Marco Aurélio de Sena

Filogenia e evolução dos *Tropidurus* do grupo *torquatus* (Squamata: Tropiduridae).

Phylogeny and evolution of *Tropidurus* of the *torquatus* group (Squamata: Tropiduridae).

São Paulo

2015

Marco Aurélio de Sena

Filogenia e evolução dos *Tropidurus* do grupo
torquatus (Squamata: Tropiduridae).

Phylogeny and evolution of *Tropidurus* of the
torquatus group (Squamata: Tropiduridae).

Tese apresentada ao Instituto de
Biociências da Universidade de São Paulo,
para a obtenção de Título de Doutor em
Ciências, na Área de Zoologia.

Orientador: Miguel Trefaut Rodrigues

São Paulo

2015

Ficha Catalográfica

Sena, Marco Aurélio de

Filogenia e evolução dos *Tropidurus* do grupo *torquatus* (Squamata: Tropiduridae).

Tese (Doutorado) - Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. Departamento de Zoologia.

1. *Tropidurus* 2. Grupo *torquatus* 3. Lagartos 4. Cerrados e Caatingas I. Universidade de São Paulo. Instituto de Biociências. Departamento de Zoologia.

Comissão Julgadora:

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof. Dr. Miguel Trefaut Rodrigues

Orientador

Dedicatória

Dedico à minha namorada, Jani Pereira, por ser uma luz na minha vida.

“Ideias, e somente ideias, podem iluminar a escuridão.”

Ludwig von Mises, *As seis lições*

(Trad. Maria Luiza X. de A. Borges)

“A questão não é se este mundo é triste demais para ser amado ou alegre demais para não o ser; a questão é que, quando se ama alguma coisa, a sua alegria é a razão para amá-la, e a sua tristeza é a razão para amá-la ainda mais.”

G.K. Chesterton, *Ortodoxia*

(trad. Almino Pisetta)

Agradecimentos

A gratidão, conforme ensina Santo Tomás de Aquino, comporta três aspectos: o primeiro é reconhecer o benefício recebido; o segundo, elogiar de viva voz e dar graças ao benfeitor; e o terceiro, recompensar o benfeitor na medida das possibilidades do beneficiado, em tempo oportuno. Nestes quatro anos de tese, contei com a generosidade de inúmeros amigos, colegas e instituições. Pelo menos os dois primeiros aspectos da prescrição tomista, cumpro aqui e agora, com muita alegria; o terceiro, espero ir cumprindo ao longo da vida.

Em primeiro lugar, agradeço ao meu orientador, Prof. Miguel Rodrigues, um professor, pesquisador e naturalista superlativos; sua atenção, generosidade e confiança tornaram este trabalho possível. Tão impressionante quanto seu conhecimento científico, é sua disposição e empolgação em relação aos temas dos seus alunos e o talento para formar um ambiente de trabalho produtivo e sempre muito bem humorado, do qual é um enorme privilégio participar.

Deste modo, cumpre agradecer meus colegas do Laboratório de Herpetologia e do Laboratório de Sistemática Molecular, pela agradável e intelectualmente instigante convivência, pelo companheirismo e generosidade ao compartilhar ideias, informações, dados inéditos: Agustin Camacho, Carolina Nisa, Federico Arias, Felipe Curcio, Francisco Dal Vechio, Isabela Soriano, Ivan Prates, José Cassimiro, Lilian Duarte, Jéssica Gillung, Juliana Roscito, Maíra Concistré, Maysa Miceno, Manuel Antunes Júnior, Mauro Teixeira Júnior, Pedro Nunes, Renata Cecília Amaro, Renato Recoder, Roberta Damasceno, Sabrina Baroni, Sérgio Marques de Souza e Veridiana Tofik.

A oportunidade de ingressar nesse grupo, devo a meus colegas Mauro Teixeira Júnior e Agustin Camacho, cujo auxílio no campo do Parque Nacional Cavernas do Peruaçu foi na verdade o começo desta tese. Maíra Concistré e Sabrina Baroni gentilmente me receberam no Laboratório de Sistemática Molecular e me ensinaram os primeiros passos. Manuel Antunes Júnior foi excepcional na eficiência, boa vontade e paciência ao tratar da enormidade de amostras para sequenciar, além de perder muito tempo comigo analisando sequências. Agustin Camacho, Sérgio Marques e Renato Recoder prestaram um enorme auxílio nas análises. Maíra Concistré perdeu muito tempo comigo, o TNT e o MrBayes, e por isso sou-lhe muito, muito grato. Agradeço imensamente a Denis Machado Jacob e Taran Grant pela generosa e paciente assistência nas análises preliminares de POY.

Durante o período desta tese, tive a oportunidade de cursar boas disciplinas e por elas agradeço aos professores Sérgio Rosso & Roberto Shimizu (BIE5771 – Planejamento e Análise de Pesquisas Ecológicas) e Francisca do Val (BIO5726 – Evolução dos Animais ao Nível de Espécie). Agradeço à professora Mônica Toledo-Pizza, e meus colegas Pedro Nunes e Renata Cecília Amaro por aceitarem o convite para integrar minha banca de qualificação, e por fazerem com que o exame de qualificação tenha realmente valido a pena. Cumprir a monitoria PAE, apesar de trabalhosa, foi um grande prazer, e agradeço aos docentes da disciplina, professores Miguel Rodrigues, Monica Toledo-Piza, Marcelo de Carvalho, Taran Grant e Elisabeth Höefling pela oportunidade de realmente aprender como se ensinar zoologia. Meus companheiros de monitoria, João Paulo Capretz, Rodrigo Borghezán, Thiago Alves, Carolina Nisa, Paula Moraes e Paula Amaral tornaram mais leve e divertida a empreitada.

Meus colegas de pós-graduação do Departamento de Zoologia fizeram deste local para mim uma segunda casa, pelo ambiente amistoso e cordial. E agradeço imensamente pela oportunidade de participar de uma iniciativa muito promissora, o Curso de Verão em Zoologia, integrando o Comitê Organizador da sua primeira realização com meus colegas: João Paulo Barbosa; María de los Angeles; Julia Beneti; Livia Cordeiro; Vagner Cavarzere; Pedro Dias; Rodrigo Dios; Sarah Viana; Victor Giovannetti; André Giroti; Carolina Laurini; Thiago Loboda; Natalia Luchetti; Cláudia Olivares; Karla Paresque; Flávia Petean; Mariane Targino.; João Paulo Capretz ; Rodrigo Souza e Thiago Vernaschi.

A coleta de amostras, tecidos ou animais, contou com um batalhão de coletores anônimos, além de contribuições generosas de colegas: Miguel Rodrigues, José Cassimiro, Dante Pavan, Paula Hanna Valdujo, Fábio Maffei, Mauro Teixeira Júnior, Renato Recoder, Francisco Dal Vecchio, Carla Piantoni, Pedro Nunes, Caroline Garcia, Roberta Damasceno, Sérgio Marques de Souza, André Luiz Carvalho, Juliana Rodrigues, Hugo Bonfim, Felipe Curcio, Bruno Rocha, Agustin Camacho, Davor Vrcibradic, Gisele Winck, Mara Kiefer, Renato Gaiga, Ana Cristina Monteiro-Leonel, Cybele Araújo, Gabriel Skuk (*in memoriam*), Maysa Miceno e Carolina Nisa. Contei com a generosidade de muitos colegas que prontamente atenderam meu pedido e gentilmente me cederam suas fotos: Agustin Camacho, Miguel Rodrigues, Renato Recoder, Mauro Teixeira Jr., Antônio Bordignon, Renato Gaiga, Fábio Maffei, Laurie Vitt, Pedro Freire, André Luiz Carvalho, Pedro Peloso, Esler Criscoulo Bruno.

Além destas contribuições individuais, agradeço aos curadores e técnicos das seguintes coleções que forneceram amostras de tecidos e permitiram consulta às respectivas coleções: Dr. Hussam Zaher e Alberto B. Carvalho, do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP); Dr. Felipe Franco Curcio, Universidade Federal do Mato Grosso (UFMT); Dr. Márcio Borges-Martins e Valentina Z. Caorsi, Coleção de Anfíbios e Répteis do Laboratório de Herpetologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); Dra. Ana Lúcia da Costa Prudente e João Fabricio de Melo Sarmento, do Laboratório Herpetologia, do Museu Paraense Emílio Goeldi (MPEG), sendo que Luciana de Oliveira pacientemente me passou as coordenadas dessas amostras; Dra. Selma Torquato da Silva, Coleção de Herpetologia do Museu de História Natural da Universidade Federal de Alagoas (MHN/UFAL). A Fundación Miguel Lillo, Tucumán, Argentina doou amostras de tecidos dos *Tropidurus etheridgei* da Argentina. O Dr. Felipe Curcio além de proporcionar total liberdade no acesso à coleção da UFMT também gentilmente me hospedou na sua casa durante minha estadia em Cuiabá, com direito a excelentes conversas, muitas visitas à Sorveteria Alaska e uma rápida e sensacional visita à Chapada dos Guimarães.

Além do material já coletado, fiz várias viagens de coleta que proporcionaram conhecer melhor a história natural dos *Tropidurus*. As viagens com a equipe do Miguel, cada uma equivalente a um curso de pós-graduação, com a imensa vantagem de aliar um aprendizado intenso com uma atmosfera descontraída. Juntos fizemos algumas das melhores viagens da minha vida e agradeço profundamente pela oportunidade de participar de cada uma delas.

Hugo Bonfim, Sônia Mendonça e Juliana Rodrigues, do RAN-ICMBio, por meio do PAN Espinhaço, coordenaram trabalhos de coleta e pesquisa em várias áreas dentro de parques nos Cerrados, Campos Rupestres e Caatingas, sendo que tive a grata satisfação de trabalhar com eles em vários pontos da região sul do Espinhaço mineiro. No Parque Nacional da Serra do Cipó contamos com boa-vontade e simpatia do diretor à época, Henri Collet, e toda equipe do parque.

Amostras importantes dos Cerrados do Tocantins foram obtidas a partir de viagem ao Baixo Araguaia, coordenada por Dante Pavan, com a excelente companhia do próprio Dante, Ana Cristina Monteiro-Leonel, Fábio Maffei, José Mario Beloti Ghellere, Eliana Faria e Daniel Rolim.

Graças à colaboração com o Laboratório de Mastozoologia e Biogeografia (LaMaB), da Universidade Federal do Espírito Santo, tive a imensa satisfação de visitar a

maravilhosa Reserva Biológica de Sooretama, no ES. Agradeço a excelente companhia e generosidade dos colegas do LaMaB: Rafaela Duda, Jerônimo Dalpicolla, Lorena Dinelli, Maíra Leone, João Luis da Fonseca, Roger e Victor Colombi, que com sua mãe me receberam maravilhosamente bem em sua casa.

André Luiz Carvalho, companheiro de “trepidurologia”, me permitiu acompanhá-lo à Bolívia para coletarmos as formas endêmicas do país; apesar dos percalços e dificuldades, foi uma experiência absolutamente maravilhosa. Ainda sobre a Bolívia, contamos com a grande boa vontade da direção do Museo de Historia Natural “Alcide d’Orbigny” de Cochabamba, Ricardo Céspedes Paz e Eliana Lizarraga, cujo auxílio contra a tenaz burocracia foi fundamental para, durante minha estadia no país, visitarmos a região do Parque Nacional Torotoro e vermos *Tropidurus* a 2700 m de altitude. Um colega boliviano, Rolando Rivas, nos acompanhou e foi de grande valia nas negociações com a administração do Parque. Minha viagem à Cochabamba foi possível graças ao Processo Fapesp 2011/50146.

Por fim, duas pessoas muito queridas me ajudaram nas coletas finais: Jani Pereira da Silva e Antônio Bordignon atenderam prontamente meu pedido e embarcamos para coletar os topótipos de *T. oreadicus* em Buritis (MG). E na reta finalíssima, Antonio Bordignon me acompanhou à última viagem desta tese pelas restingas do norte fluminense.

Este projeto contou com financiamento da Fapesp (Processo 2010/16735-1) e Capes, e com toda infra-estrutura proporcionada pelo Instituto de Biociências. Do imenso corpo de funcionários, gostaria de deixar meus sinceros agradecimentos, em especial aos técnicos do Departamento de Zoologia, Ênio Matos e Phyllip Lenktaitis, às secretárias do Departamento, Maria Lúcia Vieira e Marly Salviano de Almeida e da Seção Pós-Graduação, Lilian Parpinelli e Erika Harumi Camargo. Como aluno do IB desde 1997, e sendo o doutoramento a fase final de formação, deixo registrada minha imensa dívida com este Instituto e a Universidade de São Paulo.

E por fim, a parte mais pessoal dos agradecimentos: minha família, meus pais, meu irmão, meus tios e primos, que sempre estão torcendo por mim. E especialmente minha namorada, Jani Pereira da Silva, pelo amor e companheirismo, que me acompanham praticamente desde o começo desta tese. Obrigado pela compreensão e carinho. Esta tese também é um pouco sua.

I. INTRODUÇÃO.....	12
1. Breve histórico das propostas de filogenias no estudo da evolução e diversificação dos lagartos neotropicais a partir da dados moleculares.....	12
2. O posicionamento do gênero <i>Tropidurus</i> dentro dos Iguania.....	17
3) As hipótese de relacionamento do gênero <i>Tropidurus</i> dentro de Tropiduridae.....	20
4) Sistemática dos <i>Tropidurus</i> do grupo <i>torquatus</i>	25
5) Diversificação das formas arenícolas/saxícolas dos <i>Tropidurus</i> do grupo <i>torquatus</i> : os indícios na literatura que sugerem um quadro mais complexo da evolução do grupo.....	27
4) Objetivos.....	30
II. MATERIAL E MÉTODOS.....	31
1. Estudo Molecular.....	31
1.1 Material.....	31
1.2 Extração do DNA total.....	32
1.3 Reação de PCR.....	33
1.4 Reação de Sequenciamento.....	35
1.5 Análise das Sequências.....	36
1.6 Análises filogenéticas.....	36
1.7.1 Sequenciamento do gene mitocondrial 16S.....	38
1.7.2 Sequenciamento do gene mitocondrial cyt b.....	39
1.7.3 Sequenciamento do gene nuclear KIF24.....	39
1.7.4 Sequenciamento do gene nuclear PRLR.....	39
1.7.5 Sequenciamento do gene nuclear PTPN.....	39
2 Estudo Morfológico.....	39
2.1 Sexo e Idade.....	42
2.2 Caracteres Morfométricos.....	44
2.3 Caracteres Merísticos.....	44
2.4 Análises Estatísticas.....	45
IV.RESULTADOS.....	47

1. Análise molecular.....	47
2. Análise morfológica – Abordagem multivariada.....	119
V. DISCUSSÃO.....	152
VI. CONCLUSÕES.....	174
VII. RESUMO.....	176
VIII. <i>ABSTRACT</i>	177
IX. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	178
X. ANEXOS I a VI	

I. INTRODUÇÃO

1) Breve histórico das propostas de filogenias no estudo da evolução e diversificação dos lagartos neotropicais a partir da dados moleculares

Atualmente a utilização de dados moleculares para reconstruções filogenéticas é um procedimento rotineiro, sendo utilizado para delimitar espécies, auxiliar a detectar e descrever a diversidade biológica e compreender os mecanismos geradores desta diversidade (FOUQUET *et al.*, 2012; AMARO *et al.* 2013). Na última década, um grande número de trabalhos, valendo-se de ferramentas moleculares, tem contribuído para ajudar a compreender melhor a evolução, diversificação e biogeografia dos lagartos neotropicais (e.g., GLOR *et al.*, 2001; FROST *et al.*, 2001a; FROST *et al.*, 2001b; PELLEGRINO *et al.*, 2001; MAUSFELD *et al.*, 2002; REEDER *et al.*, 2002; BENOZZATI & RODRIGUES, 2003; DOAN, 2003; SCHULTE II *et al.*, 2003; CASTOE *et al.*, 2004; POE, 2004; DOAN & CASTOE, 2005; PELLEGRINO *et al.*, 2005; RODRIGUES *et al.*, 2005; CARRANZA & ARNOLD, 2006; KOHLSDORF & WAGNER, 2006; MIRALLES *et al.*, 2006; SILVA, 2006; WHITING *et al.*, 2006; BERGMANN & RUSSEL, 2007; GIUGLIANO *et al.*, 2007; RODRIGUES *et al.*, 2007; TORRES-CARVAJAL, 2007; GAMBLE *et al.*, 2008a e 2008b; GEURGAS & RODRIGUES 2008; PASSONI *et al.*, 2008; MIRALLES *et al.*, 2009; MOTT & VIEITES, 2009; RODRIGUES *et al.*, 2009; WERNECK *et al.*, 2009; CAROLINO, 2010; CASSIMIRO, 2010; GEURGAS & RODRIGUES 2010; MIRALLES & CARRANZA, 2010; SIEDCHLAG *et al.*, 2010; D'ANGIOLELLA *et al.*, 2011; GAMBLE *et al.*, 2011a, 2011b, 2012; LAGUNA, 2011; PELLEGRINO *et al.*, 2011; SANTOS, 2011; TOWNSEND *et al.*, 2011; GOICOECHEA *et al.*, 2012; HEDGES & CONN, 2012; NICHOLSON *et al.*, 2012; NUNES *et al.*, 2012; WERNECK *et al.*, 2012; TEIXEIRA JR. *et al.*, 2013a; DOMINGOS *et al.*, 2014; RECODER *et al.*, 2014; PRATES *et al.* 2015; WERNECK *et al.*, (*in press*)).

Dentre os primeiros estudos a respeito da classificação e das relações evolutivas dos grupos de lagartos, foi de enorme importância o trabalho de Charles L. Camp, publicado na década de 1920 e sendo portanto anterior ao estabelecimento do paradigma cladista. Além de revisar todas as propostas de classificação anteriores, e baseando-se em dados morfológicos e de distribuição de espécies, CAMP (1923) propôs um arranjo classificatório no qual reconheceu 21 famílias. Estas foram divididas em três grandes grupos: Iguania, Autarchoglossa e Gekkota, sendo que Serpentes apareceriam como uma sub-ordem dentro de Autarchoglossa (Figura 1). Desde o trabalho de Camp, muitos trabalhos fizeram tentativas mais ou menos bem sucedidas

de reconstruir a história evolutiva dos lagartos (ver revisão em PREGILL & FROST, 1988). A primeira delas, baseada exclusivamente em caracteres morfológicos e com uma proposta filogenética, foi levada a cabo já no final da década de 1980, no livro editado por ESTES & PREGILL (1988).

Figura 1: Filogenia e classificação dos lagartos, segundo CAMP (1923).

Nesta obra com abordagem filogenética explícita, diversos autores propõem hipóteses de relacionamento entre os principais grupos de Squamata. GAUTHIER *et al.* (1988) confirmam a monofilia de Lepidosauria, e dentro deste, dos Squamata; ESTES *et al.* (1988), estudaram as relações entre os Squamata, concluindo que os “lagartos” não formam um grupo monofilético, que dentro de Squamata havia uma dicotomia entre os Iguania e os Scleroglossa, e que Serpentes, Amphisbaenia e Dibamidae deveriam ser considerados *incertae sedis*; ETHERIDGE & DE QUEIROZ (1988), propuseram uma filogenia para a família Iguanidae, reconhecendo-a como um

metatáxon e para a qual propuseram oito grupos supra-genéricos monofiléticos ('anolóides', 'basiliscíneos', 'crotafítíneos', 'esceloporíneos', 'iguaníneos', 'morunasauróides', 'opluríneos' e 'tropiduríneos') (Figura 2); GRISMER (1988) propôs uma filogenia e fez a revisão taxonômica dos gecos eublefarídeos, além de trabalhar com biogeografia do grupo; PRESCH (1988), reconheceu a monofilia de Scincomorpha, composta pelas famílias Cordylidae, Gymnophthalmidae, Lacertidae, Scincidae, Teiidae e Xantusidae.

Figura 2: Relações filogenéticas dos grupos de lagartos iguanídeos, propostas por ETHERIDGE & DE QUEIROZ (1988).

Estas propostas tiveram grande aceitação na literatura, sendo adotadas em livros-texto de herpetologia (e.g., PIANKA & VITT, 2003; POUGH *et al.*, 2004; VITT & CALDWELL, 2009) e foi bastante explorada para explicar a evolução da história de vida dos Squamata (VITT & PIANKA, 2005). Extensos trabalhos recentes, utilizando dados morfológicos com espécies fósseis e atuais (CONRAD, 2008; GAUTHIER *et al.*, 2012) corroboram a hipótese de uma divisão basal entre Iguania e os demais linhagens de Squamata (Figura 3).

Figura 3: Filogenia de Squamata, obtida por dados morfológicos (GAUTHIER *et al.*, 2012)

Desde as primeiras grandes filogenias de Squamata utilizando dados moleculares até as mais recentes (e.g, HARRIS *et al.*, 2001; TOWNSEND *et al.*, 2004; FRY *et al.*, 2006; VIDAL & HEDGES, 2009; SITES *et al.*, 2011; WIENS *et al.*, 2012; , PYRON *et al.*, 2013), todas as propostas têm sido unânimes em suportar a monofilia do grupo, mas no tocante às relações internas , literalmente têm invertido a interpretação dos dados morfológicos. Estas filogenias apresentam algumas diferenças entre si, mas todas colocam Iguania como um clado derivado dentro de Squamata sendo que alguns autores (FRY *et al.*, 2006; SITES *et al.*, 2011, PYRON *et al.*, 2013, Figura 4) recuperam-no relacionado a Serpentes, em um clado chamado Toxicofera . Outra modificação significativa das propostas moleculares em relação às filogenias de dados morfológicos é o posicionamento de Amphisbaenia, que nas hipóteses moleculares aparece como grupo irmão de Lacertidae e ambos relacionados à Teiidae + Gymnophthalmidae.

A discrepância entre interpretações morfológicas vs. moleculares no tocante os níveis hierárquicos superiores em Squamata ainda não tem perspectiva de solução. Conforme observam LOSOS *et al.* (2012), o problema pode ser posto desta maneira: ou os dados moleculares implicam em uma espantosa homoplasia morfológica e sugerem que o conhecimento das relações entre estruturas morfológicas e hábitos de

vida sejam bastante limitados, ou então a morfologia implica um padrão de evolução molecular que ainda precisa ser melhor explicado.

Figura 4: Filogenia de Squamata, obtida a partir de dados moleculares (PYRON *et al.*, 2013)

Nas relações entre os níveis taxonômicos inferiores, especialmente família e gênero, há maior concordância sobre os resultados das propostas filogenéticas baseadas em caracteres moleculares. Na região Neotropical, algumas famílias e vários gêneros beneficiaram-se da enorme contribuição de dados moleculares que auxiliaram o entendimento de suas relações evolutivas, padrões de diversificação,

detecção de espécies crípticas e biogeografia (e.g., GAMBLE *et al.*, 2008a; PELLEGRINO *et al.*, 2011; GOICOECHEA *et al.*, 2012; NUNES *et al.*, 2012; WERNECK *et al.*, 2012).

2) O posicionamento do gênero *Tropidurus* dentro dos Iguania

ETHERIDGE & DE QUEIROZ (1988) foram os primeiros a reanalisar as relações filogenéticas de subgrupos de Iguanidae, reconhecendo oito linhagens principais. Baseados em análises filogenéticas de caracteres morfológicos, FROST & ETHERIDGE (1989) não encontraram suporte para a monofilia da família (*sensu lato*) nem conseguiram resolver as relações internas do grupo. Estes autores, entretanto reconheceram a monofilia dos oito grupos supra-genéricos reconhecidos por ETHERIDGE & DE QUEIROZ (1988). Segundo FROST & ETHERIDGE (1989), esses grupos eram consistentes com sua árvore de consenso estrito sendo assim atribuídos às famílias Polychridae, Corytophanidae, Crotaphytidae, Iguanidae, Hoplocercidae, Opluridae, Phrynosomatidae e Tropiduridae, esta última com três subfamílias: Leiocephalinae, Liolaeminae e Tropidurinae (Figura 5).

Figura 5: Hipótese filogenética, baseada em dados morfológicos, das relações entre as linhagens de Iguania (FROST & ETHERIDGE, 1989).

Desde esta proposta, a literatura tem apresentado divergências quanto ao reconhecimento destes grupos como famílias ou sub-famílias; ver MACEY *et al.*, (1997) e SCHULTE II *et al.*, (1998) para pesadas críticas e rejeição da proposta de classificação de FROST & ETHERIDGE (1989). KNAPP & GOMEZ-ZLATAR (2006) fizeram um histórico da discussão e apontam para uma tendência à aceitação desta proposta. Posteriormente, FROST *et al.* (2001a) demonstraram que a família Polychridae (FROST & ETHERIDGE, 1989), apropriadamente renomeada como Polychrotidae (ver KNAPP & GOMEZ-ZLATAR, 2006), mostrou-se parafilética e seus gêneros divididos em duas famílias: Polychrotidae e Leiosauridae. A família Tropiduridae (*sensu* FROST & ETHERIDGE, 1989) também foi considerada não-monofilética e as três subfamílias foram elevadas a famílias: Leiocephalidae, Liolaemidae e Tropiduridae (Figura 6).

Iguania Cope, 1864
 Acrodonta Cope, 1864 (= Chamaeleonidae of Frost and Etheridge, 1989).
 Chamaeleonidae Rafinesque, 1815 (= Chamaeleoninae of Frost and Etheridge, 1989)
 “Agamidae” (*see note at end of list*)
 Spix, 1825 (= Leiolepidinae plus Agaminae of Frost and Etheridge, 1989; diagnostically equivalent to the Acrodonta as well as the Chamaeleonidae *sensu* Frost and Etheridge, 1989)
 Pleurodonta Cope, 1864 (= Iguanidae *sensu* Boulenger, 1885)
 Corytophanidae Fitzinger, 1843
 Crotaphytidae Smith and Brodie, 1982
 Hoplocercidae Frost and Etheridge, 1989
 Iguanidae Oppel, 1811
 Leiocephalidae Frost and Etheridge, 1989 (= Leiocephalinae of the Tropiduridae of Frost and Etheridge, 1989)
 Leiosauridae New
 Leiosaurinae New
 Enyaliinae New
 Liolaemidae Frost and Etheridge, 1989
 (= Liolaeminae of the Tropiduridae of Frost and Etheridge, 1989).
 Opluridae Moody, 1983
 Phrynosomatidae Fitzinger, 1843
 Polychrotidae Fitzinger, 1843 (as defined above)
 Tropiduridae Bell, 1843 (= Tropidurinae of the Tropiduridae of Frost and Etheridge, 1989)

Figura 6: Sumário da proposta de classificação elaborada por FROST *et al.* (2001a).

TOWNSEND *et al.* (2011) publicaram abrangente filogenia dos Iguania, confirmando a monofilia de Pleurodonta e indicando 12 grandes clados, reconhecidos na categoria de famílias. O acréscimo, em relação ao trabalho prévio de FROST *et al.* (2001a) é que, reconhecida a parafilia de Polychrotidae, alocam o gênero *Anolis* (*sensu lato*) em uma nova família, Dactyloidae. Nesse trabalho, Tropiduridae aparece como grupo-irmão do clado Dactyloidae/Corytophanidae (Figura 7).

Figura 7: Filogenia de Iguania, mostrando as relações filogenéticas entre as famílias do grupo. As iniciais correspondem a: Ch: Chamaleonidae; U: Uromastycinae; Lp: Leiolepidinae; Hy: Hydrosaurinae; D: Draconinae; Ag: Agaminae; Am: Amphibolurinae; Ph: Phrynosomatidae; Cr: Crotaphytidae; I: Iguanidae; Po: Polychrotidae; Lc: Leiocephalidae; Po(Da): Dactyloidae; Co: Corytophanidae; T: Tropiduridae; Ho: Hoplocercidae; Li: Liolaemidae; O: Opluridae; Ls: Leiosauridae (TOWNSEND *et al.*, 2011)

A última proposta filogenética, que sugere hipóteses de relacionamento de Tropiduridae com os demais Pleurodonta, é a de PYRON *et al.* (2013) (Figuras 4 e 8). Nela, também são recuperados dentro de Pleurodonta 12 grandes clados reconhecidos na categoria de família e Tropiduridae é recuperada como a grupo-irmão dos demais Pleurodonta.

Figura 8: Detalhe da filogenia apresentada por PYRON *et al.* (2013) mostrando sua hipótese de relacionamento de Tropiduridae e os demais Pleurodonta.

3) As hipótese de relacionamento do gênero *Tropidurus* dentro de Tropiduridae

FROST (1992) realizou a primeira revisão sistemática da família Tropiduridae e apresentou uma hipótese filogenética, baseada em caracteres morfológicos. Nesta proposta, as espécies Trans-Andinas do gênero *Tropidurus* foram colocadas em gêneros à parte (*Microlophus* e *Plesiomicrolophus*) e as todas as espécies cisandinas, incluindo as dos gêneros *Plica*, *Strobilurus*, *Tapinurus* e *Uracentron*, foram transferidas para o gênero *Tropidurus* (Figura 9).

Figura 9: Hipótese de relacionamento dentro de Tropiduridae, obtida a partir de caracteres morfológicos (FROST, 1992).

Em trabalho posterior, HARVEY & GUTBERLET JR (2000) propõem uma nova filogenia para o gênero, também baseada em caracteres morfológicos mas utilizando novos caracteres de micro-estrutura das escamas. Neste estudo, os autores sinonimizam *Plesiomicrolophus* com *Microlophus* e *Uranoscodon* com *Tropidurus* (Figura 10).

Figura 10: Hipótese filogenética para os Tropiduridae, segundo HARVEY & GUTBERLET JR (2000).

FROST *et al.* (2001b) apresentaram uma nova proposta, utilizando pela primeira vez conjuntamente dados morfológicos e moleculares. Foi feita a partir de uma matriz com dados morfológicos de 93 caracteres e como dados moleculares, sequências correspondentes aos seguintes genes: 12S rDNA, valina tDNA e 16S rDNA. Como resultado, os autores redefiniram novamente o gênero, revalidando *Uranoscodon*, *Plica*, *Strobilurus* e *Uracentron*, criando um gênero novo para os *Tropidurus* do grupo *nanuzae* (*Eurolophosaurus*) e restringiram o gênero *Tropidurus* às formas Cis-Andinas de formações abertas (Figura 11).

Figura 11: Filogenia do gênero *Tropidurus*, baseada em caracteres morfológicos e moleculares (FROST *et al.* 2001b)

Este trabalho definiu e dividiu o gênero *Tropidurus* em quatro grupos: 1) grupo *T. bogerti* [*T. bogerti* saiu do grupo *torquatus* e foi posto em um grupo a parte]; 2) grupo *T. spinulosus* [*T. callathelys*, *T. guarani*, *T. melanopleurus*, *T. spinulosus* e *T. xanthochilus*]; 3) grupo *T. semitaeniatus* [*T. helenae*, *T. pinima* e *T. semitaeniatus*] e 4) grupo *T. torquatus* [*T. chromatops*, *T. cocorobensis*, *T. erythrocephalus*, *T. etheridgei*, *T. hispidus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. itambere*, *T. montanus*, *T. mucujensis*, *T. oreadicus*, *T. psammonastes* e *T. torquatus*].

A árvore apresentada nesse trabalho mostrou que o grupo *torquatus* é monofilético. Entretanto, o suporte de Bremer é fraco nos ramos 20 (todo o grupo *torquatus*), 11 (grupo *torquatus*, exceto *T. chromatops*) e 10 (*T. itambere* + *T. psammonastes*); moderado nos ramos 9 ((*T. hygomi* + (*T. itambere* + *T. psammonastes*)), 19 (*T. cocorobensis* + *T. etheridgei*), 15 (((*T. montanus* + (*T. erythrocephalus* + *T. mucujensis*)) + ((*T. insulanus* + *T. oreadicus*) + (*T. hispidus* + *T. torquatus*))), 16 ((*T. montanus* + (*T. erythrocephalus* + *T. mucujensis*)), 14 (*T. insulanus* + *T. oreadicus*) e forte nos ramos 13 ((*T. insulanus* + *T. oreadicus*) + (*T. hispidus* + *T. torquatus*)), 12 (*T. hispidus* + *T. torquatus*) e 17 (*T. erythrocephalus* + *T. mucujensis*).

Por outro lado, na análise de PYRON *et al.*, (2013), *Tropidurus* é recuperado como parafilético em relação a *Eurolophosaurus*, *Strobilurus*, *Uracentron* e *Plica* e as relações entre as espécies do grupo *torquatus* apresentam diferenças significativas (Figura 12). Resumindo as alterações propostas neste trabalho em relação ao de FROST *et al.* (2001b), tem-se:

1) *T. bogerti* foi recuperado como grupo-irmão de *Uracentron*, e estes com outros gêneros de tropidurídeos de hábitat florestal, como *Plica* e *Strobilurus*;

2) os *Tropidurus* do grupo *spinulosus* aparecem como basal agrupo-irmão de um clado formado por os *Eurolophosaurus* e pelos *Tropidurus* do grupo *torquatus*;

3) dentro do grupo *torquatus*, *T. hygomi* aparece como grupo-irmão dos demais representantes do grupo *torquatus* (*T. chromatops* não incluído nesta filogenia), mas não relacionado com *T. psammonastes*+*T. itambere*; *T. montanus* é recuperado como basal ao grupo (exceto *T. hygomi*), e não relacionado a *T. erythrocephalus*+*T. mucujensis*; *T. cocorobensis*+*T. etheridgei* são grupo-irmão de *T. erythrocephalus*+*T. mucujensis*, e o clado que agrupa estas espécies é grupo-irmão das demais espécies (*T. insulanus*, *T. oreadicus*, *T. hispidus* e *T. torquatus*); *T. insulanus* não aparece como grupo-irmão de *T. oreadicus*, sendo basal ao clado que agrupa *T. oreadicus*, *T.*

hispidus e *T. torquatus*; *T. oreadicus* é recuperado como grupo-irmão de *T. hispidus*/*T. torquatus*.

Figura 12: Detalhe da filogenia apresentada por PYRON *et al.*, (2013) mostrando sua hipótese filogenética para Tropiduridae.

4) Sistemática dos *Tropidurus* do grupo *torquatus*

Os lagartos do gênero *Tropidurus* compreendem uma bem sucedida radiação de formas ecológica e morfologicamente variadas, sendo endêmicos da América do Sul (RODRIGUES, 1987; FROST, 1992; HARVEY & GUTBERLET JR, 2000; FROST *et al.*, 2001b). Estes animais são muito abundantes, sendo considerados os lagartos mais conspícuos das paisagens abertas sul-americanas (RODRIGUES, 1987). Talvez por isso, estejam representados em gravuras muito antigas, como os trabalhos de Albert Eckhout, que veio na missão holandesa no Brasil no século XVII (ver, por exemplo, página 267, figura 181 em BRIENEN, 2010; esta imagem está na capa deste trabalho), e em pranchas de Albertus Seba no século XVIII (ver página 137, Tabula 97, figura 4 em MÜSCH *et al.* 2011).

Um dos primeiros e mais importantes naturalistas viajantes que percorreram o Brasil no começo do século XIX foi Maximilian Alexander Phillip, Prinz zu Wied-Neuwied. Wied ficou no Brasil entre 1815 e 1817 e passou algum tempo nas caatingas da Bahia, nos cerrados de Minas Gerais, mas concentrou suas atividades na Mata Atlântica (MAXIMILIANO, 1989; VANZOLINI, 1996).

No seu relato da viagem ao Brasil, Wied faz menção a uma lagartixa de coleira preta, que ele cita pela primeira vez em um casebre na área que hoje corresponde à Lagoa do Paulista no litoral norte fluminense, como sendo frequente em todas as regiões por ele atravessadas (MAXIMILIANO, 1989, p. 88). Ele faz outra menção específica a esta espécie, quando passou por outro casebre abandonado às margens do Rio Catolé, já no Estado da Bahia. Este foi o material utilizado para a descrição de *Stellio torquatus* (WIED, 1820). Posteriormente, ele criou um novo gênero, *Tropidurus*, para essa espécie (WIED, 1825). A descrição apresentada nesse trabalho, juntamente com a figura apresentada (WIED, 1824), seguramente referem-se à espécie *Tropidurus torquatus* (RODRIGUES, 1987).

Quase simultaneamente, aparecem na literatura da época a descrição de *Agama operculata* (Lichtenstein, 1822) e *Agama brasiliensis* (RADDI, 1822), que tornaram-se sinônimos de *Tropidurus torquatus* (WIED, 1820) (*fide* RODRIGUES, 1987; FROST, 1992). Outro nome que apareceu na literatura, *Agama taraguira*, Lichtenstein, 1823, não possui localidade e descrição precisas, aparentemente perdeu o holótipo e por isso RODRIGUES (1987) manteve-a como espécie inquirenda.

A próxima contribuição à literatura vem do trabalho de outro importante naturalista viajante que percorreu o Brasil, Johann Baptist von Spix. Spix em 1825

adicionou mais quatro nomes para as espécies do grupo: *Agama tuberculata*, *A. hispida*, *A. cyclurus* e *A. nigrocollaris*. O primeiro, *Agama tuberculata*, provou-se ser mais um sinônimo de *Tropidurus torquatus*, ao passo que os outros três nomes referiam-se a uma então nova espécie do grupo, cujo nome válido ficou sendo *Tropidurus hispidus* e *A. cyclurus* e *A. nigrocollaris* tornaram-se seus sinônimos (RODRIGUES, 1987). Em 1861 Reinhardt & Luetken descrevem *Tropidurus hygomi* em Maruim, na planície costeira de Sergipe.

No final do século XIX BOULENGER (1885) propôs um arranjo no qual foram considerados sinônimos de *Tropidurus torquatus* os nomes *Tropidurus microlepidotus* Fitzinger 1843, *Taraguira darwinii* Gray 1845 e como sinônimos de *Tropidurus hispidus* as designações *Taraguira smithii* Gray 1845, *Proctotretus toelsneri* (Berthold, 1859), *Tropidurus macrolepis* Reinhardt & Luetken 1861 e *Trachycyclus superciliaris* (Günther, 1861). Por esse arranjo, as únicas espécies válidas do grupo seriam *Tropidurus torquatus* (Wied, 1820), *Tropidurus hispidus* (Spix, 1825) e *Tropidurus hygomi* Reinhardt & Luetken, 1861.

Este arranjo permaneceu até década de 30, quando BURT & BURT (1930) sinonimizaram *Tropidurus hispidus* a *T. torquatus*. Pouco depois, esses mesmos autores, propuseram que *Tropidurus torquatus* e *Tropidurus hispidus* deveriam ser consideradas subespécies de *Tropidurus torquatus*, tornando-se respectivamente *T. torquatus torquatus* e *T. torquatus hispidus* (BURT & BURT, 1931). Ainda sob esse arranjo, *Tropidurus hygomi* foi considerado sinônimo de *T. torquatus hispidus*.

ROZE (1958) descreveu, para Auyantepui, Venezuela, uma nova espécie de *Tropidurus*, *T. bogerti*. A espécie, segundo o autor, tem características tanto de *Plica* quanto de *Tropidurus*, sendo, no entanto, próxima a *T. torquatus hispidus* (*sensu* BURT & BURT, 1931). DONOSO-BARROS (1968) chegou a incluir a espécie em *Plica*, mas ETHERIDGE (1970) realocou-a em *Tropidurus*.

O arranjo proposto por BURT & BURT (1931), apesar de criticado (VANZOLINI, 1963; VANZOLINI, 1972; VANZOLINI & GOMES, 1979) foi seguido por boa parte da literatura (ver RODRIGUES, 1987). No final dos anos 70 VANZOLINI & GOMES (1979) começaram a desmembrar *Tropidurus torquatus* (*sensu* BURT & BURT, 1931). Neste sentido, eles revalidam *Tropidurus hygomi*, e destacam que tanto *T. torquatus* quanto *T. hispidus* poderiam ser nomes válidos, e o que eles designam complexo *Tropidurus torquatus-hispidus* poderia agregar várias outras espécies e subespécies.

Logo em seguida, CEI (1982) descreve uma nova espécie de *Tropidurus* do Chaco argentino, sob o nome *Tropidurus etheridgei*. Um ano depois, GUDYNAS & SKUK (1983) descreveram para o norte do Uruguai *Tropidurus catalanensis*.

Na década de 80 o gênero *Tropidurus* foi alvo de revisão sistemática por RODRIGUES (1987), que estudou as espécies do grupo *torquatus* ao sul do Amazonas. Nesse trabalho, foram reconhecidas como válidas e alocadas no grupo *torquatus* as espécies: *Tropidurus bogerti* (não abordada, por estar além da distribuição da revisão), *T. etheridgei*, *T. hispidus*, *T. hygomi* e *T. torquatus*. *Tropidurus catalanensis* foi considerado sinônimo de *T. torquatus* e sete novas espécies foram descritas para o grupo: *T. cocorobensis*, *T. erythrocephalus*, *T. insulanus*, *T. itambere*, *T. montanus*, *T. mucujensis* e *T. oreadicus*. Posteriormente, outra espécie do grupo, *Tropidurus psammnonastes*, foi descrita (RODRIGUES *et al.*, 1988). CEI (1993) comparando as populações argentinas de *T. catalanensis* com *T. torquatus* de Cabo Frio (RJ), concorda com a sinonimização de *T. catalanensis* a *T. torquatus*, embora defenda a manutenção do epíteto *catalanensis* na categoria de subespécie, *T. torquatus catalanensis*.

HARVEY & GUTBERLET JR. (1998) descreveram mais três espécies de *Tropidurus* da Bolívia, sendo uma delas do grupo *torquatus*. *Tropidurus chromatops* foi considerada relacionada a *Tropidurus etheridgei* e até recentemente só era conhecida na localidade-tipo, sendo registrada recentemente para o sudoeste do estado de MT (MORAIS *et al.*, 2014).

Recentemente, KUNZ & BORGES-MARTINS (2013), fazendo uma análise morfológica de exemplares do Centro-Oeste, Sudeste e Sul do país, reconhecem dentro de *Tropidurus torquatus* (*sensu* RODRIGUES, 1987) três formas distintas: uma que se distribui do litoral do RJ à BA; uma segunda da região montanhosa do RJ e MG e uma terceira dos cerrados do Brasil Central. Além disso, revalidam a espécie plena *T. catalanensis* e descrevem uma nova espécie, *T. imbituba*, restrita à localidade-tipo.

5) Diversificação das formas arenícolas/saxícolas dos *Tropidurus* do grupo *torquatus*: os indícios na literatura que sugerem um quadro mais complexo da evolução do grupo

RODRIGUES (1987) menciona que a existência de espécies, ou populações de uma espécie, limitadas a regiões arenosas em um grupo majoritariamente saxícola é um fato zoogeográfico e ecológico importante. A ocupação dos ambientes arenosos por espécies de *Tropidurus* do grupo *torquatus* ocorreu em *T. cocorobensis* (RODRIGUES, 1987), *T. hygomi* (VANZOLINI & GOMES, 1979; RODRIGUES, 1987) e

T. psammonastes (RODRIGUES *et al.*, 1988) que são arenícolas obrigatórias; outras espécies como *T. etheridgei*, *T. hispidus*, *T. torquatus* e *T. oreadicus* possuem populações saxícolas e arenícolas.

Pela filogenia apresentada por FROST *et al.* (2001b), as linhagens arenícolas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* aparecem independentemente pelo menos três vezes, nos ramos 9 (*T. hygomi*), 10 (*T. psammonastes*) e 19 (*T. cocorobensis*) e as espécies com populações saxícolas/arenícolas aparecem independentemente nos ramos 19 (*T. etheridgei*) e 14 (*T. oreadicus*); a linhagem dos *T. torquatus/T. hispidus*, que possuem populações saxícolas e arenícolas são irmãs (ramo 12).

As espécies *T. cocorobensis*, *T. hygomi*, *T. psammonastes* fazem parte de um grupo ecológico que têm sua distribuição atualmente limitada a solos arenosos, possuindo um padrão de distribuição inegavelmente relictual (RODRIGUES *et al.*, 1988). Para explicar a origem de *T. hygomi*, RODRIGUES (1987) propôs, baseado na similaridade ecológica, pouca diferenciação morfológica e contiguidade de distribuição geográfica, a hipótese que as populações litorâneas de *T. torquatus* e *T. hygomi* tivessem uma ancestralidade comum. Já as espécies *T. cocorobensis* e *T. psammonastes* seriam espécies com distribuição relictual, cujas origens a partir de formas saxícolas não puderam ser determinadas na época (RODRIGUES, 1988).

Tropidurus etheridgei foi descrito como uma espécie saxícola (CEI, 1982), mas são conhecidas populações que embora vivendo exclusivamente em cerrados arenosos têm sido atribuídas a esta espécie (e.g., VITT, 1991). As populações litorâneas de *T. hispidus* e *T. torquatus* ocupam regiões de dunas e restingas do litoral brasileiro (e.g., RODRIGUES, 1987; TEIXEIRA & GIOVANELLI, 1999; KIEFER *et al.*, 2005), sendo que as populações interioranas de *T. torquatus* adentram o domínio do Cerrado (RODRIGUES, 1987) e as populações interioranas de *T. hispidus* ocupam todo domínio das Caatingas e avançam por enclaves na Amazônia, atingindo as Guianas e Venezuela (VANZOLINI *et al.*, 1980; RODRIGUES, 1987; AVILA-PIRES, 1995). RODRIGUES (1996) registrou para a região do médio São Francisco *T. hispidus* ocupando áreas de rocha e areia.

Tropidurus oreadicus, da mesma forma, tem registro de populações saxícolas (e.g., FARIA & ARAÚJO, 2004; MEIRA *et al.*, 2007), mas na região do vale do Rio Tocantins há registros de populações associadas a solos arenosos (PAVAN, 2007). As populações de *Tropidurus* dos Cerrados arenosos do Jalapão tem sido tratadas na literatura como *Tropidurus “oreadicus”* (sic) (VITT *et al.*, 2005; MESQUITA *et al.*, 2006) ou como *Tropidurus cf. oreadicus* (RECODER *et al.*, 2011). Ainda em relação

aos ambientes arenosos do Brasil Central, RODRIGUES *et al.* (2008) observam que esses habitats podem abrigar uma série de espécies de lagartos endêmicas que devem ser alvo de preocupação especial em pesquisa e políticas de conservação.

Dentro destas espécies com populações saxícolas/arenícolas, a literatura tem apresentado muitas evidências de que cada um delas pode compreender mais de uma espécie. RODRIGUES (1987), referindo-se às populações de Porto Velho (RO) e de outros enclaves de formações abertas na Amazônia, recomendou que provisoriamente fossem chamadas de *T. oreadicus*. Outros autores (VANZOLINI, 1986; VITT, 1993) têm se referido às populações de *Tropidurus* de Rondônia como espécies distintas ainda não descritas. VANZOLINI (1986; 1992) reconhece em RO duas formas distintas, que ele trata informalmente, dando-lhes como nomes vernáculos não latinizados “*Tropidurus ariquem*” e “*T. santacruz*”. GAINSBURY & COLLI (2003) relatam um forma não descrita de *Tropidurus* encontrada em enclaves rochosos no entorno do Parque Nacional dos Pacaás Novos, em Guajará-Mirim.

KASAHARA *et al.* (1996) chamaram a atenção para o fato que *T. torquatus* e *T. hispidus* possuem populações que apresentam variação geográfica do cariótipo, sugerindo que dentro destas espécies possivelmente há táxons não descritos. RODRIGUES (2003) comenta que espécies “com adaptações psamofílicas e distribuição disjunta como *Tropidurus cocorobensis* são sérios candidatos a serem desdobrados em várias espécies”. VALDUJO *et al.* (2009) referem-se à população estudada no Parque Nacional das Emas (GO) como *T. aff. etheridgei*. Nas áreas do vale do Rio Paranã (GO), WERNECK & COLLI (2006) reportam uma espécie não descrita de *Tropidurus*, referida ali como *Tropidurus* sp..

A elevada diversidade de espécies deste grupo e sua fidelidade ecológica estrita aos habitats abertos da América do Sul cisandina representam o contexto ideal para que, com base em uma filogenia robusta, possamos compreender um pouco melhor a história destas paisagens e dos mecanismos que levaram à diversidade atual. O acúmulo de material e de tecidos dos *Tropidurus* do grupo *torquatus* realizado nos últimos 30 anos fornecem-nos agora uma base de dados sólida para reinvestigar os problemas taxonômicos pendentes e as relações de parentesco nestes lagartos.

II. OBJETIVOS

Este projeto, calcado em dados moleculares e morfológicos, tem por objetivo principal propor uma filogenia mais robusta que as até o momento disponíveis para os *Tropidurus* do grupo *torquatus*. Cobrindo melhor a abrangência geográfica do grupo e incluindo o maior número possível de populações arenícolas e saxícolas pretende-se também testar as hipóteses de relacionamento das populações arenícolas e saxícolas, propondo uma hipótese filogenética compatível com a história evolutiva do grupo. Finalmente, considerando a incerteza taxonômica que paira sobre algumas das formas, que ainda não tem nome disponível, outra contribuição importante será esclarecer seu status e definir suas relações evolutivas com as outras espécies.

III. MATERIAL E MÉTODOS

1. Estudo Molecular

1.1 Material

Foram sequenciadas 541 amostras de fragmentos de fígado e músculo, preservados em álcool ou congeladas, de 14 espécies das 15 atualmente reconhecidas como pertencentes ao grupo *torquatus* (*Tropidurus catalanensis*, *T. cocorobensis*, *T. erythrocephalus*, *T. etheridgei*, *T. hispidus*, *T. hygomi*, *T. imbituba*, *T. insulanus*, *T. itambere*, *T. montanus*, *T. mucujensis*, *T. psammonastes*, *T. oreadicus* e *T. torquatus*) de 234 localidades diferentes, em 23 estados, além de amostras de países vizinhos (Argentina, Guiana Francesa e Venezuela) e 12 espécies utilizadas como grupo externo (Anexo I: Mapas).

Foi efetuado um grande esforço para reunir amostras das localidades-tipo das espécies atualmente reconhecidas. Oito espécies contam com amostras da localidade-tipo (*T. erythrocephalus*, *T. hispidus*, *T. imbituba*, *T. montanus*, *T. mucujensis*, *T. psammonastes*, *T. oreadicus* e *T. torquatus*); as demais (*T. cocorobensis*, *T. catalanensis*, *T. etheridgei*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. itambere*) foram obtidas de espécimes obtidos em regiões próximas à sua localidade-tipo (Anexo II, Material analisado). De *T. imbituba* foram sequenciados dois dos parátipos.

Este material foi obtido a partir do Banco de Tecidos de Vertebrados do Departamento de Zoologia do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, Coleção Herpetológica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Coleção Herpetológica da Universidade Federal do Mato Grosso, Museu de Zoologia da Universidade Federal de Alagoas, Fundación Miguel Lillo (Tucumán, Argentina), Museu Paraense Emílio Goeldi, além de várias doações de colegas.

Amostras de *Tropidurus chromatops* não foram obtidas a tempo de serem incluídas nas análises. Foi efetuada uma viagem de coleta à Bolívia e embora houvesse sucesso na coleta de *T. chromatops*, devido às dificuldades e burocracia da legislação boliviana, o material não pode deixar o país. Recentemente, foi registrada a presença da espécie em Vila Bela da Santíssima Trindade (MT) e na visita à coleção da UFMT foi encontrado um exemplar, mas sem o tecido associado. Uma lista do material utilizado para o estudo molecular encontra-se no Anexo II, Material analisado.

1.2 Extração do DNA total

Os tecidos preservados em etanol devem passar por um processo de eliminação do álcool, pressionando levemente o tecido em papel absorvente e permanecendo em estufa a 37°C por aproximadamente 15 minutos, tendo o cuidado de evitar o ressecamento excessivo. Na extração do DNA total, cada amostra foi macerada separadamente em um microtubo do tipo *ependorf* de 1,5 ml contendo 300 µl de solução de lise. Após o maceramento, foram adicionados 3 µl de Proteinase-K (20mg/ml), invertendo o microtubo de 10 a 20 vezes. Em seguida as amostras foram incubadas em estufa a 55°C por um período de uma a três horas, ou até digestão completa.

Após as amostras passarem pelo processo de digestão, foram retiradas da estufa, e quando atingiram a temperatura ambiente foram adicionados 300 µl de acetato de amônia. Em seguida, foram homogeneizadas em um agitador do tipo "vortex" e mantidas no freezer por 30 minutos. As amostras foram centrifugadas a 13.000 rpm por 10 minutos, após os quais o sobrenadante foi transferido para microtubos tipo *ependorf* novos de 1,5 ml. A esse sobrenadante foi adicionado 600 µl de isopropanol absoluto e os tubos foram mantidos a -20°C no freezer até o dia seguinte, para precipitação do DNA. Efetua-se mais uma centrifugação a 13.000 rpm por 10 minutos; descarta-se o sobrenadante e adiciona-se mais 700 µl de etanol 70%, invertendo o tubo várias vezes para lavar o *pellet* de DNA. Em seguida é realizada mais uma etapa de centrifugação a 13.000 rpm por 10 minutos; após essa etapa, descarta-se cuidadosamente o etanol, para que o *pellet* de DNA não descole da parede do tubo. O microtubo é colocado invertido sobre papel absorvente e deixado para secar o *pellet* de DNA à temperatura ambiente até o dia seguinte, para assegurar que não haja etanol no *pellet*. Após a secagem do *pellet* de DNA, o DNA foi ressuscitado em 100 µl de solução 1X TLE em estufa a 37°C por uma hora, após a qual foi estocado em geladeira (2 a 8°C) por um ou dois dias para o envelhecimento do DNA.

A quantificação foi realizada em um espectrofotômetro Ultrascop 1000, Pharmacia Biotech. Após a quantificação o DNA foi diluído em solução de 1X TLE à concentração de 20 ng/ µl.

1.3 Reação de PCR

Foram amplificadas por PCR sequências de fragmentos de dois genes mitocondriais 16S e citocromo b (cyt b) e três genes nucleares, kif 24, PRLR e PTPN. Os *primers* (pares de iniciadores) para amplificação utilizados seguem abaixo na Tabela 1. Os seguintes símbolos padrão são usados: Y=C ou T; R=G ou A; Z= C ou G; S=C ou A; Q=A ou T; M=A, T ou C; D=G ou T (PALUMBI, 1996).

Tabela 1: Primers utilizados e suas sequências

Gene	Primer	Sequência (5' - 3')	Referência
16S	F	CTG TTT ACC AAA AAC ATM RCC TYT AGC	WHITING <i>et al.</i> , 2003
	R	TAG ATA GAA ACC GAC CTG GAT T	
Cyt b	CitTropi	TGA AAA ACC AYC GTT ATT CAAC	GEURGAS (não publicado)
	V	GGC GAA TAG GAA GTA TCAT TC	PALUMBI,1996
	H15149	TGC AGC CCC TCAG AAT GAT ATT TGT C	KOCHER <i>et al.</i> , 1989
KIF24	F1	GAA AAA CCA YCG TTG TWA TTC AAC T	PORTIK <i>et al.</i> , 2010
	R	WGG CTG CTG RAA YTG CTG GTG	
PRLR	F1	GAC ARY GAR GAC CAG CAA CTR ATG CC	TOWNSEND <i>et al.</i> , 2008
	R3	GAC YTT GTG RAC TTC YAC RTA ATC CAT	
PTPN12	F1	AGT TGC CTT GTW GAA GGR GAT GC	TOWNSEND <i>et al.</i> , 2008
	R6	CTR GCA ATK GAC ATY GGY AAT AC	

O protocolo utilizado na reação de PCR foi o especificado na Tabela 2.

Tabela 2: Protocolo de PCR empregado

Reagentes	Volume (µl)
Amostra de DNA [20 ng/ µl]	2,000
H ₂ O miliQ	2,975
Betaina 1,0M	2,975
Tampão fornecido com a enzima Taq	1,500
dNTPs	1,500
MgCl ²⁺	0,900
Primer 16S-F	1,500
Primer 16F-R	1,500
Taq polimerase	0,150
Volume total	15,0000

O programa utilizado no termociclador foi de um ciclo inicial de denaturação a 95°C por 5 minutos, 35 ciclos que consistem de uma etapa de denaturação a 94°C por 30 segundos, outra de anelamento específico de cada primer por mais 30 segundos (Tabela 3) e finalizando com uma etapa de elongação a 72°C por mais um minuto; por fim há uma etapa de alongamento final a 72°C por sete minutos e a finalização a 4°C.

Tabela 3: Protocolo do programa do termociclador

Primers	Parâmetros do programa				
16S	95°/5'	35x(95°/30"	45°/30"	72°/1')	72°/7'
cyt b	95°/5'	35x(95°/30"	45°/30"	72°/1')	72°/7'
KIF24	95°/5'	10x(95°/30"	63°/30"	72°/1')	
		30x(95°/30"	60°/30"	72°/1')	
PRLR	95°/5'	35x(95°/30"	55°/30"	72°/1')	72°/7'
PTPN	95°/5'	10x(95°/30"	55°/30"	72°/1')	
		30x(95°/30"	52°/30"	72°/1')	

A verificação da eficiência de amplificação da PCR foi feita por meio de eletroforese em gel de agarose 2% em tampão TBE 1X e corado com GelRed™ Nucleic Acid Stein (Biotum), utilizando o 100pb (Invitrogen) como marcador de peso molecular e visualizado por transvisualizador UV. Os *primers* que geram um fragmento único de DNA com o tamanho esperado foram utilizados para a obtenção de sequências, após a realização das reações de limpeza e de sequenciamento.

1.4 Reação de Sequenciamento

Os produtos de PCR que apresentaram apenas um fragmento amplificado foram purificados enzimaticamente com *Shrimp Alkaline Phosphatase* (SAP) e Exonuclease I (ExoI), na proporção de 0,5 µl de ExoI mais 1,0 µl de SAP para 15,0 µl de produto de PCR. A solução foi incubada em termociclador a 37°C por 50 minutos, seguida de uma etapa a 80 °C por mais 15 minutos.

Após a purificação, as amostras foram quantificadas por meio de eletroforese em gel de agarose 2% em tampão TBE 1X e corado com GelRed™ Nucleic Acid Stein (Biotum), utilizando como marcador Low DNA Mass Ladder (Invitrogen) e visualizadas por transvisualizador UV. A partir da quantidade estimada de DNA foi calculado o volume de cada amostra de produto de PCR empregado na reamplificação.

Os produtos de PCR, após a quantificação, foram submetidos à reamplificação, utilizando o BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit v.3.1 (Applied Biosystems). O protocolo empregado encontra-se na Tabela 4. O programa empregado no termociclador foi o seguinte: um ciclo inicial a 96 °C por 30 segundos, 25 ciclos que consistem de uma etapa de denaturação a 96 °C por 10 segundos, outra de anelamento a 50°C por mais 10 segundos e finalizando com uma etapa de alongação a 60 °C por 4 minutos ao fim dos quais se dá a finalização a 4 °C.

Tabela 4: Protocolo de reamplificação BigDye

Reagentes	Volume (µl)
Produto de PCR	Volume variável, de acordo com a quantificação
<i>Primer</i>	1,0
Tampão BigDye	2,0
Solução BigDye	1,0
H ₂ O miliQ	Volume variável, para completar 10,0
Volume total	10,0

Os produtos da reamplificação foram purificados por precipitação com acetato de sódio/etanol (Tabela 5). Após a precipitação, as amostras foram misturadas e homogeneizadas em um agitador do tipo "vortex" e deixadas em temperatura ambiente por 15 minutos. Depois a amostras foram centrifugadas a 13.000 rpm por 20 minutos, ao fim dos quais o sobrenadante foi removido com uma bomba de vácuo e foram adicionados 200µl de etanol 70%. Novamente, centrifugou-se o material a

13.000 rpm por cinco minutos e retirou-se o sobrenadante com bomba de vácuo. Em seguida o material foi seco em a 95 °C por três minutos, após os quais foi armazenado em freezer até o sequenciamento.

Tabela 5: Protocolo de precipitação com acetato de sódio/etanol

Reagentes	Volume (µl)
Reação de PCR	10,0
Acetato de sódio 3,0 M	62,5
Etanol 95%	14,5
Volume total	80,0

O produto foi ressuspendido em 15,0 µl de tampão de sequenciamento (TSR, *Template Suppression Reagent*, Applied Biosystems) e enviado para seqüenciamento em sequenciador automático ABI 3100 (Applied Biosystems) do Instituto de Química/USP ou do Instituto de Ciências Biomédicas/USP. Visando corrigir possíveis erros e ou ambiguidades, ambas as direções (5'-3' e 3'-5') foram sequenciadas para cada amostra.

1.5 Análise das Sequências

As sequências foram editadas no programa CodonCode Aligner 3.7.1 e nas análises seguindo alinhamento estático foi utilizado o programa MAFFT v7 (KATO & STANDLEY, 2013) e analisadas no programa BioEdit Sequence Alignment Editor. Os fragmentos gênicos codificadores de proteína cyt b, KIF24, PRLR e PTPN foram transformados em sequências de aminoácidos para conferir o alinhamento no Programa MEGA v6; também foi analisado o perfil dos genes sequenciados (TAMURA *et al.*, 2013). Foi obtido o melhor modelo de evolução para cada marcador gênico usando o programa jModelTest v. 2.1.3 (GUINDON & GASCUEL, 2003; DARRIBA *et al.*, 2012).

1.6 Análises filogenéticas

Foram utilizadas três estratégias para reconstrução filogenética com base nos fragmentos gênicos: 1) concatenando todos os fragmentos em uma única matriz; 2) concatenando os fragmentos mitocondriais; 3) efetuando a construção de árvores individuais para cada fragmento.

Para as reconstruções das relações filogenéticas foram utilizadas duas diferentes abordagens:

1) Máxima Parcimônia (MP): com duas estratégias diferentes (concatenação dos fragmentos mitocondriais e concatenação dos fragmentos mitocondriais + nucleares), sendo as análises geradas com o algoritmo de busca heurística tree bisection reconnection (TBR) e 1.000 bootstraps para suporte nos nós (FELSENTEIN 1985), no programa TNT 1.1 (GOLOBOFF et al. 2008; available at <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/>), recuperando uma única árvore, originada das mais parcimoniosas submetidas ao consenso estrito;

2) Máxima Verossimilhança (MV): também com duas diferentes estratégias (concatenação dos fragmentos mitocondriais e concatenação dos fragmentos mitocondriais + nucleares). As análises foram geradas com 1000 réplicas de bootstrap, rodadas no programa RaxML (STAMATAKIS 2006) disponível on line no Site Cipres Science Gateway - <http://www.phylo.org/> (MILLER et al. 2010). Os fragmentos gênicos foram particionados, no entanto, o programa aceita apenas o modelo de evolução GTR como opção, sendo assim utilizado para todas as partições. Valores de *bootstrap* $\geq 70\%$ foram interpretados como apoio significativo para um nó (HILLIS & BULL, 1993).

As distâncias genéticas não-corrigidas (*p-distance*) foram calculadas no programa MEGA v. 6, com a escolha da opção Pairwise Deletion que auxilia desconsideração ou não de sítios com excesso de gaps (TAMURA et al. 2013).

Também foi feita uma abordagem exploratória utilizando alinhamento dinâmico. As Análises de Parcimônia, efetuadas com matriz obtida por alinhamento estático foram feitas no programa TNT (GOLOBOFF et al., 2008). Todas as análises foram conduzidas para 1.000 réplicas, sendo 100 árvores por réplica num total de armazenamento de 100.000 árvores na memória através de uma busca heurística. O algoritmo usado foi o TBR (*tree bisection and reconnection*) onde a árvore é seccionada em dois pedaços e estes ligados em outras partes, em outros ramos da árvore, em diferentes posições. A cada inserção é armazenada a melhor árvore. Gaps foram tratados como quinto estado e como missing data, porém as topologias não diferiram, portanto os resultados apresentados neste estudo foram com os gaps como quinto estado.

Fragmentos homólogos foram identificados e formatados segundo GRANT et al. (2006). As buscas de árvores mais parcimoniosas foram feitas em POY v5.1.1

(VARÓN *et al.*, 2011-2013) usando custos iguais para todas as classes de transformações. Primeiro foi conduzida uma busca extensiva usando o algoritmo de otimização dinâmica (DO; WHEELER, 1996; WHEELER *ET al.*, 2006) com o comando "search", totalizando três vezes duas horas de buscas. Os resultados assim obtidos foram subsequentemente refinados sob o algoritmo de "iterative pass" (IPO; WHEELER, 2003) com "branch swapping". O alinhamento implícito resultante foi utilizado numa busca final no TNT v1.1 (GOLOBOFF *et al.* 2008) usando adições aleatórias e branching swapping. O custo final em TNT da árvore foi 8879 e foi utilizado o programa YBIRA (<http://www.ib.usp.br/grant/anfibios/researchHPC.html>)."

Teste de modelos em jModelTest 2.1.4 (POSADA, 2008) empregaram uma matrix concatenada usando o alinhamento implícito da análise de parcimônia em POY usando o algoritmo "Iterative Pass".

Busca de árvores sob o critério de Máxima Verossimilhança (MV) foram feitas usando o programa Garli 2.0.1 (ZWICKL, 2006) com a ajuda de um programa caseiro escrito em Python (sudoParalelGarli.py, disponível em <http://www.ib.usp.br/grant/anfibios/researchSoftware.html>). Ao todo foram efetuadas 64 buscas independentes com 20.000 gerações cada, resultando em uma árvore com score de -55734,41266.

As análises foram feitas no "Ace", um computador de alta performance gentilmente cedido pelo Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo - MZUSP (<http://www.ib.usp.br/grant/anfibios/researchHPC.html>). As buscas ocuparam 64 processadores (12 quad-socket AMD Opteron 6376 16-core 2.3-GHz CPU) e 128 GB RAM DDR3 1600 MHz.

1.7.1 Sequenciamento do gene mitocondrial 16S

O gene mitocondrial 16S consiste de uma subunidade do gene RNA ribossomal no DNAm (PALUMBI, 1996). Tem uma grande aplicação em estudos filogenéticos, sendo um bom marcador filogenético, pois apresenta regiões conservadas, que são utilizadas como alvo para *primers* e são também úteis para estudar relações filogenéticas entre grupos distantes, e regiões internas hipervariáveis, que são úteis para estudar relações entre grupos mais próximos (CASEY *et al.*, 2007). Os *primers* utilizados geraram um fragmento, incluindo os *indels*, com 608 pb.

1.7.2 Sequenciamento do gene mitocondrial cyt b

O citocromo b (em inglês, “cytchrome b”, normalmente referido por cyt b) codifica uma proteína da cadeia respiratória. Também tem grande aplicação em estudos filogenéticos, sendo um marcador filogenético eficiente devido à grande variabilidade genética, especialmente para comparação de espécies do mesmo gênero ou de uma mesma família (CASTRESANA 2001). Os primers utilizados geraram um fragmento com 752 pb.

1.7.3 Sequenciamento do gene nuclear KIF24

Este gene nuclear, que codifica uma proteína conhecida como membro 24 da família das cinesinas (em inglês, “kinesin family member 24”, KIF24), atua como motor molecular, tendo importante papel no transporte vesicular intracelular e na divisão celular. É um gene bastante variável e informativo para reconstruções filogenéticas (PORTIK *et al.*, 2010). Os primers utilizados geraram um fragmento com 573 pb.

1.7.4 Sequenciamento do gene nuclear PRLR

O gene nuclear responsável pelo receptor de prolactina (em inglês, “prolactin receptor”, PRLR) em um estudo comparando a variabilidade de 27 marcadores moleculares mostrou-se o mais variável (TOWNSEND *et al.*, 2008), sendo por isto escolhido como marcador molecular de interesse. Os primers utilizados geraram um fragmento com 581 pb.

1.7.5 Sequenciamento do gene nuclear PTPN

Por fim, o gene nuclear que codifica uma proteína tirosina fosfatase, um não receptor tipo 12 (em inglês, “protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 12”, PTPN12), também foi escolhido em função da sua extrema variabilidade e potencial para reconstruções filogenéticas (TOWNSEND *et al.*, 2008). Os primers utilizados geraram um fragmento com 801 pb.

2. Estudo Morfológico

Foram examinados 1029 espécimes de *Tropidurus* do grupo *torquatus*, contemplando todas as 15 espécies atualmente reconhecidas para o grupo (Anexo II, Material analisado). Procurou-se verificar, contar e medir cada indivíduo sequenciado, afim de corrigir possíveis erros de identificação que comprometessem uma interpretação segura dos clados recuperados. A maioria do material examinado apresenta dados de procedência precisa, cobrindo praticamente toda a distribuição

conhecida do grupo. O levantamento das coordenadas geográficas foi feito a partir da consulta a cadernos de campo, livros tomo das coleções, literatura, sendo complementado por meio de dados disponíveis em programas como GoogleEarth.

Além do material coletado pelo Laboratório de Herpetologia do Departamento de Zoologia do Instituto de Biociências – USP, foram examinados exemplares das seguintes coleções herpetológicas: Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, São Paulo, São Paulo (MZUSP); coleção herpetológica da Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso (UFMT); Coleção Herpetológica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul (UFRGS); Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará (MPEG). O exame do material depositado na coleção da UFMT permitiu detectar a presença de um exemplar de *T. chromatops*.

Foram estudados: 13 caracteres morfométricos; 10 merísticos corporais (contagens de escamas), acrescidos de mais 12 caracteres merísticos da região da cabeça; quatro caracteres qualitativos conforme discriminados abaixo. Todos os caracteres morfométricos foram tomados com auxílio de paquímetro digital Mitutoyo Absolute IP67 de resolução 0,01mm. A Tabela 6 discrimina por Linhagem e sexo o material analisado.

Tabela 6: Material analisado morfologicamente, com número de exemplares contados e medidos por Linhagem e Sexo

Linhagem	Fêmeas	Indeterminados	Machos
"T. aff. etheridgei"	7	2	3
"T. aff. itambere"	1	0	0
"T. aff. torquatus"*	1	0	2
"T. catalanensis"	51	21	13
"T. catalanensis/torquatus MG/MT/TO"*	4	8	6
"T. cf. imbituba"*	1	0	1
"T. cf. montanus"	4	3	3
"T. cf. oreadicus"*	1	0	0
"T. chromatops"	1	0	0
"T. cocorobensis Sul"	11	7	10
"T. cocorobensis Tipo"	6	0	10
"T. erythrocephalus"	6	3	6
"T. etheridgei Leste"	9	10	14

Linhagem	Fêmeas	Indeterminados	Machos
"T. etheridgei Tipo"	9	5	11
"T. hispidus"*	4	3	6
"T. hispidus BA/MG"	64	22	47
"T. hispidus BA/PI"	24	3	24
"T. hispidus Capivara PI"	7	1	10
"T. hispidus CE/MA"	1	1	0
"T. hispidus Confusões PI"	0	1	0
"T. hispidus Guianas"	12	4	3
"T. hispidus Tipo"	10	3	8
"T. hispidus/oreadicus BA/PI"	0	0	1
"T. hispidus/oreadicus BA/TO"	8	16	6
"T. hispidus/oreadicus BA/TO/oreadicus Jalapão TO"*	12	1	8
"T. hispidus/oreadicus MA/TO"	6	0	8
"T. hygomi"	8	7	11
"T. imbituba"	4	2	10
"T. insulanus"	11	3	14
"T. itambere MT"	13	5	10
"T. itambere Tipo"	4	6	9
"T. montanus"	16	9	6
"T. mucujensis"	3	7	5
"T. oreadicus"*	1	0	10
"T. oreadicus AP/PA/TO"	5	2	1
"T. oreadicus Chapada Guimarães MT"	3	1	2
"T. oreadicus Jalapão TO"	22	30	9
"T. oreadicus RO"	9	3	14
"T. oreadicus RO Ariquemes"	12	3	12
"T. oreadicus RO SC"	11	0	6
"T. oreadicus Tipo"	7	2	5
"T. psammonastes"	4	2	7
"T. torquatus Abrolhos"	12	0	8
"T. torquatus MG/MT/TO"	25	4	27
"T. torquatus Restingas"	7	1	3

Linhagem	Fêmeas	Indeterminados	Machos
"T. torquatus RJ litoral Sul"	1	0	1
"T. torquatus Tipo"	7	2	10

* Material não sequenciado, cuja identificação a partir dos caracteres morfológicos externos não permitiu associar a nenhum dos clados recuperados, sendo portanto analisados separadamente.

2.1 Sexo e Idade

A Tabela 7 compila os dados disponíveis sobre tamanho mínimo a partir do qual indivíduos podem ser considerados adultos. Para *Tropidurus cocorobensis*, *T. erythrocephalus*, *T. insulanus*, *T. mucujensis* e *T. psammonastes*, não há informações sobre tamanho mínimo dos machos, apenas tamanho médio (GRIZANTE *et al.*, 2010). Há nítido dimorfismo sexual em todas as espécies, sendo os machos maiores (BRANDT & NAVAS, 2013). De modo geral, seguiu-se a recomendação de considerar adultos indivíduos com CRC igual ou maior que 60 mm (KUNZ & BORGES-MARTINS 2013). KIEFER *et al.*, (2008) e WINCK & ROCHA (2010) apresentam revisões sobre tamanho reprodutivo em *Tropidurus* do grupo *torquatus*.

Tabela 7: Sumário dos dados da literatura acerca do tamanho mínimo de adultos reprodutivos em várias espécies e populações de *Tropidurus* do grupo *torquatus*. Asteriscos (*) indicam espécies cuja informação disponível refere-se ao tamanho médio dos machos.

Espécie	Localidade	CRC do menor adulto	Referência
<i>T. catalanensis</i> (= <i>T. torquatus</i>)	Alegrete e Sta. Maria, RS	65,30 mm♂ 74,80 mm♀	ARRUDA, 2009
<i>T. catalanensis</i> (= <i>T. torquatus</i>)	Corrientes, Argentina	63,20 mm♂ 64,60 mm♀	ORTIZ <i>et al.</i> , 2014
<i>T. chromatops</i>	Serranía de Huanchaca, Bolívia	64,90 mm♂ 68,20 mm♀	HARVEY & GUTLEBERT JR., 1998
<i>T. cocorobensis</i>		*66,31 mm♂ 60,74 mm♀	GRIZANTE <i>et al.</i> , 2008 ♂ BRANDT & NAVAS, 2011♀
<i>T. erythrocephalus</i>		*76,95 mm♂ 60,74 mm♀	GRIZANTE <i>et al.</i> , 2008 ♂ BRANDT & NAVAS, 2011♀
<i>T. etheridgei</i>	Salta, Argentina	55,90 mm♂ 49,90 mm♀	CRUZ, 1997
<i>T. etheridgei</i>	Pantanal, MT e MS	46,70 mm♂ 42,80 mm♀	ÁVILA <i>et al.</i> , 2008
<i>T. etheridgei</i>	vale do Rio Peruaçu, MG	68,00 mm♂ 66,00 mm♀	TEIXEIRA JR., 2010
<i>T. imbituba</i>	Imbituba, SC	♂ não informado 74,90 mm♀	KUNZ & BORGES-MARTINS, 2013
<i>T. insulanus</i>	Serra do Cachimbo, PA	*77,50 mm♂ 62,69 mm♀	GRIZANTE <i>et al.</i> , 2008 ♂ BRANDT & NAVAS, 2011♀
<i>T. itambere</i>	Campinas, SP	53,70mm♂ 56,18mm♀	VAN SLUYS, 1993
<i>T. itambere</i>	Pirenópolis, GO	47,00mm♂ 52,00mm♀	FARIA & ARAUJO, 2004
<i>T. hispidus</i>	Cumaná, Venezuela	68,00 mm♂ 68,00mm♀	PRIETO <i>et al.</i> , 1976
<i>T. hispidus</i>	Caracará, RR	81,00 mm♂ 56,00mm♀	VITT <i>et al.</i> , 1996
<i>T. hispidus</i>	Exu, PE	71,00 mm♂ 70,00 mm♀	VITT & GOLDBERG, 1983
<i>T. hispidus</i>	Seridó, RN	68,00 mm♂ 65,00 mm♀	RIBEIRO & FREIRE, 2009
<i>T. hispidus</i>	vale do Rio Peruaçu, MG	108,00 mm♂ ♀ reprodutiva não encontrada	TEIXEIRA JR., 2010
<i>T. hygomi</i>	Litoral entre SE e Salvador, BA	55,00 mm♂ 40,00 mm♀	VANZOLINI & GOMES, 1979
<i>T. montanus</i>	Serra do Cipó, MG	60,60 mm♂ 56,50 mm♀	VAN SLUYS <i>et al.</i> , 2002
<i>T. mucujensis</i>	Mucugê, BA	*66,67 mm♂ 61,53 mm♀	GRIZANTE <i>et al.</i> , 2008 ♂ BRANDT & NAVAS, 2011♀
<i>T. oreadicus</i>	Cocalzinho, GO	57,10 mm♂ 58,00 mm♀	MEIRA <i>et al.</i> , 2007
<i>T. oreadicus</i>	Pirenópolis, GO	59,00 mm♂ 59,00 mm♀	FARIA & ARAUJO, 2004
<i>T. psammonastes</i>	Ibiraba, BA	*88,42 mm♂ 72,34 mm♀	GRIZANTE <i>et al.</i> , 2008 ♂ BRANDT & NAVAS, 2011♀
<i>T. torquatus</i>	Distrito Federal, DF	70,00 mm♂ 65,00 mm♀	WIEDERHECKER <i>et al.</i> , 2002
<i>T. torquatus</i>	Barra de Maricá, RJ	49,70 mm♂ 51,10 mm♀	VAN SLUYS <i>et al.</i> , 2010
<i>T. torquatus</i>	Trancoso, BA	♂ não informado 53,50 mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Prado, BA	♂ não informado 51,40 mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Guriri, ES	♂ não informado 63,80 mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Setiba, RS	♂ não informado 53,00mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Praia das Neves, ES	♂ não informado 42,0mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Grussaí, RJ	♂ não informado 51,50 mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Jurubatiba, RJ	♂ não informado 57,20mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Grumari, RJ	♂ não informado 71,90 mm♀	KIEFER <i>et al.</i> , 2008
<i>T. torquatus</i>	Juiz de Fora, MG	77,90 mm♂ 69,50 mm♀	GOMIDES <i>et al.</i> , 2013
<i>T. sp. (cf. oreadicus) RO</i>	Ariquemes, Santa Bárbara e Santa Cruz, RO	89,90 mm♂ 71,00 mm♀	VITT, 1993

2.2 Caracteres Morfométricos

Foram escolhidos 11 caracteres morfométricos, e a maneira tomar as medidas seguem as recomendações de RODRIGUES (1987), SMITH (1995) e ÁVILA-PIRES (1995):

1. Comprimento rostro-cloacal [CRC (SVL, em inglês)]: medido da ponta do focinho até a margem anterior da cloca;
2. Altura do corpo [ACO(BH)]: distância do dorso ao ventre, medido perpendicularmente ao plano axial na região da cintura pélvica;
3. Altura da cabeça [ACA(HH)]: medida da região interparietal para a região gular, medida perpendicularmente ao plano axial;
4. Largura da cabeça [LCA(HW)]: distância ente as regiões temporais, medida na altura do limite dorsal da abertura do ouvido
5. Distância do focinho à abertura do ouvido [DFO(EOS)]: medido da ponta do focinho à margem anterior da abertura do ouvido;
6. Comprimento do braço [CB(AL)]: medido da inserção do braço à ponta do úmero;
7. Comprimento do antebraço com a mão [CBRA(FAL)]: medido da extremidade distal do úmero até a ponta do dedo mais longo;
8. Comprimento da fêmur [CFE(THL)]: medido da inserção da perna à ponta interna do fêmur;
9. Comprimento da tíbia [CTI(SL)]: medido da articulação da tíbia com o fêmur até o calcanhar;
10. Comprimento do pé [CPE(FOL)]: medido do calcanhar até a ponta do dedo mais longo;
11. Comprimento da cauda [CCA(TL)]: medido da placa cloacal até a extremidade da cauda e exclusivamente para indivíduos com a cauda íntegra.

2.3 Caracteres Merísticos

As contagens de escamas foram feitas sob lupa binocular, e a nomenclatura adotada para sua caracterização segue SMITH (1995). Nas escamas pares, presentes simetricamente nos lados direito e esquerdo do exemplar, foi adotada a notação X/Y

para lado direito/lado esquerdo e X-Y-Z para caracteres sequenciais contados na direção anterior-posterior ou interno-externo (e.g. número de supra oculares na fila 1 - fila 2 - fila 3).

O método de contagem das escamas ventrais, dorsais, gulares, da tíbia, da cinta e das lamelas do 4º. artelho segue RODRIGUES (1987) e outras contagens seguem ÁVILA-PIRES (1995). Os caracteres qualitativos observados foram: presença de bolsas de acarídeos, coloração do papo; presença de mancha negra no abdômen; coxa e aba anal negras; contato escamas nasal/rostral; gular/mental.

2.4 Análises Estatísticas

As análises estatísticas procuraram fornecer apoio para o entendimento das variações morfológicas entre as unidades taxonômicas definidas com base em morfologia discreta e nas análises moleculares. Estes dados de variação serão utilizados na descrição posterior das espécies novas aqui reconhecidas. Devido ao dimorfismo sexual bem documentado no grupo, machos e fêmeas foram analisados separadamente. Foi empregada uma Análise de Componentes Principais (PCA) (DUNN & EVERITT 1982; JOLICOEUR & MOSIMANN 1960). A análise das PCA's foi feita utilizando a função "*prcomp*" no pacote "*stats*" na linguagem R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008).

Os dados merísticos de machos e fêmeas foram analisados separadamente, assim como dados morfométricos. As amostras foram agrupadas com base nos clados recuperados na filogenia por Máxima Verossimilhança (Figura 13), formando quatro grupos principais. A escolha dos grupos procurou agrupar linhagens de modo a fazer análises de clados monofiléticos. A exceção foi o Grupo 1, o qual reúne as linhagens mais basais do grupo *torquatus*, incluindo *T. hygomi*, *T. psammonastes*, *T. itambere* e as populações de *T. oreadicus* de RO e MT. Os demais grupos agregam três grandes linhagens monofiléticas.

Na análise dos dados morfométricos os dados de morfometria foram transformados todos em $\log_{10}$, para atender os requisitos da normalidade (ZAR, 1999). Depois, para cada grupo e sexo, totalizando 8 grupos, foi rodada uma PCA preliminar, na qual o primeiro eixo desta PCA foi usada como uma variável que resume o efeito do tamanho dos exemplares. Foram feitas regressões lineares das variáveis logaritmizadas com este primeiro eixo, e os resíduos dessas regressões foram considerados como um banco de dados "size-free", ou seja, sem o efeito do tamanho. (RECODER *et al.* 2013).

Devido à ausência de medidas em algumas variáveis, foram analisadas nove medidas morfométricas [BH (Altura do Corpo); EOS (Distância da ponta do focinho à abertura do tímpano); HH (Altura da cabeça); HW (Largura da cabeça); THL (Comprimento do Fêmur); AL (Comprimento do úmero); SL (Comprimento da tíbia); FOL (Comprimento do pé); FAL (Comprimento do antebraço com a mão)] e cinco caracteres merísticos: número de escamas na cinta, dorsais, ventrais, gulares, e lamelas do IV artelho (LIVArtP) Na análise dos dados deste projeto, também foram acrescentadas contagens de escamas da tíbia. A PCA incluiu todos os exemplares de todas as espécies, embora de *T. chromatops* só tenha sido possível obter um exemplar (UFMT-R02278).

IV. RESULTADOS

1. Análise molecular

Foram obtidas sequências com pelo menos um gene para 541 amostras das 14 espécies das 15 atualmente reconhecidas como pertencentes ao grupo *torquatus*, incluindo 12 táxons como grupos externos. Foram sequenciadas com sucesso 520 sequências de 16S (96% do total), 503 do *cytb* (93%), 471 do KIF24 (87%), 445 do PRLR (82%) e 393 do PTPN (73%) (Anexo III; Tabelas 1, 2 e 3).

Com base nestes dados, foi elaborada uma matriz concatenada onde 327 terminais tiveram cinco genes sequenciados; 120 terminais, quatro genes; 42 terminais, três genes; 39 terminais, dois genes; e para 13 terminais, um único gene sequenciado. O alinhamento concatenado de todos os marcadores resultou em uma matriz com 3283 pb com o seguinte perfil: 16S=580 pb [337 sítios variáveis (SV) e 221 sítios informativos para parcimônia (SIP)]; *cyt b*=749 pb (447 SV e 403 SIP); KIF24=573 pb (331 SV e 241 SIP); PRLR=580 pb (250 SV e 177 SIP); PTPN=801 pb (376 SV e 171 SIP) (Tabela 8). O marcador *cyt b* apresentou maiores percentuais de SV (59,68%) e SIP (53,80%); PRLR apresentou o menor valor de SV (43,10%) e PTPN o menor valor de SIP (21,35%).

Tabela 8: Perfil dos genes sequenciados, obtido a partir do programa MEGA6 (TAMURA *et al.*, 2013).

Marcador (pb)	Sítios conservados (SC)	Sítios variáveis (SV)	Sítios informativos para parcimônia (SIP)	Sítios únicos ("singleton") (SU)
16S (580 pb)	40,17%	58,10%	38,10%	19,66%
cyt b (749 pb)	36,31%	59,68%	53,80%	9,88%
KIF24 (573 pb)	42,23%	57,77%	42,06%	15,71%
PRLR (580 pb)	56,90%	43,10%	30,52%	12,59%
PTPN (801 pb)	52,68%	46,94%	21,35%	25,59%

As divergências evolutivas estimadas, dentro dos clados, mostrou que o marcador mais variável dentro de cada um dos clados definidos, foi o *cyt b* dentro do clado “hygomi”; a menor divergência encontrada foi do marcador 16S para o clado “hispidus CE/MA) (Tabela 9). A matriz com todas as distâncias está disponível no Anexos IV.

Tabela 9: Divergência evolutiva estimada dentro de cada um dos clados definidos.

Marcador	Menor divergência	Maior divergência
16S	0,07% (clado "hispidus CE/MA")	3,13% (clado "hygomi")
Cyt b	0,37% (clado "oreadicus RO")	7,10% (clado "hygomi")
KIF24	0,26% (clado "cocorobensis Tipo")	2,76% (clado "hispidus Confusões")
PRLR	0,09% (clado "torquatus RJ litoral Sul")	2,00% (clado "hispidus BA/PE/PI")
PTPN	0,10% (clado "erythrocephalus")	0,65% (clado "hispidus/oreadicus BA/TO")

As divergências evolutivas estimadas, entre os grupos, mostrou que os clados que apresentam maior divergência entre si, com 16,5% de divergência para o marcador cyt b foram os clados "oreadicus Chapada Guimarães" e "cf. montanus Caetité/Ibotirama"); a menor divergência encontrada entre os clados foi de 0,2% entre o clado "hispidus Guianas" e o clado "hispidus BA/PE/PI" (Tabela 10). As matrizes contendo todas as distâncias encontram-se no Anexo V.

Tabela 10: Divergência evolutiva estimada entre cada um dos clados definidos.

Marcador	Menor divergência	Maior divergência
16S	0,2% ("oreadicus Xambioá" e "hispidus Capivara")	7,6% ("oreadicus RO" e "cocorobensis Sul")
Cyt b	01,2% ("hispidus Confusões" e "hispidus Capivara")	16,5% ("oreadicus Chapada Guimarães" e "cf. montanus Caetité/Ibotirama")
KIF24	0,9% ("etheridgei Leste" e "itambere MT")	6,0% ("psammonastes" e "hygomi")
PRLR	0,4% ("torquatus RJ litoral Sul" e "imbituba")	3,7% ("hispidus BA/PE/PI" e "cocorobensis Tipo")
PTPN	0,2% ("hispidus Guianas" e "hispidus BA/PE/PI")	2,5% ("itambere Tipo" e "catalanensis")

Os modelos evolutivos selecionados, tanto para os marcadores moleculares individuais quanto para as matrizes mitocondriais, nucleares e de evidência total (mitocondriais + nucleares) são mostrados nas Tabelas 11 e 12.

Tabela 11: Parâmetros e modelos de evolução utilizados para as reconstruções filogenéticas dos marcadores moleculares.

Marcador	Modelos	Frequência bases	Matriz Substituição	p-inv	Gama
16S	GTR+I+G -lnL = 8164,3389	A = 0,3646 C = 0,2591 G = 0,1643 T = 0,2119	[AC] = 2,2147 [AG] = 4,6633 [AT] = 1,4818 [CG] = 1,1431 [CT] = 6,6415 [GT] = 1,0000	0,1380	0,4490
Cyt b	GTR+I+G -lnL = 21787,6932	A = 0,3079 C = 0,3667 G = 0,0593 T = 0,2662	[AC] = 0,7131 [AG] = 11,9432 [AT] = 0,5820 [CG] = 0,8115 [CT] = 3,6127 [GT] = 1,0000	0,3070	0,7590
KIF24	GTR+I+G -lnL = 8986,1075	A = 0,1957 C = 0,2692 G = 0,3012 T = 0,2339	[AC] = 0,7370 [AG] = 6,0867 [AT] = 0,4928 [CG] = 0,7247 [CT] = 4,664 [GT] = 1,0000	0,1690	0,4890
PRLR	GTR+G -lnL = 4944,9005	A = 0,3349 C = 0,2520 G = 0,1992 T = 0,2139	[AC] = 1,0217 [AG] = 3,7222 [AT] = 0,7215 [CG] = 0,9067 [CT] = 3,5521 [GT] = 1,0000		0,3890
PTPN	HKY+I+G -lnL = 5150,6627	A = 0,3229 C = 0,2204 G = 0,1957 T = 0,2610	2,7583 (ti/tv = 1,3337)	0,0440	0,9760

Tabela 12: Parâmetros e modelos de evolução utilizados para as reconstruções filogenéticas das matrizes concatenadas obtidas.

Matriz	Partições	Modelos	Frequência de bases	Matriz Substituição de	p-inv	Gama
Mitocondrial	16S=1-580 Cyt b=581-1329	GTR+I+G -lnL = 31544,3218	A = 0,3421 C = 0,3425 G = 0,0714 T = 0,2440	[AC] = 0,7003 [AG] = 8,3587 [AT] = 0,5849 [CG] = 0,9173 [CT] = 3,4494 [GT] = 1,0000	0,2890	0,6070
Nuclear	KiF24=1-580 PRLR=581-1153 PTPN=1154-1954	GTR+I+G -lnL = 22527,3783	A = 0,2743 C = 0,2419 G = 0,2406 T = 0,2432	[AC] = 0,9573 [AG] = 4,5336 [AT] = 0,7663 [CG] = 0,8615 [CT] = 3,7510 [GT] = 1,0000	0,2430	0,4340
Total	16S=1-580 Cyt b=581-1329 KIF24=1330-1902 PRLR=1903-2482 PTPN=2483-3283	GTR+I+G -lnL = 60166,9447	A = 0,2893 C = 0,3051 G = 0,1751 T = 0,2306	[AC] = 1,1911 [AG] = 5,5693 [AT] = 0,9667 [CG] = 0,7525 [CT] = 5,0366 [GT] = 1,0000	0,2820	0,4690

A partir desta matriz foram feitas uma reconstruções filogenéticas por Máxima Verossimilhança e Máxima Parcimônia através de alinhamento estático (MV_{est} e MP_{est}) (consenso estrito) (Figura 14 e 15) e também por alinhamento dinâmico, utilizando Máxima Parcimônia (MP_{din}) (Figura 16) e Máxima Verossimilhança (MV_{din}) (Figura 17).

As espécies pertencentes ao grupo *torquatus* (*sensu* Frost *et al.*, 2001b) aqui analisadas são recuperadas em todas as análises concatenadas como um grupo monofilético, e tendo como grupo-irmão *Tropidurus* do grupo *semitaeniatus*. Entretanto, a ausência de *T. chromatops* nesta filogenia não permite assegurar a monofilia do grupo *torquatus*. O gênero *Tropidurus*, no entanto, não é recuperado como monofilético, uma vez que o grupo *spinulosus* aparece sempre enraizado fora dos clados formados pelos grupos *torquatus* e *semitaeniatus* e/ou associada a terminais dos grupos externos (Figuras 13 a 17).

Figura 13: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança, a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os principais grupos. No quadro, grupo *torquatus*. *T. hygomi* é recuperado como basal a todo o restante do grupo. Grupo 1: Complexo “PIO”=inclui todos os clados e terminais de *T. psammonastes*, *T. itambere* e *T. oreadicus* de RO e da Chapada dos Guimarães; Grupo 2: Complexo “CICET”=inclui todos os clados e terminais de formas *T. catalanensis*, *T. imbituba*; *T. cocorobensis*, *T. etheridgei* e *T. torquatus* da região Leste e do Brasil Central; Grupo 3: todos os clados e terminais do restritos à região do Espinhaço (*T. montanus*, *T. erythrocephalus* e *T. mucujensis*); Grupo 4: Complexo “HIOT”=inclui todos os clados e terminais de *T. hispidus*, *T. insulanus*, *T. torquatus* dos Cerrados do Brasil Central e *T. oreadicus* (exceto as formas de RO e da Chapada dos Guimarães). Legenda da Amostra corresponde a Espécie_Localidade_UF_Amostra Por exemplo: AAGA_PNLC_GBA_MTR18147 corresponde a *Agama agama*, do PARNA Lagoa de Cufada, Guiné-Bissau, número de campo MTR 18147. Siglas no Anexo III; Tabela 2 para as espécies, Tabela 3 para as Localidades.

Considerando todas as análises, foram recuperadas entre 39 e 46 linhagens, indicando que a diversidade do grupo é muito maior que a admitida correntemente (Figura 14 a 17). Seis espécies foram recuperadas como monofiléticas em todas as análises concatenadas: *T. erythrocephalus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. montanus* e *T. mucujensis* e *T. psammonastes*. Com pequenas diferenças em relação à posição de clados menores, todas as árvores em todas as análises concatenadas recuperam basicamente os mesmos grupos.

Figura 14: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por meio de alinhamento estático, a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os principais clados.

Figura 15: Árvore obtida por Máxima Parcimônia e por meio de alinhamento estático, a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os principais clados.

Figura 16: Árvore obtida por Máxima Parcimônia e por meio de alinhamento dinâmico a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN).

Figura 17: Árvore obtida por Máxima Parcimônia e por meio de alinhamento dinâmico a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN).

O clado *T. hygomi* é recuperado como grupo-irmão de todos os demais *Tropidurus* do grupo *torquatus* (exceto *T. chromatops*, não analisado) em todas as análises concatenadas (Figuras 14 a 17). A árvore recuperada para *T. hygomi* é composta por clados bem sustentados, com as populações sergipanas separadas das populações da Bahia, mais meridionais (Figura 18).

Figura 18: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado *hygomi*.

O clado do complexo informalmente designado “PIO” no Grupo 1 (Figura 13) inclui todos os *T. psammnonastes*, *T. itambere* e *T. oreadicus* de RO e da Chapada dos Guimarães (Figura 19; Anexo I, Mapa 1). Este clado aparece como grupo-irmão dos demais grupos, com exceção de *T. hygomi*, em todas as análises concatenadas (Figuras 14 a 17).

Dentro deste clado, nota-se que o conceito tradicional de *T. itambere* é parafilético. O grupo é composto por dois sub-clados não relacionados: um com as

formas de SP, MG, PR, GO e sul do MT, denominado “itambere Tipo” com alto suporte (*bootstrap*=99%), e outro com várias formas distribuídas por MT, denominado “itambere MT” também com alto suporte (*bootstrap*=98%); há também uma exemplar de GO (PV4133), que aparece como grupo-irmão destas formas de *itambere* matogrossenses (Figura 19).

Figura 19: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do Grupo 1.

Neste clado são recuperadas duas formas, não proximamente relacionadas, tradicionalmente atribuídas a *Tropicodurus oreadicus*. Uma pequena linhagem de *T. oreadicus* da Chadada dos Guimarães é recuperada como grupo-irmão das linhagens de “itambere MT”; a linhagem de *T. oreadicus* proveniente de Rondônia por sua vez é recuperada como irmã de *T. psammonastes*. *T. psammonastes* é recuperado como monofilético nas análises de Máxima Verossimilhança, tanto em alinhamento estático quanto dinâmico, mas não sob Máxima Parcimônia, seja sob alinhamento estático

quanto dinâmico. O baixo suporte de *bootstrap* na Máxima Verossimilhança (Figura 19) confirma a instabilidade deste arranjo.

A seguir na filogenia, tem-se três grupos principais, recuperados em todas as análises concatenadas: o Grupo 2 agrega o Complexo “CICET” que inclui todos os clados e terminais de formas de *T. catalanensis*, *T. imbituba*, *T. cocorobensis*, *T. etheridgei* e *T. torquatus* da região Leste e do Brasil Central e um clado de formas de Caetité (BA) e Ibotirama (BA) (Figura 20; Anexo I, Mapas 2 e 3); o Grupo 3 reúne todos os clados e terminais restritos à região do Espinhaço, *T. montanus*, *T. erythrocephalus* e *T. mucujensis* (Figura 21; Anexo I, Mapa 4); e o Grupo 4 que inclui o Complexo “HIOT” que inclui todos os clados e terminais de *T. hispidus*, *T. insulanus*, *T. torquatus* dos Cerrados do Brasil Central e *T. oreadicus* (exceto as formas de RO e da Chapada dos Guimarães) (Figura 22; Anexo I, Mapas 5 a 8).

Figura 20: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do Grupo 2.

Figura 21: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do Grupo 3

Figura 22: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do Grupo 4

A linhagem das amostras “cf. montanus Caetité/Ibotirama BA” aparece em todas as análises concatenadas como irmã das demais linhagens do Grupo 2. Este clado é recuperado com alto valor de suporte (*bootstrap*=98%) (Figura 23).

São recuperadas duas linhagens de *T. cocorobensis*, “cocorobensis Tipo”, com amostras próximas à localidade-tipo (Catimbau, PE; Nova Rodelas, BA), e “cocorobensis Sul”, com amostras do centro-sul da Bahia (Morro do Chapéu, Mucugê e Vacaria, todas na BA) (Anexo I, Mapa 2). As análises concatenadas indicaram que as relações entre elas variam, sugerindo que o conceito tradicional de *T. cocorobensis* não é se refere a uma entidade monofilética. As linhagens “cocorobensis Sul” e “cocorobensis Tipo” aparecem, nas análises concatenadas de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}), como irmãs, ao clado das formas de *T. torquatus* do Leste/Sul (“catalanensis”, “torquatus Restingas”, “etheridgei Tipo”, “etheridgei Leste”, “torquatus Litoral RJ Sul”, “imbituba”, “torquatus Leste 1” + “torquatus Tipo”, “torquatus Leste 2”) e *T. etheridgei*; nas análises concatenadas de verossimilhança a linhagem “cocorobensis Sul” aparece como a irmã do ao restante do grupo, não relacionada à linhagem “cocorobensis Tipo”.

As linhagens de “catalanensis” são sempre recuperadas, em todas as análises concatenadas como grupo-irmão do sub-clado “torquatus Restingas” (Figuras 24 e 25). O suporte para o clado “catalanensis” é baixo (*bootstrap*=51%), mas alto para o clado “torquatus Restingas” (*bootstrap*=99%).

O clado “torquatus Tipo” sempre foi recuperado, em todas as análises concatenadas, como basal às linhagens “imbituba” e “torquatus litoral RJ Sul” (Figuras 26, 27, 28), sendo que todos os nós tem alto suporte. Para o clado “torquatus Tipo” foi sequenciado um topótipo, e entre as linhagens de “imbituba” foram sequenciados dois parátipos.

Em todas as análises concatenadas, são recuperados dois clados de *T. etheridgei*, “etheridgei Tipo” e “etheridgei Leste”, sempre como grupos-irmãos e associados aos clados “catalanensis” + “torquatus Restingas” (Figura 29). Para *T. etheridgei* observa-se uma divisão geográfica em todas as análises no sentido leste-oeste; as amostras do oeste, incluindo próximas à localidade-tipo na Argentina, e região do pantanal matogrossense, formando um sub-clado, e amostras do sudeste da BA e nordeste de MG, formando outro sub-clado. O suporte para todos os nós deste clado são altos.

Figura 23: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* das linhagens "cf. montanus Caetité/Ibotirama BA", "cocorobensis Tipo" e "cocorobensis Sul".

Figura 24: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "catalanensis".

Figura 25: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado “torquatus Restingas”.

Figura 26: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "torquatus Tipo".

Figura 27: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "imbituba".

Figura 28: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "torquatus RJ litoral Sul".

Figura 29: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* dos clados “etheridgei Tipo” e “etheridgei Tipo”.

No Grupo 3 encontram três clados bem definidos, que se compõe das linhagens do Espinhaço (*T. montanus* + *T. erythrocephalus* + *T. mucujensis*) (Figura 30; Anexo I, Mapa 4). O Grupo 3 é recuperado em todas as análises concatenadas realizadas com alto suporte (*bootstrap*=91%). Cada uma das linhagens é recuperada em todas análises concatenadas, e o suporte de cada nó que as sustentam é alto: “montanus” (*bootstrap*=92%); “mucujensis” (*bootstrap*=100%); “erythrocephalus” (*bootstrap*=100%). Foram sequenciados topótipos de cada uma destas espécies.

Figura 30: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do Grupo 3.

O Grupo 4 é o maior, mais complexo clado do complexo referido por *Tropidurus* do grupo *torquatus*. Apenas quatro dos clados principais apresentaram suportes significativos: “insulanus” (*bootstrap*=100%); “hispidus Guianas” (*bootstrap*=81%); “hispidus Tipo” (*bootstrap*=77%); “oreadicus AP/PA/TO” (*bootstrap*=70%). Este complexo, aqui informalmente designado “HIOT”, inclui todos os clados e terminais de *T. hispidus*, *T. insulanus*, *T. torquatus* dos Cerrados do Brasil Central e *T. oreadicus* (exceto as formas de RO e da Chapada dos Guimarães) (Figuras 13 e 22)

O clado “torquatus MG/MT/TO” (Figura 31) é recuperado, praticamente sem suporte (*bootstrap*=0%) e apenas na análise concatenada de MV_{est} (Figuras 14 e 22). Já nas demais análises concatenadas este clado divide-se em dois grupos: na MP_{est} , e na MV_{din} tem-se os dois clados, não relacionados: “torquatus MG/MT/TO 1 Oeste” e “torquatus MG/MT/TO 2 Oeste” (Figura 15 e 17); na MP_{din} , estas linhagens também se dividem em dois clados não relacionados, “torquatus MG/MT” e “torquatus MT” (Figura 16).

Os clados “oreadicus Jalapão TO” (Figuras 22 e 32) “hispidus/oreadicus BA/TO” (Figuras 22 e 33) são recuperados em todas as análises concatenadas (Figuras 14 a 17). Nas análises concatenadas de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}) estes dois clados são recuperados como grupos-irmão, embora nas análises concatenadas de verossimilhança (MV_{est} e MV_{din}) eles sejam recuperados como não relacionados e com baixo suporte.

A maioria dos sub-clados mais internos do Grupo 4 (Figura 34) apresenta suporte muito baixo. Adicionalmente, embora vários sejam recuperados em todas as análises concatenadas (“oreadicus AP/PA/TO”; “hispidus Tipo”; “hispidus BA/MG”; “hispidus Guianas”; “insulanus”; oreadicus tipo”), outros clados menores não apresentam estabilidade e sua posição é muito variável (Figuras 35 e 36).

O clado “hispidus Tipo” contém o topótipo de Salvador (BA) e inclui amostras que se distribuem pelos estados da BA (Salvador, Senhor do Bonfim, Camaçari, Canudos, Guaibim, Wenceslau Guimarães, Campo Formoso), PE (PARNA Catimbau, Recife), CE (Missão Velha e Nova Olinda) e AL (Maceió) (Figura 38). O grande clado denominado “hispidus BA/MG”, que inclui muitas linhagens de *T. hispidus* que se distribuem basicamente pelo nordeste de MG, cadeia do Espinhaço, a leste do Rio São Francisco, com exceção de um pequeno sub-clado de *T. oreadicus* de GO e TO (PVH4108, MRT4026, MRT4042) (Figura 37). A linhagem “hispidus Guianas” inclui amostras de amostras do norte-nordeste da Amazônia (PA, RR, Guiana Francesa e Venezuela) (Figura 39) A distribuição das amostras está no Anexo I, Mapa 7.

Os três grandes clados de *T. hispidus* do Grupo 4, “hispidus BA/MG”; “hispidus Tipo” e “hispidus Guianas” são recuperados ora como grupos-irmãos, ora como não relacionados. A MP_{est} agrupa “hispidus Tipo” + (“hispidus BA/MG”+ “torquatus MG/MT/TO 2 Leste”), com “hispidus Guianas” (Figura 15). A MV_{est} e MP_{din} recuperam “hispidus Tipo” e “hispidus BA/MG” como grupos-irmãos, e sem relação próxima com “hispidus Guianas” (Figuras 14 e 16). A MV_{din} recupera um clado formado por “hispidus BA/MG” e “hispidus Guianas”, tendo “hispidus Tipo” como seu grupo-irmão (Figura 17). Há uma pequena inconsistência nas Figuras 37 e 39: a amostra THIS_HMAR_GF_MTR11420, de uma amostra da Guiana Francesa, consta na Figura 37; e a amostra THIS_PERU_MG_MTJ0174, do norte de MG, aparece no clado 39. Trata-se, muito provavelmente de erro decorrente de troca de amostras.

O clado “insulanus” é recuperado em todas as análise concatenadas, com alto suporte, e sempre como grupo-irmão do clado “oreadicus Tipo”. Entre as linhagens de “oreadicus Tipo”, foram incluídos topótipos da espécie. O restante dos clados é compostos por ramos pequenos, com baixo suporte, a respeito dos quais não é possível tecer conclusões.

Figura 31: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado “torquatus MG/MT/TO”.

Figura 32: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado “Jalapão TO”.

Figura 33: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "hispidus/oreadicus BA/TO".

Figura 34: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* dos clados internos do Grupo 4.

Figura 35: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* dos clados "hispidus CE/MA"; "hispidus BA/PI" e "oreadicus AP/PA/TO".

Figura 36: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado “hispidus Capivara”; “oreadicus MA/TO”; “hispidus Confusões PI”; “hispidus BA/PE/PI”.

Figura 37: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "hispidus BA/MG".

Figura 38: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado “hispidus Tipo”.

Figura 39: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "hispidus Guianas".

Figura 40: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos cinco genes (16S, cyt b, KIF24, PRLR e PTPN) mostrando os valores de *bootstrap* do clado "hispidus/oreadicus MA/PI"; "oreadicus PA/TO"; "insulanus"; "oreadicus Tipo".

Além das análises concatenadas utilizando os cinco marcadores, também foram feitas análise concatenada para os marcadores moleculares mitocôndrias 16S e cyt b (Figura 41), além de árvores para cada um dos genes.

Figura 41: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e por meio de alinhamento estático, a partir de matriz concatenada dos genes mitocôndrias (16S e cyt b) mostrando os principais clados.

A análise concatenada dos marcadores mitocondrias foi feita por meio de MV_{est} , por meio do modelo evolutivo GTR+I+R (Tabela 11) e resultou em uma árvore que não difere significativamente das recuperadas em todas as outras análises concatenadas totais (MP_{est} , MP_{din} , MV_{est} , MV_{din}). A diferença mais significativa, não recuperada em nenhuma das outras, é o posicionamento do clado “hygomi” como basal não a todos os demais clados, mas grupo-irmão do clado basal que reúne os clados “oreadicus RO”, “psammonastes”, “itambere Tipo”, “aff. itambere GO” e “oreadicus Chapada Guimarães MT” (Figura 42), embora o suporte para este nó seja baixo (*bootstrap*=55%).

Figura 42: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir de matriz concatenada dos genes mitocondrias (16S e cyt b) mostrando os valores de *bootstrap* dos clados “hygomi”; “oreadicus RO”; “psammonastes”, “itambere Tipo”, “aff. itambere”, “itambere MT” e “oreadicus Chapada Guimarães MT”.

A árvore obtida a partir do marcador mitocondrial 16S foi construída por MV_{est} utilizando o modelo evolutivo GTR+I+R (Tabela 10) e apresentou uma resolução muito menor quando comparada com as análises concatenadas (Figura 43). A topologia recuperada pela MV_{est} mostra o gênero *Tropidurus* como parafilético e também não reconhece o grupo *semitaeniatus* como monofilético, colocando *T. pinima* como grupo irmão do grupo *torquatus*. Os grupos mais basais passam a ser os clados, “oreadicus RO”, “psammonastes”, “aff. itambere GO” e “oreadicus Chapada Guimarães MT”; “itambere Tipo” passa a não ser relacionado ao clado que agrupa estas linhagens. O clado “psammonastes” não é recuperado como monofilético.

O clado “hygomi” passa a ser grupo-irmão do restante dos clados; o clado que agrupa “montanus”, “mucujensis” e “erythrocephalus” não é recuperado. O clado “erythrocephalus” não é recuperado como monofilético.

O Grupo 2 (definido na Figura 13) é recuperado, mas as relações internas entre as linhagens apresenta-se sem estrutura e com grande mistura de clados e linhagens, com exceção das linhagem “imbituba” (Figuras 44 a 48). As relações entre as linhagens não recuperam os clados como monofiléticos, embora o suporte obtido seja baixo para todos os ramos.

No Grupo 4 (Figuras 49 e 50), o nível de resolução é muito baixo, apresentando-se como uma grande politomia. O único clado recuperado, o “insulanus”, apresenta baixo suporte (*bootstrap*=54%).

Figura 43: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S, mostrando os valores de *bootstrap*. Clados com asteriscos indicam ramos cuja topologia difere muito da árvore obtida pela matriz concatenada.

Figura 44: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* do clado "torquatus*cocorobensis*etheridgei*imbituba*catalanensis*" da Figura 43.

Figura 45: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* do clado "cocorobensis Tipo*torquatus RJ litoral Sul" da Figura 44.

Figura 46: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* do clado “torquatus Tipo*” da Figura 44.

Figura 47: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* do clado “catalanensis*torquatus Restingas*” da Figura 44.

Figura 48: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* do clado “cocorobensis Sul*torquatus Restinga*” da Figura 44.

Figura 49: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo hispidus/oreadicus*” da Figura 43.

Figura 50: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial 16S mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "complexo hispidus oreadicus" da Figura 49.

A topologia da árvore obtida a partir marcador mitocondrial cyt b, resultado de reconstrução por MV_{est} utilizando modelo evolutivo GTR+I+R (Tabela 10), mostrou-se mais similar às topologias recuperadas das análises concatenadas (Figura 51). A topologia recuperada pela MV_{est} não reconhece o gênero *Tropidurus* nem o grupo *torquatus* como monofiléticos, colocando *Plica plica* junto aos clados que agrupam todas as linhagens de *T. insulanus*, *T. hispidus* e *T. oreadicus* e as linhagens do Brasil Central de *T. torquatus*.

O clado “hygomi”, recuperado em outras análises como basal a todo o restante do grupo *torquatus*, passa a ser um grupo derivado, que juntamente com o Grupo 3 (“montanus”, “mucujensis”, “erythrocephalus”) é basal aos Grupos 2 e 4.

O Grupo 2 é recuperado, com os mesmos clados reconhecidos nas análises concatenadas, mas há mudanças na relação entre os seus integrantes. As principais diferenças são: há uma politomia contendo os clados “catalanensis”, as linhagens de *cocorobensis* (“*cocorobensis* Sul + “*cocorobensis* Tipo”), as linhagens de *etheridgei* (com as linhagens de “*etheridgei* Tipo” do MT se agrupando com as linhagens “*etheridgei* Leste”) e o clado “*imbituba*” como grupo-irmão das linhagens “*torquatus* RJ litoral Sul” e “*torquatus* Tipo”.

No Grupo 4 (Figuras 52 a 54), como em todas as análises concatenadas anteriores, observa-se grande variação na posição dos ramos internos e as diferenças mais significativa são: 1) que o clado “*hispidus* BA/MG” não é recuperada como relacionada ao clado “*hispidus* Tipo” (Figuras 52 e 54); 2) as linhagens que formam os clados “*hispidus/oreadicus* BA/TO”, “*oreadicus* Jalapão TO” e “*torquatus* TO”, composto por formas arenícolas, são recuperadas juntas (Figura 53).

Figura 51. Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial *cyt b*, mostrando os valores de *bootstrap*. Clados com asteriscos indicam ramos cuja topologia difere muito da árvore obtida pela matriz concatenada.

Figura 52: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial cyt b mostrando os valores de *bootstrap* do clado “hispidus Tipo*hispidus Guianas*oreadicus MA/PI* grupos menores*” da Figura 51.

Figura 53: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial cyt b mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "hispidus/oreadicus BA/TO*oreadicus Jalapão TO*torquatus TO" da Figura 51.

Figura 54: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico mitocondrial *cyt b* mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "hispidus BA/MG*torquatus MG/TO*" da Figura 51.

A árvore obtida por MV_{est} utilizando modelo evolutivo GTR+I+R (Tabela 10) para o marcador nuclear KIF24 também não recupera o monofiletismo do gênero *Tropidurus*. Ela no entanto recupera o grupo *torquatus* (exceto *T. chromatops*) como monofilético, embora não recupere a monofilia do grupo *semitaeniatus*. A topologia apresentada mostra que para este marcador confere maior suporte aos ramos basais da árvore, especialmente aos grupos-externos.

O clado “hygomi”, tendo como grupo-irmão o clado “cocorobensis Tipo”, como basal a todos os outros integrantes do grupo *torquatus*. Seguindo pela topologia da árvore, algumas amostras de “mucujensis” e “erythrocephalus” encontram-se basais ao restante do grupo (Figura 55).

Verifica-se um politomia, onde uma parte do clado “erythrocephalus” faz parte, juntamente com duas linhagens de “cocorobensis” e “mucujensis” mais “montanus” e “cf. montanus Caetité/Ibotirama BA de um ramo que é grupo irmão de todo o resto, um grande complexo de linhagens que abrange as demais linhagens.

Há uma série de clados e sub-clados (Figuras 56 a 68), a grande maioria com baixos suportes, sendo que apenas três clados são recuperados com suporte de *bootstrat* significativos: “psammonastes” (89%), “oreadicus Tipo” (84%) e “oreadicus RO” (70%).

Os Grupos 1, 2 e 3 não são recuperados, sendo que boa partes das suas linhagens fica mesclada às linhagens do Grupo 4.

Figura 55. Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24, mostrando os valores de *bootstrap*. Clados com asteriscos indicam ramos cuja topologia difere muito da árvore obtida pela matriz concatenada.

Figura 56: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* do “complexo hispidus*oreadicus*insulanus*torquatus” da Figura 55.

Figura 57: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* do clado "torquatus Restingas*imbituba*catalanensis" da Figura 56.

Figura 58: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* do clado "etheridgei Leste*hispidus BA/MF*torquatus Restingas" da Figura 56.

Figura 59: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* do clado "etheridgei Tipo*torquatus Tipo*" da Figura 56.

Figura 60: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* do clado "torquatus*cocorobensis*montanus*mucujensis " da Figura 56.

Figura 61: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo hispidus/oreadicus 4*” da Figura 56.

Figura 62: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo hispidus/oreadicus 3* da Figura 61.

Figura 63: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “hispidus*itambere*psammonastes*oreadicus da Figura 62.

Figura 64: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "itambere* oreadicus Chapada Guimarães* psammonastes* da Figura 62.

Figura 65: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "hispidus BA/MG*hispidus Caivara* oreadicus MA/TO da Figura 63.

Figura 66: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo hispidus/oreadicus 3*” da Figura 62.

Figura 67: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo hispidus/oreadicus 2*” da Figura 61.

Figura 68: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "complexo hispidus/oreadicus*" da Figura 61.

A reconstrução filogenética por MV_{est} , utilizando modelo evolutivo GTR+G (Tabela 10), para o marcador nuclear PLRL confere aos ramos basais da árvore maiores valores de suporte, embora não recupere o monofilestimo do gênero. Tanto o grupo *semitaeniatus* quanto o grupo *torquatus* são recuperado como monofiléticos.

Os clados “cocorobensis Tipo” e “cf. montanus Caetité/Ibotirama BA” são recuperados como grupos-irmãos, com alto suporte (*bootstrap*=84%), e basais a todos os demais. Seguindo pela topologia, seguem-se três ramos principais, o clado “hygomi”, sem posição definida, e dois grandes complexos de formas, sendo um que agrupa os clados “montanus*hispidus”, “montanus” e o complexo “Espinhaço*etheridgei*torquatus”(Figura 70) e outro que agrega todas as demais linhagens (Figuras 71 a 74).

São recuperados com alto valor de *bootstrap* os clados “cocorobensis Tipo”(99%), “hygomi (96%), “cocorobensis Sul” (87%), “cf. montanus Caetité/Ibotirama BA” (84%) e “oreadicus Chapada dos Guimarães”(80%).

Figura 69. Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PLRL, mostrando os valores de *bootstrap*. Clados com asteriscos indicam ramos cuja topologia difere muito da árvore obtida pela matriz concatenada.

Figura 70: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PLRL mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo Espinhaço*etheridgei*torquatus” da Figura 69.

Figura 71: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PLRL mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "complexo Espinhaço*etheridgei*torquatus " da Figura 69.

Figura 72: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PLRL mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "itambere Tipo/MT" da Figura 69.

Figura 73: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "complexo hispidus/oreadicus 3* " da Figura 61.

Figura 74: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear KIF24 mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "complexo hispidus/oreadicus 2* " da Figura 61.

A árvore obtida a partir marcador nuclear PTPN foi reconstruída por MV_{esp}, utilizando modelo evolutivo HKY+I+G (Tabela 10), e apresentou baixa resolução quando comparada com as análises concatenadas (Figura 75). O suporte dos ramos basais, ao contrário dos outros marcadores moleculares nucleares, foi baixo. A topologia encontrada não recupera o gênero *Tropidurus* como monofilético.

A baixa resolução de grande parte da árvore faz com que poucos clados tenham suporte significativo. Foram recuperados com alto valor de *bootstrap* os seguintes clados: “itambere Tipo”(94%), “cocorobensis Tipo” (85%), “oreadicus RO” (78%) e as amostras provenientes da Argentina do clado “etheridgei Tipo”(78%) (Figuras 76 a 79).

Os Grupos 1, 2, 3 e 4 não são recuperados, estando suas linhagens dispersas ao longo da árvore.

Figura 75. Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PTPN, mostrando os valores de *bootstrap*. Clados com asteriscos indicam ramos cuja topologia difere muito da árvore obtida pela matriz concatenada.

Figura 76: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PTPN mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "hygomi*oreadicus*mucujensis*erythrocephalus " da Figura 75.

Figura 77: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PTPN mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado "insulanus*oreadicus*torquatus" da Figura 75.

Figura 78: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PTPN mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo torquatus 3” da Figura 75.

Figura 79: Árvore obtida por Máxima Verossimilhança e alinhamento estático a partir do fragmento gênico nuclear PTPN mostrando os valores de *bootstrap* de parte do clado “complexo torquatus 1” da Figura 75.

2. Análise morfológica – Abordagem Multivariada

Os dados originais do presente trabalho contemplam medidas e contagens de 1029 exemplares, que incluem todas as espécies atualmente reconhecidas para o grupo *torquatus*, embora no caso de *T. chromatops* só tenha sido possível analisar um indivíduo. As análises foram feitas para machos e fêmeas separadamente, dado o dimorfismo sexual presente em *Tropidurus*. As amostras foram agrupadas segundo os clados recuperados na Figura 14. A Tabela 12 mostra a quantidade de material analisado, separado por sexo.

Foi feito teste de Levene para testar a homogeneidade da variância entre as linhagens, tanto com os caracteres merísticos quanto com os morfométricos. Para todas as variáveis testadas, a variâncias foram significativamente diferentes entre as 47 linhagens (heteroscedasticidade). Neste trabalho foram realizadas apenas análises de agrupamento, que não possuem a homogeneidade de variâncias como pré-requisito (ZAR, 1999), então a heteroscedasticidade não compromete a interpretação dos resultados. Como nesta etapa buscou-se uma análise exploratória do espaço morfométrico para caracterização das linhagens, não foi realizada análise de variâncias entre as variáveis para as diferentes linhagens. Em tempo, a homoscedasticidade e a normalidade, são pré-requisitos para análises de variância.

A Análise das Componentes Principais (PCA) dos caracteres merísticos das fêmeas do Grupo 1 (Tabela 13; Figura 80) mostra que o eixo PC1 responde por 46,2% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 29,9% da variação. O PC3 apresenta *loadings* (o termo em inglês, *loadings*, pode ser traduzido como “carregadores”, mas como o termo não tem uso consagrado e inequívoco em português, aqui será utilizado o termo em inglês) $\geq 0,70$ para a variável gulares (0,73); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (-0,82); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (0,71).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra os pontos associados a “*T. hygomi*” atinge os maiores no eixo PC1 e valores intermediários no eixo PC2; os pontos associados a “*T. psammonastes*” também se apresentam totalmente isolados, logo acima dos pontos de “*T. hygomi*”, mas sem sobreposição. Os pontos associados a “*T. itambere* Tipo” atingem os maiores valores no eixo PC2, com uma pequena sobreposição com “*T. itambere* MT”, que situa-se logo abaixo daquele, e “*T. itambere* MT” apresenta-se mais disperso ao longo do eixo PC1. No eixo PC2 as amostras não apresentam grande dispersão ao longo do eixo. Neste eixo, os pontos associados a “*T. hygomi*” apresentam os menores valores, ao passo

que os pontos associados a “*T. itambere* Tipo” e “*T. oreadicus* Chapada Guimarães MT” apresentam maiores valores.

O ponto referente ao único espécime de “*T. chromatops*” encontra-se isolado, com valores intermediários associados aos dois PC's, sem sobreposição com nenhum outro conjunto de pontos. Já o ponto associado a “*T. aff. itambere*” sobrepõem-se marginalmente com o grupo “*T. oreadicus* RO”.

Os três diferentes conjuntos de pontos associados às formas de *T. oreadicus* de RO apresentam considerável sobreposição; observa-se os pontos de “*T. oreadicus* RO” sobrepostos com os “*T. oreadicus* RO Ariquemes” e de “*T. oreadicus* RO SC” com “*T. oreadicus* RO Ariquemes”, sendo este apresenta uma grande dispersão ao longo do eixo PC1. Os pontos associados a “*T. oreadicus* Chapada dos Guimarães MT” apresentam-se reunidos, com grande sobreposição com “*T. itambere* Tipo”.

Tabela 13: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 1. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	-0,4955	-0,1083	0,0578	-0,8198	0,0347	-0,2572
Dorsais	-0,5570	-0,0722	-0,0849	0,1325	0,3866	0,7143
Ventrais	-0,4417	0,3445	-0,4869	0,3622	0,1825	-0,5335
Gulares	-0,4281	0,2461	0,7341	0,2888	-0,3564	-0,0824
Tíbia	-0,2556	-0,5863	-0,3401	0,1701	-0,6674	0,0306
LIVArtP	-0,0203	-0,6783	0,3128	0,2585	0,4935	-0,3623

Figura 80: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 1. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos dos machos do Grupo 1 (Tabela 14; Figura 81) mostra que o eixo PC1 responde por 45,7% da variação, ao passo que o eixo PC2 explica 30,1% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (-0,73); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (0,74); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tibia (0,76); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (-0,75).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra os pontos associados a “T. hygomi” atingindo valores intermediários ao longo do eixo PC1 e os menores valores no eixo PC2, havendo grande sobreposição com os pontos associados a “T. psammonastes”. “T. hygomi”, no entanto, alcança maiores valores no eixo PC1 e menores valores no eixo PC2. No eixo PC2 as amostras não apresentam grande dispersão ao longo do eixo. Neste eixo, os pontos associados a “T. hygomi” apresentam os menores valores, ao passo que os pontos associados a “T. itambere Tipo” apresentam os maiores valores.

Os pontos associados a “T. itambere Tipo” alcançam os maiores valores no eixo PC2. Há uma pequena sobreposição com “T. itambere MT”, que situa-se logo abaixo daquele, e aqui é “T. itambere Tipo” que apresenta-se mais disperso ao longo do eixo PC1.

Quanto aos três diferentes conjuntos de pontos associados às formas de *T. oreadicus* de RO, há considerável sobreposição de “T. oreadicus RO” com “T. oreadicus RO Ariqueemes” e de “T. oreadicus RO SC” com “T. oreadicus RO Ariqueemes”, sendo que este apresenta os maiores valores ao longo do eixo PC1. Os pontos associados a “T. oreadicus Chapada dos Guimarães MT” apresentam-se reunidos, com grande sobreposição com “T. oreadicus RO”.

Tabela 14: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 1. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	0,4858	0,2091	-0,0883	0,7427	-0,3066	0,2585
Dorsais	0,5704	-0,0847	0,0905	-0,1836	-0,2560	-0,7484
Ventrais	0,3871	0,3944	0,5447	-0,4574	-0,0165	0,4341
Gulares	0,2583	0,4753	-0,7284	-0,2503	0,3378	0,0010
Tíbia	0,4069	-0,4586	0,1395	0,1638	0,7560	0,0801
LIVArtP	0,2378	-0,5978	-0,3705	-0,3406	-0,3932	0,4222

Figura 81: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 1. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos das fêmeas do Grupo 2 (Tabela 15; Figura 82) mostra que o eixo PC1 responde por 63,1% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 18,8% da variação. O PC2 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tibia (-0,75); PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,73); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (-0,75); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável ventrais (0,70); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (0,80).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “torquatus Tipo”, “T. catalanensis”, “T. imbituba”, “T. torquatus abrolhos” e “T. torquatus RJ litoral Sul” nos menores valores do eixo PC1; já “T. cf. montanus”, “T. etheridgei Tipo”, “T. etheridgei Leste”, “T. torquatus restingas”, “cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo” distribuem-se pelos maiores valores. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “T. catalanensis”, “T. etheridgei Tipo” e “T. cf. montanus”; os menores valores, nos pontos associados a “T. cocorobensis Tipo” e “T. cocorobensis Sul”.

Apesar da sobreposição de alguns pontos, nota-se que o conjunto de pontos associados a “T. etheridgei Tipo” segrega-se parcialmente do conjunto dos pontos de “T. etheridgei Leste” ao longo do eixo PC2. Os pontos associados a “T. cf. montanus”, apesar de alguma sobreposição, também se separam do restante dos pontos. Os três principais conjuntos de pontos associados a *T. torquatus*, “T. torquatus Tipo”, “T. torquatus Restingas” e “T. torquatus RJ litoral Sul” encontram-se totalmente separados. Os pontos associados a “T. torquatus abrolhos” aparecem dentro da área dos pontos associados a “T. imbituba”. É observada uma parcial, mas nítida, segregação dos pontos associados a “T. cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo”, sendo que o último atinge menores valores no eixo PC1.

Tabela 15: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 2. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	-0,4759	0,0981	-0,0390	0,3172	0,5986	-0,5508
Dorsais	-0,4811	0,1314	0,0497	0,0254	0,3237	0,8021
Ventrais	-0,4595	0,1954	0,0457	0,5045	-0,7016	-0,0433
Gulares	-0,4266	0,3043	-0,3012	-0,7517	-0,1843	-0,1890
Tíbia	-0,2114	-0,7488	-0,6184	0,0660	-0,0664	0,0589
LIVArtP	-0,3227	-0,5307	0,7217	-0,2736	-0,0794	-0,1106

Figura 82: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 2. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos dos machos do Grupo 2 (Tabela 16; Figura 83) mostra que o eixo PC1 responde por 59,0% da variação, sendo que o eixo PC2 explica 19,36% da variação. O PC2 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tibia (-0,71); PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,75); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (0,78); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável ventrais (0,70); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (0,80).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra poucas diferenças em relação à análise das fêmeas: também se observa uma concentração dos pontos associados a “T. catalanensis”, “T. imbituba”, “T. torquatus abrolhos” e “T. torquatus RJ litoral Sul” nos menores valores do eixo PC1; já “T. cf. montanus”, “torquatus Tipo” ; “T. etheridgei Tipo”, “T. etheridgei Leste”, “T. torquatus restingas”, “cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo” distribuem-se pelos maiores valores. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “T. etheridgei Tipo”, “T. catalanensis”, e “T. etheridgei Tipo”; os menores valores, nos pontos associados a “T. cocorobensis Tipo” e “T. cocorobensis Sul”.

Aqui observa-se que o conjunto de pontos associados a “T. etheridgei Tipo” segrega-se totalmente do conjunto dos pontos de “T. etheridgei Leste” ao longo do eixo PC2. Os pontos associados a “T. cf. montanus” encontram-se totalmente isolados, no quadrante direito superior, com os maiores tanto no eixo PC1 quanto PC2. Três dos conjuntos de pontos associados a *T. torquatus*, “T. torquatus Tipo”, “T. torquatus Restingas” e “T. torquatus RJ litoral Sul” encontram-se totalmente separados. Os pontos associados a “T. torquatus abrolhos” aparece dentro da área dos pontos associados a “T. imbituba”. Há também uma parcial, mas nítida, segregação dos pontos associados a “T. cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo”, sendo que o último atinge menores valores no eixo PC1.

Tabela 16: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 2. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	-0,4631	0,1495	-0,0651	0,7851	-0,2469	0,2856
Dorsais	-0,5008	0,0205	0,1105	0,0122	-0,0304	-0,8576
Ventrais	-0,4748	0,1972	0,0341	-0,1551	0,8032	0,2556
Gulares	-0,4581	0,2549	0,0278	-0,5911	-0,5404	0,2880
Tíbia	-0,1991	-0,7109	0,6483	-0,0047	-0,0301	0,1838
LIVArtP	-0,2445	-0,6067	-0,7492	-0,0994	0,0074	0,0301

Figura 83: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 2. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos das fêmeas do Grupo 3 (Tabela 17; Figura 84) mostra que o eixo PC1 explica 58,98% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 15,55% da variação. O PC2 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,97); PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tibia (-0,97); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (-0,75); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (-0,85); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (-0,78).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra que os pontos associados a “*T. montanus*” amplamente dispersos ao longo dos dois eixos. Praticamente todo o conjunto dos pontos associados tanto a “*T. erythrocephalus*” quanto “*T. mucujensis*” encontram-se dentro da área dos pontos de “*T. montanus*”.

O conjunto de pontos atribuídos a “*T. erythrocephalus*” apresenta grande distribuição ao longo do eixo PC1 e pouca variação no eixo PC2. Quanto a “*T. mucujensis*” a distribuição dos pontos ao longo dos eixos PC1 e PC2 não apresenta muita diferença.

A PCA dos caracteres merísticos dos machos do Grupo 3 (Tabela 18; Figura 85) mostra que o eixo PC1 responde por 56,37% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 16,69% da variação. O PC2 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,71); o PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tíbia (0,76); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável cinta (-0,80); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (0,72).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra que a maioria dos pontos associados a “T. montanus” e “T. mucujensis” se concentram nos menores valores do eixo PC1; os pontos atribuídos a “T. erythrocephalus” se concentram nos maiores valores do eixo PC1. Em relação ao eixo PC2, os pontos atribuídos a “T. montanus” atingem os extremos máximo e mínimo e “T. erythrocephalus” apresenta a menor amplitude de variação. Diferente da PCA das fêmeas, nos machos ocorre uma segregação parcial entre “T. mucujensis” e “T. montanus” e a quase total separação de “T. erythrocephalus”.

Tabela 18: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 3. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	-0,4067	0,1945	0,3066	-0,7998	0,1817	-0,1734
Dorsais	-0,3652	-0,6685	0,0138	-0,0713	-0,6166	-0,1854
Ventrais	-0,4743	-0,0585	-0,3029	0,3443	0,4725	-0,5814
Gulares	-0,4695	-0,1059	-0,4542	-0,0788	0,1739	0,7250
Tíbia	-0,3772	0,0110	0,7594	0,4519	0,0985	0,2586
LIVArtP	-0,3369	0,7075	-0,1760	0,1621	-0,5689	-0,0710

Figura 85: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 3. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos das fêmeas do Grupo 4 (Tabela 19; Figura 86) mostra que o eixo PC1 responde por 78,09% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 7,49% da variação. O PC2 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,81); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (0,86); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (0,76).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “*T. hispidus/oreadicus* BA/TO”, “*T. hispidus* BA/PI”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. hispidus* Tipo”, “*T. hispidus* Capivara PI”, “*T. oreadicus* Jalapão”, “*T. hispidus* CE/MA”, “*T. oreadicus* Tipo”, “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, “*T. hispidus* Guianas” e “*T. insulanus*” nos menores valores do eixo PC1; já “*T. torquatus* MG/MT/TO” atinge os maiores valores. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “*T. hispidus* BA/PI”, “*T. hispidus* BA/MG” e “*T. torquatus* MG/MT/TO”; os menores valores, nos pontos associados a “*T. hispidus* Tipo” e “*T. hispidus/oreadicus* BA/TO”.

Apesar da sobreposição de alguns pontos, destaca-se a total separação dos pontos associados a “*T. torquatus* MG/MT/TO” ao longo do eixo PC1. Dos três principais conjuntos de pontos associados a *T. hispidus*, “*T. hispidus* Tipo”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. hispidus* Guianas”, este último mostra segregação parcial de “*T. hispidus* BA/MG” e quase total de “*T. hispidus* Tipo”. Em relação aos três principais conjuntos de pontos associados a *T. oreadicus*, “*T. oreadicus* Tipo”, “*T. oreadicus* Jalapão” e “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, este último mostra segregação parcial em relação a “*T. oreadicus* Jalapão” e “*T. oreadicus* Tipo”.

Tabela 19: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 4. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	0,4296	-0,2717	0,2496	-0,2101	-0,4590	-0,6515
Dorsais	0,4374	-0,2139	0,2067	-0,1804	-0,3417	0,7556
Ventrais	0,4010	-0,3330	-0,5499	-0,4013	0,5132	-0,0396
Gulares	0,4051	-0,1805	-0,2343	0,8648	-0,0098	-0,0194
Tíbia	0,4019	0,2912	0,6337	0,0500	0,5895	-0,0451
LIVArtP	0,3712	0,8076	-0,3689	-0,1086	-0,2481	-0,0235

Figura 86: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 4. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres merísticos dos machos do Grupo 4 (Tabela 20; Figura 87) mostra que o eixo PC1 explica por 81,0% da variação, ao passo que o eixo PC2 responde por 8,4% da variação. O PC2 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável LIVArtP (0,93); o PC3 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável tibia (-0,90); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (0,83); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável ventrais (0,80); o PC6 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável dorsais (0,74).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “T. hispidus Tipo”, “T. hispidus BA/PI”, “T. hispidus BA/MG”, “T. hispidus Guianas”, “T. hispidus Capivara PI”, “T. hispidus/oreadicus BA/TO”, “T. hispidus CE/MA”, “T. insulanus”, “T. oreadicus Jalapão”, “T. oreadicus Tipo”, “T. oreadicus AP/PA/TO” nos menores valores do eixo PC1; já “T. torquatus MG/MT/TO” atinge os maiores valores. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “T. hispidus Tipo”, “T. hispidus BA/MG” e “T. hispidus Capivara”; os menores valores referem-se aos pontos associados a “T. oreadicus Jalapão”, “T. hispidus Tipo” e “T. torquatus MG/MT/TO”.

Como na PCA das fêmeas, destaca-se a total separação dos pontos associados a “T. torquatus MG/MT/TO” ao longo do eixo PC1. Dos três principais conjuntos de pontos associados a *T. hispidus*, “T. hispidus Tipo”, “T. hispidus BA/MG”, “T. hispidus Guianas”, este mostra segregação total de “T. hispidus BA/MG” e “T. hispidus Tipo”. Em relação aos pontos associados a “T. hispidus BA/MG” e “T. hispidus Tipo”, embora haja uma grande sobreposição, é perceptível que este último tem mais pontos com menores valores ao longo do eixo PC1.

Tabela 20: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados merísticos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 4. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Cinta	0,4344	-0,1508	0,0865	-0,3827	-0,4363	-0,6665
Dorsais	0,4374	-0,1046	0,1412	-0,3202	-0,3529	0,7421
Ventrais	0,4206	-0,1739	0,3222	-0,2145	0,8006	-0,0456
Gulares	0,4172	-0,2618	0,2090	0,8329	-0,1387	-0,0291
Tíbia	0,3933	-0,0526	-0,9030	0,0401	0,1576	0,0248
LIVArtP	0,3380	0,9299	0,0979	0,0985	0,0091	-0,0399

Figura 87: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 4. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos das fêmeas, tomadas em conta apenas fêmeas adultas, do Grupo 1 (Tabela 21; Figura 88) mostra que o eixo PC1 responde por 34,95% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 18,74% da variação. O PC4 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável SL (0,77).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra uma grande sobreposição entre os conjuntos de pontos. Os pontos associados a “T. hygomi” e “T. psammonastes” apresentam os maiores valores ao longo do eixo PC1; os pontos associados a “T. itambere Tipo” e “T. itambere MT” apresentam os menores valores. Ao longo do eixo PC2, os pontos associados a “T. oreadicus RO SC” e a “T. aff. itambere” assumem os maiores valores e “T. psammonastes” assume os menores valores.

O ponto associado a “T. chromatops” encontra-se isolado, no meio dos pontos associados a “T. itambere MT”; já o ponto associado a “T. aff. itambere” encontra-se sem sobreposição com nenhum outro conjunto de pontos.

Há uma pequena sobreposição dos pontos associados a “T. itambere MT” e “T. itambere Tipo”, sendo que no eixo PC1 o primeiro possui uma maior amplitude e atinge os menores valores, ao passo que no eixo PC2 os maiores valores são alcançados por “T. itambere Tipo”.

Os três diferentes conjuntos de pontos associados às formas de *T. oreadicus* de RO apresentam considerável sobreposição entre si. Os pontos de “T. oreadicus RO” apresentam a maior amplitude ao longo do eixo PC1 e PC2, embora “T. oreadicus RO SC” atinja os maiores valores no eixo PC2. Os pontos associados a “T. oreadicus Chapada dos Guimarães MT” apresentam-se reunidos, com sobreposição com “T. oreadicus RO SC”.

Tabela 21: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 1. Destacados em **negrito** as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	-0,3520	-0,3882	0,2507	-0,1616	0,3200	-0,2856	0,5281	-0,1707	-0,3801
EOS	-0,3629	-0,1549	-0,3681	0,2554	-0,1722	-0,5989	-0,4565	0,0526	-0,2099
HH	-0,3983	0,1205	0,3802	-0,2447	-0,0791	0,4076	-0,5088	-0,1759	-0,4002
HW	-0,3770	0,1885	-0,3885	0,2326	-0,1613	0,4138	0,3847	0,4253	-0,3018
THL	0,1789	0,5553	0,2418	-0,0651	-0,5332	-0,3774	0,2591	-0,1134	-0,3001
AL	0,2030	0,4996	-0,3024	-0,0287	0,6806	-0,0801	-0,1076	-0,1166	-0,3495
SL	0,3397	-0,2224	0,2280	0,7673	-0,0046	0,1712	-0,0332	-0,1998	-0,3522
FOL	0,4469	-0,2971	0,0649	-0,3219	-0,0315	-0,0488	-0,1475	0,6393	-0,4127
FAL	0,2350	-0,2821	-0,5478	-0,3120	-0,2951	0,2042	0,0649	-0,5303	-0,2316

Figura 88: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 1. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos dos machos, também tomados dados apenas dos machos adultos, do Grupo 1 (Tabela 22; Figura 89) mostra que o eixo PC1 explica 31,81% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 20,19% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável THL (0,71); o PC5 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável HH (0,70); o PC7 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável gulares (-0,70).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais também mostra uma grande sobreposição entre os conjuntos de pontos. Os pontos associados a “T. oreadicus RO”, “T. hygomi” e “T. oreadicus RO SC” e “T. psammonastes” apresentam os maiores valores ao longo do eixo PC1; os pontos associados a “T. itambere Tipo” e “T. itambere MT” apresentam os menores valores. Ao longo do eixo PC2, os pontos associados a “T. oreadicus RO SC” e a “T. itambere Tipo” assumem os maiores valores e “T. hygomi” assume os menores valores. Há uma pequena sobreposição dos pontos associados a “T. itambere MT” e “T. itambere Tipo”, sendo que no eixo PC1 o primeiro possui uma maior amplitude, ao passo que no eixo PC2 a maior amplitude é de “T. itambere Tipo”.

Os três diferentes conjuntos de pontos associados às formas de *T. oreadicus* de RO apresentam grande sobreposição entre si. Os pontos de “T. oreadicus RO” apresentam a maior amplitude ao longo do eixo PC1, embora “T. oreadicus RO Ariquemes” atinja os maiores valores neste eixo e apresente tanto maior amplitude quanto atinja maiores valores no eixo PC2. Os pontos associados a “T. oreadicus Chapada dos Guimarães MT” apresentam-se reunidos, com sobreposição com “T. itambere MT” e “T. itambere Tipo”.

Tabela 22: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 1. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	-0,2607	-0,2130	-0,1224	0,6299	-0,5564	0,0400	-0,2168	0,1674	-0,2978
EOS	-0,3815	0,2788	-0,2400	-0,3110	-0,0526	0,5763	0,2976	0,3603	-0,2630
HH	-0,3581	-0,2688	-0,2210	0,1443	0,7053	-0,3012	-0,0360	0,1814	-0,3279
HW	-0,4621	0,0653	0,1648	-0,4268	-0,2107	-0,2217	-0,2522	-0,5321	-0,3642
THL	0,0996	0,2099	0,7076	0,2503	0,2933	0,3747	-0,2184	0,0142	-0,3291
AL	0,1961	0,5892	-0,0227	0,1973	-0,0866	-0,4793	0,4408	0,0207	-0,3782
SL	0,2559	-0,4480	0,3282	-0,4085	-0,2206	-0,2266	0,1022	0,5002	-0,3139
FOL	0,4370	-0,3428	-0,2956	0,0239	0,0538	0,3235	0,2284	-0,4821	-0,4598
FAL	0,3740	0,3016	-0,3938	-0,1857	0,0287	-0,0181	-0,7035	0,2069	-0,2018

Figura 89: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 1. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos das fêmeas do Grupo 2 (Tabela 23; Figura 90) mostra que o eixo PC1 responde por 34,92% da variação, ao passo que o eixo PC2 explica 18,92% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável AL (-0,73); o PC4 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável SL (0,71); o PC8 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável FAL (0,71).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “T. cocorobensis Tipo”, “torquatus Tipo”, “T. catalanensis”, “T. imbituba”, “T. torquatus Abrolhos” e “T. torquatus RJ litoral Sul” nos menores valores do eixo PC1; já “T. etheridgei Leste”, “T. cf. montanus”, “T. etheridgei Tipo”, “T. torquatus restingas”, “cocorobensis Sul” distribuem-se pelos maiores valores. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “T. torquatus Abrolhos”, “T. etheridgei Tipo” e “T. cocorobensis Tipo”; os menores valores, nos pontos associados a “T. catalanensis”, “T. cf. montanus”, “T. etheridgei Tipo” e “T. etheridgei Leste”.

Apesar da sobreposição de alguns pontos, nota-se que o conjunto de pontos associados a “T. etheridgei Tipo” segrega-se quase totalmente do conjunto dos pontos de “T. etheridgei Leste”, sendo que “T. etheridgei Tipo” atinge menores valores no eixo PC1 e menores no eixo PC2, ao passo que “T. etheridgei Leste” atinge os maiores valores no PC1. Os pontos associados a “T. cf. montanus”, apesar de alguma sobreposição, também se separam do restante dos pontos. Três principais conjuntos de pontos associados a *T. torquatus*, “T. torquatus Tipo”, “T. torquatus Restingas” e “T. torquatus RJ litoral Sul” encontram-se totalmente separados. Os pontos associados a “T. torquatus Abrolhos” aparece segregado dos pontos associados a “T. imbituba”. Há uma nítida segregação dos pontos associados a “T. cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo”; este apresenta uma maior amplitude de variação tanto no eixo PC1 quanto PC2, atingindo os menores valores no eixo do PC1 e os maiores no eixo PC2.

Tabela 23: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo torquatus das amostras do Grupo 2. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	0,3622	0,4486	0,0643	-0,1793	-0,2024	0,3333	-0,5061	0,0983	-0,4619
EOS	0,2463	-0,5360	0,0140	0,1980	0,1946	-0,4574	-0,5521	-0,0861	-0,2309
HH	0,4342	0,2498	0,0639	-0,0450	0,0334	-0,5141	0,5556	-0,0830	-0,4025
HW	0,2781	-0,4658	0,2224	0,2863	0,1157	0,5695	0,3380	0,2092	-0,2801
THL	-0,2414	-0,4190	0,1373	-0,4575	-0,6671	-0,0722	0,0889	-0,0749	-0,2726
AL	-0,1627	-0,1270	-0,7340	-0,3549	0,3710	0,1247	0,0769	0,0450	-0,3627
SL	-0,3104	0,1343	-0,3449	0,7076	-0,3949	-0,0682	0,0177	0,0585	-0,3187
FOL	-0,4261	0,1150	0,3711	0,0559	0,3239	0,1297	-0,0143	-0,6416	-0,3617
FAL	-0,4238	0,0956	0,3575	-0,0740	0,2514	-0,2211	-0,0412	0,7138	-0,2336

Figura 90: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 2. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos dos machos do Grupo 2 (Tabela 24; Figura 91) mostra que o eixo PC1 explica 37,66% da variação, ao passo que o eixo PC2 responde por 18,36% da variação. O PC4 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável SL (0,77).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “T. cf. imbituba”, “T. catalanensis”, “T. imbituba”, “T. torquatus Abrolhos”, “T. cocorobensis Tipo”, “T. torquatus restingas” e “T. torquatus RJ litoral Sul” nos menores valores do eixo PC1; já “T. etheridgei Leste” e “T. etheridgei Tipo” e “cocorobensis Sul” distribuem-se pelos maiores valores.

Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “T. catalanensis”, “T. etheridgei Tipo”, “T. imbituba” e “T. etheridgei Leste”; os menores valores, nos pontos associados a “T. cocorobensis Tipo”, “T. torquatus Abrolhos” e “T. etheridgei Leste”.

Apesar da sobreposição de alguns pontos, nota-se que o conjunto de pontos associados a “T. etheridgei Tipo” segrega-se do conjunto dos pontos de “T. etheridgei Leste”, sendo que “T. etheridgei Tipo” atinge menores valores no eixo PC1 e maiores no eixo PC2, ao passo que “T. etheridgei Leste” atinge os maiores valores no PC1. Os três principais conjuntos de pontos associados a *T. torquatus*, “T. torquatus Tipo”, “T. torquatus Restingas” e “T. torquatus RJ litoral Sul” encontram-se totalmente separados. Os pontos associados a “T. torquatus Abrolhos” aparece segregado dos pontos associados a “T. imbituba”, atingindo menores valores no eixo PC2. É observada uma nítida segregação dos pontos associados a “T. cocorobensis Sul” e “T. cocorobensis Tipo”; este apresenta uma maior amplitude de variação tanto no eixo PC1 quanto PC2, atingindo os menores valores tanto no eixo do PC1 quanto no eixo PC2, ao passo que “T. cocorobensis Sul” atinge maiores valores no eixo PC1.

Tabela 24: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 2. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	0,3881	-0,4360	0,0144	-0,2244	0,0462	-0,0166	-0,1977	0,6258	0,4191
EOS	0,2530	0,5605	-0,1073	0,2691	-0,1275	0,3369	0,4824	0,3593	0,2151
HH	0,4598	-0,2002	0,1011	-0,1405	0,0393	-0,1378	0,4687	-0,5840	0,3706
HW	0,3649	0,4114	0,1088	0,2464	-0,0378	-0,0523	-0,6890	-0,2587	0,2815
THL	-0,2043	0,3761	-0,3151	-0,4215	0,6631	-0,1657	-0,0017	0,0104	0,2695
AL	-0,2704	-0,0523	-0,6210	-0,1490	-0,5876	0,0274	-0,0877	-0,1438	0,3767
SL	-0,2164	-0,2752	-0,2047	0,7683	0,2989	-0,2614	0,0740	0,0259	0,2854
FOL	-0,4148	-0,1156	0,4138	-0,0184	0,1145	0,6528	-0,0608	-0,1354	0,4263
FAL	-0,3273	0,2306	0,5178	-0,0791	-0,3019	-0,5847	0,1303	0,1777	0,2893

Figura 91: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 2. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos das fêmeas do Grupo 3 (Tabela 25; Figura 92) mostra que o eixo PC1 é responsável por 38,02% da variação, ao passo que o eixo PC2 explica 15,75% da variação. O PC7 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável EOS (-0,73).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra que os pontos associados a “T. montanus” se distribuem por toda área do gráfico, atingindo os máximos e mínimos valores ao longo do eixo PC1. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores são alcançados pelos pontos associados a “T. erythrocephalus”, sendo que tanto estes quanto os pontos associados a “T. mucujensis” encontram-se dentro da área dos pontos de “T. montanus”.

O conjunto de pontos atribuídos a “T. erythrocephalus” apresenta grande distribuição ao longo do eixo PC1 e alcança os maiores valores ao longo do eixo PC2. Em “T. mucujensis” observa-se menor dispersão de pontos, sendo atingidos menores valores no eixo PC2 em relação a “T. erythrocephalus”.

Tabela 25: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 3. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	-0,2403	0,2318	0,5089	-0,4977	0,3308	-0,2446	0,0168	-0,1869	-0,4211
EOS	-0,4646	0,1081	-0,2496	0,1218	0,0216	0,0104	-0,7273	0,3021	-0,2731
HH	-0,3830	-0,2778	0,1810	0,3287	0,0944	0,6093	0,3451	-0,0031	-0,3688
HW	-0,2862	-0,4832	-0,1804	0,0136	-0,4537	-0,5439	0,1656	-0,2191	-0,2733
THL	0,3070	-0,3336	-0,2692	-0,5808	0,0021	0,1980	0,0752	0,4850	-0,3234
AL	0,3552	0,2623	0,1938	0,0023	-0,6424	0,2817	-0,2351	-0,2671	-0,3859
SL	-0,0649	0,6275	-0,5346	0,0829	0,0171	-0,0841	0,4598	0,0393	-0,2984
FOL	0,3630	-0,0131	0,3398	0,5033	0,0972	-0,3837	0,0533	0,4905	-0,3149
FAL	0,3761	-0,2234	-0,3196	0,1780	0,5029	-0,0087	-0,2217	-0,5264	-0,3092

Figura 92: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 3. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos dos machos do Grupo 3 (Tabela 26; Figura 93) mostra que o eixo PC1 responde por 38,77% da variação, ao passo que o eixo PC2 é responsável por 21,60% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável EOS (-0,71); o PC4 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável EOS (0,72).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra que os pontos associados a “*T. erythrocephalus*” atingem os maiores valores ao longo do eixo PC1. Os maiores valores ao longo do eixo PC2 são alcançados pelos pontos associados a “*T. mucujensis*” e “*T. montanus*”, e os menores, no ponto associado a “*T. erythrocephalus*”.

Os pontos associados a “*T. montanus*” estão totalmente segregados de “*T. erythrocephalus*” e têm pequena sobreposição com “*T. mucujensis*” ao longo do eixo PC1. Este apresenta maiores valores ao longo do eixo PC1 em relação a “*T. montanus*”, embora com valores menores neste eixo quando comparado a “*T. erythrocephalus*”.

Tabela 26: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 3. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	0,4751	-0,2910	0,0095	-0,0058	0,0469	-0,0564	0,3004	-0,6437	0,4237
EOS	-0,1029	-0,6254	-0,0190	-0,1868	0,4032	0,0794	-0,4072	0,2903	0,3796
HH	0,4797	0,2334	-0,1194	0,0609	0,1270	-0,0502	0,3829	0,6529	0,3256
HW	0,2193	0,5900	0,0431	-0,1938	0,1508	0,4058	-0,5146	-0,1824	0,2808
THL	-0,0398	-0,0827	-0,7142	0,0317	-0,6143	0,0688	-0,1810	0,0294	0,2543
AL	-0,3386	0,2064	0,0049	0,7176	0,1900	-0,3171	-0,1150	-0,0904	0,4120
SL	0,1451	-0,1045	0,6681	0,0644	-0,6112	-0,1037	-0,2239	0,1747	0,2294
FOL	-0,4743	-0,0026	0,1634	-0,0182	-0,0927	0,6485	0,4669	0,0168	0,3172
FAL	-0,3512	0,2475	0,0139	-0,6351	-0,0281	-0,5354	0,1357	-0,0447	0,3224

Figura 93: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 3. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

A PCA dos caracteres morfométricos das fêmeas do Grupo 4 (Tabela 27; Figura 94) mostra que o eixo PC1 é responsável por 38,74% da variação, ao passo que o eixo PC2 responde por 14,61% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável AL (0,82); o PC4 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável THL (0,81).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. torquatus* MG/MT/TO”, “*T. hispidus* Guianas”, “*T. hispidus* Tipo”, “*T. hispidus* BA/PI”, “*T. hispidus* Capivara PI”, “*T. insulanus*”, “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, “*T. oreadicus* Tipo” nos menores valores do eixo PC1; os pontos de “*T. oreadicus* Jalapão”, “*T. hispidus/oreadicus* BA/TO” e “*T. hispidus* CE/MA” encontram-se por outro lado nos valores máximos de PC1. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “*T. hispidus* BA/PI”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. hispidus* CE/MA”, “*T. hispidus/oreadicus* MA/TO” e “*T. torquatus* MG/MT/TO”; os menores valores, nos pontos associados a “*T. hispidus* Guianas”, “*T. hispidus* BA/MG” e “*T. oreadicus* Jalapão”.

Dos três principais conjuntos de pontos associados a *T. hispidus*, “*T. hispidus* Tipo”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. hispidus* Guianas”, há total sobreposição na distribuição dos pontos. Em relação aos três principais conjuntos de pontos associados a *T. oreadicus*, “*T. oreadicus* Tipo”, “*T. oreadicus* Jalapão” e “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, a análise não consegue demonstrar a separação entre os grupos.

Tabela 27: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de fêmeas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 4. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	0,3484	0,5364	-0,0526	0,1971	-0,0611	0,3236	0,4500	-0,1123	0,4750
EOS	0,2067	-0,6734	-0,1581	-0,1309	-0,3151	-0,1981	0,4677	-0,2067	0,2482
HH	0,4224	0,1602	-0,1549	-0,0982	-0,0871	-0,5837	-0,4397	0,2533	0,3956
HW	0,3291	-0,4281	0,0138	-0,0233	0,4862	0,5262	-0,3222	0,0963	0,2852
THL	-0,2418	-0,1774	0,1850	0,8099	0,2457	-0,3017	0,0476	0,0127	0,2571
AL	-0,1317	-0,0372	0,8214	-0,1815	-0,3711	0,0992	-0,1376	0,0272	0,3264
SL	-0,3423	0,0939	0,0701	-0,4906	0,5911	-0,2553	0,3356	0,0812	0,3076
FOL	-0,4324	0,0489	-0,3410	-0,0565	-0,1197	0,0988	-0,3818	-0,6128	0,3818
FAL	-0,4113	-0,0755	-0,3435	0,0315	-0,3022	0,2504	0,0451	0,6987	0,2487

Figura 94: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para as fêmeas das amostras do Grupo 4.

A PCA dos caracteres morfométricos dos machos do Grupo 4 (Tabela 28; Figura 95) mostra que o eixo PC1 explica 45,84% da variação, ao passo que o eixo PC2 responde por 14,61% da variação. O PC3 apresenta *loadings* $\geq 0,70$ para a variável THL (-0,78); o PC7 tem *loadings* $\geq 0,70$ para a variável THL (-0,71).

A contraposição gráfica dos dois primeiros componentes principais mostra concentração dos pontos associados a “*T. oreadicus* Jalapão”, “*T. hispidus* Guianas”, “*T. hispidus* BA/PI”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. insulanus*”, “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, “*T. hispidus/oreadicus* BA/TO”, “*T. oreadicus* Tipo” e “*T. hispidus* Tipo” nos menores valores do eixo PC1; os pontos de “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. torquatus* MG/MT/TO” e “*T. hispidus* Capivara PI” encontram-se nos valores máximos de PC1. Ao longo do eixo PC2, os maiores valores obtidos encontram-se nos pontos associados a “*T. insulanus*”, “*T. hispidus* BA/MG” e “*T. hispidus/oreadicus* MA/TO”; os menores valores, nos pontos associados a “*T. hispidus* Capivara PI”, “*T. oreadicus* Jalapão” e “*T. hispidus/oreadicus* BA/TO”.

Dos três principais conjuntos de pontos associados a *T. hispidus*, “*T. hispidus* Tipo”, “*T. hispidus* BA/MG”, “*T. hispidus* Guianas”, há grande sobreposição na distribuição dos pontos, embora em “*T. hispidus* Guianas” seja possível identificar nele pontos localizados nos menores valores no eixo PC1. Em relação aos três principais conjuntos de pontos associados a *T. oreadicus*, “*T. oreadicus* Tipo”, “*T. oreadicus* Jalapão” e “*T. oreadicus* AP/PA/TO”, observa-se que “*T. oreadicus* Jalapão” apresenta-se segregação parcial em relação a “*T. oreadicus* Tipo”, já que apresenta um maior deslocamento em relação aos valores inferiores do eixo PC1; já “*T. oreadicus* AP/PA/TO” encontra-se totalmente dentro da área de dispersão de pontos tanto de “*T. oreadicus* Jalapão” quanto “*T. oreadicus* Tipo”.

Tabela 28: *Loadings* dos principais eixos de PCA de dados morfométricos para amostras de machos de *Tropidurus* do grupo *torquatus* das amostras do Grupo 4. Destacados em negrito as variáveis com valores em módulo iguais ou superiores a 0,70.

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9
BH	-0,3770	0,1839	0,2062	-0,0515	0,3961	0,6475	-0,1451	-0,0302	0,4253
EOS	-0,2895	-0,3464	-0,3932	0,3197	-0,4490	0,3024	0,4393	0,0089	0,2308
HH	-0,3882	-0,1508	0,2060	-0,1380	0,2667	-0,5797	0,3741	0,2638	0,3851
HW	-0,3842	-0,0193	-0,0792	0,0033	-0,4130	-0,2858	-0,7093	-0,1199	0,2757
THL	0,1126	0,4471	-0,7826	-0,2294	0,1998	-0,1132	0,0384	0,0284	0,2594
AL	0,2346	0,5840	0,2868	0,5575	-0,2217	-0,1347	0,1522	-0,0436	0,3443
SL	0,3141	0,0281	0,2271	-0,6580	-0,4885	0,1657	0,1203	0,1598	0,3317
FOL	0,3963	-0,4189	-0,0064	0,0327	0,2207	-0,0934	-0,0179	-0,6553	0,4234
FAL	0,3904	-0,3255	-0,0884	0,2806	0,1530	0,0668	-0,3216	0,6763	0,2578

Figura 95: Gráfico dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para os machos das amostras do Grupo 4. Abaixo, posição do grupo na filogenia.

V. DISCUSSÃO

Antes de tentar discutir os resultados obtidos deve-se tecer algumas considerações. Apesar de contar com uma ampla cobertura geográfica, um apanhado de genes mitocondriais e nucleares bastante variável e informativo, trata-se de tentar compreender relações entre formas de um grupo complexo, algumas com diferenciação críptica, e portanto sujeitas a erros de identificação e eventuais episódios de hibridização. Além disso as espécies do grupo são de modo geral colonizadores que têm acompanhado com sucesso o homem e, no processo de alteração das paisagens naturais, aparentemente têm se beneficiado.

A detecção de episódios de hibridação por meio das árvores dos genes mitocondriais individuais confirma que pode ter havido pelo menos um caso (Figura 53). Como o comprimento dos ramos é curto, e os suportes no geral baixos, o fato de linhagens diferentes aparecerem agrupadas pode ser artefato de reconstrução, não indicando necessariamente eventos de hibridação. Outro ponto a considerar é que nem todo o material sequenciado pôde ter depois conferida a sua identidade. No caso da Figura 53, os exemplares consistem em amostras de espécies distintas, conferidas e embora não sintópicas, são simpátricas. Note-se também que no trabalho de CONCISTRÉ (2012), a análise dos haplótipos de populações de *T. torquatus* (*sensu* RODRIGUES, 1987) não mostrou evidências de hibridação entre os clados estudados por ela. Deste modo, as evidências diretas de hibridização não são tão abundantes quanto se imaginava a princípio.

Feitas estas ressalvas, todos os resultados até o momento indicam que o gênero *Tropidurus*, tal como definido por FROST *et al.*, (2001b) não é monofilético (Figuras 13 a 17). Os *Tropidurus* do grupo *spinulosus* têm sido consistentemente recuperados não agrupados aos grupos *semitaeniatus* e *torquatus*, um resultado similar ao apresentado por PYRON *et al.*, (2013), que apontou o parafiletismo do gênero em relação a *Eurolophosaurus*, *Strobilurus*, *Uracentrum* e *Plica*. Todas as análises concatenadas recuperaram *Eurolophosaurus* como grupo-irmão do clado grupo *semitaeniatus* + grupo *torquatus* (menos *T. chromatops*), um resultado encontrado também na proposta de PYRON *et al.*, (2013). Devido à ausência de *T. chromatops* (Anexo VI, Figura 1), a monofilia do grupo *torquatus* não pode ser formalmente testada, mas a proposta de FROST *et al.*, (2001b) de que seja basal e integrante do grupo *torquatus* é coerente com os resultados aqui apresentados.

A grande diversidade críptica observada nos *Tropidurus* do grupo *torquatus* é concordante com outros trabalhos que estudaram a evolução da fauna de Squamata da Grande Diagonal Seca da América do Sul; em *Phyllopezus* (GAMBLE *et al.*, 2012; WERNECK *et al.*, 2012), *Bothrops* do grupo *neuwiedii* (MACHADO *et al.*, 2013), *Gymnodactylus* (DOMINGOS *et al.*, 2014), *Tropidurus* do grupo *semitaeniatus* (WERNECK *et al.*, submetido). O reconhecimento de linhagens crípticas pode ser muito dificultado pela estase morfológica, de modo que seu reconhecimento geralmente é revelado por meio de análises genéticas (PFENNINGER & SCHWENK, 2007; BEHEREGARAY & CACCONE, 2007; BICKFORD *et al.*, 2007; DOMINGOS *et al.*, 2014). A utilização em conjunto de dados genéticos com dados morfológicos torna as hipóteses de diversificação baseadas em dados moleculares mais robustas (e.g., BAUER *et al.*, 2011; BURBRINK *et al.*, 2011; SISTROM *et al.*, 2012), uma vez que os dados morfológicos podem ser usados pra testar o posicionamento de indivíduos dentro dos clados recuperados e avaliar a validade destas linhagens (HERBERT *et al.*, 2004; SISTROM *et al.*, 2013, TAN *et al.*, 2010). Deste modo, esta abordagem integrativa pode proporcionar um valioso suporte para delimitar candidatos a espécie, prestando um valioso auxílio para estratégias de gerenciamento de conservação (MORANDO *et al.*, 2003; PADIAL *et al.*, 2010)

Dada a grande diversidade de linhagens, a inclusão dos topótipos foi fundamental para designar quais clados manterão os nomes dos táxons. Neste trabalho foram incluídos os topótipos de *T. erythrocephalus* (Morro do Chapéu, BA), *T. imbituba* (Imbituba, SC, incluindo dois dos parátipos), *T. hispidus* (Salvador, BA), *T. montanus* (Serra do Cipó, MG), *T. mucujensis* (Mucugê, BA), *T. oreadicus* (primeira cachoeira do Rio Urucuia, Buritis, MG) e *T. torquatus* (Lagoa do Paulista, Restinga de Jurubatiba, RJ). Para as demais espécies, foram obtidas amostras sempre próximas da localidade tipo (Anexo I, Mapas 1 a 8).

Das 15 espécies do grupo atualmente reconhecidas, foram analisadas filogeneticamente 14 e destas, seis foram recuperadas como monofiléticas, em todas as análises concatenadas: *T. erythrocephalus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. montanus* e *T. mucujensis* e *T. psammonastes*. As diagnoses e caracteres qualitativos atualmente disponíveis para identificação (RODRIGUES, 1987) discriminam inequivocamente estas formas.

Para todas as demais espécies atualmente reconhecidas, apesar de não monofiléticas, é possível manter o nome e portanto permanecem válidas. É recuperada para cada uma destas espécies um clado contendo topótipos ou material

próximo da localidade tipo. Deste modo, a partir dos caracteres qualitativos discretos, como o padrão de bolsas de ácaros, coloração e algumas contagens, é possível o diagnóstico e reconhecimento das linhagens nominais. E desta forma, justifica-se a manutenção dos nomes para as linhagens-tipo de *T. catalanensis*, *T. cocorobensis*, *T. etheridgei*, *T. imbituba*, *T. itambere*, *T. hispidus*, *T. oreadicus* e *T. torquatus*.

Todas as análises concatenadas recuperam *T. hygomi*, uma espécie arenícola das restingas do norte da BA até SE (Anexo VI, Figura 2), como um clado monofilético e basal entre as espécies do grupo *torquatus* incluídas (Figuras 14 a 17). Observa-se uma marcante estruturação, segregando as amostras sergipanas ao norte e baianas ao sul (Figura 18). Quando se analisa os valores de divergências evolutiva, *T. hygomi* apresenta os maiores valores de divergência interna: 3,13% de divergência para o fragmento gênico 16S e 7,10% de divergência no cyt b (Tabela 9), indicando que estas populações tem acumulado mutações, sugerindo um isolamento genético entre as populações do norte e do sul. Estes altos valores de divergência também sugerem que sob o nome de *T. hygomi* mais de uma espécie possa estar envolvida. PELLEGRINO *et al.*, (2005) sugeriram que em *Gymnodactylus darwinii* a estrutura genética coincidia com os principais rios da área litorânea da Mata Atlântica, propondo um padrão vicariante de diversificação, sendo os rios do litoral os agentes vicariantes. Dado que a região de ocorrência de *T. hygomi* é cortada por vários rios (e.g., Rio Itapicuru, Rio Real), é possível que algum destes tenha atuado como agente vicariante.

As linhagens de *T. psammonastes*, outra espécie psamófila (Anexo VI, Figura 6), são recuperadas como monofiléticas em todas as análises concatenadas (Figuras 14-17 e 19). O grupo-irmão de *T. psammonastes* variou de acordo com o método empregado; nas análises de verossimilhança (MV_{est} e MV_{din}) o grupo-irmão é o clado “oreadicus RO” (Figuras 14 e 17). Nas análises de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}), *T. psammonastes* é recuperado como grupo-irmão do clado das linhagens “itambere Tipo”, “itambere MT”, “aff. itambere” e “oreadicus Chapada dos Guimarães” (Figuras 15 e 16).

Há uma pequena linhagem, aqui nomeada “aff. itambere”, saxícola, das áreas de matas secas do Centro-Oeste, recuperada independente em todas as análises concatenadas (Figuras 14 a 17). Apesar de apenas um indivíduo ter sido incluído nas análises merísticas e morfométricas (Figuras 80 e 88), nota-se especialmente nas análises morfométricas que é uma entidade diferenciada do conjunto de suas linhagens irmãs. Trata-se de uma potencial nova espécie, já que tanto os dados moleculares quanto merísticos/morfométricos apontam que é bastante distinta. A

literatura inclusive já registra esta forma, que WERNECK & COLLI (2006) chamam de *Tropidurus sp.* (ver sua Figura 3-k, página 1989 e compare com o Anexo VI, Figura 4).

São sempre recuperadas em todas as análises duas linhagens de formas saxícolas atribuídas a *T. itambere*, os clados aqui informalmente chamados de “itambere Tipo” e “itambere MT” (Anexo VI, Figuras 3 e 5a-5b). Em nenhuma das análises concatenadas, esses dois clados são recuperados como grupo-irmãos (Figuras 14-17 e 19). Para o gene mitocondrial *cyt b*, a divergência encontrada entre estas duas linhagens foi calculada em 8,8% (Anexo V, Tabela 2). As PCA's, tanto merística (Figuras 80 e 81) quanto morfometricamente (Figuras 88 e 89), discriminam facilmente estas formas. Analisando sua distribuição (Anexo I, Mapa 1), há uma clara disjunção na região do baixo Araguaia entre as populações a leste da região de Alto Araguaia, que compreende a linhagem “itambere Tipo”, e as linhagem a Oeste, que compreendem a linhagem denominada “itambere MT”. Dessa forma, é seguro afirmar que há duas entidades biológicas envolvidas. A primeira, por envolver as formas que compreendem os topótipos de *T. itambere*, deve ficar com o nome. A segunda, que tem sido tratada na literatura ora como *T. itambere* ora como *T. cf. montanus* (como em VITT, 1991) é uma candidata a espécie plena a ser descrita.

O clado denominado “oreadicus Chapada dos Guimarães MT”, outra forma saxícola, é recuperado em todas as análises concatenadas, sempre como grupo-irmão do clado “itambere MT”, sem nenhuma relação com nenhuma outra linhagem de *T. oreadicus* (Figuras 14-17 e 19). A divergência genética encontrada para o o gene *cyt b* foi de 14,2%, comparada com a linhagem “oreadicus Tipo”, e 11,8%, comparada com a linhagem “oreadicus RO” (Anexo V, Tabela 2). Com a outra linhagem de *T. oreadicus* associada a este ramo da filogenia no Grupo 1, os “oreadicus RO”, há completa separação, tanto na PCA dos caracteres merísticos das fêmeas (Figura 80) quanto morfométricos dos machos (Figura 89); quando comparadas as PCAs dos caracteres merísticos dos machos (Figura 81) e morfométricos das fêmeas (Figura 88), observa-se uma pequena sobreposição na distribuição dos pontos. Quanto à distribuição, este clado é conhecido apenas para a região da Chapada dos Guimarães (ver Anexo I, Mapa 1). Esta espécie de pequeno porte (COLLI *et al.*, 1992) também reúne os atributos para ser reconhecida como possível candidata a espécie plena a ser descrita.

As formas de *Tropidurus rondonenses* (Anexo VI, Figuras 7a e 7b), desde o trabalho pioneiro de Paulo Vanzolini na década de 1980 vem sendo reconhecidas como espécies distintas (VANZOLINI, 1986, 1992; VITT, 1993; GAINSBURY & COLLI, 2003); RODRIGUES (1987) também reconheceu que as “as populações de Porto

Velho e dos demais enclaves de formações abertas da Amazônia ao sul do rio Amazonas devem ser provisoriamente atribuídas a esta espécie [*T. oreadicus*]” (p. 190). Ao referir-se às populações encontradas exclusivamente em afloramentos rochosos próximos de Ariquemes e às populações encontradas em outro afloramento, próximo a Santa Cruz da Serra, como táxons distintos, nomeando-as *Tropidurus ariquemes* e *Tropidurus santacruz*, VANZOLINI (1986) introduziu na literatura a informação de que havia pelo menos duas formas distintas, novas para a ciência. Com isso, o problema a ser esclarecido envolve dois aspectos distintos: 1) confirmar se estas formas são mesmo novas; 2) identificar se trata-se de uma ou duas formas novas; VITT (1993), por exemplo, trata cada uma das três populações que ele estudou (Ariquemes, Santa Cruz e Santa Bárbara) como três formas novas e distintas.

Foram sequenciados quatro indivíduos, de dois pontos distintos em RO: dois de Porto Velho, no Norte do estado, e dois do Parque Nacional Serra da Cutia, no Sudoeste; o material referido por VANZOLINI (1986, 1992) e VITT (1993) encontram-se entre estes dois pontos e as áreas mencionadas em GAINSBURY & COLLI (2003) são relativamente próximas da origem do material analisado (Anexo I, Mapa 1).

As amostras sequenciadas são sempre recuperadas juntas em todas as análises concatenadas (Figuras 14-17 e 19), sendo portanto todas parte da mesma linhagem. Nas análises de verossimilhança (MV_{est} e MV_{din}), este clado sempre é recuperado como grupo-irmão do clado “psammonastes”; nas análises de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}), ele é recuperado como basal ao clado que agrupa “psammonastes”, “itambere Tipo”, “aff. itambere”, “itambere MT” e “oreadicus Chapada dos Guimarães MT”. Na estimativa das distâncias genéticas do gene *cyt b* entre as linhagens, a divergência foi de 14,8% em relação à linhagem “oreadicus Tipo” e 11,8% em relação à linhagem “oreadicus Chapada dos Guimarães MT” (Anexo V, Tabela 2).

As PCAs dos caracteres merísticos e morfométricos trataram as populações de RO como três entidades distintas: “*T. oreadicus* RO”, que envolvia as amostras de Porto Velho, PARNA Serra da Cutia, Cachoeira do Jirau, Montenegro e FLONA Jamari; “*T. oreadicus* Ariquemes”, todas as amostras coletadas ao longo da Rodovia BR 364, próximas a Ariquemes, correspondentes a *T. ariquemes* de VANZOLINI (1986); “*T. oreadicus* SC”, todas as formas provenientes de Santa Cruz da Serra, que são as formas chamadas de *T. santacruz* por VANZOLINI (1986). Todas as análises mostraram que há uma grande sobreposição de pontos, indicando que as três formas fazem parte de uma mesma população (Figuras 80-81 e 88-89). O material citado por GAINSBURY & COLLI (2003), não foi examinado aqui e a breve descrição

apresentada, basicamente tamanho (variando de 33,5 a 94,5 mm) é compatível com o material examinado e a localização também torna plausível a possibilidade de tratar-se da mesma forma. Mas só exame posterior pode assegurar a identidade deste material.

As evidências disponíveis, portanto, sugerem que as formas do Estado de RO estudadas são candidatas a espécie plena, e a partir do material analisado, é possível concluir que trata-se de uma única forma.

Uma pequena linhagem de formas saxícolas, aqui denominada clado “cf. *montanus* Caetité/Ibotirama BA” (Anexo VI, Figura 25), é recuperada em todas as análises concatenadas como a mais basal do Grupo 2 (Figuras 14-17 e 20). As PCAs, tanto os caracteres merísticos quanto morfométricos, mostram uma segregação em relação a todas as outras amostras (Figuras 82-83 e 90). Conhecida de apenas dois pontos no interior do Estado da Bahia, Caetité ao Sul e Ibotirama ao norte (Anexo I, Mapa 2), esta linhagem apresenta uma característica morfológica única entre as espécies do grupo *torquatus*, a ausência de bolsas de ácaros no pescoço, tornando-a facilmente diagnosticável de todas as demais. A nova espécie encontra-se já em processo de descrição.

São recuperados dois clados para as formas essencialmente arenícolas associadas a *T. cocorobensis*; uma com distribuição ao redor da localidade-tipo, no norte do Estado da Bahia e sul de Pernambuco, por isto denominada “*cocorobensis* Tipo” e outra no centro-sul da Bahia, nomeada “*cocorobensis* Sul” (Anexo I, Mapa 2; Anexo VI, Figuras 8 e 9). Nas análises concatenadas, as análises de verossimilhança (MV_{est} e MV_{din}), não recuperam os dois clados como irmãos, sendo a linhagem “*cocorobensis* Sul” basal ao clado que agrupa “*cocorobensis* Tipo”, “*torquatus* Tipo”, “*torquatus* RJ litoral Sul”, “*imbituba*”, “*catalanensis*”, “*torquatus* Restingas”, “*etheridgei* Tipo” e “*etheridgei* Leste” (Figuras 14 e 17); as análises de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}), no entanto, recuperam-nas como grupos-irmãos, basais aos demais clados do Grupo 2 (Figuras 15 e 16). Quando se observam as distâncias evolutivas, a divergência para o *cyt b* nestas duas linhagens atinge 10,3% (Anexo V, Tabela 2)

As PCA's dos caracteres merísticos mostram uma parcial, mas nítida, segregação (Figuras 82 e 83), sendo que os caracteres morfométricos discriminam facilmente os dois grupos (Figuras 90 e 91). A disjunção geográfica entre estas populações (Anexo I, Mapa 2) e a natureza psamófila destas formas (RODRIGUES, 1988, 2003; RIBEIRO *et al.*, 2012; CARVALHO, 2013) as tornam muito suscetíveis à eventos vicariantes e como observa RODRIGUES (2003): “a fidelidade à areia é de tal

ordem que não há contato gênico entre estas populações(...)[sendo] possível que algumas delas venham a ser consideradas espécies distintas”(p. 209). As evidências aqui reunidas confirmam este diagnóstico de forma a habilitar a linhagem “cocorobensis Sul” a espécie-candidata a ser descrita.

Foram recuperadas duas linhagens de formas atribuídas a *T. etheridgei*, os clados aqui designados de “etheridgei Tipo” (Anexo VI, Figuras 21 e 23) e “etheridgei Leste” (Anexo VI, Figuras 24). A primeira foi descrita por CEI (1982) como saxícola, mas possui várias populações arenícolas (VITT, 1991) e a segunda é conhecida como arenícola dos cerrados arenosos (TEIXEIRA JR., 2010). Em todas das análises concatenadas, esses dois clados são recuperados como irmãos, sendo o clado destas linhagens grupo-irmão dos clados “catalanensis”/“torquatus Restingas” (Figuras 14-17 e 20). Entre estas duas linhagens há uma divergência de 7,10% para o marcador cyt b (Anexo V, Tabela 2).

As PCA's mostram na análise dos caracteres merísticos uma segregação, parcial quanto às fêmeas, mas total nos machos (Figuras 82 e 83); nos caracteres morfométricos, também é possível discriminar os dois conjuntos (Figuras 90 e 91). Analisando sua distribuição (Anexo I, Mapa 2), observa-se uma clara disjunção Oeste/Leste, onde os registros para a espécie vão desde a região do Chaco, avançando pelo Pantanal e Sul do Mato Grosso até Goiás e depois reaparecem para o noroeste de Minas Gerais/sudoeste da Bahia (RODRIGUES, 1987; TEIXEIRA JR. 2010; CARVALHO, 2013). A linhagem “etheridgei Leste”, pelo conjunto das evidências reunidas aqui, torna-se mais uma potencial candidata a espécie plena.

As populações ocidentais da região dos vales secos bolivianos de Cochabamba e Toro Toro (Anexo VI, Figura 22), apesar de coletadas, não puderam entrar nas análises. Vivendo a mais de 2.700 m de altitude, em um ambiente quente e muito semelhante à áreas de Caatinga, são saxícolas e ecologicamente tão diversas das populações que ocupam altitudes menores mais a leste, que merecem uma investigação posterior. Por hora, sem análise no seu papel contexto da evolução do grupo, podem ser alocadas em *T. etheridgei*.

Os resultados aqui apresentados permitem identificar dentro do que até muito recentemente se tratava por *Tropidurus torquatus* (*sensu* RODRIGUES, 1987) pelo menos seis linhagens distintas: “catalanensis”, “torquatus Restingas”, “imbituba”, “torquatus RJ litoral Sul” e “torquatus Tipo” no Grupo 2 e “torquatus MG/MT/TO” no Grupo 4 (Figuras 14 a 17).

As relações recuperadas em todas as análises concatenadas mostram um complexo arranjo entre estas formas: a linhagem “catalanensis” é irmã da linhagem “torquatus Restingas”, e estas por sua vez formam um clado que é irmão das linhagens de *T. etheridgei*; a linhagem “imbituba”, por sua vez, é sempre recuperada como irmã da linhagem “torquatus RJ litoral Sul” e ambas por sua vez tem a linhagem “torquatus Tipo” como seu grupo-irmão. Com exceção de “catalanensis”, cuja distribuição avança bastante pelo região Central do Brasil, atingindo até o Estado do Tocantins, todas as outras formas distribuem-se pela face oriental das regiões Sul, Sudeste e parte do Nordeste, coincidindo em grande parte com a área do Domínio da Mata Atlântica na sua parte Centro-Sul, do sul da Bahia até o Rio Grande do Sul (Anexo I, Mapa 3).

O clado “catalanensis” reúne lagartos saxícolas recuperados em todas as análises concatenadas como grupo-irmão da linhagem “torquatus Restingas” (Figuras 14-17 e 20-24; Anexo VI, Figuras 15 a 18), embora com suporte baixo (*bootstrap*=51%). A divergência genética encontrada no *cyt b* entre a linhagem “catalanensis” e seu grupo-irmão “torquatus Restingas” foi de 6% (Anexo V, Tabela 2). Nas PCA's, comparando as duas linhagens irmãs, verifica-se uma total segregação quanto aos caracteres merísticos (Figuras 82 e 83), embora haja bastante sobreposição de pontos ao analisar os caracteres morfométricos (Figuras 90 e 91).

O clado “catalanensis” contém as linhagens do Brasil Central e do Sul que correspondem à linhagem das populações sulinas de *T. torquatus* descritas por GUDYNAS & SKUK (1983) como *T. catalanensis*. Este nome foi sinonimizado a *T. torquatus* por RODRIGUES (1987), mas analisando as populações sulinas desta espécie, CEI (1993) concluiu que deveriam ser aceitas como um táxon válido, que ele sugeriu como subespécie de *T. torquatus*, designada desse modo como *T. torquatus catalanensis*.

Recentemente, ao analisar este material, KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) propuseram a revalidação de *T. catalanensis* Gudynas & Skuk, 1983 como espécie plena. Neste trabalho, eles analisaram amostras de *T. torquatus* (sensu RODRIGUES, 1987) do sul do país, costa leste brasileira e dos cerrados do Centro-Oeste. A partir dos resultados encontrados, estes autores reconheceram sob o nome *T. torquatus* cinco grupos: duas formas no sul, sendo uma a que foi revalidada como *T. catalanensis* e outra nova, por eles designada *T. imbituba*; e sob *T. torquatus*, mais três formas, sendo que uma ocorre no litoral dos Estados da BA, ES e RJ, outra na região serrana do RJ e a terceira nos cerrados do Brasil Central.

Segundo KUNZ & BORGES-MARTINS (2013), *T. catalanensis* é diagnosticável de *T. imbituba* e *T. torquatus* pela coloração amarelada do queixo e garganta, sendo que também apresenta em relação a *T. imbituba* uma contagem de escamas dorsais ligeiramente maior. Ainda segundo os autores, *T. catalanensis* teria um padrão de distribuição associado aos vales dos rios, sendo o limite norte de distribuição seria o sul dos estados de MS e SP.

Estes autores identificaram cinco grupos distintos sob o nome de *Tropidurus torquatus* (sensu RODRIGUES, 1987); todos os seus cinco grupos, com exceção parcial do grupo “Cerrados”, podem ser associados, com modificações, a clados do Grupo 2 aqui apresentados. Como uma parte do material estudado por KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) pode ser aqui analisado, é possível interpretar suas conclusões à luz dos resultados obtidos no presente trabalho.

Deste modo, seu grupo “catalanensis” é mesmo uma linhagem independente, e parte do material utilizado na redescrição de *T. catalanensis* foi incluído tanto nas análises moleculares quanto morfológicas (amostras de Alegrete, Aratiba e São Francisco de Assis, no RS e amostras de Campos Novos, Celso Ramos e Ipuçu, SC; Figura 24; Anexo II, Material analisado). Ele corresponde ao clado “catalanensis” e deste modo toda esta linhagem passa a ter como nome disponível *T. catalanensis* Gudynas & Skuk, 1983. Ao inserir o material do grupo “catalanensis” de KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) no conjunto de dados aqui reunidos, verifica-se que *T. catalanensis* apresenta uma distribuição muito maior que a apresentada por estes autores, mostrando que a espécie chega de fato muito mais ao norte e leste. A amostra mais setentrional de *T. catalanensis* sequenciada é proveniente de Lageado (TO), cerca de 1.400 km ao norte do ponto mais setentrional apresentado por KUNZ & BORGES-MARTINS (2013); o ponto mais ao leste entre as amostras analisadas aqui vieram do Município do Rio de Janeiro (RJ) (Anexo I; Mapa 3).

As amostras de *Tropidurus* do interior do Estado de São Paulo examinadas por estes autores (Araçatuba, Nova Niponia, Castilho, Itajobi, Pereira Barreto, Santa Fé do Sul, São José do Rio Preto, São Simão e Taubaté) foram consideradas pertencentes não ao grupo “catalanensis”, mas ao grupo “Cerrado” de *T. torquatus*. Entretanto, todas as amostras de *Tropidurus* do interior de SP sequenciadas (Bragança Paulista, Capivari, Piracicaba, Osasco e São Simão; Anexo II) mostram inequivocamente que estas fazem parte do clado “catalanensis” (Figura 24). O material proveniente do Município do Rio de Janeiro foi considerado por KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) como parte do grupo litorâneo de *T. torquatus*, mas amostras da Barra da Tijuca

sequeenciadas também são recuperadas como parte do clado “catalanensis” (Figura 24; Anexo VI, Figura 17).

Um dos caracteres diagnósticos apontados para *T. catalanensis*, a cor amarelada do queixo e da garganta não foi observado nas amostras dessa espécie de Arinos e Buritis, noroeste de MG (Anexo VI, Figura 16). Deste modo, a atual definição e diagnose de *T. catalanensis* claramente não contemplam a variação existente na espécie e torna-se necessário posteriormente definir melhor a espécie, redescrevendo-a.

A linhagem irmã de “catalanensis”, o clado “torquatus Restingas”, é recuperado em todas as análises como monofilético e grupo-irmão de *T. catalanensis* (Figuras 14-17 e 25). É uma linhagem essencialmente arenícola, conhecida das restingas do sul da BA e com uma população disjunta na REBIO Mata Escura, no nordeste de MG (Anexo I; Mapa 3; Anexo VI, Figuras 19 e 20). As PCAs dos caracteres merísticos e morfométricos separam totalmente os três clados arenícolas de *T. torquatus* da faixa oriental brasileira: o clado “torquatus Restingas”; o clado “torquatus RJ litoral Sul” e o clado “torquatus Tipo” (Figuras 82-83 e 90-91). As evidências disponíveis, moleculares e morfológicas, indicam que o clado “torquatus Restingas” é uma candidata a espécie e sem nome disponível.

O clado “torquatus Tipo” inclui os topótipos de *T. torquatus* (Wied, 1820) da Lagoa do Paulista, litoral do RJ (Anexo VI, Figura 10), e é sempre recuperado como basal e grupo-irmão do clado “torquatus RJ litoral Sul” + “imbituba” (Figuras 20 e 26). O clado recuperado agrupa amostras que se distribuem pelo litoral norte fluminense até o litoral sul capixaba, avançando a oeste até o PARNA Caparaó e a região de Petrópolis (RJ), abrangendo um gradiente altitudinal que vai do nível do mar até mais de 2.000 m (Anexo I; Mapa 3). As distâncias genéticas encontradas no cyt b entre a linhagem “torquatus Tipo” e suas linhagens irmãs, “imbituba” e “torquatus RJ litoral Sul” foram 5,5% e 6,2%, respectivamente (Anexo V, Tabela 2). As PCA’s de caracteres merísticos e morfométricos, como visto acima, segregam os clados sem sobreposição de pontos, embora o N amostral pequeno para esta linhagem não permita uma interpretação inequívoca (Figuras 82-83 e 90-91).

A incorporação dos topótipos à análise garante a esta linhagem o nome utilizado por WIED (1820); deste modo, a interpretação de toda a imensa literatura disponível sobre os mais variados aspectos da evolução, história natural e biogeografia de *T. torquatus* necessita ser revista. Nas filogenias disponíveis na literatura (FROST *et al.*, 2001b; PYRON *et al.*, 2013), *T. torquatus* e *T. hispidus*

aparecem como grupos-irmãos, sendo o clado mais derivado dentro do grupo *torquatus*. Dada a multiplicidade de linhagens de *T. hispidus* e *T. torquatus* detectadas nas análises aqui apresentadas, é bastante provável que a posição de *T. torquatus* no trabalho de FROST *et al.*, (2001)b seja resultado da incorporação na análise de algum indivíduo da linhagem com o padrão de bolsas Tipo A (*sensu* RODRIGUES, 1987; o padrão Tipo A consiste em duas bolsas de ácaros rasas no pescoço, duas ou três bolsas rasas na região da axila e uma bolsa rasa na virilha) do Grupo 4, de fato relacionada ao grande complexo de *T. hispidus*, mas sem relação com as demais linhagens associadas com a linhagem dos *T. torquatus* da localidade-tipo. Do mesmo modo, a interpretação da distribuição da espécie, até então considerada a mais amplamente distribuída do gênero (CARVALHO, 2013), necessita ser revista, dadas às implicações imediatas para a conservação.

A linhagem do clado “torquatus RJ litoral Sul” é sempre recuperada, em todas as análises, como grupo-irmã do clado “imbituba” (Figuras 14-17, 20 e 28). Trata-se de uma forma arenícola, que ocupa a região litorânea e restingas, cujas amostras se distribuem de Arraial do Cabo (RJ) até Bertioga (SP) (Anexo I; Mapa 3). A divergência genética encontrada no cyt b entre a linhagem “torquatus RJ litoral Sul” e sua linhagem irmã “imbituba” foi 5,8% (Anexo V, Tabela 2). As PCA’s de caracteres merísticos e morfométricos, como ressaltado anteriormente, separam os clados sem sobreposição de pontos, embora seja importante ressaltar o N amostral pequeno para esta linhagem (Tabela 12; Figuras 82-83 e 90-91). As evidências disponíveis, moleculares e morfológicas indicam que o clado “torquatus RJ litoral Sul” pode ser uma candidata a espécie.

Parte do material analisado por KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) e utilizado por eles para caracterizar o que chamaram grupo “costa Leste brasileira” (amostras de Arraial do Cabo e Maricá, sendo a primeira incluída nestas análises; Anexo II) fazem parte deste clado. As outras amostras consideradas por eles pertencentes a este grupo (Ilhéus na BA; Vila Velha no ES; Macaé, Comendador Levy Gasparian e Rio de Janeiro no RJ), não puderam ser analisados, mas pela distribuição das amostras é muito provável que pertençam a outros dos clados aqui detectados.

As amostras sequenciadas do Município de Rio de Janeiro (MTR 33350-52) sempre são recuperadas como parte do clado “catalanensis”, como dito acima, e não do clado “torquatus RJ litoral Sul”, como seria o esperado. Tanto ao norte (Restinga de Jacarepiá) quanto ao sul (Restinga da Marambaia) da cidade do Rio de Janeiro, a única forma encontrada foi a “torquatus RJ litoral Sul”. CONCISTRÉ (2012) em um

estudo de filogeografia destas populações de *T. torquatus* não encontrou indícios de compartilhamento de haplótipos entre *T. catalanensis* e as linhagens do litoral fluminense, indicando que talvez elas não sejam sintópicas ou que estas linhagens possuam algum mecanismo de isolamento reprodutivo.

RADDI (1822) descreveu *Agama brasiliensis*, dos arredores do Município do Rio de Janeiro; sobre a descrição da cor desta forma o autor coloca:

“Questa specie di Agamica è nella sua parte superiore più o meno marmorizzata di grigio-scuro e nero , sovente ancora d'un color quasi verdastro sopra un fondo bianco” [Em uma tradução livre: “Esta espécie de Agama é na sua maior parte superior [mais] ou menos em mármore cinza-escuro e preto, muitas vezes ainda de uma cor esverdeada quase sobre um fundo branco”] (p.59-60)

Ao longo da sua descrição, RADDI (1822) não faz referência ao queixo e peito amarelado típico e diagnóstico dos *T. catalanensis*, e sua descrição concorda mais com as formas encontradas no entorno (Anexo VI; ver a Figura 11, um exemplar adulto da Ilha da Madeira, Município de Itaguaí). É possível então que o nome *brasiliensis* de Raddi esteja disponível para o clado “torquatus RJ litoral Sul”.

O clado “imbituba” sempre é recuperado como grupo-irmão do clado “torquatus RJ litoral Sul” em todas as análises concatenadas (Figuras 14-17, 20 e 27). É um grupo de formas saxícolas, que ocupa a região litorânea desde Barrolândia (BA), distribuindo-se no sentido sul pela área litorânea para o sul da BA, litoral do ES e pelo vale do Rio Doce atinge o leste de MG, com pontos esparsos em SP e SC (Anexo I; Mapa 3; Anexo VI, Figuras 12-14).

A PCA de caracteres merísticos das linhagens costeiras associadas ao clado “imbituba”, “torquatus Tipo”, “torquatus RJ litoral Sul” e o conjunto de amostras de do Arquipélago de Abrolhos, denominado “torquatus Abrolhos” mostra que os caracteres merísticos de “torquatus Tipo” e “torquatus RJ litoral Sul” apresentam uma discreta segregação em relação a “imbituba”, ao passo os pontos associados às amostras de “torquatus Abrolhos” apresentam grande sobreposição de pontos com “imbituba”; a PCA dos caracteres morfométricos, também mostra uma pequena sobreposição dos pontos associados a “torquatus Tipo” e “torquatus RJ litoral Sul”, mas nítida segregação em relação a “torquatus Abrolhos”.

O clado “imbituba”, segundo análises moleculares e morfológicas, apresenta-se como uma possível espécie candidata- e de fato, esta linhagem acabou por ser descrita a partir de amostras proveniente de SC por KUNZ & BORGES-MARTINS

(2013). Esta linhagem foi formalmente designada *T. imbituba*, sendo descrita como micro-endêmica, restrita ao costão rochoso da Praia da Vila, Imbituba (SC).

A espécie é estritamente saxícola e como a população litorânea mais próxima era a espécie de restinga litoral sul fluminense, os autores aventaram a hipótese mais simples que seria admitir que o ancestral fosse uma linhagem saxícola interiorana ou mesmo *T. catalanensis*. O posicionamento de *T. imbituba*, que nas análises concatenadas é recuperada como integrante de uma grande linhagem de formas saxícolas que se distribuem por uma grande faixa oriental pelos estados da BA, ES, MG e SP, mostrou um quadro totalmente distinto do status e distribuição do grupo.

Esta linhagem, longe de ser micro-endêmica, tem uma ampla distribuição e tem sido consistentemente recuperada, em todas as análises, como irmã de “torquatus litoral RJ Sul”, que é das restingas arenosas (Figuras 14-17, 20 e 27). O posicionamento dos parátipos de *T. imbituba* na árvore inseridos entre as populações do litoral capixaba (Figura 27), distantes mais de 1.200 km e a distribuição extremamente pontual da população catarinense (Anexo I, Mapa 3), pode ser explicada de forma mais parcimoniosa como transporte humano não intencional de alguns indivíduos que conseguiram colonizar com sucesso o costão rochoso da Vila da Praia em Imbituba (SC).

Do mesmo modo que em *T. catalanensis*, o reconhecimento de uma distribuição muito maior e de uma maior variação morfológica implica em que a atual definição e diagnose de *T. imbituba* claramente não contemplam a variação existente na espécie. É portanto necessário posteriormente definir melhor a espécie, redescrevendo-a.

Quanto à validade do nome *imbituba*, existe a possibilidade de que as populações do Arquipélago de Abrolhos (BA), que são saxícolas (ROCHA *et al*, 2002), façam parte desta mesma linhagem. As amostras de Mucuri (BA) incluídas neste trabalho distam apenas 70 km de Abrolhos (Anexo I; Mapa 3). As populações de *Tropidurus torquatus* do Arquipélago de Abrolhos foram descritas por Gray em 1845 como *Taraguira darwinii* (GRAY, 1845 *apud* RODRIGUES 1987).

As PCA's dos caracteres merísticos mostram uma grande sobreposição na área de distribuição dos pontos associados a “imbituba” e “torquatus Abrolhos”; quando se observam as PCA's dos caracteres morfométricos, não se observa uma sobreposição de pontos associados a estas populações. A divergência na análise morfométrica entre estas populações pode em princípio ser explicada pela dinâmica

dos processos evolutivos insulares, responsáveis por modificações de forma e tamanho em tempo relativamente curto (ver por exemplo, revisão em LOMOLINO, 2005). No estudo filogeográfico das populações de *T. torquatus* do litoral sul fluminense, CONCISTRÉ (2012) não encontrou nenhuma evidência que a população insular da Ilha Grande fosse geneticamente distinta das populações continentais.

Deste modo, parece mais parcimoniosa a suposição que as populações saxícolas de Abrolhos sejam parte da população saxícola do sul da Bahia. A inclusão de material genético de Abrolhos torna-se portanto fundamental para estabelecer a identidade desta população e caso as populações de Abrolhos sejam parte desta mesma linhagem, o nome *darwinii* deve ser aplicado a esta linhagem.

As espécies do Grupo 3 são cada uma delas recuperadas como monofiléticas e com alto suporte de *bootstrap*: *T. montanus* (*bootstrap*=93%), *T. erythrocephalus* (*bootstrap*=100%) e *T. mucujensis* (*bootstrap*=100%) (Figuras 14-17, 21 e 30; Anexo VI, Figuras 26 a 28). A distribuição desta linhagem, estritamente dentro da porção Centro-Sul da Cadeia do Espinhaço (Anexo I, Mapa 4), sugere que o grupo se originou na parte sul do Espinhaço e a partir de lá foi se diversificando. Estas espécies endêmicas da região do Espinhaço possivelmente evoluíram em estreita associação com os campos rupestres (CARVALHO *et al.*, 2013).

O Grupo 4 (Figura 22) é o mais complexo e diversificado dentre o material analisado; o comprimento dos ramos muito curtos obtidos nas análises de verossimilhança indicam uma divergência genética pequena entre os ramos deste grande clado (Figuras 14 e 17). Ele agrega todas as formas atualmente reconhecidas de *T. hispidus*, *T. insulanus*, *T. oreadicus* (exceto as populações de *T. oreadicus* de MT e RO) e as populações de *T. torquatus* dos Cerrados, uma parte delas já referida acima como o grupo “Cerrado” de KUNZ & BORGES-MARTINS (2013). Em função da pequena diferenciação morfológica entre *T. hispidus*, *T. insulanus* e *T. oreadicus*, que diferem basicamente na disposição das bolsas de acarianos, RODRIGUES (1984, 1987) já sugeria uma relação de parentesco entre estas espécies.

As filogenias disponíveis (FROST *et al.*, 2001b; PYRON *et al.*, 2013) mostram *T. oreadicus* como grupo-irmão de *T. insulanus*, não sendo diretamente relacionados a *T. hispidus*, que nas suas análises é recuperado como grupo-irmão de *T. torquatus*. Como dito acima, esta topologia pode ser resultado da inclusão ou alguma linhagem de *T. torquatus* dos Cerrados, relacionados de fato a *T. hispidus*, ou algum material antigo, ainda do tempo que *T. hispidus* e *T. torquatus* eram sinônimos.

Dentro deste grupo, apenas *T. insulanus* (Anexo VI, Figura 48) é recuperada como monofilética (Figuras 14-17, 22 e 40) e com alto suporte (*bootstrap*=100%). *T. insulanus* é uma forma saxícola, cuja distribuição alcança os arredores da Serra do Cachimbo (PA) e mais cinco localidades entre Vila Rica (MT) e Itaituba (PA) (RODRIGUES, 1987; ÁVILA-PIRES, 1995; CARVALHO, 2013; Anexo I, Mapa 6).

As populações de *T. torquatus* dos Cerrados compreendem um heterogêneo conjunto de formas que RODRIGUES (1987) já sugeria serem diferenciadas das formas litorâneas, referindo-se a elas como “populações interioranas de *Tropidurus torquatus*”. KUNZ & BORGES-MARTINS (2013) também reconheceram em suas análises que as amostras do Cerrado, parte do seu grupo “Cerrados” eram morfologicamente diferenciadas das populações sulinas e costeiras de *T. torquatus*.

Foram detectados pelo menos duas grandes linhagens de *Tropidurus* com padrão de bolsa de ácaros do Tipo A (*sensu* RODRIGUES, 1987) no Domínio dos Cerrados: uma, do Grupo 2, já discutida acima, os *T. catalanensis*; a outra, do Grupo 4, que pode envolver uma ou mesmo duas linhagens distintas (Anexo I, Mapas 3 e 5).

As formas de *T. torquatus* dos Cerrados incluídas neste trabalho (Anexo VI, Figuras 50 e 51), foram recuperadas em MV_{est} em um único clado, “torquatus MG/MT/TO” (Figuras 14 e 31). As outras análises concatenadas mostraram este clado dividido em duas linhagens: “torquatus MG/MT/TO 1 Oeste” e “torquatus MG/MT/TO 2 Leste” na MP_{est} (Figura 15); “torquatus MG/MT” e “torquatus MT”, na MP_{din} (Figura 16); “torquatus MG/MT/TO 1 Oeste” e “torquatus MG/MT/TO 2 Leste” na MV_{din} (Figura 17). A análise concatenada MV_{est} não encontrou suporte para o clado (Figura 22) mas dentro dele verifica-se que há alguns sub-clados com alto suporte, necessitando mais evidência para definir melhor o grupo. É necessária uma análise mais ampla, para esclarecer o relacionamento destas linhagens, confirmando se estas populações de *T. torquatus* dos Cerrados do Grupo 4 constituem uma única linhagem ou se envolvem mais de uma entidade.

As PCA's dos caracteres merísticos mostraram uma total segregação dos pontos associados a “*T. torquatus* MG/MT/TO” em relação a todos os outros clados do Grupo 4 (Figuras 86 e 87). O agrupamento dos pontos em um conjunto bem definido, totalmente à parte de todos dos demais sugere uma unidade de identidade, indicando que é plausível supor que se trate de uma única forma. Entretanto, as PCA's dos caracteres morfométricos não discriminam estes pontos no conjunto da amostra. Uma análise morfológica mais refinada, envolvendo a análise de mais material, torna-se igualmente necessária para caracterizar este grupo.

Há três grandes linhagens de *T. hispidus* que merecem uma atenção especial: clado “hispidus Tipo” (*bootstrap*=77% na MV_{est} ; Figura 38; Anexo VI, Figuras 36 e 37); clado “hispidus BA/MG” (*bootstrap*=24% na MV_{est} ; Figura 37; Anexo VI, Figuras 29 a 31); e clado “hispidus Guianas” (*bootstrap*=81% na MV_{est} ; Figura 39; Anexo VI, Figuras 34 e 35) (Figura 22). São formas de ampla distribuição geográfica, ocupando boa parte da região nordeste brasileira e avançando pelas enclaves de áreas abertas da Amazônia até a região do escudo das Guianas (Anexo I, Mapa 7). Cada um destes clados saxícolas é recuperado em todas as análises, variando no entanto as relações de parentesco entre eles.

A MV_{est} recupera os clados “hispidus Tipo” e “hispidus BA/MG” como irmãos e “hispidus Guianas” não aparece relacionado a eles (Figura 14); a MP_{est} recupera o clado “hispidus Guianas” como basal ao “hispidus Tipo”, que por sua vez é basal ao clado “hispidus BA/MG” + “torquatus MG/MT/TO 2 Leste (Figura 15); a MP_{din} também recupera os clados “hispidus Tipo” e “hispidus BA/MG” como grupos-irmãos e “hispidus Guianas” não aparece relacionado a eles (Figura 16); MV_{din} recupera o clado “hispidus Tipo” basal ao ramo dos clados “hispidus Guianas” e “hispidus BA/MG”, que aparecem como grupos-irmãos (Figura 17). As distâncias genéticas encontradas no *cyt b* entre a linhagem “hispidus Tipo”, “hispidus BA/MG” e “hispidus Guianas” foram: “hispidus Tipo” x “hispidus BA/MG” (5,2%); “hispidus Tipo” x “hispidus Guianas” (4,9%); “hispidus Guianas” “hispidus BA/MG” (4,9%) (Anexo V, Tabela 2).

As PCA's dos caracteres merísticos mostram grande sobreposição dos pontos associados a “*T. hispidus Tipo*” e “*T. hispidus BA/MG*”, mas “*T. hispidus Guianas*” apresenta-se parcialmente segregado de “*T. hispidus BA/MG*” e totalmente de “*T. hispidus Tipo*” (Figuras 86-87). Nas PCA's dos caracteres morfométricos, a sobreposição de pontos não permite separar os três clados (Figuras 94-95). As populações de *T. hispidus* de RR foram alvo de um estudo de VITT *et al.*, (1997), que procurava compreender a relação entre divergência eco-morfológica e divergência genética. Seus resultados sugeriram que as primeiras ocorreriam mais rapidamente que as segundas, de modo que estas populações são morfologicamente muito plásticas, um resultado coerente com o que foi encontrado aqui.

As relações entre estes clados ainda não são claras e as evidências reunidas ainda não permitem dizer se os clados “hispidus Tipo”, “hispidus BA/MG” e “hispidus Guianas” compartilham a mesma história evolutiva ou se já apresentam histórias independentes. Destas três entretanto, a linhagem “hispidus Guianas” parece ser a candidata mais provável a uma entidade evolutiva independente.

A região da costa nordestina, por questões histórico-geográficas, recebeu a visita de vários naturalistas do século XIX, que descreveram espécies de *Tropidurus* com padrão de bolsa Tipo E (*sensu* RODRIGUES, 1987; o padrão Tipo E consiste em uma bolsa de ácaros profunda no pescoço, uma bolsa profunda na região da axila e ausência de bolsa na virilha) desta região: *Agama hispida* e *Agama nigrocollaris* para Bahia (=Salvador) por Spix em 1825; *Taraguira smith* para Pernambuco por Gray em 1845; *Proctotretus toelsneri* por Berthold em 1859 e *Trachycyclus superciliaris* por Günther em 1861 para a região da Bahia (=Salvador); *Tropidurus macrolepis* para a região de Maruim (SE), por Reinhardt e Luetken em 1861 (*apud* RODRIGUES, 1987). Na sua revisão RODRIGUES (1987) colocou todos estes nomes na sinonímia de *T. hispidus* (Spix, 1825) e todas as amostras sequenciadas desta região são recuperadas com o clado que contém os topótipos de *T. hispidus*. Entretanto, dada a multiplicidade de linhagens detectadas, é possível que alguma linhagem ainda não detectada possa corresponder a alguma das formas descritas.

Os *Tropidurus oreadicus*, tal como definidos por RODRIGUES (1987), compreendem um conjunto de formas que se distribuem amplamente pelo Domínio dos Cerrados (CARVALHO, 2013), e foram recuperados em 10 clados diferentes. Foram recuperados dois clados no Grupo 2: “oreadicus Chapada dos Guimarães MT” e “oreadicus RO”; e oito clados no Grupo 4: “oreadicus Tipo” (Anexo VI, Figura 49), “oreadicus Jalapão TO” (Anexo VI, Figuras 44-46), “oreadicus PA/TO”, “hispidus/oreadicus MA/PI” (Anexo VI, Figura 38), “oreadicus MA/TO”, “oreadicus AP/PA/TO” (Anexo VI, Figura 43), “oreadicus Xambioá TO” (Anexo VI, Figura 47) e “oreadicus Goiatins TO”. O Grupo 2 já foi discutido acima, e a discussão a seguir se concentrará nos principais clados de “oreadicus” do no Grupo 4, uma vez que o baixo suporte do grupo como um todo não permite aprofundar a discussão todos os pequenos clados recuperados.

O clado “oreadicus Tipo” é recuperado é um pequeno apanhado de formas que se distribuem pelo noroeste de MG, GO e chega até o sul do MT (Figura 40; Anexo I, Mapa 6). Ele foi recuperado como grupo-irmão do clado “insulanus” na análise concatenada de MV_{est} (Figura); nas demais análises concatenadas (MP_{est}, MV_{din} e MP_{din}) o grupo-irmão de “oreadicus Tipo” é a linhagem de “torquatus MG/MT/TO 1 Oeste” e o clado “insulanus” aparece como basal aos dois. As divergências genéticas encontradas no cyt b entre a linhagem “oreadicus Tipo” e outras linhagens de “oreadicus” foram: com “oreadicus Jalapão TO”(7,2%); com “oreadicus AP/PA/TO”(6,8%); com “oreadicus MA/TO” (7,4%); com “oreadicus PA/TO” (7,1%);

com “oreadicus Goiatins TO”(7,9%); com “oreadicus Xambioá” (6,5%) (Anexo V, Tabela 2).

As PCA's dos caracteres merísticos mostram total segregação dos pontos associados a “oreadicus Tipo” dos pontos associados a “torquatus MG/MT/TO 1 Oeste”, mas parcial sobreposição em relação a “insulanus” (Figuras 86-87). As PCA's dos caracteres morfométricos não permitem discriminar estes conjuntos de pontos (Figuras 94-95).

Como este clado é o que contém os topótipos da espécie, o nome *T. oreadicus* Rodrigues, 1987 deve ser limitado a esta forma. As demais formas de “oreadicus” do Grupo 4 não tem nome disponível.

Foi recuperado um pequeno clado de formas associadas a *T. oreadicus* da região Norte, denominado “oreadicus AP/PA/TO”(Figura 35; Anexo I, Mapa 8). Nas análises concatenadas de verossimilhança (MV_{est} , com *bootstrap*=70%; MV_{din}) o clado “hispidus BA/PI” é recuperado como seu grupo-irmão; na MP_{est} , é recuperado o mesmo arranjo, mas com algumas amostras do MA e PE no clado dos “hispidus BA/PI”, em um novo arranjo “hispidus BA/MA/PE/PI”; na MP_{din} , o grupo-irmão é o terminal “hispidus PI” (THIS_CGO_PI_CGERV0004).

As PCA's dos caracteres merísticos separam os pontos associados a “oreadicus AP/PA/TO” dos pontos associados a seu grupo-irmão, “hispidus BA/PI”; as PCA's dos caracteres morfométricos, não conseguem discriminar estes conjuntos de pontos. Também neste caso faz-se necessária uma análise morfológica mais refinada, envolvendo a análise de mais material, para caracterizar este grupo.

Há dois pequenos clados de formas associadas aos cerrados arenosos do noroeste de MG, sudoeste da BA e TO, os clados arenícolas “hispidus/oreadicus BA/TO” (Figura 33) e “oreadicus Jalapão TO” (Figura 32) (Anexo I, Mapa 5). O primeiro inclui indivíduos que podem ser identificados como *T. hispidus* (*sensu* RODRIGUES, 1987), outros que podem ser identificados como *T. oreadicus* (*sensu* RODRIGUES, 1987) e por fim alguns a respeito dos quais é difícil discernir se é melhor nomeá-los como *T. hispidus* ou *T. oreadicus*. O segundo é morfologicamente mais homogêneo, embora também bastante variável quanto ao aspecto geral (e.g., tamanho, coloração).

As análises concatenadas de verossimilhança (MV_{est} e MV_{din}) não recuperam estes dois clados como irmãos, mostrando-os basais em relação ao restante do Grupo 4, exceto em relação ao clado “torquatus MG/MT/TO” (Figuras 14, 17 e 22).

Entretanto, as análises concatenadas de parcimônia (MP_{est} e MP_{din}), mostram os dois clados como grupo-irmãos (Figuras 15 e 16). A distância genética no cyt b entre estas duas linhagens é de 2,9% (Anexo V, Tabela 2).

As PCA's dos caracteres merísticos e morfométricos não permitem separar claramente estes clados arenícolas entre si nem dos outros principais clados de "oreadicus" ("oreadicus Tipo" e "oreadicus AP/PA/TO"). A compreensão do status e das relações entre estes clados arenícolas e os demais clados do Grupo 4 vai demandar mais análises, sendo no momento, com os dados disponíveis, impossível tecer maiores considerações.

Conforme observa RODRIGUES (1987), a existência de espécies, ou populações de uma espécie, limitadas a regiões arenosas em um grupo majoritariamente saxícola é um fato zoogeográfico e ecológico importante. De acordo com a taxonomia corrente, a ocupação dos ambientes arenosos por espécies de *Tropidurus* do grupo *torquatus* ocorreu em *T. cocorobensis* (RODRIGUES, 1987), *T. hygomi* (VANZOLINI & GOMES, 1979; RODRIGUES, 1987) e *T. psammonastes* (RODRIGUES *et al.*, 1988) que são arenícolas obrigatórias; outras espécies como *T. etheridgei*, *T. hispidus*, *T. torquatus* e *T. oreadicus* possuem populações saxícolas e arenícolas.

Pela filogenia apresentada por FROST *et al.*, (2001b), as linhagens arenícolas de *Tropidurus* do grupo *torquatus* aparecem independentemente pelo menos três vezes, nos ramos 9 (*T. hygomi*), 10 (*T. psammonastes*) e 19 (*T. cocorobensis*) e as espécies com populações saxícolas/arenícolas aparecem independentemente nos ramos 19 (*T. etheridgei*) e 14 (*T. oreadicus*); a linhagem dos *T. torquatus*/*T. hispidus*, que possuem populações saxícolas e arenícolas são irmãs (ramo 12).

A evolução do hábito arenícola implica em uma série de modificações e adaptações anatômicas, fisiológicas e comportamentais (KOLSDORF *et al.*, 2004; KOLSDORF & NAVAS, 2007; GRIZANTE *et al.*, 2010). Assim sendo, um ponto muito importante a ser esclarecido na evolução do grupo é como se teria dado a evolução das linhagens arenícolas.

Os dados desta tese reconhecem uma diversidade dentro do grupo *torquatus* muito maior do que se admitia e as linhagens de espécies arenícolas são recuperadas aqui em dez linhagens, sendo que pelo o hábito arenícola aparece independentemente pelo menos quatro vezes: 1) no clado "hygomi" (= *T. hygomi*); 2) no clado "psammonastes" (= *T. psammonastes*); 3) no Grupo 2, nas linhagens "cocorobensis

Sul”, “cocorobensis Tipo”, “etheridgei Tipo”, “etheridgei Leste”, “torquatus Restingas”, “torquatus Tipo” e “torquatus RJ litoral Sul”; 4) pelo menos duas vezes no Grupo 4 nas linhagens arenícolas de “hispidus/oreadicus BA/TO” e “oreadicus Jalapão TO”.

Esta dicotomia pedra/areia parece basal no grupo *torquatus* pois ela está presente nos clados basais onde pelo menos duas formas tipicamente arenícolas (*Tropidurus hygomi* e *T. psammonastes*), surgem como clado irmão de um grupo de exemplares com bolsa na virilha que vinha sendo sem consistência identificado ora como *T. itambere* ora como *T. montanus* mas que utiliza afloramentos rochosos relictuais nos Cerrados do Brasil Central. Entretanto, a presença de exemplares de Rondônia como grupo-irmão de *T. psammonastes* pode indicar que o hábito arenícola surgiu independentemente em *T. hygomi* e *T. psammonastes* ou era condição basal da linhagem e *T. oreadicus* retornou ao hábito saxícola.

No Grupo 2 verificou-se a maior riqueza de clados arenícolas. O Grupo 3, seu grupo-irmão é essencialmente saxícola e a linhagem mais basal, o clado “cf. *montanus* Caetité/Ibotirama BA” também é uma forma saxícola. A partir daí, todo o grupo é composto por formas arenícolas, à exceção de *T. catalanensis* e *T. imbituba*, que em ramos diferentes reverterem à condição saxícola. Entre os clados arenícolas, “torquatus Tipo” exhibe uma grande plasticidade ecológica, uma vez que agrupa exemplares coletados à beira-mar nas restingas de Carapebus e Praia das Neves até mais de 2.000 no Parque Nacional do Caparaó.

No Grupo 4 são recuperadas duas linhagens arenícolas, os clados “hispidus/oreadicus BA/TO” e “oreadicus Jalapão TO”. Esses dois clados arenícolas do Brasil Central ocorrem nos cerrados arenosos do sudoeste da BA e vale dos grandes rios do TO (Araguaia, Tocantins, Peixe) e região do Jalapão (TO). Os dados aqui apresentados sugerem uma evolução independente deste clado para a ocupação destas áreas, uma vez que o grupo irmão e os ramos mais basais do clado são todos saxícolas. Entretanto, as relações entre si e os demais clados ainda não é clara e o esclarecimento desta questão demanda mais estudos.

Como considerações finais, é pertinente destacar que os resultados aqui apresentados reforçam a importância da sistemática e taxonomia em um país megadiverso. Os *Tropidurus* do grupo *torquatus*, pela abundância e distribuição ao longo de todo Brasil, tornaram-os seguramente o componente da fauna de lagartos nacionais mais estudados nos mais variados aspectos, desde a citogenética até a biogeografia.

Uma grande quantidade de trabalhos, utilizando a taxonomia e hipóteses filogenéticas disponíveis, têm interpretado as variações nos aspectos ecológicos de espécies consideradas de ampla distribuição como *Tropidurus torquatus* da região costeira (*sensu* RODRIGUES, 1987), como plasticidade comportamental ou variação geográfica (e.g., KIEFER et al., 2007,2008; SIQUEIRA et al., 2010). Entretanto, conforme os resultados aqui apresentados, nessa área foram detectadas quatro diferentes linhagens, sendo que três delas são candidatas a espécie (Anexo I, Mapa 3). Os padrões ecológicos encontrados nas populações litorâneas, desta forma, têm de ser interpretados contemplando a diversidade real de espécies.

Do mesmo modo, os padrões biogeográficos inferidos a partir do atual conhecimento taxonômico (e.g., CARVALHO et al., 2013; CARVALHO, 2013; KUNZ & BORGES-MARTINS, 2013) têm de ser revistos de modo a contemplar a diversidade e complexidade do grupo. Espécies consideradas de ampla distribuição se mostraram complexos de espécies e todas elas com distribuições muito mais modestas.

Além das implicações teóricas a respeito dos processos de distribuição e diversificação da herpetofauna neotropical, há a questão das políticas de conservação dos *Tropidurus*, que têm de ser revistas. Como observado em *Tropidurus semitaenias* (WERNECK et al., submetido) e *Ischnocnema guentheri* (GEHARA et al., 2013), espécies de ampla distribuição podem na verdade compreender linhagens microendêmicas.

O caso mais emblemático é *Tropidurus torquatus* (Wied, 1820); a espécie considerada de mais ampla distribuição do gênero (CARVALHO, 2013), é recuperada como uma espécie restrita a uma curta faixa do litoral norte fluminense-sul capixaba, com populações nas regiões serranas dos Estados do ES, MG e RJ. *Tropidurus oreadicus* Rodrigues, 1987 é outro exemplo; a ampla cobertura geográfica deste trabalho recuperou apenas poucas populações no noroeste de MG, GO e sudeste de MT (Anexo 1, Mapa 6). Dentro do Grupo 4, várias linhagens foram recuperadas em poucas populações; as linhagens de “aff. itambere”, “oreadicus Goiatins” e “oreadicus Xambioá” só foram recuperadas em uma única localidade cada (Anexo I, Mapas 1, 6 e 8, respectivamente).

No outro extremo, *Tropidurus imbituba* Kunz & Borges-Martins, 2013 foi descrito como Criticamente Ameaçado, em virtude de à época julgar-se que a sua distribuição restringia-se ao local de coleta. A Portaria 444 de 17 de Dezembro de 2014 do Diário Oficial da União seguindo esta instrução, já incluiu esta espécie na “Lista Nacional Oficial de Espécies da Fauna Ameaçadas de Extinção” (DIÁRIO OFICIAL DA

UNIÃO no.245, 2014, página 123). Dentro do contexto deste trabalho, o panorama que se apresenta é bem distinto. Inserindo amostras dos parátipos de *T. imbituba* na matriz de dados moleculares, verificou-se que este faz parte de uma grande linhagem que vem do litoral da BA e ES, chegando em MG e SP (Anexo 1, Mapa 6).

Os resultados deste trabalho também são fruto dos trabalhos pioneiros de VANZOLINI & GOMES (1979) e RODRIGUES (1987, 1988, 2003) e espera-se que ele faça juz aos antecessores, fornecendo subsídios para a uma maior compreensão da diversidade, distribuição e por fim, conservação deste grupo.

VI. CONCLUSÕES

Como conclusões ao trabalho aqui apresentado tem-se:

1) o gênero *Tropidurus*, tal como atualmente definido, não é monofilético; na redefinição do gênero, existe a opção de manter os grupos *torquatus* e *semitaeniatus* juntos como *Tropidurus*, ou no caso de decidir-se separá-los, restringir *Tropidurus* para as formas do grupo *torquatus* e revalidar *Tapinurus* para as formas do grupo *semitaeniatus*. O grupo *spinulosus* é recuperado como um gênero à parte, e, aparentemente, sem nome disponível;

2) as formas do grupo *torquatus* aqui estudadas, que compreendem 14 das 15 espécies atualmente reconhecidas, formam um grupo monofilética;

3) das 14 espécies do grupo *torquatus* incluídas no presente trabalho, seis foram recuperadas como monofiléticas, em todas as análises concatenadas: *T. erythrocephalus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. montanus* e *T. mucujensis* e *T. psammonastes*;

4) das oito espécies restantes, seis foram recuperadas como para- ou polifiléticas: *T. cocorobensis*, *T. etheridgei*, *T. itambere*, *T. hispidus*, *T. oreadicus*, *T. torquatus*;

5) *T. catalanensis* e *T. imbituba* foram recuperadas como clados , com ampla distribuição geográfica e variação morfológica que exige que estas formas sejam redescritas;

6) *T. imbituba*, descrito como microendêmico e listado como Criticamente Ameaçado, faz parte de uma linhagem amplamente distribuída pela região oriental brasileira, estando portanto, fora de categoria de ameaça;

7) pelo menos 10 linhagens podem ser indicadas como candidatas a espécie, uma vez que pelas análises combinadas de reconstrução filogenética empregadas são recuperadas como clados bem definidos que as análises de PCA's discriminam merística e/ou morfometricamente;

8) linhagens candidatas a espécie no Grupo 1: “aff. itambere”, “itambere MT”, “oreadicus Chapada dos Guimarães MT”; “oreadicus RO”;

9) linhagens candidatas a espécie no Grupo 2: “cf. montanus Caetité/Ibotirama BA”, já em fase de descrição; “cocorobensis Sul”; “etheridgei Leste”, “torquatus Restingas”, “torquatus RJ litoral Sul”;

10) linhagens candidatos a espécie no Grupo 4: dois pequenos clados arenícolos “hispidus/oreadicus BA/TO” e “oreadicus Jalapão TO”, a respeito dos quais as relações ainda não estão claras e podem vir a ser a mesma forma;

11) as linhagens de formas arenícolas são recuperadas aqui em dez linhagens, sendo que o hábito arenícola aparece independentemente pelo menos quatro vezes: 1) no clado “hygomi” (= *T. hygomi*); 2) no clado “psammonastes” (= *T. psammonastes*); 3) no Grupo 2, nas linhagens “cocorobensis Sul”, “cocorobensis Tipo”, “etheridgei Tipo”, “etheridgei Leste”, “torquatus Restingas”, “torquatus Tipo” e “torquatus RJ litoral Sul”; 4) pelo menos duas vezes no Grupo 4 nas linhagens arenícolas de “hispidus/oreadicus BA/TO” e “oreadicus Jalapão TO”;

12) dentro de *T. hispidus*, *T. oreadicus* e *T. torquatus*, espécies consideradas de ampla distribuição geográfica e pelos critérios de conservação, alvo de mínima preocupação, foram recuperadas várias linhagens micro-endêmicas que demandam atenção especial no que diz respeito a políticas de conservação.

VII. RESUMO

Os lagartos *Tropidurus* do grupo *torquatus* compreendem um conjunto de 15 espécies atualmente reconhecidas que se distribuem pelas áreas abertas da América do Sul cis Andina. Estas espécies apresentam populações saxícolas e arenícolas, cuja relação não era bem compreendida. O objetivo deste trabalho foi, utilizando cinco marcadores moleculares, dois mitocondriais e três nucleares, propor uma hipótese filogenética robusta. Foi feita a mais extensa cobertura geográfica da distribuição conhecida do grupo, o que proporcionou incluir o maior número possível de populações arenícolas e saxícolas. Juntamente com as análises moleculares, foram feitas contagens de caracteres merísticos e medidas morfométricas de modo a delimitar as linhagens encontradas. Foram incluídas nas análises moleculares 14 das 15 espécies, e para os dados morfológicos, todas as espécies contaram com pelo menos um indivíduo. O gênero *Tropidurus* não foi recuperado como monofilético. Embora a monofilia do grupo *torquatus* não tenha sido formalmente testada pela ausência de *T. chromatops* nas análises moleculares, todas as demais espécies foram recuperadas em um grupo monofilético. Das 14 espécies estudadas, seis provaram-se monofiléticas: *T. erythrocephalus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. montanus* e *T. mucujensis* e *T. psammonastes*; as demais mostraram-se para- ou polifiléticas. Foram testadas hipóteses de relacionamento entre as populações arenícolas e saxícolas, mostrando que o quadro é bastante complexo, com uma grande plasticidade eco-morfológica, indicada pelos múltiplos eventos de ocupação das áreas arenosas ao longo da América do Sul Cis-Andina. Houve pelo menos 10 eventos independentes de linhagens arenícolas, mostrando uma grande plasticidade eco-morfológica. Entre os clados recuperados, há pelo menos 10 linhagens que podem ser candidatas a espécie, obtidas de clados bem resolvidos e morfologicamente distintos. Os resultados mostraram que muitas das espécies consideradas de ampla distribuição e por isto consideradas de menor preocupação para políticas de conservação, como *T. hispidus*, *T. oreadicus* e *T. torquatus*, na verdade são constituídas por muitas linhagens microendêmicas que devem receber atenção especial quanto a sua conservação.

VIII. ABSTRACT

As presently understood, the *Tropidurus torquatus* group comprises 15 lizard species distributed in open areas throughout Cis-Andean South America. These species include saxicolous and psammophilous populations with uncertain phylogenetic relationships. The aim of this work was to provide a comprehensive phylogenetic analysis of the group based on two mitochondrial and three nuclear markers. Our sample represents the most extensive geographic coverage of the group's distribution, including the largest possible number of saxicolous and psammophilous populations. Our approach also involve a parallel morphological analysis based on meristic and morphometric data in order to delimit the taxonomic lineages. The phylogenetic analyses included 14 of the 15 species known to date, whereas morphological data were obtained from at least one individual of all nominal species. Our results recovered the genus *Tropidurus* as non-monophyletic; of the 14 species included in the molecular analyses *T. erythrocephalus*, *T. hygomi*, *T. insulanus*, *T. montanus*, *T. mucujensis* and *T. psammonastes* are monophyletic, whereas all other traditional taxa are apparently para/polyphyletic aggregates. The relationships between psammophilous and saxicolous populations are complex indicating least 10 independent origins of sandy lineages, as well as at least 10 candidate species without available names. Many of the traditional species previously considered widespread, and therefore of minor concern from conservation perspectives, (e.g., *T. hispidus*, *T. oreadicus* and *T. torquatus*) in fact consist of many microendemic lineages that should receive special conservational attention.

IX. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARO, R.C.; LAGUNA, M.M.; MACHADO, T. & SILVA, M.J.J. Filogeografia e os mecanismos geradores da biodiversidade da herpetofauna neotropical. In: *Introdução à filogeografia aplicada à conservação biológica de vertebrados neotropicais*. Dantas, G.P.M. (org.). Curitiba: Editora CRV:57-89.

ARRUDA, J.L.S. 2009. *Ecologia de Tropidurus torquatus (Squamata: Tropiduridae) no bioma pampa, extremo sul do Brasil*. Dissertação (Mestrado). Programa de Pós Graduação em Biodiversidade Animal da Universidade Federal de Santa Maria (UFMS,RS). Santa Maria, RS

ÁVILA, R.W., CUNHA-AVELLAR, L.R. & FERREIRA, V.L. 2008. Diet and reproduction of the lizard *Tropidurus etheridgei* in rocky areas of Central Brazil. *Herpetological Review* 39(4): 430-433.

AVILA-PIRES, T.C.S. 1995. *Lizards of Brazilian Amazonia* (Reptilia: Squamata). Zoologische Verhandelingen, 299: 3-706.

BAUER, A.M.; PARHAM, J.F.; BROWN, R.M.; STUART, B.L.; GRISMER, L.; PAPENFUSS, T.J.; BÖHME, W.; SAVAGE, J.M.; CARRANZA, S. & GRISMER, J.L. 2011. Availability of new Bayesian-delimited gecko names and the importance of character-based species descriptions. *Proc. Roy. Soc. B: Biol. Sci.* 278, 490–492.

BEHEREGARAY, L.B. & CACCONE, A. 2007. Cryptic biodiversity in a changing world. *J. Biol.* 6: 9.

BENOZZATI, M.L. & RODRIGUES, M.T. 2003. Mitochondrial restriction-site characterization of a Brazilian group of eyelid-less gymnophthalmid lizards. *Journal of Herpetology* 37(1): 161–168.

BERGMANN, P.J. & RUSSEL, A. 2007. Systematics and biogeography of the widespread Neotropical gekkonid genus *Thecadactylus* (Squamata), with the description of a new cryptic species. *Zoological Journal of the Linnean Society* 149: 339–370.

BÉRNILS, R. S. E H. C. COSTA (org.). 2012. *Répteis brasileiros: Lista de espécies*. Versão 2012.2. Disponível em <http://www.sbherpetologia.org.br/>. Sociedade Brasileira de Herpetologia. Acessada em 18/01/2013.

BICKFORD, D. LOHMAN, D.J. SODHI, N.S.; NG, P.K.; MEIER, R. WINKER, K; INGRAM, K.K. & DAS, I. 2007. cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends Ecol. Evol.* 22: 148-155.

BOULANGER, G.A. 1884. Synopsis of the families of existing Lacertilia. *Ann. Mag. Nat. Hist.* 14:117-122.

BOULANGER, G.A. 1885. *Catalogue of the lizards in the British Museum (Natural History)*. Second Edition. V. 2. London. Trustees of the British Museum xiii + 497 p., 24 pl.

BRANDT, R. & NAVAS, C.A. 2011. Life-History evolution on Tropidurinae lizards: influence of lineage, body size and climate. *PLoS ONE* 6(5): e20040.doi:10.1371/journal.pone.0020040

BRANDT, R. & NAVAS, C.A. 2013. Body sizes variation across climatic gradients and sexual size dimorphism in Tropidurinae lizards. *Journal of Zoology* 290: 192-198.

BRIENEN, R.P. 2010. *Albert Eckhout: Visões do paraíso selvagem: Obra completa*. Rio de Janeiro: Editora Capivara, 432 p.

BURBRINK, F.T.; YAO, H.; INGRASCI, M.; BRYSON JR., R.W.; GUIHER, T.J. & RUANE, S. 2011. Speciation at the Mogollon Rim in the Arizona Mountain

Kingsnake(*Lampropeltis pyromelana*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 60, 445–454.

BURT, C.E. & BURT, M.D. 1930. The South-American lizards in the collection of the United States National Museum. *Pro. U.S. Nat. Mus.* 78 (6): 52

BURT, C.M. & BURT, M.D. 1931. South American lizards in the collection of the American Museum of Natural History. *Bull. Amer. Mus. Nat. Hist.* 61:227-395.

CAMP, C. 1923. Classification of the lizards. *Bulletin American Museu Natural History* 48: 289-481.

CARRANZA, S. & ARNOLD, E.N. 2006. Systematics, biogeography, and evolution of *Hemidactylus* geckos (Reptilia: Gekkonidae) elucidated using mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38: 531–545.

CAROLINO, D.M. 2010. *Diferenciação geográfica de Ecpleopus gaudichaudii (Squamata, Gymnophthalmidae) baseada em caracteres morfológicos e moleculares, e considerações sobre a descrição osteológica*. Dissertação (Mestrado). Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

CARVALHO, A.L.G. 2013. On the distribution and conservation of the South American lizard genus *Tropidurus* Wied-Neuwied, 1825 (Squamata: Tropiduridae). *Zootaxa* 3640 (1): 42-56.

CARVALHO, A.L.G.; BRITTO, M.R. & FERNANDES, D.S. 2013. Biogeography of the lizard genus *Tropidurus* Wied-Neuwied, 1825 (Squamata: Tropiduridae): distribution, endemism, and area relationships in South America. *PLoS One* 8(3): e59736. doi:10.1371/journal.pone.0059736

CASSIMIRO, J. 2010. *Sistemática e filogenia do gênero Gymnodactylus Spix, 1825 (Squamata: Gekkota: Phyllodactylidae) como base em caracteres morfológicos e*

moleculares. Tese (Doutorado). Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

CASEY, R.J.; BOUCHER, Y.; DAHLLÖF, I.; HOLMSTRÖM, C.; DOOLITTLE, W.F. & KJELLEBERG, S. 2007. Use of 16S rRNA and *rpoB* genes as molecular markers for microbial ecology studies. *Applied and Environmental Microbiology* 73(1): 278-288.

CASTOE, T.A.; DOAN, T.M. & PARKINSON, C.L. 2004. Data partitions and complex models in Bayesian analysis: The phylogeny of gymnophthalmid lizards. *Syst. Biol.* 53(3):448–469.

CASTRESANA, J. 2001. Cytochrome b phylogeny and the taxonomy of the great apes and mammals. *Molecular Biology and Evolution* 18: 465-471.

CEI, J.M. 1982. A new species of *Tropidurus* (Sauria, Iguanidae) from the arid Chacoan and western regions of Argentina. *Occasional Papers of Museum of Natural History*, The University of Kansas 97: 1–10.

CEI, J.M. 1993. *Reptiles del noroeste, nordeste y este de la Argentina. Herpetofauna de las selvas subtropicales, Puna y Pampa*. Museo Regionale di Scienze Naturali. Torino. 949 p.

COLLI, G.R.; ARAÚJO, A.F.B.; SILVEIRA, R. & ROMA, F. 1992. Niche partitioning and morphology of two syntopic *Tropidurus* (Sauria: Tropiduridae) in Mato Grosso, Brazil. *Journal of Herpetology* 26(1): 66-69.

CONCISTRÉ, M. 2012. *Filogeografia de Tropidurus torquatus Wied, 1820 (Squamata: Tropiduridae) com base em marcadores mitocondriais e nucleares*. Dissertação (Mestrado) - Departamento de Zoologia, Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo.

CONRAD, J.L. 2008. Phylogeny and systematics of Squamata (Reptilia) based on morphology. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 310: 1-182.

CRUZ, F.B. 1997. Reproductive activity in *Tropidurus etheridgei* in the semiarid Chaco of Salta, Argentina. *Journal of Herpetology* 31(3): 444-450.

D'ANGIOLELLA, A. B.; GAMBLE, T.; AVILA-PIRES, T.C.S.; COLLI, G.R.; NOONAN, B.P. & VITT, L.J. 2011. *Anolis chrysolepis* Duméril and Bibron, 1837 (Squamata: Iguanidae), revisited: Molecular phylogeny and taxonomy of the *Anolis chrysolepis* species group. *Bulletin of the Museum of Comparative Zoology* 160(2):35-63.

DARRIBA, D.; TABOADA, G.L.; DOALLO, R. & POSADA, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9(8): 772.

DOAN, T.M. 2003. A new phylogenetic classification for the gymnophthalmid genera *Cercosaura*, *Pantodactylus* and *Prionodactylus* (Reptilia: Squamata). *Zoological Journal of the Linnean Society* 137: 101–115.

DOAN, T.M. & CASTOE, T.A. 2005. Phylogenetic taxonomy of the Cercosaurini (Squamata: Gymnophthalmidae), with new genera for species of *Neusticurus* and *Proctoporus*. *Zoological Journal of the Linnean Society* 143: 405–416.

DOMINGOS, F.M.C.B.; BOSQUE, R.J.; CASSIMIRO, J.; COLLI, G.R.; RODRIGUES, M.T.; SANTOS, M.G.; BEHEREGARAY, L.B. 2014. Out of the deep: Cryptic speciation in a Neotropical gecko (Squamata, Phyllodactylidae) revealed by species delimitation methods. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 80: 113–124.

DONOSO-BARROS, R. 1968. The lizards of Venezuela (Checklist and key). *Carib. J. Sci.* 8: 105-122.

DIÁRIO OFICIAL DA UNIÃO, Nº 245, 18 de Dezembro de 2014. Portaria No. 444, de 17 Dezembro de 2014. Acesso 18/01/2015: http://www.icmbio.gov.br/portal/images/stories/biodiversidade/fauna-brasileira/avaliacao-do-risco/PORTARIA_N%C2%BA_444_DE_17_DE_DEZEMBRO_DE_2014.pdf

DUNN, G. & EVERITT, B.S. 1982. *An introduction to mathematical taxonomy*. Dover Publications, Inc. Mineola: New York.

ESTES, R. & PREGILL, G. (Eds). 1988. *Phylogenetic relationships of lizard families. Essays commemorating Charles L. Camp*. Stanford, California: Stanford University Press. 631 p.

ESTES, R., DE QUEIROZ, K. & GAUTHIER, J. 1988. Phylogenetic relationships within Squamata. In: Estes, R. & Pregill, G. (eds). *Phylogenetic relationships of the lizard families*. Stanford, California, p. 119-281.

ETHERIDGE, R. 1970. A review of the South America iguanid genus *Plica*. *Bull. Br. Mus. Nat. Hist. (Zool.)* 19:237-256

ETHERIDGE, R. & DE QUEIROZ, K. 1988. A phylogeny of Iguanidae. In: Estes, R. & Pregill, G. (eds). *Phylogenetic relationships of the lizard families*. Stanford, California, p.283-367.

FARIA, R.G. & ARAUJO, A.F.B. 2004. Syntopy of two *Tropidurus* lizards species (Squamata: Tropiduridae) in a rocky cerrado habitat in Central Brazil. *Brazilian Journal of Biology* 64(4): 775-786.

FELSENSTEIN, J. 1985. Confidende limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39(4): 783-791.

FROST, D.R. 1992. Phylogenetic analysis and taxonomy of the *Tropidurus* group of lizards (Iguania: Tropiduridae). *American Museum Novitates*. 3033: 1–68.

FROST, D.R. & ETHERIDGE, R.E. 1989. A phylogenetic analysis and taxonomy of iguanian lizards (Reptilia: Squamata). *Univ. Kansas Mus. Nat. Hist. Misc. Publ.* 81: 1-65.

FROST, D.R.; ETHERIDGE, R.; JANIES, D. & TITUS, T.A. 2001a. Total evidence, sequence alignment, evolution of polychrotid lizards, and a reclassification of the Iguania (Squamata: Iguania). *Am. Mus. Novitates* 3343: 1:38.

FROST, D.R.; RODRIGUES, M.T.; GRANT, T. & TYTUS, T.A. 2001b. Phylogenetics of the lizard genus *Tropidurus* (Squamata: Tropiduridae: Tropidurinae): direct optimization, descriptive efficiency, and sensitivity analysis of congruence between molecular data and morphology. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 21(3): 352–371.

FRY, B.G.; VIDAL, N.; NORMAN, J.A.; VONK, F.J.; SCHEIB, H.; RAMJAM, S.F.R.; KURUPPU, S.; FUNG, K.; HEDGES, S.B.; RICHARDSON, M.K.; HODGSON, W.C.; IGNJATOVIC, V.; SUMMERHAYES, R. & KOCHVA, E. 2006. Earl evolution of the venom system in lizards and snakes. *Nature* 439: 584-588.

FOUQUET, A.; LOEBMANN, D.; CASTROVIEJO-FISHER, S.; PADIAL, J.M.; ORRICO, V.G.D.; LYRA, M.L.; ROBERTO, I.J.; KOK, P.J.R.; HADDAD, C.F.B. & RODRIGUES, M.T. 2012. From Amazonia to the Atlantic forest: Molecular phylogeny of Phyzelaphryninae frogs reveals unexpected diversity and a striking biogeographic pattern emphasizing conservation challenges. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 65: 547–561.

GAINSBURY, A.M. & COLLI, G.R. 2003. Lizard assemblages from natural enclaves in Southwestern Amazonia: the role of stochastic extinctions and isolation. *Biotropica* 35(4): 503-519.

GAMBLE, T.; BAUER, A.M.; GREENBAUM, E. & JACKMAN, T.R. 2008a. Evidence for Gondwanan vicariance in an ancient clade of gecko lizards. *Journal of Biogeography* 35: 88–104.

GAMBLE, T.; BAUER, A.M.; GREENBAUM, E. & JACKMAN, T.R. 2008b. Out of the blue: a novel, trans-Atlantic clade of geckos (Gekkota, Squamata). *Zoologica Scripta* 2008: 1-12.

GAMBLE, T.; BAUER, A.M.; COLLI, G.R.; GREENBAUM, E.; JACKMAN, T.R.; VITT, L.J. & SIMONS, A.M. 2011a. Coming to America: multiple origins of New World geckos. *Journal of Evolutionary Biology* 24: 231-244.

GAMBLE, T.; DAZA, J.D.; COLLI, G.R.; VITT, L.J. & BAUER, A.M. 2011b. A new genus of miniaturized and pug-nosed gecko from South America (Sphaerodactylidae: Gekkota). *Zoological Journal of the Linnean Society* 163: 1244–1266.

GAMBLE, T.; COLLI, G.R.; RODRIGUES, M.T.; WERNECK, F.P.; SIMONS, A.M. 2012. Phylogeny and cryptic diversity in geckos (*Phyllopezus*; Phyllodactylidae; Gekkota) from South America open biomes. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 62: 943-953.

GAUTHIER, J.; ESTES, R. & DE QUEIROZ, K. 1988. A phylogenetic analysis of Lepidosauromorpha. In: *Phylogenetic relationships of lizard families. Essays commemorating Charles L. Camp*. Estes, R. & Pregill, G. (Eds). Stanford, California: Stanford University Press:15-98.

GAUTHIER, J.A.; KEARNEY, M.; MAISANO, J.A.; RIEPPEL, O. & BEHLKE, A.D.B. 2012. Assembling the squamate Tree of Life: Perspectives from the phenotype and fossil record. *Bulletin of the Peabody Museum of Natural History* 53(1):3-308.

GEHARA, M.; CANEDO, C. HADDAD, C.F.B. & VENCES, M. 2013. From widespread to microendemic: molecular and acoustic analyses show that *Ischnocnema guentheri* (Amphibia: Brachycephalidae) is endemic to Rio de Janeiro, Brazil. *Conservation Genetics* 14: 973-982.

- GEURGAS, S.R. & RODRIGUES, M. T. 2008. The genus *Coleodactylus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revisited: A molecular phylogenetic perspective. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 49: 92–101.
- GEURGAS, S.R. & RODRIGUES, M. T. 2010. The hidden diversity of *Coleodactylus amazonicus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revealed by molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54: 583–593.
- GIUGLIANO, L.G.; COLLEVATTI, R.G. & COLLI, G.R. 2007. Molecular dating and phylogenetic relationships among Teiidae (Squamata) inferred by molecular and morphological data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45: 168–179.
- GLOR, R.E.; VITT, L.J. & LARSON, A. 2001. A molecular phylogenetic analysis of diversification in Amazonian *Anolis* lizards. *Molecular Ecology* 10: 2661–2668.
- GOICOECHEA, N.; PADIAL, J.M.; CHAPARRO, J.C.; CASTROVEIJO-FISHER, S. & DE LA RIVA, I. 2012. Molecular phylogenetics, species diversity, and biogeography of the Andean lizards of the genus *Proctoporus* (Squamata: Gymnophthalmidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 65: 953–964.
- GOLOBOFF, P.A.; FARRIS, J.S.; & NIXON, K.C., 2008. TNT, a free program for phylogenetic analysis. *Cladistics* 24: 774–786.
- GOMIDES, S.; RIBEIRO, L.B.; PETERS, V.M. & SOUZA, B.M. 2013. Feeding and reproduction ecology of the lizard *Tropidurus torquatus* (Squamata: Tropiduridae) in a rock outcrop area in southeastern Brazil. *Revista Chilena de Historia Natural* 86: 137–151.
- GRANT, T., FROST, D.R., CALDWELL, J.P., GAGLIARDO, R., HADDAD, C.F.B., KOK, P.J.R., MEANS, B.D., NOONAN, B.P., SCHARGEL, W. & WHEELER, W.C. 2006. Phylogenetic systematics of dart-poison frogs and their relatives (Anura,

Athesphatanura, Dendrobatidae). *Bulletin of the American Museum of Natural History* 299: 1–262.

GRISMER, L.L. 1988. Phylogeny, taxonomy, classification, and biogeography of eublepharid geckos. In: *Phylogenetic relationships of lizard families. Essays commemorating Charles L. Camp*. Estes, R. & Pregill, G. (Eds). Stanford, California: Stanford University Press:369-470.

GRIZANTE, M.B.; NAVAS, C.A. & GARLAND Jr, T. & KOHLSDORF, T. 2010. Morphological evolution in Tropidurinae squamates: an integrated view along a continuum of ecological settings. *J. Evol. Biol.* 23: 98–111.

GUDYNAS, E. & SKUK, G. 1983. A new species of the iguanid lizard genus *Tropidurus* from temperate South America. *C.E.D. Orione Cont. Biol.* 10: 1-10.

GUINDON, S. & GASCUEL, O. 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood". *Systematic Biology* 52: 696-704.

HARRIS, D.J.; MARSHALL, J.C. & CRANDALL, K.A. 2001. Squamate relationships based on C-mos nuclear DNA sequences: increased taxon sampling improves bootstrap support. *Amphib. Reptil.* 22: 235-242.

HARVEY, M.B. & GUTBERLET JR., R.L. 1998. Lizards of the genus *Tropidurus* (Iguania: Tropiduridae) from the Serrania de Huanchaca, Boliva: New species, natural history, and a key to the genus. *Herpetologica* 54: 493–520.

HARVEY, M. B. & GUTBERLET JR., R.L. 2000. A phylogenetic analysis of the tropidurine lizards (Squamata: Tropiduridae), including new characters of squamation and epidermal microstructure. *Zoological Journal of Linnean Society* 128: 189–233.

HARVEY, M.B.; UGUETO, G.N. & GUTBERLET, R.L. JR. 2012. Review of Teiid morphology with a revised taxonomy and phylogeny of the Teiidae (Lepidosauria: Squamata). *Zootaxa* 3459: 1-156.

- HEDGES, S.B. & CONN, C.E. 2012. A new skink fauna from Caribbean islands (Squamata, Mabuyidae, Mabuyinae). *Zootaxa* 3288: 1-244.
- HEBERT, P.D.; PENTON, E.H.; BURNS, J.M.; JANZEN, D.H. & HALLWACHS, W. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrartes fuligator*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101, 14812–14817.
- HILLIS, D.M. & BULL, J.J. 1993. An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Syst. Biol.* 42(2):182-192.
- JOLICOUER, P. & MOSIMANN, J.E. 1960. Size and shape variation in a painted turtle; a principal component analysis. *Growth* 24: 339-354.
- KACHIGAN, S.K. 1986. *Statistical analysis: an interdisciplinary introduction to univariate and multivariate methods*. Radius Press: New York.
- KASAHARA, S.; PELLEGRINO, K.C.M. ; RODRIGUES, M.T. & YONENAGA-YASSUDA, Y. 1996. Comparative cytogenetic studies of eleven species of the *Tropidurus torquatus* group (Sauria, Tropiduridae), with banding patterns. *Hereditas* 125: 37–46.
- KATOH, K. & STANDLEY, D.M. 2013. MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in performance and usability. *Mol. Biol. Evol.* 30(4):772–780
- KIEFER, M. C.; VAN SLUYS, M. & ROCHA, C.F.D. 2005. Body temperatures of *Tropidurus torquatus* (Squamata, Tropiduridae) from coastal populations: Do body temperatures vary along their geographic range? *Journal of Thermal Biology* 30 (6): 449-456.
- KIEFER, M.C.; VAN SLUYS, M. & ROCHA, C.F.D. 2007. Thermoregulatory behavior in *Tropidurus torquatus* (Squamata, Tropiduridae) from Brazilian coastal populations: an estimate of passive and active thermoregulation in lizards. *Acta Zoologica* 88: 81-87.

- KIEFER, M.C.; VAN SLUYS, M. & ROCHA, C.F.D. 2008. Clutch and egg size if the tropical lizard *Tropidurus torquatus* (Tropiduridae) along geographic range in coastal eastern Brazil. *Canadian Journal of Zoology* 86: 1376-1388.
- KNAPP, C.R. & GOMEZ-ZLATAR, P. 2006. Iguanidae or Iguaninae? A taxonomic summary and literature-use analysis. *Herpetological Review* 37(1): 29-34.
- KOCHER, T.D.; THOMAS, W.K.; MEYR, A.; EDWARDS, S.V.; PAABO, S.; VILLABLANCA, F.X. & WILSON, A.C. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 86 (16): 6196-6200.
- KOHLSDORF, T. & WAGNER, G.P. 2006. Evidence for the reversibility of digit loss: a phylogenetic study of limb evolution in *Bachia* (Gymnophthalmidae: Squamata). *Evolution* 60 (9): 1896-1912.
- KOLSDORF, T. & NAVAS, C.A. 2007. Evolution of jumping capacity in Tropidurinae lizards: does habitat complexity influence obstacle-crossing ability? *Biological Journal of the Linnean Society* 91: 393-402.
- KOLSDORF, T.; JAMES, R.S.; CARVALHO, J.E.; WILSON, R.S.; PAI-SILVA, M.D. & NAVAS, C.A. 2004. Locomotor performance of closely related *Tropidurus* species: relationships with physiological parameters and ecological divergence. *The Journal of Experimental Biology* 207: 1183-1192.
- KUNZ, T. & BORGES-MARTINS, M. 2013. A new microendemic species of *Tropidurus* (Squamata: Tropiduridae) from southern Brazil and revalidation of *Tropidurus catalanensis* Gudynas & Skuk, 1983. *Zootaxa* 3681 (4): 413–439.
- LAGUNA, M.M. 2011. *Estudos cromossômicos e moleculares em espécies de lagartos microteídeos, com ênfase na tribo Ecpleopodini (Gymnophthalmidae, Squamata)*.

Dissertação (Mestrado). Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

LOMOLINO, M.V. 2005. Body size evolution in vertebrates: generality of the island rule. *Journal of Biogeography* 32: 1683-1699.

LOSOS, J.B.; HILLIS, D.M. & GREENE, H.W. 2012. Who speaks with forked tongue? *Science* 338: 1428-1429.

MACEY, J.R.; LARSON, A.; ANANJEVA, N.B. & PAPENFUSS, T.J. 1997. Evolutionary shifts in three major structural features of the mitochondrial genome among iguanian lizards. *J. Mol. Evol.* 44:660-674.

MACHADO, T.; SILVA, V.X. & SILVA, M.J.J. 2013. Phylogenetic relationships within *Bothrops neuwiedi* group (Serpentes, Squamata): Geographically highly-structure lineages, evidence of introgressive hybridization and Neogene/Quaternary diversification. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 71: 1-14.

MANLY, B.F. 2000. *Multivariate statistical methods*. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton: Florida.

MAUSFELD, P.; SCHMITZ, A.; BÖHME, W.; MISOF, B.; VRCIBRADIC, D. & ROCHA, C.F.D. 2002. Phylogenetic affinities of *Mabuya atlantica* Schmidt, 1945, endemic to the Atlantic Ocean Archipelago of Fernando de Noronha (Brazil): Necessity of partitioning the genus *Mabuya* Fitzinger, 1826 (Scincidae: Lygosominae). *Zool. Anz.* 241: 281–293.

MAXIMILIANO, PRÍNCIPE DE WIED-NEUWIEDI, 1889, *Viagem ao Brasil*. Tradução de Edgar Süsskind de Mendonça e Flávio Poppe de Figueiredo. Belo Horizonte: Itatiaia; São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, Coleção Reconquista do Brasil. 2ª. Série, v. 156. 536 p.

MEIRA, K.T.R.; FARIA, R.G.; SILVA, M.D.M.; MIRANDA, V.T. & ZAHN-SILVA, W. 2007. História natural de *Tropidurus oreadicus* em uma área de cerrado rupestre do

<http://www.biotaneotropica.org.br/v7n2/pt/abstract?article+bn043070220>

MESQUITA, D.O.; COLLI, G.R.; FRANÇA, F.G.R. & VITT, L.J. 2006. Ecology of a Cerrado Lizard assemblage in the Jalapão Region of Brazil. *Copeia* 2006(3): 460–471.

MILLER, M. A., PFEIFFER, W. & SCHWARTZ, T. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In: Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE), 14 November 2010. New Orleans, LA, pp. 1–8.

MIRALLES, A.; BARRIOS-AMOROS, C.L.; RIVAS, G. & CHAPARRO-AUZA, J.C. 2006. Speciation in the “Várzea” flooded forest: a new *Mabuya* (Squamata, Scincidae) from Western Amazonia. *Zootaxa* 1188: 1–22.

MIRALLES, A.; CHAPARRO, J.C. & HARVEY, M.B. 2009. Three rare and enigmatic South American skinks. *Zootaxa* 2012: 47–68.

MIRALLES, A. & CARRANZA, S. 2010. Systematics and biogeography of the Neotropical genus *Mabuya*, with special emphasis on the Amazonian skink *Mabuya nigropunctata* (Reptilia, Scincidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54: 857–869.

MORAIS, C.J.S.; BARRETO-LIMA, A.F.; DANTAS, P/T.; DOMINGOS, F.M.C.B.; LEDO, R.M.D.; PANTOJA, D.L.; SOUZA, H.C. & COLLI, G.R. 2014. First records of *Tropidurus callathelys* and *T. chromatops* (Reptilia: Squamata: Tropiduridae) in Brazil. *Check List* 10(5): 1213–1217.

MORANDO, M.; AVILA, L.J. & SITES JR., J.W., 2003. Sampling strategies for delimiting species; genes, individuals, and populations in the *Liolaemus elongatus-kriegi* complex (Squamata; Liolaemidae) in andean-patagonian South America. *Syst. Biol.* 52, 159–185.

MOTT, T. & VIEITES, D.R. 2009. Molecular phylogenetics reveals extreme morphological homoplasy in Brazilian worm lizards challenging current taxonomy. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 51: 190–200.

MÜSCH, I.; RUST, J. & WILLMANN, R. 2011. *Albertus Seba: Cabinet of Natural Curiosities*. Cologne: Taschen, 416 p.

NEI, M. & KUMAR, S. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford: Oxford University Press.

NICHOLSON, K.E.; CROTHER, B.I.; GUYER, C. & SAVAGE, J.M. 2012. It is time for a new classification of anoles (Squamata: Dactyloidae). *Zootaxa* 3477: 1-108.

NUNES, P.M.S.; FOUQUET, A.; CURCIO, F.F.; KOK, P.J.R. & RODRIGUES, M.T. 2012. Cryptic species in *Iphisa elegans* Gray, 1851 (Squamata: Gymnophthalmidae) revealed by hemipenial morphology and molecular data. *Zoological Journal of the Linnean Society* 166: 361–376.

ORTIZ, M.A.; BORETTO, J.M.; PIANTONI, C.; ÁLVAREZ, B.B. & IBARGÜENGOYTÍA, N.R. 2014. Reproductive biology of the Amazon lava lizard (*Tropidurus torquatus*) from Wet Chaco of Corrientes (Argentina): congeneric comparisons of ecotypic and interspecific variations. *Can. J. Zool.* 92: 643-655.

PADIAL, J.M.; MIRALLES, A.; DE LA RIVA, I. & VENCES, M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Front Zool.* 7, 16.

PALUMBI, S. R. 1996. Nucleic acids II: The polymerase chain reaction. *In*: Hillis, D. M.; Moritz, C. & Mable, B.K. (eds). *Molecular systematics*. 2nd edition. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc. pp: 205-247.

PASSONI, J.C.; BENOZZATTI, M.L. & RODRIGUES, M.T. 2008. Phylogeny, species limits, and biogeography of the Brazilian lizards of the genus *Eurolophosaurus*

(Squamata: Tropicuridae) as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 46: 403–414.

PAVAN, D. 2007. *Assembléias de répteis e anfíbios do Cerrado ao longo da bacia do rio Tocantins e o impacto do aproveitamento hidrelétrico da região na sua conservação*. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo, São Paulo, SP. 414 p.

PELLEGRINO, K.C.M.; RODRIGUES, M.T.; YONENAGA-YASSUDA, Y. & SITES, J.W. JR. 2001. A molecular perspective on the evolution of microteiid lizards (Squamata, Gymnophthalmidae), and a new classification for the family. *Biological Journal of the Linnean Society* 74: 315–338.

PELLEGRINO, K.C.M.; RODRIGUES, M.T.; WAITE, A.N.; MORANDO, M.; YONENAGA-YASSUDA, Y. & SITES, J.W. JR. 2005. Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwini* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river systems in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of the Linnean Society* 85: 13–26.

PELLEGRINO, K.C.M.; RODRIGUES, M.T.; HARRIS, D.J.; YONENAGA-YASSUDA, Y. & SITES, J.W. JR. 2011. Molecular phylogeny, biogeography and insights into the origin of parthenogenesis in the Neotropical genus *Leposoma* (Squamata: Gymnophthalmidae): Ancient links between the Atlantic Forest and Amazonia. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 61: 446–459.

PFENNINGER, M. SCHWENK, K. 2007. Cryptic animal species are homogeneously distributed among taxa and biogeographical regions. *BMC Evol. Biol.* 7: 121

PIANKA, E.R. & VITT, L.J. 2003. *Lizards: windows to the evolution of diversity*. Berkeley: University of California Press, 334 p.

- PINTO, A.C.S.; WIEDERHECKER, H.C. & COLLE, G.R. 2005. Sexual dimorphism in the Neotropical lizard, *Tropidurus torquatus* (Squamata, Tropiduridae). *Amphibia-Reptilia* 26: 127-137.
- POE, S. 2004. Phylogeny of anoles. *Herpetological Monographs* 18:37–89.
- PORTIK, D.M.; BAUER, A.M. & JACKMAN, T.R. 2010. The phylogenetic affinities of *Trachylepis sulcata nigra* and the intraspecific evolution of ocastral melanism in the western rock skink. *African Zoology* 45(2): 147-159.
- POSADA, D. (2008) jModelTest, phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution* 25: 1253–1256. <http://dx.doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- POUGH, H.P., ANDREWS, R.M., CADLE, J.E., CRUMP, M.L., SAVITSKY, A.H. & WELLS, K.D. 2004. *Herpetology*. 3rd edition. Benjamin Cummings.
- PRATES, I.; RODRIGUES, M.T.; MELO-SAMPAIO, P.R. & CARNAVAL, A.C. 2015. Phylogenetic relationships of Amazonian anole lizards (*Dactyloa*): Taxonomic implications, new insights about phenotypic evolution and the timing of diversification. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 82: 258–268.
- PREGILL, G. & FROST, D. 1988. Introduction. In: *Phylogenetic relationships of lizard families. Essays commemorating Charles L. Camp*. ESTES, R. & PREGILL, G. (Eds). Stanford, California: Stanford University Press: 1-7.
- PRESCH, W. 1988. Cladistic relationships within the Scincomorpha. In: *Phylogenetic relationships of lizard families. Essays commemorating Charles L. Camp*. ESTES, R. & PREGILL, G. (Eds). Stanford, California: Stanford University Press: 471-492.
- PRIETO, A.S; LÉON, J.R. & LARA, O. 1976. Reproduction in the tropical lizard *Tropidurus hispidus*. *Herpetologica* 32: 318-323.

PYRON, R.A.; BURBRINK, F.T. & WIENS, J.J. 2013. A phylogeny and revised classification of Squamata, including 4161 species of lizards and snakes. *BMC Evolutionary Biology* 13:1-93.

R DEVELOPMENT CORE TEAM 2008. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

RADDI, G. 1822. Continuzione della descrizione dei rettili brasiliani indicati nella memorai inserita nel secondo fascicolo delle memorie di fisica del precedente volume XVIII. *Ati. Soc. Ital. Sci. Moderna* 19: 53-73.

RAMBAUT, A. & DRUMMOND, A.J. 2009. MCMC Trace Analysis Tool Version v1.5.0. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh and Department of Computer Science, University of Auckland. Available from: <http://beast.bio.ed.ac.uk/> (accessed 10 October 2013).

RECODER, R.S., TEIXEIRA JUNIOR, M., CAMACHO, A., NUNES, P.M.S., MOTT, T., VALDUJO, P.H., GHELLERE, J.M., NOGUEIRA, C. & RODRIGUES, M.T. 2011. Répteis da Estação Ecológica Serra Geral do Tocantins, Brasil Central. *Biota Neotrop.* 1(1):
<http://www.biotaneotropica.org.br/v11n1/en/abstract?article+bn03611012011>.

RECODER, R.S.; RIBEIRO, M.C. & RODRIGUES, M.T. 2013. Spatial variation in morphometry in *Vanzosaura rubricauda* (Squamata, Gymnophthalmidae) from open habitats of South America and its environmental correlates. *South American Journal of Herpetology*, 8(3):186-197.

RECODER; R.S.; WERNECK, F.P.; TEIXEIRA JR, M.; COLLI, G..R.; SITES JR., J.W. & RODRIGUES, M.T. 2014. Geographic variation and systematic review of the lizard

genus *Vanzosaura* (Squamata, Gymnophthalmidae), with the description of a new species. *Zoological Journal of the Linnean Society* 171: 206–225.

REEDER, T.W.; COLE, C.J. & DESSAUER, H. 2002. Phylogenetic relationships of whiptail lizards of the genus *Cnemidophorus* (Squamata: Teiidae): A test of monophyly, reevaluation of karyotypic evolution, and review of hybrid origins. *American Museum Novitates* 3364: 1-61.

REVELLE, W. 2013. psych: Procedures for Personality and Psychological Research, Northwestern University, Evanston, Illinois, USA, <http://CRAN.R-project.org/package=psych> Version = 1.4.1.

RIBEIRO, L.B. & FREIRE, E.M.X. 2009. *Tropidurus hispidus* (NCN). Minimum size at maturity; maximum body size. *Herpetological Review* 40 (3): 350-51.

RIBEIRO, L.B.; BRITO, M.S.; BARBOSA, L.F.S.; PEREIRA, L.C.M. & NICOLA, P.A. 2012. *Tropidurus cocorobensis* Rodrigues, 1987 (Squamata, Tropiduridae): new record and geographic distribution map in northeastern Brazil. *Cuad. herpetol.* 26 (1): 63-65.

ROCHA C.F.D.; DUTRA G.F.; VRCIBRADIC D. & MENEZES V.A. 2002. The terrestrial reptile fauna of the Abrolhos Archipelago: species list and ecological aspects. *Braz J Biol.* 62:285–291.

RODRIGUES, M.T. 1984. *Sistemática e ecologia dos Tropidurus do grupo torquatus ao sul do Rio Amazonas (Sauria, Iguanidae)*. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

RODRIGUES, M.T. 1987. Sistemática, ecologia e zoogeografia dos *Tropidurus* do grupo *torquatus* ao sul do Rio Amazonas (Sauria, Iguanidae). *Arquivos de Zoologia* 31(3): 1–230.

RODRIGUES, M.T. 1988. Distribution of lizards of the genus *Tropidurus* in Brazil (Sauria, Iguanidae), p. 305-315. In: P. E. Vanzolini. & W. R. Heyer (Eds). *Proceedings*

of a workshop on Neotropical distribution patterns. Rio de Janeiro: Academia Brasileira de Ciências.

RODRIGUES, M.T. 1996. Lizards, snakes, and amphisbaenians from the Quaternary sand dunes of the Middle Rio São Francisco, Bahia, Brazil. *Journal of Herpetology* 30 (4): 513-523.

RODRIGUES, M.T.; KASAHARA, S. & YONENAGA-YASSUDA, Y. 1988. *Tropidurus psammonastes*: Uma nova espécie do grupo *torquatus* com notas sobre seu cariótipo e distribuição (Sauria, Iguanidae). *Papéis Avulsos de Zoologia* 36(26): 307–313.

RODRIGUES, M.T.; FREIRE, E.M.X.; PELLEGRINO, K.C.M. & SITES, J.W. JR. 2005. Phylogenetic relationships of a new genus and species of microteiid lizard from the Atlantic forest of north-eastern Brazil (Squamata, Gymnophthalmidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* 144: 543–557.

RODRIGUES, M.T.; PELLEGRINO, K.C.M.; DIXO, M.; VERDADE, V.K.; PAVAN, D.; ARGOLO, A.J.S. & SITES, J.W. JR. 2007. A new genus of microteiid lizard from the Atlantic forests of state of Bahia, Brazil, with a new generic name for *Colobosaura mentalis*, and a discussion of relationships among the Heterodactylini (Squamata, Gymnophthalmidae). *American Museum Novitates* 3565: 1-27.

RODRIGUES, M.T.; CAMACHO, A.; NUNES, P.M.S.; RECODER, R.S.; TEIXEIRA JR., M.; VALDUJO, P.H.; GHELLERE, J.M.B.; MOTT, T. & NOGUEIRA, C. 2008. A new species of the lizard genus *Bachia* (Squamata: Gymnophthalmidae) from the Cerrados of central Brazil. *Zootaxa* 1875: 39-50.

RODRIGUES, M.T.; CASSIMIRO, J.; PAVAN, D.; CURCIO, F.F.; VERDADE, V.K. & PELLEGRINO, K.C.M. 2009. A new genus of microteiid lizard from the Caparaó mountains, Southeastern Brazil, with a discussion of relationships among Gymnophthalminae (Squamata). *American Museum Novitates* 3673: 1-27.

RONQUIST, F.; TESLENKO, M.; VAN DER MARK, P.; AYRES, D.L.; DARLING, A.; HÖHNA, S.; LARGET, B.; LIU, L.; SUCHARD, M.A. & HUELSENBECK, J.P. 2012. MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* 61(3):539–542.

ROZE, J.A. 1958. Resultados zoologicos de la expedicion de la Universidad Central de Venezuela a la region del Auyantepui en la Guayana Venezolana, Abril 1965. 5. Los reptiles del Auyantepui, Venezuela. *Acta Biol. Venez.* 2(22):243-270.

SIEDCHLAG, A.C.; BENOZZATI, M.L.; PASSONI J.C.; & RODRIGUES, M.T. 2010. Genetic structure, phylogeny, and biogeography of Brazilian eyelid-less lizards of genera *Calypotommatus* and *Nothobachia* (Squamata, Gymnophthalmidae) as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56(2):622-30.

SANTOS, M.G. 2011. *Filogeografia de Micrablepharus atticolus (Squamata, Gymnophthalmidae) no Cerrado brasileiro*. Dissertação (Mestrado). Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília.

SCHULTE, J.A. II; MACEY, J.R.; LARSON, A. & PAPENFUSS, T.J. 1998. Molecular tests of phylogenetic taxonomies: a general procedure and example using four subfamilies of the lizard family Iguanidae. *Mol. Phylog. Evol.* 10: 367-376.

SCHULTE, J.A. II; VALADARES, J.P. & LARSON, A. 2003. Phylogenetic relationships within Iguanidae inferred using molecular and morphological data and a phylogenetic taxonomy of iguanian lizards. *Herpetologica* 59: 399-419.

SILVA, C.M. 2006. *Filogeografia e diferenciação morfológica das populações de Liolaemus occipitalis Boulanger, 1885 (Iguania: Liolaemidae) ao longo de seu domínio geográfico*. Dissertação (Mestrado). Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

- SIQUEIRA, C.C.; KIEFER, M.C.; VAN SLUYS, M. & ROCHA, C.F.D. 2010. Plant consumption in coastal populations of the lizard *Tropidurus torquatus* (Reptilia: Squamata: Tropiduridae): how do herbivory rates vary along their geographic range? *Journal of Natural History* 45 (3-4): 171-182.
- SISTROM, M.; EDWARDS, D.L.; DONNELLAN, S. & HUTCHINSON, M. 2012. Morphological differentiation correlates with ecological but not with genetic divergence in a *Gehyra gecko*. *J. Evol. Biol.* 25, 647–660.
- SISTROM, M.; DONNELLAN, S.C. & HUTCHINSON, M.N. 2013. Delimiting species in recente radiations with low levels of morphological divergence: a case study in Australian *Gehyra geckos*. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 68, 135–143.
- SITES, J. W. JR, REEDER, T. W. & WIENS, J. J. 2011 Phylogenetic insights on evolutionary novelties in lizards and snakes: sex, birth, bodies, niches, and venom. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 42, 227–244.
- SMITH, H.M. 1995. *Handbook of lizards: lizards of United States and of Canada*. Darrel Frost (Foreword). Cornell University Press: Ithaca and London.
- SOKAL, R.R. & ROHLF, F.J. 1995. *Biometry: The principles and practice of statistics in biological research*. W.H. Freeman Company: New York.
- STAMATAKIS, A. 2006. RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics*, 22: 2688–2690.
- STATSOFT, I. 2001. *Statistica (data analysis software system)*, version 6.0 www.statsoft.com
- TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A. & KUMAR, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30(12):2725–2729.

TAN, D.S.H.; ANG, Y.; LIM, G.S.; ISMAIL, M.R.B. & MEIER, R. 2010. From 'cryptic species' to integrative taxonomy: an iterative process involving DNA sequences, morphology, and behaviour leads to the resurrection of *Sepsis pyrrhosoma* (Sepsidae: Diptera). *Zool. Scr.* 39, 51–61.

TEIXEIRA JR., M. 2010. *Os lagartos do vale do rio Peruaçu: Aspectos biogeográficos, história natural e implicações para conservação*. Dissertação (Mestrado). Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

TEIXEIRA JR, M.; DAL VECHIO, F.; NUNES, P.M.S.; MOLLO NETO, A.; LOBO, L.M.; STORTI, L.F.; GAIGA, R.A.J.; DIAS, P.H.F. & RODRIGUES, M.T. 2013a. A new species of *Bachia* Gray, 1845 (Squamata: Gymnophthalmidae) from the western Brazilian Amazonia. *Zootaxa* 3636 (3): 401–420.

TEIXEIRA JR., M.; RECODER, R.S.; CAMACHO, A.; DE SENA, M.A.; NAVAS, C.A. & RODRIGUES, M.T. 2013b. A new species of *Bachia* Gray, 1845 (Squamata: Gymnophthalmidae) from the Eastern Brazilian Cerrado, and data on its ecology, physiology and behavior. *Zootaxa* 3616 (2): 173–189.

TEIXEIRA, R.L. & GIOVANELLI, M. 1999. Ecologia de *Tropidurus torquatus* (Sauria: Tropiduridae) da restinga de Guriri, São Mateus, ES. *Revista Brasileira de Biologia* 59 (1): 11-18.

TORRES-CARVAJAL, O. 2007. Phylogeny and biogeography of a large radiation of Andean lizards (Iguania, *Stenocercus*). *Zoologica Scripta* 36 (4): 311–326.

TOWNSEND, T.M.; LARSON, A.; LOUIS, E. & MACEY, R. 2004. Molecular phylogenetics of Squamata: The position of snakes, amphisbaenians, and dibamids, and the root of the Squamata tree. *Systematic Biology* 53(5): 735-757.

TOWNSEND, T.M.; ALEGRE, R.E.; KELLEY, S.T.; WIENS, J.J. & REEDER, T.W. 2008. Rapid development of multiple nuclear loci for phylogenetic analysis using

genomic resources: An example from squamate reptiles. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 47: 129–142.

VALDUJO, P. H.; NOGUEIRA, C.C.; BAUMGARTEN, L.; RODRIGUES, F.H.G.; BRANDÃO, R.A.; ETEROVIC, A.; RAMOS-NETO, M.B. & MARQUES, O.A.V. 2009. Squamate Reptiles from Parque Nacional das Emas and surroundings, Cerrado of Central Brazil. *Check List* 5(3): 405-417.

VAN SLUYS, M. 1993. The reproductive cycle of *Tropidurus itambere* (Sauria: Tropiduridae) in Southeastern Brazil. *Journal of Herpetology* 27: 28-32.

VAN SLUYS, M.; MENDES, H.M.A.; ASSIS, V.B. & KIEFER, M.C. 2002. Reproduction of *Tropidurus montanus* Rodrigues, 1987 (Tropiduridae), a lizard from a seasonal habitat of south-eastern Brazil, and a comparison with other *Tropidurus* species. *Herpetological Journal* 12:89-97.

VAN SLUYS, M.; MARTELOTTE, S.B.; KIEFER, M.C. & ROCHA, C.F.D. 2010. Reproduction in neotropical *Tropidurus* lizards (Tropiduridae): evaluating the effect of environmental factors on *T. torquatus*. *Amphibia-Reptilia* 31: 117-126

VANZOLINI, P.E. 1963. Problemas faunísticos do Cerrado. In: *Simpósio sobre o Cerrado*. São Paulo, Editora da Universidade de São Paulo: 307-320.

VANZOLINI, P.E. 1972. Miscellaneous notes on the ecology of some Brazilian lizards (Sauria). *Pap. Avuls. Zool. São Paulo*, 26(8): 83-115.

VANZOLINI, P.E. 1986. *Levantamento herpetológico da área do estado de Rondônia sob a influência da rodovia BR 364*. Programa Polonoroeste, subprograma Ecologia Animal, Relatório de Pesquisa no.1: 1-50.

VANZOLINI, P.E. 1992. Paleoclimas e especiação em aniamis da América do Sul tropical. *Estudo Avançados* 6(15): 41-65.

- VANZOLINI, P.E. 1996. A contribuição zoológica dos primeiros naturalistas viajantes no Brasil. *Revista USP*, São Paulo 30:190-238.
- VANZOLINI, P.E. & GOMES, N. 1979. On *Tropidurus hygomi*: redescription, ecological notes, distribution and history (Sauria, Iguanidae). *Papéis Avulsos de Zoologia*. 32:243-259.
- VANZOLINI, P. E.; RAMOS-COSTA, A.M. & VITT, L.J. 1980. *Os répteis da caatinga*. Rio de Janeiro: Academia Brasileira de Ciências. 161 p.
- VARON, A.; LUCARONI, N.; LIN, HONG, WHEELER, W. 2011-13. *POY Black Sabbath Development Build 5.1.1*. Available at: <http://www.amnh.org/our-research/computational-sciences/research/projects/systematic-biology/poy>. Access date: 01/20/2014.
- VIDAL, N. & HEDGES, S.B. 2009. The molecular evolutionary tree of lizards, snakes, and amphisbaenians. *C.R. Biologies* 332: 129-139.
- VITT, L.J. 1991. An introduction to the ecology of cerrado lizards. *Journal of Herpetology*. 25:79-90.
- VITT, L.J. 1993. Ecology of isolated open-formation *Tropidurus* (Reptilia: Tropiduridae) in Amazonian lowland rain forest. *Canadian Journal of Zoology* 71: 2370-2390.
- VITT, L. J. & PIANKA, E.R. 2005. Deep history impacts present-day ecology and biodiversity. *PNAS* 102 (22): 7877-7881.
- VITT, L.J. & CALDWELL, J. 2009. *Herpetology*. 3rd edition. Academic Press.
- VITT, L.J. & GOLDBERG, S.R. 1983. Reproductive ecology of two tropical Iguanid lizards: *Tropidurus torquatus* and *Platynotus semitaeniatus*. *Copeia* 1:131-141.

- VITT, L.J.; ZANI, P.A. & CALDWELL, J.P. 1996. Behavior ecology of *Tropidurus hispidus* on isolated rock outcrops in Amazonia. *Journal of Tropical Ecology* 12: 81-101.
- VITT, L.J.; CALDWELL, J.P.; ZANI, P.A. & TITUS, T.A. 1997. The role of habitat shift in the evolution of lizard morphology: evidence from tropical *Tropidurus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94: 3828-3832.
- VITT, L.J.; CALDWELL, J.P.; COLLI, G.R.; GARDA, A.A. & MESQUITA, D.O. 2005. Uma atualização do Guia Fotográfico dos répteis e anfíbios da região do Jalapão no Cerrado brasileiro. *Special Publications in Herpetology, Sam Noble Oklahoma Museum of Natural History, University of Oklahoma, Norman, Oklahoma* No, 2: 1-24.
- WERNECK, F.P. & COLLI, G.R. 2006. The lizard assemblage from Seasonally Dry Tropical Forest enclaves in the Cerrado biome, Brazil, and its association with the Pleistocenic Arc. *Journal of Biogeography* 33: 1983–1992.
- WERNECK, F.P.; GIUGLIANO, L.G.; COLLEVATTI, R.G. & COLLI, G.R. 2009. Phylogeny, biogeography and evolution of clutch size in South American lizards of the genus *Kentropyx* (Squamata: Teiidae). *Molecular Ecology* 18: 262–278.
- WERNECK, F.P.; GAMBLE, T.; COLLI, G.R.; RODRIGUES, M.T. & SITES, J.W. JR. 2012. Deep diversification and long-term persistence in the South American 'dry diagonal': integrating continent-wide phylogeography and distribution modeling of geckos. *Evolution* 66-10: 3014–3034.
- WERNECK, F.P.; LEITE, R.N.; GEURGAS, S. & RODRIGUES, M.T. (submetido). Landscape history of the semiarid Caatinga and its implications for acesssing the biogeography and cryptic diversity of endemic saxicolous Tropiduridae lizards. *Journal of Evolutionary Biology*.

WHEELER, W.C. 1996. Optimization alignment, the end of multiple sequence alignment in phylogenetics? *Cladistics* 12: 1–10.

WHEELER, W.C. 2003. Implied alignment, a synapomorphy-based multiple sequence alignment method and its use in cladogram search. *Cladistics* 19: 261–268.

<http://dx.doi.org/10.1111/j.1096-0031.2003.tb00369.x>

WHEELER, W.C., ARANGO, C.P., GRANT, T., JANIES, D., VARÓN, A., AAGESEN, L., FAIVOVICH, J., D'HAESE, C., SMITH, W.L. & GIRIBET, G. 2006. *Dynamic Homology and Phylogenetic Systematics, A Unified Approach Using POY*. American Museum of Natural History, New York, 365 pp.

WHITING, A.S.; BAUER, A.M. & SITES JR, J.W. 2003. Phylogenetic relationships and limb loss in sub-Saharan African scincine lizards (Squamata: Scincidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 29: 582–598.

WHITING, A.S.; SITES, J.W. JR; PELLEGRINO, K.C.M. & RODRIGUES, M.T. 2006. Comparing alignment methods for inferring the history of the new world lizard genus *Mabuya* (Squamata: Scincidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38(3): 719–730.

WIED-NEUWIED, MAXIMILIAN, PRINZ ZU 1820. *Reise nach Brasilien in den Jahren 1815 bis 1817*. 2 vols. Frankfurt a. M., H. L. Brönner (1820-1821)

WIED-NEUWIED, MAXIMILIAN, PRINZ ZU.1824. *Abbildungen zur Naturgeschichte Brasiliens*. Weimar. Fascículos 4-8, p.663, pl. 35

WIED-NEUWIED, MAXIMILIAN, PRINZ ZU.1825. *Beiträge zur Naturgeschichte von Brasilien*. 4 vols. Weimar, Gr. H. S. priv. Landes-Industrie-Comptoirs (1825-1831)

- WIEDERHECKER, H.C., PINTO, A.C.S., COLLI, G.R. 2002. Reproductive ecology of *Tropidurus torquatus* (Squamata: Tropiduridae) in the highly seasonal Cerrado biome of central Brazil. *J. Herpetol.* 36: 82-91.
- WIENS, J.J.; HUTTER, C.R.; MULCAHY, D.G.; NOONAN, B.P.; TOWNSEND, T.M.; SITES, J.W. JR; REEDER, T.W. 2012. Resolving the phylogeny of lizards and snakes (Squamata) with extensive sampling of genes and species. *Biological Letters* 8: 1043-1046.
- WINCK, G.R. & ROCHA, C.F.D. 2008. Reproductive trends of Brazilian lizards (Reptilia, Squamata): the relationship between clutch size and body size in females. *North-American Journal of Zoology* 8(1): 57-62.
- ZAR, J.H. 1999. *Biostatistical analysis*. Prentice-Hall: New Jersey.
- ZWICKL, D.J. 2006. *Genetic algorithm approaches for the phylogenetic analysis of large biological sequence datasets under the maximum likelihood criterion*. Ph.D. Dissertation, The University of Texas at Austin, 115 pp.

Anexo I: Mapas altimétricos: Símbolos com ponto negro no meio correspondem a amostras que foram sequenciadas.

Mapa 1: Distribuição e localização das amostras analisadas do Grupo 1.

Mapa 2: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 2.

Mapa 3: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 2.

Mapa 4: Distribuição e localização das amostras analisadas do Grupo 3.

Mapa 5: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 4.

Mapa 6: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 4.

Mapa 7: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 4.

Mapa 8: Distribuição e localização das amostras analisadas de parte do Grupo 4.

Anexo II: Material analisado, discriminando o tipo de análise efetuado, com dados de procedência.

Análise: 1 – Só Mol: material sequenciado, sem exame do voucher; 2 – Só Morf: material examinado, identificado, e com dados merísticos e morfométricos tomados, mas não sequenciado; 3 – Mol + Morf: material sequenciado, com voucher examinado, identificado e com dados merísticos e morfométricos tomados.

Amostra	Análise	Gênero	Espécie	Localidade	Município	Latitude	Longitude	País	UF
PHV4133	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>aff. itambere</i>		Monte Alegre de Goiás	-13,52492	-46,82884	Brasil	GO
MTR11434	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11435	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11436	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11437	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11438	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11439	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11440	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11441	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11442	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11443	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11444	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MRT8206	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Petrolina	-16,09553	-49,33677	Brasil	GO
MTR09997	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Domingos	-13,394660	-46,326480	Brasil	GO
MTR23987	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24015	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR33316	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Buritit	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33350	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Rio de Janeiro	-23,015038	-43,40875	Brasil	RJ
MTR33351	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Rio de Janeiro	-23,015038	-43,40875	Brasil	RJ
MTR33352	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Rio de Janeiro	-23,015038	-43,40875	Brasil	RJ
UFRGST119	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Alegrete	-29,790518	-55,795402	Brasil	RS

UFRGST120	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Alegrete	-29,790518	-55,795402	Brasil	RS
UFRGST1691	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Aratiba	-27,398691	-52,296265	Brasil	RS
UFRGST1692	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Aratiba	-27,398691	-52,296265	Brasil	RS
MTR21253	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Santo Antônio	Santa Maria	-29,62694	-53,87361	Brasil	RS
MTR21254	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Santo Antônio	Santa Maria	-29,62694	-53,87361	Brasil	RS
MTR21255	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Santo Antônio	Santa Maria	-29,62694	-53,87361	Brasil	RS
MTR21256	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Santo Antônio	Santa Maria	-29,62694	-53,87361	Brasil	RS
MTR21257	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Santo Antônio	Santa Maria	-29,62694	-53,87361	Brasil	RS
UFRGST1269	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Francisco de Assis	-29,554852	-55,125259	Brasil	RS
UFRGST1270	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Francisco de Assis	-29,554852	-55,125259	Brasil	RS
UFRGST1221	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Campos Novos	-27,407753	-51,220372	Brasil	SC
UFRGST1222	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Campos Novos	-27,407753	-51,220372	Brasil	SC
UFRGST1679	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Campos Novos	-27,407753	-51,220372	Brasil	SC
UFRGST1677	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Celso Ramos	-27,633132	-51,335582	Brasil	SC
UFRGST1678	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Celso Ramos	-27,633132	-51,335582	Brasil	SC
UFRGST1451	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Ipuaçu	-26,632641	-52,457257	Brasil	SC
UFRGST1452	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Ipuaçu	-26,632641	-52,457257	Brasil	SC
UFRGST2890	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Manoel Viana	-29,585945	-55,483961	Brasil	SC
UFRGST2891	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Manoel Viana	-29,585945	-55,483961	Brasil	SC
3615	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Praia Itaguapé	Bertioga	-23,779170	-45,968610	Brasil	SP
MTR21284	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Osasco	-23,529700	-46,772380	Brasil	SP
MTR21623	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Osasco	-23,53169	-46,78992	Brasil	SP
MTR24017	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713167	-47,633850	Brasil	SP
MTR24026	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713833	-47,633067	Brasil	SP
MTR24029	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713083	-47,633717	Brasil	SP
MTR33313	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Simão	-21,48373	-47,55238	Brasil	SP
MTR33314	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Simão	-21,48502	-47,5517	Brasil	SP
MTR33315	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		São Simão	-21,48268	-47,55277	Brasil	SP

LG1671	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	UHE Lajeado	Peixe	-12,02622	-48,53962	Brasil	TO
MRT06637	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>			-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MTR33252	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Acreúna	-17,312370	-50,248340	Brasil	GO
PHV4193	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Alvorada do Norte	-14,597830	-46,679640	Brasil	GO
MTR11433	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11445	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11446	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11447	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11448	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MTR11449	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>	Campus Unesp	Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
JPH37	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		João Pinheiro	-17,6182	-45,6543	Brasil	MG
MTR33253	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Bauru	-22,347540	-49,029610	Brasil	SP
MTR33260	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Bragança Paulista	-22,949999	-46,521176	Brasil	SP
MTR33261	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Capivari	-23,009220	-47,505260	Brasil	SP
MTR33421	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Osasco	-23,529700	-46,772380	Brasil	SP
MTR23306	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713133	-47,633817	Brasil	SP
MTR23309	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713533	-47,633933	Brasil	SP
MTR23313	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713117	-47,634933	Brasil	SP
MTR24018	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713833	-47,633067	Brasil	SP
MTR24019	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713833	-47,633067	Brasil	SP
MTR24020	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713633	-47,633983	Brasil	SP
MTR24021	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713083	-47,633717	Brasil	SP
MTR24022	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713633	-47,633983	Brasil	SP
MTR24023	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713083	-47,633717	Brasil	SP
MTR24024	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713633	-47,633983	Brasil	SP
MTR24025	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,712800	-47,635217	Brasil	SP
MTR24027	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713167	-47,634750	Brasil	SP
MTR24028	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713283	-47,635450	Brasil	SP

MTR24030	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713317	-47,634733	Brasil	SP
MTR24031	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,712800	-47,635217	Brasil	SP
MTR24033	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713233	-47,633650	Brasil	SP
MTR24034	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713250	-47,634933	Brasil	SP
MTR24035	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24036	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24037	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24038	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24039	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24040	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24041	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24042	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24043	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24044	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24045	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24046	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24047	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24048	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
MTR24049	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>		Piracicaba	-22,713175	-47,634661	Brasil	SP
916033	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
916035	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
916038	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
AMNH-FS20259	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144997	-43,052310	Brasil	BA
AMNH-FS20262	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,145891	-43,055785	Brasil	BA
AMNH-FS20263	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144997	-43,052310	Brasil	BA
916025	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
916034	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
916036	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA

916037	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>	PARNA do Catimbau	Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
UFMT-R02278	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>chromatops</i>		Vila Bela da Santíssima Trindade	-15,1875	-59,9830	Brasil	MS
MTR15364	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Buique	-8,487060	-37,281250	Brasil	PE
MTR906038	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
MTR906039	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
MTR906085	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA
MTR906086	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA
MTR907076	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Nova Rodelas	-8,983330	-38,800000	Brasil	BA
MTR907077	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Nova Rodelas	-8,983330	-38,800000	Brasil	BA
916234	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Vacaria	-10,500000	-42,616670	Brasil	BA
916235	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	PARNA Catimbau	Vacaria	-10,500000	-42,616670	Brasil	BA
ACG72	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Vacaria	-10,677280	-42,629530	Brasil	BA
ACG73	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Vacaria	-10,677280	-42,629530	Brasil	BA
MTR15612	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Xique-Xique	-10,833330	-42,716670	Brasil	BA
ACG97	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Buique	-8,591450	-37,245640	Brasil	PE
MTR15397	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		PARNA Catimbau	-8,487060	-37,281250	Brasil	PE
MZUSP30121	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Cocorobó	-9,883330	-39,033330	Brasil	BA
MZUSP30138	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Cocorobó	-9,883330	-39,033330	Brasil	BA
RC050	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,650980	-38,534360	Brasil	BA
RC056	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,663730	-38,465310	Brasil	BA
RC058	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,664140	-38,465860	Brasil	BA
RC067	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,552960	-38,513770	Brasil	BA
RC068	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,552960	-38,513770	Brasil	BA
RC071	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,552960	-38,513770	Brasil	BA
RC080	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,552690	-38,515780	Brasil	BA
MTR20018	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
MTR20019	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
MTR22348	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>		Morro do Chapéu	-11,5841	-41,1915	Brasil	BA

MTR22349	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22350	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22356	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5843	-41,1914	Brasil	BA
MTR22357	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5843	-41,1914	Brasil	BA
MTR22358	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5843	-41,1914	Brasil	BA
MTR22362	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5835	-41,1910	Brasil	BA
MTR22377	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22378	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22381	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22382	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22383	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22384	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22386	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22387	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22395	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22406	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5842	-41,1913	Brasil	BA
MTR22408	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22409	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5843	-41,1914	Brasil	BA
MTR22422	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5835	-41,1910	Brasil	BA
MTR22428	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5836	-41,1911	Brasil	BA
MTR22442	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5831	-41,1907	Brasil	BA
MTR22450	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5841	-41,1915	Brasil	BA
MTR22451	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Morro do Chapéu	-11,5841	-41,1915	Brasil	BA
MTR907079	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Nova Rodelas	-8,983330	-38,800000	Brasil	BA
ACG185	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>	Buique	-8,59145	37,245640	Brasil	PE
MZUSP30113	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis (parátipo)</i>	Cocorobó	-9,883330	-39,033330	Brasil	BA
MTR906588	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>	As Pedras	-10,600000	-42,650000	Brasil	BA
ACG33	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>	Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA

ACG34	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
MRT3261	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Gentio do Ouro	-11,100000	-42,733330	Brasil	BA
MRT3262	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Gentio do Ouro	-11,100000	-42,733330	Brasil	BA
MTR906087	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
LG123	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	Brasil	BA
MTR916239	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>	Margem esquerda do Rio São Francisco	Vacaria	-10,593708	-42,684910	Brasil	BA
916237	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Vacaria	-10,500000	-42,616670	Brasil	BA
916238	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Vacaria	-10,500000	-42,616670	Brasil	BA
ACG28	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
ACG39	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
MTR20023	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,591640	-41,207750	Brasil	BA
MTR20038	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,591640	-41,207750	Brasil	BA
MTR22471	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22477	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22508	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22512	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22513	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22514	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22548	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5924	-41,2081	Brasil	BA
MTR22598	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5837	-41,1912	Brasil	BA
MTR22625	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>		Morro do Chapéu	-11,5673	-41,1273	Brasil	BA
916484	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus (topótipo)</i>		Morro do Chapéu	-11,489280	-41,334420	Brasil	BA
916015	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
916016	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Caetité	-14,063316	-42,512084	Brasil	BA
MTR16481	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Condeuba, Fazenda Santo Antonio	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR16482	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Condeuba, Fazenda Santo Antonio	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR27051	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Correntina	-13,42530	-44,73337	Brasil	BA
MTR27090	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Correntina	-13,42591	-44,73365	Brasil	BA

MTR15619	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Jaborandi	-13,609495	-44,426009	Brasil	BA
MTR17898	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		São Desidério	-12,252333	-45,019058	Brasil	BA
MTR23991	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTJ0017	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,155140	-44,305930	Brasil	MG
MTJ0018	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0019	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0112	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0118	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1544	-44,3030	Brasil	MG
PNP 175	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
IAH746	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP187	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP188	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP189	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
BP 246	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Cáceres	-16,5165	-57,8369	Brasil	MT
PAM05	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Tangará da Serra	-14,4346	-58,3104	Brasil	MT
LJAM-CNP11779	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Cruz del Eje	Córdoba	-30,716413	-64,803736	Argentina	
LJAM-CNP12062	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Matacos	Formosa	-23,837383	-62,173083	Argentina	
LJAM-CNP12053	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Anta	Salta	-24,916670	-64,466667	Argentina	
LJAM-CNP12056	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Oran	Salta	-23,138831	-64,318558	Argentina	
LJAM-CNP12114	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Ojo de Agua	Santiago del Estereo	-29,166497	-64,146202	Argentina	
LG1096	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Fuerte Esperanza		-25,160650	-61,838959	Argentina	
MTR16452	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Fazenda Santo Antonio	Condeuba	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR16483	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Fazenda Santo Antonio	Condeuba	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR16484	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Fazenda Santo Antonio	Condeuba	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MZUSP045546	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Peña Colorada	-18,173812	-64,873110	Bolívia	Cochabamba
MTR23990	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR23993	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR23997	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG

MTR23999	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24000	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24001	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24002	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24003	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24004	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24009	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24014	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTR24016	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
MTJ0035	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1544	-44,3030	Brasil	MG
MTJ0163	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1546	-44,3041	Brasil	MG
MTJ0186	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1530	-44,2988	Brasil	MG
MTJ0210	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1551	-44,3059	Brasil	MG
MTJ0243	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1544	-44,3030	Brasil	MG
MTJ0259	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1544	-44,3030	Brasil	MG
MTJ0310	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0314	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,155140	-44,305930	Brasil	MG
MTJ0395	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0416	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1551	-44,3059	Brasil	MG
MTJ0417	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1551	-44,3059	Brasil	MG
MTJ0440	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1551	-44,3059	Brasil	MG
MTJ0441	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1546	-44,3041	Brasil	MG
MTJ0461	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1544	-44,3030	Brasil	MG
MTJ0490	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0533	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1551	-44,3059	Brasil	MG
MTJ0539	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,155140	-44,305930	Brasil	MG
MTJ0623	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1547	-44,3051	Brasil	MG
MTJ0649	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1530	-44,2988	Brasil	MG

IAH503	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
IAH511	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP128	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP175	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP191	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
PNP192	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP193	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
PNP194	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP196	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
PNP197	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
PNP198	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP203	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,731	-56,7233	Brasil	MS
PNP224	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
UFMT-R01345	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Corumbá	-18,7310	-56,7233	Brasil	MS
BP 082	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Cáceres	-16,5165	-57,8369	Brasil	MT
UFMT-R08984	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Cáceres	-16,5165	-57,8369	Brasil	MT
VJ021	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Jauru	-15,0334	-59,0287	Brasil	MT
CA18	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>	Sapezal	-13,0753	-58,6770	Brasil	MT
MTR27030	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Correntina	-13,39668	-44,69741	Brasil	BA
MTR27031	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Correntina	-13,39668	-44,69741	Brasil	BA
MTR27032	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Santa Maria da Vitória	-13,32227	-44,13090	Brasil	BA
MTR27044	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Santa Maria da Vitória	-13,30324	-44,02270	Brasil	BA
MTR27125	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Santa Maria da Vitória	-13,29084	-43,94371	Brasil	BA
MTR26908	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	São Desidério	-12,44238	-45,01768	Brasil	BA
MTR26935	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	São Desidério	-12,44213	-45,02072	Brasil	BA
MTR17846	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	São Desidério	-12,252333	-45,019058	Brasil	BA
MTR26981	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Barreiras	-12,16055	-44,98045	Brasil	BA
MTR26982	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Barreiras	-12,16055	-44,98045	Brasil	BA

MTR26947	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Barreiras	-12,13929	-45,01066	Brasil	BA
MTR27050	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Correntina	-13,42495	-44,73329	Brasil	BA
MTR27043	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santa Maria da Vitória	-13,30180	-44,02092	Brasil	BA
MTR26973	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,49035	-45,25561	Brasil	BA
MTR26974	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,49035	-45,25561	Brasil	BA
MTR26913	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,44457	-44,94067	Brasil	BA
MTR26912	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,44219	-45,02114	Brasil	BA
MTR26948	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,44219	-45,02114	Brasil	BA
MTR26911	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,37610	-44,96039	Brasil	BA
MTR26914	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,37604	-44,96059	Brasil	BA
MTR26915	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,37604	-44,96059	Brasil	BA
MTR26909	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Desidério	-12,37033	-44,86854	Brasil	BA
MTR11817	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Atoleiro	-11,950000	-44,716672	Brasil	BA
MTR11165	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	BA	
LG1338	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Formoso	-15,016670	-41,116670	Brasil	BA
MTR22081	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	EEE Wenceslau Guimarães	Wenceslau Guimarães	-13,5954	-39,7199	Brasil	BA
MTR19707	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra do Cipó, sede do parque	Jaboticatubas	-19,349170	-43,618810	Brasil	MG
887599	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Cipó	Jaboticatubas	-19,349170	-43,618810	Brasil	MG
MTR22082	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	EEE Wenceslau Guimarães	Wenceslau Guimarães	-13,5954	-39,7199	Brasil	BA
MTR22083	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	EEE Wenceslau Guimarães	Wenceslau Guimarães	-13,5954	-39,7199	Brasil	BA
MTR22084	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	EEE Wenceslau Guimarães	Wenceslau Guimarães	-13,5954	-39,7199	Brasil	BA
PHV4108	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Monte Alegre de Goiás	-13,37648	-46,9416	Brasil	GO
MTR12546	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Guaibim	-13,286670	-38,964440	Brasil	BA
MTR12547	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Guaibim	-13,286670	-38,964440	Brasil	BA
887600	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Cipó	Jaboticatubas	-19,349170	-43,618810	Brasil	MG
JC1427	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serro	-18,48417	-43,49694	Brasil	MG
JC1456	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serro	-18,47472	-43,49833	Brasil	MG
JC1357	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Augusto de Lima	-18,1015	-44,25583	Brasil	MG

JC1360	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serra do Cabral	-17,9995	-44,33703	Brasil	MG
JC1286	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serra do Cabral	-17,99742	-44,33908	Brasil	MG
JC1401	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Cristália	-16,59056	-42,88389	Brasil	MG
MTR17878	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Vila de Abrantes	Camaçari	-12,816667	-38,266667	Brasil	BA
MTR12575	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
JC1406	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Grão-Mogol	-16,565	-42,89611	Brasil	MG
MTR17127	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequitinhonha	-16,428920	-41,011229	Brasil	MG
MTR17229	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequitinhonha	-16,4113	-40,9865	Brasil	MG
MTR17230	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequitinhonha	-16,4113	-40,9865	Brasil	MG
MTR16560	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR16563	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR16573	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR15896	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,4199	-39,5436	Brasil	BA
MTR16534	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Entroncamento São Joaquim	Santo Antonio do Retiro	-15,322530	-42,605780	Brasil	MG
MTR16441	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,152278	-41,978556	Brasil	BA
MTR16440	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,125639	-41,965083	Brasil	BA
MTJ0020	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,123830	-44,241110	Brasil	MG
MTJ0021	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG
MTJ0022	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG
MTJ0171	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG
MTR24501	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Formoso	-10,507937	-40,319623	Brasil	BA
MTR24511	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Formoso	-10,5079	-40,3196	Brasil	BA
MTJ0174	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1232	-44,2422	Brasil	MG
MTR16446	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado Alvorada	Cordeiros	-15,087611	-41,965056	Brasil	BA
MTR16486	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Santo Antonio	Condeuba	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR16480	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Condeuba	-14,896278	-41,966917	Brasil	BA
MTR16535	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Cubiculo	Jacaraci	-14,836583	-42,428222	Brasil	BA
MTR16536	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Cubiculo	Jacaraci	-14,836583	-42,428222	Brasil	BA

MTR21615	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Esperança	Vitória da Conquista	-14,790815	-40,720815	Brasil	BA
MTR21622	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Esperança	Vitória da Conquista	-14,790815	-40,720815	Brasil	BA
MTR23918	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9449	-41,0447	Brasil	BA
MTR23833	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,928030	-41,121910	Brasil	BA
MTR20098	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serra do Cafundó	-13,047073	-41,764947	Brasil	BA
MTR20082	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serra do Cafundó	-13,039998	-41,750626	Brasil	BA
MTR19966	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Mata do Frio	Piatã	-13,029856	41,774575	Brasil	BA
JC1084	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA
MTR24588	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Senhor do Bonfim	-10,4402	-40,1756	Brasil	BA
MTR23271	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Canudos	-9,94278	-38,98806	Brasil	BA
MTR21267	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	REBIO Canudos		-9,94278	-38,98806	Brasil	BA
JC1245	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-13,00778	-41,36972	Brasil	BA
JC1246	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-13,00778	-41,36972	Brasil	BA
JC1247	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-13,00778	-41,36972	Brasil	BA
JC1083	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-13,00722	-41,36972	Brasil	BA
JC1085	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-13,00722	-41,37806	Brasil	BA
JC1279	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-13,00722	-41,36972	Brasil	BA
JC1187	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-13,00528	-41,36306	Brasil	BA
JC1217	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-13,00528	-41,36306	Brasil	BA
MTR19975	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Remanso (pantanal)	Lençóis	-12,540926	-41,340028	Brasil	BA
AMNH-FS20261	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,145891	-43,055785	Brasil	BA
AMNH-FS20265	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA
MUFAL9439	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Maceió	-9,629044	-35,712114	Brasil	AL
MUFAL9440	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Maceió	-9,629044	-35,712114	Brasil	AL
MTR20044	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morro do Chapéu	-11,591640	-41,207750	Brasil	BA
MRT3501	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morpará	-11,559780	-43,276700	Brasil	BA
MRT3504	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morpará	-11,559780	-43,276700	Brasil	BA
MTR19721	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Andaraí	-11,395134	-40,536080	Brasil	BA

MTR11351	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira	Gentio de Ouro	-11,348889	-42,447500	Brasil	BA
ACG16	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
ACG24	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
916255	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	Brasil	BA
MRT3046	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	Brasil	BA
MRT3682	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Morro de Areia	Ilha do Gado Bravo	-10,820560	-42,776390	Brasil	BA
MRT3683	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Morro de Areia	Ilha do Gado Bravo	-10,820560	-42,776390	Brasil	BA
MTR11865	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Vacaria/Xique-Xique	Vacaria	-10,742165	-42,687070	Brasil	BA
916240	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Vacaria	-10,500000	-42,616670	Brasil	BA
MPEG24171	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Monte Alegre	-2,01375	-54,76149	Brasil	PA
MTR15398	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA do Catimbau	Buique	-8,487060	-37,281250	Brasil	PE
MTR20245	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Recife	-8,031839	-34,864394	Brasil	PE
MTR11898	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Missão Velha	-7,222170	-39,143390	Brasil	CE
MNHN2001-301	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Inselberg Mitaraka sud		2,266600	-54,516600	Guiana Francesa	
MNHN2001-302	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Inselberg Mitaraka sud		2,266600	-54,516600	Guiana Francesa	
Sv110	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Inselberg Mitaraka nord		2,283300	-54,533300	Guiana Francesa	
SV95	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Inselberg Mitaraka nord		2,283300	-54,533300	Guiana Francesa	
MTR23140	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Apiau	Iracema	2,322150	-61,378070	Brasil	RR
MTR23083	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Apiau	Iracema	2,322150	-61,378070	Brasil	RR
SMS841	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Apiau		2,371228	-61,436139	RR	
MTR23158	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Apiau	Iracema	2,377920	-61,376580	Brasil	RR
MTR11419	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Haut Marouini		2,601530	-54,025030	Guiana Francesa	
MTR11420	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Haut Marouini		2,601530	-54,025030	Guiana Francesa	
MTR20611	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,329444	-61,421528	Brasil	RR
MTR20612	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,329444	-61,421528	Brasil	RR
MTR20555	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,332560	-61,382370	Brasil	RR
MTR20556	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,336140	-61,388140	Brasil	RR
MTR20938	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,756960	-61,697400	Brasil	RR

MTR11902	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Sítio Catolé	Nova Olinda	-7,171610	-39,660080	Brasil	CE
MTR20928	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,758810	-61,692830	Brasil	RR
MTR20864	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,763417	-61,708528	Brasil	RR
MTR24845	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Vila da Mata Roçada	-10,175904	-41,095680	Brasil	BA
MTR20865	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,763417	-61,708528	Brasil	RR
MTR20889	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,763417	-61,708528	Brasil	RR
MTR20758	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Quebrada de Jaspe	4,882906	-61,093800	Venezuela	
MTR20761	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Quebrada de Jaspe	4,882906	-61,093800	Venezuela	
MZUSP095296	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Grão-Mogol	-16,56525	-42,90225	Brasil	MG
MZUSP089681	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Salvador	-12,944208	-38,357842	Brasil	BA
CHECOA2535	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Entre Rios	-12,3157	-37,8322	Brasil	BA
MTR24528	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Formoso	-10,5908	-40,3905	Brasil	BA
MTR24786	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Formoso	-10,515528	-40,419278	Brasil	BA
MTR17231	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequitinhonha	-16,4113	-40,9865	Brasil	MG
MTR16556	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR16592	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR16593	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	Brasil	MG
MTR16477	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,206944	-41,972611	Brasil	BA
MTR16478	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,206944	-41,972611	Brasil	BA
MRT6023	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Teimoso	Jussari	-15,1547	-39,5233	Brasil	BA
MRT6024	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Teimoso	Jussari	-15,1547	-39,5233	Brasil	BA
MRT6025	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Serra do Teimoso, Jussari	-15,1547	-39,5233	Brasil	BA
MTJ0253	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1266	-44,2759	Brasil	MG
MTJ0325	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1264	-44,2335	Brasil	MG
MTJ0624	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1261	-44,2346	Brasil	MG
MTJ0641	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1261	-44,2346	Brasil	MG
MTJ0172	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG
MTJ0458	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG

MTJ0664	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1238	-44,2411	Brasil	MG
MTJ0312	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-15,1114	-44,2428	Brasil	MG
MTJ0483	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Cavernas Peruaçu	Januária	-14,9806	-44,3724	Brasil	MG
MTR16537	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Santo Antonio	Condeuba	-14,933583	-41,949583	Brasil	BA
MTR23844	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,956590	-41,039410	Brasil	BA
MTR23845	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,956590	-41,039410	Brasil	BA
MTR22935	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9455	-41,0450	Brasil	BA
MTR22938	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9452	-41,0460	Brasil	BA
MTR22966	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9452	-41,0460	Brasil	BA
MTR23846	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,944890	-41,044650	Brasil	BA
MTR23854	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,944890	-41,044650	Brasil	BA
MTR23858	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,944730	-41,045700	Brasil	BA
MTR22930	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9351	-41,1279	Brasil	BA
MTR22934	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9351	-41,1279	Brasil	BA
MTR23855	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,935070	-41,127940	Brasil	BA
MTR22969	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9280	-41,1219	Brasil	BA
MTR22937	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9280	-41,1219	Brasil	BA
MTR23850	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,924460	-41,119140	Brasil	BA
MTR23851	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,924460	-41,119140	Brasil	BA
MTR23857	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,924460	-41,119140	Brasil	BA
MTR22972	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	FLONA Contendas do Sincorá	Contendas do Sincorá	-13,9204	-41,1148	Brasil	BA
MTR20215	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20963	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20964	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20965	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20966	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20967	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20968	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA

MTR20969	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20970	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20971	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20982	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20983	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20984	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20985	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR20986	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR33407	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR33411	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR33412	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Jequié	-13,8735	-40,0704	Brasil	BA
MTR19724	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		estrada para Abaíra	-13,216780	-41,606491	Brasil	BA
MTR19725	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		estrada para Abaíra	-13,216780	-41,606491	Brasil	BA
MTR19739	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-13,078220	-41,485580	Brasil	BA
MTR20149	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra do Cafundó	Piatã	-13,044640	-41,764720	Brasil	BA
MTR20139	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Piatã	-13,042886	-41,767097	Brasil	BA
MTR24771	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Campo Frio	-10,4879	-40,4755	Brasil	BA
RC046	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		ESEC Raso da Catarina	-9,664140	-38,465860	Brasil	BA
ACG194	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Buique	-8,59145	37,245640	Brasil	PE
MTR22373	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22565	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22566	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22567	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22568	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22569	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22570	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22571	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22572	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA

MTR22574	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22575	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cachoeira do Ferro Doido	Morro do Chapéu	-11,626200	-41,000200	Brasil	BA
MTR22483	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morro do Chapéu	-11,5919	-41,2083	Brasil	BA
MTR22486	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morro do Chapéu	-11,5919	-41,2083	Brasil	BA
MTR22467	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morro do Chapéu	-11,5828	-41,1902	Brasil	BA
MRT3502	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morpará	-11,559780	-43,276700	Brasil	BA
MTR22389	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Morro do Chapéu	-11,493869	-41,112936	Brasil	BA
MTR19718	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Cidade	Mucugê	-11,392853	-40,537481	Brasil	BA
MTR19830	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Mucugê	-11,392853	-40,537481	Brasil	BA
ACG29	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
ACG3	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
ACG36	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Gameleira do Assuruá	-11,300794	-42,657706	Brasil	BA
MZUSP046373	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	Brasil	BA
JC1584	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Altamira	-3,654953	-52,451161	Brasil	PA
JC1585	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Altamira	-3,654953	-52,451161	Brasil	PA
JC1586	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Altamira	-3,654953	-52,451161	Brasil	PA
MTR20615	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,329861	-61,421561	Brasil	RR
MTR20616	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,329861	-61,421561	Brasil	RR
MTR20635	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Salvamento	Amajari	3,329861	-61,421561	Brasil	RR
MTR11946	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,7570	-61,6974	Brasil	RR
MTR20890	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,763417	-61,708528	Brasil	RR
MTR20891	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,763417	-61,708528	Brasil	RR
MTR20887	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Tepequém	Amajari	3,789344	-61,745786	Brasil	RR
MTR27150	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Fazenda Ribamar	São Benedito do Rio Preto	-3,32573	-43,45684	Brasil	MA
MTR886945	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Alagoado	-9,483330	-41,350000	Brasil	BA
MTR11239	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Alagoado	-9,486111	-41,372222	Brasil	BA
MTR11923	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Sítio Mameluca, residência	Caririaçu	-7,028374	-39,282962	Brasil	CE
MTR11921	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Crato	-7,232758	-39,414664	Brasil	CE

MTR27151	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Benedito do Rio Preto	-3,32569	-43,45884	Brasil	MA
MTR27180	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		São Benedito do Rio Preto	-3,32472	-43,45751	Brasil	MA
MRT3762	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Dunas, Estrada da Tapera	Petrolina	-9,434170	-40,747500	Brasil	PE
CGERV004	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Capitão Gervásio de Oliveira	-8,490107	-41,818111	Brasil	PI
CGERV018	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Capitão Gervásio de Oliveira	-8,490107	-41,818111	Brasil	PI
MTR15001	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Caracol	-9,278183	-45,495283	Brasil	PI
MPEG26884	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Floriano	-6,805000	-43,047500	Brasil	PI
MPEG26885	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Floriano	-6,805000	-43,047500	Brasil	PI
MPEG26883	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Floriano	-6,805000	-43,047500	Brasil	PI
MRT4608	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Serra das Confusões	PARNA Serra das Confusões	-8,924440	-43,449440	Brasil	PI
MRT4609	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	Estação 28, Serra das Confusões	PARNA Serra das Confusões	-8,924440	-43,449440	Brasil	PI
MTR23487	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra da Capivara;		-8,640900	-42,482000	Brasil	PI
MTR23486	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra da Capivara;		-8,640900	-42,482000	Brasil	PI
MTR23429	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6481	-42,7036	Brasil	PI
MTR23431	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7491	-42,4901	Brasil	PI
MTR23432	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7903	-42,7426	Brasil	PI
MTR23451	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6481	-42,7036	Brasil	PI
MTR23462	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6481	-42,7036	Brasil	PI
MTR23471	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6251	-42,5575	Brasil	PI
MTR23476	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6409	-42,4820	Brasil	PI
MTR23477	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7383	-42,4785	Brasil	PI
MTR23478	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,6235	-42,5600	Brasil	PI
MTR23482	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7491	-42,4901	Brasil	PI
MTR23489	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7924	-42,7441	Brasil	PI
MTR25074	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7383	-42,4785	Brasil	PI
MTR25078	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7924	-42,7441	Brasil	PI
MTR25079	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7383	-42,4785	Brasil	PI
MTR25086	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra da Capivara	-8,7416	-42,4776	Brasil	PI

MTR25122	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra da Capivara	-8,7924	-42,7441	Brasil	PI
MTR25280	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra da Capivara	-8,5416	-42,6617	Brasil	PI
MZUSP91800	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91802	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91805	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91805	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91811	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91812	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91813	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91815	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91816	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92513	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92515	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92516	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92517	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92518	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92519	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92521	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92522	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92523	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92526	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92528	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92528	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92531	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92530	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP92531	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91810	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP092510	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>	PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI

MZUSP092511	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP092512	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91818	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91820	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91823	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91826	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91828	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91830	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91831	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91832	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91833	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91835	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91836	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91840	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91841	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91843	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91847	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91850	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91851	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91853	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91855	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP91857	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		PARNA Serra das Confusões	-8,924444	-43,449444	Brasil	PI
MZUSP089680	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus</i>		Salvador	-12,944208	-38,357842	Brasil	BA
MTR12552	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hispidus (topótipo)</i>	Lagoa do Abaeté	Salvador	-12,944208	-38,357842	Brasil	BA
MTR12549	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Lagoa do Abaeté	Salvador	-12,944208	-38,357842	Brasil	BA
MTR12550	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Lagoa do Abaeté	Salvador	-12,944208	-38,357842	Brasil	BA
MTR12556	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Itacimirim	Camaçari	-12,635280	-38,048191	Brasil	BA
MTR12568	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>		Costa do Sauípe	-12,435560	-37,919720	Brasil	BA

MTR12560	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Subaúna	-12,221390	-37,793060	Brasil	BA
MTR12578	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Porto das Cabras	-10,785830	-36,978060	Brasil	SE
MTR12579	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Porto das Cabras	-10,785830	-36,978060	Brasil	SE
CHECOA3221	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Conde	-11,9503	-37,6119	Brasil	BA
MZUSP049526	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049528	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049529	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049530	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049531	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049532	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049533	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049536	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049537	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049539	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049540	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
MZUSP049541	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,797532	-36,999459	Brasil	SE
856001	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856002	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856003	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856005	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856000	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856004	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856006	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856007	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856008	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856009	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
856010	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>	Santo Amaro das Brotas	-10,787500	-37,071670	Brasil	SE
MTR10327	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Teixeiras	-20,656554	-42,856813	Brasil	MG

MTR10294	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Conceição da Barra	-18,424369	-39,705069	Brasil	ES
UFRGST621	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Imbituba	-28,23889	-48,65278	Brasil	SC
MTR20246	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Osasco	-23,529700	-46,772380	Brasil	SP
LG2146	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Viçosa	-20,765568	-42,867472	Brasil	MG
LSH031	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Viana	-20,38949	-40,49345	Brasil	ES
JC758	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Distrito de Miguel Rodrigues	Mariana	-20,378	-43,41668	Brasil	MG
JFT121	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Duas Bocas	-20,272868	-40,478545	Brasil	ES
JFT440	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Duas Bocas	-20,272868	-40,478545	Brasil	ES
JFT623	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Duas Bocas	-20,272868	-40,478545	Brasil	ES
MTR21388	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR21389	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR21390	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR21391	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR21392	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR21393	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Vitória	-20,270934	-40,276373	Brasil	ES
MTR17570	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	PE Rio Doce	Marliéria	-19,7755	-42,606	Brasil	MG
MTR17506	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	PE Rio Doce	Marliéria	-19,7631	-42,6314	Brasil	MG
MTR17522	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	PE Rio Doce	Marliéria	-19,7631	-42,6314	Brasil	MG
MTR12498	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Regência	Linhares	-19,63194	-39,88028	Brasil	ES
MTR12499	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Regência	Linhares	-19,63194	-39,88028	Brasil	ES
MTR12500	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Regência	Linhares	-19,63194	-39,88028	Brasil	ES
MTR21851	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,508525	-43,455807	Brasil	MG
MTR21775	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,497692	-43,460117	Brasil	MG
MTR21776	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,497692	-43,460117	Brasil	MG
MTR21813	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,493193	-43,442987	Brasil	MG
MTR21826	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,493193	-43,442987	Brasil	MG
MTR21631	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Serra dos Alves	-19,491825	-43,457069	Brasil	MG
MTR12021	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Floresta Nacional de Goytacazes		-19,44997	-40,08468	Brasil	ES

MTR12004	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Reserva da Companhia Vale do Rio Doce	Linhares	-19,1368	-40,06154	Brasil	ES
MTR12091	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Reserva da Companhia Vale do Rio Doce	Linhares	-19,1368	-40,06154	Brasil	ES
MTR12487	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	Reserva da Companhia Vale do Rio Doce	Linhares	-19,1368	-40,06154	Brasil	ES
MTR21544	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	REBIO Sooretama	Sooretama	-19,055600	-40,147300	Brasil	ES
MTR21565	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	REBIO Sooretama	Sooretama	-19,055600	-40,147300	Brasil	ES
MTR21595	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	REBIO Sooretama	Sooretama	-19,0556	-40,1473	Brasil	ES
MTR21580	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	REBIO Sooretama	Sooretama	-19,0556	-40,1473	Brasil	ES
MTR21590	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>	REBIO Sooretama	Sooretama	-19,0431	-39,9444	Brasil	ES
MTR12517	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Itaúnas	-18,42437	-39,70507	Brasil	ES
MTR12520	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Mucuri	-18,05555	-39,54966	Brasil	BA
MTR12521	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Mucuri	-18,05555	-39,54966	Brasil	BA
MTR12522	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Mucuri	-18,05555	-39,54966	Brasil	BA
MTR12523	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Mucuri	-18,05555	-39,54966	Brasil	BA
MTR33451	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>		Barrolândia	-16,091914	-39,215981	Brasil	BA
UFRGST620	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba (parátipo)</i>		Imbituba	-28,23889	-48,65278	Brasil	SC
GN057/TM358	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Guarantã do Norte	-9,6831	-54,9628	Brasil	MT
GN059/TM360	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Guarantã do Norte	-9,6831	-54,9628	Brasil	MT
LG1290*	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>	Fazenda Ipê	Vila Rica	-9,900000	-51,200000	Brasil	MT
LG1293	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>	Fazenda Ipê	Vila Rica	-9,900000	-51,200000	Brasil	MT
GN070	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Guarantã do Norte	-9,6831	-54,9628	Brasil	MT
GN076	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Guarantã do Norte	-9,6831	-54,9628	Brasil	MT
MZUSP006751	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006752	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006753	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006754	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006755	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006756	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006757	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA

MZUSP006758	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006759	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006760	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006761	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006762	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006764	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006765	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006766	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006767	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006768	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006769	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006770	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006771	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006772	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006773	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006783	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
MZUSP006750	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus (topótipo)</i>		Serra do Cachimbo	-8,361147	-56,047664	Brasil	PA
PHV2600	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	cerrado da Faz. Granada	Alto Taquari	-17,71000	-53,27000	Brasil	MT
PHV3047	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
PHV3086	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
946073	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946080	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
PHV2783	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946087	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946088	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946054	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	Serra da Pitomba	Barra do Garça	-15,816670	-52,166670	Brasil	MT
UFMT-R06993	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Vale de São Domingos	-15,0725	-58,5744	Brasil	MT
SJBH099	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Juara	-11,0586	-57,6248	Brasil	MT

SJBH095	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Nova Bandeirantes	-9,7688	-58,076	Brasil	MT
LG1154	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Tibagi	-24,505389	-50,445306	Brasil	PR
PHV2227	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Jaguariaíva	-24,244623	-49,705931	Brasil	PR
IT-H306	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	No matacão visto da estrada	Piedade	-23,719589	-47,415320	Brasil	SP
IT-H307	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	No matacão visto da estrada	Piedade	-23,719589	-47,415320	Brasil	SP
MTR23379	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Jacutinga	-22,260180	-46,661930	Brasil	MG
MTR21230	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	Morro do Cuscuzeiro	Analândia	-22,104731	-47,682422	Brasil	SP
907932	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Poços de Caldas	-21,777222	-46,560173	Brasil	MG
MTR21269	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Roque de Minas	-20,146369	-46,662758	Brasil	MG
MTR21270	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Roque de Minas	-20,146369	-46,662758	Brasil	MG
MTR21271	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Roque de Minas	-20,146369	-46,662758	Brasil	MG
JC1951	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Serra da Canastra	-20,146369	-46,662758	Brasil	MG
PHV2571	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>	Faz. Garrote	Alto Taquari	-18,04000	-53,17000	Brasil	MT
MTR11467	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Luziane	-16,323169	-48,180979	Brasil	GO
MZUSP069716	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069717	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069718	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069720	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069723	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069726	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069727	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069728	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069729	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069730	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069731	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069732	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069733	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
MZUSP069750	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT

MZUSP069751	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
UFMT-R10153	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Jaciara	-15,96528	-54,96833	Brasil	MT
MZUSP078765	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Barra do Garças	-15,816670	-52,166670	Brasil	MT
EESA642	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Porto Estrela	-15,6507	-57,2209	Brasil	MT
MZUSP079382	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Chapada dos Guimarães	-15,446276	-55,780935	Brasil	MT
UFMT-R06994	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Vale de São Domingos	-15,0725	-58,5744	Brasil	MT
UFMT-R06995	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Vale de São Domingos	-15,0725	-58,5744	Brasil	MT
UFMT-R06996	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Vale de São Domingos	-15,0725	-58,5744	Brasil	MT
PAR044	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Campinópolis	-13,8689	-53,1832	Brasil	MT
PAR039	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Paranatinga	-13,6764	-54,1082	Brasil	MT
SJBH069	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Juara	-11,0586	-57,6248	Brasil	MT
MZUSP043029	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MZUSP043030	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MZUSP043031	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MZUSP043032	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MZUSP043033	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MTR18097	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		Andradas	-22,1333	-46,5000	Brasil	MG
MTR18523	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MTR18525	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MTR18526	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MTR18527	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MTR18528	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MTR18529	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>		São Carlos	-21,9794	-47,8839	Brasil	SP
MZUSP043028	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere (topótipo)</i>		Sorocaba	-23,439337	-47,594371	Brasil	SP
MTR21729	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra dos Alves	-19,488697	-43,503858	1	MG
MTR21633	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra dos Alves	-19,488039	-43,499344	1	MG
MTR21634	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Serra dos Alves	Itabira	-19,488039	-43,499344		MG
MTR21748	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra dos Alves	-19,459812	-43,483108	1	MG

JC878	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	PARNA Serra do Cipó	Jaboticatubas	-19,326390	-43,528060	1	MG
887610	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Serra do Cipó		-19,258860	-43,552030	1	MG
887612	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Serra do Cipó		-19,258860	-43,552030		MG
JC1444	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,51947	-43,45047	1	MG
JC1449	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,51431	-43,44611	1	MG
JC1448	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,51414	-43,44611	1	MG
JC1459	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,48881	-43,46661	1	MG
JC1460	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,48881	-43,46661		MG
JC1461	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,48881	-43,46661		MG
JC1457	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,47472	-43,49833	1	MG
JC1458	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serro	-18,47472	-43,49833		MG
JC1421	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Diamantina	-18,24806	-43,69056	1	MG
JC1422	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Diamantina	-18,24806	-43,69056		MG
JC1423	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Diamantina	-18,24806	-43,69056		MG
JC1428	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Diamantina	-18,24111	-43,60333	1	MG
887658	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Diamantina	-18,237294	-43,603566	1	MG
887659	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Est. Diamantina		-18,237294	-43,603566		MG
887668	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Est. Diamantina		-18,237294	-43,603566		MG
JC1358	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Serra do Cabral	Augusto de Lima	-18,100910	-44,311060	1	MG
JC1363	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Augusto de Lima	-18,05106	-44,32694	1	MG
JC1324	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra do Cabral	-18,05106	-44,32694		MG
JC1328	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra do Cabral	-18,00056	-44,33622	1	MG
JC1361	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Augusto de Lima	-17,99742	-44,33908	1	MG
JC1373	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Grão-Mogol	-16,56767	-42,903	1	MG
JC1370	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Grão-Mogol	-16,56525	-42,90225	1	MG
MTR16596	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Afloramento 9 km S	Barroão	-16,418722	-43,293556	1	MG
MTR16598	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Afloramento 9 km S	Barroão	-16,418722	-43,293556		MG
MTR16442	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,152278	-41,978556	1	BA

MTR21696	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra dos Alves	-19,491838	-43,475734	1	MG
MTR21697	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>		Serra dos Alves	-19,4913	-43,4818	1	MG
916560	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Rio de Contas	-13,593379	-41,803278	Brasil	BA
MTR20102	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Abaíra	-13,296074	-41,907382	Brasil	BA
MTR20077	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Abaíra	-13,294722	-41,907944	Brasil	BA
MTR20073	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Cafolé de Cima	-13,285528	-41,888972	Brasil	BA
MTR20011	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20039	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20134	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Piatã	-13,044634	-41,770180	Brasil	BA
MTR20130	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Abaíra	-13,044001	-41,768993	Brasil	BA
MTR20049	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20040	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Serra do Bastião, Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20041	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Serra do Bastião, Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20042	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Serra do Bastião, Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20043	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Serra do Bastião, Mucugê	-13,104706	-41,632503	Brasil	BA
MTR20140	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Piatã	-13,044646	-41,770238	Brasil	BA
MTR20167	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Piatã	-13,044559	-41,770082	Brasil	BA
MTR20138	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		Piatã	-13,038921	-41,769904	Brasil	BA
MTR20323	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		PARNA Serra do Cipó	-19,358750	-43,619722	1	MG
MTR20368	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>		PARNA Serra do Cipó	-19,263500	-43,528417	1	MG
MTR16583	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>	Povoado da Bocaina	Grão Mogol	-16,231778	-42,862972	1	MG
MTR16547	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>	Chapada da Antena	Montezuma	-15,180330	-42,472190	1	MG
MTR16443	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>	Serra dos Cordeiros	Cordeiros	-15,152278	-41,978556		BA
MTR906024	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis (topótipo)</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA
LG124	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis (topótipo)</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA
CG343	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Chapada dos Guimarães	-15,1071	-55,5396	Brasil	MT
UFMT452	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Chapada dos Guimarães		-14,8717	-55,7856	Brasil	MT
MPEG21350	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Parque Nacional Serra da Cutia	Guajará-Mirim	-11,712584	-64,282191	Brasil	RO

MPEG21351	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Parque Nacional Serra da Cutia	Guajará-Mirim	-11,712584	-64,282191	Brasil	RO
SMS254	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
SMS255	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
CG005	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Cuiabá	-15,48	-55,8894	Brasil	MT
CG044	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Cuiabá	-15,48	-55,8894	Brasil	MT
M1245	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Chapada dos Guimarães	-14,8717	-55,7856	Brasil	MT
M877	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Chapada dos Guimarães	-14,8717	-55,7856	Brasil	MT
AP025	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Alto Paraguai	-14,7487	-56,6375	Brasil	MT
MZUSP064136	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064137	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064138	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064139	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064140	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064141	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064142	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064143	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064144	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064145	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064146	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064147	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064148	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064149	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064150	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064151	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MZUSP064152	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Santa Cruz da Serra	-10,672246	-62,629275	Brasil	RO
MTR11781	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Montenegro	-10,262017	-63,296329	Brasil	RO
MTR11782	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Montenegro	-10,262017	-63,296329	Brasil	RO
MZUSP060693	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO

MZUSP060694	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060695	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060696	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060697	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060698	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060699	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060700	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060701	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060702	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060703	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060704	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060705	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060706	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060707	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP060708	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,614478	-63,064381	Brasil	RO
MZUSP099927	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	FLONA Jamari	-9,457309	-63,078267	Brasil	RO
MZUSP060682	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060684	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060685	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060686	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060687	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060688	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060689	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060690	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060691	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP060692	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ariquemes	-9,280334	-63,159377	Brasil	RO
MZUSP041833	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Porto Velho	-8,805965	-63,946757	Brasil	RO
MZUSP003857	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO

MZUSP003858	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003859	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003860	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003861	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003862	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003864	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003865	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003866	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003867	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003868	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003869	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003870	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003871	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003872	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003873	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003874	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MZUSP003875	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
SMSXXX	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Velho	-8,799268	-63,773220	Brasil	RO
MTR23311	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO
MTR23967	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO
MTR14294	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EsEc Serra Geral do Tocantins		-11,311470	-46,935100	Brasil	TO
MTR14302	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EsEc Serra Geral do Tocantins		-11,311470	-46,935100	Brasil	TO
MTR14135	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,244210	-46,812670	Brasil	TO
MTR14944	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	BA
MTR17902	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		São Desidério	-12,352110	-44,984230	Brasil	BA
MTR17903	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		São Desidério	-12,352110	-44,984230	Brasil	BA
MTR17899	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		São Desidério	-12,252333	-45,019058	Brasil	BA
MTR23957	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO

MTR23966	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO
MTR23971	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO
MTR23976	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Formoso do Araguaia	-11,799486	-49,523375	Brasil	TO
MTR14775	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-11,147490	-46,818820	Brasil	TO
MTR14721	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-11,123820	-46,790770	Brasil	TO
MTR14722	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-11,120120	-46,786760	Brasil	TO
MTR14198	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-11,102520	-46,767730	Brasil	TO
MTR14292	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-11,102180	-46,766020	Brasil	TO
PHV2129	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-10,736830	-46,196930	Brasil	BA
LG1055	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Nacional	-10,700546	-48,412986	Brasil	TO
LG1053	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Nacional	-10,700546	-48,412986	Brasil	TO
MTR14945	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EE Serra Geral do Tocantins		-10,640070	-46,151480	Brasil	BA
MRT6818	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmas	-10,168890	-48,331720	Brasil	TO
MRT6653	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	UHE Lageado	Miracema/Lageado	-9,751410	-48,357530	Brasil	TO
MRT6717	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	UHE Lageado	Miracema/Lageado	-9,751410	-48,357530	Brasil	TO
MRT7522	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 17	Guaraí	-8,638570	-48,478020	Brasil	TO
MRT7495	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 7	Guaraí	-8,638570	-48,478020	Brasil	TO
ESTR1749	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,828333	-47,997222	Brasil	TO
UFMT-R05994	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Cuiabá	-15,605809	-56,06354	Brasil	MT
ESTR1811	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,828333	-47,997222	Brasil	TO
ESTR1835	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,828333	-47,997222	Brasil	TO
MRT7688	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 50	Babaçulândia	-7,207480	-47,763620	Brasil	TO
PV1907	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	PE09	Ananás	-6,316207	-48,187225	Brasil	TO
MTR14495	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,311470	-46,935100	Brasil	TO
MTR14746	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,311470	-46,935100	Brasil	TO
MTR14401	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,247580	-46,918080	Brasil	TO
MTR14620	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,247580	-46,918080	Brasil	TO
MTR14403	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,221030	-46,885690	Brasil	TO

MTR14404	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221030	-46,885690	Brasil	TO
MTR14840	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	BA
MTR14926	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	BA
MTR14927	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	BA
MTR14946	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	BA
MTR14236	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	TO
MTR14560	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	TO
MTR14238	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR17897	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	São Desidério	-12,252333	-45,019058	Brasil	BA
MTR26983	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Barreiras	-12,16100	-44,97937	Brasil	BA
MTR27001	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Barreiras	-12,16100	-44,97937	Brasil	BA
MTR14239	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14240	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14402	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14506	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,221030	-46,885690	Brasil	TO
MTR14559	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14615	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14713	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,184470	-46,844030	Brasil	TO
MTR14197	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,179270	-46,839630	Brasil	TO
MTR14395	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,179270	-46,839630	Brasil	TO
MTR14774	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,147490	-46,818820	Brasil	TO
MTR14221	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,120120	-46,786760	Brasil	TO
MTR14291	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,120120	-46,786760	Brasil	TO
MTR14492	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-11,102180	-46,766020	Brasil	TO
PHV2196	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-10,866930	-46,820900	Brasil	TO
PHV2197	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-10,866930	-46,820900	Brasil	TO
MTR14877	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-10,736830	-46,196930	Brasil	BA
PHV2128	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	EESGT	-10,736830	-46,196930	Brasil	BA

PHV2134	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Sudeste Serra Dourada	EESGT	-10,736830	-46,196930	Brasil	BA
MTR14919	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,725610	-46,212620	Brasil	BA
MTR14920	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,725610	-46,212620	Brasil	BA
MTR14918	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,725610	-46,212620	Brasil	TO
LG1054	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Porto Nacional	-10,700546	-48,412986	Brasil	TO
MTR14966	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,680030	-46,150800	Brasil	BA
PHV2132	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,680030	-46,150800	Brasil	BA
MTR14957	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,661340	-46,159240	Brasil	BA
MTR14406	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-11,221020	-46,885690	Brasil	TO
MTR14908	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,661340	-46,159240	Brasil	TO
MTR14902	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,619140	-46,114450	Brasil	BA
MTR14903	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,619140	-46,114450	Brasil	BA
MTR14880	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,624790	-46,133950	Brasil	BA
MTR14941	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,624790	-46,133950	Brasil	BA
MTR14835	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,619140	-46,114450	Brasil	BA
MTR14836	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,619140	-46,114450	Brasil	BA
MTR14904	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		EESGT	-10,619140	-46,114450	Brasil	BA
ESTR1558	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,861448	-47,927288	Brasil	TO
ESTR1650	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,861448	-47,927288	Brasil	TO
ESTR1771	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,861448	-47,927288	Brasil	TO
ESTR1634	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,828333	-47,997222	Brasil	TO
ESTR1799	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Palmeirante	-7,828333	-47,997222	Brasil	TO
916559	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Sudeste Serra Dourada	Rio de Contas	-13,593379	-41,803278	Brasil	BA
MTR15322	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>			-13,223330	-48,558330	Brasil	Divisa TO/GO
PHV4150	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Alto Paraíso de Goiás	-14,03415	-47,34227	Brasil	GO
PHV4177	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Alto Paraíso de Goiás	-14,03319	-47,40297	Brasil	GO
PHV4107	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Monte Alegre de Goiás	-13,37648	-46,9416	Brasil	GO
MTR33379	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Barreirinhas	-2,75319	-42,82695	Brasil	MA

MTR33318	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33319	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33320	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33321	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33323	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33324	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR33325	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
946084	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946085	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Barra do Garça	-15,854198	-52,269331	Brasil	MT
946079	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Barra do Garças	-15,893	-52,25992	Brasil	MT
87	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Canaã dos Carajás	-6,497372	-49,878436	Brasil	PA
89	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Canaã dos Carajás	-6,497372	-49,878436	Brasil	PA
946425	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Cerrado	Redenção	-8,049317	-49,953711	Brasil	PA
MRT2110	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 10	Uruçuí-Una	-8,847780	-44,973610	Brasil	PI
MRT2108	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 8	Uruçuí-Una	-8,847780	-44,973610	Brasil	PI
ESTR1832	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Goiatins	-7,887500	-47,916389	Brasil	TO
MRT4026	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Paranã	-12,583610	-47,868770	Brasil	TO
MRT4042	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Paranã	-12,583610	-47,867600	Brasil	TO
LG1672	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Peixe	-12,026220	-48,539620	Brasil	TO
PHV4151	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Alto Paraíso de Goiás	-14,034150	-47,342270	Brasil	GO
PHV4182	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Alvorada do Norte	-14,581500	-46,688890	Brasil	GO
PHV4238	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Cavalcante	-13,503690	-47,907970	Brasil	GO
MTR33322	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Buritis	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
1	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Marco Zero	Macapá	0,000541	-51,077914	Brasil	AP
2	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Marco Zero	Macapá	0,000541	-51,077914	Brasil	AP
ESTR00047	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00212	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR1312	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 53	Estreito	-6,729722	-47,455000	Brasil	MA

ESTR0713	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Linha E	Estreito	-6,729722	-47,455000	Brasil	MA
MPEG23455	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Belém	-1,455020	-48,502370	Brasil	PA
MPEG30137	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Belém	-1,455020	-48,502370	Brasil	PA
MPEG28715	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Marabá	-5,372010	-49,279930	Brasil	PA
MPEG26840	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Mocajuba	-2,584170	-49,507220	Brasil	PA
PV1228	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ponte 2	São Geraldo do Araguaia	-6,244814	-48,475072	Brasil	PA
PV1240	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Ponto Coroa 2	São Geraldo do Araguaia	-6,272239	-48,472261	Brasil	PA
MRT7811	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Estação 46	Babaçulândia	-7,207480	-47,763620	Brasil	TO
PV1273	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Linha A'	Santa Fé do Araguaia	-6,746100	-48,772330	Brasil	TO
PV1274	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Linha A'	Santa Fé do Araguaia	-6,746100	-48,772330	Brasil	TO
PV1014	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>	Linha B'	Xambioá	-6,441550	-48,560230	Brasil	TO
ESTR00107	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00108	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00113	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00114	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00117	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00118	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00213	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00282	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00283	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00284	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00285	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
ESTR00343	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Carolina	-7,257500	-47,518611	Brasil	MA
MTR33846	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Peixe-Boi	-1,19368	-47,31713	Brasil	PA
MZUSP072573	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Serra dos Carajás	-5,900000	-49,883333	Brasil	PA
MZUSP072574	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>		Serra dos Carajás	-5,900000	-49,883333	Brasil	PA
MTR33317	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus (topótipo)</i>		Buritit	-15,59533	-46,24943	Brasil	MG
MTR906422	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Queimadas	-10,56313	-42,66398	Brasil	BA

916205	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Barra	-11,083330	-43,150000	Brasil	BA
916212	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Barra	-11,083330	-43,150000	Brasil	BA
916213	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Barra	-11,083330	-43,150000	Brasil	BA
916214	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Barra	-11,083330	-43,150000	Brasil	BA
916215	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Barra	-11,083330	-43,150000	Brasil	BA
MRT3585	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>	Início das dunas de Icatú	Mocambo do Vento	-10,820280	-42,873890	Brasil	
MRT3586	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>	Início das dunas de Icatú	Mocambo do Vento	-10,820280	-42,873890	Brasil	
876444	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
876445	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
MRT03684	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
MRT03685	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
MZUSP068581	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
MZUSP068585	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	BA
MRT3551	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	
MRT3546	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Ibiraba	-10,800000	-42,833330	Brasil	
MTR906498	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>		Queimadas	-10,56313	-42,66398	Brasil	BA
MTR906445	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>	Dunas margem esquerda do Rio São Francisco	Queimadas	-10,563130	-42,663980	Brasil	BA
MTR20214	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Barra Grande	-14,113488	-38,975491	Brasil	BA
MD1758	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Una	-15,26956	-39,06942	Brasil	BA
MTR12543	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Una	-15,26956	-39,06942	Brasil	BA
MTR12544	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Una	-15,26956	-39,06942	Brasil	BA
MTR21386	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Una	-15,26956	-39,06942	Brasil	BA
MTR21387	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Una	-15,26956	-39,06942	Brasil	BA
MTR13464	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Fazenda Serra Bonita	Trancoso	-15,37992	-39,54244	Brasil	BA
MTR15927	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,3815	-39,5694	Brasil	BA
MTR15960	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,3815	-39,5694	Brasil	BA
MTR15961	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,3815	-39,5694	Brasil	BA
MTR16086	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,384	-39,5605	Brasil	BA

MTR16253	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,3901	-39,563	Brasil	BA
MTR15934	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra Bonita	Camacan	-15,4199	-39,5436	Brasil	BA
MTR13622	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Camacan	-15,42346	-39,54068	Brasil	BA
MTR13654	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Camacan	-15,42346	-39,54068	Brasil	BA
UFRGST3267	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Belmonte	-15,861256	-38,87614	Brasil	BA
UFRGST3268	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Belmonte	-15,861256	-38,87614	Brasil	BA
MTR12537	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	próximo a Santo André	Santa Cruz de Cabrália	-16,22583	-38,99889	Brasil	BA
MTR12538	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	próximo a Santo André	Santa Cruz de Cabrália	-16,22583	-38,99889	Brasil	BA
MTR17257	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,33291	-41,01066	Brasil	MG
MTR17382	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,3395	-41,0899	Brasil	MG
MTR17383	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,3395	-41,0899	Brasil	MG
MTR17384	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,339460	-41,089884	Brasil	MG
MTR17401	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,3413	-40,9971	Brasil	MG
MTR17233	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,34158	-40,99797	Brasil	MG
MTR17338	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,341690	-40,996639	Brasil	MG
MTR17285	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,3420	-40,9966	Brasil	MG
MTR17206	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,3455	-40,9794	Brasil	MG
MTR17126	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	REBIO da Mata Escura	Jequitinhonha	-16,346191	-40,988361	Brasil	MG
MTR12530	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	APA Coroa Vermelha	Porto Seguro	-16,36556	-39,01056	Brasil	BA
MTR12531	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	APA Coroa Vermelha	Porto Seguro	-16,36556	-39,01056	Brasil	BA
MTR12532	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	APA Coroa Vermelha	Porto Seguro	-16,36556	-39,01056	Brasil	BA
MTR13435	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Fazenda Nova Alegria	Trancoso	-16,5545	-39,12303	Brasil	BA
MTR13409	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Fazenda Nova Alegria	Trancoso	-16,55522	-39,12444	Brasil	BA
MTR13448	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Fazenda Nova Alegria	Trancoso	-16,55522	-39,12444	Brasil	BA
MTR13647	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Fazenda Nova Alegria	Trancoso	-16,55522	-39,12444	Brasil	BA
MTR13433	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Pousada Aldeia das Cores	Trancoso	-16,58667	-39,09133	Brasil	BA
MRT1250	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE de Rosal	Guaçuí	-20,85036	-41,72112	Brasil	ES
MRT1249	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE de Rosal	Guaçuí	-20,85036	-41,72112	Brasil	ES

MTR33034	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		PARNA Caparaó	-20,421285	-41,788282	Brasil	ES
MTR33035	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		PARNA Caparaó	-20,421285	-41,788282	Brasil	ES
MTR33373	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Presidente Kennedy	-21,298778	-40,961944	Brasil	ES
MTR33374	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Presidente Kennedy	-21,282417	-40,963583	Brasil	ES
MTR33375	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Presidente Kennedy	-21,282417	-40,963583	Brasil	ES
MTR33376	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Presidente Kennedy	-21,298778	-40,961944	Brasil	ES
MTR15764	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,60514	-41,80175	Brasil	ES
MTR15782	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,60514	-41,80175	Brasil	ES
MTR33015	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Vila de Pedra Menina	Dores do Rio Preto	-20,537862	-41,804750	Brasil	ES/MG
MTR13446	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Pousada Aldeia das Cores	Trancoso	-16,58667	-39,09133	Brasil	BA
MTR13447	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Pousada Aldeia das Cores	Trancoso	-16,58667	-39,09133	Brasil	BA
MTR13468	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Mirante do Rio Verde	Trancoso	-16,60158	-39,10544	Brasil	BA
MTR13469	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Mirante do Rio Verde	Trancoso	-16,60158	-39,10544	Brasil	BA
926155	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
926155B	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
926156A	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
926156B	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
926157A	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
926157B	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Prado	-17,317225	-39,230081	Brasil	BA
MTR11554	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,42133	-41,8531	Brasil	MG
MTR11600	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,42133	-41,8531	Brasil	MG
MTR15431	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,42133	-41,8531	Brasil	MG
MTR21231	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Ilha Grande	Angra dos Reis	-23,16703	-44,13178	Brasil	RJ
MTR21232	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Ilha Grande	Angra dos Reis	-23,16703	-44,13178	Brasil	RJ
MTR21233	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Ilha Grande	Angra dos Reis	-23,16703	-44,13178	Brasil	RJ
MTR21234	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Ilha Grande	Angra dos Reis	-23,16703	-44,13178	Brasil	RJ
UFRGST3265	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arraial do Cabo	-22,965737	-42,027987	Brasil	RJ
UFRGST3266	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arraial do Cabo	-22,965737	-42,027987	Brasil	RJ

MTR21235	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Maricá	Barra de Maricá	-22,96254	-42,8595	Brasil	RJ
MTR21236	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Maricá	Barra de Maricá	-22,96254	-42,8595	Brasil	RJ
MTR21237	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Maricá	Barra de Maricá	-22,96254	-42,8595	Brasil	RJ
MTR33366	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,247250	-41,587556	Brasil	RJ
MTR33367	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,247250	-41,587556	Brasil	RJ
MTR33368	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,239028	-41,565028	Brasil	RJ
MTR33369	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,239028	-41,565028	Brasil	RJ
MTR33370	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,239028	-41,565028	Brasil	RJ
MTR33371	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,239028	-41,565028	Brasil	RJ
MTR33372	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Carapebus	-22,235250	-41,554806	Brasil	RJ
MZUSP054907	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i> (neótipo)	PARNA Restinga de Jurubatiba	Carapebus	-22,23333	-41,56667	Brasil	RJ
MTR21238	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR21239	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR21240	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR21241	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR21242	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR21243	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga da Marambaia	São Gonçalo	-23,0503	-43,65356	Brasil	RJ
MTR33377	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Barra do Açu	São João da Barra	-21,851528	-40,997972	Brasil	RJ
MTR33378	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Barra do Açu	São João da Barra	-21,857417	-41,000250	Brasil	RJ
MTR21250	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Grussaí	São João da Barra	-21,73684	-41,03224	Brasil	RJ
MTR21251	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Grussaí	São João da Barra	-21,73684	-41,03224	Brasil	RJ
MTR21244	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR21245	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR21246	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR21247	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR21248	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR21249	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Restinga de Jacarepiá	Saquarema	-22,93346	-42,45356	Brasil	RJ
MTR22777	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Teresópolis	-22,4269	-43,0501	Brasil	RJ

MZUSP013449	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP013450	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP013451	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP013452	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069595	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069596	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069597	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069598	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069599	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069600	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069601	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069602	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069603	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069604	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069605	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069606	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069607	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069608	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069609	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MZUSP069610	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arquipélago de Abrolhos	-17,963946	-38,696245	Brasil	BA
MTR10716	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,42133	-41,8531	Brasil	MG
UFMT-R07380	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Rosário Oeste	-14,6628	-55,8278	Brasil	MT
UFMT-R05994	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,48	-55,8894	Brasil	MT
MTR10784	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	PARNA Caparaó		-20,42133	-41,8531	Brasil	MG
MRT7662	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Babaçulândia	-7,20748	-47,76362	Brasil	TO
MRT7687	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Babaçulândia	-7,20748	-47,76362	Brasil	TO
MRT06716	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06638	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO

MRT06654	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06715	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06722	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06768	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06769	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT06782	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT7037	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	UHE Lajeado		-9,75141	-48,35753	Brasil	TO
MRT6819	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Palmas	-10,16889	-48,33172	Brasil	TO
MTR23931	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23959	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23978	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23961	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,819592	-49,491236	Brasil	TO
MTR23970	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23981	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MRT4109	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Paraná	-12,61618	-47,88365	Brasil	TO
PHV2519	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Água Boa	-14,050477	-52,153993	Brasil	MT
UFMT-R07380	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Rosário Oeste	-14,6628	-55,8278	Brasil	MT
LG 1559	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	APM Manso		-14,86667	-55,8	Brasil	MT
LG1301	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Pindaíba	-14,96454	-52,30278	Brasil	MT
LG1302	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Pindaíba	-14,96454	-52,30278	Brasil	MT
MTR33326	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6084	-56,0544	Brasil	MT
CP14A	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,608668	-56,056314	Brasil	MT
CP15A	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,609068	-56,056266	Brasil	MT
MTR23989	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Arinos	-15,910714	-46,113217	Brasil	MG
JC1359	3 - Mol+Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Augusto de Lima	18,100910	44,311060	Brasil	MG
MTR23950	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23951	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23953	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO

MTR23972	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,789514	-49,764369	Brasil	TO
MTR23968	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,819592	-49,491236	Brasil	TO
MTR23973	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,819592	-49,491236	Brasil	TO
MTR23974	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,819592	-49,491236	Brasil	TO
MTR24032	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,819592	-49,491236	Brasil	TO
MTR23307	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23312	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23932	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23933	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23940	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23941	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23948	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23949	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
1702	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Cuiabá	-15,215339	-56,500131	Brasil	MT
MTR23954	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23956	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23960	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23962	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23963	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23964	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23969	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23979	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23980	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
MTR23982	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Formoso do Araguaia	-11,854219	-49,420411	Brasil	TO
UFMT-R02462	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	APM Manso	-14,8717	-55,7856	Brasil	MT
UFMT-R03038	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R03190	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R03543	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>	Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT

UFMT-R03767	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R04186	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R04256	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R04565	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R04883	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R05377	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R05724	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R05827	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,605809	-56,06354	Brasil	MT
UFMT-R05910	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,605809	-56,06354	Brasil	MT
UFMT-R05913	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R07123	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R08630	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Cuiabá	-15,6058	-56,0635	Brasil	MT
UFMT-R00144	2 - Só Morf	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>		Poconé	-16,7845	-56,9485	Brasil	MT
MTR13078	1 - Só Mol	<i>Uranoscodon</i>	<i>superciliosum</i>	Pacamiri, Rio Abacaxis		-4,596940	-58,220560	Brasil	AM
MTR18147	1 - Só Mol	<i>Agama</i>	<i>agama</i>	Parque Natural das Lagoas de Cufada	Buba Tumbó	11,6447	-15,0056	Guiné-Bissau	
MTR16375	1 - Só Mol	<i>Strobilurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra das Lontras	Arataca	-15,192550	-39,346870	Brasil	BA
MTR16418	1 - Só Mol	<i>Strobilurus</i>	<i>torquatus</i>	Serra das Lontras	Arataca	-15,192550	-39,346870	Brasil	BA
946188B	1 - Só Mol	<i>Strobilurus</i>	<i>torquatus</i>		Itabuna	-14,8194	-39,2619	Brasil	BA
946189B	1 - Só Mol	<i>Strobilurus</i>	<i>torquatus</i>		Itabuna	-14,8194	-39,2619	Brasil	BA
2987	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>guarani</i>	APM Manso		-14,866670	-55,800000	Brasil	MT
946104	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>spinulosus</i>		Alto Araguaia	-17,313613	-53,220736	Brasil	MT
LG1170	1 - Só Mol	<i>Microlophus</i>	<i>quadrivittatus</i>		Punta Blanca	-24,521078	-69,711387	Chile	
887597	1 - Só Mol	<i>Eurolophosaurus</i>	<i>nanuzae</i>	Serra do Cipó		-19,258860	-43,552030	Brasil	MG
MTR11349	1 - Só Mol	<i>Eurolophosaurus</i>	<i>amathites</i>		Santo Inácio	-11,111110	-42,721940	Brasil	BA
MRT6203	1 - Só Mol	<i>Plica</i>	<i>plica</i>	Alto do rio Maracá		0,024170	-51,897220	Brasil	AP
MTR12672	1 - Só Mol	<i>Plica</i>	<i>umbra</i>	Igarapé Açu, Rio Abacaxis		-4,344170	-58,635000	Brasil	AM
AMNHFS20255	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA
AMNHFS20256	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA

AMNHFS20260	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA
AMNHFS20264	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA
AMNHFS20257	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	RPPN Pé da Serra, Serra do Arame	Ibotirama	-12,144596	-43,057807	Brasil	BA
228	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>semitaeniatus</i>		Ibateguara	-8,975908	-35,927825	Brasil	AL
221	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>semitaeniatus</i>		Ibateguara	-8,975908	-35,927825	Brasil	AL
MTR11913	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>semitaeniatus</i>		Farias Brito	-6,928417	-39,592611	Brasil	CE
JC1165	1 - Só Mol	<i>Tropidurus</i>	<i>semitaeniatus</i>		Mucugê	-13,011746	-41,388877	Brasil	BA

Anexo III: Tabela I: Material sequenciado, com tamanho da soma dos fragmentos sequenciados com sucesso. Em negrito, as amostras das localidades-tipo sequenciadas. Legenda do Táxon corresponde a Espécie_Localidade_UF_Amostra. Sigla das espécies na Tabela II e das Localidades na Tabela III

Taxon	Tamanho	Genes feitos	16S	cytb	kif 24	PRLR	PTPN
AAGA PNLC GBA MTR18147	1381 bp	2	580 (1 'N', 53 indels)	(-)	(-)	(-)	801 (45 'N')
EAMA SIN BA MTR11349	3283 bp	5	580 (3 'N', 28 indels)	749 (101 'N')		573 580 (22 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
ENAN CIPO MG 887597	2534 bp	4	580 (1 'N', 28 indels)	(-)	573 (22 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
MQUA PUNB CH LG1170	3283 bp	5	580 (6 'N', 20 indels)	749 (8 'N')	573 (13 'N')	580 (9 'N')	801 (32 'N', 3 indels)
PPLI RMIGC AP MRT6203	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749 (30 'N')	573 (51 'N', 9 indels)	580 (24 'N')	801 (3 indels)
PUMB RAIGA AM MTR12672	3283 bp	5	580 (30 indels)	749 (21 'N')	573 (23 'N', 9 indels)		580 801 (3 indels)
STOR ARA BA MTR16375	3283 bp	5	580 (40 'N', 27 indels)	749 (95 'N')	573 (9 indels)	580 (21 'N', 18 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
STOR ARA BA MTR16418	3283 bp	5	580 (12 'N', 27 indels)	749 (47 'N')	573 (11 'N', 9 indels)	580 (8 'N', 18 indels)	801 (56 'N', 3 indels)
STOR GUA CE MTR00173	1902 bp	3	580 (45 'N', 26 indels)	749 (99 'N')	573 (121 'N', 11 indels)	(-)	(-)
STOR ITAB BA 946188B	2710 bp	4	580 (24 'N', 27 indels)	749 (13 'N')	(-)	580 (21 'N', 18 indels)	801 (212 'N', 3 indels)
STOR ITAB BA 946189B	2482 bp	4	580 (38 'N', 27 indels)	749 (23 'N')	573 (98 'N', 9 indels)	580 (16 'N', 18 indels)	(-)
TCAT ALE RS UFRGST119	3283 bp	5	580 (20 indels)	749 (34 'N')	573 (65 'N')	580 (3 indels)	801 (61 'N', 3 indels)
TCAT ALE RS UFRGST120	2482 bp	4	580 (107 'N', 20 indels)	749 (96 'N')	573 (100 'N')	580 (3 indels)	(-)
TCAT ARA RS UFRGST1691	2710 bp	4	580 (37 'N', 21 indels)	749 (55 'N')	(-)	580 (3 indels)	801 (197 'N', 3 indels)
TCAT ARA RS UFRGST1692	2703 bp	4	580 (18 'N', 21 indels)	749 (57 'N')	573 (26 'N')	(-)	801 (143 'N', 3 indels)
TCAT CNOV SC UFRGST1221	3283 bp	5	580 (33 'N', 20 indels)	749 (42 'N')	573 (4 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (122 'N', 3 indels)
TCAT CNOV SC UFRGST1222	3283 bp	5	580 (20 indels)	749 (81 'N')	573 (13 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (159 'N', 3 indels)
TCAT CNOV SC UFRGST1679	3283 bp	5	580 (1 'N', 20 indels)	749 (18 'N')	573 (15 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (126 'N', 3 indels)
TCAT CRA SC UFRGST1678	3283 bp	5	580 (18 indels)	749 (76 'N')	573 (14 'N')	580 (3 indels)	801 (148 'N', 3 indels)
TCAT IPU SC UFRGST1451	2482 bp	4	580 (90 'N', 18 indels)	749 (19 'N')	573 (30 'N')	580 (3 indels)	(-)
TCAT IPU SC UFRGST1452	3283 bp	5	580 (38 'N', 18 indels)	749 (27 'N')	573 (10 'N')	580 (3 indels)	801 (124 'N', 3 indels)
TCAT MVI RS UFRGST2890	1954 bp	3	(-)	(-)	573 (13 'N')	580 (3 indels)	801 (76 'N', 3 indels)

TCAT MVI RS UFRGST2891	2534 bp	4	580 (20 indels)	(-) 749 (140 'N')	573 (13 'N')	580 (3 indels)	801 (79 'N', 3 indels)
TCAT SFA RS UFRGST1269	3283 bp	5	580 (42 'N', 19 indels)	749 (54 'N')	573 (12 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (292 'N', 3 indels)
TCAT SFA RS UFRGST1270	2482 bp	4	580 (99 'N', 21 indels)	749 (67 'N')	573 (17 'N')	580 (3 indels)	(-)
TCAT SSIM SP MTR33313	3283 bp	5	580 (75 'N', 19 indels)	749 (15 'N')	573 (29 'N')	580 (26 'N', 3 indels)	801 (8 'N', 3 indels)
TCAT SSIM SP MTR33314	3283 bp	5	580 (32 'N', 18 indels)	749 (45 'N')	573 (23 'N')	580 (118 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TCAT SSIM SP MTR33315	3283 bp	5	580 (56 'N', 19 indels)	749 (48 'N')	573 (27 'N')	580 (25 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TCOC CAT PE ACG97	3283 bp	5	580 (19 indels)	749 (31 'N')	573 (57 'N', 6 indels)	580 (21 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TCOC CATPN PE MTR15364	3283 bp	5	580 (4 'N', 19 indels)	749 (42 'N')	573 (19 'N', 6 indels)	580 (19 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TCOC CATPN PE MTR15397	3283 bp	5	580 (19 indels)	749 (40 'N')	573 (1 'N', 6 indels)	580 (21 'N', 3 indels)	801 (7 'N', 3 indels)
TCOC MORC BA MTR906038	2482 bp	4	580 (3 'N', 23 indels)	749 (125 'N')	573 (9 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
TCOC MORC BA MTR906039	2482 bp	4	580 (23 indels)	749 (40 'N')	573 (19 'N')	580 (4 'N', 3 indels)	(-)
TCOC MUG BA MTR906085	3283 bp	5	580 (2 'N', 23 indels)	749 (98 'N')	573 (8 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (95 'N', 3 indels)
TCOC MUG BA MTR906086	3283 bp	5	580 (2 'N', 23 indels)	749 (254 'N')	573 (9 'N', 6 indels)	580 (21 'N', 3 indels)	801 (133 'N', 3 indels)
TCOC NOR BA MTR907076	3283 bp	5	580 (9 'N', 17 indels)	749 (53 'N')	573 (6 'N', 6 indels)	580 (16 'N', 3 indels)	801 (197 'N', 3 indels)
TCOC NOR BA MTR907077	3283 bp	5	580 (16 'N', 17 indels)	749 (42 'N')	(-)	(-)	(-)
TCOC VAC BA 916234	1329 bp	2	580 (4 'N', 22 indels)	749 (22 'N')	573 (188 'N')	(-)	(-)
TCOC VAC BA 916235	1902 bp	3	580 (22 indels)	749 (183 'N')	573 (13 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (4 'N', 3 indels)
TCOC VAC BA ACG72	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (78 'N')	573 (3 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	(-)
TCOC VAC BA ACG73	2482 bp	4	580 (70 'N', 20 indels)	749 (17 'N')	573 (1 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TERY ASPE BA MTR906588	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (26 'N')	573 (6 'N')	(-)	801 (45 'N', 3 indels)
TERY GAMA BA ACG33	2703 bp	4	580 (2 'N', 24 indels)	749 (60 'N')	573 (20 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (71 'N', 3 indels)
TERY GAMA BA ACG34	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (32 'N')	(-)	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TERY GENT BA MRT3261	2710 bp	4	580 (1 'N', 24 indels)	749 (32 'N')	573 (8 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
TERY GENT BA MRT3262	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (57 'N')	573 (23 'N')	(-)	(-)
TERY MORC BA 916484	1902 bp	3	580 (21 'N', 24 indels)	749 (1 'N')	573 (13 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (14 'N', 3 indels)
TERY MORC BA MTR906087	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (13 'N')	573 (7 'N')	580 (25 'N', 3 indels)	801 (37 'N', 3 indels)
TERY SIN BA LG123	3283 bp	5	580 (24 indels)				

TERY VAC BA 916237	1902 bp	3	580 (3 'N', 24 indels)	749 (32 'N')	573 (21 'N')	(-)	(-)
TERY VAC BA 916238	1902 bp	3	580 (1 'N', 24 indels)	749 (81 'N')	573 (53 'N')	(-)	(-)
TERY VACME BA MTR916239	3283 bp	5	580 (53 'N', 24 indels)	749 (57 'N')	573 (7 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (32 'N', 3 indels)
TETH ARG FML02672	1329 bp	2	580 (22 indels)	749 (99 'N')	(-)	(-)	(-)
TETH ARI MG MTR23991	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (57 'N')	573 (7 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TETH CAC MT BD246	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (109 'N')	573 (18 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (135 'N', 3 indels)
TETH CAE BA 916015	1329 bp	2	580 (70 'N', 24 indels)	749 (24 'N')	(-)	(-)	(-)
TETH CONDFS BA MTR16481	3283 bp	5	580 (12 'N', 24 indels)	749 (27 'N')	573 (12 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TETH CONDFS BA MTR16482	1329 bp	2	580 (63 'N', 24 indels)	749 (27 'N')	(-)	(-)	(-)
TETH CONDFS BA MTR16483	2482 bp	4	580 (24 indels)	749 (84 'N')	573 (22 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
TETH COR MS PNP187	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (57 'N')	573 (21 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
TETH COR MS PNP188	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (30 'N')	573 (12 'N')	580 (3 indels)	(-)
TETH COR MS PNP189	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (33 'N')	573 (3 'N')	580 (3 indels)	(-)
TETH COR MS UFMT6693	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (223 'N')	573 (21 'N')	580 (3 indels)	(-)
TETH CORCE ARG LJAMCNP11779	2482 bp	4	580 (10 'N', 22 indels)	749 (53 'N')	573 (3 'N')	580 (20 'N', 3 indels)	(-)
TETH CORR BA MTR27051	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (71 'N')	573 (19 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (132 'N', 3 indels)
TETH CORR BA MTR27090	3283 bp	5	580 (23 indels)	749 (64 'N')	573 (19 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
TETH FUESP ARG LG1096	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (48 'N')	573 (20 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (95 'N', 3 indels)
TETH PERU MG MTJ0017	3283 bp	5	580 (7 'N', 24 indels)	749 (79 'N')	573 (13 'N')	580 (14 'N', 54 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TETH PERU MG MTJ0018	3283 bp	5	580 (23 'N', 24 indels)	749 (21 'N')	573 (17 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (14 'N', 3 indels)
TETH PERU MG MTJ0019	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (46 'N')	573 (3 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TETH PERU MG MTJ0112	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (83 'N')	573 (4 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TETH PERU MG MTJ0118	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (167 'N')	573	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TETH SALAN ARG LJAMCNP12053	2482 bp	4	580 (22 indels)	749 (37 'N')	573 (1 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	(-)
TETH SALMAT ARG LJAMCNP12062	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (83 'N')	573 (1 'N')	580 (3 indels)	801 (60 'N', 3 indels)
TETH SALON ARG LJAMCNP12056	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (37 'N')	573	580 (19 'N', 3 indels)	801 (133 'N', 3 indels)
TETH SDEOA ARG LJAMCNP12114	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (37 'N')	573	580 (3 indels)	801 (3 indels)

TETH SDES BA MTR17898	749 bp	1	(-)	749 (79 'N')	(-)	(-)	(-)
TETH TANS MT PAM05	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (4 'N')	573 (21 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (116 'N', 3 indels)
TGUA APMM MT 2987	3283 bp	5	580 (81 'N', 27 indels)	749 (20 'N')	573 (62 'N', 9 indels)	580 (25 'N')	801 (101 'N', 6 indels)
THIS ALA BA MTR11239	2482 bp	4	580 (5 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (52 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	(-)
THIS ALA BA MTR886945	3283 bp	5	580 (34 'N', 24 indels)	749 (29 'N')	573 (69 'N')	580 (20 'N', 3 indels)	801 (139 'N', 3 indels)
THIS AND BA MTR19721	3283 bp	5	580 (41 'N', 24 indels)	749	573 (64 'N')	580 (5 'N', 3 indels)	801 (90 'N', 3 indels)
THIS AUL MG JC1357	3283 bp	5	580 (11 'N', 24 indels)	749 (29 'N')	573 (59 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (87 'N', 3 indels)
THIS BARR BA MTR26947	2482 bp	4	580 (24 indels)	749	573 (19 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	(-)
THIS BARR BA MTR26981	2482 bp	4	580 (24 indels)	749	573 (21 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	(-)
THIS BARR BA MTR26982	1902 bp	3	580 (24 indels)	749	573 (24 'N')	(-)	(-)
THIS BARRE MA MTR33379	1961 bp	3	580 (3 'N', 24 indels)	(-)	(-)	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS CAMF BA LG1338	2710 bp	4	580 (12 'N', 24 indels)	749 (8 'N')	(-)	580 (8 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
THIS CAMF BA MTR24501	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (71 'N', 3 indels)	580 (3 indels)	801 (53 'N', 3 indels)
THIS CAMF BA MTR24511	1329 bp	2	580 (24 indels)	749 (1 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS CAMVA BA MTR17878	1329 bp	2	580 (11 'N', 24 indels)	749 (5 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS CANU BA MTR23271	1329 bp	2	580 (24 indels)	749 (17 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS CARA PI MTR15001	3283 bp	5	580 (9 'N', 24 indels)	749 (61 'N')	573	580 (9 'N', 3 indels)	801 (14 'N', 3 indels)
THIS CARSM CE MTR11923	1329 bp	2	580 (2 'N', 24 indels)	749 (23 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS CATFPS PE MTR15398	3283 bp	5	580 (53 'N', 24 indels)	749 (1 'N')	573 (14 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
THIS CGO PI CGERV0004	2703 bp	4	580 (19 'N', 24 indels)	749	573 (14 'N')	(-)	801 (146 'N', 3 indels)
THIS CGO PI CGERV018	3283 bp	5	580 (2 'N', 23 indels)	749	573 (124 'N')	580 (76 'N', 3 indels)	801 (74 'N', 3 indels)
THIS CIPO MG 887599	3283 bp	5	580 (92 'N', 23 indels)	749	573 (100 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
THIS CIPO MG 887600	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749	573 (119 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
THIS CIPOP N MG MTR19707	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (60 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (83 'N', 3 indels)
THIS COND BA MTR16480	2482 bp	4	580 (17 'N', 24 indels)	749	573 (113 'N')	580 (3 indels)	(-)
THIS CONDFS A BA MTR16486	3283 bp	5	580 (45 'N', 24 indels)	749 (5 'N')	573 (24 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (42 'N', 3 indels)
THIS CONTSI BA MTR23833	2130 bp	3	580 (24 indels)	749	(-)	(-)	801 (57 'N', 3 indels)
THIS CONTSI BA MTR23918	2703 bp	4	580 (24 indels)	749 (4 'N')	573	(-)	801 (156 'N', 3 indels)

THIS CORDDSC BA MTR16440	3283 bp	5	580 (66 'N', 24 indels)	749 (67 'N')	573 (11 'N')	580 (3 indels)	801 (28 'N', 3 indels)
THIS CORDPA BA MTR16446	3283 bp	5	580 (19 'N', 24 indels)	749 (6 'N')	573 (34 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
THIS CORDSC BA MTR16441	3283 bp	5	580 (26 'N', 24 indels)	749 (7 'N')	573 (2 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (145 'N', 3 indels)
THIS CORR BA MTR27030	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (20 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
THIS CORR BA MTR27031	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (20 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (275 'N', 3 indels)
THIS CRAT CE MTR11921	1329 bp	2	580 (120 'N', 24 indels)	749 (14 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS CRISRI MG JC1401	3283 bp	5	580 (50 'N', 21 indels)	749 (15 'N')	573 (8 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (45 'N', 3 indels)
THIS FLORI PI MPEG26883	3283 bp	5	580 (40 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (9 'N')	580 (3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
THIS FLORI PI MPEG26884	2703 bp	4	(-)	749 (47 'N')	573 (19 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (74 'N', 3 indels)
THIS FLORI PI MPEG26885	3283 bp	5	580 (114 'N', 24 indels)	749 (50 'N')	573 (11 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (46 'N', 3 indels)
THIS GAMA BA ACG16	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (34 'N')	573 (3 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
THIS GAMA BA ACG24	2710 bp	4	580 (24 indels)	749 (36 'N')	(-)	580 (15 'N', 3 indels)	801 (50 'N', 3 indels)
THIS GENT BA MTR11351	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (13 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (35 'N', 3 indels)
THIS GRAM MG JC1406	3283 bp	5	580 (48 'N', 20 indels)	749 (76 'N')	573 (3 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (40 'N', 3 indels)
THIS GRAMPB MG MTR16556	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (1 'N')	573 (8 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS GRAMPB MG MTR16560	2534 bp	4	580 (7 'N', 24 indels)	(-)	573 (3 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (8 'N', 3 indels)
THIS GRAMPB MG MTR16563	3283 bp	5	580 (3 'N', 24 indels)	749 (77 'N')		573 580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS GRAMPB MG MTR16573	3283 bp	5	580 (16 'N', 24 indels)	749	573 (26 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (38 'N', 3 indels)
THIS GUAI BA MTR12546	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (7 'N')	580 (3 indels)	801 (37 'N', 3 indels)
THIS GUAI BA MTR12547	3283 bp	5	580 (7 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (21 'N')	580 (3 indels)	801 (151 'N', 3 indels)
THIS HMAR GF MTR11419	2482 bp	4	580 (75 'N', 24 indels)	749 (12 'N')	573 (97 'N')	580 (3 indels)	(-)
THIS HMAR GF MTR11420	1902 bp	3	(-)	749 (70 'N')	573 (80 'N')	580 (3 indels)	(-)
THIS IBO BA AMNHFS20261	3283 bp	5	580 (29 'N', 24 indels)	749 (27 'N')	573 (13 'N')	580 (1 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
THIS IBO BA AMNHFS20265	3283 bp	5	580 (48 'N', 24 indels)	749 (25 'N')	573 (9 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
THIS ILGBR BA MRT3682	2482 bp	4	580 (45 'N', 24 indels)	749	573 (48 'N')	580 (3 indels)	(-)
THIS ILGBR BA MRT3683	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (28 'N')	573 (12 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (91 'N', 3 indels)
THIS IMITN GF SV110	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (93 'N')	573 (54 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (39 'N', 3 indels)
THIS IMITN GF SV95	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (9 'N')	573 (1 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (11 'N', 3 indels)

THIS IMITS GF MNHN2001301	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (18 'N')	573 (21 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
THIS IMITS GF MNHN2001302	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (34 'N')	573 (63 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
THIS JACASC BA MTR16535	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (78 'N')		573 580 (9 'N', 3 indels)	801 (89 'N', 3 indels)
THIS JACASC BA MTR16536	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (33 'N')		573 580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS JEQMD MG MTR17127	3283 bp	5	580 (117 'N', 20 indels)	749 (1 'N')	573 (14 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (115 'N', 3 indels)
THIS LENRP BA MTR19975	3283 bp	5	580 (46 'N', 24 indels)	749 (1 'N')	573 (114 'N')	580 (3 indels)	801 (112 'N', 3 indels)
THIS MAC AL MUFAL9439	2482 bp	4	580 (1 'N', 24 indels)	749 (46 'N')		573 580 (3 indels)	(-)
THIS MAC AL MUFAL9440	2703 bp	4	580 (1 'N', 24 indels)	749 (37 'N')	573 (2 'N')	(-)	801 (43 'N', 3 indels)
THIS MALE PA MPEG24171	3283 bp	5	580 (59 'N', 24 indels)	749 (44 'N')	573 (9 'N')	580 (6 'N', 3 indels)	801 (65 'N', 3 indels)
THIS MISV CE MTR11898	1329 bp	2	580 (34 'N', 24 indels)	749 (27 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS MORC BA MTR20044	3283 bp	5	580 (21 'N', 24 indels)	749	573 (13 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (36 'N', 3 indels)
THIS MORP BA MRT3501	3283 bp	5	580 (31 'N', 24 indels)	749 (5 'N')	573 (28 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (76 'N', 3 indels)
THIS MORP BA MRT3504	3283 bp	5	580 (28 'N', 24 indels)	749 (2 'N')	573 (29 'N')	580 (3 indels)	801 (49 'N', 3 indels)
THIS MUG BA JC1083	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (71 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (31 'N', 3 indels)
THIS MUG BA JC1084	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (44 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
THIS MZMAC AP 1	2534 bp	4	580 (46 'N', 24 indels)	(-)	573 (18 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS MZMAC AP 2	3283 bp	5	580 (47 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (38 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (203 'N', 3 indels)
THIS NOSC CE MTR11902	2710 bp	4	580 (24 indels)	749	(-)	580 (3 indels)	801 (202 'N', 3 indels)
THIS PERU MG MTJ0020	3283 bp	5	580 (15 'N', 24 indels)	749 (1 'N')	573 (90 'N')	580 (3 indels)	801 (57 'N', 3 indels)
THIS PERU MG MTJ0021	1329 bp	2	580 (2 'N', 24 indels)	749 (5 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS PERU MG MTJ0022	3283 bp	5	580 (41 'N', 24 indels)	749 (67 'N')	573 (1 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS PERU MG MTJ0171	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (49 'N')		573 580 (25 'N', 3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
THIS PERU MG MTJ0174	1954 bp	3	580 (54 'N', 24 indels)	(-)	573 (14 'N')	(-)	801 (3 indels)
THIS PERU MG MTJ0174 1	2703 bp	4	(-)	749 (93 'N')	573 (29 'N')	580 (141 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
THIS PETDET PE MRT3762	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749	573 (60 'N')	580 (3 indels)	801 (48 'N', 3 indels)
THIS PIAMF BA MTR19966	3283 bp	5	580 (48 'N', 24 indels)	749	573 (149 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
THIS PIASC BA MTR20082	3283 bp	5	580 (21 'N', 24 indels)	749	573 (11 'N')	580 (3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
THIS PIASC BA MTR20098	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749	573 (24 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)

THIS PNSCAP PI MTR23486	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (57 'N')	573	580 (3 indels)	801 (82 'N', 3 indels)
THIS PNSCAP PI MTR23487	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (32 'N')	573 (8 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
THIS QUEJA VEN MTR20758	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (20 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (118 'N', 3 indels)
THIS QUEJA VEN MTR20761	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (1 'N')	573 (7 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (192 'N', 3 indels)
THIS RBMEJ MG MTR17229	2703 bp	4	580 (12 'N', 24 indels)	749 (15 'N')	573 (13 'N')	(-)	801 (77 'N', 3 indels)
THIS RBMEJ MG MTR17230	2534 bp	4	580 (79 'N', 21 indels)	(-)	573 (10 'N')	580 (3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
THIS REC PE MTR20245	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (33 'N')	573	580 (14 'N', 3 indels)	801 (25 'N', 3 indels)
THIS SAB SE MTR12575	3283 bp	5	580 (10 'N', 25 indels)	749 (108 'N')	573 (17 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (74 'N', 3 indels)
THIS SAL BA MTR12552	3283 bp	5	580 (7 'N', 24 indels)	749 (1 'N')	573 (9 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
THIS SARSJ MG MTR16534	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (56 'N')	573 (9 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
THIS SBRP MA MTR27150	2534 bp	4	580 (6 'N', 25 indels)	(-)	573 (32 'N')	580 (26 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS SBRP MA MTR27151	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (75 'N')	573 (30 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS SBRP MA MTR27180	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (96 'N')	573 (30 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
THIS SCONF PI MRT4608	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (354 'N')	573 (29 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (80 'N', 3 indels)
THIS SCONF PI MRT4609	3283 bp	5	580 (11 'N', 23 indels)	749	573 (58 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
THIS SDES BA MTR26908	2482 bp	4	580 (24 indels)	749	573 (20 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
THIS SDES BA MTR26935	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (4 'N')	573 (7 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (146 'N', 3 indels)
THIS SENB BA MTR24588	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (17 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS SERMV MG JC1427	1733 bp	3	580 (70 'N', 21 indels)	(-)	573	580 (3 indels)	(-)
THIS SIN BA MRT3046	1902 bp	3	580 (2 'N', 24 indels)	749 (28 'N')	573 (25 'N')	(-)	(-)
THIS SIN BA MTR11165	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (38 'N')	573 (7 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (77 'N', 3 indels)
THIS SMVI BA MTR27032	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (21 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (125 'N', 3 indels)
THIS SMVI BA MTR27044	3283 bp	5	580 (24 indels)	749	573 (19 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (199 'N', 3 indels)
THIS SMVI BA MTR27125	2482 bp	4	580 (24 indels)	749	573 (22 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
THIS VAC BA 916240	1329 bp	2	580 (47 'N', 24 indels)	749 (53 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS VACXIQ BA MTR11865	1329 bp	2	580 (96 'N', 25 indels)	749 (8 'N')	(-)	(-)	(-)
THIS VIMR BA MTR24845	1909 bp	3	580 (75 'N', 25 indels)	749 (19 'N')	(-)	580 (45 'N', 3 indels)	(-)

THIS VITCO BA MTR21615	1902 bp	3	580 (1 'N', 24 indels)	749 (37 'N')	573 (2 'N')	(-)	(-)
THIS VITCO BA MTR21622	3283 bp	5	580 (33 'N', 24 indels)	749 (71 'N')	573 (127 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
THIS WEGUI BA MTR22081	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (36 'N')	573 (24 'N')	580 (147 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS WEGUI BA MTR22082	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (29 'N')	573 (9 'N')	580 (45 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS WEGUI BA MTR22083	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (35 'N')	573 (58 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THIS WEGUI BA MTR22084	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (35 'N')	573 (20 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
THYG CDS BA MTR12568	3283 bp	5	580 (7 'N', 25 indels)	749 (88 'N')	573 (48 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (91 'N', 3 indels)
THYG ITAC BA MTR12556	3283 bp	5	580 (10 'N', 25 indels)	749 (43 'N')	573 (57 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (75 'N', 3 indels)
THYG PDC SE MTR12578	3283 bp	5	580 (47 'N', 25 indels)	749 (55 'N')	573 (71 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (59 'N', 3 indels)
THYG PDC SE MTR12579	3283 bp	5	580 (10 'N', 25 indels)	749 (2 'N')	573 (111 'N')	580 (13 'N', 3 indels)	801 (245 'N', 3 indels)
THYG SAL BA MTR12549	3283 bp	5	580 (1 'N', 26 indels)	749 (54 'N')	573 (53 'N')	580 (3 indels)	801 (31 'N', 3 indels)
THYG SAL BA MTR12550	2130 bp	3	580 (1 'N', 26 indels)	749 (52 'N')	(-)	(-)	801 (331 'N', 3 indels)
THYG SUB BA MTR12560	3283 bp	5	580 (129 'N', 20 indels)	749 (66 'N')	573 (2 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (40 'N', 3 indels)
TIMB IMB SC UFRGST620	3283 bp	5	580 (2 'N', 21 indels)	749 (51 'N')	573 (17 'N')	580 (3 indels)	801 (151 'N', 3 indels)
TIMB IMB SC UFRGST621	1902 bp	3	580 (39 'N', 21 indels)	749 (53 'N')	573 (80 'N')	(-)	(-)
TINS GUAN MT TM358	2703 bp	4	580 (1 'N', 21 indels)	749 (54 'N')	573 (8 'N')	(-)	801 (14 'N', 3 indels)
TINS VRIC MT LG1290	1381 bp	2	580 (21 indels)	(-)	(-)	(-)	801 (84 'N', 3 indels)
TINS VRIC MT LG1293	1329 bp	2	580 (9 'N', 21 indels)	749 (40 'N')	(-)	(-)	(-)
TITA ALTA MT PHV3047	2534 bp	4	580 (26 indels)	(-)		573	580 (23 'N', 3 indels)
				749 (106 'N')	573 (9 'N')		801 (5 'N', 3 indels)
TITA ALTA MT PHV3086	3283 bp	5	580 (25 indels)			580 (26 'N', 3 indels)	801 (37 'N', 3 indels)
TITA ANDR MG MTR18097	3283 bp	5	580 (27 indels)	749 (32 'N')	573 (18 'N')	580 (9 'N', 9 indels)	801 (57 'N', 3 indels)
TITA JACU MG MTR23379	1329 bp	2	580 (27 indels)	749 (13 'N')	(-)	(-)	(-)
TITA JAG PR PHV2227	3283 bp	5	580 (109 'N', 27 indels)	749 (39 'N')	573 (19 'N')	580 (16 'N', 9 indels)	801 (56 'N', 3 indels)
TITA JUA MT SJBH099	2482 bp	4	580 (25 indels)	749 (13 'N')	573 (19 'N')	580 (3 indels)	(-)
TITA PIE SP ITH306	2710 bp	4	580 (1 'N', 27 indels)	749 (88 'N')	(-)	580 (9 indels)	801 (56 'N', 3 indels)
TITA PIE SP ITH307	3283 bp	5	580 (56 'N', 26 indels)	749 (45 'N')	573 (56 'N')	580 (7 'N', 9 indels)	801 (14 'N', 3 indels)
TITA POC MG 907932	3283 bp	5	580 (1 'N', 27 indels)	749 (83 'N')	573 (73 'N')	580 (21 'N', 9 indels)	801 (124 'N', 3 indels)
TITA SCAN MG MTR21269	1153 bp	2	580 (38 'N', 26 indels)	(-)	573 (18 'N')	(-)	(-)

TITA SCAN MG MTR21270	1329 bp	2	580 (27 indels)	749 (30 'N') (-)	(-)	(-)
TITA TIB PR LG1154	3283 bp	5	580 (7 'N', 27 indels)	749 (15 'N')	573 580 (9 indels)	801 (3 indels)
TITA UHECL GO MTR11467	2482 bp	4	580 (34 'N', 26 indels)	749 (13 'N') 573 (80 'N')	580 (5 'N', 3 indels)	(-)
TMON AULSC MG JC1361	3283 bp	5	580 (1 'N', 21 indels)	749 (133 'N')	573 580 (12 'N', 3 indels)	801 (98 'N', 3 indels)
TMON AULSC MG JC1363	3283 bp	5	580 (10 'N', 20 indels)	749 (53 'N')	573 580 (18 'N', 3 indels)	801 (46 'N', 3 indels)
TMON BARAS MG MTR16596	3283 bp	5	580 (12 'N', 25 indels)	749	573 580 (3 indels)	801 (16 'N', 3 indels)
TMON BARAS MG MTR16598	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749 (26 'N') 573 (8 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (43 'N', 3 indels)
TMON BDG MT 946087	2534 bp	4	580 (25 indels)	(-) 573 (136 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (26 'N', 3 indels)
TMON BDG MT 946088	3283 bp	5	580 (2 'N', 26 indels)	749 (16 'N') 573 (27 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (45 'N', 3 indels)
TMON CAE BA 916035	749 bp	1	(-)	749 (100 'N') (-)	(-)	(-)
TMON CIPO MG 887610	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (16 'N') 573 (13 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (8 'N', 3 indels)
TMON CIPO MG 887612	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (15 'N') 573 (3 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMON CIPO MG JC878	2703 bp	4	580 (160 'N', 20 indels)	749 (93 'N') 573 (56 'N')	(-)	801 (74 'N', 3 indels)
TMON CORDSC BA MTR16442	3283 bp	5	580 (6 'N', 22 indels)	749 (3 'N')	573 580 (22 'N', 3 indels)	801 (30 'N', 3 indels)
TMON DIA MG 887658	2703 bp	4	580 (7 'N', 25 indels)	749 (69 'N') 573 (14 'N')	(-)	801 (82 'N', 3 indels)
TMON DIA MG JC1428	2482 bp	4	580 (63 'N', 20 indels)	749 (62 'N') 573 (114 'N')	573 580 (3 indels)	(-)
TMON DIAG MG JC1423	2703 bp	4	(-)	749 (114 'N') 573 (47 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (76 'N', 3 indels)
TMON EDIA MG 887659	2703 bp	4	580 (56 'N', 20 indels)	749 (66 'N') 573 (18 'N')	(-)	801 (3 indels)
TMON EDIA MG 887668	3283 bp	5	580 (85 'N', 20 indels)	749 (57 'N') 573 (11 'N')	580 (183 'N', 3 indels)	801 (75 'N', 3 indels)
TMON GRAM MG JC1373	3283 bp	5	580 (4 'N', 25 indels)	749 (69 'N') 573 (2 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (60 'N', 3 indels)
TMON GRAMPB MG MTR16560	749 bp	1	(-)	749 (127 'N') (-)	(-)	(-)
TMON ITASA MG MTR21633	3283 bp	5	580 (88 'N', 20 indels)	749 (20 'N') 573 (2 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMON ITASA MG MTR21634	3283 bp	5	580 (100 'N', 20 indels)	749 (77 'N') 573 (28 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMON ITASA MG MTR21729	3283 bp	5	580 (59 'N', 22 indels)	749 (50 'N') 573 (154 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMON ITASA MG MTR21748	3283 bp	5	580 (87 'N', 20 indels)	749 (91 'N') 573 (42 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMON SERMV MG JC1461	3283 bp	5	580 (23 indels)	749 (56 'N')	573 580 (8 'N', 3 indels)	801 (40 'N', 3 indels)
TMON SERTB MG JC1444	3283 bp	5	580 (23 indels)	749 (58 'N') 573 (7 'N')	580 (3 indels)	801 (31 'N', 3 indels)

TMON SERTB MG JC1448	3283 bp	5	580 (2 'N', 23 indels)	749	573 (60 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (73 'N', 3 indels)
TMUC ABACC BA MTR20073	3283 bp	5	580 (37 'N', 20 indels)	749 (52 'N')	573 (2 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (29 'N', 3 indels)
TMUC ABAPB BA MTR20077	3283 bp	5	580 (2 'N', 20 indels)	749 (4 'N')	573 (8 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (4 'N', 3 indels)
TMUC ABAPB BA MTR20102	3283 bp	5	580 (81 'N', 18 indels)	749 (84 'N')	573 (7 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMUC MUG BA MTR906024	3283 bp	5	580 (20 indels)	749 (52 'N')	573 (58 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMUC MUGMB BA MTR20011	3283 bp	5	580 (20 indels)	749 (57 'N')	573 (11 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TMUC MUGMB BA MTR20039	3283 bp	5	580 (6 'N', 20 indels)	749 (26 'N')	573 (3 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (79 'N', 3 indels)
TMUC PIASC BA MTR20130	2482 bp	4	580 (1 'N', 20 indels)	749 (39 'N')	573 (99 'N')	580 (5 'N', 3 indels)	(-)
TMUC PIASC BA MTR20134	3283 bp	5	580 (5 'N', 20 indels)	749 (21 'N')	573 (65 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (178 'N', 3 indels)
TORE ANAN TO PV1907	3283 bp	5	580 (106 'N', 24 indels)	749	573 (11 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
TORE APG GO PHV4150	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (14 'N')	573 (21 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BAB TO MRT7688	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (34 'N')	573 (22 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (55 'N', 3 indels)
TORE BAB TO MRT7811	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (32 'N')	573 (64 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (80 'N', 3 indels)
TORE BDG MT 946084	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (6 'N')	573 (12 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (9 'N', 3 indels)
TORE BDG MT 946085	3283 bp	5	580 (2 'N', 25 indels)	749 (19 'N')	573 (13 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (13 'N', 3 indels)
TORE BEL PA MPEG23455	3283 bp	5	580 (24 'N', 24 indels)	749 (106 'N')	573	580 (15 'N', 3 indels)	801 (111 'N', 3 indels)
TORE BEL PA MPEG30137	1733 bp	3	580 (25 'N', 25 indels)	(-)	573	580 (8 'N', 3 indels)	(-)
TORE BURI MG MTR33317	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (29 'N')	573 (28 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TORE BURI MG MTR33318	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (34 'N')	573 (24 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BURI MG MTR33319	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (30 'N')	573 (25 'N')	580 (71 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BURI MG MTR33320	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (30 'N')	573 (22 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
TORE BURI MG MTR33321	1961 bp	3	580 (57 'N', 24 indels)	(-)	(-)	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BURI MG MTR33322	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (34 'N')	573 (25 'N')	580 (20 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BURI MG MTR33323	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (56 'N')	573 (26 'N')	580 (27 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE BURI MG MTR33324	2482 bp	4	580 (3 'N', 24 indels)	749 (40 'N')	573 (25 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	(-)
TORE BURI MG MTR33325	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (59 'N')	573 (31 'N')	580 (27 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE CANCAR PA 87	1954 bp	3	580 (7 'N', 24 indels)	(-)	573 (61 'N')	(-)	801 (161 'N', 3 indels)
TORE CANCAR PA 89	3283 bp	5	580 (88 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (25 'N')	580 (3 indels)	801 (169 'N', 3 indels)

TORE CARO MA ESTR00047	3283 bp	5	580 (26 'N', 24 indels)	749 (45 'N')	573 (24 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
TORE CARO MA ESTR00212	2482 bp	4	580 (23 indels)	749 (16 'N')	573 (117 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	(-)
TORE CGUI MT CG343	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (24 'N')	573 (14 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (92 'N', 3 indels)
TORE CGUI MT UFMT452	2482 bp	4	580 (25 indels)	749 (22 'N')	573 (17 'N')	580 (3 indels)	(-)
TORE ESTR MA ESTR1312	3283 bp	5	580 (40 'N', 21 indels)	749 (5 'N')	573 (24 'N')	580 (13 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
TORE FORA TO MTR23311	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (15 'N')	573 (11 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TORE FORA TO MTR23957	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (21 'N')	573 (27 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE FORA TO MTR23966	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (15 'N')		573 580 (4 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TORE FORA TO MTR23967	2703 bp	4	580 (24 indels)	749 (29 'N')	573 (6 'N')	(-)	801 (3 indels)
TORE FORA TO MTR23971	1902 bp	3	580 (1 'N', 24 indels)	749 (15 'N')	573 (9 'N')	(-)	(-)
TORE FORA TO MTR23976	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (48 'N')	573 (4 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TORE GOIA TO ESTR1811	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (13 'N')	573 (24 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (51 'N', 3 indels)
TORE GOIA TO ESTR1832	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (34 'N')	573 (11 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
TORE GUAR TO MRT7495	3283 bp	5	580 (55 'N', 24 indels)	749 (9 'N')	573 (11 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (36 'N', 3 indels)
TORE GUAR TO MRT7522	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (6 'N')	573 (9 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
TORE MAG GO PHV4107	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (58 'N')	573 (19 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (83 'N', 3 indels)
TORE MAG GO PHV4108	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (11 'N')	573 (13 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (88 'N', 3 indels)
TORE MAR PA MPEG28715	2534 bp	4	580 (48 'N', 24 indels)	(-)		573 580 (3 indels)	801 (29 'N', 3 indels)
TORE MOCA PA MPEG26840	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (29 'N')	573 (108 'N')	580 (3 indels)	801 (38 'N', 3 indels)
TORE PAL TO MRT6818	3283 bp	5	580 (23 indels)	749 (30 'N')	573 (58 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (32 'N', 3 indels)
TORE PALM TO ESTR1749	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749	573 (108 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (46 'N', 3 indels)
TORE PALM TO ESTR1835	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (9 'N')	573 (90 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (59 'N', 3 indels)
TORE PAR TO MRT4026	3283 bp	5	580 (34 'N', 24 indels)	749 (102 'N')	573 (97 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (39 'N', 3 indels)
TORE PAR TO MRT4042	3283 bp	5	580 (160 'N', 23 indels)	749 (48 'N')	573 (20 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (87 'N', 3 indels)
TORE PEI TO LG1672	2482 bp	4	580 (10 'N', 24 indels)	749 (51 'N')	573 (71 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
TORE PNSC RO MPEG21350	3283 bp	5	580 (81 'N', 24 indels)	749 (21 'N')	573 (19 'N', 12 indels)	580 (7 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
TORE PNSC RO MPEG21351	3283 bp	5	580 (62 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (220 'N', 12 indels)	580 (15 'N', 3 indels)	801 (47 'N', 3 indels)
TORE PONA TO LG1053	3283 bp	5	580 (1 'N', 23 indels)	749	573 (60 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (200 'N', 3 indels)

TORE PONA TO LG1055	3283 bp	5	580 (148 'N', 23 indels)	749 (52 'N')	573 (26 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (76 'N', 3 indels)
TORE POVE RO SMS254	1909 bp	3	580 (12 'N', 24 indels)	749 (14 'N')	(-)	580 (1 'N', 3 indels)	(-)
TORE POVE RO SMS255	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749	573 (9 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
TORE RED PA 946425	2482 bp	4	580 (23 indels)	749 (28 'N')	573 (85 'N')	580 (3 indels)	(-)
TORE SDES BA MTR17899	1329 bp	2	580 (10 'N', 24 indels)	749 (82 'N')	(-)	(-)	(-)
TORE SDES BA MTR17902	1329 bp	2	580 (2 'N', 24 indels)	749 (22 'N')	(-)	(-)	(-)
TORE SDES BA MTR17903	1329 bp	2	580 (3 'N', 25 indels)	749 (32 'N')	(-)	(-)	(-)
TORE SDESCE BA MTR17846	1909 bp	3	580 (19 'N', 24 indels)	749 (8 'N')	(-)	580 (3 indels)	(-)
TORE SERDO TO MTR15322	1329 bp	2	580 (19 'N', 24 indels)	749 (36 'N')	(-)	(-)	(-)
TORE SFA TO PV1273	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (23 'N')		573 580 (18 'N', 3 indels)	801 (209 'N', 3 indels)
TORE SFA TO PV1274	3283 bp	5	580 (35 'N', 25 indels)	749 (20 'N')	573 (46 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (79 'N', 3 indels)
				749 (101 'N')			
TORE SGA PA PV1228	3283 bp	5	580 (21 'N', 24 indels)		573 (1 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (57 'N', 3 indels)
TORE SGA PA PV1240	3283 bp	5	580 (14 'N', 24 indels)	749 (26 'N')	573 (7 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	801 (40 'N', 3 indels)
TORE UHELAG TO MRT6653	2482 bp	4	580 (2 'N', 24 indels)	749 (65 'N')	573 (91 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	(-)
TORE UHELAG TO MRT6717	3283 bp	5	580 (4 'N', 23 indels)	749	573 (22 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (33 'N', 3 indels)
TORE URU PI MRT2108	2482 bp	4	580 (4 'N', 23 indels)	749 (8 'N')	573 (114 'N')	580 (3 indels)	(-)
TORE URU PI MRT2110	2482 bp	4	580 (23 indels)	749 (7 'N')	573 (126 'N')	580 (3 indels)	(-)
				749 (154 'N')			
TORE XAM TO PV1014	1329 bp	2	580 (6 'N', 24 indels)		(-)	(-)	(-)
TPIN IBO BA AMNHFS20255	3283 bp	5	580 (41 'N', 24 indels)	749 (18 'N')	573 (9 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (127 'N', 3 indels)
TPIN IBO BA AMNHFS20256	3283 bp	5	580 (29 'N', 24 indels)	749 (27 'N')	573 (19 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (94 'N', 3 indels)
TPIN IBO BA AMNHFS20257	3283 bp	5	580 (42 'N', 24 indels)	749 (19 'N')	573 (3 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (133 'N', 3 indels)
TPIN IBO BA AMNHFS20260	3283 bp	5	580 (32 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (19 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TPIN IBO BA AMNHFS20264	3283 bp	5	580 (72 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	573 (2 'N')	580 (61 'N', 3 indels)	801 (37 'N', 3 indels)
TPSA IBI BA MRT3546	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749	573 (22 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (81 'N', 3 indels)
TPSA IBI BA MRT3551	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749 (64 'N')	573 (116 'N')	580 (3 indels)	801 (154 'N', 3 indels)
TPSA MOCVDI BA MRT3585	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749 (27 'N')	573 (108 'N')	580 (3 indels)	801 (255 'N', 3 indels)
				749 (109 'N')			
TPSA MOCVDI BA MRT3586	3283 bp	5	580 (32 'N', 25 indels)		573 (25 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (57 'N', 3 indels)

TPSA QUEIME BA MTR906422	3283 bp	5	580 (1 'N', 25 indels)	749 (106 'N')	573 (4 'N')	580 (3 indels)	801 (106 'N', 3 indels)
TPSA QUEIME BA MTR906445	3283 bp	5	580 (13 'N', 25 indels)	749 (8 'N')	573 (25 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (87 'N', 3 indels)
TSEM FBRI CE MTR11913	580 bp	1	580 (73 'N', 25 indels)	(-)	(-)	(-)	(-)
TSEM IBAT AL 221	2482 bp	4	580 (27 'N', 25 indels)	749 (15 'N')	573 (69 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	(-)
TSEM IBAT AL 228	2482 bp	4	580 (16 'N', 25 indels)	749 (17 'N')	573 (8 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	(-)
TSEM MUG BA JC1165	3283 bp	5	580 (96 'N', 25 indels)	749 (126 'N')	573 (10 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (160 'N', 3 indels)
TSP AGB MT PHV2519	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (47 'N')	573 (7 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSP ALTT MT PHV2571	3283 bp	5	580 (14 'N', 27 indels)	749 (46 'N')	573 (14 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (4 'N', 3 indels)
TSP ALTT MT PHV2600	2534 bp	4	580 (9 'N', 25 indels)	(-)	573 (15 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TSP API RR MTR23083	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (124 'N')	573 (8 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TSP API RR MTR23140	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (133 'N')	573 (17 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TSP API RR MTR23158	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (90 'N')	573 (1 'N')	580 (3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TSP API RR MTR23191	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (31 'N')	573 (2 'N')	580 (3 indels)	801 (104 'N', 3 indels)
TSP API RR SMS841	3283 bp	5	580 (2 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (6 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (79 'N', 3 indels)
TSP AULSC MG JC1358	3283 bp	5	580 (20 indels)	749 (100 'N')	573 (10 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (143 'N', 3 indels)
TSP EESGT BA MTR14944	3283 bp	5	580 (19 'N', 24 indels)	749 (57 'N')	573 (65 'N')	580 (118 'N', 3 indels)	801 (8 'N', 3 indels)
TSP EESGT BA MTR14945	1329 bp	2	580 (58 'N', 24 indels)	749 (78 'N')	(-)	(-)	(-)
TSP EESGT BA PHV2129	3283 bp	5	580 (31 'N', 24 indels)	749 (42 'N')	573 (4 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TSP EESGT TO MTR14135	3283 bp	5	580 (5 'N', 24 indels)	749 (37 'N')	573 (13 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TSP EESGT TO MTR14198	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (21 'N')	573 (2 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSP EESGT TO MTR14292	3283 bp	5	580 (17 'N', 24 indels)	749 (110 'N')	573 (11 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (136 'N', 3 indels)
TSP EESGT TO MTR14294	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (22 'N')		573 580 (15 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TSP EESGT TO MTR14302	2482 bp	4	580 (49 'N', 24 indels)	749 (119 'N')	573 (45 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	(-)
TSP EESGT TO MTR14722	2482 bp	4	580 (55 'N', 24 indels)	749 (144 'N')	573 (8 'N')	580 (3 indels)	(-)
TSP EESGT TO MTR14775	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (46 'N')	573 (20 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)

TSP ESTR MA ESTR0713	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (137 'N')	573 (104 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (34 'N', 3 indels)
TSP FSAL RR MTR20611	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (209 'N')	573 (6 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSP FSAL RR MTR20612	3283 bp	5	580 (24 indels)			573 580 (19 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPE RR MTR20928	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (3 'N')	573 (13 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPE RR MTR20938	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (79 'N')	573 (13 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPEA RR MTR20864	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (7 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPEFSL RR MTR20555	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (16 'N')	573 (8 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPEFSL RR MTR20556	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (34 'N')	573 (13 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TSP TEPETAC RR MTR20865	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (16 'N')	573 (13 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TSP TEPETAC RR MTR20889	3283 bp	5	580 (4 'N', 24 indels)	749 (38 'N')	573 (6 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TSPI ALTA MT 946104	3283 bp	5	580 (64 'N', 27 indels)	749 (21 'N')	573 (19 'N', 9 indels)	580 (19 'N')	801 (22 'N', 6 indels)
TTOR ACA RJ UFRGST3265	3283 bp	5	580 (42 'N', 23 indels)	749 (18 'N')	573 (110 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (87 'N', 3 indels)
TTOR ACA RJ UFRGST3266	2482 bp	4	580 (22 indels)	749 (17 'N')	573 (68 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR APMM MT LG1559	3283 bp	5	580 (45 'N', 24 indels)	749 (38 'N')	573 (71 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (141 'N', 3 indels)
TTOR ARI MG MTR23987	2703 bp	4	580 (48 'N', 19 indels)	749 (13 'N')	573 (9 'N')	(-)	801 (6 'N', 3 indels)
TTOR ARI MG MTR23989	2703 bp	4	580 (1 'N', 22 indels)	749 (21 'N')	573 (57 'N')	(-)	801 (3 indels)
TTOR ARI MG MTR24015	2703 bp	4	(-)	749 (37 'N')		573 580 (15 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR AULRC MG JC1359	3283 bp	5	580 (31 'N', 24 indels)	749 (21 'N')	573 (13 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (72 'N', 3 indels)
TTOR BAB TO MRT7662	2482 bp	4	580 (24 indels)	749 (134 'N')		573 580 (26 'N', 3 indels)	(-)
TTOR BAB TO MRT7687	1902 bp	3	580 (46 'N', 24 indels)		573 (67 'N')	(-)	(-)
TTOR BDG MT 946079	3283 bp	5	580 (11 'N', 25 indels)	749 (8 'N')	573 (27 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (78 'N', 3 indels)
TTOR BEL BA UFRGST3267	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (163 'N')	573 (24 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR BEL BA UFRGST3268	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (25 'N')	573 (34 'N')	580 (4 'N', 3 indels)	(-)
TTOR BERTPIT SP 3615	3283 bp	5	580 (6 'N', 22 indels)	749 (21 'N')	573 (20 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (102 'N', 3 indels)
TTOR BRAPA SP MTR33260	3283 bp	5	580 (41 'N', 18 indels)	749 (17 'N')	573 (19 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR BURI MG MTR33316	3283 bp	5	580 (51 'N', 20 indels)	749 (80 'N')	573 (29 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR CAM BA MTR13622	2482 bp	4	580 (70 'N', 18 indels)	749	573 (68 'N')	580 (3 indels)	(-)

TTOR CAM BA MTR13654	3283 bp	5	580 (12 'N', 21 indels)	749 (4 'N') 749 (100 'N')	573 (71 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (101 'N', 3 indels)
TTOR CAM BA MTR15896	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (28 'N')	573 (22 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (47 'N', 3 indels)
TTOR CAPI SP MTR33261	3283 bp	5	580 (18 indels)	749 (28 'N')	573 (20 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR CARA RJ MTR33367	3283 bp	5	580 (2 'N', 21 indels)	749 (54 'N')	573 (47 'N')	580 (25 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR CARA RJ MTR33368	1733 bp	3	580 (44 'N', 22 indels)	(-)	573 (27 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	(-)
TTOR CARA RJ MTR33369	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (25 'N')	573 (20 'N')	580 (26 'N', 3 indels)	801 (74 'N', 3 indels)
TTOR CARA RJ MTR33371	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (50 'N')	573 (26 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TTOR CARA RJ MTR33372	3283 bp	5	580 (1 'N', 21 indels)	749 (44 'N')	573 (28 'N')	580 (26 'N', 3 indels)	801 (6 'N', 3 indels)
TTOR CUI MT CP14	2482 bp	4	580 (24 indels)	749 (7 'N')	573 (20 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR CUI MT CP15	3283 bp	5	580 (31 'N', 24 indels)	749 (13 'N')	573 (7 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (73 'N', 3 indels)
TTOR CUI MT MTR33326	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (53 'N')	573 (21 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR CUI MT UFMT5994	1909 bp	3	580 (24 indels)	749 (13 'N')	(-)	580 (3 indels)	(-)
TTOR CUI MT UFMT8922	801 bp	1	(-)	(-)	(-)	(-)	801 (72 'N', 3 indels)
TTOR DB ES JFT121	3283 bp	5	580 (37 'N', 21 indels)	749 (18 'N')	573 (63 'N')	580 (3 indels)	801 (313 'N', 3 indels)
TTOR DB ES JFT440	2482 bp	4	580 (39 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (26 'N')	580 (29 'N', 3 indels)	(-)
TTOR FNG ES MTR12021	3283 bp	5	580 (68 'N', 21 indels)	749 (8 'N')	573 (79 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (99 'N', 3 indels)
TTOR FORACP TO MTR23931	3283 bp	5	580 (1 'N', 24 indels)	749 (39 'N')	573 (3 'N')	580 (3 indels)	801 (3 indels)
TTOR FORACP TO MTR23961	3283 bp	5	580 (24 indels)	749 (23 'N')	573 (14 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR FORAME TO MTR23959	2130 bp	3	580 (1 'N', 25 indels)	749 (35 'N')	(-)	(-)	801 (9 'N', 3 indels)
TTOR FORAME TO MTR23978	2703 bp	4	580 (1 'N', 25 indels)	749 (32 'N')	573 (4 'N')	(-)	801 (33 'N', 3 indels)
TTOR FORARG TO MTR23970	1329 bp	2	580 (1 'N', 24 indels)	749 (17 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR FORARG TO MTR23981	2703 bp	4	580 (1 'N', 24 indels)	749 (21 'N')	573 (92 'N')	(-)	801 (3 indels)
TTOR IGLP RJ MTR21231	1329 bp	2	580 (88 'N', 22 indels)	749 (5 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR IGLP RJ MTR21232	1902 bp	3	580 (88 'N', 22 indels)	749 (65 'N')	573 (24 'N')	(-)	(-)
TTOR ITASA MG MTR21631	3283 bp	5	580 (44 'N', 21 indels)	749	573 (12 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (86 'N', 3 indels)
TTOR ITASA MG MTR21775	3283 bp	5	580 (12 'N', 21 indels)	749 (4 'N')	573 (8 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (75 'N', 3 indels)
TTOR ITAU ES MTR12517	3283 bp	5	580 (55 'N', 19 indels)	749 (4 'N')	573 (61 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (72 'N', 3 indels)
TTOR JAC RJ MTR21244	1329 bp	2	580 (88 'N', 22 indels)	749 (5 'N')	(-)	(-)	(-)

TTOR JAC RJ MTR21245	1329 bp	2	580 (88 'N', 22 indels)	749 (-)	(-)	(-)
TTOR MAR MG JC758	2482 bp	4	580 (20 'N', 21 indels)	749 (86 'N') 573 (17 'N')	580 (14 'N', 3 indels)	(-)
TTOR MRC RJ MTR21235	2482 bp	4	580 (88 'N', 22 indels)	749 (44 'N') 573 (24 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR MRC RJ MTR21236	3283 bp	5	580 (88 'N', 22 indels)	749 (15 'N') 573 (25 'N')	580 (3 indels)	801 (105 'N', 3 indels)
TTOR MUC BA MTR12520	1329 bp	2	580 (56 'N', 21 indels)	749 (8 'N') (-)	(-)	(-)
TTOR MUC BA MTR12521	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 573 (55 'N')	580 (27 'N', 3 indels)	801 (25 'N', 3 indels)
TTOR MUC BA MTR12523	3283 bp	5	580 (30 'N', 21 indels)	749 (45 'N') 573 (72 'N')	580 (5 'N', 3 indels)	801 (6 'N', 3 indels)
TTOR OSA SP MTR20246	2703 bp	4	580 (88 'N', 18 indels)	749 (65 'N') 573 (22 'N')	(-)	801 (200 'N', 3 indels)
TTOR OSA SP MTR21284	3283 bp	5	580 (66 'N', 19 indels)	749 (13 'N') 573 (40 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (75 'N', 3 indels)
TTOR OSA SP MTR21623	2482 bp	4	580 (177 'N', 18 indels)	749 (132 'N') 573 (25 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR PAL TO MRT6819	2482 bp	4	580 (40 'N', 24 indels)	749 (6 'N') 573 (20 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	(-)
TTOR PAR TO MRT4109	3283 bp	5	580 (64 'N', 24 indels)	749 (7 'N') 573 (29 'N')	580 (3 indels)	801 (91 'N', 3 indels)
TTOR PEI TO LG1671	2703 bp	4	580 (61 'N', 20 indels)	749 573 (25 'N')	(-)	801 (95 'N', 3 indels)
TTOR PERDM MG MTR17506	1329 bp	2	580 (21 indels)	749 (32 'N') (-)	(-)	(-)
TTOR PERDM MG MTR17522	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (56 'N') 573 (19 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (98 'N', 3 indels)
TTOR PERDM MG MTR17570	3283 bp	5	580 (46 'N', 21 indels)	749 (14 'N') 573 (24 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (47 'N', 3 indels)
TTOR PET GO MRT8206	3283 bp	5	580 (40 'N', 19 indels)	749 (50 'N') 573 (13 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (73 'N', 3 indels)
TTOR PETR RJ MTR22777	2482 bp	4	580 (42 'N', 20 indels)	749 (329 'N') 573 (24 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR PIN MT LG1301	3283 bp	5	580 (53 'N', 25 indels)	749 573 (58 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (41 'N', 3 indels)
TTOR PIN MT LG1302	3283 bp	5	580 (30 'N', 25 indels)	749 (33 'N') 573 (21 'N')	580 (3 indels)	801 (201 'N', 3 indels)
TTOR PIR SP MTR24017	3283 bp	5	580 (80 'N', 19 indels)	749 (106 'N') 573 (26 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (144 'N', 3 indels)
TTOR PIR SP MTR24026	3283 bp	5	580 (30 'N', 18 indels)	749 (38 'N') 573 (60 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (120 'N', 3 indels)
TTOR PIR SP MTR24029	749 bp	1	(-)	749 (65 'N') (-)	(-)	(-)
TTOR PMBG BA MTR20214	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (61 'N') 573 (110 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)
TTOR PNC ES MTR11554	3283 bp	5	580 (19 'N', 21 indels)	749 (25 'N') 573 (63 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (56 'N', 3 indels)
TTOR PNC ES MTR11600	2482 bp	4	580 (24 'N', 21 indels)	749 (80 'N') 573 (26 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	(-)
TTOR PNC ES MTR15764	3283 bp	5	580 (54 'N', 21 indels)	749 (65 'N') 573 (24 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (82 'N', 3 indels)

TTOR PNC ES MTR15782	3283 bp	5	580 (35 'N', 21 indels)	749 (66 'N')	573 (26 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (150 'N', 3 indels)
TTOR PNC ES MTR33034	3283 bp	5	580 (1 'N', 23 indels)	749 (68 'N')	573 (30 'N')	580 (12 'N', 3 indels)	801 (7 'N', 3 indels)
TTOR PNC ES MTR33035	3283 bp	5	580 (22 indels)	749 (13 'N')	573 (27 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR PNC MG MTR10716	2482 bp	4	580 (54 'N', 21 indels)	749 (110 'N')	573 (21 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	(-)
TTOR PNC MG MTR10784	1902 bp	3	580 (45 'N', 21 indels)	749 (40 'N')	573 (10 'N')	(-)	(-)
TTOR PNC MG MTR15431	3283 bp	5	580 (36 'N', 21 indels)	749 (35 'N')	573 (25 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (55 'N', 3 indels)
TTOR PNEVES ES MTR33373	3283 bp	5	580 (60 'N', 21 indels)	749 (29 'N')	573 (26 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR PNEVES ES MTR33374	3283 bp	5	580 (21 'N', 20 indels)	749 (27 'N')	573 (30 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TTOR PNEVES ES MTR33375	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (27 'N')	573 (24 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR PNEVES ES MTR33376	2710 bp	4	580 (21 indels)	749 (41 'N')	(-)	580 (22 'N', 3 indels)	801 (4 'N', 3 indels)
TTOR PRA BA 926155	3283 bp	5	580 (35 'N', 21 indels)	749 (40 'N')	573 (26 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (81 'N', 3 indels)
TTOR PRA BA 926155B	3283 bp	5	580 (28 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (24 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (17 'N', 3 indels)
TTOR PRA BA 926156A	2534 bp	4	580 (24 'N', 21 indels)	(-)	573 (13 'N')	580 (53 'N', 3 indels)	801 (42 'N', 3 indels)
TTOR PRA BA 926156B	1954 bp	3	580 (39 'N', 21 indels)	(-)	573 (10 'N')	(-)	801 (39 'N', 3 indels)
TTOR PRA BA 926157A	2534 bp	4	580 (33 'N', 21 indels)	(-)	573 (13 'N')	580 (13 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR PRA BA 926157B	3283 bp	5	580 (33 'N', 21 indels)	749 (104 'N')	573 (40 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (90 'N', 3 indels)
TTOR PS BA MTR12530	2703 bp	4	580 (21 indels)	749 (71 'N')	573 (94 'N')	(-)	801 (77 'N', 3 indels)
TTOR PS BA MTR12531	3283 bp	5	580 (35 'N', 21 indels)	749 (29 'N')	573 (21 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (152 'N', 3 indels)
TTOR PS BA MTR12538	3283 bp	5	580 (31 'N', 21 indels)	749 (57 'N')	573 (26 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (91 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17126	2482 bp	4	580 (21 indels)	749 (6 'N')	573 (11 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	(-)
TTOR RBMEJ MG MTR17206	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (8 'N')	573 (20 'N')	580 (20 'N', 3 indels)	801 (12 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17233	3283 bp	5	580 (31 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (68 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17257	2534 bp	4	580 (25 'N', 21 indels)	(-)	573 (3 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (5 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17285	2534 bp	4	580 (28 'N', 21 indels)	(-)	573 (59 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (39 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17338	1733 bp	3	580 (24 'N', 21 indels)	(-)	573 (19 'N')	580 (12 'N', 3 indels)	(-)
TTOR RBMEJ MG MTR17382	2534 bp	4	580 (24 'N', 21 indels)	(-)	573 (21 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	801 (21 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17383	3283 bp	5	580 (18 'N', 21 indels)	749 (14 'N')	573 (2 'N')	580 (118 'N', 3 indels)	801 (44 'N', 3 indels)

TTOR RBMEJ MG MTR17384	1954 bp	3	580 (18 'N', 21 indels)	(-)	573 (12 'N')	(-)	801 (5 'N', 3 indels)
TTOR RBMEJ MG MTR17401	3283 bp	5	580 (29 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (140 'N', 3 indels)	580 (8 'N', 3 indels)	801 (43 'N', 3 indels)
TTOR RBS ES MTR21544	3283 bp	5	580 (41 'N', 19 indels)	749 (13 'N')	573 (8 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (260 'N', 3 indels)
TTOR RBS ES MTR21565	2482 bp	4	580 (43 'N', 21 indels)	749 (26 'N')	573 (10 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	(-)
TTOR RCVRD ES MTR12004	3283 bp	5	580 (31 'N', 21 indels)	749 (33 'N')	573 (21 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	801 (35 'N', 3 indels)
TTOR RCVRD ES MTR12091	3283 bp	5	580 (29 'N', 21 indels)	749 (15 'N')	573 (1 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (77 'N', 3 indels)
TTOR RCVRD ES MTR12487	2482 bp	4	580 (32 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (24 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	(-)
TTOR REG ES MTR12498	3283 bp	5	580 (55 'N', 21 indels)	749 (10 'N')	573 (26 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	801 (72 'N', 3 indels)
TTOR REG ES MTR12499	3283 bp	5	580 (25 'N', 21 indels)	749 (8 'N')	573 (17 'N')	580 (3 indels)	801 (28 'N', 3 indels)
TTOR REG ES MTR12500	3283 bp	5	580 (57 'N', 21 indels)	749 (4 'N')	573 (13 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)
TTOR RIOTIJ RJ MTR33252	3283 bp	5	580 (80 'N', 18 indels)	749 (54 'N')	573 (13 'N')	580 (79 'N', 3 indels)	801 (67 'N', 3 indels)
TTOR RIOTIJ RJ MTR33253	1322 bp	2	(-)	749 (213 'N')	573 (23 'N')	(-)	(-)
TTOR ROSO MT UFMT7380	1733 bp	3	580 (24 indels)	(-)	573 (13 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	(-)
TTOR SA RS MTR21253	1329 bp	2	(-)	749 (329 'N')	(-)	580 (3 indels)	(-)
TTOR SA RS MTR21254	1902 bp	3	(-)	749 (327 'N')		573 580 (3 indels)	(-)
TTOR SCC BA MTR12537	3283 bp	5	580 (21 indels)	749 (29 'N')	573 (63 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (263 'N', 3 indels)
TTOR SD GO MTR9997	3283 bp	5	580 (74 'N', 19 indels)	749 (23 'N')	573 (20 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (9 'N', 3 indels)
TTOR SGM RJ MTR21238	3283 bp	5	580 (88 'N', 22 indels)	749 (117 'N')	573 (3 'N')	580 (3 indels)	801 (104 'N', 3 indels)
TTOR SGM RJ MTR21239	3283 bp	5	580 (88 'N', 22 indels)	749 (69 'N')	573 (23 'N')	580 (3 indels)	801 (49 'N', 3 indels)
TTOR SJBBA RJ MTR33377	2710 bp	4	580 (22 indels)	749 (13 'N')	(-)	580 (26 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
TTOR SJBBA RJ MTR33378	2710 bp	4	580 (46 'N', 22 indels)	749 (122 'N')	(-)	580 (23 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TTOR SJBG RJ MTR21250	2703 bp	4	580 (86 'N', 21 indels)	749 (18 'N')	573 (7 'N')	(-)	801 (70 'N', 3 indels)
TTOR SJBG RJ MTR21251	3283 bp	5	580 (33 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (8 'N')	580 (3 indels)	801 (93 'N', 3 indels)
TTOR TRA BA MTR13409	1329 bp	2	580 (34 'N', 21 indels)	749 (21 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR TRA BA MTR13433	1329 bp	2	580 (39 'N', 21 indels)	749 (42 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR TRA BA MTR13435	580 bp	1	580 (19 'N', 21 indels)	(-)	(-)	(-)	(-)

TTOR TRA BA MTR13446	3283 bp	5	580 (29 'N', 21 indels)	749 (14 'N')	573 (55 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (275 'N', 3 indels)
TTOR TRA BA MTR13447	1909 bp	3	580 (28 'N', 21 indels)	749 (16 'N')	(-)	580 (23 'N', 3 indels)	(-)
TTOR TRA BA MTR13448	3283 bp	5	580 (14 'N', 21 indels)	749 (25 'N')	573 (2 'N')	580 (3 indels)	801 (93 'N', 3 indels)
TTOR TRA BA MTR13464	3283 bp	5	580 (14 'N', 21 indels)	749 (52 'N')	573 (13 'N')	580 (13 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR TRA BA MTR13468	1902 bp	3	580 (22 'N', 21 indels)	749 (15 'N')	573 (20 'N')	(-)	(-)
TTOR TRA BA MTR13469	3283 bp	5	580 (22 'N', 21 indels)	749 (34 'N')	573 (19 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	801 (93 'N', 3 indels)
TTOR TRA BA MTR13647	3283 bp	5	580 (11 'N', 21 indels)	749 (151 'N')	573 (1 'N')	580 (3 indels)	801 (139 'N', 3 indels)
TTOR UHEC GO MTR11435	749 bp	1	(-)	749 (134 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR UHEC GO MTR11436	1329 bp	2	580 (119 'N', 18 indels)	749 (331 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR UHEC GO MTR11439	2482 bp	4	580 (63 'N', 18 indels)	749 (15 'N')	573 (69 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEC GO MTR11440	2482 bp	4	580 (11 'N', 18 indels)	749 (14 'N')	573 (23 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEC GO MTR11442	2482 bp	4	580 (10 'N', 18 indels)	749 (15 'N')	573 (24 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEC GO MTR11443	3283 bp	5	580 (37 'N', 19 indels)	749 (78 'N')	573 (9 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR UHEC GO MTR11444	3283 bp	5	580 (60 'N', 18 indels)	749 (25 'N')	573 (3 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TTOR UHEC MT MTR11434	3283 bp	5	580 (11 'N', 20 indels)	749 (132 'N')	573 (21 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	801 (36 'N', 3 indels)
TTOR UHEL TO MRT06637	1329 bp	2	580 (27 'N', 20 indels)	749 (17 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06638	1329 bp	2	580 (42 'N', 24 indels)	749 (4 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06654	1902 bp	3	580 (18 'N', 24 indels)	749 (11 'N')	573 (7 'N')	(-)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06715	2482 bp	4	580 (24 'N', 24 indels)	749 (15 'N')	573 (108 'N')	580 (23 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06716	2482 bp	4	580 (24 'N', 24 indels)	749 (146 'N')	573 (13 'N')	580 (18 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06722	2482 bp	4	580 (23 'N', 24 indels)	749 (10 'N')	573 (13 'N')	580 (17 'N', 3 indels)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06768	2482 bp	4	580 (19 'N', 24 indels)	749 (65 'N')	573 (14 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06769	580 bp	1	580 (18 'N', 24 indels)	(-)	(-)	(-)	(-)
TTOR UHEL TO MRT06782	3283 bp	5	580 (50 'N', 25 indels)	749 (54 'N')	573	580 (9 'N', 3 indels)	801 (81 'N', 3 indels)
TTOR UHEL TO MRT7037	3283 bp	5	580 (53 'N', 24 indels)	749 (74 'N')	573 (19 'N')	580 (15 'N', 3 indels)	801 (58 'N', 3 indels)
TTOR UHER ES MRT1249	3283 bp	5	580 (31 'N', 21 indels)	749 (331 'N')	573 (24 'N')	580 (25 'N', 3 indels)	801 (2 'N', 3 indels)

TTOR UHER ES MRT1250	2482 bp	4	580 (19 'N', 21 indels)	749 (331 'N')	573 (1 'N')	580 (3 indels)	(-)
TTOR UNA BA MD1758	1902 bp	3	580 (74 'N', 21 indels)	749 (118 'N')	573 (1 'N')	(-)	(-)
TTOR UNA BA MTR12543	3283 bp	5	580 (156 'N', 18 indels)	749 (18 'N')	573 (84 'N')	580 (8 'N', 3 indels)	801 (130 'N', 3 indels)
TTOR VIA ES LSH031	1902 bp	3	580 (39 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (45 'N')	(-)	(-)
TTOR VIC MG LG2146	2482 bp	4	580 (30 'N', 21 indels)	749 (13 'N')	573 (24 'N')	580 (20 'N', 3 indels)	(-)
TTOR VIT ES MTR21388	749 bp	1	(-)	749 (19 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR VIT ES MTR21389	749 bp	1	(-)	749 (40 'N')	(-)	(-)	(-)
TTOR VIT ES TT26	2130 bp	3	580 (38 'N', 21 indels)	749 (40 'N')	(-)	(-)	801 (52 'N', 3 indels)
TTOR VIT ES TT26 TT26	573 bp	1	(-)	(-)	573 (24 'N')	(-)	(-)
TTOR VIT ES TT27	2703 bp	4	580 (32 'N', 21 indels)	749 (48 'N')	573 (51 'N')	(-)	801 (6 'N', 3 indels)
TTOR VIT ES TT28	3283 bp	5	580 (3 'N', 21 indels)	749 (25 'N')	573 (20 'N')	580 (31 'N', 3 indels)	801 (61 'N', 3 indels)
TTOR VIT ES TT29	2482 bp	4	580 (3 'N', 21 indels)	749 (55 'N')	573 (56 'N')	580 (11 'N', 3 indels)	(-)
TTOR VIT ES TT30	3283 bp	5	580 (4 'N', 21 indels)	749 (15 'N')	573 (15 'N')	580 (21 'N', 3 indels)	801 (256 'N', 3 indels)
TTOR VIT ES TT31	1733 bp	3	580 (3 'N', 21 indels)	(-)	573 (2 'N')	580 (12 'N', 3 indels)	(-)
TTOR VPM MG MTR33015	3283 bp	5	580 (3 'N', 21 indels)	749 (78 'N')	573 (28 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TaffERY IBO BA AMNHFS20258	2703 bp	4	(-)	749 (25 'N')	573 (13 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (88 'N', 3 indels)
TaffERY IBO BA AMNHFS20259	2703 bp	4	(-)	749 (18 'N')	573 (41 'N')	580 (9 'N', 3 indels)	801 (89 'N', 3 indels)
TaffERY IBO BA AMNHFS20262	2703 bp	4	(-)	749 (33 'N')	573 (3 'N')	580 (7 'N', 3 indels)	801 (128 'N', 3 indels)
TaffERY IBO BA AMNHFS20263	3283 bp	5	580 (25 'N', 25 indels)	749 (66 'N')	573 (8 'N')	580 (5 'N', 3 indels)	801 (31 'N', 3 indels)
TaffITA MAG GO PHV4133	3283 bp	5	580 (25 indels)	749 (44 'N')	573 (21 'N')	580 (22 'N', 3 indels)	801 (12 'N', 3 indels)
TcfMON BDG MT 946073	2482 bp	4	580 (26 indels)	749 (7 'N')	573 (4 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	(-)
TcfMON BDG MT 946080	3283 bp	5	580 (28 'N', 26 indels)	749 (27 'N')	573 (19 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 'N', 3 indels)
TcfMON BDG MT PHV2783	3283 bp	5	580 (2 'N', 25 indels)	749 (92 'N')	573 (13 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (1 'N', 3 indels)
TcfMON BDGSP MT 946054	3283 bp	5	580 (9 'N', 26 indels)	749 (3 'N')	573 (17 'N')	580 (16 'N', 3 indels)	801 (6 'N', 3 indels)
TcfMON CAE BA 916035	1733 bp	3	580 (25 indels)	(-)	573 (81 'N')	580 (3 indels)	(-)
TcfMON CAE BA MTR916033	3283 bp	5	580 (12 'N', 25 indels)	749 (72 'N')	573 (3 'N')	580 (10 'N', 3 indels)	801 (3 indels)
TcfMON CAE BA MTR916038	3283 bp	5	580 (2 'N', 25 indels)	749 (85 'N')	573 (4 'N')	580 (24 'N', 3 indels)	801 (3 indels)

TcfMON RIOC BA 916559	580 bp	1	580 (98 'N', 24 indels)	(-)	(-)	(-)	(-)
				749 (198			
TcfMON RIOC BA 916560	2482 bp	4	580 (150 'N', 20 indels)	'N')	573 (1 'N')	580 (19 'N', 3 indels)	(-)
USUP RABP AM MTR13078	1329 bp	2	580 (53 'N', 26 indels)	749 (9 'N')	(-)	(-)	(-)

Tabela II: Legenda das espécies utilizadas.

Grupos externos			Espécies de <i>Tropidurus</i> do grupo <i>torquatus</i> incluídas		
Sigla	Gênero	Espécie	Sigla	Gênero	Espécie
AAGA	<i>Agama</i>	<i>agama</i>	TCAT	<i>Tropidurus</i>	<i>catalanensis</i>
EAMA	<i>Eurolophosaurus</i>	<i>amathites</i>	TCOC	<i>Tropidurus</i>	<i>cocorobensis</i>
ANAN	<i>Eurolophosaurus</i>	<i>nanuzae</i>	TERY	<i>Tropidurus</i>	<i>erythrocephalus</i>
MQUA	<i>Microlophus</i>	<i>quadrivittatus</i>	TETH	<i>Tropidurus</i>	<i>etheridgei</i>
PPLI	<i>Plica</i>	<i>plica</i>	THIS	<i>Tropidurus</i>	<i>hispifus</i>
PUMB	<i>Plica</i>	<i>umbra</i>	THYG	<i>Tropidurus</i>	<i>hygomi</i>
STOR	<i>Strobilurus</i>	<i>torquatus</i>	TIMB	<i>Tropidurus</i>	<i>imbituba</i>
USUP	<i>Uranoscodon</i>	<i>superciliosum</i>	TINS	<i>Tropidurus</i>	<i>insulanus</i>
TGUA	<i>Tropidurus</i>	<i>guarani</i>	TITA	<i>Tropidurus</i>	<i>itambere</i>
TSPI	<i>Tropidurus</i>	<i>spinulosus</i>	TMON	<i>Tropidurus</i>	<i>montanus</i>
TPIN	<i>Tropidurus</i>	<i>pinima</i>	TMUC	<i>Tropidurus</i>	<i>mucujensis</i>
TSEM	<i>Tropidurus</i>	<i>semitaeniatus</i>	TORE	<i>Tropidurus</i>	<i>oreadicus</i>
			TPSA	<i>Tropidurus</i>	<i>psammonastes</i>
			TSP	<i>Tropidurus</i>	<i>sp.</i>
			TTOR	<i>Tropidurus</i>	<i>torquatus</i>
			TaffERY	<i>Tropidurus</i>	<i>aff. erythrocephalus</i>
			TaffITA	<i>Tropidurus</i>	<i>aff. Itambere</i>
			TcfMON	<i>Tropidurus</i>	<i>cf. montanus</i>

Tabela III: Legenda das localidades amostradas.

SIGLAS	LOCALIDADES
ABACC_BA	Catolé de Cima, Abaíra - BA
ABAPB_BA	Pico dos Barbados (Pico), Abaíra - BA
ACA_RJ	Arraial do Cabo - RJ
AGB_MT	Água Boa – BA
ALA_BA	Alagoado – BA
ALE_RS	Alegrete – RS
ALTA_MT	Alto Araguaia - MT
ALTT_MT	Alto Taquari - MT
ANA_SP	Analândia (Cuscuzeiro) – SP
ANAN_TO	Ananás – TO
AND_BA	Andaraí – BA
ANDR_MG	Andradas – MG
APG_GO	Alto Paraíso de Goiás - GO
API_RR	Apiau – RR
APMM_MT	APM Manso – MT
ARA_BA	Arataca – BA
ARA_RS	Aratiba – RS
ARG	Argentina
ARI_MG	Arinos – MG
ASPE_BA	As Pedras – BA
AUL_MG	Augusto de Lima - MG
AULRC_MG	Rio Curumataí, Augusto de Lima - MG
AULSC_MG	Serra do Cabral, Augusto de Lima - MG
BAB_TO	Babaçulândia – TO
BARAS_MG	Afloramento 9 km sul Barroco, Barroco - MG

BARR BA	Barreiras - BA
BARRE MA	Barreirinhas - MA
BDG_MT	Barra do Garças – MT
BDGSP_MT	Serra da Pitomba, Barra do Garça - MT
BEL BA	Belmonte - BA
BEL PA	Belém - PA
BERTPIT_SP	Praia Itaguare, Bertioga - SP
BRAPA SP	Bragança Paulista - SP
BURI MG	Buritis - MG
CAC MT	Cáceres - MT
CAE_BA	Caetité - BA
CAM_BA	Camacan – BA
CAMF_BA	Campo Formoso - BA
CAMVA_BA	Vila de Abrantes, Camaçari - BA
CANCAR_PA	Canaã dos Carajás - PA
CAN_BA	Canavieiras – BA
CANU_BA	Canudos - BA
CAPI_SP	Capivari - SP
CARA_PI	Caracol - PI
CARA_RJ	Carapebus - RJ
CARO_MA	Carolina - MA
CARSM_CE	Sítio Mameluca, Caririaçu - CE
CAT_PE	PARNA Catimbau, Buique - PE
CATFPS_PE	Fazenda Porto Seguro, PARNA Catimbau - PE
CATPN PE	PARNA Catimbau - PE
CDS_BA	Costa do Sauípe - BA
CGO_PI	Capitão Gervásio de Oliveira - PI
CGUI MT	Chapada dos Guimarães - MT

CIPO_MG	Serra do Cipó - MG
CIOPN_MG	PARNA Serra do Cipó
CNOV_SC	Campos Novos - SC
COND_BA	Condeúba - BA
CONDFSA_BA	Fazenda Santo Antônio, Condeúba - BA
CONTSI_BA	Contendas do Sincorá - BA
COR_MS	Corumbá - MS
CORCE_ARG	Cruz del Eje, Córdoba - Argentina
CORDDSC_BA	Estrada na descida da Serra dos Cordeiros, Cordeiros - BA
CORDPA_BA	Povoado Alvorada, Cordeiros - BA
CORDSC_BA	Serra dos Cordeiros, Cordeiros - BA
CRA_SC	Correntina - BA
CRAT_CE	Celso Ramos - SC
CRAT_CE	Crato - CE
CRISRI_MG	Rio Itacambiru, Cristália
CUI_MT	Cuibá - MT
DB_ES	Duas Bocas
DIA_MG	Diamantina - MG
DIAG_MG	Guinda, Diamantina - MG
EDIA_MG	Est. Diamantina - MG
EESGT_BA	EsEc Serra Geral do Tocantins - BA
EESGT_TO	EsEc Serra Geral do Tocantins - TO
ESTR_MA	Estreito - MA
FBRI_CE	Farias Brito - CE
FNG_ES	Floresta Nac. de Goytacazes – ES
FLORI_PI	Floriano - PI
FORA_TO	Formoso da Araguaia - TO
FORACP_TO	Córrego Papagaio, Formoso do Araguaia - TO

FORAME_TO	Rio Formoso, margem esquerda, Formoso do Araguaia - TO
FORARG_TO	Rio Gameleira, Formoso do Araguaia
FSAL_RR	Fazenda Salvamento - RR
FUESP_AR	Fuerte Esperanza - Argentina
GAMA_BA	Gameleira do Assuruá - BA
GENT_BA	Gentio do Ouro - BA
GOIA_TO	Goiatins - TO
GRAM_MG	Grão-Mogol - MG
GRAMPB_MG	Povoado da Bocaina, Grão-Mogol - MG
GUA_CE	Guaramiranga – CE
GUA_BA	Guaibim - BA
GUAN_MT	Guarantã do Norte - MT
GUAR_TO	Guaraí - TO
HMAR_GF	Haut Marouini - Guiana Francesa
IBAT_AL	Ibateguara - AL
IBI_BA	Ibiraba - BA
IBO_BA	Ibiotirama - BA
IGLP_RJ	Praia Lopes Mendes, Ilha Grande - RJ
ILGBR_BA	Ilha do Gado Bravo - BA
IMB_SC	Imbituba - SC
IMITN_GF	Inselberg Mitaraka nord - Guiana Francesa
IMITS_GF	Inselberg Mitaraka sud - Guiana Francesa
IPU_SC	Ipuaçu - SC
ITAB_BA	Itabuna – BA
ITAC_BA	Itacimirim - BA
ITASA_MG	Serra dos Alves, Itabira - MG
ITAU_ES	Itaúnas – ES
JAB_BA	Jaborandi - BA

JAC_RJ	Restinga de Jacarepiá - RJ
JACASC_BA	Serra do Cubiculo, Jacareci - BA
JACU_MG	Jacutinga - MG
JAG_PR	Jaguariaíva - PR
JEQMD_MG	Margem direita do Rio Jequitinhonha, Jequitinhonha - MG
JUA_MT	Juara - MT
LENRP_BA	Remanso (pantanal), Lençóis
MAC_AL	Maceió - AL
MAG_GO	Monte Alegre de Goiás - GO
MALE_PA	Monte Alegre - PA
MAR_MG	Mariana – MG
MAR_PA	Marabá - PA
MISV_CE	Missão Velha - CE
MOCA_PA	Mocajuba - PA
MOCVDI_BA	Início das dunas de Icatú, Mocambo do Vento - BA
MONA_MG	Monte Azul - MG
MORC_BA	Morro do Chapéu - BA
MORP_BA	Morpará - BA
MRC_RJ	Restinga de Maricá - RJ
MUC_BA	Mucuri – BA
MUG_BA	Mucugê - BA
MUGMB_BA	Morro do Bastião, Mucugê - BA
MVI_RS	Manuel Viana - RS
MZMAC_AP	Marco Zero, Macapá - AP
NOR_BA	Nova Rodelas - BA
NOSC_CE	Sítio Catolé, Nova Olinda - CE
OSA_SP	Osasco - SP
PAL_TO	Palmas – TO

PALM_TO	Palmeirante - TO
PAR_TO	Paranã – TO
PDC_SE	Porto das Cabras - SE
PEI_TO	Peixe – TO
PERDM_MG	Pq. Est. do Rio Doce/Marliéria – MG
PERU_MG	PARNA Cavernas do Peruaçu, Januária - MG
PET_GO	Petrolina – GO
PETDET_PE	Dunas, Estrada da Tapera, Petrolina - PE
PETR_RJ	Petrópolis - RJ
PIAMF_BA	Mata do Frio, Piatã - BA
PIASC_BA	Serra do Cafundó, Piatã - BA
PIE_SP	Piedade - SP
PIN_MT	Pindaíba – MT
PIR_SP	Piracicaba - SP
PMBG_BA	Península de Maraú/Barra Grande – BA
PNC_ES	Pq. Nac. do Caparaó – ES
PNC_MG	Pq. Nac. do Caparaó – MG
PNEVES_ES	Praia das Neves - ES
PNLC_GBA	PNLC - Guiné-Bissau (África)
PNSC_RO	PARNA Serra da Cutia - RO
PNSCAP_PI	PARNA Serra da Capivara - PI
POC_MG	Poços de Caldas - MG
PONA_TO	Porto Nacional - TO
POVE_RO	Porto Velho - RO
PRA_BA	Prado – BA
PS_BA	Porto Seguro – BA
PUNB_CH	Punta Blanca - Chile
QUEIME_BA	Dunas margem esquerda do Rio São Francisco, Queimadas - BA

QUEJA VEN	Quebrada de Jaspe - Venezuela
RABP_AM	Pacamiri, Rio Abacaxis - AM
RAIGA_AM	Igarapé Açu, Rio Abacaxis
RBMEJ_MG	Res. Bio. da Mata Escura/Jequitinhonha – MG
RBS ES	Reserva Biológica de Sooretama - ES
RCVRD_ES	Reserva da CVRD – ES
REC_PE	Recife - PE
RED_PA	Redenção - PA
REG_ES	Regência – ES
RIOC_BA	Rio de Contas - BA
RIOTIJ_RJ	Barra da Tijuca, Rio de Janeiro - RJ
RMIGC_AP	Igarapé Camaipi, Rio Maracá
ROSO_MT	Rosário do Oeste - MT
SA_RS	Santo Antônio - RS
SAB_SE	Santo Amaro das Brotas - SE
SAL_BA	Salvador - BA
SALAN_ARG	Anta, Salta - Argentina
SALON_ARG	Oran, Salta - Argentina
SARSJ_MG	Entroncamento São Joaquim, Santo Antonio do Retiro - MG
SBRP_MA	São Benedito do Rio Preto - MA
SCAN_MG	Serra da Canastra - MG
SCC_BA	Santa Cruz de Cabralia – BA
SCONF_PI	Serra das Confusões - PI
SD_GO	São Domingos – GO
SDEOA_ARG	Ojo de Agua, Santiago del Estero - Argentina
SDES_BA	São Desidério - BA
SDESCE_BA	Carrasco da Estiva, São Desidério
SENB BA	Senhor do Bonfim - BA

SERDO_TO	Sudeste Serra Dourada - Divisa TO/GO
SERMV_MG	Milho Verde, Serro - MG
SERTB_MG	Três Barras, Serro - MG
SFA_TO	margem direita do Rio Araguaia, Santa Fé do Araguaia - TO
SFA_RS	São Francisco de Assis - RS
SGA_PA	margem esquerda do Rio Araguaia, São Geraldo do Araguaia - PA
SGM RJ	Restinga de Marambaia, São Gonçalo - RJ
SIN_BA	Santo Inácio - BA
SJBBA_RJ	Barra do Açu, São João da Barra - RJ
SJBG_RJ	Restinga Grussaí, São João da Barra - RJ
SMVI_BA	Santa Maria da Vitória - BA
SSIM_SP	São Simão - SP
SUB_BA	Subaúna - BA
TANS_MT	Tangará da Serra - MT
TEPE_RR	Tepequém - RR
TEPEA_RR	Tepequém, afloramento - RR
TEPEFSL_RR	Tepequém, Fazenda Salvamento, lavrado- RR
TEPETAC_RR	Tepequém, trilha do avião caído - RR
TIB_PR	Tibagi - PR
TRA_BA	Trancoso – BA
UHEC_GO	UHE Corumbá – GO
UHEC_MT	UHE Corumbá – MT
UHECL GO	UHE Corumbá IV, Luziane - GO
UHEL_TO	UHE Lajeado – TO
UHELAG_TO	UHE Lajeado, Miracema/Lajeado - TO
UHER_ES	UHE Rosal – ES
UNA_BA	Una – BA
URU_PI	Uruçuí-Una - PI

VAC_BA	Vacaria - BA
VACME_BA	Margem esquerda do Rio São Francisco, Vacaria - BA
VACXIQ_BA	Vacaria/Xique-Xique - BA
VIA_ES	Viana – ES
VIC_MG	Viçosa – MG
VIMR_BA	Vila da Mata Roçada - BA
VIT_ES	Vitória – ES
VITCO_BA	Vitória da Conquista - BA
VPM_MG	Vila de Pedra Menina - MG
VRIC_MT	Vila Rica - MT
WEGUI_BA	Wenceslau Guimarães - BA
XAM_TO	margem direita do Rio Araguaia, Xambioá - TO

Anexo IV: Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases dentro dos grupos* . Para o marcador 16S, a análise envolveu 520 amostras. Para o marcadores cyt b, kif 24, PRLR e PTPN as análises envolveram respectivamente 503, 471, 445 e 393 amostras; nestes marcadores, as posições dos códons incluídas foram 1+2+3+não codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas. A presença de n/c nos resultados indica casos em que não foi possível estimar as distâncias evolutivas, pois os grupos incluíam uma única amostra. Análises evolutivas foram realizadas em MEGA6 (Tamura et al. 2013).

Grupos	16S (580 pb)	Cyt b (749 pb)	kif 24	PRLR (580 pb)	PTPN (801 pb)
GE	0,131626536	0,188360277	0,099031128	0,058943863	0,061418463
cf. montanus Caetité/Ibotirama	0,005014421	0,021634471	0,011816567	0,001442161	0,005559886
aff itambere GO	n/c	n/c	n/c	n/c	n/c
catalanensis	0,010572258	0,025212566	0,004290918	0,009770353	0,00213169
itambere MT	0,007988911	0,033360636	0,016464214	0,003962073	0,003545659
oreadicus Tipo	0,006328334	0,022569267	0,017080295	0,00466287	0,003058786
mucujensis	0,002301281	0,020904376	0,023389793	0,009099593	0,003209967
cocorobensis Tipo	0,011675025	0,023826824	0,00259724	0,003245521	0,003327787
cocorobensis Sul	0,015794746	0,037707837	0,02286151	0,004428178	0,001006294
erythrocephalus	0,008319946	0,02544752	0,023673186	0,007913423	0,000998269
etheridgei Leste	0,020115161	0,03390581	0,007083349	0,005509703	0,003643491
etheridgei Tipo	0,010192294	0,042447567	0,004489759	0,008027227	0,002155241
hispidus BA/PI	0,010241999	0,017997766	0,008653955	0,010180951	0,003333659
hispidus BA/PE/PI	0,008043211	0,00867082	0,024768445	0,020034605	0,001981309
hispidus BA/MG	0,007968883	0,023697263	0,019532741	0,00965918	0,002991072
hispidus/oreadicus BA/TO	0,007234904	0,011767232	0,018158974	0,014217297	0,006422351
hispidus Tipo	0,012561215	0,013587159	0,01517714	0,012531341	0,004607101
hispidus Capivara	0,001209985	0,012347931	0,018780213	0,007089496	0,003174533
hispidus CE/MA	0,000724993	0,012278696	0,020999208	0,006038667	0,002508362
hispidus Confusões	n/c	0,015189873	0,027573529	0,008802817	0,0041841
hispidus Guianas	0,004419136	0,017523947	0,004840792	0,004187856	0,001993628
oreadicus AP/PA/TO	0,00462149	0,011246041	0,01503541	0,006165245	0,002556929
hispidus/oreadicus MA/PI	0,00482655	0,005449591	0,025495751	0,007148265	n/c
hygomi	0,031310708	0,070989757	0,009624089	0,006536358	0,001351402
imbituba	0,008497622	0,02403484	0,009109949	0,00610974	0,001188782
insulanus	0,003610297	0,024853801	n/c	Sem sequências	0,00280112
itambere Tipo	0,01387436	0,055226217	0,005611605	0,003974683	0,004677176
montanus	0,02959818	0,059982017	0,023252028	0,010411724	0,003671669
oreadicus Jalapão	0,006498205	0,023420285	0,020604055	0,017330578	0,003421857
oreadicus Chapada Guimarães	0,003603604	0,01396648	0,003623188	0	n/c
oreadicus MA/TO	0,009614176	0,014331877	0,018965442	0,012660922	0,002120105
oreadicus PA/TO	0,013687097	0,036210371	0,019230684	0,001171428	0,002976212
oreadicus Goiatins	n/c	n/c	n/c	n/c	n/c
oreadicus RO	0,001362049	0,003671513	0,008072632	0	0,001871414
oreadicus Xambioá	n/c	n/c	Sem sequências	Sem sequências	Sem sequências
psammonastes	0,002596308	0,016067468	0,0072905	0,003518151	0,00568133
torquatus MG/MT/TO	0,016636746	0,053358664	0,010773324	0,011044445	0,002853446
torquatus RJ litoral Sul	0,00399134	0,023016083	0,010197939	0,000911887	0,005771428
torquatus Restingas	0,004347445	0,01308748	0,015005824	0,010239501	0,003313708
torquatus Tipo	0,006959842	0,01761689	0,006541972	0,008676272	0,001067212

*Grupos definidos a partir da análise de verossimilhança (Figura 14).

Anexos V: Divergência evolutiva entre grupos.

Tabela1. Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador 16S. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 520 amostras. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 - GE																			
2 - cf._montanus_Caetité/Ibotirama	0,123																		
3 - aff_itambere_GO	0,114	0,061																	
4 - catalanensis	0,123	0,063	0,062																
5 - itambere_MT	0,112	0,072	0,028	0,065															
6 - oreadicus_Tipo	0,112	0,054	0,047	0,048	0,056														
7 - oreadicus_PA/TO	0,120	0,061	0,057	0,052	0,065	0,022													
8 - mucujensis	0,114	0,057	0,046	0,046	0,055	0,029	0,043												
9 - cocorobensis_Tipo	0,113	0,061	0,054	0,035	0,057	0,046	0,054	0,043											
10 - cocorobensis_Sul	0,123	0,064	0,067	0,045	0,073	0,055	0,063	0,051	0,038										
11 - erythrocephalus	0,114	0,052	0,054	0,040	0,065	0,031	0,042	0,022	0,041	0,047									
12 - etheridgei_Tipo	0,120	0,056	0,057	0,034	0,059	0,046	0,059	0,048	0,032	0,040	0,044								
13 - etheridgei_Leste	0,123	0,065	0,066	0,039	0,070	0,047	0,058	0,046	0,036	0,049	0,046	0,026							
14 - hispidus_BA/MG	0,113	0,057	0,048	0,052	0,057	0,020	0,013	0,039	0,050	0,061	0,039	0,057	0,056						
15 - hispidus_BA/PI	0,116	0,058	0,053	0,052	0,061	0,021	0,012	0,039	0,053	0,063	0,039	0,058	0,057	0,010					
16 - hispidus_BA/PE/PI	0,112	0,053	0,051	0,050	0,060	0,020	0,013	0,039	0,050	0,059	0,038	0,055	0,055	0,010	0,010				
17 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,113	0,053	0,049	0,049	0,058	0,018	0,011	0,039	0,048	0,057	0,038	0,053	0,052	0,011	0,010	0,011			
18 - hispidus/oreadicus_BA/TO	0,111	0,053	0,047	0,049	0,057	0,019	0,011	0,038	0,049	0,057	0,038	0,053	0,053	0,010	0,010	0,011	0,010		
19 - hispidus_Tipo	0,113	0,060	0,052	0,052	0,061	0,024	0,017	0,041	0,050	0,060	0,040	0,056	0,057	0,014	0,014	0,013	0,015	0,015	
20 - hispidus_Capivara	0,111	0,055	0,047	0,048	0,055	0,017	0,009	0,036	0,048	0,057	0,036	0,053	0,052	0,008	0,007	0,005	0,007	0,008	0,012

Tabela 1 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador 16S. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 520 amostras. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
21 - hispidus_CE/MA	0,113	0,056	0,048	0,048	0,058	0,016	0,007	0,037	0,049	0,059	0,036	0,054	0,053	0,007	0,006	0,007	0,005	0,006	0,010
22 - hispidus_Confusões	0,113	0,057	0,052	0,051	0,060	0,021	0,011	0,040	0,053	0,063	0,039	0,060	0,058	0,009	0,008	0,007	0,008	0,010	0,013
23 - hispidus_Guianas	0,112	0,057	0,050	0,052	0,058	0,021	0,012	0,039	0,051	0,061	0,041	0,057	0,056	0,012	0,010	0,012	0,010	0,011	0,015
24 - oreadicus_AP/PA/TO	0,112	0,056	0,050	0,049	0,058	0,019	0,010	0,038	0,050	0,060	0,037	0,056	0,055	0,008	0,007	0,008	0,007	0,008	0,012
25 - hygomi	0,120	0,061	0,041	0,057	0,052	0,049	0,056	0,051	0,054	0,062	0,047	0,056	0,063	0,053	0,053	0,052	0,050	0,048	0,052
26 - imbituba	0,121	0,061	0,066	0,034	0,068	0,048	0,060	0,047	0,033	0,044	0,045	0,034	0,037	0,060	0,061	0,058	0,055	0,055	0,058
27 - insulanus	0,120	0,059	0,061	0,070	0,072	0,036	0,037	0,058	0,067	0,070	0,052	0,067	0,070	0,034	0,035	0,035	0,032	0,032	0,037
28 - itambere_Tipo	0,120	0,065	0,028	0,063	0,037	0,055	0,064	0,057	0,056	0,070	0,058	0,056	0,066	0,056	0,060	0,059	0,058	0,056	0,059
29 - montanus	0,117	0,062	0,053	0,050	0,059	0,044	0,051	0,039	0,051	0,059	0,041	0,053	0,055	0,048	0,049	0,047	0,048	0,048	0,049
30 - oreadicus_Jalapão	0,114	0,057	0,050	0,052	0,059	0,020	0,012	0,038	0,051	0,061	0,037	0,057	0,056	0,009	0,009	0,011	0,010	0,010	0,013
31 - oreadicus_MA/TO	0,117	0,056	0,054	0,054	0,064	0,026	0,016	0,042	0,055	0,063	0,043	0,061	0,061	0,014	0,013	0,012	0,014	0,015	0,019
32 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,111	0,067	0,029	0,060	0,028	0,054	0,061	0,054	0,053	0,065	0,057	0,058	0,068	0,054	0,058	0,057	0,054	0,052	0,057
33 - oreadicus_Goiatins	0,109	0,056	0,045	0,055	0,054	0,019	0,013	0,038	0,052	0,063	0,042	0,056	0,056	0,009	0,011	0,012	0,010	0,011	0,016
34 - oreadicus_RO	0,117	0,066	0,039	0,062	0,048	0,055	0,067	0,050	0,062	0,076	0,052	0,066	0,072	0,063	0,063	0,062	0,062	0,060	0,062
35 - oreadicus_Xambioá	0,113	0,052	0,049	0,051	0,059	0,019	0,011	0,039	0,051	0,058	0,039	0,056	0,055	0,009	0,008	0,007	0,008	0,009	0,013
36 - psammonastes	0,115	0,061	0,019	0,055	0,028	0,050	0,064	0,050	0,051	0,068	0,049	0,054	0,066	0,056	0,059	0,059	0,057	0,054	0,058
37 - torquatus_MG/MT/TO	0,113	0,054	0,050	0,049	0,060	0,017	0,017	0,038	0,049	0,058	0,036	0,052	0,052	0,015	0,016	0,016	0,014	0,014	0,019
38 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,117	0,052	0,061	0,026	0,063	0,039	0,050	0,037	0,024	0,037	0,034	0,025	0,030	0,050	0,051	0,048	0,046	0,046	0,050
39 - torquatus_Restingas	0,119	0,058	0,060	0,020	0,068	0,044	0,052	0,040	0,031	0,038	0,040	0,028	0,033	0,051	0,052	0,049	0,047	0,048	0,052
40 - torquatus_Tipo	0,121	0,058	0,057	0,031	0,059	0,046	0,057	0,046	0,032	0,041	0,043	0,030	0,037	0,054	0,055	0,054	0,049	0,049	0,053

Tabela 1 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador 16S. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 520 amostras. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39
21 - hispidus_CE/MA	0,003																			
22 - hispidus_Confusões	0,003	0,005																		
23 - hispidus_Guianas	0,008	0,006	0,009																	
24 - oreadicus_AP/PA/TO	0,004	0,003	0,005	0,008																
25 - hygomi	0,048	0,049	0,052	0,051	0,050															
26 - imbituba	0,055	0,056	0,060	0,059	0,057	0,057														
27 - insulanus	0,033	0,032	0,036	0,034	0,033	0,066	0,076													
28 - itambere_Tipo	0,055	0,056	0,059	0,059	0,057	0,047	0,065	0,063												
29 - montanus	0,045	0,046	0,048	0,047	0,046	0,055	0,055	0,063	0,062											
30 - oreadicus_Jalapão	0,008	0,006	0,008	0,011	0,007	0,052	0,059	0,034	0,058	0,048										
31 - oreadicus_MA/TO	0,009	0,010	0,007	0,015	0,010	0,055	0,063	0,037	0,061	0,052	0,015									
32 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,052	0,053	0,057	0,055	0,055	0,042	0,064	0,068	0,037	0,056	0,055	0,061								
33 - oreadicus_Goiatins	0,008	0,006	0,010	0,011	0,008	0,052	0,060	0,036	0,054	0,047	0,012	0,015	0,054							
34 - oreadicus_RO	0,059	0,060	0,063	0,060	0,061	0,052	0,060	0,073	0,045	0,063	0,060	0,067	0,044	0,064						
35 - oreadicus_Xambioá	<u>0,002</u>	0,005	0,004	0,009	0,005	0,051	0,058	0,032	0,056	0,048	0,010	0,007	0,055	0,009	0,062					
36 - psammonastes	0,054	0,055	0,058	0,057	0,056	0,040	0,059	0,067	0,023	0,055	0,055	0,063	0,025	0,053	0,030	0,057				
37 - torquatus_MG/MT/TO	0,013	0,011	0,014	0,016	0,013	0,051	0,054	0,035	0,057	0,047	0,014	0,019	0,056	0,016	0,059	0,014	0,055			
38 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,046	0,046	0,047	0,050	0,047	0,050	0,014	0,069	0,061	0,044	0,049	0,053	0,059	0,050	0,059	0,048	0,054	0,044		
39 - torquatus_Restingas	0,047	0,048	0,051	0,051	0,049	0,056	0,028	0,064	0,068	0,052	0,052	0,052	0,064	0,052	0,068	0,050	0,061	0,047	0,020	
40 - torquatus_Tipo	0,049	0,050	0,054	0,053	0,051	0,053	0,019	0,071	0,060	0,053	0,053	0,059	0,054	0,055	0,058	0,052	0,049	0,049	0,016	0,027

Tabela 2 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador cyt b. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 503 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 749 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 - GE																			
2 - cf._montanus_Caetité/Ibotirama	0,192																		
3 - aff_itambere_GO	0,186	0,153																	
4 - catalanensis	0,188	0,115	0,152																
5 - itambere_MT	0,179	0,159	0,104	0,132															
6 - oreadicus_Tipo	0,189	0,126	0,154	0,118	0,136														
7 - mucujensis	0,186	0,126	0,145	0,116	0,140	0,121													
8 - cocorobensis_Tipo	0,193	0,130	0,147	0,104	0,116	0,142	0,135												
9 - cocorobensis_Sul	0,187	0,121	0,148	0,092	0,136	0,127	0,124	0,103											
10 - erythrocephalus	0,186	0,125	0,151	0,119	0,145	0,132	0,096	0,136	0,135										
11 - etheridgei_Tipo	0,183	0,111	0,142	0,072	0,124	0,120	0,115	0,097	0,091	0,119									
12 - etheridgei_Leste	0,192	0,117	0,151	0,077	0,137	0,133	0,122	0,100	0,097	0,119	0,071								
13 - hispidus_BA/PI	0,188	0,135	0,161	0,123	0,139	0,069	0,130	0,140	0,122	0,143	0,128	0,134							
14 - hispidus_BA/PE/PI	0,189	0,136	0,160	0,124	0,139	0,073	0,128	0,142	0,124	0,145	0,130	0,134	0,017						
15 - hispidus_BA/MG	0,188	0,134	0,157	0,122	0,135	0,071	0,120	0,137	0,127	0,129	0,122	0,129	0,055	0,054					
16 - hispidus/oreadicus_BA/TO	0,186	0,119	0,154	0,124	0,133	0,067	0,124	0,135	0,119	0,135	0,126	0,130	0,043	0,041	0,054				
17 - hispidus_Tipo	0,188	0,134	0,158	0,117	0,131	0,074	0,127	0,140	0,134	0,137	0,127	0,130	0,052	0,049	0,050	0,046			
18 - hispidus_Capivara	0,186	0,133	0,162	0,123	0,138	0,071	0,126	0,138	0,118	0,142	0,128	0,135	0,016	0,017	0,053	0,042	0,052		
19 - hispidus_CE/MA	0,181	0,131	0,158	0,122	0,133	0,067	0,124	0,140	0,120	0,136	0,127	0,133	0,024	0,024	0,053	0,041	0,052	0,021	
20 - hispidus_Confusões	0,182	0,124	0,154	0,111	0,128	0,072	0,126	0,134	0,114	0,144	0,116	0,130	0,016	0,018	0,052	0,046	0,047	0,012	0,024

Tabela 2 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador cyt b. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 503 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 749 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
21 - hispidus_Guianas	0,187	0,135	0,156	0,124	0,129	0,067	0,129	0,148	0,132	0,136	0,123	0,137	0,050	0,052	0,049	0,045	0,044	0,051	0,046
22 - oreadicus_AP/PA/TO	0,188	0,133	0,160	0,122	0,138	0,068	0,123	0,139	0,120	0,140	0,128	0,133	0,020	0,020	0,052	0,043	0,050	0,014	0,023
23 - hygomi	0,192	0,140	0,133	0,142	0,136	0,140	0,147	0,144	0,142	0,145	0,138	0,138	0,129	0,127	0,136	0,126	0,130	0,129	0,128
24 - imbituba	0,188	0,119	0,151	0,081	0,127	0,123	0,118	0,095	0,092	0,127	0,076	0,084	0,127	0,128	0,129	0,120	0,119	0,125	0,126
25 - insulanus	0,187	0,144	0,152	0,131	0,146	0,084	0,130	0,148	0,133	0,131	0,128	0,131	0,076	0,077	0,073	0,074	0,073	0,077	0,070
26 - itambere_Tipo	0,184	0,152	0,108	0,138	0,088	0,130	0,135	0,131	0,141	0,142	0,127	0,136	0,138	0,140	0,133	0,134	0,135	0,139	0,135
27 - montanus	0,187	0,129	0,143	0,121	0,137	0,133	0,102	0,125	0,129	0,102	0,116	0,117	0,132	0,134	0,125	0,128	0,129	0,131	0,128
28 - oreadicus_Jalapão	0,186	0,126	0,149	0,125	0,131	0,072	0,119	0,134	0,120	0,136	0,128	0,136	0,050	0,050	0,056	0,029	0,053	0,046	0,048
29 - oreadicus_MA/TO	0,189	0,133	0,162	0,123	0,140	0,074	0,127	0,134	0,119	0,138	0,127	0,135	0,021	0,024	0,056	0,047	0,057	0,014	0,027
30 - oreadicus_PA/TO	0,184	0,130	0,149	0,124	0,131	0,071	0,120	0,140	0,128	0,135	0,130	0,136	0,049	0,048	0,056	0,043	0,050	0,048	0,046
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,182	<u>0,165</u>	0,106	0,149	0,094	0,142	0,144	0,141	0,137	0,152	0,135	0,145	0,149	0,150	0,140	0,146	0,151	0,149	0,142
32 - oreadicus_Goiatins	0,178	0,129	0,142	0,133	0,129	0,079	0,121	0,140	0,122	0,131	0,128	0,137	0,056	0,053	0,060	0,033	0,056	0,055	0,052
33 - oreadicus_RO	0,189	0,163	0,111	0,152	0,115	0,148	0,151	0,150	0,153	0,156	0,144	0,156	0,151	0,148	0,145	0,143	0,151	0,153	0,146
34 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,190	0,127	0,157	0,121	0,131	0,066	0,125	0,137	0,121	0,128	0,122	0,132	0,044	0,046	0,050	0,036	0,047	0,040	0,040
35 - oreadicus_Xambioá	0,169	0,129	0,141	0,114	0,115	0,065	0,104	0,126	0,107	0,121	0,118	0,130	0,034	0,040	0,049	0,040	0,049	0,033	0,037
36 - psammonastes	0,181	0,145	0,117	0,135	0,101	0,129	0,140	0,125	0,138	0,131	0,137	0,135	0,126	0,125	0,119	0,121	0,121	0,125	0,126
37 - torquatus_MG/MT/TO	0,188	0,125	0,155	0,119	0,133	0,057	0,121	0,137	0,122	0,134	0,122	0,131	0,058	0,058	0,063	0,045	0,060	0,056	0,055
38 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,193	0,124	0,148	0,083	0,133	0,139	0,125	0,105	0,101	0,131	0,084	0,092	0,134	0,133	0,137	0,131	0,125	0,131	0,134
39 - torquatus_Restingas	0,191	0,120	0,133	0,060	0,127	0,125	0,105	0,099	0,090	0,116	0,070	0,078	0,129	0,131	0,123	0,124	0,122	0,128	0,127
40 - torquatus_Tipo	0,182	0,114	0,133	0,069	0,121	0,122	0,114	0,098	0,087	0,117	0,072	0,075	0,114	0,114	0,117	0,117	0,107	0,114	0,115

Tabela 2 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador cyt b. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 503 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 749 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39
21 - hispidus_Guianas	0,044																			
22 - oreadicus_AP/PA/TO	0,014	0,050																		
23 - hygomi	0,126	0,134	0,128																	
24 - imbituba	0,113	0,127	0,126	0,134																
25 - insulanus	0,075	0,071	0,074	0,136	0,135															
26 - itambere_Tipo	0,129	0,136	0,138	0,122	0,129	0,137														
27 - montanus	0,132	0,130	0,130	0,139	0,120	0,130	0,136													
28 - oreadicus_Jalapão	0,049	0,049	0,047	0,125	0,122	0,079	0,131	0,125												
29 - oreadicus_MA/TO	0,018	0,053	0,020	0,126	0,124	0,082	0,137	0,130	0,049											
30 - oreadicus_PA/TO	0,048	0,052	0,046	0,123	0,121	0,078	0,131	0,124	0,047	0,047										
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,143	0,142	0,147	0,139	0,141	0,137	0,098	0,133	0,142	0,150	0,143									
32 - oreadicus_Goiatins	0,063	0,056	0,054	0,124	0,127	0,081	0,132	0,123	0,039	0,054	0,052	0,135								
33 - oreadicus_RO	0,151	0,147	0,151	0,138	0,144	0,148	0,108	0,138	0,137	0,149	0,144	0,118	0,136							
34 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,043	0,044	0,040	0,129	0,123	0,071	0,134	0,127	0,040	0,043	0,040	0,139	0,039	0,142						
35 - oreadicus_Xambioá	0,039	0,045	0,032	0,111	0,110	0,069	0,117	0,116	0,038	0,031	0,043	0,128	0,040	0,139	0,030					
36 - psammonastes	0,124	0,125	0,124	0,119	0,134	0,118	0,091	0,137	0,119	0,124	0,122	0,107	0,121	0,105	0,117	0,116				
37 - torquatus_MG/MT/TO	0,055	0,056	0,056	0,132	0,121	0,080	0,133	0,129	0,050	0,060	0,057	0,144	0,058	0,146	0,052	0,052	0,125			
38 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,123	0,133	0,133	0,141	0,058	0,151	0,144	0,127	0,130	0,130	0,129	0,146	0,138	0,142	0,136	0,120	0,141	0,134		
39 - torquatus_Restingas	0,120	0,128	0,131	0,145	0,077	0,133	0,135	0,111	0,129	0,128	0,129	0,143	0,130	0,140	0,125	0,112	0,134	0,125	0,076	
40 - torquatus_Tipo	0,105	0,118	0,117	0,137	0,055	0,131	0,132	0,108	0,118	0,114	0,114	0,139	0,121	0,137	0,116	0,104	0,131	0,118	0,053	0,062

Tabela 3. Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador KIF24. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 471 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 573 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 - GE																			
2 - cf_montanus_Caetitê/Ibotirama	0,100																		
3 - aff_itambere_GO	0,102	0,035																	
4 - catalanensis	0,095	0,030	0,024																
5 - itambere_MT	0,103	0,037	0,017	0,027															
6 - oreadicus_Tipo	0,105	0,038	0,031	0,026	0,028														
7 - mucujensis	0,098	0,036	0,031	0,016	0,033	0,032													
8 - cocorobensis_Tipo	0,092	0,039	0,039	0,024	0,039	0,039	0,030												
9 - cocorobensis_Sul	0,102	0,038	0,037	0,021	0,039	0,038	0,027	0,029											
10 - erythrocephalus	0,098	0,038	0,034	0,020	0,036	0,036	0,025	0,029	0,029										
11 - etheridgei_Leste	0,093	0,029	0,023	0,009	0,026	0,026	0,017	0,023	0,020	0,020									
12 - etheridgei_Tipo	0,097	0,033	0,026	0,010	0,028	0,029	0,018	0,028	0,023	0,022	0,009								
13 - hispidus_BA/PI	0,100	0,029	0,027	0,018	0,025	0,020	0,027	0,031	0,031	0,031	0,018	0,021							
14 - hispidus_BA/PE/PI	0,108	0,041	0,040	0,028	0,035	0,033	0,035	0,034	0,038	0,038	0,027	0,029	0,019						
15 - hispidus_BA/MG	0,103	0,036	0,031	0,025	0,029	0,025	0,032	0,037	0,037	0,036	0,025	0,028	0,017	0,025					
16 - hispidus/oreadicus_BA/TO	0,102	0,035	0,031	0,024	0,028	0,023	0,031	0,036	0,035	0,034	0,024	0,027	0,016	0,026	0,020				
17 - hispidus_Tipo	0,102	0,035	0,031	0,025	0,028	0,023	0,031	0,036	0,036	0,035	0,024	0,027	0,014	0,023	0,018	0,018			
18 - hispidus_Capivara	0,101	0,033	0,029	0,025	0,028	0,025	0,030	0,032	0,033	0,033	0,023	0,027	0,018	0,027	0,021	0,021	0,018		
19 - hispidus_Confusões	0,103	0,039	0,039	0,025	0,035	0,031	0,032	0,029	0,032	0,035	0,024	0,028	0,018	0,024	0,026	0,027	0,025	0,025	
20 - hispidus_Guianas	0,102	0,043	0,042	0,028	0,040	0,039	0,036	0,027	0,035	0,038	0,026	0,031	0,029	0,027	0,035	0,034	0,035	0,034	0,029

Tabela 3 (continuação) Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador KIF24. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 471 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 573 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
21 - oreadicus_AP/PA/TO	0,101	0,038	0,033	0,026	0,029	0,021	0,032	0,038	0,036	0,036	0,025	0,029	0,018	0,027	0,021	0,020	0,019	0,021	0,027
22 - hispidus_CE/MA	0,104	0,036	0,034	0,025	0,032	0,028	0,031	0,034	0,036	0,034	0,025	0,027	0,017	0,027	0,023	0,023	0,021	0,021	0,029
23 - hygomi	0,099	0,054	0,057	0,049	0,053	0,051	0,052	0,044	0,054	0,057	0,047	0,052	0,044	0,050	0,049	0,048	0,047	0,047	0,049
24 - imbituba	0,096	0,034	0,027	0,009	0,029	0,029	0,019	0,030	0,025	0,023	0,012	0,012	0,022	0,031	0,028	0,027	0,028	0,028	0,030
25 - insulanus	0,102	0,039	0,034	0,026	0,032	0,026	0,036	0,038	0,038	0,038	0,027	0,030	0,015	0,027	0,026	0,022	0,025	0,030	0,028
26 - itambere_Tipo	0,103	0,035	0,011	0,027	0,015	0,032	0,033	0,040	0,041	0,036	0,028	0,031	0,029	0,040	0,032	0,032	0,031	0,030	0,040
27 - montanus	0,100	0,038	0,028	0,024	0,033	0,038	0,030	0,039	0,036	0,033	0,023	0,025	0,032	0,040	0,038	0,036	0,036	0,035	0,038
28 - oreadicus_Jalapão	0,101	0,036	0,030	0,021	0,028	0,025	0,028	0,033	0,032	0,031	0,021	0,024	0,017	0,026	0,023	0,021	0,021	0,023	0,026
29 - oreadicus_MA/TO	0,105	0,035	0,030	0,023	0,029	0,026	0,031	0,033	0,033	0,034	0,022	0,026	0,015	0,022	0,022	0,021	0,020	0,021	0,023
30 - oreadicus_PA/TO	0,105	0,036	0,030	0,023	0,028	0,020	0,030	0,036	0,034	0,034	0,023	0,026	0,016	0,025	0,021	0,021	0,020	0,021	0,025
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,108	0,039	0,018	0,028	0,021	0,035	0,036	0,041	0,039	0,039	0,030	0,033	0,030	0,041	0,035	0,034	0,034	0,032	0,039
32 - oreadicus_Goiatins	0,101	0,035	0,029	0,024	0,026	0,022	0,030	0,035	0,034	0,033	0,023	0,026	0,017	0,026	0,021	0,016	0,017	0,019	0,026
33 - oreadicus_RO	0,110	0,043	0,037	0,027	0,037	0,033	0,035	0,034	0,039	0,040	0,030	0,034	0,027	0,037	0,032	0,032	0,032	0,030	0,033
34 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,104	0,038	0,029	0,018	0,028	0,025	0,024	0,033	0,030	0,029	0,017	0,019	0,016	0,024	0,022	0,023	0,020	0,021	0,022
35 - psammonastes	0,111	0,041	0,022	0,033	0,026	0,034	0,039	0,046	0,046	0,044	0,034	0,036	0,030	0,041	0,034	0,034	0,033	0,033	0,039
36 - torquatus_MG/MT/TO	0,096	0,032	0,026	0,008	0,029	0,028	0,019	0,027	0,023	0,023	0,011	0,012	0,021	0,030	0,027	0,027	0,027	0,026	0,028
37 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,103	0,040	0,032	0,016	0,033	0,032	0,025	0,035	0,029	0,029	0,015	0,014	0,024	0,031	0,030	0,030	0,030	0,031	0,031
38 - torquatus_Restingas	0,100	0,037	0,030	0,013	0,033	0,032	0,022	0,031	0,027	0,027	0,014	0,016	0,025	0,033	0,030	0,030	0,030	0,030	0,033
39 - torquatus_Tipo	0,097	0,035	0,028	0,011	0,030	0,031	0,021	0,031	0,025	0,025	0,011	0,010	0,022	0,030	0,029	0,028	0,028	0,028	0,030

Tabela 3 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador KIF24. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 471 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 573 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38
21 - oreadicus_AP/PA/TO	0,035																		
22 - hispidus_CE/MA	0,034	0,024																	
23 - hygomi	0,052	0,049	0,053																
24 - imbituba	0,032	0,029	0,028	0,052															
25 - insulanus	0,036	0,022	0,026	0,051	0,030														
26 - itambere_Tipo	0,043	0,033	0,034	0,058	0,029	0,038													
27 - montanus	0,042	0,035	0,038	0,060	0,025	0,039	0,031												
28 - oreadicus_Jalapão	0,032	0,021	0,023	0,049	0,025	0,022	0,032	0,033											
29 - oreadicus_MA/TO	0,028	0,020	0,022	0,048	0,027	0,021	0,031	0,036	0,021										
30 - oreadicus_PA/TO	0,030	0,020	0,023	0,050	0,026	0,021	0,031	0,036	0,021	0,020									
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,044	0,035	0,037	0,060	0,034	0,036	0,019	0,038	0,034	0,034	0,033								
32 - oreadicus_Goiatins	0,034	0,019	0,024	0,044	0,027	0,027	0,030	0,035	0,018	0,021	0,021	0,033							
33 - oreadicus_RO	0,039	0,034	0,034	0,055	0,033	0,037	0,037	0,044	0,032	0,034	0,031	0,036	0,029						
34 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,031	0,021	0,023	0,046	0,020	0,024	0,031	0,029	0,020	0,022	0,021	0,033	0,020	0,031					
35 - psammonastes	0,043	0,036	0,035	<u>0,060</u>	0,037	0,037	0,020	0,041	0,033	0,034	0,032	0,028	0,031	0,035	0,033				
36 - torquatus_MG/MT/TO	0,030	0,028	0,028	0,050	0,012	0,029	0,029	0,026	0,024	0,026	0,025	0,031	0,026	0,031	0,020	0,035			
37 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,035	0,031	0,032	0,053	0,017	0,032	0,036	0,030	0,028	0,030	0,030	0,038	0,029	0,036	0,022	0,042	0,017		
38 - torquatus_Restingas	0,034	0,030	0,031	0,053	0,015	0,032	0,034	0,029	0,027	0,029	0,029	0,037	0,030	0,034	0,023	0,040	0,015	0,019	
39 - torquatus_Tipo	0,031	0,030	0,030	0,052	0,013	0,029	0,033	0,027	0,025	0,027	0,026	0,035	0,028	0,034	0,020	0,038	0,014	0,014	0,017

Tabela 4. Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PRLR. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 445 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 - GE																			
2 - cf_montanus_Caetité/Ibotirama	0,059																		
3 - aff_itambere_GO	0,062	0,033																	
4 - catalanensis	0,060	0,027	0,027																
5 - itambere_MT	0,061	0,031	0,010	0,025															
6 - oreadicus_Tipo	0,062	0,030	0,026	0,024	0,023														
7 - mucujensis	0,062	0,025	0,034	0,026	0,031	0,030													
8 - cocorobensis_Tipo	0,060	0,023	0,036	0,030	0,033	0,033	0,030												
9 - cocorobensis_Sul	0,066	0,034	0,023	0,025	0,022	0,027	0,035	0,036											
10 - erythrocephalus	0,061	0,028	0,033	0,025	0,030	0,029	0,009	0,029	0,034										
11 - etheridgei_Leste	0,060	0,020	0,032	0,023	0,029	0,028	0,011	0,031	0,033	0,014									
12 - etheridgei_Tipo	0,065	0,024	0,037	0,029	0,034	0,033	0,014	0,037	0,038	0,017	0,010								
13 - hispidus_BA/PI	0,063	0,031	0,030	0,026	0,027	0,012	0,030	0,033	0,030	0,029	0,028	0,032							
14 - hispidus_BA/PE/PI	0,066	0,034	0,026	0,028	0,024	0,019	0,033	<u>0,037</u>	0,027	0,031	0,031	0,035	0,023						
15 - hispidus_BA/MG	0,058	0,026	0,019	0,020	0,018	0,018	0,027	0,029	0,021	0,026	0,024	0,029	0,021	0,019					
16 - hispidus/oreadicus_MA/PI	0,058	0,024	0,025	0,021	0,023	0,013	0,025	0,027	0,027	0,024	0,023	0,025	0,012	0,019	0,017				
17 - hispidus/oreadicus_BA/TO	0,059	0,027	0,025	0,022	0,022	0,013	0,026	0,030	0,026	0,025	0,024	0,029	0,015	0,018	0,016	0,013			
18 - hispidus_Tipo	0,060	0,028	0,023	0,023	0,020	0,012	0,029	0,031	0,024	0,028	0,027	0,031	0,016	0,016	0,014	0,014	0,014		
19 - hispidus_Capivara	0,057	0,025	0,023	0,019	0,020	0,016	0,024	0,027	0,023	0,023	0,022	0,027	0,019	0,018	0,015	0,014	0,015	0,015	
20 - hispidus_Confusões	0,060	0,026	0,025	0,024	0,023	0,021	0,019	0,032	0,028	0,019	0,016	0,020	0,023	0,024	0,020	0,018	0,019	0,021	0,015

Tabela 4 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PRLR. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 445 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
21 - hispidus_Guianas	0,065	0,035	0,030	0,029	0,028	0,013	0,035	0,038	0,031	0,035	0,033	0,036	0,016	0,022	0,022	0,014	0,018	0,017	0,020
22 - oreadicus_AP/PA/TO	0,063	0,033	0,028	0,027	0,025	0,006	0,033	0,035	0,029	0,032	0,031	0,035	0,014	0,021	0,020	0,015	0,016	0,015	0,018
23 - hispidus_CE/MA	0,056	0,023	0,022	0,020	0,020	0,010	0,024	0,025	0,024	0,023	0,022	0,027	0,012	0,017	0,015	0,009	0,011	0,011	0,013
24 - hygomi	0,058	0,030	0,032	0,024	0,030	0,025	0,030	0,032	0,026	0,029	0,029	0,033	0,027	0,030	0,025	0,023	0,024	0,025	0,024
25 - imbituba	0,059	0,025	0,030	0,020	0,028	0,026	0,016	0,030	0,031	0,016	0,016	0,020	0,027	0,030	0,023	0,022	0,023	0,025	0,021
26 - itambere_Tipo	0,058	0,028	0,010	0,025	0,006	0,023	0,031	0,031	0,022	0,030	0,029	0,034	0,027	0,023	0,017	0,022	0,022	0,020	0,020
27 - montanus	0,062	0,021	0,030	0,025	0,027	0,028	0,013	0,032	0,032	0,015	0,009	0,012	0,029	0,030	0,025	0,023	0,025	0,027	0,023
28 - oreadicus_Jalapão	0,060	0,028	0,026	0,024	0,023	0,018	0,023	0,031	0,028	0,022	0,021	0,026	0,020	0,024	0,021	0,017	0,018	0,019	0,017
29 - oreadicus_MA/TO	0,060	0,028	0,029	0,025	0,026	0,025	0,017	0,031	0,031	0,017	0,016	0,020	0,027	0,030	0,024	0,022	0,023	0,026	0,020
30 - oreadicus_PA/TO	0,062	0,031	0,026	0,024	0,023	0,003	0,031	0,033	0,027	0,030	0,029	0,034	0,010	0,018	0,018	0,013	0,013	0,012	0,016
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,063	0,034	0,011	0,027	0,006	0,025	0,034	0,036	0,022	0,033	0,031	0,036	0,029	0,025	0,019	0,025	0,025	0,022	0,022
32 - oreadicus_Goiatins	0,056	0,024	0,024	0,021	0,021	0,016	0,018	0,027	0,028	0,017	0,017	0,021	0,017	0,022	0,016	0,013	0,014	0,016	0,014
33 - oreadicus_RO	0,061	0,032	0,009	0,025	0,008	0,024	0,032	0,034	0,021	0,031	0,030	0,035	0,028	0,024	0,017	0,023	0,023	0,021	0,021
34 - psammonastes	0,058	0,029	0,010	0,022	0,008	0,021	0,028	0,029	0,021	0,027	0,027	0,032	0,025	0,023	0,017	0,020	0,020	0,019	0,018
35 - torquatus_MG/MT/TO	0,060	0,027	0,029	0,011	0,026	0,024	0,027	0,031	0,027	0,027	0,023	0,029	0,028	0,029	0,022	0,023	0,023	0,023	0,020
36 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,059	0,025	0,031	0,021	0,028	0,027	0,013	0,030	0,032	0,014	0,014	0,017	0,027	0,030	0,023	0,022	0,023	0,026	0,021
37 - torquatus_Restingas	0,058	0,024	0,027	0,016	0,024	0,023	0,020	0,029	0,026	0,020	0,019	0,023	0,025	0,027	0,020	0,021	0,021	0,022	0,018
38 - torquatus_Tipo	0,057	0,023	0,024	0,013	0,021	0,020	0,021	0,026	0,022	0,021	0,019	0,025	0,023	0,025	0,017	0,019	0,019	0,019	0,015

Tabela 4. Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PRLR. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 445 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 580 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37
21 - hispidus_Guianas	0,026																	
22 - oreadicus_AP/PA/TO	0,024	0,016																
23 - hispidus_CE/MA	0,017	0,016	0,012															
24 - hygomi	0,029	0,028	0,028	0,019														
25 - imbituba	0,019	0,032	0,029	0,021	0,027													
26 - itambere_Tipo	0,022	0,027	0,025	0,020	0,030	0,028												
27 - montanus	0,018	0,034	0,031	0,022	0,030	0,017	0,027											
28 - oreadicus_Jalapão	0,016	0,024	0,020	0,014	0,026	0,021	0,023	0,022										
29 - oreadicus_MA/TO	0,014	0,032	0,029	0,018	0,028	0,017	0,027	0,017	0,017									
30 - oreadicus_PA/TO	0,022	0,013	0,005	0,009	0,026	0,027	0,023	0,029	0,018	0,027								
31 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,025	0,030	0,027	0,022	0,032	0,030	0,005	0,030	0,026	0,030	0,025							
32 - oreadicus_Goiatins	0,011	0,022	0,019	0,010	0,023	0,016	0,021	0,018	0,013	0,013	0,017	0,023						
33 - oreadicus_RO	0,023	0,028	0,026	0,020	0,031	0,028	0,008	0,028	0,024	0,028	0,024	0,009	0,022					
34 - psammonastes	0,020	0,025	0,022	0,017	0,028	0,025	0,009	0,025	0,021	0,025	0,021	0,010	0,019	0,008				
35 - torquatus_MG/MT/TO	0,025	0,029	0,027	0,021	0,025	0,022	0,026	0,026	0,025	0,026	0,025	0,028	0,022	0,027	0,024			
36 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,018	0,032	0,030	0,021	0,027	0,004	0,028	0,015	0,020	0,016	0,028	0,030	0,014	0,029	0,026	0,023		
37 - torquatus_Restingas	0,020	0,028	0,026	0,019	0,024	0,011	0,024	0,020	0,021	0,020	0,024	0,026	0,017	0,025	0,022	0,018	0,010	
38 - torquatus_Tipo	0,020	0,026	0,023	0,017	0,021	0,014	0,022	0,021	0,020	0,020	0,021	0,024	0,016	0,022	0,019	0,015	0,015	0,011

Tabela 5. Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PTPN. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 393 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 801 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 - GE																			
2 - cf._montanus_Caetité/Ibotirama	0,044																		
3 - aff_itambere_GO	0,046	0,015																	
4 - catalanensis	0,049	0,014	0,020																
5 - itambere_MT	0,045	0,015	0,004	0,019															
6 - oreadicus_Tipo	0,045	0,010	0,015	0,015	0,016														
7 - cocorobensis_Tipo	0,049	0,013	0,019	0,015	0,019	0,015													
8 - cocorobensis_Sul	0,044	0,011	0,014	0,017	0,014	0,009	0,016												
9 - erythrocephalus	0,044	0,011	0,014	0,016	0,015	0,012	0,016	0,011											
10 - etheridgei_Leste	0,045	0,009	0,016	0,007	0,016	0,011	0,012	0,012	0,012										
11 - etheridgei_Tipo	0,045	0,009	0,015	0,007	0,014	0,011	0,012	0,012	0,013	0,004									
12 - hispidus_BA/PE/PI	0,044	0,010	0,013	0,014	0,012	0,005	0,014	0,006	0,009	0,010	0,011								
13 - hispidus_BA/MG	0,045	0,010	0,014	0,014	0,013	0,005	0,014	0,007	0,010	0,010	0,011	0,002							
14 - hispidus/oreadicus_BA/PI	0,044	0,011	0,014	0,016	0,015	0,004	0,016	0,006	0,011	0,012	0,012	0,004	0,004						
15 - hispidus_Tipo	0,045	0,011	0,014	0,015	0,014	0,006	0,015	0,008	0,011	0,012	0,012	0,003	0,004	0,005					
16 - hispidus_Capivara	0,045	0,010	0,014	0,015	0,013	0,005	0,014	0,007	0,010	0,011	0,011	0,002	0,003	0,004	0,004				
17 - hispidus_BA/PI	0,045	0,010	0,014	0,015	0,013	0,006	0,015	0,007	0,010	0,011	0,011	0,003	0,003	0,005	0,004	0,003			
18 - hispidus/oreadicus_BA/TO	0,046	0,012	0,015	0,016	0,015	0,007	0,016	0,009	0,012	0,013	0,013	0,004	0,005	0,006	0,006	0,005	0,005		
19 - hispidus_Confusões	0,046	0,012	0,016	0,016	0,015	0,006	0,016	0,008	0,010	0,012	0,012	0,003	0,004	0,005	0,005	0,004	0,004	0,006	
20 - hispidus_Guianas	0,044	0,009	0,013	0,015	0,013	0,005	0,014	0,007	0,009	0,010	0,011	<u>0,002</u>	0,003	0,004	0,003	0,003	0,003	0,004	0,004

Tabela 5 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PTPN. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 393 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 801 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
21 - oreadicus_AP/PA/TO	0,045	0,011	0,015	0,016	0,014	0,007	0,016	0,008	0,009	0,012	0,013	0,004	0,004	0,006	0,005	0,004	0,004	0,006	0,005
22 - hispidus_CE/MA	0,044	0,010	0,013	0,016	0,014	0,004	0,015	0,007	0,010	0,011	0,012	0,003	0,004	0,003	0,004	0,004	0,004	0,005	0,004
23 - hygomi	0,040	0,010	0,011	0,015	0,009	0,011	0,014	0,010	0,007	0,010	0,011	0,008	0,009	0,010	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010
24 - imbituba	0,044	0,008	0,014	0,007	0,014	0,010	0,010	0,011	0,011	0,003	0,003	0,009	0,009	0,011	0,010	0,009	0,010	0,012	0,011
25 - insulanus	0,046	0,012	0,014	0,016	0,014	0,004	0,016	0,009	0,011	0,012	0,013	0,004	0,004	0,003	0,005	0,004	0,005	0,006	0,004
26 - itambere_Tipo	0,051	0,020	0,007	<u>0,025</u>	0,008	0,020	0,025	0,019	0,019	0,020	0,020	0,018	0,018	0,019	0,019	0,018	0,018	0,020	0,020
27 - montanus	0,044	0,010	0,012	0,012	0,012	0,011	0,014	0,010	0,010	0,008	0,008	0,008	0,008	0,009	0,009	0,008	0,009	0,010	0,010
28 - mucujensis	0,044	0,012	0,015	0,016	0,015	0,013	0,016	0,012	0,003	0,012	0,013	0,010	0,010	0,011	0,011	0,010	0,011	0,012	0,011
29 - oreadicus_Jalapão	0,044	0,010	0,013	0,015	0,013	0,005	0,014	0,007	0,010	0,011	0,011	0,003	0,003	0,004	0,004	0,004	0,004	0,005	0,004
30 - oreadicus_MA/TO	0,044	0,010	0,012	0,014	0,011	0,005	0,014	0,007	0,009	0,010	0,011	0,002	0,003	0,004	0,003	0,003	0,003	0,004	0,003
31 - oreadicus_PA/TO	0,044	0,009	0,014	0,015	0,013	0,003	0,015	0,008	0,012	0,010	0,011	0,004	0,004	0,003	0,004	0,004	0,004	0,006	0,004
32 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,047	0,016	0,003	0,021	0,004	0,017	0,021	0,016	0,015	0,017	0,016	0,014	0,015	0,016	0,015	0,014	0,015	0,016	0,017
33 - oreadicus_Goiatins	0,042	0,010	0,013	0,014	0,012	0,005	0,014	0,004	0,010	0,010	0,011	0,002	0,003	0,001	0,004	0,003	0,003	0,005	0,003
34 - oreadicus_RO	0,048	0,017	0,006	0,021	0,006	0,017	0,021	0,017	0,016	0,017	0,017	0,015	0,015	0,016	0,016	0,015	0,016	0,017	0,016
35 - psammonastes	0,046	0,015	0,005	0,021	0,003	0,016	0,021	0,015	0,016	0,017	0,017	0,014	0,014	0,016	0,015	0,014	0,014	0,016	0,015
36 - torquatus_MG/MT/TO	0,049	0,014	0,020	0,003	0,019	0,015	0,016	0,016	0,016	0,007	0,007	0,013	0,013	0,016	0,015	0,014	0,015	0,016	0,015
37 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,047	0,011	0,018	0,011	0,017	0,013	0,013	0,013	0,014	0,007	0,007	0,013	0,013	0,015	0,014	0,013	0,013	0,015	0,014
38 - torquatus_Restingas	0,047	0,011	0,017	0,007	0,017	0,013	0,013	0,013	0,013	0,005	0,005	0,011	0,012	0,014	0,013	0,012	0,012	0,014	0,013
39 - torquatus_Tipo	0,045	0,009	0,015	0,008	0,015	0,011	0,011	0,012	0,012	0,004	0,004	0,010	0,010	0,012	0,011	0,010	0,011	0,013	0,012

Tabela 5 (continuação). Estimativa de divergência evolutiva média sobre sequências de pares de bases entre grupos para o marcador PTPN. O número de diferenças de base por site de média sobre todos os pares de sequência entre os grupos são mostradas. A análise envolveu 393 amostras. Posições códon incluídos foram o 1º. + 2º. + 3º. + não-codificantes. Todas as posições ambíguas foram removidas para cada par de sequência. Houve um total de 801 posições no conjunto de dados final. Análise foi desenvolvida por meio do programa MEGA 6 (Tamura et al. 2013). Grupos definidos a partir árvore obtida em Máxima Verossimilhança (Figura 14). Valores em negrito e sublinhados representam os valores extremos, mínimo e máximo, de divergência. GE=Grupo externo.

Grupos	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38
21 - oreadicus_AP/PA/TO	0,004																		
22 - hispidus_CE/MA	0,003	0,005																	
23 - hygomi	0,008	0,007	0,009																
24 - imbituba	0,009	0,011	0,010	0,010															
25 - insulanus	0,004	0,006	0,003	0,010	0,011														
26 - itambere_Tipo	0,018	0,020	0,018	0,016	0,019	0,019													
27 - montanus	0,008	0,010	0,009	0,008	0,007	0,010	0,017												
28 - mucujensis	0,010	0,009	0,010	0,007	0,011	0,012	0,020	0,010											
29 - oreadicus_Jalapão	0,003	0,005	0,004	0,009	0,010	0,004	0,018	0,009	0,010										
30 - oreadicus_MA/TO	0,002	0,003	0,003	0,007	0,009	0,004	0,018	0,008	0,009	0,003									
31 - oreadicus_PA/TO	0,003	0,005	0,003	0,010	0,010	0,003	0,019	0,009	0,012	0,004	0,004								
32 - oreadicus_Chapada_Guimarães	0,014	0,016	0,015	0,011	0,015	0,015	0,008	0,013	0,016	0,015	0,014	0,015							
33 - oreadicus_Goiatins	0,002	0,004	0,003	0,009	0,009	0,004	0,018	0,008	0,010	0,002	0,002	0,004	0,015						
34 - oreadicus_RO	0,015	0,017	0,015	0,012	0,016	0,016	0,011	0,014	0,017	0,015	0,015	0,016	0,007	0,015					
35 - psammonastes	0,014	0,016	0,015	0,011	0,015	0,016	0,009	0,013	0,017	0,015	0,014	0,016	0,005	0,014	0,007				
36 - torquatus_MG/MT/TO	0,014	0,016	0,015	0,015	0,007	0,015	0,024	0,012	0,016	0,014	0,014	0,014	0,021	0,014	0,021	0,021			
37 - torquatus_RJ_litoral_Sul	0,013	0,014	0,014	0,012	0,005	0,015	0,022	0,011	0,014	0,014	0,013	0,012	0,019	0,013	0,020	0,019	0,011		
38 - torquatus_Restingas	0,012	0,014	0,013	0,012	0,004	0,014	0,022	0,009	0,014	0,012	0,011	0,012	0,018	0,012	0,019	0,018	0,007	0,008	
39 - torquatus_Tipo	0,010	0,012	0,011	0,010	0,002	0,012	0,020	0,008	0,012	0,010	0,010	0,010	0,017	0,010	0,017	0,016	0,008	0,004	0,005

Anexo VI: Fotos Animais em vida

Créditos das Fotos:

André Luiz Carvalho: Figuras 1, 15, 21, 22.

Marco A. Sena: Figuras 2, 10, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 26, 27, 29, 33, 38, 41, 42, 43, 45, 46, 47, 49, 50, 51.

Agustin Camacho Guerrero: Figuras 3, 6, 35.

Renato Recoder: Figuras 4, 5a, 5b.

Esler Criscoulo Bruno: Figura 7a.

Pedro Freire: Figura 7b.

Mauro Teixeira Jr: Figuras 8, 9, 19, 24, 28, 30, 31, 32, 34, 36, 37, 39, 44

Antônio Bordignon: Figura 11.

Miguel Trefaut Rodrigues: Figura 20.

Renato Gaiga: Figura 23, 40.

Pedro Peloso: Figura 25.

Laurie J. Vitt: Figura 48.

Figura 1. *Tropidurus chromatops* (macho). Florida, Bolívia. AMNH Field 20462. Topótipo.

Figura 2. Clado "hygomi": *Tropidurus hygomi* (macho). Salvador, BA.

Figura 3. Clado "itambere Tipo": *Tropidurus itambere* (macho). Serra da Canastra, MG.

Figura 4. Clado "aff. itambere MT": *Tropidurus* sp. (fêmea). Monte Alegre de Goiás, GO. PHV 4133.

Figura 5a: Clado "itambere MT": *Tropidurus itambere* (macho). Alto Araguaia, MT.

Figura 5b: Clado "itambere MT": *Tropidurus itambere* (fêmea). Alto Araguaia, MT.

Figura 6: Clado “psammonastes”:
Tropidurus psammonastes (macho).
Serra do Estreito, BA. Foto: Agustin
Camacho.

Figura 7a: Clado “oreadicus RO”:
Tropidurus oreadicus (macho).
Cacaulândia, RO.

Figura 7b: Clado “oreadicus RO”:
Tropidurus oreadicus (fêmea).
Cachoeira de Jirau, RO.

Figura 8: Clado “cocorobensis Sul”:
Tropidurus cocorobensis (macho).
Morro do Chapéu, BA.

Figura 9: Clado “cocorobensis Tipo”:
Tropidurus cocorobensis (macho).
Canudos, BA. MTR 21285.

Figura 10: Clado "torquatus Tipo": *Tropidurus torquatus* (macho). Praia de Carapebus, RJ. MTR 33368. Topótipo.

Figura 11: Clado "torquatus RJ litoral Sul": *Tropidurus torquatus* (macho). Ilha da Madeira, RJ.

Figura 12: Clado "imbituba": *Tropidurus imbituba* (macho). REBIO Sooretama, Sooretama, ES. MTR 21580.

Figura 13: Clado "imbituba": *Tropidurus imbituba* (macho). Serra dos Alves, Itabira, MG. MTR 21775.

Figura 14: Clado "imbituba": *Tropidurus imbituba* (macho). Barrolândia, BA. MTR 33451.

Figura 15: Clado "catalanensis": *Tropidurus catalanensis* (macho). Itaipu, Paraguai. AMNH Field 20291.

Figura 16: Clado “catalanensis”: *Tropidurus catalanensis*. Buritis, MG. MTR 33316.

Figura 17: Clado “catalanensis”: *Tropidurus catalanensis* (indeterminado). Rio de Janeiro, RJ. MTR33352.

Figura 18: Clado “catalanensis”: *Tropidurus catalanensis* (macho). São Simão, SP. MTR 33315. Foto:

Figura 19. Clado “torquatus Restingas”: *Tropidurus torquatus* (macho). REBIO Mata Escura, Jequitinhonha, MG.

Figura 20. Clado “torquatus Restingas”: *Tropidurus torquatus* (macho). Trancoso, BA.

Figura 21. Clado “etheridgei Tipo”: *Tropidurus etheridgei* (macho). Filadelfia, Paraguai.

Figura 22. Clado "etheridgei Tipo": *Tropidurus etheridgei* (macho). PARNA Toro Toro, Bolívia.

Figura 23. Clado "etheridgei Tipo": *Tropidurus etheridgei*. Itiquira, MT.

Figura 24. Clado "etheridgei Leste": *Tropidurus etheridgei* (macho). PARNA Cavernas do Peruaçu, Januária, MG.

Figura 25. Clado "cf. montanus Caetitê/Ibotirama BA": *Tropidurus cf. montanus* (fêmea). Ibotirama, BA.

Figura 26. Clado "montanus": *Tropidurus montanus* (fêmea). PARNA Serra do Cipó, MG. MTR 19467. Topótipo.

Figura 27. Clado "erythrocephalus": *Tropidurus erythrocephalus* (macho). Morro do Chapéu, BA. MTR 22625. Topótipo.

Figura 28. Clado "mucujensis":
Tropidurus mucujensis (macho).
Mucugê, BA.
Topótipo.

Figura 29. Clado "hispidus BA/MG":
Tropidurus hispidus (macho). Piatã,
BA. MTR 19966.

Figura 30. Clado "hispidus BA/MG":
Tropidurus hispidus
(indeterminado). Piatã, BA.
MTR 20098.

Figura 31. Clado "hispidus BA/MG":
Tropidurus hispidus (macho). PARNA
Cavernas do Peruaçu, Januária, MG.
MTJ 0022.

Figura 32. Clado "hispidus Capivara
PI": *Tropidurus hispidus* (macho).
PARNA Serra da Capivara, PI.

Figura 33. Clado "hispidus CE/MA":
Tropidurus hispidus (macho). São
Benedito do Rio Preto, MA.
MTR 27151.

Figura 34. Clado “hispidus Guianas”: *Tropidurus hispidus* (fêmea). Tepequém, RR.

Figura 35. Clado “hispidus Guianas”: *Tropidurus hispidus* (macho). Pacaraima, RR.

Figura 36. Clado “hispidus Tipo”: *Tropidurus hispidus* (fêmea). Campo Formoso, BA.

Figura 37. Clado “hispidus Tipo”: *Tropidurus hispidus* (fêmea). EE Wenceslau Guimarães, Wenceslau Guimarães, BA.

Figura 38. Clado “hispidus/oreadicus MA/PI”: *Tropidurus hispidus* (macho). Barreirinhas, MA. MTR 33379.

Figura 39. Clado “hispidus/oreadicus BA/TO”: *Tropidurus hispidus* (indeterminado). Correntina, BA.

Figura 40. Clado “hispidus/oreadicus BA/TO”: *Tropidurus oreadicus* (macho). São Desidério, BA.

Figura 41. Clado “hispidus/oreadicus BA/TO”: *Tropidurus oreadicus* (macho). Formoso do Araguaia, TO. MTR 23957.

Figura 42. Clado “hispidus/oreadicus BA/TO”: *Tropidurus oreadicus* (macho). Formoso do Araguaia, TO. MTR 23966.

Figura 43. Clado “oreadicus AP/PA/TO”: *Tropidurus oreadicus* (macho). Santa Fé do Araguaia, TO.

Figura 44. Clado “oreadicus Jalapão/TO”: *Tropidurus oreadicus* (indeterminado). EE Serra Geral do Tocantins, TO.

Figura 45. Clado “oreadicus Jalapão/TO”: *Tropidurus oreadicus* (macho). Formoso do Araguaia, TO. MTR 23967.

Figura 46. Clado “oreadicus Jalapão/TO”: *Tropidurus oreadicus* (indeterminado). Ananás, TO.

Figura 47. Clado “oreadicus Xambioá/TO”: *Tropidurus oreadicus* (fêmea). Xambioá, TO. Foto:

Figura 48. Clado “insulanus”: *Tropidurus insulanus* (fêmea). Serra do Cachimbo, PA. LJV 06308. Topótipo.

Figura 49. Clado “oreadicusTipo”: *Tropidurus oreadicus* (macho). Buritis, MG. Topótipo.

Figura 50. Clado “torquatus MG/MT/TO”: *Tropidurus torquatus* (fêmea). Cuiabá, MT. MTR33326.

Figura 51. Clado “torquatus MG/MT/TO”: *Tropidurus torquatus* (macho). Formoso do Araguaia, TO. MTR23981.