
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Guilherme Manussakis Medeiros

**Padrões de especiação em espécies do gênero *Vitalius* (Araneae,
Theraphosidae) da região sul do Brasil.**



Rio Claro

2016

Guilherme Manussakis Medeiros

*Padrões de especiação em espécies do gênero Vitalius (Araneae,
Theraphosidae) da região sul do Brasil.*

Orientador: José Paulo Guadanucci

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Instituto de Biociências da
Universidade Estadual Paulista “Júlio de
Mesquita Filho” - Câmpus de Rio Claro,
para obtenção do grau de Bacharel em
Ciências Biológicas.

Rio Claro

2016

574.9 Medeiros, Guilherme Manussakis
M488p Padrões de especiação em espécies do gênero *Vitalius* /
Guilherme Manussakis Medeiros. - Rio Claro, 2016
38 f. : il., figs.

Trabalho de conclusão de curso (bacharelado - Ciências
biológicas) - Universidade Estadual Paulista, Instituto de
Biociências de Rio Claro

Orientador: José Paulo Guadanucci

1. Biogeografia. 2. Modelagem de espécies. 3.
Migalomorfas. 4. Aranha. I. Título.

Ficha Catalográfica elaborada pela STATI - Biblioteca da UNESP
Campus de Rio Claro/SP

Dedico este trabalho a minha mãe Lucia Helena Manussakis, ao meu pai Antonio, e minha namorada Bruna marques.

Agradecimentos

Primeiramente gostaria de agradecer a minha mãe, expressão máxima do sentimento amor em minha existência, que sempre foi rocha onde eu pude montar meus castelos ao longo da vida. Agradeço-a principalmente pela educação, lar, ensinamentos, paciência, e por todas as coisas que graças a ela nunca me faltaram. Espero ter metade desse poder cuidador, para um dia ser um pai excelente. Em seguida, gostaria de agradecer a minha família. Meu Pai que independente da situação sempre se mantém otimista, meus irmãos, avos, tios e primos, ou seja, todos aqueles que compartilham do meu sangue. Minha namorada Bruna que a partir de agora sempre vai acompanhar meus passos. sendo a parceira que eu sempre esperei.

Agradeço aqueles que proporcionaram minhas aventuras em Rio Claro uma das melhores lembranças de minha vida, e graças a essas companhias olhar para trás sempre valerá a pena. Por ordem de “chegada” agradeço aos amigos que conquistei nessa jornada, Muzambinho, Baiano, Cadu, Pistinão, Gabi, Rei Caveira, Zuado, Tarzan, Huck, Pirata, Dileve, Caue namoradas dos meus amigos, os rio clarenses natos (amigos dos amigos), minha banda (Primo,Rafa,Saidera),os ”coadjuvantes” que apesar de anônimos, tiveram sua parte na fatia do bolo, além da republicas em si (que atuam como entidades próprias no decorrer de uma vida universitária rio clarenses) Tijuana,Vila, Metazoa, Mojitos.

Agradeço também ao meu orientador Zé Paulo que me conduziu ao longo desse ultimo desafio da graduação, sempre presente, contribuindo diretamente para a fluidez do trabalho de forma harmônica.

Por fim, agradeço a música que vivenciei, e nutriu minha alma durante minha fase Rio Claro.

Obrigado.

Resumo

A evolução de programas e ferramentas para estudos biogeográficos tem permitido uma nova gama de interpretações sobre como as mudanças morfoclimáticas influenciam o processo de especiação. A modelagem de distribuição de espécies tem o propósito de estimar a distribuição de populações através de registros de ocorrência atuais, aliado a parâmetros ambientais. Graham et al. (2004) propõem que: ao realizar a modelagem de nicho para espécies irmãs é possível inferir qual evento ambiental (ex: mudanças climáticas, vicariância, etc...) teve o papel principal na especiação da população ancestral. Dependendo da disposição atual das espécies irmãs (simpatria, parapatría, alopatria) e das diferenças ambientais locais, seis cenários distintos são propostos. Alguns organismos têm características que os tornam modelos biogeográficos mais adequados, como aranhas Mygalomorphae que apresentam hábitos sedentários, alta endemidade local, e mecanismos de dispersão limitados. Hipóteses biogeográficas com aranhas migalomorfas do gênero *Vitalius* distribuídas entre as regiões sul e sudeste do Brasil sugerem que as espécies da região sudeste são distribuídas de acordo as mudanças geomorfológicas e ambientais ao longo do relevo do estado de São Paulo, todavia, ainda não foi proposta nenhuma hipótese para as espécies da região sul (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul) do Brasil. Atualmente a espécie *Vitalius roseus* localizada no Rio Grande do Sul apresenta uma distribuição alopátrica em relação à sua espécie irmã *Vitalius vellutinus*, localizada em São Paulo, e ao relacionar esse padrão de distribuição com a filogenia do gênero *Vitalius*, percebe-se que *V.roseus* e *V.vellutinus* são, atualmente, intercaladas pelo seu grupo externo *V.paranaensis*, surgindo dúvidas sobre quais eventos podem ter influenciado na separação da população ancestral e eventual especiação. São duas questões: 1-propor uma hipótese para explicar a distribuição disjunta das espécies irmãs, com base na modelagem de distribuição de espécies; 2-Avaliar os eventos pretéritos que podem ter tido influência no processo de especiação e avaliar quais fenômenos foram responsáveis por esta. O algoritmo utilizado para realizar a modelagem, MAXENT, tem o propósito de estimar a probabilidade de distribuição com entropia máxima das espécies. Primeiramente o Maxent assume que a probabilidade em todo espaço geográfico é perfeitamente uniforme, sendo posteriormente restringida pelas informações ambientais obtidas no registro de presença das espécies, limitando assim a distribuição geográfica. Utilizando informações ambientais para os períodos Último Máximo Glacial(21.000),

Holoceno(6.000) e presente(1950-2000), em conjunto com a história geomorfológica do local, é possível “recriar” cenários pretéritos para uma população e avaliar seu modo de especiação.

Lista de figuras

Figura 1. “Mecanismos de especiação sugeridos através da combinação de informação sobre o espaço geográfico e ambiental utilizados por linhagens irmãs” (fonte: Graham ET AL. 2004)”

Figura 2. Distribuição atual das espécies *Vitalius roseus*, *Vitalius paranaensis*, e *Vitalius vellutinus*.

Figura 3. Mapas resultantes da modelagem com valor de 0,25 do multiplicador de regularização. A) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. B) *V.roseus*-Holoceno. C) *V.roseus*-Presente. D) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. E) *V.vellutinus*-Holoceno. F) *V.vellutinus*-Presente. G) *V.Ancestral*-último máximo glacial. H) *V.Ancestral*-Holoceno.

Figura 4. Mapas resultantes da modelagem com valor 1 do multiplicador de regularização. I) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. J) *V.roseus*-Holoceno K) *V.roseus* Presente(1950-2000). L) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. M) *V.vellutinus*-Holoceno. N) *V.vellutinus*-Presente(1950-200). O) *V.Ancestral*-Último Máximo Glacial. P) *V.ancestral*-Holoceno.

Figura 5. Mapas resultantes da modelagem com valor 2 do multiplicador de regularização. Q) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. R) *V.roseus*-Holoceno S) *V.roseus* Presente(1950-2000). T) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. U) *V.vellutinus*-Holoceno. V) *V.vellutinus*-Presente(1950-200). W) *V.Ancestral*-Último Máximo Glacial. X-*V.ancestral*-Holoceno.

Figura 6. Modelagens de distribuição da espécie ancestral hipotética com o bioma da Floresta das Araucárias destacado, para os períodos último máximo glacial e holoceno. A- MR.(0,25) Último Máximo Glacial, B-MR.(2) Holoceno, C-MR.(0,25) Último Máximo Glacial, D-MR.(2) holoceno.

Figura 7. Distribuição atual das espécies *Vitalius roseus*, *Vitalius paranaensis* e *Vitalius vellutinus*, em relação ao bioma araucária destacado em verde.

Figura 8. Figura 8: Modelagens de distribuição das espécies *V.roseus* (A,B) e *V.vellutinus* (C) com o bioma da floresta das araucárias destacado para o período presente(1950-2000) .A-MR.(0,25), B-MR.(1), C-MR.(2).

Lista de tabelas

Tabela 1: Registros de ocorrência de *Vitalius roseus*

Tabela 2: Registros de ocorrência de *Vitalius vellutinus*.

Tabela 3: Relação entre os índices de AUC (area under the curve), e multiplicador de regularização nos mapas das figuras 4,5 e 6

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
1.1 Modelagem	11
1.2 MAXENT	12
1.3 Mygalomorphae	13
 2. OBJETIVOS	 15
 3. MATERIAIS E MÉTODOS	 17
3.1. Escolha das espécies	17
3.2. Envelopess climáticos	17
3.3. Modificando envelopes no Arc Map(ESRI ArcGIs)	18
3.4. Modelagem de distribuição	18
 4. RESULTADOS	 19
 5. DISCUSSÃO	 24
 6. CONCLUSÃO	 31
 7. REFERÊNCIAS	 32
 8. ANEXOS	 35

1. Introdução

Pesquisas integrando hipóteses filogenéticas com informações geográficas e ecológicas (LYNCH, 1989; CHESSER & ZINK, 1994; BARRACLOUGH ET AL., 1998; SCHNEIDER & MORITZ, 1998; SCHNEIDER ET AL. 1999) têm revelado novos “insights” que podem influenciar o modo de como o processo evolutivo, e a distribuição das espécies ao longo do tempo são interpretados (GRAHAM ET AL. 2004). Através da combinação entre hipóteses filogenéticas com o processo de modelagem de distribuição de espécies (MDS) baseado em variáveis climáticas, pode-se inferir distribuições históricas (HUGALL ET AL., 2002) e analisar a correlação entre especiação e mudanças ecológicas (PETERSON ET AL., 1999).

Com propósito de estimar o nicho ambiental das espécies, mapas de distribuição geográfica são criados através de registros de ocorrência que apresentem áreas de dimensões significativas suficientes para determinar parâmetros ambientais necessários à manutenção das espécies (GRAHAM ET AL., 2004). O nicho ambiental corresponde a todos os recursos e condições necessários para um organismo manter sua população viável (MACARTHUR, 1972). Todavia, existem áreas que mesmo apresentando o nicho ambiental adequado para determinada espécie, não são habitadas por ela. Fatores históricos como barreiras de dispersão, extinção e competição podem ter limitado a distribuição das espécies (ANDERSON ET AL., 2002) ocasionando isolamentos geográficos e áreas de endemismo.

Áreas de endemismo são regiões onde ocorre a distribuição congruente não aleatória entre duas ou mais espécies sem um limite de sobreposição definido, porém com relativa simpatria (PLATNICK, 1991). Esta congruência normalmente se correlaciona formações geológicas ou barreiras climáticas da região, permitindo assim, a avaliação das capacidades dispersivas das espécies (CRACRAFT, 1985).

O isolamento geográfico atua no processo de especiação interrompendo o fluxo gênico entre populações, resultando na formação de barreiras reprodutivas (LOMOLINO ET AL., 2010). Este processo de especiação em que duas espécies surgem a partir de uma população ancestral subdividida em duas áreas não conectadas é chamada de especiação alopátrica. Contudo, a especiação pode ocorrer em populações com distribuições espacialmente sobrepostas (LOMOLINO ET AL., 2010), cujas distribuições são a mesma da população ancestral, chamadas de especiação simpátrica. Ainda existe a possibilidade em que uma

população ancestral dá origem a duas novas espécies de distribuição contígua, sem que haja isolamento geográfico chamada especiação parapátrica.

A biogeografia histórica busca explicar o padrão de distribuição das espécies, e quais fatores são determinantes para a ocorrência desses padrões. Atualmente, com a variedade nos avanços e métodos de abordagem, bem como na quantidade de programas disponíveis, mapas de distribuição geográficas, aliados a hipóteses filogenéticas vêm sendo utilizados em estudos biogeográficos para explorar métodos geográficos alternativos de especiação (BARRACLOUGH ET AL., 1998; BARRACLOUGH & VOGLER 2000). Anteriormente, a maioria das tentativas para inferir modos de especiação comparava a distribuição geográfica em relação às filogenias sem considerar o espaço ambiental ocupado (GRAHAM ET AL., 2004). A inclusão de parâmetros ambientais nestas análises permite avaliar se a seleção divergente mediada por fatores ecológicos está consistentemente associada com a especiação (GRAHAM ET AL., 2004).

GRAHAM ET AL (2004) propuseram os seguintes modelos: se espécies irmãs alopátricas forem constantemente segregadas ao longo da variação do ambiente, então a seleção divergente por fatores ecológicos pode desempenhar um papel na especiação. Por outro lado, se espécies irmãs alopátricas habitarem ambientes semelhantes, então a divergência ecológica não corresponde como principal fator de especiação, sugerindo meios alternativos como divergência por isolamento accidental. Seguindo este raciocínio Graham et. al (2004) elaboraram um método capaz de inferir mecanismos de especiação a partir da modelagem de distribuição de espécies irmãs, indicando qual fator entre barreiras geográficas ou fatores ecológicos é mais influente neste processo. Dada a possibilidade de mudanças na distribuição geográfica ou ambiental após especiação, esta abordagem correlacional é mais convincente quando aplicado a um grande número de espécies. (PETERSON ET AL., 1999)

Assim, pode-se criar seis cenários de interesse (Fig. 1): Os casos de A-C sugerem a relação seleção ecologicamente divergente, associado a especiação ocorrendo em simpatria (caso A), parapatria (caso B), ou alopatria (caso C). Onde não há divergência nos parâmetros ambientais entre as espécies irmãs, sugere-se que a especiação ocorreu na ausência de divergência ecológica, através de prováveis eventos vicariantes (casos E e F). No caso (D) sugere-se que a especiação ocorreu apesar de ambos compartilharem o mesmo lugar e ambos viverem nas mesmas condições ambientais.

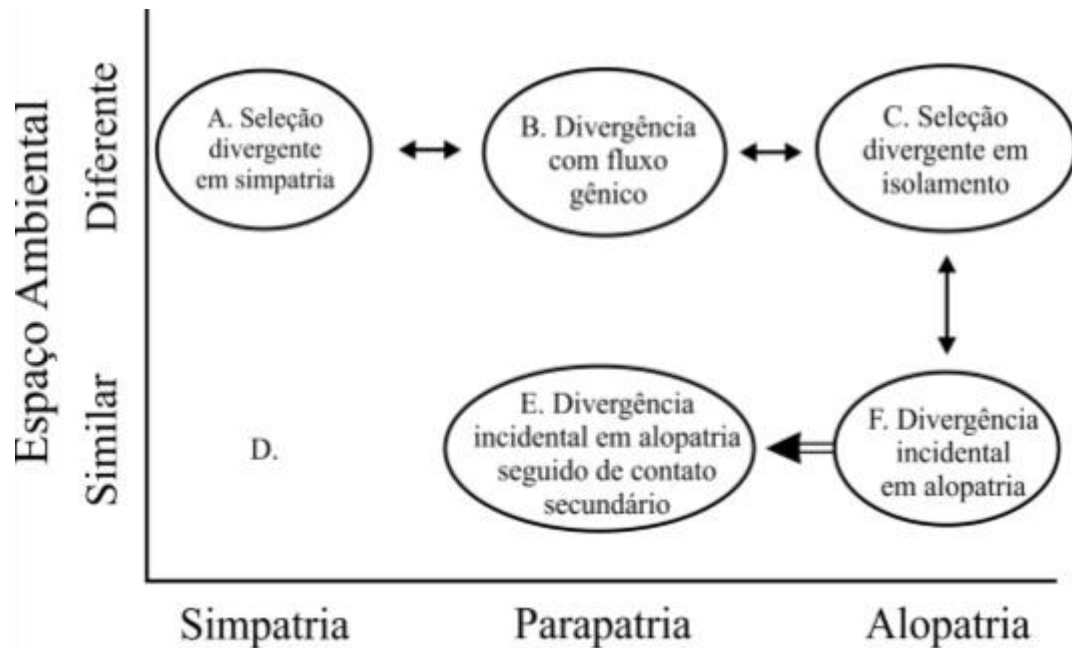


Figura 1: Hipóteses de mecanismos de especiação combinando-se a distribuição geográfica atual com o espaço ambiental para espécies irmãs. (fonte: Graham ET AL. 2004)

1.1 MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES

A modelagem de distribuição geográfica de espécies baseadas em condições ambientais constitui uma importante ferramenta para estudos biológicos analíticos, com aplicações nos campos de: conservação, ecologia, manejo de espécies invasoras, biogeografia, dentre outros (PETERSON ET AL., 1999; PETERSON & SHAW, 2003). O objetivo é desenvolver um modelo de distribuição de espécies relacionando registros de ocorrência com variáveis ambientais, para inferir e projetar potenciais locais em que populações de espécies possam ocorrer de acordo com suas necessidades ecológicas (GUISAN & THUILLER, 2005), observando como cada variável climática, provavelmente, pode influenciar no ambiente adequado das espécies (BROWN & LOMOLINO, 1998). Deste modo, o método de modelagem prevê a aptidão ambiental das espécies em função de variáveis ambientais, realizando uma aproximação do real nicho habitado pelas espécies.

Em alguns casos, registros de presença e ausência, ambos são disponíveis para a criação de modelos (GUISAN & ZIMMERMAN 2000). Todavia, enquanto existe abundância nos registros de presença, os registros de ausência são escassos, especialmente em regiões tropicais pouco amostradas (ANDERSON ET AL, 2002; PONDER ET AL, 2001). Além disso, mesmo quando estão disponíveis dados de ausência, muitas vezes, podem ter um valor questionável (ANDERSON ET AL., 2003). No entanto, técnicas de modelagem que requerem apenas dados de presença, apresentam resultados satisfatórios (GRAHAM ET AL., 2004). Para georreferência espacial, são denotadas a latitude e longitude dos registros de ocorrência, delimitando uma área geográfica cujas condições ambientais a serem analisadas serão retiradas. As condições ambientais apresentam formato GIS, e são fracionadas em pixels dentro da área de estudo. Quanto maior a quantidade de dados de presença, maior a probabilidade da área modelada coincidir com a área real de distribuição (PETERSON & HOLT, 2003).

1.2 MAXENT

Recentemente diversos métodos para a modelagem de espécies têm sido desenvolvidos, e aplicados extensivamente em estudos biogeográficos (GUISAN & ZIMMERMANN, 2000; GUISAN & THUILLER, 2005). Dentre os algoritmos disponíveis como: GARP, DOMAIN, BIOCLIM, o algoritmo MAXENT tem ganhado destaque, sendo comum sua utilização (PHILLIPS ET AL., 2006; ELITH ET AL., 2011). Maxent é um método cujo propósito é fazer predições ou inferências a partir de informações incompletas (PHILLIPS ET AL., 2006), e tem sido amplamente utilizado nos últimos anos para modelagem de nichos baseadas em dados de presença (PHILLIPS ET AL., 2006; PHILLIPS & DUDIK, 2008). O objetivo deste algoritmo é estimar uma probabilidade de distribuição com entropia máxima das espécies (distribuição mais uniforme) dentro de uma área de estudo (PHILLIPS ET AL., 2006). Primeiramente o Maxent assume que a probabilidade em todo espaço geográfico é perfeitamente uniforme, sendo posteriormente restringida pelas informações ambientais obtidas no registro de presença das espécies, limitando assim sua distribuição geográfica (PHILLIPS ET AL., 2006).

Phillips ET AL.(2006) enumeraram algumas vantagens do Maxent em relação a outros algoritmos : 1) o programa exige apenas os dados de presença (portanto não necessita de dados de ausência) aliados com a informação ambiental da área de estudo; 2) a probabilidade de distribuição no Maxent apresenta uma sólida definição matemática passível de análise,

podendo assim inferir individualmente o grau de influência de cada informação ambiental utilizada na modelagem; 3) a extrapolação da distribuição da área a ser modelada pode ser amenizada através do multiplicador de regularização; 4) os algoritmos utilizados pelo programa são precisos em garantir a máxima entropia de probabilidade de distribuição.

O MAXENT apresenta uma ferramenta chamada multiplicador de regularização que permite deixar a modelagem mais criteriosa restringindo, ou ampliando a área de distribuição predita dependendo do estudo proposto. Para identificar a configuração ótima para o modelo, diversos estudos vêm utilizando este parâmetro (ANDERSON & GONZALEZ JR., 2011). Para a correta aplicação do multiplicador de regularização, é necessária a escolha de uma área de estudo apropriada onde as interações bióticas e limites de dispersão não favoreçam uma distribuição não equilibrada, o que violaria as premissas da modelagem (ANDERSON & RAZA, 2010; ANDERSON & GONZALEZ JR., 2011). A regularização se baseia aplicando uma “multa” para cada variável ambiental avaliada (S.J. PHILLIPS ET AL., 2006). A força dessa “multa” é dada pelo valor de influência de cada variável climática independentemente, multiplicado pelo fator de regularização. Quanto menor for o fator de regularização, menor será a área de distribuição modelada. Além do multiplicador de regularização, pode-se restringir à área modelada referenciando uma determinada localidade, a fim de filtrar a área a ser modelada.

1.3 MYGALLOMORPHAE

A infra-ordem Mygalomorphae (Orthognata) reúne 16 famílias, 334 gêneros e 28307 espécies (WORLD SPIDER CATALOG, 2015), sendo constituídas pelas aranhas caranguejeiras, aranhas de alçapão e aranhas tecedoras de funil (CODDINGTON & LEVI, 1991). Algumas espécies vivem de 15 a 30 anos, atingindo sua maturidade sexual a partir de 5 ou 6 anos (MAIN, 1978). Apresentam distribuição cosmopolita, entretanto são especialmente abundantes nas regiões tropicais e regiões austrais temperadas da América do Sul, África do Sul e Austrália (RAVEN, 1985). As migalomorfas apresentam características plesiomórficas como dois pares de pulmões foliáceos, perda das fiandeiras médias anteriores, fiandeiras laterais anteriores muito menores que as laterais posteriores, além de quelíceras ortognatas que se articulam longitudinalmente ao eixo do corpo (PLATNICK & GERTSCH, 1976).

Biogeograficamente, constituem um modelo informativo adequado, pois são animais com mecanismos de dispersão limitados, alta endemicidade local, e hábitos sedentários especialmente entre as fêmeas e juvenis (RAVEN, 2010), sendo possível encontrar uma gama de espécies em um espaço relativamente pequeno. Deste modo estes indivíduos estabelecem populações em micro habitats, interrompendo o fluxo gênico ao longo do tempo, contribuindo assim para especiação, resultando em um grande número de táxons com distribuições geográficas restritas (BOND ET AL., 2006).

A família Theraphosidae é a maior entre as Mygalomorphae, formada atualmente por 112 gêneros e 908 espécies, sendo responsável por 35% de toda a diversidade da subordem (PLATNICK, 2008). Nesta família são encontradas as maiores aranhas do mundo popularmente conhecidas como caranguejeiras no Brasil, e tarântulas na América do Norte. Dentre os inúmeros gêneros presentes no Brasil, o gênero *Vitalius* chama atenção devido a sua distribuição que parece estar relacionada com eventos geológicos históricos, que ocorreram nas regiões sul e sudeste do Brasil, responsáveis pela formação da Serra do Mar, e Serra da Mantiqueira, através de atividades tectônicas no período Oligoceno até o Pleistoceno, e da depressão periférica na fronteira leste da bacia do Paraná ao longo do Terciário e Quaternário (Ross, 1996).

Em *Vitalius* 5 das 9 espécies apresentam sua distribuição relacionada de acordo com as mudanças geomorfológicas e ambientais ao longo do relevo do estado de São Paulo (BERTANI, 2001), porém para as espécies distribuídas na região sul (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul) nenhuma hipótese biogeográfica foi levantada. Ao revisar a filogenia do gênero *Vitalius*, constata-se que a espécies irmãs, *Vitalius roseus* (MELLO-LEITÃO, 1923), localizada no Rio Grande do Sul(RS), e *Vitalius vellutinus* (MELLO-LEITÃO, 1923), localizada nas regiões central e oeste do estado de São Paulo(SP) atualmente apresentam uma distribuição alopátrica, intercaladas pela distribuição de *V. paranaensis* (LUCAS ET AL. 1993) no Paraná (PR) (Fig. 2) que, segundo Bertani (2001), é grupo irmão de *V. roseus*+*V. vellutinus*. Considerando que o evento de cladogênese de *V. roseus*+*V. vellutinus* é mais recente que aqueles que originou *V. paranaensis* e o ancestral de *V. roseus*+*V. vellutinus*, essa distribuição disjunta deixa dúvidas a respeito da manutenção do fluxo gênico entre as populações do Rio Grande do Sul e São Paulo. Devido à distribuição geográfica de *V. paranaensis* ocorrer entre as espécies irmãs, seria mais plausível que este grupo externo, na verdade, fosse a espécie irmã de *V. roseus* ou *V. vellutinus*, resultado de uma especiação parapátrica, ou uma especiação alopátrica com posteriores eventos de dispersão. Nesse

contexto, há duas possibilidades: 1 - a proposta de relacionamento entre as espécies *V. roseus*, *V. vellutinus* e *V. paranaesis* não reflete a realidade; 2 – o fluxo gênico entre as populações do ancestral de *V. roseus* e *V. vellutinus* foi mantido através de algum corredor ecológico ao redor da área de distribuição de *V. paranaesis*.

Análises baseadas em sistemas de informação geográfica (SIG) de climas passados e atuais, como a Modelagem de Distribuição de espécies, podem ser usadas para verificar os padrões de espaços ambientais encontrados como adequados ou inadequados na modelagem de distribuição ao longo do tempo (KOZAK ET AL., 2008). Assim, a partir da metodologia proposta por Graham ET AL. 2004, o presente estudo objetiva realizar a modelagem de distribuição de representantes de migalomorfas para as espécies irmãs *Vitalius roseus* e *Vitalius vellutinus* para as condições climáticas atuais e passadas (Holoceno 6 mil anos atrás e Último Máximo Glacial 21 mil anos atrás) com o propósito de investigar quais mecanismos foram responsáveis pelos processos de especiação e padrões de distribuição.

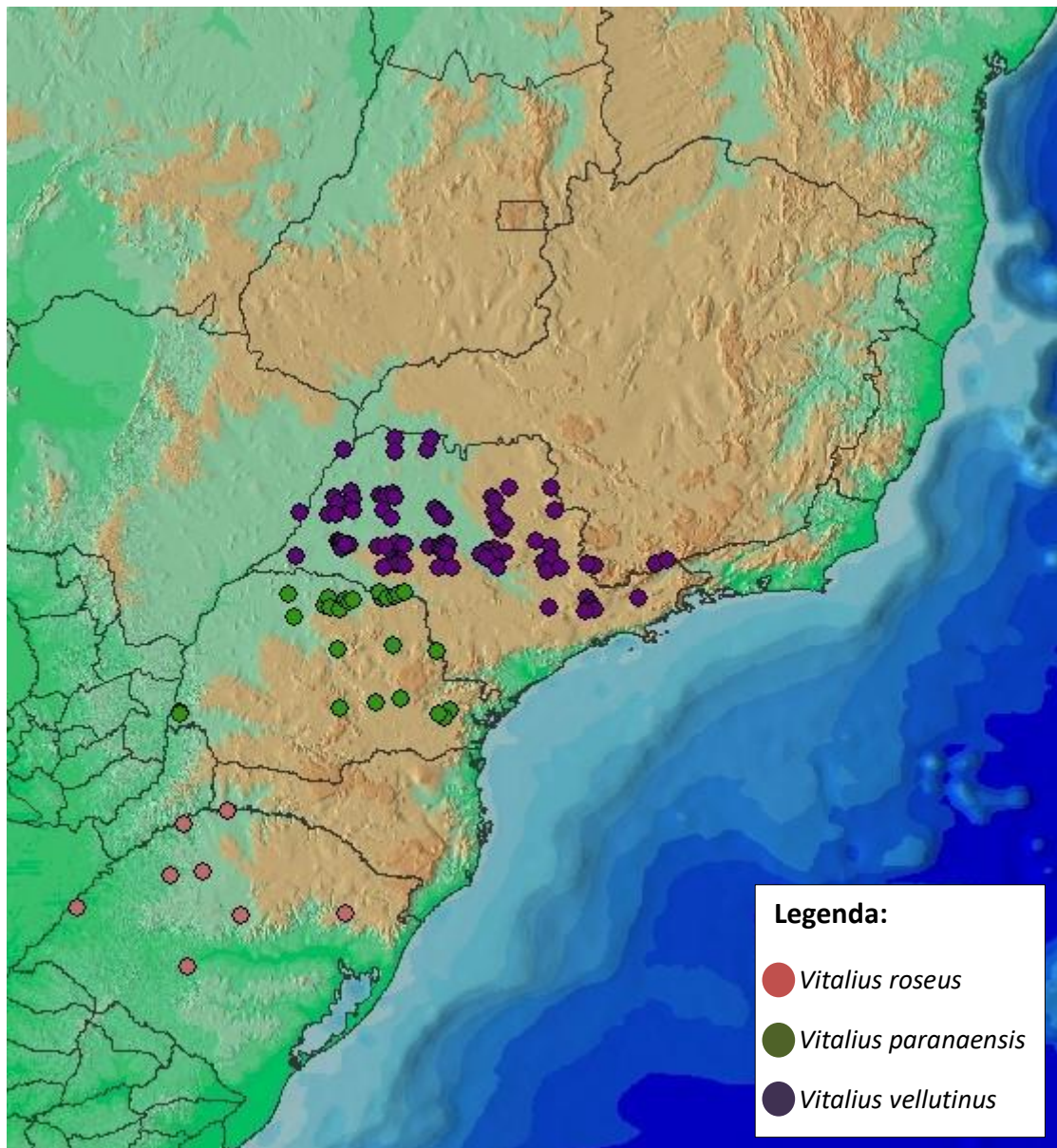


Figura2: Distribuição atual das espécies *Vitalius roseus*, *Vitalius paranaensis*, e *Vitalius vellutinus*.

2. Objetivos

• O objetivo do estudo é propor uma hipótese sobre os mecanismos de especiação em *V. roseus* e *V. vellutinus*, a partir da modelagem de suas distribuições para climas atuais e

passados (Holoceno 6.000 Último Máximo Glacial 21.000), levando em conta eventos históricos que possam ter atuado.

- Discutir o parâmetro multiplicador de regularização no algoritmo MAXENT como ferramenta para otimizar o processo de modelagem de distribuição.

3. Materiais e Métodos

3.1. Escolha das espécies

O padrão de distribuição atual das espécies de *V.roseus* e *V. vellutinus* intercaladas por *V. paranaensis*, seu grupo externo, deixa dúvidas sobre como as mudanças morfoclimáticas atuaram na manutenção, antes da especiação, e posteriormente na fragmentação do fluxo gênico entre as espécies irmãs; e pelo fato de não apresentar nenhuma teoria biogeográfica proposta aliado a dados filogenéticos e taxonômicos confiáveis, o grupo se torna um modelo adequado para a realização da modelagem de distribuição de espécies

3.2. Envelopes climáticos

Os envelopes climáticos utilizados foram retirados do site (<http://www.worldclim.org/bioclim>), com intuito de reconstruir 3 cenários distintos: Presente(1950-2000), Holoceno (6.000 a.a), e Último Máximo Glacial-UMG (21.000 a.a).

A resolução escolhida dos envelopes climáticos foi de 2.5 arcos de minutos. Para os três períodos foram usados 19 envelopes climáticos + altitude: bio 1 - temperatura média anual; bio 2 - amplitude média diurna (max temp - min temp); bio 3 - isothermalidade; bio 4 - temperatura sazonal; bio 5 - temperatura máxima do mês mais quente; bio 6 - temperatura mínima do mês mais frio; bio 7 - amplitude anual da temperatura; bio 8 - temperatura média do trimestre mais úmido; bio 9 - temperatura média do trimestre mais seco; bio 10 - temperatura média do trimestre mais quente; bio 11 - temperatura média do trimestre mais frio; bio 12 - precipitação anual; bio 13 - precipitação do mês mais úmido; bio 14 - precipitação do mês mais seco; bio 15 - precipitação sazonal; bio 16 - precipitação do trimestre mais úmido; bio 17 - precipitação do trimestre mais seco; bio 18 - precipitação do trimestre mais quente; bio 19 - precipitação do trimestre mais frio; alt - altitude (somente para o período presente (1950-200)).

3.3. Modificando envelopes climáticos no Arcp Map(ESRI arcGIS)

Antes de realizar a modelagem, o MAXENT exige que todos envelopes climáticos em formato raster sejam transformados em ASCII, e tenham exatamente o mesmo tamanho de células(pixels) e limites geográficos(PHILLIPS ET AL., 2006). Para realizar a conversão, foi utilizado o programa ArcMAP 10.3 delimitando a análise somente ao continente da América do Sul

3.4. Modelagem de distribuição:

O algoritmo usado para modelagem de distribuição foi o MAXENT (Maximum Entropy Species Distribution Modeling, Version 3.3.3K), disponível no site (<http://www.cs.princeton.edu/~schapire/maxent>). O objetivo deste algoritmo é estimar uma probabilidade de distribuição com a entropia máxima das espécies (distribuição mais uniforme) dentro da área de estudo (PHILLIPS ET AL., 2006).

Primeiramente o Maxent assume que a probabilidade em todo espaço geográfico é perfeitamente uniforme, sendo esta restringida pelas informações ambientais obtidas no registro de presença das espécies, limitando assim sua distribuição geográfica. (PHILLIPS ET AL. 2006).

O Maxent apresenta configurações que permitem rodar um mesmo modelo várias vezes medindo os resultados obtidos entre todos os modelos criados (Replicated), além de reservar uma parcela dos registros de presença para testes aleatórios (Random Test Percentage), desvinculando a modelagem final de qualquer padrão pré-estabelecido ou errôneo devido à falta de registros de presença ou ausência. É necessário aumentar o número de interações (convergência) (number of iterations) entre os modelos, para que o Maxent obtenha tempo suficiente (número de interações significativas) para inferir relações mais precisas. Entre outras configurações utilizadas no Maxent foram: número máximo de interações (5000), tipo de replicação Subsample, modo de saída logístico (output logistic), percentual de teste aleatório 25% seleção aleatória dos registros (random seeds), e remoção de registros duplicados. Em busca da configuração ótima para o modelo (ANDERSON &

GONZALEZ JR., 2011), alterou-se o multiplicador de regularização entre 0,25; 1 e 2 para evitar extrapolação no modelo.

Para avaliação de seus modelos, o Maxent gera gráficos do tipo AUC (área under the curve) entre sensibilidade vs especificidade, permitindo uma rápida avaliação entre eles. Quanto maior for a AUC, maior é a especificidade da espécie analisada no habitat em que esta é encontrada. Os gráficos cujo valor de AUC é 0,5 indica que o desempenho do modelo não é melhor que uma seleção randômica, enquanto que valores acima de 0,8 são considerados como bom desempenho do modelo, e índices acima de 0,9 são considerados altos, muito precisos (LUOTO ET AL., 2005; ACOSTA & GUERRERO, 2011).

As hipóteses de mecanismos de especiação foram reconhecidas a partir da adaptação do modelo proposto por Graham et al. (2004). Primeiramente, foi verificado se há sobreposição entre as áreas de distribuição preditas pelo modelo das espécies irmãs. Em seguida, procura-se, ao longo dos intervalos de tempos pretéritos (Holoceno e UMG), verificar se ocorreu a manutenção da área predita em comum com a atual distribuição das espécies irmãs, e se houve uma possível situação de contato entre elas, que seria representado no modelo por uma área predita contínua entre as distribuições atuais. Para estimar a área de ocupação do ancestral, foram somadas as distribuições de *V.roseus* e *V.vellutinus* e modeladas no maxent, com a intenção de avaliar se havia, no passado, alguma área que suportasse as exigências ecológicas de ambas as populações (de São Paulo e Rio Grande do Sul).

4. Resultados

Foram utilizados 8 registros de *V. roseus* (Tabela 1), e 93 de *V.vellutinus* (Tabela 2), e devido a alteração no multiplicador de regularização, 24 cenários foram preditos. Não houve sobreposição entre *V. roseus* e *V.vellutinus* em nenhum dos modelos resultantes de variáveis ambientais para as condições atuais, Holoceno e último máximo glacial (Fig.3, 4, 5). Porém, para o ancestral hipotético no Último Máximo Glacial pode-se observar duas grandes concentrações da população separadas e conectadas na porção oeste do Paraná (Fig.4- G e Fig.5-G) que se tornam pequenas manchas à medida que o fator de regularização é diminuído para 0,25 (Fig.3- G).

No período Holoceno as áreas de sobreposição tendem a se tornar cada vez menores (Fig. 3- H) até a eventual separação das populações no presente. Em todos os modelos os índices de AUC em relação ao multiplicador de regularização apresentaram valores considerados altos, apesar das diferenças visuais, variando entre 0,856 e 0,993 (Tabela 3), com o multiplicador de regularização 1 obtendo o melhor desempenho neste quesito. Apesar da alteração no multiplicador de regularização não ter influenciado os índices de AUC dos modelos, a ponto de inferir um modelo ótimo, é interessante poder observar um mesmo cenário em 3 hipóteses distintas, aumentando a gama de interpretação dos resultados, pois todos os modelos apresentam índices de AUC altos, implicando na validade destes. Ao diminuir o fator de regularização as conexões entre as espécies ficam cada vez mais restritas, indicando a possível rota por onde ocorria o fluxo gênico, diminuindo até a eventual separação.

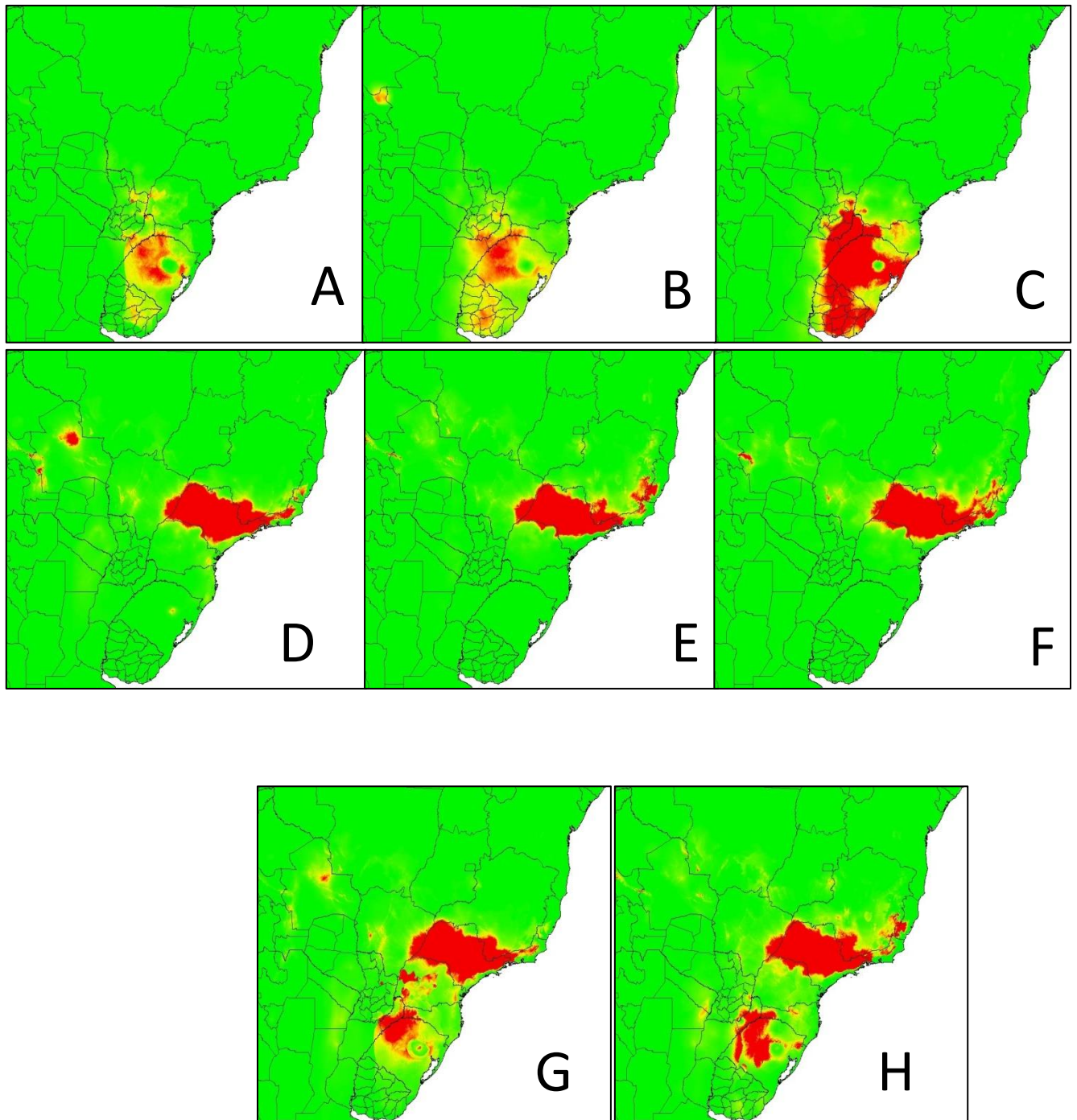


Figura 3: Mapas resultantes da modelagem com valor de 0,25 do multiplicador de regularização. A) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. B) *V.roseus*-Holoceno. C) *V.roseus*-Presente. D) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. E) *V.vellutinus*-Holoceno. F) *V.vellutinus*-Presente. G) *V.Ancestral*-último máximo glacial. H) *V.Ancestral*-Holoceno .

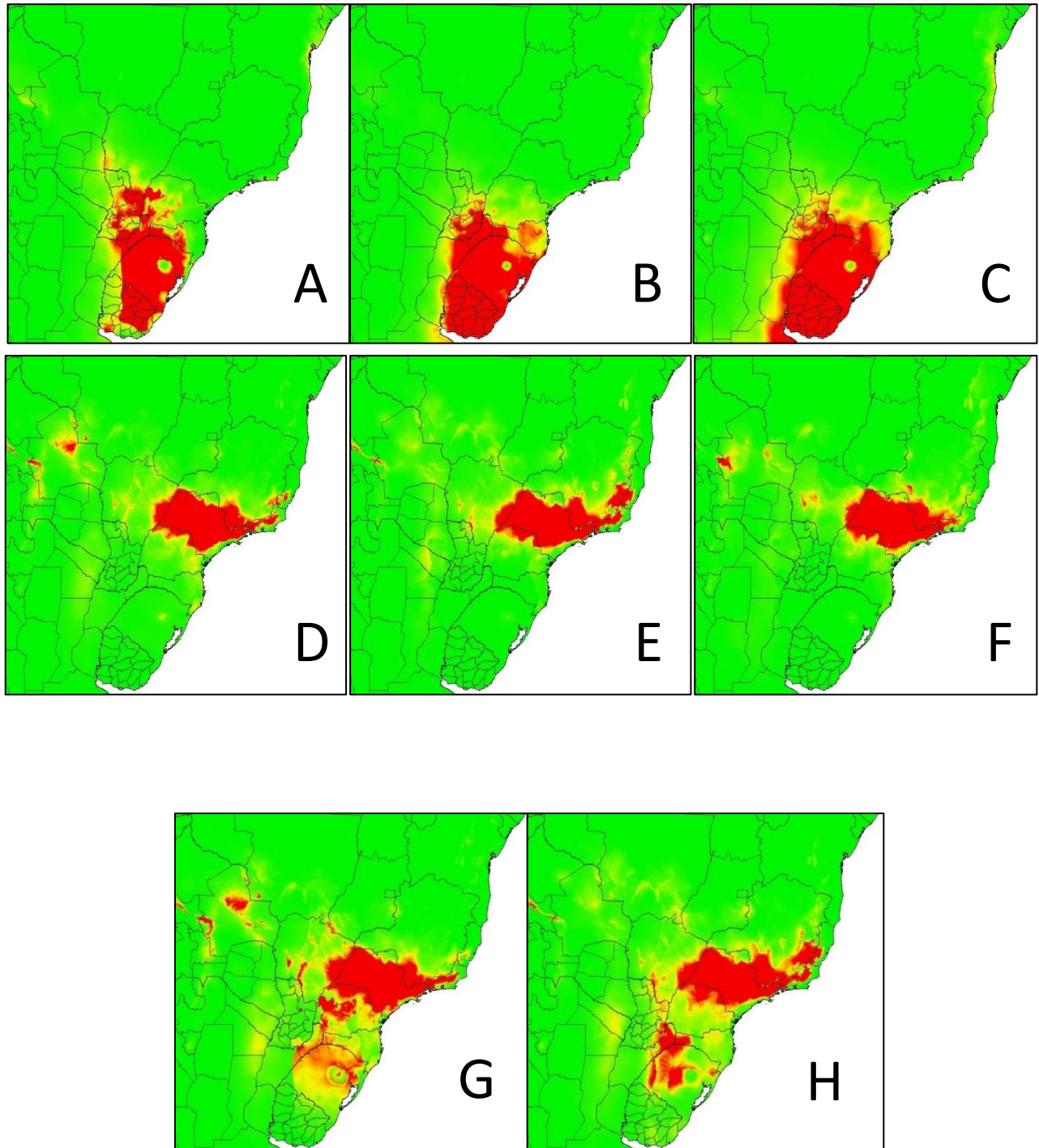


Figura 4: Mapas resultantes da modelagem com valor 1 do multiplicador de regularização. A) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. B) *V.roseus*-Holoceno C) *V.roseus* Presente(1950-2000). D) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. E) *V.vellutinus*-Holoceno. F) *V.vellutinus*-Presente(1950-200). G) *V.ancestral*-Último Máximo Glacial. H) *V.ancestral*-Holoceno.

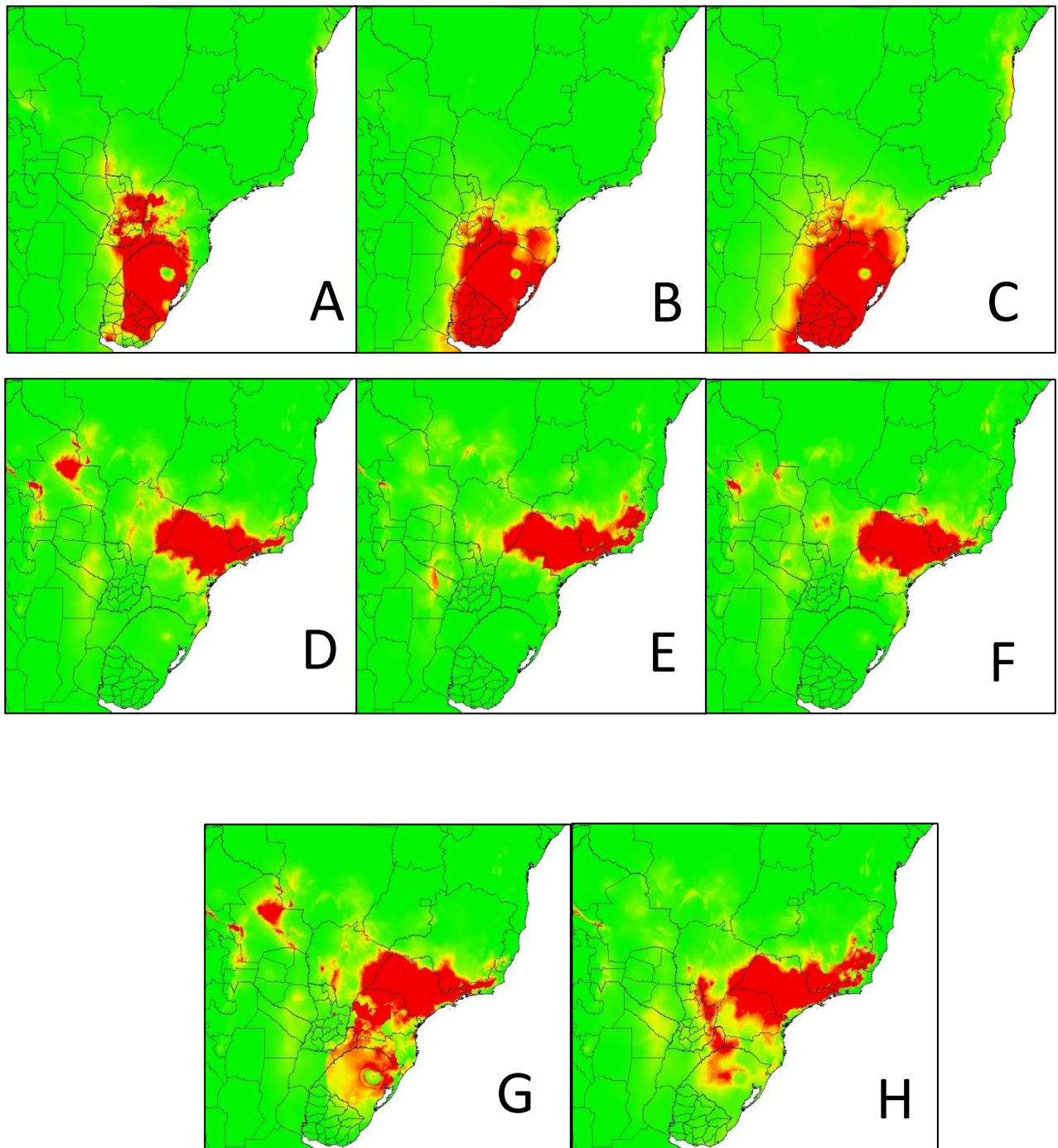


Figura 5: Mapas resultantes da modelagem com valor 2 do multiplicador de regularização. A) *V.roseus*-Último Máximo Glacial. B) *V.roseus*-Holoceno C) *V.roseus* Presente(1950-2000). D) *V.vellutinus*-Último Máximo Glacial. E) *V.vellutinus*-Holoceno. F) *V.vellutinus*-Presente(1950-200). G) *V.ancestral*-Último Máximo Glacial. H) *V.ancestral*-Holoceno.

5. DISCUSSÃO

O último período glacial acarretou mudanças significativas nas paisagens em todo território Brasileiro, transformando florestas tropicais em desertos como em algumas regiões Nordesteiras (DE OLIVEIRA ET AL., 1999). Por outro lado, regiões atualmente cobertas por vegetação de cerrado antes eram florestas úmidas e frias (BARBERI, 2001). Na região sul do Brasil, registros palinológicos dataram pólenes de diferentes idades, indicando total predominância de pólen herbáceo em relação ao arbóreo, no período entre 40 e 43 mil a.a atrás. Em contrapartida, em amostra de pólenes de aproximadamente 21.000 a.a, a porcentagem arbórea é muito superior à herbácea, constatando um aumento expressivo na porcentagem de pólen de *Araucaria angustifolia* (Araucárias), chegando a atingir 30,3% da soma total, devido ao aumento de umidade e amenização do clima frio e seco, na região.

Os dois tipos de vegetação coexistiram durante os últimos 40.000 anos, porém o clima seco do período dificultou o desenvolvimento de uma grande população de araucárias, favorecendo a expansão de um tipo de vegetação campestre subtropical (HAUCK & PASSOS op. cit., 2010,) .A mistura das vegetações, até hoje em algumas regiões formam um mosaico na paisagem, contudo, a partir do último máximo glacial (21.000 a.a), a floresta de Araucária começou a se tornar mais marcante, devido sua preferencia por climas subtropicais úmidos, sem períodos secos pronunciados (HUECK, 1966).). No período Holoceno (6.000a.a) ainda era possível encontrar grandes áreas de vegetação campestre, sugerindo alternância entre climas secos e úmidos em algumas regiões. Todavia, o Holoceno é caracterizado principalmente por um período predominantemente úmido sem períodos secos significativos, contribuindo, portanto, para a expansão da floresta de Araucárias, substituindo a vegetação de campos na região entre o Rio Grande do Sul e Paraná no sul do Brasil.

A expansão da floresta de Araucárias pode estar relacionada com a especiação de *V. roseus* e *V. vellutinus* devido às semelhanças apresentadas pelos modelos gerados pelo Maxent e a atual distribuição dessas espécies, quando o bioma é inserido nas modelagens. Para o Ancestral Hipotético no Último Máximo Glacial, com o multiplicador de regularização em 0,25 (Fig.6-A), é possível observar um corredor de comunicação contornando as bordas da floresta, indicando os locais com maior probabilidade de fluxo gênico entre as populações presentes no Sul e sudeste do Brasil. Com o multiplicador de regularização em 2 (Fig.6-C),

ocorre um aumento expressivo na área do corredor, adentrando uma porção maior da floresta, sendo, provavelmente, áreas que ainda eram habitadas majoritariamente pela vegetação de campos, que somente a partir do Último Máximo Glacial foram substituídas gradualmente pela atual Floresta de Araucárias nesta região.

No período Holoceno com o multiplicador de regularização em 0,25 (Fig.6-B), pode-se observar uma ruptura no corredor existente no Último Máximo Glacial, separando a população do ancestral hipotético em duas menores no Sul e Sudeste do Brasil, correlacionada com o avanço da floresta de araucárias para as antigas áreas de campos. Já com o multiplicador de regularização em 2 (Fig.6-D), ocorre uma diminuição da área de sobreposição em relação ao Último Máximo Glacial, porém o corredor ainda é mantido principalmente circundando a floresta.

Em todos os casos, os resultados da modelagem para a espécie ancestral apresentaram padrões similares de distribuição, sendo o seu nicho ambiental preferencialmente composto por vegetação herbácea, sempre evitando as Araucárias, se comunicando preferencialmente fora dos limites da floresta. A separação da população ancestral hipotética é proporcional ao avanço da floresta de araucárias, como mostra os padrões de decaimento da área de sobreposição nas modelagens realizadas nos períodos do último máximo glacial e holoceno. De fato, entre todos os registros de ocorrência utilizados (Fig.7), somente um indivíduo foi encontrado nas bordas da floresta.

A modelagem de *V.roseus* para as condições ambientais presentes, pode explicar a ocorrência desse registro. Conforme o multiplicador de regularização é alterado de 0,25 (Fig. 8-A) para 1 (Fig.8-B) , pode-se observar uma maior ocupação da área da floresta de Araucárias ,indicando que apesar da espécie ter preferencia pelas áreas de campos ao sul da mata, esta pode ser encontrada principalmente nas bordas das matas, onde ocorre a transição entre os campos e a floresta de araucárias, ou ainda adentrando um pouco mais em seu interior. No entanto, estes locais não representam seu nicho ecológico ideal. Em *V.vellutinus*, as condições presentes demonstram que mesmo com o multiplicador de regularização em 2 (Figura 8.C) , a distribuição pouco adentra a mata de araucárias estando presente somente na bordas e áreas de transição entre os biomas.

Em todas as modelagens a floresta de araucárias apresentou regiões onde em nenhum período, mesmo com extrapolações, ocorreu predição de distribuição da população ancestral, indicando que o avanço da floresta pode ter começado a partir dessas regiões, expandindo

para as áreas adjacentes, podendo ser exemplificado pela diminuição e aumento do multiplicador de regularização para os períodos Último Máximo Glacial e Holoceno.

A partir destes resultados, é possível relacionar a influência da expansão das araucárias com a especiação das espécies irmãs, agindo como fator decisivo, separando a população ancestral em biomas diferentes que ao longo do tempo devido a condições ambientais distintas, e ao isolamento reprodutivo deram origem a *V. roseus* ao sul, e *V. vellutinus* no sudeste do Brasil. Atualmente, enquanto *V. roseus* é encontrada nas regiões planas dos campos gaúchos, formada principalmente por gramíneas, arbustos e árvores de pequeno porte, com altas temperaturas no verão, chegando a 35°C, e inverno marcando temperaturas negativas com geadas e neve em algumas regiões, *V. vellutinus* habita o planalto ocidental e outras regiões de São Paulo, com uma vegetação mais densa de floresta tropical semidecidual, condicionada pela dupla estacionalidade climática: uma tropical, com época de intensas chuvas de verão seguidas por estiagens acentuadas; e outra subtropical, sem períodos secos, porém mais frios.

Este mecanismo de especiação se enquadra na letra C do modelo proposto por Graham et al.(2004) que sugere especiação em populações alopátricas (em isolamento geográfico) mediada por eventos ecológicos, ou seja, as mudanças ambientais foram mais importantes que eventos vicariantes. No entanto, ao interpretar os resultados obtidos para inferir a especiação de *V. roseus* e *V. vellutinus*, é possível observar a expansão da floresta de Araucárias agir como barreira física, separando a população, e interrompendo o fluxo gênico, ou seja, cumprindo as condições para uma especiação mediada por eventos vicariantes. Neste caso, infere-se que ambos os eventos, vicariantes e climáticos, atuaram concomitantemente, exercendo seu papel na especiação da espécie ancestral de *V. roseus* e *V. vellutinus*. As mudanças ambientais ao longo dos períodos atuaram na expansão da floresta, que por sua vez separou a população ancestral em duas regiões com climas distintos, sendo esses responsáveis pela especiação.

É preciso levar em consideração o contexto histórico de cada caso em particular, aliando mudanças climáticas que podem ser analisadas quantitativamente aos eventos históricos modificantes de paisagem (ex: criação de barreiras, formação de um novo tipo de vegetação), para obter uma melhor compreensão dos cenários atuais moldados por eventos e climas pretéritos, para assim inferir mecanismos de especiação e teoria biogeográficas mais sólidas, com uma maior probabilidade de veracidade do que mecanismos que abordam estes

fatores isoladamente. A hipótese apresentada está de acordo com a hipótese de relacionamento proposto por BERTANI ET AL. (2001), assim temos suporte na morfologia e na ecologia para a topologia das relações.

Ao realizar a modelagem de outros organismos modelos para estudos biogeográficos na região sul e sudeste do Brasil que apresentem padrões de distribuição semelhantes a *V. roseus* e *V. vellutinus*, pode-se obter novas informações sobre a atuação da floresta de araucárias como fator determinante na especiação de diversos organismos dessa região, dando maior embasamento à hipótese apresentada. Estudos filogeográficos também podem complementar o estudo, através da datação da separação do clado, indicando com maior precisão a data da especiação de *V. roseus* e *V. vellutinus*, a fim de verificar se a especiação realmente coincidiu com o período de avanço da floresta Araucárias. Por ultimo, realizar a modelagem do grupo externo *V. paranaensis*, e da própria floresta para os períodos do Último Máximo Glacial e holoceno, permitiria inferir o processo de desenvolvimento da floresta neste período, e verificar se o seu avanço ao longo do tempo corresponde às áreas onde anteriormente ocorria o fluxo gênico entre *V. roseus* e *V. vellutinus*, verificando as similaridades com os modelos gerados.

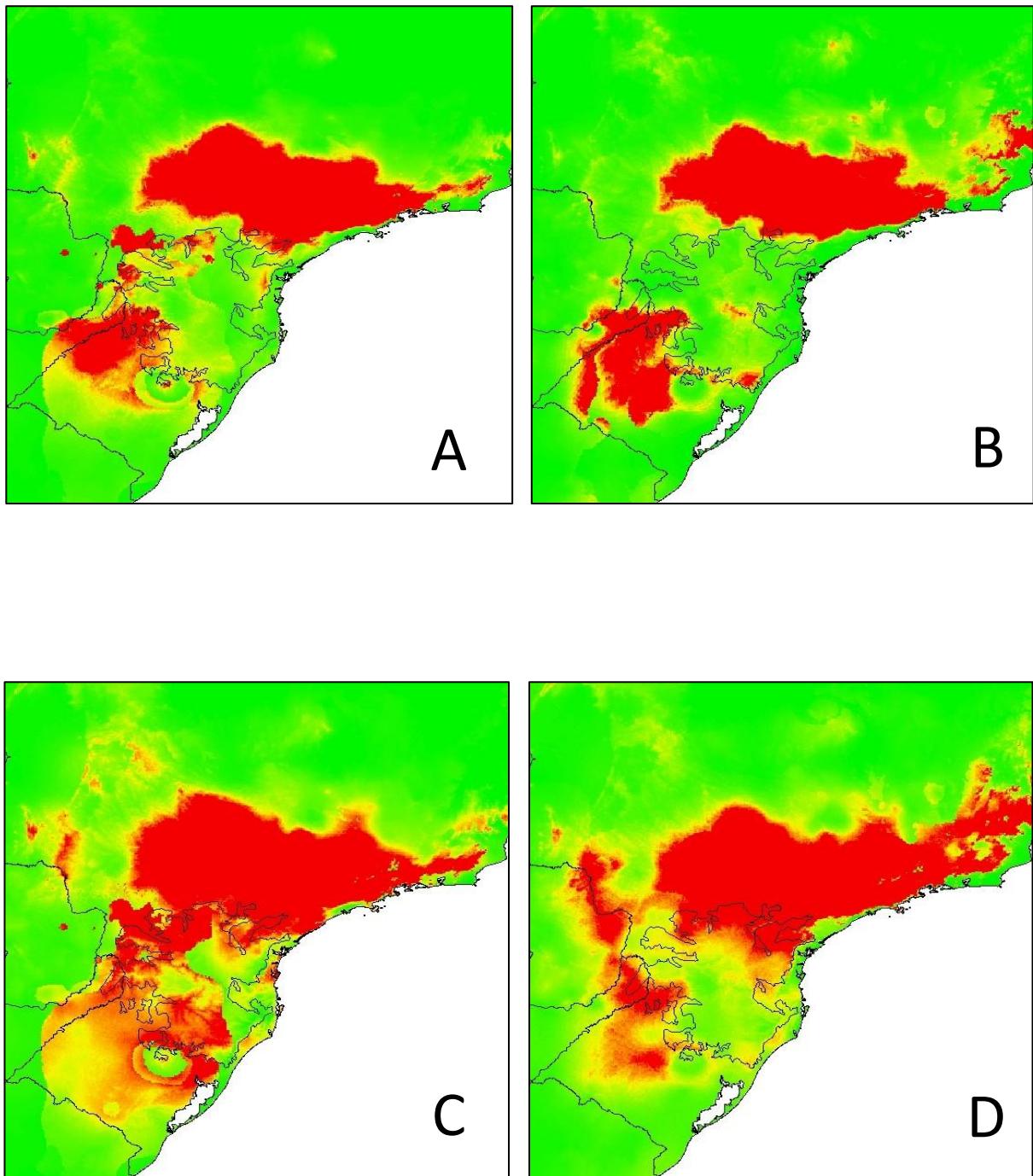


Figura 6: Modelagens de distribuição da espécie ancestral hipotética com o bioma da Floresta das Araucárias destacado, para os períodos último máximo glacial e Holoceno. A- MR.(0,25) Último Máximo Glacial, B-MR.(0,25) Holoceno, C-MR.(2) Último Máximo Glacial, D-MR.(2) holoceno

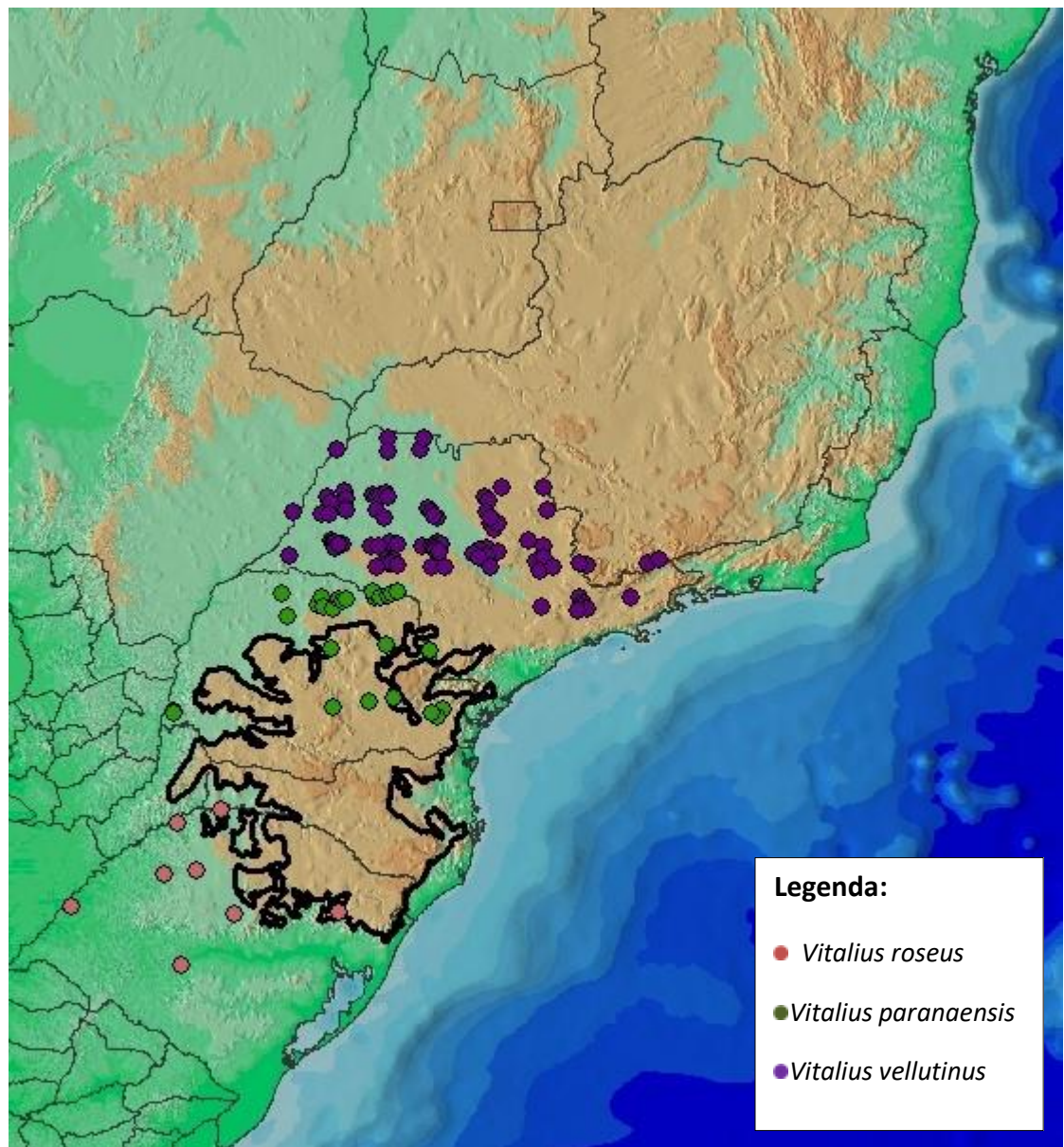


Figura 7: Distribuição atual das espécies *Vitalius roseus*, *Vitalius paranaensis* e *Vitalius vellutinus*, em relação ao bioma araucária destacado em preto.

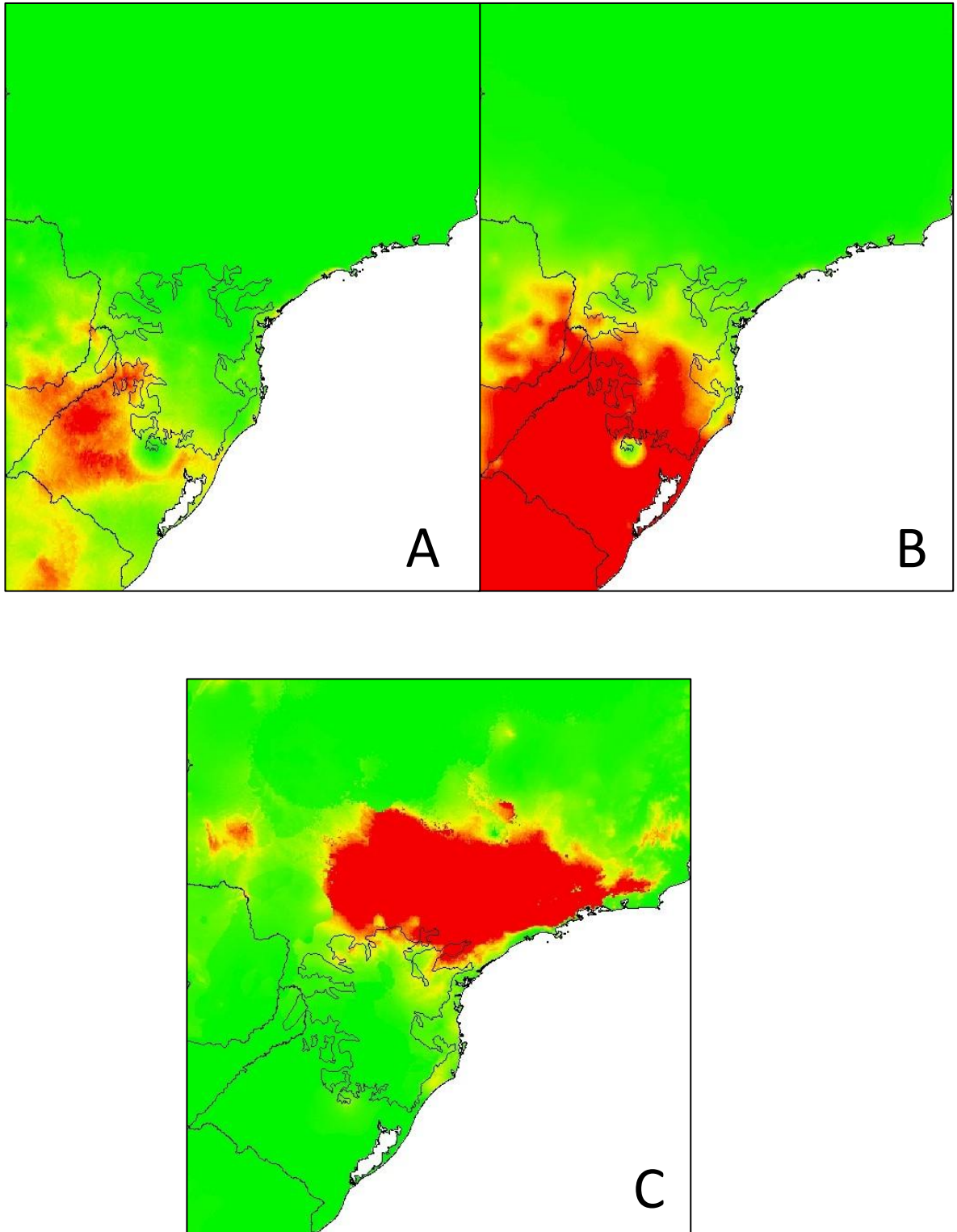


Figura 8: Modelagens de distribuição das espécies *V.roseus*(A,B) e *V.vellutinus* (C) com o bioma da floresta das araucárias destacado para o período presente(1950-2000) .A-MR.(0,25), B-MR.(1), C-MR.(2)

6. CONCLUSÕES

- A especiação *alopátrica* mediada por fatores ecológicos de *V. roseus* e *V. vellutinus* esta relacionada com a expansão da floresta das Araucárias que dividiu a população ancestral em regiões com características ambientais distintas, responsáveis pela especiação.
- Apesar de se enquadrar no modelo C proposto por Grahnan ET AL. (2004), ao realizar a modelagem para tempos pretéritos, pode-se observar a floresta de Araucárias agir como uma barreira física, indicando que eventos vicariantes também participaram no processo.
- As alterações no multiplicador de regularização permitiram visualizar a provável rota por onde ocorria o fluxo gênico entre a população ancestral do sul e sudeste do Brasil, antes da especiação, no Último Máximo Glacial até sua fragmentação no holoceno, e eventual separação no presente com a consolidação da floresta.

7. RERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACOSTA, L. E. & GUERRERO, E. L. (2011) Geographical distribution of *Discocyrtus prospicuus* (Arachnida: Opiliones: Gonyleptidae): **Is there a pattern?** *Zootaxa* ,1-24.
- ANDERSON, R. P. & RAZA, A. (2010) The effect of the extent of the study region on GIS models of species geographic distributions and estimates of niche evolution: preliminary tests with montane rodents (genus *Nephelomys*) in Venezuela. **Journal of Biogeography** 37: 1378–1393.
- ANDERSON, R. P. & GONZALEZ JR., I. (2011) Species-specific tuning increases robustness to sampling bias in models of species distributions: An implementation with Maxent. **Ecological Modelling**, 222: 2796-2811
- ANDERSON, R. P., A. T. PETERSON, and M. GOMEZ-LAVERDE. (2002b). Using niche-based GIS modeling to test geographic predictions of competitive exclusion and competit
- ANDERSON, R. P., LEW, D. & PETERSON, A. T. (2003). Evaluating predictive models of species' distributions: Criteria for selecting optimal models. **Ecological Modelling**, 162, 211–232
- BARRACLOUGH, T. G., A. P. VOGLER, and P. H. HARVEY. 1998. Revealing the factors that promote speciation. **Proc. R. Soc. Lond. B.** 353: 241–249.
- BARRACLOUGH, T. G., and A. P. VOGLER. 2000. Detecting the geographical pattern of speciation from species-level phylogenies. **Am. Nat.** 155:419–434.
- BERTANI RODRIGO, 2001, Revision, Cladistic Analysis, and zoogeography of *Vitalius*, *Nhandu*, and, *Proshapalopus*, with notes on other theraphosine genera (Araneae, Theraphosidae), volume 36, Fascículo 3, **Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo**.
- CHESSER, R. T., and R. M. ZINK. 1994. Mode of speciation in birds: a test of Lynch's method. **Evolution** 48:490–497..
- BOND JE, DA BEAMER, T LAMB, M HEDIN. 2006. Combining genetic and geospatial analyses to infer population extinction in mygalomorph spiders endemic to the Los Angeles region. **Anim. Conserv.** 9: 145-157.
- BROWN, J. H. & LOMOLINO, M. V. (1998): Biogeography. 2nd Ed. Sunderland, Massachusetts (Sinauer Associates, Inc. Publishers). 691 S
- CODDINGTON J. A. & H. W. LEVI. 1991. Systematics and evolution of spiders (Araneae). **Annual Review of Ecology and Systematics** 22:565-592
- ELITH, J., PHILLIPS, S.J., HASTIE, T., DUDÍK, M., CHEE, Y.E., YATES, C.J., 2011. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. **Diversity and Distributions** 17, 43–57.

- GUISAN, NE ZIMMERMANN. (2000). Predictive habitat distribution models in ecology. **Ecological modelling** 135 (2), 147-186
- GUISAN, A. & THUILLER, W. (2005) Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. **Ecology Letters**, 8, 993-
- JOEL CRACRAFT.1995. Historical Biogeography and Patterns of Differentiation 100 within the South American Avifauna: Areas of Endemism. Ornithological Monographs, No. 36, **Neotropical Ornithology** (1985), pp. 49-84
- KOZAK, K. H.; GRAHAM, C. H.; WIENS J. J. (2008) Integrating GIS-based environmental data into evolutionary biology. **Trends in Ecology and Evolution** Vol. 23 No.3.
- KUSCHEL G. 1969. Biogeography and ecology of South American Coleoptera. In: Fittkau EJ, Illies J, Klinge H, Schwabe GH, Sioli H, editors. **Biogeography and ecology in South America**. La Haya: Junk. p. 709–722.
- LOMOLINO, M. V.; RIDDLE, B. R.; WHITTAKER, R. J.; BROWN, J. H. (2010) **Biogeography** Fourth Edition, Sinauer Associations.
- LUOTO, M.; PÖYRY, J. HEIKKINEN, R.K.; SAARINEN, K. (2005) Uncertainty of bioclimate envelope models based on the geo-graphical distribution of species. **Global Ecology and Biogeography**, 14, 575–584.
- LYNCH, J. D., AND W. E. DUELLMAN. 1980. The Eleutherodactylus of the Amazonian slopes of the Ecuadorian Andes (Anura: Leptodactylidae). Misc. Publ. Nat. Hist. Mus. Univ. Kans. 69:1–86. 1997. Frogs of the genus Eleutherodactylus (Leptodactylidae) in western Ecuador: systematics, ecology and biogeography. Univ. Kans. Nat. Hist. Mus. Spec. Publ. No. 23. **Univ. of Kansas Printing Service, Lawrence, Kansas**.
- MAIN BY. 1978. Biology of the arid-adapted Australian trapdoor spider Anidiops villosus (rainbow). **Bull. Br. Arachnol. Soc.** 4: 1--61-175
- MACARTHUR, R. H. 1972. Geographical Ecology: patterns in the distribution of species. **Univ. Press, Princeton, NJ**
- MULLER, P. 1973. The Dispersal Centres of Terrestrial Vertebrates in the Neotropical Realm. Dr. W. Junk, **The Hague**.
- PLATNICK, N. I. 2008. The world spider catalog, version 9.0. American Museum of Natural History, online at <http://research.amnh.org/entomology/spiders/catalog/index.html>.
- RAVEN, R. J. 1985. The spider infraorder Mygalomorphae (Araneae): cladistics and systematics. Bull. American Mus. **Nat. Hist.**, 1-82: 1-180.
- RAVEN RJ. 2010. A review of the Mygalomorphae: biology, morphology and systematics. Book of Abstracts of the 18th International Congress of Arachnology; 2010 Jul 11–17; **Siedle, Poland**.
- ROSS, J. L.S 1996. Geografia do Brasil, 556 pp. **Editora universidade de São Paulo**, São Paulo
- SCHNEIDER, C. J., AND C. MORITZ. 1998. Comparative phylogeography and the history of endemic vertebrates in the wet tropics rainforests of Australia. **Mol. Ecol.** 72:487–498.

- SCHNEIDER, C. J., T. SMITH, B. LARISON, AND C. MORITZ. 1999. A test of alternative models of diversification in tropical rainforests: ecological gradients vs. rainforest refugia. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 96:13869–13873.
- PETERSON, A. T., J. SOBERO, and V. SANCHEZ-CORDERO. 1999. Conservation of ecological niches in evolutionary time. **Science** 285: 1265–1267.
- PETERSON, A. T., & SHAW, J. (2003). Lutzomyia vectors for cutaneous leishmaniasis in southern Brazil: ecological niche models, predicted geographic distribution, and climate change effects. **International Journal of Parasitology**, 33, 919–931.
- PETERSON, A. T., AND R. D. HOLT. 2003. Niche differentiation in Mexican birds: Using point occurrences to detect ecological innovation. **Ecology Letters** 6:774-782.
- Phillips, S. J., R. P. Anderson, and R. E. Schapire. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling** 190:231-259.
- PHILLIPS, S.J., DUDIK, M., 2008. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. **Ecography** 31, 161–175.
- PLATNICK, N. I. & W. J. GERTSCH. 1976. The Suborders of Spiders: a cladistic analysis. **American Museum Novitates**, 2607: 1-15.
- PLATNICK, N.I. 1991. On areas of endemism. *Aust. Syst. Bot.*, Collingwood, 4: 11 - 12.
- PONDER, W. F., CARTER, G. A., FLEMONS, P., & CHAPMAN, R. R. (2001). Evaluation of museum collection data for use in biodiversity assessment. **Conservation Biology**, 15, 648–657.

8. Anexos

8.1. Tabela 1: Registros de ocorrência de *Vitalius roseus*

-Estado	Cidade	Latitude	Longitude
-Rio grande do Sul	Tenente Portela	-27,22	-53,45
-Rio Grande do Sul	Tuparendi	-27,45	-54,28
-Rio Grande do Sul	Ijuí	-28,38	-53,92
-Rio Grande do Sul	Bossoroca	-28,43	-56,54
-Rio Grande do Sul	Itaqui	-29,0,7	-56,33
-Rio Grande do Sul	Itaúba	-29,2	-53,18
-Rio Grande do Sul	Caxias do Sul	-29,17	-51,18
-Rio Grande do Sul	São Gabriel	-30,2	-54,19

8.2. Tabela 2 : Registros de ocorrência de *Vitalius vellutinus*.

Estado	Cidade	Latitude	Longitude
-Minas gerais	Araçai	-19,11	-44,14
-Mato grosso do sul	Campo Grande	-20,26	-54,38
-Mato grosso do sul	Taunay	-20,3	-56,08
-São Paulo	São Paulo	-22,5	-46,38
-São Paulo	Guarani D'Oeste	-20,04	-50,02
-São Paulo	Votuporanga	-20,25	-49,58
-São Paulo	Ilha solteira	-20,25	-51,2
-São Paulo	Pontal	-21,01	-48,02
-São Paulo	Altinópolis	-20,01	-47,22
-São Paulo	Iracema	-20,03	-50,21
-São Paulo	Mirandópolis	-21,0,8	-51,06
-São Paulo	Lavinia	-21,2	-51,02
-São Paulo	ValParaíso	-21,13	-50,52
-São Paulo	Rubiacea	-21,18	-50,43
-São Paulo	Guararapes	-21,15	-50,38
-São Paulo	Araçatuba	-21,12	-50,25
-São Paulo	Birigui	-21,17	-50,02
-São Paulo	Cândido Rodrigues	-21,19	-48,37
-São Paulo	Taquaratinga	-21,24	-48,3
-São Paulo	São João do Pau D'alho	-21,16	-51,39

-São Paulo	Toriba	-22,44	-45,22
-São Paulo	Dracena	-21,28	-51,31
-São Paulo	Adamantina	-21,41	-51,04
-São Paulo	Lins	-21,4	-49,44
-São Paulo	Monlevade	-23,32	-46,38
-São Paulo	Bueno de Andrada	-21,67	-48,25
-São Paulo	Nova Europa	-21,46	-48,33
-São Paulo	Araraquara	-21,78	-48,17
-São Paulo	Santa Lúcia	-21,68	-48,1
-São Paulo	Tambaú	-21,42	-47,16
-São Paulo	Lucélia	-21,43	-51,01
-São Paulo	Rinópolis	-21,43	-50,43
-São Paulo	Cafelândia	-21,48	-49,36
-São Paulo	Presidente Epitácio	-21,45	-52,06
-São Paulo	Presidente Venceslau	-21,52	-51,5
-São Paulo	Tupã	-21,56	-50,3
-São Paulo	Pirajuí	-21,59	-49,27
-São Paulo	Guarantã	-21,53	-49,35
-São Paulo	Boa Esperança Do Sul	-21,59	-48,23
-São Paulo	São Carlos	-22,01	-47,53
-São Paulo	Santo Anastácio	-21,5	-51,36
-São Paulo	Presidente Bernardes	-22	-51,33
-São Paulo	Quintana	-22,04	-50,18
-São Paulo	Presidente Alves	-22,06	-49,26
-São Paulo	Leme	-22,11	-47,23
-São Paulo	Álvares Machado	-22,04	-51,28
-São Paulo	Presidente Prudente	-22,07	-51,23
-São Paulo	Martinópolis	-22,08	-51,1
-São Paulo	Oriente	-22,09	-50,05
-São Paulo	Avaí	-22,08	-49,19
-São Paulo	Jaú	-22,17	-48,33
-São Paulo	Anhumas	-22,17	-51,23
-São Paulo	Indiana	-22,1	-51,15
-São Paulo	Rancharia	-22,13	-50,53
-São Paulo	Quatá	-22,14	-50,41
-São Paulo	Marília	-22,12	-49,56
-São Paulo	Garça	-22,12	-49,39
-São Paulo	Gália	-22,17	-49,33
-São Paulo	Tibiriça	-22,23	-49,25
-São Paulo	Pederneiras	-22,21	-48,46

-São Paulo	Torrinha	-22,25	-48,1
-São Paulo	Limeira	-22,33	-47,24
-São Paulo	Fernão	-22,21	-49,31
-São Paulo	Duartina	-22,24	-49,24
-São Paulo	Agudos	-22,28	-48,59
-São Paulo	Barra Bonita	-22,29	-48,33
-São Paulo	Piracicaba	-22,43	-47,38
-São Paulo	Tatu	-22,33	-47,24
-São Paulo	Pedreira	-22,44	-46,54
-São Paulo	Cachoeira Paulista	-22,39	-45
-São Paulo	Teodoro Sampaio	-22,31	-52,1
-São Paulo	Cardoso de Almeida	-22,04	-49,54
-São Paulo	Lençóis Paulista	-22,35	-48,48
-São Paulo	Platina	-22,38	-50,12
-São Paulo	Cândido Mota	-22,44	-50,23
-São Paulo	Palmital	-22,47	-50,13
-São Paulo	Ibirarema	-22,49	-50,04
-São Paulo	Botucatu	-22,53	-48,26
-São Paulo	Capivarí	-22,59	-47,3
-São Paulo	Campinas	-22,54	-47,03
-São Paulo	Florínea	-22,54	-50,44
-São Paulo	Luiz Pinto	-23,32	-46,38
-São Paulo	Santa Cruz Do Rio Pardo	-22,53	-49,37
-São Paulo	Águas de Santa Barbara	-22,52	-49,14
-São Paulo	Monte Serrat	-22,32	-46,38
-São Paulo	São José Dos Campos	-23,1	-45,53
-São Paulo	Jundiaí	-23,11	-46,53
-São Paulo	Sorocaba	-23,3	-47,27
-São Paulo	Caieiras	-23,21	-46,44
-São Paulo	Carapicuíba	-23,31	-46,5
-São Paulo	São Paulo	-23,32	-46,38
-São Paulo	Cotia	-23,36	-46,55

8.3. Tabela 3: Relação entre os índices de AUC (área under the curve), e multiplicador de regularização nos mapas das figuras 4,5 e 6

Figuras	Índices de AUC	Multiplicador de regularização
Fig.4 A	0,856	0,25
Fig.4 B	0,982	0,25
Fig.4 C	0,971	0,25
Fig.4 D	0,992	0,25
Fig.4 E	0,991	0,25
Fig.4 F	0,992	0,25
Fig.4 G	0,989	0,25
Fig.4 H	0,989	0,25
Fig.5 I	0,990	1
Fig.5 J	0,987	1
Fig.5 K	0,976	1
Fig.5 L	0,993	1
Fig.5 M	0,992	1
Fig.5 N	0,992	1
Fig.5 O	0,989	1
Fig.5 P	0,988	1
Fig.6 Q	0,990	2
Fig.6 R	0,985	2
Fig.6 S	0,977	2
Fig.6 T	0,992	2
Fig.6 U	0,992	2
Fig.6 V	0,992	2
Fig.6 W	0,988	2
Fig.6 X	0,984	2