



Universidade de Brasília  
Programa de Pós-graduação em Biologia Animal  
Departamento de Genética e Morfologia  
Laboratório de Genética e Biodiversidade

**Variabilidade genética da saíra-amarela (*Stilpnia cayana*, Aves:  
Thraupidae): uma abordagem baseada nos processos e padrões  
filogeográficos, morfológicos e de modelagem de nicho**

Samira Rezende Duarte  
Orientador: Prof. Dr. Renato Caparroz

Brasília - DF  
Setembro de 2021

Universidade de Brasília  
Programa de Pós-graduação em Biologia Animal  
Departamento de Genética e Morfologia  
Laboratório de Genética e Biodiversidade

**Variabilidade genética da saíra-amarela (*Stilpnia cayana*, Aves:Thraupidae): uma abordagem baseada nos processos e padrões filogeográficos, morfológicos e de modelagem de nicho**

Samira Rezende Duarte  
Orientador: Dr. Renato Caparroz

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal como parte dos requisitos básicos para obtenção do título de Doutor em Biologia Animal.

Brasília - DF  
Setembro de 2021

## FICHA CATALOGRÁFICA

**Duarte, Samira Rezende**

**Variabilidade genética da saíra-amarela (*Stilpnia cayana*, Aves: Thraupidae):  
uma abordagem baseada nos processos e padrões filogeográficos,  
morfológicos e de modelagem de nicho**

**144 páginas**

**Tese de Doutorado – Instituto de Biologia da Universidade de Brasília -  
Departamento de Genética e Morfologia - Laboratório de Genética e  
Biodiversidade.**

**1- *Stilpnia cayana*, 2- Neotrópico, 3- Filogeografia.**

**Comissão Julgadora:**

---

**Prof. Dr. Renato Caparroz (presidente)**

---

**Prof. Dr. Silviene Fabiana de Oliveira (titular)**

---

**Prof. Dr. Gisele Pires de Mendonça Dantas (titular)**

---

**Prof. Dr. Larissa Rosa de Oliveira (titular)**

---

**Prof. Dr. Lilian Gimenes Giugliano (suplente)**

## Agradecimentos

Chegar até aqui não foi fácil! Esses anos de doutorado foram de grandes mudanças e desafios. Primeiro foi à busca por editais de financiamento, na metade uma gravidez não planejada e no final uma pandemia. Mas do que nunca sinto que amadureci, seja na vida pessoal quanto profissional, e percebo que a felicidade está nas pequenas coisas da vida. No entanto, eu não teria conseguido chegar até aqui sem essas pessoas, por isso meus sinceros agradecimentos.

Aos meus pais João e Valdenice que sempre me apoiaram, me incentivaram a buscar minha independência e a ser minha melhor versão, mesmo que o caminho seja um tanto quanto longo. Além de terem sido nossa rede de apoio juntamente com minha sogra Maria Neraci nos cuidados com a Isis durante esse período de pandemia.

Ao meu esposo Diego, por seu amor, amizade, companheirismo e apoio até mesmo nos dias em que pensei que não era capaz, sempre com suas palavras de incentivo. Por ter estado comigo nos longos fins de semana em que passamos no laboratório, nos quais eu me dividia entre o trabalho na bancada e a amamentação.

A minha filha Isis que apesar da pouca idade, chegou para me mostrar que a vida é cheia de desafios, você me fez uma nova mulher, me fez acreditar que a vida precisa ser mais do que simplesmente a união de eventos aleatórios. Além de entender que hoje até posso demorar um pouco mais para finalizar algum projeto, mas eu chego lá. Por você me tornei uma pessoa melhor!

Em especial ao meu orientador Renato Caparroz, por ter me aceito como orientanda de mestrado e doutorado, pelo compartilhamento de suas experiências de campo ou laboratório, pelas discussões científicas, pela amizade e compreensão ao longo desses anos.

Aos professores Salvador Carvalho e Camila Regina, que foram meus orientadores de graduação com mutagênese com *Drosophila*. Vocês me apresentaram esse mundo louco, mas muito recompensador da pesquisa, graças a vocês eu trilhei esse caminho. Também não poderia deixar de agradecer às professoras da educação infantil: Andréia, Aparecida, Cleuza

Helena, Isabel e Noraney. Além de todos os outros professores que passaram pela minha vida, mesmo não sendo capaz de listar nominalmente, vocês me fizeram o que sou hoje e tudo que ainda quero ser! Meu muito obrigada!

Ao laboratório de Genética e Biodiversidade (LabGenBio), representados pelos professores Fernando Rodrigues, Lílian Giugliano e Renato Caparroz, todos os seus orientandos, principalmente ao Helder Silva pelas conversas, ao nosso antigo técnico Leandro Almeida e atual Frederico Horst por terem me recebido e contribuído para o meu aprendizado.

Às professoras que me auxiliaram nas disciplinas de estágio em docência e treinamento didático Lílian Giugliano e Nazaré Klautau, que compartilharam diferentes estratégias de ensino adaptadas para a realidade da instituição, vocês me fizeram uma professora didaticamente melhor.

Aos museus e colaboradores que me receberam para coletar os dados de morfometria, plumagem e pela disponibilização das amostras de tecido para a filogeografia. Dos museus nacionais: Marcos Raposo e Daniel Figueira (MNRJ); Luís Fábio Silveira, Marina Lima, Diego Cueva, Fernanda Bocalini e Sérgio Bolívar-Leguizamón (MZUSP); Alexandre Aleixo e Maria de Fátima Lima (MPEG). Dos museus internacionais: Joel Cracraft, Paul Sweet e Lydia Garetano (AMNH) por terem me recebido e pela concessão do financiamento Colletion Study Grants; John Bates e Mary Hennen (FMNH); James Remsen e Steven Cardiff (LSU) por terem enviado as peles para serem analisadas no USNM; e por último ao Christopher Milensky, Brian Schmidt, Jacob Saucierand Christina Gebhard (USNM) por terem me recebido e intermediado o processo de traslado das peles de LSU e FMNH.

A todos aqueles que ao longo das coletas pelos museus me hospedaram: Paulo Pachelle, Cecili Mendes e Diego Cueva em São Paulo; Alexandra Bezerra e Alberto Akama em Belém do Pará; Lucrecia Rodriguez e Nelly Jimeno em Washington D.C.

Às professoras do Departamento de Genética e Morfologia Cíntia Coelho, Lílian Giugliano, Nazaré Klautau, Rosana Tidon, Silene Lozzi e Silviene Oliveira, que em muitas conversas pelo corredor ou copa compartilharam suas experiências pessoais, os desafios que

também tiveram para conciliar a pesquisa e a maternidade, e mesmo sem saber me incentivaram a permanecer firme.

Agradeço a Lara Helena, Roger Ledo e Vivian Ribeiro por algumas sugestões em dúvidas cruciais nas análises de morfometria e modelagem. E pela amizade e apoio durante esses anos, agradeço aos meus amigos: Alécio Rodrigues, Kelly Araújo e Flávia Freitas.

À banca avaliadora composta pelas professoras Gisele Pires de Mendonça Dantas, Larissa Rosa de Oliveira e Silviene Fabiana de Oliveira, além da suplente Lilian Gimenes Giugliano, que aceitaram estarem presentes mesmo que virtualmente para defesa deste trabalho.

Ao Programa de Pós-graduação em Biologia Animal pela oportunidade e aos órgãos financiadores CAPES e CNPQ pela concessão da bolsa, além da FAPDF pelo financiamento para visita técnica aos museus.

Por fim, mas não menos importante, aos servidores do Instituto de Biologia da Universidade de Brasília: secretárias, servidores da limpeza, manutenção, porteiros e vigilantes que propiciam um ambiente agradável para o desenvolvimento deste trabalho.

*“Eu sou um universo de átomos,  
e ainda assim, um átomo no universo.”*

Richard P. Feynman

*“Não te deixes destruir...  
Ajuntando novas pedras  
e construindo novos poemas.  
Recria tua vida, sempre, sempre.  
Remove pedras e planta roseiras e faz doces.  
Recomeça.  
Faz de tua vida mesquinha um poema.  
E viverás no coração dos jovens  
e na memória das gerações que não de vir.  
Esta fonte é para uso de todos os sedentos.  
Toma a tua parte.  
Vem a estas páginas  
e não entres seu uso  
aos que têm sede.”*

Cora Coralina - Aninha e suas pedras

*“There is no part of natural history more interesting or instructive,  
than the study of the geographical distribution of animals.”*

Alfred Russell Wallace (1823-1913)

## Sumário

<b>Resumo</b>	3
<b>Abstract</b>	4

### Capítulo I: Introdução Geral

<b>1- Filogeografia</b>	5
<b>2- Padrões de distribuição das espécies e modelagem de nicho ecológico</b>	6
<b>3- Distribuição circum-Amazônica</b>	8
<b>4- Variações ecomorfológica</b>	9
<b>5- Caracterização taxonômica do organismo de estudo</b>	10
<b>6- Taxonomia integrativa</b>	13
<b>8- Objetivos</b>	14
<b>8.1- Geral</b>	14
<b>8.2- Específico</b>	14
<b>9- Estrutura da tese</b>	14

### Capítulo II: Influência das mudanças climáticas do Quaternário na filogeografia da espécie *Stilpnia cayana* (saíra-amarela, Aves: Thraupidae)

<b>Resumo</b>	16
<b>1-Introdução</b>	17
<b>2- Material e Métodos</b>	20
<b>2.1- Amostragem</b>	20
<b>2.2- Modelagem de nicho ecológico</b>	23
<b>2.3- Filogeografia</b>	25
2.3.1- Marcadores moleculares, amplificação e sequenciamento	25
2.3.2- Análises da diversidade genética	26
2.3.3- Estrutura genética	27
2.3.4- Tempo de divergência	28
2.3.5- História demográfica	28
2.3.6- Influência das mudanças climáticas do Quaternário na diversidade genética	29
<b>2.4- Morfologia</b>	29
2.4.1- Análise de coloração da plumagem	29



2.4.2- <i>Análise de morfometria</i>	30
<b>3- Resultado</b>	31
<b>3.1- Modelagem de nicho</b>	31
<b>3.2- Filogeografia</b>	34
3.2.1- <i>Diversidade genética</i>	34
3.2.2- <i>Rede de haplótipos e genealogia</i>	35
3.2.3- <i>Genealogia</i>	37
3.2.4- <i>Diferenciação e estrutura populacional</i>	39
3.2.5- <i>Tempo de divergência</i>	43
3.2.6- <i>História demográfica</i>	45
3.2.7- <i>Influência das mudanças do Quaternário na diversidade genética</i>	48
<b>3.3- Morfologia</b>	50
3.3.1. <i>Plumagem</i>	50
3.3.2. <i>Morfometria</i>	53
<b>4- Discussão</b>	55
<b>4.1- Distribuição da variabilidade genética e estrutura populacional</b>	56
<b>4.2- Flutuações climáticas do quaternário e a filogeografia da <i>Stilpnia cayana</i></b>	57
<b>4.3- Taxonomia</b>	60
<b>5- Conclusão</b>	61
<b>Referências</b>	62
<b>Anexo 1:</b> Pontos de ocorrência de <i>Stilpnia cayana</i> utilizados na modelagem de nicho ecológico no programa Maxent implementado no R (R Core Team, 2018). Coordenadas são dadas em graus decimais.	74
<b>Anexo 2:</b> Indivíduos amostrados para as análises morfológicas. NC corresponde aos dados faltantes da etiqueta dos museus.	80
<b>Anexo 3:</b> Relação de iniciadores utilizados (5'-3') utilizados. Gene ND2 com iniciadores externos* e internos **, e para o fragmento nuclear MUSK e TGB2 e seus respectivos iniciadores.	90
<b>Anexo 4:</b> Relação das cores da plumagem de <i>Stilpnia cayana</i> para machos e fêmeas de cada estado de caráter.	91
<b>Anexo 5:</b> Mapas das projeções de adequabilidade climática para a espécie <i>Stilpnia cayana</i> para os modelos de circulação (CCSM4, MIROC-ESM e MPI-ESM-P) estimados neste trabalho. A) corresponde ao período atual com os respectivos pontos de	94

ocorrência utilizados nas simulações destacados em vermelho, B) Holoceno com a base de dados CCSM4, C) Holoceno com a base de dados MIROC, D) Holoceno com a base de dados MPI-ESM-P, E) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados CCSM4, F) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados MIROC, G) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados MPI-ESM-P e H) Último Máximo Interglacial (LIG).

**Anexo 6:** Relação de indivíduos de *Stilpnia cayana* sequenciado para cada um dos marcadores. Localidade onde a amostra foi coletada, número de tombo, museu e haplótipos identificado para cada marcador genético. 95

**Anexo 7.** Mudanças no tamanho populacional em função do tempo em milhões de anos para: **A)** segmento mitocondrial ND2 e **B)** segmento concatenado para a espécie *Stilpnia cayana*. A linha contínua indica a média do tamanho populacional ao longo do tempo, já em azul corresponde ao intervalo de confiança. 99

**Anexo 8.** Tabela da variação da cor da plumagem de linhagens mitocondriais de *Stilpnia cayana*. Os números correspondem ao tamanho da amostra de machos (M) e fêmeas (F). 100

**Anexo 9.** Estatística descritiva dos caracteres morfológicos entre os grupos filogenéticos da espécie *Stilpnia cayana*, indivíduos jovens foram excluídos. Todas as medidas foram feitas em milímetros (mm), média + desvio padrão (SD), seguidos dos valores mínimo-máximo, para machos (M) e fêmeas (F). 102

**Considerações finais** 103

**Apêndice: Morphological variation of the Burnished–buff Tanager *Stilpnia cayana* (Linnaeus, 1766) (Aves: Thraupidae) supports the recognition of two species**

**Abstract** 105

**1- Introduction** 106

**2- Material and methods** 108

**2.1- Specimens examined** 108

**2.2-Plumage coloration analysis** 109

**2.3-Morphometry** 109

**2.4-Statistical analysis** 109

**3- Results** 110

**3.1- Intra–group plumage variation** 111

**3.2-Morphometric variation** 111

<b>3.3-Sexual dimorphism in size</b>	112
<b>3.4-Ecogeography rule.</b>	112
<b>3.1- Intra–group plumage variation</b>	112
<b>4- Discussion</b>	112
<b>4.1-Intragroup variation.</b>	113
<b>4.1.1-Sexual dimorphism</b>	114
<b>4.2- Taxonomic conclusions</b>	115
<b>5- Taxonomic accounts</b>	116
<b>6- References</b>	122
<b>Figure legend</b>	125
<b>Table 1</b>	127
<b>Table 2</b>	128

## Resumo

O estudo dos padrões de distribuição de uma espécie pode fornecer importantes informações para entender os mecanismos ecológicos e evolutivos que favoreceram a sua permanência em um determinado ambiente. Um padrão distinto é o das espécies circum-amazônica, não sendo totalmente claro os processos que deram origem a esse padrão. Assim, o objetivo principal deste trabalho foi utilizar as bases de dados morfológico, genética e de modelagem de nicho ecológico da espécie *Stilpnia cayana* para determinar a existência de continuidade entre as populações do sul e norte da Amazônia. Além de avaliar a congruência entre o padrão morfológico e a estrutura genética neutra. Com base em um marcador mitocondrial e nuclear avaliamos a hipótese de oscilações do Quaternário e a estabilidade climática, isolamento por distância no estabelecimento da atual distribuição de *S. cayana* e se a estrutura filogeográfica pode ser relacionado com a variação morfológica com identificação de caracteres diagnose para cada população. Os resultados encontrados para modelagem de nicho indicam que houve uma retração da área de adequabilidade no LGM e expansão das mesmas pelo Holoceno, contudo essas oscilações não foram determinantes para a atual diversidade genética. Geneticamente demonstram que as populações apresentam forte estrutura populacional, sendo um  $K=3$  pela análise de mixture com o Baps, os testes de neutralidade demonstraram que as populações experimentaram desvios com expansão recente, enquanto o tamanho efetivo esteve constante ao longo do tempo. O primeiro evento de divergência ocorreu aproximadamente 201 mil anos atrás e separou as linhagens do norte (Cayana) e sul (Flava) da Amazônia que não compartilham haplótipos entre si e apresentam taxa de migração muito próxima de zero, o segundo evento de diversificação separou a Bolívia de Cayana aproximadamente 139 mil anos atrás, posteriormente há 37 mil anos divergiu CayanaS e CayanaN, e o evento mais recente separou Chloroptera de Flava aproximadamente 13 mil anos atrás. A população da Bolívia chama atenção, pois compartilha padrão de plumagem do grupo flava e relação filogenética com o grupo cayana. Da morfologia não foi encontrado nenhum caráter diagnóstico para ambos os sexos para cada população ou subespécie, sendo um padrão de plumagem clinal; contudo tanto plumagem quanto morfometria sustentam dois grupos (norte e sul). Dessa forma, nossos resultados indicam dois grupos, subsidiando a classificação em espécies distintas com divergência recente, sendo consideradas *Stilpnia cayana* e *Stilpnia flava*.

Palavras-chave: Circum-amazônia, heterogeneidade ambiental, áreas abertas

## Abstract

The study of the distribution patterns of a species can provide important information to understand the ecological and evolutionary mechanisms that favored its permanence in a given environment. A distinct pattern is that of the circum-Amazonian species, and the processes that gave rise to this pattern are not entirely clear. Thus, the main objective of this work was to use the morphological, genetic and ecological niche modeling databases of the species *Stilpnia cayana* to determine the existence of continuity between the southern and northern Amazonian populations. In addition to evaluating the congruence between the morphological pattern and the neutral genetic structure. Based on a mitochondrial and nuclear marker we evaluated the hypothesis of Quaternary oscillations and climatic stability, isolation by distance in establishing the current distribution of *S. cayana* and whether the phylogeographic structure can be related to morphological variation with identification of diagnostic characters for each population. The results found for niche modeling indicate that there was a retraction of the suitability area in the LGM and an expansion of them by the Holocene, however these oscillations were not decisive for the current genetic diversity. Genetically demonstrate that populations have a strong population structure, with a  $K=3$  by the analysis of mixture with Baps, the neutrality tests showed that populations experienced deviations with recent expansion, while the effective size was constant over time. The first divergence event occurred approximately 201 thousand years ago and separated the northern (Cayana) and southern (Flava) lineages of the Amazon that do not share haplotypes with each other and have a migration rate very close to zero, the second diversification event separated the Bolivia from Cayana approximately 139 thousand years ago, later 37 thousand years ago it diverged from CayanaS and CayanaN, and the most recent event separated Chloroptera from Flava approximately 13 thousand years ago. The population of Bolivia draws attention, as it shares the plumage pattern of the Flava group and a phylogenetic relationship with the Cayana group. From the morphology, no diagnostic character was found for both sexes for each population or subspecies, being a pattern of clinal plumage; however, both plumage and morphometry support two groups (north and south). Thus, our results indicate two groups, supporting the classification into distinct species with recent divergence, being considered *Stilpnia cayana* and *Stilpnia flava*.

Keywords: Circum-Amazon, environmental heterogeneity, open areas

## Capítulo I: Introdução Geral

### 1- Filogeografia

O termo filogeografia foi introduzido por Avise *et al.* (1987), e surge da integração de conhecimentos da área de biologia molecular e biogeografia (Avise, 2000). É um campo de estudo, que investiga os princípios e processos que moldaram a distribuição de linhagens genealógicas. Portanto, ela inclui um contexto geográfico e temporal, com base na análise de haplótipos, inicialmente com DNA mitocondrial (Zink, 1997). As análises filogeográficas se caracterizam nas relações filogenéticas de grupos de organismos (Miyaki, 2009), buscando observar padrões de variação genética entre grupos de espécies codistribuídos, tentando estabelecer os principais fatores envolvidos na geração de características comuns ou divergentes entre esses grupos (Zink, 1997).

Desde seu surgimento, a filogeografia gera compreensão dos processos geradores de biodiversidade (Avise, 1987; Bermingham & Moritz, 1998). Utiliza de dados genéticos populacionais para testar hipóteses biogeográficas, inferir processos demográficos históricos, definir limites de espécies e auxiliar na detecção de unidades de manejo (Avise *et al.*, 1987; Avise, 2000).

A princípio a filogeografia era essencialmente descritiva, e consistia especificamente em sobrepor árvores de genes em mapas, para identificação ou não de concordâncias entre as linhagens e o espaço geográfico (Avise *et al.*, 1987). Com o surgimento da filogeografia estatística baseada na teoria da coalescência, ocorreu um rápido desenvolvimento de métodos que exploram as conexões entre a demografia populacional e genealogias gênicas dentro e entre espécies proximamente relacionadas (Knowles & Maddison, 2002). Ao projetar as genealogias gênicas retrospectivamente no tempo para estimar parâmetros como tamanhos populacionais históricos, tempos de divergência e taxas de mutação, sendo responsável por processos estocásticos de ordenamento de linhagens (*lineage sorting*) dentro e entre espécies (Wakeley, 2008). Dessa forma a filogeografia estatística se consolidou (Knowles & Maddison, 2002; Knowles, 2009; Nielsen & Beaumont, 2009), possibilitando o teste de hipóteses comparando os dados com cenários hipotéticos.

Os fatores biogeográficos históricos e contemporâneos dos organismos têm um papel importante na estruturação das populações (Avise *et al.*, 1987). Isso permitiu a elaboração de hipóteses filogeográficas conhecidas atualmente: 1) as espécies com estrutura fraca ou

limitada apresentam histórias de vida associadas à dispersão e ocupam áreas livres de barreiras geográficas ou de intenso fluxo gênico; 2) grupos intraespecíficos diferenciados por grandes distâncias genéticas são resultantes da existência de barreiras duradouras (Avice, 2000).

A estrutura das populações é resultante de processos evolutivos que atuam sobre a variabilidade genética, que surgiram por meio de mutações aleatórias, e possibilitaram a geração de novos alelos por recombinações cromossômicas ou fluxo gênico entre as populações (Avice, 2000). Contrapondo ao efeito do fluxo gênico entre as populações, a deriva genética atua na redução da variabilidade (Slaktin, 1987), por meio das alterações aleatórias nas frequências alélicas, mais intensificadas em populações pequenas e fragmentadas, devido a perda da heterozigosidade e de alelos de baixa frequência (White *et al.*, 1999). Há longo prazo, ainda pode ocorrer aumento da endogamia em decorrência da maior probabilidade de acasalamentos entre indivíduos aparentados (Kageyama & Gandara, 1998), o que reduz a viabilidade da espécie em se adaptar às mudanças ambientais (White *et al.*, 1999)

Os padrões atuais da distribuição geográfica da variação genética populacional é um reflexo de eventos históricos, como migração e vicariância, ou decorrentes de um fluxo genético com mudanças ambientais recentes, definindo os eventos que podem favorecer a diferenciação das linhagens ao longo do tempo, ao fornecer subsídios para entender os processos evolutivos, já que cada evento que leva às mudanças do ambiente é responsável por marcas genéticas e padrões filogeográficos distintos (Templeton, 1998; Avice, 2000).

## **2- Padrões de distribuição das espécies e modelagem de nicho ecológico**

Diversas pesquisas vêm tentando elucidar os processos envolvidos na geração de padrões de distribuição da biodiversidade (Harvey, 1968), em escalas locais e regional (Gaston & Blackburn, 2006), que podem gerar parâmetros para a dinâmica intra e interespecífica (Sant'Ana & Diniz-Filho, 1999). Desta forma, os modelos ecológicos desenvolvidos pressupõem que os padrões de distribuição de espécies observados são fortemente influenciados pelo clima (Terribili, 2009). Com efeito, os fatores que afetam a distribuição geográfica dos organismos estão fortemente relacionados com seus ambientes e com as suas interações interespecíficas (Costa *et al.*, 2007).

Assim, delimitar padrões com base em uma simples relação de causa e efeito não é simples, uma vez que a influência de vários fatores espaciais e temporais é complexa em termos de processos ecológicos e evolutivos (Blamires *et al.*, 2002). Diante disso, não buscamos uma única hipótese capaz de elucidar todos os padrões observados, em vez disso, buscamos detectar quais mecanismos mais contribuíram para um determinado padrão, em diferentes circunstâncias (Diniz-Filho *et al.*, 2009). É provável que os padrões em escalas macroecológicas encontrados na natureza sejam resultado da ação de uma variedade de processos (Gaston *et al.*, 1997). Mesmo com uma maior disponibilidade de dados evolutivos, ecológicos e ambientais, ainda existem muitas lacunas que dificultam a diagnose dos padrões geográficos, principalmente, quando estes são relacionados com a influência da disponibilidade de recursos, ou seja, energia (Currie *et al.*, 2004).

Ao inferir sobre a importância do conhecimento da distribuição das espécies para estudos em conservação e para o monitoramento de mudanças climáticas, se torna necessário uma avaliação contínua e progressiva de modelos estatísticos capazes de prever a distribuição das espécies (Austin, 2007). Uma maneira rápida e direta de acessar os dados é por meio de coleções científicas, que são utilizadas em vários estudos para mapear e delimitar a área de ocupação da espécie (Ponder *et al.*, 2001; Graham, 2004; Elith & Leathwick, 2007).

Nas últimas décadas é crescente o interesse em estudos de distribuição das espécies através de modelos de distribuição potencial (Elith *et al.* 2006), reflexo da urgência em se conhecer as suas distribuições. Em tal caso, a modelagem de nicho potencial vem sendo uma importante ferramenta para extrapolação de dados sobre a distribuição potencial das espécies em contexto temporal e espacial (Franklin, 2009).

Os modelos baseados em nicho ambiental ou ecológico (Begon *et al.*, 2007) possibilitam correlacionar as condições ambientais com os requerimentos ecológicos adequados em um determinado habitat (Elith *et al.*, 2006). Essa abordagem gera modelos, baseados em dados de mapas de ocorrência, de uma determinada espécie para prever distribuições potenciais destas mesmas espécies (Anderson *et al.*, 2002; Colwell & Rangel, 2009). É eficaz na extrapolação de padrões de distribuição, áreas de nicho fundamental, previsões futuras (Terribile *et al.*, 2012) e pretéritas (Waltari *et al.*, 2007; Diniz-Filho *et al.*, 2009), sendo muito utilizada em estudos com diversos grupos taxonômicos, abordando áreas do conhecimento como a biogeografia, filogeografia (Carnaval & Moritz, 2008; Werneck *et al.*, 2011) e evolução (McCormack *et al.*, 2009).



Sendo assim, essa ferramenta é utilizada tanto para mapeamento de áreas climaticamente adequadas para o futuro (Hannah *et al.*, 2007) como para investigar a distribuição histórica pela delimitação de áreas de refúgio (Werneck *et al.*, 2011, 2012). Quando as projeções são para o passado, as Modelagens de Nicho Ecológico (EMNs) podem fornecer, assim como o registro fóssil, quando disponíveis, um contexto espacial para análises de filogeografia estatística (Carnaval & Moritz, 2008), podendo gerar cenários para o passado independente das histórias demográficas, o que pode ser testado utilizando-se de dados moleculares por meio dos modelos de coalescência (Richards *et al.*, 2007).

### **3- Distribuição circum-Amazônica**

A região Neotropical compreende desde o norte do México até a América do Sul (Morrone, 2001), com exceção da porção Andina (Morrone, 2006). É conhecida por apresentar grande biodiversidade (Goldani, 2012) e vegetação muito heterogênea (Cabrera & Willink, 1973), chamando a atenção de biogeógrafos para identificar os principais eventos do passado que influenciaram esses padrões na distribuição de espécies (Brow & Lomolino, 2006).

Inicialmente, os estudos em biogeografia se limitavam em analisar a distribuição de áreas para certos táxons, na tentativa de entender o porquê de alguns organismos apresentarem distribuições restritas e outros já são amplamente distribuídos (Crisci *et al.*, 2003). Como exemplos de espécie amplamente distribuída têm a *Stilpnia cayana*, presente nos biomas que circundam a Amazônia (Savit & Bates, 2015).

Esse padrão circum-amazônico foi descrito primeiramente por Remsen *et al.*, (1991) para espécie *Platyrinchus mystaceus*, e mais tarde também corroborado por Bates (1997) que identificou o mesmo padrão de distribuição para duas espécies *Tiaris obscura* e *Tiaris fuliginosa*. Em aves não passeriformes, como o gênero *Pionus* (complexo *sordidus-maximiliani*) o padrão geográfico é distribuído subjacente a Amazônia (Ribas *et al.*, 2007); concordante com o descrito para outros grupos de organismos como insetos e plantas (Prado & Gibbs, 1993; Erwin, 2000; Canals & Johnson, 2000; Knapp, 2002; Irmiler, 2009).

Recentemente, dois trabalhos com filogeografia comparada (ver Els *et al.*, 2020; Bolívar-Leguizamón *et al.*, 2020) tentaram elucidar o padrão e processos da distribuição circum-amazônica. Aparentemente as espécies de aves apresentam pelo menos dois clusters (norte e sul da Amazônia), contudo os mecanismos (dispersão *versus* vicariância) não

apresentam um padrão similar na distribuição das espécies estudadas, não ocorrendo apenas um corredor de distribuição entre as savanas do norte e do sul (Els *et al.*, 2020). O que sugere que o padrão circum- amazônico não é tão simples, e que necessita de maiores estudos, já que seus processos evolutivos ainda não estão totalmente elucidados.

#### **4- Variações ecomorfológica**

A variação geográfica está intimamente relacionada com as questões ecológicas das espécies (Futuyma, 1986). Desse modo, a percepção de que a variação morfológica dos organismos em relação à variação de latitude é uma observação tão antiga quanto a percepção de um gradiente geográfico de diversidade de espécies (Blackburn *et al.*, 1999), construindo a predição de que a variação morfológica estaria intimamente relacionada com as características ambientais (Luxbacher & Knouft, 2009), que representam um passo importante para estudos de reconhecimento e diferenciação de espécies (Vanzolini, 1970).

Nesse contexto, as espécies de ampla distribuição podem ser afetadas por diferentes fatores climáticos e ecológicos (Barreto-Lima, 2012), favorecendo mudanças nas taxas de processos fisiológicos ou nas interações com outros organismos (Terribile, 2009). A partir de um conjunto de dados de medidas de diversos pontos (Pimentel, 1992) é possível extrair informações que leve a separação de padrões de variação morfológica (Hoyos *et al.*, 2003).

Trabalhos ecomorfológicos foram realizados com vertebrados e descreveram aspectos ecológicos específicos importantes para elucidação da biologia das espécies e sua relação com a morfologia (Adite & Winemiller, 2007; Norton *et al.*, 1995; Goodman & Johnson, 2011; Rodrigues *et al.*, 2006). As análises de espécies de aves encontraram uma relação positiva entre o tamanho dos indivíduos e a latitude (Carrascal *et al.*, 1990; Felice & O'Connor, 2013). Além disso, em estudos da morfologia ecológica das aves é cada vez mais necessária a integração de informações sobre as relações filogenéticas entre os *taxa* analisados e suas adaptações ambientais (James, 1982).

## 5- Caracterização taxonômica do organismo de estudo

O gênero *Stilpnia*, recentemente separado do gênero *Tangara* apresenta 13 espécies (Burns *et al.*, 2016) que se distribuem tipicamente pela região Neotropical. A maioria das espécies do gênero possui distribuição ampla (Isler & Isler, 1999), com exemplos de simpatria (Naoki, 2003; Isler & Isler, 1999). Evidências sugerem que o gênero *Stilpnia* tenha se originado no norte dos Andes, com dispersão recente para outras regiões do Neotrópico e subsequente divergência (Burns & Naoki, 1994).

A espécie *Stilpnia cayana* (Linnaeus, 1766) apresenta uma distribuição ampla pela América do Sul, habita regiões semiabertas de regiões secas, frequentemente isoladas em árvores e arbustos de savana, pastos, terras cultivadas, jardins e floresta de galeria (Isler & Isler, 1999). São descritas na literatura sete subespécies (del Hoyo *et al.*, 2016), sendo estas:

*S. c. fulvescens* (Todd, 1922) - distribuída pela Colômbia, nas porções leste e norte dos Andes;

*S. c. cayana* (Linnaeus, 1766) – leste da Colômbia (Sul de Meta e Vaupés) e Venezuela (Sul de Cerro Yapacana, no Amazonas, e Bolívar), localmente pelas Guianas até o litoral do Brasil (Amapá); populações isoladas no nordeste e sudeste do Peru, norte da Bolívia, e no Brasil na região do Rio Madeira e Negro;

*S. c. huberi* (Hellmayr, 1910) – Ilha do Marajó (Nordeste do Pará) e norte do Brasil;

*S. c. flava* (Gmelin, 1789) – Nordeste do Brasil (compreendendo algumas regiões do Pará; centro do Maranhão, norte do Ceará, sul/norte de Goiás e sul da Bahia);

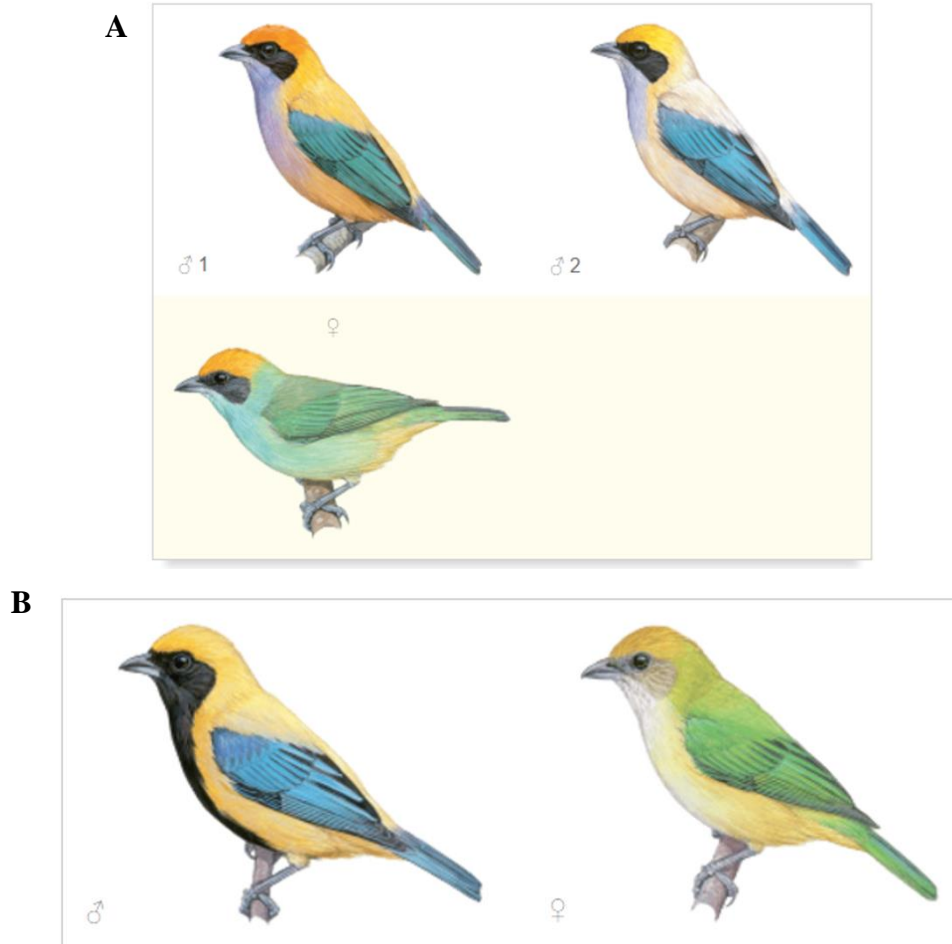
*S. c. sincipitalis* (Berlepsch, 1907) – Goiás, com exceção da região norte;

*S. c. margaritae* (Allen, 1891) – Centro-oeste do Brasil;

*S. c. chloroptera* (Vieillot, 1819) – sudeste do Brasil (Minas Gerais, São Paulo e Paraná até Rio Grande do Sul), leste do Paraguai e nordeste da Argentina (região de Misiones).

Uma discrepância morfológica ocorre entre os indivíduos do extremo norte em relação aos indivíduos do centro e sul da distribuição (Figura 1). Predominantemente possuem cor amarelo-prateada, e uma máscara negra, sendo divididas em dois grupos: (I) grupo *cayana* que compreende as subespécies: *S. c. fulvescens* e *S. c. cayana*, ao norte da distribuição, apresentando máscara na região auricular e do loro; (II) grupo *flava* - apresenta morfológicamente um negro que se estende pela região peitoral, a fêmea é mais pálida e sem qualquer preto e compreende as subespécies *S. c. huberi*, *S.c. flava*, *S. c. sincipitalis*, *S. c. margaritae* e *S. c. chloroptera* (del Hoyo *et al.*, 2016; Sick, 1997). Historicamente estes

dois grupos foram considerados como espécies distintas (Sclater, 1856, 1857, 1886 *apud* Lopes, 2009), sendo que a descrição de uma forma intermediária (*S. c. huberi*) encontrada na Ilha do Marajó, na qual se suspeita que seja uma zona de contato entre os dois grupos. Desde então, esses grupos vêm sendo considerados como coespecíficos.



**Figura 1,** Representação esquemática da variação morfológica de *Stilpnia cayana*. **A.** *S. c. cayana* (grupo cayana) e **B.** *S. c. chloroptera* (grupo flava). Imagens acima extraídas do Handbook of the Birds of the World (del Hoyo *et al.*, 2016).

Esses grupos foram delimitados por Zimmer (1943) em seu trabalho intitulado “Studies of peruvian birds II”, no qual foi analisada uma série de 147 peles distribuídas pela Venezuela, Colômbia, Guianas, Peru e região amazônica e que mostraram essa variação morfológica. O grupo cayana (Zimmer, 1943) é caracterizado pelos machos que não possuem uma linha escura na parte peitoral. Em alguns casos, as tendências na morfologia não são pronunciadas, os machos do norte da Venezuela, incluindo a região de Mérida, apresentam

coloração de tom liláceo da garganta um pouco mais restrita do que aqueles da Guiana, norte do Brasil (Rio Surimu) e do baixo Amazonas (Santarém). No baixo Amazonas (Santarém), os espécimes têm o azul da garganta mais intenso, o que pode estar relacionada com a idade das peles. No vale do Ornicoco, as características são mais próximas dos espécimes do norte da Venezuela, mas sem uma clara regularidade. Já com relação à cor, os machos de Roraima e Auyan-tepui aproximam-se da intensidade da cor da garganta dos espécimes de Santarém.

Lopes (2009), ao analisar o padrão de coloração da plumagem de 280 espécimes do grupo flava, chegou à conclusão de que a variação se tratava de uma clina, com indivíduos do nordeste representando um extremo e o do centro-oeste outro extremo. Apesar de não ter analisado a *S. c. huberi* sugere que este poderia se tratar de outra variante do padrão morfológico.

Com relação ao tamanho, existem algumas distinções, mas parece ser um padrão geográfico dividido. Os indivíduos machos das montanhas de Roraima (asa, 75-78,5 mm), Auyan-tepui (asa, 73,8-76,2 mm), e Mérida (asa, 74,2-78 mm) são encontrados em uma das extremidades da escala. Espécimes do Leste da Colômbia (asa, 72,5-77 mm) e nordeste da Venezuela (asa, 73,2-75,2 mm) são próximos em tamanho; abaixo de Orican na Bolívia apresentam o mesmo tamanho dos espécimes colombianos. As peles da Amazônia (norte do Brasil) são similares ao tamanho dos espécimes da Guiana (asa, 69,5-72 mm). Se uma distinção pudesse ser efetuada com base em medições, os que apresentam menores medidas seriam Ornicoro, Mt Roraima, Mt Auyantepui; já os indivíduos do norte da Venezuela e leste da Colômbia, poderiam ser considerados como uma outra forma, e no alto Ornicoro, Guianas, norte do Brasil e o baixo Amazonas pertenceriam a forma menor, sendo que a população de Orinocan formaria uma conexão, embora seja uma população separada geograficamente das aves menores. Parece, portanto, que o reconhecimento de duas formas baseadas inteiramente em tamanho resultaria inteiramente na associação de certos elementos que de outra forma estão divergindo. Aves de Roraima e Auyan-tepui provavelmente são maiores por causa da sua posição de altitude (Zimmer, 1943).

Savit & Bates (2015) identificou o padrão filogeográfico e a estrutura genética na espécie com base em dados moleculares e por paleomodelagem. Para isso utilizou 37 indivíduos de 15 localidades, englobando indivíduos pertencentes aos dois grupos morfológicos, com base na análise de dois marcadores mitocondriais (citocromo b e o citocromo oxidase III) e 10 *loci* microssatélites. Neste trabalho, os autores encontraram três grupos distintos: um que corresponde ao norte da distribuição da espécie (na Guiana), outro

na Bolívia, e o terceiro que compreendem indivíduos desde o norte do rio Amazonas e nordeste do Brasil, inferindo que a origem da espécie seria no nordeste do Brasil. Contudo, as regiões da distribuição da espécie que correspondem ao centro-oeste, sudeste e sul do Brasil, que pelas descrições correspondem às subespécies *S. c. sincipitalis*, *S. c. margaritae* e *S. c. chloroptera* não foram exploradas pelos autores e que poderiam corresponder a outras linhagens.

## **6- Taxonomia integrativa**

A taxonomia integrativa é uma ferramenta que combina dados genéticos, caracteres ecológicos e morfológicos para auxiliar na identificação da biodiversidade (Fonseca *et al.*, 2008), de tal forma que aumenta consideravelmente a acurácia e a confiabilidade da delimitação de espécies (Dayrat, 2005; Padial *et al.*, 2010). O estudo dos limites das espécies deve abordar questões implícitas dos fatores limitantes a distribuição das populações, como as características variam em associação com diferentes ambientes, e se essas características podem levar à especiação por meio do isolamento reprodutivo (Cicero *et al.*, 2021).

Quando se utiliza dados de fontes únicas e não independentes as conclusões podem ser tendenciosas e influenciadas pelo método utilizado para delimitação de espécies (Knowles & Cartens, 2007). Isso ocorre devido ao fato de os dados morfológicos serem fortemente influenciáveis pelo ambiente e constituírem frequentemente de homoplasias, enquanto os dados moleculares apresentar uma tendência em representar a história de um gene e não necessariamente a história da espécie (Fujita *et al.*, 2012).

Em alguns casos, as árvores de genes são utilizadas para inferir sobre os limites de espécies, sempre se baseando em um nível específico como monofilia recíproca (Knowles & Cartens, 2007). Contudo, para que a monofilia recíproca se apresente é necessário um longo período após a especiação (Hudson & Coyne, 2002). Se o tempo transcorrido for insuficiente para tal distinção, ocorrem dificuldades para delimitação das espécies utilizando a monofilia recíproca como parâmetro (Knowles & Cartens, 2007; Aydin *et al.*, 2014). Para contornar essa problemática, ferramentas para delimitação de espécies baseadas em análises de sequência de DNA vêm sendo constantemente aprimoradas, principalmente utilizando-se da teoria da coalescência (Liu *et al.*, 2009; Aydin *et al.*, 2014), que se apropria de padrões e processos relacionados a especiação recente (Fujita *et al.*, 2012).

## **8- Objetivos**

### **8.1- Geral**

Utilizar as bases de dados morfológico, genética e de modelagem de nicho ecológico da espécie *Stilpnia cayana* para determinar a existência de continuidade entre as populações do sul e norte da Amazônia. Além de avaliar a congruência entre o padrão morfológico e a estrutura genética neutra.

### **8.2- Específico**

- Investigar a variação geográfica da espécie com base nos caracteres morfométricos e coloração da plumagem;
- Avaliar a influência da distância geográfica na distribuição espacial da variabilidade genética da espécie-alvo, assumindo o modelo de isolamento por distância;
- Descrever a estrutura das populações ao longo da distribuição da *S. cayana* e estimar seus tempos de divergência;
- Determinar a influência das áreas estáveis no estabelecimento da variabilidade genética;
- Gerar subsídios para a revisão da taxonomia da espécie-alvo a partir de base de dados independentes.

## **9- Estrutura da tese**

Essa tese está organizada em dois capítulos e um apêndice. O primeiro capítulo com uma Introdução Geral, descrito acima, em que foi contextualizado de forma mais ampla os instrumentos utilizados para o estudo genético e espacial do nosso objeto de estudo. O segundo capítulo intitulado “A história evolutiva de *Stilpnia cayana* (Aves: Passeriformes) e a influência das mudanças climáticas do Quaternário”, tentaremos elucidar os processos históricos e recentes que contribuíram para o padrão de distribuição da espécie, além de gerar subsídios para a revisão da taxonomia da espécie-alvo. Além disso, também se pretendeu neste trabalho, de forma mais específica, com base em um conjunto de dados mitocondrial e

nuclear e na modelagem nicho ecológico, avaliar as seguintes hipóteses: 1) mudanças climáticas: a influência das mudanças climáticas do Quaternário no estabelecimento de áreas adequadas para a espécie e seus possíveis efeitos na história demográfica esperamos: a) que ocorra um aumento do tamanho efetivo populacional devido a expansão das áreas adequadas, b) uma redução na diversidade genética no sentido da expansão e/ou aumento na diversidade genética em decorrência do restabelecimento do fluxo gênico entre as linhagens historicamente isoladas; 2) isolamento por distância: se a variação genética neutra é congruente com a variação de plumagem, esperamos um aumento na diferenciação genética entre as populações em função do aumento da distância geográfica entre as linhagens genéticas; 3) estabilidade climática: se a estabilidade climática é preditora de diversidade genética entre as linhagens, esperamos uma maior diversidade genética nas áreas estáveis do que nas não-estáveis; 4) taxonômica: se a estrutura filogeográfica está relacionada com a variação morfológica, é possível encontrar caracteres diagnósticos para cada população.

A produção submetida à revista *Zootaxa* e intitulada *Morphological variation of the Burnished-buff Tanager *Stilpnia cayana* (Linnaeus, 1766) (Aves: Thraupidae)* supports the recognition of two species, encontra-se no apêndice desta tese e neste artigo nós investigamos a variação individual e geográfica da espécie com base nos caracteres morfométricos e coloração da plumagem. Testamos as seguintes hipóteses: 1) taxonômica: *S. cayana* possui um grupo morfológico para cada subespécie, 2) ambiental: a variação morfométrica segue a regra ecológica de Allen.



## Capítulo II: A história evolutiva de *Stilpnia cayana* (saíra-amarela, Aves: Passeriformes) e a influência das mudanças climáticas do Quaternário

### Resumo

Compreender por que as paisagens abertas da América do Sul são tão diversas é uma questão central e integradora em Biogeografia. O estudo dessa diversidade em nível intraespecífico pode fornecer importantes informações nesse sentido, apresentando percepções sobre os principais padrões e processos (ecológicos e evolutivos) envolvidos na formação de novas espécies na região. Sendo assim, utilizamos *Stilpnia cayana*, uma espécie com distribuição circum amazônica, como modelo para o teste de hipóteses relacionadas à diversificação da avifauna na região. Por meio de uma abordagem multi loci, avaliamos hipóteses de flutuações e estabilidade climáticas e isolamento por distância. Os resultados genéticos sugerem que *Stilpnia cayana* apresenta três grupos (cayana, Bolívia e flava) que não compartilham haplótipos entre si e com baixíssima taxa de migração, com primeiro evento de divergência ocorrendo aproximadamente em 201 mil anos atrás e separou o norte e sul da distribuição. Os dados morfológicos também sustentam a existência de dois grupos (cayana ao norte e flava ao sul) que também foi corroborado pelas áreas de estabilidade climática durante o Quaternário, com a população da Bolívia compartilhando padrões de plumagem de um grupo (flava), mas com relações de parentesco com o outro (grupo cayana). Nossos dados sugerem, portanto, que esses dois grupos são duas espécies (*Stilpnia cayana* e *Stilpnia flava*), com história de divergência recente.

**Palavras-chave:** Circum-amazônia, evolução, taxonomia.

## 1- Introdução

Abordagens teóricas e empíricas têm sido utilizadas para entender os processos evolutivos que moldaram a grande biodiversidade da região Neotropical (Sick, 1967; Haffer, 1969; Brown & Ab'Saber, 1979; Cracraft, 1985; Cracraft & Prum, 1988; Garzón-Ordunã *et al.*, 2014; Antonelli *et al.*, 2018). As principais hipóteses para explicar a formação de barreiras na América do Sul são: as transgressões marinhas do Mioceno (Rasanen *et al.*, 1995; Webb, 1995), rios como barreiras (Wallace, 1853) e flutuações climáticas do Pleistoceno e suas consequências (Haffer, 1969), nos quais, já foram examinados em muitos estudos de genética de populações de diferentes grupos de vertebrados (Moritz *et al.*, 2000; Bates, 2001; Aleixo, 2004, Lima-Rezende *et al.*, 2019).

A hipótese dos refúgios do Pleistoceno proposto por Haffer (1969) relaciona as mudanças climáticas do Pleistoceno com a retração das áreas florestais e consequentemente das populações, que ficaram ilhadas em manchas rodeadas por vegetação seca e abertas (savanas), as oscilações ocorreram ciclicamente e resultaram em cladogênese, em períodos mais quentes, essas ilhas de floresta chamadas de refúgios e suas populações se expandiram. Como predição estaria o efeito gargalo (bottleneck) associado aos períodos de retração e o isolamento em áreas de refúgio, expansão demográfica relacionada à expansão das áreas que foram refúgios, além de uma baixa estruturação das populações e baixa variabilidade (Haffer, 1997).

Outras hipóteses levantadas para as áreas abertas e que podem estar diretamente relacionadas com a distribuição circum-amazônica da espécie *S. cayana* levam em consideração as Florestas Tropicais Sazonalmente Secas (SDTFs). A hipótese do Arco Pleistocênico de Prados & Gibbs (1993) postula que as SDTFs são resultantes da fragmentação devido à contração da distribuição durante o último máximo glacial, como predição as espécies que habitam atualmente cada núcleo de SDTFs derivam de uma mesma linhagem evolutiva. Essa hipótese foi corroborada por Collevatti e colaboradores (2012), com a espécie de planta *Tabebuia impetiginosa* a partir de análise genética e de modelagem de nicho. Já a hipótese de migração (Mayle, 2004) é baseada em registro fóssil polínico e tem como predição que os núcleos de SDTFs sempre foram isolados e fragmentados e a conexão entre essas áreas ocorreram por dispersão recente à longa distância. As espécies de floresta seca estariam restritas às regiões da Amazônia, e expandiram sua distribuição durante o LGM

e Holoceno, ocupando a distribuição adjunta atual por expansão a longa distância (Mayle, 2004; Mayle, 2006; Power *et al.*, 2016; Lima-Rezende *et al.*, 2019).

As espécies são adaptadas ao ambiente em que vivem (Ab'Saber, 1967), assim surge o conceito de nicho ecológico como um espaço n-dimensional que possui as características essenciais para a permanência das espécies (Begon *et al.*, 2007). Primeiramente o nicho ecológico foi conceituado por Grinnell (1917), no qual definiu como o lugar detentor de condições ambientais ideais a distribuição de um organismo. Charles Elton (1927) inseriu ao conceito as interações ecológicas e o papel do organismo (Elton, 1927; Begon *et al.*, 2007). Já Hutchinson (1957), introduziu uma abordagem mais abrangente, incorporando fatores abióticos (temperatura, pH, pluviosidade) e fatores bióticos (competição, predação), neste caso, o nicho ecológico seria um espaço onde todas as variáveis atuariam limitando a ocorrência de uma espécie a determinados ambientes. Sendo o nicho Hutchinsoniano subdividido em fundamental (exigências necessárias à sobrevivência, crescimento e reprodução das espécies) sem considerar interações biológicas; além de nicho efetivo (interações ecológicas de competição e predação) atuando como processos limitantes à ocupação das espécies (Soberón & Peterson, 2005).

Neste sentido, a modelagem de nicho ecológico (MNEs) mostrou-se uma ferramenta que busca compreender os impactos causados pelas mudanças climáticas e a alteração na adequabilidade ambiental das áreas outrora ocupadas ou em potenciais áreas de ocupação no futuro (Kolanowska *et al.*, 2020). Três fatores podem determinar uma área em que uma espécie pode ser encontrada e que naturalmente corresponde ao seu nicho, sendo estes: os fatores abióticos, que impõe limites fisiológicos sobre a capacidade de sobrevivência da espécie; os fatores bióticos que afetam a habilidade da espécie de manter suas populações, e por último as regiões acessíveis à dispersão (Guisa & Thuiller, 2005; Soberón & Peterson, 2005).

Devido à distribuição ampla da espécie *S. cayana* pela América do Sul (Figura 1) e a distribuição dos caracteres morfológicos, todas essas condições heterogêneas podem afetar o potencial de dispersão, por ser susceptível a causar desvios da hipótese de isolamento por distância (Coulon *et al.*; 2004). Esse isolamento por distância é entendido como a distância genética que aumenta em decorrência da distância geográfica, relacionando a restrição a dispersão a longa distância (Wright, 1943; Jenkins *et al.* 2010). Pode ocorrer em populações subdivididas quando o fluxo gênico é dependente da distância da dispersão, ou dentro de uma população com distribuição contínua quando a dispersão é espacialmente restrita (Hardy &

Vekemans, 1999). A predição a essa hipótese é a forte correlação entre a diferença genética e a distância geográfica, resultando em baixa estrutura genética.

Os marcadores genéticos são instrumentos utilizados para acessar essa diversidade e a estrutura genética de populações (Avice *et al.*, 1987). As primeiras análises filogeográficas foram feitas com DNA mitocondrial (mtDNA) de animal, por possuírem características vantajosas, como facilidade de manipulação, herança materna, ausência de recombinação e taxa de evolução superior aos segmentos de DNA nuclear (Avice *et al.*, 1987). Em contrapartida, o DNA nuclear apresenta herança biparental, taxa de evolução baixa e sistema de reparo eficiente, regiões codantes (éxons) e não-codantes (íntrons), sendo que os íntrons são amplamente presentes nos genomas de eucariotos (Zhang & Hewitt, 2003), e que fornecem uma grande quantidade de dados para os estudos filogeográficos em nível intraespecífico (Avice, 2008).

Apesar das limitações relacionadas ao uso exclusivo do DNA mitocondrial (Funk & Omland, 2003), este vem sendo bastante informativo em uma abordagem taxonômica integradora com outras bases de dados independentes (Rubinoff & Holland, 2005). Já que se os processos e agentes que atuaram sobre a formação das linhagens mitocondriais atuarem de forma similar sobre a variação morfológica, pode-se esperar encontrar diferentes caracteres morfológicos associados a cada uma das linhagens mitocondriais (Maestri *et al.*, 2016).

Diante disso, este trabalho tem por objetivo utilizar a espécie *Stilpnia cayana* como modelo para o teste de hipóteses relacionadas à diversificação da avifauna de formações abertas da América do Sul, pela inferência dos processos históricos e recentes que contribuíram para a distribuição da variação das linhagens genéticas da espécie, assim como, descrever a contribuição das flutuações climáticas do Pleistoceno no estabelecimento destas distribuições.

Especificamente com base na modelagem de nicho, em um conjunto de dados genético mitocondrial e nuclear, e na morfologia testamos: 1) mudanças climáticas: a influência das mudanças climáticas do Quaternário na dinâmica espacial de áreas adequadas para a espécie e seus efeitos na história demográfica; 2) isolamento por distância: levando em consideração a variação clinal da plumagem, podemos esperar um aumento na diferenciação genética entre as populações em função do aumento da distância geográfica entre as linhagens genéticas; 3) estabilidade climática: se a estabilidade climática é preditor de diversidade genética, esperamos uma maior diversidade genética em áreas estáveis. 4) taxonômica: tomando como

base as reconstruções filogenéticas e a morfologia, o grupo cayana e flava se sustentam em duas espécies?

## **2- Material e métodos**

### ***2.1- Amostragem***

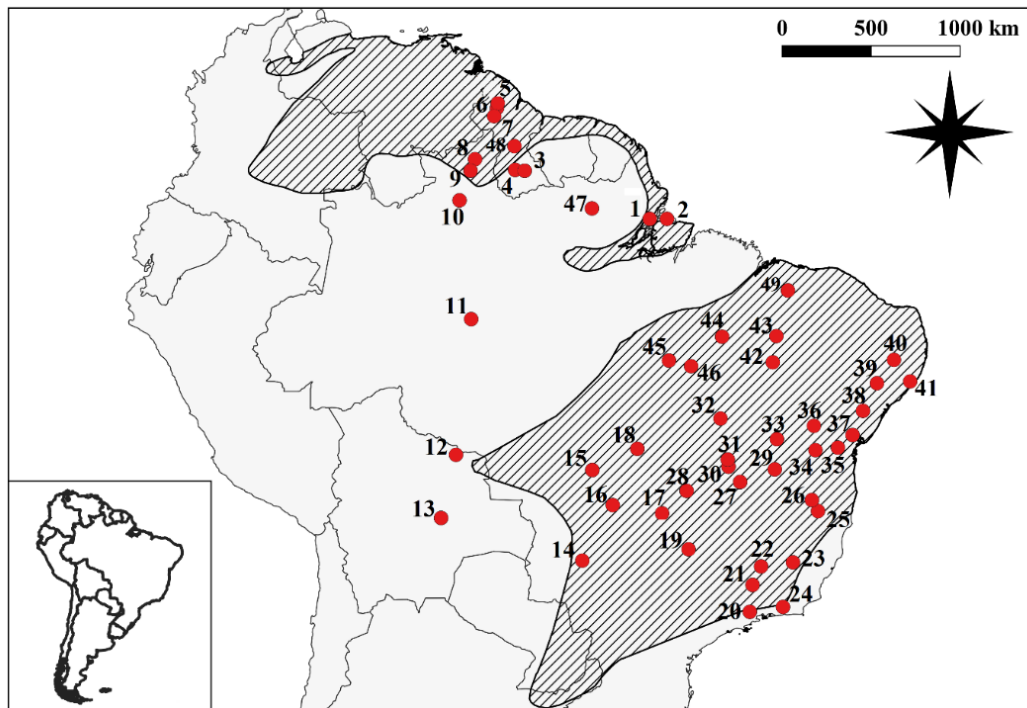
As localidades amostradas para análises de modelagem de nicho e os dados morfológicos foram coletados a partir dos espécimes tombados nas coleções ornitológicas do Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ), Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP), do Museu Paraense Emílio MPEG (MPEG), do American Museum Natural History (AMNH), do USNM National Museum of Natural History (SNMNH), do Field Museum of Natural History (FMNH) e do Louisiana Museum of Natural History (LSU), e no Laboratório de Genética de Biodiversidade (LabGenBio) da Universidade de Brasília (UNB).

Essa amostragem contemplou toda a distribuição geográfica para as linhagens recuperadas para o DNA mitocondrial ND2, sendo elas: (i) Norte (N) - Guiana Francesa e norte de Roraima; (ii) Noroeste (NW) - Amapá, norte do Pará e Amazonas; (iii) Sudoeste (SW) - Bolívia; (iv) Centro-oeste (MW) - Ilha do Marajó e sul do Pará, Maranhão, Tocantins, Goiás (com exceção do extremo oeste), Mato Grosso, e Mato Grosso do Sul; e (v) Nordeste (NE) - norte de Minas Gerais e região nordeste do Brasil com exceção do Maranhão (ver resultados). Neste agrupamento, apenas foram incluídos os indivíduos que puderam ser claramente atribuídos a uma das linhagens mitocondriais. Todos os espécimes que não possuíam georreferenciamento ou condições adequadas de preparação (e.g. cauda com as retrizes desgastadas, falta de penas nas regiões estudadas etc.) que impossibilitaram a obtenção dos dados, foram descartados, incluindo os indivíduos considerados jovens. Por possuir dimorfismo sexual, a distinção entre machos e fêmeas seguiu a mesma abordagem realizada no trabalho de Duarte *et al.*, (2021), Apêndice.

Para as análises filogeográficas foram utilizadas 91 amostras de tecido (sangue ou músculo) (Figura 1, Tabela 1), Provenientes da coleção do Laboratório de Genética e Biodiversidade da Universidade de Brasília (LabGenBio, Brasília, DF) (n=31), Museu Paraense Emílio MPEG (MPEG, Belém, PA) (n=18), Museu de zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP, São Paulo, SP) (n=22), Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ, Rio de Janeiro, RJ) (n=5), Louisiana Museum of Natural History (LSU, Baton Rouge, USA) (n=8)

e USNM National Museum of Natural History (USNM, Washington DC, USA) (n=7), esta amostragem contemplou consideravelmente a distribuição da espécie, exceto a subespécie *S. cayana fulvescens* da Colômbia e norte da Venezuela.

As amostras provenientes do Laboratório de Genética e Biodiversidade da Universidade de Brasília (LabGenBio, Brasília, DF) foram coletadas com auxílio de redes de neblina (12m x 2,5m x 36mm), as quais foram instaladas próximas ao chão. As redes foram abertas por cinco a sete dias em cada área, no período das 6h00min às 18h00min e vistoriadas regularmente de acordo com a frequência de captura. As aves capturadas foram marcadas com anilhas numéricas para evitar a coleta de amostras em duplicata. De cada ave capturada foram coletadas três a quatro gotas de sangue por punção da veia braquial com auxílio de lanceta ou agulha descartável e armazenado em microtubo contendo etanol absoluto em temperatura ambiente. Para extrair as amostras utilizamos o *kit* Pure Link Genomic DNA (Invitrogen), segundo recomendações do fabricante



**Figura 1**, Mapa esquematizando os pontos de amostragem para a espécie *Stilpnia cayana* utilizados neste trabalho. Áreas tracejadas correspondem à distribuição da espécie, segundo a International Union for Conservation of Nature - IUCN RedList (2016).

**Tabela 1.** Relação das amostras que foram analisadas no presente trabalho, e suas respectivas localidades. As amostras são provenientes do Laboratório de Genética e Biodiversidade (LabGenBio) da Universidade de Brasília, Museu Paraense Emílio MPEG (MPEG), Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MUZUSP), Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ), Louisiana Museum of Natural History (LSU) e USNM National Museum of Natural History (USNM). Os números da primeira coluna representam os números dos pontos de amostragem ilustrados na Figura 1.

<b>Número do mapa</b>	<b>Número de indivíduos</b>	<b>Museu / coleção</b>	<b>Localização</b>
1	10	LabGenBio	Fazenda Experimental da Embrapa- Macapá/AP
2	3		Fazenda Gratidão- Salvaterra-Ilha do Marajó/ PA
14	1		Corguinho/MS
18	2		Fazenda ouro e prata- Nova Xavantina/ MT
26	2		Capelinha/ MG
27	3		Parque Nacional Grande Sertão Veredas/ MG
28	2		Fazenda Tabapuã dos Pireneus, Cocalzinho/ GO
30	4		Apa Gama Cabeça de Veado/ DF
31	3		Parque Nacional Chapada dos Veadeiros/ GO
44	2		Parque Nacional Chapada das Mesas- Carolina/ MA
8	1		MPEG
11	1	Rodovia do Estanho- Manicoré/ AM	
15	3	Sítio Marimbondo- Chapada dos Guimarães/MT	
17	2	Fazenda Saloba- Montes Claros de Goiás/ GO	
22	2	Serra Azul- Itatiaiuçu/ MG	
29	1	Refúgio da Vida Silvestre Rio Pandeiros Januária/ MG	
35	2	Ilhéus- Ecoparque de UMA/ BA	
40	1	Barreiros, Engenho Cachoeira Linda/ PE	
42	1	Curimatá- Serra Vermelha/ PI	
43	1	Fazenda Maharishi- Praia Indianos- Guadalupe/ PI	
47	2	Óbidos- ESEC Grão-Pará/ PA	
49	1	Eco Resort Nazareth- José de Freitas/ PI	
9	2	MUZUSP	Rio Uraricoera - Vista Alegre/ RR
10	2		Sítio São Bento - Rio Mucajá/ RR
16	1		Fazenda Araras - Itiqueira/ MT
19	1		São José do Rio Preto / SP
20	2		Jundiá/ SP
21	2		Fazenda Prana, Campos do Jordão/ SP
23	1		Santa Caraça - Cotas Altas/ MG
25	1		Almerara/ MG

Continua

<b>Número do mapa</b>	<b>Número de indivíduos</b>	<b>Museu / coleção</b>	<b>Localização</b>
32	1	MUZUSP	Rio Palmas - Parana/ TO
33	2		Pedra Petra - Correntina/ BA
36	1		Sumidouro - Brotas de Macaúba/ BA
38	2		Fazenda Jequitibá - Elísio Mediado/ BA
39	1		Fazenda Poço Coeri - ApaPidoabera/ AL
41	1		Usina Serra Grande - Mata do Pinto/ AL
45	2		Fazenda Fartura - Santana do Araguaia/ PA
24	1		MNRJ
34	1	Ibicoara/ BA	
37	2	Iramaia/ BA	
46	1	Presidente Kennedy/ TO	
5	2	LSU	West Demerara District; Polder ca 4 km W Demerara River on Canal 2 Road/ Guyana
7	1		Region 9, Ireng River, km Karasabai/ Guyana
12	1		Prov. Velasco; 32 km E Aserradero Moira, Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Santa Cruz/ Bolivia
13	4		Serrania de Huanchaca, 21 km SE Catarata Arco Iris/ Bolivia
3	2	USNM	South Rupununi Savannah/ Guyana
4	2		Wiwitau Mountain, East Rupununi Savannah/ Guyana
6	2		Paruima, ca. 19 km N, at MS. Holitipu- Cuyuni-Mazaruni/ Guyana
48	1		Karasabai, ca 17 km SSW at Ireng River- Upper Takutu-Upper Essequibo/ Guyana

## **2.2- Modelagem de nicho ecológico**

Os pontos de ocorrência da espécie amostrados para realização da modelagem foram obtidos da base de dados coletados em visita aos museus (Duarte *et al.*, 2021, Anexo I). As coordenadas foram confirmadas pelo Google Earth por visualização de imagens de satélite. Os pontos duplicados, ou que não possuíam georreferenciamento foram desconsiderados da análise. Para delimitar a área de movimento (M) foi criado um único polígono a partir dos pontos extremos no programa Qgis 3.20 3.20 (Quantum Gis, 2021), essa metodologia foi aplicada em decorrência da possível capacidade de dispersão da espécie por ser uma ave frugívora (Câmara, 2017).

As 19 variáveis bioclimáticas mais altitude foram importadas da base de dados do Global Climate Data (WorldClim), disponibilizado em: <http://www.worldclim.org/>. Com



intuito de reduzir a correlação entre as variáveis, nós realizamos uma Análise de Componentes Principais (PCA) para definir as variáveis mais importantes. Dos pontos amostrados verificamos um nítido efeito museu (Newbold, 2010) pela região sudeste do Brasil, o que poderia afetar a qualidade do modelo (Phillips *et al.*, 2009) pela autocorrelação espacial (Reddy & Dávalos, 2003). Para eliminar esse viés, criamos um *buffer* circular em cada ponto com uma área de movimento de 10 km, em seguida, eliminamos os pontos que se sobrepunham dentro de cada *buffer*.

A modelagem de nicho foi realizada com base no modelo de máxima entropia Maxent (Phillips *et al.*, 2016) no programa R (R Core Team, 2018), seguindo tutorial de Dalapicolla & Vieira (2020) com modificações. Para calibração do modelo utilizamos a área correspondendo à distribuição do grupo *cayana*, à projeção no espaço geográfico foi correspondente ao grupo *flava*, com uma resolução espacial de 2,5km<sup>2</sup>. O modelo foi gerado utilizando um background de 1000 pontos, foram construídas 10 réplicas com diferentes curvas de resposta, e com valores de beta regularização de 0.5, 1 e 2 utilizando a função ENMevaluate (Muscarella *et al.*, 2014) no programa R (R Core Team, 2018).

Para avaliar o desempenho dos modelos, além do goodness-of-fit com a complexidade do modelo, utilizamos o método de replicatas *Block*, com auxílio do pacote ENMeval (Muscarella *et al.*, 2014) no programa R (R Core Team, 2018). Utilizamos dois parâmetros para avaliar a performance do modelo: (1) Área sob a curva (*área under curve*- AUC) da curva ROC (*receiver operating characteristic*- ROC), já extensivamente utilizado na modelagem para avaliar a performance, relacionado com a habilidade do modelo em discriminar entre os locais de presença (pontos de ocorrência) contra os locais de ausência (Elith *et al.*, 2006). (2) True Skill Statistic (TSS), que dependendo do limiar varia de -1 e +1, sendo que valores iguais ou menores que zero indicam desempenho não melhor que o aleatório (Allouche *et al.*, 2006). Os valores inferiores a 0.5 são indicativos de desempenho pior do que o acaso, valor igual a 0.5 são considerados como não diferentes do acaso, enquanto valores próximos a 1 são considerados excelentes (Elith *et al.*, 2006).

Tomando como base modelo selecionado para o presente da espécie *S. cayana*, nós transferimos os cenários de distribuição potencial para o Holoceno médio (~ 6 mil anos atrás), o Último Máximo Glacial (LGM ~ 21 mil de anos atrás) e o Último Interglacial (LIG ~120 mil de anos atrás). Para o Holoceno e LGM foram utilizados os modelos de circulação gerais estimados (CCSM4, MIROC-ESM e MPI-ESM-P). Como os modelos CCSM4 e MIROC-ESM são da mesma classe e, portanto, com algoritmos muito similares, optamos em escolher

o modelo de outra classe MPI-ESM-P como recomendado por Varela *et al.* (2015). Para utilizar a mesma resolução em todos os períodos avaliados foi utilizada uma base de dados com resolução espacial de 2,5 arc minutos, aproximadamente 5 km. Desta forma, os dados do período LIG foram transformados da resolução 30 arc-segundos para 2,5 arc-minutos utilizando a média dos valores de cada variável com a função *aggregate* no programa R (R Core Team, 2018).

Os valores de limiar foram calculados automaticamente pela função “*get\_evaluations*” implementado no pacote *biomod2* (Thuiller *et al.*, 2021) no programa R (R Core Team, 2018) e para achar o limiar ótimo usamos a função “*Find.Optim.Start*” implementada também no pacote *biomod2*, no qual converte valores contínuos em binários, calculando o valor médio dos melhores modelos, assim valores do pixel abaixo do limiar apresentam valor 0 e acima 1. Para as simulações dos períodos (holoceno e LGM) o cenário resultante foi construído considerando a área consenso obtida entre os modelos de presença/ausência. Utilizamos uma categorização das áreas adequadas: 0 até o limiar como áreas inadequadas, do limiar até 750- classe 1 (média), de 750 até 900- classe 2 (alta) e por último classe 3 de 900 a 1000 (muito alta). Em seguida delimitamos as áreas de estabilidade climática sobrepondo todos os cenários de presença/ausência de todos os períodos, dessa forma, os mapas das áreas concordantes ao longo de todos os cenários foram definidos como estáveis durante o Quaternário, com auxílio do programa Qgis 3.20 (Quantum Gis, 2021).

## **2.3- Filogeografia**

### *2.3.1- Marcadores moleculares, amplificação e sequenciamento*

Um segmento do DNA mitocondrial e dois segmentos do genoma nuclear foram amplificados e sequenciados por meio da reação de cadeia de polimerase (PCR) (Anexo 3). O fragmento de DNA mitocondrial foi do gene desidrogenase subunidade 2 (ND2), o qual foi amplificado utilizando os iniciadores LMET e H6313 (Sorenson *et al.*, 1999), além de dois iniciadores internos. Os fragmentos do genoma nuclear foram o Receptor muscular específico de tirosina-kinase íntron 3 MUSK com os iniciadores 13F e 13R (Clark & Witt, 2006). E o fragmento *Transforming growth factor beta* (TGFB2) com os iniciadores TGFB2-5F e o TGFB2-6R (Primmer *et al.*, 2002). A amplificação dos segmentos nucleares seguiu a distribuição espacial dos haplótipos encontrados para o DNA mitocondrial.

Para cada reação de PCR foram utilizados aproximadamente 30ng de DNA, 2.5mM de dNTP, 30mM Cloreto de Magnésio, 1mM de cada iniciador, 1X de tampão e meia unidade de Taq polimerase Platinum, em um volume final de reação de 12 $\mu$ L. Os ciclos de PCR consistiram em desnaturação inicial de 420 segundos à 95°C; 35 ciclos de 60 segundos à 95°C, 60 segundos à 56°C (ND2 e TGFB2) e temperatura de 54°C para o MUSK, 60 segundos à 72°C; e extensão final de 600 segundos à 72°C. O sucesso da amplificação e a qualidade dos produtos obtidos foram avaliados por meio de uma eletroforese em gel de Agarose 1% e a visualização sob transluminador de luz ultravioleta.

Os produtos de PCR foram purificados por reação enzimática com exonuclease I e a fosfatase alcalinos de camarão (ExoI/SAP, USB), de acordo com as recomendações do fabricante e enviados para serem sequenciadas pela empresa MacroGen®. As sequências foram corrigidas e alinhadas com o auxílio do programa Geneious v.6.1.5 (Biomatters Ltd; Drummond *et al.*, 2011) e as bases nucleotídicas foram codificadas de acordo com as normas da IUPAC, inspecionadas visualmente e corrigidas quando necessário. Já o alinhamento das sequências foi realizado com o algoritmo Muscle (Thompson *et al.*, 1997).

### 2.3.2- Análises da diversidade genética

Os índices de diversidade genética foram calculados pelo programa DNAsp (Librado & Rozas, 2010) com base no número de sítios variáveis (S), número de haplótipos (h), diversidade haplotípica (*Hd*) e nucleotídica ( $\pi$ ). Os haplótipos para os diferentes segmentos foram identificados com o programa DNAsp versão v.5 (Librado & Rozas, 2010). Dos segmentos nucleares foi empregada análise da fase gamética utilizando o DNASPhase, implementado pelo programa DNAsp. Para entender como os haplótipos estão distribuídos espacialmente foi realizada análise de *median-joining* (Bandelt *et al.*, 1999) no programa Network v.4.6.10 (Fluxus Technology Ltd. Forster *et al.*, 2012).

A genealogia foi reconstruída por meio de análises filogenéticas aplicando os métodos de inferência bayesiana (IB) com o programa MrBayes 3.1 (Huelsenbeck & Ronquist, 2001). O programa Tracer v1.4.1 (Rambaut & Drummond, 2007) foi utilizado para avaliar a convergência dos parâmetros amostrados pela análise bayesiana, sendo descartadas 20% das árvores amostradas inicialmente (*burn-in*). A escolha do modelo evolutivo e seus parâmetros de análise foram realizados com o programa Jmodeltest (Darriba *et al.*, 2012). Estas análises foram realizadas para o segmento mitocondrial e combinando os diferentes segmentos, com

intuito de identificar a contribuição de cada marcador nas relações filogenéticas obtidas. O grupo externo utilizado foi da espécie *Stilpnia chilensis*, obtida conforme metodologia descrita acima, a partir de amostra de tecido depositada no acervo do LabGenBio/UnB. Para o segmento mitocondrial três sequências foram utilizadas como grupo externo *Stilpnia meyerdeschauenseei*, *Stilpnia vitriolina*, *Stilpnia cucullata*; com entrada no Genbank: EU648080.1, EU648096.1 e EU648060.1, respectivamente.

### 2.3.3- Estrutura genética

As análises bayesianas de estrutura populacional foram realizadas com auxílio do software BAPS 6.0 (Corander *et al.*, 2008) para o DNA mitocondrial, através do módulo “*Clustering with linked loci*”, já para a matriz concatenado foi utilizado o módulo “*Clustering of individuals*”. Para cada análise aplicamos cinco réplicas e estimamos o número mais provável de agrupamento (k), permitindo uma variação de 1 a 10 grupos ( $1 \leq k \leq 10$ ). A estrutura populacional e a ocorrência de descontinuidade genética foram estimadas através do módulo “*Spatial clustering of individuals*” também no software BAPS 6.0 (Corander *et al.*, 2008; Chenget *et al.*, 2013), a partir dos dados mitocondrial, com K pré-definido pelo modelo anterior, juntamente com os dados geográficos.

Para averiguar a estrutura populacional realizamos o cálculo de  $F_{ST}$  par-a-par entre as populações identificadas, além de análises de variância molecular (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992) no programa Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010). Uma Análise de Variância Molecular foi realizada no programa Samova 2.0 (Dupanloup *et al.*, 2002), no qual avalia os índices de fixação das populações ( $\Phi_{ST}$ ), entre populações dentro do grupo ( $\Phi_{SC}$ ) e entre grupos ( $\Phi_{CT}$ ), com valor de significância de 1000 permutações. Para os conjuntos de dados foram empregadas um valor inicial de K igual a dois até o valor máximo de quatro grupos. Porém, nesta análise a informação geográfica é considerada *a priori* para partição dos grupos.

Por fim, para testar a hipótese de isolamento por distância (Wright, 1943), foi empregado o teste de Mantel, cujo objetivo é avaliar se a distância genética entre as localidades é correlacionada com a distância geográfica para as populações encontradas para o DNA mitocondrial com auxílio do programa Alleles in space (Miller, 2005).

#### 2.3.4- Tempo de divergência

Para estimar o tempo de divergência entre as populações foi realizada uma análise de isolamento com migração pelo IMA2 (Hey, 2010) assumindo a relação das populações obtidas pela Inferência Bayesiana para o segmento mitocondrial ND2. Com intuito de simplificar o modelo, nós estimamos os parâmetros de tamanho populacional ( $q$ ) da migração ( $m$ ) e tempo ( $t$ ) utilizando três matrizes de dados: Abordagem 1) **três populações**: grupo cayana (indivíduos ao norte da distribuição da espécie), grupo flava (indivíduos do centro e sul da distribuição da espécie), e por último a população da Bolívia. Abordagem 2) **grupo cayana**: CayanaN e CayanaS. Abordagem 3) **grupo flava**: Chloroptera e Flava. Os modelos utilizados para a matriz 1 com três populações (abordagem 1) foi desconsiderando a migração, já que o  $m$  é tão próximo de 0 que foi impossível estimar. Já para as populações pertencentes ao grupo cayana e flava (abordagem 2 e 3) foram utilizados: um parâmetro de migração para cada par de populações; migração apenas entre as populações amostradas e cada tamanho de população ancestral é considerado idêntico ao de sua maior população descendente. O tempo de corrida foi do tipo *floating-point* com até 20 milhões de gerações, um milhão de gerações foram descartadas por *burn-in*. Para estimar os parâmetros da abordagem 1, o tamanho máximo populacional foi de 63; com o tempo de 20, enquanto para abordagem 2 o tamanho populacional foi de 50, migração de 1 e tempo de 15; já para abordagem 3 o tamanho populacional foi de 400, com migração de 10 e tempo de 5. O modelo de aquecimento geométrico das cadeias foi de 0.9, e a taxa de mutação utilizada foi de  $4 \times 10^{-8}$  (Arbogast *et al.*, 2006) depois da transformação por locus por ano, resultando em uma taxa de 0.0000396, o tempo de geração assumido foi de um ano e para estimar os valores em unidades demográficas utilizamos a média geométrica das taxas de mutação.

#### 2.3.5- História demográfica

Os testes de neutralidade foram utilizados para avaliar as possíveis variações no tamanho populacional, os desvios da neutralidade foram averiguados pelos testes  $D$  de Tajima (Tajima, 1989) e  $F_s$  de Fu (Fu, 1997) no programa DNAsp 5. A estatística  $R_2$  de Ramos-Onsins e Rozas (2002) foram calculadas para avaliar a hipótese de expansão populacional. Estes testes são sensíveis à expansão e contração das populações, sendo que valores negativos e significativos de  $D$  e  $F_s$  ou valores próximos à zero de  $R_2$  indicam expansão populacional

recente, em contrapartida, os valores positivos de  $D$  e  $F_s$  ou valores altos de  $R_2$  indicam declínio populacional. O suporte estatístico foi obtido com 10.000 simulações de coalescência no programa DNAsp.

A história demográfica também foi avaliada utilizando a coalescência com base no método *bayesian skyline plot* no programa Beast 2 (Drummond & Rambaut, 2012), o modelo de substituição utilizado e implementado pelo Beast foi Hasegawa-Kishino-Yano com distribuição gamma (HKY+G) para ambos os segmentos. A taxa de substituição utilizada foi a do gene ND2 de 0.009 substituições por sítio por milhão de anos (Pacheco *et al.* 2011), com a opção de “relógio relaxado: Lognormal não correlacionado”, no qual acomoda e possibilita taxas independentes de evolução molecular em diferentes ramos (Drummond *et al.*; 2007). Ao todo foram realizadas 100 milhões de gerações para cada conjunto de dados e a convergência das cadeias foi analisada utilizando o valor *effective sample size* (ESS) no programa Tracer 1.4 (Rambaut & Drummond, 2003), com valor mínimo de 200 ESS, como descreve o manual do programa, além de sumarizar graficamente a distribuição das mudanças populacionais.

### 2.3.6- *Influência das mudanças do Quaternário na diversidade genética*

Para avaliar se as áreas de estabilidade climática no Quaternário são preditoras da diversidade genética atual da espécie *S. cayana*, utilizamos o mapa de estabilidade climática e para comparar áreas estáveis e não-estáveis utilizando o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis no programa R (R Core Team 2018). Para cada ponto com pelo menos três indivíduos ou entre localidades próximas, nós estimamos a diversidade nucleotídica ( $\mu$ ) e diversidade haplotípica ( $H_d$ ) e fizemos uma análise comparativa para mensurar o grau de relacionamento entre as duas variáveis, sendo a estabilidade climática das localidades a variável explicativa e a diversidade genética e haplotípica as variáveis resposta.

## 2.4- *Morfologia*

### 2.4.1- *Análise de coloração da plumagem*

Os dados de coloração de plumagem foram obtidos para 272 machos e 199 fêmeas (Anexo 2). Cada espécime foi analisado qualitativamente quanto aos padrões de plumagem de

maneira padronizada e comparativa com auxílio do catálogo de cores Munsell (2015), sendo analisadas sete regiões: píleo, dorso, loro, aurícula, garganta, peito e abdômen (Anexo 3).

A correspondência dos caracteres de plumagem foi realizada de forma interpretativa pela análise da distribuição espacial dos estados de caráter. Os mapas de distribuição foram construídos com os dados presentes nas etiquetas. Na ausência de coordenadas geográficas, observado principalmente nos espécimes mais antigos, estas foram obtidas por meio de consulta a websites de dados geográficos como <http://www.bngb.ibge.gov.br/bngb.php> e Google Earth. Todos os mapas foram elaborados usando o programa Qgis 3.20 (Quantum Gis, 2021).

#### 2.4.2- Análise de morfometria

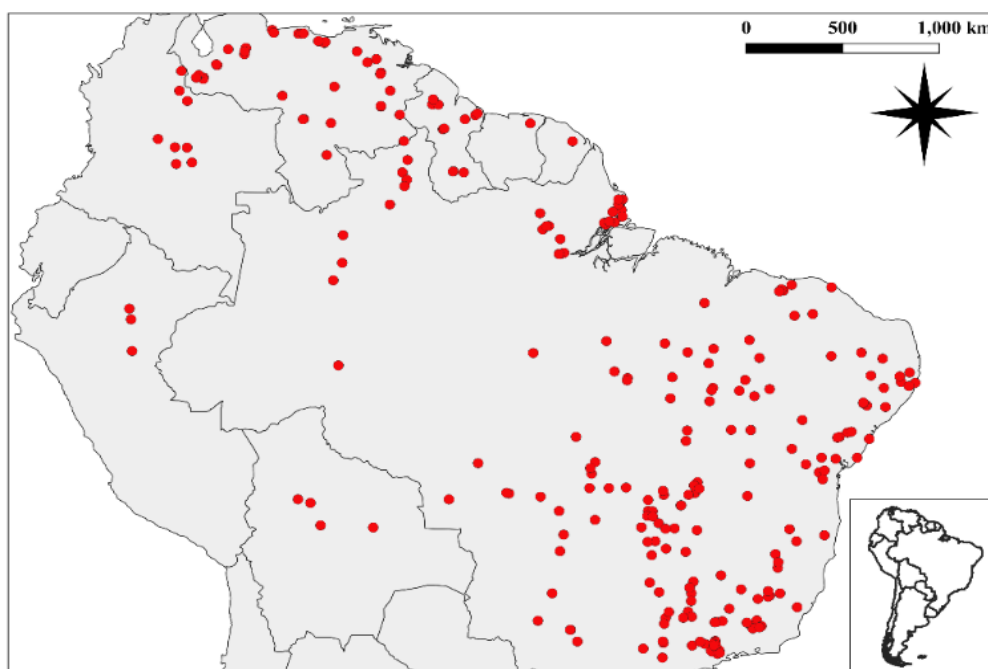
Para as análises quantitativas foram considerados seis caracteres morfométricos: comprimento da asa, cauda, tarso; e a largura, altura e comprimento do bico. As estruturas foram aferidas pela mesma pessoa (SRD), com paquímetro digital (precisão de 0,01mm), de acordo com Baldwin *et al.* (1931). Com o objetivo de reduzir a multidimensionalidade dos conjuntos de variáveis morfométricos em poucos eixos explicativos e independentes, as tendências de agrupamento foram avaliadas através de Análise de Componentes Principais (PCA; Sokal & Rohlf, 1995), usando o pacote Vegan (Oksanen *et al.*, 2019) no programa R (Team, 2019).

Para os principais componentes nós avaliamos o cumprimento das premissas dos modelos lineares: normalidade e homocedasticidade dos resíduos do modelo. Estas premissas foram avaliadas por dois métodos distintos: testes estatísticos e inspeção visual. A normalidade dos resíduos foi averiguada pelo teste de Shapiro-Wilk, enquanto a homocedasticidade pelo teste de Bartlett. A inspeção visual da normalidade foi realizada através de gráficos de densidade dos resíduos, gráficos quantil-quantil normal e plotagem dos quartis teóricos da distribuição normal *versus* os quantis observados dos resíduos com o pacote hnp no R (Moral *et al.*, 2018). As comparações entre os grupos foram realizadas pela análise de variância de um fator (ANOVA), seguida de comparação par-a-par pelo teste de Turkey post hoc, quando a premissa de normalidade não foi atendida nós aplicamos o teste não paramétrico Kruskal–Wallis, seguido do teste Dunn *post hoc*, todos os testes foram executados em nível de significância de 5% (Team, 2019).

### 3- Resultado

#### 3.1- Modelagem de nicho

Considerando todo o tratamento empregado para eliminar o viés amostral, chegamos à distribuição ótima de 263 pontos de ocorrência de *S. cayana* (Figura 2, Anexo 1). Os três primeiros componentes contribuíram com 80% da variação, sendo mais representados pelas variáveis: bio 6- Min Temperature of Coldest Month (PC1), Bio17- Precipitation of Driest Quarter (PC2) e Bio16- Precipitation of Wettest Quarter (PC3). O melhor modelo para o presente foi o Linear com RM de 0,5, o valor de AUC foi de 0,86, TSS 0,69, com valor de sensibilidade de 84, especificidade de 85 e limiar de 581 (Figura 2), sendo concordante com a distribuição atual da espécie.



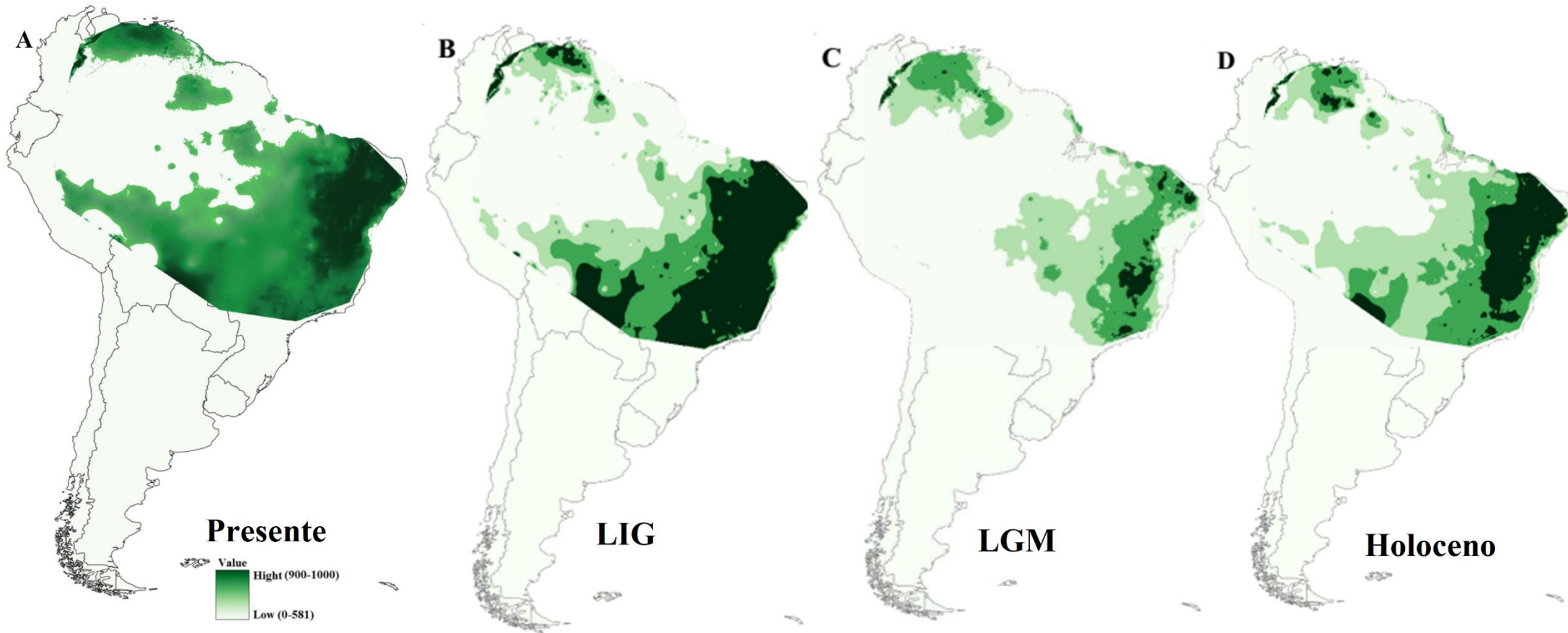
**Figura 2,** Mapa representativo dos pontos de ocorrência de *Stilpnia cayana* utilizados na modelagem de nicho ecológico.

As simulações projetadas para os três modelos de circulação (Figura 3) para o Quaternário, demonstram que desde o LIG até o período atual as condições climáticas favoreceram a mudanças nas áreas de adequabilidade ambiental para a espécie *S. cayana* (Figura 3.A), observa-se uma predominância da espécie pelos principais biomas da América do Sul, com exceção da porção oeste da Amazônia. Contudo, em nenhum momento do

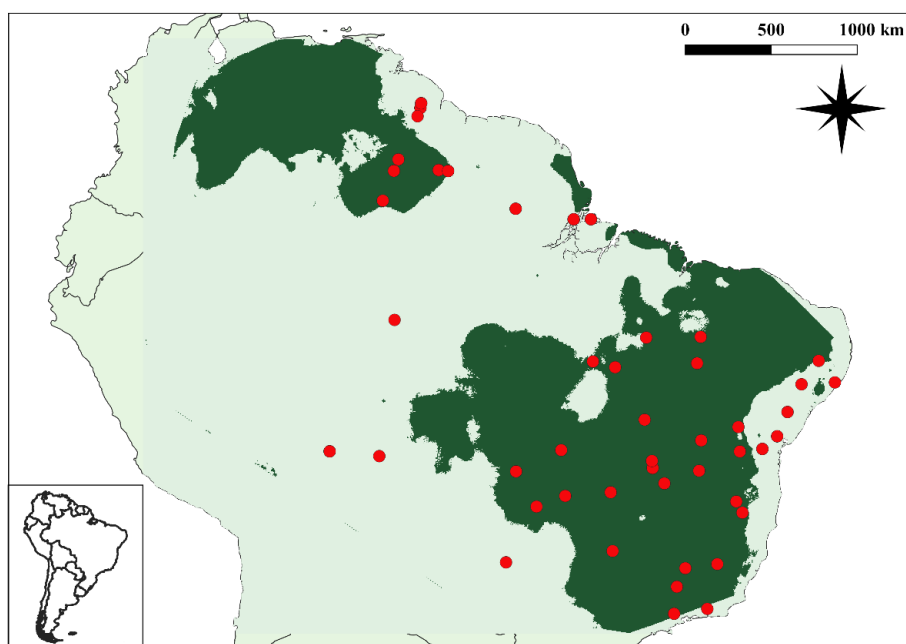


passado o extremo norte da distribuição esteve efetivamente conectado climaticamente com as áreas ao sul do que hoje é a Amazônia. No LIG as áreas de maior adequabilidade ambiental estavam distribuídas continuamente pela porção leste do Brasil, onde hoje corresponde aos biomas da Mata Atlântica e Caatinga, além de uma área pelo extremo norte da América do Sul (Figura 3.B). Já no LGM observa-se uma retração das áreas adequadas, com uma descontínua distribuição, com manchas pequenas e isoladas pelo extremo norte e sul da distribuição, além de uma mancha maior no que hoje compreende a região do norte de Minas Gerais (Figura 3.C). No Holoceno houve uma expansão das áreas de adequabilidade com maior distribuição pelo norte de Minas Gerais até a porção leste do nordeste brasileiro, pequenas manchas de adequabilidade são verificadas pela porção sudoeste da distribuição e pelo extremo norte da América do Sul (Figura 3.D).

Das sobreposições entre as áreas de adequabilidade climática durante o Quaternário (Figura 4), observamos que as áreas de estabilidade climática estão distribuídas pelo leste da América do Sul, desde o nordeste, centro-oeste até o sudeste do Brasil. Na porção norte da distribuição atual da espécie encontramos uma grande área de estabilidade pela Colômbia até a porção sul da Venezuela; manchas pequenas de estabilidade também foram verificadas pelo extremo leste do Amapá e Ilha do Marajó.



**Figura 3**, Modelagem de nicho ecológico da espécie *Stilpnia cayana*. **A)** Distribuição potencial para o período atual. Do lado direito da figura são as projeções da adequabilidade climática para os três modelos de circulação (CCSM4, MIROC-ESM e MPI-ESM-P) e para os três períodos do Quaternário: **B)** Último Interglacial (LIG ~ 120 – 140 ka), **C)** Último Máximo Glacial (LGM 21ka) e **D)** Holoceno médio (6 mil anos atrás – ka). Em preto está às áreas de classe muito alta de adequação, em verde escuro classe alta de adequabilidade, enquanto verde claro corresponde à classe média de adequação.



**Figura 4,** Áreas de estabilidade climática em verde escuro para a espécie *Stilpnia cayana*. Os pontos em vermelho correspondem aos pontos amostrados para as análises genéticas.

### 3.2 – Filogeografia

#### 3.2.1- Diversidade genética

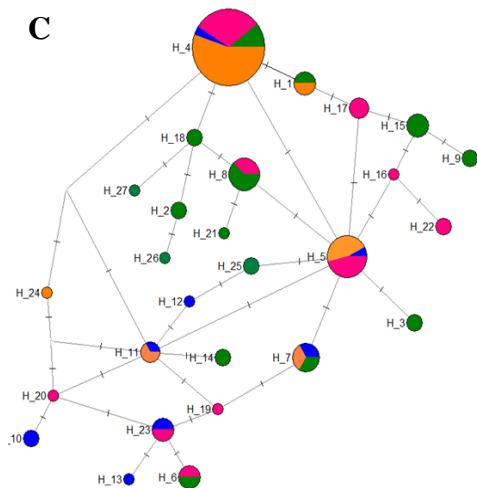
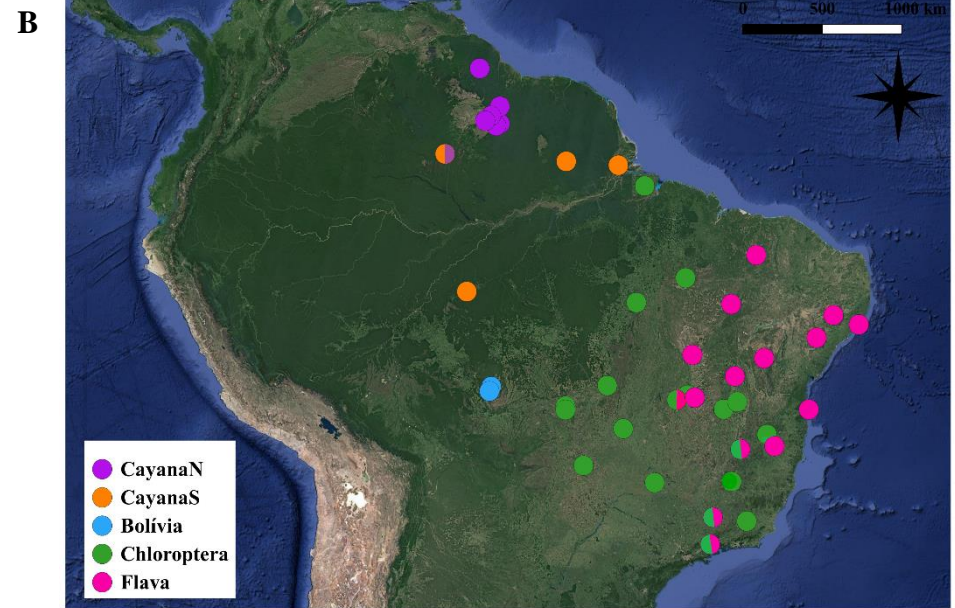
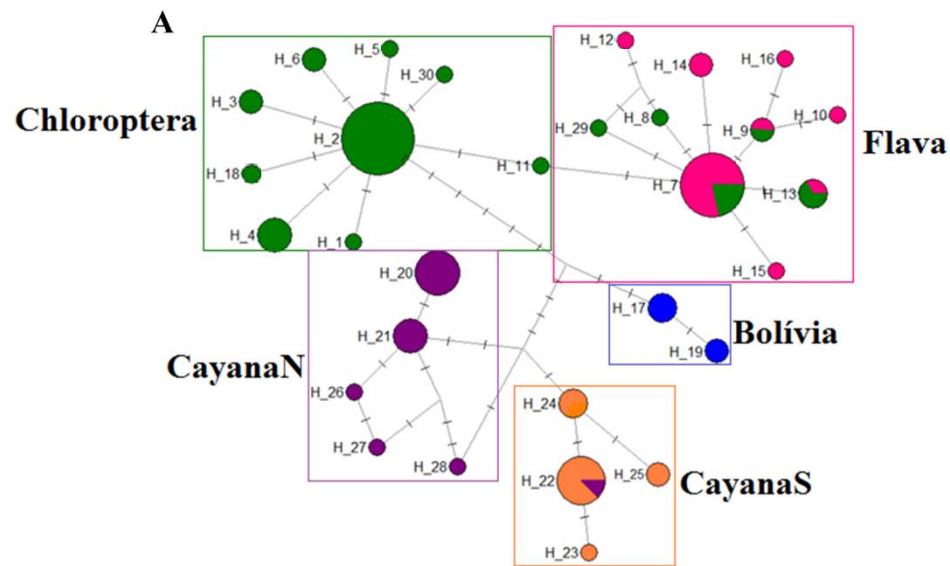
Caracterização: Para o gene mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2) o DNA foi sequenciado para 91 indivíduos, obtendo-se uma matriz de 30 haplótipos com 990 pb, com diversidade haplotípica de 0,92, com 45 sítios polimórficos. A frequência percentual por base nitrogenada foi de A= 28,64%; G=11,66%; C=37,22% e T= 22,48%.

Foram sequenciados para ambos os segmentos nucleares 66 indivíduos (Anexo 6), depois de reconstruir a fase gamética obtemos 132 sequências. Para o segmento íntrons 3 tirosina-kinase (MUSK) foi obtida uma matriz de 28 haplótipos com 517 pb, com diversidade haplotípica de 0,80, a frequência percentual de base nitrogenada de A= 30,66%; G= 21,15%; C=16,43%; e T=31,76%. Já para o segundo segmento nuclear o íntron *Transforming growth factor beta* (TGFB2) a matriz resultante apresentou 11 haplótipos com 497 pb, com diversidade haplotípica de 0,34, com frequência percentual de A= 25,05%; G= 21,87%; C= 21,58%; e T= 31,05%. Devido à baixa variação encontrada para o TGFB2, optamos por seguir as análises de estrutura e demográfica apenas com o ND2 e MUSK.

### *3.2.2- Rede de haplótipos e genealogia*

A distribuição espacial dos haplótipos para o DNA mitocondrial revelou cinco haplogrupos com compartilhamento de haplótipos entre eles (Figura 5.A e 5.B, Anexo 6). O haplogrupo CayanaN (em roxo, Figura 5.A e 5.B) é representado pelos indivíduos da Guiana e Roraima; já o haplogrupo CayanaS (em laranja, Figura 5.A e 5.B) é representada pelos indivíduos do Amapá, norte do Pará (Óbidos) e Amazonas, sendo que esses dois grupos compartilham um haplótipos pelo Rio Mucajaí em Roraima. O haplogrupo Bolívia (em azul, Figura 5.A e 5.B) apresenta haplótipos exclusivos pela Bolívia, enquanto o haplogrupo Chloroptera (em verde, Figura 5.A e 5.B) se distribui pela região centro norte do Brasil estendendo pela porção sudeste, assim como o haplogrupo Flava (em rosa, Figura 5.A e 5.B) que predominantemente se concentra pela região nordeste do Brasil, apresentam haplótipos centrais mais frequentes (ancestrais) com muitos haplótipos mais recentes (tips). Entre os haplogrupos Chloroptera e Flava ocorre compartilhamento de haplótipos ancestrais e recentes, evidenciando um alto fluxo gênico entre essas populações principalmente pelo estado de Minas Gerais e São Paulo.

Quando analisamos a distribuição espacial dos haplótipos para o segmento nuclear MUSK (Figura 5.C), as evidências de agrupamento são inexistentes, isso devido os haplótipos ancestrais, de maior frequência, estarem dispersos espacialmente com muitos haplótipos recentes.

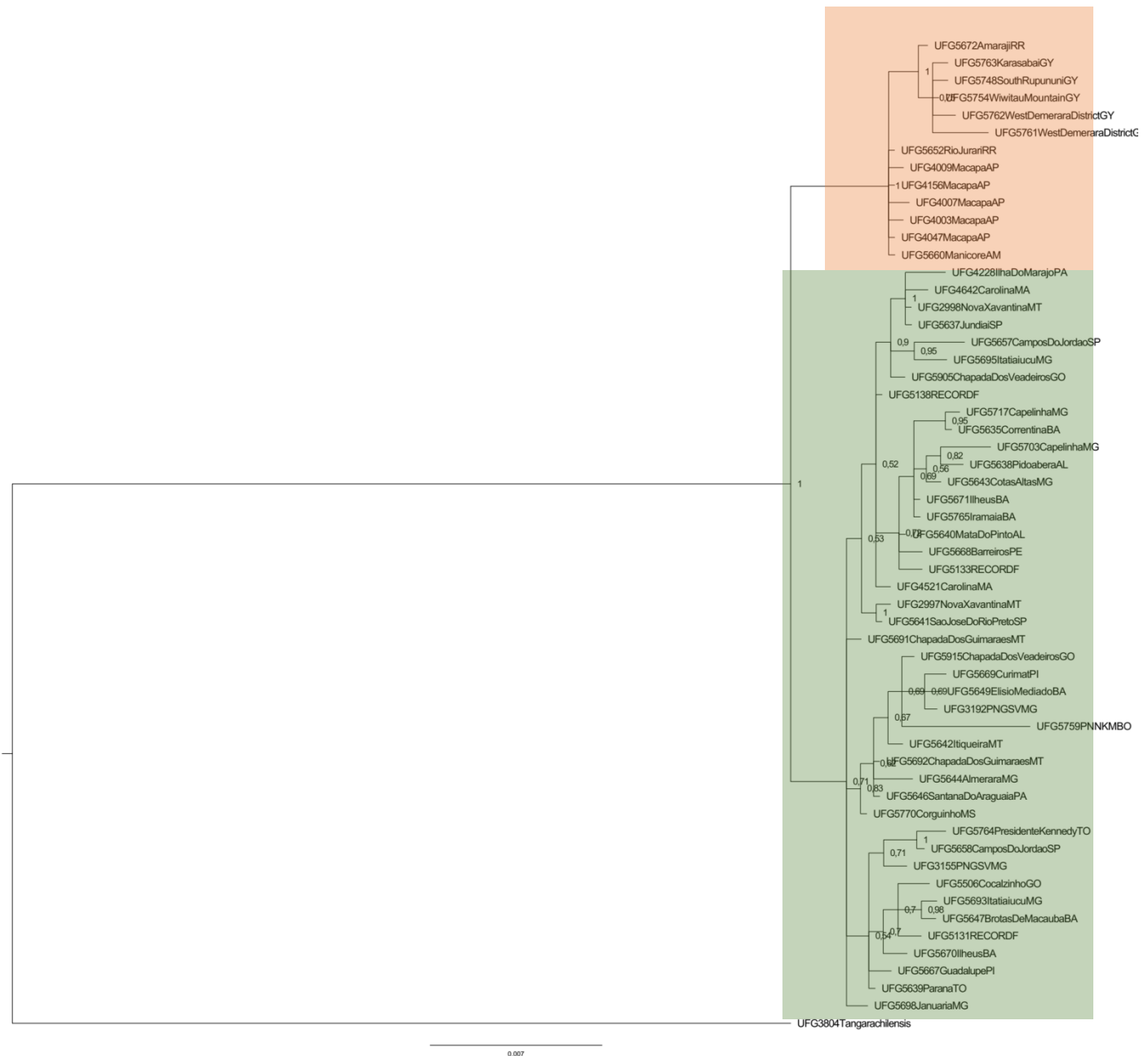


**Figura 5**, Esquema da distribuição espacial dos haplótipos para. **A)** o gene mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2), a cor roxa corresponde ao haplogrupo CayanaN, em laranja o haplogrupo CayanaS, azul corresponde a Bolívia, em verde o haplogrupo Chloroptera e em rosa o haplogrupo Flava. **B)** Distribuição espacial dos haplótipos do segmento ND2. **C)** Rede de haplótipos da fase do segmento nuclear tirosina-quinaseíntron 3 (MUSK). No (anexo 6) encontram-se as localidades dos haplótipos para cada segmento.

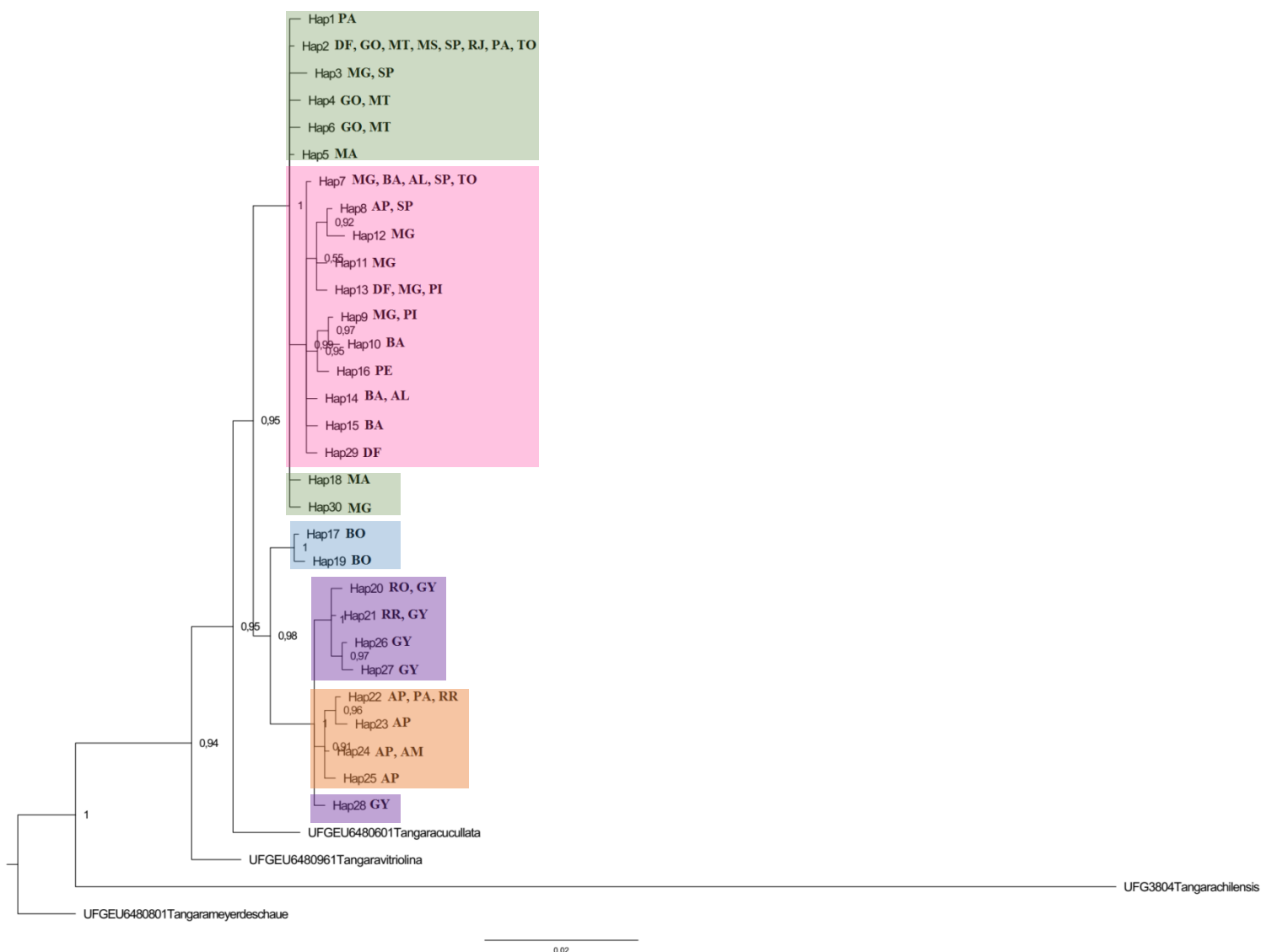
### 3.2.3- Genealogia

O modelo evolutivo indicado pelo Jmodeltest HKY + G para o segmento mitocondrial e HKY para o segmento nuclear. A hipótese filogenética resgatada pelo método de Inferência Bayesiana a partir dos dados de sequência concatenada (Figura 6), demonstra a existência de dois ramos que definem o grupo cayana (ao norte) e flava (ao sul). Dentro do grupo flava os ramos não apresentam suporte estatístico, enquanto, o grupo cayana apresenta politomia.

A maior resolução, como esperado, foi encontrada para a hipótese filogenética para o segmento mitocondrial ND2 (Figura 7), com três ramos com alto suporte estatístico, apresentando uma primeira divisão norte (cayana) e sul (flava), compatível com a hipótese resgatada para o segmento concatenado. Um terceiro grupo é o da Bolívia, filogeneticamente relacionado com CayanaN e CayanaS, onde se verifica uma politomia. Da mesma forma, também encontramos politomia para o grupo flava.



**Figura 6,** Hipótese filogenética baseada no método de Inferência Bayesiana (IB) para os dados concatenados do gene mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2), e nuclear íntrons 3 tirosina-kinase (MUSK), para a espécie *Stilpnia cayana*. As cores correspondem aos grupos Cayana (laranja) e Flava (verde).



**Figura 7,** Hipótese filogenética baseada no método de Inferência Bayesiana (IB) para haplótipos reconstruídos do gene mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2) para a espécie *Stilpnia cayana*. As cores correspondem às linhagens CayanaN (roxo), CaynaS (laranja), Bolívia (azul), Chloroptera (verde) e Flava (rosa).

### 3.2.4- Diferenciação e estrutura populacional

O K de população resgatada pelo método de inferência Bayesiana no programa Baps para o DNA mitocondrial, mostrou que a probabilidade posterior mais adequada para explicar a estruturação genética para *S. cayana* foi de 5 agrupamentos (clusters) para análise de mixture (Figura 8.A), o qual é concordante com os filogrupos reconstruídos nas topologias. Quando avaliado agrupamento espacial a probabilidade mais alta foi igual a 3 agrupamentos



(Figura 8.B), no qual existe um grupo do norte em verde que corresponde aos indivíduos da Guiana, Roraima, Amazonas e Amapá e Pará; outro grupo em azul dos indivíduos da Bolívia, e por último um grupo que corresponde aos indivíduos da Ilha do Marajó-PA, Santana do Araguaia-PA localizado no baixo Amazonas até o sudeste do Brasil. Já o K populações para o segmento concatenado foi igual a 3 para o módulo de clusters e espacial, diferenciando em indivíduos do extremo norte da distribuição (grupo cayana), ao sul da Amazônia (grupo flava) e Bolívia (Figura 8.C e 8.D).

Os valores encontrados para diferenciação par a par ( $\Phi_{ST}$ ) utilizando os agrupamentos revelados pela genealogia para o ND2 indicam uma alta diferenciação genética entre as cinco populações (Tabela 2). Os menores valores encontrados foram entre a população CayanaN e CayanaS ( $\Phi_{ST} = 0,63$ ;  $p = 0,0000$ ) e entre Chloroptera e Flava ( $\Phi_{ST} = 0,38$ ,  $p = 0,0000$ ). Já quando verificamos os resultados de  $\Phi_{ST}$  para o segmento nuclear MUSK não encontramos a mesma estruturação para todas as populações, entre as populações CayanaN e CayanaS apresenta pequena diferenciação ( $\Phi_{ST} = 0,38$ ,  $p = 0,0047$ ), Bolívia apresenta valores altos de estruturação com todas as populações, no entanto, Chloroptera apresenta uma moderada estruturação com CayanaN ( $\Phi_{ST} = 0,11$ ,  $p = 0,0003$ ) e CayanaS ( $\Phi_{ST} = 0,15$ ,  $p = 0,0000$ ), e flava uma baixa diferenciação com CayanaN ( $\Phi_{ST} = 0,05$ ,  $p = 0,0028$ ), cayanaS ( $\Phi_{ST} = 0,11$ ,  $p = 0,0010$ ) e Chloroptera ( $\Phi_{ST} = 0,02$ ,  $p = 0,0010$ ).

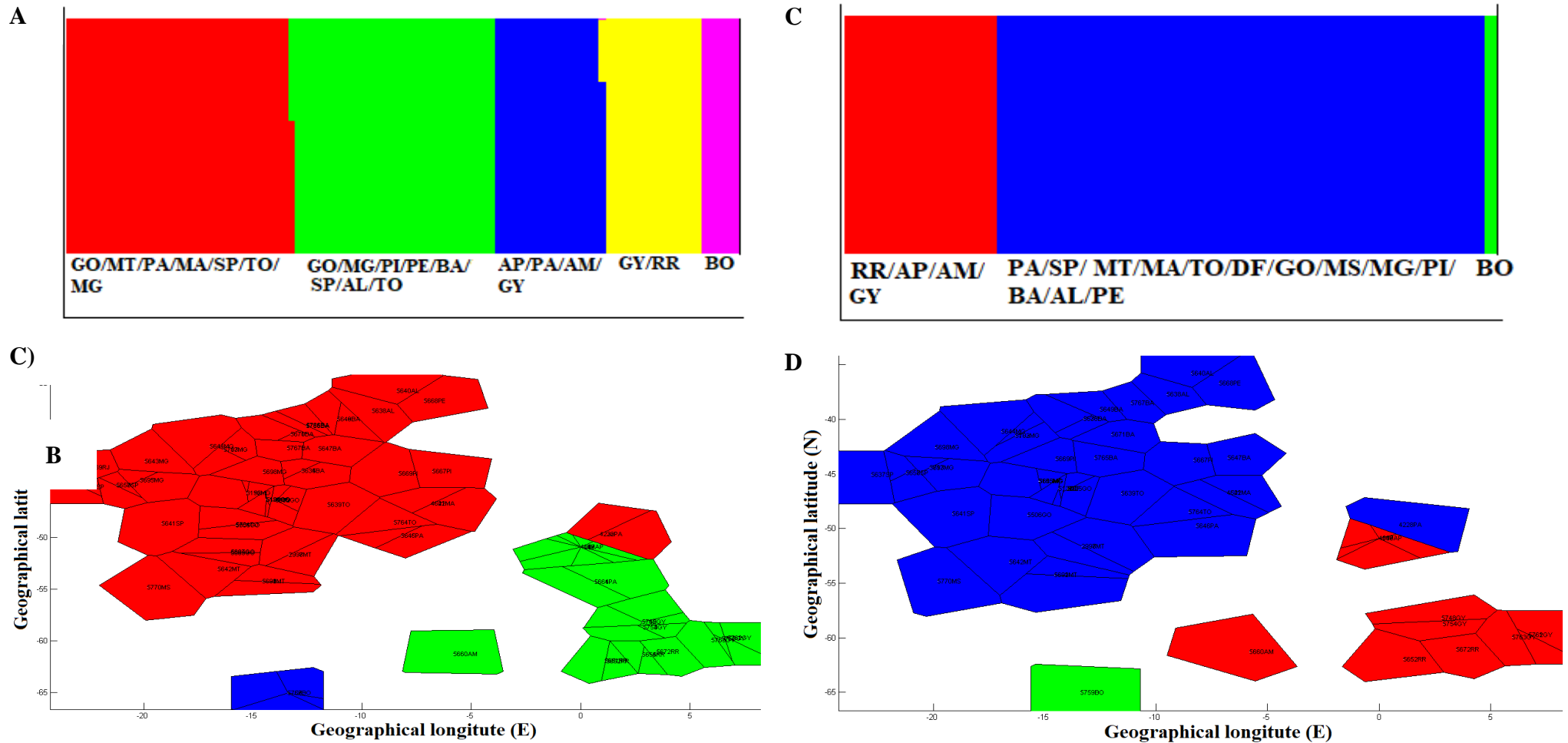
Na Samova, a análise parte da posição geográfica das populações para inferir os agrupamentos genéticos, exigindo um valor de K (número de agrupamentos). O K máximo aceito pelo software foi K = 4 para ambos os segmentos. Contudo, o valor de  $\Phi_{CT}$  não apresentou uma tendência progressiva à medida que aumenta o número de populações, apesar dos valores estarem todos acima de 0,6 a maior probabilidade é K = 3 com valor de de probabilidade de 0,71 (Tabela 2). Já para o segmento nuclear os valores de diferenciação entre as populações são muito baixos, resultante da baixa estruturação da população.

O teste de Mantel foi realizado para o segmento mitocondrial, pois apresentava uma estruturação mais clara que o segmento nuclear, os grupos cayana e flava foram avaliados separadamente devido à descontinuidade da distribuição da própria espécie *S. cayana* que poderia fortemente influenciar o teste. A hipótese nula de ausência na correlação entre a distância geográfica e distância genética não foi rejeitada pelo teste para nenhum dos grupos: cayana ( $r = 0,067$ ,  $p = 0,079$ ); e flava ( $r = -0,013$ ,  $p = 0,697$ ), nem para as populações: CayanaN ( $r = 0,017$ ,  $p = 0,360$ ); CayanaS ( $r = -0,142$ ,  $p = 0,746$ ); Bolívia ( $r = 0,744$ ,  $p = 0,330$ ); Chloroptera ( $r = -0,405$ ,  $p = 0,887$ ); Flava ( $r = 0,001$ ,  $p = 0,479$ ). Dessa forma, a

distância geográfica não é o fator que influencia a diferenciação genética observada entre grupos e populações amostradas.

**Tabela 2.** Índices de fixação resultantes para os diferentes modelos realizados no programa SAMOVA 2.0 para o gene mitocondrial ND2 e o segmento nuclear MUSK.

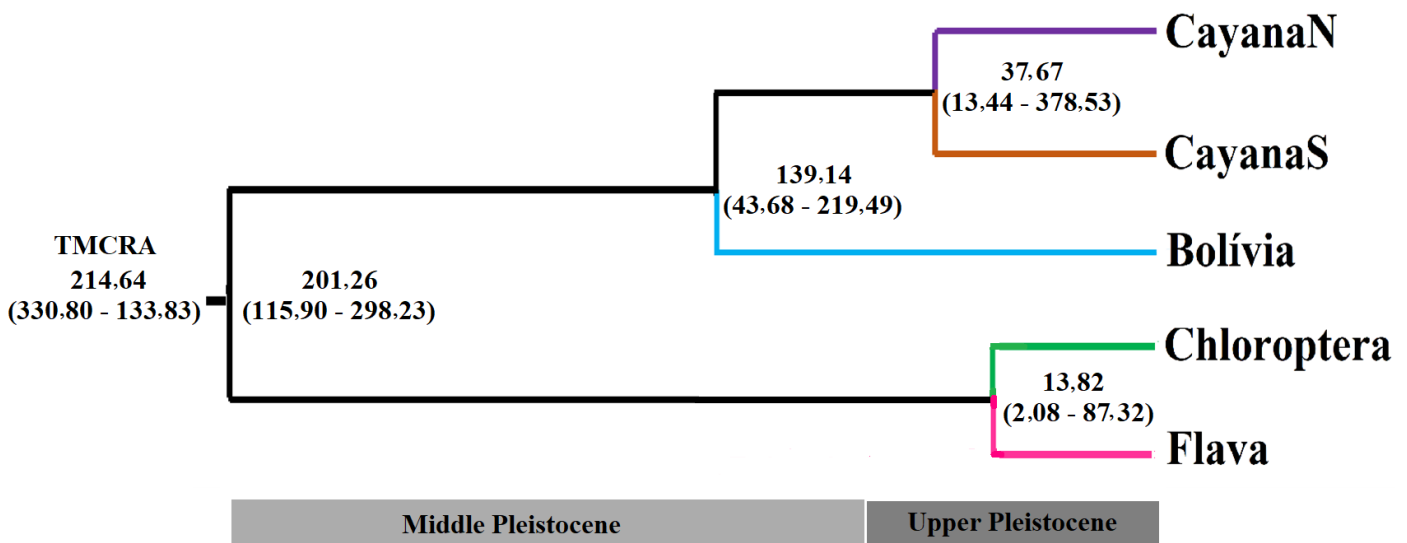
<b>ND2</b>			
<b>K</b>	<b>ΦST</b>	<b>ΦSC</b>	<b>ΦCT</b>
<b>2</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN, CayanaS e Bolívia. <u>Grupo2:</u> Chloroptera e Flava	0,85617 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,59125 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,64813 ( <i>p</i> = 0,01191)
<b>3</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN e CayanaS. <u>Grupo 2:</u> Bolívia. <u>Grupo 3:</u> Chloroptera e Flava	0,85399 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,48012 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,71914 ( <i>p</i> = 0,00000)
<b>4</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN, CayanaS. <u>Grupo 2:</u> Bolívia. <u>Grupo 3:</u> Chloroptera <u>Grupo 4:</u> Flava	0,81629 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,50889 ( <i>p</i> = 0,00868)	0,62592 ( <i>p</i> = 0,00847)
<b>MUSK</b>			
<b>K</b>	<b>ΦST</b>	<b>ΦSC</b>	<b>ΦCT</b>
<b>2</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN, CayanaS, Chloroptera e Flava. <u>Grupo2:</u> Bolívia	0,18238 ( <i>p</i> = 0,01296)	-0,06952 ( <i>p</i> = 0,01595)	0,23553 ( <i>p</i> = 0,01079)
<b>3</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN, CayanaS e Flava. <u>Grupo 2:</u> Bolívia. <u>Grupo 3:</u> Chloroptera	-0,01956 ( <i>p</i> = 0,01296)	-0,1961 ( <i>p</i> = 0,01148)	0,1476 ( <i>p</i> = 0,00939)
<b>4</b> <u>Grupo 1:</u> CayanaN e CayanaS. <u>Grupo 2:</u> Bolívia. <u>Grupo 3:</u> Chloroptera <u>Grupo 4:</u> Flava	-0,03811 ( <i>p</i> = 0,01088)	-0,47894 ( <i>p</i> = 0,00000)	0,29807 ( <i>p</i> = 0,01011)



**Figura 8,** Gráfico resultante da análise do Baps. **A)** corresponde às análises de mixture para o ND2, onde vermelha corresponde aos indivíduos denominados como Chloroptera, a cor verde aos indivíduos denominados de Flava, azul CaynaN, amarelo CayanaS e rosa denominado de Bolívia. **B)** Mapa dos agrupamentos genéticos resultantes da associação dos polígonos de Voronoi à estrutura genética para o ND2, cada polígono representa uma população espacial com cor correspondente a cada uma dos clusters genéticos. **C)** Mixture para os dados concatenados e **D)** Mapa dos agrupamentos genéticos resultantes da associação dos polígonos de Voronoi à estrutura genética para os dados concatenados.

### 3.2.5- Tempo de divergência

O tempo de divergência reconstruído pelo IM para o DNA mitocondrial revelou que todos os eventos de diversificação da espécie *S. cayana* ocorreram durante o Pleistoceno (Figura 9, Tabela 03). Aparentemente as linhagens diversificaram aproximadamente 201 mil anos atrás (variando entre 115 a 298 mil anos atrás) separando o grupo ao sul da Amazônia. O segundo evento de diversificação foi à separação da linhagem da Bolívia e ocorreu aproximadamente 139 mil anos atrás (variando entre 43 e 219 mil anos atrás), em seguida, o terceiro evento de diversificação já no Pleistoceno tardio separou as linhagens CayanaN e CayanaS em 37 mil anos atrás (variando de 13 a 378 mil anos). E o quarto e último evento de diversificação separaram as linhagens Chloroptera e Flava aproximadamente 13 mil anos atrás (variando de 2 a 87 mil anos atrás). O TMRCA foi estimado em aproximadamente 214 mil anos atrás (variando entre 133 a 330 mil anos atrás) indicando que a diversidade vem sendo acumulada desde o Pleistoceno médio.



**Figura 9,** Estimativa de tempo de divergência das populações baseada no mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2). Os valores foram estimados pelo modelo de Isolamento com migração, as cores correspondem às populações definidas pela análise de estrutura genética.

**Tabela 3.** Tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) e número de migrantes ( $M$ ) considerando um parâmetro de migração para cada par de população, para a matriz com 3 populações o valor de  $M$  é tão baixo que não foi possível estimá-los. Os números entre parênteses indicam o limite inferior e superior dos valores de 95% *highest posterior density*.

<b>3 populações</b>		
<b>Populações</b>	<b><math>N_e</math></b>	<b><math>M</math></b>
Cayana	242,60 (91,48 – 565,65)	Não estimado
Bolívia	116,91 (10,34 – 910,85)	Não estimado
Flava	718,18 (396,96 – 1259,09)	Não estimado
<b>Grupo cayana</b>		
<b>Populações</b>	<b><math>N_e</math></b>	<b><math>M</math></b>
CayanaN	178,66 (46,08 – 614,14)	0,002 (0,00013 – 0,023)
CayanaS	53,66 (6,94 – 318,68)	$6,4 \times 10^{-4}$ ( $2,9 \times 10^{-4}$ – 0,0011)
<b>Grupo flava</b>		
<b>Populações</b>	<b><math>N_e</math></b>	<b><math>M</math></b>
Chloroptera	308,08 (106,06 – 732,32)	0,0065 (0 – 0,245)
Flava	439,39 (85,85 – 931,81)	0,0093 (0 – 0,312)

### 3.2.6- História demográfica

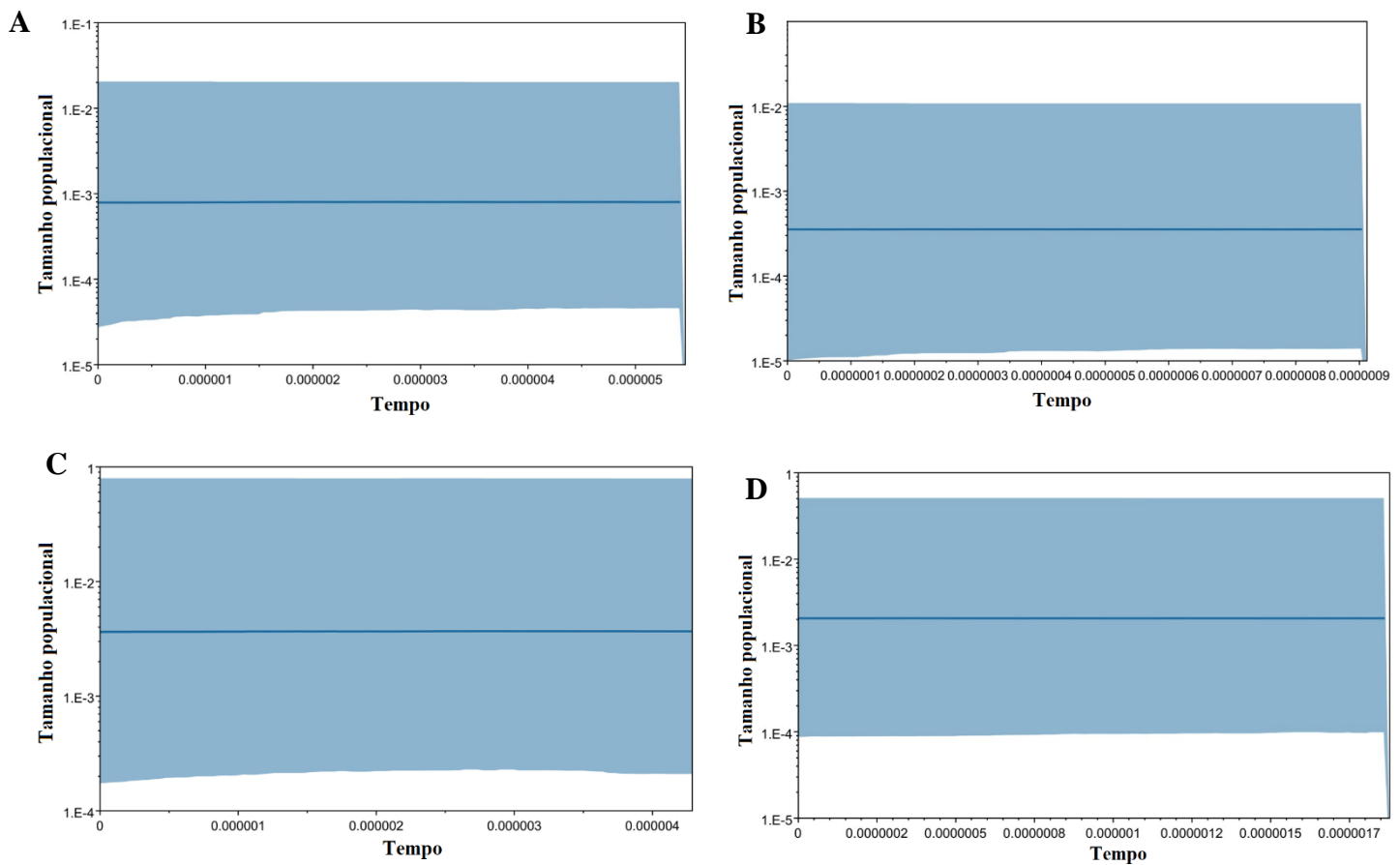
Os testes de neutralidade sugerem que a espécie *Stilpnia cayana* experimentou desvios do equilíbrio neutro (Tabela 4). Para o DNA mitocondrial os índices Tajima'D e Fu's, definidos a partir de todas as populações amostradas não apresentaram suporte estatístico, e o valor baixo do índice R2 indica uma expansão. Quando avaliamos para as populações definidas pelo Baps para o segmento mitocondrial, os valores de Fs negativos aparentemente indicam um aumento populacional para todas as populações analisadas exceto para a Bolívia. Já D de Tajima não apresentou valores significativos, exceto para a população Chloroptera que aparentemente está em expansão. Aparentemente a população da Bolívia experimenta um gargalo populacional por apresentar valores positivos de D e não significativos para Fs, mas essa afirmativa não é conclusiva devido ao baixo número amostral.

Quando analisado com a matriz concatenada com todas as populações, evidenciamos que a espécie aparentemente experimentou uma expansão populacional pelos valores significativos de Fs e R2, que também indicam crescimento, ainda que o valor de D de Tajima não seja significativo (Tabela 4). A população da Bolívia não foi analisada, já que a matriz concatenada possui apenas um indivíduo.

A análise de reconstrução gráfica pelo *bayesian skyline plot* para o segmento ND2 revelou que o tamanho efetivo da população se manteve constante tanto para as populações, (Figura 10) como quando analisamos para todos os indivíduos (Anexo 7.A). Para matriz concatenada observamos um padrão populacional ligeiramente variável, mas pouco expressivo, para todos os indivíduos observa-se que o tamanho populacional se mostrou constante de 0,003 até 0,0005 milhões de anos, após isso houve uma ligeira retração da população (Anexo 7.B), entre os grupos cayana e flava foi observado esse mesmo padrão (Figura 11).

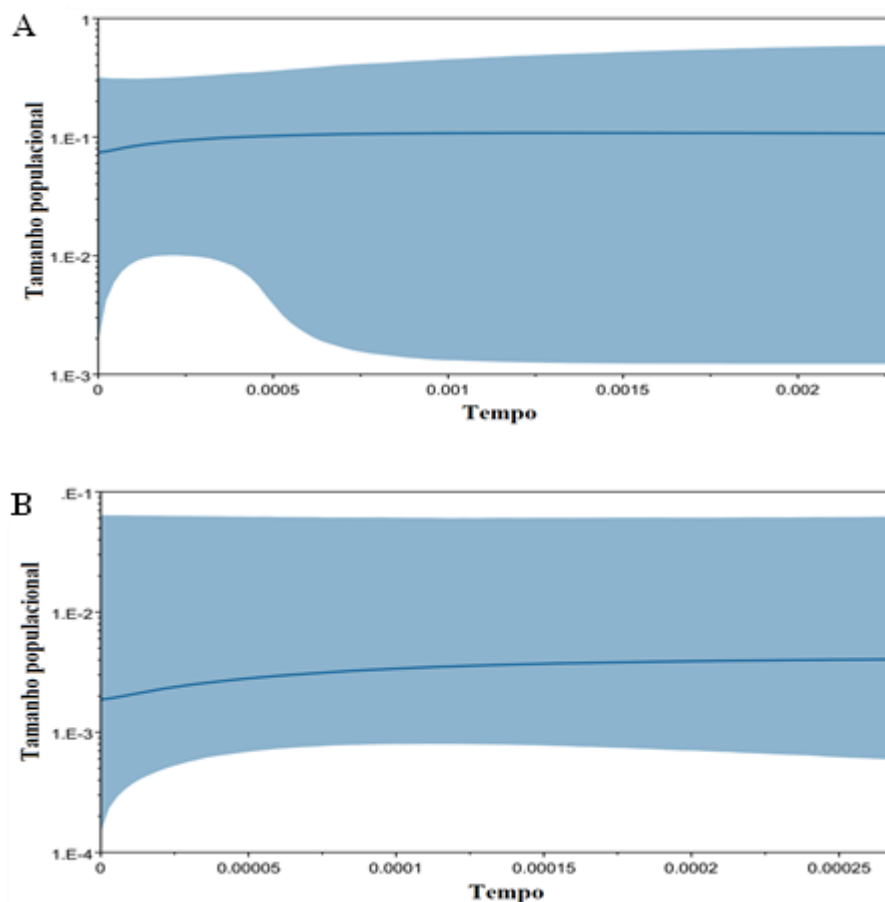
**Tabela 4.** Testes de neutralidade  $D$  de Tajima,  $F_s$  de Fu e  $R_2$  de Ramos Onsins e Rozas (2002), obtidos a partir do conjunto de dados para o DNA mitocondrial (ND2) e para matriz concatenada, considerando todas as localidades amostradas e as populações encontradas pelo Baps. Os valores em negrito são estatisticamente significativos.

<b>ND2</b>				
<b>População</b>	<b>N</b>	<b><math>D</math> de Tajima</b>	<b><math>F_s</math></b>	<b><math>R_2</math></b>
CayanaN	15	-0,35 ( $p = 0,38$ )	<b>-2,48 (<math>p = 0,02</math>)</b>	<b>0,14 (<math>p = 0,00</math>)</b>
CayanaS	13	-0,05 ( $p = 0,49$ )	<b>-6,95 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,92 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Bolívia	5	1,45 ( $p = 0,96$ )	-0,18 ( $p = 0,26$ )	<b>0,22 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Chloroptera	37	<b>-1,55 (<math>p = 0,04</math>)</b>	<b>-15,16 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,11 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Flava	21	-1,36 ( $p = 0,07$ )	<b>-9,61 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,12 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Total	91	-0,00 ( $p = 0,10$ )	-0,08 ( $p = 0,10$ )	<b>0,09 (<math>p = 0,00</math>)</b>
<b>Concatenada</b>				
<b>População</b>	<b>N</b>	<b><math>D</math> de Tajima</b>	<b><math>F_s</math></b>	<b><math>R_2</math></b>
Cayana	16	0,97 ( $p = 0,84$ )	<b>-0,51 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,11 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Bolívia	1	-	-	-
Flava	49	-0,53 ( $p = 0,34$ )	<b>-25,67 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,09 (<math>p = 0,00</math>)</b>
Total	66	0,07 ( $p = 0,55$ )	<b>-23,25 (<math>p = 0,00</math>)</b>	<b>0,08 (<math>p = 0,00</math>)</b>



**Figura 10.** Mudança no tamanho populacional ( $k = 4$ ) em função do tempo em milhões de anos para o segmento mitocondrial ND2: **A)** CayanaN, **B)** CayanaS, **C)** Chloroptera e **D)** Flava. Não foi possível o cálculo para os indivíduos da população da Bolívia, possivelmente por conta do número populacional. A linha indica a tendência do tamanho populacional ao longo do tempo nas diferentes populações de *Stilpnia cayana* identificadas neste estudo. O desvio padrão é representado pelos blocos em azul.





**Figura 11.** Mudança no tamanho populacional ( $k = 2$ ) em função do tempo em milhões de anos para a matriz concatenada: **A)** Cayana e **B)** Flava. Não foi possível o cálculo para os indivíduos da população da Bolívia, possivelmente por conta do número populacional. A linha indica a tendência do tamanho populacional ao longo do tempo para as populações de *Stilpnia cayana*. Os blocos em azul representam o intervalo de confiança.

### 3.2.7- - Influência das mudanças do Quaternário na diversidade genética

A diversidade genética de *S. cayana* não apresentou relação significativa entre a posição geográfica e as áreas estáveis e não estáveis para o segmento mitocondrial (Tabela 5). Para diversidade nucleotídica o valor de  $p = 0,4579$ , e para diversidade haplotípica foi  $p = 0,886$ . Portanto, a predição que a variabilidade da espécie *Stilpnia cayana* baseada no segmento mitocondrial nas áreas de maior estabilidade climática foi rejeitada.

**Tabela 5.** Diversidade genética da espécie *Stilpnia cayana* com base no gene mitocondrial desidrogenase subunidade 2 (ND2) de acordo com as áreas de estabilidade climática previstas pelo modelo de nicho ecológico. N= número de indivíduos,  $\pi$ = diversidade nucleotídica,  $h$ = *haplótipos*,  $Hd$ = diversidade haplotípica.

<b>Estabilidade</b>	<b>N</b>	<b><math>\pi</math></b>	<b>h</b>	<b><math>Hd</math></b>	<b>Localidade</b>
estável	4	0.00114	4	1	Bahia (Correntina, Brotas de Macauba e Ibicoara)
estável	3	0.004714	3	1	Minas Gerais (capelinha e Januária)
estável	3	0.001347	3	1	Goiás (Chapada dos Veadeiros)
estável	3	0.000673	2	0.6667	Mato Grosso (Chapada dos Guimarães)
estável	4	0.002973	4	1	Distrito Federal (Recor)
estável	4	0.000673	2	0.6667	Goiás (Montes claros, Cocalzinho)
estável	6	0.000606	2	0.6	Guiana (Karasabi, South Rupununi, Wiwitau Mountain e Kusad Mountain)
estável	6	0.002613	6	0.8929	Mato Grosso (Presidente Kennedy e Paraná); Maranhão (Carolina); Pará (Santana do Araguaia)
estável	4	0.002299	4	1	Minas Gerais (Itatiaiuçu, Almerara e Cotas Altas)
estável	3	0.000673	2	0.6667	Mato Grosso (Nova Xavantina e Itiqueira)
estável	3	0.003367	3	1	Piauí (Guadalupe e Curimatá); Pernambuco (Barreiras)
estável	3	0.001347	2	0.6667	Minas Gerais (Parque Nacional Grande Sertão Veredas)
estável	5	0.001616	3	0.7	Roráima (Povoado Vista Alegre, Amaraji e Rio Jutari)
estável	5	0.002521	4	0.9	São Paulo (Campos do Jordão, Jundiá e São José do Rio Preto)
não-estável	10	0.001384	7	0.8667	Amapá (Macapá)
não-estável	6	0.001212	3	0.8	Bolívia (Serrania Huanchaca, PNNKM); Mato Grosso do Sul (Corguinho)
não-estável	5	0.003272	6	1	Guiana (West DemertaraDistrict e Paruima); amazonas (Manicoré)
não-estável	5	0.009639	4	0.9	Pará (òbidos e Ilha do Marajó)
não-estável	9	0.001209	6	0.8889	Rio de Janeiro (Petropolis); Bahia (Ilhéus, Iramaia e Elisio Mediado); Alagoas (Pidoabera e Mata do Pinto)

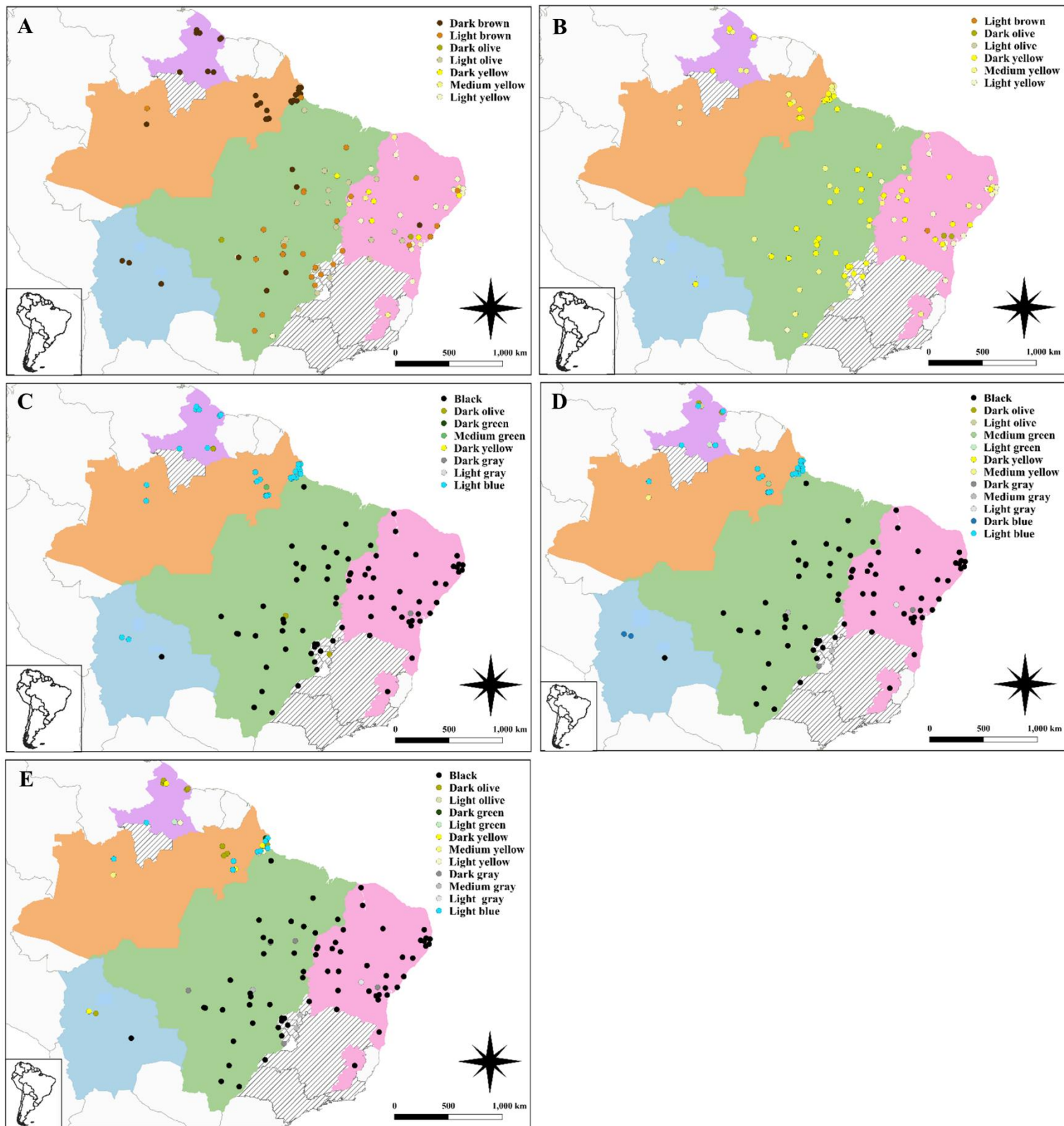
### 3.3- Morfologia

#### 3.3.1. Plumagem

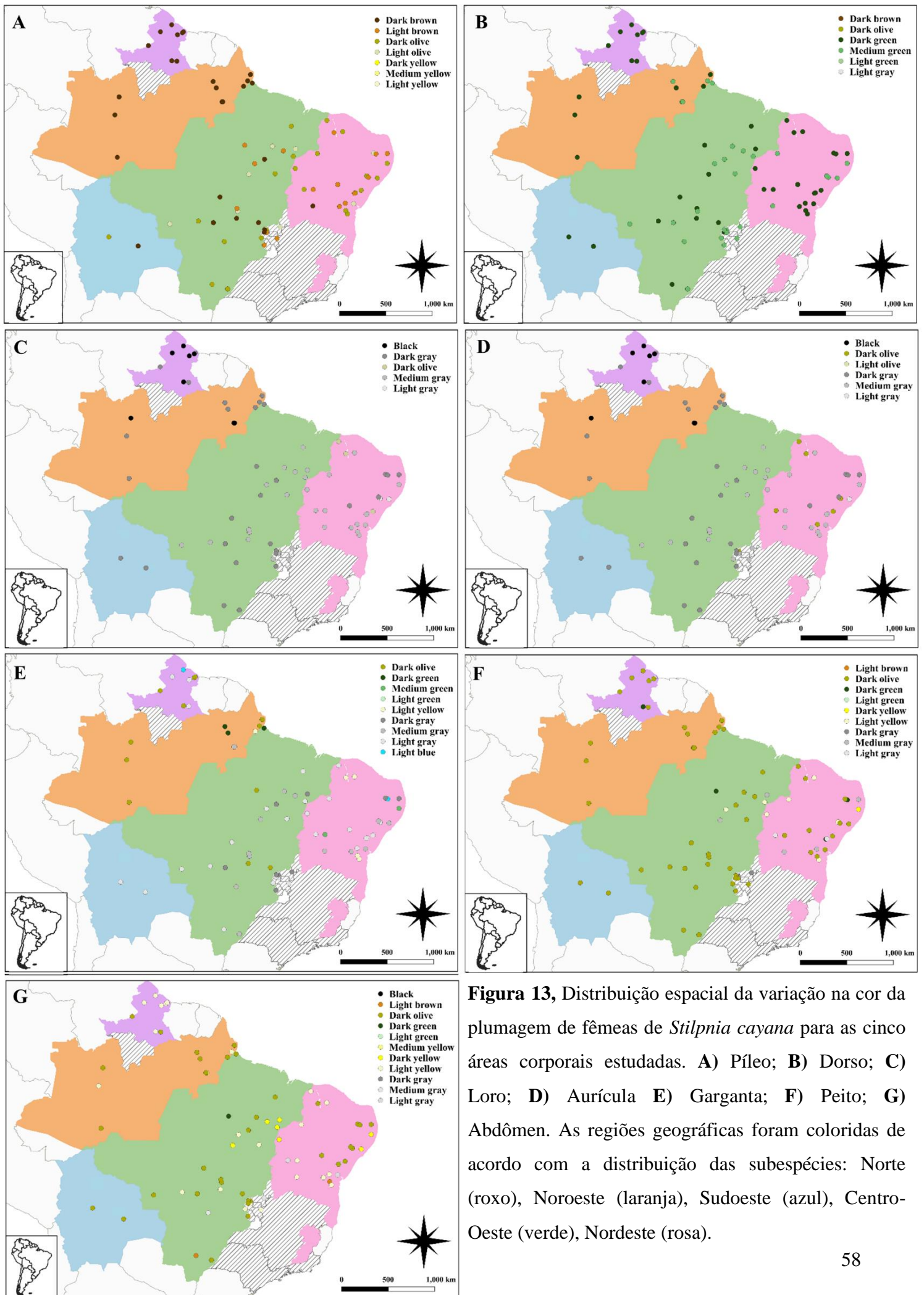
Da disposição espacial da variação da plumagem para a espécie *Stilpnia cayana* nós não identificamos nenhum estado de caráter diagnóstico de nenhuma das linhagens mitocondriais verificadas por este estudo, tanto para machos como para fêmeas, como pode ser observado nas figuras 12 e 13. No entanto, quando observamos as populações ao norte e ao sul da Amazônia, é possível identificar diferenças pronunciadas.

Os machos das populações norte e noroeste apresentam garganta e peito predominantemente azul, enquanto as populações do centro-oeste e nordeste apresentam peito preto (Figura 12.C e 12.D). Já a população do sudoeste, que corresponde à Bolívia apresenta características intermediárias entre as populações do norte e sul da Amazônia, com os indivíduos do oeste com garganta e peito azul, e do leste com o padrão preto. Predomina-se o dorso amarelo, que juntamente com a máscara preta é a característica que define os machos (Figura 12.B). O píleo também apresenta uma maior predominância pelo marrom escuro entre as populações do norte, nordeste e sudoeste, e as populações do centro-oeste e nordeste as cores predominantes vão do marrom claro, oliva até o amarelo com poucos pontos de marrom escuro (Figura 12.A), esse padrão também é encontrado para as fêmeas (Figura 13.A).

As fêmeas apesar de apresentarem muitas cores em sua plumagem, estas se distribuem mais homogeneamente pelo espaço como identificado para dorso predominantemente verde (Figura 13.B). A garganta, peito e abdômen (Figura 13.E 13.F e 13.G, respectivamente) apresenta uma variação de cores grandes, mas sem padrão específico de distribuição. Para o louro e aurícula das fêmeas (Figura 13.C e 13.D) a cor predominante é o cinza e oliva para toda a distribuição, exceto a população do norte que apresenta predominantemente o mesmo padrão de máscara preta encontrado para todos os machos.



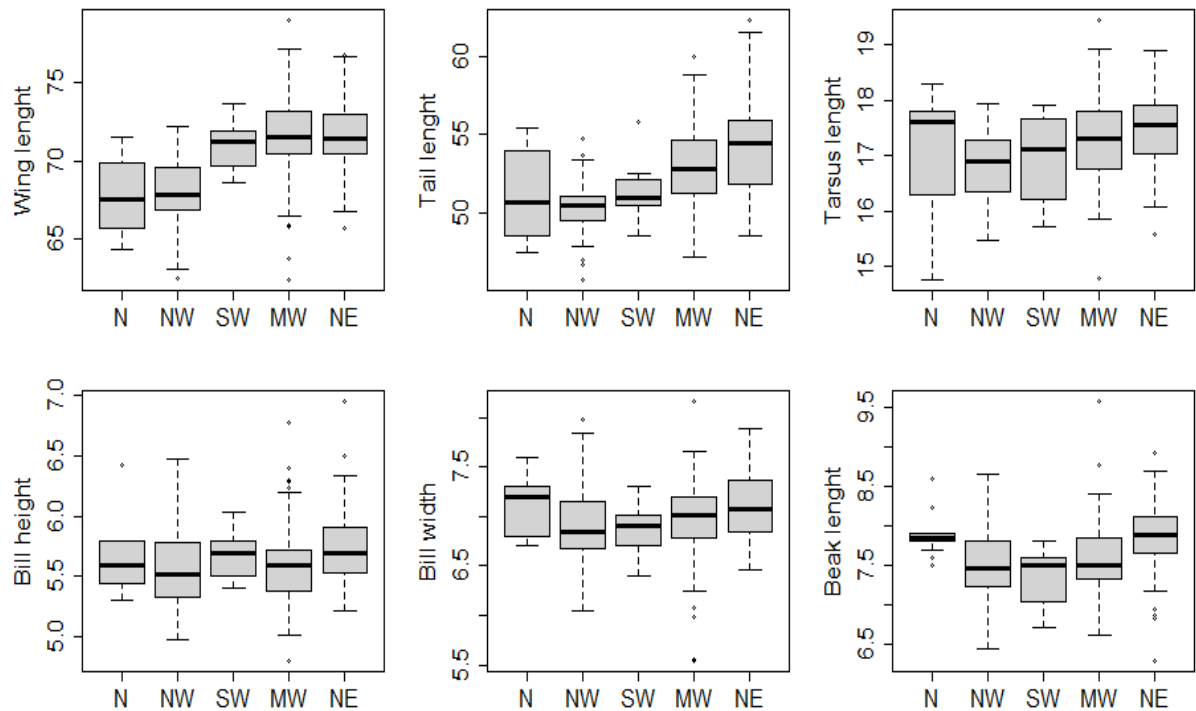
**Figura 12,** Distribuição espacial da variação na cor da plumagem de machos de *Stilpnia cayana* para as cinco áreas estudadas. **A)** Píleo; **B)** Dorso; **C)** Garganta; **D)** Peito; **E)** Abdômen. As regiões geográficas foram coloridas de acordo com a distribuição das subespécies: Norte (roxo), Noroeste (laranja), Sudoeste (azul), Centro-Oeste (verde), Nordeste (rosa).



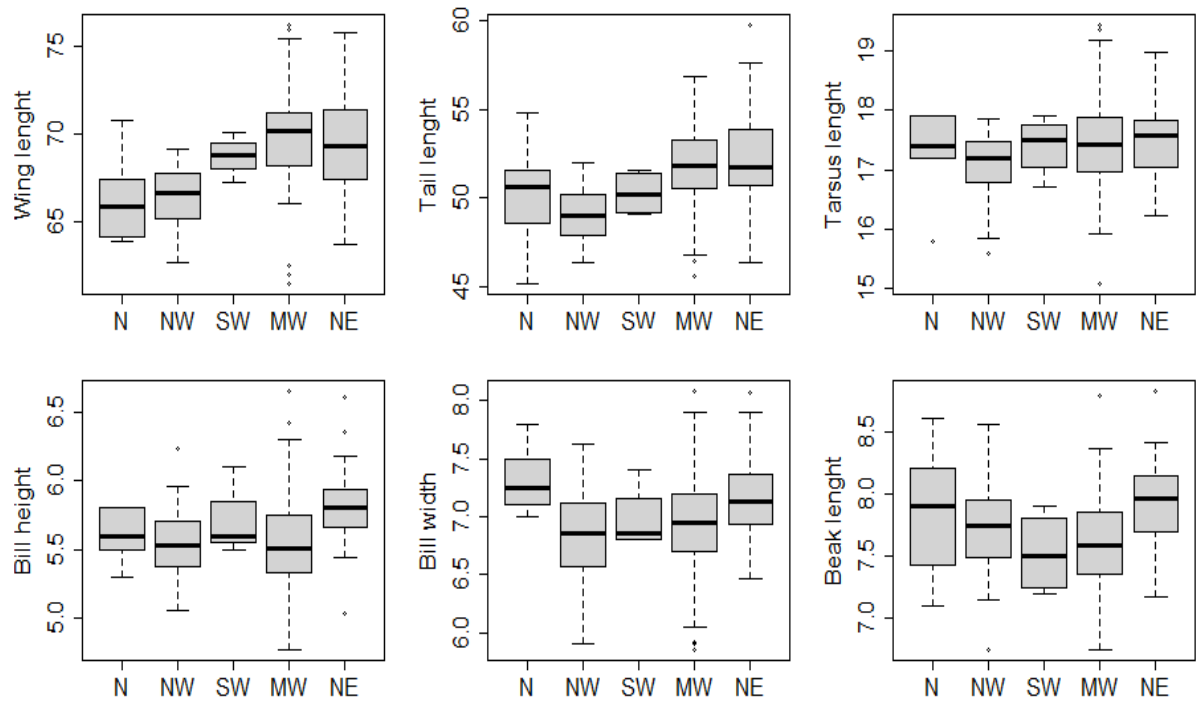
**Figura 13,** Distribuição espacial da variação na cor da plumagem de fêmeas de *Stelpnia cayana* para as cinco áreas corporais estudadas. **A)** Pêlo; **B)** Dorso; **C)** Loro; **D)** Aurícula **E)** Garganta; **F)** Peito; **G)** Abdômen. As regiões geográficas foram coloridas de acordo com a distribuição das subespécies: Norte (roxo), Noroeste (laranja), Sudoeste (azul), Centro-Oeste (verde), Nordeste (rosa).

### 3.3.2. Morfometria

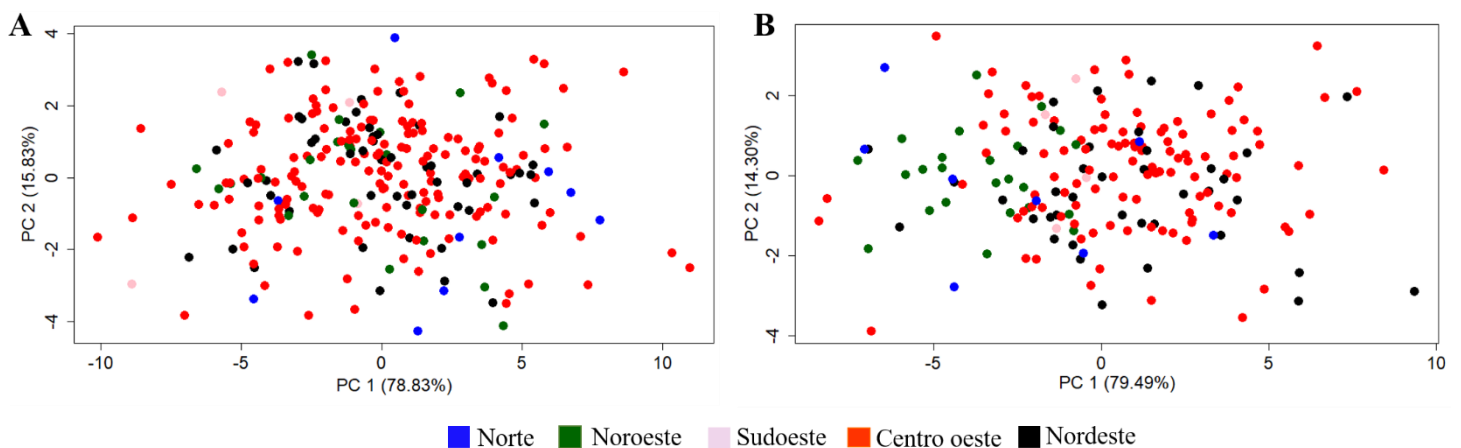
As análises descritivas inferem que os valores de máximo e mínimo dos boxplot em geral são similares entre os grupos plotados tanto para machos como para fêmeas (Figura 14 e 15), o valor da mediana mostra que os grupos apresentam diferenças entre si. Nas comparações os machos apresentam uma grande variação entre as medidas, exceto para altura do bico (Figura 14), já para as fêmeas o tarso e a altura do bico não apresentam uma diferença expressiva (Figura 15). Contudo, mesmo apresentando um sinal de diferença entre as linhagens, a análise multidimensional de componentes principais (Figura 16) não demonstrou nenhuma formação de grupos para ambos os sexos.



**Figure 14**, Boxplot mostrando as variações morfométricas dos machos entre as linhagens mitocondriais de *Stelpnia cayana* para as seis características estudadas. Os valores do eixo y foram mostrados em milímetros. N - Norte (n = 11); NW - Noroeste (n = 47); SW - Sudoeste (n = 07); MW - Centro-Oeste (n = 136); NE - Nordeste (n = 58).



**Figure 15**, Boxplots mostrando as variações morfométricas das fêmeas entre as linhagens mitocondriais de *Stelpnia cayana* para as seis características estudadas. Os valores do eixo y foram mostrados em milímetros. N - Norte (n = 08); NW - Noroeste (n = 24); SW - Sudoeste (n = 04); MW - Centro-Oeste (n = 111); NE - Nordeste (n = 40).



**Figura 16**, Análise de componentes principais baseada em seis características morfométricas (asa, cauda, tarso, altura do bico, largura do bico e comprimento do bico) para *S. cayana*. A) machos e B) fêmeas. Os pontos coloridos correspondem às linhagens mitocondriais.

Dos resultados estatísticos (Tabela 6) das linhagens para cada componente principal, foi possível identificar dois grupos para ambos os sexos. Para o componente principal 1 (cauda e asa, M; asa e cauda, F), ambos os sexos apresentam diferenças significativas, os machos apresentam a linhagem do nordeste separada de todas as outras, enquanto as fêmeas do nordeste e sudoeste seriam linhagens intermediárias entre o centro-oeste e norte/noroeste. O componente 2 (altura e largura do bico, M; altura e comprimento do bico, F) os machos não apresentam diferenças e as fêmeas as linhagens norte e sudoeste apresentam tamanho intermediário entre os grupos do nordeste e centro-oeste/noroeste. Já o componente 3 (comprimento do bico e cauda, M; comprimento e altura do bico, F) a diferença é observada apenas para os machos as linhagens norte e nordeste formam um grupo, enquanto noroeste, sudoeste e centro-oeste formam o segundo grupo morfométricos.

**Tabela 6.** Análise de agrupamento (*clusters*) entre as comparações morfométricas das linhagens mitocondriais de *Stilpnia cayana*. Os grupos foram definidos pelo teste de Tukey ou Dunns separadamente para machos (M) e fêmeas (F), com nível de significância de  $p < 0,05$ .

Linhagens	PC1		PC2		PC3	
	M	F	M	F	M	F
Norte- N	<b>b</b>	<b>b</b>	a	<b>ab</b>	a	a
Noroeste - NW	<b>b</b>	<b>b</b>	a	<b>b</b>	<b>b</b>	a
Sudoeste - SW	<b>b</b>	<b>ab</b>	a	<b>ab</b>	<b>b</b>	a
Centro-oeste - MW	<b>b</b>	a	a	<b>b</b>	<b>b</b>	a
Nordeste- NE	a	<b>ab</b>	a	a	a	a

#### 4- Discussão

A proposta deste trabalho é compreender a história evolutiva da espécie *Stilpnia cayana*, a possível influência das mudanças climáticas do Quaternário na sua distribuição, assim como a dinâmica populacional e sua relação com as Florestas Tropicais Sazonalmente Secas (SDTFs), já que a distribuição atual para espécie é circum-amazônica e intrinsecamente relacionada com as áreas abertas da América do Sul (Savit & Bates, 2015). Nossos resultados



sugerem que o nicho climático da espécie experimentou mudanças na distribuição espacial durante o Quaternário, porém essas mesmas mudanças climáticas não foram suficientes para promover variações na diversidade genética da espécie, que sustenta uma forte estruturação populacional com expansão recente, evidenciada também pelo compartilhamento de haplótipos majoritariamente de menor frequência. Por fim, propomos cenários demográficos a serem testados e discutimos o status taxonômico da espécie.

#### **4.1- Distribuição da variabilidade genética e estrutura populacional**

Os valores de diversidade genética foram altos para o segmento mitocondrial e moderado para o segmento nuclear. Nas reconstruções filogenéticas e na rede de haplótipos nós encontramos cinco haplogrupos (CayanaN, CayanaS, Bolívia, Chloroptera e Flava). Já para a matriz concatenada a hipótese filogenética apontou duas linhagens (Cayana e Flava), mesmo que rede de haplótipos não sugira nenhum haplogrupo para o DNA nuclear.

Das análises de estrutura foi resgatado cinco populações com alta estrutura para o DNA mitocondrial e três populações para o segmento concatenado. Essa diferença pode ser explicada pela taxa mutação entre os marcadores mitocondrial e nuclear que pode afetar a resolução das relações observadas entre as populações (Zink *et al.*, 2003), principalmente quando espécie tem divergência recente com diferenças entre o tempo de coalescência entre os dois marcadores, já que o tempo de coalescência entre os marcadores mitocondriais são menores (Zink & Barrowclough, 2008).

Quando adicionamos dados do espaço geográfico utilizando o Samova encontramos valores de probabilidade maiores para o DNA mitocondrial inferindo que a espécie *S. cayana* apresenta três grupos, um ao norte (cayana), outro ao sul (flava); e um grupo isolado pela Bolívia, o mesmo padrão foi encontrado por Savith & Bates (2015). A estimativa de tempo resgatada pelo IMA2 foi concordante com a filogenia do Thraupidae de Burns e colaboradores (2014), que estabelece que a espécie *S. cayana* é recente e divergiu a menos um milhão de anos atrás. O TMRCA resgatado neste trabalho para o DNA mitocondrial demonstra que a espécie tem sua divergência a pelo menos 214 mil anos atrás, que de acordo com a tabela cronoestratigráfica disponibilizada pela *International Commission on Stratigraphy* (ICS 2016) compreende o Pleistoceno médio. O que é concordante com a literatura que indica que a grande parte da diversificação da avifauna da América do Sul está associada ao Quaternário (Myaki, 2009; Turchetto-Zollet *et al.* 2013).

Em trabalhos recentes com espécies circum-amazônicas suportam esse cenário de divergência recente com dois grupos (norte e sul) (Bolívar-Leguizamón *et al.*, 2020; Els *et al.*, 2020), com divergência geralmente centrado no final do Pleistoceno, mas que variam, o que indica que não há um único evento vicariante responsável pela diversificação (Els *et al.*, 2020).

Essa diferenciação genética das populações amostradas não parece estar relacionada com a hipótese de isolamento por distância, que pode ser detectado em espécies com divergência mais antiga, e pode ser ausente em populações com divergência recente (Castric & Bernatchez, 2003), já que para haver um isolamento por distância é necessário um equilíbrio entre a deriva genética e o fluxo gênico, com uma janela de tempo para ocorrer (Crispo & Hendry, 2005). Levando em consideração que os testes de neutralidade indicam uma expansão recente da *S. cayana*, possivelmente esse equilíbrio entre deriva genética e fluxo gênico ainda não tenha sido alcançado, o que justificaria a rejeição da hipótese de isolamento por distância.

#### **4.2- Flutuações climáticas do Quaternário e a filogeografia da *Stilpnia cayana***

Ainda que mecanismos evolucionários e biogeográficos sejam propostos para explicar a diversidade Neotropical, é muito escasso nosso entendimento sobre esses padrões (Antonelli *et al.*, 2018.), principalmente quando se trata de espécimes relacionados com distribuição circum-amazônica (Remsen *et al.*, 1991; Bates, 1997; Lovette, 2004, Bolívar-Leguizamón *et al.*, 2020).

A influência das mudanças climáticas do Pleistoceno tem sido inferida em vários trabalhos para diferentes táxons (Haffer, 1969; Bigarella *et al.* 1975; Silva 1995; Burnham & Granham, 1999; Silva & Bates, 2002; Mayle & Beerling, 2004; Carnaval & Moritz, 2008; Werneck *et al.*, 2012; Lima *et al.*, 2019; Rocha *et al.*, 2020). Com relação a *S. cayana* os nossos resultados da modelagem demonstram uma brusca redução da área de adequabilidade da espécie para o LGM, já que este período foi marcado por oscilações climáticas com uma tendência ao resfriamento da temperatura, caracterizada por ciclos glaciais menores (Van Andel, 1985). Já o Holoceno foi marcado pela expansão das áreas de adequabilidade até a distribuição atual da espécie, com indícios de expansão recente apontado pelos testes de neutralidade.

Em contrapartida, apesar de *S. cayana* ser uma espécie intrinsecamente associada às formações de áreas abertas, nossos resultados não suportam a predição que entre os períodos secos e frios as áreas abertas expandiram sua distribuição e nos períodos mais quentes e úmidos elas possivelmente retraíram (Bigarella *et al.*, 1975; Haffer & Prance, 1999; Mayle & Beerling, 2004). Nossos resultados corroboram o padrão tido como das espécies de áreas florestais da América do sul (Turchetto-Zolletet *et al.*, 2013), mas que também já foi descrito em trabalhos de modelagem potencial do Cerrado (Werneck *et al.*, 2012) e de espécies arbóreas típicas do Cerrado (Bueno *et al.*, 2017) com expansão no LIG e retração no LGM.

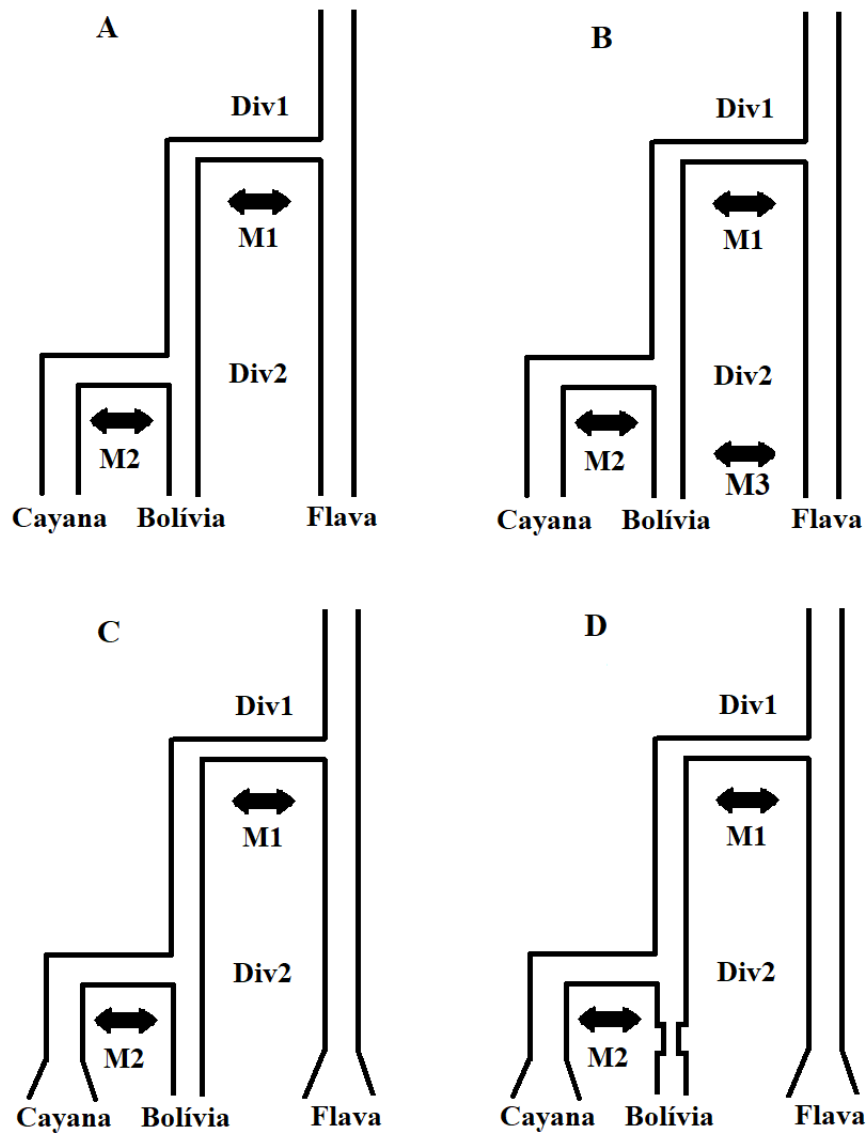
Dessa forma, o padrão de distribuição circum-amazônico de *S. cayana* estaria associado a evento vicariante ou dispersão? Aparentemente a espécie experimenta ambos, visto que a premissa de alta estruturação, linhagens monofiléticas seriam indícios que corroboram a hipótese do Arco Pleistocênico, com apenas dois dos núcleos de SDTFs (Pennington *et al.*, 2000), com a população Flava pelo núcleo da Caatinga (nordeste do Brasil); e a população da Bolívia pelo núcleo Chiquitano. Por mais que a modelagem de nicho demonstra uma retração das áreas adequadas durante o LGM, os testes de neutralidade e o bayesian skyline plot não indicam que a espécie sofreu nenhum tipo de retração, pelo contrário os valores de  $F_s$  e  $R_2$  indicam que a espécie experimenta expansão, o que também é corroborado pelo compartilhamento de haplótipos entre as populações CayanaN/CayanaS e Chloroptera/Flava indicativo de fluxo gênico.

Assim, as mudanças climáticas do Quaternário podem sim ter favorecido a formação de barreiras geográficas (Davies & Gittleman, 2009), que influenciaram a separação dos grupos do norte e sul da Amazônia. No entanto, dentro desses grupos elas podem não ter sido suficientes para impedir a dispersão recente da espécie, na qual não apresenta isolamento por distância. O que sugere o quanto o cenário para as espécies circum-amazônica é complexo, não seguindo apenas um padrão específico (Els *et al.*, 2020)

A hipótese testada de maior diversidade genética associada a áreas de estabilidade climática (Hewitt, 2004; Carnaval *et al.*, 2009) postulada primeiramente para as espécies florestais foi rejeitada. Similarmente outros autores que também trabalharam com espécies associadas às áreas abertas (Werneck *et al.*, 2012; Santos *et al.*, 2014; Lima *et al.*, 2019; Rocha *et al.*, 2020) não encontraram essa relação entre áreas de estabilidade climática e variabilidade genética, sendo que para *Neothraupis fasciata* a variabilidade é similar, independentemente da estabilidade (Lima *et al.*, 2019), enquanto que para a espécie de lagarto *Phyllopezus pollicaris* a maior variabilidade foi encontrada para áreas não-estáveis

(Werneck *et al.*, 2012). O que reforça que as espécies de áreas abertas da América do Sul respondem diferentemente às oscilações do Quaternário, o que pode ser indício de uma maior tolerância e capacidade adaptativa em relação a essas mudanças ambientais, principalmente quando as espécies são amplamente distribuídas, apresentando capacidade de dispersão como a *S. cayana*.

Nós propomos quatro cenários demográficos capazes de explicar a diversificação da espécie *S. cayana* entre os grupos cayana, flava e os indivíduos da Bolívia para os quais nós não conseguimos estimar todos os parâmetros e que podem ser testados em trabalhos futuros utilizando marcadores mais robustos e bialélicos (Figura 16): Cenário 1= possível evento de migração e divergência de tempo para os 3 clusters; Cenário 2= possível evento de migração e divergência de tempo para os 3 clusters, com contato secundário entre Bolívia e Flava; Cenário 3= Migração e divergência com expansão recente de flava e cayana; Cenário 4= Migração e divergência com evento de bottleneck para o cluster da Bolívia.



**Figura 16.** Representação esquemática dos cenários demográficos que melhor explicam a diversificação da espécie *Stelpnia cayana*.

### 4.3- Taxonomia

A morfometria não apresentou um padrão único para os diferentes componentes, apesar de distribuir em dois grupos, os limites geográficos morfométricos não são bem definidos. Já para a cor da plumagem identificamos dois grupos, a cor da garganta dos machos como caráter diagnóstico (com o grupo cayana possuindo garganta azul e o grupo flava garganta preta).

Esse padrão de plumagem relacionado ao grupo cayana e flava pode ser o resultado de recorrente fragmentação e isolamento, como consequência a restrição ao fluxo gênico com grandes efeitos nas diferenças fenotípicas (Lande, 1980). A população da Bolívia é geneticamente do grupo cayana, contudo, pela região de Reyes e El Consuelo, próximo ao Rio Beni o padrão da garganta azul; e pela região de Serrania Huanchaca, Departamento Santa Cruz o padrão preto (Duarte *et al.*, 2020, Apêndice).

Mesmo que não tenhamos dados genéticos para os indivíduos da região do Rio Beni, o padrão de plumagem possivelmente está mais associado a uma preferência das fêmeas de machos de peito preto, por meio da seleção sexual (Darwin, 1871). Embora a população da Bolívia seja mais relacionada filogeneticamente com as populações do norte do Amazonas, ela se apresenta como uma população isolada, dessa forma, essa característica da garganta dos machos poderia ser uma retenção de polimorfismo ancestral. Em contrapartida, as linhagens amostradas neste trabalho são hipóteses baseadas em marcadores de origem materna, não sendo muito clara o clado em que a Bolívia está mais relacionada para o marcador nuclear, o que pode não refletir a história evolutiva da espécie e sim a do gene (Rubinoff & Holland, 2005), já que na reconstrução filogenética para matriz concatenada não encontramos suporte estatístico para inferir dentro dos grupos, sendo interessante à utilização de marcadores mais robustos de origem biparental.

Mesmo que não tenhamos encontrado um caráter diagnóstico para cada população da espécie *S. cayana*, e que a posição da Bolívia necessite de mais estudos, nossos resultados morfológicos asseguram a existência de dois grupos distintos corroborado pelos dados genéticos, que podem ser considerados como espécies irmãs com divergência recente.

## **5- Conclusão**

Nossos resultados demonstram que *S. cayana* é uma espécie que apresenta para o DNA mitocondrial, expansão recente e estrutura populacional alta, com cinco linhagens genéticas. Dentre as linhagens amostradas é encontrado dois grupos, um ao norte (cayana) da distribuição que apresenta duas linhagens que compartilham haplótipos recentes; e outro grupo ao sul da distribuição (flava) que também apresenta duas linhagens que compartilham tanto haplótipos ancestrais como recentes, além de um grupo intermediário representado pelos indivíduos da Bolívia que apresenta relação filogenética com o grupo cayana e padrão de coloração de plumagem similar ao grupo flava. Apesar de ter uma ampla distribuição

geográfica não encontraram suporte para sustentar a hipótese de isolamento por distância e das hipóteses biogeográficas descritas na literatura para SDTFs nós não corroboramos nenhuma, sendo que a espécie provavelmente experimentou eventos de vicariância e de dispersão. Não encontramos suporte estatístico que corrobore essa hipótese de maior diversidade genética em áreas climaticamente estáveis. Por fim, geneticamente estão distribuídos espacialmente três grupos que não trocam haplótipos entre si, enquanto a plumagem dos machos divide em dois grupos, mesmo que a população da Bolívia necessite de mais estudos, nossos resultados suportam que a espécie se trata na verdade de duas espécies irmãs: *Stilpnia cayana* e *Stilpnia flava*.

## Referências

AB’SÁBER, A. N. Domínios morfoclimáticos e províncias fitogeográficas no Brasil. *Orientação*, São Paulo, n. 3, p. 45-48, 1967. [Republicado em *Grandes paisagens brasileiras*. São Paulo: Eca, 1970; e como parte do artigo “Províncias geológicas e domínios morfoclimáticos no Brasil”. *Geomorfologia*, São Paulo, n. 20, p. 1-26, 1970]. 1967.

Adite, A.; Winemiller, K.O. Trophic ecology and ecomorphology of fish assemblages in coastal lakes of Benin, West Africa. *Ecoscience*. 4(1). 6-23. 1997.

Aleixo, A. Historical diversification of a Terra-firme Forest bird superspecies: a phylogeographic perspective on the role of different hypothesis of Amazonian diversification. *Evolution*. 58: 1303-1317. 2004.

Allouche, O.; Tsoar, A.; Kadmon, R. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). *Journal o Applied Ecology*. doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01214.x. 2006.

Austin, M. Species distribution models and ecological theory: A critical assessment and some possible new approaches. *Ecol Model*. 200. 1-19. 2007.

Anderson, R.; Peterson, A.S.; Gómez-Laverde, M. Using niche-based GIS modeling to test geographic predictions of competitive exclusion and competitive release in South American pocket mice. *Oikos* 98. 3–16. 2002.

Antonelli, A.; Zizka, A.; Carvalho, F.A.; Scharn, R.; Bacon, C.D.; Silvestro, D.; Condamine, F.L. Amazonia is the primary source of Neotropical biodiversity. *PNAS*. 115 (23) 6034-6039. doi.org/10.1073/pnas.1713819115. 2018.

Antonelli, A.; Ariza, M.; Albert, J.; Andermann, T.; Azevedo, J.; Bacon, C.; Faurby, S.; Guedes, T.; Hoorn, C.; Lohmann, L. G.; Matos-Maraví, P.; Ritter, C. D.; Samartín, I.; Silvestro, D.; Tejedor, M.; Steege, H.; Tuomisto, H.; Werneck, F. P.; Zizka, A.; Edwards, S. V. **Conceptual and empirical advances in Neotropical biodiversity research**. DOI 10.7717/peerj.5644. 2017.

Arbogast, B.; Drovetski, S. V.; Curry, R. L.; Boag, P. T.; Seutin, G.; Grant, P. R.; Grant, B. R.; Anderson, D. J. The origin and diversification of Galapagos mockingbirds. *Evolution*. 60: 370-382. 2006.

Avise, J.C.; Arnold, J.; Ball, R.M.; Bermingham, E.; Lamb, S.; Neigel, J. E.; Reeb, C. A.; Saunders, N. C. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge

between population genetics and systematic. **Annual Review of Ecology and Systematics**. 18. 489–522. 1987.

Avice, J.C. *Phylogeography: the history and formation of species*. Cambridge, Massachusetts, **Harvard University Press**. 2000.

Avice, J. C. Phylogeography: retrospect and prospect. **Journal of Biogeography**. doi.org/10.1111/j.1365-2699.2008.02032.x. 36. Issue 1 p. 3-15. 2008.

Aydin, Z.; Marcussen, S.; Ertekin, A.S.; Oxelman, B. Marginal likelihood estimate comparisons to obtain optimal species delimitations in *Silene secS*. *Cryptoneuræ* (Caryophyllaceae). **PlosOne**. 9. 1 – 9. 2014.

Baldwin, S. P.; Oberholser, H. C.; Worley, L. G. Measurements of birds. **Scientific Publications of the Cleveland Museum of Natural History**. 2: 1–165. 1931.

Bandelt, H.J.; Forster, P.; Röhl, A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**. 16. 1. 37-48. 1999.

Barreto-Lima, A. F. B. Distribuição, nicho potencial e ecologia morfológica do gênero *Enyalius* (Squamata, Leiosauridae): testes de hipóteses para lagartos de florestas continentais brasileiras. **Tese de Doutorado**. Instituto de Biociências da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. 2012.

Bates, J.M. Distribution and geographic variation in three South American grassquits (Emberizinae, *Tiaris*). **Ornithol. Monogr**. 48, 91–110. 1997.

Begon, M.; Townsend, C.R.; Harper, J.L. *Ecologia: De Indivíduos a Ecosistemas*. Quarta edição. Porto Alegre. **Artmed**. 2007.

Bermingham, E.; C. Moritz. Comparative phylogeography: applications. **Mol. Ecol**. 7:367-369. 1998.

Bigarella, J.J.; Andrade, D.; Riehs, P.J. Considerações a respeito das mudanças paleoambientais na distribuição de algumas espécies vegetais e animais no Brasil. **Simpósio Internacional sobre o Quaternário**. 47: 411–464. 1975.

Blackburn, S. M.; Gaston, K. J.; Loder, N. Geographic gradients in body size: a clarification of Bergmann's rule. **Divers. Distrib**. 5: 165-174. 1999.

Blamires, D.; Diniz-Filho, J.A.F.; Sant'Ana, C.E.R.; Valgas, A.B. Relações entre abundância e tamanho do corpo em uma comunidade de aves no Brasil Central. **Revista Brasileira de Ornitologia**. São Paulo. 10.1. 1-14, 2002.

Bolívar-Leguizamón, S. D.; Silveira, L. F.; Derryberry, E. P.; Brunfield, R. T.; Bravo, G. A. Phylogeography of the Variable Antshrike (*Thamnophilus caerulescens*), a South American passerine distributed along multiple environmental gradients. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106810. 2020.

Bueno, M. L.; Pennington, T. R.; Dexter, K. G.; Kamino, L. H. Y.; Pontara, V.; Neves, D. M.; Ratter, J. A.; Oliveira-Filho, A. T. Effects of Quaternary climatic fluctuations on the distribution of Neotropical savanna tree species. **Ecography**. doi: 10.1111/ecog.01860. 40: 403–414. 2017.

Brown, K.S. Ab'Saber, A. Ice-age refuges and evolution in the Neotropics: correlation of paleoclimatical, geomorphological and pedological data with modern biological endemism. **Paleoclimas**. 5. 1–30. 1979.

Brown, H.J.; Lomolino, M.V. *Biogeografia*. **Funpec**. Segunda edição. Ribeirão Preto. São Paulo. 2006.

Burns, K.J.; Naoki, K. Molecular phylogenetics and biogeography of Neotropical tanagers in the genus *Stelpnia*. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. 32. 838–854. 2004.

Burns, K.J. Molecular Systematics of Tanagers (Thraupidae): Evolution and Biogeography of a Diverse Radiation of Neotropical Birds. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. v. 8. n. 3, p. 334–348, 1997.



Burns, K.J.; Shultz, A.J.; Title, P.O.; Mason, N.A.; Barker, F.K.; Klicka, J.; Lanyon, S.M.; Lovette, I.J. Phylogenetics and diversification of tanagers (Passeriformes: Thraupidae), the largest radiation of Neotropical songbirds. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. 75. 41–77. 2014.

Burns, K. L.; Unitt, P.; Mason, N.A. A genus level classification of the family Thraupidae (Class Aves: Order Passeriformes). **Zootaxa**. doi.org/10.11646/zootaxa.4088.3.2. 2016.

Cabrera, A.L.; Willink, A. Biogeografia de America Latina. **Eva V. Chesneau**. Primeira edição. Washington. 1973.

Câmara, T. P. F. Demografia de *Tangara cayana* (Aves: Thraupidae) em um fragmento de restinga no extremo Norte de distribuição da Mata Atlântica. **Universidade Federal do Rio Grande do Norte**. Disponível em: <https://repositorio.ufrn.br/handle/123456789/24061>. 2017.

Canals, G.; Johnson, K. A new species of *Angulopsis* (Lycaenidae, Eumaeini) from relict coastal forest in east-central Argentina. **The taxonomic report of the International Lepidoptera Survey**. 2(3). 1–5. 2000.

Carnaval, A.C.; Moritz, C. Historical climate modelling predicts patterns of current biodiversity in the Brazilian Atlantic forest. **Journal of Biogeography**. 35. 1187–1201. 2008.

Carnaval, A. C.; Hickerson, M. J.; Haddad, C. F. B.; Rodrigues, M. T.; Moritz, C. Stability Predicts Genetic Diversity in the Brazilian Atlantic Forest Hotspot. **Science**, 323, 785–789. 2009.

Carrascal, L.M.; Moreno, E.; Tellería, J.L. Ecomorphological Relationships in a Group of Insectivorous Birds of Temperate Forests in Winter. **Holarctic Ecology**. 13. 2.105-111. 1990.

Castric, V. & Bernatchez, L. The rise and fall of isolation by distance in the anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchell). **Genetics**. 163. 983–996. 2003.

Cheng, H.; Sinha, A.; Cruz, F.w.; Wang, X.; Edwards, R. L.; Horta, F. M.; Ribas, C. C.; Vuille, M.; Stott, L. D.; Auler, A. **Climate change patterns in Amazonia and biodiversity**. 1411. 2013.

Clark, W.S.; Witt, C.C. First known specimen of a hybrid Buteo: Swainson's Hawk (*Buteo swainsoni*) Rough-legged Hawk (*B. lagopus*) from Louisiana. **Wilson J. Ornithol.** 118. 42–52. 2006.

Cicero, C.; Mason, N. A.; Jiménez, R.A.; Wait, D. R.; Wang-Claypool, C. Y.; Bowir, R. C. K. Integrative taxonomy and geographic sampling underlie successful species delimitation. **Ornithology**. V138. 2021.

Collevatti, R.G.; Terribile, L.C.; Lima-Ribeiro, M.S.; Nabout, J.C.; De Oliveira, G.; Rangel, T.F.; Rabelo, S.G.; & Diniz-Filho, J.A.F. A coupled phylogeographical and species distribution modelling approach recovers the demographical history of a Neotropical seasonally dry forest tree species. **Molecular Ecology**, 21, 5845–5863. 2012.

Colwell, R.K.; Rangel, S.F. Hutchinson's duality: the once and future niche. **Proceedings of the National Academy of Sciences**. USA. 106. 19651–19658. 2009.

Corander, J.; Marttinen, P.; Sirén, J.; Tang, J. Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. **BMC Bioinformatics**. 539. 2008.

Costa, G.C.; Nogueira, C.; Machado, R.B.; Colli, G.R. Squamate richness in the Brazilian Cerrado and its environmental-climatic associations. **Diversity and Distributions**. 13. 714-724. 2007.

Cracraft, J. Historical biogeography and patterns of differentiation within the South American avifauna: areas of endemism. **Neotropical Ornithology**. 36. 1985.

Cracraft, J.; Prum, R. Patterns and processes of diversification: speciation and historical congruence in some Neotropical birds. **Evolution**. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1988.tb04164.x>. 1988.

Crisci, J.V.; Katinas, L.; Posadas, P. Historical Biogeography- An Introduction. **Harvard University Press**. Cambridge. London. 2003.

Coulon, A.; Cosson, J.F.; Angibault, J. M.; Cargnelutti, B.; Galan, M.; Morellet, N.; Petiti, E.; Aulagnier, S.; Hewison, A. J. L. Landscape connectivity influences gene flow in a roe deer population inhabiting a fragmented landscape: an individual-based approach. **Molecular Ecology**. [doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02253.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02253.x). 2004.

Crispo, E.; Hendry, A.P. Does time since colonization influence isolation by distance? A meta-analysis. **Conservation Genetics**. 6(5): 665–682. 2005.

Currie, D.J.; Mittelbach, G.G.; Cornell, H.V.; Field, R. Guégan, J.; Hawkins, B. A.; Kuafman, D. M.; Kerr, J.S.; Oberdorff, S.; O'Brien, E.; Turner, J. R. G. Predictions and tests of climate-based hypotheses of broad-scale variation in taxonomic richness. **Ecology Letters**. Reino Unido. 7.12.1121-1134. 2004.

Dariba, D.; Taboada, G. L.; Doallo, R.; Posada, D. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. **Nature Methods**. V. 9. 772 (2012).

Dalapicolla, J.; Viega, J. Tutorial de modelos de distribuição - guia teórico. LaMaB: Laboratório de Mastozoologia e Biogeografia. Departamento de Ciências Biológicas. **Universidade Federal do Espírito Santo**. 2020.

Dayrat, B. Towards integrative taxonomy. **Biological Journal of the Linnean Society**. 84. 407-415. 2005.

Davies, J.; Purvis, A.; Gittleman, J. L. Quaternary Climate Change and the Geographic Ranges of Mammals. **The American Naturalist**. doi: 10.1086/603614 174(3):297-307. 2009.

Darwin, C. The descent of man, and selection in relation to sex. 1st ed. John Murray, **London**. 1871.

del Hoyo, J.; Andrew, E.; Sargatal, J.; Christie, D.A. **Handbook of the Birds of the World**. Disponível em <http://www.hbw.com/plates/starS>. Acessado dia 26 de novembro de 2016. 2016.

Derryberry, E.P.; Claramunt, S.; Derryberry, G.; Chesser, S.R.; Cracraft, J.; Aleixo, A.; Pérez-Eman, J.; Remsen, J.V.; Brumfield, R.S. Lineage diversification and morphological evolution in a large-scale continental radiation: the neotropical ovenbirds and woodcreepers (aves: furnariidae). **Evolution**. 65-10: 2973–2986. 2011.

Derryberry, E.P.; Derryberry, G. E.; Maley, J.M.; Brumfield, R.S. hzar: Hybrid Zone Analysis **Molecular Ecology Resources**. 2014.

Diniz-Filho, J. A. F; Terrible, L. C.; Oliveira, G.; Rangel, T. F. L. V. B. Padrões e processos ecológicos e evolutivos em escala regional. **Megadiversidade**. v5. n12. 2009.

Dupanloup, I., Schneider, S., & Excoffier, L. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. **Molecular Ecology**, 11: 2571–2581. 2002.

Drummond, A.J.; Rambaut, A. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. **BMC Evolutionary Biology**. 7: 214. 2007.

Drummond, A. J., Ashton, B.; Buxton, S.; Cheung, M.; Heled, J.; Kearse, M.; Moir, R.; Stones-Havas, S.; Thierer, S.; Wilson, A. **Geneious**. Version 6.1. <http://www.geneious.com/>. 2011.

Drummond, A.J.; Suchard, M.A.; Xie, D.; Rambaut, A. Bayesian Phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. **Mol. Biol. Evol.** 29. 1969–1973. 2012.

Erwin, T. L. Arboreal beetles o Neotropical forests: Taxonomic supplement for the *Agra virgata* and *ohausi* groups with a new species and additional distribution records (Coleoptera: Carabidae). **The Coleopterists Bulletin**. 54(2), 251-262. 2000.

Excoffier, L.; Smouse, P. E.; Quattro, J. M. Analysis of Molecular Variance Inferred from Metric Distances Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data. **Genetics**. 491. 479-491. 1992.

Excoffier, L.; Lischer, H.E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology**. doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x. 2010.

Edwards, S.V.; Arctander, P.; Wilson, A.C. Mitochondrial resolution of a deep branch in the genealogical tree for perching birds. **Proc. R. Soc. Lond. B**. v. 243. p. 99-107. 1991.

Elith, J.; Graham, C.H.; Anderson, R.P.; Dudik, M.; Ferrier, S.; Guisan, A.; Hijmans, R.J.; Huettmann, F.; Leathwick, J.R.; Lehmann, A.; Li, J.; Lohmann, L.G.; Loiselle, B.A.; Manion, G.; Moritz, C.; Nakamura, M.; Nakazawa, Y.; Overton, J.M.; Peterson, A.S.; Phillips, S.J.; Richardson, K.; Scachetti-Pereira, R.; Schapire, R.E.; Soberon, J.; Williams, S.; Wisz, M.S.; Zimmermann, N.E. Novel methods improve prediction of species distributions from occurrence data. **Ecography**. 29. 129-151. 2006.

Elith, J.; Leathwick, J. Predicting species distributions from museum and herbarium records using multiresponse models fitted with multivariate adaptive regression splines. **Divers. Distrib.** 13. 265-275. 2007.

Els, P. V.; Zarza, E.; Moreira, L. R.; Gómez-Bahamón, V.; Santana, A.; Aleixo, A.; Ribas, C. C.; Rêgo, P. A.; Santos, M. P. S.; Zyskowski, K.; Prum, R. O.; Berv, J. Recent divergence and lack of shared phylogeographic history characterize the diversification of neotropical savanna birds. **Journal Biogeography**. doi: 10.1111/jbi.14065. 1–14. 2021.

Elton, C. Animal Ecology. Sedgwick and Jackson. **London**. 1927.

Ericson, P. G. P.; Christidis, L.; Cooper, A.; Irestedt, M.; Jackson, J.; Johansson, U. S.; Norman, J. A. A. Gondwanan origin of passerine birds supported by DNA sequences of the endemic New Zealand wrens. **Proc. R. Soc. Lond. B**. v. 269. p. 235-241. 2002.

Felice, R.N.; O'Connor, P.M. Ecology and Caudal Skeletal Morphology in Birds: The Convergent Evolution of Pygostyle Shape in Underwater Foraging Taxa. **Plos One**. 2013.

Franklin, J. Mapping species distributions – spatial inference and prediction. **Cambridge University Press**. 320. 2009.

Fonseca, G.; Derycke, S.; Moes, S. Integrative taxonomy in two free-living nematodes species complexes. **Biological Journal of the Linnean Society**. 94. 737-753. 2008.

Fluxus Technology. **Network**. Disponível em: <http://www.fluxus-technology.com> Acessado em janeiro de 2015. 2012

Fu, Y.X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. **Genetics**. 147. 915–925. 1997.

Fujita, M.K.; Leaché, A.D.; Burbrink, F.S.; McGuire, J.A.; Moritz, C. Coalescent-based species delimitation in an integrative taxonomy. **Trends in Ecology and Evolution**. 27 (9). 480 – 488. 2012.

Funk, D. J.; Omland, K. E. Species-Level Paraphyly and Polyphyly: Frequency, Causes, and Consequences, with Insights from Animal Mitochondrial DNA. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**. v34: 397-423. 2003.

Futuyma, D. J. Evolutionary Biology. **Massachusetts: Sinauer Associates**. 1986.

Garzón-Orduña, I.J.; Benetti-Longhini, J.E.; Brower, A.V.Z. Timing the diversification of the Amazonian biota: Butterfly divergences are consistent with Pleistocene refugia. **Journal of Biogeography** 41(9). DOI:10.1111/jbi.12330. 2014.

Gaston, K.J.; Blackburn, S.M.; Lawton, J.H. Interspecific abundance-range size relationships: an appraisal of mechanisms. **Journal of Animal Ecology**. Reino Unido.66. 4.579-601. 1997.

- Gaston, K.J.; Blackburn, S.M. Pattern and Process in Macroecology. Reino Unido. **Blackwell**. 77. 2006.
- Goldani, A. Biogeografia Histórica da região Neotropical: Análise de Parcimônia de Endemismo com dados distribucionais de peixes. **Revista Eletrônica de Biologia**. v.5. 12-41. 2012.
- Goodman, B.A.; Johnson, P.S.J. Ecomorphology and disease: cryptic effects of parasitism on host habitat use, thermoregulation, and predator avoidance. **Ecology**. 92(3). 542–548. 2011.
- Graham, C. H.; Ferrier, S.; Huettman, F.; Moritz, C.; Peterson, A.S. New developments in museums–based informatics and applications in biodiversity analysis. **Trends Ecol. Evol.** 19 (9). 497-503. 2004.
- Grinnell, J. The niche-relationships of the California Thrasher. **The Auk**. 34(4). 427-433. 1917.
- Guisan, A.; Thuiller, W. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. **Ecology Letters**. 8. 993–1009. 2005.
- Hardy, O. J.; Vekemans, X. Isolation by distance in a continuous population: reconciliation between spatial autocorrelation analysis and population genetics models. **Heredity**. v. 83, p. 145–154, 1999.
- Haffer, J. Speciation in Amazonian Forest birds. **Science** 165:131–137. 1969.
- Hannah, L.; Midgley, G.; Anelman, S.; Araújo, M.; Hughes, G.; Martinez-Meyer, E.; Pearson, R.; Williams, P. Protected Area Needs in a Changing Climate. **Frontiers in Ecology and the Environment**. 5. 3. 131-138. 2007.
- Harvey, D.W. Pattern, Process, and the Scale Problem in Geographical Research. Transactions of the Institute of British Geographers. **JSTOR**. 45. 71-78. 1968.
- Hey J. Isolation with migration models for more than two populations. **Molecular Biology and Evolution**. 27. 905– 920. 2010.
- Hewitt, G. M. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**. 359. 183–195. 2004.
- Hoyos, M.A., Otero, N.; Jaramillo, N. Divergência morfométrica entre *Bothrops atrox* y *Bothrops asper* (Serpentes: Viviparidae). **Actual. Biol.** v.25. n. 79. 157-165. 2003.
- Hudson, R.R.; Coyne, J.A. Mathematical consequences of the genealogical species concept. **Evolution**. 56. 1557–1565. 2002.
- Huelsenbeck. J.P.; Ronquist. F. **MRBAYES**: Bayesian inference of phylogeny. **Bioinformatics**. 17.754-755. 2001.
- Hutchinson, G.E. Concluding remarks. Cold Spring Harb.Symp. **Quantitative Biology**. 22. 415–427. 1957.
- Irestedt, M.; Johansson, U. S.; Parsons, S. J.; Ericson, P. G. P. Phylogeny of major lineages of suboscines (Passeriformes) analysed by nuclear DNA sequence data. **J. Avian Biol.**, v.32. p. 15-25. 2001.
- ICS. International Chronostratigraphic Chart v2016/4. Disponível em: <http://www.stratigraphy.org/ICSchart/ChronostratChart2016-04.pdf>. 2016.
- Irmeler, U. New species and records of the genus *Lispinus* with a key to the species from Peru (Coleoptera: Staphylinidae: Osoriinae). **Zootaxa**. 2263. 42–58. 2009.
- Isler, M.L.; Isler, P.R. The Tanagers. Natural History, Distribution, and Identification **USNM Institution Press**, Washington, DC. 1999.
- IUCN. **International Union for Conservation of Nature and Natural Resources**. Disponível em: <http://www.iucn.org/>. Acessado dia 25 de agosto de 2016.

Kaceyama, P.; Gandara, F.B. **Revegetação de áreas ciliares**. In: Rodrigues, R.R., coord. Ecologia de matas ciliares. Piracicaba: ESALQ/USP, 1998.

Knapp, S. Assessing patterns of plant endemism in Neotropical uplands. **The Botanical Review**. 68(1). 22–37. 2002.

James, F.C. The ecological morphology of birds: a review. **Ann. Zool. Fennici**. 19. 265-275. 1982.

Jaramillo, N.; Castilho, D.; Wolff, M.E. Geometric morphometric differences between *Panstrongylus geniculatus* from field and laboratory. **Mem. InsS. Oswaldo Cruz**. 97. 667-673. 2002.

Jenkins, L.; Brea, J.; Smith, N. J.; Hudson, B. D.; Reilly, G.; Bryant, N. J.; Castro, M.; Loza, M. I.; Miligan, G. Identification of novel species-selective agonists of the G-protein-coupled receptor GPR35 that promote recruitment of  $\beta$ -arrestin-2 and activate  $G\alpha_{13}$ . **Biochem J**. 432(3):451-9. 2010.

Knowles, L. L.; Maddison, W. P. Statistical Phylogeography. **Molecular Ecology**. 11. 2623-2635. 2002.

Knowles, L. L.; Carstens, B.C. Delimiting species without monophyletic gene. **Systematic Biology**. 56 (6). 887 – 895. 2007.

Knowles, L. L. Statistical phylogeography. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**. 40:593-612. 2009.

Kolanowska, M.; Rewicz, A.; Baranow, P. Ecological niche modeling of the pantropical orchid *Polystachya concreta* (Orchidaceae) and its response to climate change. **Scientific Reports**. 10. 2020.

Lande, R. Sexual dimorphism, sexual selection, and adaptation in polygenic characters. **Evolution**. doi.org/10.1111/j.1558-5646.1980.tb04817.x. 1980.

Librado, P.; Rozas, J. DNASP v5. A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. **Bioinformatics**. 25. 1451-1452. 2010.

Lima-Rezende, C. A.; Rocha, A. V.; Couto Junior, A. F.; Martins, E. S.; Vasconcelos, V.; Caparroz, R. Late Pleistocene climatic changes promoted demographic expansion and population reconnection of a Neotropical savanna-adapted bird, *Neothraupis fasciata* (Aves: Thraupidae). **PlosOne**. v. 14. p. e0212876, 2019.

Liu, L.; Yu, L.; Kubatko, L.; Pearl, D.K.; Edwards, S.C. Coalescent methods for estimating phylogenetic trees. **Molecular Phylogenetics**. 53.320 – 328. 2009.

Lopes, L.E. Taxonomia, Biogeografia e conservação das aves endêmicas do cerrado. **Tese de doutorado**. Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte. Minas Gerais. 2009.

Lovette, I.J. Molecular phylogeny and plumage signal evolution in a trans Andean and circumAmazonian avian species complex. **Mol. Phylogenet. Evol.** 32, 512–523. 2004.

Luxbacher, A. M.; Knouft, J. H. Assessing concurrent patterns of environmental niche and morphological evolution among species of horned lizards (Phrynosoma). **J. Evol. Biol.** 22.1669-1678. 2009.

Maestri, R.; Monteiro, L. R.; Fornel, R.; Upham, N.; Petterson, B. D.; Freitas, T. R. O. The ecology of a continental evolutionary radiation: Is the radiation of sigmodontine rodents adaptive? **Evolution**. 71-3: 610–632. 2016.

Mayle, F.E. Assessment of the Neotropical dry forest refugia hypothesis in the light of palaeoecological data and vegetation model simulations. **Journal of Quaternary Science**. 19. 713–720. 2004.

Mayle, F. E.; Beerling, D. J. Late Quaternary changes in Amazonian ecosystems and their implications for global carbon cycling. **Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology**. 214. 11–25. 2004.

Mayle, F.E. The Late Quaternary Biogeographical History of South American Seasonally Dry Tropical Forests: Insights from Palaeo-Ecological Data. **Neotropical Savannas and Seasonally Dry Forests Plant Diversity, Biogeography, and Conservation**, 395–416. 2006.

McCormack, K.; Willems, J.; Van Den Bergh, J.; Deschoolmeester, D.; Willaert, P.; Indihar Štemberger, M.; BosiljVuksic, V. A global investigation of key turning points in business process maturity. **Business Process Management Journal**. 15. 792-815. 2009.

Miller, M.P. (2005) Alleles In Space (AIS): Computer software for the joint analysis of interindividual spatial and genetic information. **Journal of Heredity**. 96. 722–724.

Miyaki, C.Y. Filogeografia e a descrição da diversidade genética da fauna brasileira. **Megadiversidade**. 5. 12. 2009.

Moral, R. A.; Hinde, J.; Demetrio, C. G. B. Package ‘hnp’. 2018.

Morello, J.; Adámoli, J. Vegetación y ambiente del nordeste del Chaco argentino. Guía de viaje, tramo Resistencia-Puerto Pilcomayo. **IX Jorn. Arg. BoS**. INTA, Centro Regional Chaqueño, EEA, Cnia. Benitez. Mimeog. 75. 1967.

Moritz, C.; Patton, J.L.; Smith, S.B. Diversification of rainforest faunas: An integrated molecular approach. **Annu. Rev. Ecol.** 31. 533-563. 2000.

Morrone, J.J. Biogeografía de América Latina y el Caribe. **M&T–Manuales & Tesis SEA**. vol. 3. Zaragoza. 148 pp. 2001.

Morrone, J. Biogeographic areas and transition zones of Latin American and the Caribbean Islands based on Pan Biogeographic and Cladistic Analysis of the Entomofauna. **Annual Review of Entomology**. 51(1): 467-494. 2006.

Munsell, A. Soil, color charts, revised edition. New York. **McBeth Division of Kollmorgen Instruments Corporation**. 2015.

Muscarella, R.; Galante, P.J.; Soley-Guardia, M.; Boria, R.A.; Kass, J.M.; Uriarte, M.; Anderson, R.P. ENMeval: An R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for MAXENT ecological niche models. **Methods in Ecology and Evolution**. 2014.

Naoki, K. The relative importance of Arthropods and fruits in foraging behavior of omnivorous Tanagers (Thraupidae): the comparison of three methods. **The Condor**. 105(1). 135-139. 1993.

Newbold, T. Applications and limitations of museum data for conservation and ecology, with particular attention to species distribution models. **Progress in Physical Geography**. 34(1)3-22. 2010.

Nielsen, R.; Beaumont, M. A. Statistical inferences in phylogeography. **Molecular Ecology**. 18: 1034-1047. 2009.

Norton, S.F.; Luczkovich, J.J.; Motta, P.J. The role of ecomorphological studies in the comparative biology of fishes. **Environmental Biology of Fishes**. 44. 287-304. 1995.

Oksanen, J., Blanchet, F.G., Kindt, R., Legendre, P., O’Hara, B., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, H., Wagner, H.H. **Vegan: Community Ecology Package**. 2019.

Pacheco, M. A.; Battistuzzi, F. U.; Lentino, M.; Aguilar, R. F.; Kumar, S.; Scalante, A. A. Evolution of modern birds revealed by mitogenomics: Timing the radiation and origin of major orders. **Molecular Biology and Evolution**. 28(6): 1927–1942. 2011.

Padial, J.M.; Miralles, A.; De la Riva, I.; Vences, M. The integrative future of taxonomy. **Frontiers in Zoology**. 7:16. 2010.

Prado, D.E.; Gibbs, P.E. Patterns of Species Distributions in the Dry Seasonal Forests of South America. **Annals of the Missouri Botanical Garden**. 80. 902. 1993.

Peterson, A.S.; Soberon, J. Species Distribution Modeling and Ecological Niche Modeling: Getting the Concepts Right, *Natureza&Conservação*. 10. 2. 102-107. 2012.

- Phillips, S.J, Anderson, R.P.; Schapire, R.E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**. 190: 231–259. 2006.
- Phillips, S. J.; Dudik, M.; Elith, J.; Graham, C. H.; Lehmann, A.; Leathwick, J.; Ferrier, S. Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data. **Ecological Applications**. doi.org/10.1890/07-2153.1. 2009.
- Phillips, R. K.; Gilbert, L. G.; Rayment, I. Family-specific Kinesin Structures Reveal Neck-linker Length Based on Initiation of the Coiled-coil. **J. Biol. Chem.** 291(39): 20372--20386. 2016.
- Pimentel, R. A. An introduction to ordination, principal component analysis and discriminant analysis. In: S. J. S. e R. Footit (Ed.). *Ordination in the Study of Morphology, Evolution and Systematics of insects: Applications and Quantitative Genetic Rationals*. Amsterdam: **Elsevier Science Publishers B V**.11-28. 1992.
- Primmer, C.R.; Borge, S.; Lindell, J.; Saetre, G.P. Single nucleotide polymorphism characterization in species with limited available sequence information: high nucleotide diversity revealed in avian genome. **Mol. Ecol.** 11: 603-612. 2002.
- Ponder, W.F.; Carter, G.A.; Flemons P, Chapman, R.R. Evaluation of museum collection data for use in biodiversity assessments. **Conserv Biol.** 15(3). 648-657. 2001.
- Power, M. J.; Whitney, B. S.; Mayle, F. E.; Neves, D. M.; Boer, E. J.; Maclean, K.S. Fire, climate and vegetation linkages in the Bolivian Chiquitano seasonally dry tropical forest. **The Royal Society Publishing**. dx.doi.org/10.1098/rstb.2015.0165. 2016.
- QGIS 3.20 Development Team. QGIS 3.20. **Geographic Information System. Open-Source Geospatial Foundation Project**. Available from: <http://Qgis 3.20.osgeo.org> (accessed 12 January 2021). 2020.
- R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. *R Foundation for Statistical Computing*. **Vienna**. <https://www.R-project.org>. 2018.
- Rainkow, R. J. Monophyly of the Passeriformes: test of a phylogenetic hypothesis. **Auk**. v. 99. 431-445.1982.
- Rambaut, A.; Drummond, A.J. Tracer version 1.4 [computer program]. 2003.
- Rambaut, A.; Drummond, A.J. **Tracer** v1.4. Disponível em: <http://beas.bio.ed.ac.uk/Tracer>. Acesso em dezembro de 2016. 2007.
- Ramos-Onsins, S.E.; Rozas, J. Statistical properties of new neutrality tests against population growth. **Molecular Biology and Evolution**. 19. 2092–2100. 2002.
- Rasanen M, Linna A.M, Santos J.C.R, Negri F.R. Late Miocene tidal deposits in the Amazonian foreland basin. **Science**. 69: 386-390. 1995.
- Reddy, S.; Dávalos, L. M. Geographical sampling bias and its implications for conservation priorities in Africa. **Journal of Biogeography**. 30. 1719–1727. 2003.
- Remsen, J.V.; Rocha, O., Schmitt, C.G.; Schmitt, D.C. Zoogeography and geographic variation of *Platyrinchus mystaceus* in Bolivia and Peru, and the Circum- amazonian distribution pattern. **Ornitol. Neotrop.** 2, 77–83. 1991.
- Ribas, L.; Flos, R.; Reig, L.; Mackenzie, S.; Barton, B. A.; Tort, L. Comparison of methods for anaesthetizing Senegal sole (*Solea senegalensis*) before slaughter: Stress responses and final product quality. *Aquaculture*, v. 269, p. 250-258, 2007.
- Richards, C.L.; Carstens, B.C.; Knowles, L.L. Distribution modelling and statistical phylogeography: an integrative framework for generating and testing alternative biogeographical hypotheses. **Journal of Biogeography**. 34. 11. 1833-1845. 2007.
- Robyn, J. B.; Graham, A. The history of Neotropical vegetation: new developments and status. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. **Missouri Botanical Garden Press**. 546-589 1999.

Rocha, A. V.; Cabanne, G. S.; Aleixo, A.; Silveira, L. F.; Tubaro, P.; Caparroz, R. Pleistocene climatic oscillations associated with landscape heterogeneity of the South American dry diagonal explains the phylogeographic structure of the Narrow-billed Woodcreeper (*Lepidocolaptesangustirostris*). doi.org/10.1111/jav.02537. **Avian Biology**. 2020.

Rodrigues, M. A.; Sañudo, I. L.; Hawkins, B. A. The geographic distribution of mammal body size in Europe. **Global Ecology and Biogeography**. 15: 173-181. 2006.

Rubinoff, D.; Holland, B. S. Between Two Extremes: Mitochondrial DNA is neither the Panacea nor the Nemesis of Phylogenetic and Taxonomic Inference. **Systematic Biology**. v54: 952-961. 2005.

Santos, M. G.; Nogueira, C.; Giugliano, L. G.; Colli, G. R. Landscape evolution and phylogeography of *Micrablepharus atticolus* (Squamata, Gymnophthalmidae), an endemic lizard of the Brazilian Cerrado. **Journal of Biogeography**, **41**, 1506–1519. 2014.

Sant'Ana, C.E.R.; Diniz-Filho, J.A.F. Macroecologia de corujas (Aves: Strigiformes) da América do Sul. **Revista Brasileira de Ornitologia**. São Paulo. 7. 1. 3-11. 1999.

Savit, A.Z.; Bates, J.M. Right around the Amazon: the origin of the circum- Amazonian distribution in *Stilpnia cayana*. **Folia Zool**. 64 (3). 273–283. 2015.

Sclater, P.L. Synopsis Avium Tanagrarum: a descriptive catalogue of the known species of tanagers. **Parts I-III Proceedings of the Zoological Society of London**. 24. 64-94. 1856.

Sclater, P.L. Monograph of the birds forming the tanagrine genus Calliste, illustrated by coloured plates of all the known species. **John Van VoorsS**. London. Reino Unido. 1857.

Sclater, P.L. Catalogue of the Passeriformes, or perching, in the collection of the British Museum. **Fringilliformes, part II. v. XI**. British. London. Reino Unido. 1886.

Sibley, C.G.; Ahlquist, J.E. Phylogeny and classification of birds. A study in molecular evolution. **Yale University Press**. New Haven. CS. 1990.

Sibley, C.G.; Monroe Jr., B.L. Distribution and taxonomy of birds of the world. New haven. **Yale University Press**, 1990.

Sick, W. Rio e enchentes na Amazônia como obstáculo para a avifauna. Atas do simpósio sobre a biota da amazônica. Zoologia. v5. **Conselho de Pesquisas do Rio de Janeiro**. 1967.

Sick, H. Ornitologia Brasileira. **Edição Revisada e Ampliada por Jose Fernando Pacheco**. 484-489. 1997.

Silva, J. Biogeographic analysis of the South American Cerrado avifauna. **Steenstrupia**, 21: 49–67. 1995.

Silva, J. M. C.; J. M. Biogeographic patterns and conservation in the South American Cerrado: A tropical savanna hotspot. **Bio Science**, 52(3): 225 – 233. 2002.

Slatkin, M. Gene Flow and the Geographic Structure of Natural Populations. **Science**. Washington D. C., v. 236, 1987.

Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research. **Journal of Water Resource and Protection**. 3rd Edition. ol.7. vo.5. 1995.

Sorenson, M.D.; Ast, J.C.; Dimcheff, D.E.; Yuri, S.; Mindell, D. P. Primers for a PCR-based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates. **Mol. PhylogeneS. Evol**. 12. 105-114. 1999.

Tajima, F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics**. 123. 3. 585-595. 1989.



Templeton, A.R. Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history. **Mol. Ecol.** 7. 381-397. 1998.

Terribili, L. V. Padrões ecológicos globais de dois clados de serpentes, Viperidae e Elapidae (Squamata, Serpentes). **Tese de Doutorado**. Universidade de São Paulo. Brazil. 2009.

Terribile, L.C.; Lima-Ribeiro, M.S.; Araújo, M.B.; Bizão, N.; Collevatti, R.G.; Dobrovolski, R.; Franco, A.A.; Guilhaumon, F.; de Souza Lima, J.; Murakami, D. M.; Nabout, J. C.; de Oliveira, G.; de Oliveira, L.K.; Rabelo, S.G.; Rangel, S.F.; Simon, L.M.; Soares, S.N.; Telles, M.P.C.; Diniz-Filho, J.A.F. Areas of climate stability in the Brazilian Cerrado, disentangling uncertainty through time. **Natureza & Conservação**. 10. 152–159. 2012.

Thompson, J.D.; Gibson, S. J.; Plewniak, F.; Jeanmougin, F.; Higgins, D.G. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. **Nucleic Acids Research**. 24. 4876-4882. 1997.

Thuiller, W.; Georfes, D.; Gueguen, M.; Engler, R.; Breiner, F. Package ‘biomod2’. e Ensemble Platform for Species Distribution Modeling. 2021.

Turchetto-Zollet, A. C.; Pinheiro, F.; Salgueiro, F.; Palma-Silva, C. Phylogeographical patterns shed light on evolutionary process in South America. **Molecular Ecology**, 22: 1193–1213. 2013.

Van Andel, J. Effects of the redevelopment of an elementary school playground. **Leisure Studies**. doi.org/10.1080/02614368500390231. 4(3), 307-320. 1985.

Vanzolini, P. E.; Williams, E. E. South American anoles: the geographic differentiation and evolution. **Arq. Zool.** São Paulo. 19: 1-298. 1970.

Varela, S.; Lima-Ribeiro, M. S.; Terrible, L. C. A Short Guide to the Climatic Variables of the Last Glacial Maximum for Biogeographers. **PlosOne**. doi.org/10.1371/journal.pone.0129037. 2015.

Waltari, E.; Hijimans, R. J.; Peterson, A. T.; Nyari, A. S.; Perkins, S. L.; Guralnick, R. P. Locating Pleistocene Refugia: Comparing Phylogeographic and Ecological Niche Model Predictions. **PlosOne**. doi: 10.1371/journal.pone.0000563. 2007.

Wakeley, J. Coalescent Theory: An Introduction. **Roberts & Company Publishers**. p432. 2008.

Webb S.D. Biologic implications of the middle Amazon seaway. **Science**, 269: 361-362. 1995.

Werneck, F.P.; Costa, G.C.; Colli, G.R.; Prado, D.E.; Sites, J. W. Revisiting the Historical Distribution of Seasonally Dry Tropical Forests: New Insights Based on Palaeodistribution Modelling and Palynological Evidence. **Global Ecology and Biogeography**. 20. 2. 272-288. 2011.

Werneck, F.P.; Gamble, S.; Colli, G.R.; Rodrigues, M.S.; Sites, J.W. Deep Diversification and Long-Term Persistence in the South American “Dry Diagonal”: Integrating Continent-Wide Phylogeography and Distribution Modeling of Geckos. **Evolution**. 66. 3014–3034. 2012.

White, G. M.; Boshier, D. H.; Posell, W. Genetic variation within a fragmented population of *Swietenia humilis* Zucc. **Molecular Ecology**. v.8, p, 1899-1909, 1999.

Wright, S. 1943. Isolation by Distance. **Genetics**. 28. 2 114-138.

Zhang, De-Xing.; Hewitt, G. M.; Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: Practice, problems and prospects. **Molecular Ecology**. doi:10.1046/j.1365-294X.2003.01773. x. 12(3):563-84. 2003.

Zimmer, J.S. Studies of Peruvian Birds. The genus *Stilpnia* Part 2. American Museum Novitates. n. 1246. **The American Museum of Natural History**. New York. 1943.

Zink, R. M. 1997. Phylogeographic studies of North American birds, p. 301-324. In D. P. Mindell [ED.], Avian molecular evolution and systematics. **Academic Press**. San Diego, CA. 1997.

Zink, R. M.; Drovetski, S. V.; Questiau, S.; Fadeev, I. V.; Nesterov, E. V.; Westberg, M. C.; Rohwer, S. Recent evolutionary history of the bluethroat (*Luscinia svecica*) across Eurasia. **Molecular Ecology**. 12. 3069–3075. 2003.

Zink, R.; Barrowclough. Mitochondrial DNA under siege in avian phylogeography. **Molecular Ecology**. 17(9):2107-21. 2008.

**Anexo 1:** Pontos de ocorrência de *Stilpnia cayana* utilizados na modelagem de nicho ecológico no programa Maxent implementado no R (R Core Team, 2018). Coordenadas são dadas em graus decimais.

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
AMNH	94292	Rio Mucajaá- Sítio São Bento	Roraima/Brasil	11/09/2011	1.1	-61.97
AMNH	96904	Rio Uraricoera- Povoado de Vista Alegre	Roraima/Brasil	05/01/2013	2.819722	-61.3267
AMNH	1303	Mérida- Venezuela	Venezuela	1931	8.569822	-70.8195
AMNH	82471	Prox. Comunidade Vila Nova- Macapá	Amapá/Brasil	18/01/2009	0.146111	-50.455
AMNH	56242	Rio Macaraá- margem direita- Rio Branco	Acre/Brasil	27/03/1935	2.43	-61.1
AMNH	32774	Macapá	Amapá/Brasil	05/09/1936	0.021667	-50.9117
AMNH	78021	Fazenda Santa Tereza	Roraima/Brasil	07/02/2007	2.083333	-61.2167
AMNH	27883	Barcelos, Moura, Pedra do Gavião	Amazonas/Brasil	05/05/1967	-0.54556	-64.37
AMNH	74310	Fazenda Uberaba- Mun. Amajari	Roraima/Brasil	11/03/2012	3.486667	-61.0667
AMNH	53650	Fazenda Parabrillho- Itauba do Pírim	Amapá/Brasil	23/06/1997	0.8	-50.1
AMNH	28891	Igarapé Ariramba, afluente esquerdo Rio Tartarugal-Tartarugalzinho	Amapá/Brasil	23/07/1969	1.376806	-50.0455
AMNH	28893	Estrada do Curiaú km 1, Ilha Curuçá- Ilha Curuçá	Amapá/Brasil	04/09/1969	0.113333	-50.9917
AMNH	23029	Rio Maruanum- S.F. Amapá	Amapá/Brasil	11/08/1952	0.192667	-50.724
AMNH	15114	Território do Amapá	Amapá/Brasil	20/03/1958	1.096056	-50.2634
AMNH	53646	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá/Brasil	26/10/1997	1.377083	-50.25
AMNH	46675	BR156 km 48- Campus experimental da Embrapa- Macapá	Amapá/Brasil	15/10/1990	0.458333	-50.0553
AMNH	372248	Cucuta	Colômbia	fev/41	7.912619	-71.5181
AMNH	399126	Santander N 3800 ft- Ocana	Colômbia	10/10/1946	8.252267	-72.6477
AMNH	627520	KusadMoutain, NE Flank South Rupuni Savannah	Guyana	09/11/2000	2.816667	-58.1833
AMNH	649106	South RuunmiIkuitau MS.	Guyana	06/10/2005	2.880833	-58.7189
AMNH	639348	Cuyuni-Mazaruni- Paruimaca 19km N atMtHolibipu	Guyana	21/10/2007	6.464994	-59.7892
AMNH	316624	Soledad	Venezuela	04/12/2029	8.169278	-62.4266
AMNH	325065	Pie del Cerro- Aragua	Venezuela	15/05/2029	10.25569	-66.6512
AMNH	329439	Puerto Ayacucho- Rio Orinoco	Venezuela	13/05/1931	5.682453	-66.3766
AMNH	329446	Cerro yapacana- Upper Orinoco	Venezuela	22/05/1931	3.75	-65.2
AMNH	406545	Cantaura- Anzo	Venezuela	17/08/1947	9.3059	-63.6549
AMNH	533910	Agua Santa 23Km nv Valeria - Trigullo	Venezuela	26/08/1965	9.491792	-69.3426
AMNH	515311	Porto Platon- Amapá	Amapá/Brasil	28/10/1964	0.700197	-50.551
AMNH	39833	Head waters of Huallaga River	Peru	NC	-5.06113	-75.2264
AMNH	374542	Laver Savannas- Naranama Ranch	Guyana	28/07/1969	6.449978	-59.4833
AMNH	49711	Boa Vista	Amazonas/Brasil	22/07/1939	-2.03028	-64.4097
AMNH	56709	Cayenne	French Guiana	NC	4.479722	-52.6078
AMNH	32392	Georgetown	British Guyana	ago/08	5.883333	-57.5861
AMNH	868	Tumero- Aragua	Venezuela	26/03/1937	10.25433	-66.5093
AMNH	85596	Pampas del Heath- ca 50 river Km S Puerto Pardo	Peru	24/06/1977	-4.48333	-75.3167
AMNH	38922	Vila Felisa- Santander	Colômbia	18/04/1962	6.643833	-72.3463
AMNH	175549	West Demerara- District Polper at ca 4 km w demerara river	Guyana	08/07/2004	6.738611	-59.7467
AMNH	85598	ca 50Km W Rioja- Departamento San Martín	Peru	18/08/1977	-6.75551	-75.174
AMNH	513049	Bolivar	Venezuela	30/11/1998	6.348033	-62.4266
AMNH	188583	Cocallar, aS. 2600 ft NE	Venezuela	15/04/2025	8.891944	-62.6608
AMNH	513054	Rio Ornicoco- Maipures	Venezuela	20/12/898	5.459619	-64.9863
FIELD	237353	Arabupu, Alt 4200 ft- Roraima (achei como monte roraima)	Venezuela	21/12/2027	5.131364	-59.2417
FIELD	237359	Paulo, Alt 4000 ft- Roraima	Venezuela	30/10/2027	9.758056	-65.3217

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
FIELD	78466	Maripao	Venezuela	25/02/2002	7.415294	-64.8108
FIELD	323961	Mt AuyanTepuí	Venezuela	05/03/1938	5.903583	-61.4602
FIELD	513053	Caicara	Venezuela	22/02/1898	8.712222	-63.119
FIELD	513063	Valley - Campus Alegre	Venezuela	05/02/1898	9.810556	-65.2806
FIELD	188584	San Antonio, Alt 1800 N.E.	Venezuela	23/04/2025	7.823414	-71.5272
FIELD	513060	Quebrada, Serra St of Cuiman	Venezuela	22/02/1848	9.155911	-69.4201
FIELD	271944	Rio Orinoco- Ayacucho	Venezuela	19/12/2028	5.661472	-66.4172
FIELD	513055	Altagracia	Venezuela	11/12/1997	9.852411	-65.629
FIELD	237358	Raraima	Venezuela	12/11/2027	5.13115	-59.2422
FIELD	825225	San Fernando de Aperra- Apura	Venezuela	11/05/1969	6.926947	-67.4753
FIELD	348662	Zonderij	Suriname	10/05/1947	5.448756	-54.7721
FIELD	176570	Pueblo Novo-Santander	Colômbia	30/08/2016	7.195	-72.7517
FIELD	344040	Villavicencio	Colômbia	14/03/1946	4.1478	-72.357
FIELD	130691	Barrigon- Heaf of meta E	Colômbia	23/12/2013	4.16665	-72.9834
FIELD	49717	Tachira- Colon	Venezuela	17/11/2013	8.034778	-71.7544
FIELD	43728	Maracay- Aragua	Venezuela	06/04/2008	10.26788	-66.393
FIELD	297777	Carimagua- Meta	Colômbia	03/11/1975	4.608119	-73.8475
FIELD	53455	Rio Chama	Venezuela	05/04/2020	8.569825	-70.8195
FIELD	53457	Valera	Venezuela	10/03/2020	9.314008	-69.4049
FIELD	249274	Meta- San JuandeAraua- Islliois	Colômbia	26/09/1957	3.346497	-72.1105
MPEG	35971	Santarém	Pará/Brasil	25/09/1951	-1.54937	-53.2991
MPEG	18666	Boca do Rio Tapajós- Santarém	Pará/Brasil	03/05/1935	-1.56584	-53.2387
MPEG	101810	BR 050- Campo Alegre de Goiás	Goiás/Brasil	20/05/2014	-16.3659	-46.2322
MPEG	33802	Serra do Baturite- municipioPacoti	Ceará/Brasil	15/02/1941	-3.51833	-41.8053
MPEG	38201	Aldeia do Porto	Maranhão/Brasil	21/07/1958	-7.42079	-45.6344
MPEG	40358	Mananguapé- Camaratuba	Paraíba/Brasil	23/07/1957	-8.07528	-37.3181
MPEG	93122	Sumidoro- Brotas de Macaúba	Bahia/Brasil	20/05/2011	-11.9981	-41.3705
MPEG	37626	Usinadimitri- Mangabeiras	Alagoas/Brasil	28/10/1952	-8.46083	-35.0506
MPEG	37618	São Miguel	Alagoas/Brasil	03/10/1951	-9.76056	-36.5731
MPEG	7405	Vila Nova	Bahia/Brasil	mar/05	-16.6333	-39.7
MPEG	10117	Ilheus	Bahia/Brasil	mai/19	-13.2661	-39.9781
MPEG	41123	Rio Preto- Santa Rita de Cassia	Bahia/Brasil	03/09/1958	-10.993	-43.4682
MPEG	27725	Madre de Deus	Bahia/Brasil	16/01/1942	-11.4711	-37.4106
MPEG	18600	Tapeira	Pernambuco/Brasil	18/12/1938	-7.02444	-39.3503
MPEG	40353	Rio tinto- Uruba	Paraíba/Brasil	04/07/1957	-6.84389	-37.8086
MPEG	37622	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas/Brasil	08/11/1951	-9.67973	-37.5262
MPEG	85770	Usina Serra Grande- Mata do Pinto	Alagoas/Brasil	03/01/2010	-8.41722	-35.7772
MPEG	91536	Fazenda Jequitibá- ElísioMediado	Bahia/Brasil	29/11/2010	-11.1296	-38.5219
MPEG	41124	Maracujá- municipio Santa Rita	Bahia/Brasil	14/04/1958	-9.17561	-43.2947
MPEG	37621	Palmerira dos Índios	Alagoas/Brasil	30/10/1951	-8.63917	-35.3692
MPEG	39227	UsinaSimitri	Alagoas/Brasil	05/02/1957	-8.11512	-35.8424
MPEG	55535	Interlagos	São Paulo/Brasil	10/01/1964	-22.2974	-45.2981
MPEG	11868	Itapetininga	São Paulo/Brasil	25/07/2026	-22.4062	-47.9502
MPEG	51694	Pedregulho	São Paulo/Brasil	21/07/1963	-19.7395	-46.5233
MPEG	64710	Floresta EstadualItapetininga- Otopet	São Paulo/Brasil	19/07/1967	-22.3206	-47.982
MPEG	53999	Fazenda Santa Madalena	São Paulo/Brasil	13/11/1963	-22.7108	-48.984
MPEG	60427	Terra Preta	São Paulo/Brasil	25/05/1965	-22.7326	-45.4225

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
MPEG	1104	Jundiáí	São Paulo/Brasil	19/02/2000	-22.8021	-45.094
MPEG	34711	Baependi	Minas Gerais/Brasil	26/04/1951	-20.044	-43.1084
MPEG	25817	Fazenda Boa Esperança- São José da Lagoa	Minas Gerais/Brasil	28/09/1940	-19.5316	-43.9735
MPEG	61667	Serra da caraça	Minas Gerais/Brasil	21/07/1865	-19.8707	-42.5013
MPEG	73556	Fazenda Primavera- Bataiporã	Mato Grosso do Sul	11/12/1992	-21.7021	-52.7074
MPEG	6894	Castro	Paraná/Brasil	set/07	-23.1945	-48.0018
MPEG	65895	Yamanguti- Corrego das Onça- 3 lagos	Mato Grosso/Brasil	28/11/1964	-15.3297	-53.297
MPEG	15994	Maria de Fátima	Minas Gerais/Brasil	25/01/1953	-17.3505	-47.8212
MPEG	12669	Três Lagos	Minas Gerais/Brasil	12/07/1931	-19.6824	-48.1695
MPEG	61673	Manhuaçu	Minas Gerais/Brasil	29/05/1965	-19.7458	-41.975
LabGenBio	28767	Monte Alegre	São Paulo/Brasil	02/12/1942	-21.2884	-45.2388
LSUMZ	61670	Atibaia	São Paulo/Brasil	12/04/1946	-22.8825	-45.4433
LSUMZ	43302	Fazenda Barreiras Rica- Anhembi	São Paulo/Brasil	16/11/1957	-21.0634	-47.8388
LSUMZ	31139	Serra da Mantiqueira	São Paulo/Brasil	27/07/1944	-21.1903	-43.1628
LSUMZ	29119	Fazenda Miguel- Cajuru	São Paulo/Brasil	10/05/1943	-20.7278	-46.6854
LSUMZ	31331	Barrocoão- Distrito de Ibeti	São Paulo/Brasil	11/05/1945	-22.8129	-45.5138
LSUMZ	29530	Mogi das cruces	São Paulo/Brasil	26/11/1943	-22.4624	-45.8307
LSUMZ	54693	Barreira Rico- Anhembi	São Paulo/Brasil	21/11/1964	-21.375	-47.9083
MNRJ	14412	Itatiba	São Paulo/Brasil	27/09/1933	-22.9892	-45.1822
MNRJ	46175	Paroklin	São Paulo/Brasil	14/12/1962	-22.5578	-45.2702
MNRJ	54358	Sorocaba	São Paulo/Brasil	28/08/1963	-22.5436	-46.4821
MNRJ	29690	Batatais	São Paulo/Brasil	11/12/1943	-19.1139	-46.4146
MNRJ	8055	Franca	São Paulo/Brasil	jan/11	-19.4442	-46.6121
MNRJ	65869	Araguatins	Tocantins/Brasil	08/12/1967	-6.34889	-47.8756
MNRJ	17280	Fazenda Recreio - Confresa	Mato Grosso/Brasil	16/12/1937	-11.3561	-52.4311
MNRJ	17882	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso/Brasil	29/09/1932	-14.5666	-54.2497
MNRJ	35270	Rio dos mortos, Pindaíba	Mato Grosso/Brasil	29/08/1949	-13.0355	-51.6972
MNRJ	32590	Xavantina	Mato Grosso/Brasil	09/10/1946	-13.335	-51.6323
MNRJ	96864	Fazenda prana, Campos do Jordão	São Paulo/Brasil	12/02/2013	-21.2406	-44.9336
MNRJ	15515	Jaraguari	Mato Grosso do Sul	23/11/1934	-19.741	-53.6526
MNRJ	65884	Goiânia	Goiás/Brasil	14/10/1967	-15.3333	-48.7333
MNRJ	65596	Trindade	Goiás/Brasil	24/02/1967	-15.3474	-48.5126
MNRJ	65870	Itaberaí	Goiás/Brasil	16/04/1967	-15.9821	-48.2049
MNRJ	65595	Varjão	Goiás/Brasil	26/03/1967	-16.9464	-48.3696
MNRJ	65872	Hidrolândia	Goiás/Brasil	02/04/1967	-16.9851	-48.756
MNRJ	75406	E.E Uruçuí	Piauí/Brasil	18/02/2000	-7.125	-43.0333
MNRJ	52012	Planaltina	Distrito Federal/Brasil	01/07/1963	-14.3698	-46.3355
MNRJ	83388	Pedra Petra, Correntina	Bahia/Brasil	16/09/2007	-12.7736	-43.5231
MNRJ	79806	Mata do Rio Galhão, Mateiro	Tocantins/Brasil	11/02/2008	-9.4496	-45.5841
MNRJ	65873	Nerópolis	Goiás/Brasil	03/04/1967	-15.596	-48.7702
MNRJ	77887	Olhos d'água da Santa- Serra das Confusões	Piauí/Brasil	21/01/2002	-8.79917	-42.5094
MNRJ	27848	Fazenda Transversal- Rio Verde	Goiás/Brasil	18/05/1941	-16.2072	-49.0804
MNRJ	65881	Ponte de Bela Vista	Goiás/Brasil	19/01/1960	-15.0338	-47.0584
MNRJ	83442	Depave	São Paulo/Brasil	12/05/1968	-22.4071	-45.3389
MNRJ	88705	Santa Carocha- CotasAltas	Minas Gerais/Brasil	2009	-19.9297	-42.5899
MUZUSP	90256	Fazenda Fartura- Santana do Araguaia	Pará/Brasil	03/09/2010	-8.20722	-49.786
MUZUSP	84485	Margem Rio Palmas- Paraná	Tocantins/Brasil	18/03/2008	-11.5778	-46.7997

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
MUZUSP	80901	Fazenda Guita da Serra- Porto Nacional	Tocantins/Brasil	17/12/2006	-9.29678	-47.5916
MUZUSP	65874	Caldas Novas	Goiás/Brasil	01/05/1967	-16.2651	-47.3847
MUZUSP	65830	São Geraldo	Goiás/Brasil	07/01/1967	-17.7	-48.55
MUZUSP	UFG4374	Carolina	Maranhão/Brasil		-6.82354	-46.7076
MUZUSP	10945	Butiri- Cuiabá	Mato Grosso/Brasil	21/12/2028	-14.3955	-55.862
MUZUSP	Terna620	Iramaia	Bahia/Brasil	07/11/2010	-12.5327	-39.122
MUZUSP	47631	Guzraí	Tocantins/Brasil	06/08/2010	-8.1625	-47.5022
MUZUSP	46041	Campo do Itatariaria, V. Parafba	Rio de Janeiro/Brasil	25/04/1954	-21.5114	-43.4357
MUZUSP	8753	Serra dos Orgãos - Teresópolis	Rio de Janeiro/Brasil	NC	-21.5032	-42.9279
MUZUSP	22957	Lagoa Santa	Minas Gerais/Brasil	01/04/1942	-18.3731	-42.0933
MUZUSP	30799	Garopã	Mato Grosso/Brasil	18/12/1952	-12.7086	-51.4505
MUZUSP	10216	Serra Geral	Goiás/Brasil	NC	-11.0189	-46.7317
MUZUSP	10924	Coxim	Mato Grosso/Brasil	mar/91	-17.4859	-53.2498
MUZUSP	24805	Doisirmãos- Recife	Pernambuco/Brasil	28/08/1944	-7.9125	-35.3394
MUZUSP	10931	Veadeiros	Goiás/Brasil	12/12/2029	-13.959	-46.3768
MUZUSP	10936	Rio São Miguel	Goiás/Brasil	31/01/1930	-13.7907	-46.2016
MUZUSP	37180	Ponta Grossa- Cambuci	Rio de Janeiro/Brasil	11/08/1990	-20.4897	-41.1003
MUZUSP	34725	Caramandel	Minas Gerais/Brasil	10/07/1986	-17.5242	-46.8125
MUZUSP	31796	Capivari	São Paulo/Brasil	15/07/1975	-21.0025	-46.5009
MUZUSP	8917	Fazenda Paraupé- Baía do Paraupé	Minas Gerais/Brasil	mai/30	-18.7793	-44.9984
MUZUSP	10965	Brejo Januária- Rio São Francisco	Minas Gerais/Brasil	23/02/2026	-14.5271	-43.6451
MUZUSP	10955	Serra do Itatiaiaia- Sítio Walter	Rio de Janeiro/Brasil	19/04/2027	-21.6234	-43.3691
MUZUSP	10925	Rio Paraguassu- Cachoeira	Bahia/Brasil	03/08/2026	-11.3992	-39.0342
MUZUSP	10963	Fazenda Taveira- Mariana	Minas Gerais/Brasil	01/03/2026	-19.6299	-42.5877
MUZUSP	10923	Rio Vermelho	Goiás/Brasil	26/02/2027	-14.0775	-49.8622
MUZUSP	10968	Ipameri	Goiás/Brasil	08/07/2027	-16.2844	-47.8448
MUZUSP	54326	Oriximiná, Reserva Indígena Missão Tiriós	Pará/Brasil	15/07/1997	-0.75	-53.2333
MUZUSP	54439	Campo do Desterro- Monte Alegre	Pará/Brasil	12/01/1999	-0.04889	-53.8278
MUZUSP	66772	Esecóbidos- Osóbidos	Pará/Brasil	26/01/2009	0.630556	-54.2722
MUZUSP	23019	Oriximiná, norte do baixo Amazonas	Pará/Brasil	30/07/1937	-0.23803	-54.1353
MUZUSP	37769	Alter do chão- Santarém	Pará/Brasil	16/10/1985	-1.49392	-53.0413
MUZUSP	23026	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará/Brasil	jul/58	-1.55794	-53.3018
MUZUSP	68767	Serra Vermelha- Curimatá	Piauí/Brasil	24/09/2008	-8.30878	-43.761
MUZUSP	68764	Vale do Rio Pratinha- Uruçuí	Piauí/Brasil	31/10/2007	-6.16439	-43.5485
MUZUSP	68763	Eco Resort Nazareth- José de Freitas	Piauí/Brasil	17/05/2003	-3.21667	-41.3833
MUZUSP	43577	Estiva- Alto Parnaíba	Maranhão/Brasil	21/04/1989	-8.73331	-45.4167
MUZUSP	49149	Fazenda Barra das Princesas- Santana do Araguaia	Pará/Brasil	31/07/1992	-8.33	-49.81
MUZUSP	47322	Fazenda Mocambo- Mucugê	Bahia/Brasil	20/09/1991	-12.8333	-40.65
MUZUSP	43891	Rio Lageado, Fazenda Bandeirantes- Baliza	Goiás/Brasil	30/09/1988	-15.8039	-51.455
MUZUSP	19259	Formosa	Goiás/Brasil	16/04/1963	-14.4628	-46.6656
MUZUSP	22978	Barra do Garças	Mato Grosso/Brasil	06/05/1958	-14.105	-51.7386
MUZUSP	22982	Vale dos sonho- Barra do Garças	Mato Grosso/Brasil	17/06/1958	-14.105	-51.7378
MUZUSP	22985	Araguarças	Goiás/Brasil	10/01/1953	-14.1042	-50.7479
MUZUSP	22977	Rio Fresco, Gorotire- Cumarú do Norte	Pará/Brasil	07/08/1957	-6.22839	-50.8692
MUZUSP	177764	Jaboticabal	São Paulo/Brasil	26/09/2000	-20.75	-47.6703
MUZUSP	183932	Rio Beni- Reyes	Bolívia	22/12/1937	-14.708	-66.676
MUZUSP	63352	Grajahu- Maranhão	Maranhão/Brasil	13/10/2024	-4.18212	-45.8493
MUZUSP	63345	Varzea Formosa- Ceará (atualmente se chama Poranga)	Ceará/Brasil	20/02/2025	-3.33726	-39.3403

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
MUZUSP	63354	Alto Parnahyba	Maranhão/Brasil	17/07/2025	-8.88609	-44.0632
MUZUSP	63356	Tranqueira	Maranhão/Brasil	22/08/2025	-8.86258	-45.4828
MUZUSP	151583	SerraniaHuanchaca- 2,5 Km SE Catarata Arco Íris- Departamento Santa Cruz	Bolívia	02/07/1989	-13.404	-65.0477
MUZUSP	67797	PostoGatoride- Rio Fresco	Pará/Brasil	07/07/1957	-7.85329	-50.4622
MUZUSP	319614	Campaneiro Ranch São Francisco, Southern Mato Grosso	Mato grosso do sul	07/07/1930	-21.2135	-54.3801
MUZUSP	245329	Jaguaraquara- Bahia	Bahia/Brasil	05/09/2026	-12.4734	-38.025
MUZUSP	245336	Inacama- Bahia (achei como Iracema)	Bahia/Brasil	06/10/2026	-13.1616	-39.6977
MUZUSP	245313	Morro do chapeú- Bahia	Bahia/Brasil	05/05/2028	-10.4581	-40.8367
MUZUSP	245324	Itiruçu- Bahia	Bahia/Brasil	26/09/2028	-12.4704	-39.8481
MUZUSP	245326	Santa Rita- Bahia	Bahia/Brasil	16/05/2026	-10.9986	-43.478
MUZUSP	245337	Boa Nova- Bahia	Bahia/Brasil	30/05/2028	-13.6348	-39.7924
MUZUSP	245352	Viçosa- Ceará	Ceará/Brasil	nov/26	-3.44972	-41.9083
MUZUSP	245353	Terezina- Pianhy	Pernambuco/Brasil	26/05/2026	-4.86232	-41.236
MUZUSP	513089	Edifício Vitoria- São Paulo	São Paulo/Brasil	05/04/2002	-22.4498	-45.3584
MUZUSP	513088	Campinas- São Paulo	São Paulo/Brasil	03/05/2001	-21.0571	-46.9307
MUZUSP	319611	San Franciso Ranch- southern Mato Grosso	Mato Grosso/Brasil	03/07/1930	-14.3552	-55.9874
MUZUSP	128225	Papagaio R- Utiliarity Salto Bello- Mato Grosso	Mato Grosso/Brasil	29/01/2014	-12.7673	-57.4452
MUZUSP	348846	Rio Beni- El consuelo	Bolívia	29/12/1957	-14.9	-66.0333
MUZUSP	49706	São Marcelo- Bahia	Bahia/Brasil	03/04/2014	-10.9838	-44.4804
MUZUSP	PNCV44	Parque Nacional Chapada dos Veadeiros	Goiás/Brasil	25/10/2017	-13.9611	-46.377
MUZUSP	31620	Pacaraima- Rio Surumu- Vila Surumu	Roráima/Brasil	10/1566	4.495417	-61.2498
MUZUSP	49588	Br 319 km 8 Escola Agrotécnica- Humaitá	Amazonas/Brasil	15/10/1991	-7.52756	-64.6068
MUZUSP	595750	Rancho Grande PklosDeliaias	Venezuela	14/09/1952	10.45605	-67.9955
MUZUSP	605953	Seborucho- Tachira West banks Berbice river- Dubulay Ranch- Berbice District	Venezuela Guyana	20/11/1940 29/03/1996	7.901239 5.666667	-71.8905 -58.1167
MUZUSP	610113	WiwitauMontain- East Rupununi Savannah	Guyana	12/04/2000	2.866667	-58.7333
MUZUSP	49712	Serra da Lua	Amazonas/Brasil	05/03/2013	-2.96714	-64.8673
MUZUSP	108648	Rockstone	Bristish Guyana	31/05/1937	5.976994	-57.4771
MUZUSP	100928	Valle- near Merida	Venezuela	14/01/2003	8.610992	-70.8579
MUZUSP	73644	Ed Bolivar	Venezuela	24/06/1998	6.378831	-62.4279
MUZUSP	441114	Agua salada de cd Bolivar	Venezuela	07/04/2007	7.2	-61.95
MUZUSP	441111	Cuidad Bolivar	Venezuela	14/04/2005	8.095556	-62.4554
MUZUSP	237359	Rio Weiling- R. Kukunam	Venezuela	20/10/2027	5.166667	-59.1833
MUZUSP	150818	Las Trincheiras- Estado Carabobo	Venezuela	02/10/2018	10.30625	-67.912
MUZUSP	49719	El Valle- Mérida	Venezuela	14/11/2011	9.416667	-70.25
MUZUSP	249273	São Jucius de Cucuma- Meta	Colômbia	26/04/1957	3.271992	-72.9123
MUZUSP	100561	Capelinha	Minas Gerais/Brasil	23/07/1967	-16.3078	-41.4911
MUZUSP	37620	Fazena Canoas- Rio Laigo	Alagoas/Brasil	11/10/1951	-9.55639	-37.7097
MUZUSP	14362	Guarapija	Bahia/Brasil	11/02/1933	-11.3552	-38.9298
MUZUSP	84534	Mang. E.S.F.-Foz Poço Coeri- APA Pidoba	Alagoas/Brasil	13/11/2009	-9.52472	-37.71
MUZUSP	98177	Santo Amaro	São Paulo/Brasil	10/04/1970	-22.3463	-45.2933
MUZUSP	25818	São José da Lagoa- Fazenda Boa Esperança	Minas Gerais/Brasil	01/10/1940	-17.6427	-42.2117
MUZUSP	74923	MuseuPaulista	São Paulo/Brasil	08/04/1998	-22.4141	-45.3903
MUZUSP	36378	Parque Nacional do Itatiaia	Rio de Janeiro/Brasil	23/12/1953	-21.6302	-43.3715
MUZUSP	60424	Alfenas	Minas Gerais/Brasil	28/03/1965	-20.5727	-44.5727
MUZUSP	31740	Baixo Rio Corrent- Porto Ferreira	São Paulo/Brasil	11/08/1946	-20.1571	-46.5287
MUZUSP	29798	Bairros dos Alves- Monte Alegre	São Paulo/Brasil	16/06/1944	-21.3012	-45.3185
MUZUSP	80307	Estação Biológica de Boracéia- Boracéia	São Paulo/Brasil	mai/96	-21.5711	-43.029

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date	Lat	Long
MUZUSP	31334	Fazenda Santa Isabel, Ibeti	São Paulo/Brasil	04/05/1945	-22.9391	-45.0734
MUZUSP	81162	E.E Baranal	São Paulo/Brasil	abr/04	-21.3166	-43.6769
MUZUSP	37100	Rio Paracai	Paraná/Brasil	20/01/1954	-22.3278	-52.3602
MUZUSP	61124	Estrada Velha de Campinas Km 3- Pirituba	São Paulo/Brasil	05/07/1965	-22.5199	-45.2634
MUZUSP	24708	Cuca- Orto florestal	São Paulo/Brasil	09/12/1940	-22.5392	-45.3633
MUZUSP	35271	Rio das onças, São Domingos	Mato Grosso/Brasil	23/09/1944	-14.711	-58.9427
MUZUSP	65826	Inhumas	Goiás/Brasil	12/01/1967	-15.627	-48.5037
MUZUSP	86009	Almerara	Minas Gerais/Brasil	23/01/2010	-16.9511	-41.1353
MUZUSP	38589	Cachimbó- Sul do Pará	Pará/Brasil	29/10/1955	-6.86083	-54.6214
MUZUSP	88405	São José do Rio Preto	São Paulo/Brasil	01/07/2006	-19.1722	-48.6556
MUZUSP	88410	Ponto 3- F. araras- Itiquira	Mato Grosso/Brasil	01/09/2009	-16.6042	-53.0636
USNM	65608	Bela Vista	Goiás/Brasil	05/03/1967	-15.0274	-47.045
USNM	31658	Baitaporá	Mato Grosso do sul	26/08/1971	-21.7039	-52.7253
USNM	32691	Brasília	Distrito Federal/Brasil	NC	-14.1385	-46.1227
USNM	43300	Pico do Jabre- mun. Maturéia	Paraíba/Brasil	24/05/1997	-8.73583	-36.6572
USNM	30806	Pindaíba	Mato Grosso/Brasil	17/02/1952	-13.0355	-51.698
USNM	10952	Cachoeira- Rio Paraguassú	Bahia/Brasil	19/08/2026	-11.399	-39.0341
USNM	54438	PA 423 km 4- Monte Alegre	Pará/Brasil	07/01/1999	-0.05611	-53.9375
USNM	68768	Fazenda Bonito- Castelo do Piauí	Piauí/Brasil	08/03/2007	-4.77086	-40.3012
USNM	70537	Engenho Cachoeira Linda- Barreiros	Pernambuco/Brasil	16/06/210	-7.16778	-36.7181
USNM	42196	Fazenda Malhadinha- Riachão	Maranhão/Brasil	26/05/1988	-6.63333	-45.3833
USNM	22983	margem esquerda Rio Araguaia- Conceição do Araguaia	Goiás/Brasil	19/10/1957	-14.7418	-48.7355
USNM	32989	Parque Nacional Matoso- Brasília	Distrito Federal/Brasil	06/07/1978	-14.4667	-47.9333
USNM	19207	Rio Verde	Goiás/Brasil	15/01/1963	-16.2074	-49.0814
USNM	19362	São Gabriel	Goiás/Brasil	20/05/1963	-14.2544	-47.9733
USNM	329579	Cidad Bolivar	Bolívia	10/06/1931	-16.1025	-65.5189
USNM	63347	Codo- Cocos	Maranhão/Brasil	27/07/2024	-3.55722	-42.0114
USNM	245356	Belo Horizonte	Minas Gerais/Brasil	30/06/2026	-18.0738	-42.07
USNM	513115	Alambari- São Paulo	São Paulo/Brasil	06/01/2002	-22.335	-46.0692
USNM	49704	Santo Amaro- Bahia	Bahia/Brasil	16/10/2013	-11.08	-38.3225



**Anexo 2:** Indivíduos amostrados para as análises morfológicas. NC corresponde aos dados faltantes da etiqueta dos museus.

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
AMNH	96904	Rio Uraricoera- Povoado de Vista Alegre	Roraima	05/01/2013
AMNH	82471	Prox. Comunidade Vila Nova- Macapá	Amapá	18/01/2009
AMNH	32774	Macapá	Amapá	05/09/1936
AMNH	27883	Barcelos, Moura, margem esquerda Rio Negro, Pedra do Gavião	Amazonas	05/05/1967
AMNH	21550	Rio Mucajaí- Bela Vista- Território do Rio Branco	Roraima	12/03/1963
AMNH	53650	Fazenda Parabrillo- Itaubal do Piririm	Amapá	23/06/1997
AMNH	28891	Igarapé Ariramba, afluente esquerdo Rio Tartarugal- Tartarugalzinho	Amapá	23/07/1969
AMNH	28893	Estrada do Curiaú km 1, Ilha Curuçá- Ilha Curuçá	Amapá	04/09/1969
AMNH	28888	Estrada do Curiaú km 1, Ilha Curuçá	Amapá	01/09/1969
AMNH	23029	Rio Maruanum- S.F. Amapá	Amapá	11/08/1952
AMNH	23028	Rio Maruanum- S.F. Amapá	Amapá	11/08/1953
AMNH	15114	Território do Amapá	Amapá	20/03/1958
AMNH	53646	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá	26/10/1997
AMNH	53647	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá	26/10/1997
AMNH	46675	BR156 km 48- Campus experimental da Embrapa- Macapá	Amapá	15/10/1990
AMNH	46674	BR156 km 48- Campus experimental da Embrapa- Macapá	Amapá	12/10/1990
AMNH	627520	KusadMoutain, NE Flank South Rupuni Savannah	Guyana	09/11/2000
AMNH	627402	KusadMoutain, NE Flank South Rupuni Savannah	Guyana	06/11/200
AMNH	649106	South Ruunmilkuitau MS.	Guyana	06/10/2005
AMNH	639348	Cuyuni-Mazaruni- Paruimaca 19km N atMtHolibipu	Guyana	21/10/2007
AMNH	515311	Porto Platon- Amapá	Amapá	28/10/1964
AMNH	515312	Porto Platon- Amapá	Amapá	31/10/1964
AMNH	374542	Laver Savannas- Naranama Ranch	Guyana	28/07/1969
AMNH	374541	Laver Savannas- Naranama Ranch	Guyana	26/07/1969
AMNH	49711	Boa Vista	Amazonas	22/07/1939
AMNH	32392	Georgetown	Bristish Guyana	ago/08
AMNH	108648	Rockstone	Bristish Guyana	26/03/1937
AMNH	175549	West Demerara- District Polper at ca 4 km w demerara river	Guyana	08/07/2004
AMNH	35971	Santarém	Pará	25/09/1951
AMNH	18666	Boca do Rio Tapajós- Santarém	Pará	03/05/1935
AMNH	35973	Santarém	Pará	04/09/1951
AMNH	18513	Foz do Rio Tapajós- Santarém	Pará	21/05/1935
AMNH	18511	Foz do Rio Tapajós- Santarém	Pará	20/05/1935
AMNH	10561	Santarém	Pará	1921
AMNH	18514	Foz do Rio Tapajós- Santarém	Pará	06/03/1935
AMNH	18510	Boca do Rio Tapajós- Santarém	Pará	14/07/1984
AMNH	18512	Foz do Rio Tapajós- Santarém	Pará	06/03/1935
AMNH	10562	Santarém	Pará	1921
AMNH	38201	Aldeia do Porto	Maranhão	21/07/1958
AMNH	93122	Sumidoro- Brotas de Macaúba	Bahia	20/05/2011
AMNH	37626	Usinadimitri- Mangabeiras	Alagoas	28/10/1952
AMNH	37618	São Miguel	Alagoas	03/10/1951
AMNH	7405	Vila Nova	Bahia	mar/05

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
AMNH	10117	Ilheus	Bahia	maio/19
AMNH	33804	Ilheus	Bahia	31/08/1944
AMNH	41123	Rio Preto- Santa Rita de Cassia	Bahia	03/09/1958
AMNH	27725	Madre de Deus	Bahia	16/01/1942
AMNH	18600	Tapeira	Pernambuco	18/12/1938
AMNH	39228	UsinaSimumbu	Alagoas	09/02/1957
AMNH	37622	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas	08/11/1951
AMNH	14361	Ilha Madre Deus	Bahia	16/01/1933
AMNH	14367	Ilha Madre Deus	Bahia	27/01/1933
AMNH	41124	Maracujá- municipio Santa Rita	Bahia	14/04/1958
AMNH	37621	Palmerira dos Índios	Alagoas	30/10/1951
AMNH	37625	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas	09/11/1951
AMNH	39227	UsinaSimitri	Alagoas	05/02/1957
AMNH	37628	UsinaSimitri	Alagoas	08/11/1952
AMNH	39225	UsinaSimitri	Alagoas	04/02/1957
AMNH	37627	UsinaSimitri	Alagoas	30/10/1952
AMNH	39226	UsinaSimitri	Alagoas	04/02/1957
AMNH	37623	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas	08/11/1951
AMNH	73556	Fazenda Primavera- Bataiporã	Mato Grosso do Sul	11/12/1992
AMNH	73559	Fazenda Primavera - Bataiporã	Mato Grosso do Sul	14/12/1992
AMNH	65895	Yamanguti- Corrego das Onça- 3 lagos	Mato Grosso	28/11/1964
AMNH	61673	Manhuaçu	Minas Gerais	29/05/1965
AMNH	28762	Madre de Deus	Bahia	26/07/1942
AMNH	65869	Araguatins	Tocantins	08/12/1967
AMNH	65867	Araguatins	Tocantins	06/12/1967
AMNH	65868	Araguatins	Tocantins	27/11/1968
AMNH	53055	Araguatins	Tocantins	25/11/1963
AMNH	53058	Araguatins	Tocantins	19/11/1963
AMNH	17280	Fazenda Recreio - Confresa	Mato Grosso	16/12/1937
AMNH	17882	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso	29/09/1932
AMNH	35270	Rio dos mortos, Pindaíba	Mato Grosso	29/08/1949
AMNH	32590	Xavantina	Mato Grosso	09/10/1946
AMNH	15515	Jaraguari	Mato Grosso do Sul	23/11/1934
AMNH	65884	Goiânia	Goiás	14/10/1967
AMNH	65596	Trindade	Goiás	24/02/1967
AMNH	65825	Goiânia	Goiás	19/09/1966
AMNH	65599	Goiânia	Goiás	28/02/1967
AMNH	65879	Goiânia	Goiás	10/04/1968
AMNH	65892	Goiânia	Goiás	08/10/1967
AMNH	65871	Goiânia	Goiás	09/02/1968
AMNH	65878	Goiânia	Goiás	21/04/1967
AMNH	53061	Goiânia	Goiás	30/06/1963
AMNH	65883	Goiânia	Goiás	07/05/NC
AMNH	65881	Goiânia	Goiás	12/05/1968
AMNH	34078	Goiânia	Goiás	05/08/1949
AMNH	65890	Goiânia	Goiás	19/03/1967

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
AMNH	65872	Hidrolândia	Goiás	02/04/1967
AMNH	75406	E.E Uruçuí	Piauí	18/02/2000
AMNH	65597	Goiânia	Goiás	28/02/1967
AMNH	83388	Pedra Petra, Correntina	Bahia	16/09/2007
AMNH	79806	Mata do Rio Galhã, Mateiro	Tocantins	11/02/2008
AMNH	83387	Pedra Petra, Correntina	Bahia	17/09/2007
AMNH	65873	Nerópolis	Goiás	03/04/1967
AMNH	27848	Fazenda Transversal- Rio Verde	Goiás	18/05/1941
AMNH	53062	Goiânia	Goiás	15/09/1963
AMNH	65593	Trindade	Goiás	02/05/1967
AMNH	27849	Fazenda Transversal- Rio Verde	Goiás	30/09/1941
AMNH	90256	Fazenda Fartura- Santana do Araguaia	Pará	03/09/2010
FIELD	84485	Margem Rio Palmas- Paraná	Tocantins	18/03/2008
FIELD	43527	Serra do Cachimbo- Sudoeste	Pará	16/11/1958
FIELD	80901	Fazenda Guita da Serra- Porto Nacional	Tocantins	17/12/2006
FIELD	65830	São Geraldo	Goiás	07/01/1967
FIELD	UFG4374	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4488	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4491	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4526	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4519	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4521	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4694	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4600	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4643	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4858	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	UFG4341	Carolina	Maranhão	NC
FIELD	10945	Butiri- Cuiabá	Mato Grosso	21/12/1928
FIELD	Terna620	Iramaia	Bahia	07/11/2010
FIELD	1099	Serra do Cachimbo	Pará	10/12/1954
FIELD	47631	Guzraí	Tocantins	06/08/2010
FIELD	10238	Chapada	Mato Grosso	07/06/1903
FIELD	10230	Chapada	Mato Grosso	13/10/1989
MPEG	7057	Chapada	Mato Grosso	1982
MPEG	10966	Butiri- Cuiabá	Mato Grosso	16/01/1929
MPEG	10969	Butiri- Cuiabá	Mato Grosso	18/12/1928
MPEG	30799	Garopã	Mato Grosso	18/12/1952
MPEG	10216	Serra Geral	Goiás	NC
MPEG	10215	Serra Geral	Goiás	NC
MPEG	10924	Coxim	Mato Grosso	mar/91
MPEG	24805	Doisirmãos- Recife	Pernambuco	28/08/1944
MPEG	24806	Doisirmãos- Recife	Pernambuco	07/08/1944
MPEG	10936	Rio São Miguel	Goiás	31/01/1930
MPEG	10934	Rio São Miguel	Goiás	25/01/1930
MPEG	10941	Rio São Miguel	Goiás	22/01/1930
MPEG	10214	Serra Geral	Goiás	NC

Continua

<b>Museum</b>	<b>Number museum</b>	<b>Locality</b>	<b>State/ Country</b>	<b>Collection Date</b>
MPEG	30797	Xavantina	Mato Grosso	28/02/1953
MPEG	30802	Xavantina	Mato Grosso	19/01/1952
MPEG	10965	Brejo Januária- Rio São Francisco	Minas Gerais	23/02/1926
MPEG	10925	Rio Paraguassu- Cachoeira	Bahia	03/08/1926
MPEG	6817	Rio Araguaia	Goiás	12/07/1927
MPEG	10923	Rio Vermelho	Goiás	26/02/1927
MPEG	10935	Brejo Januária- Rio São Francisco	Minas Gerais	30/02/1926
MPEG	10967	Rio Paraguassu- Cachoeira	Bahia	17/08/1926
MPEG	54326	Oriximiná, Reserva Indígena Missão Tiriós	Pará	15/07/1997
MPEG	54439	Campo do Desterro- Monte Alegre	Pará	12/01/1999
MPEG	66772	Esecóbidos- Osóbidos	Pará	26/01/2009
MPEG	66771	Esecóbidos- Osóbidos	Pará	31/01/2009
MPEG	23019	Oriximiná, norte do baixo Amazonas	Pará	30/07/1937
MPEG	37769	Alter do chão- Santarém	Pará	16/10/1985
MPEG	37768	Alter do chão- Santarém	Pará	16/10/1985
MPEG	3367	Santarém	Pará	jan/03
MPEG	23026	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	jul/58
MPEG	15113	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	30/06/1958
MPEG	17791	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	jun/60
MPEG	20683	Araguatins	Tocantins	13/10/1963
MPEG	68767	Serra Vermelha- Curimatá	Piauí	24/09/2008
MPEG	68764	Vale do Rio Pratinha- Uruçuí	Piauí	31/10/2007
MPEG	68763	Eco Resort Nazareth- José de Freitas	Piauí	17/05/2003
MPEG	43577	Estiva- Alto Parnaíba	Maranhão	21/04/1989
MPEG	43576	Estiva- Alto Parnaíba	Maranhão	13/04/1989
MPEG	80294	Salvaterra, PA 154 km 05- Ilha do Marajó	Pará	28/10/2014
MPEG	80314	Salvaterra, PA 154 km 05- Ilha do Marajó	Pará	28/10/2014
MPEG	49149	Fazenda Barra das Princesas- Santana do Araguaia	Pará	31/07/1992
MPEG	70806	Ecoparque de UMA- Ilhéús	Bahia	02/08/2010
MPEG	47322	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	20/09/1991
MPEG	47323	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	21/09/1991
MPEG	43891	Rio Lageado, Fazenda Bandeirantes- Baliza	Goiás	30/09/1988
MPEG	22978	Barra do Garças	Mato Grosso	06/05/1958
MPEG	22981	Barra do Garças	Mato Grosso	10/04/1958
MPEG	22982	Vale dos sonhos- Barra do Garças	Mato Grosso	17/06/1958
MPEG	22985	Araguarças	Goiás	10/01/1953
MPEG	22986	Barra do Garças	Mato Grosso	19/04/1958
MPEG	38966	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso	11/01/1989
MPEG	22977	Rio Fresco, Gorotire- Cumaru do Norte	Pará	07/08/1957
MPEG	38964	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso	17/01/1987
MPEG	17870	Serra do Cachimbo, leste Rio Teles Pires- Novo Progresso	Pará	04/08/1960
MPEG	370513	Rio Tapajós- Santarém	Pará	26/08/1934
MPEG	118528	Chapada	Mato Grosso	05/10/1989
MPEG	124837	Chapada	Mato Grosso	13/03/1980
MPEG	124838	Chapada	Mato Grosso	abr/83
MPEG	183932	Rio Beni- Reyes	Bolívia	22/12/1937

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
MPEG	63352	Grajahu- Maranhão	Maranhão	13/10/1924
MPEG	63350	Grajahu- Maranhão	Maranhão	17/10/1924
MPEG	63354	Alto Parnahyba	Maranhão	17/07/1925
MPEG	63356	Tranqueira	Maranhão	22/08/1925
MPEG	151583	SerraniaHuanchaca- 2,5 Km SE Catarata Arco Íris- Departamento Santa Cruz	Bolívia	02/07/1989
MPEG	67801	Serra do cachimbo- Pará	Pará	27/11/1958
MPEG	15182	SerraniaHuanchaca- 2,5 Km SE Catarata Arco Íris- Departamento Santa Cruz	Bolívia	16/07/1989
MPEG	67800	Serra do cachimbo	Pará	21/11/1958
MPEG	151578	SerraniaHuanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolívia	10/07/1989
MPEG	15184	Serrania Huanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolívia	08/10/1989
MPEG	67799	Serra do cachimbo	Pará	14/01/1962
MPEG	67802	Rio Araguaia	Goiás	10/05/1958
MPEG	67806	Rio Araguaia- Aragarças	Goiás	30/03/1958
MPEG	151577	Serrania Huanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolívia	09/07/1989
MPEG	67803	Rio Araguaia- Aragarças	Goiás	24/08/1958
MPEG	67797	PostoGatoride- Rio Fresco	Pará	07/07/1957
MPEG	30932	Goiânia	Goiás	09/02/1963
MPEG	67804	Rio Araguaia- Aragarças	Goiás	17/10/1958
MPEG	428922	Rio Tapajós- Santarém	Pará	23/03/1931
MPEG	428923	Rio Tapajós- Santarém	Pará	23/03/1931
MPEG	428124	Rio Tapajós- Santarém	Pará	05/08/1931
MPEG	428927	Rio Tapajós- Santarém	Pará	09/08/1931
MPEG	428930	Rio Tapajós- Santarém	Pará	08/08/1931
MPEG	428926	Rio Tapajós- Santarém	Pará	01/08/1931
MPEG	428929	Rio Tapajós- Santarém	Pará	09/08/1931
MPEG	428928	Rio Tapajós- Santarém	Pará	06/08/1931
MPEG	319614	Campaneiro Ranch São Francisco, Southern Mato Grosso	Mato grosso	07/07/1930
MPEG	245329	Jaguaraquara- Bahia	Bahia	05/09/1926
MPEG	245336	Inacama- Bahia (achei como Iracema)	Bahia	06/10/1926
LSUMZ	245313	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	05/05/2028
LSUMZ	245324	Itiruçu- Bahia	Bahia	26/09/1928
LSUMZ	245328	Jaguaraquara-cent/orient- Bahia	Bahia	set/26
LSUMZ	245315	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	04/05/2028
LSUMZ	245332	Jaguaraquara- cent/orient- Bahia	Bahia	06/09/1926
LSUMZ	245326	Santa Rita- Bahia	Bahia	16/05/1926
LSUMZ	245319	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	08/05/2028
LSUMZ	245340	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	jun/27
LSUMZ	245316	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	04/05/2028
LSUMZ	245330	Jaguaraquara- Bahia	Bahia	05/09/1927
LSUMZ	245337	Boa Nova- Bahia	Bahia	30/05/2028
LSUMZ	245341	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	06/02/1927
LSUMZ	245353	Terezina- Pianhy	Piauí	26/05/1926
LSUMZ	245339	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	07/02/1927
LSUMZ	513085	São Lourenço- Pernambuco	Pernambuco	27/07/2003
LSUMZ	513086	Lourenço- Pernambuco	Pernambuco	24/07/2003
LSUMZ	513073	Ilheus / Bahia	Bahia	NC

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
LSUMZ	319611	San Franciso Ranch- southern Mato Grosso	Mato Grosso	03/07/1930
LSUMZ	319612	Campanario- San Franciso Ranch- souther Mato Grosso	Mato Grosso	09/06/1930
LSUMZ	513098	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	out/82
LSUMZ	31608	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	22/-/85
MNRJ	31684	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	29/-/83
MNRJ	31647	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	16/05/1985
MNRJ	58073	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	06/11/1983
MNRJ	31662	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	31/08/1982
MNRJ	513100	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	17/12/1982
MNRJ	31614	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	09/04/1983
MNRJ	31629	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	14/04/1985
MNRJ	31606	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	12/03/1985
MNRJ	31665	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	19/08/1982
MNRJ	31690	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	30/09/-
MNRJ	58061	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	11/01/1983
MNRJ	31628	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	06/04/1985
MNRJ	58055	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	04/10/1982
MNRJ	31673	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	09/10/1982
MNRJ	31643	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	28/04/1985
MNRJ	31649	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	19/03/1985
MNRJ	513102	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	09/04/1983
MNRJ	316250	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	02/04/1985
MNRJ	58076	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	28/28/85
MNRJ	31596	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	20/01/1983
MNRJ	31609	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	02/03/1983
MNRJ	63358	Tranqueira- Maranhão	Maranhão	31/08/1925
MNRJ	128225	Papagaio R- Utiliarity Salto Bello- Mato Grosso	Mato Grosso	29/01/1914
MNRJ	348846	Rio Beni- El consuelo	Bolívia	29/12/1957
MNRJ	49706	São Marcelo- Bahia	Bahia	03/04/1914
MNRJ	31620	Pacaraima- Rio Surumu- Vila Surumu	Roráima	10/1566
MNRJ	28889	Estrada do Curiaú km 1, Ilha Curuçá - Macapá	Amapá	02/09/1969
MNRJ	28892	Estrada do Curiaú km 1- Ilha Curuçá- Macapá	Amapá	10/08/1969
MNRJ	53645	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá	25/10/1997
MNRJ	53648	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá	26/10/1997
MNRJ	53649	Fazenda Cassimiro- Tartarugalzinho	Amapá	26/10/1997
MNRJ	46677	BR156 km 48- Campus experimental da Embrapa- Macapá	Amapá	20/10/1990
MNRJ	49588	Br 319 km 8 Escola Agrotécnica- Humaitá	Amazonas	15/10/1991
MNRJ	46676	Campus Exp. da EMBRAPA, BR156 km 48- Macapá	Amapá	15/10/1990
MNRJ	515310	Porto Platon- Amapá	Amapá	28/10/1964
MNRJ	610113	West banks Berbice river- Dubulay Ranch- Berbice District	Guyana	29/03/1996
MNRJ	626196	WiwitauMountain- East Rupununi Savannah	Guyana	12/04/2000
MNRJ	627391	KusadMoutain, NE Flank South Rupuni Savannah	Guyana	03/11/2000
MNRJ	639178	Cuyuni-Mazaruni- Paruimaca 19km N atMtHolibipu	Guyana	20/02/2007
MNRJ	32391	Georgetown	Bristish Guyana	08/1908
MNRJ	49712	Serra da Lua	Amazonas	05/03/1913
MNRJ	108648	Rockstone	Bristish Guyana	31/05/1937

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
MNRJ	49707	Boa Vista	Amazonas	02/12/1912
MNRJ	49708	Boa Vista	Amazonas	31/01/1913
MNRJ	175548	West Demerara- District Polper at ca 4 km w demerara river	Guyana	08/07/2004
MUZUSP	18664	Boca do Rio Tapajós- Santarém	Pará	05/05/1935
MUZUSP	37624	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas	8/11/1851
MUZUSP	38202	Aldeia do Porto	Maranhão	21/01/1955
MUZUSP	39230	Engenho Riachão- Quebangulo	Alagoas	06/04/1957
MUZUSP	39229	UsinaSimimbu	Alagoas	27/02/1957
MUZUSP	37619	São Miguel	Alagoas	03/10/1951
MUZUSP	37620	Fazena Canoas- Rio Laigo	Alagoas	11/10/1951
MUZUSP	14362	Guarapija	Bahia	11/02/1933
MUZUSP	84534	Mang. E.S.F.-Foz Poço Coeri- APA Pidoba	Alagoas	13/11/2009
MUZUSP	73557	Fazenda Primavera- Bataipeira	Mato Grosso do Sul	11/12/1992
MUZUSP	73558	Fazenda Primavera- Bataiporã	Mato Grosso do Sul	11/12/1992
MUZUSP	53060	Araguatins	Tocantins	24/11/1963
MUZUSP	53059	Araguatins	Tocantins	19/11/1963
MUZUSP	65821	Araguatins	Tocantins	11/12/1966
MUZUSP	17281	Fazenda Recreio - Confresa	Mato Grosso	07/08/1937
MUZUSP	32591	Xavantina	Mato Grosso	05/10/1946
MUZUSP	35271	Rio das onças, São Domingos	Mato Grosso	23/09/1944
MUZUSP	17279	Chapada	Mato Grosso	04/10/1937
MUZUSP	32615	Xavantina	Mato Grosso	10/01/1947
MUZUSP	65589	Goiânia	Goiás	17/03/1967
MUZUSP	65886	Goiânia	Goiás	out/67
MUZUSP	65880	Goiânia	Goiás	21/04/1967
MUZUSP	65598	Goiânia	Goiás	28/02/1967
MUZUSP	70473	Hidrolândia	Goiás	02/04/1967
MUZUSP	70471	Goiânia	Goiás	17/05/1968
MUZUSP	65889	Goiânia	Goiás	17/09/1967
MUZUSP	65591	Trindade	Goiás	02/05/1967
MUZUSP	65894	Goiânia	Goiás	07/05/1967
MUZUSP	38203	Aldeia do Porto	Maranhão	21/02/1915
MUZUSP	65824	Goiânia	Goiás	17/01/1967
MUZUSP	65605	Hidrolândia	Goiás	12/03/1967
MUZUSP	65823	Goiânia	Goiás	17/01/1967
MUZUSP	65602	Goiânia	Goiás	28/02/1967
MUZUSP	65826	Inhumas	Goiás	12/01/1967
MUZUSP	27850	Fazenda Transversal- Rio Verde	Goiás	17/09/1941
MUZUSP	65887	Goiânia	Goiás	03/07/1967
MUZUSP	65600	Goiânia	Goiás	28/02/1967
MUZUSP	65601	Goiânia	Goiás	28/02/1967
MUZUSP	75407	E.E Uruçuí	Piauí	24/02/2000
MUZUSP	65604	Hidrolândia	Goiás	12/03/1967
MUZUSP	65588	Goiânia	Goiás	19/03/1967
MUZUSP	80902	Fazenda Gruta da Serra- Porto Nacional	Tocantins	17/12/2006
MUZUSP	88410	Ponto 3- F. araras- Itiquira	Mato Grosso	01/09/2009

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
MUZUSP	90257	Fazenda Fartura- Santana do Araguaia	Pará	03/09/2010
MUZUSP	83389	Pedra Petra, Correntina	Bahia	16/09/2007
MUZUSP	65608	Bela Vista	Goiás	05/03/1967
MUZUSP	65885	Goiânia	Goiás	09/04/1967
MUZUSP	65877	Goiânia	Goiás	21/04/1967
MUZUSP	65603	Hidrolândia	Goiás	12/03/1967
MUZUSP	UFG4399	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4593	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4599	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4642	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4823	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4848	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	UFG4755	Carolina	Maranhão	NC
MUZUSP	31658	Baitaporá	Mato Grosso	26/08/1971
MUZUSP	33304	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso	09/08/1983
MUZUSP	10237	Chapada	Mato Grosso	11/02/1982
MUZUSP	10235	Chapada	Mato Grosso	17/10/1982
MUZUSP	10242	Chapada	Mato Grosso	NC
MUZUSP	50174	Iramaia	Bahia	04/11/2010
MUZUSP	30800	Xavantina	Mato Grosso	26/02/1953
MUZUSP	24807	Doisirmãos	Pernambuco	22/10/1944
MUZUSP	10231	Chapada	Mato Grosso	02/05/1983
MUZUSP	10228	Chapada	Mato Grosso	1982
MUZUSP	30806	Pindaíba	Mato Grosso	17/02/1952
MUZUSP	30811	Pindaíba	Mato Grosso	12/02/1952
MUZUSP	30801	Araguarças	Goiás	18/06/1952
MUZUSP	10948	Rio Vermelho	Goiás	26/07/1927
MUZUSP	10958	Buriti- Cuiabá	Mato Grosso	28/07/1928
MUZUSP	10952	Cachoeira- Rio Paraguassú	Bahia	19/08/1926
MUZUSP	10953	Cachoeira- Rio Paraguassú	Bahia	21/08/1926
MUZUSP	23020	Rio Tapajós- Santarém	Pará	14/01/1934
MUZUSP	66774	Esecóbidos- Osóbidos	Pará	26/01/2009
MUZUSP	66773	Esecóbidos- Osóbidos	Pará	26/01/2009
MUZUSP	54438	PA 423 km 4- Monte Alegre	Pará	07/01/1999
MUZUSP	23027	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	03/07/1958
MUZUSP	23024	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	30/06/1958
MUZUSP	23025	margem direita Rio Tapajós- Santarém	Pará	02/07/1958
MUZUSP	68768	Fazenda Bonito- Castelo do Piauí	Pauí	08/03/2007
MUZUSP	70537	Engenho Cachoeira Linda- Barreiros	Pernambuco	16/06/210
MUZUSP	43579	Estiva- Alto Parnaíba	Maranhão	21/04/1989
MUZUSP	43578	Estiva- Alto Parnaíba	Maranhão	22/04/1989
MUZUSP	42196	Fazenda Malhadinha- Riachão	Maranhão	26/05/1988
MUZUSP	22983	margem esquerda Rio Araguaia- Conceição do Araguaia	Goiás	19/10/1957
MUZUSP	22980	margem esquerda Rio Araguaia- Conceição do Araguaia	Goiás	20/09/1957
MUZUSP	22979	margem esquerda Rio Araguaia- Conceição do Araguaia	Goiás	07/10/1957
MUZUSP	47326	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	19/09/1991

Continua



Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
MUZUSP	47327	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	21/09/1991
MUZUSP	47328	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	18/09/1991
MUZUSP	47329	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	21/09/1991
MUZUSP	47330	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	19/09/1991
MUZUSP	47324	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	19/09/1991
MUZUSP	47325	Fazenda Mocambo, 20 km S da Sede Municipal - Mucugê	Bahia	19/09/1991
MUZUSP	22502	Goiânia	Goiás	20/05/1964
MUZUSP	19207	Rio Verde	Goiás	15/01/1963
MUZUSP	19578	Goiânia	Goiás	09/02/1963
MUZUSP	19630	Goiânia	Goiás	12/11/1962
MUZUSP	21885	Goiânia	Goiás	09/01/1964
MUZUSP	22467	Goiânia	Goiás	18/03/1964
MUZUSP	22487	Goiânia	Goiás	20/03/1964
MUZUSP	38965	Chapada dos Guimarães	Mato Grosso	17/01/1987
MUZUSP	16404	Serra do Cachimbo, leste Rio Teles Pires- Novo Progresso	Pará	21/11/1958
MUZUSP	17871	Serra do Cachimbo, leste Rio Teles Pires- Novo Progresso	Pará	04/08/1960
MUZUSP	22976	Rio Fresco, Gorotire- Cumarú do Norte	Pará	07/08/1957
MUZUSP	329579	Cidad Bolívar	Bolívia	10/06/1931
MUZUSP	516123	Goiânia	Goiás	09/01/1964
MUZUSP	118529	Chapada	Mato Grosso	12/05/1985
MUZUSP	124841	chapada	Mato Grosso	15/04/1985
MUZUSP	63349	Grajahu- Maranhão	Maranhão	17/10/1924
MUZUSP	63347	Codo- Cocos	Maranhão	27/07/1924
MUZUSP	151581	Serrania Huanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolívia	15/07/1989
MUZUSP	67798	Serra do cachimbo	Pará	13/01/1962
MUZUSP	151576	Serrania Huanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolivia	26/07/1989
MUZUSP	30933	Nerópolis	Goiás	17/11/1962
MUZUSP	151579	Serralhia de Huanchaca- Departamento Santa Cruz	Bolivia	14/07/1989
MUZUSP	428925	Rio Tapajós- Santarém	Pará	06/08/1931
MUZUSP	148924	Santarém	Pará	20/04/1915
MUZUSP	31599	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	01/02/1983
MUZUSP	245327	Santa Rita- Bahia	Bahia	16/05/1926
MUZUSP	245319	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	03/05/2028
MUZUSP	245321	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	06/05/2028
MUZUSP	245338	Boa Nova- Bahia	Bahia	05/06/1928
MUZUSP	245343	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	04/02/1927
MUZUSP	245334	Jaguaraquara- centro/orinte Bahia	Bahia	06/09/1927
MUZUSP	245317	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	04/05/2028
MUZUSP	245320	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	02/05/2028
MUZUSP	245354	Terezina- Pianhy	Piauí	01/05/1926
MUZUSP	245345	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	06/02/1927
MUZUSP	245344	Garanhuns - Pernambuco	Pernambuco	07/02/1927
MUZUSP	245318	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	06/05/2028
MUZUSP	245322	Morro do chapeú- Bahia	Bahia	07/05/2028
MUZUSP	513071	Ilheus- Bahia	Bahia	NC
MUZUSP	513101	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	31/01/1983

Continua

Museum	Number museum	Locality	State/ Country	Collection Date
MUZUSP	31548	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	20/01/1983
MUZUSP	31642	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	09/04/1985
MUZUSP	31601	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	jan/83
MUZUSP	58075	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	06/06/1985
MUZUSP	58071	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	25/07/1983
MUZUSP	31093	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	05/09/1985
MUZUSP	513096	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	28/04/1985
MUZUSP	513097	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	07/10/1983
MUZUSP	31675	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	28/10/1982
MUZUSP	58063	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	01/1883
MUZUSP	31652	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	10/05/1983
MUZUSP	31680	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	20/10/1985
MUZUSP	31600	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	04/01/1983
MUZUSP	31677	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	18/10/1983
USNM	31630	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	18/04/1985
USNM	31696	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	12/1882
USNM	31619	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	02/04/1986
USNM	58078	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	05/09/1985
USNM	31634	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	24/04/1985
USNM	31657	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	18/07/1983
USNM	31632	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	02/04/1985
USNM	31670	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	09/08/1982
USNM	31644	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	03/10/1982
USNM	31668	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	17/08/1983
USNM	31611	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	20/05/1985
USNM	31633	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	18/04/1985
USNM	31635	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	14/04/1985
USNM	316005	Chapada- Mato Grosso	Mato Grosso	02/1883
USNM	319615	Campanário- San Francisco Ranch- southern Mato Grosso	Mato Grosso	07/07/1930
USNM	49704	Santo Amaro- Bahia	Bahia	16/10/1913
USNM	49705	São Marcelo- Bahia	Bahia	12/04/1914
USNM	35972	Santarém	Pará	NC
USNM	18665	Boca do Rio Tapajós- Santarém	Pará	NC

**Anexo 3:** Relação de iniciadores utilizados (5'-3') utilizados. Gene ND2 com iniciadores externos\* e internos \*\*, e para o fragmento nuclear MUSK e TGFB2 e seus respectivos iniciadores.

<b>Segmento</b>	<b>Iniciador</b>	<b>Sequência</b>	<b>Autor</b>
ND2	Lmet *	GGA CCA TAC CCC GAA AAT GA	Sorenson <i>et al.</i> , 1999
	H6313*	CTC TTA TTT AAG GCT TTG AAG GC	Sorenson <i>et al.</i> , 1999
	L5758**	GGC TGA ATR GGM CTN AAY CAR AC	Sorenson <i>et al.</i> , 1999
	L5766**	GGC TGA ATR GGM CTN AAY CAR AC	Sorenson <i>et al.</i> , 1999
MUSK	13F	CTT CCA TGC ACT ACA ATG GGA AA	Clark & Witt, 2006
	13R	CTC TGA ACA TTG TGG ATC CTC AA	Clark & Witt, 2006
TGFB2	TGFB2-5F	GAA GCG TGC TCT AGA TGC TG	Primmer <i>et al.</i> , 2002
	TGFB2-6R	AGG CAG CAA TTA TCCTGC AC	Primmer <i>et al.</i> , 2002

**Anexo 4:** Relação das cores da plumagem de *Stilpnia cayana* para machos e fêmeas de cada estado de caráter.

**- Cor do Pêlo:**

Estados de caráter 2- **Dark brown:** Strong brown (7.5YR4/6, 7.5YR5/6, 7.5YR5/8); Dark yellowish brown (10YR4/4, 10YR4/6); Yellowish brown (10YR5/6; 10YR5/8).

Estado de caráter 3- **Light brown:** Brownish yellow (10YR6/8, 10YR6/6), Light olive brown (10YR5/8).

Estado de caráter 4- **Dark olive:** Olive (5Y5/3), Olive yellow (5Y6/8), Light olive brown (2.5Y5/6, 2.5Y5/8), Olive gray (5Y4/2), Olive brown (2.5Y5/4, 2.5Y5/6, 2.5Y5/8), Light grayish olive (10Y5GY10Y6/2).

Estado de caráter 5- **Light olive:** Olive yellow (2.5Y6/6, 2.5Y8/8).

Estado de caráter 9 – **Darkyellow:** Yellow (5Y7/8, 5Y8/6, 5Y8/8).

Estado de caráter 10- **Medium yellow:** Yellow (2.5Y7/6, 2.5Y7/8, 2.5Y8/8) Pale yellow (5Y8/4).

Estado de caráter 11- **Light yellow:** Yellow (10YR6/8, 10YR7/8, 10YR8/8).

**- Cor do Dorso:**

Estado de caráter 2 - **Dark brown:** Olive brown (2.5Y4/4); Yellowish brown (10YR5/8).

Estado de caráter 3- **Light brown:** Brownish yellow (10YR6/8), Pale brown (2.5Y8/4).

Estado de caráter 4- **Dark olive:** Olive (5Y4/3, 5Y5/4, 5Y4/4, 5Y5/6, 10Y5GY10Y4/4); Olive yellow (5Y6/6, 5Y6/8); Pale olive (5Y6/3, 10Y5GY10Y6/4); Light olive brown (2.5Y5/6); Light grayish olive (10Y5GY10Y6/2); Grayish olive (10Y5GY10Y5/2); Light grayish green (10Y5GY5GY6/2); Light olive (10Y5GY10Y5/4); Dark grayish olive (10Y5GY10Y4/2).

Estado de caráter 5- **Light olive:** Olive yellow (2.5Y6/8)

Estado de caráter 6- **Dark green:** Dark olive green (10Y5GY5GY3/4); Greenish gray (Gley(2)6/1/10BG); Light olive green (10Y5GY5GY4/4); Olive green (10Y5GY5GY4/4)

Estado de caráter 7- **Medium green:** Grayish green (Gley(1)4/2/5G-/2, Gley(1)5/2/5G\_/2); Pale green (Gley(1)6/2/5G-/2, Gley(2)7/2/5G-/2); Light grayish green (10Y5GY5GY6/2); Pale yellowish green (10Y5GY5GY6/4); Light olive gray (10Y5GY5GY5/4).

Estado de caráter 8- **Light green:** Light greenish gray (Gley(1)7/1/5G-/1); Pale yellowish green (10Y5GY5GY6/4)

Estado de caráter 9- **Dark yellow:** Yellow (5Y7/6, 5Y7/8, 5Y8/6, 5Y8/8)

Estado de caráter 10- **Medium yellow:** Yellow (2.5Y7/6, 2.5Y7/8, 2.5Y8/6, 2.5Y8/8).

Estado de caráter 11- **Light yellow:** Pale yellow (5Y7/4, 5Y7/8, 5Y8/4); Yellow (10YR7/6, 10YR7/8, 10YR8/6, 10YR8/8).

Estado de caráter 12- **Darkgray:** Dark gray (5Y4/4).

Estado de caráter 14- **Light gray:** Light gray (5Y7/2).

**- Cor do loro e aurícula:**

Estado de caráter 1- **Black.**

Estado de caráter 4- **Dark Olive:** Olive (5Y4/3, 5Y5/3, 5Y5/4, 5Y5/6); Pale olive (5Y6/3, 5Y6/4); Light olivebrown (2.5Y5/6); Grayish green (5Y5/2).

Estado de caráter 5- **Light olive:** Pale yellow (5Y7/4).

Estado de caráter 12- **Darkgray:** Dark gray (5Y4/1); Very dark gray (5Y3/1).

Estado de caráter 13- **Mediumgray:** Olive gray (5Y4/2, 5Y5/2); Gray (10YR5/1, 5Y5/1, 5Y5/2, 5Y6/1); Light olive gray (5Y6/2); Light greenish gray (Gley(1)7/1/5GY).

Estado de caráter 14- **Light gray:** Light gray (5Y7/2).

### **- Cor da Garganta:**

Estado de caráter 1- **Black.**

Estado de caráter 3- **Light brown:** Pale brown (2.5Y7/4).

Estado de caráter 4- **Darkolive:** Olive (5Y4/3, 5Y5/3); Olive gray (5Y5/2); Olive yellow (5Y6/6); Pale olive (5Y6/3, 5Y6/4) Grayish olive (10Y5GY10Y5/2); Light grayish olive (10Y5GY10Y6/2), Light grayish green (10Y5GY5GY6/2).

Estado de caráter 6- **Dark green:** Greenish gray (Gley(1)5/1/5GY, Gley(1)5/1/5G-/1, Gley(1)5/1/10GY, Gley(1)6/1/5GY, Gley(1)6/1/10GY, Gley(1)7/1/5GY)

Estado de caráter 7- **Medium green:** Pale green (Gley(1)6/2/5G\_/2); Light greenish gray (Gley(1)7/1/10Y, Gley(1)7/1/5GY).

Estado de caráter 8- **Light green:** Pale yellowish green (10Y5GY5GY6/4).

Estado de caráter 9- **Darkyellow:** Yellow (5Y7/6).

Estado de caráter 11- **Light yellow:** Pale yellow (5Y7/3, 5Y7/4, 5Y8/2, 5Y8/3); Yellow (10YR7/6).

Estado de caráter 12- **Dark gray:** Dark gray (5Y4/1); Very dark gray (5Y3/1); Dark olive gray (5Y3/2).

Estado de caráter 13- **Mediumgray:** Gray (5Y5/1, 5Y6/1, Gley(1)6/\_/N); Light olive gray (5Y6/2).

Estado de caráter 14- **Light gray:** Light gray (5Y7/1, 5Y7/2); White (5Y8/1).

Estado de caráter 15- **Dark blue:** Dark bluish gray (Gley(2)4/1/10B, Gley(2)4/1/5B, Gley(2)4/1/5PB).

Estado de caráter 16- **Light blue:** Bluish gray (Gley(2)5/1/10B, Gley(1)5/1/5B, Gley(1)5/1/5PB, Gley(2)6/1/10B, Gley(2)6/1/5B, Gley(2)6/1/5PB); Greenish gray (Gley(2)5/1/10BG, Gley(2)5/1/10G, Gley(2)5/1/5BG, Gley(2)6/1/10BG, Gley(2)6/1/10G, Gley(2)6/1/5BG); Light bluish gray (Gley(2)7/1/5PB); Light greenish gray (Gley(2)7/1/5PB, Gley(2)7/1/10G, Gley(2)7/1/10BG).

### **- Cor do Peito:**

Estado de caráter 1- **Black.**

Estado de caráter 3- **Light brown:** Brownish yellow (10YR6/6); Pale brown (2.5Y7/4, 10YR6/3).

Estado de caráter 4- **Dark olive:** Olive (5Y4/3, 5Y4/4, 5Y5/3, 5Y5/4, 5Y5/6); Olive yellow (5Y6/6, 5Y6/8); Pale olive (5Y6/3, 5Y6/4, 10Y5GY10Y6/4); Dark grayish olive (10Y5GY10Y4/2); Grayish olive (10Y5GY10Y5/2); Olive gray (5Y4/2, 5Y5/2); Light grayish green (10Y5GY5GY6/2), Light grayish olive (10Y5GY10Y6/2).

Estado de caráter 5- **Light olive:** Light yellowish brown (2.5Y6/3, 2.5Y6/4).

Estado de caráter 6- **Dark green:** Dark grayish olive (10Y5GY5GY4/2); Dark grayish olive (10Y5GY10Y4/2); Grayish green (10Y5GY5GY5/2); Greenish gray (Gley(1)5/1/5GY, Gley(1)6/1/10GY, Gley(1)6/1/5GY);

Estado de caráter 7- **Mediumgreen:** Pale green (Gley(1)6/2/5G\_/2, Gley(2)7/2/5G\_/2).

Estado de caráter 8- **Light green:** Pale yellowish green (10Y5GY5GY6/4); Light yellowish green (10Y5GY10Y6/2); Light greenish gray (Gley(1)7/1/5GY).

Estado de caráter 9- **Darkyellow:** Yellow (5Y7/8, 5Y7/6, 5Y8/6).

Estado de caráter 10- **Mediumyellow:** Yellow (2.5Y7/6, 2.5Y8/6).

Estado de caráter 11- **Light yellow:** Pale yellow (5Y6/3, 5Y7/3, 5Y7/4, 5Y8/2, 5Y8/3, 5Y8/4) Yellow (10YR7/6).

Estado de caráter 12- **Dark gray:** Dark gray (5Y4/1); Very dark gray (5Y3/1), Dark grayish olive (10Y5GY10Y4/2).

Estado de caráter 13- **Mediumgray:** Gray (5Y5/1); Light olive gray (5Y6/2).

Estado de caráter 14- **Light gray:** Light gray (5Y7/1, 5Y7/2).

Estado de caráter 15- **Dark blue:**Dark bluish gray (Gley(2)4/1/10B).

Estado de caráter 16- **Light blue:** Light bluish gray (Gley(2)7/1/5B, Gley(2)7/1/5PB); Light greenish gray (Gley(2)7/1/5BG, Gley(2)7/1/10BG), Bluish gray (Gley(2)5/1/10B, Gley(2)6/1/5B).

### **- Cor do Abdmên:**

Estado de caráter 1- **Black.**

Estado de caráter 3- **Light brown:** Brownish yellow (10YR6/8); Pale brown (2.5Y7/4, 2.5Y8/4).

Estado de caráter 4- **Dark olive:** Olive (5Y4/3, 5Y5/3, 5Y5/4, 5Y5/6); Olive yellow (5Y6/6, 5Y6/8); Pale olive (5Y6/3, 5Y6/4, 10Y5GY10Y6/4); Dark grayish olive (10Y5GY10Y4/2); Grayish olive (10Y5GY10Y5/2); Olive gray (5Y4/2, 5Y5/2); Light grayish green (10Y5GY5GY6/2), Light grayish olive (10Y5GY10Y6/2).

Estado de caráter 5- **Light olive:** Light yellowish brown (2.5Y6/3, 2.5Y6/4), Light brownish gray (2.5Y6/2); Olive yellow (2.5Y6/6, 2.5Y6/8).

Estado de caráter 6- **Dark green:** Grayish green (10Y5GY5GY5/2); Greenish gray (Gley(1)5/1/5GY, Gley(1)6/1/10GY, Gley(1)6/1/10Y);

Estado de caráter 8- **Light green:** Pale yellowish green (10Y5GY5GY6/4); Light greenish gray (Gley(1)7/1/10Y).

Estado de caráter 9- **Dark yellow:** Yellow (5Y7/6, 5Y7/8, 5Y8/6, 5Y8/8).

Estado de caráter 10- **Medium yellow:** Yellow (2.5Y7/6, 2.5Y8/6).

Estado de caráter 11- **Light yellow:** Pale yellow (5Y7/4, 5Y8/3, 5Y8/4) Yellow (10YR7/6, 10YR7/8).

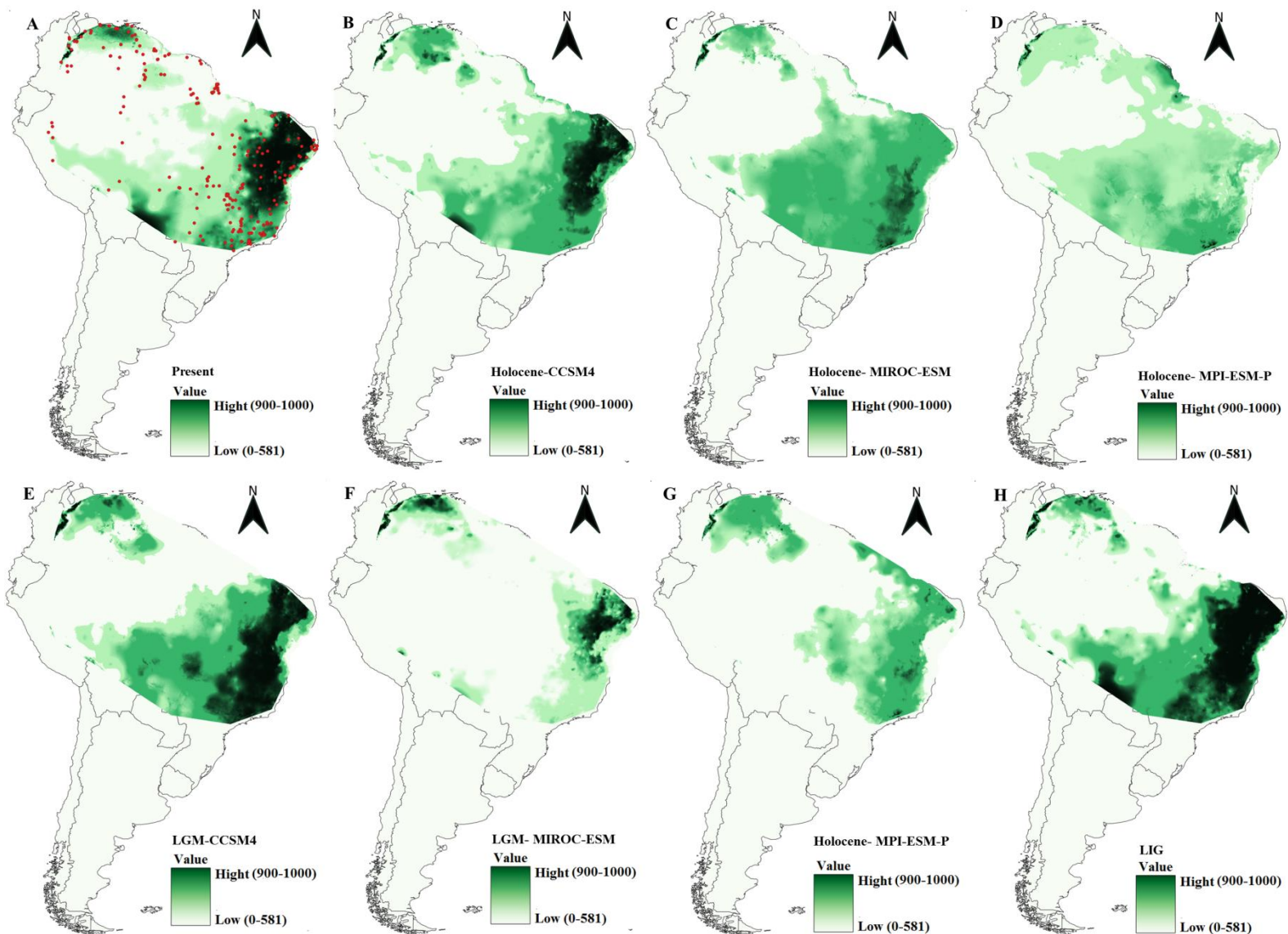
Estado de caráter 12- **Dark gray:** Dark gray (5Y4/1); Very dark gray (5Y3/1).

Estado de caráter 13- **Medium gray:** Gray (5Y5/1, 5Y6/1); Light olive gray (5Y6/2).

Estado de caráter 14- **Light gray:** Light gray (5Y7/1, 5Y7/2, 10YR7/1).

Estado de caráter 16- **Light blue:** Light bluish gray (Gley(2)7/1/5PB); Light greenish gray (Gley(2)7/1/5BG, Gley(2)7/1/10G), Bluish gray (Gley(2)6/1/10B, Gley(2)6/1/5B).

**Anexo 5:** Mapas das projeções de adequabilidade climática para a espécie *Stilpnia cayana* para os modelos de circulação (CCSM4, MIROC-ESM e MPI-ESM-P) estimados neste trabalho. A) corresponde ao período atual com os respectivos pontos de ocorrência utilizados nas simulações destacados em vermelho, B) Holoceno com a base de dados CCSM4, C) Holoceno com a base de dados MIROC, D) Holoceno com a base de dados MPI-ESM-P, E) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados CCSM4, F) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados MIROC, G) Último Máximo Glacial (LGM) com a base de dados MPI-ESM-P e H) Último Máximo Interglacial (LIG).



**Anexo 6:** Relação de indivíduos de *Stilpnia cayana* sequenciado para cada um dos marcadores. Localidade onde a amostra foi coletada, número de tombo, museu e haplótipos identificado para cada marcador genético.

<b>Localidade</b>	<b>Museu/Tombo</b>	<b>ND2</b>	<b>MUSK</b>
Apa Gama Cabeça de Veado/ DF	LabGenBio5104	Hap2	-
	LabGenBio5131	Hap13	Hap15
	LabGenBio5133	Hap29	Hap1
	LabGenBio5138	Hap2	Hap4
Fazenda ouro e prata- Nova Xavantina/ MT	LabGenBio2997	Hap6	Hap7
	LabGenBio2998	Hap2	Hap4
Sítio Marimbondo- Chapada dos Guimarães/MT	Labgenbio5691	Hap4	Hap5
	Labgenbio5694	Hap2	-
	Labgenbio5692	Hap2	Hap11
Fazenda Araras - Itiqueira/ MT	MUZUSP88410	Hap2	Hap10
Parque Nacional Grande Sertão Veredas/ MG	LabGenBio3150	Hap7	-
	LabGenBio3155	Hap13	Hap8/Hap21
	LabGenBio3192	Hap7	Hap6
Refúgio da Vida Silvestre Rio Pandeiros, Januária/ MG	MUZUSP88410	Hap30	Hap25
Serra Azul- Itatiaiuçu/ MG	MPEG-DZ 6789	Hap9	Hap15
	MPEG-DZ	Hap3	Hap3
Santa Caraça - Cotas Altas/ MG	MUZUSP88705	Hap7	Hap4
Almerara/ MG	MUZUSP86009	Hap7	Hap14
Capelinha - MG	LabGenBio5703	Hap12	Hap18
	LabGenBio5717	Hap11	Hap4
Fazenda Experimental da Embrapa- Macapá/AP	LabGenBio4003	Hap22	Hap4
	LabGenBio4007	Hap8	Hap7
	LabGenBio4009	Hap23	Hap4
	LabGenBio4028	Hap22	-
	LabGenBio4030	Hap25	-

Continua



<b>Localidade</b>	<b>Museu/Tombo</b>	<b>ND2</b>	<b>MUSK</b>
Fazenda Experimental da Embrapa- Macapá/AP	LabGenBio4047 (voucherMPEG82749)	Hap24	Hap4
	LabGenBio4097	Hap22	-
	LabGenBio4117 (voucherMPEG82755)	Hap22	-
	LabGenBio4156	Hap24	Hap4
	LabGenBio4162	Hap25	-
Fazenda Gratidão- Salvaterra-Ilha do Marajó/ PA	LabGenBio4222 (voucher MPEG80294)	Hap2	Hap4
	LabGenBio4228 (voucher MPEG80303)	Hap1	Hap1
	LabGenBio4233 (voucher MPEG80314)	Hap2	-
Óbidos- ESEC Grão-Pará/ PA	MPEG66774	Hap22	-
	MPEG66771	Hap22	-
Fazenda Fartura - Santana do Araguaia/ PA	MUZUSP90257	Hap2	-
	MUZUSP90256	Hap2	Hap11/Hap24
Parque Nacional Chapada das Mesas- Carolina/ MA	LabGenBio4521	Hap18	Hap4
	LabGenBio4642	Hap5	Hap5
Rodovia do Estanho- Manicoré/ AM	MPEG57797	Hap24	Hap4
Eco Resort Nazareth- José de Freitas/ PI	MPEG68763	Hap13	-
Fazenda Maharishi- Praia dos Indianos- Guadalupe/ PI	MPEG68769	Hap9	Hap5
Curimatá- Serra Vermelha/ PI	MPEG68767	Hap13	Hap19/Hap20
Fazenda Uberaba- Amajari/ RO	MPEG74310	Hap20	Hap4
Sítio São Bento - Rio Mucajaí/ RR	MUZUSP94290	Hap21	Hap22
	MUZUSP94291	Hap22	Hap4
Rio Uraricoera - Vista Alegre/ RR	MUZUSP96904	Hap20	-
	MUZUSP96905	Hap20	Hap4

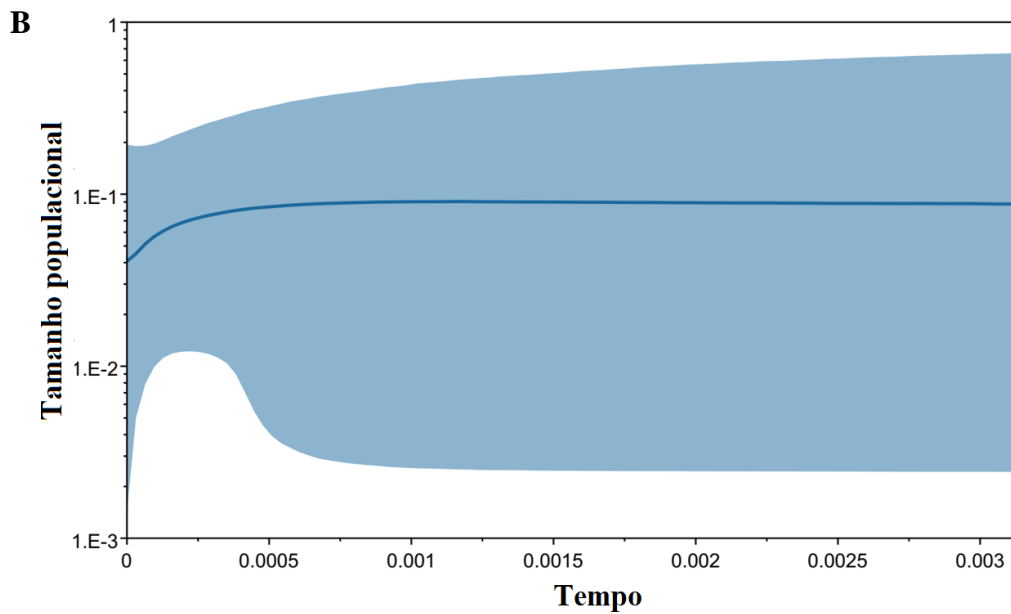
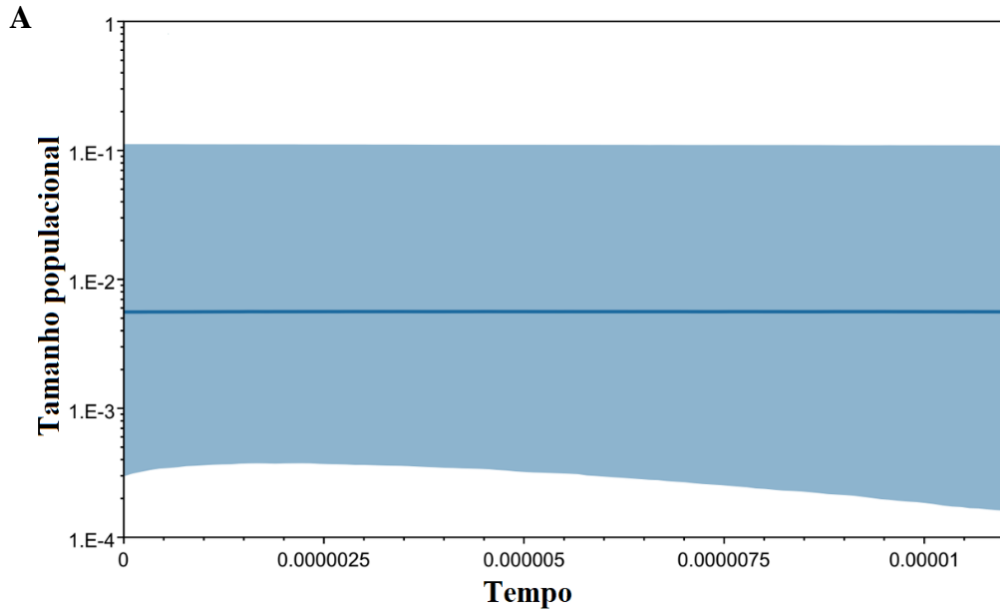
Continua

<b>Localidade</b>	<b>Museu/Tombo</b>	<b>ND2</b>	<b>MUSK</b>
Ilhéus- Ecoparque de UMA/ BA	MPEG70806	Hap15	Hap17
	MPEG70807	Hap7	Hap4
Pedra Petra - Correntina/ BA	MUZUSP83388	Hap7	-
	MUZUSP83389	Hap7	Hap4
Sumidouro - Brotas de Macaúba/ BA	MUZUSP93122	Hap10	Hap16/Hap17
Fazenda Jequitibá - Elísio Mediado/ BA	MUZUSP91535	Hap7	-
	MUZUSP91536	Hap14	Hap23
Barreiros/ PE	MPEG70537	Hap16	Hap4
Fazenda Saloba- Montes Claros de Goiás/ GO	MPEG-DZ5485	Hap4	Hap27/Hap26
	MPEG-DZ5487	Hap4	-
Fazenda Tabapuã dos Pireneus, Cocalzinho/ GO	LabGenBio5506	Hap2	Hap9
	LabGenBio6000	Hap2	-
Jundiaí/ SP	MUZUSP83507	Hap8	Hap8
	MUZUSP83508	Hap2	Hap4
Campos do Jordão/ SP	MUZUSP96864	Hap3	Hap2
São José do Rio Preto/ SP	MUZUSP96866	Hap7	Hap8
	MUZUSP88405	Hap2	Hap7
Fazenda Poço Coeri - ApaPidoabera/ AL	MUZUSP84534	Hap14	Hap4
Usina Serra Grande - Mata do Pinto/ AL	MUZUSP85770	Hap7	Hap4
Rio Palmas - Parana/ TO	MUZUSP84485	Hap7	Hap5
Paruima, Ca. 19 km N, at MS. Holitipu- Cuyuni- Mazaruni/ Guyana	USNM639212	Hap20	-
Karasabai, ca 17 km SSW at Ireng River- Upper Takutu-Upper Essequibo/ Guyana	USNM639348	Hap28	-
	USNM632593	Hap20	-
Wiwitau Mountain, East Rupununi Savannah/ Guyana	USNM622381	Hap20	-
West Demerara District; Polder ca 4 km W Demerara River on Canal 2 Road/ Guyana	USNM622390	Hap21	Hap4
	LSUMZB-48280	Hap27	Hap4
Region 9, Ireng River, km Karasabai/ Guyana	LSUMZB-48281	Hap26	Hap5
	LSUMZB-48582	Hap20	Hap5
South Rupununi, Ikuitau Mt., Guyana	USNM649106	Hap21	Hap4

Continua

<b>Localidade</b>	<b>Museu/Tombo</b>	<b>ND2</b>	<b>MUSK</b>
Serranaia de Huanchaca, 21 km SE Catarata Arco Iris/ Bolivia.	LSUMZ B-15357	Hap17	-
	LSUMZ B-14436	Hap19	-
	LSUMZ B-14853	Hap19	-
	LSUMZ B-13907	Hap17	-
Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Santa Cruz/ Bolivia	LSUMZ15319	Hap17	Hap23
Presidente Kennedy/ TO	MNRJ683	Hap2	Hap8
Iramaia- BA	MNRJ1638	Hap7	Hap4
	MNRJ1692	Hap7	Hap4
Ibicoara- BA	MNRJ2049	Hap7	Hap5/Hap8
Br 040- Km 56- Petrópolis/ RJ	MNRJ4241	Hap2	-
Corguinho/MS	LabGenBio5770	Hap2	Hap12/Hap13
Parque Nacional Chapada dos Veadeiros/ GO	LabGenBio5905 (voucher MUZUSP)	Hap6	Hap4
	LabGenBio5915 (voucher MUZUSP)	Hap2	Hap6
	LabGenBio5872	Hap4	Hap22

**Anexo 7.** Mudanças no tamanho populacional em função do tempo em milhões de anos para: **A)** segmento mitocondrial ND2 e **B)** segmento concatenado para a espécie *Stilpnia cayana*. A linha contínua indica a média do tamanho populacional ao longo do tempo, já em azul corresponde ao intervalo de confiança.



**Anexo 8.** Tabela da variação da cor da plumagem de linhagens mitocondriais de *Stilpnia cayana*. Os números correspondem ao tamanho da amostra de machos (M) e fêmeas (F).

Plumagem		Hipótese filogenética									
Carater	Estado de carater	Norte M=11, F= 8		Noroeste M=47, F= 24		Sudoeste M=7, F= 4		Centro - oeste M=136, F= 111		Nordeste M=58, F= 40	
	Sex	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
Louro	Black	11	5	47	3	7	-	136	-	58	-
	Dark olive	-	-	-	1	-	-	-	13	-	3
	Light olive	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Dark gray	-	3	-	18	-	3	-	26	-	7
	Medium gray	-	-	-	2	-	1	-	70	-	27
	Light gray	-	-	-	-	-	-	-	2	-	3
Auricula	Black	11	5	47	3	7	-	136	-	58	-
	Dark olive	-	-	-	1	-	-	-	15	-	7
	Light olive	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
	Dark gray	-	3	-	18	-	3	-	26	-	6
	Medium gray	-	-	-	2	-	1	-	68	-	24
	Light gray	-	-	-	-	-	-	-	1	-	3
Píleo	Dark brown	11	8	44	19	7	3	26	16	1	1
	Light brown	-	-	3	3	-	-	44	41	6	14
	Dark olive	-	-	-	-	-	1	1	26	3	21
	Light olive	-	-	-	1	-	-	39	23	9	3
	Dark yellow	-	-	-	-	-	-	3	1	5	1
	Medium yellow	-	-	-	-	-	-	9	2	5	-
	Light yellow	-	-	-	1	-	-	14	2	29	-
Dorso	Dark brown	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	Light brown	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
	Dark olive	-	-	2	1	-	-	2	22	3	13
	Light olive	-	-	-	-	-	-	3	-	2	-
	Dark green	-	7	-	9	-	4	-	38	-	19
	Medium green	-	-	-	5	-	-	-	43	-	7
	Light green	-	1	-	9	-	-	-	7	-	-
	Dark yellow	4	-	24	-	1	-	49	-	11	-
	Medium yellow	7	-	15	-	3	-	73	-	11	-
	Light yellow	-	-	6	-	3	-	9	-	30	-
	Dark gray	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Light gray	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Garganta	Black	-	-	-	-	5	-	132	-	58	-
	Dark olive	3	4	2	14	-	1	-	19	-	1
	Dark green	-	-	1	4	-	-	-	3	-	1
	Medium green	-	-	2	2	-	-	-	-	-	2
	Light green	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-

Continua

Plumage		Hipótese filogenética									
Carater	Estado de carater	Norte M=11, F= 8		Noroeste M=47, F= 24		Sudoeste M=7, F= 4		Centro - oeste M=136, F= 111		Nordeste M=58, F= 40	
	Sex	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
Garganta	Dark yellow	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
	Light yellow	-	-	-	2	-	-	-	11	-	5
	Dark gray	-	-	-	-	-	-	-	13	-	2
	Medium gray	-	-	-	1	-	-	-	22	-	6
	Light gray	-	3	2	1	-	3	-	42	-	22
	Dark blue	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-
	Light blue	8	1	39	-	-	-	-	-	-	1
Peito	Black	-	-	-	-	5	-	125	-	55	-
	Light brown	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
	Dark olive	3	6	9	16	-	4	2	60	1	13
	Light olive	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Dark green	-	1	-	1	-	-	-	7	-	4
	Medium green	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-
	Light green	1	-	1	5	-	-	-	1	-	1
	Dark yellow	-	-	1	-	-	-	-	-	-	2
	Medium yellow	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
	Light yellow	-	-	-	1	-	-	-	17	-	4
	Dark gray	-	-	-	-	-	-	7	13	1	3
	Medium gray	-	-	-	1	-	-	2	8	-	6
	Light gray	-	1	4	-	-	-	-	5	1	6
	Dark blue	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-
Light blue	6	-	30	-	-	-	-	-	-	-	
Abdomen	Black	-	-	-	-	4	-	101	-	53	-
	Light brown	1	-	-	-	-	-	-	11	-	2
	Dark olive	5	2	12	13	1	2	5	25	1	10
	Light olive	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-
	Dark green	-	-	1	-	-	-	-	2	-	-
	Light green	1	-	-	2	-	-	-	-	-	-
	Dark yellow	1	-	12	3	1	-	1	20	-	2
	Medium yellow	-	-	1	2	-	-	1	-	-	2
	Light yellow	2	6	5	4	-	1	-	38	1	21
	Dark gray	-	-	-	-	1	1	20	5	2	-
	Medium gray	-	-	-	-	-	-	7	9	-	-
	Light gray	-	-	1	-	-	-	1	1	1	3
	Light blue	2	-	11	-	-	-	-	-	-	-

**Anexo 9.** Estatística descritiva dos caracteres morfológicos entre os grupos filogenéticos da espécie *Stilpnia cayana*, indivíduos jovens foram excluídos. Todas as medidas foram feitas em milímetros (mm), média + desvio padrão (SD), seguidos dos valores mínimo-máximo, para machos (M) e fêmeas (F).

### Hipótesegenética

Caráter	S	Norte(N) (M=11, F=8)			Noroeste (NW) (M=47, F=24)			Sudoeste (SW) (M=7, F=4)			Centro-oeste (MW) (M=136, F=111)			Nordeste (NE) (M=58, F=40)		
		Média	SD	Min-Max	Média	SD	Min-Max	Média	SD	Min-Max	Média	SD	Min-Max	Média	SD	Min-Max
Asa	M	67.93	2.37	64.37-71.55	68.05	2.05	62.47 -72.15	70.96	1.78	68.65-73.65	71.56	2.59	62.41-78.94	71.76	2.27	65.73-76.77
	F	66.49	2.50	63.88-70.76	66.38	1.64	62.64-69.10	68.70	1.15	67.25-70.07	69.80	2.51	61.42-76.16	69.37	2.56	63.66-75.78
Cauda	M	51.44	2.90	47.48-55.46	50.33	1.75	45.75- 54.79	51.54	2.25	48.60-55.82	52.84	2.46	47.25-59.96	54.39	2.76	48.56-62.27
	F	49.93	2.86	45.16-54.76	49.04	1.46	46.35-51.95	50.24	1.28	49.12-51.55	51.81	2.22	45.58-56.85	52.19	2.58	46.37-59.71
Tarsometatarsos	M	17.06	1.10	14.75-18.30	16.82	0.59	15.47- 17.94	16.91	0.89	15.70-17.90	17.29	0.70	14.79-19.44	17.43	0.69	15.58-18.89
	F	17.35	0.62	15.80-17.90	17.08	0.58	15.59-17.87	17.40	0.50	16.70-17.90	17.40	0.78	15.08-19.43	17.44	0.57	16.23-18.97
Altura do bico	M	5.65	0.28	5.30-6.42	5.55	0.34	4.98-6.47	5.67	0.23	5.40-6.04	5.58	0.30	4.80-6.78	5.73	0.30	5.21-6.95
	F	5.61	0.18	5.30-5.80	5.55	0.26	5.06-6.23	5.70	0.27	5.50-6.10	5.53	0.36	4.77-6.65	5.81	0.26	5.03-6.61
Largura do bico	M	7.08	0.31	6.71-7.60	6.90	0.43	6.04-7.98	6.86	0.30	6.40-7.30	6.97	0.40	5.54-8.16	7.10	0.32	6.46-7.89
	F	7.32	0.24	7.0-7.80	6.85	0.41	5.90-7.63	6.97	0.28	6.80-7.40	6.92	0.41	5.85-8.08	7.16	0.36	6.37-8.07
Comprimento do bico	M	7.93	0.34	7.50-8.60	7.49	0.39	6.43-8.65	7.32	0.42	6.70-7.80	7.58	0.39	6.60-9.58	7.83	0.44	6.28-8.93
	F	7.86	0.55	7.10-8.60	7.73	0.38	6.75-8.56	7.52	0.33	7.20-7.90	7.58	0.36	6.75-8.79	7.92	0.32	7.17-8.82

## Considerações finais

O presente estudo tentou elucidar os eventos históricos e recentes relacionados com a filogeografia e estrutura genética da espécie *Stilpnia cayana* com distribuição circum-amazônica, além de fazer uma ampla revisão da distribuição dos caracteres morfológicos (coloração de plumagem e morfometria). Como principais conclusões dessa tese está a falta de caracteres diagnósticos morfológicos para cada subespécie ou linhagem genética, contudo, dois grupos morfológicos são nitidamente distintos, do grupo cayana (norte da Amazônia) e grupo flava (sul da Amazônia). O tamanho do corpo não segue a regra de Allen, visto que, o tamanho da asa da espécie não aumenta ou diminui conforme a mudança da temperatura climática.

O nicho climático apresentou mudanças durante o Quaternário, com retração climática pelo LGM, contudo essas mudanças não foram suficientes para explicar a atual diversidade genética da espécie. Geneticamente *S. cayana* apresenta forte estruturação com expansão recente, e nenhuma evidência de retração populacional, exceto para os indivíduos da Bolívia. Três linhagens estão distribuídas pelo norte e noroeste da distribuição (CayanaN, CayanaS e Bolívia) e duas linhagens com distribuição pelo centro-sul e nordeste do Brasil (Chloroptera e Flava). Sendo que a Bolívia está relacionada filogeneticamente do grupo cayana, com padrão de plumagem dos machos pertencendo ao grupo flava. Apesar da posição da Bolívia precisar de maiores estudos com marcadores mais robustos e bialélicos, concluímos que taxonomicamente se trata de duas espécies irmãs com divergência recente e que podem ser elevadas ao status de espécies como *Stilpnia cayana* e *Stilpnia flava*.



## Apêndice

**Morphological variation of the Burnished–buff Tanager *Stilpnia cayana* (Linnaeus, 1766) (Aves: Thraupidae) supports the recognition of two species**

(Submetido à Zootaxa)

SAMIRA REZENDE DUARTE<sup>1</sup>, LUÍS FÁBIO SILVEIRA<sup>2</sup>, GUSTAVO SEBASTIAN CABANNE<sup>3</sup> and RENATO CAPARROZ<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>*Laboratório de Genética e Biodiversidade, Departamento de Genética e Morfologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Campus Universitário Darcy Ribeiro, Asa Norte, Brasília, Distrito Federal, Brazil, 70910–900.*

<sup>2</sup>*Seção de Aves, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP), Avenida Nazaré 481, Ipiranga, São Paulo, São Paulo, Brazil, 04263–000.*

<sup>3</sup>*Museo Argentino de Ciencias Naturales MACN – CONICET, Buenos Aires, Argentina.*

*\*Corresponding author. E-mail: renatocz@yahoo.com.br*

## **Abstract**

The Burnished-buff Tanager (*Stilpnia cayana*) inhabits open areas in the Neotropic and shows a remarkable plumage variation which led the description of seven subspecies throughout its wide distribution. The description of the subspecies was mostly based in a handful of specimens and few studies addressed a larger, comprehensive number of individuals. Through the analysis of more than 800 specimens deposited in several collections worldwide and covering the entire distribution of the taxa and all subspecies, we were able to identify only two distinct, unambiguous diagnosable groups, corresponding to the species *S. cayana* and *S. flava*, and we do not recognize any of the remaining subspecies as valid taxa.

**Key words:** Cerrado, Caatinga, plumage coloration, taxonomy, dry diagonal, Neotropic

## 1- Introduction

The Burnished–buff Tanager *Stilpnia cayana* (Linnaeus, 1766) inhabits open vegetation formations (e. g. savannas and Seasonally Dry Tropical Forests) and other kinds of habitats such as pastures, cultivated lands, gardens and edges of gallery forests from Colombia to Argentina (Isler & Isler 1987; Ridgely & Tudor 1989). This species shows a circum–Amazonian distribution pattern (see Remsen *et al.* 1991) with two large disjunct occurrence areas (Figure 1), one associated to open areas north to the Amazon River, and a second associated to the open biomes (Caatinga, Cerrado and Chaco) in northeastern and Central Brazil, eastern Bolivia, southern Paraguay and northeastern Argentina (Hilty 2003). It shows a considerable plumage variation which led to the description of seven currently accepted subspecies, besides sexual dimorphism and marked differences between populations of the north and south of the Amazon River (Isler & Isler 1999). However, the description of these subspecies was based on a relatively small number of specimens, mainly males, and its validity as distinct taxonomic units is still debated.

Male specimens from the northern area of the distribution present a black face mask covering the lores and auriculars, pale blue–green wings and tail, cinnamon–rufous crown and yellowish back (Fig. 1); on the other hand, those from southern Amazonas have a black mask extended from the lores and auriculars to the breast and upper belly, while the crown and back are light orange (Fig. 1). Females from the north are similar to males, but paler, and the black mask is less evident, and the black stripe is absent in females from the southern portion of the distribution (Carlson & Burns 2020; Sick 1997).

Seven subspecies are currently recognized in *S. cayana*, grouped into two morphological groups (*cayana* and *flava*) based mainly on the extent of the black mask in males (Ridgely & Tudor 1989) (see Fig. 1). The group *cayana* is distributed in northwestern South America, being composed by two subspecies: *S. c. fulvescens* (Todd 1922), occurring in

NE Colombia, and *S. c. cayana* (Linnaeus 1766), occurring in E Colombia, Venezuela, Guianas, N Brazil in Pará, Amazonas, Rondônia, Roraima, and Amapá states, and locally in Peru and Bolivia. They supposedly differ in size, with *S. c. fulvescens* slightly larger than *S. c. cayana* (Zimmer 1943). Five subspecies are recognized in *flava* group: (I) *S. c. flava* (Gmelin 1789), in northeastern Brazil, from Maranhão to southern Bahia and Goiás state; (II) *S. c. chloroptera* (Vieillot 1819), occurring in southeastern Brazil to Paraguay and Argentina; (III) *S. c. margaritae* (Allen 1891), in the Chapada dos Guimarães, Mato Grosso and E Bolivia; (IV) *S. c. sincipitalis* (Berlepsch 1907), first described from Leopoldina city in the state of Goiás, Brazil, and later Storer (1970) expanded its distribution to the state of Goiás and C Brazil; and (V) *S. c. huberi* (Hellmayr 1910), endemic to the island of Marajó, Brazil. Despite the evident plumage differences between *cayana* and *flava* groups, the distinction of the subspecies are apparently less striking when larger series are available, with *S. c. chloroptera* larger in size and with a greater extent of black mask than the other subspecies (Lopes 2009), while *S. c. huberi* seems to have an intermediate plumage between *S. c. cayana* and *S. c. flava* (Hellmayr 1910). Based on the analysis of 280 specimens (mainly males) from the group *flava*, Lopes (2009) concluded that the variation in the plumage color has a clinal distribution, with no clear limits between these subspecies.

Historically, the nominate species of these two morphological groups have been considered as distinct species (e. g. Sclater 1856, 1857, 1886), and the subsequent description of subspecies with intermediate color plumage between these two species (e. g. *T. c. huberi* (Hellmayr 1910), led Hellmayr (1912) to consider them as co-specific. Since then, these two groups have been considered as a single polytypic species (Pinto 1944; Paynter & Mayr 1970; Isler & Isler 1987; Dickson *et al.* 2003; Clements 2007; Lopes 2009). However, recent reviews have recovered the species *status* for these two groups (Carlson & Burns 2020), but without extensive review. Thus, it becomes evident that this polytypic species is

still surrounded by taxonomic uncertainties that deserve to be further investigated, as well as the geographical limits of each morphological group, particularly in the western distribution.

Body size is one of the most important characteristics of organisms, which is strongly influenced by environmental conditions (Rodriguez *et al.* 2006). Bergmann's rule (1847) is one of the most debated ecogeographic generalizations about the influence of the environmental gradient on the body size/mass of homeothermic animals, leading to the prediction that size/mass would be negatively related to temperature and positively to latitude and altitude (Meiri & Thomas 2007).

In this study we evaluated the geographic morphological variation of *S. cayana* mainly to test the taxonomic validity of the described taxa using a larger sample of specimens and a more comprehensive geographical coverage as considered by previous studies (e. g. Zimmer 1943; Lopes 2009). We also investigated if the Bergmann's rule explains body size variation and if there is sex dimorphism in size in this species. Our analysis of plumage coloration reinforced previous studies (Schulenberg & Binford 1985; Ridgely & Tudor 1989) that described two morphological groups within *S. cayana*, but also it made the geographical limits of these groups clearer.

## **2- Material and methods**

**2.1- Specimens examined.** We examined plumage and morphometric traits from specimens deposited in the ornithological collections housed at the Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ), Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP), Museu Paraense Emílio Goeldi (MPEG), American Museum Natural History (AMNH), National Museum of Natural History, Smithsonian Institution (SINMNH), Field Museum of Natural History (FMNH), Louisiana State University, Museum of Natural History (LSUMNH), and the Laboratório de Genética e Biodiversidade da Universidade de Brasília

(LabGenBio/UNB). Our samples covered the entire distribution of the species and all the subspecies described. For morphometrics we discharged young specimens and those with plumage and other morphological attributes broken or damaged. Geographical coordinates for each specimen were obtained directly from the original information found in the museum labels. In the absence of geographic coordinates, mainly in the oldest specimens, these were obtained by consulting geographic data websites such as <http://www.bngb.ibge.gov.br/bngb.php> and GoogleEarth (for details, see Taxonomic accounts section). All maps were created using the Quantum Gis 3.20 program available for free on the website: <https://www.Qgis 3.20.org/>.

**2.2-Plumage coloration analysis.** We conducted the plumage analysis based on 813 specimens: 458 males and 355 females aiming to identify variations in the plumage patterns of *S. cayana*. We used a color catalogue (Munsell 2015) to qualitatively score the color of the following plumage traits: lore, auriculars, crown, back, throat, breast and belly.

**2.3-Morphometry.** We performed quantitative analyses for 782 specimens: 440 males and 342 females, considering six morphometric traits: wing, tail and tarsus length, and also width, depth and length of the bill. The traits were measured by the same person (SRD) using a dial caliper (0.01mm precision), according to Baldwin *et al.* (1931). For morphometric analyses it was necessary to refer examined specimens previously to one of the currently recognized taxa. Considering that the geographical boundaries among the subspecies are still poorly understood, we assign each specimen to one of the subspecies adopting the geographical limits currently described by Carlson and Burns (2020), excluding the possibility of sympatry (for details, see Fig. 1).

**2.4-Statistical analysis.** In order to reduce the multidimensionality of the morphometric variables in a few explanatory and independent axes, we conducted a Principal Component Analysis (PCA, Sokal&Rohlf 1995) using Vegan (Oksanen *et al.* 2019) for R (R

Core Team 2018). Statistical analyses were performed using the principal components (PCs) which showed eigenvalues greater than one according to the Kaiser criterion (Kaiser 1960). First, we evaluated the premises of the linear model (normality and homoscedasticity of the model residues) for the first two selected principal components. The normality of the residues was verified by the Shapiro–Wilk test, while homoscedasticity by the Bartlett test using the R statistical package version 3.0.2 (R Core Team 2018). As the PC1 showed evidence of normality and equality of variances, we used parametric tests (one–way ANOVA and Turkey HSD) to evaluate if there are significant differences among *S. cayana* subspecies separately for males and females, while the Student's t–test were used to verify size dimorphism within each subspecies. In contrast, as PC2 showed no evidence of normality and equality of variances, we used the nonparametric Kruskal–Wallis rank sum test, followed by a Dunn *post hoc* test, to also evaluate if there are significant differences among *S. cayana* subspecies separately for males and females using the Action Stat 3.7 package (<https://www.actionstat.com.br>). The threshold levels of significance were adjusted for multiple comparisons by Bonferroni's correction. Specimens from Ilha do Marajó (*S. c. huberi*) were excluded from the latter analyses due to small sample size (only two males).

We tested the ecogeographic hypothesis (Bergmann's rule) using the PCA component with the most explanation (PC1) as a dependent variable representing body size (wing and tail and tarsus) in the linear regression analysis, while latitude was used as an independent variable. Similar methodology was used by Hendry *et al.* (2006) and Huber *et al.* (2007).

### **3- Results**

Our analysis of plumage traits reinforced previous conclusions (e. g. Ridgely & Tudor 1989) which recognized two morphological groups within *S. cayana*, and we were able to made the geographical limits of these groups clearer. Male specimens of the *cayana* group present the

black mask restricted to the lores and auriculars, and throat and breast light blue (Table S1, Fig. S1 and S2 – Supplementary file 1), while females have lore and auriculars varying between black and dark gray and throat and breast dark olive. This plumage pattern was found from the Guyana's westwards to northwestern Bolivia.

On the other hand, from Amapá(Brazil) southwards to Argentina and southeastern Bolivia (*flava* group) the black mask in males extends to the throat, reaching to the belly in some individuals (Table S1, Fig. S1 and S2 – Supplementary file 1). The crown is predominantly dark/light olive and the back is dark yellow, with no clear geographic pattern of distribution. Females have lores and auriculars predominantly dark olive and gray, and the breast and belly are dark olive. Specimens near the putative contact zones between these two groups are clearly distinguished (see Fig. 2 and 3) at Ilha do Marajó, where these two morphological patterns are separated by the mouth of the Amazon River and in southeastern Bolivia, where no obvious geographical barrier that may separate them can be observed.

**3.1- Intra-group plumage variation.** Although plumage color allowed a clear separation of the *S. cayana* into two morphological groups, no plumage character was observed that permitted a clear separation of the described for both males and females (Table S1, Fig. S1 and S2 – Supplementary file 1). In a series of specimens collected at Maranhão state, Brazil, it was possible to observe a wide variation in the extension of the black mask of males (Fig. S3 – Supplementary file 1). The only exception is the presence of light blue belly exclusively in some males of *S. c. cayana* (Fig. S1E – Supplementary file 1).

**3.2-Morphometric variation.** The traits that showed the greatest variation among the subspecies were wing and tail length for both sexes (Fig. 4 and 5, Supplementary file 2). The extremes of the size distribution in relation to the wing and tail length were *S. c. cayana* and *S. c. chloroptera*, being the former smaller than the latter in both sexes. *S. c. fulvescens* specimens are on average larger than *S. c. cayana* for wing length and tail length for both



males and females. Within group *flava*, *S. c. chloroptera*/*S. c. sincipitalis* specimens are larger on average in wing and tail length when compared to the other subspecies in both sexes.

The principal component analysis showed no clear-cut separation among the *S. cayana* subspecies for both males and females, even considering the two morphological groups (Fig. 6). The first two main components (PC1 and PC2) explained more than 54% of the morphometric variation (Table 2), where PC1 was mainly correlated with body traits (wing and tail length), while PC2 is mainly correlated with bill traits (height and width). Statistical analyses of the first principal component (PC1) showed four distinct groups for both males and females, but the subspecies that composed these groups are different between the sexes (Table 1). Similar pattern were observed based on PC2, where only three distinct groups were recovered for both males and females and there was no correspondence between the subspecies composing each of these groups (Table 1). The only congruent result was the significant difference in size between *S. c. fulvescens* and *S. c. cayana* for PC1.

**3.3-Sexual dimorphism in size.** Size dimorphism was observed in all subspecies based on the statistical analysis of PC1 (Table 1). Considering that this variable is mainly composed of the wing and tail length, our results indicated that *S. cayana* males are in average larger than females.

**3.4-Ecogeography rule.** PCA analyses for only body morphometric traits (wing, tail and tarsus length) generated a variable that explains more than 33% of the variance. The regression between this synthetic variable of size and latitude indicated a positive correlation for both males ( $R^2 = 0.353$ ,  $p < 0.001$ ) and females ( $R^2 = 0.291$ ,  $p < 0.001$ ) (Fig. 7).

#### **4- Discussion**

In this study we expanded the sample size and geographical range of *Stilpnia cayana* when compared to previous studies (Zimmer 1943; Lopes 2009), including specimens from

Marajó Island, Brazil (designed as *S. c. huberi*) and Bolivia. Our data reinforce the distinction between these two morphological groups (*cayana* and *flava*), with the extension of the black mask in males and the black/gray mask in females being the main diagnostic features (see Fig. 1 and Supplementary file 1). In contrast, these two groups cannot be clearly distinguished based on morphological variation, with the exception of *S. c. cayana*, which differs from other taxa by the wing and tail length (PC1, Table 1).

**4.1-Intragroup variation.** Even increasing the number of specimens and the geographic coverage, it was not possible to identify any plumage diagnostic trait which can be exclusively and unambiguously associated with any of the subspecies described, except by *S. cayana* and *S. flava*. In relation to the males of group *cayana*, Carlson and Burns (2020) describe two plumage variants, one of them being paler than the other. In our study, we also identified these two variants, but they appear at similar frequencies in *S. c. cayana* and *S. c. fulvescens* (Table S1 – Supplementary file 1).

In contrast, *S. c. fulvescens* has larger wings and tail than *S. c. cayana*. Two variants in size were also identified by Zimmer (1943) within group *cayana*. However, he pointed out that the distribution of the largest specimens occurred in disjunct areas of high altitude (e. g. Auyan-tepui, Mérida and north-Peruvian populations), suggesting that the similarity in size may be a morphological convergence due to an environmental component and should be further investigated.

Similar to the group *cayana*, the variation of plumage characters within group *flava* is very large both on the local (see Fig. S2 and S3 – Supplementary file 2) and regional scales, being impossible to diagnose any of the subspecies proposed. Even the most striking plumage trait of this group, which is the extension of the black mask to the belly, was observed in a similar frequency in all subspecies. Lopes (2009) also described similar plumage variation in this group, observing a pattern of clinal variation. Furthermore, the two males from Ilha do

Marajó (*S. c. huberi*) showed similar plumage to the other specimens of the group *flava*, including the black mask extending to the belly (see Fig. 2). Despite the small number of specimens analyzed, these similarities place *S. c. huberi* within the variation of the group *flava* and not as an intermediate form between the *cayana* and *flava* groups as previously described (Hellmayr 1910, 1912).

In contrast, all subspecies within group *flava* showed subtle differences in size. Two main patterns were identified in this group: large specimens including *S. c. chloroptera* and *S. c. sincipitalis*, and smaller *S. c. margaritae* and *S. c. flava*. Part of the size variation can be explained by the latitudinal gradient for both males and females, in accordance with Bergmann's rule. However, the contribution of this variable is relatively small (less than 35%) and other climatic and ecological factors, such as primary productivity in the region, availability of food, humidity and precipitation (Meiriet *al.* 2007), as well as sexual (Darwin 1871) and social selections (West–Eberhard 1983) may have influenced the complex pattern of body size variation observed in this species. This is evidenced when we observed that *S. c. fulvescens* and *S. c. sincipitalis* are similar in size even inhabiting different latitudes.

**4.1.1-Sexual dimorphism.** Sexual dichromatism in *S. cayana* was described in detail in the literature (e. g. Carlson & Burns 2020; Isler & Isler 1999). About half of Thraupidae species have marked sexual dimorphism in plumage, with males being generally more colorful than females, as observed in *S. cayana*. However, sexual dimorphism in size is uncommon in this family and when there are differences between males and females it is very subtle (Burns 1998; Isler & Isler 1999). In this study, we first described sexual dimorphism in size for *S. cayana*, with males showing an average wing and tail larger than females in both morphological groups.

Several theories have been proposed to explain sexual dimorphism in birds (see Burns 1998), among them sexual selection (Darwin 1871), selection for less conspicuous females

(Wallace 1889), and even social selection (West–Eberhard 1983), where the mechanism responsible for dimorphism can be in the form of female–female competition or male choice. A study based on the phylogenetic reconstruction of the plumage dimorphism evolution in tanagers suggested that dichromatism in some genera may have been influenced by the increase in plumage colorfulness of females (Burns 1998). The presence of sexual dimorphism in both plumage and size, the wide morphological variation observed in both males and females, and the relative abundance of this species in its area of occurrence, highlight the relevance of *S. cayana* with potential model species for studies of sexual dimorphism evolution.

#### **4.2- Taxonomic conclusions**

The delimitation of species and subspecies has been the subject of intense debate (Amadon 1964; Alstrom *et al.* 2008; Cicero 2010; Tobias *et al.* 2010), and there is still no consensus on the concepts and methods to be applied to different taxa (de Queiroz 1998, 2007; Tobias *et al.* 2010; Sangster 2014). In addition, species that inhabit climatic gradients, such as *Stilpnia cayana*, often have a tendency to have a geographic distribution in the clinal form (Cardoso *et al.* 2003). This type of variation makes it difficult to identify the limits between the taxa, leading to the division into different subspecies in an arbitrary and artificial way. Thus, our data reinforce the maintenance of the groups *cayana* and *flava* as distinct species as first described by Sclater (1856, 1857, 1886) and recently recovery by Carlson and Burns (2020). This taxonomic arrangement is sustained via application of the General Lineage Concept (de Queiroz 1998, 2007) based on the plumage difference. We also concur with Carlson and Burns (2020), who argued that even if an eventual hybridization occurs between these two groups in the contact areas or hybrid zones (Ilha do Marajó and midwestern Bolivia), it does not represent an obstacle to the validation of these two groups as distinct species.

Furthermore, ongoing genetic studies (Duarte et al., in preparation) have been finding evidence that these two morphological groups form two monophyletic clades based on mitochondrial DNA analysis, with likely historical gene flow in southwestern Amazonia. Finally, there are no diagnostic characters which can diagnose the other taxa described after *Stilpnia flava* (Gmelin 1789).

### **Acknowledgments**

The Capes and CNPQ for grant of scholarship. The Fundação de Amparo à Pesquisa do Distrito Federal and a collection study grant from the American Museum of Natural History that financed my studies in the ornithology collections. The following museum personnel kindly allowed us to study material under their care: Joel Cracraft, Paul Sweet and Lydia Garetano (AMNH); John Bates and Mary Hennen (FMNH); James Remsen and Steven Cardiff (LSU); Christopher Milensky, Brian Schmidt, Jacob Saucier and Christina Gebhard (SNMNH); Marcos Raposo and Daniel Figueira (MNRJ); Diego Cueva, Fernanda Bocalini and Sérgio Bolívar–Leguizamón (MZUSP); Alexandre Aleixo and Maria de Fátima Lima (MPEG). Finally, Lara Helena Pires Vieira for the suggestions in the statistical analysis.

### **5- Taxonomic accounts**

*Stilpnia cayana fulvescens* (Todd 1922)

**Type locality:** Palmar, Boyaca, Colombia.

**Distribution:** Colombia on both slopes of the Andes.

**Examined specimens:** COLOMBIA – Bogotá: AMNH 513016, M; AMNH 513015, F; AMNH 513014, F; AMNH 513017, F; Pueblo Novo: AMNH 176570, M; Villavicencio: AMNH 344040, M, AMNH 122947, F; Carimagua: FMNH 297777, M; FMNH 297776, M; FMNH 297772, M; FMNH 297773, F; FMNH 297775, F; San Juande: FMNH 249274, M; São Jucius de Cucuma: FMNH 249273, F; Cucuta: SNMNH 372248, M; Convencion: SNMNH 375099, M; SNMNH 375100, F; SNMNH 375101, F, SNMNH 403552, M; SNMNH 403553, F, SNMNH 399126, M; SNMNH 399118, M; SNMNH 399121, M; SNMNH 399128, M; SNMNH 399119, F; SNMNH 399120, F; SNMNH 399122, F; SNMNH 399123, F; SNMNH 399124, F; SNMNH 399127, F. VENEZUELA – Altagracia: AMNH 513055, M; AMNH 513057, F; Caicara: AMNH 513053, M; Campos Alegre: AMNH 513064, M; Cocallar: AMNH 188583, M; AMNH 188586, F; FMNH 92455, M; FMNH

92453, M; FMNH 92454, M; FMNH 92452, M; Cumana: AMNH 513058, F; AMNH 513059, F; La Florida–Cumanacoa NE: AMNH 188582, F; Las Trincheiras: AMNH 150818, F; Mérida: AMNH 513046, M; AMNH 513039, M; AMNH 513044, M; AMNH 513040, M; AMNH 513047, M; AMNH 513045, M; AMNH 513042, M; AMNH 513036, M; AMNH 513038, F; AMNH 513037, F, AMNH 100929, F; FMNH 49719, M; MPEG 23021, F; MUZUSP 1303, F; Paulo: AMNH 237359, M; Quebrada: AMNH 513060, M; San Antonio: AMNH 188584, M; AMNH 73328, M; AMNH 73330, F; AMNH 68079, F; San Fernando de Aperra: AMNH 825225, M; Campus Alegre: AMNH 513063, M; Aragua: FMNH 43728, M; FMNH 43725, F; FMNH 43729, F; FMNH 43727, F; SNMNH 325065, M; LSU 868, M; Rio Chama: FMNH 53455, M; Tachira: FMNH 49717, M; FMNH 49715, M; FMNH 49716, F; FMNH 49714, F; SNMNH 605953, F. Valera: FMNH 53457, M; La Victoria: SNMNH 325066, F; Cantaura: SNMNH 406545, M; Rancho Grande: SNMNH 595750, F; Soledad: SNMNH 316624, M.

*Stilpnia cayana cayana*(Linnaeus 1766)

**Type locality:**Cayenne, French Guiana.

**Distribution:** eastern Colombia and Venezuela, east to the Guianas, northern Brazil and isolated populations in eastern Peru and northern Bolivia.

**Examined specimens:** VENEZUELA – Bolívar: AMNH 441114, F; AMNH 513049, M; AMNH 513048, M; AMNH 44110, M; AMNH 73649, M; AMNH 441111, F; AMNH 73644, F; AMNH 73648, F; AMNH 513051, F; AMNH 513050, F; SNMNH 329579, F; Maripo: AMNH 78466, M; AMNH 78464, M; AMNH 75669, M; AMNH 44112, M; AMNH 75672, M; AMNH 75670, M; AMNH 75673, F; AMNH 78465, F; AMNH 78463, F; AuyanTepuí: AMNH 323961, M; AMNH 325121, M; AMNH 323959, M; AMNH 325120, M; AMNH 325119, M; AMNH 323962, F; AMNH 325122, F; AMNH 325125, F; AMNH 325124, F; AMNH 323964, F; Roraima: AMNH 237358, M; AMNH 237360, M; AMNH 237351, F; AMNH 237362, F; AMNH 237361, F; AMNH 237355, F; AMNH 237363, F; AMNH 237353, M; AMNH 237354, M; AMNH 237356, M; AMNH 237352, F; Ayacucho: AMNH 271944, M; AMNH 271745, F; SNMNH 329439, M; SNMNH 329442, M; SNMNH 316623, F; SNMNH 329441, F; SNMNH 329444, F. Rio Maipures: AMNH 513054, M; AMNH 17797, M; AMNH 177972, M; AMNH 821219, M; AMNH 121165, M; AMNH 121162, M; AMNH 121167, M; AMNH 121163, F; AMNH 121164, F; AMNH 177970, F; AMNH 177973, F; Kukulnam: AMNH 237359, F; Cerro yapacana: SNMNH 329446, M; SNMNH 329445, F. SURINAME: Zonderij: AMNH 348662, M. FRENCH GUYANA: Cayenne: AMNH 55625, M; AMNH 513021, F; AMNH 513023, F; AMNH 513026, F; AMNH 177968, F; AMNH 513024, F; AMNH 513020, F; AMNH 513025, F; AMNH 513022, F; FMNH 56709, M; FMNH 56710, M. Is le Pere: AMNH 513018, F; AMNH 513019, F; Laver Savannas: FMNH 374542, M; FMNH 374541, Demerara: LSU 175549, M; LSU 175548, F; Cuyuni–Mazaruni: SNMNH 639348, M; SNMNH 639178, F; KusadMoutain: SNMNH 627520, M; SNMNH 627402, M; SNMNH 627391, F; Ruunmi Ikuitau: SNMNH 649106, M; Berbice District: SNMNH 610113, F; Wiwitau Montain: SNMNH 626196, F. BRITISH GUYANA: Georgetown: FMNH 32392, M; FMNH 32391, F; Rockstone: FMNH 108648, M; FMNH 108648, F. PERU: Rio Negro, Mayabamba: AMNH 235239, F; Madre Dios: LSU 85595, F; LSU 85599, F; LSU 85594, F; Pampas del Heath: LSU 85596, M; San Martin: LSU 85598, M; Huallaga River: SNMNH 39833, M. BRAZIL: Brazil – Acre: Rio branco: MUZUSP 56242, M; AMAPÁ: Macapá: MPEG 15114, M; MPEG 28893, M; MPEG 28888, M; MPEG 46675, M; MPEG 46674, M; MPEG 28889, F; MPEG 28892, F; MPEG 46677, F; MPEG 46676, F; Tartarugalzinho: MPEG 53646, M; MPEG 53647, M; MPEG 53645, F; MPEG 53648, F; MPEG 53649, F; MPEG 28891, M; Itaubal do Piririm: MPEG 53650, M;

Rio Maruanum: MPEG 23029, M; MPEG 23028, M; MUZUSP 82471, M; MUZUSP 32774, M; Porto Platon: SNMNH 515311, M; SNMNH 515312, M; SNMNH 515310, F; Amazonas, Boa Vista: FMNH 49711, M; FMNH 49707, F; FMNH 49708, F; Serra da Lua: FMNH 49712, F; Pedra do Gavião: MPEG 27883, M; MPEG 49588, F; Pará, Santarém: AMNH 428922, M; AMNH 428923, M; AMNH 428124, M; AMNH 428927, M; AMNH 428930, M; AMNH 428926, M; AMNH 428929, M; AMNH 428928, M; AMNH 428925, F; AMNH 148924, F; MPEG 37769, M; MPEG 37768, M; MPEG 3367, M; MPEG 23026, M; MPEG 15113, M; MPEG 17791, M; MPEG 23020, F; MPEG 23027, F; MPEG 23024, F; MPEG 23025, F; SNMNH 370513, M; Monte Alegre: MPEG 54439, M; MPEG 54438, F; MUZUSP 35971, M; MUZUSP 18666, M; MUZUSP 35973, M; MUZUSP 18513, M; MUZUSP 18511, M; MUZUSP 10561, M; MUZUSP 18514, M; MUZUSP 18510, M; MUZUSP 18512, M; MUZUSP 10562, M; MUZUSP 18664, F; MUZUSP 35972, F; MUZUSP 18665, F; Óbidos: MPEG 66772, M; MPEG 66771, M; MPEG 66774, F; MPEG 66773, F; Oriximiná: MPEG 23019, M; MPEG 54326, M. Roraima, Rio Branco: MPEG, 21550, M; MPEG, 31620, F; MUZUSP 56241, F; Rio Jutari: MUZUSP 94292, M; MUZUSP 94291, M; MUZUSP 94290, F; Povoado de Vista Alegre: MUZUSP 96904, M.

*Stilpnia cayana margaritae*(Allen 1891)

**Type locality:**Chapada dos Guimarães, Mato Grosso, Brazil.

**Distribution:** Mato Grosso, Brazil and eastern Bolivia.

**Examined specimens:** BOLIVIA – Rio Beni: AMNH 348846, M; FMNH 183932, M; Serrania Huanchaca: LSU 151583, M; LSU 15182, M; LSU 151578, M; LSU 15184, M; LSU 151577, M; LSU 151581, F; LSU 151576, F; LSU 151579, F. BRAZIL, Mato Grosso, Chapada dos Guimarães: AMNH 513098, M; AMNH 31608, M; AMNH 31684, M; AMNH 31647, M; AMNH 58073, M; AMNH 31662, M; AMNH 513100, M; AMNH 31614, M; AMNH 31629, M; AMNH 31606, M; AMNH 31665, M; AMNH 31690, M; AMNH 58061, M; AMNH 31628, M; AMNH 58055, M; AMNH 31673, M; AMNH 31643, M; AMNH 31649, M; AMNH 513102, M; AMNH 316250, M; AMNH 58076, M; AMNH 31596, M; AMNH 31609, M; AMNH 31599, F; AMNH 513101, F; AMNH 31548, F; AMNH 31642, F; AMNH 31601, F; AMNH 58075, F; AMNH 58071, F; AMNH 31093, F; AMNH 513096, F; AMNH 513097, F; AMNH 31675, F; AMNH 58063, F; AMNH 31652, F; AMNH 31680, F; AMNH 31600, F; AMNH 31677, F; AMNH 31630, F; AMNH 31696, F; AMNH 31619, F; AMNH 58078, F; AMNH 31634, F; AMNH 31657, F; AMNH 31632, F; AMNH 31670, F; AMNH 31644, F; AMNH 31668, F; AMNH 31611, F; AMNH 31633, F; AMNH 31635, F; AMNH 316005, F; MPEG 38966, M; MPEG 38964, M; MPEG 38965, F; MNRJ 10238, M; MNRJ 10230, M; MNRJ 7057, M; MNRJ 33304, F; MNRJ 10237, F; MNRJ 10235, F; MNRJ 10242, F; MNRJ 10231, F; MNRJ 10228, F; MUZUSP 17882, M; MUZUSP 17279, F; SNMNH 118528, M; SNMNH 124837, M; SNMNH 124838, M; SNMNH 118529, F; SNMNH 124841, F; Papagaio R: AMNH 128225, M; San Francisco Ranch: AMNH 319611, M; Barra do Garças: MPEG 22978, M; MPEG 22981, M; MPEG 22986, M; MPEG 22982, M; Butirí–Cuiabá: MNRJ 10945, M; MNRJ 10966, M; MNRJ 10969, M; MNRJ 10958, F; Coxim: MNRJ 10924, M; Garopã: MNRJ 30799, M; Pindaíba: MNRJ 30806, F; MNRJ 30811, F; Xavantina: MNRJ 30797, M; MNRJ 30802, M; MNRJ 30800, F; MUZUSP 32590, M; MUZUSP 32591, F; MUZUSP 32615, F; Confresa: MUZUSP 17280, M; MUZUSP 17281, F; Itiquira: MUZUSP 88410, F; São Domingos: MUZUSP 35271, F; Pindaíba: MUZUSP 35270, M; Yamanguti: MUZUSP 65895, M.

*Stilpnia cayana sincipitalis*(Berlepsch 1907)

**Type locality:** Leopoldina, Rio Araguaya, Goiás, Brazil.

**Distribution:** northwestern Goiás, Brazil.

**Examined specimens:** BRAZIL, Goiás, Aragarças: MPEG 22985, M; Formosa: MPEG 19259, M; MPEG 19260, F; LSU 67802, M; LSU 67806, M; LSU 67803, M; LSU 67804, M; MNRJ 6817, M; MNRJ 30801, F; SNMNH 516122, M; Goiânia: MPEG 22502, F; MPEG 19578, F; MPEG 19630, F; MPEG 21885, F; MPEG 22467, F; MPEG 22487, F; LSU 30932, M; MUZUSP 65884, M; MUZUSP 65825, M; MUZUSP 65599, M; MUZUSP 65879, M; MUZUSP 65892, M; MUZUSP 65871, M; MUZUSP 65878, M; MUZUSP 53061, M; MUZUSP 65883, M; MUZUSP 65881, M; MUZUSP 34078, M; MUZUSP 65890, M; MUZUSP 65597, M; MUZUSP 53062, M; MUZUSP 65589, F; MUZUSP 65886, F; MUZUSP 65880, F; MUZUSP 65598, F; MUZUSP 70471, F; MUZUSP 65889, F; MUZUSP 65894, F; MUZUSP 65824, F; MUZUSP 65823, F; MUZUSP 65602, F; MUZUSP 65887, F; MUZUSP 65600, F; MUZUSP 65601, F; MUZUSP 65588, F; MUZUSP 65885, F; MUZUSP 65877, F; SNMNH 516123 F; Conceição do Araguaia: MPEG 22983, F; MPEG 22980, F; MPEG 22979, F; Baliza: MPEG 43891, M; Rio Verde: MPEG 19207, F; São Gabriel: MPEG 19362, F; MUZUSP 27848, M; MUZUSP 27849, M; MUZUSP 27850, F; Nerópolis: LSU 30933, F; MUZUSP 65873, M; Ipameri: MNRJ 10968, M; MNRJ 10949, F; Planaltina: MNRJ 10964, M; MNRJ 10950, M; MNRJ 10951, F; Rio Vermelho: MNRJ 10923, M; MNRJ 10948, F; Bela vista: MUZUSP 65608, F; Campo Alegre de Goiás: MUZUSP 101810, M; Caldas Novas: MUZUSP 65875, F; Hidrolândia: MUZUSP 65872, M; MUZUSP 70473, F; MUZUSP 65605, F; MUZUSP 65604, F; MUZUSP 65603, F; Inhumas: MUZUSP 65826, F; Itaberaí: MUZUSP 65870, M; Ponte de Bela Vista: MUZUSP 65881, M; São Geraldo: MUZUSP 65830, M; Trindade: MUZUSP 65596, M; MUZUSP 65593, M; MUZUSP 65591, F; Varjão: MUZUSP 65595, M; MUZUSP 65594, F; Distrito Federal: Brasília: MPEG 15832, M; MPEG 19483, M; MPEG 15833, F; MPEG 32989, F; MNRJ 32691, F; Planaltina: MUZUSP 52012, M; MUZUSP 52013, F.

*Stilpnia cayana chloroptera*(Vieillot 1819)

**Type locality:**Brésil.

**Distribution:** southeastern Brazil, eastern Paraguay and northeastern Argentina.

**Examined specimens:** BRAZIL, São Paulo, São Paulo: AMNH 513089, M; AMNH 513091, M; AMNH 513115, F; AMNH 513090, F; MUZUSP 55535, M; MUZUSP 54003, M; MUZUSP 98177, F; MUZUSP 74923, F; MUZUSP 55536, F; MUZUSP 29530, M; Campinas: AMNH 513088, M; AMNH 513087, F; Capivari: MNRJ 31796, M; Itapetinga: LSU 68289, M; LSU 63086, M; LSU 63085, M; LSU 68075, M; LSU 63084, M; LSU 60725, F; MUZUSP 64710, M; MUZUSP 11868, M; Atibaia: MUZUSP 61670, M; Monte Alegre: MUZUSP 29798, F; Porto Ferreira: MUZUSP 31739, M; MUZUSP 31740, F; Anhembi: MUZUSP 54693, M; MUZUSP 43302, M; Barroão: MUZUSP 31331, M; MUZUSP 31335, F; MUZUSP 31333, F; Batatais: MUZUSP 29690, M; MUZUSP 29691, F; Depave: MUZUSP 83442, M; Baranal: MUZUSP 81162, F; Boracéia: MUZUSP 80307, F; Pirituba: MUZUSP 61124, F; Monte Alegre: MUZUSP 28767, M; MUZUSP 29797, M; MUZUSP 29051, M; MUZUSP 28760, M; MUZUSP 28761, M; MUZUSP 28770, F; MUZUSP 28764, F; MUZUSP 28768, F; MUZUSP 28765, F; MUZUSP 28769, ; MUZUSP 28763, F; Cajuru: MUZUSP 29119, M; Avaré: MUZUSP 54000, M; MUZUSP 54001, F; MUZUSP 53999, M; MUZUSP 53994, M; MUZUSP 54002, M; MUZUSP 53993, M; MUZUSP 53992, M; MUZUSP 53998, M; MUZUSP 53997, F; MUZUSP 53995, F; MUZUSP 53996, F; MUZUSP 53991, F; Franca: MUZUSP 8055, M; Itatiba: MUZUSP 14412, M; MUZUSP 896, F; MUZUSP 13920, F; Jaboticabal: MUZUSP 1122, F; Jundiaí: MUZUSP 83507; Paroklin: MUZUSP 46175, M; Pedregulho: MUZUSP 51694, M; MUZUSP 51696, M; MUZUSP



51695, F; Rio das Almas: MUZUSP 15516, F; São José do Rio Preto: MUZUSP 88405, F; Serra da Mantiqueira: MUZUSP 31139, M; Sorocaba: MUZUSP 54358, M; Terra Preta: MUZUSP 60427, M; MUZUSP 60423, F; MUZUSP 60430, F; MUZUSP 60426, F; MUZUSP 60420, F; MUZUSP 60421, F; MUZUSP 60428, F; Campos do Jordão: MUZUSP 96866, F; Ibeti: MUZUSP 31334, F. Mato Grosso do Sul: AMNH 319614, M; AMNH 319612, M; AMNH 319615, F; Baitaporá: MNRJ 31658; MUZUSP 73556, M; MUZUSP 73559, M; MUZUSP 73557, F; MUZUSP 73558, F; Jaraguari: MUZUSP 15515, M. Minas Gerais, Belo Horizonte: AMNH 245356, F; Januária: MNRJ 10965, M; MNRJ 10935, M; Caramandel: MNRJ 34725, M; Baía do Paraupé, Pompeu: MNRJ 8917, M; Mariana: MNRJ 10963, M; MNRJ 10933, M; MNRJ 10956, M; Lagoa Santa: MNRJ 22957, M; MNRJ 22955, F; MNRJ 22016, F; MNRJ 22017, F; MNRJ 23324, F; Alfenas: MUZUSP 60424, F; Almerara: MUZUSP 86009, F; Baependi: MUZUSP 34711, M; MUZUSP 34712, F; Capelinha: MUZUSP 100561, F; São José da Lagoa: MUZUSP 25817, M; MUZUSP 25821, M; MUZUSP 25819, M; MUZUSP 25820, M; MUZUSP 25996, F; MUZUSP 25818, F; MUZUSP 25995, F; Serra da caraça: MUZUSP 61667, M; MUZUSP 61671, M; MUZUSP 61666, M; MUZUSP 61668, F; Três Lagos: MUZUSP 12669, M; Manhuaçu: MUZUSP 61673, M; MUZUSP 61672, M; Maria de Fátima: MUZUSP 15994, M. Paraná: Castro: MUZUSP 6894, M; MUZUSP 6895, F; Rio Paracai: MUZUSP 37100, F. Rio de Janeiro, Itatiaria: MNRJ 46041, M; MNRJ 10955, M; MUZUSP 36378, F; Teresópolis: MNRJ 8753, M; MNRJ 8752, M; MNRJ 8757, M; MNRJ 34795, F; MUZUSP 33801, F; Nova Friburgo: MNRJ 36648, M; Ponta Grossa: MNRJ 37180, M. Rio Grande do Sul, Samindu: AMNH 316236, F.

*Stilpnia cayana flava* (Gmelin 1789)

**Type locality:** northeastern Brazil.

**Distribution:** northeastern Brazil, from eastern Pará, Maranhão, Ceará to southern Bahia.

**Examined specimens:** BRAZIL, Bahia: AMNH 245337, M; AMNH 245338, F; Ilheus: AMNH 513073, M; AMNH 513071, F; MPEG 70806, M; MUZUSP 10117, M; MUZUSP 33804, M; Iracema: AMNH 245336, M; AMNH 245324, M; Jaguaraguara: AMNH 245329, M; AMNH 245328, M; AMNH 245332, M; AMNH 245330, M; AMNH 245334, F; Morro do chapeú: AMNH 245313, M; AMNH 245315, M; AMNH 245319, M; AMNH 245316, M; AMNH 245319, F; AMNH 245321, F; AMNH 245317, F; AMNH 245320, F; AMNH 245318, F; AMNH 245322, F; Santa Rita: AMNH 245326, M; AMNH 245327, F; MUZUSP 41123, M; MUZUSP 41124, M; São Marcelo: FMNH 49706, M; FMNH 49705, F; Santo Amaro: FMNH 49705, F; Mucugê: MPEG 47322, M; MPEG 47323, M; MPEG 47326, F; MPEG 47327, M; MPEG 47328, F; MPEG 47329, F; MPEG 47330, F; MPEG 47324, F; MPEG 47325, F; Cachoeira: MNRJ 10925, M; MNRJ 10967, M; MNRJ 10952, F; MNRJ 10953, F; Iramaia: MNRJ Terna620, M; MNRJ 50174, F; Guarapija: MUZUSP 14362, F; Ilha Madre Deus: MUZUSP 27725, M; MUZUSP 14361, M; MUZUSP 14367, M; MUZUSP 28762, M; Correntina: MUZUSP 83388, M; MUZUSP 83387, M; MUZUSP 83389, F; Brotas de Macaúba: MUZUSP 93122, M; Vila Nova: MUZUSP 7405, M. Ceará, Viçosa: AMNH 245352, M; AMNH 245347, M; AMNH 245349, M; AMNH 245348, M; AMNH 245350, M; AMNH 245351, M; Serra Baturite: FMNH 49697, M; FMNH 49699, M; FMNH 49700, M; FMNH 49696, M; FMNH 49702, M; FMNH 49701, F; FMNH 49698, F. Varzea Formosa: FMNH 63345, M; FMNH 63346, F; MUZUSP 33802, M; MUZUSP 42000, M; MUZUSP 41999, M; MUZUSP 42001, M; MUZUSP 42002, F; MUZUSP 42003, F; Município Pacoti:

SNMNH 370408, M. ESPIRÍTO SANTO: AMNH 317990, F. Pernambuco, Garanhuns: AMNH 245340, M; AMNH 245341, M; AMNH 245339, M; AMNH 245343, F; AMNH 245345, F; AMNH 245344, F; São Lourenço: AMNH 513085, M; AMNH 513086, M; Terezina: AMNH 245353, M; AMNH 245354, F; Barreiros: MPEG 70537, F; Recife: MNRJ 24805, M; MNRJ 24805, M; MNRJ 24807, F; MUZUSP 18600, M. Maranhão, Alto Parnaíba: FMNH 63354, M; MPEG 43577, M; MPEG 43576, M; MPEG 43579, F; MPEG 43578, F; Riachão: MPEG 42196, F; Grajahu: FMNH 63352, M; FMNH 63350, M; FMNH 63349, F; Tranqueira: FMNH 63356, M; FMNH 63358, M; Aldeia do Porto: MUZUSP 38201, M; MUZUSP 38202, F; MUZUSP 38203, F; Carolina: MUZUSP UFG4374, M; MUZUSP UFG4488, M; MUZUSP UFG4491, M; MUZUSP UFG4526, M; MUZUSP UFG4519, M; MUZUSP UFG4521, M; MUZUSP UFG4694, M; MUZUSP UFG4600, M; MUZUSP UFG4643, M; MUZUSP UFG4858, M; MUZUSP UFG4341, M; MUZUSP UFG4399, F; MUZUSP UFG4593, F; MUZUSP UFG4599, F; MUZUSP UFG4642, F; MUZUSP UFG4823, F; MUZUSP UFG4848, F; MUZUSP UFG4755, F. Tocantins, Araguatins: MPEG 20683, M; Guzraí: MNRJ 47631, M; MUZUSP 65869, M; MUZUSP 65867, M; MUZUSP 65868, M; MUZUSP 53055, M; MUZUSP 53058, M; MUZUSP 53060, F; MUZUSP 53059, F; MUZUSP 65821, F; Porto Nacional: MUZUSP 80901, M; MUZUSP 80902, F; Paraná: MUZUSP 84485, M; Mateiro: MUZUSP 79806, M. Pará: Santana do Araguaia: MPEG 49149, M; MUZUSP 90256, M; MUZUSP 90257, F; Cumarú do Norte: MPEG 22977, M; MPEG 22976, F; Novo Progresso: MPEG 17870, M; MPEG 16404, F; MPEG 17871, F; Rio Fresco: LSU 67797, M; Serra do cachimbo: LSU 67801, M; LSU 67800, M; LSU 67799, M; LSU 67798, F; MNRJ 1099, M; MUZUSP 43527, M. PIAUÍ: José de Freitas: MPEG 68763, M; Castelo do Piauí: MPEG 68768, F; Curimatá: MPEG 68767, M; Uruçuí: MPEG 68764, M; MUZUSP 75406, M; MUZUSP 75407, F. Goiás, Parque Nacional Chapada dos Veadeiros: LabGenBio PNCV44, M; LabGenBio PNCV54, F; MNRJ 10931, M; MNRJ 10940, M; MNRJ 10932, M; MNRJ 10938, M; MNRJ 10939, M; MNRJ 10927, M; MNRJ 7042, F; MNRJ 7040, F; MNRJ 11049. Rio São Miguel: MNRJ 10936, M; MNRJ 10934, M; MNRJ 10941, M; Serra Geral: MNRJ 10216, M; MNRJ 10215, M; MNRJ 10214, M. Paraíba, João Pessoa: MNRJ 42922, F; MNRJ 42923, F; Maturéia: MNRJ 43300, F; Camaratuba: MUZUSP 40358, M; MUZUSP 40362, M; MUZUSP 40360, M; MUZUSP 40359, M; MUZUSP 40361, M; MUZUSP 40355, M; MUZUSP 40356, M; Uruba: MUZUSP 40353, M; MUZUSP 40354, M; Mananguapé: MUZUSP 40364, F. Alagoas, Quebangulo: MUZUSP 37622, M; MUZUSP 37625, M; MUZUSP 37623, M; MUZUSP 37624, F; MUZUSP 39230, F; Rio Laigo: MUZUSP 37620, F; FozPoço Coeri–APA Pidoba: MUZUSP 84534, F; Palmerira dos Índios: MUZUSP 37621, M; São Miguel: MUZUSP 37618, M; MUZUSP 37619, F; Mangabeiras: MUZUSP 37626, M; Usina Simitri: MUZUSP 39228, M; MUZUSP 39227, M; MUZUSP 37628, M; MUZUSP 39225, M; MUZUSP 37627, M; MUZUSP 39226, M; MUZUSP 39229, F.

*Stilpnia cayana huberi*(Hellmayr 1910)

**Typelocality:** Cachoeira, Rio Arary, Ilha do Marajó, Brazil.

**Distribution:** Ilha do Marajó, Pará, Brazil.

**Examinedspecimens:** Ilha do Marajó: MPEG 80294, M; MPEG 80314, M.

## 6- References

- Amadon, D. (1964) Taxonomic notes on birds of prey. *American Museum Novitates*, 2166, 1-24.
- Alstrom, P., Olsson, U., Lei, F., Wang, H.T., Gao, W. & Sundberg, P. (2008) Phylogeny and classification of the Old World Emberizini (Aves, Passeriformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 47, 960–973.
- Baldwin, S.P., Oberholser, H.C. & Worley, L.G. (1931) Measurements of birds. *Scientific Publications of the Cleveland Museum of Natural History*, 2, 1–165.
- Bergmann, C. (1847) Über die Verhältnisse der Wärmekonomie der Thiere zu ihrer Grösse. *öttinger Studien*, 1, 595–708.
- Burns, K.J. (1998) A Phylogenetic perspective on the evolution of sexual dichromatism in Tanagers (Thraupidae): the role of female versus males plumage. *Evolution*, 52 (4), 1219–1224.
- Cardoso, A., Vogler, A.P. & Serrano, A. (2003) Morphological and genetic variation in *Cicindela lusitanica* Mandl, 1935 (Coleoptera, Carabidae, Cicindelinae): implications for conservation, *Graellsia*, 59, 415-426.
- Carlson, D. & Burns, K.J. (2020) Burnished-buff Tanager (*Stilpnia cayana*). In: Schulenberg, T.S. (Ed), *Birds of the World (Cornell Lab of Ornithology)*, Vol. 1. Ithaca, NY, USA.
- Cicero, C. (2010) The significance of subspecies: A case study of Sage Sparrows (Emberizidae, *Amphispiza belli*). In: Winker, K. & Haig, S.M. (Eds), *Avian Subspecies, Ornithological Monographs*, 67, 103–113.
- Clements, J.F. (2007) *The Clements checklist of birds of the World*. Cornell University Press, Ithaca, 864 pp.
- Darwin, C. (1871) *The descent of man, and selection in relation to sex*. 1st ed. John Murray, London.
- Dickinson, E.C., Dekker, R.W.R.J., Eck, S. & Somadikarta, S. (2003) Systematic notes on Asian birds, Types of the Chloropseidae and Irenidae. *Zoologische Verhandelingen*. Leiden, 344, 43–61.
- Hellmayr, C.E. (1910) The birds of the Rio Madeira. *Novitates Zoologicae*, 17, 257–428.
- Hellmayr, C.E. (1912) Zoologische Ergebnisse einer Reise in das Mündungsgebiet des Amazonas, herausgegeben von Lorenz Muller II, Vogel, Abhandlungen der Königlich Bayerischen Akademie der Wissenschaften Mathematisch–physikalische Klasse, 26, 1–142.
- Hendry, A.P., Grant, P.R., Grant, B.R., Ford, H.A., Brewer, M.J., Podos, J. (2006) Possible human impacts on adaptive radiation: beak size bimodality in Darwin’s finches. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 237(1596), 1887–1894.
- Hilty, S. L. (2003) *Birds of Venezuela*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 878 pp.
- Huber, J.A., Welch, D.B.M., Morrison, H.G., Huse, S.M.H., Neal, P.R., Butterfield, D.A. & Sogin, M.L. (2007) Microbial Population Structures in the Deep Marine Biosphere. *Science*, 318 (5847), 97-100.
- Isler, M.L. & Isler, P.R. (1987) *The tanagers: natural history, distribution, and identification*. Smithsonian Institution Press, Washington DC, 406 pp.
- Isler, M. L. & Isler, P. R. (1999) *The tanagers: natural history, distribution, and identification*. 2nd edition. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press, 404 pp.
- Kaiser, H. F. (1960) The application of electronic computers to factor analysis. *Educational and Psychological Measurement*, 20, 141–151.
- Lopes, L.E. (2009) *Taxonomia, biogeografia e conservação das aves endêmicas do Cerrado*. Thesis, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais.

- Meiri, S. & Thomas, G.H. (2007) The geography of body size: challenges of the interspecific approach. *Global Ecology and Biogeography*, 16, 689–693.
- Munsell, A. (2015) Soil, color charts, revised edition. McBeth Division of Kollmorgan Instruments Corporation, New York.
- Oksanen, J., Blanchet, F.G., Kindt, R., Legendre, P., O’Hara, B., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, H. & Wagner, H.H. (2019) Vegan: Community Ecology Package. R package Version 2.5-4. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>.
- Paynter, R.A., Jr. & Mayr, E. (1970) *Check-list of birds of the world, a continuation of the work of James L. Peters, Vol. 13*, Museum of Comparative Zoology, Cambridge, EUA.
- Pinto, O.M.O (1944) *Catálogo das aves do Brasil e lista dos exemplares existentes da coleção do Departamento de Zoologia*, parte 2. Ordem Passeriformes (continuação): superfamília Tyrannoidea e subordem Passeres. Departamento de Zoologia, Secretaria da Agricultura, Indústria e Comércio, São Paulo, Brasil.
- QGIS 3.20 Development Team. (2020) QGIS 3.20 Geographic Information System. *Open Source Geospatial Foundation Project*. Available from: <http://Qgis 3.20.osgeo.org> (accessed 12 January 2021).
- de Queiroz, K. (1998) The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation. A conceptual unification and terminological recommendations. *In*: Howard, D.J. & Berlocher, S.H. (Eds), *Endless Forms: Species and Speciation*: 57 – 75, Oxford: Oxford University Press.
- de Queiroz, K. (2007) Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56 (6), 879–886.
- R Core Team (2018) R: A Language and Environment for Statistical Computing. *R Foundation for Statistical Computing*, Vienna. <https://www.R-project.org>.
- Remsen, J.V., Rocha, O., Schmitt, C.G. & Schmitt, D.C. (1991) Zoogeography and geographic variation of *Platyrinchus mystaceus* in Bolivia and Peru, and the circum–Amazonian distribution pattern. *Ornitología Neotropical*, 2, 77–83.
- Ridgely, R. S. & Tudor, G. (1989) *The Birds of South America*. Oxford, University Press, vol. 1, 516 pp.
- Rodrigues, M. A., Sañudo, I. L. & Hawkins, B. A. (2006) The geographic distribution of mammal body size in Europe. *Global Ecology and Biogeography*, 15, 173 –181.
- Sangster, G. (2014) The application of species criteria in avian taxonomy and its implications for the debate over species concepts, *Biological Reviews*, 89, 199–214.
- Schulenberg, T. S. & Binford, L.C. (1985). A new species of Tanager (Emberizidae: Thraupinae, *Tangara* from southern Peru. *The Wilson Bulletin*, 97 (4), 413 – 420.
- Slater, P.L. (1856) Synopsis Avium Tanagrarum: a descriptive catalogue of the known species of tanagers, parts I–III. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 24, 64–94, 108–132, 230–281.
- Slater, P.L. (1857) *Monograph of the birds forming the tanagrine genus Calliste, illustrated by coloured plates of all known species*. John Van Voorst, London, UK.
- Slater, P.L. (1886) *Catalogue of the Passeriformes, or perching birds, in the collection of the British Museum. Fringilliformes, part II, vol. XI*, British Museum, London, UK.
- Sick, H. (1997) *Ornitologia Brasileira. Nova Fronteira*, Rio de Janeiro, 862 pp.
- Sokal, R.R. & Rohlf, F.J. (1995) *Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research*. 3rd Edition, W.H. Freeman and Co., New York.
- Tobias, J.A., Seddon, N., Sottiswoode, C.N. & Pilgrim, J.D. (2010) Quantitative criteria for species delimitation. *Ibis*, 152, 724–746.
- Todd, W.E.C. (1922) New forms of Finches and Tanagers from tropical America. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 35, 89–94.

- Storer, R. W. 1970. Subfamily Thraupinae, Tanagers. In: Paynter, R. A., Jr. (Ed), Check-list of birds of the world. Vol. XIII. Museum of Comparative Zoology, Cambridge, Massachusetts.
- Vieillot, L.J.P. (1819) Nouveau Dictionnaire d'histoire naturelle appliquée aux arts, à l'agriculture, à l'économie rurale et domestique, à la médecine. *Tomo*, 32, 595 pp.
- Wallace, A. R. (1889) *Darwinism. An exposition of the theory of natural selection with some of its applications*. MacMillan and Co., London and New York.
- West-Eberhard, M.J. (1983) Sexual selection, social competition, and speciation. *The Quarterly Review of Biology*, 58 (2), 155–183.
- Zimmer, J.T. (1943). Studies of Peruvian Birds. No. XLVII. The genus *Tangara*. Part 2. *American Museum Novitates*, 1246, American Museum of Natural History, New York, New York.

## Figure legend

**FIGURE 1.A)** Geographic distribution of the Burnished-buff Tanager (*Stilpnia cayana*) specimens analyzed in this study colored by subspecies: *S. c. fulvescens* (purple dots), *S. c. cayana* (orange dots), *S. c. margaritae* (blue dots), *S. c. sincipitalis* (brown dots), *S. c. chloroptera* (blue dots), *S. c. flava* (pink dots). Type locality for each subspecies was indicated by a star. **B)** Male and female of *T. c. cayana* (group *cayana*) captured during field works in the savannah of Amapá, Brazil. **C)** Male and female of *S. c. margaritae* (group *flava*) captured during field works in the Nova Xavantina, Mato Grosso, Brazil.

**FIGURE 2.** Plumage color variation of *Stilpnia cayana* males in Bolivia. A) West, with blue throat and breast (El Consuelo, Rio Beni). B) East, with black throat and breast (Serrania Huanchaca).

**FIGURE 3.** Comparison the plumage color variation of *Stilpnia cayana* males in north Brazil. A) Macapá, Amapá and B) Ilha do Marajó, Pará.

**FIGURE 4.** Boxplots showing the male morphometric variations among *Stilpnia cayana* subspecies for the six traits studied. The y-axis values are shown in millimeters. ful - *S. c. fulvescens* (n = 45); cay - *S. c. cayana* (n = 103); mar - *S. c. margaritae* (n = 54); sin - *S. c. sincipitalis* (n = 37); chl - *S. c. chloroptera* (n = 70); fla - *S. c. flava* (n = 131).

**FIGURE 5.** Boxplots showing the female morphometric variations among *Stilpnia cayana* subspecies for the six traits studied. The y-axis values are shown in millimeters. ful - *S. c. fulvescens* (n = 35); cay - *S. c. cayana* (n = 70); mar - *S. c. margaritae* (n = 52); sin - *S. c. sincipitalis* (n = 46); chl - *S. c. chloroptera* (n = 64); fla - *S. c. flava* (n = 75).

**FIGURE 6.** Principal component analysis based on six morphometric traits (wing, tail, tarsus, bill height, bill width and beak length) for *Stilpnia cayana*. **A)** males and **B)** females. Colored dots correspond to the subspecies. PC1 was mainly composed by wing and tail length and explained 33.72% of the variance, while PC2 was mainly composed by weight and length bill and explained 20.81% of the variance.

**FIGURE 7.** Linear regression between latitude and the first principal component (PC1) based on the morphometric trait the wing for males (A) and females (B) of *Stilpnia cayana*.

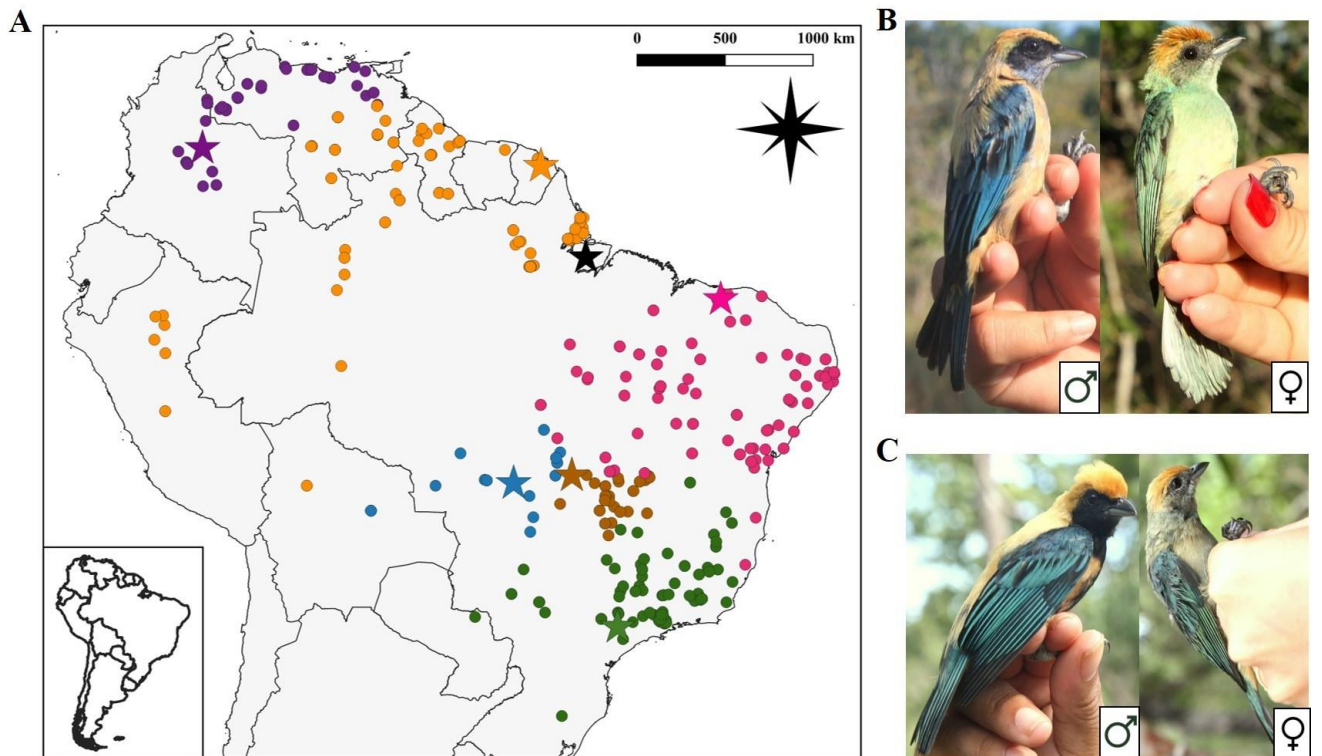
**TABLE 1.** Statistical analysis results (*p*-values) for the first two principal components (PCs) for *Stilpnia cayana* separately for males and females. Same letter indicates the same morphological group, i. e. there are no statistically significant morphological differences among the subspecies belonging to the same group. Student's t-test *p*-values for size dimorphism within each subspecies based on the first principal component (PC1) were also shown.

		Anova		Kruskal-Wallis		
		PC1	PC2	PC1	PC2	
	Male	8.30x10 <sup>-33</sup>		2.02x10 <sup>-12</sup>		
	Female	2.06x10 <sup>-20</sup>		2.71x10 <sup>-13</sup>		PC1
		Tukeytest		Dunn test		t-test
		Male	Female	Male	Female	Males vsfemales
group cayana	<i>S. c. cayana</i>	d	d	c	c	8.99x10 <sup>-08</sup>
	<i>S. c. fulvescens</i>	b	bc	bc	c	5.83x10 <sup>-31</sup>
group flava	<i>S. c. chloroptera</i>	a	a	a	b	7.86x10 <sup>-60</sup>
	<i>S. c. sincipitalis</i>	b	ab	a	a	8.32x10 <sup>-22</sup>
	<i>S. c. margaritae</i>	c	d	ab	ab	4.53x10 <sup>-42</sup>
	<i>S. c. flava</i>	b	c	c	c	5.83x10 <sup>-91</sup>

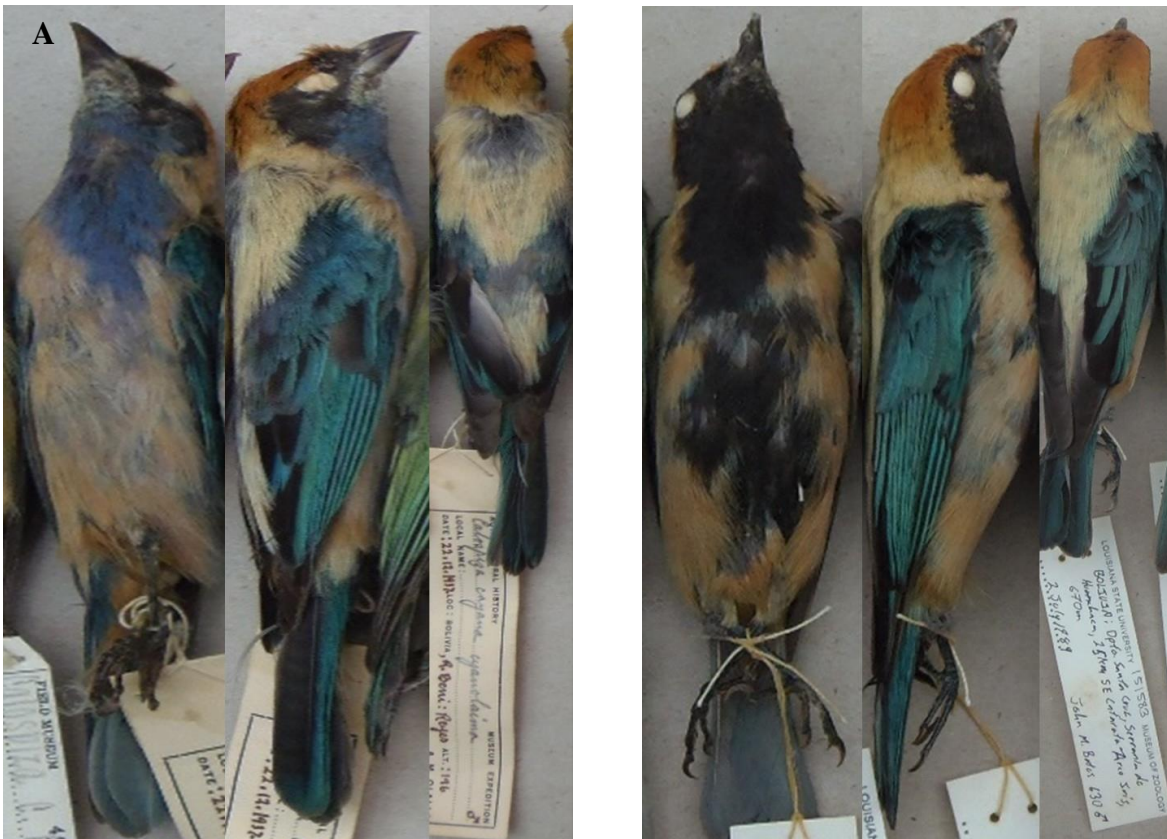


**TABLE 2.** Principal component scores for the two principal component axes (PC1 and PC2) based on six morphometric traits analyzed for *Stilpnia cayana*.

Trait	Factor loading	
	PC1	PC2
Winglength	0.588	0.256
Taillength	0.600	0.203
Taruslength	0.392	0.132
Bill height	0.155	-0.679
Bill width	0.255	-0.461
Bill length	0.226	-0.449
Varianceexplained (%)	33.71	20.84
Cumulativevariance (5)	33.71	54.55



**FIGURE 1. A)** Geographic distribution of the Burnished-buff Tanager (*Stelpnia cayana*) specimens analyzed in this study colored by subspecies: *S. c. fulvescens* (purple dots), *S. c. cayana* (orange dots), *S. c. margaritae* (blue dots), *S. c. sincipitalis* (brown dots), *S. c. chloroptera* (light blue dots), *S. c. flava* (pink dots). Type locality for each subspecies was indicated by a star. **B)** Male and female of *T. c. cayana* (group *cayana*) captured during field works in the savannah of Amapá, Brazil. **C)** Male and female of *S. c. margaritae* (group *flava*) captured during field works in the Nova Xavantina, Mato Grosso, Brazil.

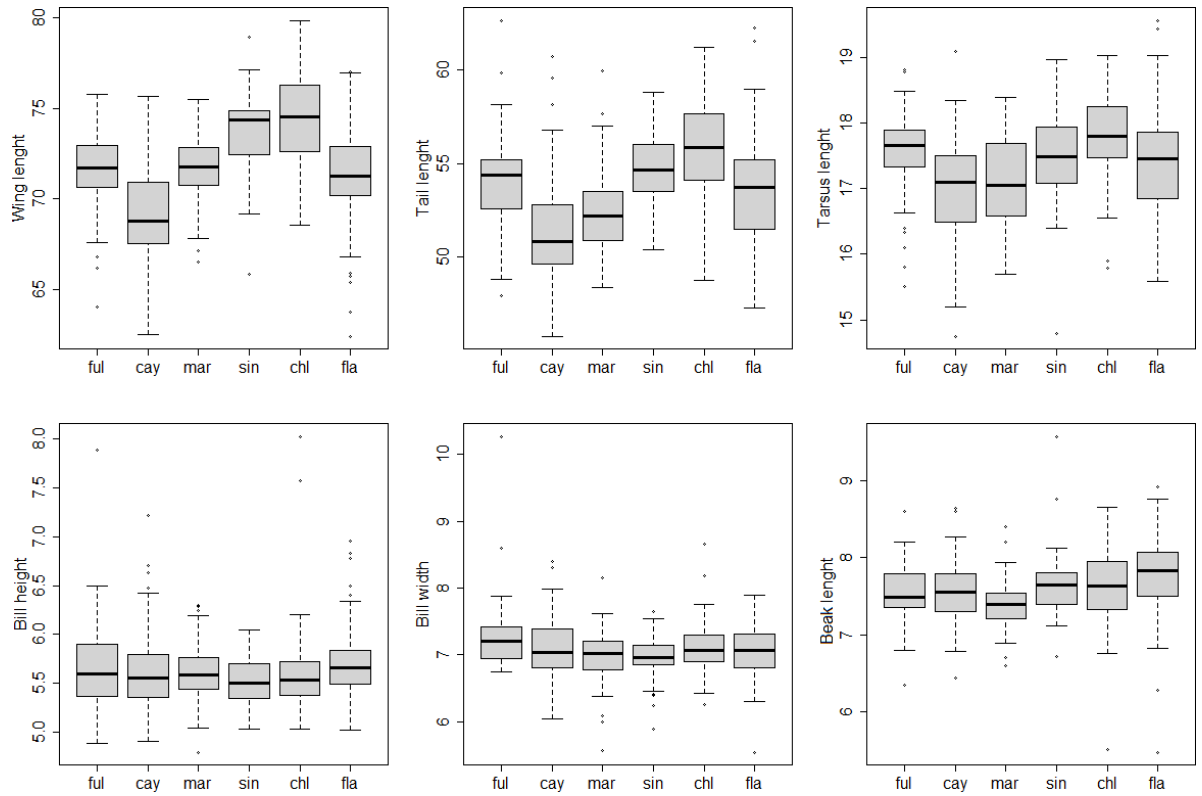


**FIGURE 2.** Plumage color variation of *Stilpnia cayana* males in Bolivia. A) West, with blue throat and breast (El Consuelo, Rio Beni). B) East, with black throat and breast (Serrania Huanchaca).



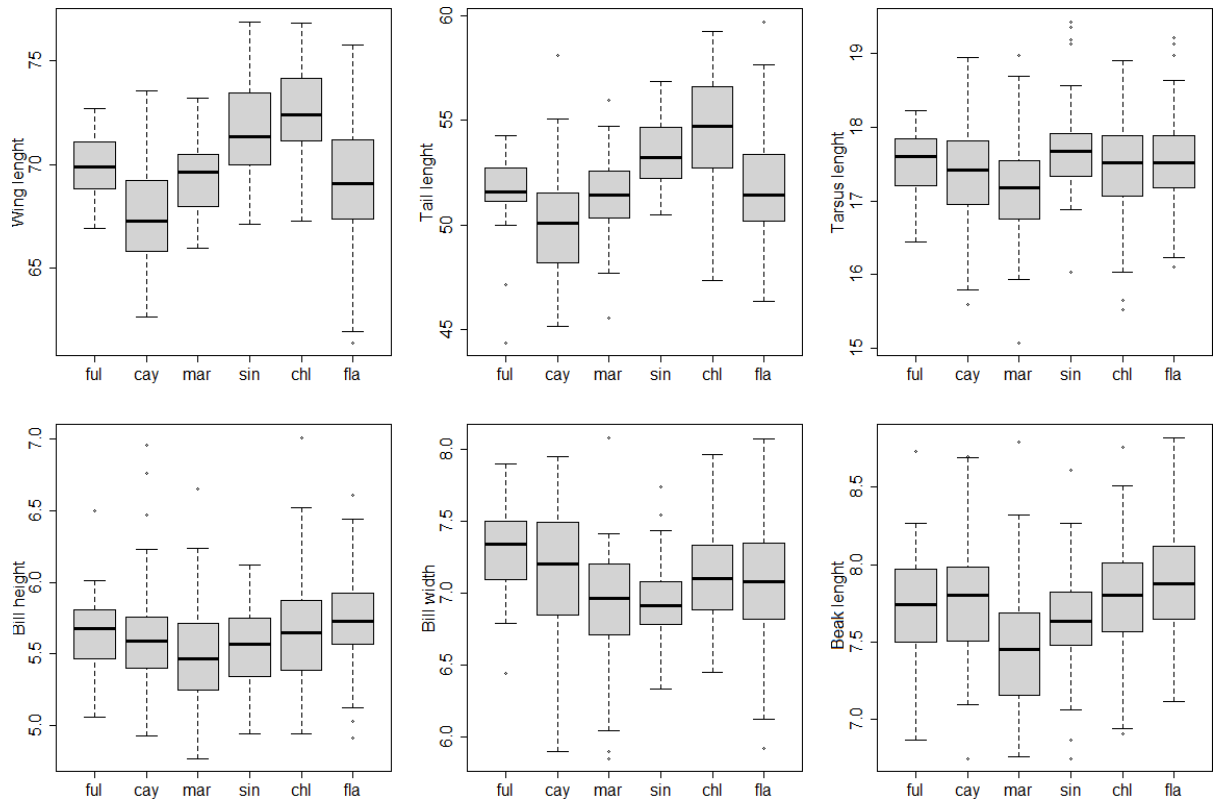
**FIGURE 3.** Comparison the plumage color variation of *Stelpnia cayana* males in north Brazil.

A) Macapá, Amapá and B) Ilha do Marajó,Pará.



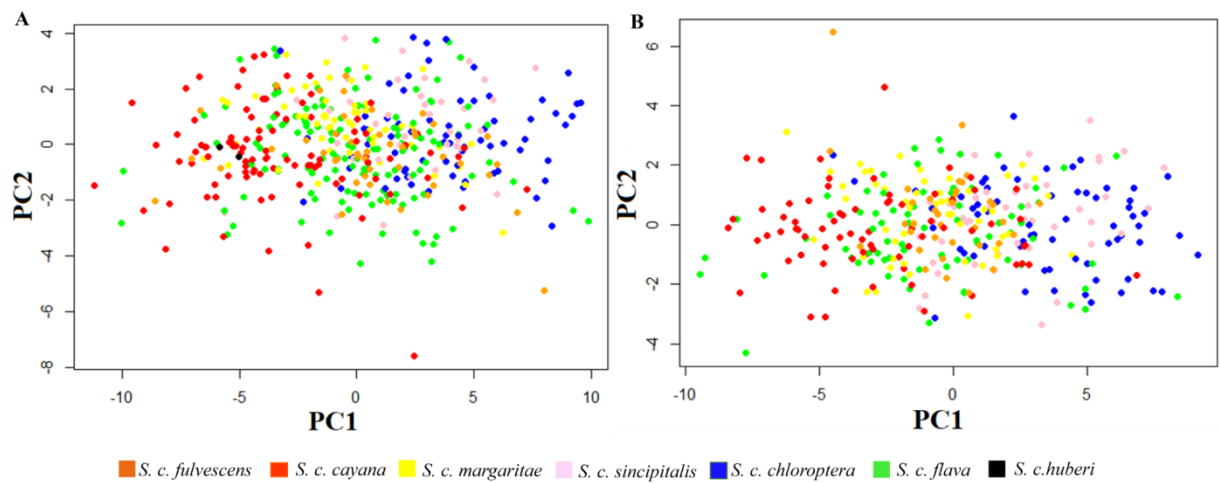
**FIGURE 4.** Boxplots showing the male morphometric variations among *Stelpnia cayana* subspecies for the six traits studied. The y-axis values are shown in millimeters.

ful - *S. c. fulvescens*(n = 45); cay - *S. c. cayana* (n = 103); mar - *S. c. margaritae*(n = 54); sin - *S. c. sincipitalis*(n = 37); chl - *S. c. chloroptera*(n = 70); fla - *S. c. flava* (n = 131).

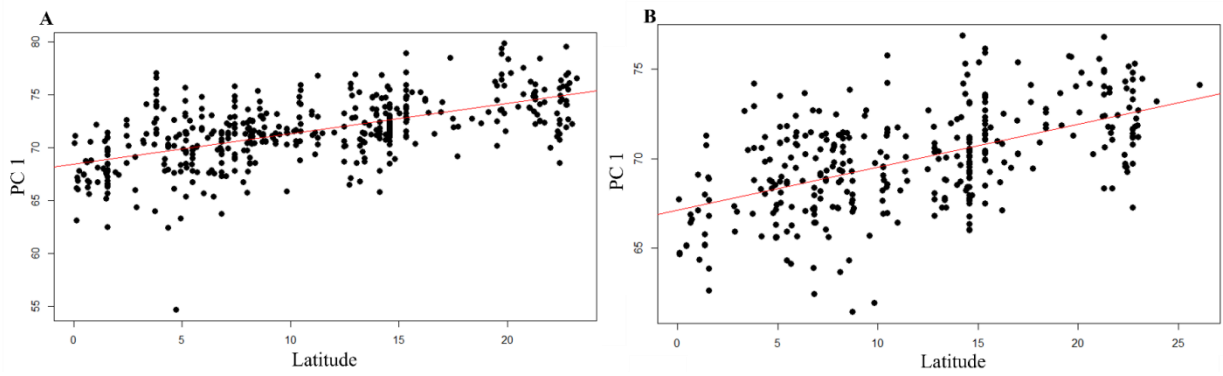


**FIGURE 5.** Boxplots showing the female morphometric variations among *Stelpnia cayana* subspecies for the six traits studied. The y-axis values are shown in millimeters.

ful - *S. c. fulvescens*(n = 35); cay - *S. c. cayana* (n = 70); mar - *S. c. margaritae*(n = 52);  
 sin - *S. c. sincipitalis*(n = 46); chl - *S. c. chloroptera*(n = 64); fla - *S. c. flava* (n = 75).



**FIGURE 6.** Principal component analysis based on six morphometric traits (wing, tail, tarsus, bill height, bill width and beak length) for *Stilpnia cayana*. **A)** males and **B)** females. Colored dots correspond to the subspecies. PC1 was mainly composed by wing and tail length and explained 33.72% of the variance, while PC2 was mainly composed by weight and length bill and explained 20.81% of the variance.



**FIGURE 7.** Linear regression between latitude and the first principal component (PC1) based on the morphometric trait the wing for males (A) and females (B) of *Stilpnia cayana*.