



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS – RIO CLARO



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
(DEPARTAMENTO DE ZOOLOGIA)

BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA DE ARANHAS MYGALOMORPHAE DE
MATA ATLÂNTICA E FITOFISIONOMIAS ADJACENTES

VIVIAN MOREIRA MONTEMOR

Rio Claro – SP
2021



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS – RIO CLARO



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
(DEPARTAMENTO DE ZOOLOGIA)

**BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA DE ARANHAS MYGALOMORPHAE DE
MATA ATLÂNTICA E FITOFISIONOMIAS ADJACENTES**

VIVIAN MOREIRA MONTEMOR

Tese apresentada ao Instituto de Biociências do Câmpus de Rio Claro, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, como parte dos requisitos para obtenção do Título de Doutor em Zoologia.

**Orientador: José Paulo Leite Guadanucci
(UNESP - Rio Claro)**

**Co-orientador: Márcio Bernardino da Silva
(UFPB – João Pessoa)**

**Rio Claro – SP
2021**

M777b

Montemor, Vivian Moreira

Biogeografia Histórica de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes / Vivian Moreira Montemor. -- Rio Claro, 2021

243 p. : tabs., fotos, mapas

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Biociências, Rio Claro

Orientador: José Paulo Leite Guadanucci (UNESP)

Coorientador: Márcio Bernardino da Silva (UFPB)

1. Zoologia. 2. Mygalomorphae. 3. Biogeografia Histórica. 4. Áreas de endemismo. 5. Relação Histórica entre as áreas de endemismo. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Biociências, Rio Claro. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE:


BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA DE ARANHAS MYGALOMORPHAE DE MATAATLÂNTICA E FITOFISIONOMIAS ADJACENTES

AUTORA: VIVIAN MOREIRA MONTEMOR

ORIENTADOR: JOSE PAULO LEITE GUADANUCCI

COORIENTADOR: MARCIO BERNARDINO DA SILVA


Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (ZOOLOGIA), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOSE PAULO LEITE GUADANUCCI (Participação Virtual) 
Departamento de Biodiversidade / UNESP - Instituto de Biociências de Rio Claro - SP

Prof. Dr. RAFAEL PREZZI INDICATTI (Participação Virtual) 
Laboratório de Coleções Zoológicas / Instituto Butantan - São Paulo / SP

Prof. Dr. FÁBIO RAU AKASHI HERNANDES (Participação Virtual)
UFSC / Universidade Federal de Santa Catarina - Florianópolis / SC

Prof. Dr. WILLIAN F DA SILVA (Participação Virtual)
Instituto Federal do Espírito Santo / IFES - Campus Serra - ES

Prof. Dr. FERNANDO PÉREZ MILES (Participação Virtual) 
Departamento Biología Animal, Sección Entomología / Facultad de Ciencias, Universidad de la República - Montevideo - Uruguai

Rio Claro, 15 de junho de 2021



Emitido em 2021

DOCUMENTO EXTERNO Nº 1/2021 - SER-CCTII (11.02.32.01.08.02.10)

(Nº do Protocolo: NÃO PROTOCOLADO)

(Assinado digitalmente em 21/06/2021 22:30)

WILLIAN FABIANO DA SILVA
PROFESSOR DO ENSINO BASICO TECNICO E TECNOLOGICO-SUBSTITUTO
SER-CCTII (11.02.32.01.08.02.10)
Matrícula: 3234975

Para verificar a autenticidade deste documento entre em <https://sipac.ifes.edu.br/documentos/> informando seu número: 1, ano: 2021, tipo: DOCUMENTO EXTERNO, data de emissão: 21/06/2021 e o código de verificação: **f986d94e21**

**“Os que se encantam com a prática sem a
ciência são como os timoneiros que
entram no navio sem timão nem bússola,
nunca tendo certeza do seu destino.”
Leonardo da Vinci**

**“O mais competente não discute, domina sua ciência e cala-se”
Voltaire**

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço minha mãe, minha filha, meu irmão, minha sobrinha e meu ex-marido, pelo incentivo e apoio para entrar no doutorado, pois acreditaram muito que eu teria sucesso nesse grande desafio. E minhas primas Amanda e Nataly, pelas conversas, noites de vinhos e por levantarem tanto meu astral.

Agradeço imensamente ao querido amigo e orientador Zé Paulo, pela oportunidade de entrar nesse mundo da biogeografia, pelo tanto que me ensinou como pessoa e como professor, pela recepção em Rio Claro por ele e sua esposa e amiga Amanda, e momentos de descontração.

Ao meu também querido amigo e co-orientador MBS (Márcio Bernardino da Silva), por ter aceitado esse desafio de me co-orientar, pela recepção em João Pessoa, e pelo tanto que me ensinou sobre esse mundo complexo da biogeografia, onde cada conversa é uma aula, e também pelos momentos de descontração, onde nos divertimos muito.

Aos meus amigos do LARC (Laboratório de Aracnologia de Rio Claro), Arthur, Giu, Ton, Juliana, Júlia, Pinóquio, Victor, principalmente a Giu que virou meu grudinho. Aos que chegaram depois, Hector (Babenco), Tetê, Helô e Wolf, e a galerinha da graduação que trabalhou por lá, pelo dia a dia, idas à lanchonete, viagens de coleta, visitas as instituições como Butantan e MZUSP, “rolês” nos bares da cidade, onde nos divertimos muito, aprendi muito com vocês, momentos inesquecíveis, amigos que vou levar para vida. Ao Rafael Indicatti pela amizade, correções e fotos incríveis. Aos amigos da Ecologia da UNESP Rio Claro Natália e Maurício, principalmente ao Maurício Vancine pela ajuda nas análises no programa R, meu grande pesadelo, e pelas conversas e apoio nesse final do doutorado.

Aos funcionários e docentes da UNESP Rio Claro, pessoas incríveis que tive a oportunidade de conhecer e conviver. Aos pesquisadores e técnicos do Museu de Zoologia da USP (Aracnologia) e do Instituto Butantan (Aracnologia), que sempre me receberam sempre muito bem.

Aos grandes amigos de todos os momentos da minha vida, principalmente do laboratório de Aracnologia e Malacologia do Museu de Zoologia da USP e das amigas da graduação, que estão perto e longe, que sempre me apoiaram em tudo, nos momentos bons e ruins, sempre torcendo por mim. Ao meu grande amigo Ricardo Ubiratan

(Xequeté), que este ano completamos 25 anos de amizade, foi essencial nosso reencontro ano passado e voltarmos a andar juntos, pelas viagens, conversas sobre tudo desse mundo, nós aprendemos muito um com o outro, sempre momentos inesquecíveis, e principalmente pela ajuda nos termos de português e apoio psicológico nesse final de doutorado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

RESUMO

A infraordem das aranhas Mygalomorphae possui ampla distribuição no Brasil, e são consideradas promissoras para estudos de biogeografia histórica, apresentando distribuições endêmicas e alta diversidade nas fitofisionomias brasileiras. O presente estudo, inédito devido a grande quantidade de dados compilados e aplicação das metodologias envolvidas, investigou os aspectos da biogeografia histórica da Mata Atlântica, estudando as espécies de Mygalomorphae que ali ocorrem, bem como em fitofisionomias adjacentes, encontrando padrões similares a outros organismos. O estudo foi baseado na compilação de dados de distribuição geográfica das espécies das migalomorfas que pertencem as seguintes famílias: Actinopodidae Simon, 1889; Barychelidae Simon, 1889; Cyrtaucheniidae Simon, 1889; Dipluridae Simon, 1889; Idiopodidae Simon, 1889; Microstigmatidae Roewer, 1942; Nemesiidae Simon, 1889 e Theraphosidae Thorell, 1869. Foram utilizadas apenas as espécies que já passaram por revisão taxonômica recente. A tese está dividida em 2 capítulos, com os seguintes objetivos: 1- propor a delimitação das áreas de endemismo para Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, utilizando os dados de ocorrência das espécies; 2 – encontrar padrão geral de relação histórica entre as áreas de endemismo, usando hipóteses filogenéticas de duas famílias dessas aranhas (Nemesiidae/ Theraphosidae). Para encontrar as áreas de endemismo foi implementado um Protocolo de Delimitação de Áreas de Endemismo, onde foram utilizados os métodos numéricos PAE, NDM e Elementos Bióticos, baseados em quadrículas de grade no mapa, e Interpolação de Kernel (GIE), que não utiliza quadrículas de grade no mapa. No total, 12 áreas de endemismo foram reconhecidas e delimitadas, sendo seis na Mata Atlântica, duas em área de transição Mata Atlântica- Cerrado, uma em Cerrado, uma em área transição Cerrado - Caatinga, uma em áreas de transição Mata Atlântica - Campos Sulinos, e uma em área de transição Mata Atlântica - Pampa. Os padrões gerais históricos das relações entre as áreas de endemismo foram analisados através da construção de cladogramas gerais de áreas, utilizando o método de Parcimônia de Brooks (BPA1°) e métodos comparativos: BPA de nós (BPAn) dos cladogramas filogenéticos, e sub-árvores livres de paralogias (áreas redundantes) (PF). O cladograma geral das áreas de endemismo está composto por quatro blocos de relacionamento das áreas: BNE (bloco nordeste – PI+PE+BA), BSEN (bloco sudeste norte – DF+MG+ES), BSES (bloco

sudeste sul – Org(RJ+SP+SC), e BS (bloco sul – PoA+RSinterior). Posteriormente são discutidos então os principais eventos históricos, como formações dos grandes rios e soerguimentos de serras, podendo inferir o que determinou as separações atuais das distribuições das migalomorfas da Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes.

Palavras chave: Biogeografia Histórica, Caranguejeiras, aranhas-de-alçapão, Áreas de Endemismo, Biogeografia Cladística.

ABSTRACT

The Mygalomorphae spiders infraorder has a wide distribution in Brazil, and are considered promising for historical biogeographical studies, showing endemic distributions and high diversity in Brazilian phytophysiognomies. The present study investigated aspects of the historical biogeography of the Atlantic Forest by studying the species of Mygalomorphae that occur there, as well as in adjacent phytophysiognomies, finding similar patterns to other organisms. The study was based on the compilation of data on the geographic distribution of species of micalomorphs belonging to the following families: Actinopodidae Simon, 1889; Barychelidae Simon, 1889; Cyrtaucheniidae Simon, 1889; Dipluridae Simon, 1889; Idiopodidae Simon, 1889; Microstigmatidae Roewer, 1942; Nemesiidae Simon, 1889 and Theraphosidae Thorell, 1869. Only species that have undergone recent taxonomic revision were included. The thesis is divided into 2 chapters: 1- propose the delimitation of areas of endemism for Atlantic Forest and adjacent phytophysiognomies, using species occurrence data; 2- find general pattern of historical relationships between areas of endemism, using phylogenetic hypotheses of two families of these spiders (Nemesiidae/ Theraphosidae). To find the areas of endemism, a Endemism Area Delineation Protocol was implemented, using numerical methods PAE, NDM and Biotic Elements, (based on grid squares on the map), and Kernel Interpolation (GIE), which do not use grid squares on the map. In total, 12 areas of endemism were delimited, six in the Atlantic Forest, two in transition areas Atlantic Forest - Cerrado, one in Cerrado, one in a transition area Cerrado - Caatinga, one in a transition area Atlantic Forest - Campos Sulinos, and one in a transition area Atlantic Forest - Pampa. The general historical patterns of relationships among areas of endemism were analyzed by constructing general areas cladograms, using Brooks Parsimony Analysis (BPA1°) and comparative methods: BPA of nodes (BPAn) of the phylogenetic cladograms, and parallax-free subtrees (redundant areas) (PF). The general cladogram of the endemic areas is composed of four main blocks: BNE (northeast block – PI+PE+BA), BSEN (north southeast block – DF+MG+ES), BSES (south southeast block – Org(RJ+SP+SC), and BS (south block – PoA+RSinterior). Subsequently, the main historical events are then discussed, making it possible to infer what determined

the current separations of the distributions of migalomorphs in the Atlantic Forest and adjacent phytogeographies.

Key words: Historical Biogeography, Tarantulas, Trap door spider, Endemic Areas, Cladistic Biogeography.

SUMÁRIO

CAPÍTULO I	19
Resumo	20
1. Introdução	21
1.1. Biogeografia Histórica: Áreas de Endemismo	21
1.2. Organismo de estudo: Mygalomorphae	27
1.3. Outros aracnídeos como modelos biogeográficos	30
2. Objetivos	33
3. Material & Métodos	34
3.1. Material	34
3.2. Metodologias	41
3.2.1. Métodos numéricos	45
4. Resultados	54
4.1. Resultados análises das metodologias numéricas	55
PAE	55
NDM	66
BEA	99
GIE	102
4.2. Delimitação dos centros de congruência (CCs) e máximas regiões Endêmicas (MREs) e tabela de nível de endemicidade	110
5. Discussão	138
5.1. Protocolo de Delimitação de Áreas de Endemismo: diferentes tamanhos de grades, metodologias e listagem de espécies	138
5.2. Comparação de delimitações de Áreas de Endemismo com outros estudos e possíveis eventos que separaram essas áreas	145
5.2.1. Comparação das delimitações das Áreas de Endemismo com outros estudos	145
5.2.2. Possíveis eventos que separaram as Áreas de Endemismo	152
6. Conclusão	160
7. Referências Bibliográficas	161
CAPÍTULO II	178
Resumo	179
1. Introdução	180
1.1. Biogeografia Cladística	180
2. Objetivos	184
3. Material & Métodos	185
3.1. Material	185
3.2. Metodologias	188
4. Resultados	192
5. Discussão	199
5.1. Relacionamento das 12 Áreas de Endemismo utilizando diferentes Métodos	199
5.2. Prováveis processos históricos relacionados aos padrões de relacionamentos das Áreas de Endemismo	202
6. Conclusão	206
7. Referências Bibliográficas	207

ANEXO I	215
ANEXO II	225
ANEXO III	242

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela 1	23
Tabela 2	36
Tabela 3	55
Tabela 4	128
Tabela 5	149
Tabela 6	155

CAPÍTULO II

Tabela 1	186
Tabela 2	193
Tabela 3	193

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

Figura 1	22
Figura 2	28
Figura 3	31
Figura 4	35
Figura 5	42
Figura 6	46
Figura 7	48
Figura 8	49
Figura 9	52
Figura 10	56
Figura 11	57
Figura 12	58
Figura 13	59
Figura 14	60
Figura 15	61
Figura 16	62
Figura 17	63
Figura 18	64
Figura 19	65
Figura 20	67
Figura 21	68
Figura 22	69
Figura 23	69
Figura 24	70
Figura 25	71
Figura 26	72
Figura 27	72
Figura 28	73
Figura 29	74

Figura 30	75
Figura 31	76
Figura 32	77
Figura 33	78
Figura 34	79
Figura 35	80
Figura 36	81
Figura 37	82
Figura 38	83
Figura 39	84
Figura 40	85
Figura 41	86
Figura 42	87
Figura 43	88
Figura 44	89
Figura 45	90
Figura 46	91
Figura 47	92
Figura 48	93
Figura 49	94
Figura 50	95
Figura 51	96
Figura 52	97
Figura 53	98
Figura 54	100
Figura 55	100
Figura 56	101
Figura 57	103
Figura 58	104
Figura 59	105
Figura 60	106
Figura 61	107
Figura 62	108
Figura 63	109
Figura 64	111
Figura 65	112
Figura 66	113
Figura 67	114
Figura 68	116
Figura 69	117
Figura 70	118
Figura 71	120
Figura 72	122
Figura 73	123
Figura 74	125
Figura 75	126
Figura 76	127
Figura 77	142

Figura 78	147
Figura 79	157
CAPÍTULO II	
Figura 1	187
Figura 2	189
Figura 3	194
Figura 4	195
Figura 5	196
Figura 6	197

CAPÍTULO I.

Delimitação de áreas de endemismo na Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes com dados de distribuição de aranhas Mygalomorphae

RESUMO

As aranhas são ótimos modelos para estudos de biogeografia histórica, e as aranhas Mygalomorphae em sua maioria, apresentam dispersão limitada e alta diversidade nas fitofisionomias brasileiras. A delimitação de área de endemismo é um passo importante e inicial, pois é a unidade básica pela qual são compreendidos os processos históricos, possibilitando a inferências dos possíveis processos que separaram as áreas, e assim proporcionaram a diversificação da biota. Este estudo teve como objetivo a delimitação das áreas de endemismo, baseadas em distribuições de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes. É aplicado um protocolo de delimitação de área de endemismo, comparando métodos numéricos, baseados em quadrículas de grade de diferentes tamanhos (PAE, NDM), e outro método que não utiliza grades para delimitar as áreas, e sim um interpolador de centróide das distribuições (GIE). Comparando e interpretando os resultados, os centros de congruência (CC) e máxima região endêmica (MRE) são delimitados para cada área de endemismo, baseados nas distribuições das espécies que as delimitam. Foram utilizados dados de ocorrência de 151 espécies de migalomorfas, pertencentes a 35 gêneros de oito famílias. Seguindo as etapas do protocolo de delimitação, 12 áreas de endemismo foram delimitadas, sendo seis áreas são em região de Mata Atlântica, duas em zona de transição de Cerrado – Mata Atlântica, uma em região de Cerrado, uma em zona de transição Cerrado – Caatinga, uma em zona de transição de Mata Atlântica – Campos Sulinos, e uma em região de Pampas. Essas 12 áreas resultantes foram comparadas com outros estudos, os quais utilizaram dados de distribuições de diferentes táxons como plantas, artrópodes (insetos e outros aracnídeos) e vertebrados, e que encontraram áreas de endemismo nas mesmas regiões ou próximas a elas. Desta forma, foi possível inferir quais prováveis eventos que podem ter separado as áreas de endemismo, indicando que provavelmente os mesmos eventos que separaram os organismos de um modo geral, também separaram as espécies de migalomorfas aqui estudadas. Esses eventos são marcas históricas que podem ter influenciado diversos grupos de organismos, de forma e em graus diferentes, como por exemplo soerguimento de regiões montanhosas como a Serra do Mar e Serra do Espinhaço, e formação de grandes rios, como o Rio São Francisco e o Rio Doce.

1. Introdução

1.1. Biogeografia Histórica: Áreas de endemismo (AoEs)

A Biogeografia é a ciência que se dedica à delimitação dos padrões de distribuição dos organismos, e à compreensão dos processos que os determinam, abordando tempo, forma e espaço (Brown & Lomolino, 2006). A disciplina biogeografia é muito antiga, com início no século XVIII, remetendo-se à época onde os primeiros naturalistas atentaram-se as similaridades e diferenças de fauna e flora, como por exemplo Carolus Linneus (1707-1778) com suas explicações religiosas baseadas em missões de Deus, e Alexander von Humboldt (1769-1859) que atentou-se ao fato de que regiões com climas semelhantes exibiam fauna com características semelhantes (Brown & Lomolino, 2006). Regiões como a África e América do Sul separadas por grandes barreiras geográficas, como o oceano Atlântico, apresentam faunas de composição semelhantes (Cox & Moore, 1993). Outro naturalista, o francês Georges-Louis Leclerc, Comte de Buffon (1707-1788), buscando compreender porque os organismos têm distribuições particulares em cada região, que englobam plantas e animais diferentes, foi pioneiro em perceber essas diferenças, e sua constatação mais tarde tornou-se a conhecida Lei de Buffon. Os naturalistas Jean-Baptiste de Lamarck (1744-1829), Charles Robert Darwin (1809-1882) e Alfred Russel Wallace (1823-1913), tinham como assunto prioritário os problemas da distribuição e suas variações (Brown & Lomolino, 2006).

Os primeiros mapas biogeográficos que descrevem regiões do mundo foram mais populares pois delimitavam vastas áreas definidas pelo clima e características geográficas maiores, como oceanos e cadeias de montanhas, e os mapas em escala menor e distribuição de único táxon, delineando áreas faunísticas e florísticas, eram mais raros (Ebach & Goujet, 2006). As primeiras regiões biogeográficas foram delimitadas quando Lamarck e De Candolle (1805) elaboraram o primeiro mapa biogeográfico (Fig.1) com uma classificação de biotas, e definiram as províncias florísticas da França (Ebach & Goujet, 2006).

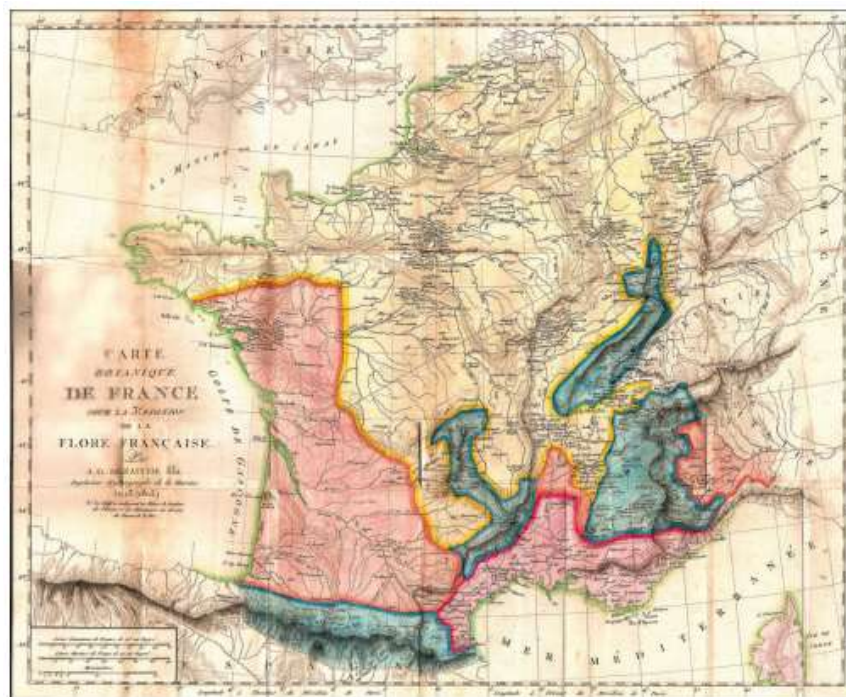


Figura 1. Mapa Botânico da França (*Carte Botanique de France*) para a 3ª edição da Flore Française, Lamarck & Candolle (1805). Os autores delimitaram as províncias no mapa com pintura feita a mão.

Augustin Pyrame De Candolle (1778-1841), em 1820, foi o primeiro a distinguir níveis para o estudo da biogeografia entre ecológica e histórica. A ecológica estuda como os processos bióticos e abióticos que ocorrem a curto prazo, atuam sobre o padrão de distribuição dos organismos, analisando essas distribuições em função de suas adaptações atuais ao meio, e a histórica estuda como os processos bióticos e abióticos que ocorrem a longo prazo, atuam sobre o padrão de distribuição dos organismos na origem das linhagens e espécies, analisando a distribuição dos seres vivos em função de fatores históricos (Crisci, 2001; Crisci et al., 2003). A Biogeografia Histórica abrange várias abordagens, Crisci (2001) cita nove delas: centro de origem e dispersão, panbiogeografia, biogeografia filogenética, biogeografia cladística, filogeografia, análise de endemidade, métodos baseados em eventos, áreas ancestrais, e biogeografia experimental. Biogeógrafos tem identificado três diferentes processos espaço-tempo que podem modificar o arranjo geográfico espacial dos organismos: extinção, dispersão e vicariância (Crisci, 2001; Crisci et al., 2003). A

biogeografia vicariante inclui panbiogeografia, análise de endemidade e biogeografia cladística como métodos eficientes para o auxílio na busca de padrões distribucionais. O presente estudo foca na biogeografia vicariante, executando análises de endemidades, explorando essas análises de endemidade através de métodos de delimitação de áreas de endemismos. A idéia de que as espécies pudessem evoluir em cada continente à medida que se separavam pela superfície da Terra levou ao conceito de vicariância, resumida na famosa frase do botânico italiano Leon Croizat (1964): “Vida e Terra evoluem juntas”, muito citada por autores, como por exemplo Crisci (2001), Crisci et al. (2003), Sanmartín (2012), e DaSilva et al. (2017).

Assim como existem diversos conceitos para ‘espécies biológicas’, com as definições de ‘áreas de endemismo’ não é diferente. Diversos conceitos foram sendo criados ao longo do tempo para o termo ‘área de endemismo’ (Tabela 1):

Tabela 1. Diversos conceitos de ‘áreas de endemismo’ ao longo do tempo.

AUTOR (ANO)	CONCEITOS
De Candolle (1838)	“Essas áreas não foram definidas <i>a priori</i> , reconheço áreas que são naturalmente definidas nas quais vi várias espécies endêmicas”
Nelson & Platnick (1981)	“Áreas de endemismo são áreas com número significativo de espécies que não ocorrem em nenhum outro lugar ou então áreas representadas por distribuições mais ou menos coincidentes de táxons que não ocorrem em nenhum outro lugar”
Platnick (1991)	“Áreas de endemismo são áreas com limites distribucionais congruentes de duas ou mais espécies”
Harold & Mooi (1994)	“As áreas de endemismo são denominadas como congruência espacial entre as áreas de distribuição de diferentes taxons, são como uma região geográfica compreendendo as distribuições de dois ou mais táxons monofiléticos que exibem congruência filogenética e distribucional, e tem seus respectivos táxons aparentados ocorrendo em outras áreas definidas como tais”
Morrone (1994)	“Áreas de endemismo são áreas de congruência distribucional não aleatória entre diferentes táxons, identificadas

	pelos limites distribucionais da congruência de duas ou mais espécies”
Humphries & Parenti (1999)	“Áreas de endemismo são reconhecidas pela distribuição coincidente de dois ou mais organismos”
Linder (2001)	“Áreas de endemismo são áreas delimitadas pelas distribuições congruentes de pelo menos duas espécies de distribuição restrita (endêmicas)”
Hausdorf (2002)	“Áreas de endemismo são áreas delimitadas por barreiras, cujo aparecimento implica na formação de espécies restritas por essas barreiras”
Szumik et al. (2002)	“Áreas de endemismo são áreas que possuem muitos grupos distintos encontrados ali e em nenhum outro lugar”

Em síntese, essas regiões delimitadas são reconhecidas como entidades históricas, por serem congruências históricas de dois ou mais taxons no espaço – tempo. As áreas de endemismo são hipóteses de unidade geográfica natural dos táxons restritos a elas, causada pelo isolamento e origem única de sua biota atual (Morrone, 2001a). Essas áreas são entidades fundamentalmente históricas e sua definição deve levar em consideração a história (Harold & Mooi, 1994).

A maioria dos autores concordam que as áreas de endemismo devem ser tratadas como unidades (Hausdorf, 2002). A proposição de áreas de endemismo é o passo inicial essencial para elaborar hipóteses que ajudam a desvendar a história geral da biota e dos locais onde habitam (Casagrande & Grosso, 2013), é a unidade básica pela qual são compreendidos os processos históricos (DaSilva, 2008). Eventos geológicos alteraram toda a biota do globo e isolaram organismos em seus respectivos continentes ou porção deles, permitindo a evolução independente em cada região em uma escala de tempo muito longa. Essas histórias conjuntas de diversos táxons em áreas restritas criaram o que é denominado hoje em biogeografia o termo “área de endemismo”, explica DaSilva (2008). A identificação de áreas de endemismos também é fundamental para a elaboração de planos de manejo e conservação ambiental, pois representam centros de diversidade biológica. Brown e Lomolino (2006) explicam que cada espécie possui uma amplitude geográfica restrita, na qual encontra uma distribuição limitada pelas condições ambientais. Sendo assim é necessário levantar os

eventos históricos únicos, ou interações ecológicas com outros organismos para explicar as amplitudes geográficas limitadas de algumas espécies, explanam os autores. A procura por padrões gerais que se repitam em diversos táxons, tanto de suas áreas de distribuição, como das relações filogenéticas dos táxons vivendo nessas áreas, é o único enfoque biogeográfico capaz de propor hipóteses de eventos históricos que tenham influenciado boa parte de uma biota (Humphries, 2001). A descoberta de um mesmo padrão é evidência de que os táxons provavelmente possuem uma história comum (Ebach & Humphries, 2002; Humphries & Parenti 1999; Morrone & Crisci 1995).

Análises biogeográficas e suas ferramentas são maneiras eficientes para avaliar e determinar áreas de endemismo. Áreas de endemismo têm um papel central na biogeografia, pois são as unidades analíticas na biogeografia histórica, e também são consideradas bastante relevantes para a conservação da biodiversidade (Casagrande & Grosso, 2013), apesar que atualmente a atual Biogeografia Histórica vem utilizando análises moleculares, sem usar as áreas de endemismo como unidades. Delimitações de áreas de endemismo tem sido utilizadas e indicadas para identificações de áreas prioritárias para conservação (Platnick, 1991; Stattersfield et al., 1998). Segundo Myers et al. (2000), o termo *hotspot* de biodiversidade referere-se a áreas com grande concentração de espécies endêmicas e experimentando processos excepcionais de perda de habitat. Concentrando uma grande proporção de apoio à conservação nessas áreas, iríamos longe para impedir a extinção em massa de espécies que agora está em andamento, explicam os autores. Em algumas áreas, a proteção total ainda é a melhor opção. Em outras áreas, isso é não é viável por causa de assentamentos humanos e outras atividades por muito tempo no lugar (Myers et al., 2000).

Neste trabalho foram utilizados dados de espécies de Mata Atlântica, e também de espécies que habitam fitofisionomias ligadas pelas zonas de transição as regiões das florestas, como Caatinga, Cerrado, Pampa e Campos Sulinos (florestas de altitude), que também necessitam ser conservadas pois englobam grande biodiversidade brasileira. A Mata Atlântica possui uma grande extensão do Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul, apresentando uma variação nas suas características, desde de uma floresta úmida próxima ao litoral a uma mais seca no interior (DaSilva & Pinto-da-Rocha, 2011). Evidentemente esses processos determinam diferenças na composição

das espécies vegetais e animais de um local a outro, explicam os autores. A Floresta Atlântica é considerada o *hotspot* mais crítico da América do Sul, ou seja, são áreas prioritárias para conservação com alto grau de ameaça que carecem de urgente conservação (Myers et al., 2000). Dados de um projeto realizado pelo Ministério do Meio Ambiente, o Projeto de Conservação e Utilização Sustentável da Diversidade Biológica Brasileira (PROBIO, 2002) estima que a Mata Atlântica está reduzida a menos de 8% de sua extensão original, segundo resultados recentes do Atlas da Evolução dos Remanescentes Florestais e dos Ecossistemas Associados no Domínio da Mata Atlântica, desenvolvido pela Fundação SOS Mata Atlântica (PROBIO, 2002). Outra região de floresta, no sul do Brasil, possui floresta ombrófila mista, conhecida como floresta de araucárias, onde o desmatamento provocou a diminuição de sua área a menos de 5% da superfície originalmente ocupada (PROBIO, 2002). Tanto a Mata Atlântica quanto os Campos Sulinos apresentam altos índices de biodiversidade e de endemismo, mas estão em uma situação crítica de alteração de seus ecossistemas naturais, pois seus domínios abrigam 70% da população, e concentram as maiores cidades e os grandes polos industriais do Brasil (PROBIO, 2002). De acordo com Andrade et al. (2018), os Campos Sulinos (prados do sul, Overbeck et al., 2007) correspondem à divisão entre o bioma da Mata Atlântica e o Pampa na classificação do bioma brasileiro (IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2004). Nos prados das terras altas, situados em altitudes superiores a 400 m a.s.l., encontram-se em mosaicos principalmente com floresta de Araucária, um dos tipos de floresta da Mata Atlântica *lato sensu*, e as florestas têm vindo a expandir-se sobre os prados nos últimos milênios, impulsionados pelas alterações climáticas. As pradarias são o tipo de vegetação mais antiga, e a expansão da floresta está atualmente em curso, explicam os autores.

A Caatinga e o Cerrado formam uma ampla faixa conhecida como Diagonal Seca Brasileira, também chamada de diagonal de formações abertas (Vanzolini, 1963) ou corredor de savanas (Schmidt & Inger, 1951). A Caatinga e o Cerrado são os dois maiores biomas da diagonal seca da América do Sul, sendo uma enorme faixa de terra caracterizada por baixa precipitação e alta sazonalidade, ocupando 30% do território brasileiro (Gutiérrez & Marinho Filho, 2017). A Caatinga é o único bioma exclusivamente brasileiro, não é pobre em espécies e em endemismos e é mais diversa

que qualquer outro bioma no mundo exposto às mesmas condições climáticas e de solo (PROBIO, 2002). Esta fitofisionomia abriga conjunto paisagístico do sertão nordestino do Brasil, sendo importante espaço semiárido num país com predominância de climas tropicais e subúmidos, e vegetação tropófila (plantas adaptadas a variações de umidade) (Lima, 2007). O Cerrado engloba áreas do nordeste ao sudoeste do Brasil, leste da Bolívia e norte do Paraguai, com estações secas e precipitações concentradas na estação chuvosa (Gutiérrez & Marinho Filho, 2017). O Cerrado, assim como a Mata Atlântica são considerados *hotspots* mundiais pois estão entre os biomas mais ricos e ameaçados do Planeta, sendo o Cerrado a única savana do mundo incluída nessa categoria (Ferreira, 2007; Castuera-Oliveira et al., 2020). O Cerrado é uma formação tipo savana tropical, estendendo-se pelo Brasil Central (PROBIO, 2002).

Este estudo tem como objetivo a delimitação das áreas de endemismo, baseadas em distribuições de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, com intuito de entender os padrões de distribuição dessas espécies. É elaborada análise inédita devido as diferentes metodologias aplicadas e ao amplo banco de dados (Tabela 1), visando aumentar a quantidade de informações do referido grupo. Propondo associar os estudos sistemáticos e biogeográficos, torna-se um documento válido desse grupo escasso deste tipo de estudo, contribuindo para o entendimento dos padrões de relações históricas, tanto das espécies de aranhas migalomorfas, como da diversa biota da Mata Atlântica brasileira e suas fitofisionomias adjacentes. Apesar de, nos últimos anos, ter-se observado um aumento no número de estudos relacionados a essas aranhas, pouco se conhece sobre padrões de distribuição geográfica da maioria delas, e se são comuns ou não. O estudo se torna relevante e factível, uma vez que essas aranhas migalomorfas apresentam, em sua maioria, uma dispersão limitada e áreas de distribuição restritas, mostrando o grande potencial de estudos biogeográficos desses animais.

1.2. Organismo de estudo: aranhas Mygalomorphae (Opisthela, Araneae)

Por estarem no topo da cadeia alimentar dos invertebrados, e pela sua alta diversidade e abundância, as aranhas possuem relevante importância ecológica (Coddington et al. 1991). A ordem Araneae, com mais de 48.700 espécies descritas em 4.182 gêneros de 128 famílias (World Spider Catalog, 2020), junto com a ordem

Acari, correspondem a 88% da diversidade de aracnídeos, seguidos dos opiliões (Harvey, 2002). A ordem das aranhas é dividida em duas subordens: Opisthetae e Mesothetae (Platnick & Gertsch, 1976). As aranhas mesotelas, infraordem Liphistiomorphae, são as que apresentam alguns caracteres importantes mais primitivos, como abdômen segmentado e quatro pares de fiandeiras (Platnick & Gertsch, 1976), encontradas exclusivamente na Ásia (World Spider Catalog, 2020). As opistotelas englobam as infraordens Mygalomorphae e Araneomorphae. São diferenciadas, principalmente, pelas posições das quelíceras paraxial (movem no plano longitudinal - Fig. 2A) e diaxial (movem no plano horizontal - Fig. 2B), respectivamente, e quantidades de pares de fiandeiras, geralmente dois pares em Mygalomorphae e três pares em Araneomorphae (Platnick & Gertsch, 1976).

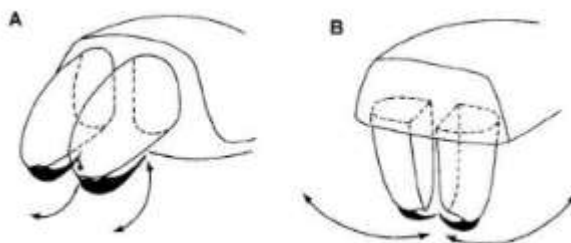


Figura 2. Esquema das diferentes posições e movimentações (setas) das quelíceras de aranhas: A) Mygalomorphae; B) Araneomorphae (Foelix, 2010).

A infraordem Mygalomorphae, que inclui principalmente as caranguejeiras, aranhas de alçapão e de teia de funil (lençol), são as que apresentam os estados mais primitivos dos caracteres das opistotelas (Foelix, 2010). A monofilia de Mygalomorphae é sustentada pelas seguintes sinapomorfias: perda das fiandeiras médias anteriores, fiandeiras laterais anteriores muito menores que as laterais posteriores, segmento basal das fiandeiras laterais posteriores pseudo-segmentado, presença de sigilas esternais e êmbolo fundido com o *tégulum* (redução do número de escleritos do bulbo copulador) (Raven, 1985). Segundo Raven (1985), Mygalomorphae era dividida em 15 famílias, posteriormente 16 famílias (Bond et al., 2012; Guadanucci, 2014), sendo 11 delas com representantes brasileiras: Actinopodidae Simon, 1889; Barychelidae Simon, 1889; Ctenizidae Thorell, 1887; Cyrtacheniidae Simon, 1889; Dipluridae Simon, 1889; Idiopodidae Simon, 1889;

Mecicobothriidae Holmberg, 1882; Microstigmatidae Roewer, 1942; Nemesiidae Simon, 1889; Paratropididae Simon, 1889 e Theraphosidae Thorell, 1869. Hedin et al. (2018a e 2019), através de análises moleculares, incluíram novas famílias (sublinhada), onde a infraordem ficou composta por 21 famílias: Actinopodidae, Antrodiaetidae Gertsch, 1940, Atracidae Hoog, 1901, Atypidae Thorell, 1870, Barychelidae, Ctenizidae, Cyrtaucheniidae, Dipluridae, Euctenizidae Raven, 1985, Hexathelidae Simon, 1892, Hexurellidae Hedin et al., 2019, Halonoproctidae Pocock, 1901, Idiopidae, Macrothelidae Simon, 1892, Mecicobothriidae, Megahexuridae Hedin et al., 2019, Microstigmatidae, Migidae Simon, 1889, Nemesiidae, Paratropididae Simon, 1889, Porrhothelidae Hedin et al., 2019, e Theraphosidae, divididas em 358 gêneros, com 3.087 espécies descritas (World Spider Catalog, 2020). Em 2020, Opatova et al., com base em estudos moleculares filogenômicos, realizaram a reclassificação mundial das Mygalomorphae, resultando em 30 famílias, sendo quatro elevadas de subfamílias à categoria familiar (Anamidae Simon, 1889, Euagridae Raven, 1979, Ischnothelidae F. O. Pickard-Cambridge, 1897 e Bemmeridae Simon, 1903), uma revalidada (Pycnothelidae Chamberlin, 1917), três novas famílias (Bond, Opatova & Hedin, 2020 - Entypesidae, Microhexuridae e Stasimopidae), e uma subfamília Australothelinae (transferida de Dipluridae para Euagridae), que são recentemente propostas (figura 8 em Opatova et al., 2020 com cladograma resumindo relações filogenética das famílias de Mygalomorphae recuperadas no artigo).

Segundo Foelix (2010), as aranhas são animais terrestres, que ocorrem em todos os continentes, exceto Antártida. As migalomorfos, em sua maioria, são animais com dispersão limitada e, em muitos casos, com áreas de distribuição restritas (Guadanucci, 2014). Constituem um modelo informativo adequado para estudos biogeográficos, devido a esse mecanismo de dispersão limitado e de sedentarismo, principalmente entre fêmeas e juvenis, que levam à alta endemicidade local, encontrando assim, uma boa quantidade de espécies num espaço pequeno (Bertani, 2001; Guadanucci, 2011). Entretanto, uma parcela importante dessas espécies de Mata Atlântica ainda não foi revisada, as descrições originais são pouco detalhadas e os dados erigidos têm base em critérios simples de grau de semelhança, dificultando sua determinação. Portanto revisões taxonômicas minuciosas das espécies com descrições antigas são necessárias

para estabelecer a validade de cada uma delas, contribuindo para uma definição mais precisa da riqueza das Mygalomorphae.

Como já mencionado, apesar de nos últimos anos ter-se observado um aumento no número de estudos relacionados a essas aranhas, pouco se conhece sobre a distribuição geográfica da maioria delas, e ainda menos sobre aspectos da sistemática, ecologia e biogeografia. Ainda há muito para se conhecer sobre a diversidade e distribuição desse grupo de animais. Ultimamente, o uso de aranhas como indicadores biológicos vem sendo proposto dentro do contexto da inclusão de invertebrados em ações referentes a políticas de conservação ambiental (New, 1999; Nogueira *et al.*, 2006). Aracnídeos, em geral, apresentam grande diversidade por isso se tornam bons instrumentos para esses estudos de relações históricas, tanto do grupo como da relação dele com os demais organismos da floresta, de acordo com DaSilva (2008).

1.3. Outros aracnídeos como modelos biogeográficos

Alguns outros grupos de aracnídeos têm sido usados como modelos para discutir a biogeografia, principalmente nas regiões de Mata Atlântica. Lourenço (2002) usou espécies de escorpiões para criar diversos cenários históricos biogeográficos na região neotropical, incluindo a Mata Atlântica, para analisar a diversificação das espécies. A fidelidade da maioria das espécies para determinadas fisionomias vegetacionais e os padrões alopatricos de distribuição de espécies próximas filogeneticamente parecem colocar os escorpiões como bons modelos, explica o autor. Porto *et al.* (2013) utilizaram duas espécies de escorpiões endêmicos da Mata Atlântica, *Tytius brazilae* Lourenço & Eickstedt, 1984 e *T. costatus* Karsch, 1879 e duas espécies de aranhas, *Phoneutria keyserlingi* Pickard-Cambridge, 1897 (Areaneomorphae, Ctenidae), e *Vitalius wacketi* Mello-Leitão, 1923 (Mygalomorphae, Theraphosidae), para predizer possíveis refúgios florestais pleistocênicos usando modelagem de nicho. Os seus resultados apontam que estas espécies podem ser usadas para este tipo de predição e que suas distribuições foram influenciadas historicamente pelos refúgios.

Com dados de opiliões endêmicos de Mata Atlântica, 12 áreas de endemismo foram delimitadas (Figura 3), com objetivo de estudar quais eventos históricos possivelmente separaram as áreas (DaSilva & Pinto-da-Rocha, 2011; DaSilva *et al.*, 2015; DaSilva *et al.*, 2017). Características biológicas dos opiliões na Mata Atlântica contribuem para

seu atual grau de isolamento e diversificação, como hidrofilia por exemplo, devido a propensão para desidratação rápida e baixa capacidade de deslocamento (Santos et al., 2007). Essas características confinam a maioria dos opiliões em habitats úmidos geralmente encontradas em florestas maduras e menos antropicamente perturbadas (Bragagnolo et al., 2007).

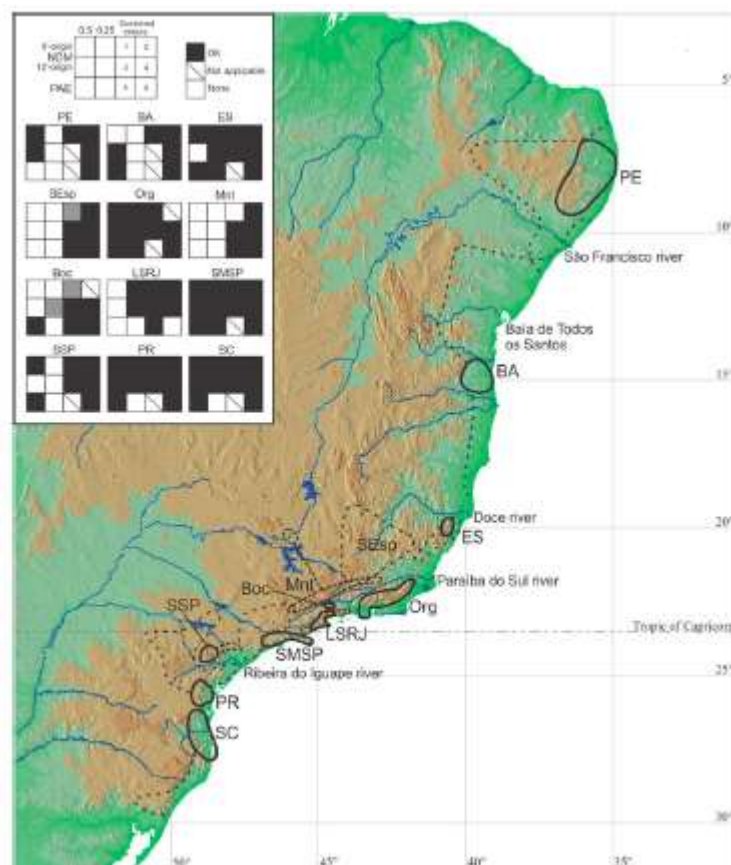


Figura 3. 12 áreas de endemismo (AoEs) delimitadas com dados de ocorrência de opiliões de Mata Atlântica: PE/ BA/ ES/ Serra Espinhaço/ Serra Mantiqueira/ Serra Orgãos/ Serra Bocaina/ Litoral sul RJ/ Serra do Mar/ Sul SP/ PR/ SC. Navarro Hugs canto superior esquerdo (DaSilva, et al. 2015).

Utilizando dados de aranhas Araneomorphae do Brasil, dois estudos utilizaram uma nova abordagem para delimitação de áreas de endemismo, através da interpolação de centróide das distribuições das espécies, em múltiplas escalas e com bordas difusas.

Os autores delimitaram áreas de endemismo em todo território brasileiro (Oliveira et al., 2015; Carvalho, 2017), detalhados na discussão deste estudo.

Trabalhos sistemáticos também discutiram aspectos da biogeografia histórica na Mata Atlântica, utilizando distribuições de aranhas caranguejeiras (Mygalomorphae, Theraphosidae), como por exemplo, Guadanucci (2011) com *Oligoxistre* (agora *Dolichothele* Mello-Leitão, 1923), Bertani (2001) com *Vitalius* Lucas, Silva & Bertani, 1993, *Nhandu* Lucas, 1983 e *Proshapalopus* Mello-Leitão, 1923, Bertani (2012) com *Typhochlaena* C. L. Koch, 1850, *Pachistopelma* Pocock, 1901 e *Iridopelma* Pocock, 1901, e Fukushima e Bertani (2017) com gêneros de Aviculariinae. Os trabalhos corroboram com a grande potencialidade das aranhas caranguejeiras, como bons modelos para padrões de distribuições das espécies nas fitofisionomias brasileiras. Exemplos de estudos de delimitação de áreas de endemismo com outros táxons (plantas, vertebrados e outros artrópodes), são mostrados e debatidos na discussão (resumido Tabela 3).

Este estudo é pioneiro na análise biogeográfica do presente conjunto de dados das aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e suas fitofisionomias adjacentes, influenciando outros estudos nessa mesma linha de pesquisa, corroborando com dados que auxiliam na compreensão da evolução dos organismos, em geral nas biotas brasileiras.

2. Objetivo

- ✓ Delimitar as áreas de endemismo para aranhas Mygalomorphae com dados de distribuições de espécies de Mata Atlântica brasileira e fitofisionomias adjacentes (Caatinga, Cerrado, Campo Sulino e Pampa), detalhando as características das áreas e os padrões de distribuição das espécies;
- ✓ Comparar com outras hipóteses de delimitação de áreas de endemismo, de outros táxons, para analisar congruência de grupos de organismos que habitam as mesmas regiões endêmicas ou próximas a elas;
- ✓ Inferir quais os principais eventos (barreiras) que separaram essas áreas de endemismo delimitadas e, conseqüentemente as espécies das áreas.

3. Material & Métodos

3.1. Material utilizado

O material de estudo foi definido a partir da ocorrência das espécies recentemente revisadas, tanto na Mata Atlântica brasileira, quanto em suas fitofisionomias adjacentes Caatinga, Cerrado, Campos Sulinos (divisão entre florestas de altitude da Mata Atlântica e Pampa) e Pampa. Inicialmente foram elencadas 273 espécies com 2.966 pontos de ocorrência tabelados no total (Figura 4-1.), porém 123 espécies foram retiradas, por ocorrerem fora das áreas de estudo (regiões pantaneira e amazônica), ou por possuírem apenas um ponto de ocorrência registrado. Os registros que estão fora das áreas de estudo geraram muitos ruídos nas análises, surgindo áreas de endemismo em regiões que não são adjacentes à Mata Atlântica, e os pontos únicos de ocorrência foram retirados porque são espécies que não apresentam informação suficiente para representarem padrões de distribuição, sem coletas adicionais para confirmar sua ocorrência em determinado local. Portanto, para as análises de endemidade foram tabelados 2.354 pontos de ocorrência, conferidos ponto por ponto, de 151 espécies (Figura 4-2.), pertencentes a 35 gêneros de 8 famílias de aranhas Mygalomorphae (Tabela 1 e Tabela 2).

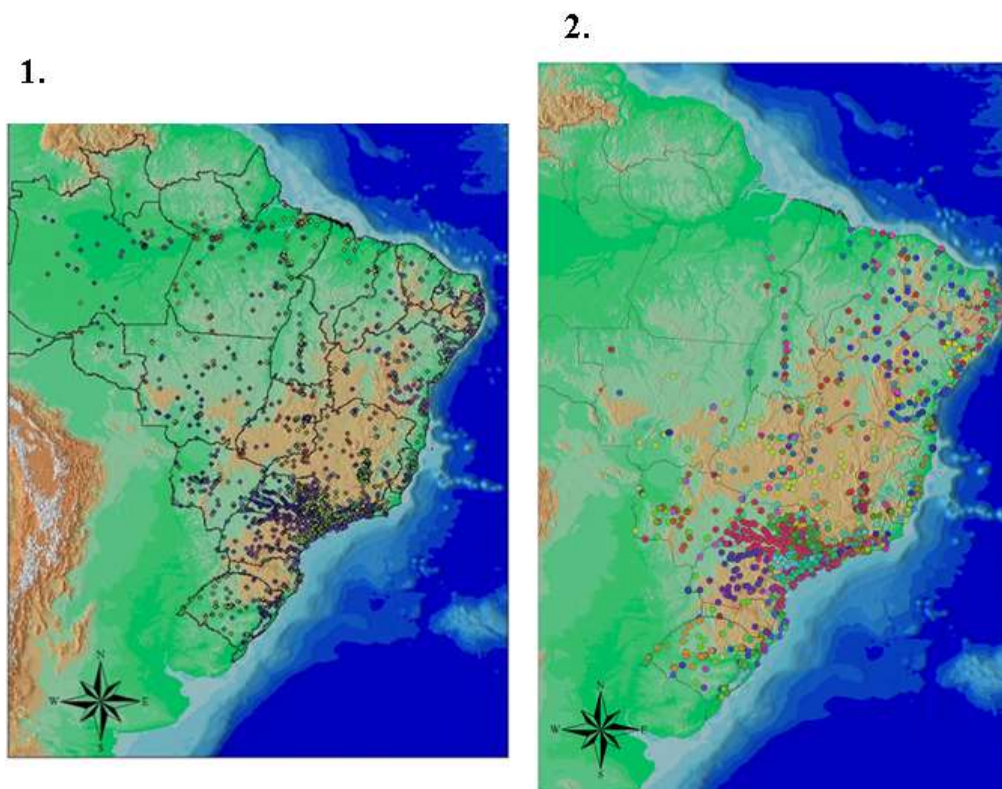


Figura 4. Mapa das espécies de aranhas Mygalomorphae: 1.) com 2.966 pontos de ocorrências das 273, inicialmente compilados para as análises biogeográficas do presente estudo, elaborado antes da retirada das espécies de fora das áreas de estudo e das espécies com um único ponto de ocorrência. 2.) com 2.354 pontos de ocorrências das 151 espécies utilizadas para as análises biogeográficas, nas análises de endemidade.

Foram compilados dados de ocorrências das espécies de aranhas Mygalomorphae das fitofisionomias citadas acima, todas com recente revisão taxonômica. Os registros das espécies foram adquiridos de artigos publicados, dissertações de mestrado e teses de doutorado (Tabela 2), e a quantidade de registros por espécies estão na tabela de níveis de endemidade (Tabela3). Além desses dados, foram utilizados pontos de registro de coletas feitas pela equipe do laboratório onde foi desenvolvido o presente estudo (LARC – Laboratório de Aracnologia de Rio Claro - UNESP), possibilitando aumentar as informações sobre a distribuição biogeográfica dessas espécies de aranhas.

Para aumentar ainda mais os dados de ocorrência, instituições nacionais foram visitadas, com intuito de analisar materiais ainda não identificados e incluí-los no

banco de dados. As seguintes instituições foram visitadas (sigla – nome da instituição e local – curador da coleção): **CAD**, Coleção Aracnológica Diamantina, Rio Claro, Brasil – J. P. L. Guadanucci; **CGPC**, Privative Collection Mr. Carlos Nicolau Gofferjé, Santa Catarina, doada para o Museu de Zoologia (MZUSP) em 2009; **IBSP**, Instituto Butantan, São Paulo, Brasil – A. D. Brescovit; **MZSP**, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil – R. Pinto da Rocha.

Tabela 2. Elenco dos táxons das 151 espécies compiladas incluídas no presente estudo, indicando a origem dos dados de ocorrência: dissertação, tese ou artigo publicado (publicações).

FAMÍLIA	GÊNERO	<u>Nº de spp</u>	BIBLIOGRAFIA/ Tipo de trabalho
Actinopodidae Simon, 1892	<i>Actinopus</i> Perty, 1833	26	Miglio, 2009/ dissertação mestrado Miglio, 2014/ tese doutorado
Barychelidae Simon, 1889	<i>Cosmopelma</i> Simon, 1889	1	Mori & Bertani, 2016/ Publicação
	<i>Neodiplothele</i> Mello-Leitão, 1917	4	Gonzales-Filho et al., 2015/ publicação Gonzales-Filho, 2017/ dissertação mestrado/ Indicatti et al. em prep./ Sartori et al. em prep.
Cyrtaucheniidae Simon, 1889	<i>Fufius</i> Simon, 1888	4	Guadanucci & Indicatti, 2004/

			Ortega et al., 2013/ publicações
Dipluridae Simon, 1889	<i>Trechona</i> C. L. Koch, 1850	6	Pedroso, 2009/ dissertação mestrado Pedroso & Batista, 2004/ Pedroso et al., 2008/ Pedroso et al., 2018/ Azevedo & Pedroso, 2010/ Guadanucci et al., 2016/ publicações
Idiopidae Simon, 1889	<i>Idiops</i> Perty, 1833	5	Yamamoto, 2013/ tese de doutorado
	<i>Neocteniza</i> Pocock, 1895	1	Fukami et al., 2004/ Bertani et al., 2006/ publicações Malinov, 2017/ dissertação mestrado Rossi et al. (no prelo)
Microstigmatidae Roewer, 1942	<i>Tonton</i> Passanha, Cizauskas & Brescovit, 2019	6	Passanha et al., 2019/ publicação
Nemesiidae Simon, 1889	<i>Longistylus</i> Indicatti & Lucas, 2005	1	Indicatti & Lucas, 2005/ publicação
	<i>Neostothis</i> Vellard, 1925	1	Lucas et al., 2008/ publicação

	<i>Prorachias</i> Mello–Leitão, 1924	1	Lucas et al., 2005/ publicação
Transferido para Pycnothelidae por Opatova et al. 2020	<i>Pycnothele</i> Chamberlim, 1917	5	Passanha et al., 2014/ publicação
	<i>Rachias</i> Simon, 1892	11	Lucas & Indicatti, 2006/ Indicatti, 2011/ tese doutorado/ Indicatti et al. em prep.
Transferido para Pycnothelidae por Opatova et al. 2020	<i>Stenoterommata</i> Holmberg, 1881	8	Indicatti et al., 2008b/ Indicatti et al., 2017/ publicações
Theraphosidae Thorell, 1869	<i>Acanthoscurria</i> Ausserer, 1871	3	Lucas et al., 2010/ Lucas et al., 2011/ Gonzales–Filho et al., 2012/ publicações
	<i>Avicularia</i> Lamarck, 1818	1	Fukushima & Bertani 2017/ publicação
	<i>Bumba</i> Pérez–Miles, Bonaldo & Miglio, 2014	1	Pérez–Miles et al., 2014/ Lucas et al., 2020/ publicações

<i>Catanduba</i> Yamamoto, Lucas & Brescovit, 2012	2	Yamamoto et al., 2012/ publicação
<i>Catumiri</i> Guadanucci, 2004	2	Guadanucci, 2004/ Galleti-Lima et al., 2021/ publicações
<i>Dolichothele</i> Mello-Leitão, 1923	8	Guadanucci, 2007/ Bertani et al., 2009/ Guadanucci, 2011/ Lucas & Indicatti, 2015/ Revollo & Bertani, 2017/ publicações Revollo, I. S., 2016/ dissertação mestrado
<i>Eupalaestrus</i> Pocock, 1901	3	Bertani, 2001/ publicação
<i>Guyruita</i> Guadanucci, Lucas, Indicatti & Yamamoto, 2007	1	Guadanucci et al., 2007/ Fukushima & Bertani, 2018/ publicações
<i>Homoeomma</i> Ausserer, 1871	5	Yamamoto, 2008/ dissertação mestrado
<i>Iridopelma</i> Pocock, 1901	4	Bertani, 2012/ publicação
<i>Kochiana</i> Fukushima,	1	Fukushima et al., 2008/

Nagahama & Bertani, 2008		publicação
<i>Nhandu</i> Lucas, 1983	1	Bertani, 2001/ publicação
<i>Pachistopelma</i> Pocock, 1901	2	Bertani, 2012/ publicação
<i>Plesiopelma</i> Pocock, 1901	6	Nagahama, 2010/ publicação
<i>Proshapalopus</i> Mello–Leitão, 1923	2	Bertani, 2001/ publicação
<i>Pterinopelma</i> Pocock, 1901	3	Bertani et al., 2011/ Bertani & Leal, 2016 publicações
<i>Sickius</i> Soares & Camargo, 1948	1	Bertani & Silva Jr, 2002/ publicação
<i>Tmesiphantes</i> Simon, 1892	9	Yamamoto et al., 2007/ Indicatti et al., 2008a/ Guadanucci & Silva, 2012/ Fabiano– da–Silva et al., 2019 Publicações
<i>Typhochlaena</i> C. L. Koch, 1850	4	Bertani, 2012/ Publicação

<i>Vitalius</i>	10	Bertani, 2001/ Bertani et al., 2012/ publicações
Lucas, Silva & Bertani, 1993		
<i>Ybyrapora</i>	2	Bertani & Fukushima, 2009/ Fukushima & Bertani, 2017/ publicações
Fukushima & Bertani, 2017		

3.2. Metodologias

Para precisar a distribuição das espécies, os dados de ocorrências convertidos em graus decimais, foram plotados em mapa, por gênero (anexo I), utilizando programa ArcGIS 10.3 Desktop ® (ESRI, 2007). Os pontos foram conferidos e georreferenciados nas seguintes fontes:

- <http://www.fallingrain.com/world/> (Global Gazetteer, versão 2.1)
- <http://www.ibge.gov.br/cidadesat/>
- <http://www.google.com.br/maps>
- aplicativo Google Earth Pro 7.1

Para encontrar as áreas de endemismo finais das aranhas Mygalomorphae, um protocolo de delimitação de áreas foi utilizado, baseados em critérios combinados (DaSilva, 2008; DaSilva et al., 2015). Esses critérios são uma avaliação qualitativa, propostos por DaSilva et al. (2015), para a delimitação de áreas de endemismo de uma forma mais precisa e coerente. Revisados por DaSilva e Pinto-da-Rocha (2011) os seis critérios combinados são (Figura 4): 1) congruência na distribuição de duas ou mais espécies, formando o “centro de congruência” (principal critério e objetivo dos métodos numéricos); 2) todas as espécies deverão ser classificadas em três níveis de endemismo: centro de congruência (CC), quando restritas ao CCs/ máxima região endêmica (MRE), quando não são restritas aos CCs, e tem pontos fora dos CCs, delimitando a máxima região endêmica/ amplilocadas (widespread) presentes em mais de um CC, sendo amplamente distribuída; 3) os padrões de congruência geral entre

espécies amplilocadas não é critério para delimitação de AoE, por isso é preciso reconhecer e separar de endemismos específicos; 4) as áreas devem ser mutuamente exclusivas, ou seja, não pode haver sobreposição dos centros de congruência (CCs), nem ser identificáveis pelas mesmas espécies endêmicas; 5) ocorrências fora de qualquer outra área (CC) podem indicar mais áreas de endemismo, algumas espécies podem não ocorrer nos centros de congruência, mas apresentam grau de sobreposição entre si e com espécies irmãs em áreas adjacentes, podendo ser usadas como mais uma evidência para uma delimitação de área; 6) evidências geográficas são usadas como possíveis barreiras ou áreas de maior estabilidade, pois podem indicar AoEs. As áreas de endemismo foram desenhadas com o núcleo de congruência (CCs) e a região máxima de endemismo (MREs) (Figuras. 64 – 76: mapas finais). A delimitação das MREs são importantes por ser interpretadas do ponto de vista metodológico como uma região com carência de estudos que podem complementar as ocorrências, o que serviria como fonte de falseabilidade da hipótese de delimitação (DaSilva & Pinto-da-Rocha, 2011). Além disso, as MREs podem ter uma interpretação biológica, como possíveis processos de expansão distribucionais de algumas espécies, combinados com gradientes de mudanças ambientais entre as áreas de endemismo, ou zona de transição (substituição gradual das espécies) (Silva, 2008).

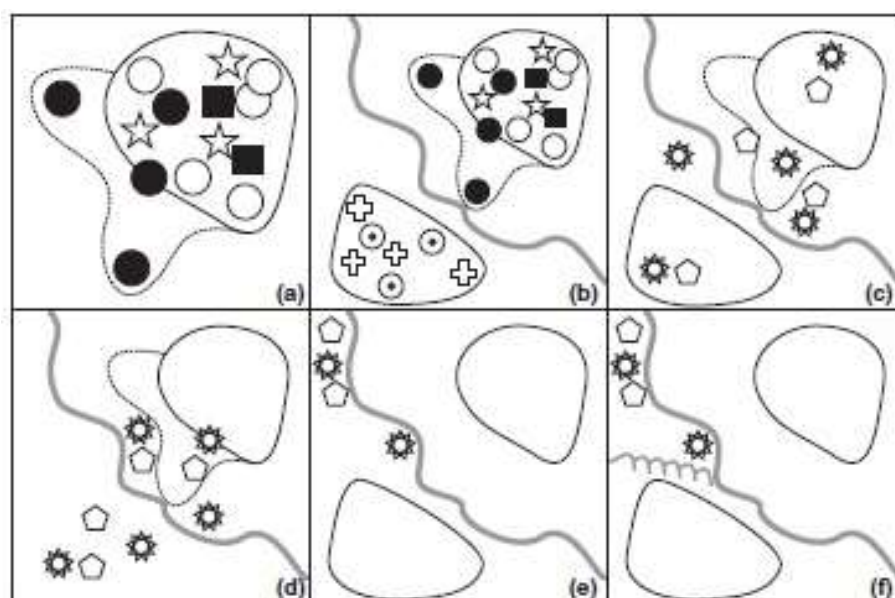


Figura 5. Esquema de exemplos hipotéticos usando critérios combinados qualitativos (DaSilva et al., 2015): a e b) C1: linha sólida – permite a delimitação de um centro de

congruência (CC) baseado em três espécies: estrela branca, quadrado preto e círculo branco; C2: linha pontilhada – permite a delimitação de uma máxima região endêmica (MRE) baseado na espécie círculo preto sólido; c) C3: evitaria a delimitação de uma área de endemismo (AoE) pela congruência de espécies amplilocadas: sol branco e pentágono branco; d) C4: evitaria sobreposição de CCs, eles devem ser mutuamente exclusivos; e) C5: duas espécies endêmicas podem ser evidências de outra área; f) C6: corrobora a nova AoE mostrada em “e” porque a área está do outro lado de um grande rio e uma cadeia de montanhas da mesma unidade topográfica (DaSilva et al., 2015).




O protocolo de delimitação de áreas de endemismo (DaSilva et al., 2015) possui quatro etapas a serem completadas, como explicado acima, para que as áreas de endemismo sejam encontradas. A etapa 1 são as aplicações de diferentes métodos numéricos, baseados em diferentes tamanhos de grade. No presente estudo cinco tamanhos de grade com graus diferentes foram utilizados: 0.5°, 1°, 2°, 3° e 5°. Três métodos numéricos foram baseados em quadrícula de grade: Análise de Parcimônia de Endemicidade (PAE) (Morrone, 1994); Análise de Endemicidade (NDM/VNDM) (Goloboff, 2004); Análise de Elementos Bióticos (BEA) (Hausdorf, 2002). Um quarto método, sem aplicação de quadrícula de grade, foi baseado na interpolação dos centróides das distribuições, a Interpolação Geográfica Do Endemismo (GIE) (Oliveira et al., 2015), com intuito de comparar com as áreas encontradas nas metodologias com quadrículas de grade. Além dos diferentes tamanhos de grade e diferentes metodologias, foram avaliados os resultados com três diferentes listagem de espécies: uma lista (L1) com as 273 espécies inicialmente elencadas (Figura 4), a segunda (L2) com 151 espécies, retirando 124 espécies da listagem inicial, ou seja, sem as 49 espécies de fora das áreas de estudo (regiões amazônica e pantaneira) e sem as 75 espécies que só possuíam um ponto de registro de ocorrência, e a terceira (L3), com 132 espécies com ampla distribuição no território brasileiro (não consideradas ainda amplilocadas, pois essa denominação é feita após a comparação e interpretação dos resultados, conforme passo 4 do protocolo). Os resultados assumidos para a presente delimitação de áreas de endemismo são com as espécies da segunda lista (L2), sem os pontos fora das áreas de estudo (regiões pantaneira e amazônica), e sem

os pontos das espécies com um registro de ocorrência, totalizando 151 espécies inclusas nas análises de endemidade (Tabela 2 e 4).

A etapa 2 são as análises de consenso dos mapas do NDM, aplicando diferentes porcentagens de semelhança entre as espécies. Os resultados foram definidos com 5% de similaridade das espécies, mas foram testados com outros valores, debatidos na discussão. Na etapa 3 iniciam as comparações dos resultados dos métodos numéricos citados acima, analisando mapa por mapa, dos graus menores para os graus maiores, delimitando as áreas das mais detalhadas para as menos detalhadas. As áreas de endemismo que surgiram nas menores quadrículas vão sendo mantidas, adicionando as áreas “novas” que vão aparecendo conforme aumenta o tamanho da grade. As grades de células maiores, neste estudo as de 3° e 5°, resultam normalmente em: 1) soma ou contradição com conjunto de células menores; ou 2) artefatos causados por uma célula cobrindo diferentes áreas. A etapa 4, e último passo, é a delimitação dos centros de congruência (CCs) e regiões máximas endêmicas (MREs) das áreas de endemismo, e a classificação de todas as espécies incluídas nas análises, de acordo com os diferentes níveis de endemidade, ou seja, se a espécie é restrita ao centro de congruência ou delimita máxima região endêmica, ou se ocorre em mais de um centro de congruência, sendo considerada amplilocada (widespread). As províncias geológicas estruturais brasileiras, em que estão localizadas as áreas de endemismo, seguem Bizzi et al.(2003).

Para cada área de endemismo foi feito um Navarro Hugs (análise de sensibilidade) indicando de qual metodologia as áreas surgiram, como mostra o esquema abaixo:

	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE					
NDM					
GIE	class1	class2	class3	class4	class5e6

	delimita AoE
	não delimita AoE
	não aplicável

Abreviações e acrônimos. AoE(s): áreas de endemismo; PAE: análise de parcimônia de endemidade; NDM: análise de índice de endemidade; BEA análise de elementos bióticos; GIE: interpolação geográfica de endemismo; CCs: centro de congruência; MREs: máxima região endêmica; PE: Pernambuco; PI: Piauí; DF: Distrito Federal; SEsp(MG): Serra do Espinhaço(MG); MG: Minas Gerais; BA: Sul da Bahia; ES: Espírito Santo; Org(RJ): Serra dos Órgãos(RJ); SPSM: São Paulo; SC: Santa Catarina; PoA: Rio Grande do Sul litoral; RSint: Rio Grande do Sul interior.

3.2.1. Métodos Numéricos

Os métodos numéricos utilizados nas análises de áreas de endemidade deste estudo foram selecionadas porque cada algoritmo possui um parâmetro de análise diferente. Alguns métodos trabalham com quadrículas de grade sendo mais restritivos como PAE, ou flexibilizam as análises como NDM e BEA. O outro método trabalha sem quadrículas de grade, sendo mais independente como o GIE. Se os diferentes métodos rendem resultados similares surgindo as mesmas áreas, isto é um indicativo de resultados robustos, confiáveis e bem testados. Os resultados dessas análises de endemidade foram comparados, sintetizados pelos Critérios Combinados (Figura 5) e debatidos na discussão, subsidiando a elaboração de hipótese para as áreas de endemismo finais delimitadas para o grupo de aranhas proposto por este estudo.

1º método: Análise de Parcimônia de Endemidade (PAE) (Morrone, 1994; Morrone, 2014)

Formulado originalmente por Rosen (1984, 1985 *apud* Rosen, 1988), e totalmente desenvolvido pelo próprio autor em 1988 para dados fósseis, os dados de localidade são as unidades operacionais. Então, é feita uma análise de parcimônia cujo cladograma resultante é definido pela presença compartilhada das espécies ocorrentes (Morrone, 2014). Em 1994, Morrone propõe a metodologia PAE, baseada em células de grade (quadrículas) quando o objetivo da análise for identificar áreas de endemismo. O autor realizou essa análise de parcimônia, e as quadrículas agrupadas com pelo menos duas espécies exclusivas (“sinapomorfias”) são delimitadas como áreas de endemismo.

Neste método, no mapa de distribuição de espécies de estudo, é aplicada uma grade dividida em células ou quadrículas, numeradas posteriormente (Figura 6). No presente trabalho, foram utilizados cinco diferentes tamanhos de quadrículas (graus): 0.5°, 1°, 2°, 3° e 5°. Uma matriz foi elaborada para cada grau de mapa, onde as áreas são os táxons terminais, analogamente a uma matriz de caracteres para filogenia, e as espécies são os caracteres (presente/ ausente). A ausência ou presença das espécies nas áreas delimitadas pelas células foram registradas, respectivamente, com '0' e '1' na matriz. Uma área hipotética '0' é adicionada a matriz. A análise de parcimônia foi realizada com os programas Nona 2.0 (Goloboff, 1999), em conjunto com o Winclada (versão 1.00.08) (Nixon, 1999) utilizando os seguintes parâmetros: Analyse – Heuristics – hold = 10.000; mult*N = 100; hold/10 = 10; Multiple TBR+TBR (mult*max*) TBR (Tree Bisection and Reconnection). Essas configurações de procura de árvores mais parcimoniosas resultam em 1.000 árvores, então foi considerado o cladograma de consenso estrito das árvores com o comprimento mais curto.

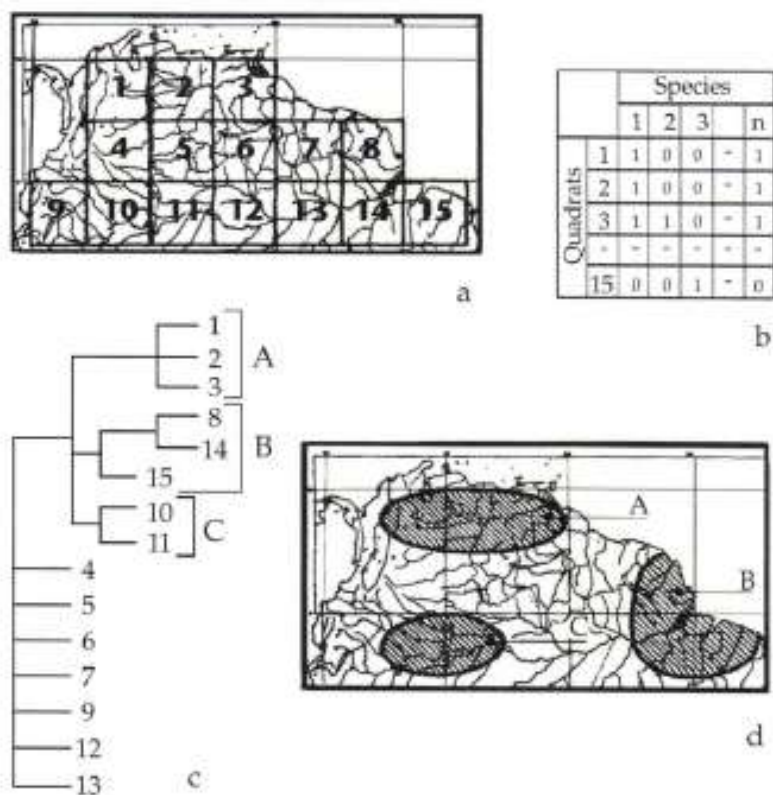


Figura 6. Esquema de PAE baseado em quadrículas (Morrone & Crisci, 1995; Crisci et al. 2003): **a)** mapa de distribuição de espécie dividido em quadrículas de grade numeradas; **b)** matriz de dados (quadrículas X espécies); **c)** cladograma de consenso obtido aplicando algoritmo de máxima parcimônia; **d)** áreas de endemismo delimitadas (A, B e C), seguindo os grupos encontrados no cladograma.

2º método: Análise de Endemicidade (NDM/VNDM) (Goloboff, 2004; Szumik et al., 2002; Szumik & Goloboff, 2004)

Inicialmente proposto por Goloboff (2004), o método é implementado em dois programas NDM/VNDM para análise de endemicidade, onde a espécie contribui individualmente para o cálculo do Índice de Endemicidade de cada área e a soma desses índices indica a área de endemismo, ou seja, um critério de otimização para procurar pela congruência de distribuições (Szumik et al., 2002). O NDM é o mecanismo de pesquisa básico e o VNDM é um programa que ajuda a visualizar e diagnosticar, por exemplo, descobrir quais espécies contribuem para a pontuação de cada área (Szumik et al., 2002). Os dados de ocorrências das espécies são usados sobre uma grade de mapa para procurar as congruências de distribuições. O tamanho das células da grade afeta a identificação das áreas de maneira determinística, onde células pequenas reconheceriam áreas muito pequenas e células grandes áreas muito grandes com muitas espécies aparecendo como endêmicas a elas (Szumik et al., 2002).

A presença de duas espécies ocupando exclusivamente as mesmas células, por exemplo, seria o suficiente para a delimitação de áreas de endemismo, como é aplicado na PAE (Parsimony Analysis of Endemicity), conforme proposto por Morrone (1994). Entretanto, a exclusividade de presença nas células como critério para delimitá-las, faz com que a PAE seja um método bastante restrito para procurar por padrões mais complexos. O programa NDM/VNDM flexibiliza essa restrição atribuindo pontos para grupos de quadrículas de acordo com o ajuste das espécies a elas (Figura 7 e 8), independentemente de como essa área foi encontrada ou hipoterizada, explicam os autores.

$$1) \quad A = \sum P_e$$

$$2) \quad P_e = \frac{p + (i.F)}{N + o/F}$$

Figura 7. Fórmula resumida de NDM (DaSilva, 2008). 1) ‘A’ = pontos de um grupo de quadrículas; ‘ \sum ’ = somatória de ‘ P_e ’; ‘ P_e ’ = pontos de ajuste de cada espécie a esse grupo de quadrículas. 2) ‘p’ = número de quadrículas de ‘A’ em que a espécie está presente; ‘i’ = número de quadrículas em que a espécie é inferida como presente (“evenness rule”); ‘N’ = números de quadrículas de ‘A’; ‘o’ = número de quadrículas fora de ‘A’, mas adjacente a ‘A’ em que a espécie ocorre; ‘F’ = fator para determinar o quanto a espécies inferida em ‘A’ conta a favor (i) ou a presença fora da área conta contra (o).

Basicamente o método assume três categorias de registro nas células: ausente (não está na célula), presente (está na célula) e inferida (não está presente, mas é adjacente uma presença dentro da área). A pontuação individual para as espécies se baseia-se na composição das espécies dentro das células das áreas, aumenta à medida em que a espécie é encontrada dentro da célula de uma determinada área, e diminui se encontrada em célula fora da célula de área (Figura 8). A aplicação do consenso refere-se a área consensual com corte, baseada na porcentagem de similaridade nas espécies, sendo assumido para o presente estudo 5%. Aumentando a porcentagem do consenso, as análises se tornam menos rígidas. Esse programa também possibilita a alteração dos *grids* de origem, ou seja, o posicionamento do mapa no diagrama do programa. Ambos *grids* de origem utilizados neste estudo, 0’ e 12’, não deram diferença significativa nas AoEs. A diferença entre os dois tratamentos foi o mapa ficar mais acima ou mais abaixo no diagrama, resultando praticamente nas mesmas AoEs. Foi usado para as análises os resultados do *grid* de origem 0’.

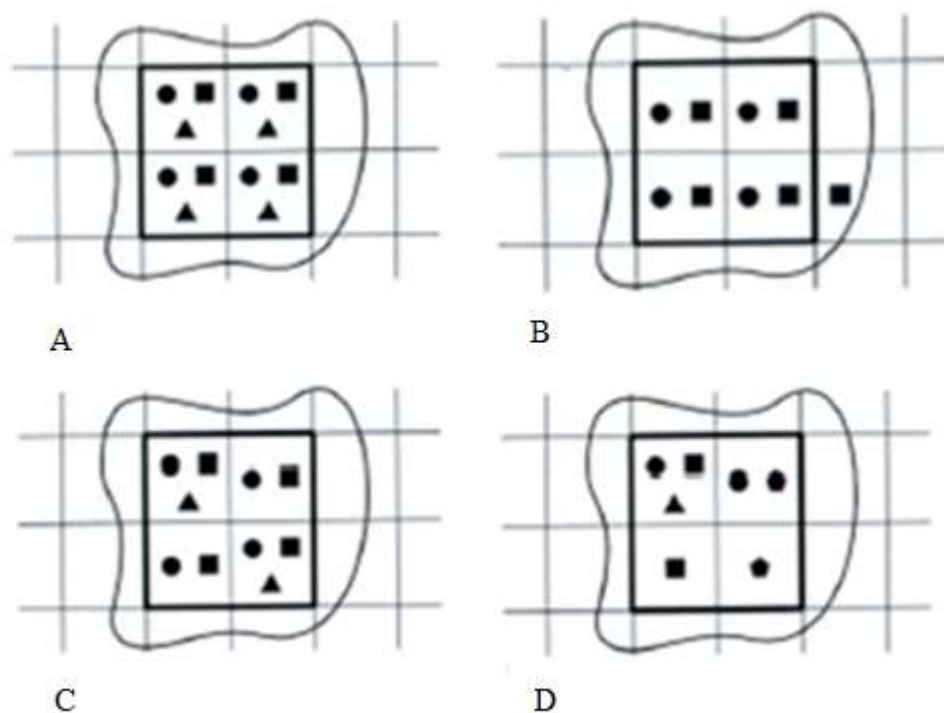


Figura 8. Esquema de atribuição de pontuações para o índice de endemidade do NDM sob diferentes critérios (Morrone, 2009). **A)** área pontua 3 sob o 1º critério (ajuste perfeito de distribuição das três espécies na área para contribuir com o índice, mesma distribuição em todas as quadrículas). **B)** área pontua 2 sob o 2º critério (uma espécie pode contribuir com o índice se ocorrer em alguma célula fora da área, desde que adjacente com alguma célula da área, não precisa ter a mesma distribuição, mas mesma composição na célula). **C)** área pontua 2 sob o 3º critério (espécie “triângulo” pontua menos (espécies inferidas) porque é encontrada somente em algumas células, somente espécies ocorrentes em toda área contribuem mais para o índice). **D)** área pontua 4 sob o 4º critério (as quatro espécies contribuem para o índice, embora nenhuma delas seja encontrada em todas as células, mesmo que ausente de uma dada célula).

3º método: Análise de Elementos Bióticos (BEA) (Hausdorf, 2002)

Hausdorf (2002) discutiu a questão da unidade básica para o estudo de biogeografia histórica, criando o conceito “elementos bióticos”, diferenciando-o de áreas de endemismo através de uma visão bastante restrita do último. De acordo com o

autor, a área de endemismo é originada por barreiras em um modelo estritamente vicariante. Dessa forma, não seria possível delimitá-la, pois as espécies que dispersaram após a vicariância encobririam a área. Hausdorf (2002) define o “elemento biótico” como um grupo de taxa cujos intervalos são significativamente mais semelhantes entre si, do que aqueles de taxa de outros grupos. O “elemento biótico” seria então o agrupamento de distribuições de espécies baseado no método criado por Hausdorf & Hennig (2003). Os elementos bióticos testam os padrões de congruência sem requerimento de alopatria estrita, procurando espécies significativamente agrupadas. São suficientes como unidades biogeográficas para testes de modelo de vicariância em biogeografia histórica, defendem os autores.

No presente estudo, o método foi realizado através de um script no ambiente de programação computacional R Studio, com o pacote PRABCLUS (presence – absence clustering), que utiliza o dimensionamento multidimensional de Distância de Kulczynski para calcular o agrupamento das espécies. A Distância de Kulczynski relaciona a área comum com ambas as faixas das espécie, e testa o agrupamento estatisticamente, se tem as suas distribuições significativamente agrupadas em relação a um modelo nulo. Este método também é baseado em quadrícula de grade numerada, onde uma lista com cada número de célula e suas células vizinhas é elaborada (*nblast*). Uma matriz binária ‘0’ e ‘1’, ausência e presença respectivamente, é preparada. Após rodar a análise no ambiente computacional R Studio, um valor de significância “P” é dado, e se o valor for significativo, ou seja, menor de 0,05 ($P < 0,05$), quer dizer que existe regionalização, delimitando elementos bióticos. De acordo com o script utilizado, somente se o valor for significativo segue-se com a análise para encontrar a lista de Elementos Bióticos, e elaborar os mapas de cada um (script baseado no estudo de Guedes et al. (2014)).

Neste estudo então, esse método foi utilizado para encontrar esses agrupamentos, como na busca de áreas de endemismo em PAE e NDM. Em ambas aplicações de diferentes tamanhos de grade o valor de significância ‘p’ deu acima de 0,05. Mesmo com o valor não significativo (p.value [1] 0.253493, com 2º, por exemplo), as análises foram feitas até o final para verificar como resultariam as regionalizações. Os elementos bióticos agruparam espécies que ocorrem distantes umas das outras, e que provavelmente foram separadas por diferentes eventos. Áreas

de Endemismo delimitadas e separadas por PAE e NDM aqui ficaram no mesmo elemento biótico (exemplo BEA1 – Figura 56). Portanto foi inserido no presente trabalho somente o resultado com grade de 2°, o mais congruente com os resultados de PAE e NDM, porém juntas, como é mostrado nos resultados. Como os resultados não foram significativos e sem regionalização (reg. NO do script, para todas as grades), não foram utilizados para delimitar as áreas, nem serem incluídos nos Navarro Hugs, nem debatidos na discussão.

4º método: Interpolação Geográfica de Endemismo (GIE) (Oliveira et al., 2015)

Para complementar com as delimitações das áreas de endemismo finais, o quarto método de delimitação de áreas de endemismo é realizado através do método de Interpolação de Kernel (Figura 9), proposto por Oliveira et al. (2015), utilizado pois não faz a uso de quadrículas como os outros três métodos descritos acima. Não tem limitações de grade como em PAE, NDM e BEA, o que o torna interessante elemento de comparação. Esse método permite a identificação da interpolação geográfica para procura de áreas de endemismo, através da interpolação dos centróides das distribuições das espécies, em múltiplas escalas e com bordas difusas. Calcula a distância do centróide da distribuição da espécie até o ponto mais distante da ocorrência de cada uma (Figura 9). O GIE possibilita analisar separadamente os dados das espécies com diferentes extensões de distribuição, permitindo assim a delimitação de áreas de endemismo em diferentes escalas espaciais. As distâncias são calculadas por classe, ou seja, cada classe corresponde a um valor em quilômetros, como mostrado nos resultados (exemplo: classe 1 = 0 à 50km/ classe 2 = 51-100km/ classe 3 = 101-200km/ classe 4 = 201-300km/ classe 5 = 301-400km/ classe 6 = 401km até o ponto mais distante). Neste caso foram feitos testes com 6 e 7 classes, e com as três diferentes listagens de espécies. Os resultados das áreas de endemismo delimitadas pelo GIE foram praticamente os mesmos com ambas listagens de espécies, e ambos números de classes. Portanto, os resultados com 6 classes e a L2 foram os escolhidos para fazerem parte das interpretações e definições das AoEs finais, devido ao melhor ajuste e compatibilidade com os resultados de PAE e NDM. Este método foi implementado usando o programa BioDinâmica Ego 4, e os mapas foram editados no ArcGIS Desktop® (ESRI, 2007).

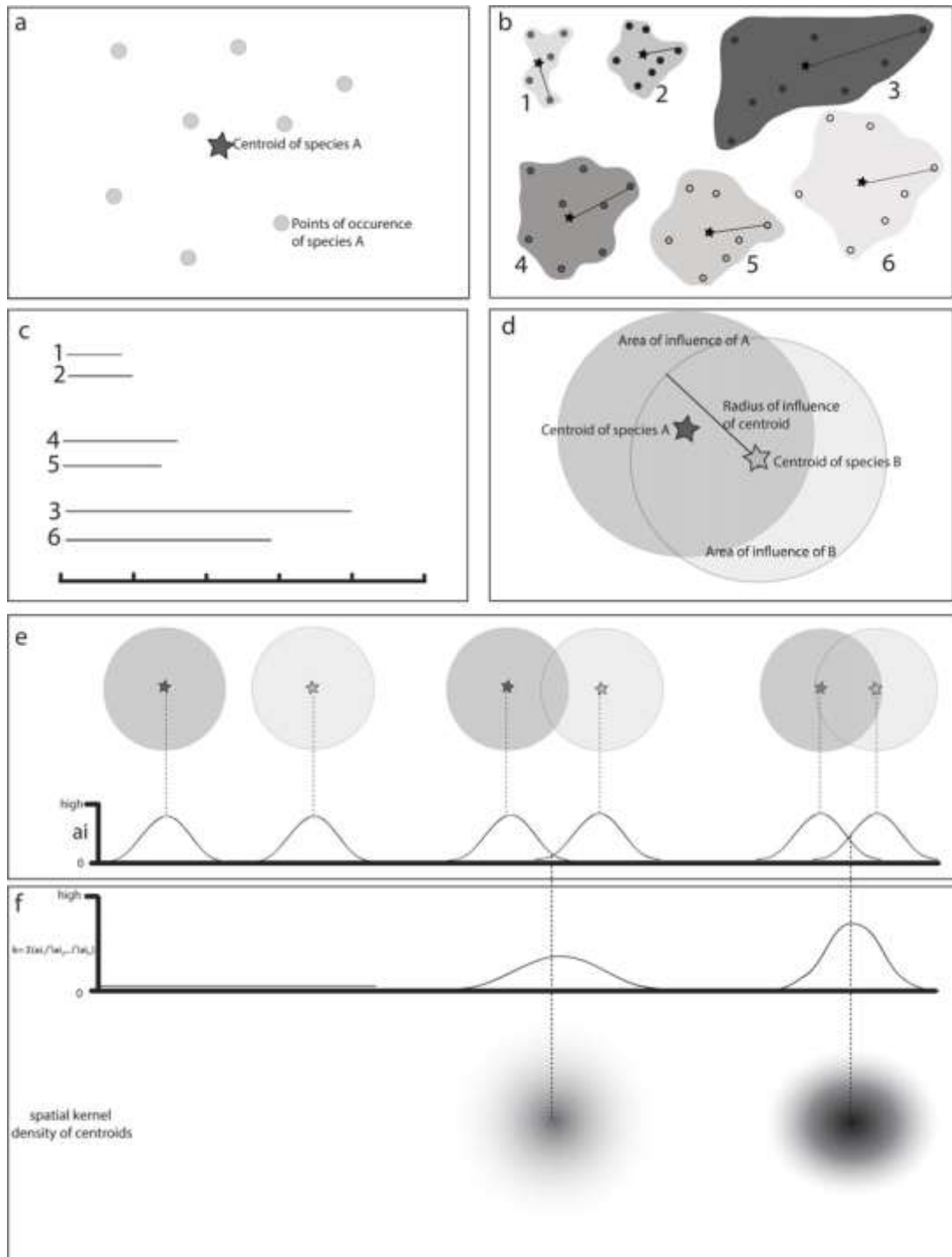


Figura 9. Esquema do passo a passo da implementação da Interpolação Geográfica de Endemismo (GIE) (Oliveira et al., 2015). a) um centróide é estimado para os pontos de ocorrência de cada espécie; b) para cada espécie a distância entre o centróide e seu ponto mais distante é medida; c) espécies são organizadas em grupos de acordo com a

distância medida no passo 'b'; d) essa distância é usada para definir uma área circular de influência em torno do centróide de cada espécie, procedimento que permite quantificar se existe sobreposição entre as áreas de distribuição entre as espécies; e) o grau de sobreposição entre a influência de áreas de espécies é medido de acordo com uma junção Gaussiana em torno de cada espécie; f) a densidade de espécie em cada área de sobreposição pondera o grau de sobreposição que é convertido em curvas interpoladas, usando a função de Interpolação de Kernel. Essas curvas podem ser rasterizadas e exibidas em mapas.

4. Resultados

Os resultados seguem a ordem dos passos do protocolo de delimitação de áreas de endemismo (DaSilva et al., 2015): 1° execução dos métodos numéricos/ 2° análises dos mapas de consenso NDM/ 3° delimitação das áreas de endemismo (AoEs) do menor grau para o maior grau/ 4° mapas com delimitação dos centros de congruência (CCs) e regiões máximas endêmicas (MREs), e a elaboração da tabela de classificação das espécies de acordo com seu nível de delimitação endêmica. Na lista de classificação das espécies (Tabela 4) está a informação da origem de qual metodologia cada espécie surgiu delimitando as áreas. A sequência dos passos do protocolo segue a linha de análise e interpretação que resultaram nos mapas das áreas de endemismo finais (Figuras 64 – 76), com seus centros de congruências e máxima região endêmica delimitados, como explicado na metodologia.

Através da combinação e interpretação dos 223 mapas resultantes das análises numéricas, analisando tanto as áreas de endemismo quanto as espécies que as delimitam, um total de 12 áreas de endemismo (AoEs) finais foram encontradas e delimitadas para as 151 espécies de aranhas Mygalomorphae das regiões de Mata Atlântica, Caatinga, Cerrado e Campos Sulinos (Pampa) (Figuras 64 – 76):

- 6 AoEs na Mata Atlântica: PE (Figura 64) – BA (Figura 67) – ES (Figura 70) – Org(RJ) (Figura 71) – SMSP (Figura 72) – SC (Figura 73)
- 2 AoEs na transição Mata Atlântica – Cerrado: MG (Figura 68) – SEsp(MG) (Figura 69)
- 1 AoE no Cerrado: DF (Figura 66)
- 1 AoE na transição Caatinga – Cerrado: PI (Figura 65)
- 1 AoE na transição Mata Atlântica – Campo Sulino: PoA (Figura 74)
- 1 AoE na transição Mata Atlântica – Pampa: RS interior (Figura 75)

4.1. Resultados das análises dos métodos numéricos: PAE/ NDM/ BEA/ GIE (1º e 2º passos do protocolo)

PAE: Em cada aplicação de diferentes tamanhos de grade em PAE, duas figuras são resultado dessa metodologia. Uma figura apresenta partes das árvores de consenso de cada grade, pois a figura da árvore inteira é muito longa (dificultando a visualização das áreas). Os círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área. A outra figura apresenta os mapas com uma quadrícula ou agrupamento delas, representando as áreas delimitadas para cada tamanho de grade.

Tabela 3. Resultados das áreas de endemismo encontradas por PAE, com os cinco diferentes graus de mapas: 0.5º, 1º, 2º, 3º e 5º.

GRAU	QUANTIDADE DE AoEs ENCONTRADAS	AoEs ENCONTRADAS
0.5º (Figuras 10 e 11)	10	<u>AE1</u> : Org(RJ); <u>AE2</u> : SC1; <u>AE3</u> : PoA; <u>AE4</u> : RSint; <u>AE5</u> : BA; <u>AE6</u> : MG; <u>AE7</u> : PI; <u>AE8</u> : DF; <u>AE9</u> : SEsp(MG); <u>AE10</u> : SC2
1º (Figuras 12 e 13)	8	<u>AE1</u> : SEsp(MG); <u>AE2</u> : BA; <u>AE3</u> : DF; <u>AE4</u> : Org(RJ); <u>AE5</u> : SC1; <u>AE6</u> : SC2; <u>AE7</u> : MG; <u>AE8</u> : PoA
2º (Figuras 14 e 15)	11	<u>AE1</u> : Org(RJ); <u>AE2</u> : SC; <u>AE3</u> : SEsp(MG)+MG; <u>AE4</u> : BA1; <u>AE5</u> : BA2; <u>AE6</u> : DF (dividido em duas quadrículas separadas); <u>AE7</u> : PoA1; <u>AE8</u> : PoA2; <u>AE9</u> : SP; <u>AE10</u> : SP; <u>AE11</u> : SP
3º (Figuras 16 e 17)	10	<u>AE1</u> : AL(parte da área de PE); <u>AE2</u> : BA; <u>AE3</u> : RSint; <u>AE4</u> : PoA; <u>AE5</u> : SP; <u>AE6</u> : SEsp(MG)+MG; <u>AE7</u> : ES; <u>AE8</u> : SP; <u>AE9</u> : DF; <u>AE10</u> : PI (não considerada área nova por conter espécies da MRE-PI)
5º (Figuras 18 e 19)	6	<u>AE1</u> : RSint+PoA+SC; <u>AE2</u> : MG+SP+ES+Org(RJ); <u>AE3</u> : SEsp(MG); <u>AE4</u> : PE; <u>AE5</u> : BA; <u>AE6</u> : PI+DF

Aplicando a grade de 5º, a menos detalhada, foi considerada não aplicável por juntar as áreas encontradas em graus menores em áreas muito extensas, sobrepondo as áreas mais restritas.

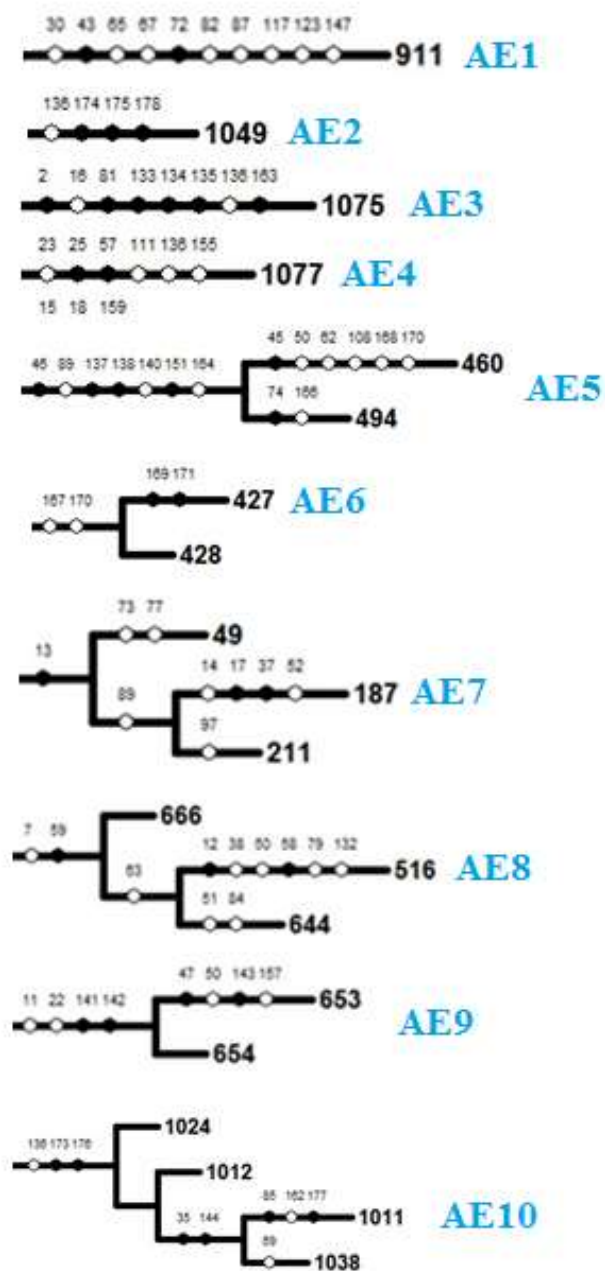


Figura 10. Partes da árvore de consenso que representam as áreas delimitadas por PAE 0.5°: AE1: Org(RJ); AE2: SC1; AE3: PoA; AE4: RSint; AE5: BA; AE6: MG; AE7: PI; AE8: DF; AE9: SEsp(MG); AE10: SC2. Círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área.

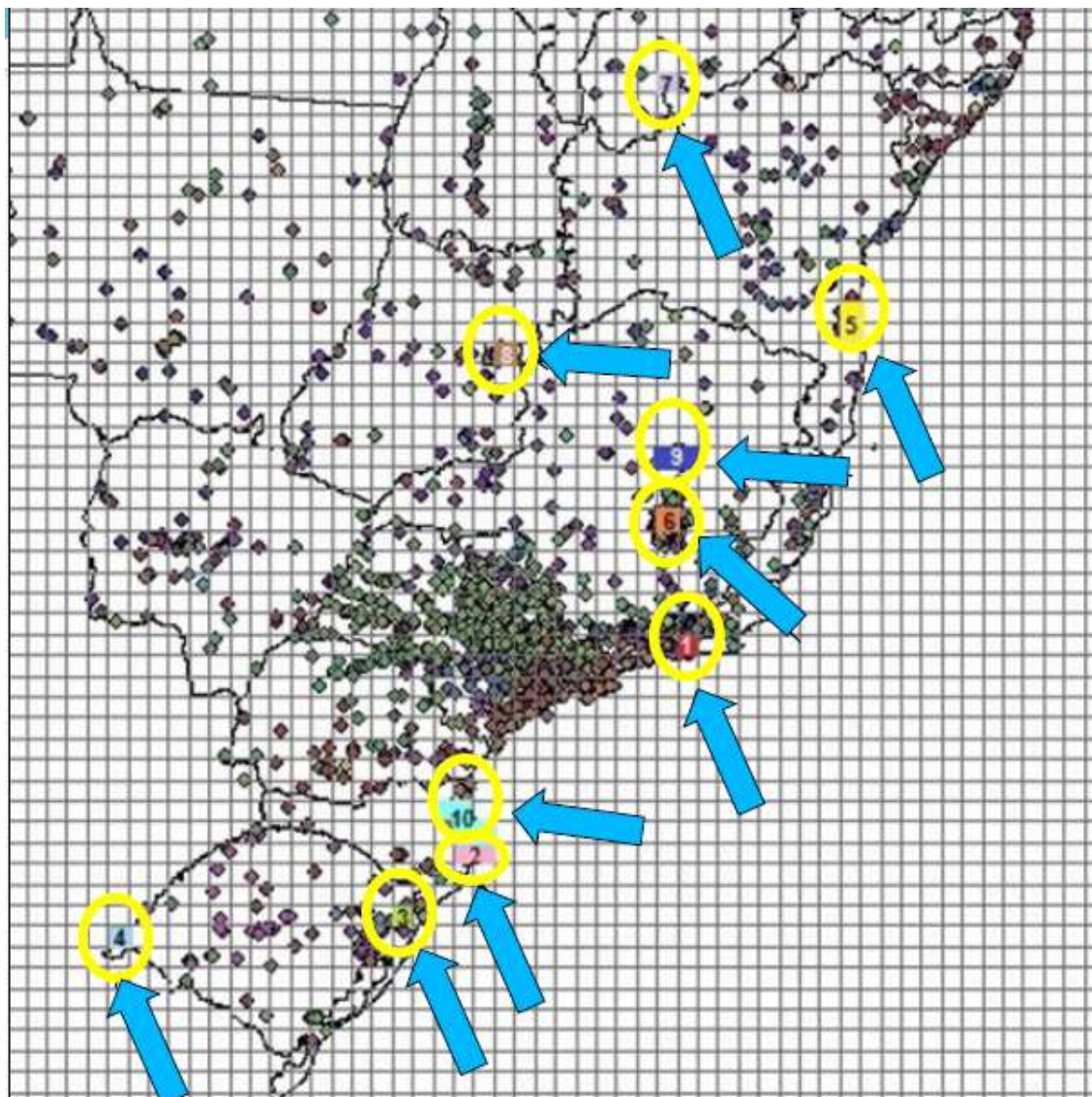


Figura 11. Mapa das áreas delimitadas em PAE 0.5°: 1–10 indicadas pelas setas: 1– Org(RJ)/ 2– SC1/ 3– PoA/ 4– RSint/ 5– BA/ 6– MG/ 7– PI / 8– DF/ 9– SEsp(MG)/ 10– SC2.

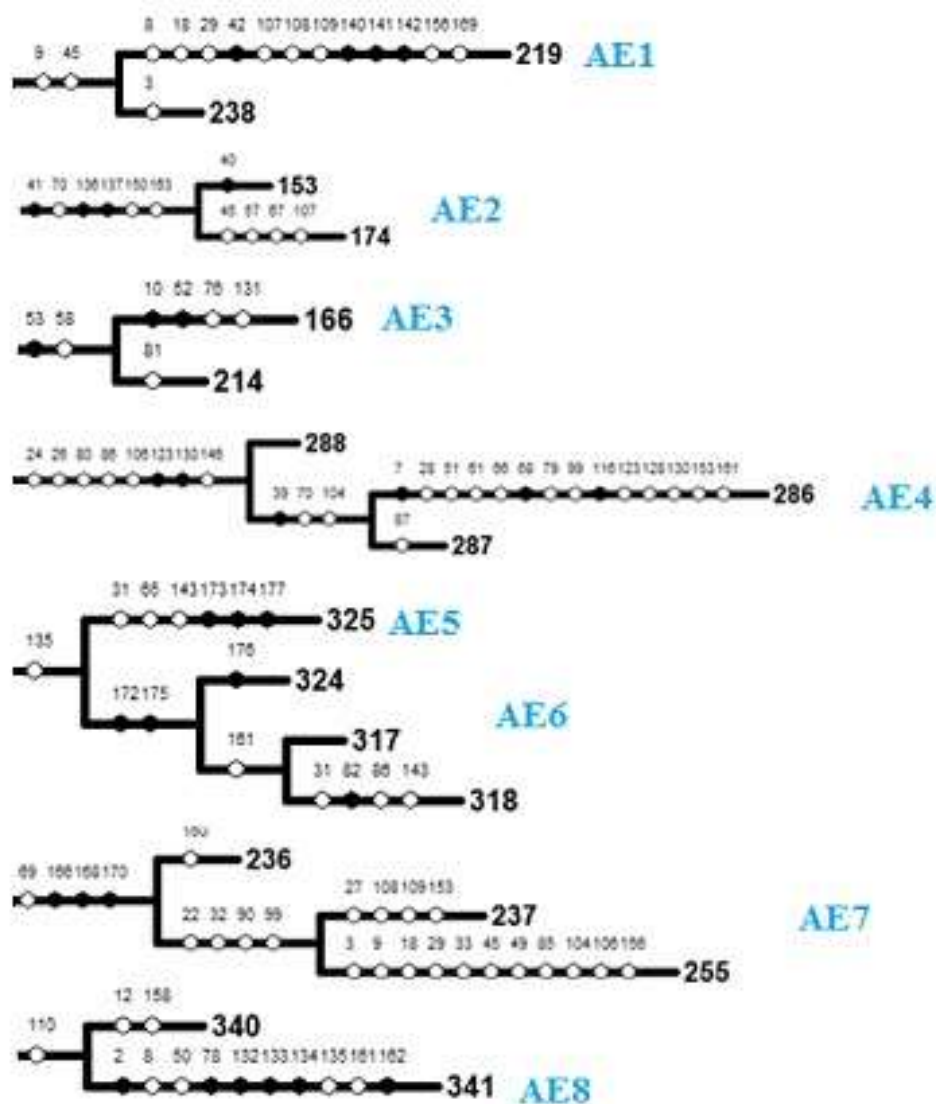


Figura 12. Partes da árvore de consenso que representam as áreas delimitadas por PAE 1°: AE1: SEsp(MG); AE2: BA; AE3: DF; AE4: Org(RJ); AE5: SC1; AE6: SC2; AE7: MG; AE8: PoA. Círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área.

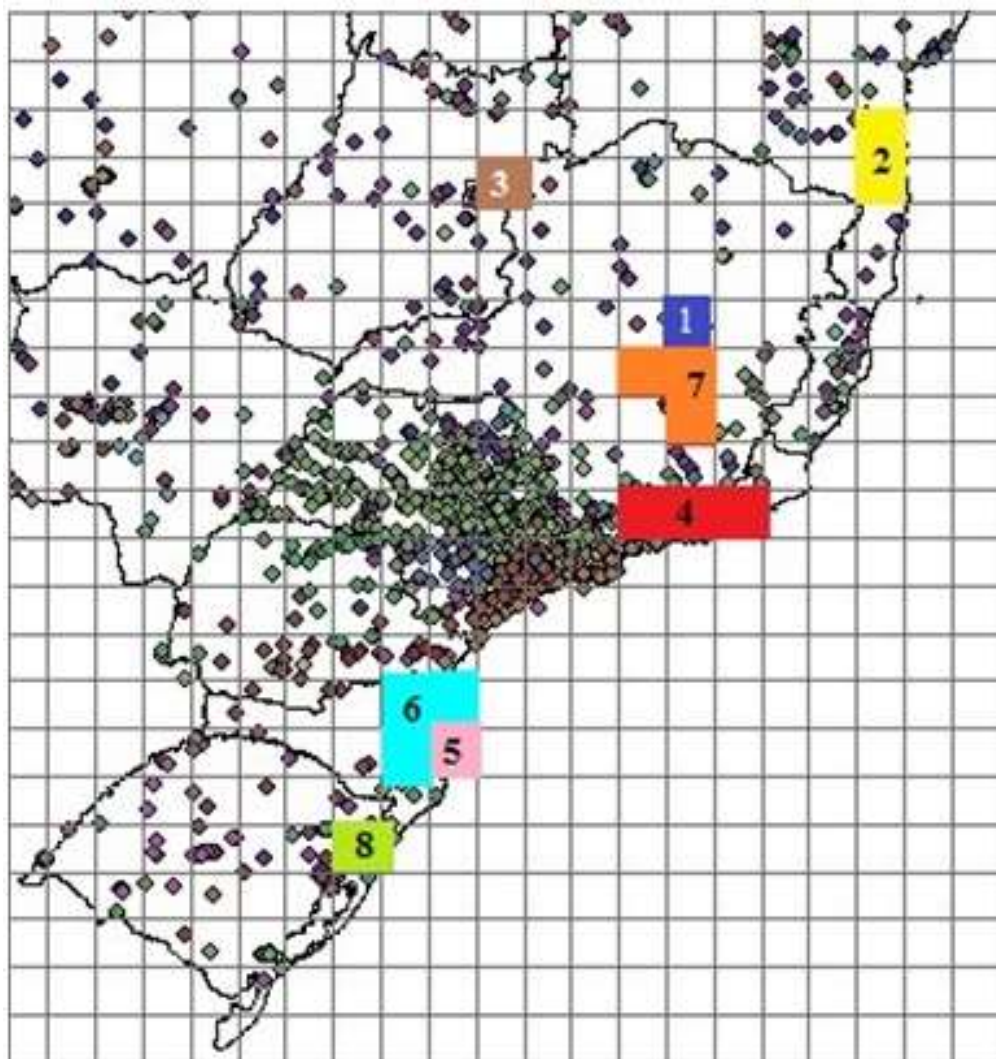


Figura 13. Mapa das áreas delimitadas em PAE 1º: 1-8: 1- SEsp(MG) / 2- BA/ 3- DF/ 4- Org(RJ)/ 5- SC1/ 6- SC2/ 7- MG / 8- PoA.

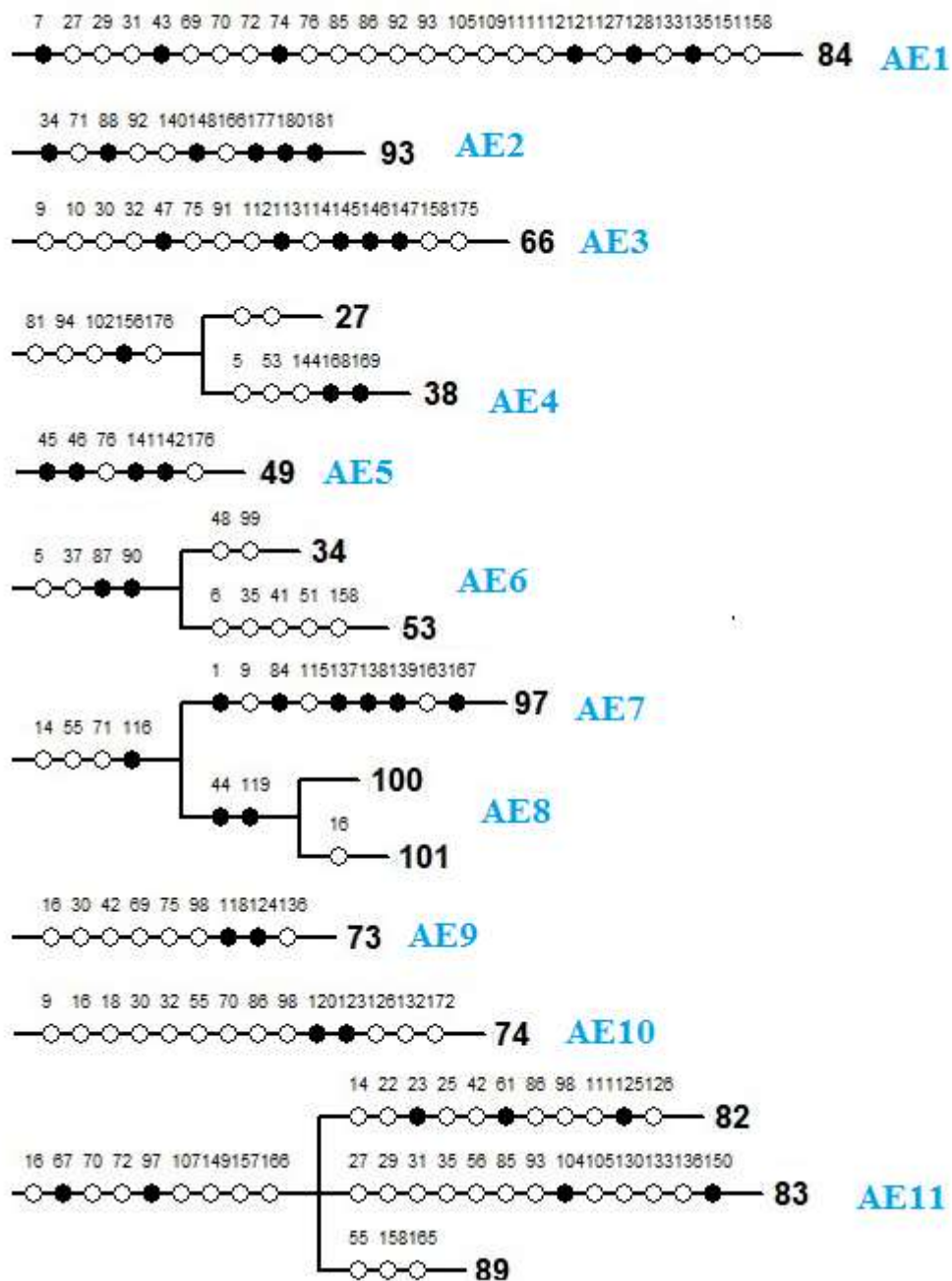


Figura 14. Partes da árvore de consenso que representam as áreas delimitadas por PAE 2°: AE1: Org(RJ); AE2: SC; AE3: SEsp(MG)+MG; AE4: BA1; AE5: BA2; AE6: DF (dividido em duas células separadas); AE7: PoA1; AE8: PoA2; AE9: SP1; AE10: SP2; AE11: SP3. Círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área.

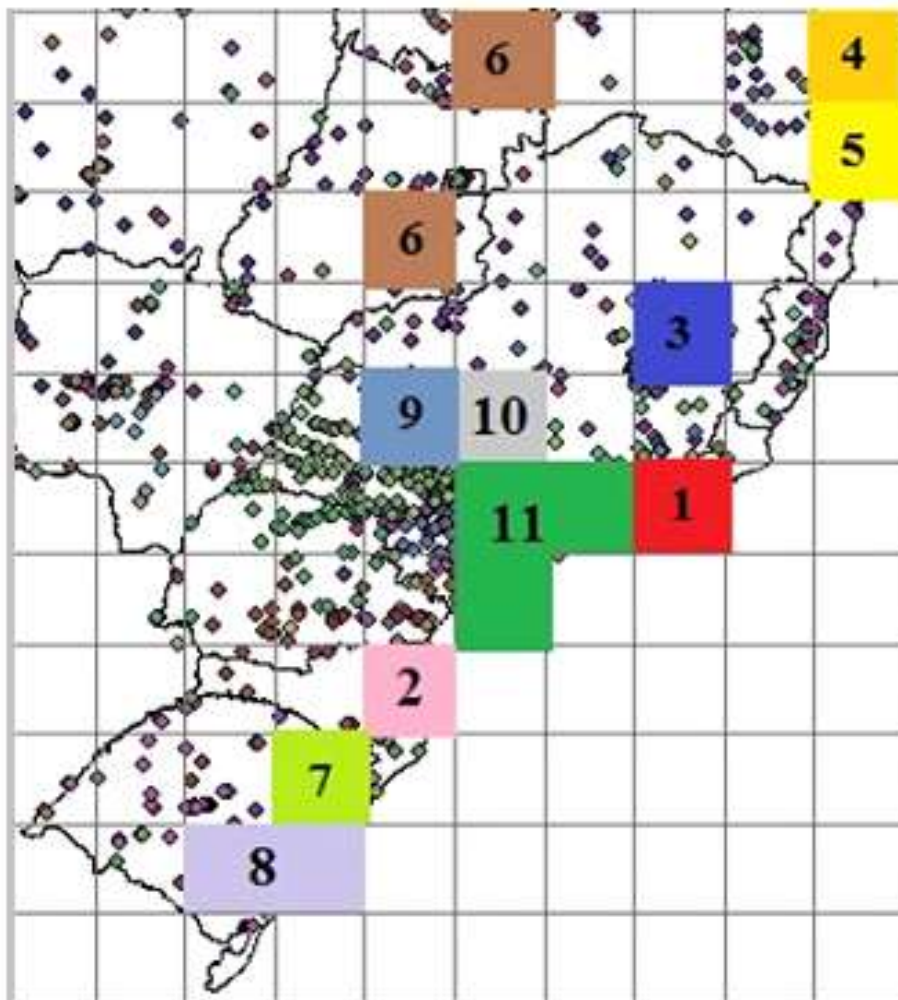


Figura 15. Mapa das áreas delimitadas em PAE 2º: 1-11: 1 - Org(RJ)/ 2 - SC/ 3 - SEsp(MG)+MG/ 4 - BA1/ 5 - BA2/ 6 - DF (dividido em duas quadrículas separadas)/ 7 - PoA1/ 8 - PoA2/ 9 - SP1/ 10 - SP2/ 11 - SP3.

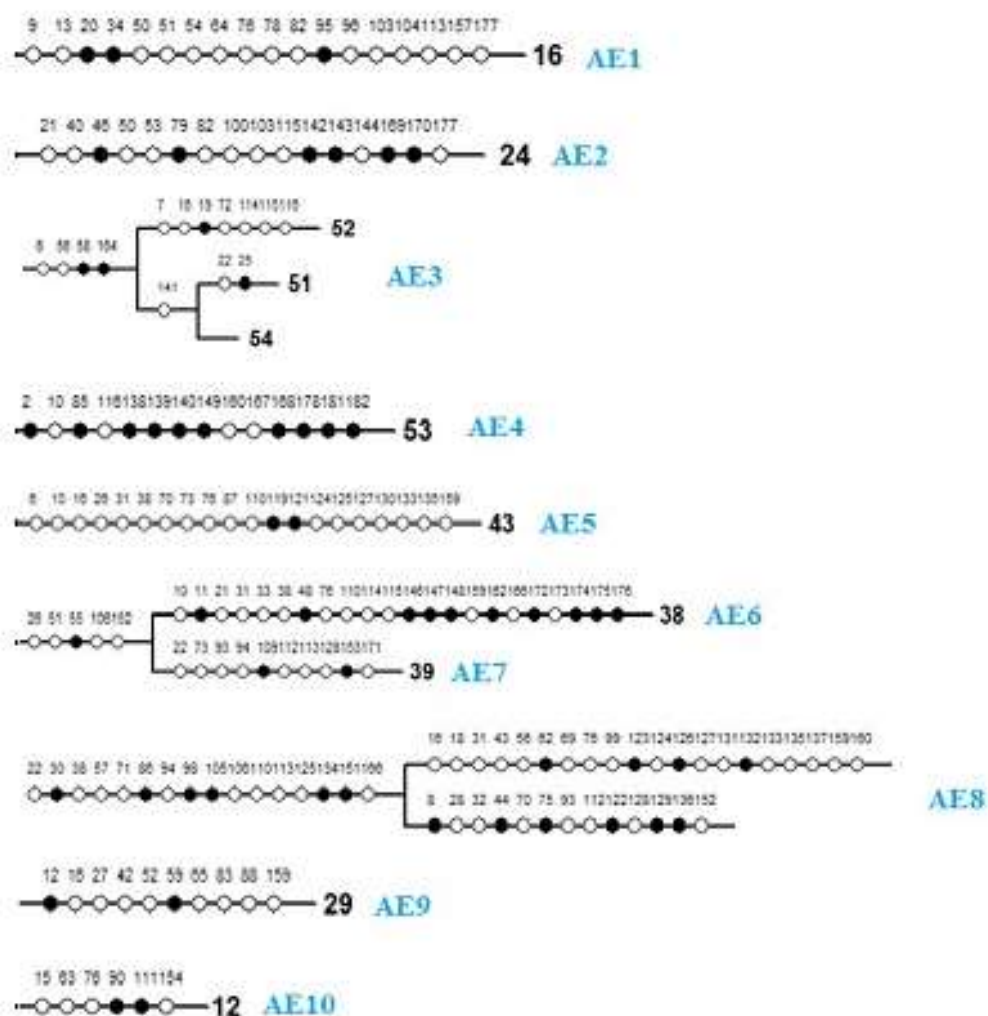


Figura 16. Partes da árvore de consenso que representam as áreas delimitadas por PAE 3°: AE1: AL (parte da área de PE); AE2: BA; AE3: RSint; AE4: PoA; AE5: SP; AE6: SEsp(MG)+MG; AE7: ES; AE8: SP1+SP2; AE9: DF; AE10: PI. Círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área.

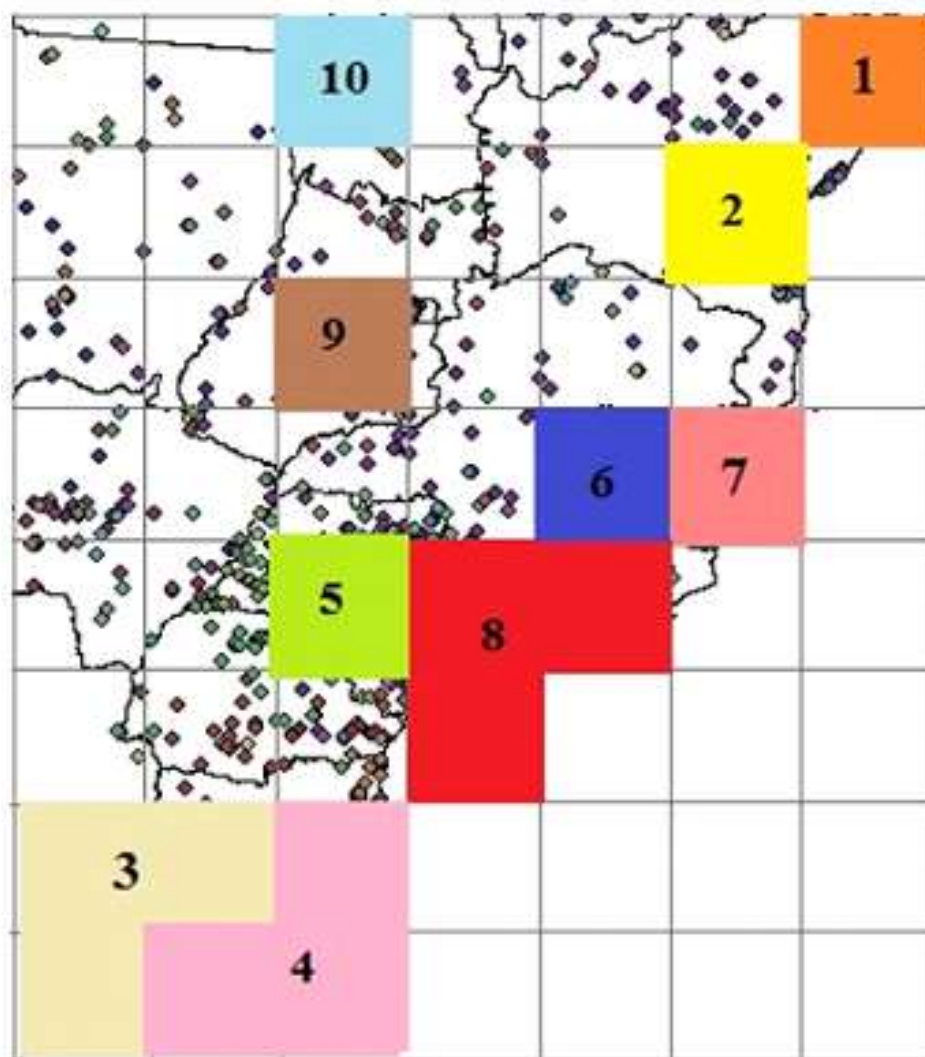


Figura 17. Mapa das áreas delimitadas em PAE 3º: 1-10: 1 - AL (parte da área de PE)/ 2 - BA/ 3 - RSint/ 4 - PoA/ 5 - SP/ 6 - SEsp(MG)+MG/ 7 - ES/ 8 - SP+Org(RJ)/ 9 - DF/ 10 - PI.

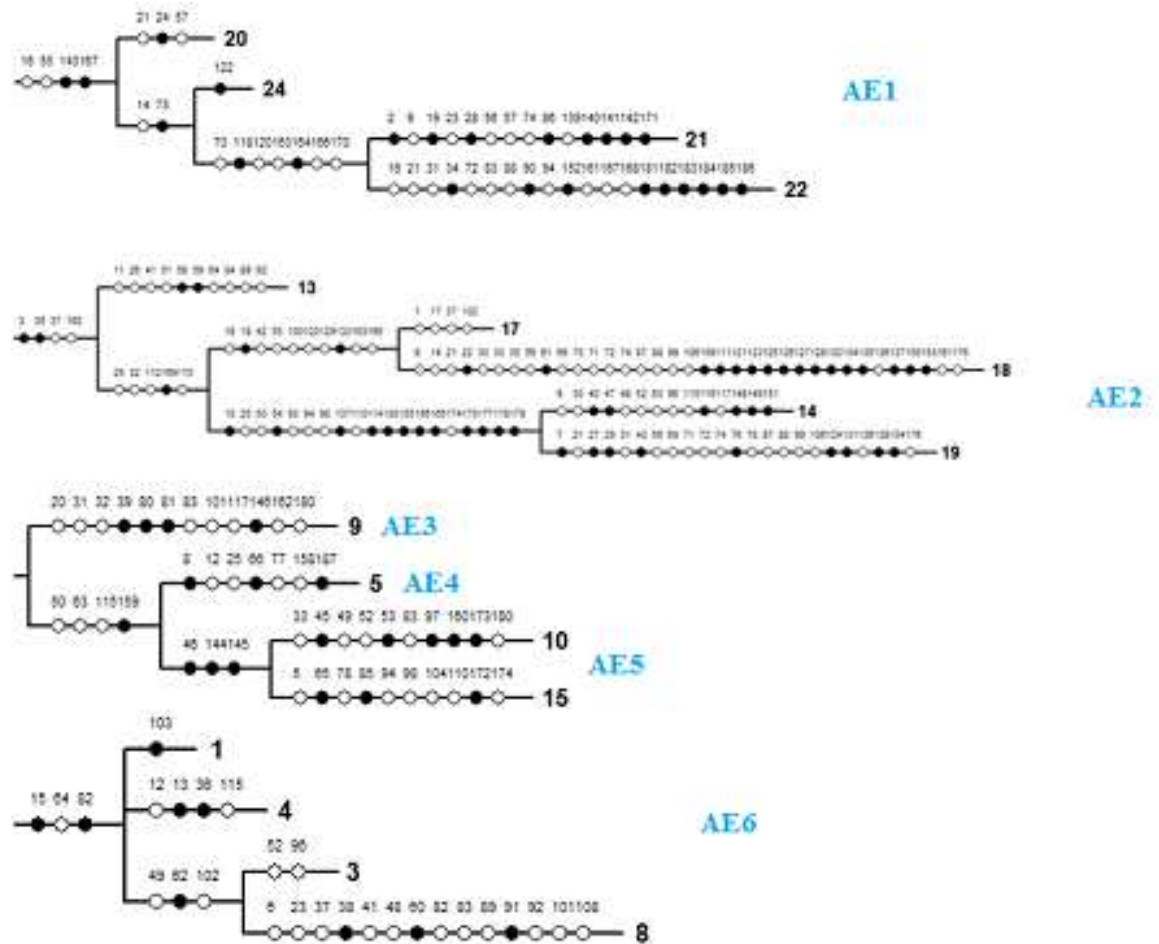


Figura 18. Partes da árvore de consenso que representam as áreas delimitadas por PAE 5°: AE1: RSint+PoA+SC; AE2: MG+SP+ES+Org(RJ); AE3: SEsp(MG); AE4: PE; AE5: BA; AE6: PI+DF. Círculos pretos representam as presenças exclusivas de uma espécie, dois ou mais círculos pretos suportam os ramos de cada área.

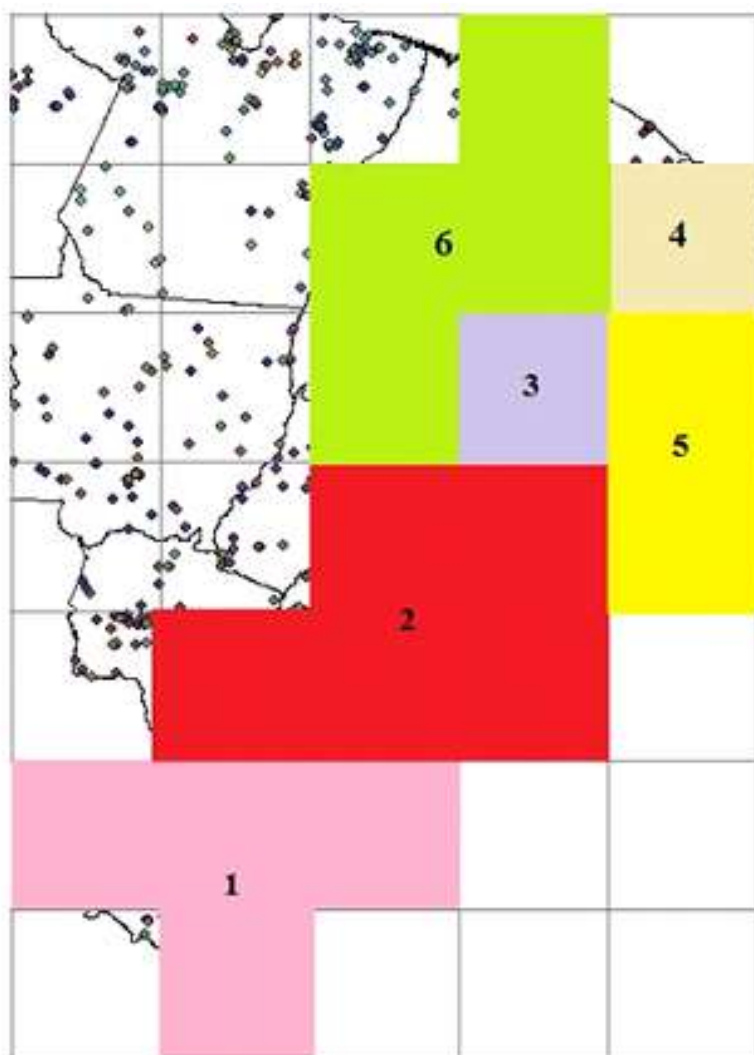


Figura 19. Mapa das áreas delimitadas em PAE 5º: 1 - RSint+PoA+SC/
2 - MG+SP+ES+Org(RJ)/ 3 - SEsp(MG)/ 4 - PE/ 5 - BA/ 6 - PI+DF.

NDM: Como explicado na metodologia, ambos *grids* de origem 0' e 12' não deram diferença significativa nas AoEs. Foi usado para as análises os resultados do *grid* de origem 0', com diferentes tamanhos de grade:

- grade de 0,5° (4AoEs – Figuras 20, 21, 22) = mesmas áreas de PAE = BA/ SP/ 2 em SC
- grade de 1° (13AoEs – Figuras 23 a 26) = mesmas áreas de PAE = Org(RJ)/ SC/ PoA/ BA/ MG/ SP
- grade de 2° (41AoEs – Figuras 27 a 35) = sobreposição das áreas dos graus menores que já apareceram, juntando em áreas maiores, gerando as AEs nos mesmos lugares
– como em PAE, as AoEs acrescentadas são: PE/AL e ES
- grade de 3° (64AoEs – Figuras 36 a 44) = sobreposição das áreas dos graus menores que já apareceram, juntando em áreas maiores
- grade de 5° (75AoEs – Figuras 45 a 53) = sobreposição das áreas dos graus menores que já apareceram, juntando em áreas maiores

Como em PAE de grades 3° e 5°, em NDM de grades 3° e 5° também resultaram em áreas grandes sobrepondo áreas menores e mais restritas, que já apareceram nos graus menores, formando regiões muito amplas. Portanto, como explicado na metodologia, os resultados da grade de 3° foram utilizados para conferências das espécies que saíram nos graus menores. Os resultados de grade de 5° ficaram como não aplicáveis, pois as áreas são extensas sobrepondo as áreas que já apareceram em graus menores.

Aplicando consenso de 5% de similaridade das espécies, nas diferentes quadrículas de grade ocorreram as seguintes junções: grade 0,5° juntou os sets SC; grade 1° juntou os sets SP+Org(RJ); grade 2° ocorreram 3 junções: 1) juntou os sets SP+Org(RJ)/ 2) juntou os sets PoA+RSint/ 3) juntou os sets PE; grades 3° e 5° juntaram todas as áreas encontradas numa área só, as regiões de Mata Atlântica e suas fitofisionomias adjacentes se juntam em uma única área, do nordeste ao sul do Brasil. Aumentando o consenso acima de 5%, o que torna a análise menos rígida, em 3° e 5°, as separações das áreas vão aumentando, mas mantendo grandes quadrículas juntas, formando áreas

extremamente extensas. Os mapas de consenso do NDM estão na sequência dos resultados de cada grade aplicada. São mostrados os mapas de consenso que juntaram áreas. Os mapas que mantiveram-se iguais aos sem consenso, não foram exibidos para não haver repetição de figuras.

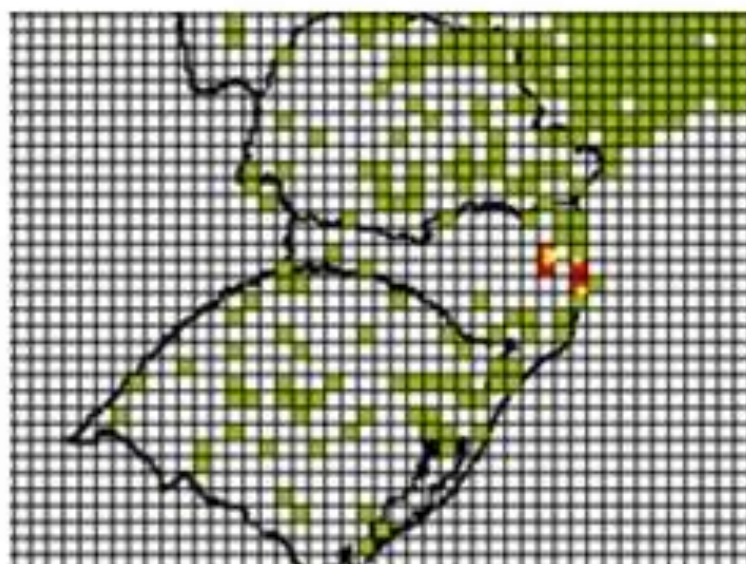


set0(BA) - AE1



set1(SP) - AE2

Figura 20. Mapas das áreas delimitadas por NDM 0.5° (sets 0–1/ 4): AE1: BA; AE2: SP.



set2(SC) - AE3



set3(SC) - AE4

Figura 21. Mapas das áreas delimitadas por NDM 0.5° (sets 2–3/ 4): AE3: SC1; AE4: SC2.

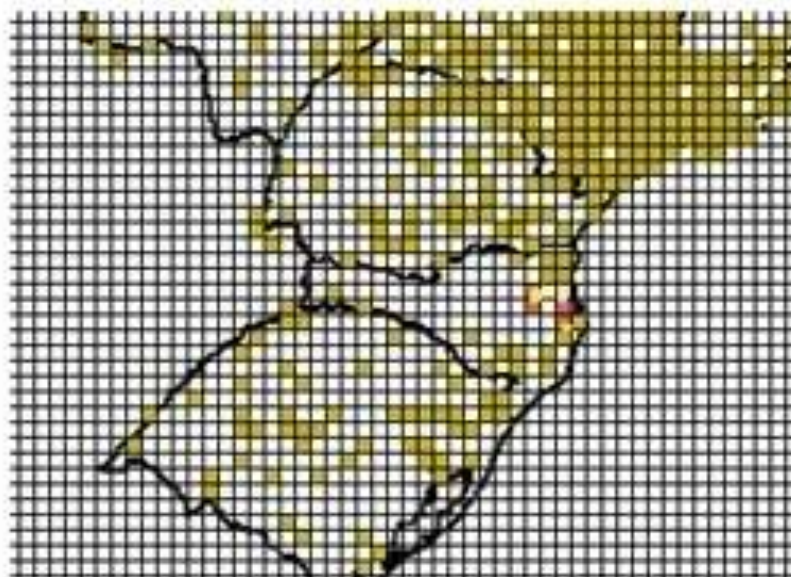
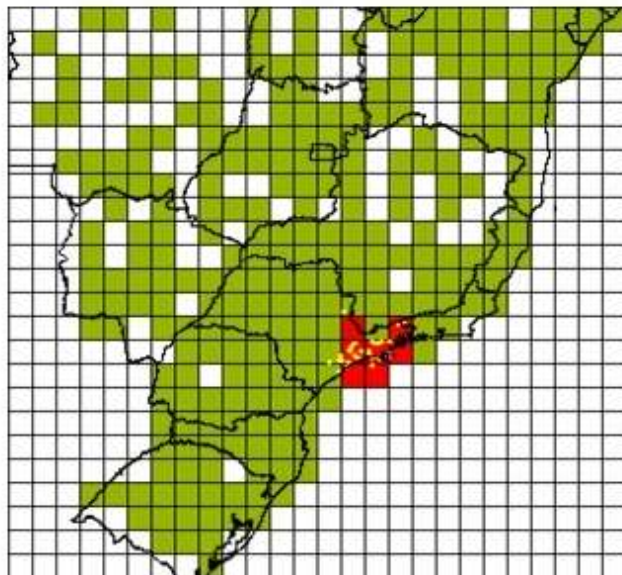
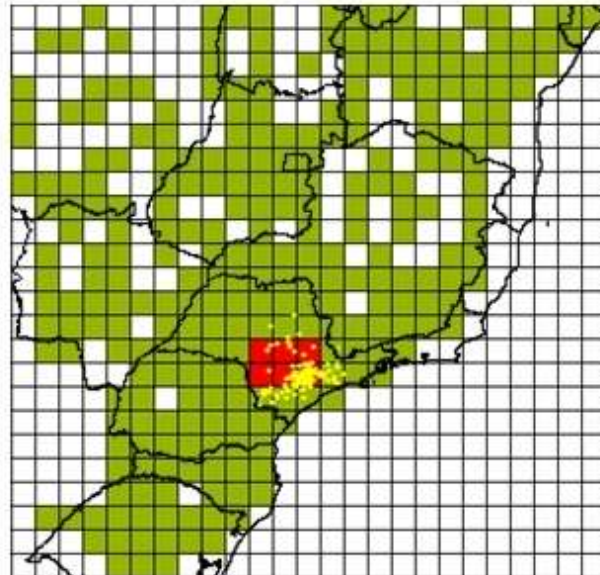


Figura 22. Mapa de consenso de 5% das áreas delimitadas por NDM 0.5°: juntou 2 sets de SC. Os mapas do BA e SP mantiveram iguais aos sem consenso.



Set0(SP) - AE1



Set1(SP) - AE2

Figura 23. Mapas das áreas delimitadas por NDM 1° (sets 0–1/ 13): AE1: SP; AE2: SP.

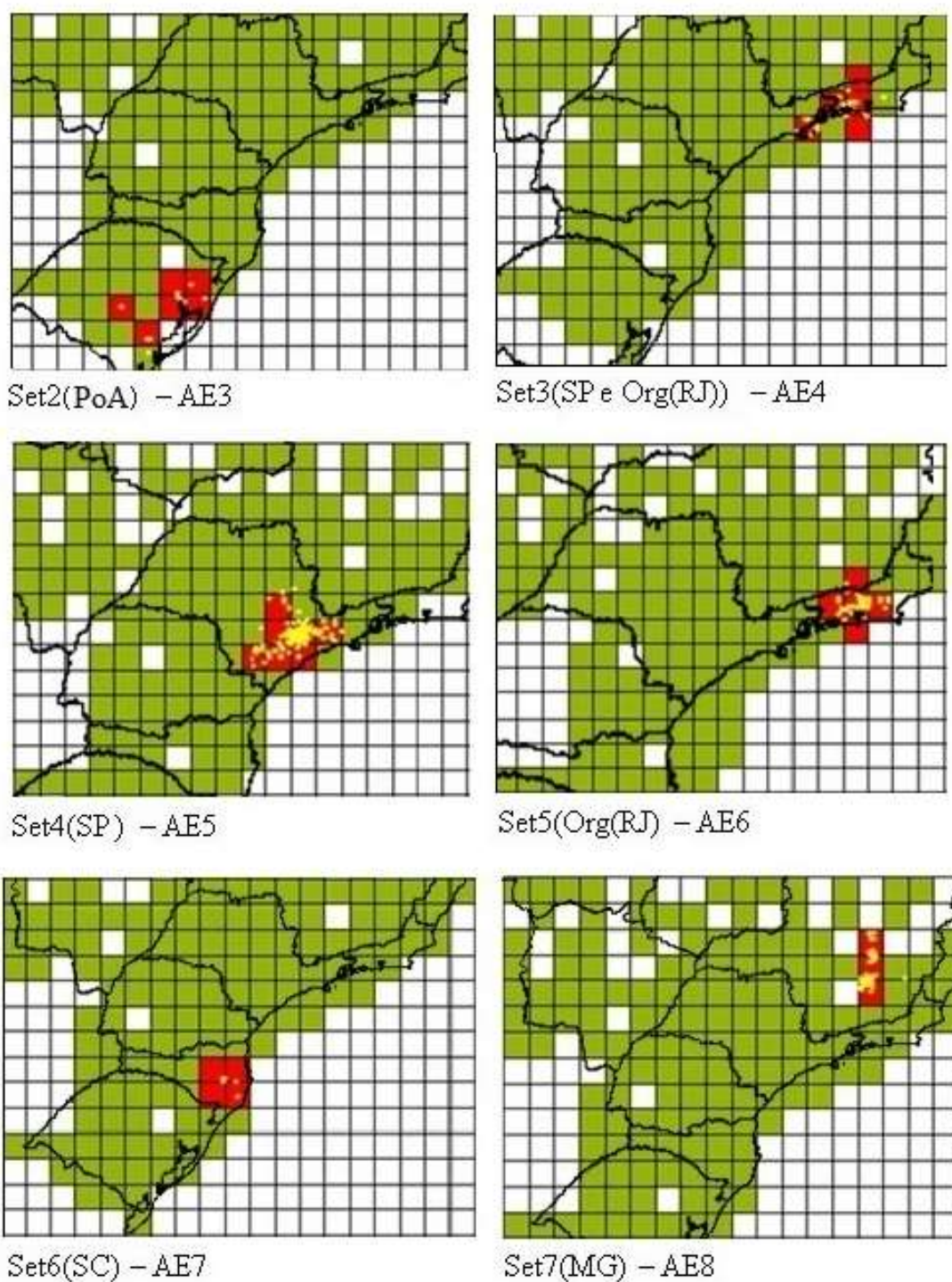


Figura 24. Mapas das áreas delimitadas por NDM 1° (sets 2–7/ 13): AE3: PoA; AE4: SP+Org(RJ); AE5: SP; AE6: Org(RJ); AE7: SC; AE8: MG.

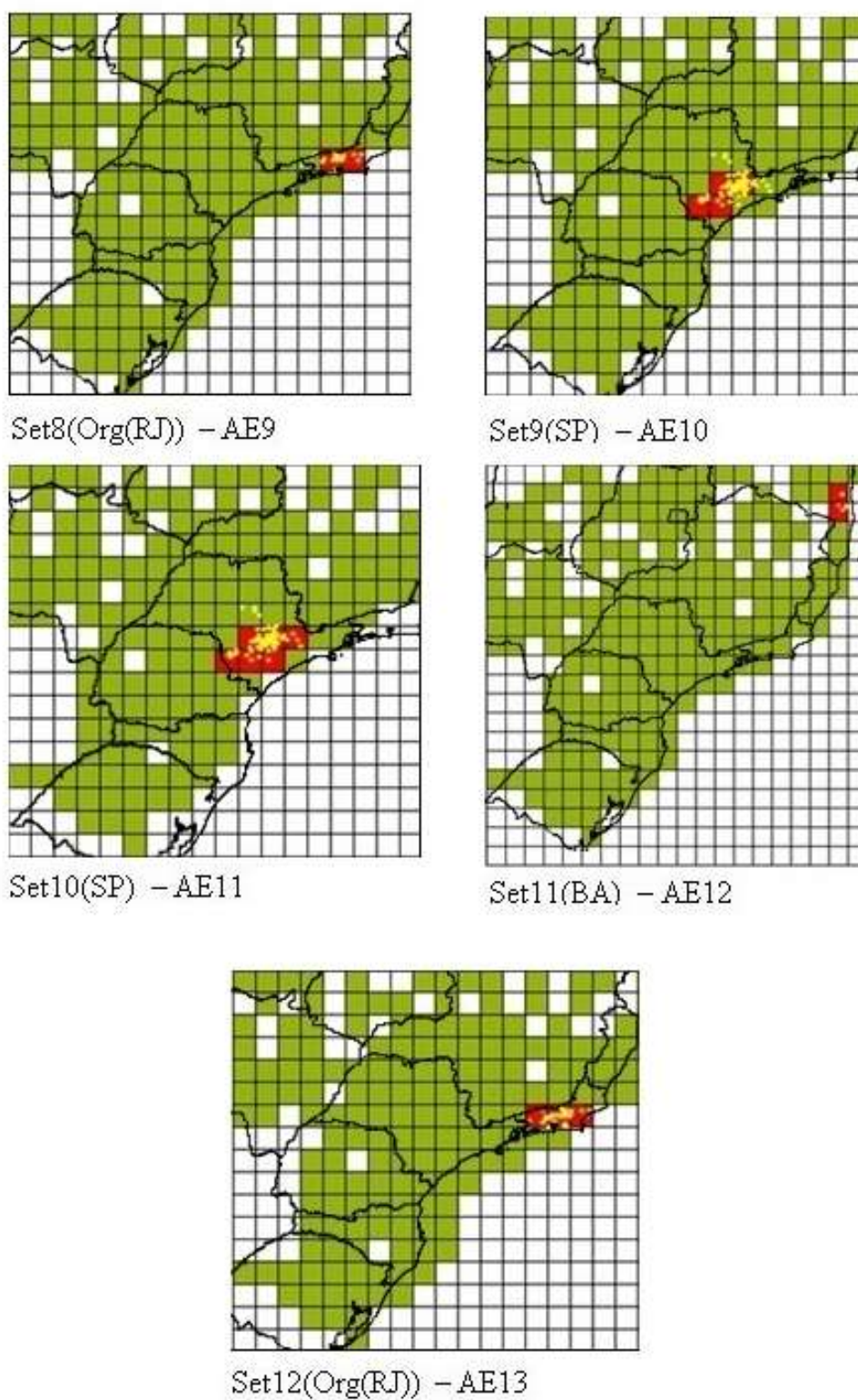


Figura 25. Mapas das áreas delimitadas por NDM 1° (sets 8–12/ 13): AE9: Org(RJ); AE10: SP; AE11: SP; AE12: BA; AE13: Org(RJ).

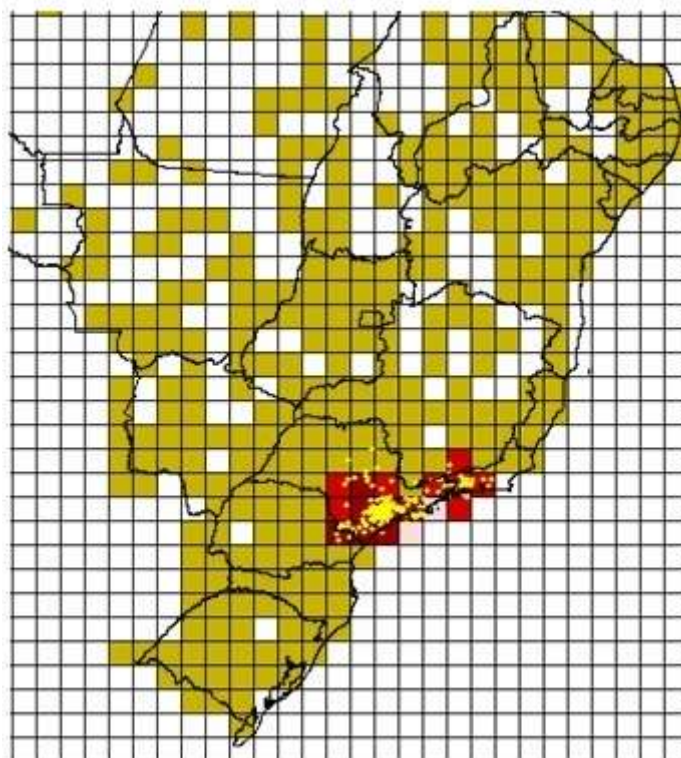
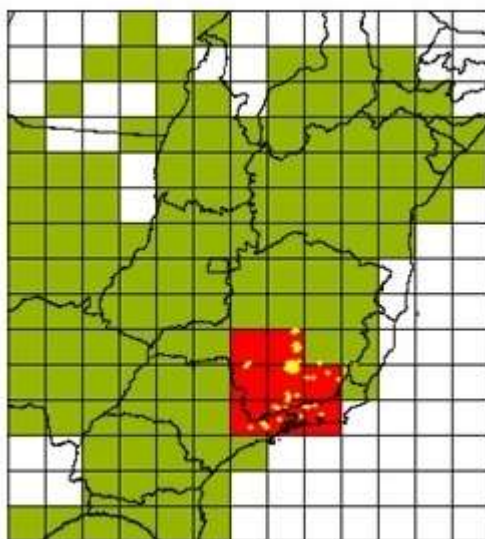
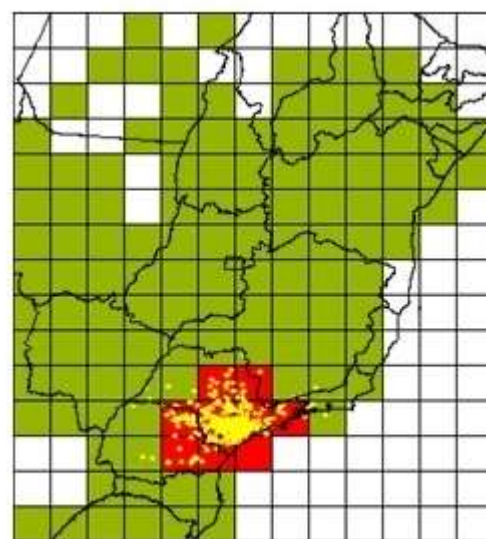


Figura 26. Mapa de consenso de 5% das áreas delimitadas por NDM 1°: juntou 9 sets (SP+Org(RJ)). Os mapas do PoA, SC, MG e BA mantiveram iguais aos sem consenso.



Set0(SP+MG+Org(RJ)) - AE1



Set1(SP+Org(RJ)) - AE2

Figura 27. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 0-1/ 41): AE1: SP+MG+Org(RJ); AE2: SP+Org(RJ).

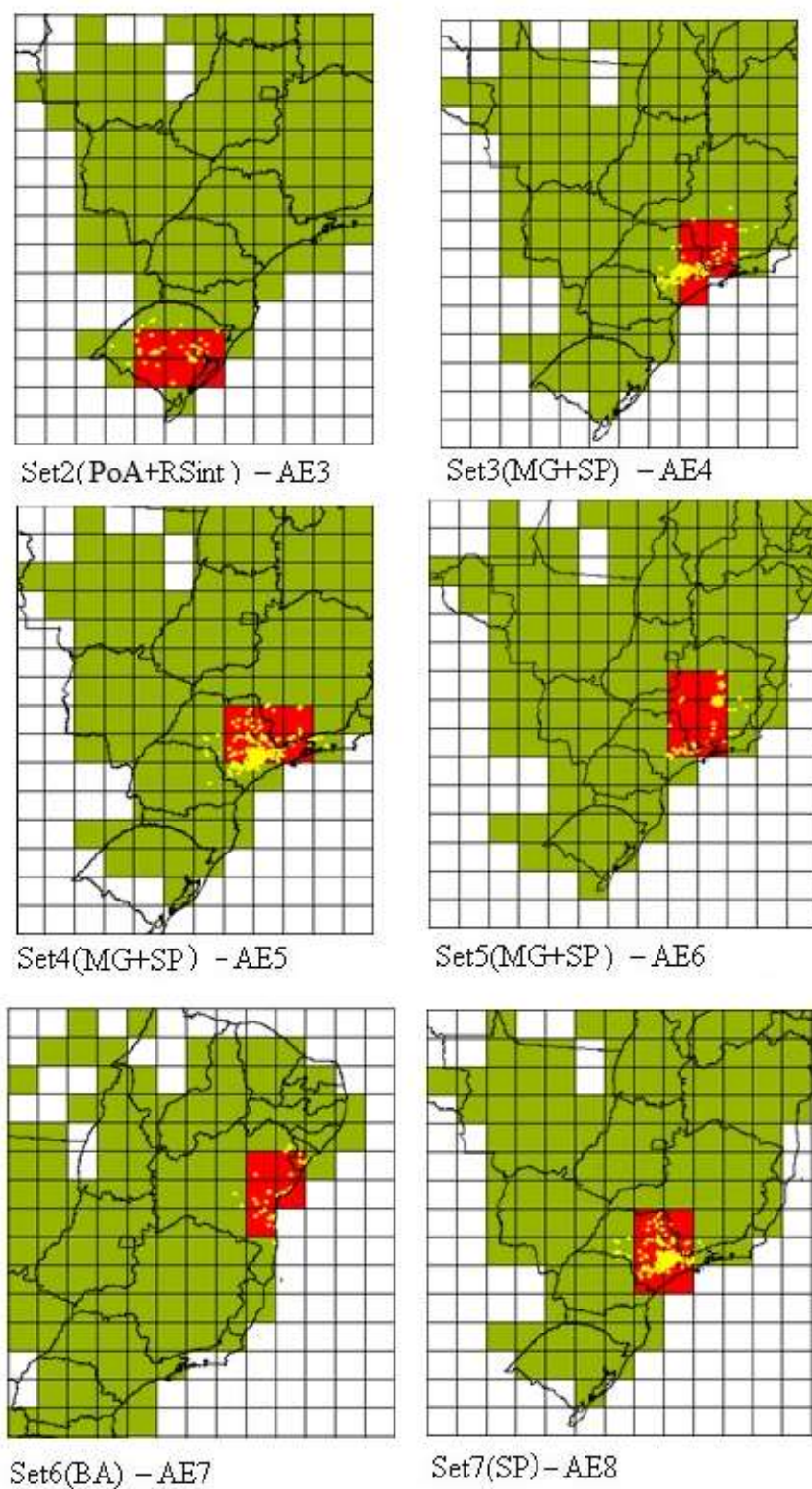


Figura 28. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 2–7/ 41): AE3: PoA+RSint; AE4: MG+SP; AE5: MG+SP; AE6: MG+SPint; AE7: BA; AE8: SP.

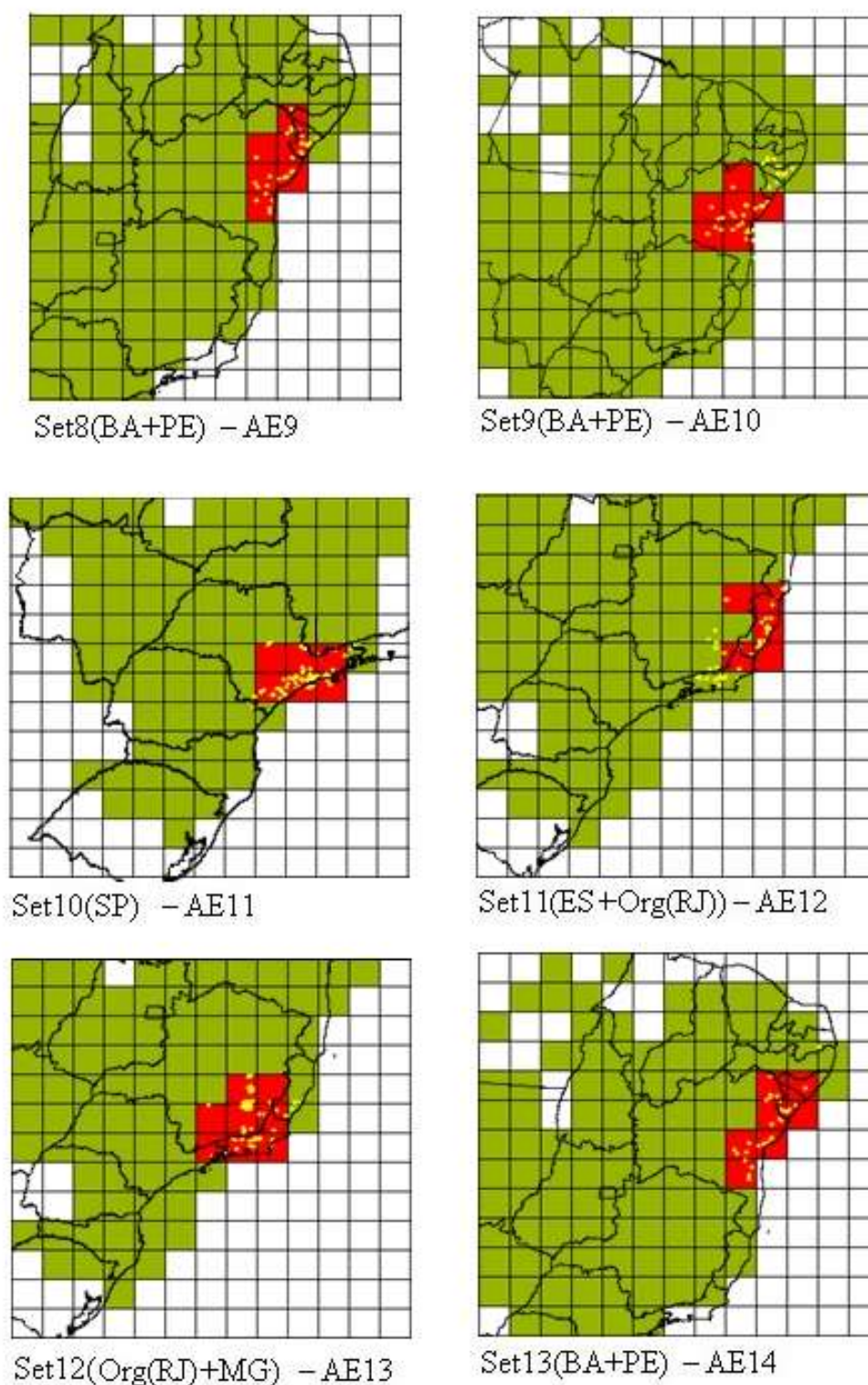


Figura 29. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 8–13/ 41): AE9: BA+PE; AE10: BA+PE; AE11: SP; AE12: ES+Org(RJ); AE13: Org(RJ)+MG; AE14: BA+PE.

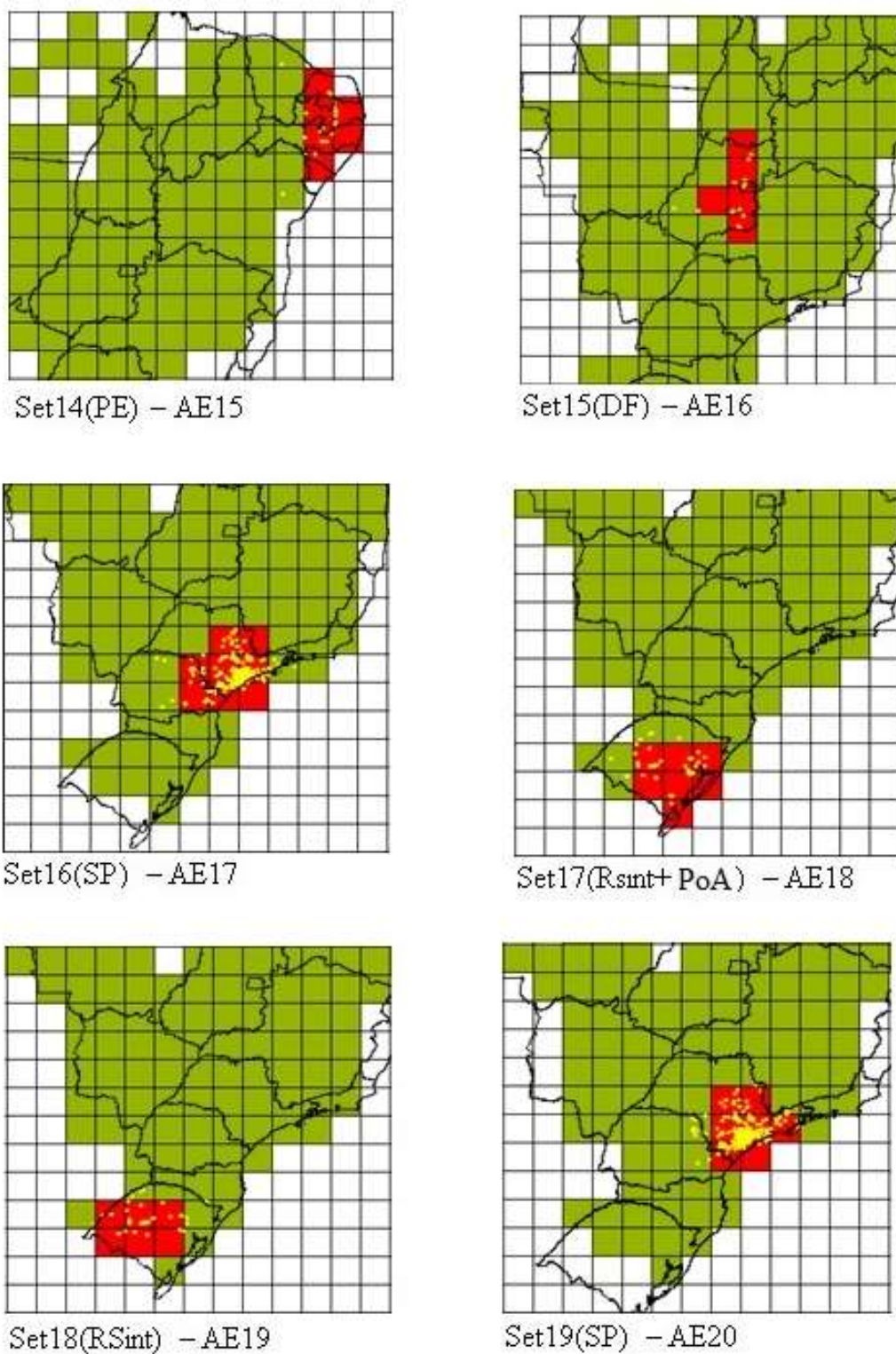


Figura 30. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 14–19/ 41): AE15: PE; AE16: DF; AE17: SP; AE18: RSint+PoA; AE19: RSint; AE20: SP.

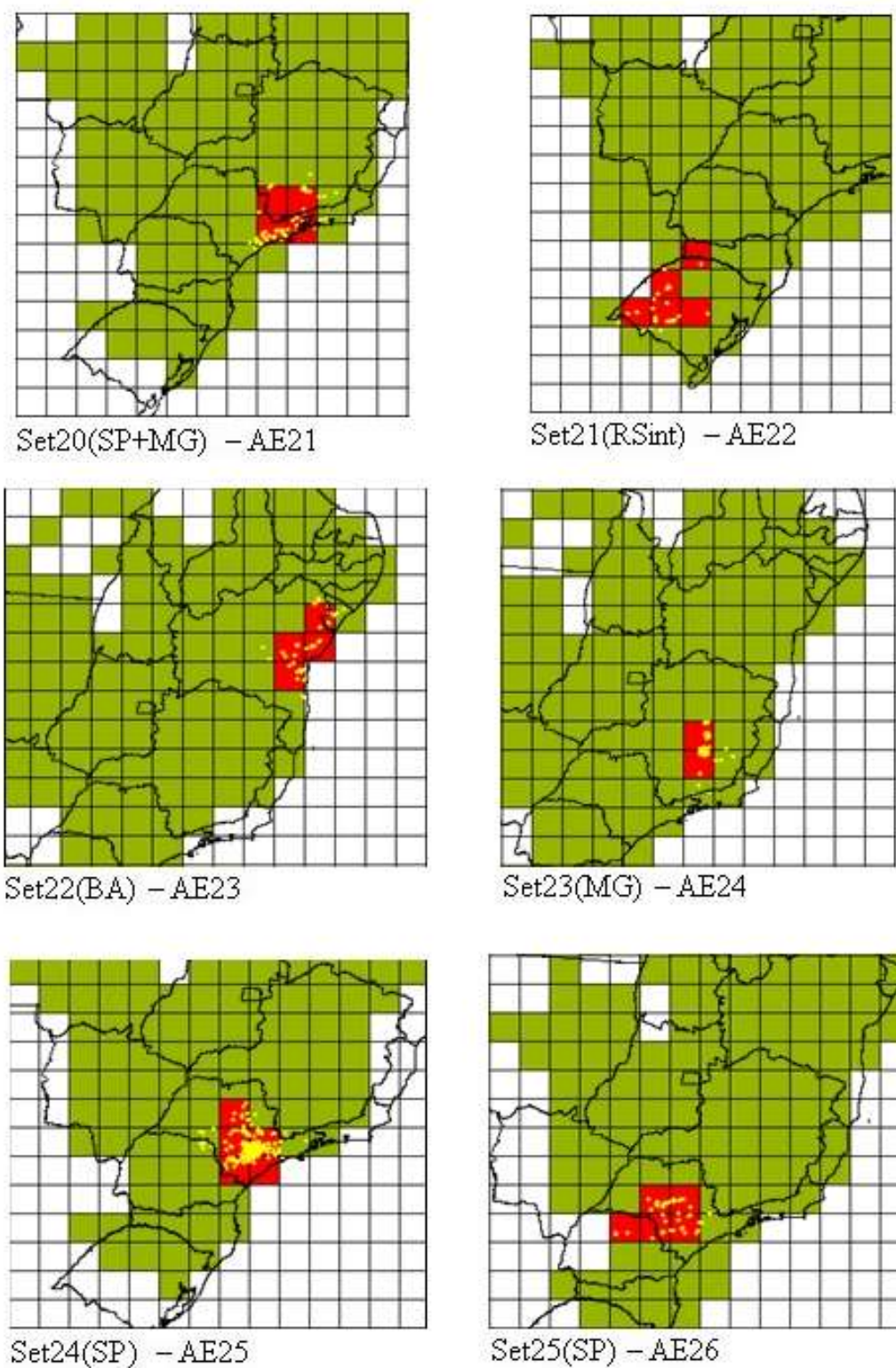
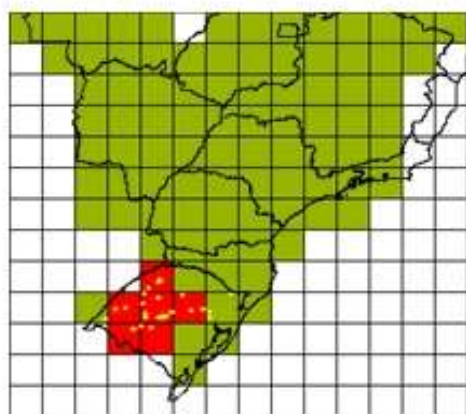
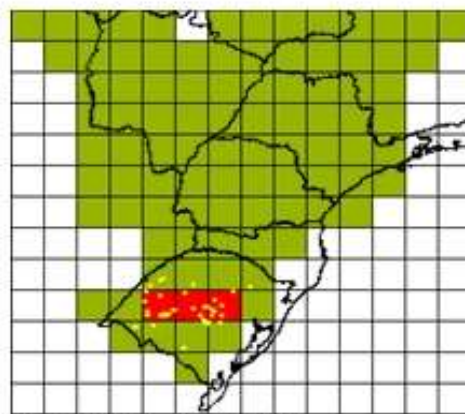


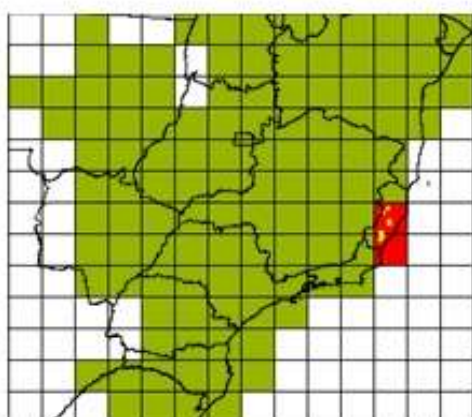
Figura 31. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 20–25/ 41): AE21: SP+MG; AE22: RSint; AE23: BA+PE; AE24: MG; AE25: SP; AE26: SP.



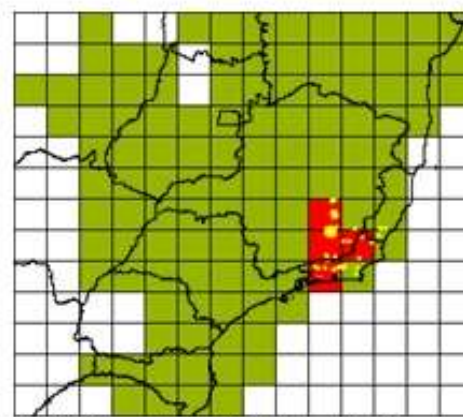
Set26(RSint) – AE27



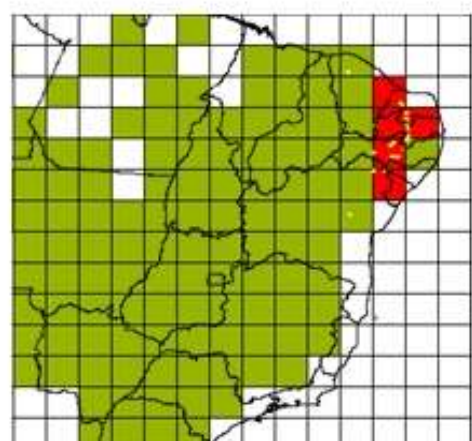
Set27(RSint) – AE28



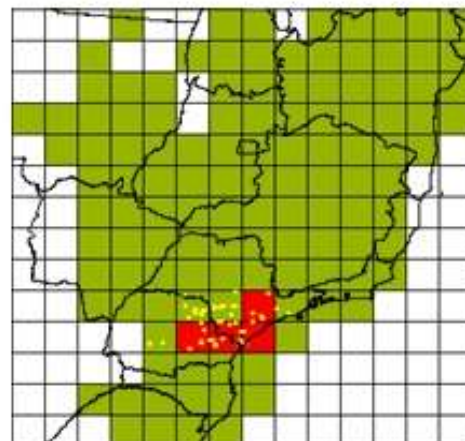
Set28(ES) – AE29



Set29(Org(RJ)+MG) – AE30



Set30(PE) – AE31



Set31(SP) – AE32

Figura 32. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 26–31/ 41): AE27: RSint; AE28: RSint; AE29: ES; AE30: Org(RJ)+MG; AE31: PE; AE32: SP.

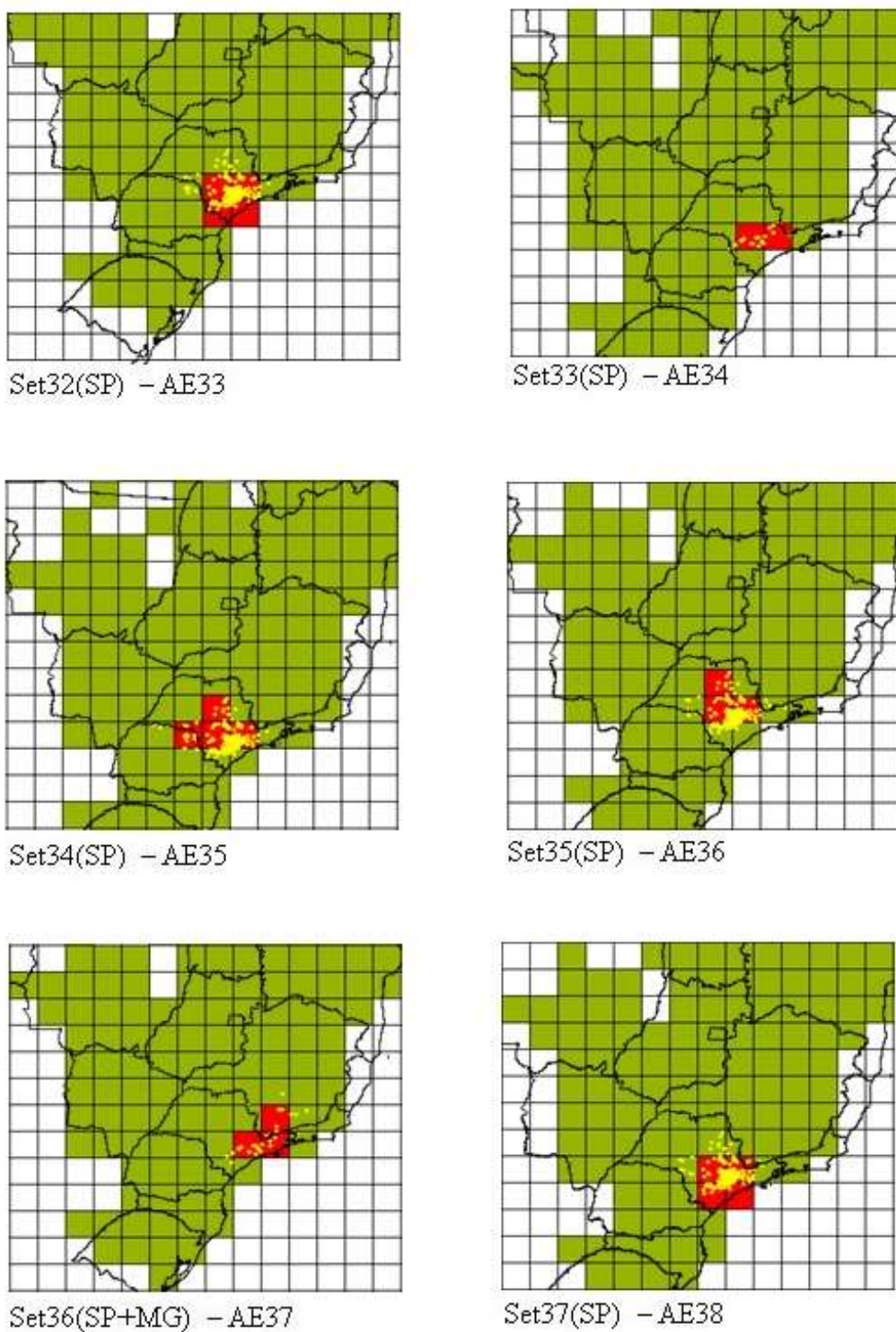


Figura 33. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 32–37/ 41): AE33: SP; AE34: SP; AE35: SP; AE36: SP; AE37: SP+MG; AE38: SP.

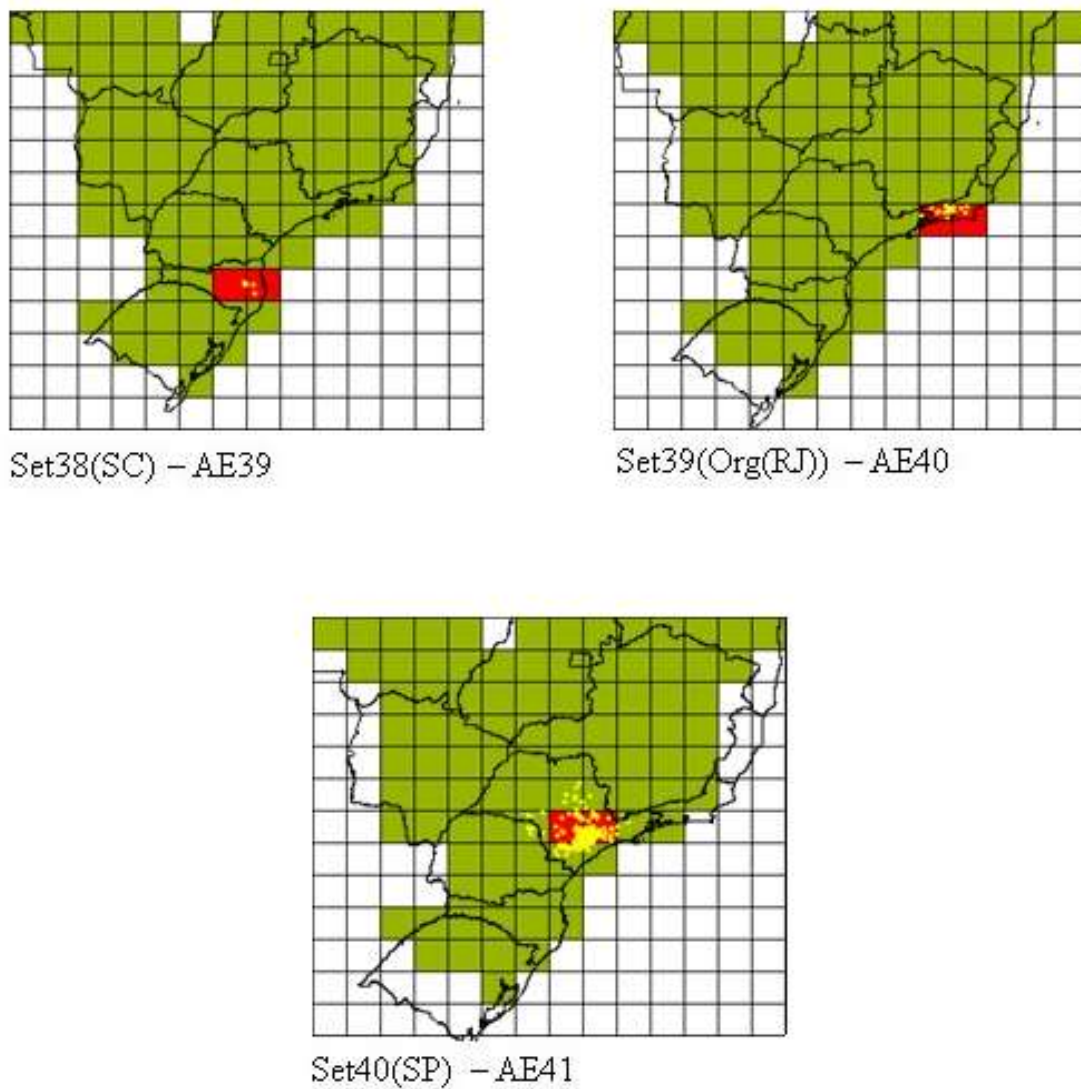


Figura 34. Mapas das áreas delimitadas por NDM 2° (sets 38–40/ 41): AE39: SC; AE40: Org(RJ); AE41: SP.

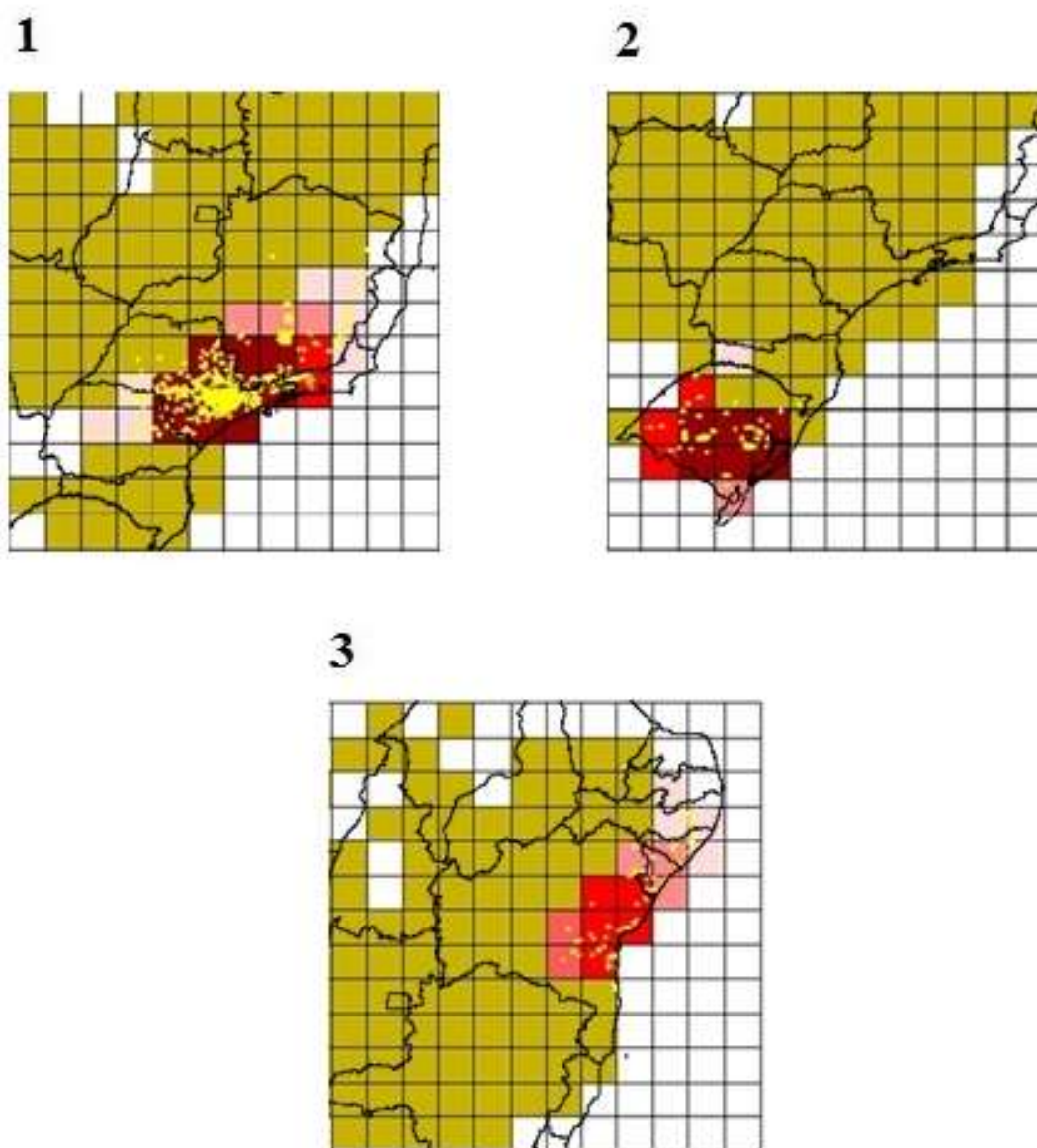


Figura 35. Mapas de consenso de 5% das áreas delimitadas por NDM 2°: 1) juntou 26 sets (SP+Org(RJ)+MG+ES+BA); 2) juntou 6 sets (RSint+ PoA); 3) juntou 7 sets (PE+BA). Os mapas de SC e DF mantiveram iguais aos sem consenso.

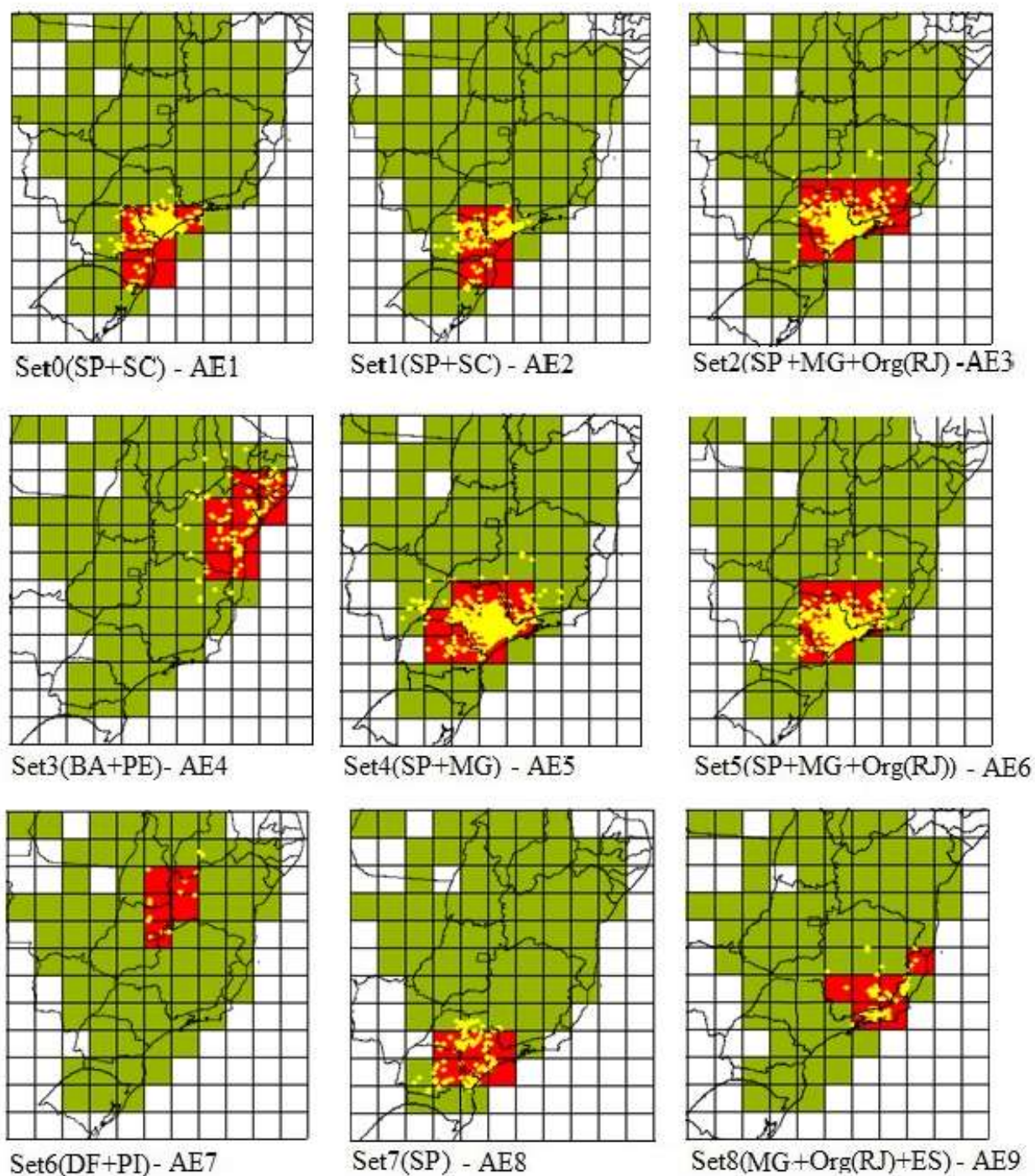


Figura 36. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 0–8/ 64): AE1: SP+SC; AE2: SP+SC; AE3:SP+MG+Org(RJ); AE4: BA+PE; AE5: SP+MG; AE6: SP+MG+Org(RJ) ; AE7: DF+PI; AE8: SP; AE9: MG+Org(RJ)+ES.

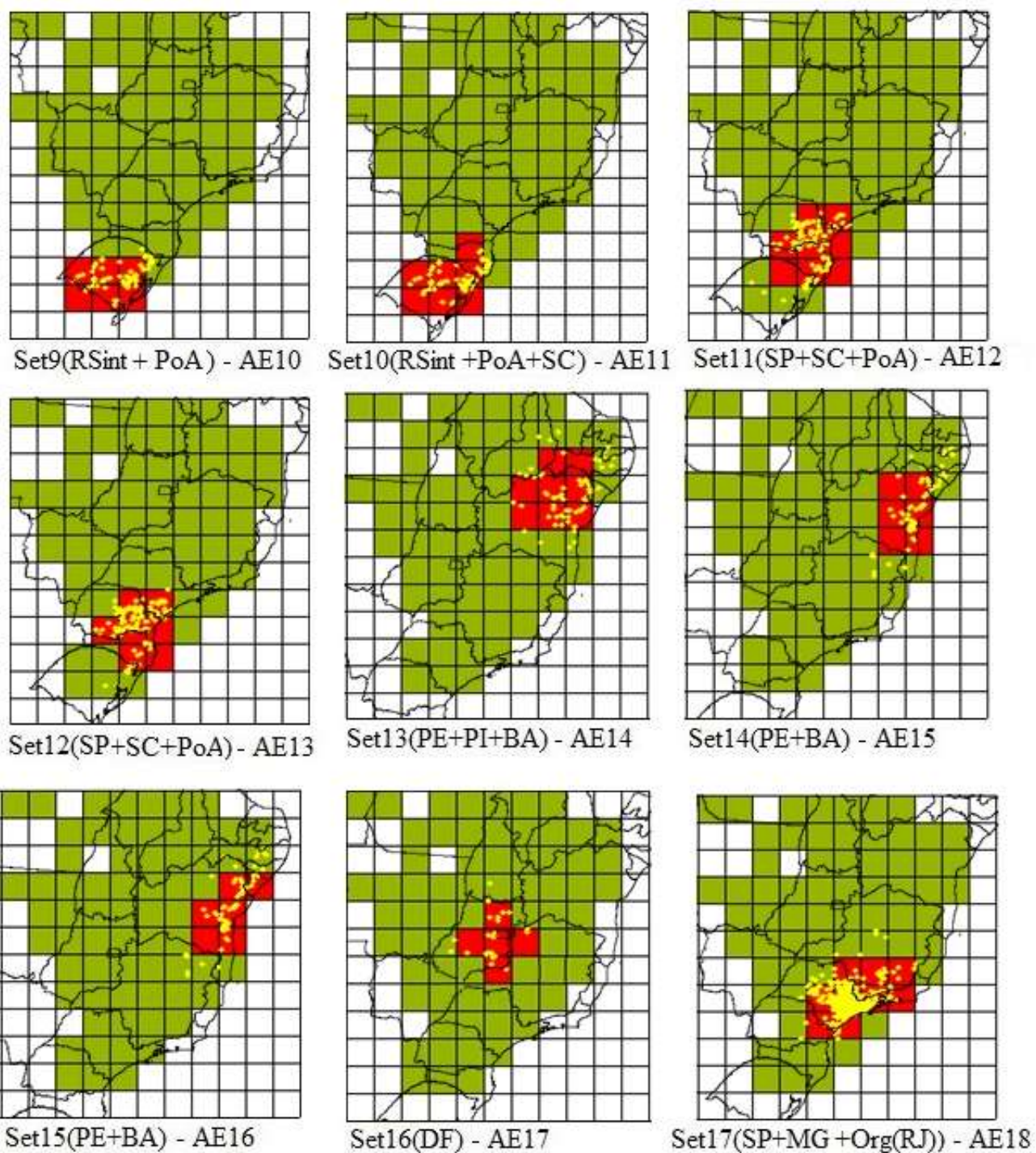


Figura 37. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 9–17/ 64): AE10: RSint+PoA; AE11: Rsint+PoA+SC; AE12: SP+SC+PoA; AE13: SP+SC+PoA; AE14: PE+PI+BA; AE15: PE+BA ; AE16: PE+BA; AE17: DF; AE18: SP+MG+Org(RJ) .

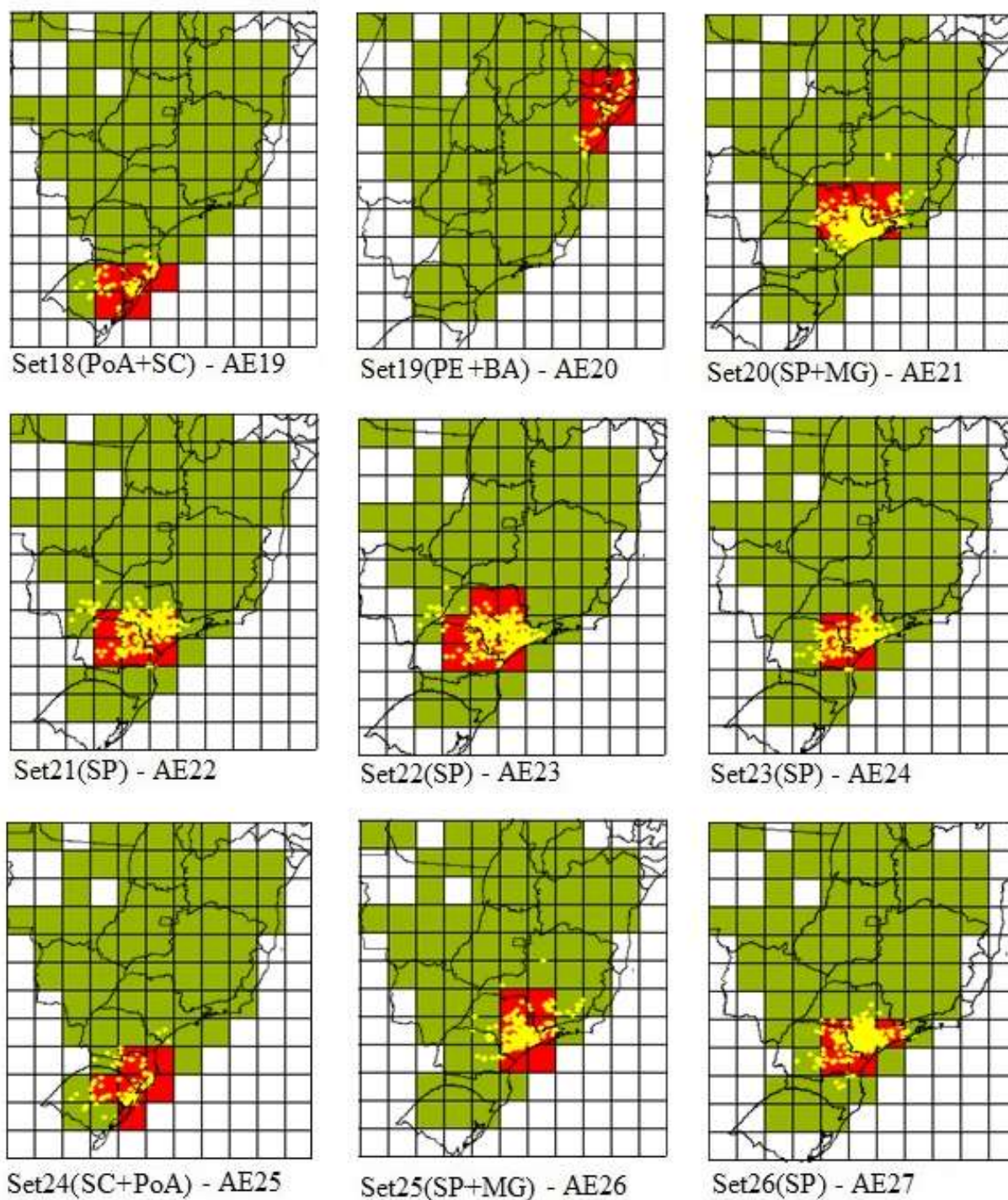


Figura 38. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 18–26/ 64): AE19: PoA+SC; AE20: PE+BA; AE21: SP+MG; AE22: SP; AE23: SP; AE24: SP; AE25: SC+PoA; AE26: SP+MG; AE27: SP.

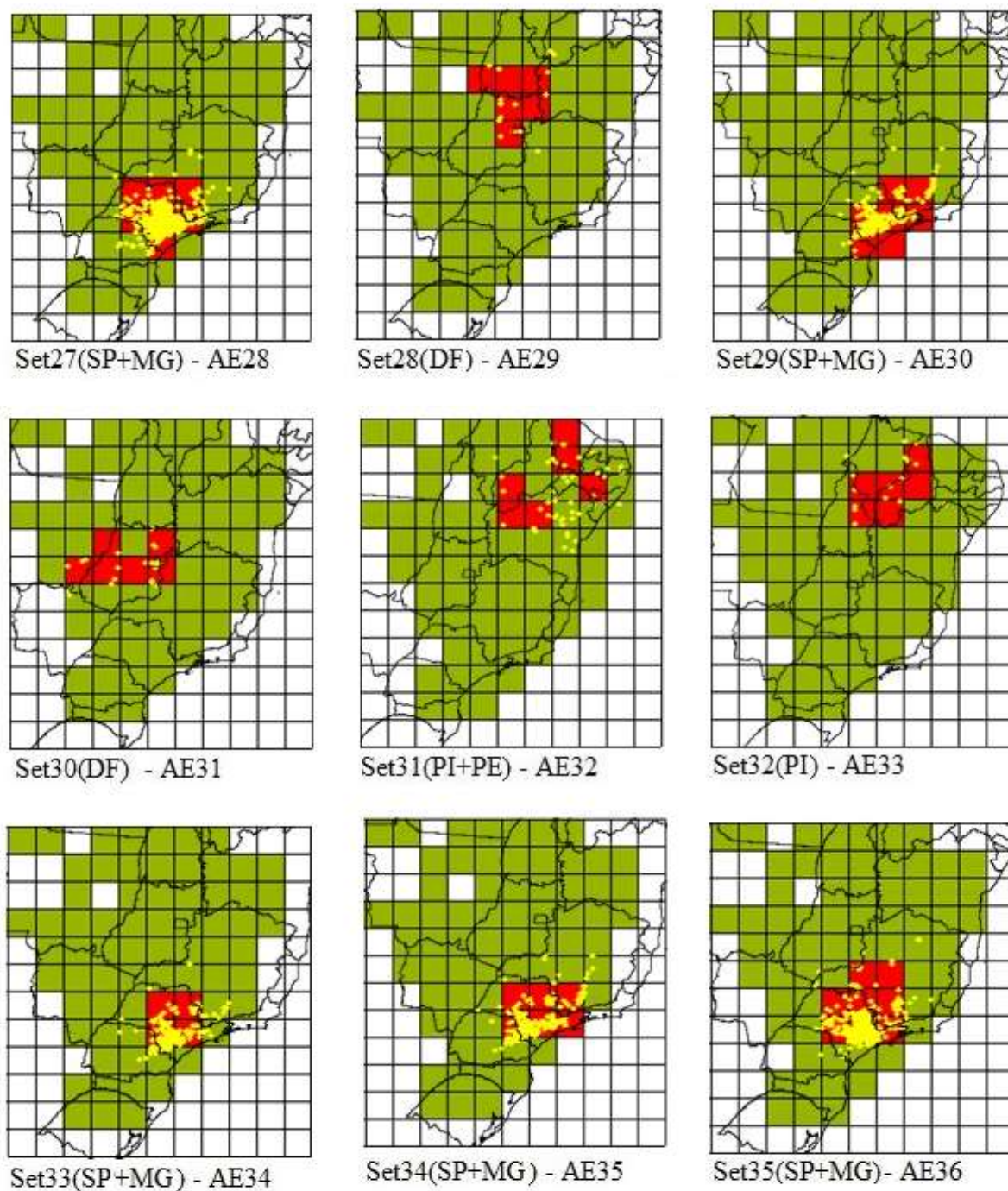


Figura 39. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 27–35/ 64): AE28: SP+MG; AE29: DF; AE30: SP+MG; AE31: DF; AE32: PI+PE; AE33: PI; AE34: SP+MG; AE35:SP+MG; AE36: SP+MG.

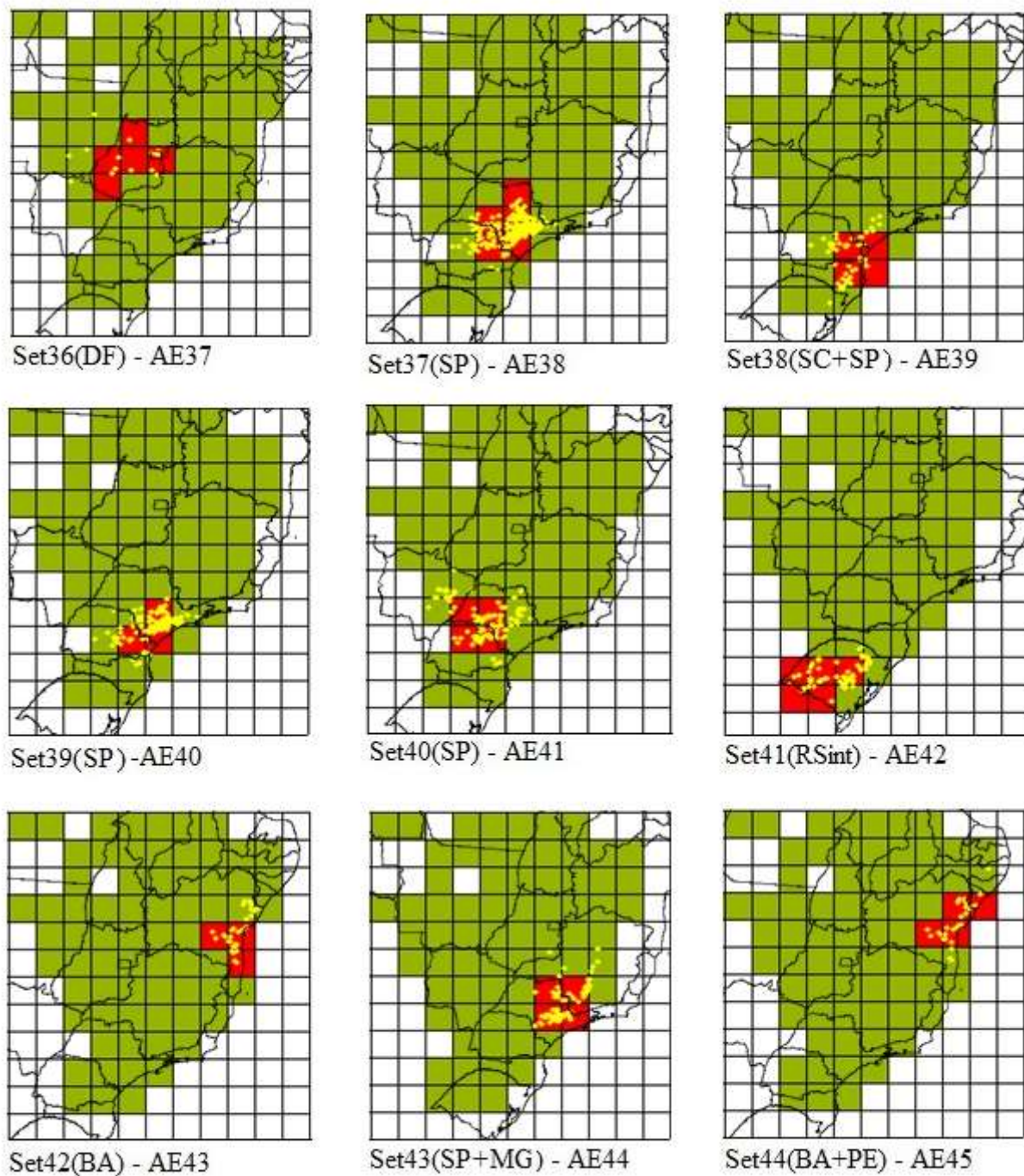


Figura 40. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 36–44/ 64): AE37: DF; AE38: SP; AE39: SC+SP; AE40: SP; AE41: SP; AE42: RSint; AE43: BA; AE44: SP+MG; AE45: BA+PE.

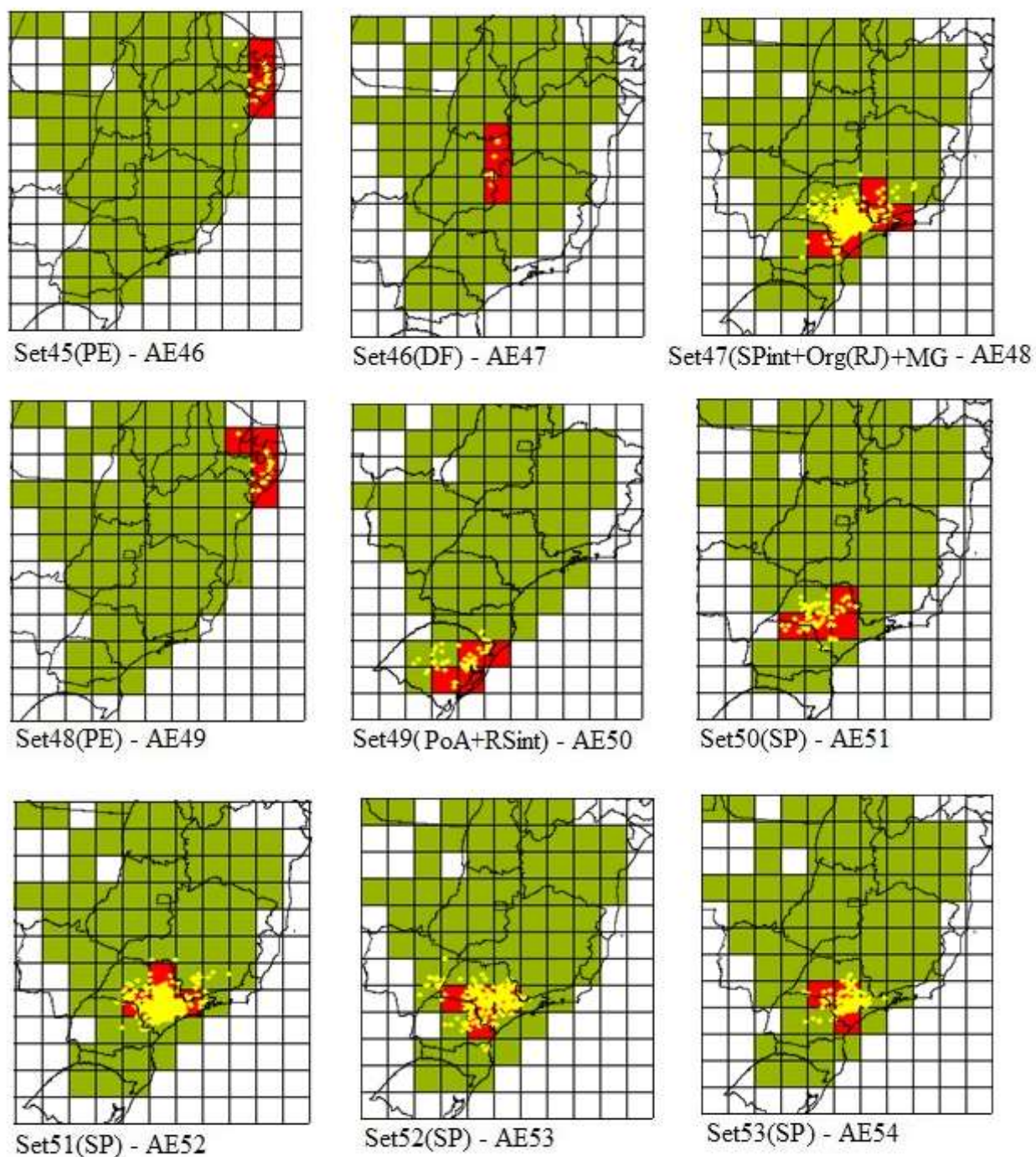


Figura 41. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 45–53/ 64): AE46: PE; AE47: DF; AE48: SP+Org(RJ)+MG; AE49: PE; AE50: PoA+RSint; AE51: SP; AE52: SP; AE53: SP; AE54: SP.

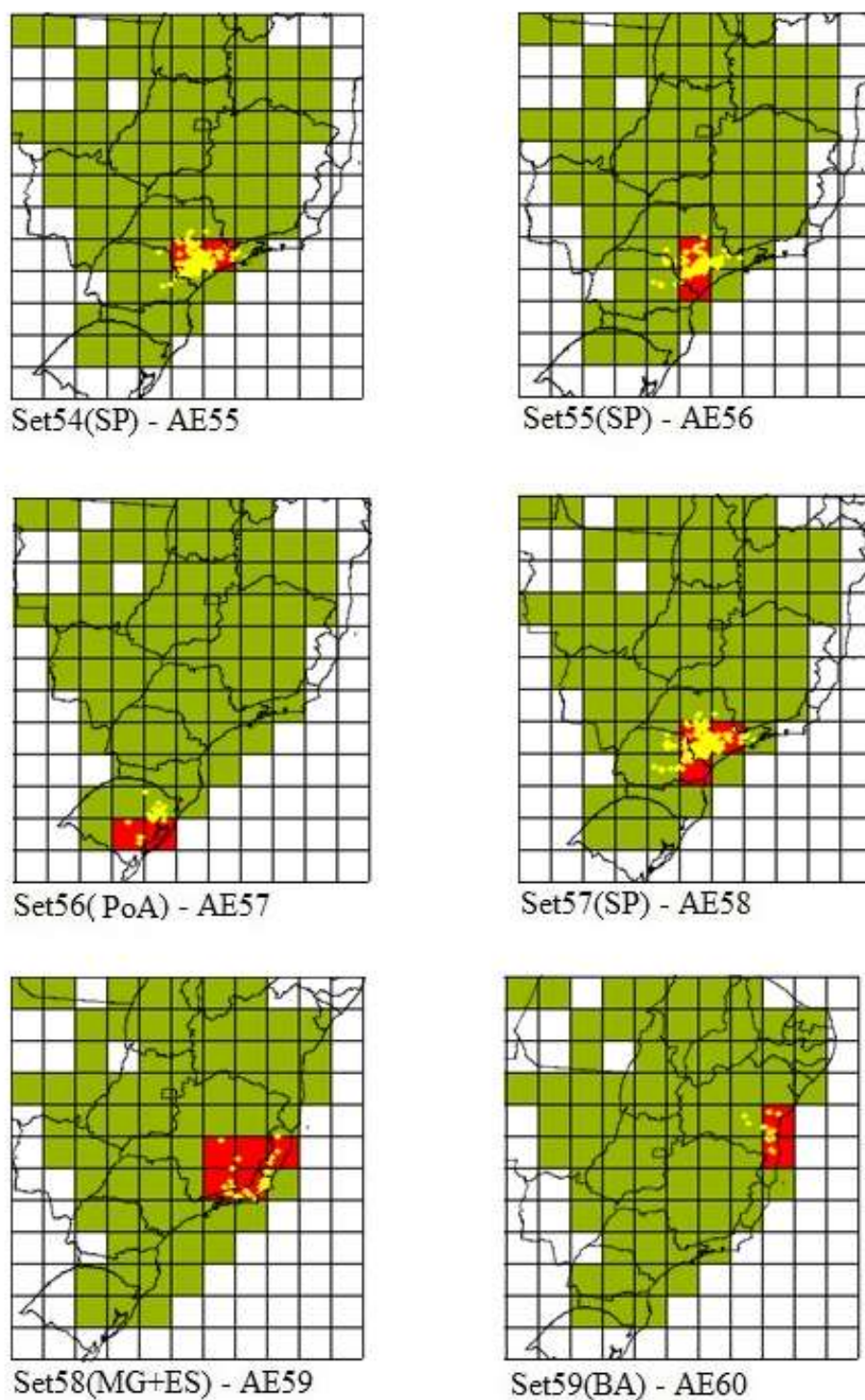


Figura 42. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 54–59/ 64): AE55: SP; AE56: SP; AE57: PoA; AE58: SP; AE59: MG+ES; AE60: BA.

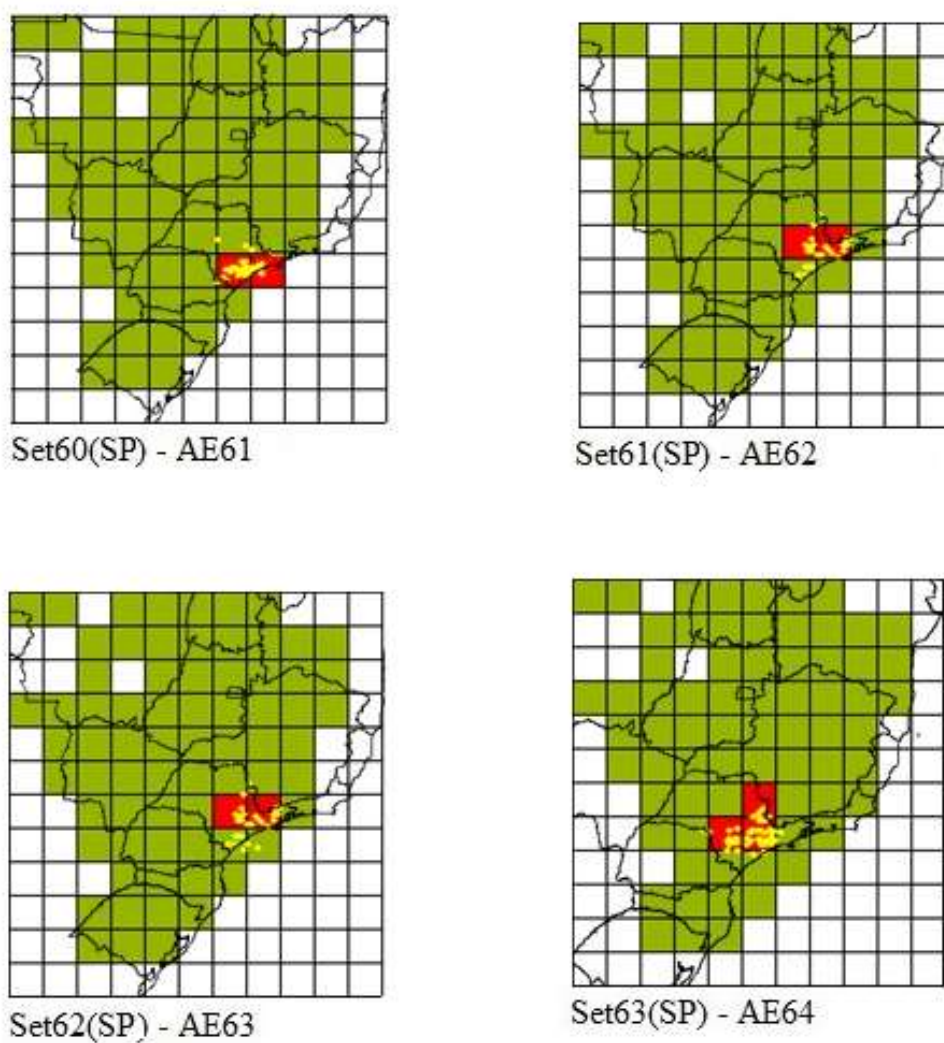


Figura 43. Mapas das áreas delimitadas por NDM 3° (sets 60–63/ 64): AE61: SP; AE62: SP; AE63: SP; AE64: SP.

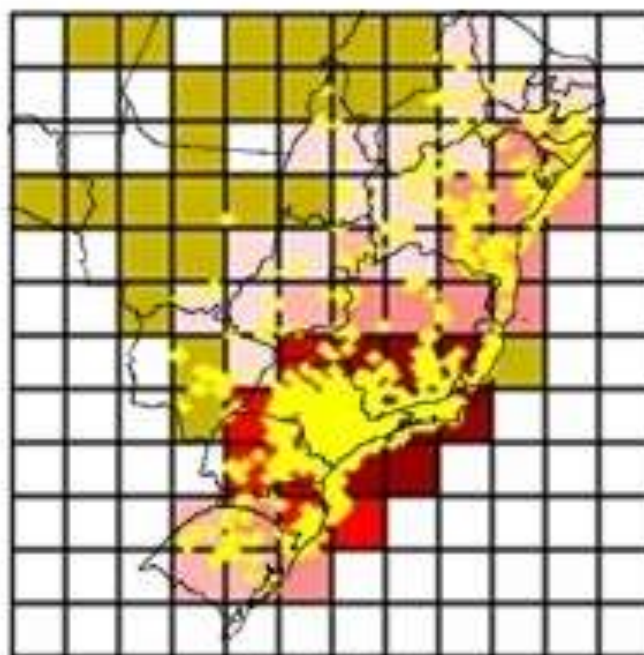


Figura 44. Mapas de consenso de 5% das áreas delimitadas por NDM 3°: juntou as 64 áreas encontradas numa área só.

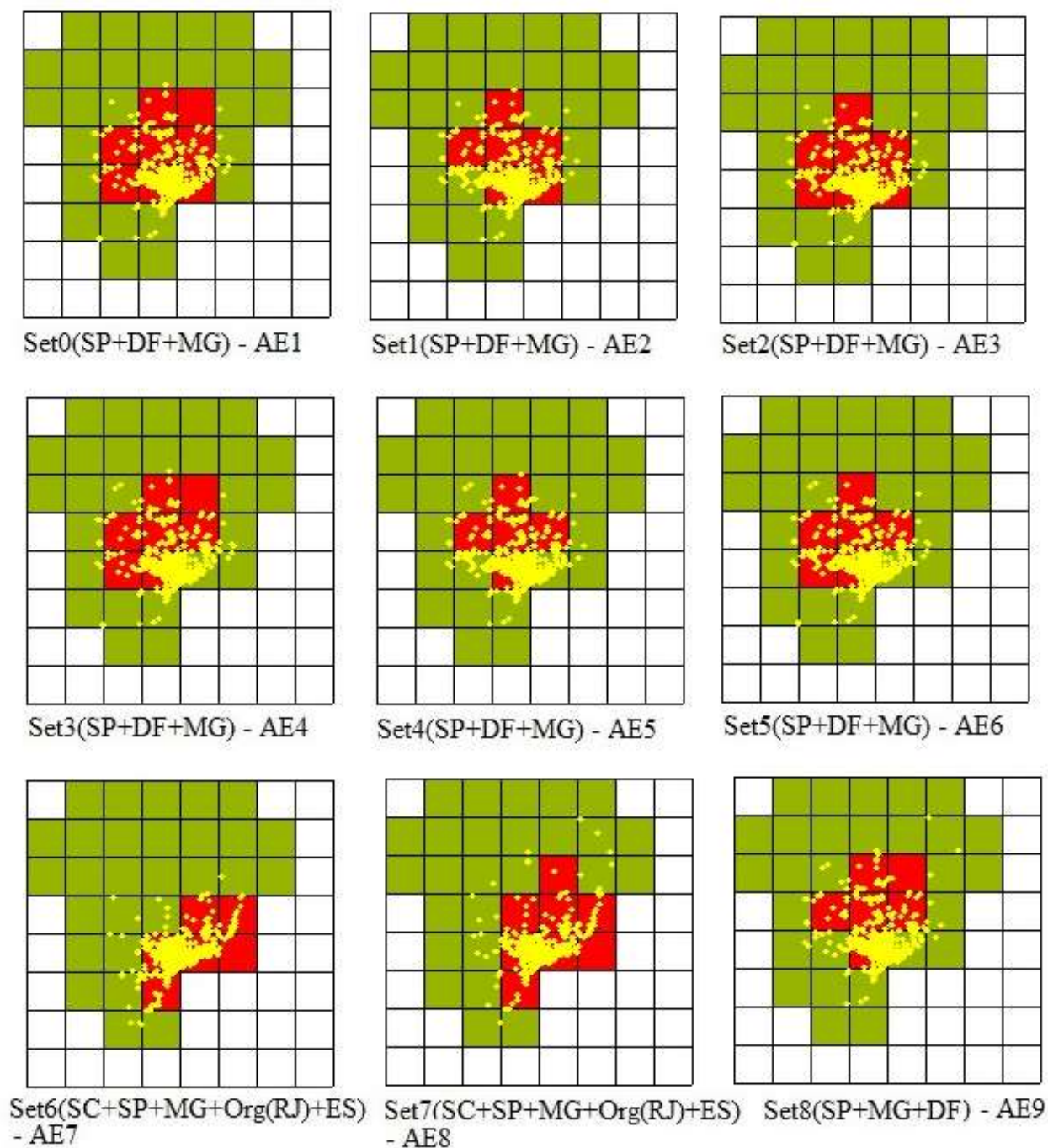


Figura 45. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 0–8/ 75): AE1: SP+DF+MG; AE2: SP+DF+MG; AE3: SP+DF+MG; AE4: SP+DF+MG; AE5: SP+DF+MG; AE6: SP+DF+MG; AE7: SC+SP+MG+Org(RJ)+ES; AE8: SC+SP+MG+Org(RJ)+ES; AE9: SP+MG+DF.

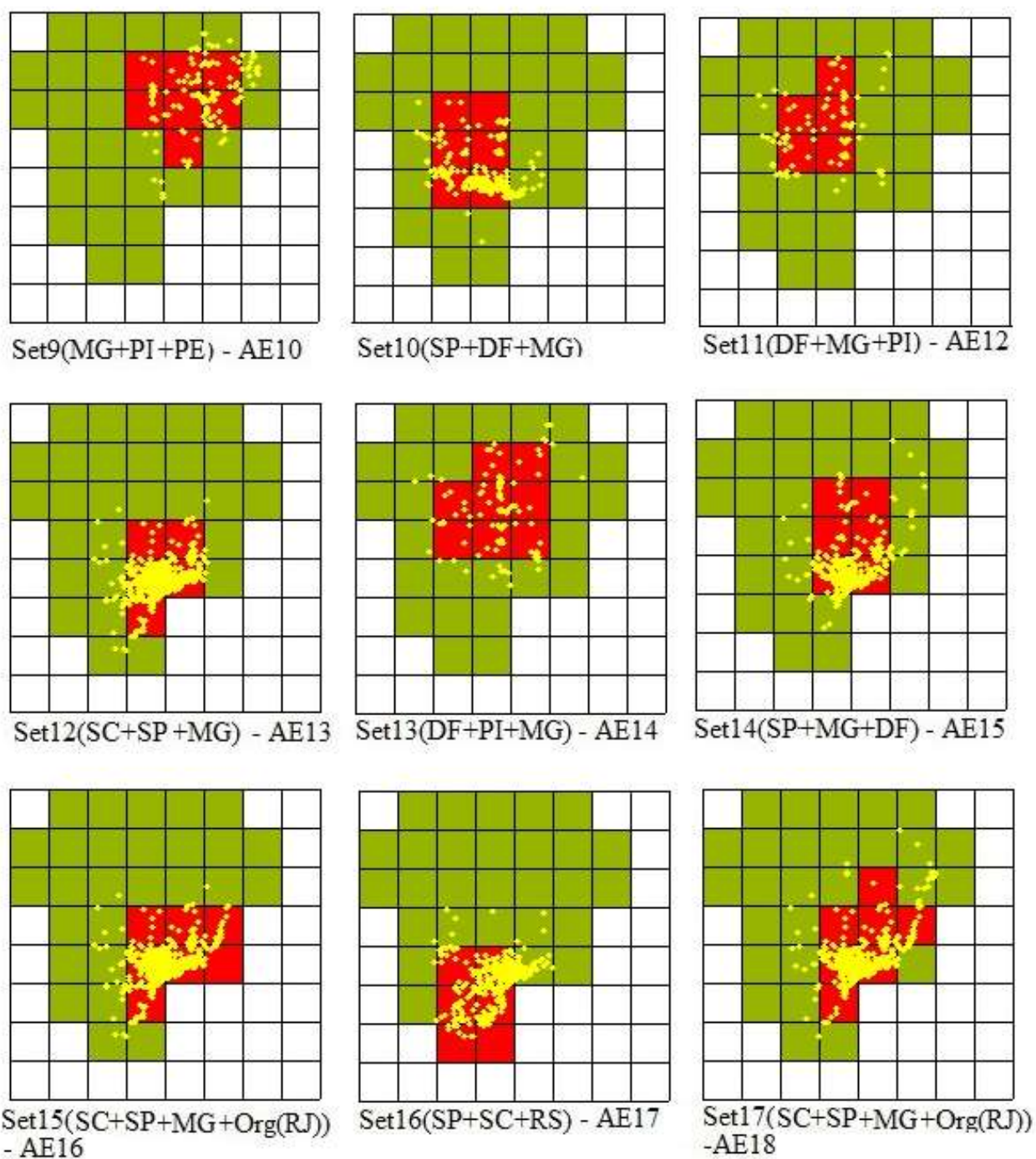


Figura 46. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 9–17/ 75): AE10: MG+DF+PI; AE11: SP+DF+MG; AE12: DF+MG+PI; AE13: SC+SP+MG; AE14: DF+PI+MG; AE15: SP +MG+DF; AE16: SC+SP++MG+Org(RJ); AE17: SP+SC+RS; AE18: SC+SP+MG+Org(RJ).

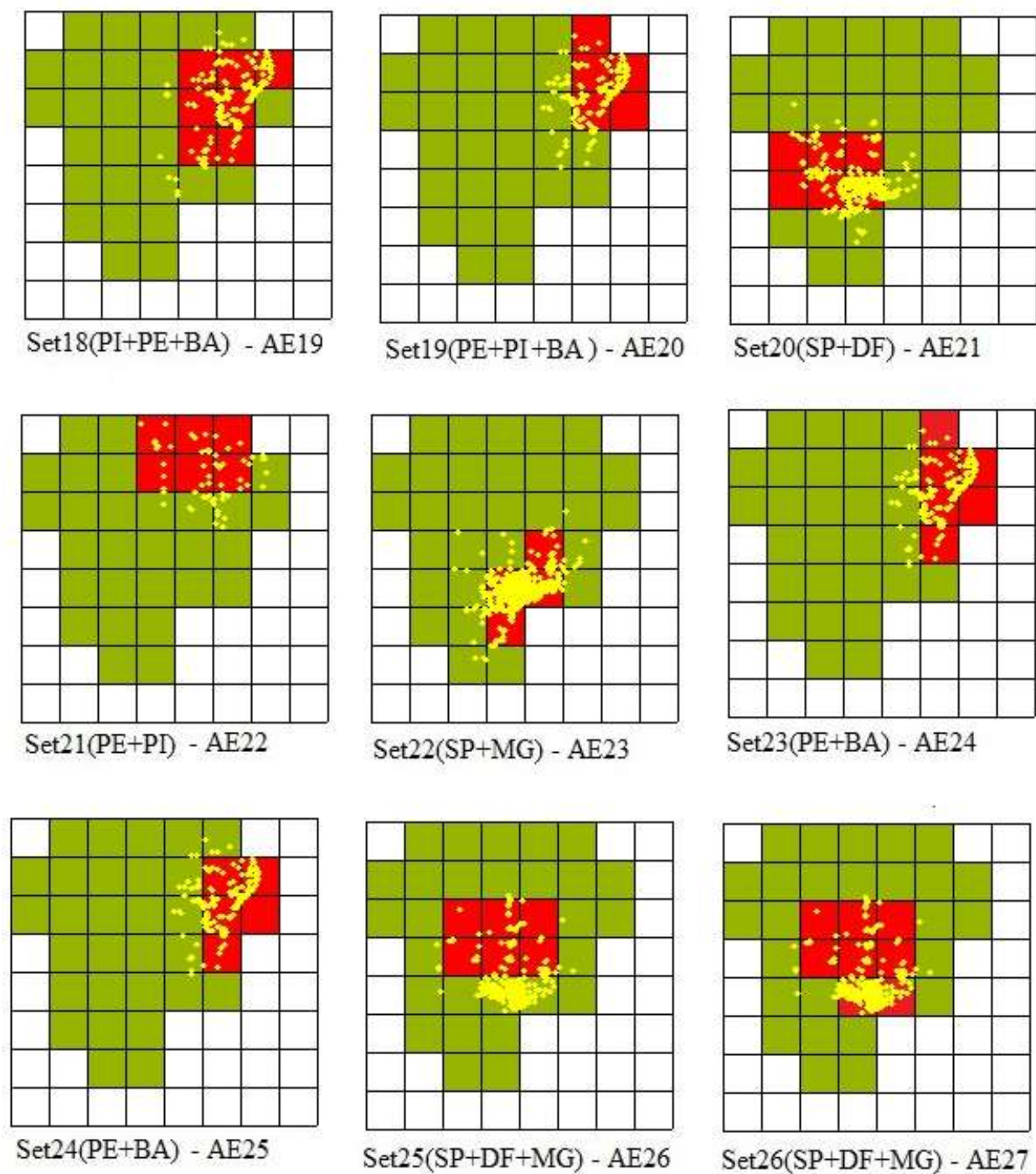


Figura 47. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 18–26/ 75): AE19: PI+PE+BA; AE20: PE+PI+BA; AE21: SP+DF; AE22: PE+PI; AE23: SP+MG; AE24: PE+BA; AE25: PE+BA; AE26: SP+DF+MG; AE27: SP+DF+MG.

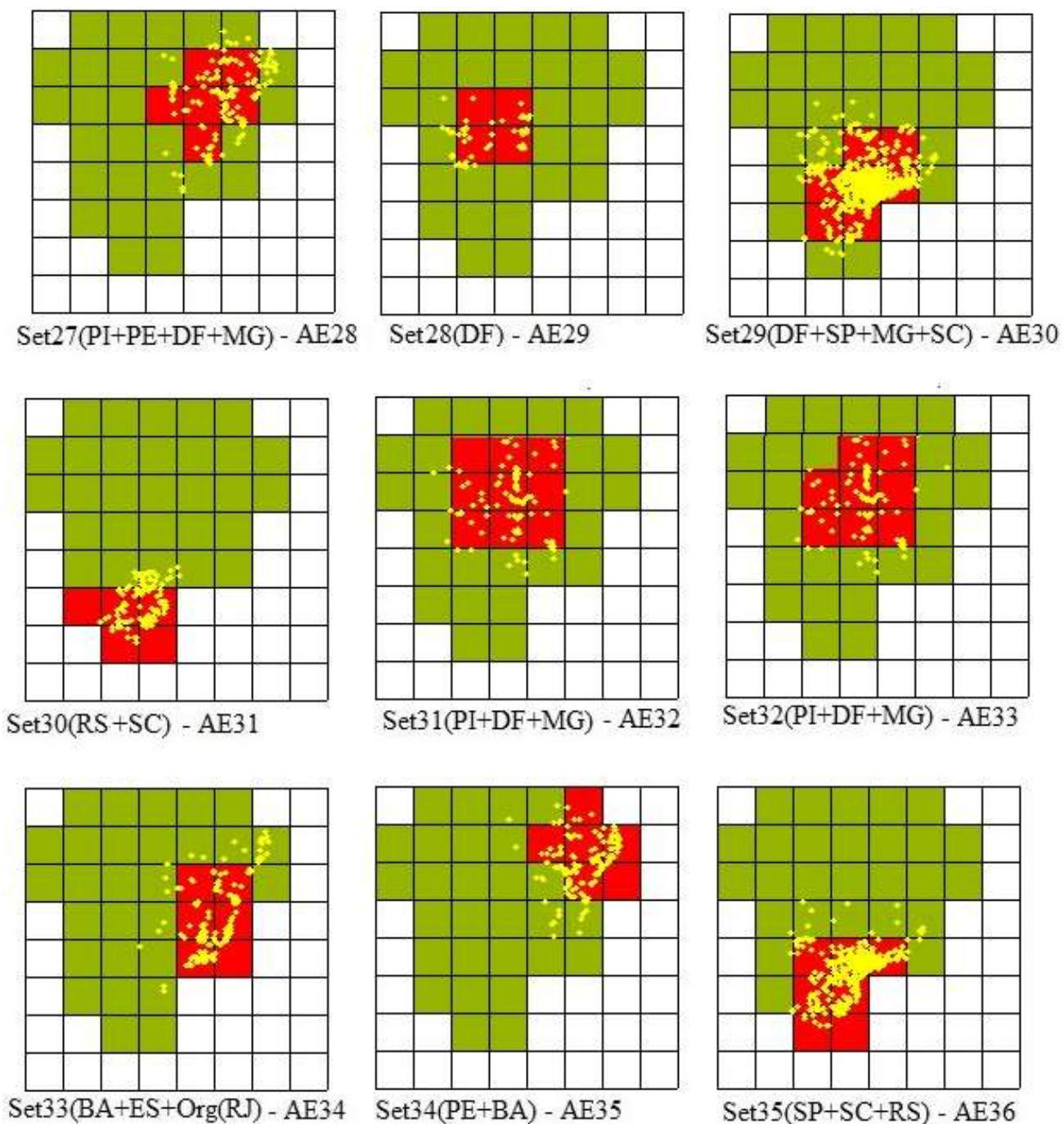


Figura 48. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 27–35/ 75): AE28: PI+PE+DF+MG; AE29: DF; AE30: DF+SP+MG+SC; AE31: PoA+SC; AE32: PI+DF+MG; AE33: PI+DF+MG; AE34: BA+ES+Org(RJ); AE35: PE+BA; AE36: SP+SC+RS.

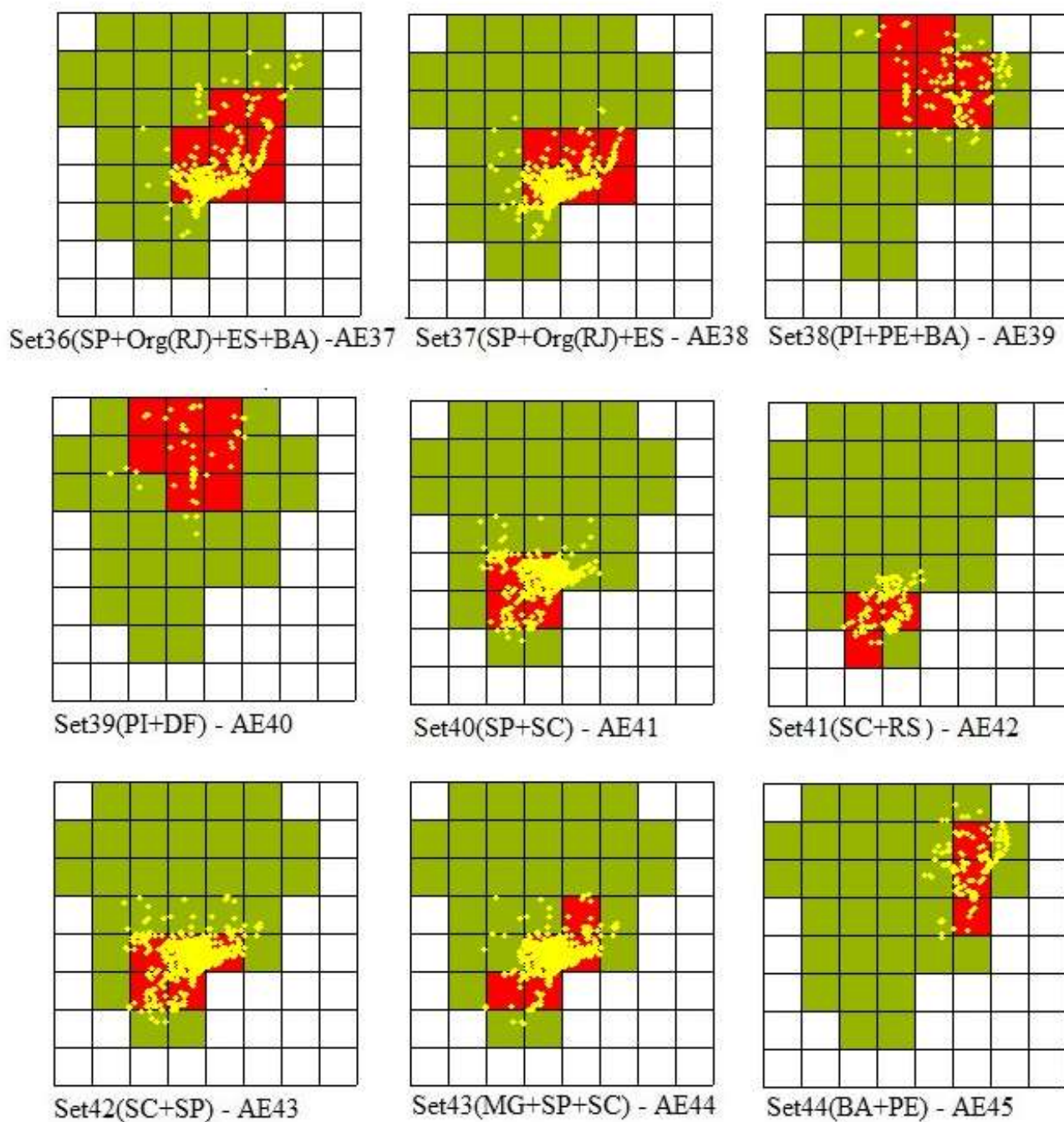


Figura 49. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 36–44/ 75): AE37: SP+Org(RJ)+ES+BA; AE38: SP+Org(RJ)+ES; AE39: PI+PE+BA; AE40: PI+DF; AE41: SP+SC; AE42: SC+RS; AE43: SC+SP; AE44: MG+SP+SC; AE45: BA+PE.

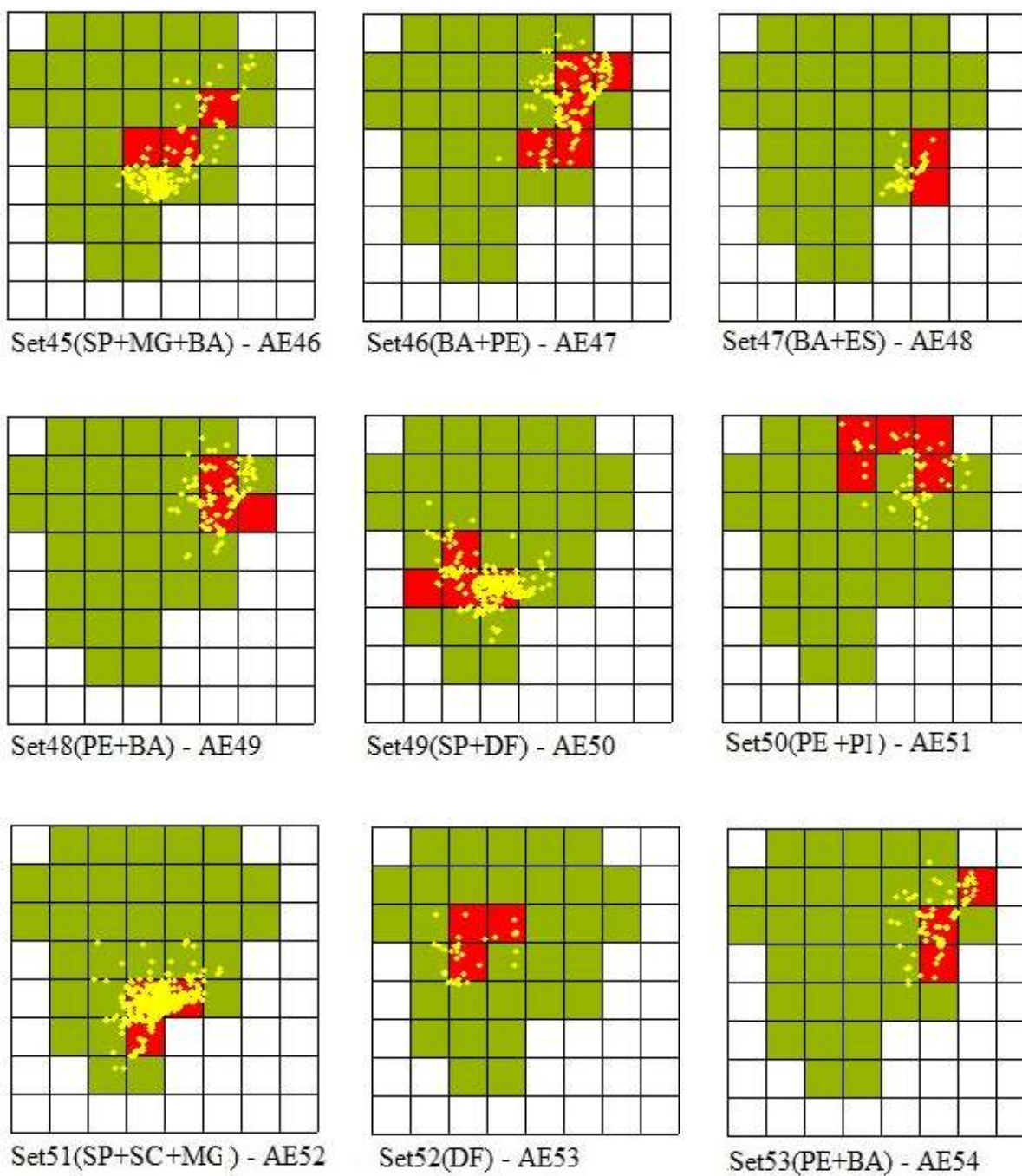


Figura 50. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 45–53/ 75): AE46: SP+MG+BA; AE47: BA+PE; AE48: BA+ES; AE49: PE+BA; AE50: SP+DF; AE51: PE+PI; AE52: SP+SC+MG; AE53: DF; AE54: PE+BA.

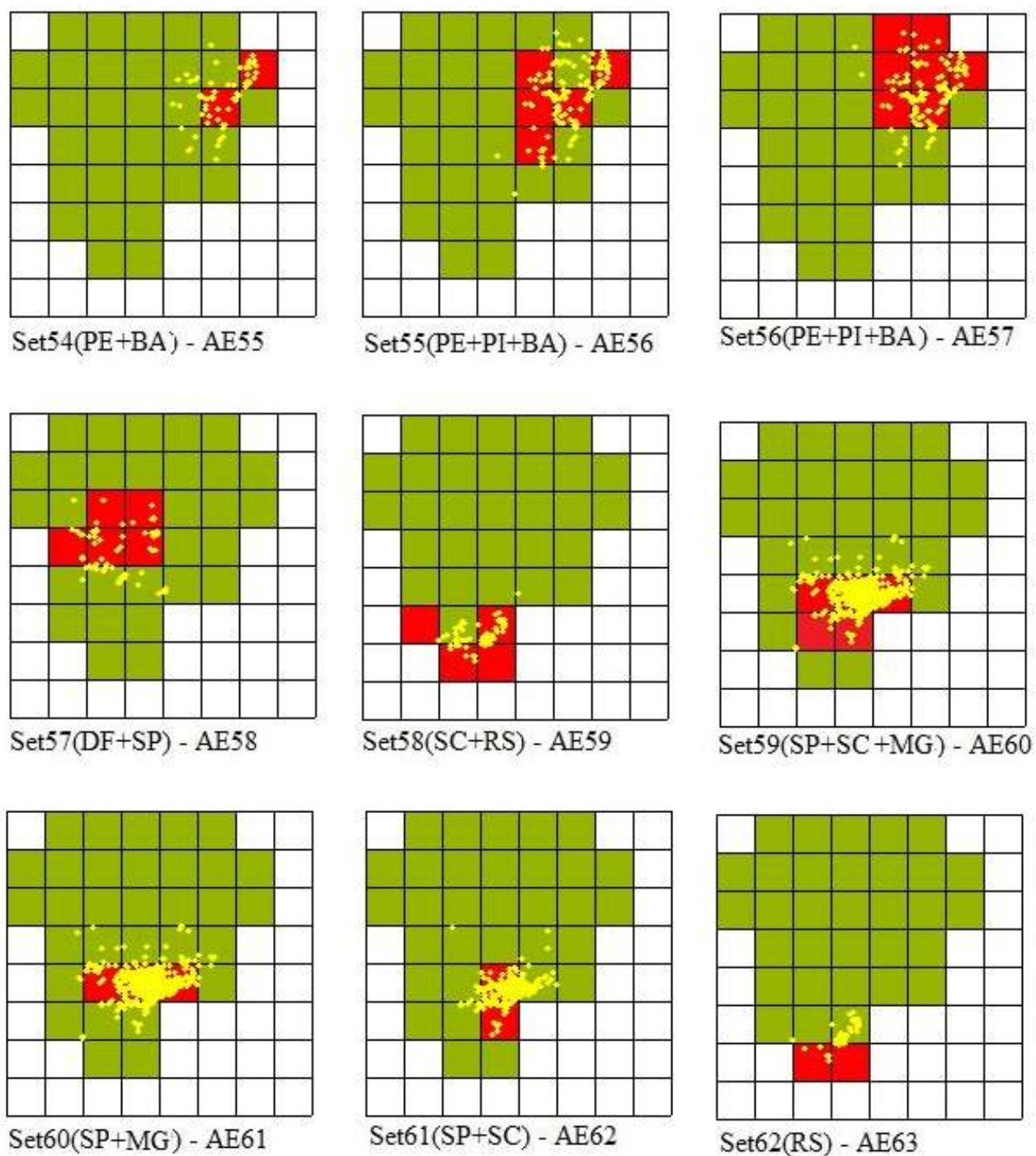


Figura 51. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 54–62/ 75): AE55: PE+BA; AE56: PE+PI+BA; AE57: PE+PI+BA; AE58: DF+SP; AE59: SC+RS; AE60: SP+SC+MG; AE61: SP+MG; AE62: SP+SC; AE63: RS.

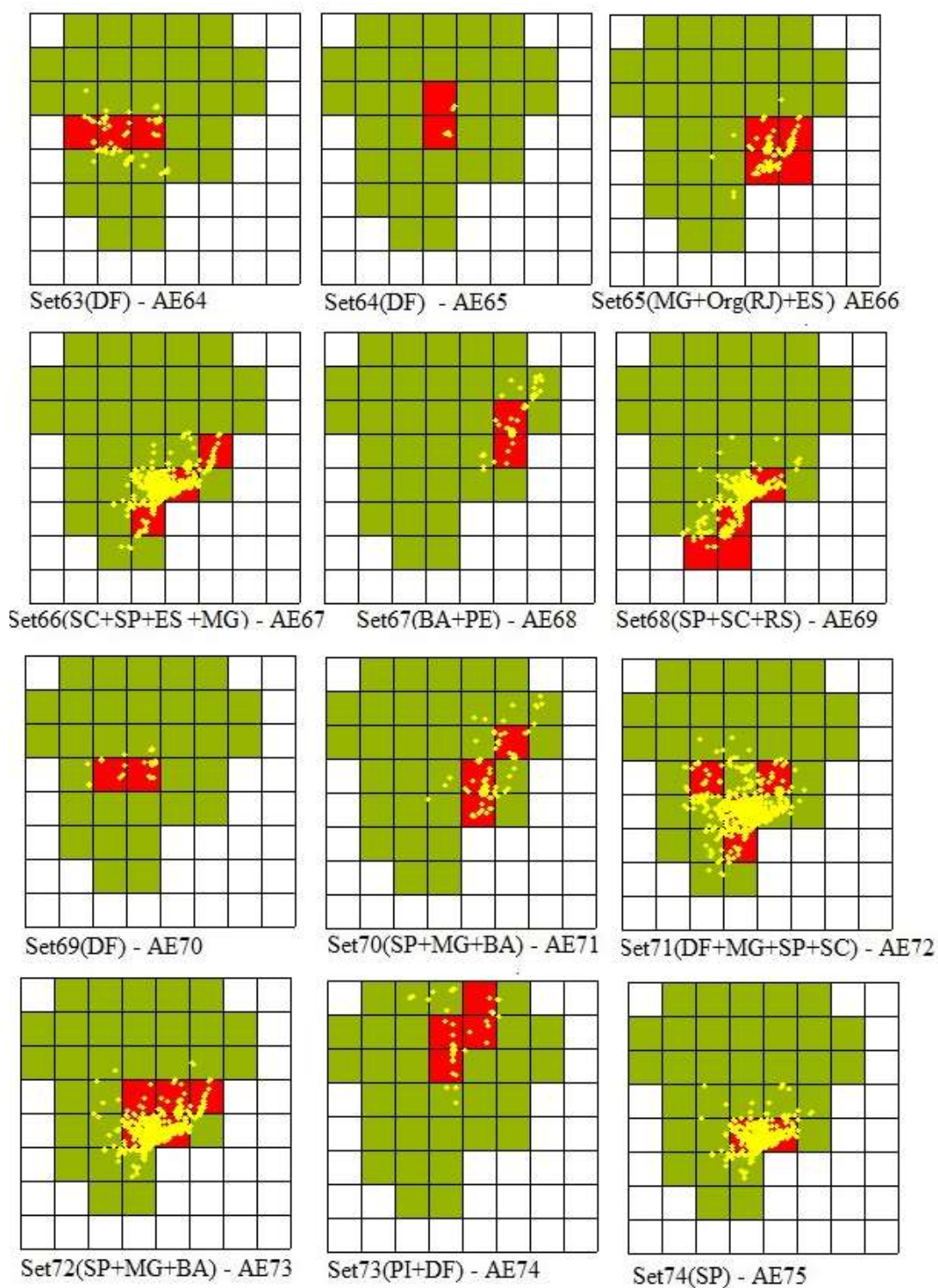


Figura 52. Mapas das áreas delimitadas por NDM 5° (sets 63–74/ 75): AE64: DF; AE65: DF; AE66: MG+Org(RJ)+ES; AE67: SC+SP+ES+MG; AE68: BA+PE; AE69: SP+SC+RS; AE70: DF; AE71: SP+MG+BA; AE72: DF+MG+SP+SC; AE73: SP+MG+BA; AE74: PI+DF; AE75: SP.

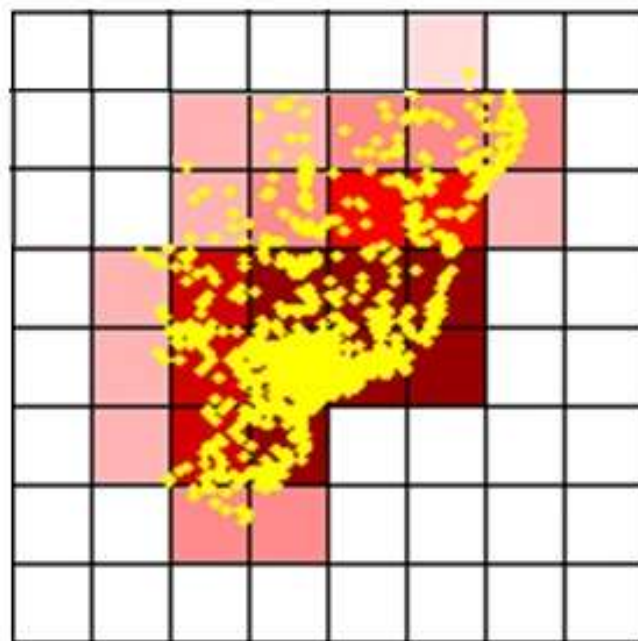


Figura 53. Mapa de consenso de 5% das áreas delimitadas por NDM 5°: juntou as 75 áreas encontradas numa área só.

BEA: Como explicado na metodologia, a análise de Elementos Bióticos foi utilizada somente para conferir os agrupamentos das espécies nas regiões das áreas de endemismo que surgiram nos métodos PAE e NDM. Os resultados não foram significativos, portanto não utilizados para delimitações das áreas de endemismo finais. Nesta metodologia o programa gera dois resultados: uma lista no script mostrando em qual componente está cada espécie, em ordem numérica (Figura 54), e um gráfico espacial (Figura 55). A letra N, em ambos, representa os ruídos da análise, ou seja, se refere às espécies que não fazem parte de nenhum elemento biótico. Na listagem das espécies os números pretos correspondem aos elementos bióticos encontrados, e os números em vermelho correspondem ao número da espécies da planilha de entrada no programa. Posteriormente foi elaborado um mapa por elemento biótico encontrado. A quadrícula preta ou agrupamento delas, onde as espécies são congruentes, corroboram com as áreas encontradas por PAE e NDM:

- BEA1: corrobora com as áreas PE/ BA/ DF/ MG/ ES/ Org(RJ)/ SP/ SC/ RS
- BEA2: corrobora com as áreas SEsp(MG)/ SP
- BEA3: corrobora com as áreas BA/ SP
- BEA4: corrobora com as áreas MG/ Org(RJ)/ SP
- BEA5: corrobora com a área BA
- BEA6: corrobora com as áreas MG/ SP/ RS
- BEA7: corrobora com as áreas SP/ Org(RJ)
- BEA8: corrobora com a área PE
- BEA9: corrobora com a área SP

Portanto os elementos bióticos 1, 2, 3, 4, 6, 7 e 9 confirmam São Paulo. Os elementos bióticos 1, 3 e 5 confirmam sul da Bahia. Os elementos bióticos 1 e 6 confirmam SC e RS. Os elementos bióticos 1, 4 e 6 confirmam MG. O elemento biótico 2 confirma SEsp(MG). Os elementos bióticos 1, 4 e 7 confirmam Org(RJ). Os elementos bióticos 1 e 8 confirmam PE. O elemento biótico 1 confirma também DF e ES.

Clustering (N denotes noise or one-point components):

[1] 1"N" 2"2" 3"N" 4"1" 5"N" 6"2" 7"N" 8"1" 9"8" 10"N" 11"N" 12"4" 13"1" 14"N"
 15"N" 16"6" 17"1" 18"2" 19"N" 20"N"

[21] 21"6" 22"N" 23"2" 24"N" 25"5" 26"9" 27"1" 28"8" 29"1" 30"3" 31"7" 32"7" 33"N"
 34"5" 35"2" 36"4" 37"6" 38"8" 39"1" 40"N"

[41] 41"1" 42"2" 43"6" 44"N" 45"N" 46"N" 47"1" 48"7" 49"N" 50"5" 51"N" 52"N"
 53"2" 54"1" 55"3" 56"3" 57"1" 58"9" 59"N" 60"N"

[61] 61"5" 62"N" 63"N" 64"N" 65"N" 66"N" 67"3" 68"N" 69"N" 70"5" 71"5" 72"N"
 73"N" 74"N" 75"N" 76"N" 77"N" 78"5" 79"3" 80"3"

[81] 81"3" 82"3" 83"N" 84"N" 85"N" 86"1" 87"1" 88"1" 89"N" 90"N" 91"1" 92"9"
 93"N" 94"1" 95"5" 96"N" 97"4" 98"2" 99"4" 100"6"

[101] 101"N" 102"1" 103"4" 104"N" 105"N" 106"N" 107"1" 108"N" 109"2" 110"N"
 111"1" 112"1" 113"N" 114"N" 115"N" 116"N" 117"3" 118"4" 119"N" 120"2"

[121] 121"9" 122"2" 123"N" 124"3" 125"8" 126"1" 127"N" 128"2" 129"2" 130"1"
 131"4" 132"4" 133"N" 134"N" 135"1" 136"N" 137"N" 138"1" 139"N" 140"N"

[141] 141"3" 142"N" 143"6" 144"N" 145"7" 146"7" 147"2" 148"7" 149"6"

Figura 54. Lista das espécies em ordem numérica (nº em vermelho colocado manualmente) mostrando a qual Elemento Biótico (nº em preto) cada uma pertence. Número entre [] indica qual número da espécie que está iniciando a linha .

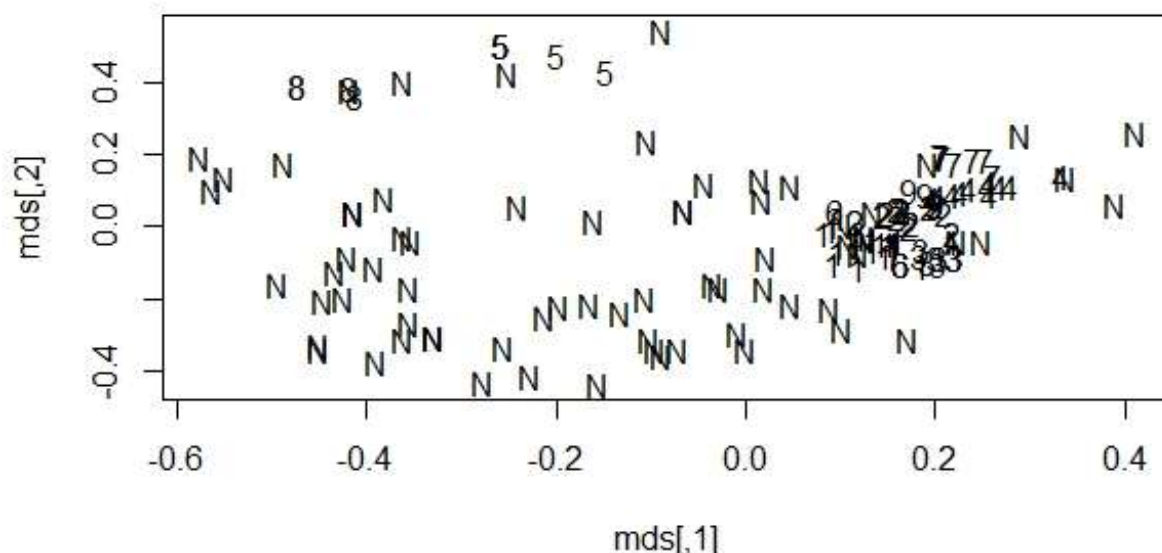


Figura 55. 1–9 Elementos Bióticos encontrados pelo PRABCLUST para quadrícula de grade de 2°. N indica espécies ruído (espécie que não pertence a nenhum elemento biótico).

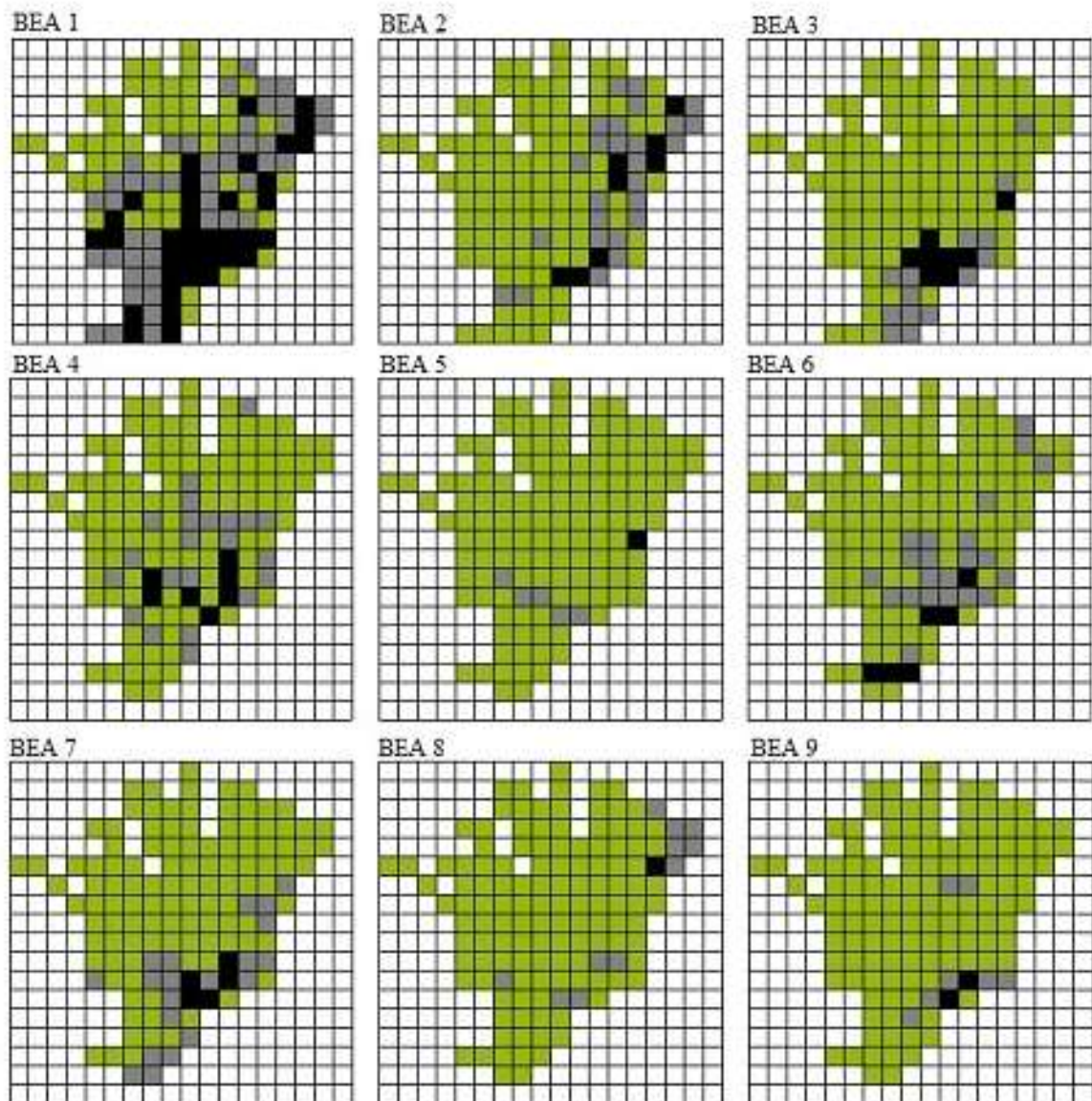


Figura 56. Mapas dos Elementos Bióticos (BEA) encontrados:1-9. Quadrículas cinzas são espécies sem congruência de duas ou mais espécies, dentro de cada elemento biótico. Quadrículas pretas são espécies com congruência de duas ou mais espécies, dentro de cada elemento biótico.

GIE: Como resultado o programa gera listas das espécies por classe, mostrando qual espécie está em qual área de endemismo em cada classe. Um mapa é gerado por classe (Figuras 57 a 62), com as manchas das interpolações dos centróides, indicando as áreas de endemismo, e quantas espécies está em cada área. A faixa de gradiente no final de cada mapa indica a endemicidade da área, ou seja, quanto mais espécies na área, mais escura é a mancha, quanto menos espécies na área, mais fraca é a mancha. Por fim gera um mapa de consenso (Figura 63) juntado todas as áreas de endemismo delimitadas anteriormente num mapa só. Todas as áreas encontradas por este método coincidem com as áreas encontradas em PAE e NDM.

- Classe 1 (0 – 50 km): 5 áreas delimitadas: 1– BA/ 2– SEsp(MG)/ 3– Org(RJ)/ 4 – SP/ 5 – PoA
- Classe 2 (51 – 100 km): 1 área delimitada: 1– Org(RJ)
- Classe 3 (101 – 200 km): 2 áreas delimitadas: 1– BA/ 2 – juntou MG – ES – Org(RJ) – SP/ RSint + PoA
- Classe 4 (201 – 300 km): 1 área delimitada: 1– juntou DF– MG – ES – Org(RJ) – SP
- Classe 5 (301 – 400 km): 2 áreas delimitadas: 1– juntou DF– PI/ 2 – juntou ES – MG – Org(RJ) – SP/ SC/ RSint + PoA
- Classe 6 (401 km – até o ponto mais distante): 1 área delimitada: 1– juntou as áreas delimitadas nas classes anteriores numa área só

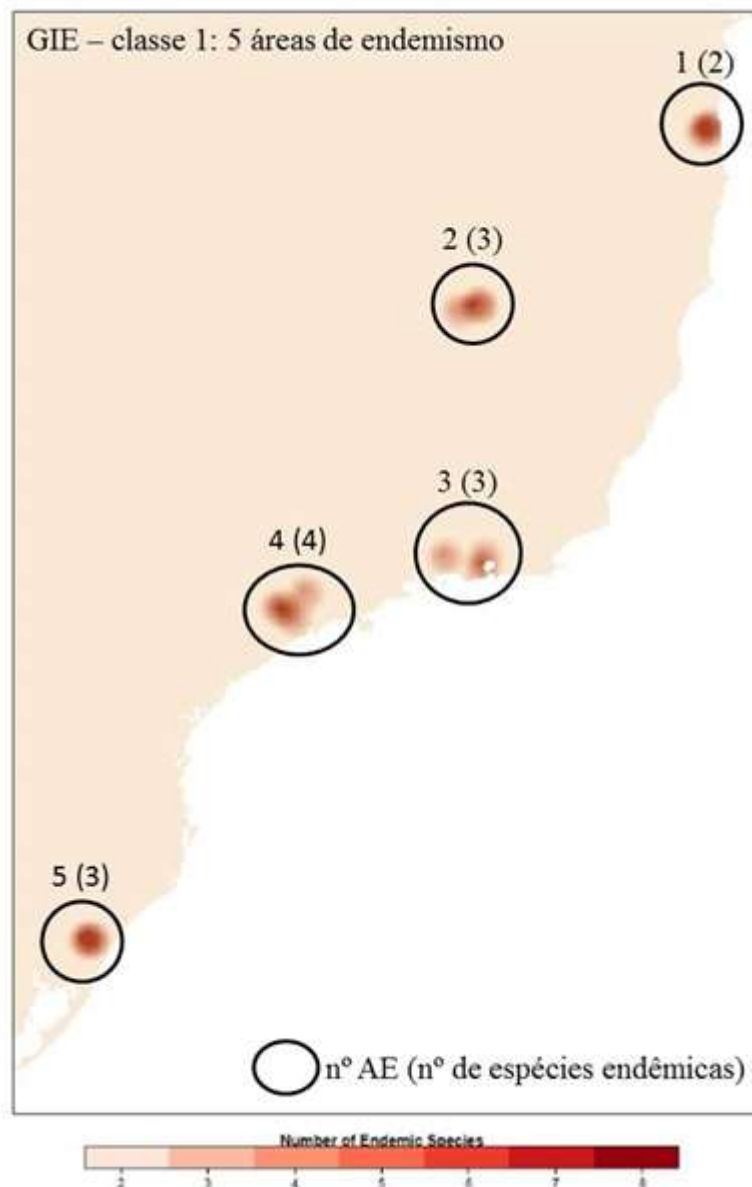


Figura 57. Mapa Classe 1 GIE. 5 áreas delimitadas: 1– BA/ 2– SEsp(MG)/ 3– Org(RJ)/ 4 – SP/ 5 – PoA. Cada círculo representa uma área delimitada; número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas por área.

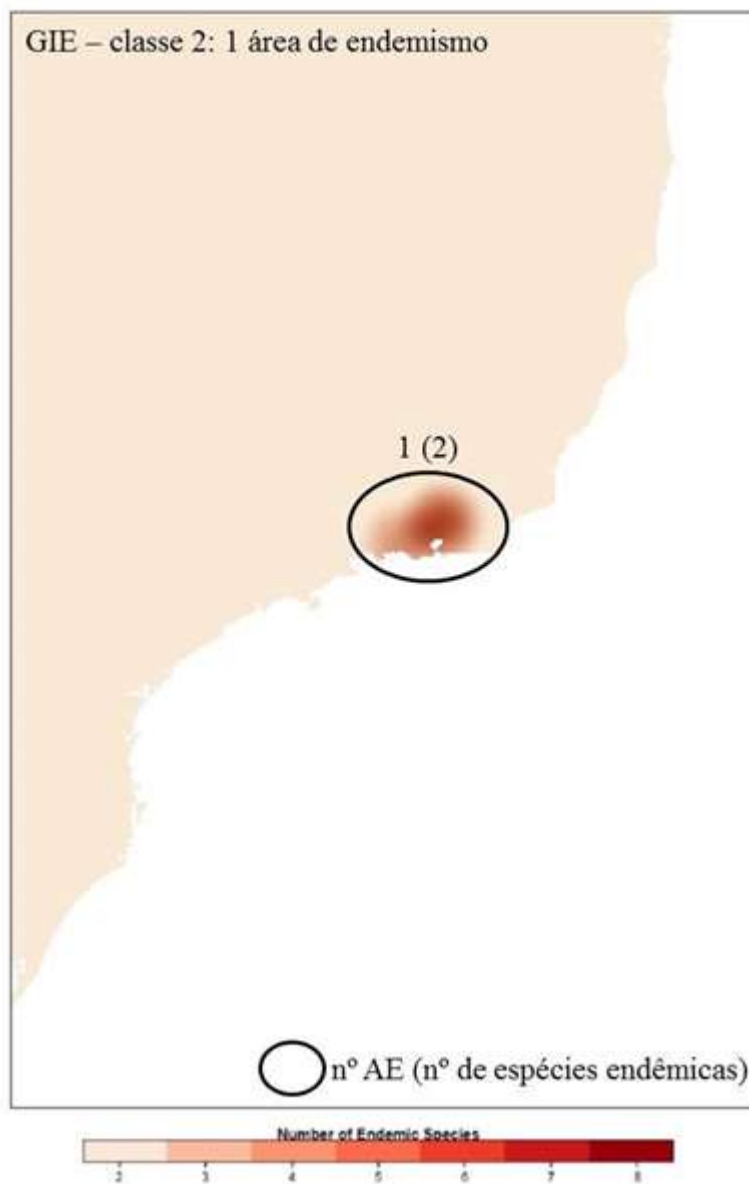


Figura 58. Mapa Classe 2 GIE. 1 área delimitada: 1– Org(RJ). O círculo representa uma área delimitada; número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas por área.

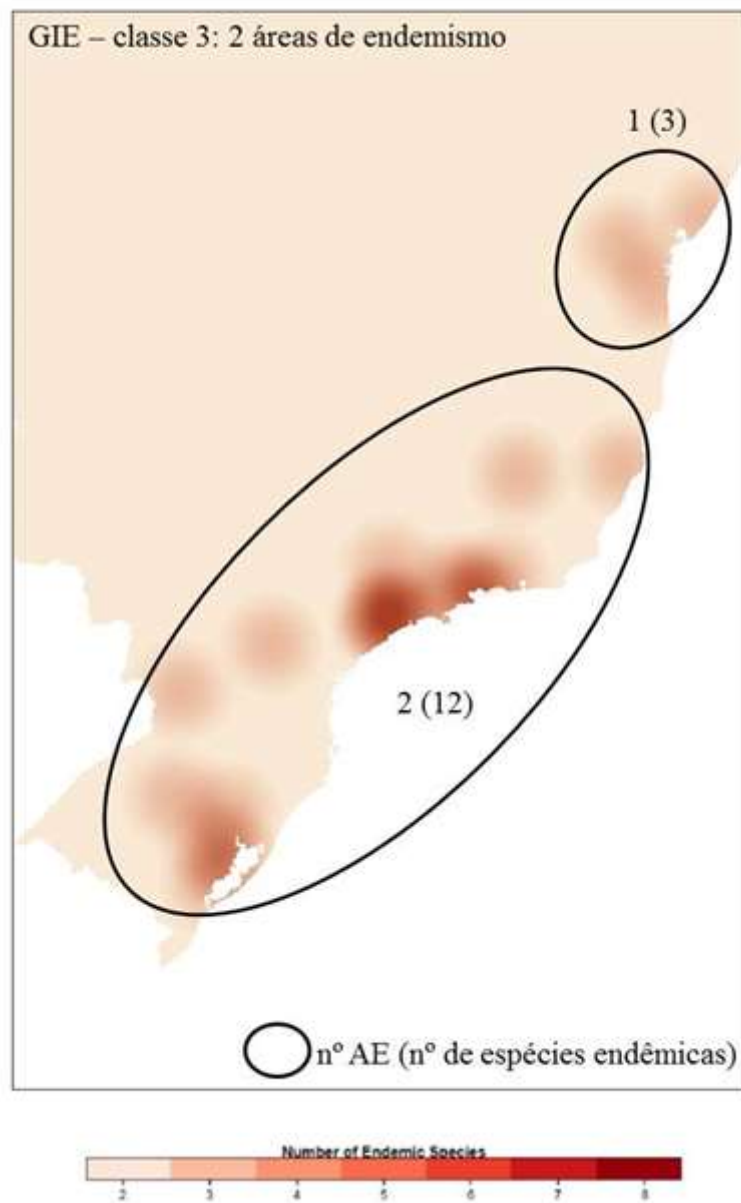


Figura 59. Mapa Classe 3 GIE. 2 áreas delimitadas: 1– BA/ 2 – juntou ES/ MG/ Org(RJ)/ SP/ PoA. Círculos representam uma área delimitada; número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas por área.

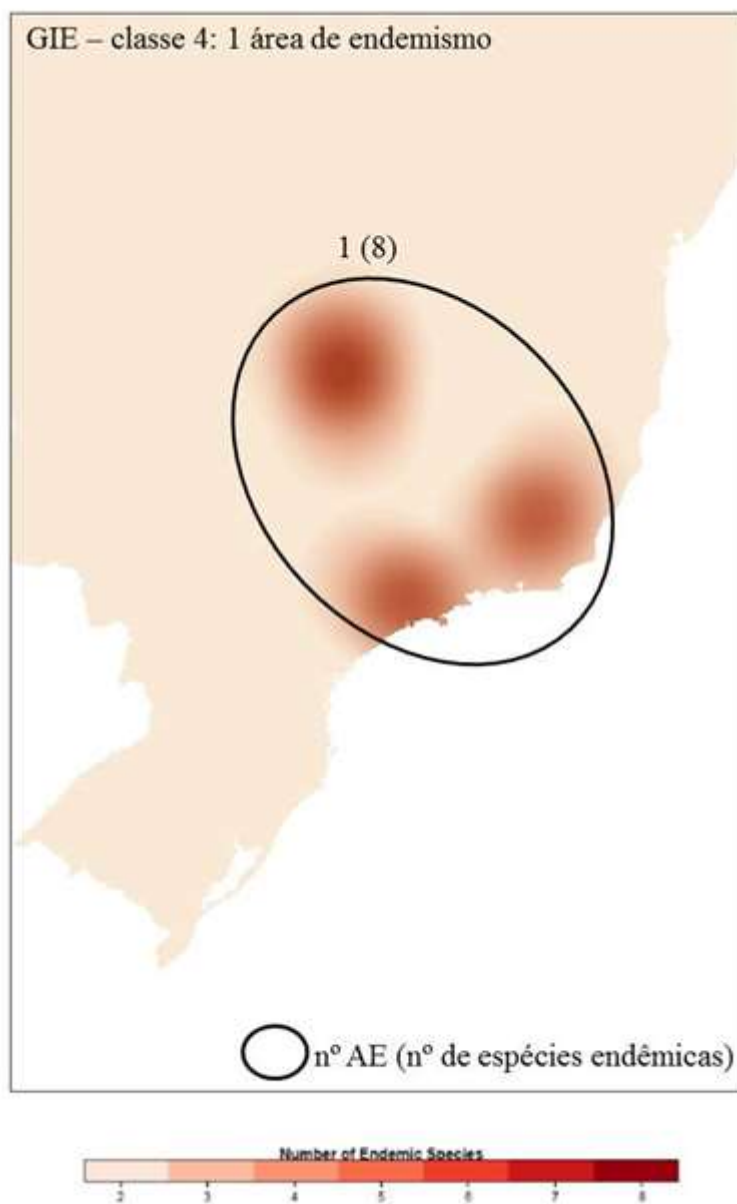


Figura 60. Mapa Classe 4 GIE. 1 área delimitada: 1– juntou DF/ MG/ ES/ Org(RJ)/ SP. Círculo representa uma área delimitada; número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas por área.

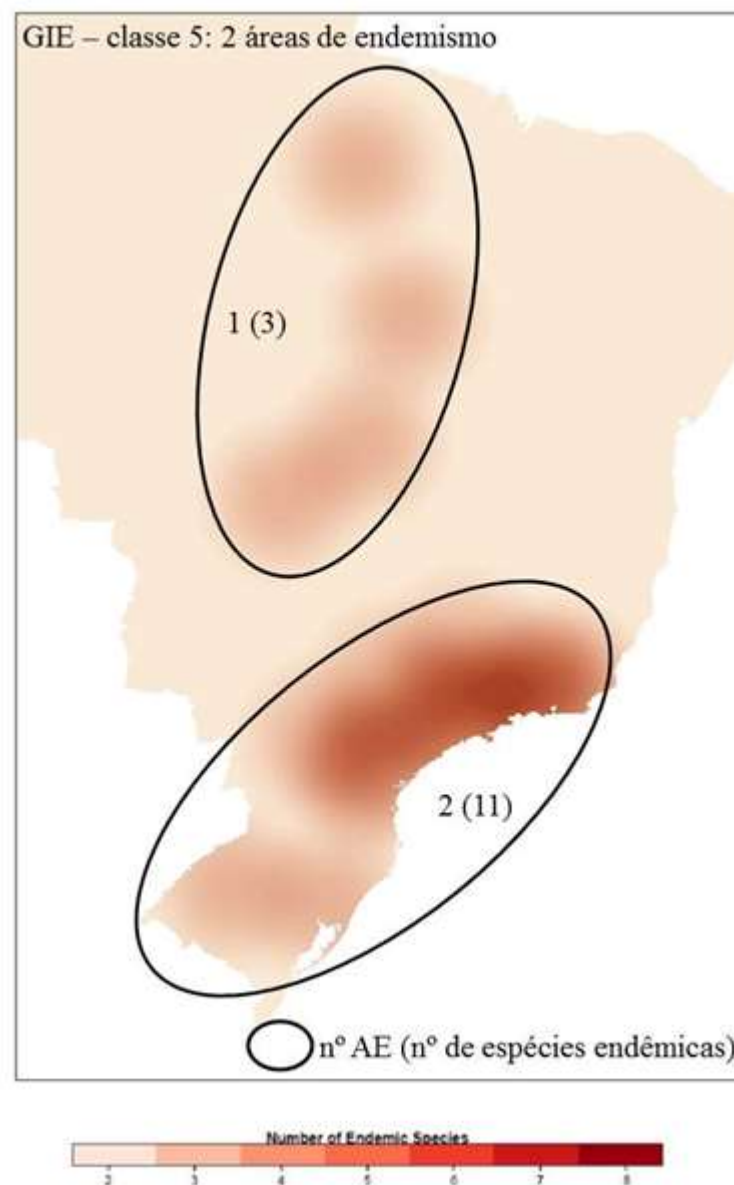


Figura 61. Mapa Classe 5 GIE. 2 áreas delimitadas: 1– juntou DF– PI/ 2 – juntou ES/ MG/ Org(RJ)/ SP/ SC/ RSint/ PoA. Círculos representam uma área delimitada; número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas por área.



Figura 62. Mapa Classe 6 GIE. 1 área delimitada 1– juntou as áreas delimitadas nas classes anteriores numa área só. Número fora do parêntese representa o número da área de endemismo; número dentro do parêntese representa quantas espécies endêmicas na área.

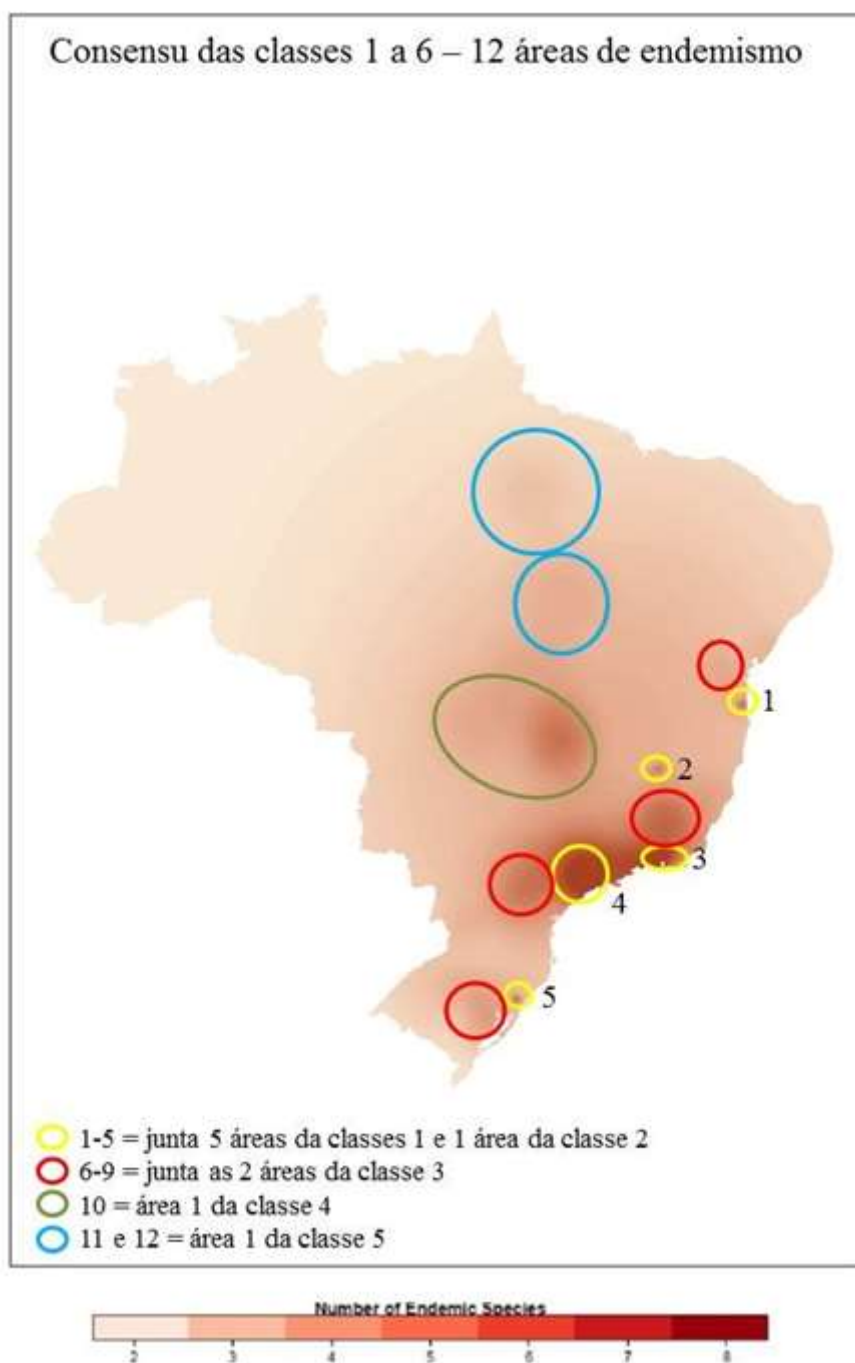


Figura 63. Mapa do consenso das classes 1–5 GIE. 12 áreas delimitadas: 1–2–3–4–5 (círculos amarelos): representam as áreas anteriormente delimitadas nas classes 1 e 2 (BA/SEsp(MG)/Org(RJ)/SP/PoA); 6–7–8–9 (círculos vermelhos): representam as áreas anteriormente delimitadas nas classe 3 (BA/ MG/ SP/ RSint/ PoA); 10 (círculo verde): representa a área anteriormente delimitada na classe 4 (grande área DF); 11–12 (círculos azuis): representam a área 1 delimitada na classe 5 (grande área PI).

4.2. Delimitações dos Centros de Congruência (CCs)/ Máxima Região Endêmica (MREs) das AoEs finais/ Tabela de nível de endemidade das espécies (3º e 4º passos do protocolo)

Um mapa por AoE delimitada foi elaborado para melhor visualização dos centros de congruências e das máximas regiões endêmicas (Figuras 64–75). Um mapa com os limites dos 12 centros de congruência foi montado para visualização das áreas de endemismo (Figura. 76). Uma tabela foi feita com o nível de endemidade de cada espécie, ou seja, se delimitou um centro de congruência, se delimitou máxima região endêmica ou se foi considerada amplilocada (presente em mais de um centro de congruência).

AoE PERNAMBUCO (PE) (Figura 64): localizada na Província geológica Borborema, o CC–PE abrange uma faixa no litoral nordestino que vai desde o Rio Grande do Norte até o norte de Alagoas. Na região norte deste centro de congruência predomina caatinga e mais ao sul, no principal ponto de congruência, predomina área de Mata Atlântica, com ambiente mais úmido. No principal ponto de congruência, ao sul do CC–PE, está localizada a Estação Ecológica de Murici, no município de Murici, onde ocorrem as 5 espécies que delimitam a área. A MRE–PE é uma faixa que se estende de Fortaleza no Ceará, passando pelas regiões centrais dos estados da Paraíba, Pernambuco, Sergipe, Alagoas, até o norte da Bahia na região de Salvador. **Espécies AoE PE:** *Actinopus ipioca*, *Dolichothele* sp.n.3, *Iridopelma hirsutum*, *Kochiana brunnipes*, *Pachistopelma rufonigrum*.

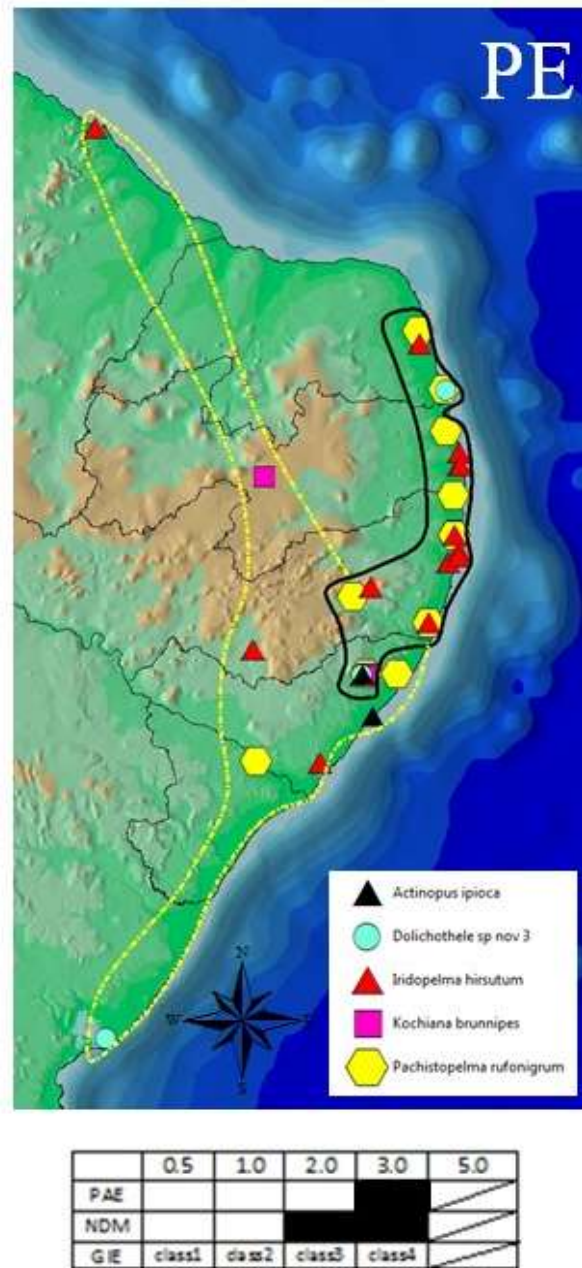
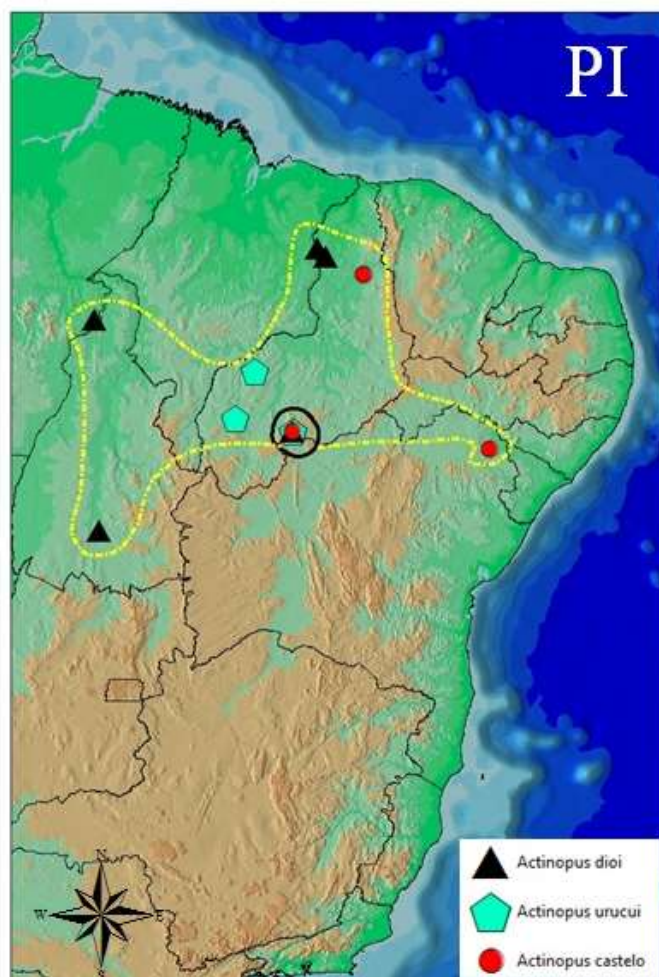


Figura 64. Mapa AoE **PE**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC-PE). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE-PE).

AoE Piauí (PI) (Figura 65): localizada na Província geológica São Francisco, o CC-PI é localizado na região sul do estado, na região do Parque Nacional da Serra das Confusões, onde o ponto principal de congruência das três espécies que delimitam a área fica na região do município de Caracol. Esta AoE encontra-se numa área de

transição de caatinga e cerrado, com maior influência de vegetação da caatinga, e clima semi-árido. A MRE-PI abrange áreas do TO até o norte do PI estendendo-se até Paulo Afonso, região norte da Bahia. **Espécies AoE PI:** *Actinopus dioi*, *Actinopus urucui*, *Actinopus castelo*.



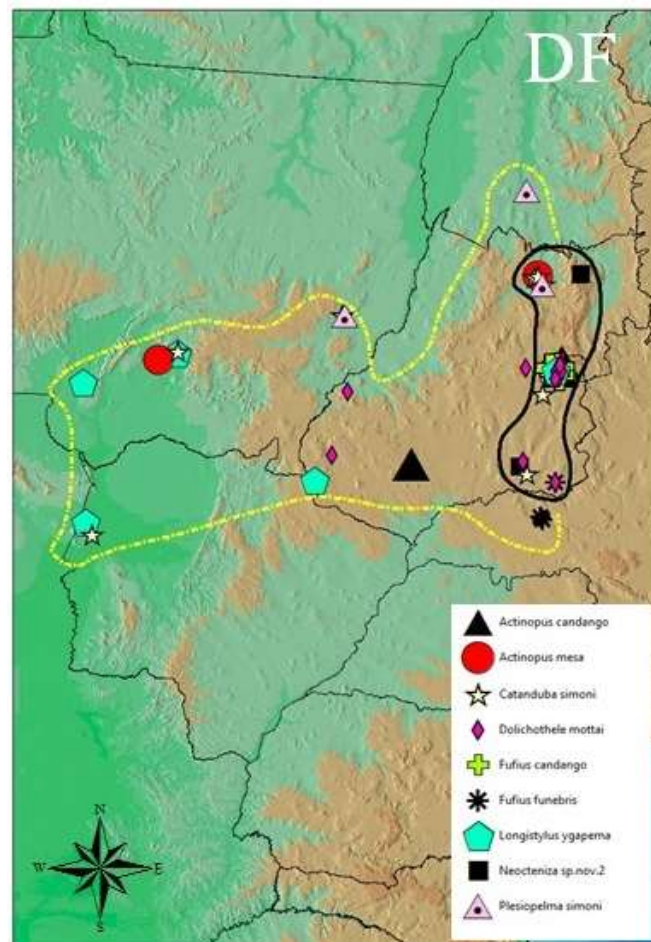
	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE	■				▧
NDM				■	▧
GIE	class1	class2	class3	class4	▧

Figura 65. Mapa AoE **PI**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC-PI). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE-PI).

AoE Distrito Federal (DF) (Figura 66): localizada na Província geológica Tocantins, o CC-DF estende-se por uma faixa do nordeste ao sudeste de Goiás, com três

principais pontos de congruência entre as espécies: um a nordeste alcançando as regiões da Serra da Mesa e Alto Paraíso de Goiás; um mais central englobando região em Brasília, maior área de congruência entre as espécies; e um a sudeste de Goiás, da região do Parque Estadual das Caldas Novas até Catalão. Esta área está inteira em região de cerrado, com clima predominante tropical de altitude, com verões úmidos e invernos mais secos. A MRE–DF vai do sul do TO, passando por quase todo o estado de Goiás, até uma faixa entre a divisa de Mato Grosso e do Mato Grosso do Sul.

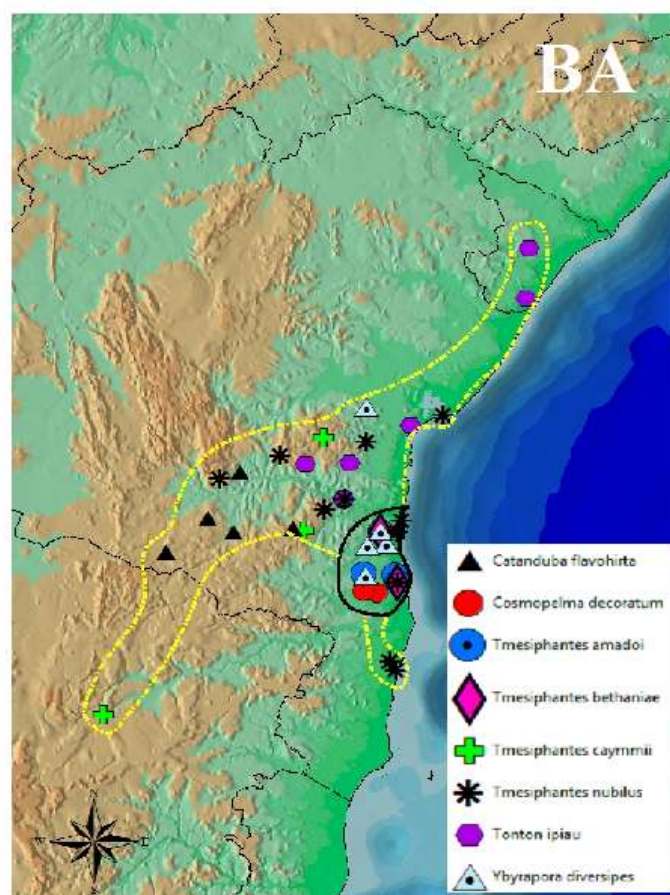
Espécies AoE DF: *Actinopus candango*, *Actinopus mesa*, *Catanduba simoni*, *Dolichothele mottai*, *Fufius candango*, *Fufius funebris*, *Longistylus ygapema*, *Neocteniza sp.n.2*, *Plesiopelma simoni*.



	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE					
NDM					
GIE	class1	class2	class3		

Figura 66. Mapa AoE **DF**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–DF). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–DF).

AoE Bahia (BA) (Figura 67): localizada na planície litorânea ao sul da Bahia, o CC–BA possui dois agrupamentos na faixa litorânea, nas regiões de Uruçá e Reserva Biológica do Una. O CC–BA está localizado em região de Mata Atlântica, com clima predominantemente litorâneo úmido. A MRE–BA estende-se de uma área mais central do estado da Bahia, com clima mais semi-árido, seguindo por uma faixa até o sul de Sergipe. **Espécies AoE BA:** *Catanduba flavohirta*, *Cosmopelma decoratum*, *Tmesiphantes amadoi*, *Tmesiphantes bethaniae*, *Tmesiphantes caymmii*, *Tmesiphantes nubilus*, *Tmesiphantes ipiaiu*, *Ybyrapora diversipes*.



	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE					
NDM					
GIE		class2		class1	

Figura 67. Mapa AoE **BA**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–BA). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–BA).

AoE Minas Gerais (MG) (Figura 68): localizada na Província geológica São Francisco, o CC–MG localiza-se ao centro-sul do estado de Minas Gerais, abrangendo regiões como Caeté, Nova Lima, Rio Acima, Itabirito, Ouro Preto e Santa Bárbara, formando um círculo em torno do Parque Nacional da Serra do Gandarela. O CC–MG está em área de Mata Atlântica, próxima a áreas de influência de transição para o cerrado, com clima predominantemente tropical de altitude (verões úmidos e invernos mais secos). A MRE–MG vai de Igarapé até Conceição Mato Dentro, seguindo até uma região próxima a Caratinga. **Espécies AoE MG:** *Actinopus bocaina*, *Tonton emboaba*, *Tonton itabirito* (troglóbia), *Tonton matodentro* (troglóbia), *Tonton queca* (troglóbia), *Tonton sapalo*, *Vitalius nondescriptus*. As espécies troglóbias foram coletadas em cavernas.

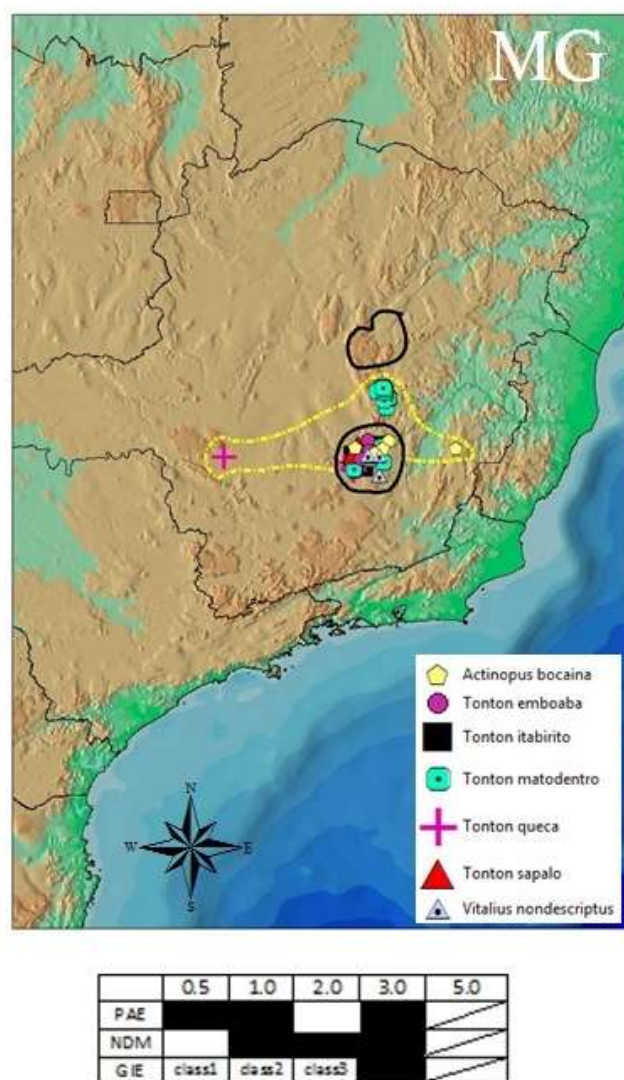


Figura 68. Mapa AoE **MG**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–MG). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–MG). O CC–SEsp(MG) foi colocado no mesmo mapa para visualizar que não há sobreposição com o centro de congruência de MG.

AoE SEsp(MG) (Figura. 69): Acima da AoE de MG, também localizada na Província geológica São Francisco, e sem sobreposição dos centros de congruência, o CC–SEsp(MG) localiza-se na Serra do Espinhaço, na região do município de Diamantina, próximo a região do Parque Estadual do Rio Preto. É uma região de transição entre Cerrado e Mata Atlântica, fitofisionomia denominada Campo Rupestre, com clima predominante seco e quente. A área de MRE-SEsp(MG) estende-se até a

região de Leme do Prado, em Acauã. **Espécies AoE SEsp(MG):** *Dolichothele diamantinensis*, *Tmesiphantes perp*, *Tmesiphantes riopretano*, *Trechona diamantina*.

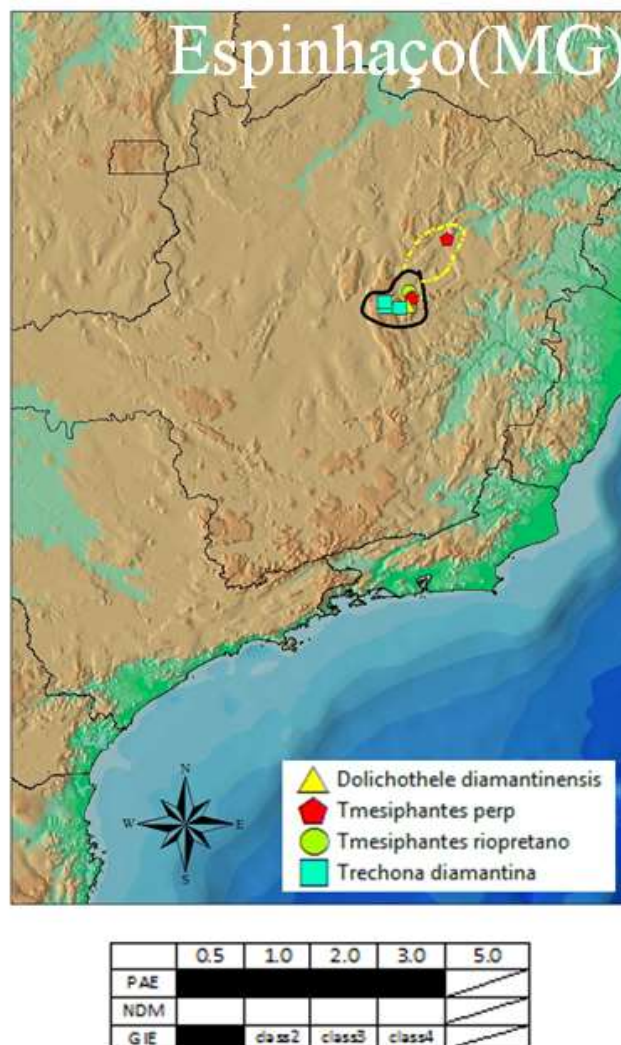


Figura 69. Mapa AoE **SEsp(MG)**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–EspMG). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–EspMG).

AoE Espírito Santo (ES) (Figura. 70): localizada na Província geológica Mantiqueira, o CC–ES está entre a Reserva Biológica de Sooretama, ao norte, e a região de Santa Tereza, ao sul, em região de Mata Atlântica, com clima predominante quente e úmido (litorâneo). A MRE–ES estende–se ao norte do estado, até a região da

Reserva Biológica Córrego do Veado, em Pinheiros. **Espécies AoE ES:** *Plesiopelma* sp. n. 3 e *Typhochlaena amma*.

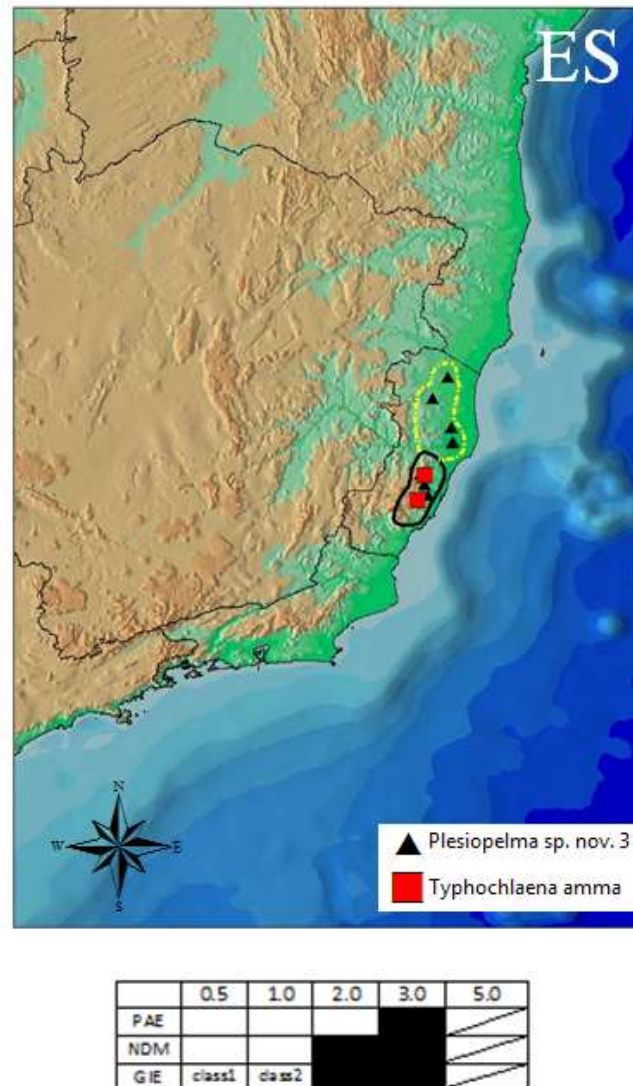


Figura 70. Mapa AoE ES. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC-ES). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE-ES).

AoE Órgãos(RJ) (Org(RJ) (Figura. 71): localizada na Província geológica Mantiqueira, o CC–Org(RJ) localiza–se entre a Serra dos Órgãos e a Floresta da Tijuca, englobando a Baía de Guanabara. Esta área está em região de Mata Atlântica, com clima superúmido, mais seco no inverno. A MRE–OrgRJ, à oeste do centro de congruência, estende–se do Parque Nacional da Serra da Bocaina na região de Rio Claro até a restinga de Marambaia, e à leste do centro de congruência, a MRE–Org(RJ) estende–se da Serra dos Órgãos até a região sul do Parque Estadual do Desengano.

Espécies AoE Org(RJ): *Actinopus anselmoi*, *Actinopus princeps*, *Catumiri petropolium*, *Idiops germani*, *Neodiplothele fluminensis*, *Pycnothele perdita*, *Rachias díspar*, *Rachias* sp. n. 1.

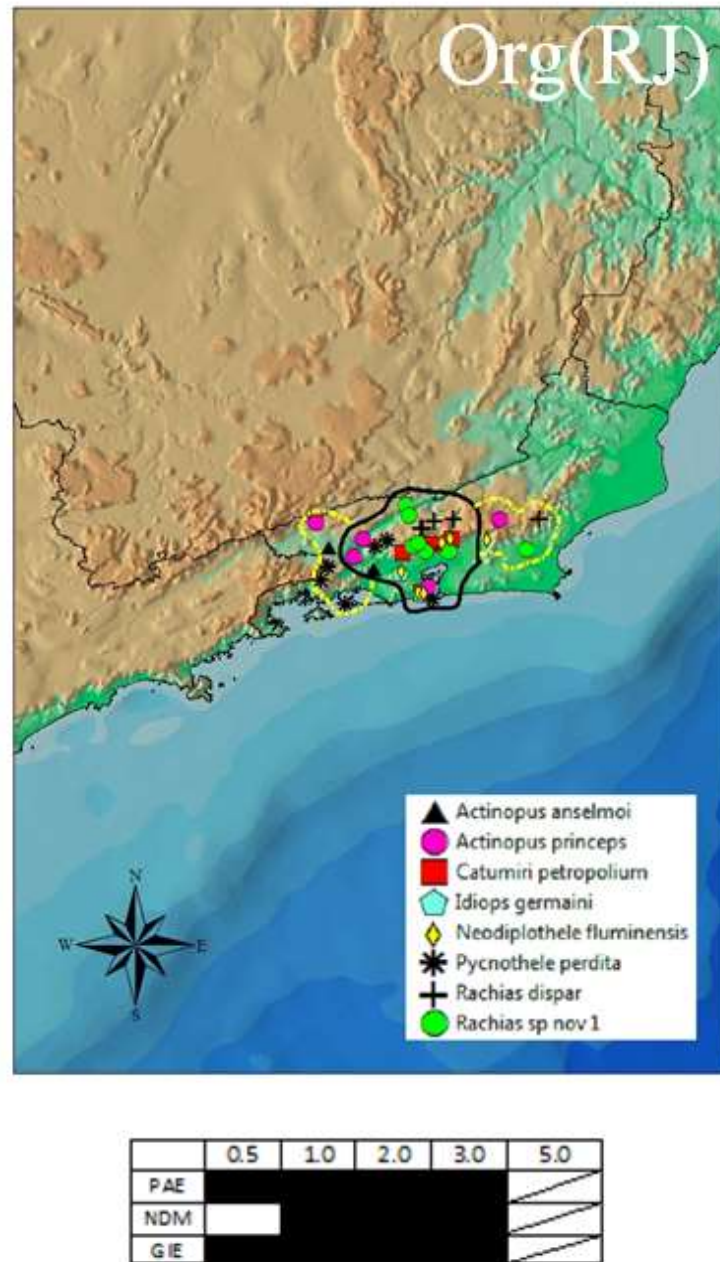


Figura 71. Mapa AoE **Org(RJ)**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–OrRJ). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–OrRJ).

AoE São Paulo (SMSP) (Figura. 72): devido a grande quantidade de coletas nessa região, a AoE SMSP tem maior número de espécies das AoEs aqui delimitadas, está localizada no Planalto Atlântico, na porção entre a Serra da Mantiqueira e Serra do Mar no Planalto Paulistano. O CC–SMSP abrange desde áreas do Parque Estadual da Serra do Mar, regiões de floresta da capital do estado como Parque Estadual da Serra da Cantareira e Parque Estadual do Pico do Jaraguá, e regiões do interior como Itapeverica da Serra, Cotia (Reserva Florestal do Morro Grande), e Mairinque. Esse centro de congruência situa-se em região de Mata Atlântica, com clima tropical de altitude, úmido no verão e seco no inverno. A MRE da AoE SMSP engloba regiões de floresta da capital como Serra da Cantareira, Parque Estadual do Jaraguá, Cidade Universitária da Universidade de São Paulo – USP e Instituto Butantan. No interior, com áreas de transição de Mata Atlântica e Cerrado, engloba desde o nordeste do estado, na região de Franca na divisa com sul de Minas Gerais, todo centro–leste, até a região de Buri, estendendo até as regiões entre Pedro Gomes e Miranda no Mato Grosso do Sul, e mais ao sul, abrangendo também quase todo estado do Paraná. Outra área da MRE abarca desde Paranapiacaba, alcançando uma faixa litorânea, da região de Ubatuba, Ilha Bela em São Sebastião, região leste do Parque Estadual Restinga de Bertiooga, estendendo-se até o Parque Estadual Tirístico do Alto do Ribeira, na região de Iporanga. **Espécies AoE SPint:** *Actinopus fractus*, *Actinopus mairiquensis*, *Fufius lucasae*, *Homoeomma elegans*, *Nhandu carapoensis*, *Plesiopelma* sp.n.1, *Plesiopelma* sp.n.5, *Plesiopelma insulare*, *Trechona cotia*, *Trechona rufa*, *Neostothis gigas*, *Pycnothele rubra*, *Pycnothele singulares*, *Rachias brachythelus*, *Rachias fulvimanus*, *Rachias intermedius*, *Rachias piracicabensis*, *Rachias* sp.n.4, *Rachias* sp.n.5, *Rachias* sp.n.6, *Vitalius lucasae*, *Vitalius paranaensis*, *Vitalius buecheri*.

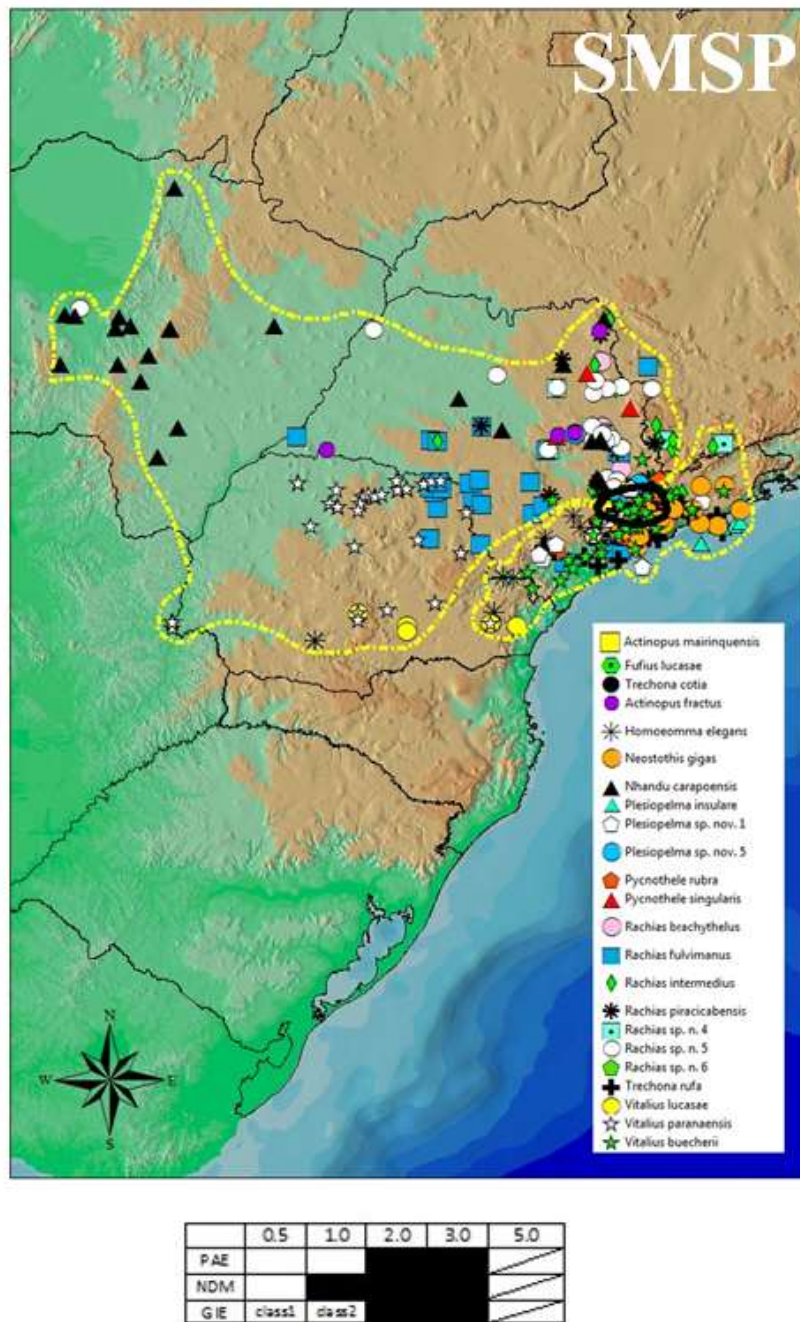
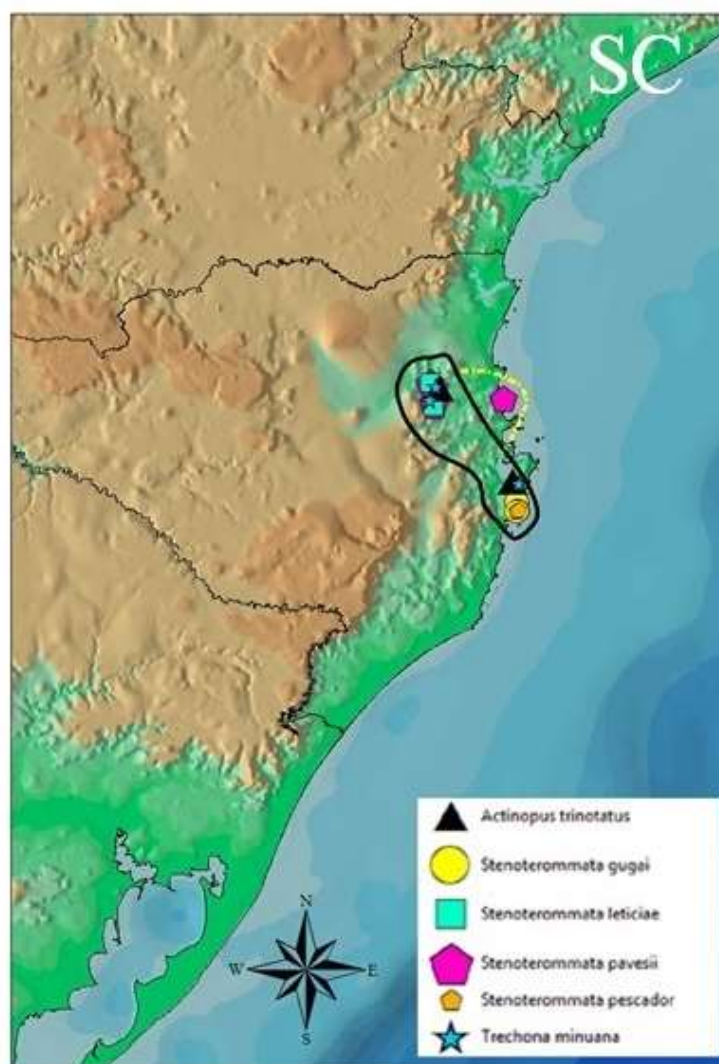


Figura 72. Mapa AoE **SPint**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC-SPint). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE-SPint).

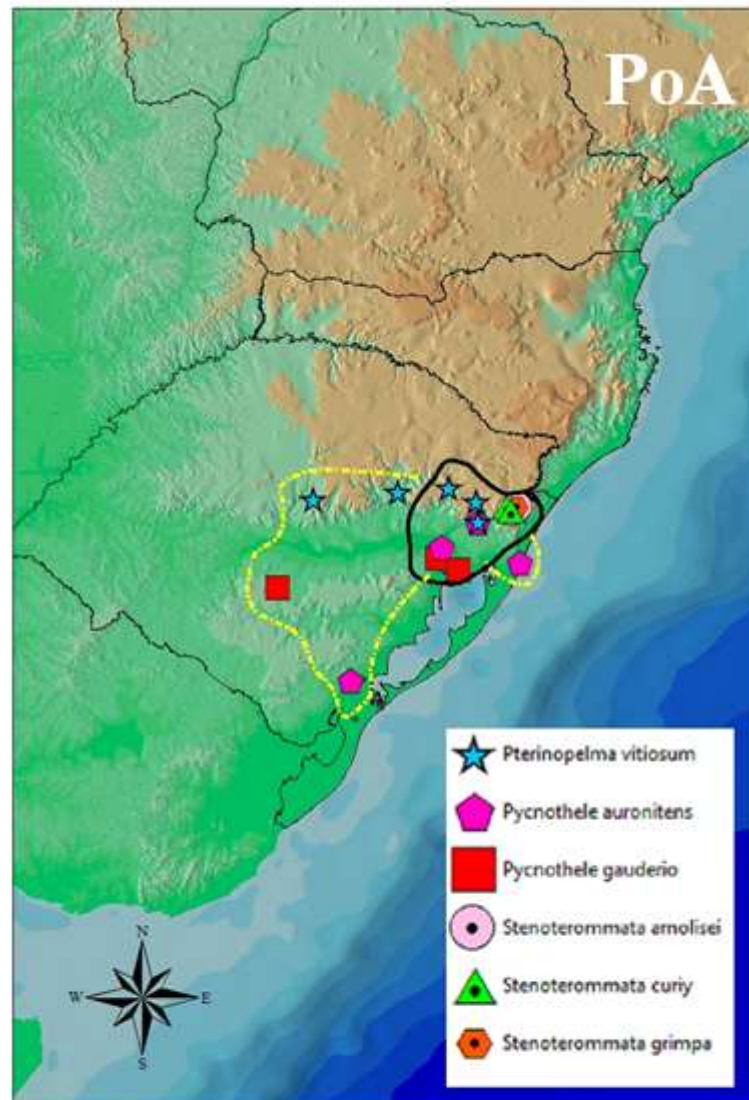
AoE Santa Catarina (SC) (Figura. 73): localizada na Província geológica Mantiqueira, o CC-SC é uma faixa que compreende dois agrupamentos de congruência de espécies, um mais ao norte na região de Blumenau, na região do Parque Nacional da Serra do Itajaí, e o outro mais ao sul em de Florianópolis, na região do Parque Municipal da Lagoinha Leste. Essa área localiza-se em zona de Mata Atlântica, com clima mesotérmico úmido. A MRE-SC estende-se até a região do Balneário Camburiú no litoral do estado. **Espécies AoE SC:** *Actinopus trinotatus*, *Stenoterommata gugai*, *Stenoterommata leticiae*, *Stenoterommata pavesii*, *Stenoterommata pescador*, *Trechona minuana*.



	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE					
NDM					
GIE	class1	class2	class3	class4	

Figura 73. Mapa AoE SC. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–SC). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–SC).

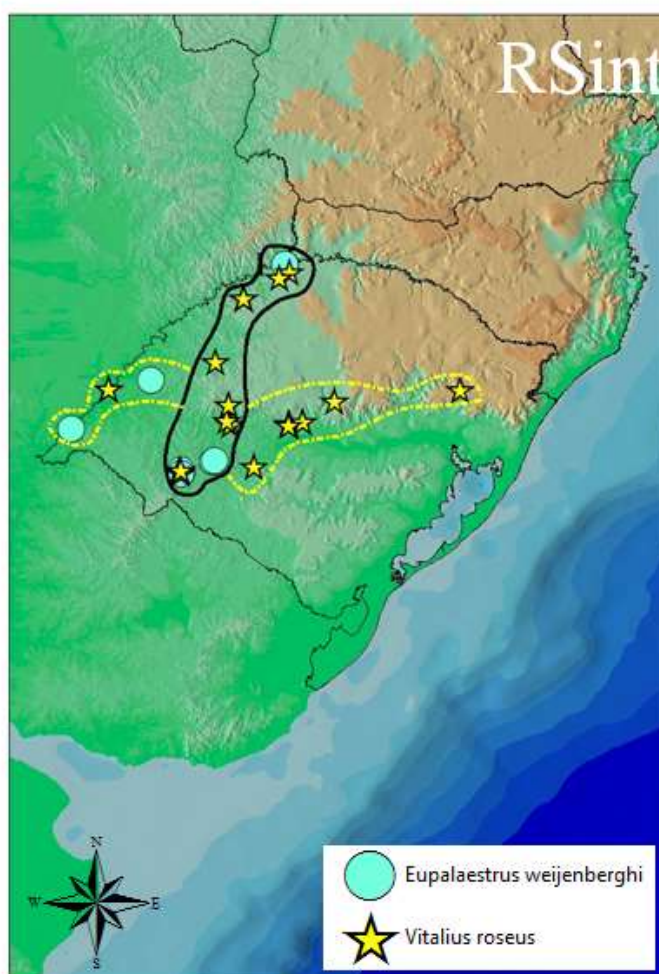
AoE Rio Grande do Sul litoral (PoA) (Figura. 74): localizada na divisa das Províncias geológica Mantiqueira e Paraná, o CC–PoA localiza-se na região ao norte da Lagoa dos Patos, abrangendo uma área de Caxias do Sul, mais ao norte do estado, passando por Cambará do Sul, Taquaral até Porto Alegre. Englobam partes de Áreas de Proteção Ambiental como FEPAM – Fundação Estadual de Proteção Ambiental e Área de Proteção Ambiental do Caraá – Nascente do Rio dos Sinos. Encontra-se em zona de transição de Mata Atlântica e Pampa, sendo a parte alta formada por Campos com florestas de altitude (Campos Sulinos), com maior predominância de Mata Atlântica. O clima predominante é o mesotérmico úmido. A MRE–PoA contorna o centro de congruência, desde o sul da Lagoa dos Patos, na região de Pelotas, passando por Caçapava até o norte do estado, na região de Tapejara. Estendendo-se até a região da Ilha Moleques do Sul, na ponta sul de Florianópolis em Santa Catarina, área pertencente ao Parque Estadual da Serra do Tabuleiro. **Espécies AoE PoA:** *Pterinopelma vitiosum*, *Pycnothele auronitens*, *Pycnothele gauderio*, *Stenoterommata arnolisei*, *Stenoterommata curiy*, *Stenoterommata grimpa*.



	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE					
NDM					
GIE		class2			class4

Figura 74. Mapa AoE **PoA** . Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–PoA). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–PoA).

AoE Rio Grande do Sul interior (int) (Figura. 75): localizada na Província geológica Paraná, o CC–RSint encontra-se numa faixa extensa do lado oeste do estado, na região de Esperança do Sul até a região da Área de Proteção Ambiental de Ibirapuitã. Esta área encontra-se em área de transição de Mata Atlântica e Pampa, e clima temperado com estações bem definidas. A MRE à oeste do centro de congruência estende-se até a região de Uruguaiana, e à leste estende-se até a região de Caxias do Sul. **Espécies AoE RSint:** *Eupalaestrus weijenberghi* e *Vitalius roseus*.



	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0
PAE	■	□	■	■	▤
NDM	□	□	■	■	▤
GIE	class1	class2	class3	class4	▤

Figura 75. Mapa AoE **RSint**. Em preto a delimitação do centro de congruência (CC–RSint). Em amarelo pontilhado a delimitação da máxima região endêmica (MRE–RSint).

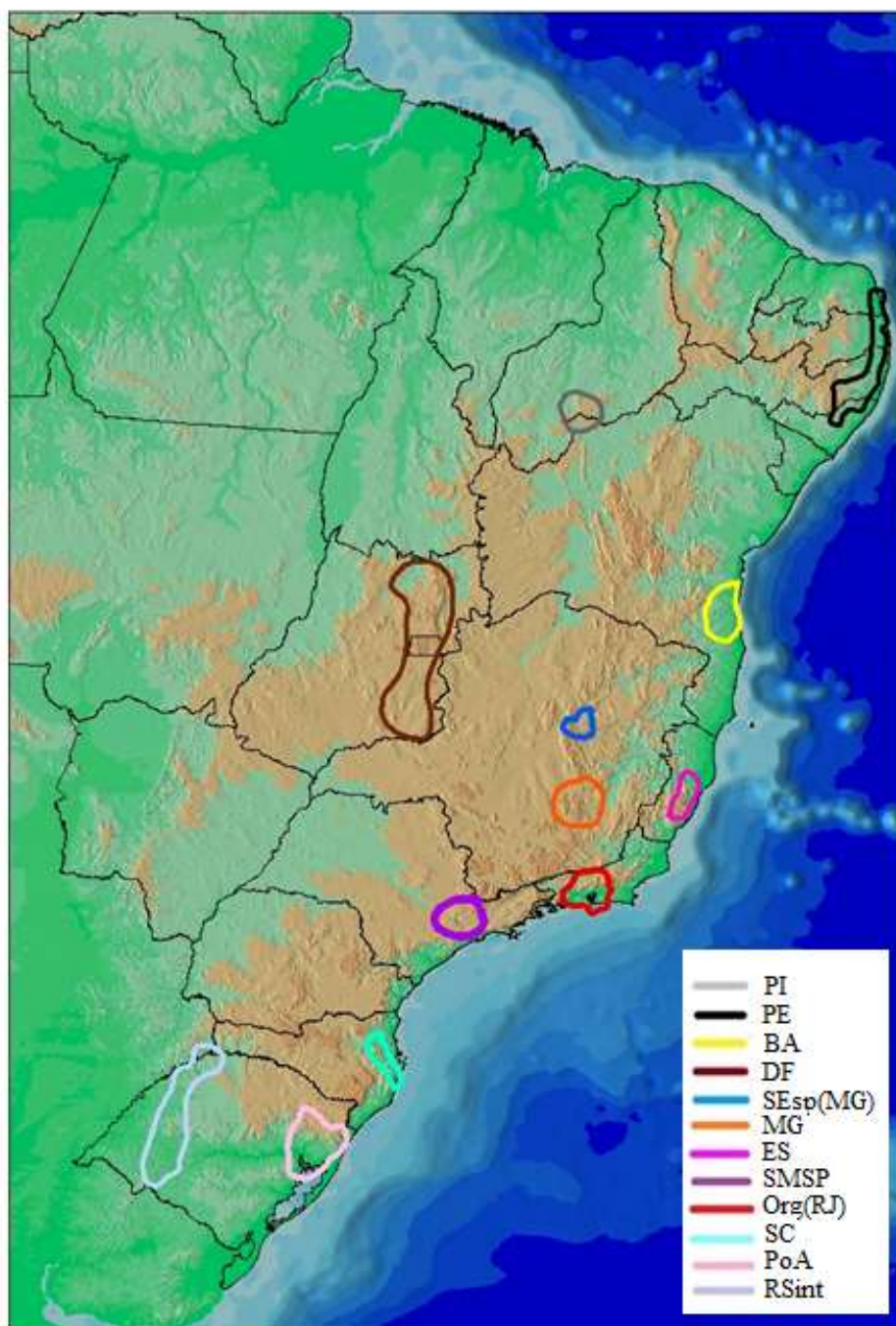


Figura 76. Mapa dos centros de congruência (CCs) das **12** áreas de endemismo (AoEs) delimitadas por espécies de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, obtidas através da combinação e interpretação dos resultados da aplicação do Protocolo de Delimitação de Áreas de Endemismo (DaSilva et al., 2015).

Tabela 4. Tabela de classificação das 151 espécies por nível de endemidade (CCs/MREs) e a qual área pertence; número de ocorrência por espécie; metodologia de origem de cada espécie. (–) amplilocadas sem origem de metodologia. (*) espécies que foram listadas nas metodologias mas se localizaram fora dos centros de congruência (CC), não podendo delimitar área de endemismo.

FAMÍLIA	ESPÉCIE	AoEs	nº ptos	MÉTODOS	
<u>ACTINOPODIDAE</u> 1 gen 25 spp	<i>Actinopus tarsalis</i>	ampliloca da – PI/ SMSP	PI/ SP	6	–
	<i>Actinopus castelo</i>	MRE–PI	PI	4	NDM 3°
	<i>Actinopus mairiquensis</i>	CC– SMSP	SP	2	NDM 0.5° 1° 2° 3°
	<i>Actinopus fractus</i>	MRE– SMSP	SP	4	NDM 2° 3°
	<i>Actinopus hirsutus</i>	* fora do CC– RSint	RSint	2	NDM 2° 3°
	<i>Actinopus pampulha</i>	ampliloca da – MG/ SMSP	MG/ SP	28	–
	<i>Actinopus candango</i>	MRE–DF	DF	4	PAE 0.5° 1° 3°/ NDM 2° 3°
	<i>Actinopus paraitinga</i>	ampliloca da – SMSP/ MG/ Org(RJ)	SP/ MG/ Org(RJ)	6	–
	<i>Actinopus rufipes</i>	ampliloca da – SMSP/ MG/ BA	SP/ MG/ BA	8	–
	<i>Actinopus itapitocai</i>	ampliloca da – ES/ SMSP/ PoA	ES/ SP/ PoA	12	–
	<i>Actinopus mesa</i>	MRE–DF	DF	2	NDM 3°

<i>Actinopus dubiomaculatus</i>	ampliloca da – DF/ SMSP/ RSint	DF/ SP/ RSint	34	–
<i>Actinopus pusillus</i>	ampliloca da – SMSP/ MG	SP/ MG	3	–
<i>Actinopus bocaina</i>	MRE– MG	MG	6	PAE 3°/ NDM 1° 2° 3°
<i>Actinopus dioi</i>	MRE–PI	PI	5	PAE 0.5°/ NDM 3°
<i>Actinopus tutu</i>	ampliloca da – MG/ ES/ DF/ SMSP	MG/ ES/ DF/ SP	16	–
<i>Actinopus azaghal</i>	ampliloca da – SMSP/ PoA	SP/ PoA	4	–
<i>Actinopus itacolomi</i>	ampliloca da – MG/ SEsp/ BA	MG/ Espinhaço/ BA	5	–
<i>Actinopus parafundulus</i>	* fora do CC–DF	DF	2	NDM 3°
<i>Actinopus urucui</i>	MRE–PI	PI	5	PAE 0.5°/ NDM 3°
<i>Actinopus reznori</i>	ampliloca da – SMSP/ BA	SP/ BA	4	–
<i>Actinopus anselmoi</i>	MRE– Org(RJ)	Org(RJ)	2	PAE 1° 2° 3°/ NDM 1°/ GIE cl1
<i>Actinopus princeps</i>	MRE– Org(RJ)	Org(RJ)	6	NDM 1° 2° 3° / GIE cl3
<i>Actinopus trinotatus</i>	CC–SC	SC	2	PAE 0.5° 2°/ NDM 0.5° 1° 2° 3°
<i>Actinopus crassipes</i>	ampliloca da – SMSP/ RSint/ PoA	SP/ RSint/ PoA	13	–
<i>Actinopus ipioca</i>	MRE–PE	PE	2	PAE 3°

<u>BARYCHELIDAE</u> 2 gen 5 spp	<i>Cosmopelma decoratum</i>	CC–BA	BA	2	PAE 0.5° 1° 2°/NDM 0.5° 1° 3°
	<i>Neodiplothele aureus</i>	amplilocada – MG/BA	MG/ BA	7	–
	<i>Neodiplothele fluminensis</i>	MRE–Org(RJ)	Org(RJ)	5	NDM 3°
	<i>Neodiplothele irregularis</i>	amplilocada – PI/PE/BA	PI/ PE/ BA	30	–
	<i>Neodiplothele martinsii</i>	amplilocada – MG/ES/BA	MG/ ES/ BA	9	–
<u>CYRTHAUCHENIDAE</u> 1 gen 4 spp	<i>Fufius funebris</i>	MRE–DF	DF	4	NDM 2°3°/GIE c14
	<i>Fufius lucasae</i>	CC–SMSP	SP	4	PAE 2°
	<i>Fufius candango</i>	CC–DF	DF	4	PAE 0.5° 1° 3°
	<i>Fufius minusculus</i>	* fora do CC–PI	PI	3	NDM 3°
<u>DIPLURIDAE</u> 1 gen 5 spp	<i>Trechona diamantina</i>	CC–SEsp(MG)	SEsp(MG)	5	PAE 0.5° 1° 2° 3°/ GIE c11
	<i>Trechona rufa</i>	MRE–SMSP	SP	43	NDM 2° 3°
	<i>Trechona venosa</i>	amplilocada – ES/Org(RJ)	ES/ Org(RJ)	18	–
	<i>Trechona uniformis</i>	amplilocada – SMSP/MG	SP/ MG	6	–
	<i>Trechona minuana</i>	CC–SC	SC	3	PAE 0.5° 2° 3°/ NDM 0.5° 1° 2° 3°
	<i>Trechona cotia</i>	CC–SMSP	SP	2	NDM 0.5° 1° 2° 3°
<u>IDIOPIDAE</u> 2 gen 6 spp	<i>Idiops fuscus</i>	amplilocada – PE/PI/BA	PE/ PI/ BA	7	–
	<i>Idiops camelus</i>	amplilocada – SMSP e lit/ ES/	SP e lit/ ES/ Org(RJ)	28	–

		Org(RJ)			
	<i>Idiops germaini</i>	CC– Org(RJ)	Org(RJ)	3	PAE 0.5° 1° 2° 3°/ GIE c11
	<i>Idiops pirassunungue nsis</i>	ampliloca da – SMSP/ MG/ MREs: PI e BA	SP/ MG/ MREs: PI e BA	15	–
	<i>Idiops rastratus</i>	ampliloca da – Org(RJ)/ BA	Org(RJ)/ BA	2	–
	<i>Neocteniza</i> sp.n.2	CC–DF	DF	2	PAE2°/NDM 2° 3°/GIE c14
<u>MICROSTIGMATI</u> <u>DAE</u> 1 gen 6 spp	<i>Tonton itabirito</i>	CC–MG	MG	10	PAE 1° 3°/ NDM 1° 2°
	<i>Tonton queca</i>	MRE– MG	MG	20	NDM 2° 3°
	<i>Tonton matodentro</i>	MRE– MG	MG	91	PAE 3°/ NDM 1° 2°
	<i>Tonton sapalo</i>	CC–MG	MG	2	PAE 0.5° 1° 3°
	<i>Tonton ipiau</i>	MRE– BA	BA	7	NDM 2° 3°
	<i>Tonton emboaba</i>	CC–MG	MG	23	PAE 0.5° 1° 3°/NDM 1° 2° 3°
<u>NEMESIIDAE</u> 6 gen 28 spp	<i>Longistylus ygapema</i>	MRE–DF	DF	5	NDM 3°
	<i>Neostothis gigas</i>	MRE– SMSP	SP	16	PAE 2° 3°/ NDM 1° 2° 3°
	<i>Prorachias bristowei</i>	ampliloca da – MG/ SMSP	MG/ SP	30	–
	<i>Pycnothele perdita</i>	MRE– Org(RJ)	Org(RJ)	6	PAE 1° 2° 3° / NDM 1°
	<i>Pycnothele gauderio</i>	MRE– PoA	PoA	3	PAE 2°/ NMD 1° 2° 3°/ GIE c13
	<i>Pycnothele rubra</i>	MRE– SMSP	SP	20	PAE 3°/ NDM 1° 2° 3°
	<i>Pycnothele singularis</i>	MRE– SMSP	SP	4	PAE 2°/ NDM 1° 2°
	<i>Pycnothele auronitens</i>	MRE– PoA	PoA	5	NDM 1° 2° 3°/ GIE c13

<i>Rachias brachythelus</i>	MRE–SMSP	SP	9	PAE 2°/NDM 1° 2° 3°/GIE cl3
<i>Rachias</i> sp. n. 6	MRE–SMSP	SP	2	PAE 3°
<i>Rachias conspersus</i>	amplilocala – Org(RJ)/ES	Org(RJ)/ES	15	–
<i>Rachias dispar</i>	MRE–Org(RJ)	Org(RJ)	7	PAE 1° 2° 3°/NDM 1° 2° 3°/GIE cl2
<i>Rachias fulvimanus</i>	MRE–SMSP	SP	33	NDM 2°3°
<i>Rachias piracicabensis</i>	MRE–SMSP	SP	21	NDM 2° 3°/GIE cl4
<i>Rachias</i> sp. n. 5	MRE–SMSP	SP	21	NDM 2° 3°
<i>Rachias intermedius</i>	MRE–SMSP	SP	60	NDM 2° 3°
<i>Rachias</i> sp. n. 4	MRE–SMSP	SP	5	PAE 3°/NDM 1° 2°
<i>Rachias</i> sp. n. 3	amplilocala – SMSP/Org(RJ)	SP/Org(RJ)	3	–
<i>Rachias</i> sp. n. 1	MRE–Org(RJ)	Org(RJ)	7	PAE 1° 2° 3°/NDM 1° 2° 3°/GIEcl2
<i>Steroterommat a palmar</i>	amplilocala – SC/RSint/PoA	SC/RSint/PoA	28	–
<i>Stenoterommat a arnolisei</i>	CC–PoA	PoA	2	PAE 0.5° 1° 2° 3°/GIE cl1
<i>Stenoterommat a grimpa</i>	CC–PoA	PoA	2	PAE 0.5° 1° 2° 3°/GIE cl1
<i>Stenoterommat a curiy</i>	CC–PoA	PoA	2	PAE 0.5° 1° 2° 3°/GIE cl1
<i>Stenoterommat a pavesii</i>	MRE–SC	SC	8	PAE 0.5° 1° 2° 3°/NDM 0.5° 1° 2° 3°
<i>Stenoterommat a gugai</i>	CC–SC	SC	3	PAE 0.5° 1°
<i>Stenoterommat a leticiae</i>	CC–SC	SC	3	PAE 0.5° 1° 3°/NDM 0.5° 1° 2° 3°

	<i>Stenoterommat a pescador</i>	CC–SC	SC	2	PAE 0.5° 1°
THERAPHOSIDAE 21 gen 71 spp	<i>Acanthoscurri a gomesiana</i>	ampliloca da – MG/SMS P	MG/ SP	16 5	–
	<i>Acanthoscurri a paulensis</i>	ampliloca da – MG/ DF/ ES/ SMSP/ PoA	MG/ DF/ ES/ SP/ PoA	88	–
	<i>Acanthoscurri a natalensis</i>	ampliloca da – PI/ BA/ MG/ PE	PI/ BA/ MG/ PE	56	–
	<i>Avicularia taunayi</i>	ampliloca da – MG/ DF/ BA/ SMSP	MG/ DF/ BA/ SP	25	–
	<i>Bumba humile</i>	ampliloca da – DF/ SMSP	DF/ SP	8	–
	<i>Catanduba simoni</i>	MRE–DF	DF	8	NDM 3°
	<i>Catanduba flavohirta</i>	MRE– BA	BA	5	NDM 2°
	<i>Catumiri petropolium</i>	CC– Org(RJ)	Org(RJ)	4	PAE 0.5° 2° 3°/ NDM 1° 2° 3°/ GIE cl1
	<i>Dolichothele exilis</i>	ampliloca da – PE/ PI/ BA	PE/ PI/ BA	39	–
	<i>Dolichothele dominguense</i>	* fora do CC–DF	DF	6	NDM 3°
	<i>Dolichothele rufoniger</i>	ampliloca da – PE/ PI/ BA	PE/ PI/ BA	14	–
	<i>Dolichothele diamantinensis</i>	CC– SEsp(MG)	SEsp(M G)	5	PAE 0.5° 1° 2° 3°
	<i>Dolichothele mineirum</i>	ampliloca da – MG/ BA	MG/ BA	12	–
	<i>Dolichothele mottai</i>	MRE–DF	DF	11	NDM 2° 3°
	<i>Dolichothele sp. n. 3</i>	MRE–PE	PE	3	NDM 2° 3°

<i>Dolichothele</i> sp. n. 4	ampliloca da – MG/ ES	MG/ ES	5	–
<i>Eupalaestrus</i> <i>campestratus</i>	ampliloca da – SMSP/ PoA	SP/ PoA	50	–
<i>Eupalaestrus</i> <i>weijenberghi</i>	MRE– RSint	RSint	7	PAE 0.5° 3°/ NDM 2° 3°
<i>Eupalaestrus</i> <i>spinosissimus</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	8	–
<i>Guyruita</i> <i>atlantica</i>	ampliloca da – PE/ BA/ ES	PE/BA/ ES	13	–
<i>Homoeomma</i> <i>familiare</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	14	–
<i>Homoeomma</i> <i>montanum</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	34	–
<i>Homoeomma</i> <i>brasilianum</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	11	–
<i>Homoeomma</i> <i>elegans</i>	MRE– SMSP	SP	8	NDM 2° 3°/ GIE c14
<i>Homoeomma</i> <i>villosum</i>	ampliloca da – SC/ PoA	SC/ PoA	14	–
<i>Iridopelma</i> <i>hirsutum</i>	MRE–PE	PE	15	NDM 2° 3°
<i>Iridopelma</i> <i>zorodes</i>	ampliloca da – BA/ SMSP/ SE	BA/ SP/ SE	11	–
<i>Iridopelma</i> <i>vanini</i>	* fora do CC–PI	PI	6	NDM 3°
<i>Iridopelma</i> <i>katiae</i>	* fora do CC–BA	BA	6	PAE 3°
<i>Kochiana</i> <i>brunnipes</i>	MRE–PE	PE	3	NDM 2° 3°
<i>Nhandu</i> <i>carapoensis</i>	MRE– SMSP	SP	28	NDM 2° 3°

<i>Pachistopelma rufonigrum</i>	MRE–PE	PE	12	NDM 2° 3°
<i>Pachistopelma bromelicola</i>	* fora do CC–BA	BA	17	NDM 2° 3°
<i>Plesiopelma insulare</i>	MRE–SMSP	SP	6	PAE 2° 3°/ NDM 1° 2° 3°
<i>Plesiopelma minense</i>	amplilocal – MG/ Org(RJ)	MG/ Org(RJ)	11	–
<i>Plesiopelma simoni</i>	MRE–DF	DF	3	NDM 3°
<i>Plesiopelma</i> sp. n. 1	MRE–SMSP	SP	14	NDM 1° 2° 3°
<i>Plesiopelma</i> sp. n. 3	MRE–ES	ES	9	PAE 3°/ NDM 2°/ GIE cl3
<i>Plesiopelma</i> sp. n. 5	MRE–SMSP	SP	3	NDM 1° 2°
<i>Proshapalopus multicuspidatus</i>	amplilocal – PE/ BA/ MG	PE/BA/ MG	12	–
<i>Proshapalopus anomalus</i>	amplilocal – MG/ ES/ Org(RJ)	MG/ ES/ Org(RJ)	11	–
<i>Pterinopelma vitiosum</i>	MRE–PoA	PoA	5	NDM 2° 3°/ GIE cl3
<i>Pterinopelma sazimai</i>	amplilocal – MG/ BA	MG/ BA	12	–
<i>Pterinopelma filipeleitei</i>	amplilocal – MG/ Espinhaço	MG/ Espinhaço	5	–
<i>Sickius longibulbi</i>	amplilocal – SMSP/ DF	SP/ DF	12	–
<i>Tmesiphantes amadoi</i>	CC–BA	BA	5	PAE 0.5° 1° 2° 3°/ NDM 0.5° 1° 3°/ GIE cl1
<i>Tmesiphantes bethaniae</i>	CC–BA	BA	2	PAE 0.5° 1° 2° 3°/ NDM 0.5° 1° 3°/ GIE cl1

<i>Tmesiphantes buecherli</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	2	–
<i>Tmesiphantes caymmii</i>	MRE– BA	BA	3	NDM 2° 3°/ GIEcl3
<i>Tmesiphantes nordestinus</i>	ampliloca da – PE/ PI/ BA	PE/ PI/ BA	16	–
<i>Tmesiphantes nubilus</i>	MRE– BA	BA	14	NDM 2° 3°
<i>Tmesiphantes obesus</i>	ampliloca da – SMSP/ Org(RJ)	SP/ Org(RJ)	22	–
<i>Tmesiphantes riopretano</i>	CC– SEsp(MG)	SEsp(M G)	2	PAE 0.5°1°2°3°/ GIE cl1
<i>Tmesiphantes perp</i>	MRE– SEsp(MG)	SEsp(M G)	2	PAE 0.5°1°2°3°/ GIE cl1
<i>Typhochlaena seladonia</i>	* fora do CC–BA	BA	3	NDM 2° 3°/ GIE cl3
<i>Typhochlaena paschoali</i>	ampliloca da – PE/ BA	PE/ BA	5	–
<i>Typhochlaena amma</i>	CC–ES	ES	2	PAE 3°/ NDM 2°/ GIE cl3
<i>Typhochlaena costae</i>	* fora do CC–PI	PI	3	NDM 3°
<i>Vitalius sorocabae</i>	ampliloca da – SMSP/ MG	SP/ MG	11 8	–
<i>Vitalius wacketi</i>	ampliloca da – Org(RJ)/ SMSP	Org(RJ)/ SP	85	–
<i>Vitalius longisternalis</i>	ampliloca da – SMSP/ SC	SP/ SC	25	–
<i>Vitalius dubius</i>	ampliloca da – SMSP/ PoA/ Org(RJ)/ MG	SP/ PoA/ Org(RJ)/ MG	15 6	–

<i>Vitalius vellutinus</i>	ampliloca da – SMSP/ MG	SP/ MG	86	–
<i>Vitalius roseus</i>	MRE– RSint	RSint	26	PAE 3°/ NDM 2° 3°
<i>Vitalius paranaensis</i>	MRE– SMSP	SP	30	NDM 2° 3°
<i>Vitalius buecheri</i>	MRE– SMSP	SP	38	–
<i>Vitalius lucasae</i>	MRE– SMSP	SP	6	NDM 2° 3°
<i>Vitalius nondescriptus</i>	CC–MG	MG	7	PAE 3°/ NDM 1° 2°
<i>Ybyrapora sooretama</i>	ampliloca da – BA/ Org(RJ)/ ES	BA/ Org(RJ)/ ES	11	–
<i>Ybyrapora diversipes</i>	MRE– BA	BA	5	PAE 3°/ NDM 2° 3°/ GIE cl3

5. Discussão

5.1. Protocolo de delimitação de área de endemismo: uso de diferentes tamanhos de grades, metodologias e listagem de espécies

Delimitação de área de endemismo, independente do organismo ou ambiente em questão, deve ser um trabalho feito cuidadosamente e com critérios de interpretação para que o resultado final seja algo completo, coerente e adequado ao propósito do estudo. Atualmente existem diversas metodologias para a busca de padrões de congruência de distribuição de espécies para delimitação de área de endemismo. As mais utilizadas são as metodologias baseadas em quadrículas de grade (Linder, 2001; Ippi & Flores, 2001; Morrone & Escalante, 2002; Szumik et al., 2002; Hausdorf & Hennig, 2003; Mast & Nyffeler, 2003; Szumik & Goloboff, 2004; Deo & DeSalle, 2006; DaSilva, 2011; DaSilva et al., 2015; Guedes et al., 2014). Outras metodologias surgem com o mesmo intuito, mas com outros parâmetros de análise, como a Interpolação de Kernel, que não utiliza célula de grade para as delimitações, mas sim interpolação dos centróides das distribuições das espécies (Oliveira et al., 2015; Carvalho, 2017).

Um dos assuntos mais discutidos na maioria dos trabalhos diz respeito ao tamanho da célula de grade para as definições das áreas de endemismo. Tudo depende do que será proposto a ser analisado, qual grupo de estudo, em qual área de estudo, como por exemplo bacias ou biomas. Normalmente, células de grade menos detalhadas, ou seja, quadrículas de maiores graus resultam em maior número de AoEs encontradas pelos métodos do que com grades de células menores (mais detalhadas) (DaSilva et al., 2015). Por esta razão a utilização e comparação de diferentes tamanhos de grade são importantes porque produzem resultados (padrões de distribuição) mais confiáveis e completos, sem perder informações (Morrone & Escalante, 2002, Deo & DeSalle, 2006; DaSilva et al., 2015). Em quadrículas mais detalhadas, examinadas mais cuidadosamente, as áreas são mais restritas, possibilitando a visualização de elementos geográficos que podem ter influenciado na separação dessas áreas. Barreiras importantes entre áreas são encobertas por áreas de grande extensão em células menos detalhadas (Moline & Linder, 2006).

Para minimizar os cenários problemáticos de delimitações de áreas de endemismo, o presente estudo segue um protocolo de delimitação de área de endemismo baseado em critérios combinados, explicados na metodologia. Desta forma, a obtenção das AoEs são com menor espaço natural, procurando buscar os mais coerentes limites das AoEs de uma forma precisa e completa (DaSilva et al., 2015). A primeira etapa do protocolo foi a aplicação dos diferentes métodos numéricos. Neste estudo, além de utilizar diferentes tamanhos de quadrículas de grade (diferentes graus), os dados foram executados em diferentes metodologias, com uso e sem uso de célula de grade no mapa, exibidas nos resultados. Além dos diferentes tamanhos de grade e diferentes metodologias, aplicados com diferentes listagem de espécies, como explicado na metodologia. Os resultados assumidos para a presente delimitação de áreas de endemismo são com as espécies da segunda lista L2 (Tab. 2) (com as 151 espécies) que mostram melhores ajustes de dados, tanto das áreas de endemismo encontradas, quanto das espécies que as delimitam. A lista de espécies L1 encontraram áreas de endemismo em regiões que não são adjacentes a Mata Atlântica, ou seja, fora das áreas de estudo, e a L3 elaborada com espécies de ampla distribuição territorial, delimitaram as áreas somente com espécies amplilocadas, ou seja, presentes em mais de um centro de congruência.

Nos testes feitos com as diferentes listagens de espécies, foi observado que as áreas de endemismo em si não tiveram muitas alterações de posicionamento, ocorrendo praticamente nas mesmas regiões nos três casos de listagens. Em PAE 0.5° tanto a L2 quanto a L3 resultaram nas mesmas AoEs encontradas: PI, BA, DF, SEsp(MG), MG, Org(RJ), SC e PoA e RSint. Com a L1 três áreas a mais foram encontradas em PAE 0.5°: uma na divisa de TO e MT, um pouco abaixo do limite PA/MT, uma no centro do MT e outra no sudoeste de GO. Ambas AoEs a mais são delimitadas por espécies que também ocorrem em outros centros de congruência, tanto no PI, quanto no DF, por isso não foram consideradas áreas novas. Em PAE 1° as três listagens de espécies encontraram as mesmas áreas BA, DF, SEsp(MG), Org(RJ), SC e PoA, apresentando apenas duas divergências. A primeira é que em PAE 1° com L1 surgiu RN, que não foi considerada nova área por ser parte norte do CC-PE. E a segunda divergência é que somente com L1 e L3 foi encontrado SP. Com L2 SP foi emergir somente com grade de 2°. Em PAE 2° algumas áreas menores começam a se

juntar numa área maior (SP/ SEsp(MG)+MG). Utilizando a grade de 2°, ambas listagens de espécies revelaram as mesmas áreas (BA, SEsp(MG)+MG, Org(RJ), SP, SC e RS). Com a L1, além das AoEs citadas anteriormente, aparece a mais AoE ES, e também as mesmas áreas que já apareceram em PAE 0.5 (divisa de TO e MT) e em PAE 1° (RN). Em PAE 3° e PAE 5°, independente da lista de espécies, são grades menos detalhadas e as quadrículas se juntam em áreas maiores, sobrepondo áreas menores já delimitadas anteriormente com as quadrículas mais detalhadas. Portanto, os resultados com a grade de 3° foi utilizado para conferir as espécies, verificando se são as mesmas que delimitaram as AoEs de 0.5, 1° e 2°, e os resultados de 5° juntaram áreas mais extensas ainda que em 3°, sendo considerada no estudo como não aplicável para delimitação das AoEs finais.

A metodologia NDM corroborou com todas as áreas delimitadas pela metodologia PAE. O NDM 0.5° encontrou as AoEs do BA, SP e SC, com ambas as listas de espécies, e somente com L1, no NDM 0.5°, surgiu Org(RJ). Em NDM 1° as três listagens de espécies encontram as mesmas áreas SP, PoA, MG, SP+Org(RJ), Org(RJ) e BA. A AoE de SC só surgiu com L2 e L3, não sendo encontrada com a L1. Como no NDM as análises são flexibilizadas por utilizar uma pontuação de espécies para delimitar as áreas, usando a grade de 2°, áreas menores já começam a se juntar em áreas maiores, e com muito mais frequência do que em PAE. Em PAE 2° as áreas diferentes que se juntaram foram SP+Org(RJ) e SEsp(MG)+MG. Já em NDM 2°, ou a mesma área surge agrupada com mais quadrículas aumentando seu tamanho em relação aos graus menores (exemplo AE2 da figura 27, SP maior), ou juntam duas ou mais áreas diferentes numa área só (exemplo AE11 e AE13 da figura 29, junta SP+MG+Org(RJ) numa área só. No NDM é comum encontrar conjuntos (sets) que incluem duas ou mais áreas de endemismo abrangendo uma grande área (Moline & Linder, 2006; Casagrande et al., 2012; Aagesen et al., 2013; DaSilva et al., 2015), o que dificulta a visualização das possíveis barreiras que as separam. As AoEs aplicando grade de 3°, como em PAE, foram usadas para conferência das espécies. A aplicação da grade de 5° considerada não aplicável, por abranger áreas muito extensas, que sobrepuseram as áreas encontradas com graus menores, mais restritas. Como segundo passo do protocolo os mapas de consenso são analisados. Quando o consenso (*strict*) de 5% de similaridade das espécies é aplicado, algumas áreas de endemismo dos sets

do NDM se juntam para que facilite a visualização das mesmas (Figuras 22, 26, 35, 44, 53). Quanto menor a célula, melhor a visualização das áreas mais restritas, e quanto maior a célula, mais as áreas se juntam dificultando uma análise mais objetiva de cada uma delas. Em alguns casos, essas informações das células mais detalhadas são essenciais para a definição da AoE final. Por exemplo, a AoE de São Paulo (SMSP), área com maior número de espécies endêmicas. Os dados das células mais restritas (0.5°) foram fundamentais para definir a delimitação dessa área. Várias espécies endêmicas dessa área, nesse tamanho de célula não deram *score* porque a célula é pequena, e quando aumenta para a célula de 1° , surgiu a área de endemismo de São Paulo delimitada por mais espécies, mas quando aplicado o consenso, juntou com a área do Rio de Janeiro, na região da Serra dos Órgãos. Isso pode ter acontecido porque algumas espécies tem uma distribuição um pouco maior, se aproximando das espécies do Rio de Janeiro que tem distribuição próxima ao litoral norte de São Paulo, unindo essas áreas no consenso e não as duas áreas separadas. Uma alternativa foi aplicar, neste caso, uma grade intermediária de 0.7° , para uma análise mais coerente, mais objetiva. As espécies dos sets das AoEs de São Paulo de 0.7 , foram as mesmas que delimitaram os sets das AoEs de 1° . A diferença foi o resultado do consenso, como já citado, com 1° juntou as áreas de São Paulo e Rio de Janeiro (Figura 26, 77A), e com 0.7° a AoE de São Paulo ficou separada (Figura 77B). Esse processo auxiliou a decisão final das espécies que iriam delimitar essa área de endemismo, baseado nas células mais restritas, seguindo as instruções do protocolo. As demais espécies delimitaram, então, a máxima região endêmica da AoE SMSP.

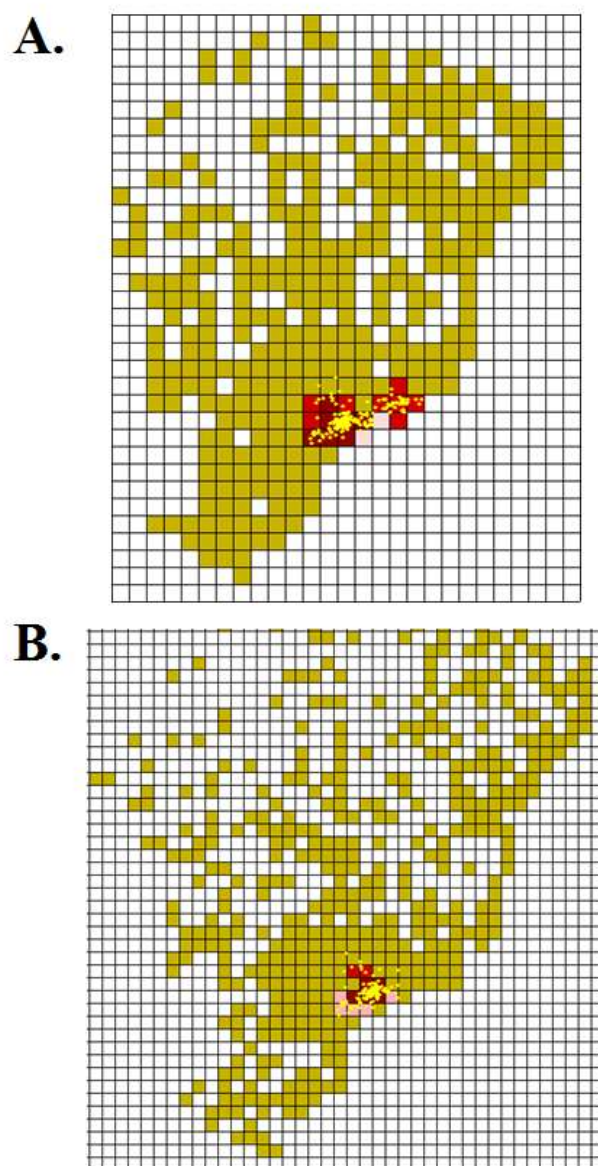


Figura 77. Mapas de consenso de 5% de similaridade das espécies da AoE SMSP mostrando a diferença de resultado de acordo com aplicação de diferentes graus de células: A.) célula de 1°, juntou AoE SMSP e Org (RJ); B) célula de 0.7°, AoE SMSP saiu separada da AoE Org(RJ).

A metodologia dos Elementos Bióticos (BEA), como explicado na metodologia, foi utilizada somente para verificar se as regionalizações agrupavam as mesmas espécies, como nas áreas de endemismo em PAE e NDM. Mas no teste de significância aplicado o resultado foi não significativo, e a metodologia não foi utilizada nem nas interpretações das AoEs finais, nem inseridas no Navarro Hug de cada área. Não só para o presente estudo as análises dos elementos bióticos não foram informativas. Por exemplo, no estudo de Moline e Linder (2006), os autores concluíram que delimitar elementos bióticos não contribuiu para a compreensão do padrão biogeográfico em *Elegia* (Restionaceae). Neste estudo, mesmo usando as diferentes listagens de espécies nas regionalizações dos elementos bióticos, o método agrupa no mesmo elemento espécies com distribuições distantes e disjuntas, impossibilitando inferir padrões biogeográficos. Foram mostrados somente os resultados com a aplicação de grade de 2°, pois foram os resultados mais congruentes/semelhantes com os resultados de PAE e NDM. Com as listas L1 (compilado inicial) e a L3 (amplamente distribuídas), os resultados foram incoerentes, muito mais que com a L2 (sem regiões amazônica e pantaneira e spp de 1 ponto de registro), formando BEAs que não correspondiam em nada com as AoEs delimitadas por PAE e NDM. Formam áreas ou sem sobreposição das espécies, ou são faixas de sobreposições muito extensas, juntando biomas de norte ao sul do Brasil, não sendo possível inferir quais eventos separaram as regionalizações.

As metodologias aplicadas até então utilizam célula de grade nos mapas, o que gera certas limitações nas delimitações (PAE, NMD, BEA). Assim uma metodologia sem o uso de quadrículas foi executada para analisar se corroboraria as outras metodologias já aplicadas. A metodologia GIE realiza as interpolações dos centróides das distribuições das espécies, baseados nas distâncias determinadas pelas classes divididas por quilômetros, como já explicado na metodologia. Somente a classe 1 apresentou uma divergência de resultados com ambas as listas. As três apresentaram as mesmas áreas BA, Org(RJ), SP e PoA. A AoE de MG só surgiu com L1 e L3. Com a L1, além das citadas anteriormente, emergiu CE+PB (regiões do CC-PE), DF, SP e SC. A AoE SEsp(MG) apareceu com L1 e L2. As outras cinco classes, com ambas as listagens de espécies, mostraram as mesmas áreas: Classe 2 – AoE Org(RJ); Classe 3 – BA/ ES/ MG/ Org(RJ)/ SP/ PoA; Classe 4 – DF/ Org(RJ)/ SP. No GIE a partir da

classe 5, com ambas listagens de espécies, as áreas menores são sobrepostas por áreas maiores formando AoEs extensas: uma área enorme no cerrado do MA ao DF e a outra juntando sudeste e sul do Brasil (Figura 61). As classes 6 e 7 formam uma AoE juntando os biomas, com maior interpolação na região centro–sudeste do Brasil (Figura 62).

Adotar uma metodologia guiada para as análises, como o protocolo de delimitação de áreas de endemismo, nos permite uma comparação de resultados com diferentes parâmetros de busca, realizando a pesquisa de uma maneira sintética, precisa, minuciosa e organizada. Seguindo esses passos, é possível analisar o ajuste dos dados, ou seja, a sensibilidade desses dados variando as formas das análises nos diferentes parâmetros de busca, obtendo-se resultados semelhantes, que se tornam testados e confiáveis. A convergência em resultados semelhantes reforçam que há um padrão, pois os dados são pouco, ou nada, sensíveis às variações de parâmetros. Desta forma, se minimiza análises e delimitações errôneas ou duvidosas. Tanto as comparações dos métodos numéricos, delimitações de centros de congruência e máximas regiões endêmicas, quanto a classificação das espécies em três níveis de endemicidade, permite uma definição objetiva dos limites das AoEs, e resoluções de padrões parciais de simpatria (DaSilva et al., 2015). Por outro lado, o autor explana que analisar as áreas de endemismo baseados em congruência de intervalos comuns de distribuições de espécies tem sido criticado por ser resultado de viés amostral. Por exemplo, regiões fortemente amostradas corresponderiam aos centros de congruência. Diferenças regionais no esforço de amostragem poderia influenciar os resultados das AoEs (Casagrande et al., 2009b). Uma região bem amostrada tenderia a resultar em mais áreas de endemismo, porque registros esparsos não são sensíveis as análises numéricas (Casagrande et al., 2009b). Regiões pouco amostradas não delimitariam nenhuma área de endemismo (Ferreti et al., 2012). A aplicação do Protocolo de Delimitação de Áreas de Endemismo minimiza os problemas citados acima porque utiliza diferentes tamanhos de célula de grade, que resultam em diferentes/semelhantes áreas de endemismo em cada tratamento, juntando as informações e não as tratando de maneira separada. No caso deste estudo os métodos numéricos encontraram tanto áreas de endemismo bem amostrada, como o CC–SMSP, com o maior número de pontos de registro e de espécies que delimitam a AoE, quanto AoEs pouco amostradas,

como no caso do CC-PI, ES ou RSint. Essas AoEs pouco amostradas, são delimitadas por poucas espécies e com poucos pontos de registro, fato este que aponta para a necessidade de mais coletas nessas regiões.

Segundo o que DaSilva et al. (2015) concluíram, os resultados obtidos com métodos numéricos não devem ser interpretados diretamente como as AoEs finais. Esses resultados são um guia para análise mais aprofundada, no caso do protocolo, baseados em critérios objetivos qualitativos, eliminando sobreposições e conjuntos instáveis (ruídos). Utilizar uma metodologia isolada, ou separada, sem que haja uma comparação, pode levar a resultados inconclusivos ou duvidosos, pois existem pontos fracos e limitações de cada uma delas. Algumas mais restritas como PAE, por exemplo, encontram um número menor de áreas do que as mais flexíveis, que encontram um número de áreas significativamente maior, como NDM e GIE. O método PAE é especialmente rigoroso ao penalizar a ausência de uma espécie dentro de uma área, o que torna mais provável a falha em detectar um número relativamente grande de áreas de endemismo (Casagrande & Grosso, 2013). Outro ponto, como já citado, é o tamanho das células de grade. Portanto, utilizando dados de entrada diferentes (diferentes listagens de espécies), aplicados em metodologias diferentes (PAE, NDM, GIE), e diferentes resoluções de grade (0.5°, 1°, 2°, 3°, 5°), os resultados comparados se mostraram bem semelhantes, significando que são robustos, certificando que as AoEs finais são válidas e confiáveis. A análise de sensibilidade (Navarro Hug) respalda bem isso. Somado a isso, mais um fator que corrobora para a validação dessas áreas é que as mesmas regiões, ou próximas a elas, também foram encontradas em outros estudos (plantas, vertebrados e artrópodes) como abordado a seguir.

5.2. Comparação de delimitação de área de endemismo com outros estudos e possíveis eventos que criaram/separaram essas áreas (AoEs)

5.2.1. Comparação de delimitação de área de endemismo com outros estudos

Segundo DaSilva e Pinto-da-Rocha (2011), procurar padrões distribucionais atuais que se repetem em diversos táxons é uma forma para inferir a história biogeográfica de determinada área. As áreas de endemismo delimitadas neste estudo

foram comparadas a outras delimitações, verificando se ocorrem nas mesmas regiões, ou próximas a elas, possibilitando a inferências de quais eventos levaram aos processos que estabeleceram os padrões de distribuições dos táxons encontrados atualmente. Através da aplicação do mesmo Protocolo de delimitação de Áreas de Endemismo (DaSilva et al., 2015), o estudo de Lago-Barcia et al. (2020), com dados de planárias (Platyhelminthes: Tricladida) no sul da Mata Atlântica, encontraram nove áreas de endemismo, sendo cinco delas nas mesmas regiões das áreas encontradas no presente estudo para aranhas Mygalomorphae: ORG, SMSP, NSC e SSC (aqui uma área só em SC), e POA. Utilizando dados de aracnídeos e diferentes metodologias, alguns estudos encontraram praticamente as mesmas regiões das áreas de endemismo delimitadas aqui, por exemplo, com opiliões (DaSilva et al., 2015) e dados de distribuições de aranhas de diferentes grupos (Oliveira et al., 2015, Carvalho, 2017, e Ferreti et al., 2012). Utilizando metodologias de quadrículas de grade, as seis AoEs delimitadas neste estudo para as aranhas Mygalomorphae na Mata Atlântica (PE– BA– ES– Org(RJ)– SP– SC) foram compatíveis com as áreas delimitadas para os opiliões nas mesmas regiões (DaSilva et al., 2015) (Figura 3). As regiões das AoEs de SC e PoA deste estudo foram encontradas em Ferreti et al. (2012) (Fig. 78 A), com base em várias sobreposições na distribuição com dados de aranhas migalomorfas, e critérios geológicos como diferentes tipos de formação das regiões da Argentina, Uruguai e sul do Brasil. Aplicando a interpolação de centróides, as AoEs das regiões de PE, BA, GO (neste estudo corresponde a AoE DF), ES, uma grande área na Serra do Mar (delimitadas aqui como Org(RJ), MG, SPint, SPlit e SC, separadas, devido ao tratamento final, o qual não utilizou somente o resultado do GIE) e PoA foram semelhantes em Oliveira et al. (2015) (Fig. 78 B). Outro estudo que utilizou interpolação de centróide, com dados de aranhas da família Pholcidae (Araneomorphae) do Brasil, também encontrou as mesmas áreas: PE, BA, ES, uma grande áreas na Serra do Mar (delimitadas aqui como Org(RJ), MG, SPint, SPlit, separadas, devido ao tratamento final, o qual não utilizou somente o resultado do GIE), SC e PoA (Carvalho L. S., 2017) (Fig. 78 C).

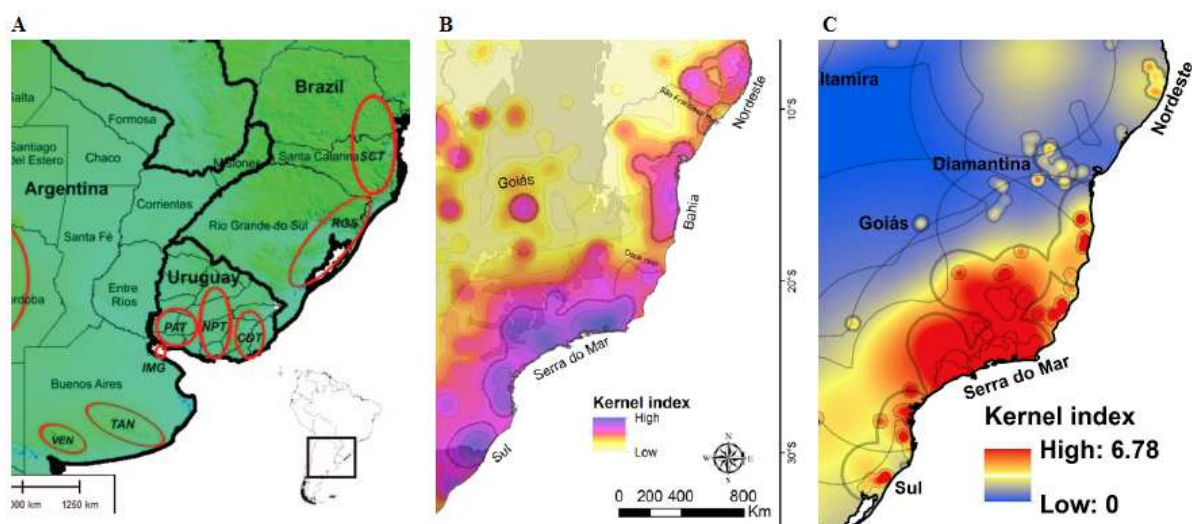


Figura 78. Mapas de estudos com aracnídeos, que corroboram as mesmas AoEs delimitadas no presente trabalho: A) Ferreti et al., 2012: confirmam AoEs de SC e PoA; B) Oliveira et al., 2015: confirmam PE, BA, DF, ES, Esp(MG), MG, Org(RJ), SPint, SPlit, SC e PoA.; C) Carvalho L. S., 2017 confirmam as mesmas regiões PE, BA, DF, ES, Esp(MG), MG, Org(RJ), SPint, SPlit, SC e PoA.

Outras delimitações de áreas de endemismo realizadas com diferentes metodologias e outros organismos, como plantas, outros artrópodes e vertebrados, também encontraram áreas nas regiões semelhantes às delimitadas para aranhas Mygalomorphae deste trabalho (resumido Tabela 3). Diferentemente da maioria das pesquisas que atentam mais aos dados de espécies de Mata Atlântica, o presente estudo delimitou as áreas de endemismo não só baseado em dados de espécies de Mata Atlântica, mas também incluindo dados das espécies das fitofisionomias adjacentes à floresta, sendo um diferencial. Na Mata Atlântica, a quantidade de estudos encontrados para delimitação de área de endemismo é abundante. Um dos primeiros pesquisadores a propor delimitação área de endemismo foi Müller (1973) através dos centros de dispersão, utilizando congruência de dados de distribuição de vertebrados terrestres, dividindo a Mata Atlântica em dois centros: Serra do Mar e Paraná. Em seguida dividiu o centro Serra do Mar em três sub-centros: Pernambuco (PE – Baía de Todos os Santos), Bahia (Baía de Todos os Santos e Espírito Santo) e Paulista (Rio de Janeiro a Santa Catarina). Prance (1982), definiu 26 refúgios baseados em uma análise do endemismo de espécies da floresta tropical em diferentes famílias de plantas

(Caryocaraceae, Chrysobalanaceae, Connaraceae, Dichapetalaceae, Lecythidaceae e Trigoniaceae), e com dados de distribuição de arbustos *Couepia* (Chrysobalanaceae), delimitou três centros de endemismo na Mata Atlântica com dados de plantas lenhosas: Pernambuco (Alagoas – PE – PB), Bahia (N da Baía de Todos os Santos – S do Rio Doce), e Espírito Santo (Rio Doce ao litoral N de São Paulo), nas mesmas regiões das áreas encontradas aqui. Costa (1995) delimitou as áreas de endemismo da Mata Atlântica utilizando dados de peixes de água doce da família Rivulidae, dividindo a floresta em quatro regiões ligadas às bacias dos rios, sendo uma relacionada com as bacias do Paraná e São Francisco, e as outras três formadas por rios que desembocam no Oceano Atlântico. Amorim e Pires (1996) com dados de primatas Callitrichidae e dípteros Sciaridae e Ditomyiidae, delimitaram na Mata Atlântica seis áreas de endemismo: Nordeste, Minas Gerais, S do Rio Jequitinhonha até N do Rio Doce, Espírito Santo, Rio de Janeiro e São Paulo, e Bacia do Rio Paraná e sul do Brasil. Statterfield et al. (1998) identificaram cinco áreas de endemismo aviário no leste do Brasil: Encosta Atlântica de Alagoas e Pernambuco, Florestas Decíduas da Bahia, Florestas Úmidas de Minas Gerais e Goiás, Planícies da Mata Atlântica, e Montanhas da Mata Atlântica. A Mata Atlântica ficou dividida em três áreas, uma área da Baía de Todos os Santos a Santa Catarina, a segunda da Bahia ao Rio Grande do Sul, e a terceira interior do Paraná e Santa Catarina. Costa et al. (2000) utilizaram dados de mamíferos de floresta sul-americana, roedores, marsupiais e primatas, encontrando três áreas de endemismo na Floresta Atlântica: Pernambuco (Rio Grande do Norte ao Rio São Francisco), SE coast (Baía de Todos os Santos ao Rio de Janeiro), e Paulista (do Rio Paraná estendendo-se até a costa de São Paulo e Paraná). Em 2001, Morrone no intuito de padronizar a classificação biogeográfica em níveis de endemismo para a América Latina, buscou identificar áreas comuns a diversos grupos biológicos, dividindo três subregiões no Brasil. A Amazônica, a Chaqueña (diagonal seca: caatinga, cerrado e chaco), e a Mata Atlântica ficou inserida na subregião Paranaense. A subregião Paranaense é dividida em três províncias formada por florestas: Floresta Atlântica Brasileira, Floresta Paranaense, e Floresta de Araucárias. Silva et al. (2004) com dados de 140 aves passeriformes encontraram quatro áreas: Pernambuco (Paraíba, Pernambuco e Alagoas), Central da Bahia (adjacente a anterior), Costa da Bahia ao sul, e Serra do Mar (do Rio Doce à Santa Catarina).

Sigrist e Carvalho (2008) utilizaram dados de artrópodes, plantas e vertebrados Neotropicais e de Mata Atlântica delimitaram as seguintes áreas: PE, Coastal Bahia, e Southern Atlantic Forest (delimitadas aqui como ES, MG, RJ e SP, separadas). Echternacht et al. (2011) encontraram 10 áreas de endemismo em seu estudo com dados de distribuição de plantas vasculares, corroborando as áreas da Serra do Espinhaço e MG do presente estudo. Hoffmeister e Ferrari (2016) com dados de artrópodes de Mata Atlântica de três classes (Arachnida, Malacostraca e Insecta), delimitaram 29 áreas de endemismo, do nordeste ao sul do Brasil. Garrafoli et al. (2017) utilizando dados de abelhas de orquídeas encontraram cinco áreas de endemismo subdivididas: Pernambuco e sul da Bahia; regiões centrais da Bahia e Minas Gerais; Espírito Santo, sul de Minas Gerais até Rio de Janeiro; divisa de Minas Gerais e São Paulo interior, São Paulo litoral e Paraná; e Santa Catarina ao RS.

Tabela 5. Resumo dos estudos de áreas de endemismo delimitadas na Mata Atlântica brasileira citados acima, utilizando dados de diferentes organismos: autor/ organismo/ área delimitada.

Autor(es)	Organismo(s)	Áreas delimitadas
Müller, 1973	vertebrados terrestres	Serra do Mar (subdivida em Pernambuco/ Bahia e Paulista); Paraná
Prance, 1982	plantas lenhosas	Pernambuco; Bahia; Rio-Espírito Santo
Costa, 1995	peixes de água doce	Uma área formada por bacias do Rio Paraná e São Francisco, e outras 3 com rios costeiros que desembocam no oceano Atlântico
Amorim & Pires, 1996	primatas e dípteros	6 áreas: Nordeste; MG parte do TO e GO até BA; S do Rio Jequitinhonha e N do Rio Doce; ES ao N do RJ; RJ ao S do Rio Paraíba do Sul e SP; Bacia do

		Rio Paraná e S do Brasil.
Statterfield et al., 1998	aves	Baía de Todos os Santos a Santa Catarina; Bahia ao Rio Grande do Sul
Costa et al., 2000	roedores, marsupiais e primatas	Pernambuco (RN ao Rio São Francisco), SE coast (Baía de Todos os Santos até RJ) e Paulista (Rio Paraná até a costa dos estados do Paraná e São Paulo)
Morrone, 2001b	diversos grupos	Bosque Atlântico Brasileiro; Bosque Paranaense; Bosque de Araucárias
Silva et al., 2004	passeriformes	Pernambuco (Paraíba, Pernambuco e Alagoas); Costa da Bahia ao sul; Central da Bahia (adjacente a anterior); Serra do Mar (do Rio Doce à Santa Catarina)
Sigrist & Carvalho, 2008	artrópodes, plantas e vertebrados	Sul da Bahia, Costa da BA, Sudeste (ES, MG, RJ e SP)
Echternacht et al., 2011	plantas vasculares	Serra do Espinhaço
Hoffmeister & Ferrari, 2016	artrópodes	Do nordeste ao sul (ES até RS)
Garrafoli, 2017	abelhas de orquídeas	Pernambuco até N da Bahia; Espírito Santo, Rio de Janeiro e S de Minas Gerais; N de Minas Gerais e central da Bahia; S de Minas Gerais, São Paulo e Paraná; e Santa Catarina ao RS

Na Caatinga e no Cerrado, os dois maiores biomas da Diagonal Seca do Brasil, alguns estudos também encontraram AoEs nas mesmas áreas de endemismo do presente estudo, ou próximas a elas (Prevedello & Carvalho, 2006; Echternacht et al., 2011; Guedes et al., 2014; Castuera-Oliveira et al., 2020). Prevedello e Carvalho (2006) compilaram 149 espécies, incluindo plantas, mamíferos, aves e insetos, e aplicando pan-biogeografia, identificaram nós biogeográficos que representam áreas prioritárias à conservação do Cerrado, sendo três nas mesmas regiões das áreas de endemismo delimitadas no presente trabalho: um próximo a AoE do PI, um na região da AoE do DF, e outro na região do interior de São Paulo. Echternacht et al. (2011), utilizando dados de 178 espécies de plantas vasculares, encontraram a mesma área na Serra do Espinhaço, na região de Diamantina, na mesma região da AoE SEsp aqui delimitada. Guedes et al. (2014), detectaram com dados de 112 espécies de serpentes, gamas significativamente agrupadas (elementos bióticos), dois próximos as AoEs do PI e PE, área de transição da Caatinga com a Mata Atlântica. Castuera-Oliveira et al. (2020), trabalharam com dados de táxons arbóreos de 143 famílias, encontrando no Cerrado AoEs na mesma região da AoEs aqui demilitadas: DF e SEsp, e na transição da Caatinga com a Mata Atlântica, na mesma região da AoE de PE. No mesmo estudo para a Mata Atlântica, encontraram AoEs nas mesmas áreas deste estudo: BA, ES, MG, SP, ORG, POA e RS interior.

Constatando então as mesmas áreas de endemismo, ou áreas próximas, delimitadas neste trabalho e encontradas em outros estudos, com dados de distribuição de diferentes táxons (fauna e flora), gerando resultados semelhantes, fica evidente que provavelmente as aranhas migalomorfas foram afetadas de forma similar aos outros organismos pelos mesmos eventos históricos e/ou sequências deles. Essas áreas, agrupando os diferentes organismos de forma similar, levando aos padrões atuais de distribuição das espécies em geral, reforçam a existência de mudanças na paisagem que afetam a evolução. Se isolamentos ambientais criam endemismos e distribuições congruentes entre algumas espécies, provavelmente afetam grande parte das biotas que habitam as áreas em questão (DaSilva, 2008), tanto na Mata Atlântica como em suas fitofisionomias adjacentes.

5.2.2. Possíveis eventos que criaram/separaram as áreas de endemismo (AoEs)

O território brasileiro é formado por terrenos antigos, com relevo esculpido ao longo de bilhões de anos através de processos geológicos e ciclos climáticos, iniciado a partir do período Cretáceo (145 e 66 ma), quando a deriva continental levou ao surgimento do Oceano Atlântico (DaSilva, 2008; Bizzi, 2003; Ross, 2005). O território brasileiro atualmente possui 28 unidades de relevo divididas entre 11 planaltos (relevos elevados), 6 planícies (área formada por sucessivas deposições de material de origem continental ou marinha em áreas planas) e 11 depressões (áreas rebaixadas em relação ao planalto como consequência de erosão, localizada entre bacias sedimentares e escudos cristalinos) (Ross, 1992). De acordo com Pinto-da-Rocha et al. (2005) os principais eventos vicariantes estão relacionados com a elevação da montanha e o aparecimento de vales. A origem da Serra do Mar e da Serra da Mantiqueira foi durante o Paleoceno (65 e 55 ma) (Petri & Fulfaro, 1988), ou no início do Cretáceo Superior, como resultado da atividade tectônica (Almeida & Carneiro, 1998). Embora a grande ascensão orográfica tenha ocorrido entre o Plioceno (5 e 2 ma) e o Pleistoceno (2,5 e 11,7 ma), devemos salientar a origem como sendo recente (Almeida & Carneiro, 1998). Os vales parecem representar barreiras geográficas importantes, tais como o vale do rio Paraíba do Sul, cuja origem foi durante o Oligoceno-Mioceno (Petri & Fulfaro, 1988), e isolou a Serra da Mantiqueira a oeste da Serra do Mar, Serra da Bocaina e a Serra dos Órgãos no leste. Além disso, o mesmo vale isolou as zonas do norte (Espírito Santo, Serra do Espinhaço e Bahia) a partir dos restantes meridionais. Em outros limites de áreas, terrenos montanhosos na disjunção da biota florestal é indireta (DaSilva et al., 2015). A origem das cadeias montanhosas da Plataforma Leste do Brasil está conectada com atividades tectônicas que iniciaram no Paleoceno, elevando a plataforma continental submersa adjacente a Santos (Almeida & Carneiro, 1998). No Cenozóico com a formação da Serra do Mar, falhas paralelas das cadeias de montanhas abriram o Vale do Rio Paraíba do Sul, em região de bacia sedimentar, contribuindo para separação de regiões endêmicas (Almeida & Carneiro, 1998; Saadi, 2013). A Plataforma Brasileira foi, em toda sua extensão, afetada por deformações tectônicas cenozóicas que aproveitaram preferencialmente as linhas de fraqueza crustal herdadas das eras geológicas anteriores (Saadi, 2013).

Alguns estudos apontam a relação dos eventos que formaram serras e rios como principais fatores que separam áreas de endemismo, provocando isolamento de biota (Amorim & Pires, 1996; Pellegrino et al., 2005; Goldani et al., 2006; Santos et al., 2007; Pinto-da-Rocha et al., 2005; DaSilva & Pinto-da-Rocha, 2011; DaSilva et al., 2015). Outros eventos podem ser causas das separações das áreas de endemismo como, por exemplo, transgressões marinhas e atividades tectônicas (DaSilva et al., 2015). Amorim (2009) discutiu o papel das “barreiras reiterativas” causados pelo aparecimento e desaparecimento repetitivo dessas barreiras, como no caso das transgressões marinhas. Algumas regiões são mais instáveis para determinados táxons (bacias sedimentares, no caso da Mata Atlântica), ou seja, barreiras estáveis mantêm endemismo e diversidade genética (encostas das serras, no caso da Mata Atlântica) (DaSilva et al., 2017). Os estudos recentes com opiliões (Pinto-da-Rocha et al., 2005; DaSilva & Pinto-da-Rocha, 2011; DaSilva et al., 2015) apontam a porção sul e sudeste da Mata Atlântica como um grande mosaico de áreas de endemismo, com divisões principais nas regiões do Rio Paraíba do Sul e Rio Ribeira do Iguape. Pinto-da-Rocha et al. (2005), utilizando dados de 84 espécies de opiliões, inferiram que um possível primeiro evento vicariante que dividiu a fauna de duas áreas do norte do resto, e um segundo evento que divide a fauna das áreas do sul das áreas relacionadas com certas cadeias montanhosas no centro da Mata Atlântica. Os eventos vicariantes estavam relacionados com a elevação da Serra do Mar e da Serra da Mantiqueira, o aparecimento de grandes rios e alterações climáticas. Estes resultados indicam a grande influência de geomorfologia e isolamento geográfico no padrão de distribuição das espécies de opiliões. Os aglomerados mostram, em geral, que as localidades na mesma cadeia montanhosa são mais semelhantes uns aos outros do que os que não estão nas outras cadeias de montanhas.

Outro fator importante que pode estar relacionado aos isolamentos dos organismos é a distribuição florestal, ou seja, expansão e retração das matas associadas aos ciclos climáticos. Alguns estudos apontam tais fatores climáticos como principal causa dos refúgios formados (Cabanne et al., 2007; D’Horta et al., 2011; Sobral-Souza et al., 2015; Rossi et al., (submetido)). Por exemplo, realizando filogeografia com espécie de pássaro *Sclerurus scansor*, D’Horta et al. (2011) inferiram que as estimativas da divergência no tempo entre as linhagens filogeográficas apontam para

eventos durante o Pleistoceno Médio e Tardio, um período durante o qual existem registros extensos que documentam as alterações em distribuição florestal associada aos ciclos climáticos, notando que a distribuição geográfica das linhagens é congruente com o que é esperado de acordo com a hipótese dos refúgios de montanha, bem como os rios desempenham um papel importante como barreira secundária à dispersão, diminuindo a migração entre as populações, ou mesmo isolando-os completamente. Em relação as áreas da Caatinga e do Cerrado, os estudos analisados focam nas delimitações de áreas mais associados as áreas de conservação ambiental, do que propriamente nos fatores que separaram e isolaram essas áreas. Outro exemplo, Rossi et al. (submetido), explicam isso com a distribuição do gênero *Trechona*, com a maioria das espécies ocorrendo em regiões de Mata Atlântica, e somente uma, *Trechona diamantina*, em caverna na Serra do Espinhaço. Os autores demonstram, aplicando modelagem de distribuição de espécie, nos cenários atuais e passados, que a expansão nos períodos mais quentes e a retração nos períodos mais frios, isolaram essa espécie na caverna. Analisando todos esses estudos já citados aqui, é possível inferir que mesmo com as formações de serras, vales e chapadas da diagonal seca, muitos animais se isolaram e se adaptaram nesses biomas devido aos ciclos climáticos que movimentaram as coberturas florestais.

Assim sendo, DaSilva et al. (2015) resumem e delegam três tipos de barreiras determinantes para a separação de áreas de endemismo (AoEs): grandes rios (exemplo: Rio São Francisco, Doce e Paraíba do Sul); topos de cadeias montanhosas (exemplos: Serras do Mar, Mantiqueira, Espinhaço); e perturbações nas fisionomias de floresta onde ocorreram colonizações em vegetações abertas substituindo áreas anteriormente florestadas (exemplos: Vale do Paraíba do Sul e do São Francisco). Atividades geológicas promovem especiações que por sua vez tendem a aumentar o número de espécies endêmicas (Humphries & Parenti, 1999). Essa associação entre as complexidades geológicas e número de espécies endêmicas pode ser regra para a maioria ou todas as áreas de endemismo (Sigrist & Carvalho, 2008).

Tabela 6. Prováveis barreiras (atividades geológicas) que isolaram as AoEs, gerando os padrões das distribuições das biotas atualmente (Figura 79).

Prováveis barreiras que separaram as AoEs	AoEs delimitadas no presente estudo que foram isoladas por essas barreiras	Alguns estudos que citaram as mesmas barreiras como eventos vicariantes
Rio São Francisco	PE e BA	Müller (1973)/ Prance (1982)/ Amorim & Pires (1996)/ Costa et al. (2000)/ Silva et al. (2004)/ Pellegrino et al. (2005)/ Pinto-da-Rocha et al. (2005)/ Cabanne et al. (2008); Carnaval et al. (2009)/ Sigrist & Carvalho (2009)/ Thomé et al. (2010)/ DaSilva & Pinto-da-Rocha (2011)/ Silva et al. (2012)/ Bertani (2012)/ DaSilva et al. (2015)/ DaSilva et al. (2017)
Rio Doce	BA e ES	Müller (1973)/ Prance (1982)/ Amorim & Pires (1996)/ Costa et al. (2000)/ Silva et al. (2004)/ Pellegrino et al. (2005)/ Pinto-da-Rocha et al. (2005)/ Cabanne et al. (2008)/ Carnaval et al. (2009)/ Sigrist & Carvalho (2009)/ Thomé et al. (2010)/ Brunet et al. (2010)/ DaSilva & Pinto-da-Rocha (2011)/ Silva et al. (2012)/ DaSilva et al. (2015)/ DaSilva et al.

		(2017)
Rio Paraíba	ES e RJ	Pellegrino et al. (2005)/ Pinto-da-Rocha et al. (2005)/ DaSilva & Pinto-da-Rocha (2011)/ DaSilva et al. (2015)/ DaSilva et al. (2017)
Serra da Mantiqueira	RJ e SMSP/ RJ e MG	Pinto-da-Rocha et al. (2005)/ DaSilva & Pinto-da-Rocha (2011)/ DaSilva et al. (2015)/ DaSilva et al. (2017)
Serra do Mar do Paraná/ Planalto de Curitiba	SSP e SC	Pinto-da-Rocha et al. (2005)/ DaSilva & Pinto-da-Rocha (2011)/ DaSilva et al. (2015)/ DaSilva et al. (2017)/ Lago- Barcia et al. (2020)
Serra do Mar do Paraná/ Mudança de vegetação com influência da Mata de Araucárias	SC e RS litoral	DaSilva et al. (2017)/ Lago- Barcia et al. (2020)
Mudança de vegetação de florestas de altitude com influência das vegetações abertas circundantes	RS interior e RS litoral	DaSilva et al. (2017)/ Lago- Barcia et al. (2020)
Serra do Espinhaço	SEsp e MG	Oliveira et al., 2015 Castuera-Oliveira et al., 2020 DaSilva (2008); DaSilva et al. (2017)
Serras e manchas florestais de altitudes mais elevadas	Isolou PI	Silva & Castelli (2005)

Planalto Central e Chapadas	Isolou DF	Oliveira et al., 2015 Castuera-Oliveira et al., 2020
-----------------------------	-----------	---

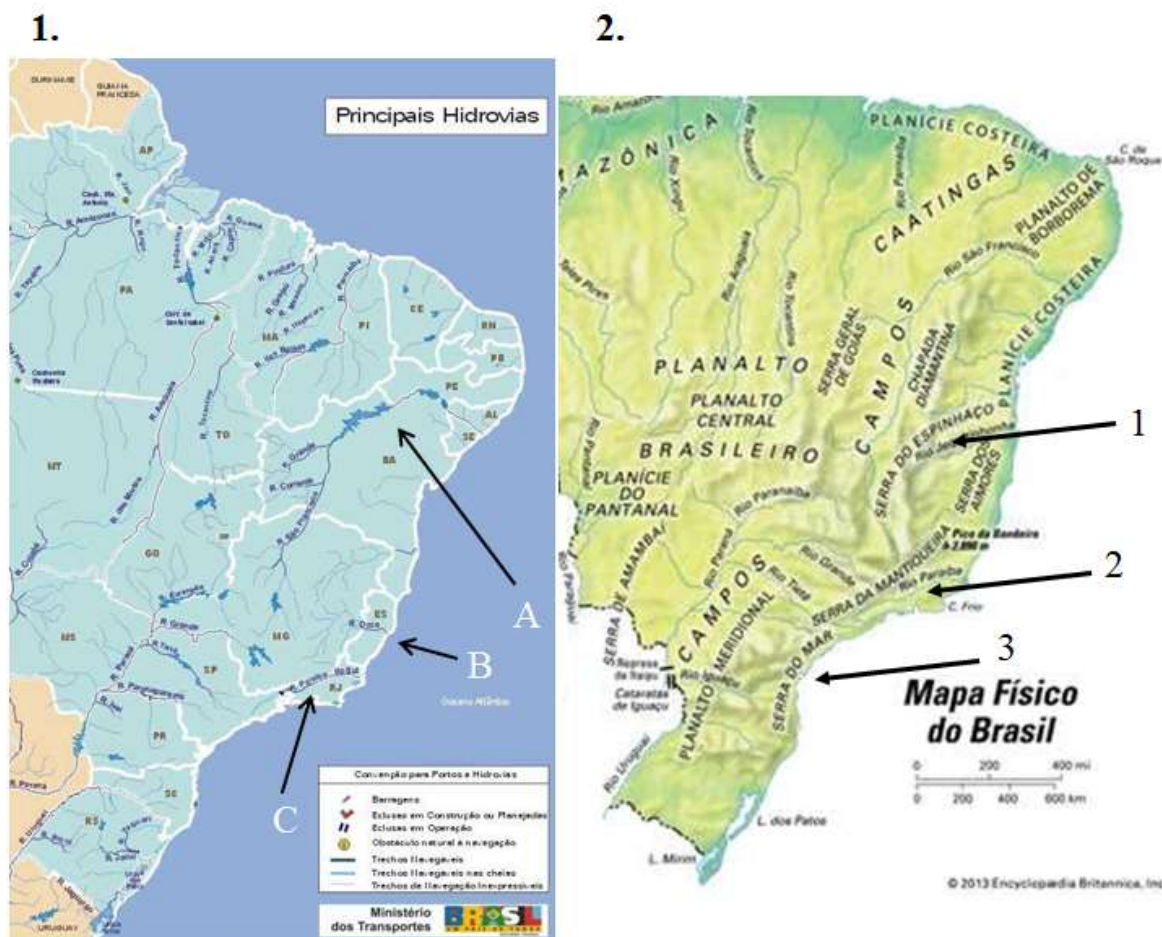


Figura 79. Principais barreiras geográficas que separam áreas de endemismo na Mata Atlântica (Grandes Rios e Serras). 1) Mapa Hidrográfico do Brasil: A – Rio São Francisco; B – Rio Doce; C – Rio Paraíba. 2) Mapa Físico do Brasil: 1 – Serra do Espinhaço; 2) Serra da Mantiqueira; 3) Serra do Mar.

Um fator muito importante de ressaltar no caso de algumas aranhas, é a alta capacidade de dispersão aérea por balonismo (“ballooning”), realizada por alguns grupos, e que podem responder algumas distribuições amplas desses animais. Segundo Bell et al. (2005) a dispersão aérea utilizando seda evoluiu em aranhas (Araneae), ácaros (Acari) e nas larvas de traças (Lepidoptera), possivelmente co-

evoluido com a seda e emergido cedo no Devoniano (410-355ma), mas sem dúvida é mais provável que o balonismo tenha evoluído em paralelo com árvores decíduas, herbáceas anuais e gramíneas no Cretáceo (135-65ma). A hipótese de que do mecanismo de lançamento ancestral conhecido como "balão suspenso", amplamente utilizado por indivíduos em copas de plantas, e os comportamentos de decolagem "ponta-a-ponta" e "criação" foram fortemente selecionados à medida que os habitats mudavam, explicam os autores. Sendo assim, no caso de alguns grupos de aranhas, pode ser improvável que os rios possam realmente representar uma barreira à dispersão desses animais (Oliveira et al., 2015). De acordo com o estudo sobre o grupo das Mygalomorphae de Opatova et al. (2020), descobertas recentes sugerem que a dispersão via balão (balonismo) poderia ser um mecanismo plausível de dispersão para superar curtas e longas distâncias, e que podem contribuir para a distribuição atual das migalomorfias com mais frequência do que se pensava anteriormente. Alguns grupos têm sua divisão posterior a separação Leste - Oeste do Gondwana, o que pode realmente refletir um conexão entre a América do Sul e a Austrália via Antártica que, presumivelmente, persistiu até 35ma (Sanmartín e Ronquist 2004). Até uma dispersão transoceânica foi relatada pela família Migidae (Harrison et al., 2017), sugerindo que a dispersão aérea pode explicar plausivelmente as distribuições disjuntas (Opatova et al., 2020). No estudo molecular e biogeográfico realizado por Opatova et al. (2020), através do modelo DEC (Dispersão-Extinção-Cladogênese), as estimativas de tempo de divergência sugerem que, tanto a antiga vicariância a nível continental, como eventos de dispersão mais recente, têm desempenhado um papel importante na formação dos padrões de distribuição atuais. Já foram descritos casos de balonismo também para as seguintes famílias de Mygalomorphae: Actinopodidae (Ferreti et al., 2013b), Atypidae (Bristowe, 1939; Coyle, 1983; Coyle et al., 1985) e Halonoproctidae (Coyle et al., 1985; Eberhard, 2006). Recentemente, Rossi et al. (no prelo), relatam o primeiro caso de balonismo para uma espécie de aranha da família Idiopidae, a *Neocteniza toba*, observado com espécime de cativeiro, em ambiente laboratorial.

Sendo assim o isolamento das áreas de endemismo, portanto das espécies, provavelmente são resultado de uma correlação de eventos, como por exemplo, o soerguimento de serras que formam os vales onde nascem os rios, ou áreas planas

sedimentadas que se tornam colonizadas, significando portanto que as barreiras geológicas evoluem junto com as biotas (Cox & Moore, 1993). A redução de cobertura florestal, refúgios formados nos períodos de retração da floresta, também se correlaciona com a maioria dos limites das áreas de endemismo delimitadas (DaSilva et al., 2015). Como visto na maioria dos estudos, as áreas muitas vezes têm histórias reticuladas em relação às espécies que vivem nelas (Brooks & McLennan, 2002). Contudo, a origem de todo os padrões biogeográficos nunca é completamente histórica nem completamente ecológica, mas o resultado de uma combinação de ambos os tipos de processos (Morrone & Crisci, 1995). Tal fato se dá devido a cada grupo de organismo possuir suas particularidades fisiológicas, biológicas e limitações geográficas, portanto o que poderia ser uma barreira para um grupo, não afetaria outro e vice-versa. Outro ponto importante é que barreiras podem sumir ao longo do tempo por diversos fatores, conseqüentemente perdendo o efeito de obstáculo para dispersão das biotas. Diferentes configurações da distribuição ancestral, antes dos eventos vicariantes, também ofuscam os padrões de segregação das áreas de endemismo, e das espécies que nelas habitam.

6. Conclusão

Realizar delimitação de área de endemismo, como unidade biogeográfica, para entender a atual distribuição das espécies é de extrema importância, pois as áreas propostas são marcadores de complexidade histórica de diversificação das espécies, indicando os prováveis eventos de separação dos organismos. Essas delimitações também podem ser ponto forte para escolha de áreas prioritárias de conservação, e também indicadores de áreas que precisam de mais estudos para conhecer a diversidade local, principalmente devido a grande deteriorização sofrida pelos diversos fatores (naturais e antrópicos) nos biomas atualmente.

As 12 áreas de endemismo finais delimitadas no presente estudo, corroboradas em outros trabalhos com outros organismos (plantas, vertebrados e artrópodes), indicam que provavelmente os mesmos eventos separaram as aranhas aqui estudados. São marcas históricas que podem ter influenciado diversos grupos de organismos, de forma e graus diferentes. Como visto, soerguimento de serras, chapadas e formações de rios são as principais ocorrências de isolamento de biota. Principais rios como o São Francisco, Rio Doce e Paraíba do Sul são os mais apontados como possíveis barreiras. No caso das regiões montanhosas, as serras são notadas como as possíveis barreiras, como as Serras do Espinhaço, Serra do Mar e Serra dos Órgãos. A expansão e retração florestal ligada a mudanças climáticas também são importante fator de separação de biota.

7. Referências Bibliográficas

- AAGESEN, L.; SZUMIK, C. & GOLOBOFF, P., 2013. Consensus in the search for areas of endemism. *Journal of Biogeography*. 40, 2011–2016.
- ALMEIDA, F.F.M. & CARNEIRO, C.D.R., 1998. Origem e evolução da Serra do Mar. *Revista Brasileira de Geografia*. 28, 135–150.
- AMORIM, D.S. & PIRES, M.R.S., 1996. Neotropical biogeography and a method for a maximum biodiversity estimation. In: Bicudo, C. E. M. & N. A. Menezes (eds) Biodiversity in Brazil. A first approach. pp. 183–219. Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico. São Paulo.
- AMORIM, D. S., 2009. Neotropical Diptera biogeography. In: Pape, R. & D. Bickel (eds) Diptera diversity: status, challenges and tools. Leiden, Boston e Brill.
- ANDRADE, B.O.; BONILHA, C.L.; OVERBECK, G.E.; VÉLEZ-MARTIN, E.; ROLIM, R. G.; BORDIGNON, S.A.L.; SCHNEIDER, A.A.; ELY, C.V.; LUCAS, D.B.; GARCIA, E.N.; SANTOS E.D.; TORCHELSEN, F.P.; VIEIRA, M.S.; SILVA FILHO, P.J.S.; FERREIRA, P.M.A.; TREVISAN, R.; HOLLAS, R.; CAMPETRINI; PILLAR, V.D. & BOLDRINI, I.I., 2018. Classification of South Brazilian grasslands: Implications for conservation. *Applied Vegetation Science*. 2019. 22:168–184. DOI: 10.1111/avsc.12413.
- AZEVEDO, L.P. & PEDROSO, D.R., 2010. Araneae, Dipluridae, *Trechona venosa* Latreille, 1832: First record for the state of Minas Gerais, Brazil, and distribution map. *Check list*. 6: 583-584.
- BELL, J.R.; BOHAN, D.A.; SHAW, E.M.; WEYMAN, G.S. & HRI, W., 2005. Ballooning dispersal using silk : world fauna, phylogenies, genetics and models. *Bulletin of Entomological Research*. 95: 69–114. DOI: 10.1079/BER2004350 PMID: 15877859.
- BERTANI, R. 2001. Revision, cladistic analysis, and zoogeography of *Vitalius*, *Nhandu*, and *Proshapalopus*; with notes on other Theraphosinae genera (Araneae, Theraphosidae). *Arquivos de Zoologia*. S. Paulo, 36 (3): 265–356.
- BERTANI, R. & SILVA JR, P.I., 2002. The first Mygalomorphae spider without spermathecae: *Sickius longibulbi*, with a revalidation of *Sickius* (Araneae, Theraphosidae, Ischnocolinae). *The Journal of Arachnology*. 30: 519-526.

- BERTANI, R.; FUKUSHIMA, C.S. & NAGAHAMA, R. H., 2006. A new species of *Neocteniza* Pocock, 1985 (Araneae, Idiopidae) from Brazil. *Zootaxa*.1202: 33-37.
- BERTANI, R. & FUKUSHIMA, C. S., 2009. Description of two new species of *Avicularia* Lamark 1818 and redescription of *Avicularia diversipes* (C.L.Koch 1842) (Araneae, Theraphosidae, Aviculariinae) – three possibly threatened Brazilian species. *Zootaxa*. 2223: 25-47.
- BERTANI, R.; SANTOS, T. & RIGHI, A.F., 2009. A new species of *Oligoxystre* Vellard, 1924 (Araneae, Theraphosidae) from Brazil. *Zookeys*. 5: 41-51.
- BERTANI, R.; NAGAHAMA, R. H. & FUKUSHIMA, C. S., 2011. Revalidation of *Pterinopelma* Pocock 1901 with description of a new species and the female of *Pterinopelma vitiosum* (Keyserling 1891) (Araneae: Theraphosidae: Theraphosinae). *Zootaxa*, [S.l.], v. 2814, n. 1, p. 1-18.
- BERTANI, R., 2012. Revision, cladistic analysis and biogeography of *Typhochlaena* C. L. Koch, 1850, *Pachistopelma* Pocock, 1901 and *Iridopelma* Pocock, 1901 (Araneae, Theraphosidae, Aviculariinae). *ZooKeys*, v. 230, p. 1-94.
- BERTANI, R.; NAGAHAMA, R. H. & FUKUSHIMA, C. S., 2012. *Vitalius nondescriptus* comb. nov. (Araneae: Theraphosidae: Theraphosinae): an example of theraphosid taxonomic chaos. *Zoologia*. 29: 467-473.
- BERTANI, R. & LEAL, F., 2016. A new species of *Pterinopelma* (Araneae: Theraphosidae) from the highlands of the state of Minas Gerais, Brazil and description of the male of *P. sazimai*. *Zoologia*, Curitiba, v. 33, n. 2, p. 1-9.
- BIZZI, L.A.; SCHOBENHAUS, C.; VIDOTTI, R.M. & GONÇALVES, J. H., 2003. Geologia, tectônica e recursos minerais do Brasil : texto, mapas & SIG. Brasília : CPRM, Serviço Geológico do Brasil, 692 p.
- BOND J. E., B. E. HENDRIXSON, C. A. HAMILTON, M. HEDIN. 2012. A Reconsideration of the Classification of the Spider Infraorder Mygalomorphae (Arachnida: Araneae) Based on Three Nuclear Genes and Morphology. *PloS One*. 7 (6): 1-11.
- BRAGAGNOLO, C.; NOGUEIRA, A. A.; PINTO-DA-ROCHA, R. & R. PARDINI, 2007. Harvestmen in an Atlantic forest fragmented landscape: evaluating

- assemblage response to habitat quality and quantity. *Biological Conservation*, 139 (3-4): 389-400.
- BRISTOWE, W.S., 1939. *The comity of spiders* (Vol. 1). London: Ray Society, 228 pp.
- BROOKS, D.R. & MCLENNAN, D.A., 2002. *The Nature of Diversity: An Evolutionary Voyage of Discovery*. University of Chicago Press. 676 pgs.
- BROWN, J.H. & LOMOLINO, M.V., 2006. *Biogeografia*. 2. ed. Ribeirão Preto, SP: FUNPEC. 691pgs.
- BRUNES, T.O.; SEQUEIRA, F.; HADDAD, C.F.B. & ALEXANDRINO, J., 2010. Gene and species trees of a Neotropical group of treefrogs: genetic diversification in the Brazilian Atlantic Forest and the origin of a polyploid species. *Molecular Phylogenetics Evolution*. 57:1120–1133.
- CABANNE, G.S.; SANTOS, F.R. & MIYAKI, C.Y., 2007. Phylogeography of *Xiphorhynchus fuscus* (Passeriformes, Dendrocolaptidae): vicariance and recent demographic expansion in southern Atlantic forest. *Biological Journal of the Linnean Society*. 91: 73-84.
- CANDOLLE, A.P. de, 1820. *Essai e le'ementaire de ge'ographie botanique*. Dictionnaire des sciences naturelles, Vol. 18. F. Levrault, Strasbourg.
- CARNAVAL, A.C.; HICKERSON, M.J.; HADDAD, C.F.B.; RODRIGUES, M.T.; MORITZ, C., 2009. Stability predicts genetic diversity in the Brazilian Atlantic forest hotspot. *Science*. 323:785–789.
- CARVALHO, L.S., 2017. *Sistemática e biogeografia das aranhas neotropicais da família Pholcidae (Arachnida, Araneae)*. Tese de Doutorado. Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG. 213pg.
- CASAGRANDA, M.D.; ROIG-JUÑENT, S. & SZUMIK, C.A., 2009. Endemismo a diferentes escalas espaciales: un ejemplo com Carabidae (Coleoptera: Insecta) de América del Sur austral. *Revista Chilena de Historia Natural*. 82, 17–42.
- CASAGRANDA, M.D.; TAHER, L. & SZUMIK, C., 2012. Endemicity analysis, parsimony and biotic elements: a formal comparison using hypothetical distributions. *Cladistics*. (1) 1-10. DOI: 10.1111/j.1096-0031.2012.00410.x.
- CASAGRANDA, M.D. & GROSSO, M.S.L., 2013. *Areas of Endemism: Methodological and Applied Biogeographic Contributions from South*

- America. In: Current Progress in Biological Research. Cap I. 1-18. DOI: 10.5772/55482.
- CASTUEIRA-OLIVEIRA, L.; OLIVEIRA-FILHO, A.T. & EISENLOHR, P.V., 2020. Emerging hotspots of tree richness in Brasil. *Acta Bontânica Brasileira*. vol 34 (1). DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0102-33062019abb0152>.
- CODDINGTON, J.A.; GRISWOLD, C.E.; SILVA DÁVILA, D.; PEÑARANDA, E. & LARCHER, S.F., 1991. Designing and testing sampling protocols to estimate biodiversity in tropical ecosystems. In *The unity of evolutionary biology: Proceedings of the Fourth International Congress of Systematic and Evolutionary Biology* (ed. E. C. Dudley), pp. 44-60. Dioscorides Press. Portland, Oregon.
- COSTA, W. J. E. M., 1995. Pearl killifishes. The Cynolebiatinae. Systematics and biogeography of the neotropical annual fish subfamily (Cyprinodontiformes: Rivulidae). *T.H.F. Publications LTDA.*, Neptune City.
- COSTA, L.P., FONSECA, G.A.B. & FONSECA, M.T., 2000. Biogeography of South America forest mammals: endemism and diversity in the Atlantic Forest. *Biotropica*, 32(4b): 872-881.
- COX, C.B. & MOORE, P.D., 1993. Biogeography: an ecological and evolutionary approach (5th edn). Oxford. *Blackwell Scientific Publications*. 326 pp. ISBN 0 632 02967 6.
- COYLE, F.A., 1983. Aerial dispersal by mygalomorph spiderlings (Araneae, Mygalomorphae). *Journal of Arachnology*, 11, 283–286.
- COYLE, F.A.; GREENSTONE, M.H.; HULTSCH, A.L. & MORGAN, C.E., 1985. Ballooning mygalomorphs: Estimates of the masses of *Sphodros* and *Ummidia* ballooners (Araneae: Atypidae, Ctenizidae). *Journal of Arachnology*, 13, 291–296.
- CRISCI, J. V., 2001. The voice of historical biogeography. *Journal of Biogeography*, 28, 157-168.
- CRISCI, J.V.; KATINAS L. & POSADAS P., 2003. Historical Biogeography. *Harvard University Press*, Cambridge. 54, 2: 338-340.

- DASILVA, M.B., 2008. Biogeografia de opiliões Gonyleptidae da Mata Atlântica, com revisão sistemática de Hernandariinae (Arachnida, Opiliones). Tese de Doutorado, Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo.
- DASILVA, M. B., 2011. Áreas de endemismo: as espécies vivem em qualquer lugar, onde podem ou onde historicamente evoluíram?. *Revista da Biologia*. Vol. Esp. Biogeografia. São Paulo, pp. 12-17.
- DASILVA, M.B. & PINTO-DA-ROCHA, R., 2011. História Biogeográfica da Mata Atlântica: Opiliões (Arachnida) como Modelo para sua Inferência. In: C.J.B Carvalho & E. Almeida (Eds.), *Biogeografia da América do Sul: padrões e processos*. Ed. Roca, São Paulo, p. 221–238.
- DASILVA, M.B.; PINTO-DA-ROCHA, R. & DESOUZA, A.M., 2015. A protocol for the delimitation of areas of endemism and the historical regionalization of the Brazilian Atlantic Rain Forest using harvestmen distribution data. *Cladistics* 31:692–705.
- DA SILVA, M. B.; PINTO-DA-ROCHA, R. & MORRONE, J.J., 2017. Historical relationships of areas of endemism of the Brazilian Atlantic rain forest: a cladistic biogeographic analysis of harvestman taxa (Arachnida: Opiliones). *Current Zoology*, 2017, 63(5), 525–535. DOI: 10.1093/cz/zow092.
- DEO, A. J. & R. DESALLE, 2006. Nested areas of endemism analysis. *Journal of Biogeography*, 33 (9): 1511-1526.
- D’HORTA, F.M.; CABANNE, G.S.; MEYER, D. & MIYAKI, C.Y., 2011. The genetic effects of Late Quaternary climatic changes over a tropical latitudinal gradient: diversification of an Atlantic Forest passerine. *Molecular Ecology*. 20, 1923–1935.
- EBACH, M.C. & HUMPHRIES, C.J., 2002. Cladistic biogeography and the art of discovery. *Journal of Biogeography*. 29:427–444.
- EBACH, M.C. & GOUJET, D.F., 2006. The first biogeographical map. *Journal of Biogeography*. 33(5):761-769.
- EBERHARD, W.G., 2006. Dispersal by *Ummidia* spiderlings (Araneae, Ctenizidae): ancient roots of aerial webs and orientation? *Journal of Arachnology*. 34, 254–257. <https://DOI.org/10.1636/S03-54.1>

- ECHTERNACHT, L.; TROVÓ, M.; OLIVEIRA, C.T. & PIRANI, J. R., 2011. Areas of endemism in the Espinhaço, o Range in Minas Gerais. Brazil. *Flora* (2011). DOI:10.1016/j.flora.2011.04.003.
- ESRI, 2007. ArcGIS Desktop®. http://www.esri.com/software/arcgis/about/desktop_gis.html
- FABIANO-DA-SILVA, W.; GUADANUCCI, J. P. L. & DASILVA, M. B., 2019. Taxonomy and phylogenetics of *Tmesiphantes* Simon, 1892 (Araneae, Theraphosidae). *Systematics and Biodiversity*. 17(7): 650-668. DOI:10.1080/14772000.2019.1685021
- FERREIRA, M.N., 2007. A importância do Jalapão na conservação do cerrado brasileiro. Disponível em: <<http://www.pequi.org.br/Ferreira.pdf>. Acesso 10.III.2020.
- FERRETTI, N.; GONZÁLES, A. & PÉREZ-MILLES, F., 2012. Historical biogeography of Mygalomorphae spiders from the peripampasic orogenic arc based on track analysis and PAE as a panbiogeographical tool. *Systematics and Biodiversity*, 10:2, 179-193. DOI: 10.1080/14772000.2012.694375.
- FERRETTI, N.; POMPOZZI, G.; COPPERI, S. & SCHWERDT, L., 2013b. Aerial dispersal by *Actinopus* spiderlings (Araneae: Actinopodidae). *Journal of Arachnology*, 41, 407–408. <https://DOI.org/10.1636/J13-27.1> .
- FOELIX, R. F. 2010. Biology of Spiders. Oxford University, 432 p.
- FUKAMI, C.Y.; LUCAS, S.M. & INDICATTI, R.P., 2004. Primeiro registro do gênero *Neocteniza* Pocock, 1895 para o Brasil (Araneae, Mygalomorphae, Idiopidae, Genysinae). *Revista Ibérica de Aracnologia*. 9: 30.
- FUKUSHIMA, C.S.; NAGAHAMA, R.H. & BERTANI, R., 2008. The identity of *Mygale brunnipes* C.L. Kock 1842 (Araneae, Theraphosidae), with a redescription of the species and the description of a new genus. *The Journal of Arachnology*. 36: 402-410.
- FUKUSHIMA, C. S. & BERTANI, R., 2017. Taxonomic revision and cladistic analysis of *Avicularia* Lamarck, 1818 (Araneae, Theraphosidae, Aviculariinae) with description of three new aviculariine genera. *ZooKeys*. v. 659, n. 1, p. 1-185.

- FUKUSHIMA, C.S. & BERTANI, R., 2018. Two new species of *Guyruita* Guadanucci et al., 2007 (Araneae, Theraphosidae) from Brazil. *Zootaxa*. 4370 (4): 395-408.
- GALETTI-LIMA, A.; INDICATTI, R.P. & GUADANUCCI, J.P.L., 2021. *Catumiri* Guadanucci, 2004: New diagnosis, first description of female of *C. petropolium* Guadanucci, 2004 and new records of the genus for Brazil and Uruguay (Theraphosidae: Ischnocolinae). *Arachnology*. 18 (8): 844-848.
- GARRAFONI, A. R. S.; MOURA, F. R. & LOURENÇO, A. P., 2017. Areas of endemism in the Atlantic Forest: quantitative biogeography insights from orchid bees (Apidae: Euglossini). *Apidologie Original article. INRA, DIB and Springer-Verlag*. France. DOI: 10.1007/s13592-017-0494-6.
- GOLDANI, A.; CARVALHO, G.S. & BICCA-MARQUES, J.C., 2006. Distribution patterns of Neotropical primates (Platyrrhini) based on parsimony analysis of endemism. *Brazilian Journal of Biology*. 66, 61–74.
- GOLOBOFF, P. 1999. Nona, version 2.0. Available at: http://www.cladistics.com/about_nona.htm.
- GOLOBOFF, P. 2004. NDM/VNDM, ver. 2.5. Programs for identification of Áreas of endemism. Publicado pelo autor, Tucumán, Argentina. Disponível em: www.zmuc.dk/public/phylogeny/endemism/
- GONZALEZ-FILHO, H.M.O.; LUCAS, S.M.; PAULA, F.S.; INDICATTI, R.P. & BRESCOVIT, A.D., 2012. On the taxonomy of *Acanthoscurria* Ausserer from Southeastern Brazil with Data on the Natural History of *A.gomesiana* Mello-Leitão (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae). *International Journal of Zoology*. 2012: 11p. DOI: 10.1155/2012/721793.
- GONZALEZ-FILHO, H. M.; LUCAS, S. M.; BRESCOVIT, A. D., 2015. A revision of *Neodiplothele* (Araneae: Mygalomorphae: Barychelidae). *Zoologia*, Curitiba, v. 32, n. 3, p. 225-240.
- GONZALEZ-FILHO, H. M., 2017. Revisão e análise cladística dos gêneros de Sasoninae Simon, 1887 (Araneae, Mygalomorphae, Barychelidae). Dissertação de Mestrado em Ciências Biológicas (Zoologia) - Universidade de São Paulo.
- GUADANUCCI, J. P. L. 2004. Description of *Catumiri* n. gen. and three new species (Theraphosidae: Ischnocolinae). *Zootaxa*, 671: 1-14.

- GUADANUCCI, J. P. L. & INDICATTI, R. P. 2004. Redescription of *Fufius funebris* Vellard, 1924 and description of *Fufius lucasae* sp. n. with comments on *Ctenochelus maculatus* Mello-Leitão, 1923 (Mygalomorphae, Cyrtaucheniidae). *Revista Ibérica de Aracnología* 10: 255-259.
- GUADANUCCI, J. P. L., 2007. A revision of the Neotropical spider genus *Oligoxystre* Vellard, 1924 (Theraphosidae, Ischnocolinae). *Zootaxa*. v. 1555, p. 1-20.
- GUADANUCCI, J. P. L.; LUCAS, S.L.; INDICATTI, R.P. & YAMAMOTO, F.U., 2007. Description of *Guyruita* gen. nov. and two new species (Ischnocolinae, Theraphosidae). *Revista Brasileira de Zoologia*. v. 24, n. 4, p. 991-996.
- GUADANUCCI, J.P.L., 2011. Cladistic analysis and biogeography of the genus *Oligoxystre* Vellard 1924 (Araneae: Mygalomorphae: Theraphosidae). *The Journal of Arachnology*. 39: 320–326.
- GUADANUCCI, J. P. L. & SILVA, W. F., 2012. Two new species of *Tmesiphantes* Simon (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae) from the state of Minas Geras, Brazil. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*. 47: 139-145.
- GUADANUCCI, J.P.L. 2014. Biogeografia de aranhas Mygalomorphae da Mata Atlântica: análise de trações e endemidade. Resumos do IV Congresso Latinoamericano de Aracnología, Morélia, México, 2014.
- GUADANUCCI, J. P. L.; FONSECA-FERREIRA, R; BAPTISTA, R.L.C. & PEDROSO, D.R., 2016 An unusual new species of *Trechona* (Araneae: Mygalomorphae: Dipluridae), from quartzitic caves of the Diamantina Plateau, Minas Gerais, Brazil, with a key to the known species. *Journal of Natural History*. v. 50, n. 39-40, p. 2487-2497.
- GUEDES, T. B.; SAWAYA, R. J. & NOGUEIRA, C. C., 2014. Biogeography, vicariance and conservation of snakes of the neglected and endangered Caatinga region, north-eastern Brasil. *Journal of Biogeography*. 41, 919-931.
- GUTIÉRREZ, E. E. & MARINHO-FILHO, J., 2017. The mamalian faunas endemic to Cerrado and the Caatinga. *Zookeys*. 644: 105-157.
- HAROLD, A.S. & MOOI, R.D., 1994. Areas of endemism: definition and recognition criteria. *Systematic Biology*, 43(2): 261-266.

- HARVEY, M.S., 2002. The neglected cousins: What do we know about the smaller arachnid orders? *The Journal of Arachnology*, 30: 357–372.
- Hausdorf, B. 2002. Units in biogeography. *Systematic Biology*, 51(4): 648–652.
- HARRISON S.E.; HARVEY, M.S.; COOPER, S.J.; AUSTIN, A.D. & RIX, M.G., 2017. Across the Indian Ocean: a remarkable example of trans-oceanic dispersal in an australmygalomorph spider. *PLoS One*. 12:e0180139.
- HAUSDORF, B., 2002. Units in biogeography. *Systematic Biology*, 51(4): 648–652.
- HAUSDORF, B. & C. HENNING, 2003. Biotic elements analysis in biogeography. *Systematic Biology*, 52(5): 717–723.
- HEDIN, M.; DERKARABETIAN, S.; RAMÍREZ, M.; VINK, C. & BOND, J., 2018a. Phylogenomic reclassification of the world's most venomous spiders (Mygalomorphae, Atracinae), with implications for venom evolution. *Scientific Reports*.
- HEDIN, M.; DERKARABETIAN, S.; ALFARO, A.; RAMÍREZ, M. & BOND, J., 2019. Phylogenomic analysis and revised classification of Atypoid Mygalomorphae spiders (Araneae, Mygalomorphae), with notes on arachnid ultraconserved element loci. *Peer-Reviewed & Open Access*.
- HOFMEISTER, C.H. & FERRARI, A., 2016. Areas of endemism of arthropods in the Atlantic Forest (Brazil): an approach based on a metaconsensus criterion using endemicity analysis. The Linnean Society of London, *Biological Journal of the Linnean Society*. 119, 126–144.
- HUMPHRIES, C.J. & PARENTI, L.R., 1999. Cladistic biogeography. Interpreting patterns of plant and animal distributions. (2° ed.). *Oxford University Press*. New York.
- HUMPHRIES, C.J., 2001. Form, space and time: which comes first? *Journal of Biogeography*. 27, 11-15. DOI: [10.1046.j.1365-2699.2000.00378.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-2699.2000.00378.x).
- INDICATTI, R.I. & LUCAS, S.M., 2005. Description of a new genus of Nemesiidae (Araneae, Mygalomorphae) from the Brazilian Cerrado. *Zootaxa*. 1088: 11-16.
- INDICATTI, R. P.; LUCAS, S.M.; GUADANUCCI, J.P.L. & YAMAMOTO, F.U., 2008a. Revalidation and revision of the genus *Magulla* Simon 1892 (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae). *Zootaxa*. v. 1814, p. 21-36.

- INDICATTI, R. P., LUCAS, S. M., OTT, R. & BRESCOVIT, A. D., 2008b. Litter dwelling mygalomorph spiders (Araneae: Microstigmatidae, Nemesiidae) from *Araucaria* forests in southern Brazil, with the description of five new species. *Revista Brasileira de Zoologia*. 25: 529-546.
- INDICATTI, R.P. 2011. Análise cladística de Pycnothelinae e revisão de *Rachias* Simon, 1892 (Araneae, Mygalomorphae, Nemesiidae). Tese apresentada no Programa de Pós-graduação em Biologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 167 pp.
- INDICATTI, R.P.; CHAVARI, J.L.; ZUCATELLI-JR, M.; LUCAS, S.M. & BRESCOVIT, A.D., 2017. Six new species of silk-lined burrow spider genus *Stenoterommata* Holmberg, 1881 (Araneae, Nemesiidae) from southern Brazil. *Zootaxa*. 4254 (4): 435-456.
- IPPI, S. & FLORES, V., 2001. Las Tortugas Neotropicales y sus Áreas de Endemismo. *Acta Zoologica Mexicana*, (n.s.) 84: 49-63.
- LAGO-BARCIA, D.; DASILVA, M.B.; CONTI, L.A. & CARBAYO, F., 2020. Areas of endemism of land planarians (Platyhelminthes: Tricladida) in the Southern Atlantic Forest. *PLoS ONE*. 15(7): e0235949. <https://DOI.org/10.1371/journal>.
- LIMA, D.A., 2007. Estudos Fitogeográficos de Pernambuco. Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica, Recife, vol. 4, p. 243–274. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/34635/1/AAPCA-V4-Artigo-01.pdf>.
- LINDER, H. P., 2001. On areas of endemism, with an example from the African Restionaceae. *Systematic Biology*, 50(6): 892-912.
- LOURENÇO, W. R., 2002. Scorpions of Brazil. Paris: Les Editions de l'IF. 320p.
- LUCAS, S. M.; INDICATTI, R. P.; FUKAMI, C. Y., 2005. Redescrição de *Prorachias bristowei* Mello-Leitão, 1924 (Araneae, Mygalomorphae, Nemesiidae). *Biota Neotropica*. v. 5, n. 1A, p. 201-206.
- LUCAS, S., M. & R. P. INDICATTI., 2006. On the genus *Psalistopoides* Mello-Leitão (Araneae, Mygalomorphae, Nemesiidae). *Revista Brasileira de Zoologia (Curitiba)*. v. 23, n. 2, 547-549.

- LUCAS, S.M.; PASSANHA, V.; JANINI, C.R.V. & INDICATTI, R.P., 2008. On the genus *Neostothis* Vellard (Araneae, Nemesiidae). *The Journal of Arachnology*. 36: 472-475.
- LUCAS, S. M., PAULA, F. dos S., GONZALES F., H. M. O. & BRESCOVIT, A. D., 2010. Redescription and new distribution records of *Acanthoscurria paulensis* (Araneae: Mygalomorphae: Theraphosidae). *Zoologia (Curitiba)* 27: 563-568.
- LUCAS, S.M.; GONZALEZ-FILHO, H.M.O.; PAULA, F.S.; GABRIEL, R. & BRESCOVIT, A.D., 2011. Redescription and new distribution records of *Acanthoscurria natalensis* (Araneae: Mygalomorphae: Theraphosidae). *Sociedade Brasileira de Zoologia*. 28 (4): 525-530.
- LUCAS, S.L. & INDICATTI, R.P., 2015. Revalidation of *Dolichothele* Melo-Leitão and notes on *Haplotremus* Simon (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae). *Studies on Neotropical Fauna and Environment*. 50 (3): 204-212.
- LUCAS, S. M.; PASSANHA, V. & Brescovit, A. D., 2020. New combination and redescription of *Bumba humile*, description of four new species and new records from Brazil (Araneae: Theraphosidae: Theraphosinae). *Zoologia*. 37(e46744): 1-17. DOI:10.3897/zoologia.37.e46744
- MALINOV, I. K., 2017. Descrição de três espécies novas de *Neocteniza* Pocock, 1895 e redescção da fêmea de *Idiops* Camelus (Mello-Leitão, 1937) (Araneae: Mygalomorphae: Idiopidae). vi, 47 f., il. Dissertação de Mestrado (Zoologia). Universidade de Brasília, Brasília.
- MAST, A.R. & NYFFELER, R., 2003. Using a null model to recognize significant co-occurrence prior to identifying candidate areas of endemism. *Systematic Biology*. 52(2): 271-280.
- MIGLIO, L.T. 2009. Taxonomia das espécies brasileiras de *Actinopus* Perty, 1833 (Araneae, mygalomorphae, Actinopodidae). Dissertação de mestrado. Universidade Federal do Pará, Belém.
- MIGLIO, L. T., 2014. Revisão taxonômica do gênero *Actinopus* Perty, 1883, com a descrição de quatro espécies novas de *Missulena* Walckenaer, 1805 (Araneae, Mygalomorphae, Actinopodidae). 500 p. Tese de Doutorado (Zoologia) - Universidade Federal do Pará, Belém.

- MOLINE, P.M. & LINDER, H.P., 2006. Input data, analytical methods and biogeography of *Elegia* (Restionaceae). *Journal of Biogeography*. 33, 47– 62.
- MORI, A. & BERTANI, R. 2016. On the genus *Cosmopelma* Simon, 1889 (Araneae, Barychelidae). *Zootaxa* 4137(4): 520-534.
- MORRONE, J.J., 1994. On the identification of Áreas of Endemism. *Systematic Biology*, 43(3): 438–441.
- MORRONE, J.J., 2001a. Homology, biogeography and areas of endemism. *Diversity and Distributions*, 7: 297-300.
- MORRONE, J.J., 2001b. Biogeografía de América Latina y el Caribe. Manuales y Tesis SEA, 3, Zaragoza.
- MORRONE, J.J., 2009. Evolutionary Biogeography: An Integrative Approach with Case Studies. New York: *Columbia University Press*.
- MORRONE, J.J., 2014. Cladistic biogeography of the Neotropical region: identifying the main events in the diversification of the terrestrial biota. *Cladistics*. 30:202–214.
- MORRONE, J.J. & CRISCI, J.V., 1995. Historical biogeography: introduction to methods. *Annu. Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*. 26, 373–401.
- MORRONE, J.J. & ESCALANTE, T., 2002. Parsimony analysis of endemism (PAE) of Mexican terrestrial mammals at different area units: when size matters. *Journal of Biogeography*. 29: 1095-1104.
- MÜLLER, P., 1973. The dispersal centers of terrestrial vertebrates in the Neotropical realm. Dr. W. Junk B. V., *Publishers*, The Hague.
- MYERS, N.; MITTERMEIER, R.A.; MITTERMEIER, C.G.; FONSECA, G.A.B. & KENT, J., 2000. Biodiversity Hotspots for Conservation Priorities. *Nature*. 403: 853–858.
- NAGAHAMA, R. H., 2010. Revisão e análise cladística do gênero *Plesiopelma* Pocock, 1901 (Araneae, Theraphosidae). 2010. 119 f. Dissertação de Mestrado (Biotecnologia). Universidade de São Paulo, São Paulo.
- NELSON, G. & PLATNICK, N.I., 1981. Systematics and biogeography: cladistics and vicariance. *Columbia University Press*, New York. 582pp.

- NEW, T.R., 1999. Untangling the web: spiders and the challenges of invertebrate conservation. *Journal of Insect Conservation*. 3: 251–256.
- NIXON, K.C., 1999. Winclada (BETA) ver. 0.9.9. Publicado pelo autor, Ithaca, New York, USA.
- NOGUEIRA, A.A.; PINTO–DA–ROCHA, R. & BRESCOVIT, A.D., 2006. Comunidade de aranhas orbitelas (Araneae, Arachnida) na Região da Reserva Florestal do Morro Grande, Cotia, São Paulo, Brasil. *Biota Neotropica*. (6) 2: 1–24.
- OLIVEIRA, U.; BRESCOVIT, A.D. & SANTOS, A.J., 2015. Delimiting Áreas of Endemism through Kernel Interpolation. *PLoS ONE*. 10(1): e0116673. DOI:10.1371/ journal.pone.0116673.
- OPATOVA, V.; HAMILTON, C.A.; HEDIN, M.; OCA, L. M.; KRÁL, J. & BOND, J., 2020. Phylogenetic Systematics and Evolution of the Spider Infraorder Mygalomorphae Using Genomic Scale Data. *Systematic Biology*. 0(0):1–37. DOI:10.1093/sysbio/syz064.
- ORTEGA, D.R.M.; NAGAHAMA, R.H.; MOTTA, P.C. & BERTANI, R., 2013. Three new species of *Fufius* Simon, 1888 (Araneae, Cyrtaucheniidae) from Brazil with the redescription of *Fufius funebris* Vellard, 1924 and description of the female of *Fufius lucase* Guadanucci & Indicatti, 2004. *Zookeys*. 352: 93–116.
- PASSANHA, V.; INDICATTI, R.P., BRESCOVIT, A.D. & LUCAS, S.M., 2014. Revision of the spider genus *Pycnothele* (Araneae, Nemesiidae). *Iheringia, Série Zoologia*. Porto Alegre. 104 (2): 228–251.
- PASSANHA, V.; CIZAUSKAS, I.; BRESCOVIT, A. D., 2019. A new genus of Micromygalinae (Araneae, Microstigmatidae) from Brazil, with transfer of *Masteria emboaba* Pedroso, Baptista & Bertani, 2015 and description of six new species. *ZooKeys*. v. 814, p. 1–32.
- PEDROSO, D. R.; BAPTISTA, R. L. C., 2004. Redescription of *Trechona venosa* (Latreille, 1832) and designation of its neotype (Araneae: Dipluridae). *Revista Ibérica de Aracnologia*. n. 10, p. 149–156.

- PEDROSO, D.R.; BAPTISTA, R.L.C. & FERREIRA, P.S.F., 2008. *Trechona rufa* (Araneae, Dipluridae): new status, redescription and neotype designation with notes on the genus. *The Journal of Arachnology*. 36: 360-367.
- PEDROSO, D. R., 2009. Revisão da taxonomia e distribuição do gênero *Trechona* C. L. Koch, 1850 (Arachnida: Araneae: Dipluridae). 2009. 100 f. Dissertação de Mestrado (Biologia Animal) – Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.
- PEDROSO, D. R.; MIRANDA, G. S.; BAPTISTA, R. L. C., 2018. Further advancements in the taxonomy of *Trechona* spiders (Araneae: Dipluridae): two new species, redescription of *Trechona uniformis* Mello-Leitão, 1935, additions to descriptions of *Trechona rufa* Vellard, 1924 and *Trechona venosa* (Latreille, 1832) and key to the species. *Austral Entomology*. p. 1-16.
- PELLEGRINO, K. C. M.; RODRIGUES, M. T.; WAITE, A. N.; MORANDO, M.; YASSUDA, Y. Y. & W. SITES, J. Jr., 2005. Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwinii* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river systems in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of the Linnean Society*. 85: 13-26.
- PÉREZ-MILES, F.; BONALDO, A. B. & MIGLIO, L. T., 2014. *Bumba*, a replacement name for *Maraca* Pérez-Miles, 2005 and *Bumba lennoni*, a new tarantula species from western Amazonia (Araneae, Theraphosidae, Theraphosinae). *ZooKeys*. 448: 1-8. DOI:10.3897/zookeys.448.7920
- PETRI, S. & FÚLFARO, V.J., 1998. Geologia do Brasil. T. A. Queiroz Editor Ltda. Livros Técnicos e Científicos Editora S.A. Rio de Janeiro, RJ. 283 p.
- PINTO-DA-ROCHA, R.; DA SILVA, M.B. & BRAGAGNOLO, C., 2005. Faunistic similarity and historical biogeography of the harvestmen of southern and southeastern Atlantic Rain Forest of Brazil. *The Journal of Arachnology*. 33: 290–299.
- PLATNICK, N.I., 1991. On areas of endemism. *Australian Systematic Botany*, 4: 11-12.
- PLATNICK, N.I. & GERTSH, W. J., 1976. The Suborders of Spiders: a cladistic analysis. *American Museum Novitates*. 2607: 1–15.
- PORTO, T.J.; Carnaval, A.C. & Rocha, P.L.B., 2013. Evaluating forest refugial models using species distribution models, model filling and inclusion: a case

- study with 14 Brazilian species. *Diversity and Distributions* 19: 330–340 (doi: 10.1111/j.1472-4642.2012.00944.x).
- PRANCE, G.T., 1982. Forest refuges: evidence from woody angiosperms. *In*: Prance, G.T. (eds) *Biological diversification in the tropics*. pp. 137-158. *Columbia University Press*, New York.
- PREVEDELLO, J.A. & CARVALHO, C.J.B., 2006. Conservação do Cerrado brasileiro: o método pan-biogeográfico como ferramenta para a seleção de áreas prioritárias. *Natureza & Conservação*. 4(1): 39-57.
- PROBIO, 2002 – Projeto de Conservação e Utilização Sustentável da Diversidade Biológica Brasileira, 2002. Avaliação e identificação de áreas prioritárias para a conservação, utilização sustentável e repartição dos benefícios da biodiversidade nos biomas brasileiros. Brasília. MMA/SBF, 404p.
- RAVEN, R.J., 1985. The spider infraorder Mygalomorphae (Araneae) : cladistics and systematics. *Bulletin of the AMNH* ; v. 182, article 1.
- REVOLLO, I.S., 2016. Revisão taxonômica e análise cladística do gênero *Dolichothele* Mello-Leitão, 1923 (Araneae, Theraphosidae). Dissertação de mestrado. Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, câmpus São José do Rio Preto.
- REVOLLO, I.S.; SILVA JR, P.I. & BERTANI, R., 2017. Two new *Dolichothele* Mello-Leitão, 1923 species from Brazil and Bolivia (Araneae, Theraphosidae). *Zookeys*. 724: 1-20.
- ROSEN, B.R., 1988. From fossils to earth history: applied historical biogeography. Analytical biogeography: an integrated approach to the study of animal and plant distributions (ed. by A.A. Myers and P.S. Giller), pp. 437–481. *Chapman and Hall*, London.
- ROSS, J.L.S., 1992. O registro cartográfico dos fatos Geomórficos e a questão da taxonomia do relevo. *Revista do Departamento de Geografia/FFLCH/USP*, n.º 6, 17-29.
- ROSS, J.L.S., 2005. Geografia do Brasil. São Paulo: EDUSP.
- ROSSI, G.F.; MONTEMOR, V.M.; GUADANUCCI, J.P.L. & DA SILVEIRA, N., (submetido). Historical climatic condition of spiders oh the genus *Trechona*

- C.I. Kock, 1850 (Dipluridae, Mygalomorphae): from the surface to the underground. *Journal of Natural History*.
- ROSSI, G.F.; GHIROTTI, V.M.; GALLETI-LIMA, A.; INDICATTI, R.P. & GUADANUCCI, J.P.L. (no prelo). “Flying” or digging? The trap door spider genus *Neocteniza* Pocock, 1895: Redescription of three species, new records from Brazil, notes on natural history and first record of ballooning for Idiopidae (Araneae, Mygalomorphae). *Zootaxa*.
- SAADI, A., 1993. Neotectônica da plataforma brasileira. *Geonomos* 1: 1–15.
- SANMARTÍN, 2012. Historical biogeography: evolution in time and space. *Evolution Education Outreach* 5:555–568.
- SANMARTÍN, I. & RONQUIST, F., 2004. Southern Hemisphere Biogeography Inferred by Event-Based Models: Plant versus Animal Patterns. *Systematic Biology*. 53(2):216–243. DOI: 10.1080/10635150490423430.
- SANTOS, A.M.M.; CAVALCANTI, D.R.; SILVA, J.M.C. & TABARELLI, M., 2007. Biogeographical relationships among tropical forests in north-eastern Brazil. *Journal of Biogeography*, 34: 437-446.
- SCHMIDT, K.P. & INGER, R.F., 1951. Amphibians and reptiles of the Hopkins-Branner Expedition to Brazil. *Fieldiana. Zoology* 31: 439–465.
- SIGRIST, M.S. & CARVALHO, C.J.B., 2008. Detection of areas of endemism on two spatial scales using Parsimony Analysis of Endemicity (PAE). the Neotropical region and the Atlantic Forest. *Biota Neotropica* 8(4) <http://www.biotaneotropica.org.br/v8n4/en/abstract?article+bn00308042008>.
- SILVA, J. M. C.; SOUSA, M.C. & CASTELLETTI, C.H.M., 2004. Areas of endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South America. *Global Ecology and Biogeography*. 13: 85-92.
- SILVA, J.M.C. & CASTELI, C.H.M., 2005. Estado da biodiversidade da Mata Atlântica brasileira In: Galindo–Leal C, Câmara IG, editors. *Mata Atlântica: Biodiversidade, Ameaças e Perspectivas*.
- SOBRAL-SOUZA, T.; LIMA-RIBEIRO, M.S. & SOLFERINI, V.N., 2015. Biogeography of Neotropical Rainforest: past connections between Amazon and Atlantic Forest detected by ecological niche modeling. *Evolutionary Ecology*. 29: 643-655.

- STATTERSFIELD, A.J.; CROSBY, M.J.; LONG, A.J. & WEGE, D.C., 1998. Endemic Bird Areas of the World: Priorities for Biodiversity Conservation. BirdLife Conservation Series No. 7. *BirdLife International*, Cambridge, UK.
- SZUMIK, C.A.; CUEZZO, F.; GOLOBOFF, P. & CHALUP, A.E., 2002. An optimality criterion to determine areas of endemism. *Systematic Biology*. 51(5): 806-816.
- SZUMIK, C.A. & GOLOBOFF, P., 2004. Areas of endemism: improved optimality criteria. *Systematic Biology*. 53(6): 968-977.
- THOMÉ, M.T.C.; ZAMUDIO, K.R.; GIOVANELLI, J.G.R; HADDAD, C.F.B.; BALDISSERA, F.A. Jr & ALEXANDRINO, J., 2010. Phylogeography of endemic toads and post-Pliocene persistence of the Brazilian Atlantic Forest. *Molecular Phylogenetics Evolution*. 55:1018–1031.
- VANZOLINI, P.E., 1963. Problemas faunísticos do Cerrado, p. 307–320. In: Ferri, M. G. (ed.), *Simpósio sobre o Cerrado*. São Paulo, Universidade de São Paulo, 469 p.
- WORLD SPIDER CATALOG. 2019/ 2020. <http://www.wsc.nmbe.ch/>
- YAMAMOTO, F.U.; LUCAS, S.M.; GUADANUCCI, J.P.L. & INDICATTI, R.P., 2007. Revision of the genus *Tmesiphantes* Simon (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae). *Revista Brasileira de Zoologia*. 24(4): 971-990.
- YAMAMOTO, F. U., 2008. Revisão Taxonômica e Análise Filogenética do gênero *Homoeomma* Ausserer 1871(Araneae, Theraphosidae). Dissertação de Mestrado. Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. Departamento de Zoologia.
- YAMAMOTO, F. U.; LUCAS, S. M.; BRESCOVIT, A. D., 2012. *Catanduba*, a new Theraphosinae spider genus from Central Brazil (Araneae, Theraphosidae). *Zootaxa*. v. 3172, p. 1-19.
- YAMAMOTO, F. U., 2013. Revisão taxonômica e análise filogenética do gênero *Idiops* Perty, 1833 (Araneae, Idiopidae). Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

CAPÍTULO II.

Biogeografia Cladística: relação histórica entre as áreas de endemismo delimitadas para aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes

Resumo

A Biogeografia Cladística apresenta conceitos e métodos capazes de detectar a congruência entre dados distribucionais e filogenéticos de diversos táxons, e essas relações filogenéticas entre os táxons e suas distribuições estão intimamente ligadas. O padrão comum dos cladogramas gerais de áreas podem representar uma história comum entre os organismos. Baseado em sete filogenias em nível específico, de duas famílias de Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, Nemesiidae e Theraphosidae, buscou-se congruências nas relações históricas das 12 áreas de endemismo delimitadas no capítulo I deste estudo. Cladogramas de áreas gerais foram construídos, elaborando uma matriz para cada método, usando o método de Parcimônia de Brooks (BPA1°) e métodos comparativos: BPA de nós (BPAn) dos cladogramas filogenéticos substituindo as espécies pelas áreas, sub-árvores livres de paralogias (áreas redundantes) (PF), nós paralógicos (Pn) (com informações dos nós dos cladogramas filogenéticos) e com as amplilocadas (WS), para obter um resultado mais robusto. As análises resultaram 13 cladogramas gerais, onde BPA1° encontrou um cladograma de áreas, BPAn encontrou quatro cladogramas, sub-árvores livres de paralogias (PF) encontraram seis cladogramas. As metodologias de nós paralógicos (Pn - um cladograma), e amplilocadas (WS - um cladograma) uma cada, e foram utilizadas para calcular ILD (Incongruence test), que não mostrou incongruência entre os cladogramas resultantes. Através de um consenso de maioria dos 13 cladogramas resultantes das diferentes metodologias, um cladograma de área geral foi elaborado, separado em quatro blocos: BNE (bloco nordeste); BSEN (bloco sudeste norte); BSES (bloco sudeste sul); BS (bloco sul). Desta forma foi possível inferir um padrão geral das relações entre as áreas de endemismo delimitadas, as quais se mostraram relacionadas entre si. O vale do Rio São Francisco provavelmente foi responsável pelas disjunções das áreas do nordeste (PE, sBA e PI), relacionadas entre si, e que compõe o bloco nordeste (BNE). No caso do relacionamento das áreas dos blocos do sudeste, as áreas ES, MG e DF, que compõe o bloco sudeste norte (BSEN) e as áreas SP, RJ e SC que compõe o bloco sudeste sul (BSES) provavelmente foram separadas pelo Vale do Paraíba. As áreas do bloco sudeste sul (BSES) e as áreas PoA e RSint do bloco sul (BS), sofreram influência nas disjunções pelo Vale do Ribeira do Iguape.

1. Introdução

1.1. Biogeografia Cladística

A Biogeografia Cladística desenvolvida por Nelson, Platnick e Rosen integra Tectônica de Placas (Wegener (1912, 1924)), Padrões comuns e Vicariância (Croizat (1958, 1964)) e Sistemática Filogenética (Hennig 1950, 1965, 1966)) (Rosen, 1978; Platnick & Nelson, 1978; Nelson & Platnick, 1981; Nelson & Rosen, 1981; Wiley, 1988). Esta abordagem apresenta conceitos e métodos capazes de detectar a congruência entre dados distribucionais e filogenéticos de diversos táxons (Nelson & Platnick, 1981; Wiley, 1988; Humphries & Parenti, 1999; Ebach, 1999; Ebach & Humphries, 2002; Crisci et al., 2003; Morrone, 2005). O padrão comum dos cladogramas gerais de áreas podem representar uma história comum entre os táxons (Ebach & Humphries, 2002; Enghoff, 1996; Humphries & Parenti, 1999; Morrone & Crisci, 1995). Biologicamente e historicamente as relações filogenéticas entre os táxons e suas distribuições estão intimamente ligadas (Crisci, 2001). Os nós de um cladograma, que representam ancestrais hipotéticos, são potencialmente informativos sobre a história de distribuição dos organismos e sobre as relações entre as áreas geográficas ocupadas por eles, explica o autor.

As áreas de endemismos são uma forma de classificação biogeográfica e o primeiro passo para Biogeografia Cladística, ou seja, são unidades de trabalho para o estudo de Biogeografia Histórica (DaSilva et al., 2017). Segundo DaSilva et al. (2017) assim é possível analisar as relações históricas entre essas áreas de endemismo, elaborando uma hipótese de evolução biogeográfica e dos organismos que vivem nelas. A Biogeografia Cladística representou um grande avanço em relação aos cenários narrativos de dispersão que anteriormente dominaram o campo porque forneceu uma estrutura analítica para recompor a história biogeográfica de linhagens e biotas (Sanmartín, 2012). Estudos de biogeografia de organismos são muito importantes para se investigar áreas de ocorrência e de endemismo, e associadas a análises de relacionamento filogenético, se tornam uma importante ferramenta para avaliação das relações históricas entre essas áreas e/ou os táxons. As distribuições congruentes de diversos grupos constituem evidências de isolamento e diferenciação comum da biota, possibilitando inferir e delimitar as áreas de endemismo. As áreas de endemismo são,

portanto, hipóteses de unidade geográfica natural dos táxons restritos a elas, causada pelo isolamento e origem única de sua biota atual (DaSilva, 2008). O padrão biológico representado de forma hierarquizada por um cladograma pode ser transformado diretamente em um diagrama que explica o passado biogeográfico do organismo, explica o autor.

Reconstruções filogenéticas se tornaram base objetiva para estudos em biogeografia histórica (Humphries & Parenti, 1999). Através de um cladograma interrelacionando táxons, podemos inferir a história de mudanças de uma estrutura morfológica, de um hábito de vida, de relações ecológicas ou dos locais em que esse grupo de organismos evoluiu (Henning, 1950; Brooks, 1985; Coddington, 1988). Henning (1966, 1968) explana a relação da estrutura hierárquica de uma filogenia com a história espacial do grupo, mostrando que conforme aumenta o nível de inclusão, maior a área ocupada pelo organismo.

Num processo de vicariância, uma área ancestral é dividida pelo aparecimento de sucessivas barreiras geográficas, onde cada divisão geográfica teria sido seguida por especiação alopátrica (Sanmartín, 2012). Desta forma pode-se reconstruir a sequência de eventos de vicariância a partir da sequência de eventos cladogenéticos (especiação) na filogenia das linhagens endêmicas da área, explica a autora. A análise biogeográfica cladística se inicia com a construção de um “cladograma de área” onde os táxons na filogenia são substituídos pelas áreas de endemismo onde ocorrem (Sanmartín, 2012; DaSilva et al., 2017). Diferentes métodos são empregados pelos biogeógrafos cladísticos para tratar desse tipo de abordagem: Análise de Componentes (Nelson & Platnick, 1981), Análise de Parcimônia de Brooks (BPA) (Brooks, 1990), Reconciliação de Árvores (Page, 1994) e subárvores livres de paralogia (Nelson & Ladiges, 1996), e recentemente Análise Filogenética para Comparação de Árvores (PACT) (Wojciki & Brooks, 2005). Os métodos biogeográficos cladísticos interpretam a congruência entre os padrões de distribuição como resultado de vicariância, enquanto qualquer caso de incongruência entre o cladograma da área geral e padrões individuais são explicados por processos adicionais como dispersão, especiação ou extinção (Brooks, 1990; Humphries & Parenti, 1999; Sanmartín, 2012).

Em síntese, um cladograma de área é um padrão hierárquico ramificado de relacionamentos que agrupam áreas com base em seus táxons endêmicos

compartilhados, os quais provavelmente refletem a história de conexões bióticas entre as áreas de endemismo para grupo de organismos analisados (Sigrist & Carvalho, 2009; Sanmartín, 2012; DaSilva et al., 2017). Os métodos cladísticos foram denominados “baseados em padrões” porque não se supõem *a priori* os processos responsáveis (Ronquist, 2003; Sanmartín, 2012). Esses métodos concentram-se em encontrar padrões de relacionamento entre áreas de endemismo que posteriormente são interpretados em termos de eventos, e essa sequência de primeiro descobrir padrão para depois inferir sua causa é o fundamento da abordagem da biogeográfica cladística (Ebach et al., 2003; Parenti, 2007; Sanmartim, 2012).

Comparando cladogramas de áreas de vários grupos de organismos que habitam a mesma região, é possível encontrar padrões biogeográficos gerais buscando cladogramas de área geral que refletem as relações entre as áreas de endemismo com base em suas biotas compartilhadas (Nelson & Platnick, 1981; Wiley, 1988; Sanmartín, 2007 e 2012). Crisci et al. (1991) compararam cladogramas de áreas de inúmeras linhagens de animais e plantas da América do Sul, e encontraram duas regiões biogeográficas diferentes: a América do Sul tropical do norte estava relacionada biogeograficamente com a América do Norte, e a América do Sul temperada do sul se mostrava ligações mais próximas com a Austrália. Sigrist e Carvalho (2009) encontraram cladogramas gerais de área que revelaram uma divisão basal entre as Florestas Amazônicas e Atlânticas, sugerindo que essas áreas foram isoladas por um longo período de tempo, e que todas as áreas endêmicas da Mata Atlântica formaram um aglomerado monofilético, mostrando sequências de eventos vicariantes de norte a sul do Brasil. DaSilva et al. (2017) com base em análise biogeográfica cladística de seis filogenias em nível de espécies de opiliões de Mata Atlântica, buscou a congruência nas relações históricas das 12 áreas de endemismo delimitadas por DaSilva et al. (2015). Utilizando a Análise de Parcimônia de Brooks (BPA) e subárvores livres de paralogias (PF), os autores encontraram seis cladogramas gerais de área permitindo a inferência de um padrão geral das relações entre as áreas de endemismo da Mata Atlântica brasileira, sugerindo um modelo das principais barreiras na diversificação em múltiplos momentos para a evolução da Mata Atlântica.

Desta maneira, diferentemente das hipóteses dispersalistas, as hipóteses de vicariância podem ser inferidas buscando a congruência nos padrões filogenéticos e de

distribuição entre diferentes organismos (Humphries & Parenti, 1999; Parenti, 2007; Sanmartín, 2012). Essa abordagem comparativa de “biogeografia de área” busca entender os padrões de distribuição através da comparação dos cladogramas de áreas, centrada na reconstrução da história evolutiva no espaço e no tempo de linhagens individuais (Brundin, 1966, 1972; Crisci et al., 1991; Humphries & Parenti, 1999). Os biogeógrafos cladísticos aceitam a dispersão como um processo necessário para explicar como os ancestrais obtiveram sua ampla distribuição antes do primeiro evento de vicariância (Humphries & Parenti, 1999). Se os cladogramas de área exibem topologias congruentes sugerindo eventos vicariantes, supõe-se que eventos cíclicos tenham produzido o padrão biogeográfico observado (Maguire & Stigall, 2009).

O presente estudo tem como objetivo estudar o relacionamento das áreas de endemismo de aranhas Mygalomorphae, delimitadas no capítulo I, através das metodologias de Análise de Parcimônia de Brooks (BPA1°) (Brooks, 1990) e outros métodos comparativos, como BPA de nós (BPAn) e sub-árvores livres de paralogias (PF) (Nelson & Ladiges, 1996), buscando a inferência de um padrão geral das relações entre as áreas de endemismo da Mata Atlântica brasileira e suas fitofisionomias adjacentes. Os resultados são comparados com cladogramas de áreas e histórias biogeográficas de outros grupos, analisando e discutindo eventos históricos que podem explicar o endemismo, e assim espera-se contribuir para desvendar a evolução biótica dos grupos de aranhas Mygalomorphae em território brasileiro.

2. Objetivos:

- Através da congruência entre filogenias das espécies de aranhas Mygalomorphae da Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, propor hipótese de relacionamento geral entre as 12 áreas de endemismo encontradas para esse grupo de aranhas
- Analisar eventos históricos que podem explicar as relações históricas entre as áreas e os seus endemismos, e inferir quais processos possivelmente separaram essas áreas endêmicas

3. Material & Métodos

3.1. Material

A partir do levantamento das espécies da tabela 1 (capítulo 1), notamos que há táxons em diferentes situações com relação à sistemática filogenética. Todas as espécies que entraram nas análises estão com revisões taxonômicas atualizadas, mas só algumas com propostas de hipóteses de relacionamento filogenético. O ideal seria ter a maior quantidade possível de táxons com hipótese filogenéticas para a abordagem biogeográfica cladística.

Neste estudo foram utilizadas 7 filogenias em nível específico, de duas famílias de Mygalomorphae, Nemesiidae e Theraphosidae (gênero/ autor/ nº espécie) (tabela 1): (1) *Rachias* e *Pycnothele*/ Indicatti, 2011/ 9 e 7 espécies respectivamente; (2) *Dolichothele*, *Guyruita* e *Sickius*/ Revollo, 2016/ 11, 2 e 1 espécies respectivamente; (3) *Catanduba*/ Yamamoto et al., 2012/ 7 espécies; (4) *Homoeomma*/ Yamamoto, 2008/ 6 espécies; (5) *Plesiopelma*/ Nagahama, 2010/ 11 espécies; (6) *Eupalaestrus*, *Proshapalopus*, *Pterinopelma*, *Nhandu* e *Vitalius*/ Bertani et al., 2011/ 2, 2, 2, 4 e 9 espécies respectivamente; (7) *Typhochlaena*, *Pachistopelma*, *Ybyrapora* e *Iridopelma*/ Fukushima & Bertani, 2017/ 5, 2, 3 e 6 espécies respectivamente. Foram definidas as presenças de cada espécie nas áreas de endemismo pela sua ocorrência nos núcleos de congruência delimitados no capítulo 1 (Figura 1). Nos casos em que a distribuição da espécie não sobrepõe nenhum núcleo de congruência, foi considerada como ocorrendo na área de endemismo mais próxima.

Tabela 1. Filogenias incluídas nas análises biogeográficas cladísticas: família/ gênero; número de espécies de cada cladograma filogenético utilizado; áreas de endemismo onde ocorrem; autores das análises filogenéticas.

Família/ gênero	n° terminais das filogenia	Área de endemismo (AoEs)	Referência bibliográfica/ tipo
Nemesiidae/ <i>Rachias – Pycnothele</i>	9 – 7	Org(RJ)/ SMSP/ SC/ PoA/ RSint	Indicatti, 2011/ tese de doutorado
Theraphosidae/ <i>Dolichothele – Guyruita – Sickius</i>	11 – 2 – 1	PI/ SEsp(MG)/ MG/ ES/ DF/ PE/ BA/ SMSP	Revollo, 2016/ dissertação de mestrado
Theraphosidae/ <i>Catanduba</i>	7	PI/ DF/ BA/ SMSP	Yamamoto et al., 2012/ publicação
Theraphosidae/ <i>Homoeomma</i>	6	SMSP/ PoA	Yamamoto, 2008/ dissertação de mestrado
Theraphosidae/ <i>Plesiopelma</i>	11	BA/ SMSP/ Org(RJ)/ MG/ ES/ DF	Nagahama, 2010/ dissertação de mestrado
Theraphosidae/ <i>Eupalaestrus – Proshapalopus – Pterinopelma – Nhandu – Vitalius</i>	2, 2, 2, 4 e 9	DF/ ES/ MG/ Org(RJ)/ SMSP/ SC/ PoA/ RSint	Bertani et al., 2011/ publicação
Theraphosidae/ <i>Typhochaena, Pachistopelma Ybyrapora e Iridopelma</i>	5, 2, 3 e 6	PI/ PE/ ES/ BA	Fukushima & Bertani, 2017/ publicação

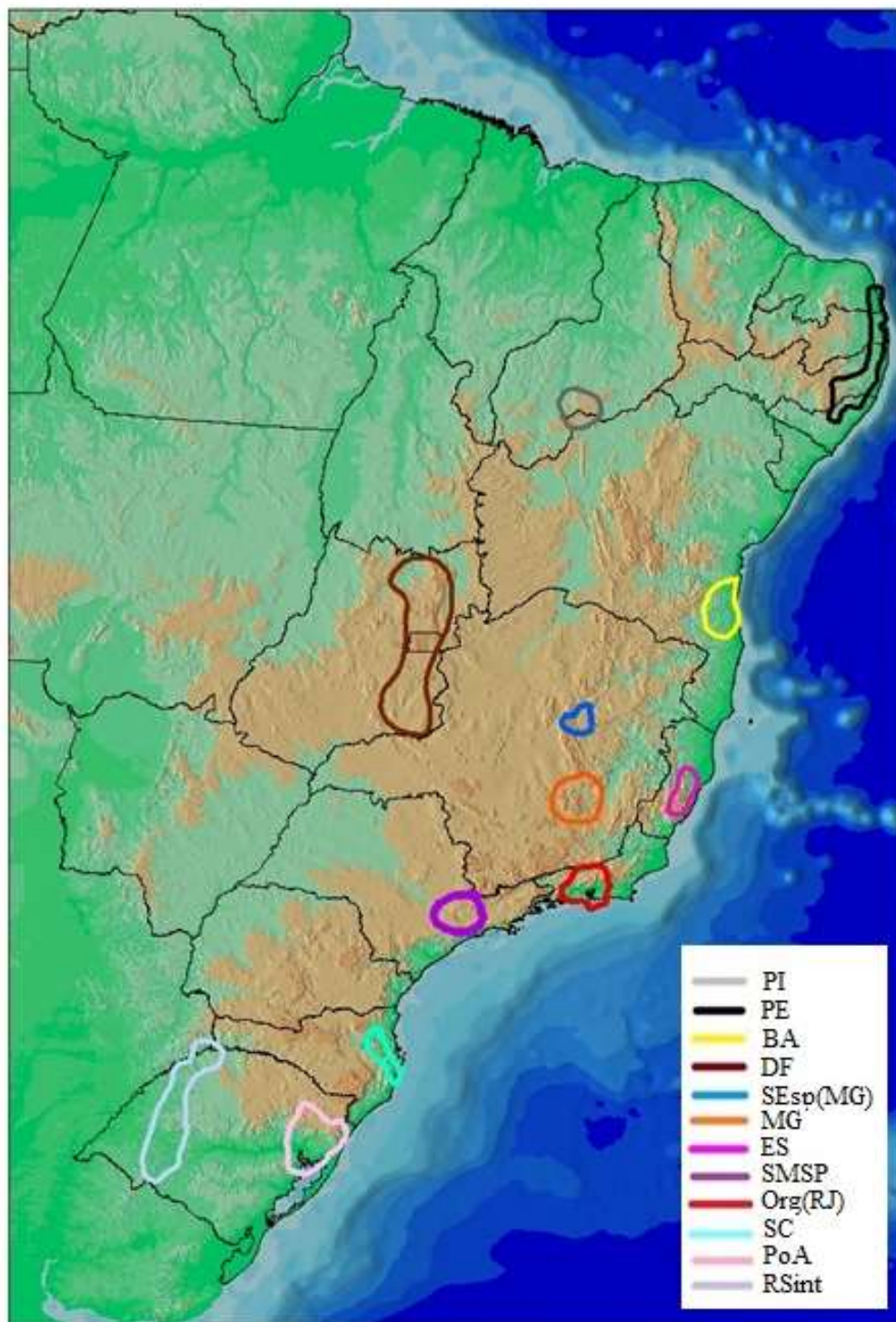


Figura 1. Mapa dos centros de congruência (CCs) das 12 áreas de endemismo delimitadas por espécies de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes, apresentadas no capítulo 1.

3.2. Metodologia:

Alguns cenários problemáticos são conhecidos pelos biogeógrafos a respeito da comparação dos cladogramas individuais buscando as relações entre as áreas de endemismo, indicados por DaSilva et al. (2017): 1) mais de uma áreas ocorrendo com o mesmo táxon (taxon 'x' presente em RJ/SP por exemplo), ou seja, taxon amplilocado (widespread); 2) áreas de endemismo delimitadas ausentes nas filogenias (filogenia sem determinada área de endemismo); 3) distribuição redundante, repetida (duas ou mais vezes uma mesma área na mesma filogenia); 4) incongruência entre as áreas de endemismo. Seguindo esses autores, no presente estudo métodos comparativos foram utilizados em busca de resolver esses problemas: Análise de Parcimônia de Brooks (BPA – Brooks Parsimony Analysis), Análise de Parcimônia de Brooks de nós (BPAn), Análise de Subárvores livres de paralogia (PF - Paralogy-free Subtree Analysis). Adicionalmente cladogramas elaborados com nós paralógicos (Pn) e amplilocados (WS) foram executados para fazer o cálculo de incongruência entre eles (ILD). Interpretando os resultados do BPA¹, BPAn e PF, através de um consenso de maioria, um cladograma de áreas geral foi elaborado indicando uma hipótese de relacionamento entre as áreas de endemismo das aranhas Mygalomorphae.

O primeiro método empregado foi Análise de Parcimônia de Brooks, criado por Brooks (1981) e conhecida como “método parasitológico”, em que ele objetivou a comparação de filogenias entre parasitas e seus hospedeiros. Em 1988, Wiley batiza o método como Análise de Parcimônia de Brooks (BPA), somando-se ao campo da biogeografia de vicariância (Henning, 1966; Wiley, 1988; Brooks, 1981, 1985 e 1990). Em 2001, Brooks et al. publicam um artigo com modificações do artigo de 1981, e melhores explicações sobre o BPA. Este método vem sendo tido como o método de padrão mais popular e utilizado entre os pesquisadores (Brown & Lomolino, 2006).

Os terminais dos cladogramas individuais são substituídos pelas áreas de endemismo em que vivem (Figura 2 a - d), criando cladogramas individuais de áreas (Rosen, 1978). Posteriormente, todas as informações presentes nos cladogramas são codificadas elaborando uma matriz de a ausência e presença (“0” e “1”, respectivamente) (Figura 2 e), tanto terminais quanto os nós dos cladogramas (Wiley, 1988, Brooks et al., 2001). A partir disso, os cladogramas individuais de áreas resultantes são comparados para buscar cladogramas gerais de áreas através da Análise

de Parcimônia de Brooks (BPA) (Wiley, 1988; Brooks, 1981 e 1990; Brooks et al., 2001; Lomolino et al., 2004). Este método utiliza dados diferentes dos cladogramas individuais com análise de parcimônia para encontrar o cladograma geral de áreas, possibilitando entender a relação entre as áreas. O BPA utiliza os dados de presença/ausência das espécies e dos clados nas áreas de endemismo dos cladogramas individuais. Para obter os cladogramas com os terminais das espécies individuais, que foram substituídos pelos terminais das áreas de endemismos, são necessárias as hipóteses filogenéticas (filogenias) (tabela 1). Esta busca por um padrão geral de relação entre áreas de endemismo é denominada BPA primária (Brooks et al., 2001; Van Veller et al., 2002). Em resumo o método reconstrói cladogramas de táxons e obtém cladogramas de áreas (Figura 2), possibilitando inferir um padrão geral das relações entre as áreas de endemismo da Mata Atlântica e fisionomias adjacentes.

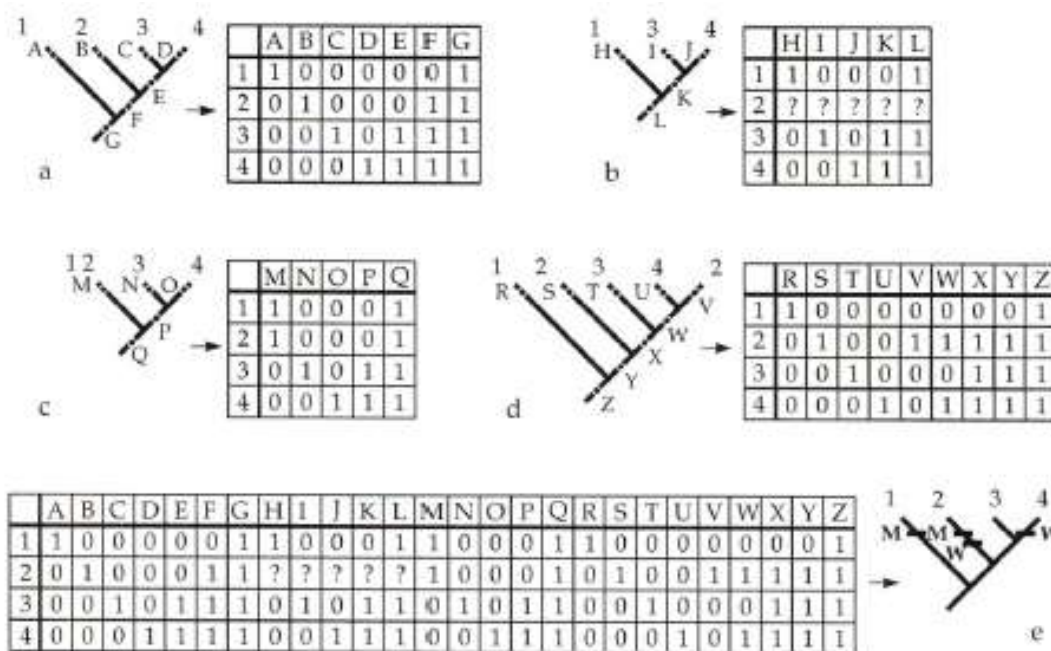


Figura 2. Esquema de Crisci et al. (2003) explicando procedimentos operacionais para a construção do cladograma geral de área de endemismo (BPA): ‘a, b, c, d’ junção de diferentes cladogramas com presença/ausência de nós e espécies irmãs (topologia); ‘e’ elaboração da matriz com dados das filogenias compilados e cladogramas de área geral gerado.

O segundo método utilizado é uma aplicação do BPA1° modificado, a Análise de Brooks de nós (BPAn) sem codificar na matriz os dados dos terminais das filogenias, incluindo apenas as informações fornecidas pelos nós, excluindo as informações das espécies terminais generalizadas (Kluge, 1988). Alguns pesquisadores supõem que táxons amplilocados sejam ruídos ao procurar congruência filogenética e sinais históricos, pois as áreas onde ocorrem podem ter sido colonizadas por recentes eventos de dispersão (Cracraft, 1994; Nihei, 2006).

O terceiro método aplicado foi a Análise de Subárvores Livres de Paralogia (PF), que se baseia nas informações dos nós sem paralogias, ou seja, repetições de relações de área na mesma linhagem e nós redundantes (Nelson & Ladiges, 1996). A paralogia biogeográfica ocorre quando mais de um membro de um clado ocorre na mesma área, semelhante do que ocorre com espécies amplamente distribuídas, onde a paralogia aparece como homoplasia no cladograma geral de área (Sigrist, 2006). Nelson e Ladiges (1996) explicam que os nós sem paralogias, chamadas de subárvores, tem como objetivo excluir relacionamentos arbitrários de áreas, como os relacionamentos que são resultantes de duplicações, dispersões e extinções, obtendo com mais precisão as relações históricas da área. Os nós sem paralogias foram escolhidos manualmente, examinando todos os ramos dos cladogramas das áreas dos táxons, das pontas até a raiz (DaSilva et al., 2017). Os nós com áreas repetidas foram considerados parálogos e retirados das subárvores (Nelson & Ladiges, 1996). A análise de subárvores livres de paralogia introduz a análise de subárvores como uma maneira efetiva de resolver a paralogia, descartando as redundâncias como não informativas e não faz nenhuma suposição sobre os mecanismos de isolamento dos taxons (Ebach, 2001).

Em suma, três matrizes foram geradas, uma para cada metodologia empregada (BPA1°, BPAn, PF), tornando assim a análise entre as áreas de endemismo mais completa. Para BPA1° e BPAn as áreas de endemismo ausentes nos cladogramas dos táxons foram codificadas com “?” (Wiley, 1988). Para aumentar a comparação dos resultados, seguindo DaSilva et al. (2017), adicionalmente outras duas matrizes foram elaboradas, uma com nós paralógicos (Pn) e uma apenas com as informações de distribuições de espécies amplilocadas (*widespread* - WS). As análises foram executadas no programa Winclada versão 1.00.08 (Nixon, 1999) utilizando os seguintes parâmetros: Analyse – Heuristics – hold = 10.000 - mult*N = 1.000 -

hold/10 = 10 - Multiple TBR+TBR (mult*max*) - TBR (Tree Bisection and Reconnection). Os resultados gerados das diferentes metodologias foram comparados e interpretados por consenso de maioria, tornando o resultado final, ou seja, o cladograma de área final mais completo e preciso.

Para avaliar a influência de cada método e tipo de informações dos resultados, um teste de reamostragem de significância de incongruência (ILD – Incongruence test) entre as matrizes foi realizado contra um modelo nulo baseado na randomização de matrizes de tamanhos iguais (Farris et al., 1995) (número de táxons e comprimento das árvores – tabela 2; resultados ILD – tabela 3). Este teste mostra se tem diferentes relações de áreas em diferentes métodos gerando uma incongruência significativa. O teste foi executado no programa Winclada versão 1.00.08 (Nixon, 1999) utilizando os seguintes parâmetros: Analyse – Farris et al. Incongruence test (ILD) - função “arn” - hold=10 - mult* 30; hold/ 10 (Farris et al., 1995; DaSilva et al., 2017).

Abreviações e acrônimos. AoE(s)/AE: áreas de endemismo; CCs: centro de congruência; MREs: máxima região endêmica; PE: Pernambuco; PI: Piauí; DF: Distrito Federal; SEsp(MG): Serra do Espinhaço(MG); MG: Minas Gerais; BA: Sul da Bahia; ES: Espírito Santo; Org(RJ): Serra dos Órgãos; SMSP: São Paulo; SC: Santa Catarina; PoA: Rio Grande do Sul litoral; RSint: Rio Grande do Sul interior; BNE: Bloco Nordeste (PI – PE – BA); BSEN: Bloco Sudeste Norte (MG – ES); BSES: Bloco Sudeste Sul (Org(RJ) – SMSP – SC); BS: Bloco Sul (PoA – RSint); BPA1° (Análise de Parcimônia de Brooks primária); BPA_n (Análise de Parcimônia de Brooks de nós); PF (Análise de sub-árvores livres de paralogias); P_n (nós paralógicos); WS (amplilocadas – *widespread*).

4. Resultados

O primeiro método empregado, BPA 1°, resultou num único cladograma de área geral (L= 247; IC= 62; IR= 58) (Figura 3A), separando as áreas de endemismo em dois principais blocos: um agrupando as áreas de endemismo da região sudeste, RJ e SP, com as áreas da região do sul, e o outro agrupando as áreas da região central e do nordeste. O segundo método, BPA_n, gerou três cladogramas de área (L= 149; IC= 49; IR= 58) e mais um cladograma de consenso estrito (Figura 3B-E). As áreas das regiões sudeste e sul apresentaram algumas diferenças, mas a separação em dois blocos foi semelhante ao BPA 1°. A metodologia de subárvores livres de paralogias (PF), terceira metodologia aplicada, encontrou cinco cladogramas de áreas, mais um cladograma de consenso (L= 125; IC= 76; IR= 52) (Figura 4A-F). O agrupamento das regiões central e do nordeste (DF – PI – PE - Ba) não se alteram em nenhum dos cladogramas, somente ocorreram alterações nos relacionamentos das áreas de endemismo das regiões sudeste e sul. As matrizes de nós paralógicos (Pn) e espécies amplilocadas (WS), geraram ambas, um único cladograma de área (Pn: L= 105; IC= 84; IR= 51/ WS: L= 129; IC= 50; IR= 64) (Figura 5), elaboradas para o cálculo do ILD. Como nas outras análises, DF – PI – PE – BA, mantém o agrupamento, ocorrendo algumas alterações no relacionamento das áreas das regiões sudeste e sul.

Associando e interpretando os resultados das análises aplicadas, quatro blocos principais são encontrados intimamente relacionados na maioria dos cladogramas de área (Figuras 3, 4 e 5):

- Bloco Nordeste (BNE) – relaciona áreas de endemismo PI – PE – BA
- Bloco Sudeste N (BSEN) – relaciona áreas de endemismo DF - MG – ES
- Bloco Sudeste S (BSES) – relaciona áreas de endemismo Org(RJ) – SMSP – SC
- Bloco sul (BS) – relaciona áreas de endemismo PoA – RSint

As áreas de endemismo DF e Espinhaço(MG) estão relacionadas em quase todos os cladogramas de áreas encontrados (Figuras 3, 4 e 5). Nos cladogramas de áreas gerais essas duas áreas são mais relacionadas com os blocos do nordeste (PI – PE – BA) e sudeste norte (MG – ES). A área de endemismo Espinhaço(MG) posiciona-se sempre

mais próximo da base, suportando os demais ramos na maioria dos cladogramas de área gerados. A área de endemismo DF difere nas metodologias em relação aos blocos, sendo em BPA1° e BPA_n se encontra-se mais relacionadas com o bloco sudeste norte (MG – ES) (Figura 3), e em PF, P_n e WS encontra-se mais relacionado ao bloco NE (PI – PE – BA) (Figura 4A-F; 5A e B).

Tabela 2. Número de táxons e comprimento das árvores resultantes das matrizes usadas para encontrar os cladogramas gerais de áreas de endemismo. Informações obtidos com os diferentes métodos aplicados: BPA (Análise de Parcimônia de Brooks); BPA_n (BPA de nós); PF (subárvores livres de paralogias); P_n (nós paralógicos); WS (espécies amplilocadas – widespread); n = número de caracteres (ocorrências) de cada matriz; L = comprimento dos cladogramas resultantes.

BPA	n = 169 / L = 247
BPA _n	n = 75 / L = 149
PF	n = 22 / L = 125
P _n	n = 89 / L = 105
WS	n = 65 / L = 129

Tabela 3. Resultados dos testes de diferença de comprimento de incongruência (teste ILD) das diferentes matrizes utilizadas para buscar os cladogramas de área das áreas de endemismo delimitadas para aranhas Mygalomorphae. P = valor de significância de cada teste ILD.

Farris et al. ILD test	Resultado (P =)
BPA _n x WS	No (0.9989)
P _n x PF	No (0.3333)
P _n x WS	No (0.6669)
PF x WS	No (0.6667)
P _n +WS x PF	No (0.4333)
BPA1° x BPA _n x PF x WS	No (0.8333)

*No = “Not Significantly Incongruence”: sem incongruência significativa.

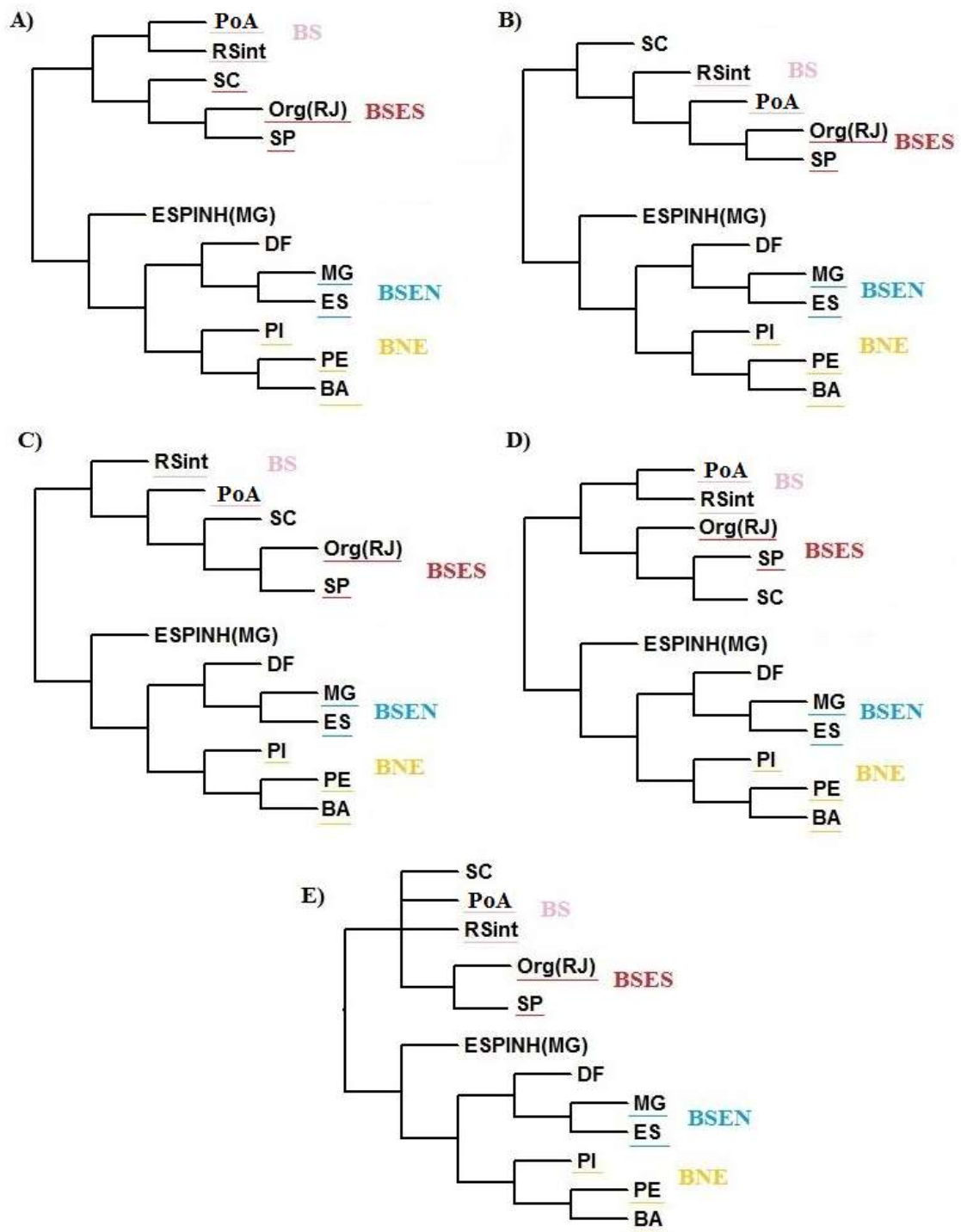


Figura 3. Cinco cladogramas de área gerais encontrados pelos métodos BPA1° e BPAn. A) único cladograma de área encontrado por BPA1°. B - D) três cladogramas de área encontrados por BPAn. E) cladograma de áreas de consenso estrito dos três cladogramas encontrados por BPAn. BNE: Bloco Nordeste (em amarelo). BSEN: Bloco Sudeste Norte (em azul). BSES: Bloco Sudeste Sul (em vermelho). BS: Bloco Sul (em rosa).

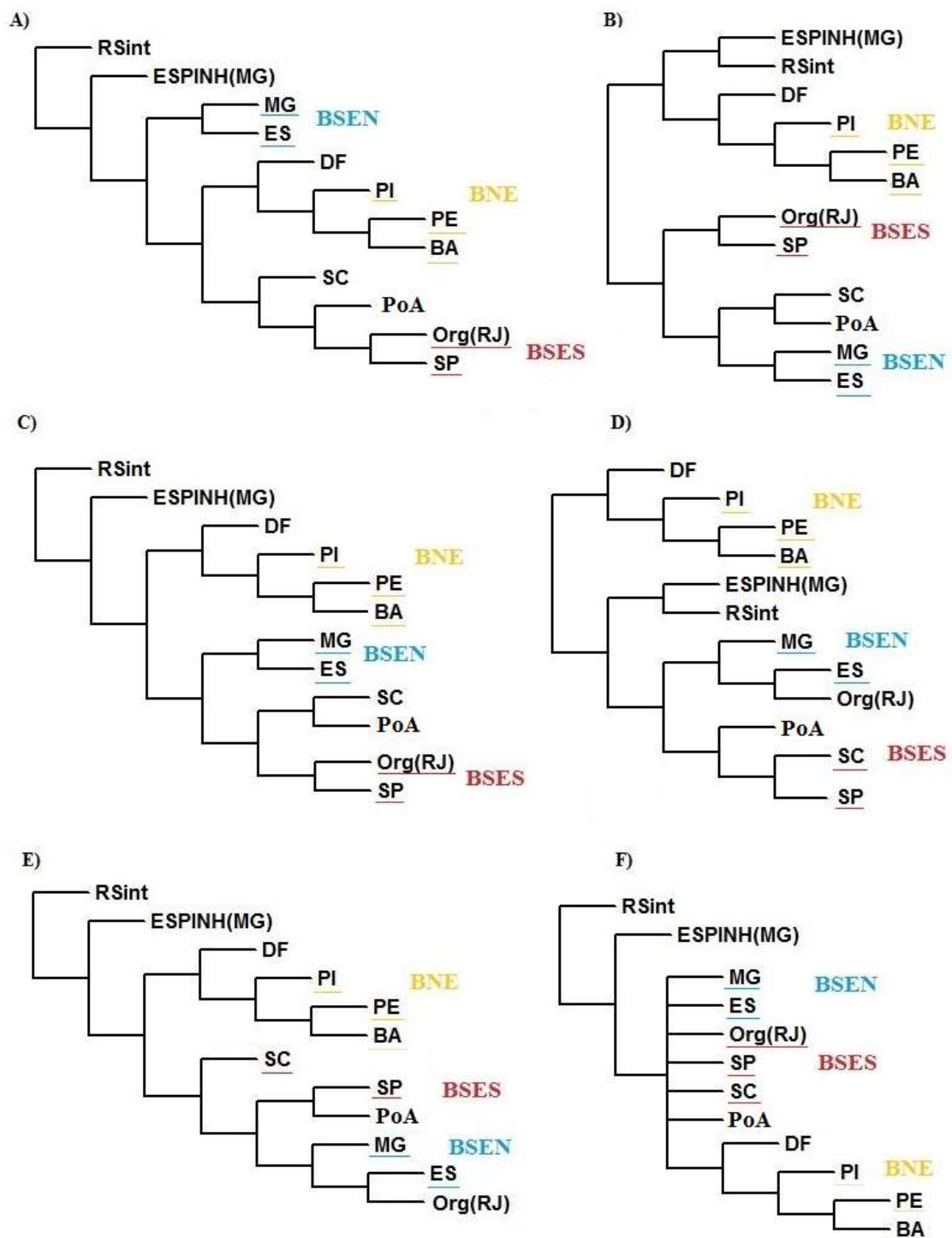


Figura 4. Seis cladogramas de áreas gerais encontrados pelo método subárvores livres de paralogias (PF). A – E) cinco cladogramas de área encontradas por PF. F) cladograma de consenso estrito dos cinco cladogramas encontrados por PF. **BNE**: Bloco Nordeste (em amarelo). **BSEN**: Bloco Sudeste Norte (em azul). **BSES**: Bloco Sudeste Sul (em vermelho).

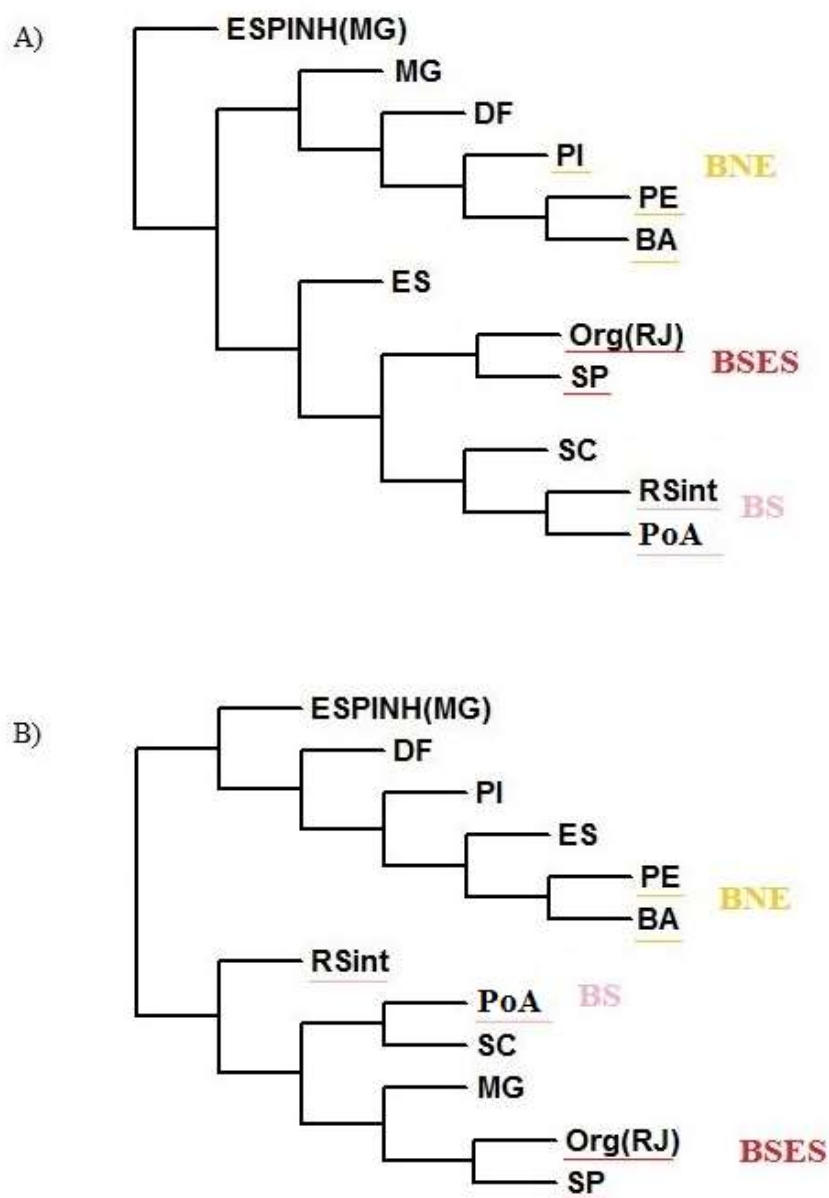
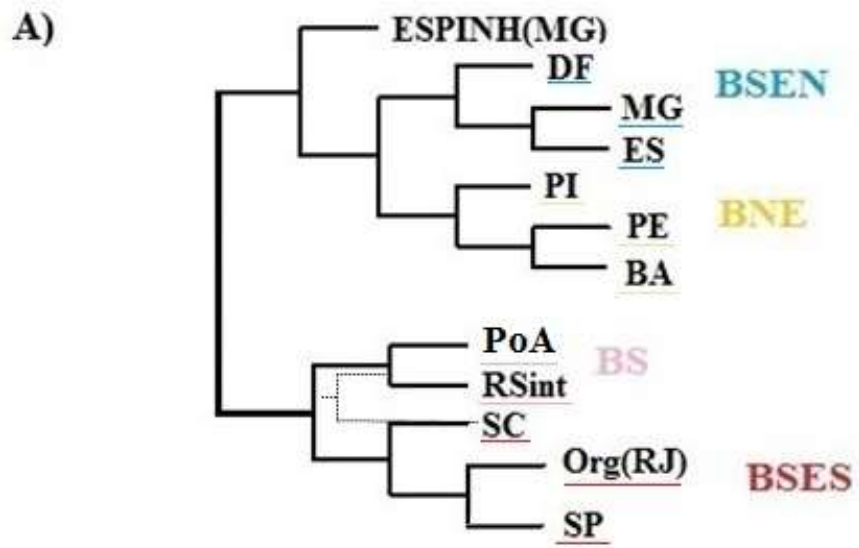


Figura 5. Dois cladogramas de área encontrados pelos métodos nós paralógicos (Pn) e espécies amplilocadas (WS), utilizados para o cálculo ILD. A) único cladograma de áreas encontrado por Pn. B) único cladograma de área encontrado por WS. BNE: Bloco Nordeste (em amarelo). BSES: Bloco Sudeste Sul (em vermelho). BS: Bloco Sul (em rosa).



B)

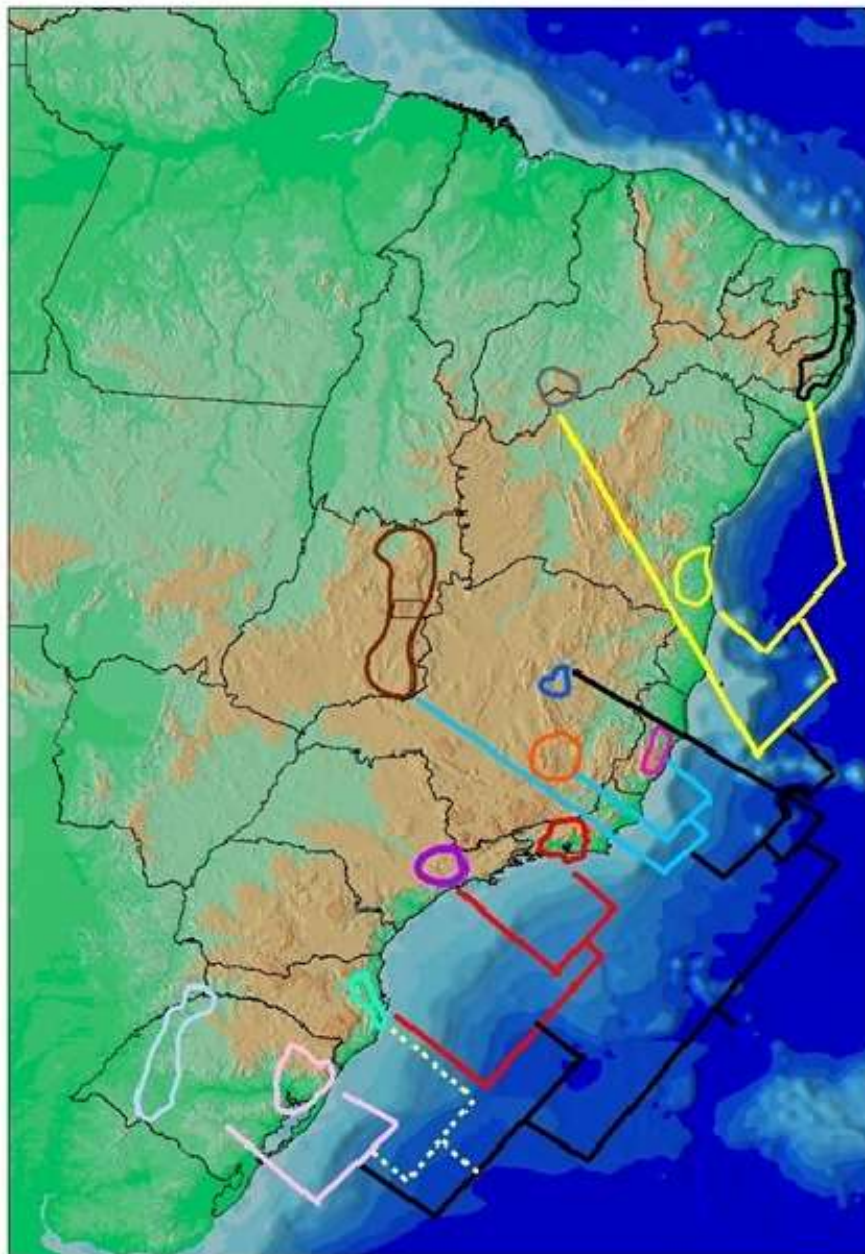


Figura 6. A) cladograma de área geral, por consenso de maioria, resultante da comparação e interpretação do padrão geral de relacionamento das 12 áreas de endemismo delimitadas no capítulo 1 para aranhas Mygalomorphae. BNE: Bloco Nordeste (em amarelo). BSEN: Bloco Sudeste Norte (em azul). BSES: Bloco Sudeste Sul (em vermelho). BS: Bloco Sul (em rosa). B) mapa das áreas de endemismo com padrão geral de relacionamento entre elas; em A e B, ramo pontilhado representa relacionamento alternativo da área de endemismo de SC com o bloco sul (BS – RSlit e Rsint – ramo rosa), ao invés da relação com o bloco sudeste sul (BSES - ramo vermelho).

5. Discussão

5.1. Relacionamento das 12 áreas de endemismo delimitadas utilizando diferentes metodologias

Como já visto, utilizar diferentes métodos e diferentes informações tanto concede ao estudo realizado mais precisão na inferência de uma hipótese, quanto elimina ou minimiza os problemas encontrados pelas análises executadas. Nas análises biogeográficas cladísticas pesquisadores encontram cenários problemáticos conhecidos, que geram ruídos nos resultados, como as espécies amplilocadas, as áreas ausente e as distribuições redundantes (Humphries & Parenti, 1999; Eback et al., 2005; Morrone, 2009; DaSilva et al., 2017). Muitos autores criticaram o uso de relação das áreas em que vivem uma espécie amplilocada para inferir um cladograma geral de áreas (p. ex., Humphries & Parenti, 1999; Eback et al., 2005), já que, como a espécie não se diferenciou nessas áreas, não haveria relevância na história de disjunções da biota, além de que essas espécies podem estar em mais de uma área por dispersões recentes, refletindo relações ecológicas somadas as relações de históricas (DaSilva et al., 2017). Os fatores ecológicos tem resquícios históricos, uns são possíveis de inferir, mas alguns não, pois para alguns táxons ou o evento vicariante não afetou sua distribuição ou não fica visível qual evento ocorreu.

Como explicado na metodologia, para minimizar os cenários problemáticos, diferentes métodos foram empregados em busca de um cladograma de área geral que buscasse inferir o relacionamento das áreas de endemismo delimitadas no capítulo 1: Análise de Parcimônia de Brooks (BPA1° – Brooks Parsimony Analysis), Análise de Parcimônia de Brooks de nós (BPAn) e Análise de Subárvores livres de paralogia (PF - Paralogy-free Subtree Analysis), com uma matriz para cada método elaborada. Adicionalmente duas matrizes a mais foram implementadas, uma com dados dos nós paralógicos (Pn) e outra com as espécies amplilocadas (WS), com única função de calcular o IDL, já que são justamente as partes problemáticas das matrizes e não inferem processos de relacionamentos históricos em si. Mesmo com algumas diferenças (relações alternativas) entre os cladogramas de áreas gerais, principalmente nas relações do Bloco Sul, o teste ILD rejeitou a incongruência entre as partições (tabela 3), ou seja, os cladogramas não apresentam incongruência significativa. Isso

por ser indicação de que as relações de áreas foram mantidas com poucas mudanças nos táxons difundidos (DaSilva, 2017). Os diferentes dados de entrada nas metodologias mostram que quando aplicado BPA1° e BPA_n as informações vão sendo replicadas em nós mais basais progredindo para baixo a partir dos terminais. Devido a este fato, incluindo a metodologia PF, sugerido por Nelson e Ladiges (1996), a extração da informação dos cladogramas da áreas dos táxons impedem que as informações redundantes interferam na inferência de congruência (Ebach et al., 2005). Provavelmente, por isso, PF apresentou relações alternativas, pois as distribuições redundantes em nós paralógicos são principalmente repetições da mesma disjunção e aumenta a incongruência para o mesmo processo. Os resultados mostram que utilizando o método BPA1°, um único cladograma de área foi encontrado inferindo a primeira separação dos quatro blocos BNE, BSEN, BSES e BS. Em BPA_n, encontrou três cladogramas (Figura 3 B, C, D) e um de consenso (Figura 3E), onde os blocos BNE, BSEN mantém os relacionamentos iguais ao BPA1°, apresentando relações alternativas do bloco BS nos cladogramas de área C e D (Figura 3), onde as áreas de endemismo do BS ficam intimamente relacionadas com o Bloco BSES de maneiras diferentes, onde o cladograma de consenso (Figura 3E) gerou resultado semelhante ao BPA1°, separando os quatro blocos BNE, BSEN, BSES e BS. Em PF, o resultado gerou cinco cladogramas de áreas (Figura 4 A a E) e um de consenso (Figura 4F). Nessa metodologia das subárvores livres de paralogias (PF), o bloco BNE (PI – PE – BA) não altera o relacionamento das áreas em nenhum cladograma de área gerado. Os blocos BSEN e BSES mantem relacionamento igual nos três cladogramas A, B e C (Figura 4), mas nos cladogramas D e E (Figura 4), o BSES apresenta relacionamento alternativo, onde Org(RJ) está mais relacionado com as áreas do bloco BSEN (MG e ES), e SP com as áreas do BS (PoA e SC). Utilizando este método as áreas de PoA e RSint não surgem relacionadas, aparecendo mais distantes que nos outros cladogramas de área gerados. A área de endemismo RSint, nos cinco cladogramas (Figura 4 A a E), surge mais relacionada com o Espinhaço(MG) do que com PoA, como em BPA1° e BPA_n. Essas diferenças ficam evidentes quando gerado o cladograma de consenso apresentando uma politomia (Figura 4F). Só para constar, os outros dois métodos aplicados, apesar de gerados para cálculo de ILD, nós paralógicos (Pn) e espécies amplilocadas (WS), apresentam um cladograma de área gerado cada (Figura 5 A e B)

mantendo os mesmo relacionamentos dos blocos BNE, BSES e BS. As áreas de endemismo Espinhaço e DF surgem nos cladogramas de área mais relacionadas com os bloco do nordeste BNE e o bloco sudeste norte BSEN. A área de endemismo Espinhaço(MG) agrupa as áreas irmãs BNE e BSEN tanto em BPA1° quanto em BPA_n. Em PF e P_n, Espinhaço(MG) agrupa em BNE, BSEN e BSES na maioria dos cladogramas de área. A área de endemismo DF, tanto no BPA 1° e BPA_n, alterna seu relacionamento agrupando-se ao bloco BSEN, e agrupa-se com BNE em PF. Provavelmente, as diferenças dos resultados das três metodologias BPA1°, BPA_n e PF, ocorrem porque PF inclui informações livres de paralogias. Mesmo com essas diferenças foi possível encontrar um padrão dos agrupamentos dos blocos, praticamente com os mesmos relacionamentos entre eles (Figura 6).

Histórias reticuladas de relações entre áreas de endemismo devem ser esperadas em biotas terrestres e continentais pois não possuem limites claros nem barreiras evidentes entre si (Cracraft, 1988; Brooks, 1990; McLennan & Brooks, 2002). Ocorre também que organismos diferentes respondem de maneiras diferentes ao mesmo evento histórico, e processos comuns como dispersão, extinção e ausência de um evento de especiação causam incongruências na comparação dos cladogramas de áreas (DaSilva et al., 2017). Mesmo assim, os resultados gerados neste estudo apresentaram um padrão geral nos blocos aparentados das áreas de endemismo, entre os cladogramas de áreas analisados, dividindo a Mata Atlântica em quatro blocos (BNE, BSEN, BSES, BS – Figura 6) relacionando intimamente as áreas de floresta com as áreas nas fitofisionomias adjacentes da Caatinga, Cerrado e Pampas, e do nordeste ao sul do Brasil. Assim, encontrou-se uma história reticulada entre as áreas de endemismo, como é esperado neste tipo de abordagem (Cracraft, 1988; Brooks, 1990; McLennan & Brooks, 2002).

Mesmo encontrando um padrão dos blocos de relacionamento das áreas de endemismo, aplicando os três métodos analíticos diferentes, foi possível observar os diferentes vieses causados por esses problemas já citados, principalmente em relação aos Blocos BSES e BS, os quais apresentaram mais relações alternativas, provavelmente porque possuem mais dados nos cladogramas filogenéticos, do que os Blocos BNE e BSEN, que mantiveram as mesmas relações com os três métodos. Portanto, comparando e interpretando os cladogramas de áreas encontrados pelas

diferentes metodologias, normalmente se reduz progressivamente a importância das informações das espécies amplilocadas, as áreas ausente e as distribuições redundantes, pois são dados com informações que não possibilitam a inferência de relação histórica entre as áreas.

5.2. Prováveis processos históricos relacionadas aos padrões gerais de relacionamento de áreas de endemismo

Mesmo levando em conta os problemas enfrentados nas análises biogeográficas cladísticas, um padrão geral de relacionamento entre as áreas de endemismo foi inferido no presente estudo, utilizando filogenias de aranhas Mygalomorphae de Mata Atlântica e fitofisionomias adjacentes. Essas análises permitiram encontrar diferentes cladogramas de áreas gerais conectando as áreas de endemismo delimitadas no primeiro capítulo, possibilitando corroborar a inferência de processos históricos que teriam separado essas unidades. É notável o quão complexa e reticulada é a história da Mata Atlântica brasileira. Pesquisadores explicam que alguns níveis de histórias reticuladas de relações entre áreas de endemismo devem ser esperados em biotas terrestres e continentais, como já citado acima (Cracraft, 1988, Brooks, 1990, McLennan & Brooks, 2002). Essas áreas de endemismo apresentam limites nebulosos, sem barreiras acentuadas entre si, ou perderam suas delimitações originais ao longo do tempo (Cracraft, 1988, Crisp et al., 1995, Brooks et al., 2001). Outro fator importante é que os organismos diferentes respondem de maneiras diferentes ao mesmo evento histórico, sendo assim as grandes separação detectadas entre os blocos de áreas de endemismo podem ser resultados de eventos como dispersão e expansão, extinção e falta de especiação por exemplo (DaSilva et al., 2017). Extraíndo as informações apropriadas dos cladogramas de áreas evitando paralogias ou influência de táxons amplilocados, é obtida uma melhor inferência ao procurar padrões históricos de relações de área (Ebach, 2001; Ebach & Humphries, 2002).

Nas relações internas de cada bloco de áreas de endemismo encontrada neste estudo, as áreas das regiões mais secas tem alguma relação com as áreas das regiões mais úmidas, o que pode ser explicado pela expansão e retração das áreas de florestas nas flutuações climáticas pleistocênicas (Cabanne et al., 2014; D'Horta et al., 2011;

Sobral-Souza et al., 2015; Rossi et al., submetido)). Mudanças no clima global passado resultaram em reorganizações marcantes de comunidades biológicas, paisagens e biomas, e importantes alterações na distribuição geográfica de espécies (Dias et al., 2002). Este tipo de abordagem mostra que esses métodos são cada vez mais eficientes para inferir processos individuais, tais como modelos evolutivos com dados moleculares ou comparações com modelos de distribuição potencial (Graham et al., 2004).

Estudos sugerem que, além do tectonismo de placas, o que modificou a topografia do sudeste brasileiro foram as flutuações climáticas ocorridas principalmente durante o Pleistoceno, alterando períodos quentes e úmidos com períodos frios e secos, afetando consideravelmente a América do Sul tropical (Bigarella & Andrade-Lima, 1982; Haffer, 1987; Sobral-Souza et al., 2015; Rossi et al., submetido)). Esses estudos demonstram mudanças nas paisagens, com redução da área florestada e expansão de formações savânicas durante os períodos frios e secos. Aqui, analisando o cladograma de área geral final deste estudo (Figura 6 A) um ramo do cladograma mostra o Bloco Nordeste (PI – PE – BA) intimamente relacionado, formado por áreas de transição caatinga, cerrado e floresta. O mesmo ocorre no Bloco Sudeste Norte (MG-ES) que engloba áreas de floresta, e se apresenta intimamente ligado a área de endemismo DF, região de cerrado, mais seca. Ambos os blocos são intimamente ligados ao Espinhaço (MG) que apresenta ambiente denominado campo rupestre, zonas de transição de floresta e cerrado. O outro ramo do cladograma de área geral agrupa no Bloco Sudeste Sul áreas de floresta (Org(RJ) e SP), e no Bloco Sul (PoA e RSint) aparece a relação de zona de transição floresta e campos sulinos (pampas).

Estudos mostram que alguns processos históricos podem estar relacionados a essas barreiras como tectonismo de placas que formam e reativam sistemas de falhas (Almeida & Carneiro, 1988; Saenz et al., 2003; Saadi et al., 2005), transgressões marinhas nos vales (Martin et al., 1993; Suguio et al., 2005; DaSilva et al. 2015 e 2017), e ocorrência de vegetação xeromórfica (Joly et al., 1999; IBGE, 2010). A maioria dos estudos biogeográficos associam as principais barreiras geográficas aos padrões históricos gerais, como formação de vales e grandes rios como Rio São Francisco, Rio Doce, Rio Paraíba do Sul e Ribeira do Iguape (Amorim & Pires, 1996;

Silva et al., 2004; Pellegrino et al., 2005; Sigrist & Carvalho, 2009; Brunes et al., 2010; Thomé et al., 2010; Silva et al., 2012; Cabanne et al.; 2014; DaSilva et al., 2015 e 2017). Outro ponto importante, aqui analisado, é que as áreas de endemismo estão em topografias com diferentes tipos geomorfológicos, onde as áreas encontram-se no Planalto Central (DF), Planato Meridional (RSint), nas encostas do Planato Atlântico próximas ao litoral (Org(RJ), SMSP, SC, PoA), em serras afastadas do litoral (PI, SEsp(MG), MG), e em planícies costeiras (PE, BA, ES). Esses relevos fazem parte das unidades de relevo definidas por Ross (1992, 2003), os cinturões orogênicos, formando os planaltos e serras do Atlântico leste-sudoeste, e as planícies e tabuleiros litorâneos. Os soerguimentos de regiões montanhosas e formações de vales que originaram os grandes rios, gerados por atividades tectônicas, provavelmente tenham afetado a distribuição de populações de espécies florestais e de fitofisionomias adjacentes a ela. Diversas falhas e bacias tectônicas foram desenhando o atual relevo acidentado dessas regiões montanhosas, formando os vales, bacias sedimentares e serras menores, assim como a erosão diferenciada em cada região durante o Quaternário (Almeida & Carneiro, 1998; Saadi et al., 2005).

Assim como no estudo com opiliões de Mata Atlântica (DaSilva et al., 2017), com relacionamento semelhante ao encontrado no presente estudo, provavelmente a separação dos grupos das aranhas Mygalomporphae também tenha sido influenciada por barreiras iterativas, ou seja, barreiras que trabalham várias vezes na mesma região resultando num padrão biogeográfico complexo com alta congruência espacial na distribuição de linhagens e espécies. Essas barreiras reiterativas com congruência espacial em vários momentos responderiam a reivindicações da história de táxons individuais quando mostrado que diferentes táxons divergem em momentos diferentes na mesma barreira (Brunes et al., 2010; Thomé et al., 2010; Cabanne et al., 2014). Amorim (2009) discute o papel das barreiras reiterativas na criação de padrões redundantes nas filogenias, causados pelo aparecimento e desaparecimento repetitivo dessas barreiras, como por exemplo as transgressões marinhas, e além dessas transgressões, eventos de redução e aumento das áreas florestadas, causadas pelas variações climáticas. Eventos tectônicos originando vales e montanhas, surgimento de grandes rios, transgressões marinhas e redução de florestas nas flutuações climáticas

funcionariam como barreiras reiterativas, separando as áreas repetidamente (Amorim, 2009; DaSilva et al., 2015 e 2017).

Uma questão abordada nos estudos pesquisados acima e explicada por DaSilva et al. (2017) é que histórias filogenéticas espaciais individuais de diferentes táxons não tem congruência distributiva suficiente para permitir inferir uma única história de uma biota inteira, representada por um único cladograma de áreas, como no caso do presente estudo. As filogenias das Mygalomorphae aqui utilizadas tem mais informações referentes as espécies de Mata Atlântica do que das fitofisionomias adjacentes, o que dificulta uma análise mais precisa do relacionamento das 12 áreas de endemismo delimitadas no primeiro capítulo. Dessa forma, foi preferido mostrar um padrão geral de disjunções representando todos os cladogramas gerais encontrados por métodos diferentes. A biogeografia cladística original (Rosen, 1978; Brooks et al., 2001) superestimou o poder de inferência dos cladogramas de área, incluindo o raciocínio ingênuo de que cada nó deveria ser diretamente inferido como um evento vicariante. Mesmo assim, vale ressaltar que a biogeografia cladística busca padrões gerais de disjunção comparando as hipóteses filogenéticas, objetivo não buscado por outra abordagem de biogeografia evolutiva, sendo ainda um objetivo válido de busca (Parenti, 2007; DaSilva et al., 2017).

DaSilva et al. (2017) explicam que uma renovação da biogeografia cladística e a busca por padrões pode basear-se nas seguintes propostas: 1) para evitar considerar única vicariância para explicar as disjunções comuns, já que os padrões podem ser causadas por dispersão e mudanças bióticas em biotas continentais; 2) para que evite indicar quaisquer processos para explicar dados filogenéticos únicos ou a necessidade de buscar mais evidências; 3) não esperar um único cladograma de área geral totalmente resolvido para qualquer região, porque a maioria das áreas é composta e as histórias bióticas são reticuladas; 4) para colocar uma ênfase mais forte em discriminar períodos de tempo, se possível; 5) acabar com a fragmentação na biogeografia evolutiva, a biogeografia cladística deve interagir com outras abordagens, incluindo filogeografia; e 6) destacar a relevância biogeográfica e implicações de cada padrão encontrado.

6. Conclusão

Mesmo com as dificuldades em buscar um padrão geral de relacionamento entre áreas de endemismo, o presente estudo encontrou um padrão nos resultados gerados, dividindo as áreas em quatro blocos de relacionamento, sendo um ao norte/nordeste do Brasil (PI, PE e Ba), dois mais centrais com áreas relacionadas as Serras da Mantiqueira, dos Órgãos, do Mar e Paranapiacaba (MG, Org(RJ), SMSP), e um bloco mais ao sul relacionando áreas ao sul da Serra Geral (PoA e RSint). As áreas de DF, Espinhaço e SC apresentaram relações alternativas, e em um caso discordante como Espinhaço e RSint como áreas irmãs.

Tanto no presente trabalho como na literatura, fica claro que as histórias dos táxons refletem uma história altamente reticulada entre as áreas de endemismo encontradas, levando à inferência que as composições atuais são resultados de eventos que alternam dispersões e especiações. Em suma as disjunções mais antigas causadas pelo tectonismo abrindo vales dos grandes rios, as disjunções mais novas provavelmente causadas pelas reduções florestais durante os períodos glaciais, e as transgressões marinhas foram responsáveis pelas distribuições atuais dos organismos, tanto de regiões de florestas, como nas regiões ligadas a ela. Essas barreiras reiterativas ditam as expansões bióticas alternadas com vicariância mantendo as áreas de endemismo atuais, mesmo com diversas origens das biotas.

7. Referências Bibliográficas

- ALMEIDA, F.F.M. & CARNEIRO, C.D.R., 1998. Origem e evolução da Serra do Mar. *Revista Brasileira de Geografia*. 28, 135–150.
- AMORIM, D. S. & PIRES, M. R. S., 1996. Neotropical biogeography and a method for a maximum biodiversity estimation. In: Bicudo, C. E. M. & N. A. Menezes (eds) *Biodiversity in Brazil. A first approach*. pp. 183–219. Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico. São Paulo.
- AMORIM, D. S., 2009. Neotropical Diptera biogeography. In: Pape, R. & D. Bickel (eds) *Diptera diversity: status, challenges and tools*. Leiden, Boston e Brill.
- BERTANI R., NAGAHAMA R.H. & FUKUSHIMA, C.S. ,2011. Revalidation of *Pterinopelma* Pocock 1901 with description of a new species and the female of *Pterinopelma vitiosum* (Keyserling 1891) (Araneae: Theraphosidae: Theraphosinae). *Zootaxa*.2814: 1–18.
- BIGARELLA, J. J. & ANDRADE-LIMA, D., 1982. Paleoenvironmental changes in Brazil. *Biological diversification in the tropics* (ed. By G. T. Prance), pp.27-40. Columbia University Press, New York.
- BROOKS, D.R., 1981. Hennig's parasitological method: A proposed solution. *Systematic Zoology*, 30: 229-249.
- BROOKS, D. R., 1985. Historical ecology: A new approach to studying the evolution of ecological associations. *Annals of Missouri Botanical Garden*. 72: 660-680.
- BROOKS, D. R. 1990. Parsimony analysis in historical biogeography and coevolution: methodological and theoretical update. *Systematic Zoology*. 39: 14–30.
- BROOKS, D.R., van VELLER, M.G.P. & McLennan D.A., 2001. How to do BPA, really *Journal of Biogeography*. 28:345–358.
- BROWN, J.H. & LOMOLINO, M.V., 2006. *Biogeografia*. 2. ed. Ribeirão Preto, SP: FUNPEC. 691pgs.
- BRUNDIN, L., 1966. Transantarctic relationships and their significance, as evidenced by chironomid midges: with a monograph of the subfamilies Podonominae and Aphroteniinae and the Austral Heptagytiae. *Kungl Svens Vetenskapakad Handl*,1:1–472.

- BRUNES, T.O., SEQUEIRA, F., HADDAD, C.F.B. & ALEXANDRINO, J., 2010. Gene and species trees of a Neotropical group of treefrogs: genetic diversification in the Brazilian Atlantic Forest and the origin of a polyploid species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 57:1120–1133.
- CABANNE, G.S., TRUJILLO-ARIAS, N., CALDERÓN, L., D'HORTA, F.M. & MIYAKI, C.Y., 2014. Phenotypic evolution of an Atlantic Forest passerine *Xiphorhynchus fuscus*: biogeographic and systematic implications. *Biological Journal of the Linnean Society*. 113:1047–1066.
- COODINGTON, J. A., 1988. Cladistic Testes of Adaptational Hypotheses. *Cladistics*. 4 (1): 3-20.
- CRACRAFT, J., 1988. Deep-history biogeography: retrieving the historical pattern of evolving continental biotas. *Systematic Zoology*. 37:221–236.
- CRACRAFT, J., 1994. Species diversity, biogeography and the evolution of biotas. *American Zoologist*. 34:33–47.
- CRISCI, J. V., 2001. The voice of historical biogeography. *Journal of Biogeography*, 28, 157-168.
- CRISCI, J. V., CIGLIANO, M. M., MORRONE, J. J. & ROIG-JUÑENT, S., 1991. Historical biogeography of southern South America. *Systematic Zoology*. 40:152–71.
- CRISCI, J. V., KATINAS L. & POSADAS P., 2003. Historical Biogeography. *Harvard University Press*, Cambridge. 54, 2: 338-340.
- CRISP, M.D., LINDER, H.P. & WESTON, P.H., 1995. Cladistic biogeography of plants in Australia and New Guinea: congruent pattern reveals two endemic Tropical tracks. *Systematic Zoology*. 44:457–473.
- DA SILVA, M. B., 2008. Biogeografia de opiliões Gonyleptidae da Mata Atlântica, com revisão sistemática de Hernandariinae (Arachnida, Opiliones). Tese de Doutorado, Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo.
- DA SILVA, M.B., PINTO-DA-ROCHA, R. & DESOUZA, A.M., 2015. A protocol for the delimitation of areas of endemism and the historical regionalization of the Brazilian Atlantic Rain Forest using harvestmen distribution data. *Cladistics* 31: 692–705.

- DA SILVA, M. B., PINTO-DA-ROCHA, R. & MORRONE, J. J., 2017. Historical relationships of areas of endemism of the Brazilian Atlantic rain forest: a cladistic biogeographic analysis of harvestman taxa (Arachnida: Opiliones). *Current Zoology*. 63(5): 525–535. doi: 10.1093/cz/zow092.
- D’HORTA, F.M.; CABANNE, G.S.; MEYER, D. & MIYAKI, C.Y., 2011. The genetic effects of Late Quaternary climatic changes over a tropical latitudinal gradient: diversification of an Atlantic forest passerine. *Molecular Ecology*. 20:1923–1935.
- DIAS, B., et al., 2002. Inter-relações entre biodiversidade e mudanças climáticas: Biodiversidade e conexões com a mudança climática. In: *Biodiversidade Brasileira: Avaliação e identificação de áreas prioritárias para conservação utilização sustentável e repartição dos benefícios da biodiversidade de biomas*. Cap.2. 35-51p. Brasília.MMA/SBF.
- EBACH, M.C., 1999. Paralogy and the Centre of Origin Concept. *Cladistics*. 15 (4): 387-391.
- EBACH, M.C., 2001. Extrapolating cladistic biogeography: a brief response to van Veller et al. (1999). *Cladistics* 17:383–388.
- EBACH, M.C. & HUMPHRIES, C.J., 2002. Cladistic biogeography and the art of discovery. *Journal of Biogeography*. 29:427–444.
- EBACH, M.C., HUMPHRIES, C.J. & WILLIAMS, D.M., 2003. Phylogenetic biogeography deconstructed *Journal of Biogeography*. 30:1285–96.
- EBACH, M. C., HUMPHRIES, C. J., NEWMAN, R. A., WILLIAMS, D. M. & WALSH S. A., 2005. Assumption 2: opaque to intuition? *Journal of Biogeography*, 32: 781–787.
- ENGHOFF, H., 1996. Widespread taxa, sympatry, dispersal, and algorithm for resolved area cladograms. *Cladistics*. 12 (4): 349-364.
- ESRI, 2007. ArcGIS Desktop®.
http://www.esri.com/software/arcgis/about/desktop_gis.html
- FARRIS, J.S., KÄLLERSJÖ, M., KLUGE, A.G. & BULT, C., 1995. Testing significance of incongruence. *Cladistics*. 10:315–319.
- FUKUSHIMA, C. S. & BERTANI, R., 2017. Taxonomic revision and cladistic analysis of *Avicularia* Lamarck, 1818 (Araneae, Theraphosidae, Aviculariinae)

- with description of three new aviculariine genera. *ZooKeys*. 659: 1–185, Suppl. 1–5.
- GRAHAM, C.H.; RON, S.R.; SANTOS, J.C.; SCHNEIDER, C.J. & MORITZ, .C, 2004. Integrating phylogenetics and environmental niche models to explore speciation mechanisms in dendrobatid frogs. *Evolution*. 58:1781–1793.
- HAFFER, J., 1987. Biogeography of Neotropical birds. In: Whitmore TC, Prance GT, editors. *Biogeography and Quaternary History in Tropical America*. Oxford: Clarendon Press, 105–150.
- HENNING, W., 1950. Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik. Berlin, Deutscher Zentralverlag. 370p.
- HENNING, W., 1966. Phylogenetic systematics. Chicago: University of Illinois Press. 280p. Translated by D. Dwight Davis and Rainer Zangerl.
- HENNING, W., 1968. Elementos de una sistemática filogenética. Buenos Aires. EUDEBA. 353p.
- HUMPHRIES, C. J. & PARENTI, L. R., 1999. Cladistic biogeography. Interpreting patterns of plant and animal distributions. (2° ed.). *Oxford University Press*. New York.
- INDICATTI, R. P., 2011. Análise cladística de Pycnothelinae e revisão sistemática de *Rachias* Simon (Araneae, Mygalomorphae, Nemesiidae). Tese de doutorado. UFRJ. Rio de Janeiro.
- JOLY, C.A., AIDAR, M.P.M., KLINK, C.A., MCGRATH, D.G. & MOREIRA, A.G., 1999. Evolution of the Brazilian phytogeography classification systems: implications for biodiversity conservation. *Ciência e Cultura*. 51:331–348.
- KLUGE, A. G., 1988. Parsimony in vicariance biogeography: a quantitative method and a Greater Antillean example. *Systematic Zoology*, 37: 315–328.
- LOMOLINO, M. V.; SAX, D. F. & BROWN, J. H., 2004. Foundations of biogeography: Classic paper with commentaries. Chicago. *Illinois University of Chicago Press*.
- MCLENNAN, D. & BROOKS, D.R., 2002. Complex histories of speciation and dispersal in communities: a re-analysis of some Australian bird data using BPA. *Journal of Biogeography*. 29:1055–1066.

- MAGUIRE, K. C. & STIGALL, A. L., 2009. Using ecological niche modeling for quantitative biogeographic analysis: a case study of Miocene and Pliocene Equinae in the Great Plains. *Paleobiology*. 35 (4): 587-611.
- MARTIN, L., SUGUIO, K. & FLEXRO, J.M., 1993. As flutuações de nível do mar durante o Quaternário Superior e a evolução geológica de “deltas” brasileiros. *Boletim IG-USP. Publicação Especial* 15:1–186.
- MORRONE, J.J., 2005. Cladistic biogeography: identity and place. *Journal of Biogeography*. 32(7):1281-1284.
- MORRONE, J.J., 2009. *Evolutionary Biogeography: An Integrative Approach with Case Studies*. New York: *Columbia University Press*.
- MORRONE, J.J. & CRISCI, J.V., 1995. Historical biogeography: introduction to methods. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* 26, 373–401.
- NAGAHAMA, R. H., 2010. Revisão e análise cladística do gênero *Plesiopelma* Pocock, 1901 (Araneae, Theraphosidae). Dissertação de mestrado. Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo.
- NELSON, G. & LADIGES, P. Y., 1996a. Paralogy in cladistic biogeography and analysis of paralogy-free subtrees. *American Museum Novitates*. 3176: 1-58.
- NELSON, G. & PLATNICK, N.I., 1981. Systematics and biogeography: cladistics and vicariance. *Columbia University Press*, New York. 582pp.
- NELSON, G. & ROSEN, D., 1981. Vicariance Biogeography – A critique. Symposium of the Systematic Discussion Group of the American Museum of Natural History. *Columbia University Press*. 593p.
- NIHEI, S.S., 2006. Misconceptions about parsimony analysis of endemism. *Journal of Biogeography*, 33(12):2099-2106.
- NIXON, K. C., 1999. Winclada (BETA) ver. 0.9.9. Publicado pelo autor, Ithaca, New York, USA.
- PAGE, R. D. M., 1994. Maps between trees and cladistic analysis of historical associations among genes, organisms, and areas. *Systematic Biology*. 43: 58-77.
- PARENTI, L.R., 2007. Common cause and historical biogeography. In: Ebach MC, Tagne RS, editors. *Biogeography in a Changing World*. Boca Raton: CRC Press, The Systematics Association, special volume, series 70, 61–82.

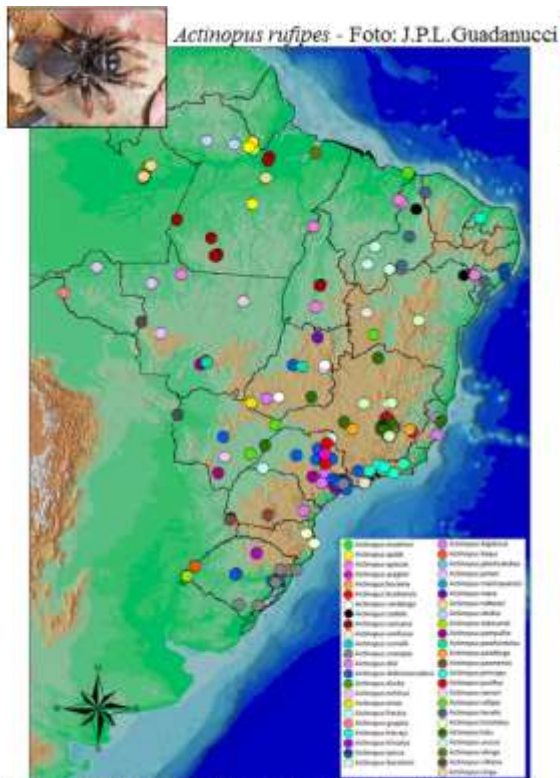
- PELLEGRINO, K. C. M., RODRIGUES, M. T., WAITE, A. N., MORANDO, M., YASSUDA, Y. Y. & W. SITES, J. Jr., 2005. Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwini* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river systems in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85: 13-26.
- PLATNICK, N. & NELSON, G., 1978. A method of analysis for historical biogeography. *Systematic Zoology*. 27:1-16.
- REVOLLO, I. S., 2016. Revisão taxonômica e análise cladística do gênero *Dolichothele* Mello-Leitão, 1923 (Araneae: Theraphosidae). Dissertação de mestrado. Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”. São José do Rio Preto, SP.
- RONQUIST, F., 2003. Parsimony analysis of coevolving association. In *Tangled Trees: Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution*, ed. RDM Page. Chicago: University Chicago Press. 22-64pp.
- ROSEN, D., 1978. Vicariant patterns and historical explanation in biogeography. *Systematic Zoology*. 27:159–188.
- ROSS, J. L. S., 1992. O registro cartográfico dos fatos Geomórficos e a questão da taxonomia do relevo. *Revista do Departamento de Geografia/FFLCH/USP*, n.º 6, 17-29.
- ROSS, J. L. S., 2003. Os fundamentos da Geografia da natureza. In: *Geografia do Brasil*. 4.EDUSP. .
- ROSSI, G.F.; MONTEMOR, V.M.; GUADANUCCI, J.P.L. & DA SILVEIRA, N., (submetido). Historical climatic condition of spiders oh the genus *Trechona* C.I. Kock, 1850 (Dipluridae, Mygalomorphae): from the surface to the underground. *Jornal of Natural History*.
- SAADI, A.; BEZERRA, F.H.R.; COSTA, R.D.; IGREJA, H.L.S. & FRANZINELLI, E., 2005. Neotectônica da plataforma brasileira. Quaternário do Brasil. In: Souza CRG, Suguio K, Oliveira MAS, Oliveira PE, editors. *Quaternário do Brasil*.Ribeirão Preto: Associação Brasileira de Estudos do Quaternário/Holos Editora, 211–234.
- SAENZ, C.A.T.; HACKSPACHER, P.C.; HADLER-NETO, J.C.; IUNES, P.J. GUEDES, S., 2003. Recognition of Cretaceous, Paleocene, and Neogene

- tectonic reactivation through apatite fission-track analysis in Precambrian areas of southeast Brazil: association with the opening of the south Atlantic Ocean. *Journal of South American Earth Sciences*. 15:765–774.
- SANMARTÍN, I., 2007. Event-based biogeography: integrating patterns, processes, and time. In: Ebach MC, Tangney RS, editors. *Biogeography in a changing world*. Boca Raton, California: CRC Press-Taylor and Francis Group. p. 135–59.
- SANMARTÍN, I., 2012. Historical biogeography: evolution in time and space. *Evolution Education Outreach* 5:555–568.
- SIGRIST, M.S., 2006. Áreas de endemismo na América do Sul e seus relacionamentos históricos: Análise de Parcimônia de Endemismo (PAE) e Análise de Parcimônia de Brooks (BPA). Monografia apresentada para obtenção de grau de bacharel. Universidade Federal do Paraná, Curitiba. 74p.
- SIGRIST, M.S. & CARVALHO, C.J.B., 2009. Historical relationships among areas of endemism in the tropical South America using Brooks Parsimony Analysis (BPA). *Biota Neotropica*. 9:79–90.
- SILVA, J. M. C., SOUSA, M. C. & CASTELLETTI, C. H. M., 2004. Areas of Endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South America. *Global Ecology and Biogeography*, 13: 85-92.
- SILVA, S.M.; MORAES-BARROS, N.; RIBAS, C.C.; FERRAND, N. & MORGANTE, J.S., 2012. Divide to conquer: a complex pattern of biodiversity depicted by vertebrate components in the Brazilian Atlantic forest. *Biological Journal of the Linnean Society*. 107:39–55.
- SOBRAL-SOUZA, T., et al. (2015). Biogeography of Neotropical Rainforests: past connections between Amazon and Atlantic Forest detected by ecological niche modeling. *Evolutionary Ecology*. 29(5): 643-655.
- SUGUIO, K.; ÂNGULO, R.J.; CARVALHO, A.M.; CORRÊA, I.C.S. & TOMAZELLI, L.J., 2005. Paleoníveis do mar e paleolinhas de costa. Quaternário do Brasil. In: Souza CRG Suguio K, Oliveira MAS, Oliveira PE, editors. Quaternário do Brasil. Ribeirão Preto: Associação Brasileira de Estudos do Quaternário/Holos Editora, 114–129.

- THOMÉ, M.T.C.; ZAMUDIO, K.R.; GIOVANELLI, J.G.R.; HADDAD, C.F.B. & BALDISSERA, F.A. Jr., 2010. Phylogeography of endemic toads and post-Pliocene persistence of the Brazilian Atlantic forest. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 55:1018–1031.
- VAN VELLER, M.G.P.; KORNET, D.J. & ZANDEE, M., 2002. A posteriori and a priori methodologies for testing hypothesis of causal processes in vicariance biogeography. *Cladistics* 18:207–217.
- WILEY, E. O. 1988. Parsimony analysis and vicariance biogeography. *Systematic Zoology*, 37: 271–290.
- WOJCIKI, M. & BROOKS, D.R., 2005. PACT: an efficient and powerful algorithm for generating area cladograms. *Journal of Biogeography*. 32: 755-74
- YAMAMOTO, F. U., 2008. Revisão Taxônomica e Análise Filogenética do gênero *Homoeomma* (Araneae, Theraphosidae). Dissertação de mestrado. Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo – USP. 133pg.
- YAMAMOTO, F. U., LUCAS, S. M. & BRESOVIT, A. D. 2012. *Catanduba*, a new Theraphosinae spider genus from central Brazil (Araneae, Theraphosidae). *Zootaxa*. 3172: 1-19.

ANEXO I
MAPAS DE DISTRIBUIÇÃO DAS ESPÉCIES (por gênero)
INICIALMENTE INCLUSAS NAS ANÁLISES





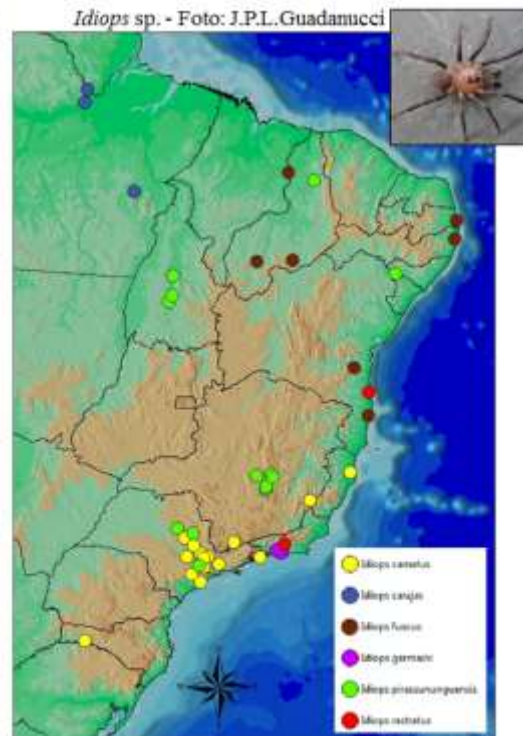
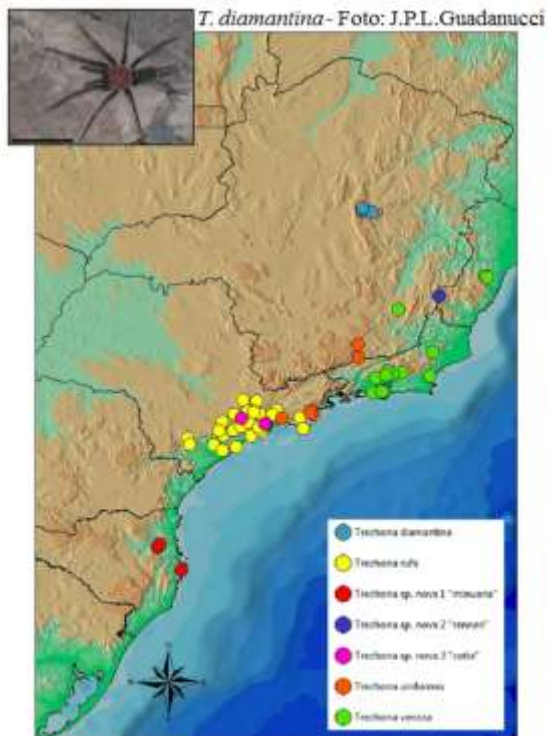
Actinopodidae – *Actinopus* (Miglio, 2009/Miglio, 2014/Miglio & Bonaldo, 2012)

Barychelidae – *Cosmopelma* (Mori & Bertani, 2016)



Barychelidae – *Neodiplothele* (Gonzales-Filho et al, 2015/ Gonzales-Filho, 2017/ Sartori et al, em prep.)

Cyrtachenidiidae – *Fufius* (Guadanucci & Indicatti, 2004/ Ortega et al, 2013)

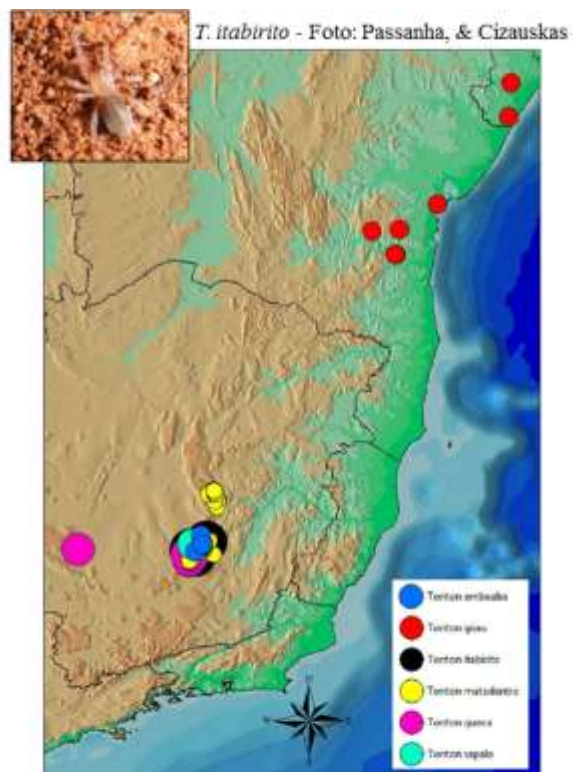


Dipluridae – *Trechona* (Pedroso & Baptista, 2004)/
Pedroso et al, 2008/Pedroso, 2009/Azevedo & Pedroso,
2010/Guadamucci et al, 2016)

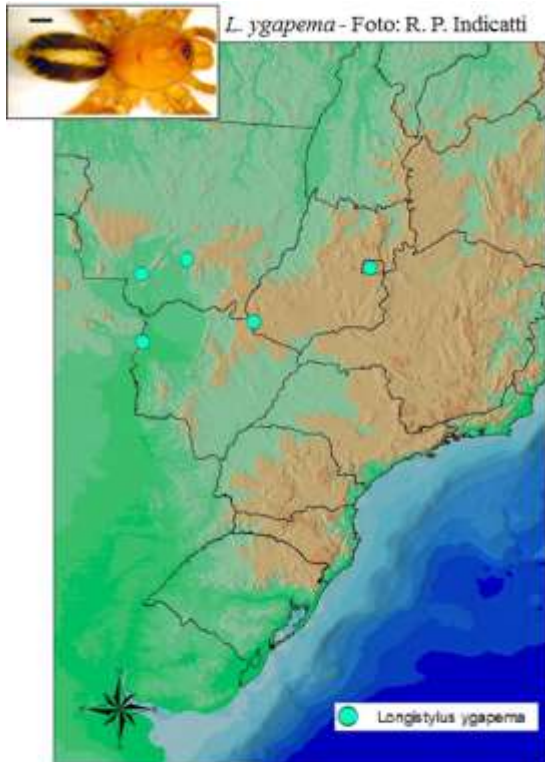
Idiopidae – *Idiops* (Yamamoto, 2013)



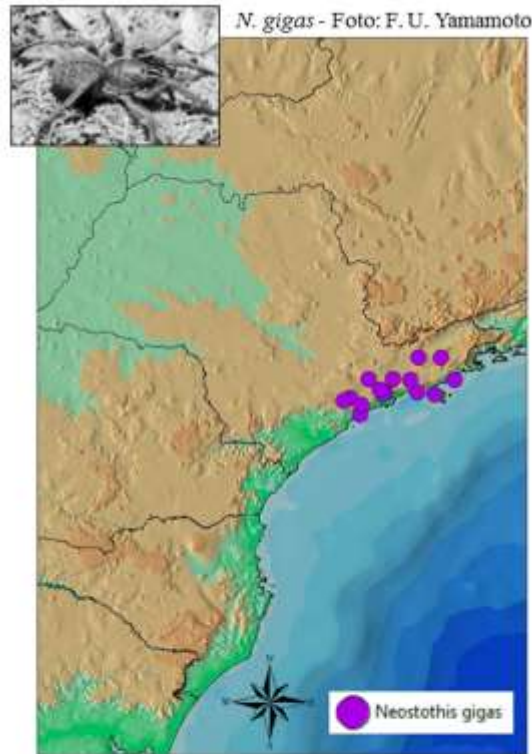
Idiopidae – *Neocteniza* (Fukami et al, 2004/
Bertani et al, 2006/Malinov, 2017)



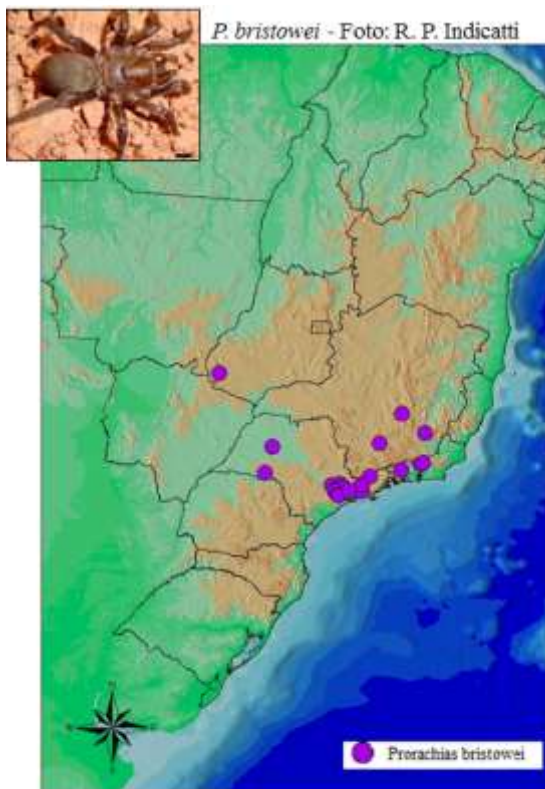
Microstigmatidae – *Tonton* (Passanha et al,
2019)



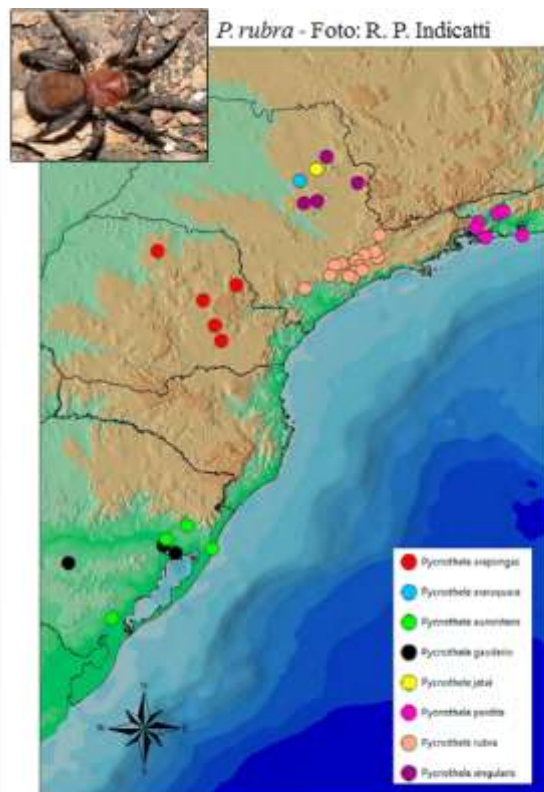
Nemesiidae – *Longistylus* (Indicatti & Lucas, 2005)



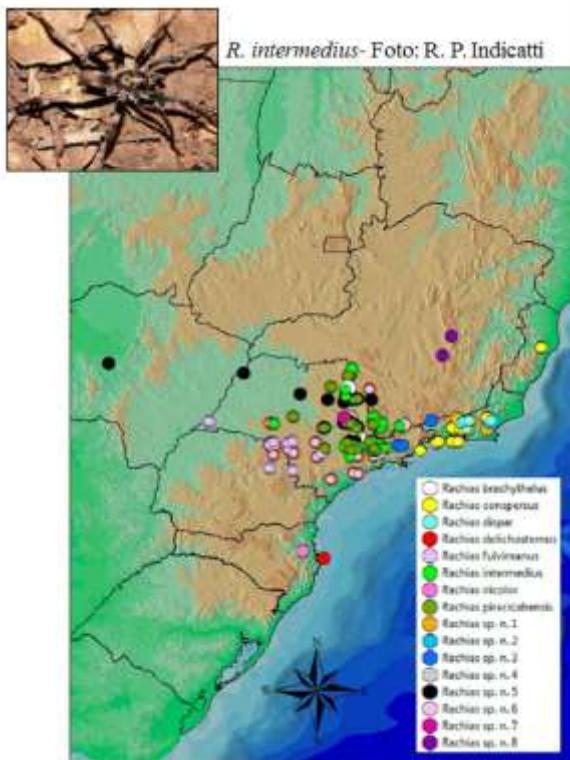
Nemesiidae – *Neostothis* (Lucas et al, 2008)



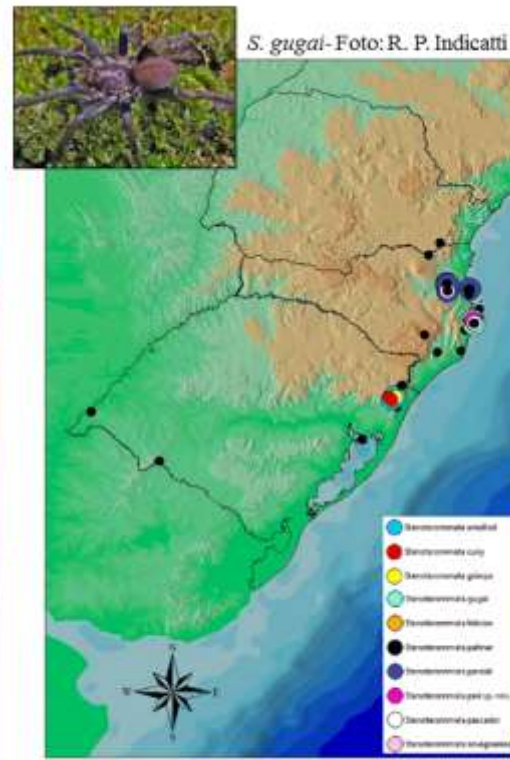
Nemesiidae – *Prorachias* (Lucas et al, 2005)



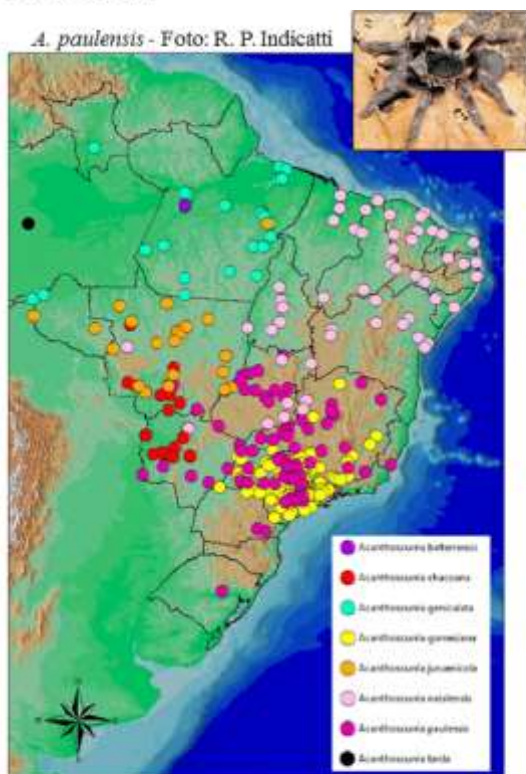
Nemesiidae – *Pycnothele* (Passanha et al, 2014)



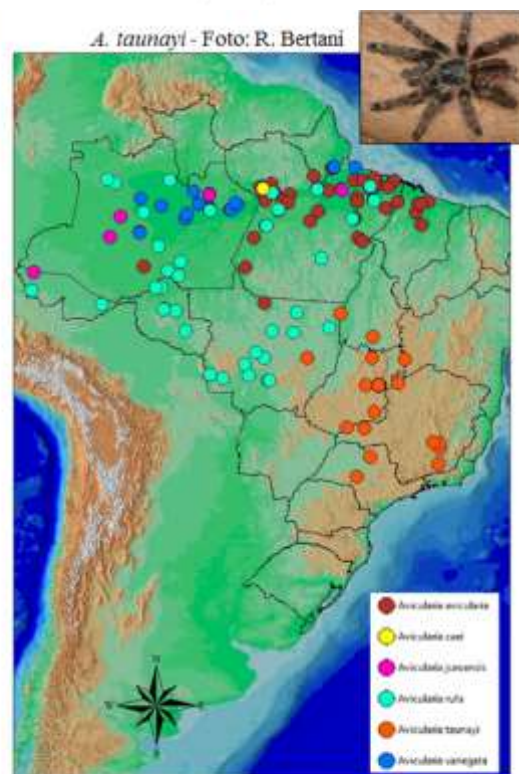
Nemesiidae – *Rachias* (Indicatti, 2011/ Indicatti et al, em prep.)



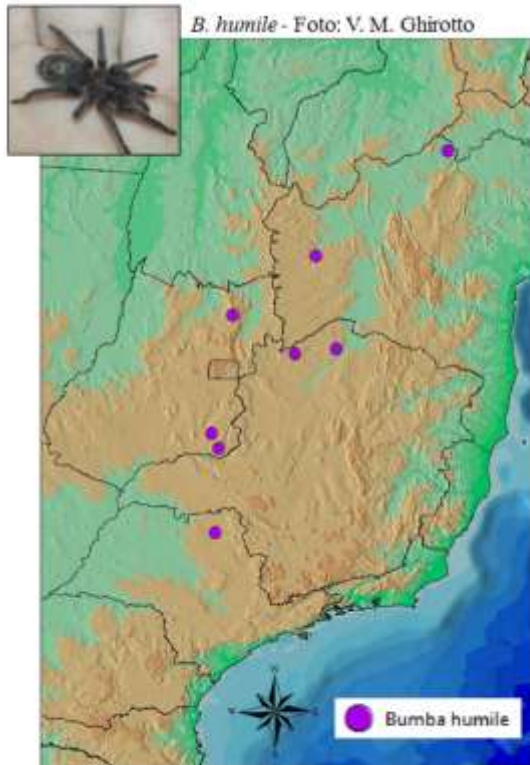
Nemesiidae – *Stenoterommata* (Indicatti et al, 2008/ Indicatti et al, 2017)



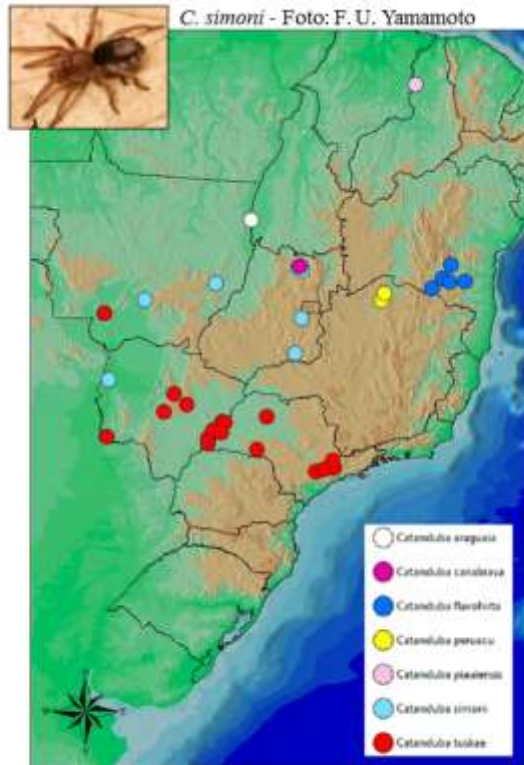
Theraphosidae – *Acanthoscurria* (Lucas et al, 2010/ Lucas et al, 2011/ Gonzales-Filho et al, 2012)



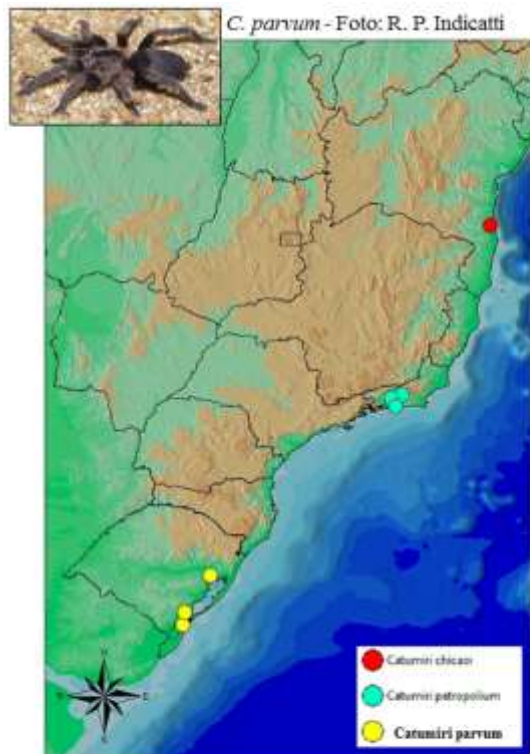
Theraphosidae – *Avicularia* (Fukushima & Bertani, 2017)



Theraphosidae – *Bumba* (Lucas et al, 2020)



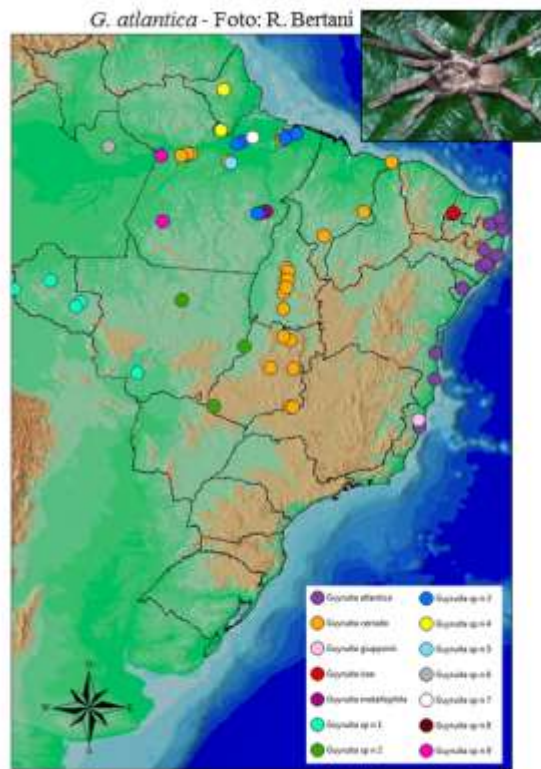
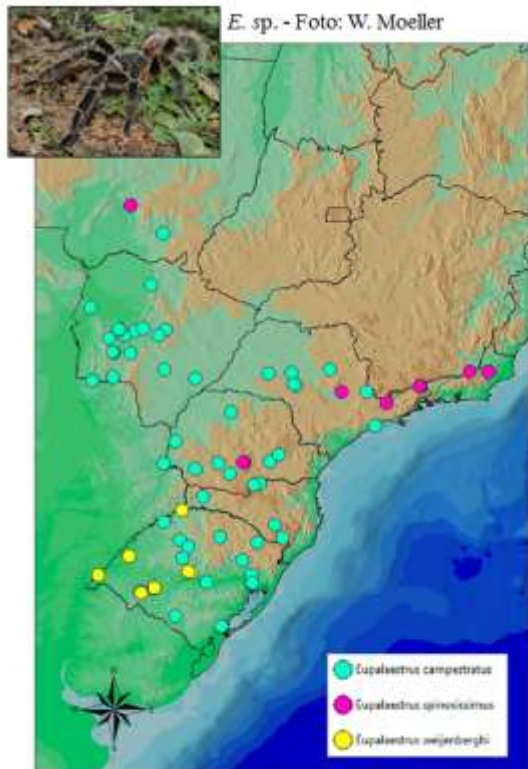
Theraphosidae – *Catanduba* (Yamamoto et al, 2012)



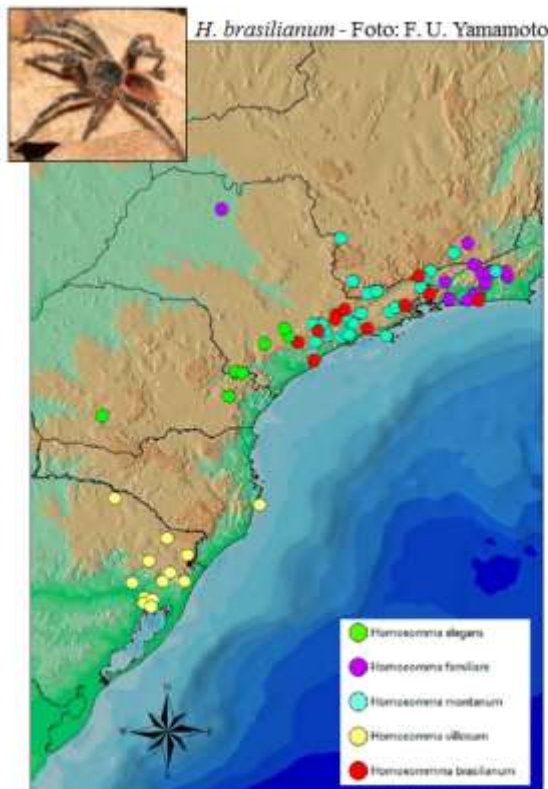
Theraphosidae – *Catumiri* (Guadanucci, 2004)



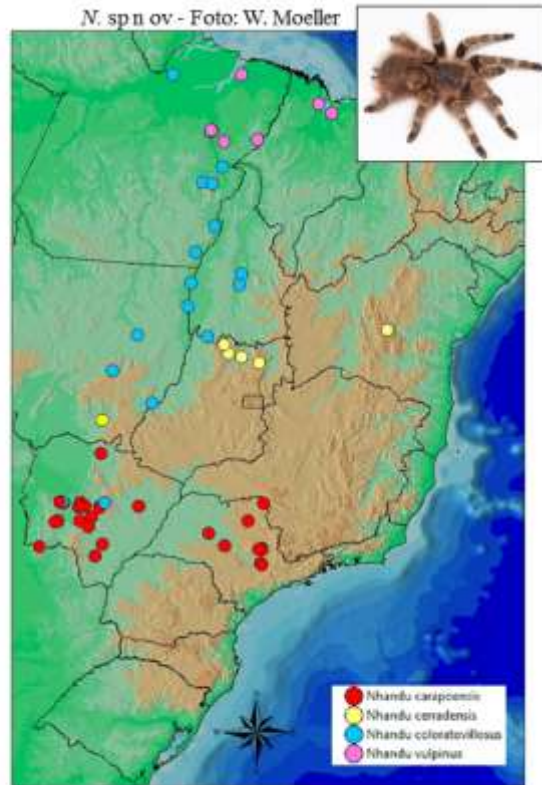
Theraphosidae – *Dolichothele* (Bertani et al 2009/ Guadanucci, 2007e2011/Lucas & Indicatti, 2015/ Revollo, 2016/ Revollo & Bertani, 2017)



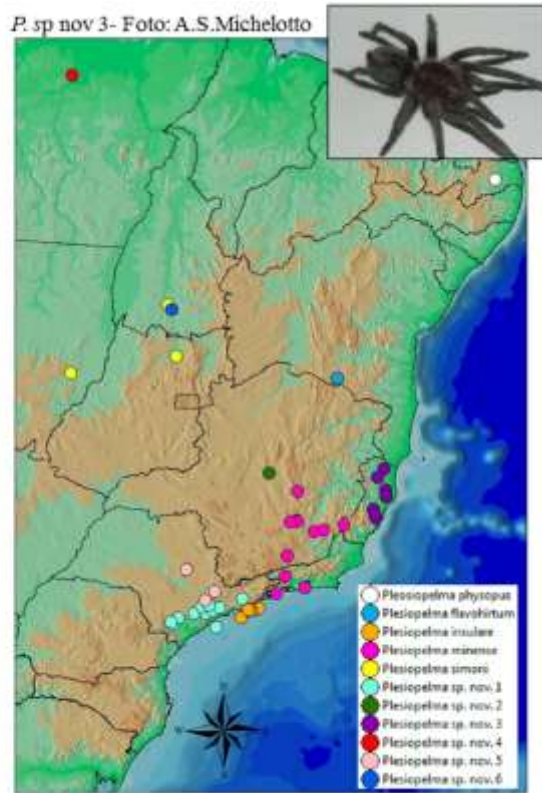
Theraphosidae – *Eupalaestrus* (Bertani, 2001) **Theraphosidae – *Guyruita*** (Guadanucci et al, 2007/ Fukushima & Bertani, 2018/ Fonseca-Ferreira et al, 2017)



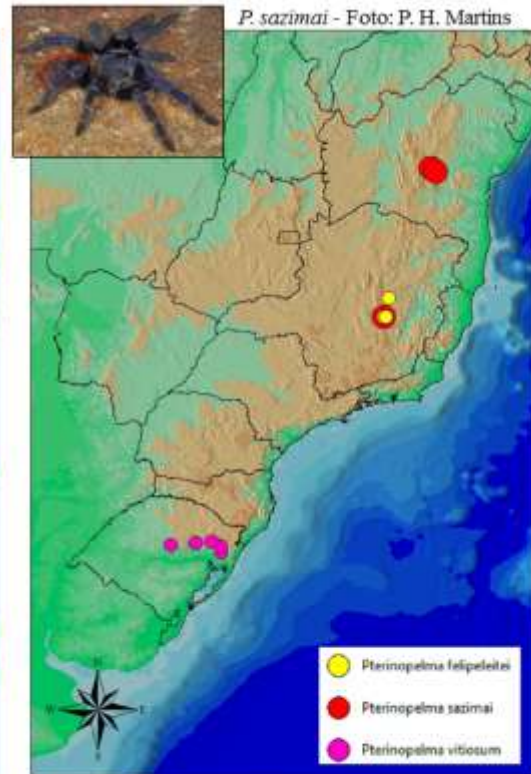
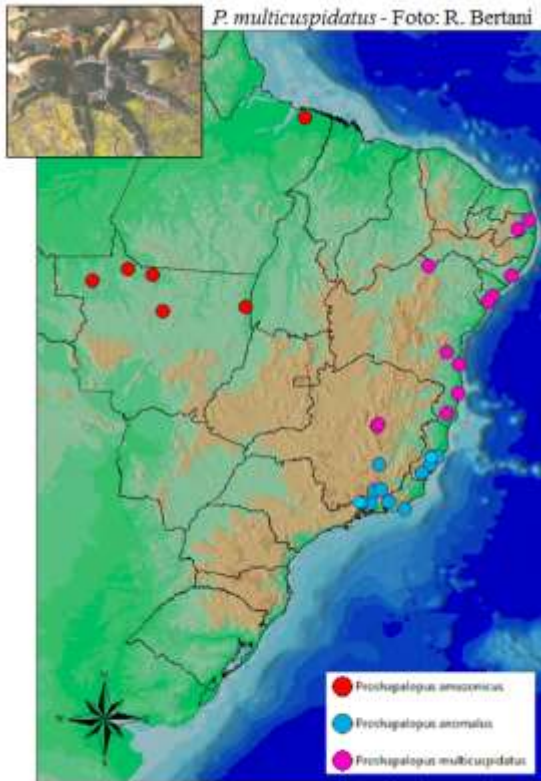
Theraphosidae – *Homoeomma* (Yamamoto, 2008) **Theraphosidae – *Iridopelma*** (Bertani, 2012)



Theraphosidae – *Kochiana* (Fukushima et al, 2008) **Theraphosidae – *Nhandu*** (Bertani, 2001)

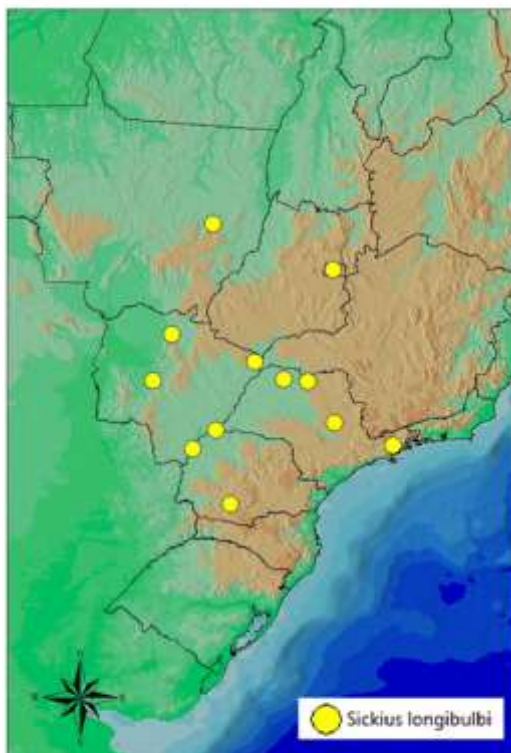


Theraphosidae – *Pachistopelma* (Bertani, 2012) **Theraphosidae – *Plesiopelma*** (Nagahama, 2010)

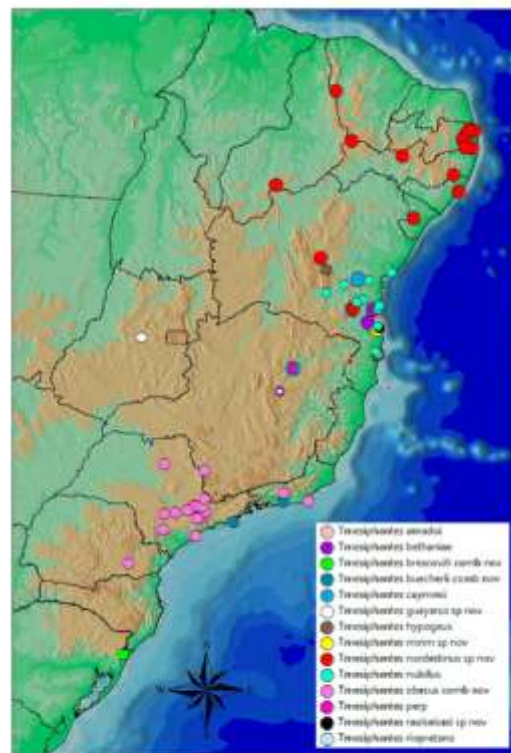


Theraphosidae – *Proshapalopus* (Bertani, 2001)

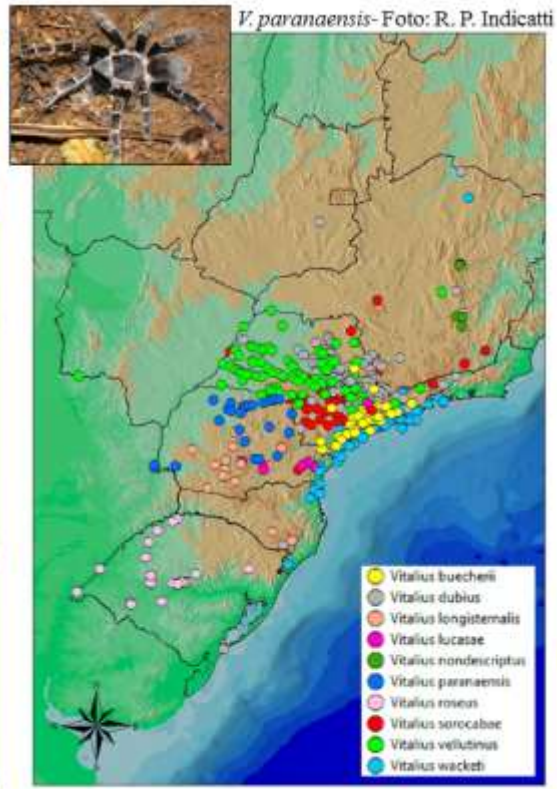
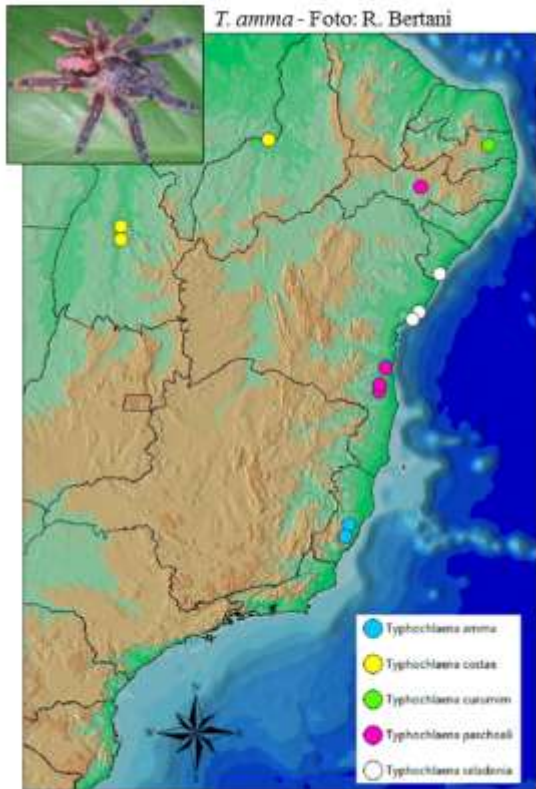
Theraphosidae – *Pterinopelma* (Bertani et al, 2011/
Bertani & Leal, 2016)



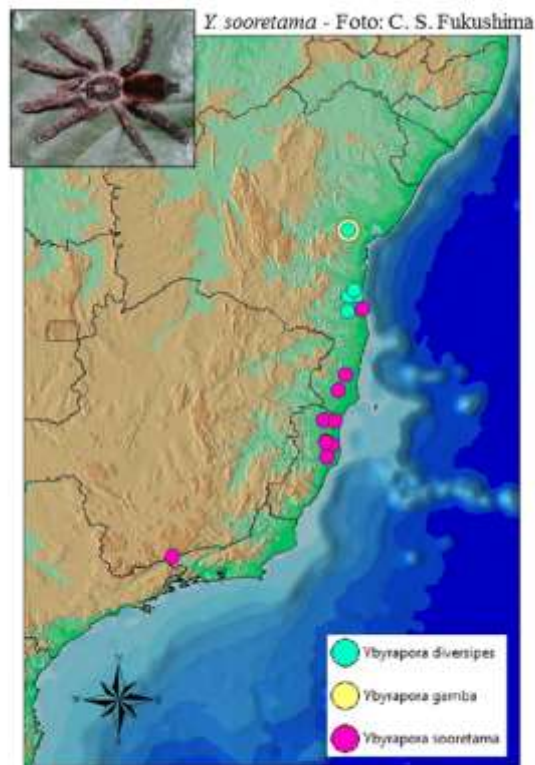
Theraphosidae – *Sickius* (Bertani & Silva Jr, 2002)



Theraphosidae – *Tmesiphantes* (Yamamoto et al, 2007/
Guadanucci & Fabiano-da-Silva, 2012/ Fabiano-da-Silva et al., 2019)



Theraphosidae – *Typhochlaena* (Bertani, 2012) **Theraphosidae – *Vitalius*** (Bertani, 2001/ Bertani et al. 2012)



Theraphosidae – *Ybyrapora* (Bertani & Fukushima, 2009/ Fukushima & Bertani, 2017)

ANEXO II
ARTIGO PUBLICADO DURANTE DOUTORADO:

Taxonomia do gênero *Ischnoculus* com descrição de
espécie nova



Taxonomy of the genus *Iscnocolus* in the Middle East, with description of a new species from Oman and Iran (Araneae: Theraphosidae)

Vivian M. Montemor, Rick C. West, Alireza Zamani, Majid Moradmand, Volker V. Wirth, Ingo Wendt, Siegfried Huber & José Paulo L. Guadanucci

To cite this article: Vivian M. Montemor, Rick C. West, Alireza Zamani, Majid Moradmand, Volker V. Wirth, Ingo Wendt, Siegfried Huber & José Paulo L. Guadanucci (2019): Taxonomy of the genus *Iscnocolus* in the Middle East, with description of a new species from Oman and Iran (Araneae: Theraphosidae), *Zoology in the Middle East*, DOI: [10.1080/09397140.2020.1675994](https://doi.org/10.1080/09397140.2020.1675994)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/09397140.2020.1675994>



Published online: 07 Oct 2019.



Submit your article to this journal ↗



View related articles ↗



View Crossmark data ↗

Taxonomy of the genus *Ischnocolus* in the Middle East, with description of a new species from Oman and Iran (Araneae: Theraphosidae)

Vivian M. Montemor^a, Rick C. West^b, Alireza Zamani^c, Majid Moradmand^d, Volker V. Wirth^e, Ingo Wendt^f, Siegfried Huber^g and José Paulo L. Guadanucci^h

^aDepartment of Zoology, São Paulo State University, Rio Claro, São Paulo, Brazil; ^bSooke, British Columbia, Canada; ^cBiodiversity Unit, Zoological Museum, University of Turku, Turku, Finland; ^dDepartment of Biology, Faculty of Science, University of Isfahan, Isfahan, Iran; ^eLorch, Germany; ^fStaatliches Museum für Naturkunde, Stuttgart, Germany; ^gUhldingen-Mühlhofen, Germany

(Received 10 July 2019; accepted 27 September 2019)

Spider material collected from Oman and Iran revealed a new species of the genus *Ischnocolus* Ausserer, 1871, which is described as *I. vanandelae* sp. n. New records of *I. jickelii* L. Koch, 1875 from Saudi Arabia, Yemen and United Arab Emirates show a larger distribution of this species than previously known. The natural history of *I. vanandelae* sp. n. and *I. jickelii* is described and the rather unusual colour polymorphism of the latter is discussed. The genus now includes eight species, whose distribution is mapped.

<http://www.zoobank.org/urn:lsid:zoobank.org:pub:E5DBC693-8B29-4E80-BB82-938C20E19640>

Keywords: Taxonomy; spiders; Mygalomorphae; Oman; Saudi Arabia; United Arab Emirates

Introduction

Theraphosids usually live in natural cavities in the ground or in trees, either self-made or abandoned rodent burrows, under rocks, and fallen logs or under loose tree bark (Guadanucci, 2014). They comprise the largest family of Mygalomorphae, with 147 genera and more than 1000 extant species described (World Spider Catalogue, 2019). Theraphosidae has a wide geographic distribution with records from the Americas, Asia, Africa, Southern Europe, Australia and western North Pacific (Marianas).

The genus *Ischnocolus* was described by Ausserer (1871). It includes some of the smallest-sized representatives of Theraphosidae, with seven species distributed throughout Northern Africa (Algeria, Libya, Morocco, Tunisia, Western Sahara), Eastern Africa (Djibouti, Eritrea, Somalia, Yemen), Middle East (Israel, Syria), and Mediterranean Europe (Italy [Sicily] and Spain) (Guadanucci & Wendt, 2014). Smith (1990) proposed a diagnosis based on males only, as did Raven (1985). Guadanucci and Wendt (2014) reviewed extensive material and proposed new diagnostic characters for both males and females. They distinguished *Ischnocolus* from other genera by the presence of clavate tarsal trichobothria arranged in median apical row and by the maxillae which are lighter in colour on the prolateral edge. They found that the males of *Ischnocolus* can be distinguished by the presence of intercheliceral intumescence, sigmoid ventral

*Corresponding author. Email: vivinhbio@yahoo.com.br

furrow on palpal tibia, unequal cymbium lobes, absence of tibial apophysis, and a large number of ventral spines on the tibia I and superior tarsal claws (Guadamucci & Wendt, 2014).

We describe here a new species, and present new records of *I. jickelii* from the Middle East. These new records extend the distribution of the genus on the Arabian Peninsula, across the Persian Gulf, into southern Iran and represent the first record for the family Theraphosidae for this region.

Material and Methods

All measurements are in millimetres and were taken with the software Leica Application Suite LAS V4.12. The lengths of leg segments were measured between the joints in dorsal view. The length and width of carapace, eye tubercle, labium and sternum are the maximum values obtained. The total body length includes the chelicerae and opisthosoma, but not spinnerets.

Pictures were taken with a LEICA M205C stereomicroscope. Multifocal images were assembled with Leica Application Suite LAS V4.12. Spermathecae were cleaned with protein enzyme removal (enzymatic cleaner for soft contact lenses). Palpal bulbs were removed from the cymbium, and setae of the male tibia I were removed for better illustration of the tibial spines. Lengths of leg segments were measured on the dorsal side. Measurements of palp and legs are listed as: total length (femur, patella, tibia, metatarsus [absent on the palp], tarsus). The number and disposition of spines follow the terminology of Petrunkevitch (1925). The distribution map was elaborated with the SimpleMapper program (www.simplemapper.net).

Examined material is deposited in the Arachnid Collection of Butantan Institute (IBSP), São Paulo (Brazil), State Museum of Natural History Stuttgart (SMNS), Stuttgart (Germany) and Zoological Museum, University of Isfahan (ZMUI), Isfahan (Iran).

Morphological Abbreviations

ALE – anterior lateral eyes; AME – anterior medium eyes; PLE – posterior lateral eyes; PME – posterior medium eyes. Spinination: p – prolateral; r – retrolateral; v – ventral.

Results

Family Theraphosidae Thorell, 1869; Subfamily Ischnocolinae Simon, 1892 Genus

Ischnocolus Ausserer, 1871

Species included: *Ischnocolus elongatus* (Simon, 1873); *Ischnocolus hancocki* Smith, 1990; *Ischnocolus ignoratus* Guadamucci & Wendt, 2014; *Ischnocolus jickelii* L. Koch, 1875; *Ischnocolus rubropilosus* Keyserling, 1891 (highly dubious as it is far outside the zoogeographical range of the genus); *Ischnocolus tomentosus* Thorell, 1899 (likely to belong to *Myostola*, according to Guadamucci & Wendt, 2014, who considered it as *incertae sedis*); *Ischnocolus valentinus* (Dufour, 1820) (type species); *Ischnocolus elongatus* (Simon, 1873).

Ischnocolus ignoratus Guadamucci & Wendt, 2014

Ischnocolus ignoratus Guadamucci & Wendt, 2014: 396, f. 5A–C (♂♀). Zonstein, 2018: 115, f.

21–23 (♂).

Type Material. Holotype, male Syria (NMW 21447). – Paratypes: 1♀ and 2♂ from Jerusalem, Israel (NMW 21448), all examined.

Diagnosis. Males can be distinguished from other species of the genus by the morphology of the palpal bulb, which is slightly bent at the apical end. Females can be recognised by the morphology of the spermathecae which is composed of two twisted receptacula.

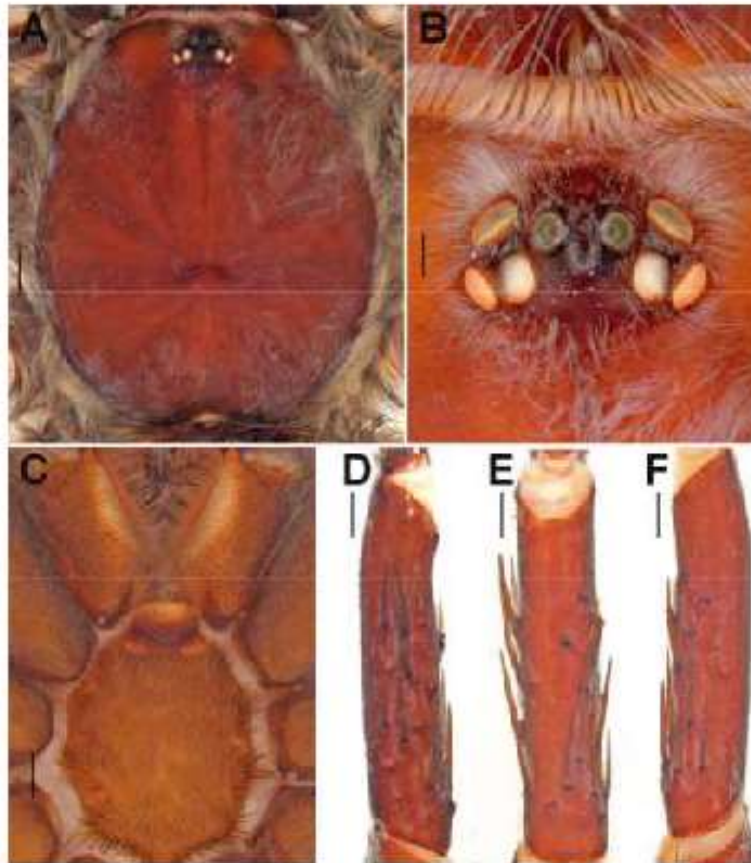


Figure 1. Male of *Ischnocolus jickelii*, IBSP 168493. A- Carapace, dorsal view. B- Eye tubercle. C- Prosoma, ventral view. D-F-, Tibia I. D- Retrolateral view. E- Ventral view. F- Prolateral view. Scales = 1 mm.

Description. See Guadamucci and Wendt, 2014 for detailed description and figures therein.

Distribution. Only type material known from Syria and Israel (Figure 8). *Ischnocolus*

jickelii L. Koch, 1875 (Figures 1, 2, 5, 6, 9, 10)

Ischnocolus jickelii L. Koch, 1875: 58, pl. 6, f. 2 (♀). Guadamucci & Wendt 2014: 395, f. 4B (♀).

Zonstein 2018: 110, f. 9–17 (♂). *Chaetopsema adenense* Simon 1890: 83 (♀). Synonymised with

I. jickelii by Guadamucci & Gallon (2008: 42).

Type Material. Holotype, female Eritrea: Hamasien (BMNH 19-9-18-5698-99), Guadamucci & Wendt (2014), not examined.

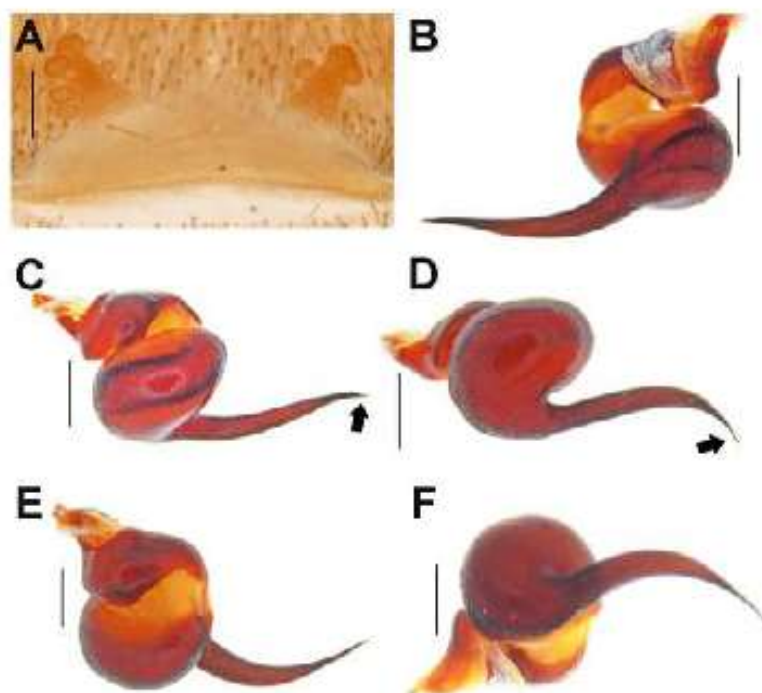


Figure 2. Spermathecae and palpal bulb of *Ischnocolus jickelii*. A- Spermathecae, dorsal view, IBSP 168497. B-F, bulb, IBSP 168493. B- Prolateral view. C- Retrolateral view. D- Retro - ventral view. E- Dorsal view. F- Ventral view. Scales = 1 mm. Arrow pointing to fold at the apex.

Examined Material. *United Arab Emirates (UAE)*: 1♀ (IBSP 168441), Ras al Khaimah, Wadi Shawka, 25°03'16"N, 56°02'32"E, 21.v.2014 (P. van Anandel & L. Gedman leg.). 1♀ (IBSP 168498), same collecting data. 1♀ (IBSP 168492), Ras al Khaimah, Al Kharran, 25°44'00"N, 55°58'55"E, ii.2014 (M. Gallagher leg.). 2♀ (IBSP 168504), Fujairah, Wadi Wurrayah, 25°23'52"N, 56°16'07"E, ii.2014 (M. Zaki & P. van Anandel leg.). 1♂ (IBSP 168494), Fujairah, Wadi Al Helo, 24°59'42"N, 56°12'38"E, ii.2014 (P. van Anandel leg.). – *Saudi Arabia*: 1♀ (SMNS-Aran-003438), Marble Village, ca. 200 km S Ta'if, 19°55.78'N, 41°26.47'E, 12.iv.2002 (S. Huber leg.). 1 immature (IBSP 168459), same collecting data, 18.iv.2002 (S. Huber leg.). – *Oman*: 1♀ (IBSP 168486), Dhofar, Salalah, mountain road south of Mughsayl, ca. 45 km SW Salalah, 16°53'22"N, 53°47'13"E, x.2000 (S. Huber leg.). 1 immature (IBSP 168458), same collecting data (S. Huber leg.). 1♂ (IBSP 168493), Dhofar, Salalah, ca. 5 km W Mughsayl, 16°51'16"N, 53°42'59"E, x.2015 (V. Vita leg.). 1♀ (IBSP 168497), Aritit, 16°49.73'N, 53°19.65'E, iii.2014 (D. Hoferek leg.). 1♂ (SMNS-Aran-002582), Al Wusta Governorate, Ras Madrakah, near coast, 18°58'29"N, 57°23'38"E, 05.ix.2016. – *Yemen*: 2♂ (IBSP 168465), Al Mahrah Governorate, Hawf District, 16°35'N, 52°50'E, (P. Pastor leg.). 1♂ (IBSP 168438), Hawf District, region of Hawf, 740 m, 16°39'N, 53°05'E, 13.x.2005 (L. Kratochvil leg.). 1♂ (IBSP 168454), same collecting data. 1♂ (SMNS-Aran-001517).

Emended diagnosis. Males differ from other *Ischnocolus* spp., except for *I. vanandelae* sp. n., by the shape of palpal bulb, displaying a long embolus and sharper embolus tip

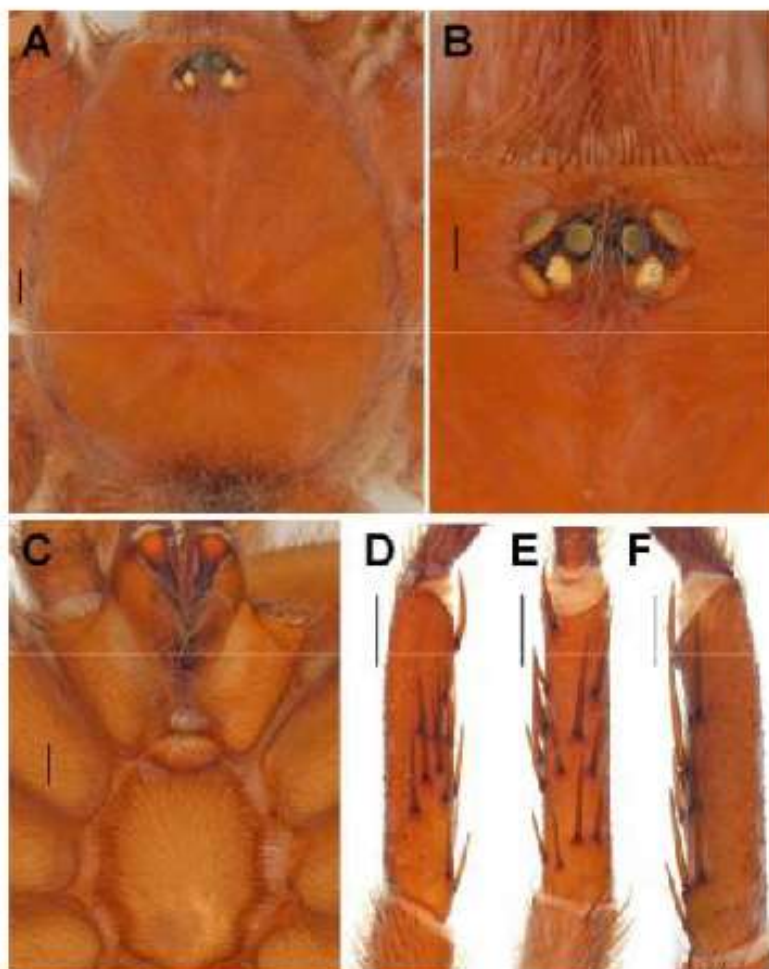


Figure 3. Male of *Ischnocolus vanandelae* sp. n. SMNS-Aran-003439. A- Carapace, dorsal view. B- Eye tubercle. C- Prosoma, ventral view. D-F, Tibia I. D- Retrolateral view. E- Ventral view. F- Prolateral view. Scales = 1 mm.

(Figures 2B–F). They can be distinguished from *I. vanandelae* sp. n. by the slightly shorter embolus, the absence of a discrete fold at the apex (Figures 2B–F) and the greater number (11) of spines in prolateral tibia I (5 spines in *I. vanandelae*) (Figures 1 D–F). Females differ from other *Ischnocolus* spp. except for *I. vanandelae* sp. n. by the shape of spermathecae, formed by two receptacles wider at the base and tapering in width.

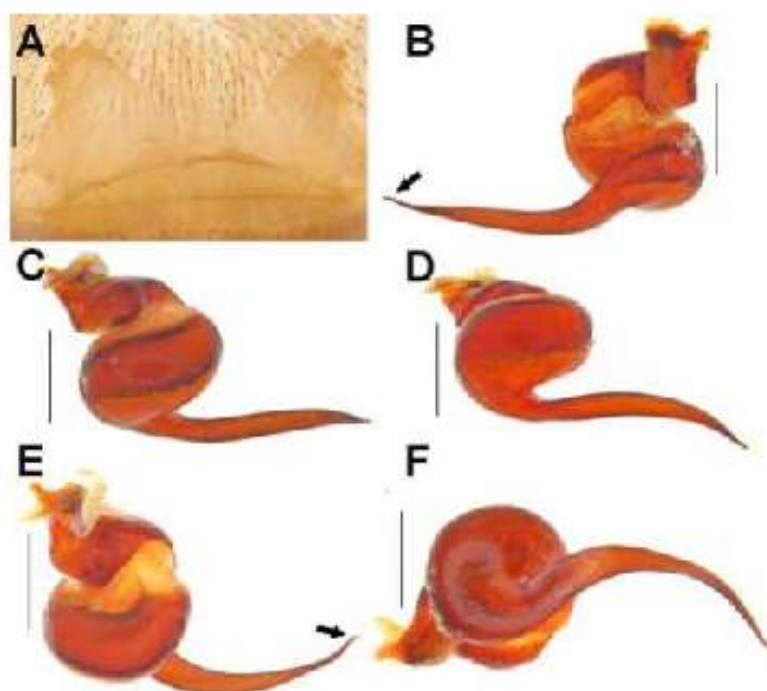


Figure 4. Spermathecae and palpal bulb of *Eschnocolus vanandelae* sp. n. A- Spermathecae, dorsal view, IBSP 168457. B-F, bulb, SMNS-Aran-003439. B- Prolateral view. C- Retrolateral view. D- Retro-ventral view. E- Dorsal view. F- Ventral view. Scale = 1 mm. Arrow pointing to fold at the apex.

around it (Figures 2A, 5A–B). Females can be distinguished from *I. vanandelae* sp. n. by the slenderer spermathecal receptacles (Figures 5A–B).

Colour patterns. There are two distinct colour patterns for females of *I. jickelii* (Figures 6A–C). The iridescent blue setae on palps and legs (mainly femur, patella and tibia) and the dark carapace of some specimens from UAE and Oman contrast with the clear setae on palps and legs and the golden carapace of the specimens of other localities. The blue specimens have faded stripe marks on the abdomen, while in the others the marks are more evident (clear setae and golden body). The only two blue specimens (IBSP 168492 and 168498) examined are females, which share the same spermathecae morphology with the other *I. jickelii* specimens. We also found intraspecific colour patterns ranging from iridescent blue setae on palps and legs, with a darker carapace (Figure 10D), to the lighter brown setae on palps and legs with a golden carapace with distinct darker marks on the abdomen dorsum (Figure 10A). Blue reflectance is commonly seen in many Theraphosidae subfamilies, genera and species and is largely produced by the refraction of light from nanostructures along the exterior wall of specialized setae (Foelix 2011; Hsiung et al. 2015). In addition to varying blue reflectance, female and subadult *I.*

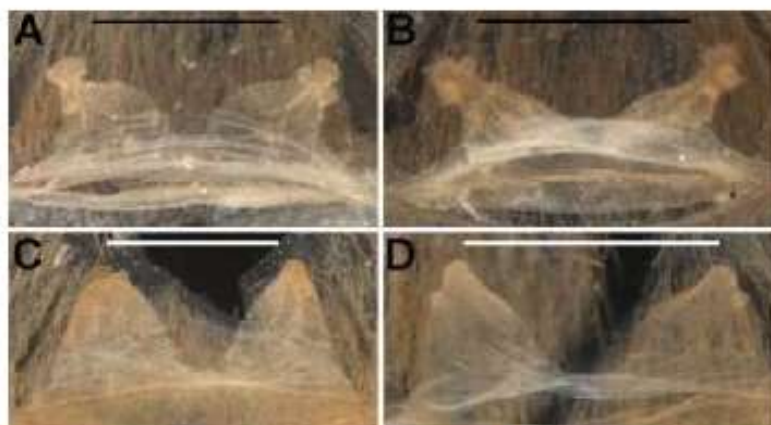


Figure 5. Spermathecae variation. A–B. *Ischnocolus jickelii*. A- IBSP 168441. B- IBSP 168498. – C–D, *Ischnocolus vanandelaiae* sp. n. C- IBSP 168468. D- SMNS-Aran-003440. Scale = 1 mm.

jickelii found in northeastern Oman and eastern UAE have more faded stripe marks on the abdomen dorsum (Figure 10B), whereas, adult and subadult conspecifics found in southern Yemen and southwestern Oman have more prominent abdominal marks on the abdomen dorsum (Figure 10A). Blue females (Figure 10C–D) share the same spermathecae morphology as the other pale brown *I. jickelii*. Blue, subtle brown/blue hues and pale brown adult and subadult females were found in the same habitat population (G. Feulner and P. van Anandel, pers. comm.). However, considering the invariable morphology of genitalia, we take a conservative decision and consider *I. jickelii* with two colour patterns rather than being distinct taxa.

Distribution. Eastern Sub-Saharan Africa (Djibouti, Eritrea, Ethiopia, Somalia) and Yemen (Guadamucci & Wendt, 2014; Zonstein, 2018). New records: Oman, southern Saudi Arabia and UAE (Figure 8).

Biology. In northern Oman and the UAE, female and immature *I. jickelii* were found in the more xeric Hajar and Musandam Mountains mainly on sloped ground near wadis (Figure 7B), above flooding water levels, either in natural crevices or self-excavated retreats under large rocks, amongst low shrubs, inside the base of dead date palm tree trunks and occasionally making their retreats in man-made objects such as stone walls or under piles of old refuse near villages (Anandel, 2014; Feulner & Roobas, 2015; P. van Anandel and G. Feulner, pers. comm.). Entrances to the retreat are lightly silken (Figure 7C). Some adult and subadult *I. jickelii* were found in self-excavated or natural cavities under rocks in close proximity (~10 cm) to each other with similar-sized *Hottentotta jayakari* (Pocock, 1897) or *Orthochirus glabrifrons* (Kraepelin, 1903) scorpions. No remains of either species were found in the burrows to indicate any antagonistic behaviour (P. van Anandel, pers. comm.). Prey remains found in retreats of *I. jickelii* consisted largely of small darkling beetles (Tenebrionidae), small crickets, land snails and other spiders, such as *Artema* sp. (Pholcidae) (P. van Anandel, pers. comm.). On one occasion, an adult or subadult *I. jickelii* was observed being collectively carried away by a number

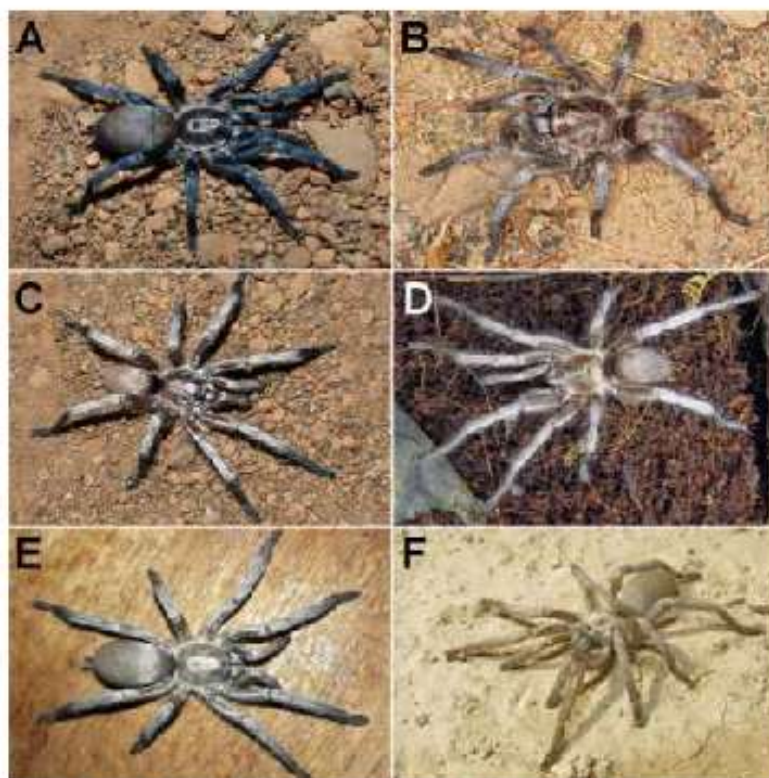


Figure 6. A–C. *Ischnocolus jickelii*. A- Female, from Wadi Al Helo, Sharjah, United Arab Emirates, presence of a blue iridescence on the setae covering the body (photo: R. West). B- Female, from Arkut, Dhofar, Oman, brown variation (photo: V. Vita). C- Male, from Mughsayl, Dhofar, Oman (photo: R. West). – D–F- *Ischnocolus vanandela* sp. n. D- Male, from Sih-Mall-Rakhyut, Dhofar, Oman (photo: M. Gamache). E–F, Immature female, from Siahu, Hormozgan, Iran (photos: A. Zamani).

of *Monomorium* sp. (Formicidae), a type of stinging ant. However, it was unknown if the tarantula was actually killed or merely scavenged by the ants, after another cause of death (G. Feulner, pers. comm.). In Fujairah (UAE), a mature male was observed wandering in search of a receptive female in February, during seasonal rains from December to March. In southern Oman and Yemen, mature and immature *I. jickelii* were found along the foggy coastal ranges of the Hadhramaut and Dhofar Mountains (Figure 7A), consisting of acacias, date palm trees, low scrub bushes and grasses, in lightly silken self-made retreats under large rocks. Unlike the more northerly populations of *I. jickelii*, mature males were found wandering in September and October, coinciding with the end of the seasonal rainy season in late August.

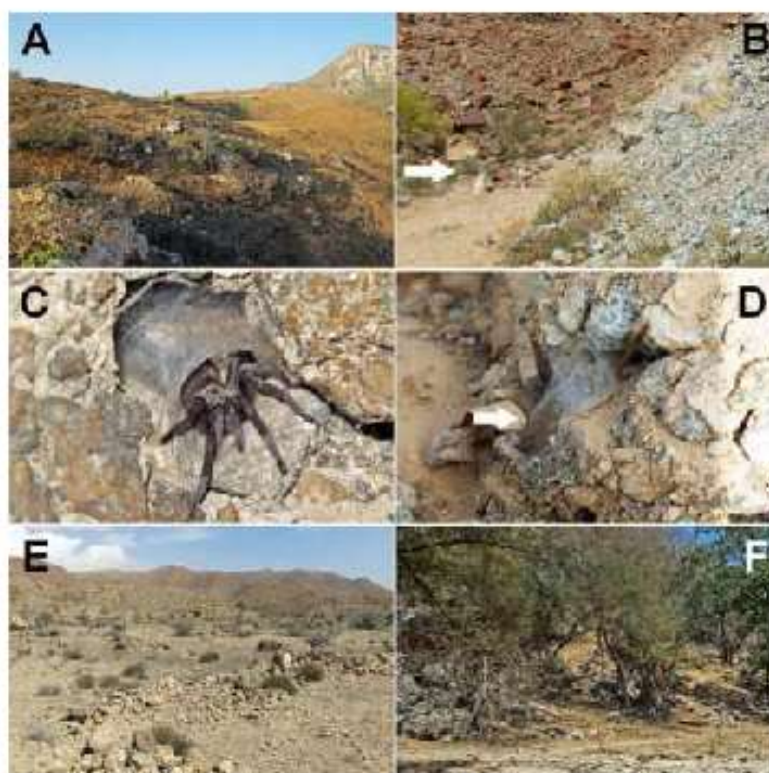


Figure 7. A–C- *Ischnocolus jickeli* habitats. A- Mugsayl (5 km west), Dhofar Province, Oman, xeric habitat (photo: V. Vita). B- Wadi Al Helo, Sharjah, United Arab Emirates, xeric habitat with rocky slopes and low bush (photo: P. van Anandel). C- Wai Wiga, Hajar Mountains, Ras al-Khaimah, United Arab Emirates, subadult female at entrance of ground retreat (photo: G. Feul-ner). D–E- *Ischnocolus vanandelae* sp. n., habitat. D- Rocky substrate with silken entrance (photo: P. van Anandel). E- Hormozgan Province, Iran, general xeric habitat (photo: A. Zamani). F- Arkut (5 km northeast), Dhofar Province, Oman, semi-deciduous dry woodland habitat (photo: M. Hüsser & Y. Frey).

Ischnocolus vanandelae sp. n. Montemor, West & Zamani (Figures 3–9)

Type Material. Holotype: Male, Oman, Dhofar, Salalah, Wadi Darbat, near Tawi Atayr, 17°06'12"N, 54°21'10"E, \times 2000, S. Huber leg. (SMNS-Aran-003439). – *Paratypes:* 1♀ (IBSP 168468), Oman, Dhofar, Salalah, Wadi Nahiz, 10 km N Salalah, 17°07'48"N, 54°07'44"E, \times 2000 (S. Huber leg.); 1♀ (IBSP 168457), same data (S. Huber leg.); 1♂ (IBSP 168467), same collecting data (S. Huber leg.); 1♂ (IBSP 168443), same collecting data (S. Huber leg.). 1♀ (SMNS-Aran-3440), Oman, Dhofar, Salalah, Wadi Darbat, near Tawi Atayr, 180 m, 17°06'12"N, 54°21'40"E, \times 2000 (S. Huber leg.). 1♂ (SMNS-Aran-3441), Oman, Dhofar, Salalah, Wadi Hin-na, near Tawi Atayr, 17°6'12"N, 54°21'40"E, \times 2000 (S. Huber leg.).



Figure 8. Distribution of *Ischnocolus* species. Dotted symbols are new records presented in this paper.

Other material examined. *Oman*: 1 immature (IBSP 168456), Ibri, Northern Oman, surroundings of Al Araqi cave, 400 m, 23°18'59"N, 56°31'19"E, 30.ix.2000 (S. Huber leg.). 1♂ (SMNS-Aran-002581), Ad Dakhiliyah Governorate, Muhafazat ad Dakhiliyah, Dar Sawda', flank of Jebel Shams, 23°14'19"N, 57°11'37.3"E, 03.ix.2016. 1♂ (SMNS-Aran-002587), Al Wusta Governorate, Ras Madrasah, near coast, 18°58'29"N, 57°23'38"E, 05.ix.2016. – *Iran*: 1 immature ♀ (IBSP 221865), Hormozgan Province, 75 km N Bandar Abbas, Siahu, 27°08'18.9"N, 55°08'12.7"E, 16.ii.2018 (A. Zamani leg.). 1♂ (ZMUI 5301), Sistan & Baluchistan Province, Chanft, Barashk, Bashagard Mountains, 26°37'2.8"N, 60°23'38"E, 05.vi.2016 (H. Salehi & M. Moradmand leg.).

Diagnosis. Males differ from other *Ischnocolus* spp., except for *I. jickelii*, by the shape of the palpal bulb with a long embolus, tapering towards the apical end, with a discrete fold at the apex (Figures 4 B–F). They differ from *I. jickelii*, with which they share the similar overall palpal bulb morphology, by the relative length of embolus (shorter in *I. jickelii*), by the embolus tip (with a small fold in the new species) and by the fewer number (5) of spines on prolateral tibia I of *I. vanandelae* sp. n. (11 spines in *I. jickelii*) (Figures 3D–F). Females differ from the other species, and resemble *I. jickelii*, by the shape of spermathecae, composed by two triangular receptacles, each one with 1–3 small apical lobes (Figures 4A, 5C–D). Females of *I. jickelii* have much slenderer spermathecal receptacles compared to those of *I. vanandelae* sp. n. (Figures 5C–D).

Etymology. This species is named after Mrs. Priscilla M. J. van Anel, a Dutch wildlife enthusiast, who, along with her husband Mr. J. H. (Hans) Raaijmakers, first found and provided specimens from the UAE for this study.

Description. *Male* (Holotype). Total length 13.21. Carapace: 6.53 long, 5.31 wide. Eye tubercle: 0.72 long, 1.13 wide. Labium: 0.49 long, 1.09 wide. Sternum: 2.99 long, 2.13 wide. Cheliceral basal article with 9 teeth. Intercheliceral intumescence present. Labium twice as wide as long with 18 cuspules. Maxilla with more than 70 cuspules. Sternum oval, posterior sigilla marginal. Thoracic fovea recurved. Leg and palp measurements: palp: 10.65 (3.80, 2.47, 2.97, 1.15); Leg I: 21.00 (5.36, 3.51, 4.29, 4.55, 2.88), Leg II:

19.52 (5.04, 3.13, 4.06, 4.49, 2.52), Leg III: 18.81 (4.76, 2.53, 3.52, 5.06, 2.92), Leg IV: 24.86 (6.27, 3.02, 5.46, 6.80, 3.31). Spination: palp without spines. Legs: tarsi, patellae and femora I–IV without spines. Leg: Leg I: tibia (v) 2-3, (p) 3-4-2-1, metatarsus (v)

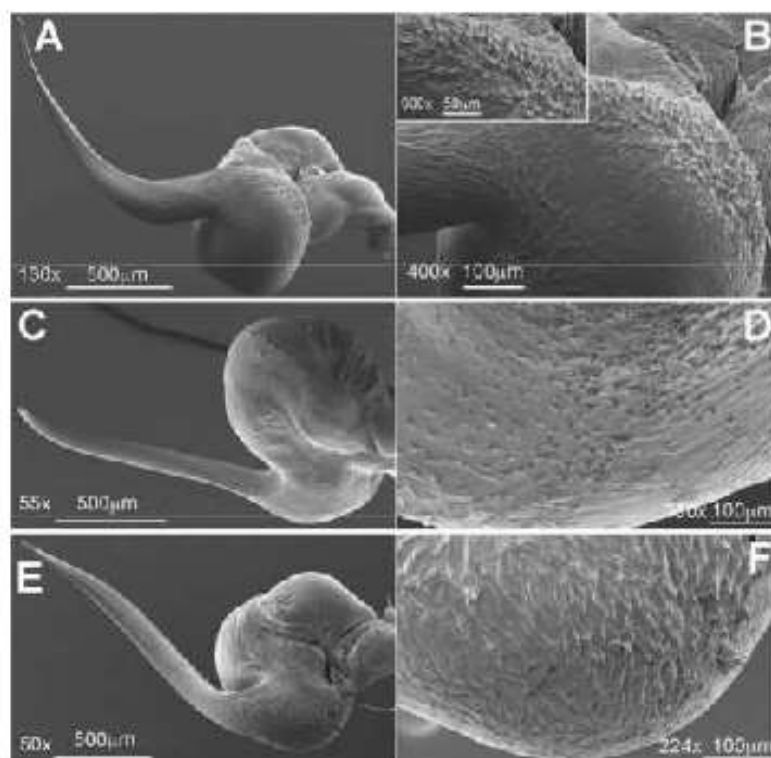


Figure 9. A–B. *Ischnocolus vandae* sp. n. A- bulb, prolateral/ventral. B- Detail of rough area (close-up showing cuticular thorns). C–D. *Ischnocolus valentinus*. C- bulb, prolateral/dorsal face. D- Detail of rough area. E–F. *Ischnocolus jickelii*. E- Male palpal bulb, prolateral face. F- Detail of rough area. (micrographs: C. G. Martin).

1-1-0, (r) 1-0-0. Leg II: tibia (v) 3-3-0-3, (r) 2-2-0, metatarsus (v) 3-2-2-2, (p) 2-2-2, (r) 3-2-2. Leg III: tibia (v) 3-3-3, (p) 2-2-0, (r) 2-1-2, metatarsus (v) 3-2-2-2, (p) 2-2-2, (r) 3-2-2. Leg IV: tibia (v) 3-4-0-3, (p) 2-1-0, (r) 1-0-2-0, metatarsus (v) 2-2-2, (p) 2-2-2, (r) 3-2-2. Scopulae on ventral metatarsi: I and II nearly totally occupied, III more than $\frac{3}{4}$ occupied, IV $\frac{3}{4}$ occupied. Tarsus IV cracked with pallid suture. Eyes: anterior row slightly procurved, posterior slightly recurved, clypeus narrower than the diameter of anterior median eyes. Interocular distances: PME–PME 0.73; ALE–AME 0.09; ALE–PLE 0.27; AME–PLE 0.28; AME–AME 0.15; ALE–ALE 0.60. Male palpal bulb with a long embolus, tapering towards the apical end, with discrete fold at the apex (Figures 4 B–F).

Female (Paratype, IBSP 168457). Total length 18.66. Carapace: 8.62 long, 7.51 wide. Eye tubercle: 0.90 long, 1.52 wide. Labium: 0.80 long, 1.51 wide. Sternum: 4.26 long, 3.26 wide. Cheliceral basal article with 9–10 teeth (right and left basal articles). Inter-

cheliceral intumescence absent; rastellum absent. Labium twice as wide as long with 22 cuspules. Maxilla with more than 60 cuspules. Sternum oval, posterior sigilla marginal.

Thoracic fovea recurved. Leg and palp measurements: palp: 13.85 (4.71, 3.09, 3.35, 2.81); Leg I: 21.45 (6.12, 4.08, 4.67, 3.96, 2.21), Leg II: 19.73 (5.66, 3.77, 4.07, 3.75, 2.76), Leg III: 18.99 (5.17, 3.02, 3.59, 4.72, 2.68), Leg IV: 25.95 (6.81, 3.60, 5.50, 6.59, 3.19). Spines: Palp without spines. Legs: tarsi, patellae and femora I–IV without spines.

Leg I: tibia (v) 1-1-1, metatarsus (v) 1-0-1. Leg II: tibia (v) 1-1-2, metatarsus (v) 1-1-0.

Leg III: tibia (v) 1-1-2, (p) 1-1-0, (r) 1-1-0, metatarsus (v) 2-2-3, (p) 0-1-1, (r) 1-1-0.

Leg IV: tibia (v) 2-2-3, (p) 1-2-0, (r) 1-1-0, metatarsus (v) 1-1-2-3, (p) 1-0-0, (r) 2-1-1.

Scopulae on ventral metatarsi: I and II nearly totally occupied, III more than half occupied, IV half occupied. Scopulae on tarsi: I–IV divided by a longitudinal band of thick setae. Tarsus IV cracked with pallid suture, paired tarsal claws without teeth. Eyes: anterior row procurved, posterior slightly recurved, clypeus narrower than the diameter of anterior median eyes. Interocular distances: PME–PME 1.05; ALE–AME 0.16; ALE–PLE 0.22; AME–PLE 0.36; AME–AME 0.15; ALE–ALE 0.95. Abdomen with a dorsal striped pattern. Spermathecae composed by two wide receptacles, each receptacle with small apical lobes (Figures 4A, 5C–D).

Colour pattern. Males and females with pale golden pubescence on the body, with legs being slightly darker; noticeable chevron pattern on abdomen dorsum absent (Figures 6 D–E).

Distribution. Oman, Iran (first record of the family) (Figure 8).

Biology. In Iran (Figure 7E), a subadult female *I. vanandelae* sp. n. was found in a sparsely vegetated rocky dry plain, under a large rock in a self-excavated retreat extending partially along the underside of the rock, not extending vertically down into the substrate. The entrance to the retreat was lightly silken. Other immature specimens (not collected) were more easily found at their retreat entrances during the cooler months of March to May. Prey remains found in retreats of *I. vanandelae* sp. n. consisted of small darkling beetles (Tenebrionidae). A mature male was found wandering over the ground at night in early June in Barashk, Sistan & Baluchistan Province, suggesting a breeding season between May and June. The area consisted of a rocky dry plain with sparsely scattered low bushes (*Calotropis procera*) and palm trees (*Nannorrhops ritchiana*). In southwestern Oman (Figure 7F), *I. vanandelae* sp. n. was found in the semi-deciduous vegetation transition zones along the Dhofar Mountains, around Salalah, Dhofar Province, where seasonal coastal fog promotes grassland, scattered brush and evergreen woodlands. Mature males were found wandering in October. Females and immature *I. vanandelae* sp. n. were found in lightly silken self-excavated retreats at the base of large trees or under large rocks laying on the ground (P. Schuhmacher and M. Stockmann, pers. comm.; M. Hüßler and Y. Frey, pers. comm.).

Discussion

With a total number of eight valid species, the representatives of the genus *Ischnocolus* were previously recorded from Africa, parts of the Iberian and Arabian Peninsula and east Mediterranean region. The known distribution range of the genus is extended and now includes parts of the Arabian Peninsula (Oman, SW Saudi Arabia, UAE) and southern Iran (Figure 8). Our data represent the first records of the family Thera-phosidae in Saudi Arabia, Oman, and Iran. *Ischnocolus vanandelae* sp. n. occurs in the Arabian Peninsula and southern Iranian coastal mountain. The distribution of *Ischnocolus jickelii* is also, herein, expanded and is recorded from eastern Yemen, Oman,



Figure 10. A–D. *Ischnocolus jickelii*, females, showing all colour variants. A- Arkut, Dhofar Province, Oman (photo: M. Hüsler & Y. Frey). B- Hajar Mountains, Wadi Chees (Shis), Sharjah, UAE (photo: P. van Andel). C- Ayun, Dhofar Province, Oman (photo: R. Sindaco). D- Hajar Mountains, Wadi Shawka, Sharjah, UAE (photo: R. West).

Saudi Arabia and UAE. Similar distributional patterns were previously reported for other desert-dwelling taxa, such as the stone huntsman spider *Eusparassus perezii* Simon, 1902 (Moradmand, 2013). Opatova et al. (2019) performed a biogeographical analysis for Mygalomorphae using genomic scale data, and showed that divergences within Theraphosidae corresponds to the South America - Africa separation (77–61 Mya). Through dispersal and vicariant events, Theraphosidae spread into Asia, probably through the connection with Africa (Opatova et al., 2019). The establishment of land connection between Afro-Arabia and Eurasia, starting in early Miocene (22–12 Mya) took place almost simultaneously with the opening of the Red Sea, which most likely has started 27.5–23 Mya (Tamar et al., 2016). Furthermore, temporary connections (land bridges) linked Africa and Arabia (10–5.3 Mya) (Bosworth, Huchon & McClay, 2005), which may have enabled faunal exchange by dispersal. Subsequently, in late Miocene a land bridge of arid savannah connected the Arabian Peninsula with the southern Iranian plateau (Shmida, 1985) permitted the exchange of xerophilic taxa between two lands prior to final loading of the Persian Gulf in 18,000 ya (Lambeck, 1996). Also throughout the Pliocene and Pleistocene, when the level of the Red Sea dropped, there were possibly connections between Arabia and Africa, notably in the southern part (Bailey et al., 2007). In this scenario, these land connections could have played important roles in the distribution of *I. vanandelae* sp. n. and *I. jickelii*. The other species of *Ischnocolus* are found out of the major ecological Afrotropical region, occurring in Israel and Syria (*I. ignoratus*) and the northern Saharan region, where *I. han-cocki*, *I. elongatus* have few records in Morocco, and *I. valentinus* is widespread in Algeria, Tunisia and also recorded in Spain and Sicily (Figure 8). This unique distribu-

tion pattern ranges from rocky plains and sandy deserts to high mountains and plateaus to low valleys, and as a part of this distinct biota, it may have been influenced by massive tectonic movements and climatic changes during the mid-Cenozoic (Tamar et al., 2016).

Regarding the palpal bulb morphology, we noticed a distinct rough surface on the prolateral/ventral proximal portion of the tegulum (Figures 9A–F) that never drew any attention in previous papers. Micrographs of *I. vanandelae* sp. n. (Figures 9A–B), *I. valentinus* (Figures 9C–D) and *I. jickelii* (Figures 9E–F) revealed an oval field of short cuticular thorns. It needs to be examined whether this character is present in all *Ischnocolus* species and other closely related genera.

Acknowledgements

A. Zamani is grateful toward Soheyl Sami, Mojtaba Ezazi and Seyyed Mahdi Mousavi for field assistance and Diego Pádua for transporting the material. R. C. West gratefully thanks Priscilla van Anel, Christine Beahon-Riche, Johannes Els, Gary Feulner, Mick Gallagher, Martin Gamache, Mohamed Gazzali, Steffen Haller, Vitezslav Honsa, Martin Hüsser, Sithum Jayasinghe, Radan Kaderka, Peter Pastor, Hans Raaijmakers, Binish Roobas, Peter Roosenschoon, Roberto Sindaco, David Šťastný and Vojtěch Vita for providing specimens, photographs and natural history data used in this study. M. Moradmand is thankful to Hassan Salehi (Isfahan) for his field assistances and his brother Dr Mohammad Moradmand (Tehran) for providing facilities to visit remote areas in Baluchistan. I.Wendt thanks Patrick Schuhmacher and Mark Stockmann for natural history data and Cristina Gascó Martín for preparing micrographs of palpal bulbs. S. Huber thanks the following people who made collecting trips possible: to Sultanate of Oman, Peter and Sylvia Weygoldt (Freiburg University, Germany), Slavko and Lara Polak (Ljubljana, Slovenia), and Dr Ali bin Amer al Kiyumi (Director-General of Nature Conservation, Ministry of Regional Municipalities and Environment, for collection permissions); to Saudi Arabia, Peter and Sylvia Weygoldt, Dr Abdulaziz Abuzinada (former Secretary General of the National Commission for Wildlife and Development, NCWCD) for organizing formalities and providing collection permissions, Dr Eugène Joubert (IUCN Consultant at NCWCD for logistic support), and Dr Patrick Paillat and Jacky Judas (National Wildlife Research Centre in Taif), for their great hospitality and logistic support. We are thankful to curators for loan and repository of specimens (Antonio D. Brescovit, IBSP; Joachim Holstein, SMNS).

Funding

Vivian M. Montemor thanks CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) for PhD funding.

Disclosure statement

No potential conflict of interest was reported by the authors.

References

- Andel, P. van. (2014). First distribution record of a tarantula spider (Araneae, Theraphosidae) found in the United Arab Emirates. *Tribulus*, 22, 4–8.
- Ausserer, A. (1871). Beiträge zur Kenntniss der Arachniden-Familie der Territelariae Thorell (Mygalidae Autor). *Verhandlungen der Kaiserlich-Königlichen zoologisch-botanischen Gesellschaft in Wien*, 21, 177–224.
- Bailey, G. N., Flemming, N. C., King, G. C. P., Lambeck, K., Momber, G., Moran, L. J., Al-Sharekh, A., & Vita-Finzi, C. (2007). Coastlines, submerged landscapes, and human evolution: The Red Sea Basin and the Farasan Islands. *Journal of Island and Coastal Archaeology*, 2, 127–160.

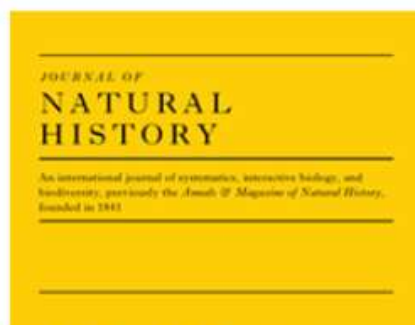
- Bosworth, W., Huchon P., & McClay K. (2005). The Red Sea and Gulf of Aden Basins. *Journal of African Earth Sciences*, 43, 334–378.
- Feulner, G. R., & Roobas, B. (2015). Spiders of the United Arab Emirates: an introductory catalogue. *Tribulus*, 23, 4–98.
- Foelix, R. F. (2011). *Biology of spiders* (3rd ed.). Cambridge (Mass.): Harvard University Press.
- Guadanucci, J. P. L. (2014). Theraphosidae phylogeny: relationships of the 'Ischnocolinae' genera (Araneae, Mygalomorphae). *Zoologica Scripta*, 43, 508–518.
- Guadanucci, J. P. L., & Gallon, R. C. (2008). A revision of the spider genera *Chaetopelma* Ausserer, 1871 and *Nesierys* Simon, 1903 (Araneae, Theraphosidae, Ischnocolinae). *Zootaxa*, 1753, 34–48.
- Guadanucci, J. P. L., & Wendt, I. (2014). Revision of the spider genus *Ischnocolus* Ausserer, 1871 (Mygalomorphae: Theraphosidae: Ischnocolinae). *Journal of Natural History*, 48, 387–402.
- Hsiung, B. K., Deheyn, D. D., Shawkey, M. D., & Blackledge, T. A. (2015). Blue reflectance in tarantulas is evolutionarily conserved despite nanostructural diversity. *Science Advances*, 1(10), 1–8.
- Lambeck, K. (1996). Shoreline reconstructions for the Persian Gulf since the last glacial maximum. *Earth and Planetary Science Letters*, 142, 43–57.
- Moradmand, M. (2013). The stone huntsman spider genus *Eusparassus* (Araneae: Sparassidae): systematics and zoogeography with revision of the African and Arabian species. *Zootaxa*, 3675, 1–108.
- Opatova, V., Hamilton, C. A., Hedin, M., De Oca, L. M., Král, J., & Bond, J. E. (2019). Phylogenetic systematics and evolution of the spider infraorder Mygalomorphae using genomic scale data. *BioRxiv*, 531756.
- Petrunkovitch, A. (1925). Arachnida from Panamá. *Transactions of the Connecticut Academy of Arts and Sciences*, 27, 51–248.
- Raven, R. J. (1985). The spider infraorder Mygalomorphae (Araneae): cladistics and systematics. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 182, 1–180.
- Shmida, A. (1985). Biogeography of the desert flora. Pp. 23–77. In: Evenari, M., Noy-Meir, I., D., Goodall, W. (Eds), *Ecosystems of the world*. Amsterdam: Elsevier.
- Smith, A. M. (1990). *Baboon spiders: Tarantulas of Africa and the Middle East*. London: Fitz-gerald Publishing.
- Tamar, K., Scholz, S., Crochet, P., Geniez, P., Meiri, S., Schmitz, A., Wilms, T., & Carranza, S. (2016). Evolution around the Red Sea: Systematics and biogeography of the agamid genus *Pseudotrapelus* (Squamata: Agamidae) from North Africa and Arabia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 97, 55–68.
- World Spider Catalog (2019). *World Spider Catalog. Version 20.0*. Natural History Museum Bern. <http://wsc.nmbe.ch> (accessed on 11.5.2019).
- Zonstein, S. L. (2018). Complementary data on the genus *Ischnocolus* (Araneae: Theraphosidae). *Israel Journal of Entomology*, 48, 105–118.

ANEXO III
ARTIGO SUBMETIDO DURANTE DOUTORADO

Condição climática histórica de aranhas do gênero
Trechona: da superfície para o subterrâneo
(submetido)

(Somente figuras do artigo apresentadas aqui)

Journal of Natural History



**Historical climatic condition of spiders of the genus
Trechona C. L. Koch, 1850 (Dipluridae, Mygalomorphae):
 from the surface to the underground**

Journal:	<i>Journal of Natural History</i>
Manuscript ID	TNAH-OA 19-254
Manuscript Type:	Original Article
Date Submitted by the Author:	12-Dec-2019
Complete List of Authors:	Rossi, Giulia; Universidade Estadual Paulista, Department of Zoology Montemor , Vivian ; Universidade Estadual Paulista, Department of Zoology Guadanucci, Jose Paulo; Universidade Estadual Paulista, Departamento de Zoologia Da Silveira , Natália; Universidade Estadual Paulista, Department of Zoology
Keywords:	hypogean habitats, arachnids, refuge, ENM

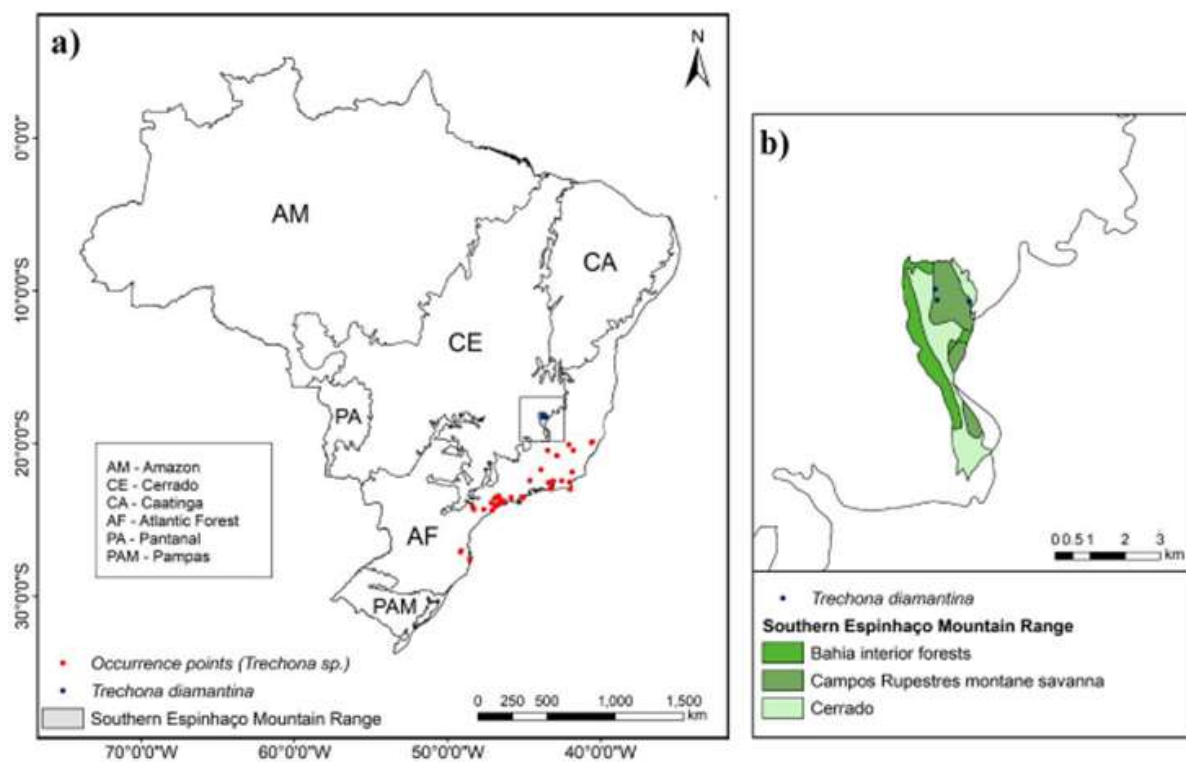


Figure 2a-b. Geographical distribution of genus *Trechona* in Brazil: a. Red spots are occurrences of Atlantic Forest; blue spots, records of *T. diamantina*. b. Zoom of Southern Espinhaço Mountain Range with occurrences of *T. diamantina*.

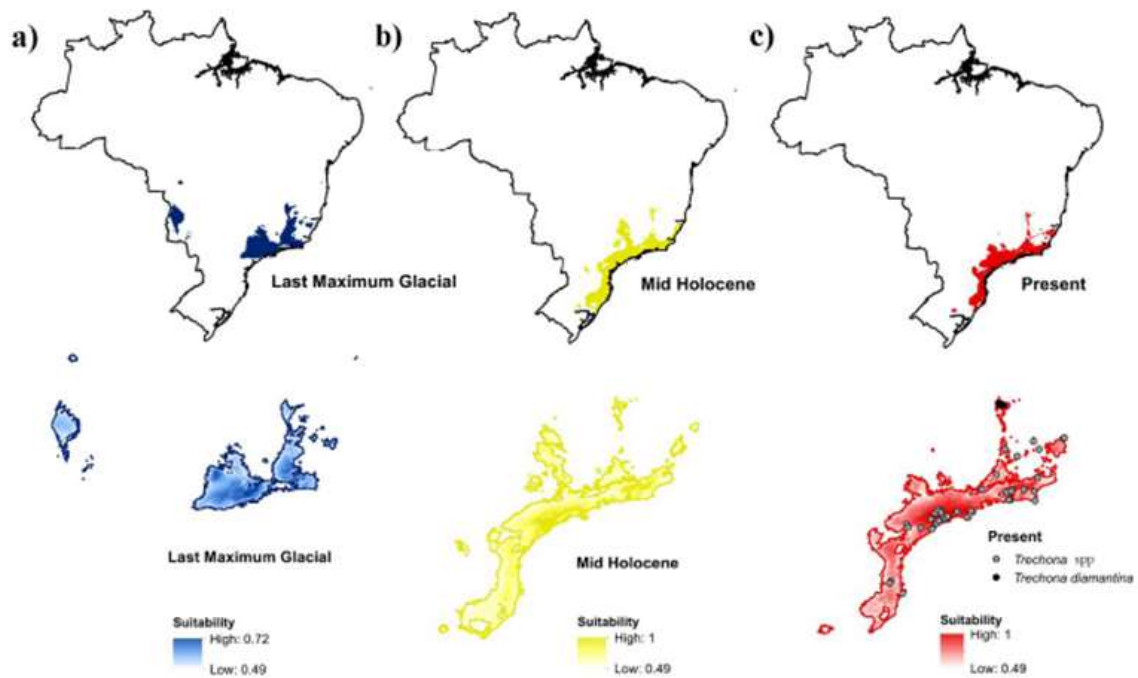
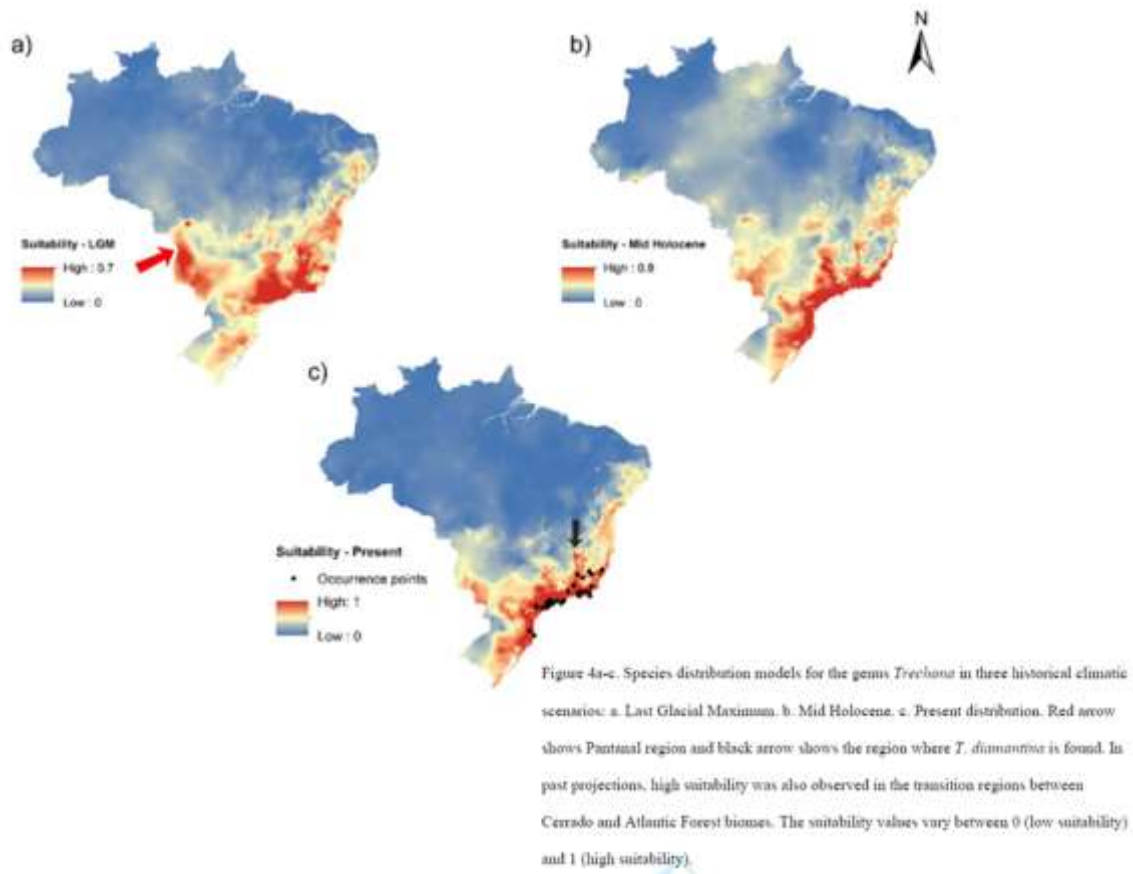


Figure 5a-c. Climate stability areas: a. Last Glacial Maximum distribution. b. Mid