas espécies, permitindo determinada espécie sobreviver a uma região com condições adversas (PROVAN; BENNETT, 2008; KEPPEL *et al.*, 2012). O Neotrópico, por sua vez, apresentava um clima um pouco mais frio e mais seco do que atualmente (RAY; ADAMS, 2001). Nosso modelo para o LGM mostrou amplitude extremamente reduzida para *F. brasiliensis*, com adequabilidade variando de 0,04-0,24 (Fig. 2b). Após o fim do Pleistoceno, o Holoceno Médio (MH) foi um período quente do Quaternário que apresentou rápidas mudanças no clima, com curtos períodos de resfriamento abrupto que moldaram a evolução das florestas (REBOREDO; PAIS, 2014). Apesar de ter mudanças no clima entre os períodos LGM e MH, não foi possível verificar diferenças significativas de áreas adequadas climaticamente para *F. brasiliensis*.

Na análise realizada por Ji *et al.* (2022), os autores mostram que o clado de *Favolus* sp. e *Neofavolus* sp. evoluiu concomitantemente a partir do mesmo ancestral, há cerca de 60 milhões de anos, enquanto o ancestral de *F. brasiliensis* foi datado de 46 milhões de anos atrás, durante o Eoceno. O clima durante o Eoceno era mais quente do que o atual, devido ao Máximo Térmico do Paleoceno-Eoceno, quando houve uma rápida liberação de gases de efeito estufa, aumentando a temperatura média global em 5-6°C (MCINERNEY; WING, 2011). Atualmente, esses gêneros, *Favolus* sp. e *Neofavolus* sp., estão distribuídos pela Ásia, África, América, Europa e Oceania. No entanto, nossos resultados mostraram que, em 22.000 e 6.000 anos atrás, não havia áreas adequadas climaticamente para a espécie, sugerindo que a linhagem que deu origem a *F. brasiliensis* seja mais recente, ou seja, pós holoceno médio. Uma possível explicação para esse contraste é que, na análise realizada por Ji *et al.* (2022), os autores utilizaram apenas um espécime coletado na Floresta Amazônica e depositado no Herbário do Instituto de Pesquisa da Amazônia (INPA). Dessa forma, estudos moleculares são necessários para um melhor entendimento e estimativa da divergência do clado *Favolus* sp e *Neofavolus* sp. e, conseqüentemente, do ancestral de *F. brasiliensis*.

Favolus brasiliensis foi descrita para a ciência em 1828, por Fries, que também descreveu o gênero *Favolus* Fr. com base nas características de *F. brasiliensis* que, segundo o pesquisador, era originalmente uma espécie tropical (FRIES, 1828). No entanto, as prováveis vias de dispersão de *F. brasiliensis* pelo Neotrópico ainda são desconhecidas, embora, conforme o resultado do modelo, seja provável que a espécie tenha preferência por condições climáticas mais próximas do clima atual e que sua distribuição prevista no Neotrópico é mais ampla do que sua distribuição conhecida (Fig. 2a). O modelo também indicou outras regiões adequadas para a espécie, no Chile, Bolívia, Peru, Equador, Colômbia, Venezuela, Guiana, Guiana Francesa, Suriname, Paraguai, Cuba, República Dominicana, pequenas áreas da Argentina e Uruguai, e também no Brasil, nos estados do Espírito Santo e Tocantins, onde nenhum registro da GBIF para esse fungo estava disponível (GBIF.org, 10 de janeiro de 2023).

Favolus brasiliensis apresenta basidioma anual, ou seja, se desenvolve apenas uma vez durante uma estação de crescimento (SOTOME *et al.*, 2013), o que dificulta a coleta e detecção. Segundo Pietras *et al.* (2016), os autores verificaram que as condições climáticas afetam as produções dos basidiomas, especialmente a

precipitação do mês mais seco para *Clathrus archeri*. Para *F. brasiliensis*, os valores da precipitação do trimestre mais quente foram fatores decisivos que influenciaram a ocorrência da espécie. No entanto, a precipitação do mês mais seco para essa espécie não apresentou nenhuma contribuição para o modelo da espécie. As alterações que ocorrem na precipitação durante o crescimento vegetativo são um fator crucial que afeta a produção de basidioma em fungos comestíveis (TAYE *et al.*, 2016; SALERNI; PERINI; GARDIN, 2014). Como o *F. brasiliensis* é um fungo comestível utilizado por diferentes grupos étnicos, principalmente pelo grupo Yanomami no Brasil (RUÁN-SOTO *et al.*, 2006), espera-se que as alterações climáticas não afetem diretamente a produção de basidioma dessa espécie.

Segundo o modelo, é provável que a *F. brasiliensis* não encontre grandes alterações na distribuição ao longo dos anos (Fig. 2d, e, f). Com base no cenário de mudanças climáticas SSP585, é possível observar que há uma pequena contração de 659 mil km² na distribuição potencial da espécie (Tab. 4). No entanto, no geral, essa contração não afetará significativamente a espécie, uma vez que a IUCN atribuiu o status de vulnerável às espécies cuja área ocupada diminuiu em mais de 30% nos últimos 15 a 30 anos (IUCN, 2022). Com base nos modelos, nós categorizamos previamente a espécie como “Pouco preocupante”, pois embora haja uma contração na distribuição futura da espécie nos três cenários estudados, é provável que a população da espécie permaneça acima do limite crítico de conservação (<http://iucn.ekoo.se/iucn/species/190372>).

6 CONCLUSÃO

As ferramentas de modelagem são úteis para analisar e estudar a distribuição de uma espécie. Neste estudo, mostramos a modelagem da distribuição passada, presente e futura de uma espécie de fungo lignícola. Os resultados indicaram que no último máximo glacial e no Holoceno médio, *F. brasiliensis* não apresentava áreas climaticamente adequadas e que a divergência da espécie provavelmente seja mais recente do que o Holoceno médio, contradizendo a hipótese 1. Para uma análise mais precisa da divergência dessa espécie ao longo do tempo, é recomendado que mais estudos moleculares sejam conduzidos para compreender o momento aproximado do surgimento da espécie.

Além disso, O estudo indicou que as mudanças climáticas, principalmente as antropogênicas, não afetarão significativamente a distribuição futura da espécie, refutando assim a hipótese 2 de que a espécie seria afetada pelas mudanças climáticas. Com base nesses dados, sugerimos manter a espécie como 'Pouco preocupante - LC' na lista da IUCN

REFERÊNCIAS

ALEXOPOULOS, C. J.; MIMS, Charles W.; BLACKWELL, M. M. **Introductory Mycology**. 4. ed. Nova Jersey: John Wiley & Sons, 1996. 880 p.

ALLOUCHE, O.; TSOAR, A.; KADMON, R. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (tss). **Journal Of Applied Ecology**, v. 43, n. 6, p. 1223-1232, 12 set. 2006. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01214.x>.

ANDRADE, A. F. A.; VELAZCO, S. J. E.; MARCO-JÚNIOR, P. ENMTML: an R package for a straightforward construction of complex ecological niche models. **Environmental Modelling & Software**, v. 125, p. 104615, mar. 2020. <http://dx.doi.org/10.1016/j.envsoft.2019.104615>.

AMARINGO-CORTEGANO, C.A. *et al.* Artrópodos Asociados a seis Especies de Hongos Comestibles de Ocurrencia Natural en Manaus, Amazonas, Brasil. **Biota Amazônia**, v. 3, n. 3, p. 54-63, 30 dez. 2013. <http://dx.doi.org/10.18561/2179-5746/biotaamazonia.v3n3p54-63>.

ARAÚJO, M. B; WILLIAMS, P. H. Selecting areas for species persistence using occurrence data. **Biological Conservation**, v. 96, n. 3, p. 331-345, dez. 2000. [http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207\(00\)00074-4](http://dx.doi.org/10.1016/s0006-3207(00)00074-4).

ASCASO, C. *et al.* Fossil protists and fungi in amber and rock substrates. **Micropaleontology**, v. 51, n. 1, p. 59, 2005.

BEAUMONT, L. J.; HUGHES, L.; POULSEN, M. Predicting species distributions: use of climatic parameters in bioclim and its impact on predictions of species current and future distributions. **Ecological Modelling**, v. 186, n. 2, p. 251-270, ago. 2005. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.01.030>.

BEIMFORDE, C. *et al.* Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 78, p. 386-398, set. 2014. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2014.04.024>.

BINDER, M. *et al.* Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1350-1373, 1 nov. 2013.. <http://dx.doi.org/10.3852/13-003>.

BLACKWELL, M. The Fungi: 1, 2, 3, 5.1 million species?. **American Journal Of Botany**, v. 98, n. 3, p. 426-438, mar. 2011. <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1000298>.

CORDELLIER, M.; PFENNINGER, M. Inferring the past to predict the future: climate modelling predictions and phylogeography for the freshwater gastropod *Radix balthica* (pulmonata, basommatophora). **Molecular Ecology**, [S.L.], v. 18, n. 3, p. 534-544, fev. 2009. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.04042.x>.

CHRISTENSEN, M. *et al.* Collection and Use of Wild Edible Fungi in Nepal. **Economic Botany**, v. 62, n. 1, p. 12-23, 29 abr. 2008. <http://dx.doi.org/10.1007/s12231-007-9000-9>.

CLARK, P. U. *et al.* The Last Glacial Maximum. **Science**, v. 325, n. 5941, p. 710-714, 7 ago. 2009. <http://dx.doi.org/10.1126/science.1172873>.

DAVIS, M. B. Pleistocene biogeography of temperate deciduous forests. **Geoscience and man**. 13:13-26. 1976.

DAHLBERG, A.; MUELLER, G. M. Applying IUCN red-listing criteria for assessing and reporting on the conservation status of fungal species. **Fungal Ecology**, [S.L.], v. 4, n. 2, p. 147-162, abr. 2011. <http://dx.doi.org/10.1016/j.funeco.2010.11.001>.

DEACON, J. **Fungal Biology**. 4. ed. John Wiley & Sons, 2005.

DUFFY, J. E. *et al.* Biodiversity effects in the wild are common and as strong as key drivers of productivity. **Nature**, v. 549, n. 7671, p. 261-264, set. 2017. <http://dx.doi.org/10.1038/nature23886>.

EASTWOOD, D. C. *et al.* The Plant Cell Wall–Decomposing Machinery Underlies the Functional Diversity of Forest Fungi. **Science**, [S.L.], v. 333, n. 6043, p. 762-765, 5 ago. 2011. <http://dx.doi.org/10.1126/science.1205411>.

ENGLER, R.; GUISAN, A.; RECHSTEINER, L. An improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-

absence data. **Journal Of Applied Ecology**, [S.L.], v. 41, n. 2, p. 263-274, abr. 2004. <http://dx.doi.org/10.1111/j.0021-8901.2004.00881.x>.

ELITH, J.; LEATHWICK, J. Predicting species distributions from museum and herbarium records using multiresponse models fitted with multivariate adaptive regression splines. **Diversity And Distributions**, [S.L.], v. 13, n. 3, p. 265-275, maio 2007. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1472-4642.2007.00340.x>.

FAN, Z. *et al.* Impacts of climate change on species distribution patterns of *Polyspora sweet* in China. **Ecology And Evolution**, [S.L.], v. 12, n. 12, dez. 2022. <http://dx.doi.org/10.1002/ece3.9516>.

FALASCHI, R. L. *et al.* *Neoceroplatus betaryiensis* nov. sp. (Diptera: keroplatidae) is the first record of a bioluminescent fungus-gnat in south america. **Scientific Reports**, [S.L.], v. 9, n. 1, 5 ago. 2019. <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-019-47753-w>.

FERNÁNDEZ-LÓPEZ, J. *et al.* DNA barcode analyses improve accuracy in fungal species distribution models. **Ecology And Evolution**, [S.L.], v. 11, n. 13, p. 8993-9009, 7 jun. 2021. <http://dx.doi.org/10.1002/ece3.7737>.

FICK, S. E.; HIJMANS, Robert J. WorldClim 2: new 1 :km spatial resolution climate surfaces for global land areas. **International Journal Of Climatology**, [S.L.], v. 37, n. 12, p. 4302-4315, out. 2017. <http://dx.doi.org/10.1002/joc.5086>.

FIELDING, A. H.; BELL, J. F. A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. **Environmental Conservation**, [S.L.], v. 24, n. 1, p. 38-49, mar. 1997. <http://dx.doi.org/10.1017/s0376892997000088>.

FRIES, E. M. **Elenchus Fungorum, sistens Commentarium in Systema Mycologicum**. Greifswald: Sumptibus Ernesti Mauriti. 238 p. 1828.

FLORES-ARZÚ, R.; COMANDINI, O.; RINALDI, A. C. A preliminary checklist of macrofungi of Guatemala, with notes on edibility and traditional knowledge. **Mycosphere**, v. 3, n. 1, p. 1-21, 2012.

GIANNINI, T. C. et al. Desafios atuais da modelagem preditiva de distribuição de espécies. **Rodriguésia**, [S.L.], v. 63, n. 3, p. 733-749, set. 2012. <http://dx.doi.org/10.1590/s2175-78602012000300017>.

GUO, Y. *et al.* Prediction of the potential geographic distribution of the ectomycorrhizal mushroom *Tricholoma matsutake* under multiple climate change scenarios. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, 10 abr. 2017. <http://dx.doi.org/10.1038/srep46221>

GRIENKE, U. *et al.* European medicinal polypores – A modern view on traditional uses. **Journal Of Ethnopharmacology**, [S.L.], v. 154, n. 3, p. 564-583, jul. 2014. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jep.2014.04.030>.

HAUSFATHER, Z. **Explainer: How ‘Shared Socioeconomic Pathways’ explore future climate change.** 2018. Disponível em: <https://www.carbonbrief.org/cmip6-the-next-generation-of-climate-models-explained/>. Acesso em: 25 dez. 2022.

HAUSFATHER, Z. **CMIP6: the next generation of climate models explained.** 2019. Disponível em: <https://www.carbonbrief.org/cmip6-the-next-generation-of-climate-models-explained/>. Acesso em: 25 dez. 2022.

HAWKSWORTH, D. L.; LÜCKING, Robert. Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 million species. **Microbiology Spectrum**, [S.L.], v. 5, n. 4, 25 ago. 2017. <http://dx.doi.org/10.1128/microbiolspec.funk-0052-2016>.

HORTAL, J. *et al.* Ice age climate, evolutionary constraints and diversity patterns of European dung beetles. **Ecology Letters**, [S.L.], v. 14, n. 8, p. 741-748, 6 jun. 2011. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1461-0248.2011.01634.x>.

HE, M. *et al.* Notes, outline and divergence times of Basidiomycota. **Fungal Diversity**, [S.L.], v. 99, n. 1, p. 105-367, nov. 2019. <http://dx.doi.org/10.1007/s13225-019-00435-4>.

HIJMANS, R. J. *et al.* Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. **International Journal Of Climatology**, [S.L.], v. 25, n. 15, p. 1965-1978, 2005. <http://dx.doi.org/10.1002/joc.1276>.

HYDE, K. D. *et al.* Thailand's amazing diversity: up to 96% of fungi in northern thailand may be novel. **Fungal Diversity**, [S.L.], v. 93, n. 1, p. 215-239, nov. 2018. <http://dx.doi.org/10.1007/s13225-018-0415-7>.

IPCC. Global warming of 1.5 C. An IPCC Special Report on the impacts of global warming of 1.5 (2018): 43-50.

IUCN Standards and Petitions Committee. Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria. Version 15.1; IUCN Standards and Petitions Committee: Gland, Switzerland, 2022

JIMÉNEZ-VALVERDE, A.; LOBO, J. M.; HORTAL, J. Not as good as they seem: the importance of concepts in species distribution modelling. **Diversity And Distributions**, v. 14, n. 6, p. 885-890, nov. 2008. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1472-4642.2008.00496.x>.

Jl, X. *et al.* Taxonomy, phylogeny and divergence times of *Polyporus* (Basidiomycota) and related genera. **Mycosphere**, v. 13, n. 1, p. 1-52, 2022.

KARATZOGLU, A. *et al.* Kernlab- AnS4Package for Kernel Methods in R. **Journal Of Statistical Software**, [S.L.], v. 11, n. 9, 2004. <http://dx.doi.org/10.18637/jss.v011.i09>.

KIRK, P. M. *et al.* **Ainsworth & Bisby's dictionary of the fungi**. 10. ed. Wallingford: Cabi, 2008.

KEPPEL, G. *et al.* Refugia: identifying and understanding safe havens for biodiversity under climate change. **Global Ecology And Biogeography**, [S.L.], v. 21, n. 4, p. 393-404, 14 jun. 2011. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1466-8238.2011.00686.x>.

LEROY, B. *et al.* Without quality presence-absence data, discrimination metrics such as TSS can be misleading measures of model performance. **Journal Of Biogeography**, [S.L.], v. 45, n. 9, p. 1994-2002, 2 jul. 2018. <http://dx.doi.org/10.1111/jbi.13402>.

LEVINE, R. S. et al. Ecological Niche and Geographic Distribution of Human Monkeypox in Africa. **Plos One**, [S.L.], v. 2, n. 1, p. 176, 31 jan. 2007. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0000176>.

LÖWENBERG-NETO, P. Neotropical region: a shapefile of morrone's (2014) biogeographical regionalisation. **Zootaxa**, [S.L.], v. 3802, n. 2, p. 300, 26 maio 2014. <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.3802.2.12>.

LIAW, A.; WIENER, M. Classification and regression by random Forest. *R. News* 2, 18–22.

LIMA-RIBEIRO, M. S.; DINIZ-FILHO, J. A. F. **Modelos Ecológicos e a Extinção da Megafauna: Clima e Homem na América do Sul**. São Carlos: Editora Cubo, 2013. 155 p

LOBO, J. M.; JIMÉNEZ-VALVERDE, A.; REAL, R. AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. **Global Ecology And Biogeography**, [S.L.], v. 17, n. 2, p. 145-151, mar. 2008. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00358.x>.

LORON, C. C. *et al.* Early fungi from the Proterozoic era in Arctic Canada. **Nature**, [S.L.], v. 570, n. 7760, p. 232-235, 22 maio 2019. <http://dx.doi.org/10.1038/s41586-019-1217-0>.

MARQUARIDT, Donald W. Generalized Inverses, Ridge Regression, Biased Linear Estimation, and Nonlinear Estimation. **Technometrics**, [S.L.], v. 12, n. 3, p. 591-612, ago. 1970. <http://dx.doi.org/10.1080/00401706.1970.10488699>.

MUELLER, G. M. *et al.* What Do the First 597 Global Fungal Red List Assessments Tell Us about the Threat Status of Fungi? **Diversity**, [S.L.], v. 14, n. 9, p. 736, 7 set. 2022. <http://dx.doi.org/10.3390/d14090736>.

MCINERNEY, F. A.; WING, S. L. The Paleocene-Eocene Thermal Maximum: a perturbation of carbon cycle, climate, and biosphere with implications for the future. **Annual Review Of Earth And Planetary Sciences**, [S.L.], v. 39, n. 1, p. 489-516, 30 maio 2011. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev-earth-040610-133431>.

NASCIMENTO, A. C. *et al.* Current and future distributions of a native Andean bumble bee. **Journal Of Insect Conservation**, [S.L.], v. 26, n. 4, p. 559-569, 24 abr. 2022. <http://dx.doi.org/10.1007/s10841-022-00395-2>.

NÚÑEZ, M.; RYVARDEN, L. Polyporus (Basidiomycotina) and related genera. **Synopsis Fungorum** 10:1–85. 1995.

OBERHAUSER, K.; PETERSON, A. T. Modeling current and future potential wintering distributions of eastern North American monarch butterflies. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences**, [S.L.], v. 100, n. 24, p. 14063-14068, 11 nov. 2003. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.2331584100>.

OMARINI, A.; LECHNER, B. E.; ALBERTÓ, E. Polyporus tenuiculus: a new naturally occurring mushroom that can be industrially cultivated on agricultural waste. **Journal Of Industrial Microbiology & Biotechnology**, [S.L.], v. 36, n. 5, p. 635-642, 11 fev. 2009. <http://dx.doi.org/10.1007/s10295-009-0530-2>.

OMARINI, A. *et al.* Biotransformation of 1,8-cineole by solid-state fermentation of Eucalyptus waste from the essential oil industry using *Pleurotus ostreatus* and *Favolus tenuiculus*. **Folia Microbiologica**, [S.L.], v. 61, n. 2, p. 149-157, 6 set. 2015. <http://dx.doi.org/10.1007/s12223-015-0422-y>.

ORTEGA-HUERTA, M. A.; PETERSON, A. T. Modelling spatial patterns of biodiversity for conservation prioritization in North-eastern Mexico. **Diversity And Distributions**, [S.L.], v. 10, n. 1, p. 39-54, 6 jan. 2004. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1472-4642.2004.00051.x>.

PALACIO, M. *et al.* An overview of *Favolus* from the Neotropics, including four new species. **Mycologia**, [S.L.], v. 113, n. 4, p. 759-775, 4 maio 2021. <http://dx.doi.org/10.1080/00275514.2021.1878797>.

PECL, G. T. *et al.* Biodiversity redistribution under climate change: impacts on ecosystems and human well-being. **Science**, [S.L.], v. 355, n. 6332, 31 mar. 2017. <http://dx.doi.org/10.1126/science.aai9214>.

PELLETIER, T. A. *et al.* Historical Species Distribution Models Predict Species Limits in Western Plethodon Salamanders. **Systematic Biology**, [S.L.], v. 64, n. 6, p. 909-925, 19 nov. 2014. <http://dx.doi.org/10.1093/sysbio/syu090>.

PHILLIPS, S. J. *et al.* Opening the black box: an open-source release of maxent. **Ecography**, [S.L.], v. 40, n. 7, p. 887-893, 9 maio 2017. <http://dx.doi.org/10.1111/ecog.03049>.

PIETRAS, M.; KOLANOWSKA, M.; SELOSSE, M. Quo vadis? Historical distribution and impact of climate change on the worldwide distribution of the Australasian fungus *Clathrus archeri* (Phallales, Basidiomycota). **Mycological Progress**, [S.L.], v. 20, n. 3, p. 299-311, mar. 2021. <http://dx.doi.org/10.1007/s11557-021-01669-w>.

PEARSON, R. G.; DAWSON, T. P. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful?. **Global Ecology And Biogeography**, [S.L.], v. 12, n. 5, p. 361-371, 21 ago. 2003. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1466-822x.2003.00042.x>.

PETERSON, A. T. *et al.* Effects of global climate change on geographic distributions of Mexican Cracidae. **Ecological Modelling**, [S.L.], v. 144, n. 1, p. 21-30, out. 2001. [http://dx.doi.org/10.1016/s0304-3800\(01\)00345-3](http://dx.doi.org/10.1016/s0304-3800(01)00345-3).

PETERSON, A. T. *et al.* Future projections for Mexican faunas under global climate change scenarios. **Nature**, [S.L.], v. 416, n. 6881, p. 626-629, abr. 2002. <http://dx.doi.org/10.1038/416626a>.

POLASKY, S.; SOLOW, A. R. The value of information in reserve site selection. **Biodiversity And Conservation**, [S.L.], v. 10, n. 7, p. 1051-1058, 2001. <http://dx.doi.org/10.1023/a:1016618206124>.

PROVAN, J; BENNETT, K. Phylogeographic insights into cryptic glacial refugia. **Trends In Ecology & Evolution**, [S.L.], v. 23, n. 10, p. 564-571, out. 2008. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tree.2008.06.010>.

RAY, N.; ADAMS, J.M. A GIS-based Vegetation Map of the World at the Last Glacial Maximum (25,000-15,000 BP). **Internet Archaeology**, [S.L.], n. 11, 2001. <http://dx.doi.org/10.11141/ia.11.2>.

RICHARDSON, K. *et al.* **Climate change, global risks, challenges and decisions. Synthesis report.** 2009. 39 p.

RODRÍGUEZ, J. P. *et al.* The application of predictive modelling of species distribution to biodiversity conservation. **Diversity And Distributions**, [S.L.], v. 13, n. 3, p. 243-251, maio 2007. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1472-4642.2007.00356.x>.

REBOREDO, F.; PAIS, J. Evolution of Forest Cover in Portugal: from the miocene to the present. **Forest Context And Policies In Portugal**, [S.L.], p. 1-37, 2014. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-08455-8_1.

RUÁN-SOTO, F. *et al.* Process and dynamics of traditional selling wild edible mushrooms in tropical Mexico. **Journal Of Ethnobiology And Ethnomedicine**, [S.L.], v. 2, n. 1, 5 jan. 2006. <http://dx.doi.org/10.1186/1746-4269-2-3>.

ROOT, T. L. *et al.* Fingerprints of global warming on wild animals and plants. **Nature**, [S.L.], v. 421, n. 6918, p. 57-60, jan. 2003. <http://dx.doi.org/10.1038/nature01333>.

RYVARDEN, L. Genera of polypores: nomenclature and taxonomy. **Synopsis Fungorum** 5, Oslo: Fungiflora, 1991.

SALES, L. P. *et al.* Recalculating route: dispersal constraints will drive the redistribution of amazon primates in the anthropocene. **Ecography**, [S.L.], v. 42, n. 10, p. 1789-1801, 17 set. 2019.. <http://dx.doi.org/10.1111/ecog.04499>.

SALERNI, E.; PERINI, C.; GARDIN, L. Linking Climate Variables with *Tuber borchii* Sporocarps Production. **Natural Resources**, [S.L.], v. 05, n. 08, p. 408-418, 2014. <http://dx.doi.org/10.4236/nr.2014.58038>.

SANTA-BRÍGIDA, R. *et al.* Mycophagous Drosophilidae (Diptera) guild and their hosts in the Brazilian Amazon. **Papéis Avulsos de Zoologia**, [S.L.], v. 59, 23 abr. 2019. <http://dx.doi.org/10.11606/1807-0205/2019.59.20>.

SANUMA, O. I. *et al.* Sanömasamakönösamatökönipewöoawi ĩ tököwaheta: enciclopédia dos alimentos yanomami (sanöma). São Paulo; Boa Vista: Hutukara Associação Yanomami e Instituto Socioambiental, 2016.

SIQUEIRA, M. F.; PETERSON, A. T. Consequences of global climate change for geographic distributions of cerrado tree species. **Biota Neotropica**, [S.L.], v. 3, n. 2, p. 1-14, 2003. <http://dx.doi.org/10.1590/s1676-06032003000200005>.

SIQUEIRA, M. F. *et al.* Something from nothing: using landscape similarity and ecological niche modeling to find rare plant species. **Journal For Nature Conservation**, [S.L.], v. 17, n. 1, p. 25-32, jan. 2009. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jnc.2008.11.001>.

SILVA-NETO, C. M. *et al.* Food production potential of *Favolus brasiliensis* (Basidiomycota: polyporaceae), an indigenous food. **Food Science And Technology**, [S.L.], v. 41, n. 1, p. 183-188, jun. 2021. <http://dx.doi.org/10.1590/fst.12620>.

SOBERÓN, J.; PETERSON, A. T. Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas. **Biodiversity Informatics**, [S.L.], v. 2, 13 jan. 2005. <http://dx.doi.org/10.17161/bi.v2i0.4>.

SOBERÓN, J. M. Niche and area of distribution modeling: a population ecology perspective. **Ecography**, [S.L.], v. 33, n. 1, p. 159-167, fev. 2010. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1600-0587.2009.06074.x>.

SOBERÓN, J.; OSORIO-OLVERA, L.; PETERSON, A. T. Diferencias conceptuales entre modelación de nichos y modelación de áreas de distribución. **Revista mexicana de biodiversidad**, v. 88, n. 2, p. 437-441, 2017.

SOTOME, K. *et al.* Taxonomic study of *Favolus* and *Neofavolus* gen. nov. segregated from *Polyporus* (Basidiomycota, Polyporales). **Fungal Diversity**, [S.L.], v. 58, n. 1, p. 245-266, 7 nov. 2013. <http://dx.doi.org/10.1007/s13225-012-0213-6>.

TAYE, Z. M. *et al.* Meteorological conditions and site characteristics driving edible mushroom production in *Pinus pinaster* forests of Central Spain. **Fungal Ecology**, [S.L.], v. 23, p. 30-41, out. 2016. <http://dx.doi.org/10.1016/j.funeco.2016.05.008>.

TOLKIEN, J. R. R. **O Senhor dos anéis: a sociedade do anel**. Reino Unido: Martins Fontes, 2000. 450 p.

THOMAS, C. D. *et al.* Extinction risk from climate change. **Nature**, [S.L.], v. 427, n. 6970, p. 145-148, jan. 2004. <http://dx.doi.org/10.1038/nature02121>.

VĚTROVSKÝ, T. *et al.* A meta-analysis of global fungal distribution reveals climate-driven patterns. **Nature Communications**, [S.L.], v. 10, n. 1, 13 nov. 2019. <http://dx.doi.org/10.1038/s41467-019-13164-8>.

SVENNING, J. C. *et al.* Applications of species distribution modeling to paleobiology. **Quaternary Science Reviews**, [S.L.], v. 30, n. 21-22, p. 2930-2947, out. 2011. <http://dx.doi.org/10.1016/j.quascirev.2011.06.012>.

VELAZCO, S. J. E. *et al.* A dark scenario for Cerrado plant species: effects of future climate, land use and protected areas ineffectiveness. **Diversity And Distributions**, [S.L.], v. 25, n. 4, p. 660-673, 10 jan. 2019. <http://dx.doi.org/10.1111/ddi.12886>.

VELAZCO, S. J. E. *et al.* Overprediction of species distribution models in conservation planning: a still neglected issue with strong effects. **Biological Conservation**, [S.L.], v. 252, p. 108822, dez. 2020. <http://dx.doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108822>.

WOLLAN, A. K. *et al.* Modelling and predicting fungal distribution patterns using herbarium data. **Journal Of Biogeography**, [S.L.], v. 35, n. 12, p. 2298-2310, dez. 2008. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2699.2008.01965.x>.

WWF. As mudanças climáticas. Disponível em: https://www.wwf.org.br/natureza_brasileira/reducao_de_impactos2/clima/mudancas_climaticas2/. Acesso em: 17 dec. 2022.

WWF. Uma rede pulsante de água e árvores. 2023. Disponível em: https://www.wwf.org.br/natureza_brasileira/areas_prioritarias/amazonia1/bioma_amazonia/ecossistemas_da_amazonia/. Acesso em: 3 jan. 2023.

WIJAYAWARDENE, N. N. *et al.* Outline of Fungi and fungus-like taxa. **Mycosphere**, [S.L.], v. 11, n. 1, p. 1060-1456, 2020. <http://dx.doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/8>.

YUAN, H. S.; WEI, Y. L.; WANG, X. G. Maxent modeling for predicting the potential distribution of Sanghuang, an important group of medicinal fungi in China. **Fungal**

Ecology, [S.L.], v. 17, p. 140-145, out. 2015.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.funeco.2015.06.001>.

ZENT, E. L.; ZENT, S.; ITURRIAGA, T. Knowledge and Use of Fungi by a Mycophilic Society of the Venezuelan Amazon. **Economic Botany**, 58(2), 214–226.
<http://www.jstor.org/stable/4256808>

ZHOU, J.; CUI, B. K. Phylogeny and taxonomy of *Favolus* (Basidiomycota). **Mycologia**, [S.L.], p. 1-14, 30 nov. 2017.
<http://dx.doi.org/10.1080/00275514.2017.1409023>.