

# Genetic non-invasive sampling (gNIS) as a cost-effective tool for monitoring elusive small mammals

Clara Mendes Ferreira<sup>1,2</sup>, Helena Sabino-Marques<sup>3,4</sup>, Soraia Barbosa<sup>1,2,5</sup>, Pedro Costa<sup>3,4</sup>, Cláudia Encarnação<sup>3,4</sup>, Russell Alpizar-Jara<sup>6</sup>, Ricardo Pita<sup>3,4,7</sup>, Pedro Beja<sup>1,7</sup>, António Mira<sup>3,4</sup>, Jeremy B. Searle<sup>1,2,5</sup>, Joana Paupério<sup>1#</sup>, Paulo Célio Alves<sup>1,2,8#</sup>

1 - InBIO/CIBIO, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus de Vairão, Vairão 4485-661, Portugal

2 - Departamento de Biologia, Faculdade de Ciências da Universidade do Porto, Porto, Portugal.

3 - InBIO/CIBIO-UE – Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Pólo de Évora, Universidade de Évora, Núcleo da Mitra, Apartado 94, 7002-554, Évora, Portugal.

4 – Unidade de Biologia da Conservação, Departamento de Biologia, Universidade de Évora, Évora, Portugal

5 - Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University, Ithaca, NY 14853, USA

6 - CIMA, Centro de Investigação em Matemática e Aplicações, IIFA, Departamento de Matemática, Escola de Ciências e Tecnologia, Universidade de Évora, Évora, Portugal

7 - CEABN/InBIO, Centro de Ecologia Aplicada “Professor Baeta Neves”, Instituto Superior de Agronomia, Universidade de Lisboa, Tapada da Ajuda, 1349-017 Lisboa, Portugal

8 - Wildlife Biology Program, University of Montana, Missoula, 59812 Montana, USA

Corresponding author: Clara Mendes Ferreira – claraferreira6@gmail.com +351 252 660411

Joana Paupério – joanapcastro@cibio.up.pt +351 252 660411

# contributed equally

**Online Resource 3** – Workflow for genotyping non-invasive samples. Criteria (smaller text) were followed between each step (grey boxes) to ensure the reliability of the final genotypes. Allele scoring and analysis were conducted independently by two users, to minimise bias. Successful extractions and amplifications are shown as continuous green lines (-), repetitions of the PCR amplification are shown as dashed orange lines (- -), and failed amplifications are shown as dotted red lines (. . .).

