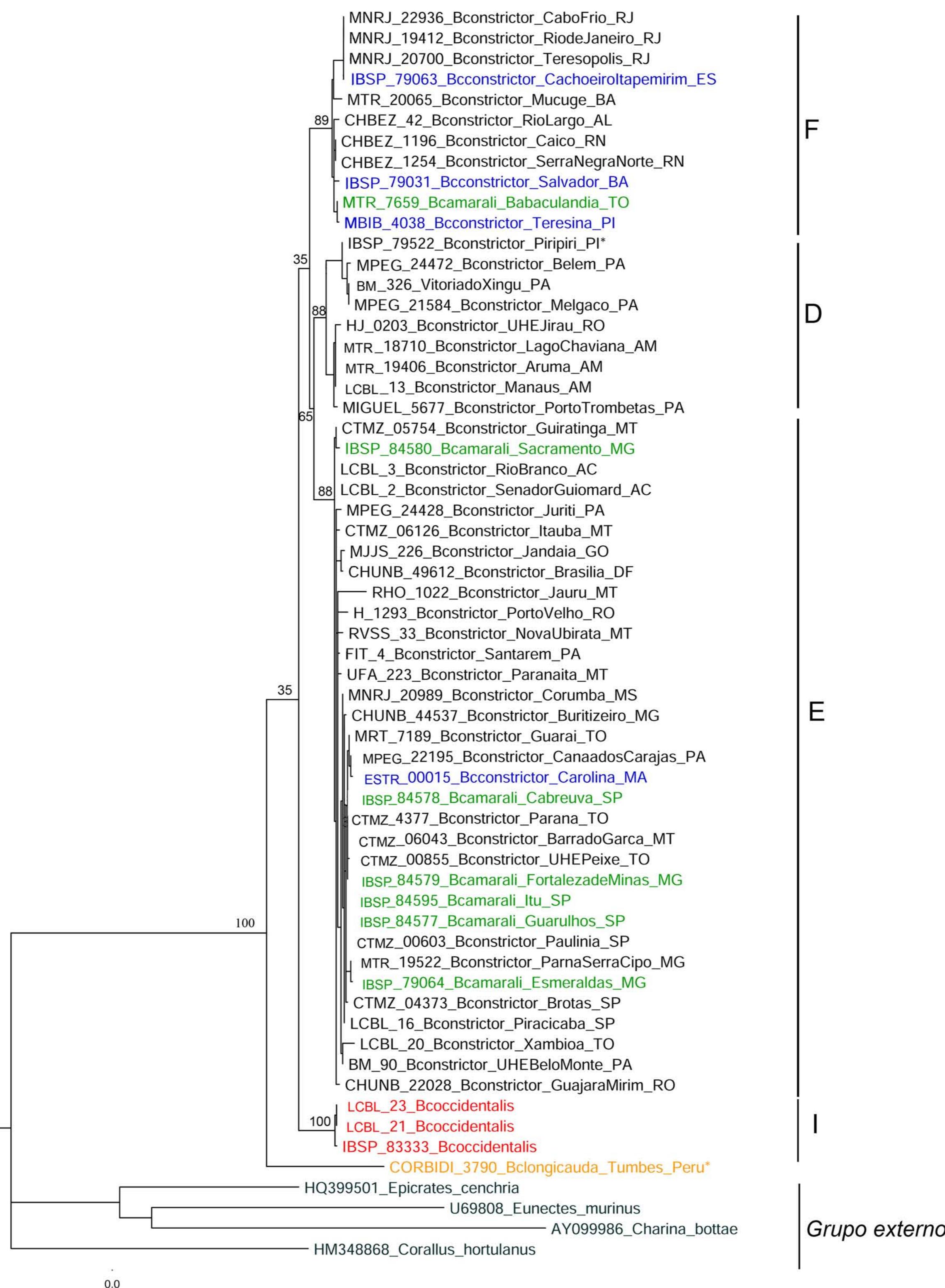
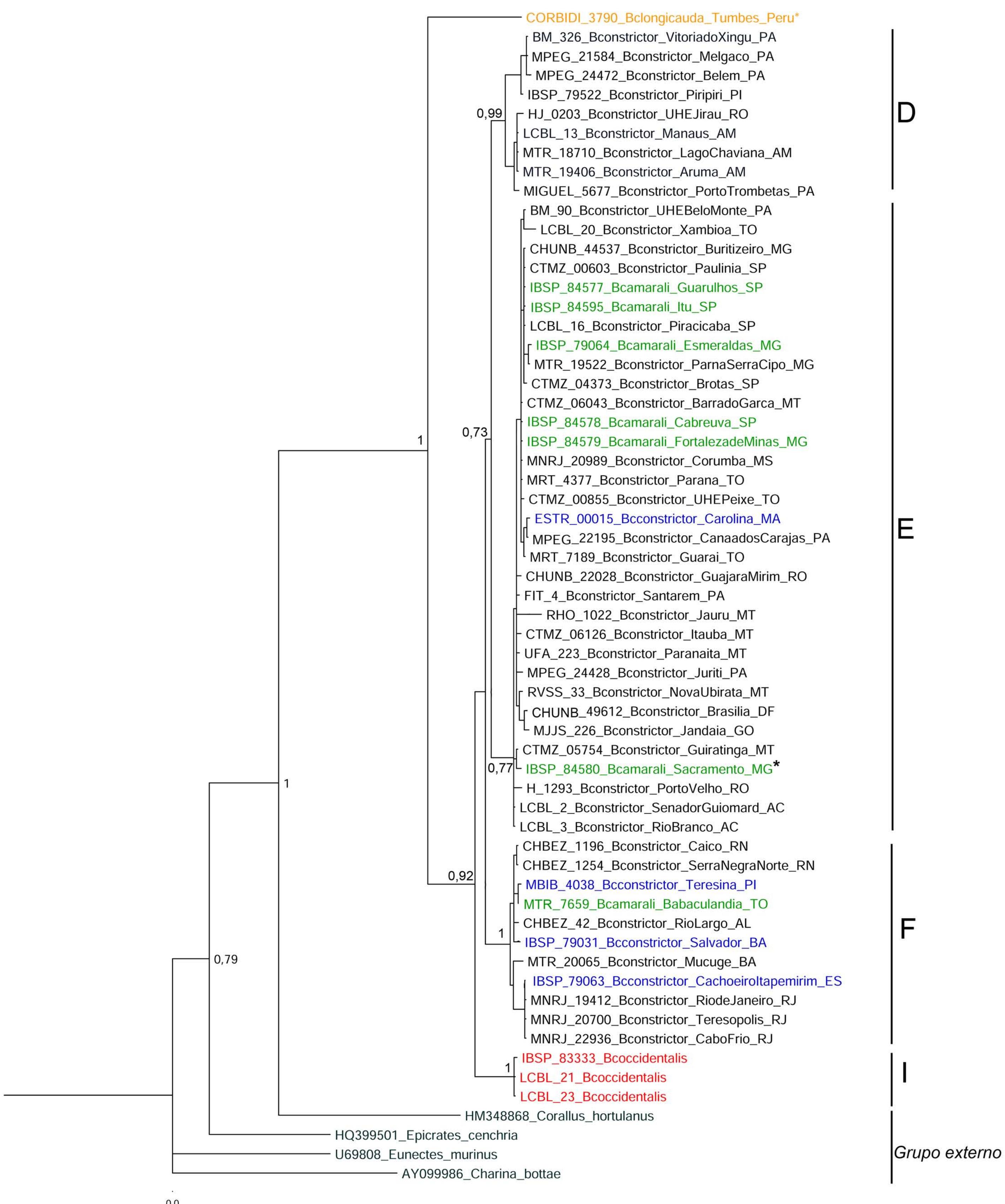


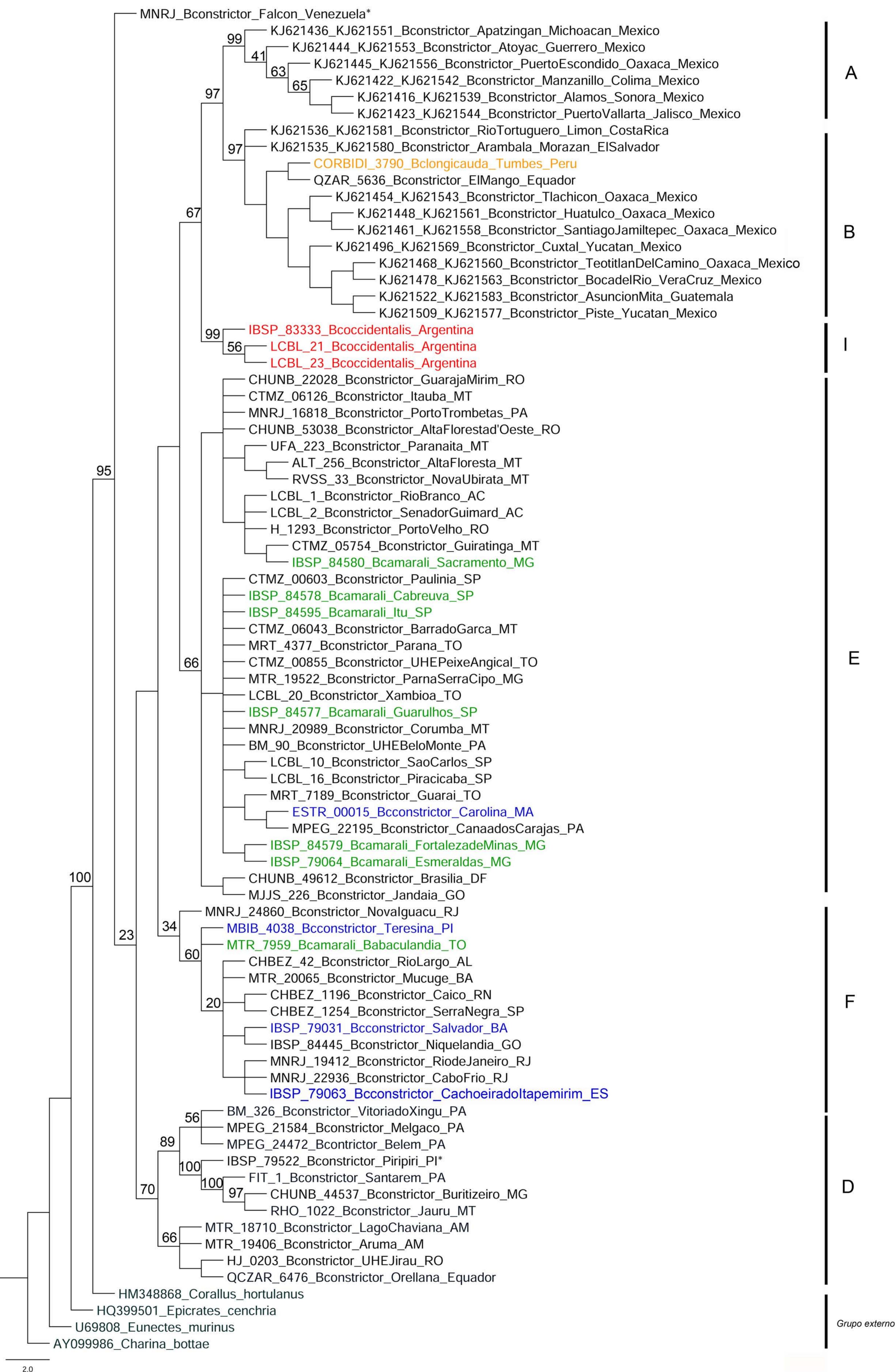
Anexo 1: Árvore de máxima parcimônia obtida a partir de dois genes concatenados (Cytb e ND4). Nos ramos estão representados os valores de bootstrap. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.



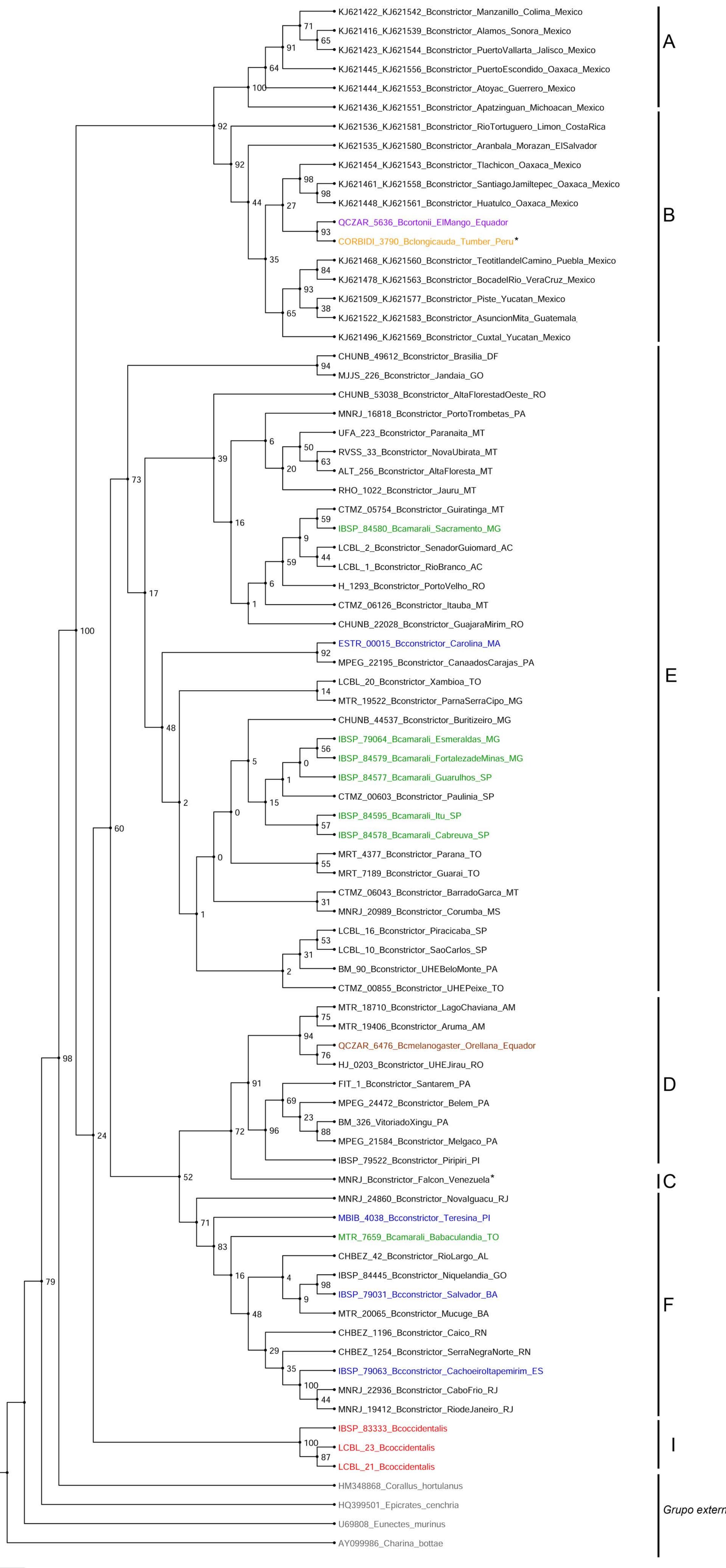
Anexo 2: Árvore de máxima verosimilhança obtida a partir de dois genes concatenados (Cytb e ND4). Nos ramos estão representados os valores de *bootstrap*. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras que foram recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.



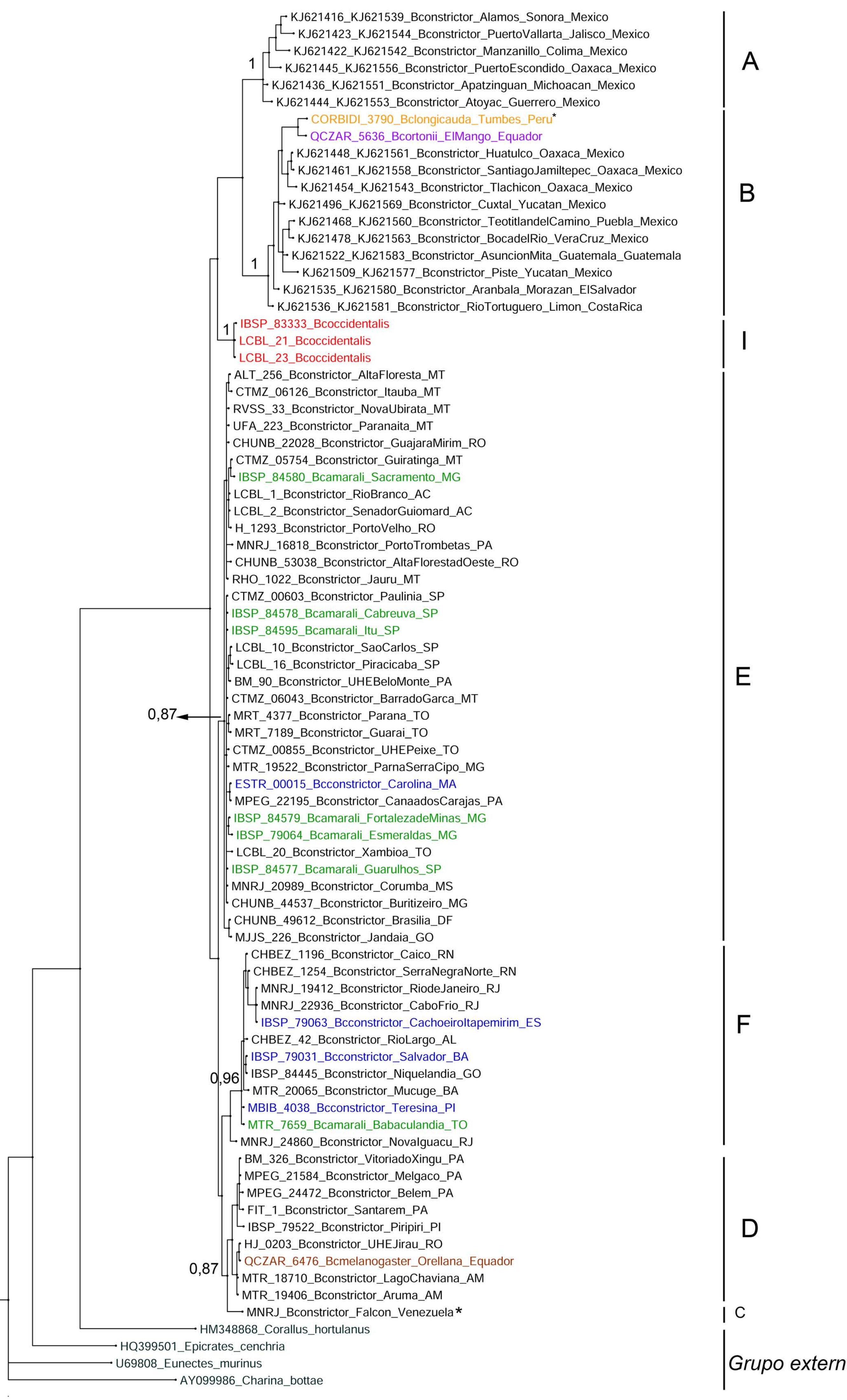
Anexo 3: Árvore de inferência Bayesiana obtida a partir de dois genes concatenados (Cytb e ND4). Nos ramos estão representados os valores de probabilidade posterior. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras que foram recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.



Anexo 4: Árvore de máxima parcimônia obtida a partir de dois genes concatenados (Cytb e ODC). Nos ramos estão representados os valores de bootstrap. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.



Anexo 5: Árvore de máxima verossimilhança obtida a partir da concatenação de dois genes (Cytb e ODC). Nos ramos estão representados os valores de bootstrap. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.



Anexo 6: Árvore de inferência Bayesiana obtida a partir de dois genes concatenados (Cytb e ODC). Nos ramos estão representados os valores de probabilidade posterior. As subespécies estão destacadas em cores. Os asteriscos correspondem às amostras que foram recuperadas em clados diferentes nas diferentes análises.