UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E NATURAIS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

FILOGEOGRAFIA DE *TRICHOMYCTERUS* (SILURIFORMES: TRICHOMYCTERIDAE) NA MATA ATLÂNTICA

Thaís de Assis Volpi

Vitória, ES

Novembro de 2017

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO

CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS E NATURAIS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

FILOGEOGRAFIA DE *TRICHOMYCTERUS* (SILURIFORMES: TRICHOMYCTERIDAE) NA MATA ATLÂNTICA

Thaís de Assis Volpi

Orientadora: Dra. Valéria Fagundes

Coorientadora: Dra. Luisa Maria Sarmento-Soares

Tese submetida ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Biologia Animal) da Universidade Federal do Espírito Santo como requisito parcial para a obtenção do grau de Doutor em Biologia Animal.

Vitória, ES

Novembro de 2017

COMISSÃO EXAMINADORA

Vitória/ES, 30 de novembro de 2017.

Dra. Valéria Fagundes
(Universidade Federal do Espírito Santo)
Orientadora e Presidente da Comissão

Dra. Roberta Paresque
(Universidade Federal do Espírito Santo)
Examinador Titular Interno

Dra. Sarah Maria Vargas
(Universidade Federal do Espírito Santo)
Examinador Titular Interno

Dr. Marcelo Ribeiro de Britto
(Museu Nacional do Rio de Janeiro)
Examinador Titular Externo

Dr. Sergio Maia Queiroz Lima
(Universidade Federal do Rio Grande do Norte)
Examinador Titular Externo

Dra. Leonora Pires da Costa
(Universidade Federal do Espírito Santo)
Examinador Suplente Interno

Dr. Leonardo Ferreira da Silva Ingenito
(Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo)
Examinador Suplente Externo

"Eu não inventei nada de novo. Simplesmente juntei as descobertas de outros homens que tiveram séculos de trabalho. Se eu tivesse trabalhado cinquenta, dez ou até cinco anos antes, eu teria falhado. Assim é com cada coisa nova. O progresso acontece quando todos os fatores que contribuem para isso estão prontos, e então é inevitável. Ensinar que alguns poucos homens são responsáveis pelos maiores progressos da humanidade é o pior tipo de asneira."

Henry Ford

A todos os pós-graduandos, que persistiram!

AGRADECIMENTOS

Nossa! Escrever os agradecimentos me lembra de que este ciclo está chegando ao fim. E dá um aperto no coração. E por vários motivos. Por deixar para trás tanta coisa incrível que vivi, amigos maravilhosos que já não terei o mesmo convívio, já não visitarei com tanta frequência aqueles espaços familiares, não verei mais os rostos familiares. E também por conta de tantas incertezas quanto ao futuro. É muito bom terminar e ter oportunidade de viver coisas novas, mas dá um pesar também, porque foi à experiência mais incrível e enriquecedora da minha vida, sem dúvidas. Esse é um momento tão nostálgico de se escrever, e ao mesmo tempo um deleite, porque entendo melhor aonde cheguei ao compreender melhor toda a trajetória, todas as dificuldades, conquistas, aprendizados. E olhar para tudo isso e ver que no final tudo valeu a pena. Então, meu primeiro agradecimento será sem dúvidas para a oportunidade que tive para viver essa maravilhosa experiência. Maravilhosa mesmo com os percalços, pois sei que graças a eles sou uma pessoa e profissional muito melhor. Agradeço a cada obstáculo que porventura tenha aparecido e que eu tenha ou não superado. E aí, lembrando-me de tudo isso, superações, conquistas, penso nas pessoas que tornaram esse caminho incrível e me ajudaram a crescer, a me superar, a ser. Pode parecer clichê, mas cada pequeno acontecimento, experiência ou cada pessoa que passou pela minha vida nesse período, tornou tudo isso de alguma forma possível. Fiz questão de separar os agradecimentos por atividades e citar todas às vezes as pessoas que participaram de cada etapa desse processo. E como sou grata por tudo!

Agradeço a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de minha bolsa de doutorado ao longo destes quatro anos.

Gostaria de agradecer também a duas pessoas que me deram a oportunidade de ingressar no doutorado e viver toda essa experiência: as minhas orientadoras, Dra. Valéria Fagundes e Dra. Luisa Maria Sarmento-Soares. Aprendi com cada uma delas coisas diferentes, e ao mesmo tempo essenciais para mim, que levarei para sempre comigo. Agradeço a Valéria por aceitar me orientar, por me oferecer toda a estrutura necessária para que eu desenvolvesse minhas atividades, por todos os aconselhamentos, pela paciência, pelos ensinamentos, pelo apoio e pelo exemplo que sua trajetória e seu profissionalismo são para mim. Á Luisa, meu muito obrigada pela sua dedicação, empenho, por oportunizar tudo que estava ao seu alcance para ajudar na minha formação, por me inspirar com sua paixão pelos peixes (o que me tornou também uma ictióloga apaixonada), por viabilizar muitas atividades logísticas, e por dividir comigo todo o seu precioso conhecimento, ao qual foi de grande importância para esta tese e para minha formação.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas: Biologia Animal (PPGBAN/UFES) por todos os ensinamentos e por fazerem parte da minha e da formação de tantas outras pessoas. Agradeço também aos professores que fizeram apontamentos sobre este projeto ao longo dos Seminários. Meu agradecimento especial para os professores: Dr. Alexandre Pires Aguiar que ministrou a inspiradora disciplina de Filosofia da Ciência que reacendeu meu amor pela profissão, Dr. Albert Ditchfield por me ensinar com seu exemplo à paixão pela vida docente e por conduzir as aulas de forma a formar cientistas e pessoas questionadoras e interessadas pela ciência, ao Dr. Yuri Luiz Reis Leite por me ensinar que é possível ser um bom pesquisador, professor, orientador sem perder a humildade, ao Dr. Marcelo Teixeira Tavares pelos produtivos debates para concepção de hipóteses científicas e estruturação das ideias. Aos professores que tive a oportunidade de acompanhar em meu estágio-docência, Dr. Albert Ditchfield e Dra. Andressa Gatti pela inspiração e bons exemplos de como ser um professor motivado, atualizado e apaixonado pelo que faz, além da turma de graduação em Ciências Biológicas que foi tão receptiva e participativa. Gostaria de agradecer ainda aos professores que compuseram minha banca de qualificação, Dr. Albert Ditchfield, Dr. Luiz Fernando Duboc e Dra. Roberta Paresque. Muito obrigada pelas enriquecedoras discussões e aconselhamentos.

A todos os laboratórios pelos quais eu passei ou tive contato durante esse tempo e com os quais aprendi muito. Ao Laboratório de Genética Animal (LGA/UFES) e todos que o integram ou já integraram ao longo destes quatro anos, em especial para Ana Heloisa Carvalho, Ana Julia Artem, Arturo Martinelli, Cristina Nogueira Massariol, Débora de Nadai Dalvi, Eduardo Loyola Muhl (Dudu), Gabriel Bautz Dalbem (Bibiu), Fernanda Zaidan, Leonardo Campana, Lorena Dinelli, Lucas Vianna, Marianna Xavier Machado, Marina Monjardim, Rosana Abrante Nunes, Silvia Lopes Ramira, Valéria Fagundes, Victor Colombi, Vivian Mainardi e Yuri Marins, que me receberam de braços abertos, agradeço por toda a ajuda e amizade. A todos do Laboratório de Mastozoologia e Biogeografia (LaMaB/UFES), em especial Ana Carolina Loss, Jeronymo Dalapicolla, João Fonseca, Leonora Pires Costa, Matheus Torrezani, Monique Nascimento, Rafaela Duda, Roger Guimarães, Victor Vale e Yuri Luiz Reis Leite, por fazerem eu me sentir tão em casa, pelos cafés com cruzadinhas e prosas, pelos inúmeros aniversários repletos de bolos deliciosos, pelos empréstimos de ponteiras, e por serem tão receptivos com todos os “extra lamabianos”, além das ajudas com análises estatísticas e outras tantas e recorrentes dúvidas que sempre me atenderam de prontidão. A todos do Laboratório de Biologia da Conservação de Vertebrados (LBCV/UFES) por terem sido meu primeiro contato com o meio acadêmico, por fazerem eu me sentir sempre e ainda parte da equipe, por todas as festas juninas e de fim de ano que tão gentilmente me convidaram, e por todas as ajudas que me ofereceram, em especial para Andressa Gatti, André Lanna, Angélica Scaldaferri Firmo, Arthur Machado, Bruna Pacheco Pina, Bruna Santos, Geórgia

Lyrio, Jardel Seibert, Joana Zorzal Nodari, Luana D'Ávila Centoducatte, Marina Zanin e Sérgio Lucena Mendes. Ao Instituto Bethylidae de Sistemática (IBeS/UFES), em especial aos amigos Chirlei Dias, Diego Nunes Barbosa, Juan Vargas, Lucyane Moreira Santos e Magno Suprani Ramos por todos os esclarecimentos filogenéticos, pela amizade e bons momentos que passamos nestes anos. Aos demais alunos do programa com os quais compartilhei muitos momentos de discussões, aprendizados e angústias ao longo das disciplinas. Ao Núcleo de Genética Aplicado a Conservação da Biodiversidade (NGACB/UFES), em especial a MSc. Juliana Justino, pela amizade, pelas risadas, por me tranquilizar quando nada parecia dar certo, pelo carinho e paciência com que trata todos nós, e por ser a salva-vidas de todos que usam o núcleo.

A todos do Instituto Nacional da Mata Atlântica (INMA/MBML) pela amizade, solidariedade e profissionalismo com que lidam com todas as atividades que desempenham, em especial a coleção ictiológica, que foi de grande importância para que eu tivesse toda a confiança em tombar os peixes coletados, vista a organização e zelo com que tratam cada animal. A Juliana Paulo da Silva, Lorena Tonini, Luisa Maria Sarmento-Soares, Maria Margareth Cancian Roldi, Maridiesse Morais, Renan Betzel e Ronaldo Fernando Martins Pinheiro que me ajudaram incontáveis vezes no tombamento dos animais, organização das fichas de campo, identificação das espécies, dentre diversas outras atividades. Por organizarem festinhas surpresas de aniversário, por todas as outras festas que fui convidada, por me tornarem parte da equipe. Ao setor administrativo e a curadora da coleção, MSc. Hélio de Queiroz Boudet Fernandes e Dra. Luisa por me darem total liberdade e acesso a coleção zoológica. Aos demais funcionários da instituição por toda a receptividade e carinho que sempre dispensaram a mim e a todos. Muito obrigada pela oportunidade de trabalhar num ambiente tão agradável e amistoso, e não tenho palavras para agradecer a todos por toda a ajuda que dispensaram as minhas atividades tão prontamente e que certamente foram muito além do que lhes cabia. Aos demais amigos que construí ao longo desses quatro anos nessa instituição através da organização de quatro edições do Simpósio sobre a Biodiversidade da Mata Atlântica (SIMBIOMA), com os quais aprendi e cresci muito. Gostaria de dedicar um agradecimento especial para Ronaldo Pinheiro, uma pessoa excepcional e visionária que dedica seu tempo voluntariamente às causas que acredita, e que, graças a seus conselhos, inumeráveis ajudas e seu exemplo de vida, me inspiraram a ser alguém melhor. Meu eterno agradecimento e minha eterna amizade a você.

A todas as pessoas que participaram das 13 campanhas realizadas para coleta do material utilizado nesta tese. Só quem já coletou peixes sabe como o trabalho de campo é árduo e cansativo, e todas essas pessoas abdicaram de seu tempo para me ajudar. São eles: Alberto Carmassi, Aline Santana, Ana Heloisa Carvalho, Arion Tulio Aranda, Eduardo Loyola Muhl, Fabiane Barreto

Souza, Giulliana Rondinelli Carmassi, Juliana Paulo da Silva, Lorena Tonini, Kemilly Bethânia Silva de Paula, Luisa Maria Sarmento-Soares, Maria Margareth Cancian Roldi, Maridiesse Morais, Raphael Becalli Soares, Renan Betzel, Robson Zanoni, Ronaldo Fernando Martins Pinheiro, Saulo Ramos, Victor Colombi e Victor Vale. Graças a vocês, conseguimos amostrar 14.249 espécimes e mais de 80 espécies de peixes! Além destes, todos os motoristas que nos acompanharam e nos levaram em segurança a todos os pontos, mesmo quando o caminho estava caótico. São eles: Carlos (tio Chico), seu Celilson, Gava, Jades e Marcos. A cada anônimo que guinchou nosso carro quando atolamos, que nos ofereceu café, água e banho, que nos deu instruções quando estávamos perdidos na estrada, aos ribeirinhos que compartilharam conosco suas histórias, aos que nos abrigaram quando estávamos ilhados no caos da enchente de 2013. Agradeço a todos estes encontros que revigoraram minha fé na humanidade.

Gostaria de agradecer ainda a todas as coleções que cederam amostras para este estudo, e para todos os coletores que as disponibilizaram em tais coleções. Obrigada a Coleção Zoológica Norte Capixaba da Universidade Federal do Espírito Santo, Centro Universitário Norte do Espírito Santo (UFES/CEUNES), em nome dos responsáveis pela coleção, Dr. Luiz Fernando Duboc e Dr. Leonardo Ferreira da Silva Ingenito por cederem 62 amostras de *Trichomycterus*, pela receptividade e atenção dispensadas durante todas as vezes que estive no laboratório. Ao Instituto Nacional da Mata Atlântica, antigo Museu de Biologia Professor Mello Leitão (INMA/MBML), em nome da curadora da coleção, Dra. Luisa Maria Sarmento-Soares, pela doação de 98 amostras. Ao Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ), em nome do curador da coleção ictiológica, Dr. Marcelo Ribeiro de Britto, pelos 69 extratos cedidos. A Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (PUCMG), em nome do responsável pelo Laboratório de Genética da Conservação, Dr. Daniel Cardoso de Carvalho, a doação de 82 tecidos, e a MSc. Naiara Sales e Tiago Pessali por todos os esclarecimentos e todo suporte dado durante meus trabalhos na instituição. A Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS), em nome do Dr. Carlos Alberto Santos Lucena, pelo envio de 20 tecidos. A Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), agradeço em nome do Dr. André Teixeira da Silva, por ceder 61 amostras de *Trichomycterus*. Por fim, a Universidade Federal de Viçosa (UFV), em nome do Dr. Jorge Dergam, pelo envio e doação de oito amostras.

A todos que me ajudaram nas análises, tais como Jeronymo Dalapicolla, que tão prontamente me enviou tutoriais, arquivos ou mesmo análises prontas que salvaram a minha vida inúmeras vezes. A Ana Carolina Loss pelas conversas e esclarecimentos acerca das análises e tratamento dos dados. A Ana Heloisa Carvalho pela amizade e inúmeras ajudas nas análises e procedimentos laboratoriais. Ao Eduardo Loyola Muhl pelas ajudas e toda a disponibilidade e

amizade de sempre. Aos amigos que dedicaram parte de seu tempo para lerem e fazerem apontamentos desta tese, em especial André Lanna, Diego Nunes Barbosa, Fernanda Zaidan, Gabriel Bautz Dalbem, Joana Zorzal Nodari, Marina Monjardim e Victor Vale. Todas as sugestões foram muito importantes para estruturar a tese e conceber melhor as ideias. Muito obrigada!

Aos amigos que o doutorado me presenteou e que levarei para a vida. Aos amigos do Palco, Andrezão Lanna, Joana Jhow Nodari, Bruna Fofa Santos e Vitinho Vale, não tenho palavras para agradecer por ter conhecido vocês, e o quanto aprendi e me diverti com tudo que passamos juntos. Nossa vila nos reunirá novamente, tenho certeza! As Girls Fabi Cruz, Fefa Andrade, Marina Monja, Marina Zanin, Jhow Nodari, um grupo de amigas tão harmoniosamente diferentes, agradeço pela oportunidade deste encontro, e por ter aprendido tanto com as pessoas incríveis que vocês são e certamente sou alguém melhor graças ao exemplo de vida de vocês. Conhecer vocês foi um encontro de almas que levarei para a vida. A uma grande amiga, a jumis Angel Scaldaferri Firmo, obrigada pela sua amizade, apoio e cumplicidade de sempre. Aos queridos brodinhos do Verdades Secretas, obrigada pela amizade, por todos os momentos incríveis e divertidos que passamos juntos: Ana, Arthur, Andrezão, Dayse Maria, Dedel, Diego, Didica, Fofa, Gabyz, Jhow, Rogerito e Vitinho. Aos amigos do LGA com os quais eu chorei, ri, desabafei, pedi socorro, vou levá-los no coração para sempre. A todos os amigos dos corredores, obrigada pelos encontros e por tornar os dias, muitas vezes exaustivos, mais leves. Ao grande amigo Juan Vargas, pelas inúmeras discussões, por todo o processo de desnudamento de ideias que foram essenciais para este processo de amadurecimento de forma mais consciente e crítica. Queria deixar um agradecimento póstumo ao Dr. Thiony Simon, que ensinou como levar a vida profissional e pessoal a partir de seu exemplo, sua sabedoria e leveza. A Fernanda Andrade por ter desenhado com tanto carinho esse peixinho que está estampado ao longo desta tese. Ao Brendo de Sá Miranda por todo o amor, apoio, incentivo, companheirismo, carinho e compreensão de sempre que tornaram este caminho muito mais leve. A todos os amigos extra UFES que a vida me presenteou e que fizeram com que o trajeto se tornasse possível, mais divertido e feliz. Vocês são incríveis! Amo todos vocês!

Agradeço também aos pesquisadores Dr. Marcelo Ribeiro de Britto (Museu Nacional do Rio de Janeiro), Dr. Sergio Maia Queiroz Lima (Universidade Federal do Rio Grande do Norte), Dra. Roberta Paresque (Universidade Federal do Espírito Santo) e Dra. Sarah Maria Vargas (Universidade Federal do Espírito Santo) por aceitarem o convite de compor a banca de defesa desta tese, que certamente contribuirão para o melhoramento e incorporação de ideias que enriquecerão a proposta original da tese.

Gostaria de agradecer ainda ao Dr. Alexandre Ribeiro Cunha (Universidade Federal de Mato Grosso), Dr. Mahmoud Mehanna (Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia de

Rondônia), Dr. Rodrigo Augusto Torres (Universidade Federal de Pernambuco), Dra. Sarah Vargas (Universidade Federal do Espírito Santo) e Dr. Sergio Maia Queiroz Lima (Universidade Federal do Rio Grande do Norte) pelos aconselhamentos e direcionamentos a respeito das abordagens desta tese.

A cada peixe sacrificado para este estudo, que permitiu que eu pudesse exercitar o pensamento científico através da busca por explicações acerca de sua história evolutiva e biogeográfica, o que me deu a oportunidade de ser uma pesquisadora melhor. Obrigada por fornecerem todas estas intrigantes questões.

Por fim, agradeço a minha família, pela amizade, por acreditarem em mim, muitas vezes quando nem eu mesma acreditava, por me apoiarem desmedidamente, me motivarem, e às vezes até me financiarem, para que eu pudesse chegar a este momento da melhor forma. Por serem meu alicerce, minha força, minha maior inspiração, e o maior presente que a vida me deu. Certamente sou uma pessoa melhor porque tive o privilégio de tê-los em minha vida. Amo vocês demais, e espero poder retribuir todo o amor despretensioso que sempre me dedicaram.

A todos vocês, minha eterna amizade e gratidão. “Diante da vastidão do tempo e da imensidão do universo, é um imenso prazer para mim dividir um planeta e uma época com vocês.” Carl Sagan

“Paramahansa Yogananda estava com um grupo de devotos em uma meditação no deserto, em volta de uma fogueira, quando um de seus discípulos interrompeu o silêncio da prática e perguntou: ‘Mestre, nascemos sozinhos e morremos sozinhos. Por que precisamos desses encontros e retiros em grupo?’ Yogananda, mantendo o silêncio meditativo, apenas tirou uma brasa da fogueira e todos notaram que ela esfriou rapidamente. Imediatamente em seguida, Yogananda devolveu a brasa na fogueira e a brasinha, que tinha se apagado, se iluminou e incandesceu. Sem precisar de uma única palavra, Yogananda mostrou ao grupo a importância das conexões.”

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS i
LISTA DE FIGURAS iii
LISTA DE APÊNDICE viii

RESUMO xi
ABSTRACT xii
APRESENTAÇÃO xiii
Referências bibliográficas xvi

CAPÍTULO 1. Filogenia molecular de *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) e o monofiletismo das espécies do leste brasileiro 1
RESUMO 2
1. INTRODUÇÃO 3
2. MATERIAIS E MÉTODOS 5
3. RESULTADOS 7
4. DISCUSSÃO 9
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 13

CAPÍTULO 2. DNA *Barcoding* e filogenia molecular de *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) evidenciam um potencial novo gênero no leste do Brasil 31
RESUMO 32
1. INTRODUÇÃO 33
2. MATERIAIS E MÉTODOS 34
2.1. Amostra 34
2.2. Sequenciamento de DNA 34
2.3. Análise dos dados 35
3. RESULTADOS 36
3.1. Clado I: Potencial gênero novo 40
3.1.1. Clado A 41
3.1.1.1.Subclado A1: *T. alternatus* 41
3.1.1.2.Subclado A2: *T. pradensis* 44
3.1.1.3.Subclado A3: *T. jequitinhonhae* 46

3.1.1.4.Subclado A4: *Trichomycterus* sp.nov 47
3.1.1.5.Subclado A5: *T. immaculatus* 47
3.1.1.6.Subclado A6: *T. landinga* 48
3.1.2. Clado B: Complexo "*T. brasiliensis*" 49
3.1.3. Clado C: *T. nigroauratus* 50
3.1.4. Clado D: *T. novalimensis* 52
3.2. Clado II: *Trichomycterus "stricto sensu"* 53
3.2.1. Clado E: *T. iheringi* 55
3.2.2. Clado F: *T. variegatus* 55
3.2.3. Clado G: *T. perkos, T. poikilos e T. balios* 55
3.2.4. Clado H: *T. guaraquessaba* 56
3.2.5. Clado I: *Trichomycterus* sp. 56
3.3. *Simple Nucleotide Polymorphism (SNP)* 57
4. DISCUSSÃO 58
4.1. Distinção entre gêneros e um potencial gênero novo 58
4.2. Estratégias para delimitação das espécies 62
4.3. Dificuldades da delimitação das espécies 65
5. CONCLUSÕES 67
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 69

CAPÍTULO 3. Alta diversidade de espécies nas cabeceiras e estruturação genética por bacias em *Trichomycterus* (Siluriformes; Trichomycteridae) do leste do Brasil 109
RESUMO 110
1. INTRODUÇÃO 111
2. MATERIAIS E MÉTODOS 114
2.1. Amostra 114
2.2. Análise dos dados 114
3. RESULTADOS 116
3.1. Alta diversidade de espécies em cabeceiras 117
3.2. Distribuição das espécies 121
3.2.1. *Trichomycterus jequitinhonhae* 122
3.2.2. *Trichomycterus pradensis* 123
3.2.3. *Trichomycterus* sp1 125
3.2.4. *Trichomycterus alternatus* 126
4. DISCUSSÃO 127
4.1. Alta diversidade de espécies em cabeceiras 127
4.2. Distribuição das espécies 130

4.2.1. *Trichomycterus jequitinhonhae* 131
4.2.2. *Trichomycterus pradensis* 133
4.2.3. *Trichomycterus* sp1 134
4.2.4. *Trichomycterus alternatus* 135
4.3. Captura de cabeceiras e paleodrenagens costeiras 137
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 139

CONCLUSÃO 160

LISTA DE TABELAS

➢ CAPÍTULO 2

Tabela 1. Percentual de distância genética par a par entre *Trichomycterus* (Clados I e II), *Ituglanis*, *Listrura* e *Nematogenys inermis* obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 496 indivíduos e 219 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado.....37

Tabela 2. Percentual de distância genética par a par entre os agrupamentos de *Trichomycterus alternatus* dentro do Clado A1 obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 179 indivíduos e 67 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os agrupamentos. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada agrupamento.....44

Tabela 3. Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus landinga* dentro do Clado A3 obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 52 indivíduos e 15 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado.....47

Tabela 4. Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus* sp. do Complexo "*T. brasiliensis*" dentro do Clado B obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 55 indivíduos e 37 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado 50

Tabela 5. Informações referentes aos *Simple Nucleotide Polymorphism* das espécies, tais como *locus*, posição do códon e a respectiva base exclusiva correspondente (vide Apêndice 5) 57

Tabela 6. Checklist das espécies assinaladas em *Trichomycterus* com localidade-tipo na Ecorregião Mata Atlântica Nordeste descriminadas por autoria e seu respectivo status taxonômico conforme reconhecido no presente estudo. As espécies estão ordenadas em ordem alfabética.....64

- **CAPÍTULO 3**

Tabela 1. Índices de diversidade haplotípica (dh), diversidade nucleotídica (dπ), número de haplótipos (nh) e distribuição geográfica das espécies de Trichomycterus recuperadas através da análise filogenética obtida por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana de 496 indivíduos sequenciados com o gene mitocondrial Citocromo Oxidase I com 789 bp. Para ilustração dos clados I (norte) e II (sul) e os respectivos subclados, ver Figura 1.....118

Tabela 2. Relação do número de indivíduos (N ind) por espécie (18) presente nas porções Alta (A), Média (M) e Baixa (B) dos 24 rios representados no presente estudo 120

LISTA DE FIGURAS

➢ CAPÍTULO 1

Figura 1. Relação filogenética das linhagens baseada em caracteres moleculares referentes a 289 haplótipos do gene mitocondrial cit-b com 999bp de *Trichomycterus*, 12 haplótipos de *Bullockia maldonadoi* e 10 de *Hatcheria macraei* com distribuição dos clados em um contexto geográfico, sendo um clado representado por espécies da região oeste dos Andes chilenos (clado oeste, em azul), um representado pelas espécies ao leste neotropical (clado leste, em verde) e outro representado por *T. guianense* (clado norte, em rosa). No quadro à direita estão símbolos das localidades-tipo de algumas espécies utilizadas neste estudo ou de importância para a compreensão das relações dos clados, com destaque a espécie-tipo do gênero, *T. nigricans* (asterisco). Os percentuais correspondem às distâncias entre os clados (em vermelho) e dentro do clado (em preto) 8

➢ CAPÍTULO 2

Figura 1. Mapa de distribuição dos dois clados de *Trichomycterus* recuperados a partir do gene mitocondrial COI com 789 pb representados por 496 indivíduos. O asterisco faz referência à localidade-tipo da espécie-tipo do gênero, *T. nigricans* Valenciennes, 1832. O nome das espécies correspondentes aos números do mapa se encontra no Apêndice 2.....38

Figura 2. Relação filogenética de *Trichomycterus* do leste do Brasil referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb, além dos grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*. Topologia da árvore faz referência à análise gerada pela Máxima Verossimilhança. Valores em preto acima de cada ramo corresponde ao índice de consistência do ramo, sendo o valor de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança à esquerda; a Probabilidade Posterior da Bayesiana à direita; o traço correspondente a relação não recuperada na análise; n.a. corresponde a casos em que o valor Não se Aplica, visto que o *bootstrap* não é calculado com apenas uma OTU. Valores abaixo do ramo e em vermelho correspondem ao percentual de distância entre os clados dicotômicos referentes ao agrupamento correspondente (nos terminais ou nas relações politômicas, o valor refere-se à distância intraclado). Em sobrescrito, os números correspondem as seguintes bacias onde se encontram as respectivas OTUs: [1]São Francisco, [2]Rio de Contas, [3]Jequitinhonha, [4]Buranhém, [5]Jucuruçu, [6]Mucuri, [7]Itaúnas, [8]São Mateus, [9]Barra Seca, [10]Doce, [11]Piraquê-Açu, [12]Santa Maria da Vitória, [13]Jucu, [14]Itapemirim, [15]Itabapoana, [16]Paraíba do Sul, [17]Rio Grande (PR), [18]Tietê (PR), [19]Paranapanema (PR), [20]Iguaçu (PR), [21]Uruguai (PR), [22]Jacuí, [23]Amazonas,

[24]Parnaíba. *Legenda:* (PR) representa sub-bacias da bacia do rio Paraná. Informações de cada sequência e o haplótipo ao qual faz referência, além do clado correspondente a ela, estão detalhadas no Apêndice 1 39

Figura 3. Mapa de distribuição dos quatro clados encontrados dentro do potencial gênero novo. Números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndice 2. Cores fazem referência aos agrupamentos monofiléticos encontrados na árvore filogenética da Figura 2.....40

Figura 4. Mapa de distribuição das seis espécies reconhecidas dentro do Clado A composto por 323 amostras e 121 haplótipos com 789 bp. Na legenda o número entre parênteses referem-se aos subclados conforme consta na filogenia molecular (Figura 2). Números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndice 2 41

Figura 5. Relação filogenética das linhagens de *T. alternatus* Eigenmann, 1918 referente a 179 sequências e 67 haplótipos do gene COI com 789 pb obtida a partir da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. caudofasciatus* (TCA), *T. albinotatus* (TALB), *T. gasparinii* (TGA), *T. mimosensis* (TMI), *T. pantherinus* (TPA). O número que sucede a espécie refere-se a frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de BS correspondente a bacia do rio Barra Seca, GGRC a Gongogi (Rio de Contas), ITB a Itabapoana, ITP a Itapemirim, JEQ a Jequitinhonha, JC a Jucu, PA ao Piraquê-Açu, PS a Paraíba do Sul, SMV a Santa Maria da Vitória, SM a São Mateus, GS a Guanhães (Doce), MAD a Manhuaçu (Doce), SMD a Santa Maria (Doce) 43

Figura 6. Relação filogenética dos indivíduos do Clado A2 correspondente a *T. pradensis* referente a 77 sequências e 28 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de *T. pradensis* (TPR). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de BS correspondente a bacia do rio Barra Seca, BUR a Buranhém, ITN a Itaúnas, JU a Jucuruçu, MUC ao Mucuri, SM a São Mateus, D ao Doce, PID a Piranga (Doce), CG a Corrente Grande (Doce), GUD a Guandu (Doce) 45

Figura 7. Relação filogenética dos indivíduos do Clado A3 correspondente a *T. landinga* referente a 52 sequências e 15 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de *T. tete* (TTE).

O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de RC correspondente a bacia do Rio de Contas, GGRC a Gongogi (Rio de Contas) e JEQ a Jequitinhonha.....46

Figura 8. Relação filogenética das linhagens de *Trichomycterus* sp.nov.1 (A4), *T. immaculatus* (A5) e *T. jequitinhonhae* (A6) referente a 15 indivíduos e 11 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de JEQ correspondente a bacia do rio Jequitinhonha, PB a Piracicaba (Doce), CG a Corrente Grande (Doce), SAD a Santo Antônio (Doce), SMD a Santa Maria (Doce) 48

Figura 9. Relação filogenética dos indivíduos do Clado B correspondente ao Complexo *"T. brasiliensis"* referente a 55 sequências e 37 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. brunoi* (TBR) e *T. pauciradiatus* (TPAU). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de JEQ correspondente a bacia do Jequitinhonha, ITB ao Itabapoana, PR ao Paraná, SF ao São Francisco, PS ao Paraíba do Sul.....49

Figura 10. Relação filogenética dos indivíduos do Clado C correspondente a *T. nigroauratus* (C1) e *Trichomycterus* sp. (C2) referente a 63 sequências e 22 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. nigroauratus* (TNI) e *T. potschi* (TPO). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de ITB correspondente a bacia do Itabapoana, ITP a Itapemirim, JC ao Jucu, PR ao Paraná, PS ao Paraíba do Sul, SMV a Santa Maria da Vitória, SF ao São Francisco.....51

Figura 11. Relação filogenética dos indivíduos do Clado C correspondente a *T. novalimensis* referente a nove sequências e cinco haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de

T. novalimensis (TNO). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de PR correspondente a bacia do Paraná, PS ao Paraíba do Sul e SF ao São Francisco 52

Figura 12. Relação filogenética dos indivíduos do clado *Trichomycterus "stricto sensu"* referente a 46 indivíduos e 34 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. iheringi* (TIH), *T. mariamole* (TMM), *T. variegatus* (TVA), *T. igobi* (TIG) e *T. guaraquessaba* (TGUA). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de PR correspondente a bacia do Paraná, GUA a Guaíba-Jacuí (PR), IG a Iguaçu (PR), URU a Uruguai (PR), PS ao Paraíba do Sul e SF ao São Francisco.....53

Figura 13. Mapa de distribuição dos cinco subclados encontrados dentro do Clado *Trichomycterus* entre o alto São Francisco e sul do braço leste da bacia do Paraná. Em destaque a espécie-tipo do gênero, *T. nigricans*. Os números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndices 2 e 3. Cores fazem referência aos agrupamentos monofiléticos encontrados na árvore filogenética da Figura 2.....54

Figura 14. Relação filogenética de *Trichomycterus* do leste do Brasil. À esquerda, relação filogenética obtida pela Máxima Verossimilhança referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb. Em sobrescrito, os números correspondem as seguintes bacias onde se encontram distribuídas as respectivas OTUs: [1]São Francisco, [2]Rio de Contas, [3]Jequitinhonha, [4]Buranhém, [5]Jucuruçu, [6]Mucuri, [7]Itaúnas, [8]São Mateus, [9]Barra Seca, [10]Doce, [11]Piraquê-Açu, [12]Santa Maria da Vitória, [13]Jucu, [14]Itapemirim, [15]Itabapoana, [16]Paraíba do Sul, [17]Rio Grande (PR), [18]Tietê (PR), [19]Paranapanema (PR), [20]Iguaçu (PR), [21]Uruguai (PR), [22]Jacuí, [23]Amazonas, [24]Parnaíba. *Legenda:* (PR) representa sub-bacias da bacia do rio Paraná. À direita, a relação filogenética obtida pela Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana encontrada por Ochoa *et al.* (2017) a partir da utilização de 30 terminais e matriz concatenada com 3284 pb dos genes mitocondriais 16S, COI e cit-b e nucleares Myh6 e Rag2.....61

- **CAPÍTULO 3**

Figura 1. Filogenia de *Trichomycterus* do leste do Brasil referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb, além dos grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*. Topologia da árvore faz referência à análise gerada pela Máxima Verossimilhança. Valores em preto acima

de cada ramo corresponde ao índice de consistência do ramo, sendo: o valor de bootstrap da Máxima Verossimilhança à esquerda; a Probabilidade Posterior da Bayesiana à direita; o traço correspondente à relação não recuperada na análise; n.a. corresponde a casos em que o valor Não se Aplica (Capítulo 2 desta tese, adaptado) 115

Figura 2. Distribuição das 18 espécies de *Trichomycterus* estudadas na porção leste neotropical. As porções circuladas correspondem a áreas de maior simpatria/sintopia e maior diversidade de espécies nas cabeceiras dos rios Jequitinhonha, São Francisco, Doce, Itabapoana, Paraná (Rio Grande) e Paraíba do Sul. 119

Figura 3. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente a 52 indivíduos de *T. jequitinhonhae* distribuídos entre o Rio de Contas e Jequitinhonha 122

Figura 4. A. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente a 77 indivíduos de *T. pradensis* distribuídos entre o rio Buranhém e Doce. **B.** Distribuição dos três haplogrupos estruturados geograficamente encontrados em *T. pradensis* 124

Figura 5. A. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp de 34 indivíduos de *Trichomycterus* sp1. distribuídos entre o rio Santa Maria da Vitória e Paraíba do Sul. **B.** Distribuição de *Trichomycterus* sp1. com estruturação geográfica entre os dois haplogrupos. Destaque para a ocorrência em simpatria com *T. alternatus* ao longo de toda a distribuição da espécie 125

Figura 6. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente 179 indivíduos de *T. alternatus* distribuído entre o Rio de Contas e Paraíba do Sul. Cada cor corresponde a uma bacia distinta, conforme legendado 126

LISTA DE APÊNDICES

- **CAPÍTULO 1**

Apêndice 1. Relação das sequências utilizadas no presente estudo, bem como sua respectiva localidade, procedência e haplótipo ao qual faz referência. As amostras estão organizadas por clado, conforme relação filogenética visualizada em **S2**. Esta tabela continua nas próximas 13 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. SMQL: sequências doadas por Sergio Maia Queiroz Lima da Universidade Federal do Rio Grande do Norte. NCBI: National Center for Biotechnology Information 15

Apêndice 2. Relação filogenética das linhagens de *Trichomycterus* baseada em caracteres moleculares referentes a 456 sequências e 289 haplótipos com 999bp do gene mitocondrial cit-b, além de 12 haplótipos de *Bullockia maldonadoi* e 10 de *Hatcheria macraei*. Como grupos externos foram incluídos quatro haplótipos de *Listrura* spp. e 12 de *Trichogenes longipinnis*. Valor de cada ramo corresponde ao índice de bootstrap da Máxima Verossimilhança. Informações como relação das amostras e o haplótipo que fazem referência, além do clado correspondente e sua respectiva localidade, estão detalhadas no **S1**. Letras em vermelho fazem correspondência à abreviação dos clados conforme consta na **S3**. *Em sobrescrito, os nomes das respectivas bacias*: [1]São Francisco. [2]Rio de Contas. [3]Jequitinhonha. [4]Buranhém. [5]Jucuruçu. [6]Mucuri. [7]Itaúnas. [8]São Mateus. [9]Barra Seca. [10]Doce. [11]Piraquê-Açu. [12]Santa Maria da Vitória. [13]Jucu. [14]Itapemirim. [15]Itabapoana. [16]Paraíba do Sul. [17]Ribeira do Iguape. [18]Potaro, Guiana. [19]Bacias transandinas chilenas.....29

Apêndice 3. Percentual de distância genética par a par entre os clados de Trichomycterinae do leste (A a I),oeste (J a O) e norte *T. guianense* (P), além dos grupos externos a Trichomycterinae (*Listrura* spp. Q e *Trichogenes longipinnis* R). Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância genética entre os respectivos clados. Valores acima da diagonal em itálico fazem referência ao erro padrão correspondente aos índices de distância. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada clado (A a R, conforme referência da Fig.2). *Legenda:* n.a. não se aplica (referente à clados com apenas um haplótipo). **Clado Leste:** A: *T. alternatus, T. longibarbatus, T. pantherinus, T. caudofasciatus, T. mimosensis, T. zonatus* (Doce ao Ribeira do Iguape). B: *T. pradensis* (Buranhém ao Doce). C: *Trichomycterus* sp. (Jequitinhonha). D: *T. tete, T. jequitinhonhae, T landinga* (Rio de Contas ao Jequitinhonha). F: *Trichomycterus* sp. (Santa Maria da Vitória ao Paraíba do Sul). G: Complexo "*brasiliensis*" (Itabapoana e São Francisco). H: *T. caipora* (Paraíba do Sul). I: *Trichomycterus* sp. (Paraíba

do Sul). **Clado Oeste:** J: *T. areolatus* (sul do Chile transandino). K: *T. areolatus* e *H. macraei* (extremo sul do Chile transandino). L: *T. areolatus* (sul do Chile transandino). M: *T. areolatus* (porção central do Chile transandino). N: *B. maldonadoi* (porção central do Chile transandino). O: *T. areolatus* (porção central do Chile transandino). **Clado Norte:** P: *T. guianense* (Potaro, Guiana). **Grupos externos:** Q: *Listrura* spp. R: *Trichogenes longipinnis* 30

- **CAPÍTULO 2**

Apêndice 1. Relação das amostras utilizadas neste estudo, bem como a localidade, procedência, clado ao qual fazem referência e o haplótipo do gene COI. As amostras estão ordenadas por clado, conforme relação filogenética visualizada na Figura 2. Esta tabela continua nas próximas 19 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. BOLD: Barcode of Life Data System. NCBI: National Center for Biotechnology Information 71

Apêndice 2. Relação das 161 espécies de *Trichomycterus* descritas e ordenadas em ordem alfabética, bem como a respectiva localidade-tipo, distribuição, autor e referência da informação. * Referente ao dado do holótipo da espécie-tipo. Esta tabela segue nas próximas sete páginas.....90

Apêndice 3. Localidade-tipo das 161 espécies de *Trichomycterus* reconhecidas. O nome das espécies correspondentes aos números do mapa se encontra no Apêndice 2. Espécies cuja localidade-tipo é sintópica ou muito próxima entre si, predominou o menor número 102

Apêndice 4. Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus* obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI (inclui os grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*). Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado.....103

Apêndice 5. Relação dos *Simple Nucleotide Polymorphisms* encontrados entre os haplótipos de cada espécie. Sequência referência pertence a *T. novalimensis* (F162: Clado D). A marcação na cor verde faz referência aos *SNPs* encontrados entre gênero novo proposto e *Trichomycterus "stricto sensu"*. A marcação amarela refere-se aos *SNPs* da espécie correspondente. A marcação azul refere-se aos *SNPs* de um clado composto por mais de uma espécie. Em rosa, os *SNPs* do grupo externo (*Ituglanis*) 104

- **CAPÍTULO 3**

Apêndice 1. Relação das amostras e os dados de cada indivíduos utilizado neste estudo. As amostras estão ordenadas por clado, conforme relação filogenética visualizada na Figura 1. Esta tabela continua nas próximas 19 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. BOLD: Barcode of Life Data System. NCBI: *National Center for Biotechnology Information* 142

RESUMO

Trichomycterinae é uma subfamília de bagres composto por oito gêneros, monotípicos ou compostos por poucas espécies, exceto *Trichomycterus*, representado por 161 espécies nominais distribuídas na região neotropical. O polifiletismo do gênero é decorrente de diversos problemas taxonômicos envolvendo as espécies de *Trichomycterus*, o que dificulta o entendimento dos padrões de distribuição de suas linhagens, visto a dificuldade em delimitá-las. Desta forma, o presente estudo pretendeu recuperar as relações hierárquicas de *Trichomycterus* a fim de verificar padrão de distribuição das linhagens. Para isso, a investigação foi conduzida em três etapas: (i) Recuperação das linhagens filogenéticas de *Trichomycterus* na região neotropical a partir de 456 sequências de cit-b com 999 bp distribuídos nos Andes chilenos a oeste, Guiana ao norte e todo leste do Brasil; (ii) Propor a hierarquização e delimitação das linhagens de *Trichomycterus* a fim de tornar o gênero monofilético numa perspectiva filogenética, realizada a partir da utilização de sequências de COI com 789 bp de 496 indivíduos distribuídos entre o rio de Contas ao norte e Jacuí ao sul, área que abrange a localidade-tipo da espécie-tipo do gênero, *T. nigricans*; (iii) Verificar a distribuição dos 496 indivíduos sequenciados e os padrões filogeográficos das espécies. Ao analisar indivíduos distribuídos por toda a região neotropical, foram recuperados três clados estruturados geograficamente (oeste X norte X leste), divergentes entre 12,5 e 15%, sendo o clado leste mais distinto dos demais. No clado oeste, composto por *T. areolatus*, foram recuperadas espécies de outros gêneros de Trichomycterinae. Visto que *T. nigricans* se encontra no leste brasileiro, sugere-se que *Trichomycterus* seja representado por espécies do leste, e que *T. areolatus* e *Bullockia* sejam realocados para *Hatcheria*. Na porção leste, foi possível delimitar 18 espécies através do DNA *Barcoding*, que revelou a presença de dois clados estruturados geograficamente com divergência de 11,8%, sugerindo a existência de dois gêneros no leste. Tal hierarquização minimizaria os atuais problemas do gênero, tornando-o monofilético. A partir da análise dos padrões de distribuição das espécies, foi verificado que 55% delas são encontradas na porção de cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul. Esta região pode ter exercido grande importância na história evolutiva do grupo, tendo atuado como área ancestral, rotas de dispersão e refúgios das espécies, visto a história compartilhada da maior parte delas associada à porção. Além disso, foi verificado que o endemismo das espécies restritas a uma só bacia ocorreu em apenas 28% dos casos, refutando a premissa de endemismo para grande parte das espécies do gênero. Foi verificada estruturação geográfica populacional em nível de bacias. Nos casos em que não foi verificado qualquer padrão de distribuição das linhagens, foi possível inferir que a estrutura populacional estaria relacionada à conformação pretérita da paisagem. Verificou-se que mesmo dentro de linhagens filogeneticamente relacionadas e espécies-irmãs, os padrões filogeográficos são muito distintos, variando conforme a amplitude de sua distribuição e o ambiente em que se encontram.

Palavras-chave: bagre, biodiversidade, conservação, cladogênese, estoques genéticos, estruturação geográfica, vicariância.

ABSTRACT

Trichomycterinae is a subfamily of catfishes that comprises of eight genera, which are monotypic or composed of few species, and the only exception is *Trichomycterus*, represented by 161 nominal species distributed in the neotropical region. The genus is polyphyletic due to several taxonomic problems involving the species, which makes difficult the understanding of the distribution patterns of its lineages, since the difficulty in delimiting them. Thus, the present study aimed to recover the hierarchical relationships of *Trichomycterus* to verify the distribution pattern of the lineages. For this, the study was conducted in three stages: (i) Reconstruct the phylogenetic lineages of the neotropical *Trichomycterus* using 456 sequences of the cit-b with 999 bp distributed from the Chilean Andes to the west, Guyana to the north and all of eastern Brazil ; (ii) To propose the hierarchy and delimitation of the *Trichomycterus* lineages genus in a phylogenetic perspective, using 496 sequences of the COI with 789 bp distributed from Rio de Contas at the north to Jacuí at the south , area covering the type-locality of the species-type of the genus, *T. nigricans*; (iii) Verify the distribution of the 496 animals and the phylogeographic patterns of the species. We found three geographically structured clades (west X north X eastern), divergent between 12.5 and 15% were recovered, the eastern clade being more distinct from the others. The western clade, composed of *T. areolatus*, species of other genera of Trichomycterinae were recovered. Whereas *T. nigricans* are found in eastern Brazil, we suggest that *Trichomycterus* be represented by species from the east, and that *T. areolatus* and *Bullockia* be rellocated to *Hatcheria*. In the eastern portion, we delimit 18 species through DNA Barcoding protocol. Also we observed two clades geographically structured with divergence of 11.8%, suggesting the existence of two genera in the eastern. Such hierarchy would minimize the current problems of the genus, making it monophyletic. From the analysis of species distribution patterns, it was verified that 55% of them are found in the headwaters of the São Francisco, Paraná and Paraíba do Sul. This region had great importance in the evolutionary history of the group, as ancestral area, dispersal routes, and species refuges, given the shared history of most of them associated with the portion. In addition, we verified that the endemism of species which are restricted to a single basin occurred in only 28% of cases, refuting the premise of endemism for most species of the genus. Population geographic structuring was verified at basin level. In the cases in which do not pattern of distribution of the lineages was verified, it was possible to infer that the population structure would be related to the past conformation of the landscape. We found that even within phylogenetically related lineages and sister-species, the phylogeographic patterns are very distinct, varying according to the amplitude of their distribution and the environment in which they are found.

Keywords: catfish, biodiversity, conservation, cladogenesis, genetic stocks, geographical structuring, vicariance.

APRESENTAÇÃO

A família Trichomycteridae (Teleostei, Siluriformes, Loricarioidea) compreende o grupo de pequenos bagres neotropicais de água doce, distribuídos desde a Costa Rica até a Patagônia (De Pinna & Wosiacki, 2003). Está organizada em oito subfamílias, a citar Copionodontinae, Glanapteryginae, Sarcoglanidinae, Stegophilinae, Trichogeninae, Tridentinae, Vandelliinae e Trichomycterinae. Grande parte dos caracteres sinapomórficos da subfamília está concentrada no arco suspensório opercular, sendo a presença de odontóides na região interopercular o caráter mais notável em sete das oito subfamílias, exceto Glanapteryginae (De Pinna, 1992, 1998; De Pinna & Wosiacki, 2003).

Trichomycterinae é a subfamília mais especiosa de Trichomycteridae, representando cerca de 57% de toda a diversidade da família (Froese & Pauly, 2017). É composta por oito gêneros, *Bullockia* Arratia, Chang, Menu-Marque & Rojas, 1978, *Eremophilus* Humboldt, 1805, *Hatcheria* Eigenmann, 1909, *Ituglanis* Costa & Bockmann, 1993, *Rhizosomichthys* Miles, 1942, *Scleronema* Eigenmann, 1917, *Sylvinichthys* Arratia, 1998 e *Trichomycterus* Valenciennes, 1832 (De Pinna, 1998), sendo grande parte dos gêneros monotípico ou composto por poucas espécies, exceto *Trichomycterus*.

Trichomycterus é o gênero mais especioso da subfamília, representado por 161 espécies de pequenos bagres de riacho conhecidos como cambevas (Froese & Pauly, 2017). Embora o gênero seja amplamente estudado, há muitas incertezas e confusões na taxonômicas, principalmente no reconhecimento de muitas espécies de *Trichomycterus*, visto que há muitas descrições imprecisas, várias delas sem caracteres diagnósticos claros ou distintos entre as espécies (De Pinna, 1989). O grande número de espécies, associado as dificuldades em identificar os espécimes em nível específico baseado em dados morfológicos, torna a delimitação dos táxons uma tarefa impraticável. Desta forma, numa perspectiva morfológica, o reconhecimento das unidades operacionais dificulta o entendimento de padrões e processos evolutivos do grupo.

O gênero apresenta ampla distribuição na região neotropical, presente desde a Costa Rica até a Patagônia, à leste e oeste dos Andes, exceto na bacia do rio Parnaíba (De Pinna & Wosiacki, 2003). Apresenta espécies tanto amplamente distribuídas quanto geograficamente restritas e endêmicas, muitas delas conhecidas apenas para a localidade-tipo. A presença de odontódeos fora da cavidade oral formando placas na região opercular tornam os indivíduos capazes de resistir à fortes correntezas, e podem ser responsáveis pela ocorrência destes animais em porções muito elevadas das cabeceiras dos rios, muitas vezes sendo as únicas espécies encontradas (De Pinna,

1998; De Pinna & Wosiacki, 2003; Sazima, 2004). No entanto, a dificuldade em delimitar as unidades operacionais, dificulta o entendimento dos padrões de distribuição das linhagens.

A hipótese biogeográfica mais comumente testada para peixes de água doce é a estruturação das linhagens por bacias, visto que estas porções constituem unidades geográficas distintas e isoladas das demais num espaço de tempo muitas vezes suficiente para promover a especiação por vicariância (Sanches & Galetti, 2007; Olden *et al.*, 2010). Os padrões observados em algumas espécies corroboram essa premissa, como é o caso da distribuição das dez espécies de *Megaleporinus* (Characiformes: Anostomidae) na região neotropical (Ramirez *et al.*, 2017), e entre populações de *Hoplias malabaricus* (Characiformes: Erythrinidae) nas bacias costeiras entre os rios Paraguaçu e Paranaguá (Pereira *et al.*, 2013).

No entanto, muitas espécies não se encontram geograficamente estruturadas por bacias ou regiões hidrológicas (Dagosta & De Pinna, 2017). Isso porque eventos que alterem a paisagem e mudem o curso dos rios podem conectar populações de bacias distintas, anteriormente isoladas, ou isolar populações. Tal alteração pretérita na paisagem reflete no cenário atual da distribuição das espécies, que nem sempre se encontram estruturadas por bacias ou conjunto de bacias adjacentes, de acordo com sua conformação contemporânea.

Vários processos podem influenciar na distribuição de peixes de água doce, principalmente eventos que alterem a paisagem e o curso dos rios, tais como glaciação, atividades neotectônicas e denudação. Um rio pode ser capturado por seu tributário adjacente através da alteração da paisagem causada por dois principais eventos: (i) ciclos glaciais e interglaciais ocorridos durante o Pleistoceno, em que as glaciações provocaram a regressão do mar e teria redirecionado (conectado ou isolado) o curso de rios que desaguavam no mar; e as interglaciações, quando a elevação do nível do mar (transgressão marinha) teria interrompido as conexões entre muitas bacias costeiras; (ii) eventos tectônicos, que geraram falhas no relevo e alteraram o curso dos rios, promovendo captura de muitos deles (Ribeiro, 2006).

Nesta perspectiva, o presente estudo foi estruturado em três capítulos, que visou delimitar o gênero para que fosse possível investigar o padrão de distribuição das linhagens.

Desta forma, o Capítulo 1 teve como objetivo estabelecer as relações filogenéticas de espécies de *Trichomycterus* distribuídas nos Andes chilenos a oeste, Guiana ao norte e todo leste do Brasil. Com isso, foi possível recuperar três clados estruturados geograficamente (oeste X norte X leste) com altas distâncias genéticas entre eles, sugerindo que se tratem de gêneros distintos. Além disso, no clado oeste *Bullockia maldonadoi e Hatcheria macraei* foram encontradas no mesmo clado de *T. areolatus*. Considerando que a localidade-tipo da espécie-tipo do gênero se encontra no

leste brasileiro, sugere-se que *Trichomycterus* seja representado apenas por espécies da porção leste, e que *T. areolatus* e *Bullockia* sejam sinonimizados para *Hatcheria*.

A partir da verificação do monofiletismo das espécies de *Trichomycterus* do leste, no Capítulo 2 foi possível propor a hierarquização e delimitação das linhagens a fim de recuperar o gênero como monofilético a partir de uma perspectiva filogenética. Desta forma, foi possível delimitar 18 espécies no leste através do DNA *Barcoding*, ao qual revelou a estruturação de dois clados estruturados geograficamente com alta divergência genética, sugerindo que se tratem de dois gêneros distintos, sendo *Trichomycterus "stricto sensu"* composto por indivíduos da porção leste da bacia do Paraná, alto São Francisco e alto Paraíba do Sul; e um potencial novo gênero ao norte do Paraíba do Sul. Tal hierarquização minimizaria os atuais problemas do grupo, visto que neste cenário *Trichomycterus* seria um gênero monofilético.

Delimitadas as 18 espécies, foi possível analisar seus padrões de distribuição no Capítulo 3, ao qual verificou que 55% das espécies foram encontradas na porção de cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul, sugerindo que esta região exerceu grande importância na história evolutiva do grupo, tendo atuado como área ancestral, rotas de dispersão e refúgios destas espécies, visto que compartilham uma história comum a maior parte delas. Além disso, foi verificada estruturação geográfica populacional em nível de bacias, e nos casos em que não foi verificado qualquer padrão de distribuição das linhagens, foi possível inferir que a estrutura populacional estaria relacionada a conformação pretérita da paisagem, cujos eventos glaciais, neotectônicos e denudacionais podem ter gerado a captura de drenagens, tanto na porção de cabeceiras quanto através da plataforma continental, atualmente submersa pelo mar. Mesmo dentro de linhagens filogeneticamente relacionadas e espécies-irmãs, os padrões filogeográficos são muito distintos, variando conforme a amplitude de sua distribuição e o ambiente em que se encontram.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

DAGOSTA FCP & DE PINNA MCC (2017) Biogeography of Amazonian fshes: deconstructing river basins as biogeographic units. Neotropical Ichthyology, v.15, n.3, p. e170034 [1-24].

FROESE R & PAULY D (eds) (2017). FishBase (version Jun 2017). In: Roskov Y., Abucay L., Orrell T., Nicolson D., Bailly N., Kirk P.M., Bourgoin T., DeWalt R.E., Decock W., De Wever A., Nieukerken E. van, Zarucchi J., Penev L., eds. (2017). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 25th August 2017. Digital resource at www.catalogueoflife.org/col. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. ISSN 2405-8858.

OLDEN JD, KENNARD MJ, LEPRIEUR F, TEDESCO PA, WINEMILLER KO, GARCÍA-BERTHOU E. Conservation biogeography of freshwater fishes: recent progress and future challenges. Divers Distrib. 2010; v.16, n.3, p.496-513.

PEREIRA TL, SANTOS U, SCHAEFER CE, SOUZA GO, PAIVA SR, MALABARBA LR, SCHMIDT EE, DERGAM JA (2013) Dispersal and vicariance of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Teleostei, Erythrinidae) populations of the Brazilian continental margin. Journal of Biogeography, v.40, p. 905-914.

De PINNA MCC (1989) A new Scarcoglanidine catfish, phylogeny of its subfamily, and an appraisal of the phyletic status of the Trichomycterinae (Teleostei, Trichomycteridae). Am. Mus. Novit., n. 2950, p. 1-39.

DE PINNA MCC (1992) *Trichomycterus castroi*, a new species of trichomycterid catfish (Teleostei: Silurifomes). Ichthyol.Explor.Freshwaters, v.3, n.1, p.89-95.

De PINNA MCC (1998) Phylogenetic relationships of Neotropical Siluriformes (Teleostei: Ostariophysi); historical overview and synthesis of hypothesis. Pp. 279- 330. In: Malabarba, L. R., R. E. Reis, R. P. Vari, Z. M. Lucena, & C. A. S. Lucena (Eds.). Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Edipucrs, Porto Alegre, Brazil, 603p.

DE PINNA MCC, WOSIACKI WB (2003) Family Trichomycteridae (pencil or parasitic catfishes). p.270-290. In: REIS RE, KULLANDER SO, FERRARIS-JR CJ (eds.). Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS. 729p.

RAMIREZ JL, BIRINDELLI JLO, GALETTI-JR PM (2017) A New Genus of Anostomidae (Ostariophysi: Characiformes): Diversity, Phylogeny and Biogeography Based on Cytogenetic, Molecular and Morphological Data. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.107, p.308-323.

RIBEIRO AC (2006) Tectonic history and the biogeography of the freshwater fishes from the coastal drainages of eastern Brazil: an example of faunal evolution associated with a divergent continental margin. Neotropical Ichthyology, v. 4, n. 2, p. 225–246.

SANCHES A & GALETTI-Jr PM, 2007. Genetic evidence of population structuring in the neotropical freshwater fish *Brycon hilarii* (Valenciennes, 1850). Brazilian Journal of Biology, v.67, n.4, p.889-895.

SAZIMA I (2004) Natural history of *Trichogenes longipinnis*, a threatened trichomycterid catfish endemic to Atlantic forest streams in Southeast Brazil.Ichthyological Exploration of Freshwaters, v.15, n.1, p.49-60.

CAPÍTULO 1

FILOGENIA MOLECULAR DE *TRICHOMYCTERUS* (SILURIFORMES: TRICHOMYCTERIDAE) E O MONOFILETISMO DAS ESPÉCIES DO LESTE BRASILEIRO

A ser submetido na Neotropical Ichtchyology (FI: 1,203. Qualis: B2)

Thaís de Assis Volpi[1,3], Luisa Maria Sarmento-Soares[2,3] e Valéria Fagundes[1,3]

[1] Laboratório de Genética Animal (LGA), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES). Avenida Fernando Ferrari, 514 - sala 311, Campus de Goiabeiras, CEP 29.075-910, Vitória-ES, Brasil. (TAV) thaisvolpi@gmail.com (autor para correspondência), (VF) valeria.fagundes@ufes.br

[2] Instituto Nacional da Mata Atlântica, Laboratório de Zoologia. Av. José Ruschi, 4, Centro, CEP 29.650-000, Santa Teresa, ES, Brasil. (LMSS) luisa@nossosriachos.net

[3] Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal (PPGBAN), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Campus de Goiabeiras, CEP 29.043-900, Vitória, ES, Brasil.

Nada em evolução faz sentido senão sob a luz da filogenética.

Autor desconhecido parafraseando Theodosius Dobzhansky

Resumo

Trichomycterinae é uma subfamília de bagres que integra oito gêneros, monotípicos ou compostos por poucas espécies, à exceção de *Trichomycterus*, representado por 161 espécies distribuídas na região neotropical. Há muitos problemas taxonômicos envolvendo as espécies de *Trichomycterus*, e a falta de caracteres diagnósticos espécie-específicos, somado ao grande número de táxons dificulta a resolução do problema. Este estudo visou recuperar as linhagens filogenéticas de *Trichomycterus* utilizando 456 sequências do gene citocromo b, sendo 330 do leste neotropical, uma do norte e 125 dos Andes chilenos. Os 999 pares de base geraram 289 haplótipos, sendo recuperados três clados estruturados geograficamente, divergentes entre 12,5 e 15%. O clado leste é representado por 14 espécies distribuídas entre o Rio de Contas e Ribeira do Iguape, com divergência intraclado de 7%. O clado oeste é representado pelas espécies dos Andes e duas espécies de outros gêneros (*Bullockia maldonadoi e Hatcheria macraei*), que divergiram em 4%. O clado norte é representado por *T. guianense* ao norte do rio Amazonas filogeneticamente relacionado ao clado oeste. Visto que a localidade-tipo da espécie-tipo do gênero *T. nigricans*, ocorre no leste brasileiro, sugere-se que *Trichomycterus* seja representado apenas por espécies da porção leste, que *Trichomycterus areolatus* e *Bullockia* sejam sinonimizados para *Hatcheria* e que a identidade hierárquica do clado norte composto por *Trichomycterus guianense* seja revista.
Palavras-chave: bagre, cladogênese, estruturação genética, isolamento geográfico, vicariância.

Título abreviado: Filogenia de *Trichomycterus*.

1. Introdução

A família Trichomycteridae (Teleostei, Siluriformes, Loricarioidea) compreende um grupo de pequenos bagres neotropicais de água doce, composta por oito subfamílias. Dentre elas, Trichomycterinae é a mais especiosa e representa cerca de 60% de toda a diversidade da família (Froese & Pauly, 2017), sendo composta por oito gêneros, *Bullockia* Arratia, Chang, Menu-Marque & Rojas, 1978, *Eremophilus* Humboldt, 1805, *Hatcheria* Eigenmann, 1909, *Ituglanis* Costa & Bockmann, 1993, *Rhizosomichthys* Miles, 1942, *Scleronema* Eigenmann, 1917, *Sylvinichthys* Arratia, 1998 e *Trichomycterus* Valenciennes, 1832 (De Pinna, 1998). Grande parte dos gêneros é monotípico ou composto por poucas espécies, exceto *Trichomycterus*, que abriga 161 espécies (Froese & Pauly, 2017) amplamente distribuídas na região neotropical, estando presente desde a Costa Rica até a Patagônia, tanto a leste quanto a oeste dos Andes, com exceção de drenagens costeiras do Nordeste médio Ocidental a exemplo da bacia do rio Parnaíba.

Embora a subfamília seja amplamente estudada, há muitas incertezas e confusões na taxonomia do grupo, principalmente no reconhecimento e alocação taxonômica de espécies de *Trichomycterus*. O grande número de espécies, associado ao elevado endemismo ou distribuição restrita, a simpatria e/ou sintopia entre espécies e/ou diagnose incipiente (De Pinna, 1989; 1998), dificulta a resolução da identidade das espécies e inter-relações. Com isso, muitas vezes é intuitivamente utilizada à distribuição geográfica para nomear muitas das espécies em coleções.

Em análises miológicas, Datovo & Bockmann (2010) recuperaram Trichomycterinae como um grupo monofilético, indicando politomia dentro da subfamília, em destaque para *Trichomycterus*, embora algumas espécies tenham se organizado em dois grupos monofiléticos. Um destes clados é composto por seis espécies de diferentes gêneros com ocorrência no Chile e na Argentina, tais como *T. areolatus* Valenciennes, 1846, *T. chiltoni* Eigenmann, 1928, *Bullockia maldonadoi* Eigenmann, 1920 e *Hatcheria macraei* Girard, 1855, além das drenagens do leste do Brasil (*T. immaculatus* Eigenmann & Eigenmann, 1889 e *T. zonatus* Eigenmann, 1918), demonstrando que algumas espécies de *Trichomycterus* apresentaram relação filogenética mais próxima a outros gêneros da subfamília do que entre si.

O polifiletismo de Trichomycterinae foi verificado por De Pinna (1989, 1998), Wosiacki (2002), De Pinna & Wosiacki (2003), que destacaram a dificuldade em resolver a questão das relações intragênero com base na morfologia. De Pinna (1989) menciona que o monofiletismo de *Trichomycterus* não seria recuperado mesmo se fossem retiradas espécies muito diferenciadas do gênero, tais como *T. boylei* Nichols, 1956 (Andes argentinos), *T. santaeritae* Eigenmann, 1918 (Paraíba do Sul), *T. hasemani* Eigenmann, 1914 (bacia do rio Amazonas) e *T. johnsoni* Fowler, 1932

(porção oeste da bacia do Paraná). Wosiacki (2002) propôs a subdivisão e criação de pelo menos 14 novas subfamílias e 14 novos gêneros para resolver o polifiletismo de Trichomycterinae.

Considerando que *Trichomycterus* é polifilético em estudos prévios, é o gênero com maior número de espécies e maior distribuição geográfica em Trichomycterinae, fugindo dos padrões já descritos para outros gêneros da subfamília (monotípico ou poucas espécies), há questionamentos quanto a *Trichomycterus* abrigar mais gêneros. Assim, o presente estudo buscou recuperar a relação filogenética das espécies de *Trichomycterus* e compreender a estruturação e divergência genética das linhagens ao longo de sua ampla distribuição.

2. Materiais e métodos

A área de estudo está inserida entre as latitudes decimais de 5 e -46 e longitudes de -36 a -76 (Fig. 1) e abrange as bacias hidrográficas localizadas na porção leste neotropical entre os estados brasileiros da Bahia a São Paulo, inseridos no bioma Mata Atlântica, estando limitada ao norte pelo Rio de Contas e ao sul pelo rio Ribeira do Iguape. Além destas, o estudo conta com amostras da região neotropical dos Andes chilenos e argentinos (porção transandina), com representantes das bacias Aconcagua, Andalién, Aysén, Baker, Biobío, Bueno, Butalcura, Cayucupil, Choapa, Chubut, Colorado, Imperial, Itata, Lebu, Limarí, Llico, Maipo, Mataquito, Maule, Maullín, Negro, Petorca, Puelo, Punta, Lavapie, Ramadillas, Rapel, Reloca, Toltén, Topocalma, Valdivia.

A amostra total foi de 456 sequências do gene mitocondrial citocromo b (cit-b) de *Trichomycterus*, sendo 330 de indivíduos da porção leste neotropical, 125 transandinos e um do extremo norte neotropical (**Suplementar 1**).

Das 330 amostras do leste, 167 sequências correspondem a indivíduos coletados em rios da Mata Atlântica entre junho de 2013 e outubro de 2014, em expedições que revisitaram as localidades-tipo das espécies entre o rio Itabapoana (sul do Espírito Santo) até o rio Jequitinhonha (sul da Bahia). Os procedimentos de coleta seguiram Uieda e Castro (1999) e utilizaram rede de arrasto do tipo picaré. Os animais Coletados foram fixados em solução de álcool etílico a 90%, tombados na coleção do Instituto Nacional da Mata Atlântica (INMA/MBML) e as informações estão disponibilizadas no SpeciesLink <www.splink.cria.org.br>. De cada animal foi retirada uma amostra de músculo do flanco direito para fins moleculares.

Outras 156 se referem a amostras de tecido foram doadas por colaboradores para geração das sequências. Além destas, foram obtidas do GenBank através da plataforma online National Center for Biotechnology Information <ncbi.nlm.nih.gov> (acesso em 20 de novembro de 2016) sete sequências de indivíduos do rio Paraíba do Sul, e as 125 amostras dos Andes chilenos de *T. areolatus* Valenciennes, 1846 e a sequência da bacia do rio Potaro, na Guiana de *T. guianense* Eigenmann, 1909.

Como grupos externos, foram utilizadas 12 sequências de cit-b obtidas no GenBank de *Bullockia maldonadoi* Eigenmann, 1920 e 10 de *Hatcheria macraei* Girard, 1855, ambos da subfamília Trichomycterinae, além de 13 sequências de *Listrura* spp. da família Glanapteryginae e 12 de *Trichogenes longipinnis* Britski & Ortega, 1983 da família Trichogeninae (**Suplementar 1**).

As amostras de DNA foram extraídas segundo protocolo desenvolvido por Bruford *et al.* (1992) e quantificadas em espectrofotômetro (NanoDrop ND-2000, Uniscience). Para a amplificação *in vitro* do Cit-b foram usados os primers CytbSiluF e CytbSiluR, segundo padrão definido pelo autor (Lima, 2009). Os amplicons foram purificados a partir da adição de 1µL de Exosap para cada 10µL

de produto PCR. Para a reação de sequenciamento foi utilizado o Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit, seguindo protocolo do fabricante. As 330 amostras foram sequenciadas em um sequenciador automático ABI310 (APPLIED BIOSYSTEMS) no Núcleo de Genética Aplicada à Conservação da Biodiversidade (NGACB) da Universidade Federal do Espírito Santo. As sequências foram alinhadas no programa Geneious 7.1.3. O teste de saturação foi realizado no programa DAMBE5 (Xia, 2013) em que foi utilizado o teste de Xia *et al.* (2003). O melhor modelo de evolução molecular foi encontrado através do programa jModelTest (Darriba *et al.*, 2012). Os percentuais de distância intra e intergrupos foram calculados no programa MEGA7.0.20 por meio do modelo Kimura 2 Parâmetros (Kimura, 1980). A árvore de Máxima Verossimilhança foi gerada no programa MEGA7.0.20 com 100 replicações bootstrap, modelo "General Time Reversible", distribuição gama com sítios invariáveis (G+I), número de categorias discretas de gama igual a 6 e deleção completa (Nei & Kumar, 2000; Kumar *et al.*, 2016; Felsenstein, 1985), conforme resultados sugeridos no modelo gerado no jModelTest. As árvores foram editadas no programa FigTree v1.4. O mapa foi gerado no programa ArcMap10.1.

3. Resultados

As 456 sequências de *Trichomycterus* geraram 289 haplótipos com 999 pb. O melhor modelo evolutivo foi GTR+I+G e a matriz de dados não apresentou saturação. Ainda, foram encontrados 12 haplótipos de *Bullockia maldonadoi*, 10 de *Hatcheria macraei*, quatro haplótipos de *Listrura* spp. e 12 de *Trichogenes longipinnis*. Recuperou-se três clados monofiléticos (**Suplementar 2**), com 12,5 e 15% de divergência entre si (Fig.1).

O clado leste, com divergência intraclado de 7%, é formado por sete grupos estruturados geograficamente com suporte de bootstrap na árvore de Máxima Verossimilhança de 79%, com espécies distribuídas entre o rio de Contas na Bahia e Ribeira do Iguape em São Paulo, sendo elas: *T. tete* Barbosa & Costa, 2011 (Contas), *T. jequitinhonhae* Triques & Vono, 2004 (Jequitinhonha), *T. landinga* Triques & Vono, 2004 (Jequitinhonha), *T. novalimensis* Barbosa & Costa, 2010 (São Francisco), *T. macrotrichopterus* Barbosa & Costa, 2010 (São Francisco), *T. pradensis* Sarmento-Soares *et al.*, 2005 (Jucurucu ao Doce), *T. alternatus* Eigenmann, 1918 (Doce), *T. longibarbatus* Costa, 1992 (Piraquê-Açu), *T. pantherinus* Alencar & Costa, 2004 (Santa Maria da Vitória e Jucu), *T. caudofasciatus* Alencar & Costa, 2004 (Itapemirim e Itabapoana), *T. brunoi* Barbosa & Costa, 2010 (Itabapoana), *T. mimosensis* Barbosa, 2013 (Itapemirim e Itabapoana). *T. caipora* Lima, Lazzarotto & Costa, 2008 (Paraíba do Sul), *T. immaculatus* Eigenmann & Eigenmann, 1889 (Paraíba do Sul) e *T. zonatus* Eigenmann, 1918 (Paraíba do Sul e Ribeira do Iguape). Os subgrupos deste clado apresentaram distâncias entre si de 5,1 a 12,9% (**Suplementar 3**).

O clado oeste se organizou em dois subclados com suporte bootstrap de 100% e estruturados geograficamente, divergindo entre si em 5,9%. Um destes subclados é representado por indivíduos da região central do Chile na porção transandina e integra as espécies *T. areolatus* e *B. maldanodoi* com 3,1% de divergência intraclado, enquanto o outro está distribuído no sul e extremo sul do Chile e compreende *T. areolatus* e *H. macraei* com divergência de 2,5%.

O clado norte é composto por *T. guianense* da bacia do rio Potaro, na Guiana, na porção norte da região neotropical cisandina, divergindo em 12,5% do clado oeste e 15,9% do clado leste. Este clado mostrou relação filogenética com o clado oeste, agrupados com 92% de suporte bootstrap.

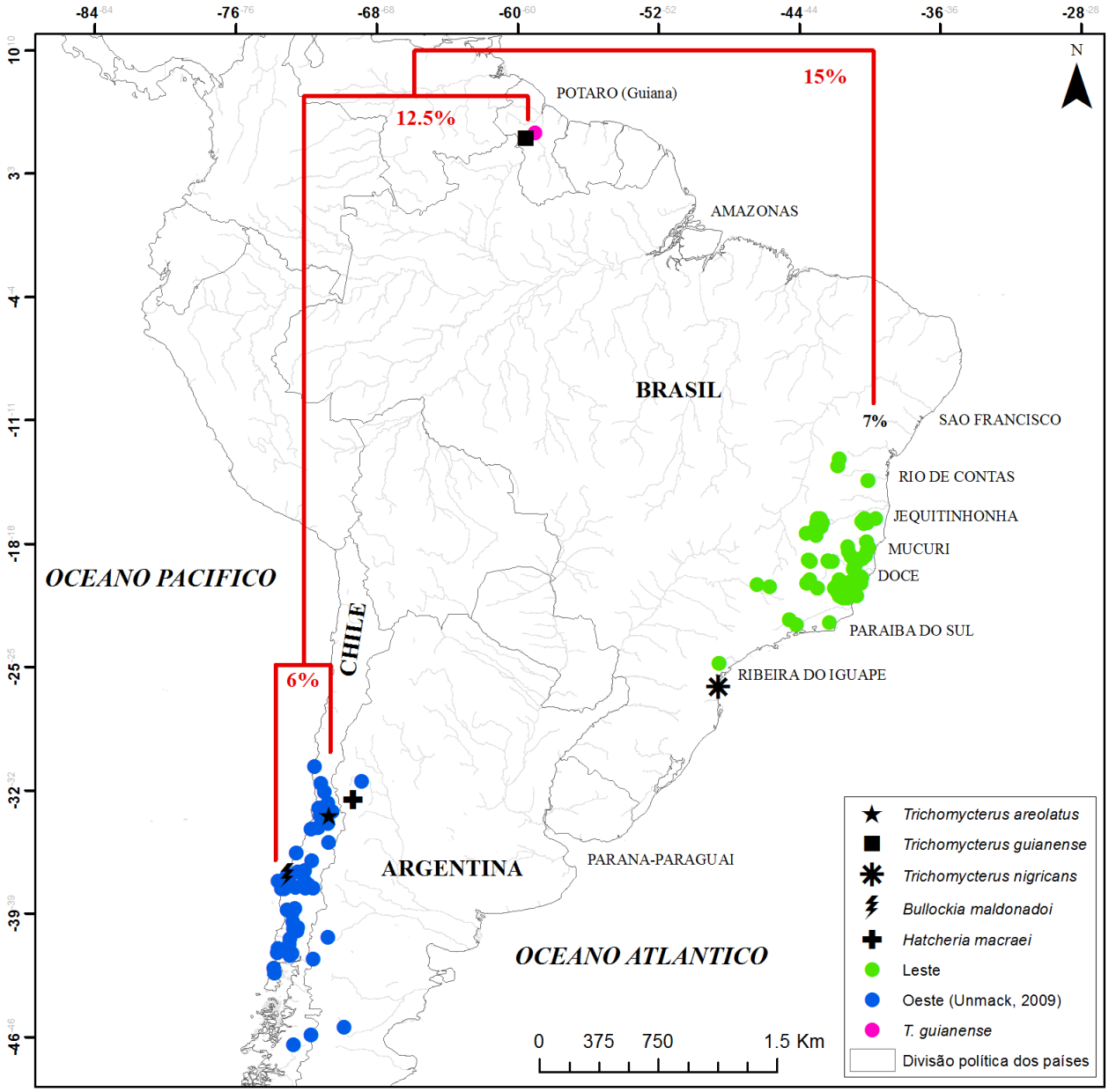


FIGURA 1. Relação filogenética das linhagens baseada em caracteres moleculares referentes a 289 haplótipos do gene mitocondrial cit-b com 999bp de *Trichomycterus*, 12 haplótipos de *Bullockia maldonadoi* e 10 de *Hatcheria macraei* com distribuição dos clados em um contexto geográfico, sendo um clado representado por espécies da região oeste dos Andes chilenos (clado oeste, em azul), um representado pelas espécies ao leste neotropical (clado leste, em verde) e outro representado por *T. guianense* (clado norte, em rosa). No quadro à direita estão símbolos das localidades-tipo de algumas espécies utilizadas neste estudo ou de importância para a compreensão das relações dos clados, com destaque a espécie-tipo do gênero, *T. nigricans* (asterisco). Os percentuais correspondem às distâncias entre os clados (em vermelho) e dentro do clado (em preto).

4. Discussão

Esta é a primeira vez que se apresenta um estudo comparativo entre 14 espécies da porção leste da distribuição de *Trichomycterus*, com um conjunto de espécies do norte e oeste andino, que permitiu resgatar a relação das linhagens do leste do Brasil, assim como comparar as relações com as espécies transandinas e do norte da Amazônia, usando dados moleculares.

Os clados recuperados estão organizados por região geográfica distinta, sendo agrupadas as 14 espécies de *Trichomycterus* do leste da América do Sul como um clado monofilético, enquanto *T. areolatus* do oeste se organizou de forma polifilética com outros dois gêneros da subfamília Trichomycterinae (*Bullockia* e *Hatcheria*). Embora a relação entre as espécies dentro de cada clado não tenham sido esclarecidas, o suporte dos três clados é bastante robusto e as altas divergências interclados (12,5 e 15,9%) e baixas divergências intraclados (2,5 e 7%) confirma a existência de linhagens distintas do oeste, norte e leste neotropical. Considerando que Pereira *et al.* (2013) encontraram valores entre 1,2 e 16,9% com média de 8,1% entre espécies de *Trichomycterus* da bacia do Paraná, as informações de distância encontradas no presente estudo, somadas ao arranjo filogenético das linhagens, é possível propor que as divergências genéticas encontradas entre os três clados sejam compatíveis à distância entre gêneros.

Uma classificação que reflita a complexidade de Trichomycterinae e resolva seu polifiletismo exigirá o reconhecimento de uma série de novas subfamílias e gêneros (De Pinna & Wosiacki, 2003), como já proposto por Wosiacki (2002), que sugere a criação de pelo menos 14 novas subfamílias e 14 novos gêneros dentro de Trichomycteridae. Ao contrário de Wosiacki (2002), Datovo & Bockmann e Ochoa *et al.* (2017) recuperaram Trichomycterinae como monofilético, embora o mesmo não tenha ocorrido para muitas espécies de *Trichomycterus*, como encontrado no presente estudo.

O clado leste compôs um agrupamento monofilético com alto suporte e geograficamente estruturado e abriga espécies distribuídas entre o rio de Contas e Ribeira do Iguape. Nessa região se encontra a localidade da espécie-tipo do gênero, *T. nigricans* no rio Itapocu no estado de São Paulo, dando suporte para concluir que o clado leste representa o gênero *Trichomycterus.* Desta forma, é possível recuperar a monofilia do gênero, desde que apenas as espécies da porção leste neotropical sejam consideradas como *Trichomycterus*, muito embora o limite de distribuição do gênero necessite de maiores investigações.

Wosiacki (2002) propôs que Trichomycterinae fosse representada por espécies dos rios costeiros do sul e sudeste do Brasil e das cabeceiras dos rios da vertente esquerda do rio Paraná, sendo composta por *Trichomycterus* (rios do litoral brasileiro e das cabeceiras dos rios da vertente esquerda do rio Paraná) e pela espécie-tipo do gênero, *T. nigricans*, além de um gênero novo formado

por espécies com caracteres mais basais dentro da subfamília, que estão distribuídas exclusivamente das cabeceiras dos rios da margem esquerda do rio Paraná.

Além disso, Ochoa *et al.* (2017) recuperaram dois clados para a porção leste neotropical: um composto por espécies do alto São Francisco e braço leste do Paraná e bacias costeiras do sul onde se encontra a espécie-tipo do gênero e composto por *T. davisi* Haseman, 1911, *T. diatropoporos* Fernandez & Malabarba, 2013, *T. iheringi* Eigenmann, 1917, *T. perkos* Datovo, Carvalho & Ferrer, 2012, *T. poikilos* Fernandez & Malabarba, 2013, *T. variegatus* Costa, 1992, *T. zonatus* Eigenmann, 1918, *T. cubataonis* e *Scleronema* cf. *angustirostre* Devincenzi, 1942, e outro com espécies presentes das bacias do rio Paraná, Paraíba do Sul, São Francisco, Itabapoana, Jucuruçu e Doce, representado por *T. albinotatus* Costa, 1992, *T. alternatus* Eigenmann, 1918, *T. auroguttatus* Costa, 1992, *T. brasiliensis* Lutken, 1874, *T. candidus* Miranda-Ribeiro, 1949, *T. immaculatus* Eigenmann & Eigenmann, 1889, *T. itatiayae* Miranda-Ribeiro, 1906, *T. mimosensis* Barbosa, 2013, *T. nigroauratus* Barbosa & Costa, 2008, *T. pirabitira* Barbosa & Azevedo-Santos, 2012, *T. pradensis* Sarmento-Soares *et al.*, 2005, *T. reinhardti* Eigenmann, 1917, *T. pyratimbara*, *T. florensis*, predominantemente ao norte da distribuição leste de *Trichomycterus*. Tais dados corroboram com os encontrados no presente estudo, aos quais são trazidas novas contribuições para interpretação de algumas destas questões levantadas para o grupo, como se segue.

Os indivíduos do rio Paraíba do Sul foram os mais divergentes dos demais indivíduos do clado leste. De Pinna (1989) já havia mencionado sobre a distinção morfológica de espécies dessa região, como *T. santaeritae* Eigenmann, 1918 (Paraíba do Sul). Além desta, o autor cita outras três espécies de outras porções, tais como *T. boylei* Nichols, 1956 (Andes argentinos), *T. hasemani* Eigenmann, 1914 (bacia do rio Amazonas) e *T. johnsoni* Fowler, 1932 (porção oeste da bacia do Paraná). Porém, nenhuma dessas espécies foi analisada no presente estudo.

Vale destacar que no presente estudo foram analisadas somente 16 das 161 espécies de *Trichomycterus*, não havendo estudos de filogenia molecular em cerca de 90% das espécies do gênero. Novos estudos poderão contribuir para o esclarecimento das relações entre os grupos. Contudo, é possível que o clado esteja limitado a oeste pela bacia do Paraná (braço oeste) e a noroeste pela bacia do Amazonas. Porém, para casos omissos como espécies não contempladas neste estudo, bem como as distribuídas na porção oeste da bacia do Paraná, ou mesmo espécies da porção central neotropical, não é possível inferir a qual linhagem estas pertenceria, embora este estudo forneça importantes informações acerca da relação filogenética de muitas espécies, o que pode otimizar o direcionamento de estudos futuros.

No clado oeste transandino, *T. areolatus* da região Central do Chile foi agrupado com *Bullockia maldonadoi*, que tem localidade-tipo na porção sul dos Andes chilenos e está distribuído no Chile. Por sua vez, *T. areolatus* da região sul e extremo sul do Chile agrupou filogeneticamente com

Hatcheria macraei, que tem como localidade tipo a porção cisandina Argentina (De Pinna & Wosiacki, 2003). Wosiacki (2002), Datovo & Bockmann (2010) e Ochoa *et al.* (2017), em análise de caracteres morfológicos, miológicos e moleculares, respectivamente, verificaram que espécies de *Trichomycterus* andinas compõem o mesmo grupo monofilético com outros gêneros andinos da subfamília, tais como *T. areolatus*, *Bullockia maldonadoi* e *Hatcheria macraei*. Para Wosiacki (2002), o gênero *Bullockia* estaria contido no clado que compõe *Hatcheria macraei* e, portanto, seria considerado sinônimo de *Hatcheria*.

Considerando que *T. areolatus* Valenciennes, 1846 é a espécie mais antiga em relação a *B. maldonadoi* Eigenmann, 1920 e *H. macraei* Girard, 1855; que as espécies de *Trichomycterus* ficaram restritas a espécies do leste da America do Sul; que *T. areolatus* se agrupou tanto com *B. maldonadoi* quanto *H. macraei*; propomos a sinonímia de *T. areolatus* do sul e extremo sul do Chile a *H. macraei* Girard, 1855 e de *T. areolatus* da porçao central dos Andes a *B. maldonadoi* Eigenmann, 1920. Estes dados seriam coerentes com a formação de dois clados, cada qual abrigando as espécies *B. maldonadoi* e *H. macraei*.

Porém, verificou-se que a distância genética dentro do clado oeste e entre os dois subclados é baixa e compatível com uma distância entre espécies dentro de um gênero, não dando suporte para a manutenção de dois gêneros nesse clado. Assim, sugerimos a realocação de *B. maldonadoi* para o gênero *Hatcheria*.

Nossa proposta pode esclarecer algumas confusões acerca de *Trichomycterus*, *Bullockia* e *Hatcheria*. O parafiletismo de *H. macraei* e *T. areolatus* já havia sido observado em Unmack *et al.* (2009) a partir de estudos de gene mitocondrial cit-b. Porém, como no trabalho de Unmack *et al.* (2009) a árvore foi enraizada tendo *B. maldonadoi* como táxon externo, a informação quanto a sua relação não pôde ser esclarecida. Tchernavin (1944) também já havia chamado atenção para esta questão ao analisar Trichomycterinae depositados no British Museum, sugerindo que *Hatcheria* fosse sinonimizado a *Trichomycterus* da porção transandina, dada a dificuldade de distinção destes dois grupos. Wosiacki (2002), por sua vez, propôs que *Bullockia* fosse realocado para o gênero *Hatcheria*. Em análise de caracteres miológicos, Eigenmann (1918) e Wosiacki (2002) verificaram que os grupos que apresentam maior retenção dos caracteres plesiomórficos em Trichomycteridae se encontram na região transadina patagônica, sugerindo que a ancestralidade da família estaria associada a tal região.

Unmack *et al.* (2009) demonstraram que a maior influência para a estruturação das linhagens de *T. areolatus* foi a oscilação do nível do mar. Sendo assim, é possível que a relação entre linhagens transandinas do sul tenham tido conexão pretérita durante as regressões marinhas, conectando assim muitas drenagens atualmente isoladas.

Quanto ao clado norte em que foi encontrado *T. guianense* como entidade evolutiva independente e irmã do clado oeste, tal evidência já foi encontrada por outros autores. Segundo a proposta de Wosiacki (2002), as espécies *Trichomycterus hasemani* (bacia do Amazonas) e *T. johnsoni* (bacia do Paraná braço oeste, Mato Grosso) formariam um grupo monofilético irmão do clado composto por Tridentinae, Stegophilinae e Vandelliinae. Ochoa *et al.* (2017) verificaram dois grupos monofiléticos nesta região e distintos dos demais: um composto por espécies cis e transandinas do norte neotropical das bacias de Magdalena e Amazonas, tais como *T. knerii* Steindachner, 1882, *T. punctulatus* Valenciennes, 1846 e *T. sandovali* Ardila-Rodríguez, 2006, compõem um grupo monofilético com *Eremophilus mutisii* Humboldt, 1805; e um segundo proveniente desta mesma região composto por *T. banneaui* Eigenmann, 1912, *T. cachiraensis* Ardila-Rodríguez, 2008, *T. guianense* Eigenmann, 1909, *T. ruitoquensis* Ardila-Rodriguez, 2007, *T. spilosoma* Regan, 1913, *T. striatus* Meek & Hilbebrand, 1913 e *T. transandianus* Steindachner, 1915.

Em suma, todas as evidências confirmam a alta complexidade em análises que envolvam a subfamília, visto que é um grupo muito diversificado e amplamente distribuído, o que torna a amostragem de todas as suas potenciais linhagens uma tarefa desafiadora. A relação entre as espécies de *Trichomycterus* é bastante complexa e exigirá a inclusão da maior representatividade possível do gênero, tendo em vista as particularidades associadas a diversos táxons que não foram contemplados neste estudo. Contudo, este pode ser um importante passo para compreender os agrupamentos monofiléticos dentro do gênero e, conforme espécies sejam acrescidas em análises futuras, verificar se estas integram algum dos clados aqui encontrados, bem como se formam um clado distinto dos aqui incluídos. Assim, a grande questão a ser futuramente investigada é a relação das espécies da porção central da região neotropical em relação as porções leste e oeste, além do acréscimo de mais espécies do gênero e da subfamília em análises filogenéticas.

5. Referências bibiográficas

Baskin JN. Structure and relationships of the Trichomycteridae. Unpublished Ph.D. Dissertation, City University of New York, New York, 389p; 1973.

Bruford MW, Hanotte O, Brookfield JFY, Burke T. Single-locus and multilocus DNA fingerprinting. In: Molecular genetic analyses of populations: A Pratical Approach. Hoelzel AR (Ed.). Oxford: IRL Press, p. 225-269; 1992.

Datovo A & Bockmann FA. Dorsolateral head muscles of the catfish families Nematogenyidae and Trichomycteridae (Siluriformes: Loricarioidei): comparative anatomy and phylogenetic analysis. Neotropical Ichthyology, v.8, n.2, p. 193-246; 2010.

Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods v. 9, n.8, 772; 2012.

Eigenmann CH. The Pigidiidae, a family of South American catfishes. Mem. Carnegie Mus. v.7, p.259-398; 1918.

Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution 39:783-791; 1985.

Froese R & Pauly D (2017). FishBase (version Jun 2017). In: Roskov Y, Abucay L, Orrell T, Nicolson D, Bailly N, Kirk PM, Bourgoin T, DeWalt RE, Decock W, De Wever A, Nieukerken E van, Zarucchi J, Penev L (eds.). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 25th August 2017. Digital resource at www.catalogueoflife.org/col. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. ISSN 2405-8858.

Hardman M. The phylogenetic relationships among non-diplomystid catfishes as inferred from mitochondrial cytochrome b sequences; the search for the ictalurid sister taxon (Otophysi: Siluriformes). Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 41, n. 3, p. 636-662; 2006.

Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution, v.16, p.111-120; 1980.

Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution 33:1870-1874; 2016.

Lima SMQ. Filogeografia e sistemática molecular de dois bagres das bacias costeiras da Serra do Mar, *Trichomycterus zonatus* (Eigenmann, 1918) e *Trichogenes longipinnis* Britski & Ortega, 1983 (Siluriformes: Trichomycteridae). Tese de doutorado, Universidade Federal do Rio de Janeiro. 189p; 2009.

Lima SMQ, Vasconcellos AV, Berbel-Filho WM, Lazoski C, Russo CAM, Sazima I & Solé-Cava AM. Effects of Pleistocene climatic and geomorphological changes on the population structure of

the restricted-range catfish *Trichogenes longipinnis* (Siluriformes: Trichomycteridae). Systematics and Biodiversity, v.14, n.2, p.1-16; 2016.

Nei M, Kumar S. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York; 2000.

Pereira LHG, Hanner R, Foresti F, Oliveira C. Can DNA barcoding accurately discriminate megadiverse Neotropical freshwater fish fauna? BMC Genetics, v.14, n.20, p. 1-14; 2013.

De Pinna MCC. A new Scarcoglanidine catfish, phylogeny of its subfamily, and an appraisal of the phyletic status of the Trichomycterinae (Teleostei, Trichomycteridae). Am. Mus. Novit., n. 2950, p. 1-39; 1989.

De Pinna MCC. Phylogenetic relationships of Neotropical Siluriformes (Teleostei: Ostariophysi); historical overview and synthesis of hypothesis. p. 279- 330. In: Malabarba, L. R., R. E. Reis, R. P. Vari, Z. M. Lucena, & C. A. S. Lucena (Eds.). Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Edipucrs, Porto Alegre, Brazil, 603p; 1998.

De Pinna MCC, Wosiacki WB. Family Trichomycteridae (pencil or parasitic catfishes). p. 270-290. In: Reis RE, Kullander SO, Ferraris-Jr CJ (eds.). Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS. 729p; 2003.

Tchernavin VV. A revision of some Trichomycterinae based on material preserved in the British Museum (Natural History). Proc. Zool. Soc., London, v.114, p.234-275; 1944.

Uieda VS, Castro RMC. Coleta e fixação de peixes de riacho. p. 1-22. In: Caramaschi EP, Mazzoni R, Peres-Neto PR (eds.). Ecologia de peixes de riachos. Série Oecologia Brasiliensis, v. VI, PPGE-UFRJ. Rio de Janeiro, Brasil; 1999.

Unmack PJ, Bennin AP, Habit EM, Victoriano PF, Johnson JB. Impact of ocean barriers, topography, and glaciation on the phylogeography of the catfish *Trichomycterus areolatus* (Teleostei: Trichomycteridae) in Chile. Biological Journal of the Linnean Society, v. 97, p. 876-892; 2009.

Villa-Verde L, Lazzarotto H, Costa WJEM & Lima SMQ. A new Glanapterygine catfish of the genus Listrura (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from southeastern Brazil. Neotropical Ichthyology, v.10, n.3, p.527-538; 2012.

Wosiacki WB. Estudo das relações Filogenéticas de Trichomycterinae (Teleostei, Siluriformes, Trichomycteridae) com uma proposta classificação. Tese apresentada ao Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo; 2002.

Xia X, Xie Z, Salemi M, Chen L & Wang Y. An index of substitution saturation and its application. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.26, p.1-7; 2003.

Xia X. DAMBE5: A comprehensive software package for data analysis in molecular biology and evolution. Mol Biol Evol v.30, n.7, p.1720-1728; 2013.

Suplementar 1

S1. Relação das sequências utilizadas no presente estudo, bem como sua respectiva localidade, procedência e haplótipo ao qual faz referência. As amostras estão organizadas por clado, conforme relação filogenética visualizada em **S2**. Esta tabela continua nas próximas 13 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. SMQL: sequências doadas por Sergio Maia Queiroz Lima da Universidade Federal do Rio Grande do Norte. NCBI: National Center for Biotechnology Information:

#	AMOSTRA	IDENTIFICAÇÃO	BACIA	LATITUDE	LONGITUDE	HAPLÓTIPO	CLADO	COLEÇÃO	REFERÊNCIA
1	MBML6210_2	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.86	-40.62	C001	Leste A	MBML	Presente estudo
2	MBML6210_4	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.86	-40.62	C001	Leste A	MBML	Presente estudo
3	MBML6211_3	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.89	-40.6	C001	Leste A	MBML	Presente estudo
4	SMQL03	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.89	-40.6	C001	Leste A	SMQL	SMQL
5	MBML6210_3	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
6	MBML6833_1	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
7	MBML6833_2	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
8	MBML6833_4	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
9	MBML6841_2	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
10	MBML6841_5	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C002	Leste A	MBML	Presente estudo
11	MBML6211_1	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	C003	Leste A	MBML	Presente estudo
12	MBML6211_2	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	C003	Leste A	MBML	Presente estudo
13	MBML6841_1	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C003	Leste A	MBML	Presente estudo
14	MBML6841_3	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C003	Leste A	MBML	Presente estudo
15	MBML6841_4	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.57	C003	Leste A	MBML	Presente estudo
16	MBML7681_3	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	C003	Leste A	Coletado	Presente estudo
17	MBML7681_4	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	C003	Leste A	Coletado	Presente estudo
18	MBML7681_5	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	C003	Leste A	Coletado	Presente estudo
19	MBML8426_1	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	C003	Leste A	Coletado	Presente estudo
20	SMQL09	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.98	-41.71	C003	Leste A	SMQL	SMQL
21	SMQL11	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.98	-41.71	C003	Leste A	SMQL	SMQL
22	MBML6822_5	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.83	-40.56	C005	Leste A	MBML	Presente estudo
23	MBML7641_2	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C006	Leste A	Coletado	Presente estudo
24	MBML7641_3	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C006	Leste A	Coletado	Presente estudo
25	SMQL05	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C006	Leste A	SMQL	SMQL
26	MBML7641_4	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C007	Leste A	Coletado	Presente estudo
27	MBML7641_5	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C007	Leste A	Coletado	Presente estudo
28	MBML7642_1	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	C007	Leste A	Coletado	Presente estudo

29	MBML7642_2	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	C007	Leste A	Coletado	Presente estudo
30	MBML7642_3	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	C007	Leste A	Coletado	Presente estudo
31	SMQL04	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C007	Leste A	SMQL	SMQL
32	SMQL06	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.19	-41.06	C007	Leste A	SMQL	SMQL
33	MBML7681_1	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.88	-40.69	C009	Leste A	Coletado	Presente estudo
34	MBML8426_2	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	C010	Leste A	Coletado	Presente estudo
35	MBML8426_3	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.96	-40.73	C010	Leste A	Coletado	Presente estudo
36	MBML8430	*Trichomycterus sp.*	Reis Magos	-19.93	-40.65	C011	Leste A	Coletado	Presente estudo
37	RD42	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	C012	Leste A	PUCMG	Presente estudo
38	RD43	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	C012	Leste A	PUCMG	Presente estudo
39	RD44	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	C012	Leste A	PUCMG	Presente estudo
40	SQML01	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.3	-44.54	C013	Leste A	SMQL	SMQL
41	SQML02	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.3	-44.54	C013	Leste A	SMQL	SMQL
42	LM1872	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.48	-41.7	C014	Leste A	MNRJ	Presente estudo
43	MBML8198_1	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	C014	Leste A	Coletado	Presente estudo
44	MBML8198_2	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	C014	Leste A	Coletado	Presente estudo
45	LM4655	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C015	Leste A	MNRJ	Presente estudo
46	MBML8225_1	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C015	Leste A	Coletado	Presente estudo
47	MBML8225_5	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C015	Leste A	Coletado	Presente estudo
48	MBML8226	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C015	Leste A	Coletado	Presente estudo
49	MBML8132_1	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
50	MBML8132_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
51	MBML8132_4	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
52	MBML8132_5	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
53	MBML8144_1	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
54	MBML8144_3	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	C018	Leste A	Coletado	Presente estudo
55	MBML8144_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	C020	Leste A	Coletado	Presente estudo
56	MBML8149_1	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	C021	Leste A	Coletado	Presente estudo
57	MBML8149_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	C021	Leste A	Coletado	Presente estudo
58	MBML8149_4	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	C021	Leste A	Coletado	Presente estudo
59	MBML8152_1	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.03	-41.35	C022	Leste A	Coletado	Presente estudo
60	MBML8152_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.03	-41.35	C022	Leste A	Coletado	Presente estudo
61	MBML8152_3	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.03	-41.35	C022	Leste A	Coletado	Presente estudo
62	MBML8152_5	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.03	-41.35	C022	Leste A	Coletado	Presente estudo
63	MBML8177	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.72	-41.84	C025	Leste A	Coletado	Presente estudo
64	MBML8185_3	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	C025	Leste A	Coletado	Presente estudo
65	MBML8181_2	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	C026	Leste A	Coletado	Presente estudo
66	MBML8185_2	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	C026	Leste A	Coletado	Presente estudo
67	MBML8185_5	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	C026	Leste A	Coletado	Presente estudo
68	MBML8184_5	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.43	-41.86	C028	Leste A	Coletado	Presente estudo
69	MBML8185_4	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	C029	Leste A	Coletado	Presente estudo
70	MBML8191_1	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	C030	Leste A	Coletado	Presente estudo

71	MBML8191_2	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	C030	Leste A	Coletado	Presente estudo
72	MBML8191_4	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	C031	Leste A	Coletado	Presente estudo
73	MBML8211_1	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.45	-41.46	C033	Leste A	Coletado	Presente estudo
74	LM1875	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	C034	Leste A	MNRJ	Presente estudo
75	MBML8211_2	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.45	-41.46	C034	Leste A	Coletado	Presente estudo
76	MBML8212_1	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.41	-41.43	C034	Leste A	Coletado	Presente estudo
77	MBML8212_2	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.41	-41.43	C034	Leste A	Coletado	Presente estudo
78	MBML8219_4	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	C034	Leste A	Coletado	Presente estudo
79	MBML8219_5	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	C034	Leste A	Coletado	Presente estudo
80	LM4654	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.4	-41.51	C035	Leste A	MNRJ	Presente estudo
81	MBML8211_3	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	C035	Leste A	Coletado	Presente estudo
82	MBML8211_4	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	C035	Leste A	Coletado	Presente estudo
83	MBML8211_5	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	C035	Leste A	Coletado	Presente estudo
84	MBML8212_3	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	C036	Leste A	Coletado	Presente estudo
85	MBML8212_5	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	C037	Leste A	Coletado	Presente estudo
86	MBML8219_3	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	C039	Leste A	Coletado	Presente estudo
87	MBML8225_2	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C040	Leste A	Coletado	Presente estudo
88	MBML8225_3	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	C040	Leste A	Coletado	Presente estudo
89	MBML8390_1	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.57	-41.09	C041	Leste A	Coletado	Presente estudo
90	MBML8390_4	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.57	-41.09	C041	Leste A	Coletado	Presente estudo
91	MBML8390_2	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.57	-41.09	C042	Leste A	Coletado	Presente estudo
92	MBML8390_3	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.57	-41.09	C042	Leste A	Coletado	Presente estudo
93	MBML8390_5	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.57	-41.09	C043	Leste A	Coletado	Presente estudo
94	LM1871	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.64	-41.8	C045	Leste A	MNRJ	Presente estudo
95	LM1877	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.71	-41.36	C046	Leste A	MNRJ	Presente estudo
96	MCP44889	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	C048	Leste A	PUCRS	Presente estudo
97	MCP44963	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.54	-41.42	C049	Leste A	PUCRS	Presente estudo
98	MBML8540_2	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C051	Leste A	Coletado	Presente estudo
99	MBML8540_6	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C051	Leste A	Coletado	Presente estudo
100	MBML8540_7	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C051	Leste A	Coletado	Presente estudo
101	MBML8540_10	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C051	Leste A	Coletado	Presente estudo
102	MBML6784_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	C052	Leste A	MBML	Presente estudo
103	MBML6811_5	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	C052	Leste A	MBML	Presente estudo
104	MBML8540_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C052	Leste A	Coletado	Presente estudo
105	MBML8540_9	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C052	Leste A	Coletado	Presente estudo
106	MBML8540_8	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	C053	Leste A	Coletado	Presente estudo
107	LI028	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.6	-44.17	C055	Leste A	UNESP	Presente estudo
108	LI029	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.6	-44.17	C055	Leste A	UNESP	Presente estudo
109	MBML4444	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.55	C056	Leste A	MBML	Presente estudo

110	MBML6778	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.53	C056	Leste A	MBML	Presente estudo
111	MBML4603_2	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
112	MBML4603_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
113	MBML4608_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
114	MBML4615_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
115	MBML4615_3	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
116	MBML5219_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.94	-40.46	C057	Leste A	MBML	Presente estudo
117	MBML4603_3	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C058	Leste A	MBML	Presente estudo
118	MBML4608_2	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C059	Leste A	MBML	Presente estudo
119	MBML4608_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	C060	Leste A	MBML	Presente estudo
120	MCP44971	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	C060	Leste A	PUCRS	Presente estudo
121	MBML4615_2	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	C061	Leste A	MBML	Presente estudo
122	MBML4640	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.91	-40.53	C062	Leste A	MBML	Presente estudo
123	MBML6087_2	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.49	C063	Leste A	MBML	Presente estudo
124	MBML6811_3	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	C063	Leste A	MBML	Presente estudo
125	MBML6087_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.49	C064	Leste A	MBML	Presente estudo
126	MBML6781	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.5	C064	Leste A	MBML	Presente estudo
127	MBML6788_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	C064	Leste A	MBML	Presente estudo
128	MBML6788_2	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	C064	Leste A	MBML	Presente estudo
129	MBML6788_3	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	C064	Leste A	MBML	Presente estudo
130	MBML6784_3	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	C065	Leste A	MBML	Presente estudo
131	MBML6784_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	C065	Leste A	MBML	Presente estudo
132	MBML6811_1	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	C065	Leste A	MBML	Presente estudo
133	MBML6811_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	C065	Leste A	MBML	Presente estudo
134	MBML6811_6	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	C065	Leste A	MBML	Presente estudo
135	MBML6788_4	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	C066	Leste A	MBML	Presente estudo
136	MBML6788_5	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	C066	Leste A	MBML	Presente estudo
137	MBML8161_1	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
138	MBML8161_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
139	MBML8161_3	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
140	MBML8161_4	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
141	MBML8161_5	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
142	MBML8161_8	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
143	MBML8161_10	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C067	Leste A	Coletado	Presente estudo
144	MBML8161_9	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.07	-41.27	C068	Leste A	Coletado	Presente estudo
145	MBML5474_1	*Trichomycterus*	Santa Maria da	-20.25	-40.49	C069	Leste A	MBML	Presente estudo

		pantherinus	Vitória						
146	MBML5474_2	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.25	-40.49	C069	Leste A	MBML	Presente estudo
147	MBML8514_1	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
148	MBML8514_3	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
149	MBML8519_1	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
150	MBML8519_2	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
151	MBML8519_3	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
152	MBML8519_4	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
153	MBML8519_5	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
154	MBML8526_1	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
155	MBML8526_3	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	C069	Leste A	Coletado	Presente estudo
156	MBML8403_1	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	C073	Leste A	Coletado	Presente estudo
157	MBML8403_2	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	C073	Leste A	Coletado	Presente estudo
158	MBML8403_3	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	C073	Leste A	Coletado	Presente estudo
159	MBML8403_4	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	C073	Leste A	Coletado	Presente estudo
160	MBML8514_2	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	C079	Leste A	Coletado	Presente estudo
161	MBML8514_4	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	C079	Leste A	Coletado	Presente estudo
162	MBML8526_4	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	C079	Leste A	Coletado	Presente estudo
163	MBML8526_5	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	C079	Leste A	Coletado	Presente estudo
164	MBML9672_1	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	C083	Leste A	Coletado	Presente estudo
165	MBML6873_1	*Trichomycterus sp.*	Barra Seca	-18.85	-40.5	C085	Leste A	Coletado	Presente estudo
166	MBML6873_2	*Trichomycterus sp.*	Barra Seca	-18.85	-40.5	C085	Leste A	Coletado	Presente estudo
167	MBML6873_3	*Trichomycterus sp.*	Barra Seca	-18.85	-40.5	C086	Leste A	Coletado	Presente estudo
168	MBML6873_5	*Trichomycterus sp.*	Barra Seca	-18.85	-40.5	C086	Leste A	Coletado	Presente estudo
169	MBML7665_1	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.21	-40.86	C101	Leste A	Coletado	Presente estudo
170	MBML7665_2	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.21	-40.86	C102	Leste A	Coletado	Presente estudo
171	MBML7665_3	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.21	-40.86	C103	Leste A	Coletado	Presente estudo
172	MBML7665_5	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.21	-40.86	C103	Leste A	Coletado	Presente estudo
173	MBML7672_2	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.22	-40.81	C104	Leste A	Coletado	Presente estudo
174	MBML7672_4	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.22	-40.81	C105	Leste A	Coletado	Presente estudo
175	MBML7672_5	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.22	-40.81	C106	Leste A	Coletado	Presente estudo
176	CZNC795_1	*Trichomycterus sp.*	São Mateus	-18.47	-41.21	C111	Leste A	CEUNES	Presente estudo
177	RD155	*Trichomycterus sp.n. espinhaço*	Doce	-18.91	-43.46	C120	Leste A	PUCMG	Presente estudo
178	RD172	*Trichomycterus sp.n. espinhaço*	Doce	-18.93	-43.44	C122	Leste A	PUCMG	Presente estudo
179	RD79	*Trichomycterus sp.n. espinhaço*	Doce	-20.1	-43.39	C123	Leste A	PUCMG	Presente estudo
180	SMQL08	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	C129	Leste A	SMQL	SMQL
181	SMQL10	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	C130	Leste A	SMQL	SMQL
182	SMQL12	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.96	-40.73	C131	Leste A	SMQL	SMQL
183	J117_1	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	C133	Leste A	PUCMG	Presente estudo

184	J117_2	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	C133	Leste A	PUCMG	Presente estudo
185	GG4C4_2	*Trichomycterus sp.*	Contas	-14.44	-40.1	C168	Leste A	UESB	Presente estudo
186	UFRJ7626_1	*Trichomycterus zonatus*	Ribeira de Iguape	-24.79	-48.52	C171	Leste A	SMQL	SMQL
187	UFRJ7626_2	*Trichomycterus zonatus*	Ribeira de Iguape	-24.79	-48.52	C172	Leste A	SMQL	SMQL
188	SMQL13	*Trichomycterus zonatus*	Ribeira de Iguape	-24.79	-48.52	C172	Leste A	SMQL	SMQL
189	CT477	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.54	-42.95	C008	Leste B	UFV	Presente estudo
190	LGC3026	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.02	-42.12	C008	Leste B	PUCMG	Presente estudo
191	MBML7642_4	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.18	-41.07	C008	Leste B	Coletado	Presente estudo
192	RD37	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19	-42.23	C008	Leste B	PUCMG	Presente estudo
193	RD39	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-18.95	-42.36	C008	Leste B	PUCMG	Presente estudo
194	CZNC885_2	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	C082	Leste B	CEUNES	Presente estudo
195	LGC4103	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	C082	Leste B	PUCMG	Presente estudo
196	MBML9667_5	*Trichomycterus pradensis*	Jucu	-20.35	-40.98	C082	Leste B	Coletado	Presente estudo
197	MBML6873_4	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	C087	Leste B	Coletado	Presente estudo
198	MBML6889_1	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	C088	Leste B	Coletado	Presente estudo
199	MBML6889_2	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	C089	Leste B	Coletado	Presente estudo
200	MBML7221_1	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	C090	Leste B	Coletado	Presente estudo
201	MBML7221_5	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	C090	Leste B	Coletado	Presente estudo
202	MBML7745_2	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	C090	Leste B	Coletado	Presente estudo
203	CT463	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.54	-42.95	C091	Leste B	UFV	Presente estudo
204	CZNC885_5	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	C091	Leste B	CEUNES	Presente estudo
205	LGC4100	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	C091	Leste B	PUCMG	Presente estudo
206	MBML7221_4	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	C091	Leste B	Coletado	Presente estudo
207	MBML7488_1	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	C092	Leste B	Coletado	Presente estudo
208	MBML7500_2	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	C093	Leste B	Coletado	Presente estudo
209	MBML7500_3	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	C094	Leste B	Coletado	Presente estudo
210	MBML7500_4	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	C095	Leste B	Coletado	Presente estudo
211	MBML7503	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.73	-40.43	C096	Leste B	Coletado	Presente estudo
212	MBML7512_2	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	C097	Leste B	Coletado	Presente estudo
213	MBML7512_3	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	C098	Leste B	Coletado	Presente estudo
214	MBML7512_4	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	C099	Leste B	Coletado	Presente estudo
215	MBML7517_2	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.83	-40.14	C100	Leste B	Coletado	Presente estudo
216	MBML7745_1	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	C107	Leste B	Coletado	Presente estudo
217	CT464	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.54	-42.95	C108	Leste B	UFV	Presente estudo
218	CZNC721_1	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	C108	Leste B	CEUNES	Presente estudo
219	RD40	*Trichomycterus*	Doce	-18.95	-42.36	C108	Leste B	PUCMG	Presente estudo

		pradensis							
220	CZNC721_3	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	C109	Leste B	CEUNES	Presente estudo
221	CZNC885_1	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	C109	Leste B	CEUNES	Presente estudo
222	CZNC721_4	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	C110	Leste B	CEUNES	Presente estudo
223	CZNC845_1	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.18	-41.24	C112	Leste B	CEUNES	Presente estudo
224	CZNC885_3	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	C113	Leste B	CEUNES	Presente estudo
225	CZNC885_4	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	C114	Leste B	CEUNES	Presente estudo
226	LGC3025	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.02	-42.12	C116	Leste B	PUCMG	Presente estudo
227	LM4666	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.46	-40.91	C116	Leste B	MNRJ	Presente estudo
228	RD84	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-18.99	-42.31	C116	Leste B	PUCMG	Presente estudo
229	RD94	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.05	-43.39	C116	Leste B	PUCMG	Presente estudo
230	LGC4102	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	C117	Leste B	PUCMG	Presente estudo
231	RD81	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-18.99	-42.31	C124	Leste B	PUCMG	Presente estudo
232	SMQL07	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-20.18	-41.07	C128	Leste B	SMQL	SMQL
233	J11_1	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C134	Leste C	PUCMG	Presente estudo
234	J11_3	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C135	Leste C	PUCMG	Presente estudo
235	LGC1625	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.53	-43.04	C153	Leste C	PUCMG	Presente estudo
236	J100	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	C132	Leste D	PUCMG	Presente estudo
237	J11_2	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C132	Leste D	PUCMG	Presente estudo
238	J11_5	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C132	Leste D	PUCMG	Presente estudo
239	J11_4	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C136	Leste D	PUCMG	Presente estudo
240	J12_1	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	C137	Leste D	PUCMG	Presente estudo
241	J12_2	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	C138	Leste D	PUCMG	Presente estudo
242	J12_4	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	C139	Leste D	PUCMG	Presente estudo
243	J60	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	C140	Leste D	PUCMG	Presente estudo
244	J64	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	C141	Leste D	PUCMG	Presente estudo
245	J90_1	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	C142	Leste D	PUCMG	Presente estudo
246	J90_3	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	C143	Leste D	PUCMG	Presente estudo
247	J97_1	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	C144	Leste D	PUCMG	Presente estudo
248	J97_2	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	C145	Leste D	PUCMG	Presente estudo
249	J97_3	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	C146	Leste D	PUCMG	Presente estudo
250	J99_2	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	C147	Leste D	PUCMG	Presente estudo
251	LGC1609	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.34	-43.15	C150	Leste D	PUCMG	Presente estudo
252	LGC1620	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.52	-43.03	C151	Leste D	PUCMG	Presente estudo
253	LGC1624	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.53	-43.04	C152	Leste D	PUCMG	Presente estudo
254	MCP44932	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.99	-42.74	C156	Leste D	PUCRS	Presente estudo
255	AB1C4_1	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	C161	Leste D	UESB	Presente estudo
256	AB1C4_4	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	C162	Leste D	UESB	Presente estudo
257	BR2C4_1	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	C163	Leste D	UESB	Presente estudo
258	BR2C4_2	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	C164	Leste D	UESB	Presente estudo
259	BR2C4_3	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	C165	Leste D	UESB	Presente estudo
260	BR2C4_5	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	C166	Leste D	UESB	Presente estudo
261	GG4C4_1	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	C167	Leste D	UESB	Presente estudo

262	GG4C4_3	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	C169	Leste D	UESB	Presente estudo
263	GG4C4_5	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	C169	Leste D	UESB	Presente estudo
264	MBML6822_4	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19.83	-40.56	C004	Leste E	MBML	Presente estudo
265	MBML6825	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19.83	-40.55	C004	Leste E	MBML	Presente estudo
266	MBML8511	*Trichomycterus sp.*	Piraquê-Açu	-19.95	-40.55	C004	Leste E	Coletado	Presente estudo
267	LGC3023	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	C115	Leste E	PUCMG	Presente estudo
268	RD150	*Trichomycterus sp.n. espinhaço*	Doce	-19.01	-43.37	C119	Leste E	PUCMG	Presente estudo
269	RD171	*Trichomycterus sp.n. espinhaço*	Doce	-18.91	-43.46	C121	Leste E	PUCMG	Presente estudo
270	MBML8332	*Trichomycterus brunoi*	Itabapoana	-20.43	-41.86	C016	Leste F	Coletado	Presente estudo
271	MBML8184_4	*Trichomycterus brunoi*	Itabapoana	-20.43	-41.86	C027	Leste F	Coletado	Presente estudo
272	CT756	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.25	-43.57	C127	Leste F	UFV	Presente estudo
273	CT767	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.25	-43.57	C127	Leste F	UFV	Presente estudo
274	CT768	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.25	-43.57	C127	Leste F	UFV	Presente estudo
275	CT769	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.25	-43.57	C127	Leste F	UFV	Presente estudo
276	CT770	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.25	-43.57	C127	Leste F	UFV	Presente estudo
277	LGC1538	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.42	-43.6	C148	Leste F	PUCMG	Presente estudo
278	LGC1604	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.2	-43.12	C149	Leste F	PUCMG	Presente estudo
279	LM1863	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	C154	Leste F	MNRJ	Presente estudo
280	LM4647	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.32	-46.37	C170	Leste F	MNRJ	Presente estudo
281	LM1878	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.46	-42.29	C017	Leste G	MNRJ	Presente estudo
282	MBML8139	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.98	-41.65	C019	Leste G	Coletado	Presente estudo
283	MBML8172_1	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	C023	Leste G	Coletado	Presente estudo
284	MBML8172_2	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	C023	Leste G	Coletado	Presente estudo
285	MBML8172_3	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	C023	Leste G	Coletado	Presente estudo
286	MBML8172_4	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	C024	Leste G	Coletado	Presente estudo
287	MBML8199_1	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.4	-41.56	C032	Leste G	Coletado	Presente estudo
288	MBML8219_2	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	C038	Leste G	Coletado	Presente estudo
289	LM1869	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.68	-41.83	C044	Leste G	MNRJ	Presente estudo
290	LM4653	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	C047	Leste G	MNRJ	Presente estudo
291	MBML6943_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.4	-40.76	C070	Leste G	Coletado	Presente estudo
292	MBML6943_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.4	-40.76	C071	Leste G	MBML	Presente estudo
293	MBML9634_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C071	Leste G	Coletado	Presente estudo
294	MBML9662_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C071	Leste G	Coletado	Presente estudo
295	MBML9662_4	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C071	Leste G	Coletado	Presente estudo
296	MBML6943_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.4	-40.76	C072	Leste G	MBML	Presente estudo
297	MBML8405	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.44	-41.02	C074	Leste G	Coletado	Presente estudo
298	MBML9662_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C074	Leste G	Coletado	Presente estudo
299	MBML9667_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.35	-40.98	C074	Leste G	Coletado	Presente estudo
300	MBML9672_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.37	-41	C074	Leste G	Coletado	Presente estudo
301	MBML9688_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.32	-41.07	C074	Leste G	Coletado	Presente estudo
302	MBML8407	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.3	-41.04	C075	Leste G	Coletado	Presente estudo
303	MBML9667_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.35	-40.98	C075	Leste G	Coletado	Presente estudo
304	MBML9667_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.35	-40.98	C075	Leste G	Coletado	Presente estudo
305	MBML8417_1	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	C076	Leste G	Coletado	Presente estudo

306	MBML8417_2	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
307	MBML8417_3	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
308	MBML8417_4	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
309	MBML8417_5	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
310	MBML8423_2	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
311	MBML8423_3	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	C077	Leste G	Coletado	Presente estudo
312	MBML8423_4	*Trichomycterus sp.*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	C078	Leste G	Coletado	Presente estudo
313	MBML9662_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C078	Leste G	Coletado	Presente estudo
314	MBML9680	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.31	-40.9	C078	Leste G	Coletado	Presente estudo
315	MBML9634_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
316	MBML9640_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.19	-40.82	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
317	MBML9640_2	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.19	-40.82	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
318	MBML9649	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.23	-40.82	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
319	MBML9662_5	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
320	MBML9667_4	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.35	-40.98	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
321	MBML9688_1	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.32	-41.07	C080	Leste G	Coletado	Presente estudo
322	MBML9634_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.28	-40.88	C081	Leste G	Coletado	Presente estudo
323	MBML9688_3	*Trichomycterus sp.*	Jucu	-20.32	-41.07	C084	Leste G	Coletado	Presente estudo
324	KM043844	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul			C157	Leste G	NCBI	Lima et al. (2016)
325	KM043846	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul			C157	Leste G	NCBI	Lima et al. (2016)
326	KM043845	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul			C158	Leste G	NCBI	Lima et al. (2016)
327	KM043842	*Trichomycterus sp.*	São João			C159	Leste G	NCBI	Lima et al. (2016)
328	KM043843	*Trichomycterus sp.*	São João			C160	Leste G	NCBI	Lima et al. (2016)
329	KM043840	*Trichomycterus caipora*	Paraíba do Sul			C050	Leste H	NCBI	Lima et al. (2016)
330	KM043841	*Trichomycterus caipora*	Paraíba do Sul			C050	Leste H	NCBI	Lima et al. (2016)
331	LM4649	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.46	-44.53	C155	Leste I	MNRJ	Presente estudo
332	HM245425	*Listrura nematopteryx*	Paraná			C316	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
333	HM245422	*Listrura picinguabae*	Paraná			C317	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
334	HM245423	*Listrura picinguabae*	Paraná			C317	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
335	HM245424	*Listrura picinguabae*	Paraná			C317	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
336	HM245418	*Listrura sp.*	Paraná			C318	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
337	HM245419	*Listrura sp.*	Paraná			C318	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
338	HM245420	*Listrura sp.*	Paraná			C318	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
339	HM245421	*Listrura sp.*	Paraná			C318	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
340	JN830893	*Listrura sp. Sao Joao*	Paraná	-22.92	-44.32	C319	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
341	JN830894	*Listrura sp. Sao Joao*	Paraná	-22.92	-44.32	C319	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
342	JN830895	*Listrura sp. Sao Joao*	Paraná	-22.92	-44.32	C319	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
343	JN830896	*Listrura sp. Sao Joao*	Paraná	-22.92	-44.32	C319	Listrura Q	NCBI	Villa-Verde et al. (2012)
344	DQ486760	*Trichomycterus guianense*	Potaro, Guiana	5.34	-59.01	C054	Norte P	NCBI	Hardman et al. (2006)

345	FJ772116	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C198	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
346	FJ772117	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C199	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
347	FJ772118	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C200	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
348	FJ772119	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C201	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
349	FJ772120	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C202	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
350	FJ772121	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C203	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
351	FJ772122	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C204	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
352	FJ772123	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C205	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
353	FJ772124	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C206	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
354	FJ772125	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C207	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
355	FJ772126	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C208	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
356	FJ772127	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C209	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
357	FJ772128	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C210	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
358	FJ772129	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C211	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
359	FJ772130	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C212	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
360	FJ772131	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C213	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
361	FJ772132	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C214	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
362	FJ772133	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C215	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
363	FJ772134	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C216	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
364	FJ772135	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C217	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
365	FJ772136	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C218	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
366	FJ772137	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C219	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
367	FJ772138	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C220	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
368	FJ772139	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C221	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
369	FJ772140	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C222	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
370	FJ772141	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C223	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
371	FJ772142	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C224	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
372	FJ772143	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C225	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
373	FJ772144	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C226	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
374	FJ772145	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C227	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
375	FJ772146	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C228	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
376	FJ772147	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C229	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
377	FJ772148	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C230	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
378	FJ772149	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C231	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)

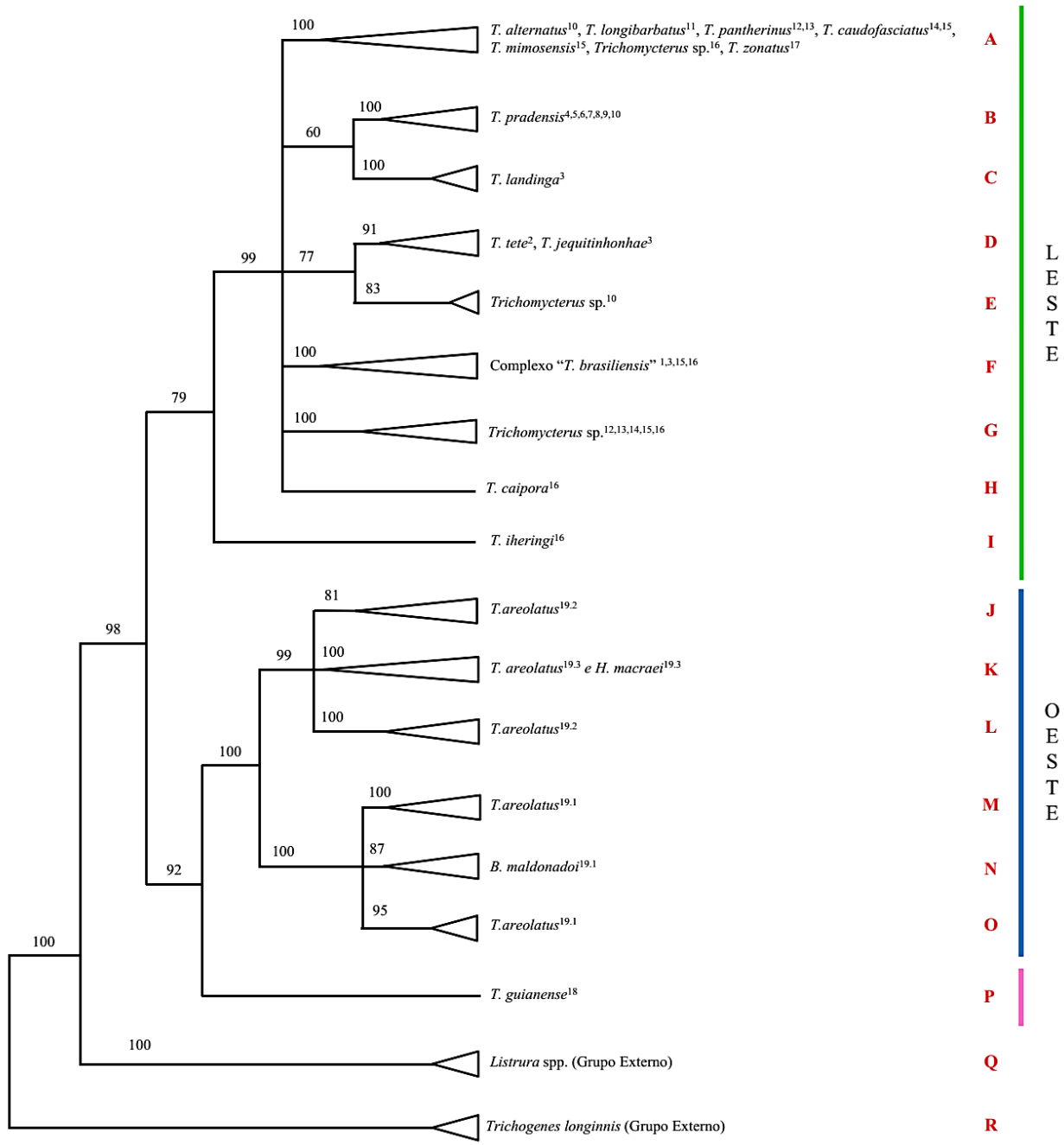
379	FJ772150	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C232	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
380	FJ772151	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C233	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
381	FJ772152	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C234	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
382	FJ772153	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C235	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
383	FJ772154	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C236	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
384	FJ772155	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C237	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
385	FJ772156	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C238	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
386	FJ772157	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C239	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
387	FJ772158	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C240	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
388	FJ772159	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C241	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
389	FJ772160	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C242	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
390	FJ772174	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C242	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
391	FJ772161	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C243	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
392	FJ772162	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C244	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
393	FJ772163	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C245	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
394	FJ772164	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C246	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
395	FJ772165	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C247	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
396	FJ772166	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C248	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
397	FJ772167	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C249	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
398	FJ772170	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C252	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
399	FJ772172	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C254	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
400	FJ772178	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C254	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
401	FJ772173	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C255	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
402	FJ772175	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C256	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
403	FJ772177	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C258	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
404	FJ772179	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C259	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
405	FJ772180	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C260	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
406	FJ772181	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C261	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
407	FJ772182	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C262	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
408	FJ772183	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C263	Oeste J	NCBI	Unmack et al. (2009)
409	FJ772196	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C275	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
410	FJ772197	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C276	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
411	FJ772198	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C277	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
412	FJ772199	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C278	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)

413	FJ772200	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C279	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
414	FJ772201	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C280	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
415	FJ772202	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C281	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
416	FJ772203	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C282	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
417	FJ772204	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C283	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
418	FJ772205	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C284	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
419	FJ772206	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C285	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
420	FJ772207	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C286	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
421	FJ772208	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C287	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
422	FJ772210	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C287	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
423	FJ772209	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C288	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
424	FJ772211	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C289	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
425	FJ772212	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C290	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
426	FJ772213	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C291	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
427	FJ772214	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C292	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
428	FJ772215	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C293	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
429	FJ772216	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C306	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
430	FJ772217	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C307	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
431	FJ772218	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C308	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
432	FJ772219	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C309	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
433	FJ772220	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C310	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
434	FJ772221	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C311	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
435	FJ772222	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C312	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
436	FJ772223	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C313	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
437	FJ772224	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C314	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
438	FJ772225	*Hatcheria macraei*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C315	Oeste K	NCBI	Unmack et al. (2009)
439	FJ772168	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C250	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
440	FJ772169	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C251	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
441	FJ772171	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C253	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
442	FJ772176	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C257	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
443	FJ772194	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C257	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
444	FJ772184	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C264	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
445	FJ772185	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C265	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
446	FJ772186	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C266	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)

447	FJ772187	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C267	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
448	FJ772188	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C268	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
449	FJ772189	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C269	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
450	FJ772190	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C270	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
451	FJ772191	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C271	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
452	FJ772192	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C272	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
453	FJ772193	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C273	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
454	FJ772195	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C274	Oeste L	NCBI	Unmack et al. (2009)
455	FJ772091	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C173	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
456	FJ772092	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C174	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
457	FJ772093	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C175	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
458	FJ772094	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C176	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
459	FJ772095	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C177	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
460	FJ772096	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C178	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
461	FJ772097	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C179	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
462	FJ772098	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C180	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
463	FJ772099	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C181	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
464	FJ772100	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C182	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
465	FJ772101	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C183	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
466	FJ772102	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C184	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
467	FJ772103	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C185	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
468	FJ772104	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C186	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
469	FJ772105	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C187	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
470	FJ772106	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C188	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
471	FJ772107	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C189	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
472	FJ772108	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C190	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
473	FJ772109	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C191	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
474	FJ772110	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C192	Oeste M	NCBI	Unmack et al. (2009)
475	FJ772226	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C294	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
476	FJ772227	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C295	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
477	FJ772228	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C296	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
478	FJ772229	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C297	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
479	FJ772230	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C298	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
480	FJ772231	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C299	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)

481	FJ772232	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C300	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
482	FJ772233	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C301	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
483	FJ772234	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C302	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
484	FJ772235	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C303	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
485	FJ772236	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C304	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
486	FJ772237	*Bullockia maldonadoi*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C305	Oeste N	NCBI	Unmack et al. (2009)
487	FJ772111	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C193	Oeste O	NCBI	Unmack et al. (2009)
488	FJ772112	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C194	Oeste O	NCBI	Unmack et al. (2009)
489	FJ772113	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C195	Oeste O	NCBI	Unmack et al. (2009)
490	FJ772114	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C196	Oeste O	NCBI	Unmack et al. (2009)
491	FJ772115	*Trichomycterus areolatus*	Chile - transandina	-37.83	-73.14	C197	Oeste O	NCBI	Unmack et al. (2009)
492	KM043828	*Trichogenes longipinnis*	Parati-Mirim	-23.33	-44.73	C320	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
493	KM043829	*Trichogenes longipinnis*	Parati-Mirim	-23.33	-44.73	C320	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
494	KM043831	*Trichogenes longipinnis*	Parati-Mirim	-23.34	-44.75	C320	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
495	KM043830	*Trichogenes longipinnis*	Parati-Mirim	-23.34	-44.75	C321	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
496	KM043832	*Trichogenes longipinnis*	Camburi	-23.35	-44.76	C322	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
497	KM043833	*Trichogenes longipinnis*	Camburi	-23.35	-44.76	C323	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
498	KM043836	*Trichogenes longipinnis*	Camburi	-23.36	-44.77	C323	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
499	KM043837	*Trichogenes longipinnis*	Camburi	-23.36	-44.77	C323	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
500	KM043834	*Trichogenes longipinnis*	Cachoeira do Amor	-23.35	-44.76	C324	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
501	KM043835	*Trichogenes longipinnis*	Camburi	-23.35	-44.76	C326	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
502	KM043838	*Trichogenes longipinnis*	Cachoeira do Amor	-23.36	-44.78	C326	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)
503	KM043839	*Trichogenes longipinnis*	Cachoeira do Amor	-23.36	-44.78	C326	Trichogenes longipinnis R	NCBI	Lima et al. (2016)

Suplementar 2



S2. Relação filogenética das linhagens de *Trichomycterus* baseada em caracteres moleculares referentes a 456 sequências e 289 haplótipos com 999bp do gene mitocondrial cit-b, além de 12 haplótipos de *Bullockia maldonadoi* e 10 de *Hatcheria macraei*. Como grupos externos foram incluídos quatro haplótipos de *Listrura* spp. e 12 de *Trichogenes longipinnis*. Valor de cada ramo corresponde ao índice de bootstrap da Máxima Verossimilhança. Informações como relação das amostras e o haplótipo que fazem referência, além do clado correspondente e sua respectiva localidade, estão detalhadas no **S1**. Letras em vermelho fazem correspondência à abreviação dos clados conforme consta na **S3**. *Em sobrescrito, os nomes das respectivas bacias*: [1]São Francisco. [2]Rio de Contas. [3]Jequitinhonha. [4]Buranhém. [5]Jucuruçu. [6]Mucuri. [7]Itaúnas. [8]São Mateus. [9]Barra Seca. [10]Doce. [11]Piraquê-Açu. [12]Santa Maria da Vitória. [13]Jucu. [14]Itapemirim. [15]Itabapoana. [16]Paraíba do Sul. [17]Ribeira do Iguape. [18]Potaro, Guiana. [19]Bacias transandinas chilenas.

Suplementar 3

S3. Percentual de distância genética par a par entre os clados de Trichomycterinae do leste (A a I),oeste (J a O) e norte *T. guianense* (P), além dos grupos externos a Trichomycterinae (*Listrura* spp. Q e *Trichogenes longipinnis* R). Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância genética entre os respectivos clados. Valores acima da diagonal em itálico fazem referência ao erro padrão correspondente aos índices de distância. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada clado (A a R, conforme referência da Fig.2). *Legenda:* n.a. não se aplica (referente à clados com apenas um haplótipo). **Clado Leste:** A: *T. alternatus, T. longibarbatus, T. pantherinus, T. caudofasciatus, T. mimosensis, T. zonatus* (Doce ao Ribeira do Iguape). B: *T. pradensis* (Buranhém ao Doce). C: *Trichomycterus* sp. (Jequitinhonha). D: *T. tete, T. jequitinhonhae, T landinga* (Rio de Contas ao Jequitinhonha). F: *Trichomycterus* sp. (Santa Maria da Vitória ao Paraíba do Sul). G: Complexo "*brasiliensis*" (Itabapoana e São Francisco). H: *T. caipora* (Paraíba do Sul). I: *Trichomycterus* sp. (Paraíba do Sul). **Clado Oeste:** J: *T. areolatus* (sul do Chile transandino). K: *T. areolatus* e *H. macraei* (extremo sul do Chile transandino). L: *T. areolatus* (sul do Chile transandino). M: *T. areolatus* (porção central do Chile transandino). N: *B. maldonadoi* (porção central do Chile transandino). O: *T. areolatus* (porção central do Chile transandino). **Clado Norte:** P: *T. guianense* (Potaro, Guiana). **Grupos externos:** Q: *Listrura* spp. R: *Trichogenes longipinnis*:

%dist	**A**	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**	**J**	**K**	**L**	**M**	**N**	**O**	**P**	**Q**	**R**
A	**0.032**	*0.008*	*0.009*	*0.008*	*0.006*	*0.009*	*0.010*	*0.009*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.013*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.014*	*0.014*	*0.016*
B	0.089	**0.014**	*0.008*	*0.008*	*0.007*	*0.009*	*0.009*	*0.009*	*0.012*	*0.012*	*0.011*	*0.011*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.013*	*0.014*	*0.014*
C	0.078	0.070	**0.003**	*0.008*	*0.007*	*0.010*	*0.009*	*0.010*	*0.013*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.014*	*0.014*	*0.015*
D	0.079	0.082	0.070	**0.027**	*0.005*	*0.009*	*0.009*	*0.010*	*0.011*	*0.011*	*0.011*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.013*	*0.014*	*0.013*
E	0.070	0.083	0.068	0.051	**0.041**	*0.009*	*0.008*	*0.009*	*0.010*	*0.011*	*0.010*	*0.010*	*0.012*	*0.011*	*0.010*	*0.014*	*0.014*	*0.014*
F	0.098	0.094	0.083	0.093	0.090	**0.024**	*0.008*	*0.008*	*0.012*	*0.010*	*0.011*	*0.011*	*0.012*	*0.011*	*0.011*	*0.013*	*0.013*	*0.014*
G	0.104	0.099	0.091	0.091	0.092	0.092	**0.039**	*0.009*	*0.012*	*0.011*	*0.012*	*0.011*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.014*	*0.014*	*0.013*
H	0.096	0.094	0.080	0.084	0.084	0.082	0.095	**n.a.**	*0.012*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.012*	*0.012*	*0.015*	*0.014*	*0.016*
I	0.126	0.129	0.122	0.116	0.120	0.119	0.129	0.107	**n.a.**	*0.011*	*0.012*	*0.012*	*0.013*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.016*	*0.017*
J	0.155	0.150	0.150	0.140	0.143	0.141	0.153	0.150	0.141	**0.015**	*0.004*	*0.004*	*0.006*	*0.007*	*0.006*	*0.011*	*0.013*	*0.016*
K	0.151	0.148	0.148	0.138	0.139	0.142	0.150	0.150	0.138	0.034	**0.009**	*0.005*	*0.008*	*0.007*	*0.007*	*0.011*	*0.013*	*0.016*
L	0.151	0.144	0.140	0.138	0.140	0.140	0.145	0.144	0.140	0.029	0.036	**0.003**	*0.007*	*0.007*	*0.007*	*0.011*	*0.013*	*0.017*
M	0.152	0.148	0.148	0.144	0.143	0.138	0.164	0.153	0.147	0.054	0.062	0.054	**0.008**	*0.006*	*0.006*	*0.011*	*0.013*	*0.016*
N	0.160	0.159	0.154	0.148	0.150	0.148	0.170	0.156	0.151	0.064	0.069	0.064	0.045	**0.023**	*0.006*	*0.011*	*0.014*	*0.016*
O	0.156	0.154	0.146	0.143	0.147	0.147	0.165	0.154	0.147	0.055	0.061	0.059	0.040	0.044	**0.015**	*0.011*	*0.013*	*0.016*
P	0.165	0.156	0.143	0.149	0.152	0.145	0.162	0.151	0.161	0.122	0.132	0.126	0.126	0.143	0.132	**n.a.**	*0.014*	*0.016*
Q	0.200	0.194	0.194	0.202	0.200	0.201	0.198	0.208	0.207	0.204	0.195	0.199	0.200	0.213	0.196	0.198	**0.046**	*0.015*
R	0.218	0.209	0.196	0.210	0.214	0.202	0.200	0.223	0.212	0.232	0.228	0.227	0.218	0.235	0.225	0.218	0.229	**0.004**

CAPÍTULO 2

DNA *BARCODING* E FILOGENIA MOLECULAR DE *TRICHOMYCTERUS* (SILURIFORMES: TRICHOMYCTERIDAE) EVIDENCIAM UM POTENCIAL NOVO GÊNERO NO LESTE DO BRASIL

A ser submetido à revista Journal of Fish Biology (FI: 1,519)

Thaís de Assis Volpi[1,3*], Luisa Maria Sarmento-Soares[2,3] & Valéria Fagundes[1,3]

[1] Laboratório de Genética Animal, UFES. Avenida Fernando Ferrari, 514 - sala 311, Campus de Goiabeiras, CEP 29.075-910, Vitória-ES, Brasil.

[2] Instituto Nacional da Mata Atlântica, Laboratório de Zoologia. Av. José Ruschi, 4, Centro, CEP 29.650-000, Santa Teresa, ES, Brasil.

[3] Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal (PPGBAN), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Campus de Goiabeiras, CEP 29.043-900, Vitória, ES, Brasil.

[*] Autor para correspondência: thaisvolpi@gmail.com

"Terra e vida evoluem juntas."

Leon Croizat

RESUMO

Trichomycterus é o mais especioso dos oito gêneros da subfamília Trichomycterinae, contando com 161 espécies nominais distribuídas por toda a região neotropical. No entanto, estudos com caracteres moleculares sugerem que o gênero estaria restrito as espécies do leste neotropical. Sendo assim, o presente estudo visou recuperar a relação filogenética das espécies desta porção a partir do sequenciamento do gene Citocromo Oxidase I de 496 indivíduos distribuídos entre o rio de Contas ao norte e Jacuí (braço leste da bacia do Paraná) ao sul. Foram recuperados 219 haplótipos com 789 pares de base cuja relação filogenética entre eles revelou a estruturação de dois clados, com divergência de 11,8% e distância intraclado de 5,7 a 5,9%. A distância mínima encontrada entre espécies-irmãs foi de 4%, enquanto os valores intraespecíficos não excederam 3,2%. Embora estruturados geograficamente, os clados demonstraram simpatria principalmente nas regiões das cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul. A estruturação filogenética, associada aos níveis de divergência, sugerem a existência de dois gêneros, sendo um referente a *Trichomycterus "stricto sensu"* composto por indivíduos da porção leste da bacia do Paraná, alto São Francisco e alto Paraíba do Sul, e um potencial novo gênero ao norte do Paraíba do Sul, predominantemente distribuído na Ecorregião Mata Atlântica Nordeste. Dentro do gênero novo, foi proposta a sinonimização de *T. caudofasciatus*, *T. gasparinni*, *T. longibarbatus*, *T. mimosensis* e *T. pantherinus* a *T. alternatus*, e *T. tete* a *T. jequitinhonhae*. Desta forma, é possível que muitas diferenças morfológicas utilizadas para descrição das espécies de *Trichomycterus* se refiram a distinções em nível populacional, e, portanto, sugerimos que se adote um cenário conservador para descrição de novas espécies, baseado na relação filogenética já conhecida de muitas delas. Com isso, será possível minimizar os atuais problemas do grupo, tais como as dificuldades de distinção das espécies.

Palavras-chave: biodiversidade, bagres cambevas, cladogênese, linhagens evolutivas.

1. INTRODUÇÃO

A subfamília Trichomycterinae (Siluriformes: Trichomycteridae) é composta por oito gêneros (De Pinna, 1998), sendo uma das mais especiosas dentro de Loricarioidea. *Trichomycterus* Valenciennes, 1832 é um gênero considerado polifilético, sendo o mais especioso e de ampla distribuição da subfamília, abrigando 161 espécies (Froese & Pauly, 2017) e distribuído desde a Costa Rica até a Patagônia (De Pinna & Wosiacki, 2003). Seu polifiletismo pode estar relacionado às dificuldades em se classificar os espécimes em nível específico baseado em dados morfológicos, pois há muitas descrições imprecisas, várias delas sem caracteres diagnósticos claros ou distintos entre as espécies, mesmo em relação a espécies de outros gêneros da subfamília (De Pinna, 1989). Neste cenário, os dados morfológicos têm sido pouco eficientes na distinção das espécies, visto a dificuldade de um reconhecimento, a priori, das unidades operacionais.

Na busca de se compreender a relação filogenética das espécies do gênero dentro da subfamília, foram realizados estudos com diferentes abordagens, tais como análise de caracteres miológicos (Datovo & Bockmann, 2010) e moleculares (Ochoa *et al.*, 2017; Capítulo 1 da presente tese). Desta forma, verificou-se que há casos em que espécies de *Trichomycterus* se agrupam com outros gêneros, incluindo *Bullockia*, *Eremophilus*, *Hatcheria* e *Scleronema*. Assim, nenhum estudo até o momento recuperou o monofiletismo do gênero e, visto que muitas espécies se agrupam com outros gêneros monofiléticos da subfamília, há necessidade de investimento em estudos que esclareçam questões hierárquicas do grupo. Apesar disso, estudos moleculares recentes têm esclarecido algumas questões sobre o gênero. Num recente estudo com dados moleculares, o Capítulo 1 da presente tese propôs que *Trichomycterus* corresponderia apenas às espécies do leste do Brasil, e que as espécies da porção norte (Guiana) e oeste neotropical (Andes Chilenos) receberiam reconhecimentos genéricos distintos. As espécies da porção leste, por sua vez, foram contempladas no estudo de Ochoa *et al.* (2017), que evidenciaram muitas incertezas sobre a identidade de *Trichomycterus*, pois recuperou dois clados distintos nesta porção, sendo um composto por espécies de *Trichomycterus* e *Scleronema* do alto São Francisco, Paraíba do Sul e braço leste do Paraná e bacias costeiras do sul, e outro por espécies de *Trichomycterus* das cabeceiras dos rios Paraná e São Francisco, além das bacias do rio Paraíba do Sul, Itabapoana, Jucuruçu e Doce, predominantemente ao norte da distribuição do gênero.

Tendo em vista as incertezas sobre a identidade de *Trichomycterus* em que não há uma proposta de hierarquização que esclareça o polifiletismo do gênero, o presente estudo pretendeu recuperar as relações hierárquicas entre espécies de *Trichomycterus* da porção leste do Brasil, com a inclusão de cálculos de índices de diversidade genética do gene Citocromo Oxidase I visando estabelecer os valores de referência para a divergência intra e interespecíficos, além da definição dos *Single Nucleotide Polymorphism (SNPs)* de forma a auxiliar na delimitação dos táxons.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Amostra

Foram realizadas coletas nas bacias dos rios Buranhém e Jucuruçu, na Bahia; nas bacias dos rios Itaúnas, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim e Itabapoana, no Espírito Santo; e na bacia do Rio Grande (braço leste da bacia do Paraná), em Minas Gerais (Apêndice 1) entre os meses de junho de 2013 e outubro de 2014, utilizando rede de arrasto do tipo picaré conforme protocolo de coleta de Uieda e Castro (1999). Dentre estas áreas amostradas, estão incluídas a localidade-tipo das espécies *T. brunoi* Barbosa & Costa, 2010 (número 376 do Apêndice 1); *T. caudofasciatus* Alencar & Costa, 2004 (números 69 a 72); *T. gasparinni* Barbosa, 2013 (números 1 a 8); *T. landinga* Trinques & Vono, 2004 (números 271 e 274); *T. mimosensis* Barbosa, 2013 (números 131 a 133); *T. pantherinus* Alencar & Costa, 2004 (números 115 a 118); *T. pradensis* Sarmento-Soares, Martins-Pinheiro, Aranda & Chamon, 2005 (números 231 e 232) e *T. tete* Barbosa & Costa, 2011 (números 280 a 284 e 290).

Os 154 animais coletados foram fixados em solução de álcool etílico a 90%, tombados na Coleção Ictiológica do Instituto Nacional da Mata Atlântica (INMA) e as informações estão disponíveis no SpeciesLink (www.splink.cria.org.br). De cada animal foi retirada uma amostra de músculo do flanco direito para estudos moleculares.

A presente amostra é formada por 496 indivíduos de *Trichomycterus* de 174 localidades (Apêndice 1) distribuídas nas bacias hidrográficas da porção leste da região neotropical e inseridas predominantemente no bioma Mata Atlântica, limitadas ao norte pelo rio de Contas, ao sul e oeste pela bacia do rio Paraná, e a noroeste pelo rio São Francisco, conforme proposta de limitação do gênero pelo Capítulo 1 da presente tese. Do total, 237 indivíduos correspondem a exemplares cujas amostras de tecido foram cedidas por pesquisadores colaboradores e 105 indivíduos correspondem àqueles cujas sequências foram obtidas da plataforma *Barcode of Life Data System* (BOLD) <http://www.boldsystems.org> (acesso em 20 de novembro de 2016).

Como grupos externos, foram utilizados 10 exemplares de *Ituglanis* e 19 de *Listrura*, ambos da família Trichomycteridae, e um de *Nematogenys inermis* da família Nematogenyidae, de sequências obtidas na plataforma do BOLD conforme supracitado (Apêndice 1).

2.2. Sequenciamento de DNA

O DNA foi obtido das amostras de tecido, segundo protocolo de Bruford *et al.* (1992) e quantificado em espectrofotômetro (NanoDrop ND-2000, Uniscience). Para a amplificação *in vitro* do gene Citocromo Oxidase I (COI) foram utilizados os primers FishF1 e FishR1 (Ward *et al.*, 2005) e perfil de PCR desenvolvido por Mehanna (2010). Os amplicons foram purificados a partir da adição de 1µL de Exosap para cada 10µL de produto PCR. Para a reação de sequenciamento, foi utilizado o

Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit, seguindo protocolo do fabricante. As sequências foram geradas no sequenciador automático ABI310 (APPLIED BIOSYSTEMS) do Núcleo de Genética Aplicada à Conservação da Biodiversidade (NGACB) da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES).

As sequências geradas foram alinhadas no programa Geneious v.7.1.3. O teste de saturação foi realizado no programa DAMBE5 (Xia, 2013) em que foi utilizado o teste de Xia *et al.* (2003). O melhor modelo de evolução molecular foi encontrado através do programa jModelTest (Darriba *et al.*, 2012). A árvore de Máxima Verossimilhança foi gerada no programa MEGA7.0.20 (Nei & Kumar, 2000; Kumar *et al.*, 2016; Felsenstein, 1985) com 1000 replicações *bootstrap*, modelo *General Time Reversible*, distribuição gama com sítios invariáveis (G+I), número de categorias discretas de gama igual a 6 e deleção completa, de acordo com os resultados gerados no jModelTest. A árvore de Inferência Bayesiana no programa Mr. Bayes 3.1. (Huelsenbeck & Ronquist, 2001). Todas as árvores foram editadas no programa FigTree v1.4. Para gerar a rede de haplótipos foi utilizado o programa *Population Analysis with Reticulate Trees* – PopART (Bandelt *et al.*, 1999).

Após definição dos clados baseados na análise filogenética, foram calculados os percentuais de distância intra e interclados no programa MEGA7.0.20 por meio do modelo Kimura 2 Parâmetros (Kimura, 1980) e estabelecidos os valores referenciais que distinguem espécies e gêneros.

A identificação das variações individuais de um único nucleotídeo na sequência dos indivíduos (*Single Nucleotide Polymorphisms* ou *SNPs*) foi verificada pela comparação entre os haplótipos identificados a fim de verificar sinapomorfias moleculares das espécies. Esta análise foi gerada no programa DNAsp ver.5.10.01 (Librado & Rojas, 2009).

2.3. Análise dos dados

Foram inventariadas as localidades-tipo das 161 espécies de *Trichomycterus*, a partir das descrições das espécies e demais bibliografias (Apêndice 2) e os pontos foram plotados em um mapa (Apêndice 3). Os mapas foram gerados em ambiente de Sistema de Informações Geográficas (SIG). Para a associação do nome da espécie a cada clado foram analisados os caracteres dos espécimes testemunho comparados com a descrição das espécies válidas. As quinze espécies com localidade-tipo na Ecorregião Mata Atlântica Nordeste *sensu* Abell *et al.* (2008) foram examinadas. Para os demais, em que não foi possível a verificação do material testemunho, foi contrastada a monofilia das espécies com base na identificação prévia dos espécimes. Nos casos em que as espécies não foram recuperadas como monofiléticas, foi verificada se a localidade de coleta do espécime coincidiu com alguma localidade-tipo das 161 espécies de *Trichomycterus*. A identificação da espécie de cada amostra, número de amostras e haplótipos, clado correspondente aos espécimes e bacias onde se distribuem se encontram no Apêndice 1.

3. RESULTADOS

A matriz com 496 sequências gerou 219 haplótipos com 789 pb, o modelo evolutivo encontrado foi GTR+I+G, sem evidências de saturação. Os dados revelaram que três indivíduos (números 497, 500 e 501 do Apêndice 1) identificados como *Trichomycterus* sp. foram agrupados no clado do gênero *Ituglanis*. Um deles é do Alto Rio Madeira, na bacia Amazônica (número 497 do Apêndice 1) e dois da bacia do Parnaíba (500 e 501). Somado ao fato de que não há registro de *Trichomycterus* na bacia do Parnaíba (De Pinna & Wosiacki, 2003), que houve similaridade genética com um indivíduo de *Ituglanis amazonicus* Rizzato & Bichuette, 2015 do rio Amazonas (números 498 do Apêndice 1), os exemplares 497, 500 e 501 foram reclassificados e integram o clado de *Ituglanis* spp.

Os exemplares de *Trichomycterus* da porção leste foi recuperado como monofilético (Figuras 1 e 2) e subdividido em dois clados (I e II) com alto suporte na análise de Máxima Verossimilhança (72-99%). Estes clados estão estruturados geograficamente, sendo o Clado I representado por indivíduos do norte da distribuição do grupo, com limite norte no Rio de Contas e limite sul no rio Paraíba do Sul, enquanto o Clado II foi representado por indivíduos da porção sul, com distribuição deste o alto rio São Francisco ao norte até o sul do braço leste da bacia do Paraná. Estes dois clados apresentam região de simpatria nas cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul. A localidade-tipo da espécie-tipo do gênero *Trichomycterus*, *T. nigricans* Valenciennes, 1832, é coincidente com a distribuição do Clado II.

A distância genética entre os Clados I e II foi de 11,8% (Tabela 1), enquanto as distâncias intraclados de 5,7 e 5,9%, respectivamente. A distância dos Clados I e II em relação ao gênero filogeneticamente próximo (*Ituglanis*) foi de 13,4 e 15,3%, respectivamente. A divergência entre gêneros do grupo externo em relação ao interno mostrou uma variação genética de 13,4 a 26,5%. Considerando que a divergência de 11,8% entre os Clados I e II é compatível com os índices encontrados entre gêneros distintos, associada à estruturação geográfica dessas linhagens, há evidências para propor a subdivisão de *Trichomycterus*, recebendo cada clado um tratamento genérico, sendo *Trichomycterus "stricto sensu"* associado ao Clado II na porção sul, enquanto que um gênero não nominado estaria associado ao Clado I na porção norte.

Ao analisar as coordenadas geográficas das 161 espécies de *Trichomycterus*, foram encontrados 26 indivíduos provenientes da plataforma BOLD cuja localidade é coincidente com a localidade-tipo das seguintes espécies (Apêndices 1 e 2): um indivíduo de *T. albinotatus* Costa, 1992 (número 96 do Apêndice 1); um de *T. guaraquessaba* Wosiacki, 2005 (número 490 do Apêndice 1); um de *T. igobi* Wosiacki & De Pinna, 2008 (número 489 do Apêndice 1); quatro de *T. iheringi* Eigenmann, 1917 (números 459 a 461 do Apêndice 1); um de *T. variegatus* Costa, 1992 (número 477 do Apêndice 1); um de *T. mariamole* Barbosa & Costa, 2010 (número 451 do Apêndice 1); dez de *T.*

nigroauratus Barbosa & Costa, 2008 (números 97 a 105 e 392 do Apêndice 1); três de *T. novalimensis* Barbosa & Costa, 2010 (números 448 a 450 do Apêndice 1); três de *T. pauciradiatus* Alencar & Costa, 2006 (números 363 a 365 do Apêndice 1); e um de *T. potschi* Barbosa & Costa, 2003 (número 379 do Apêndice 1).

Além disso, na análise da distribuição das espécies com base em sua localidade-tipo, foi verificada sobreposição entre as localidades-tipo, muitas delas sintópicas ou geograficamente próximas. Das sintópicas, encontrou-se *a) T. belensis, T. borelli, T. catamarcensis, T. minus* e *T. ramosus; b) T. mboycy* e *T. papilliferus*; c) *T. plumbeus* e *T. taroba; d) T. giganteus* e *T. mirissumba; e) T. claudiae* e *T. macrophthalmus; f) T. immaculatus* e *T. vermiculatus; g) T. steki* e *T. usiae; e h) T. maracaiboensis* e *T. motatanensis.*

Na análise de Inferência Bayesiana, todas as espécies delimitadas no presente estudo foram recuperadas com alto suporte (Figura 2). No entanto, não apresentou suporte para as relações mais antigas, não recuperando alguns clados e relação entre os gêneros.

Tabela 1. Percentual de distância genética par a par entre *Trichomycterus* (Clados I e II), *Ituglanis, Listrura* e *Nematogenys inermis* obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 496 indivíduos e 219 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado:

Clados	**Clado I**	**Clado II**	***Ituglanis***	***Listrura***	***Nematogenys***
Clado I	**0.057**	0.011	0.013	0.016	0.023
Clado II	0.118	**0.059**	0.015	0.017	0.023
Ituglanis	0.134	0.153	**0.076**	0.016	0.024
Listrura	0.189	0.201	0.184	**0.105**	0.023
Nematogenys	0.236	0.251	0.249	0.265	**0.000**

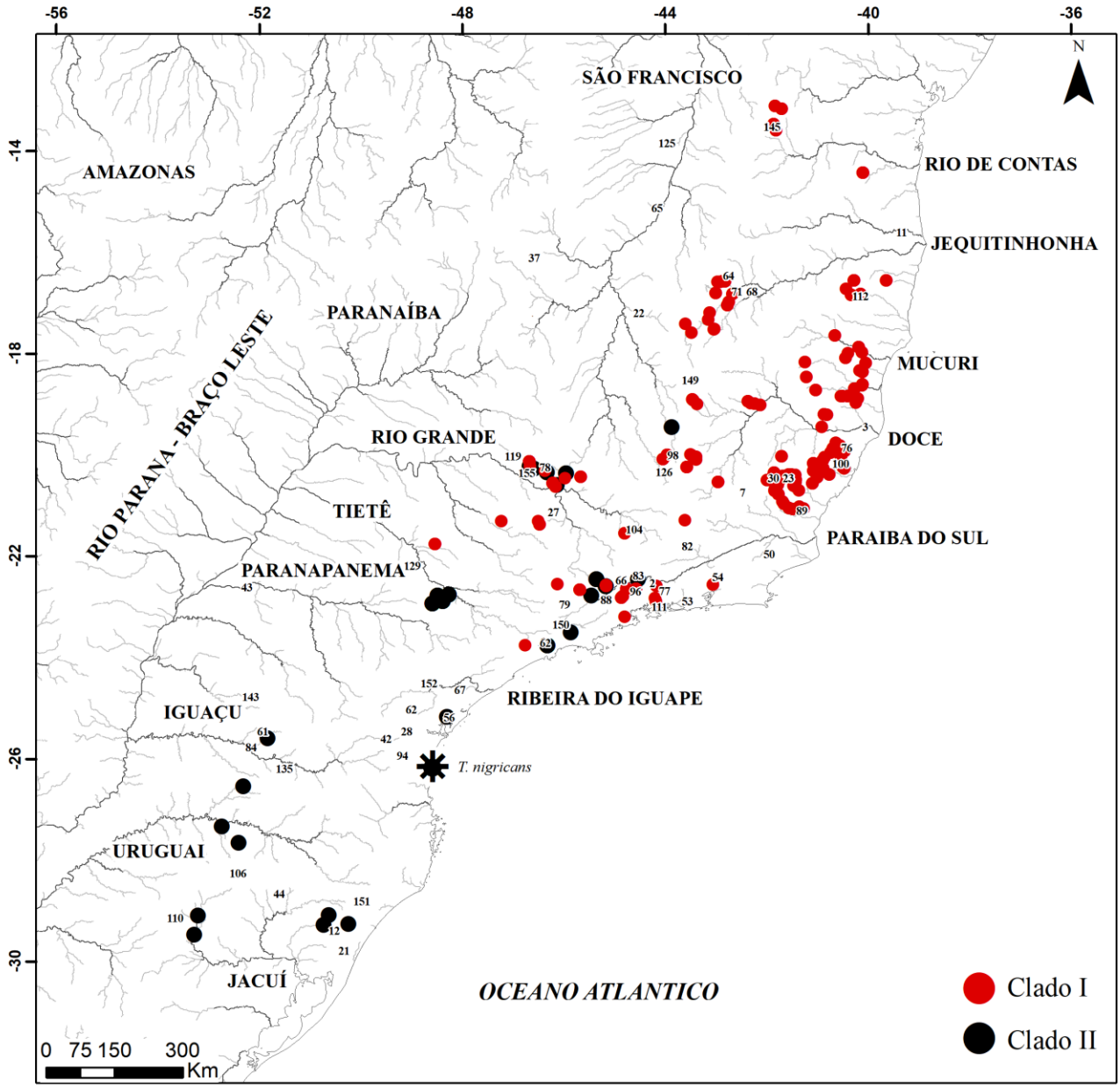


Figura 1. Mapa de distribuição dos dois clados de *Trichomycterus* recuperados a partir do gene mitocondrial COI com 789 pb representados por 496 indivíduos. O asterisco faz referência à localidade-tipo da espécie-tipo do gênero, *T. nigricans* Valenciennes, 1832. O nome das espécies correspondentes aos números do mapa se encontra no Apêndice 2.

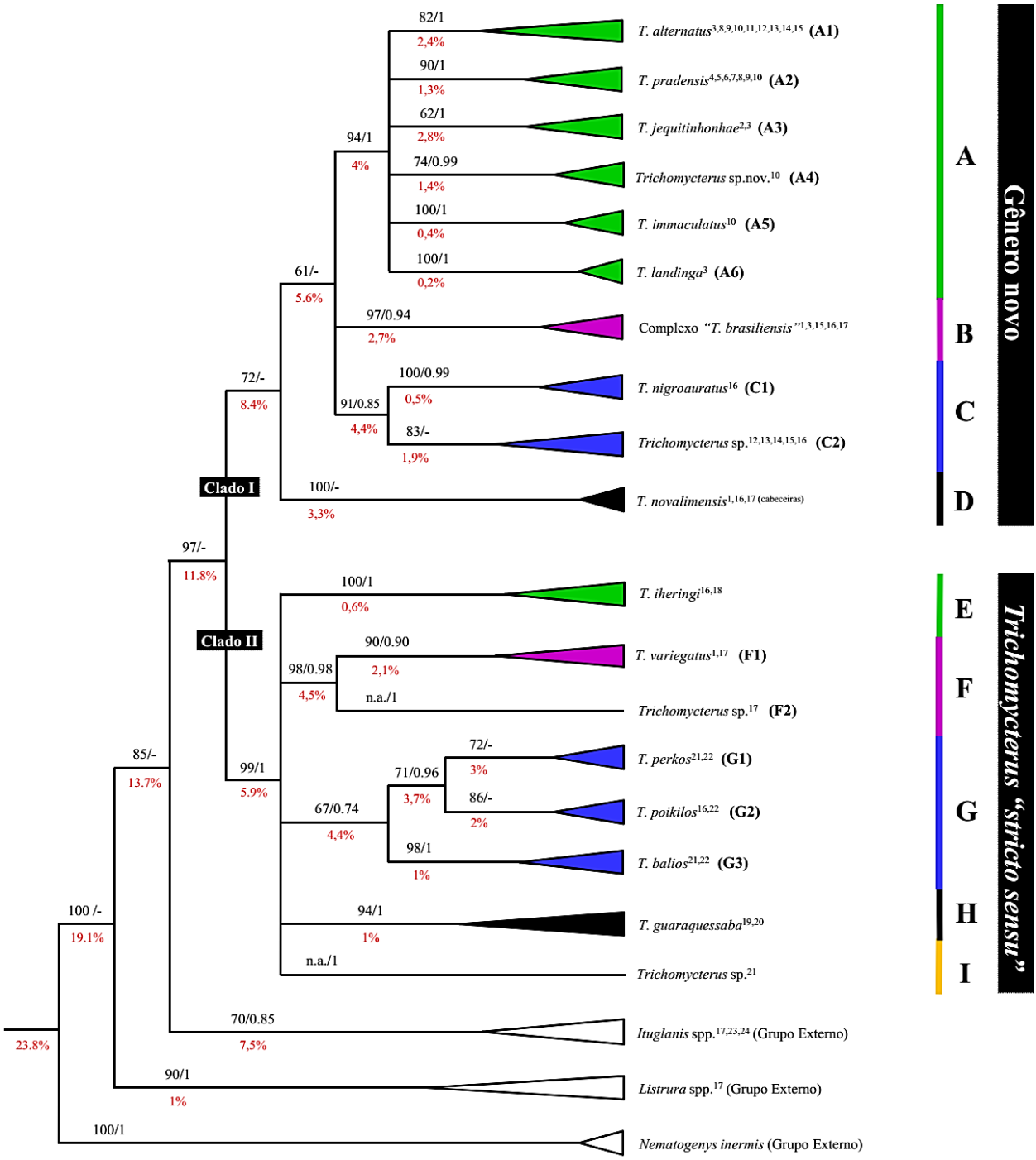


Figura 2. Relação filogenética de *Trichomycterus* do leste do Brasil referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb, além dos grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*. Topologia da árvore faz referência à análise gerada pela Máxima Verossimilhança. Valores em preto acima de cada ramo corresponde ao índice de consistência do ramo, sendo o valor de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança à esquerda; a Probabilidade Posterior da Bayesiana à direita; o traço correspondente a relação não recuperada na análise; n.a. corresponde a casos em que o valor Não se Aplica, visto que o *bootstrap* não é calculado com apenas uma OTU. Valores abaixo do ramo e em vermelho correspondem ao percentual de distância entre os clados dicotômicos referentes ao agrupamento correspondente (nos terminais ou nas relações politômicas, o valor refere-se à distância intraclado). Em sobrescrito, os números correspondem as seguintes bacias onde se encontram as respectivas OTUs: [1]São Francisco, [2]Rio de Contas, [3]Jequitinhonha, [4]Buranhém, [5]Jucuruçu, [6]Mucuri, [7]Itaúnas, [8]São Mateus, [9]Barra Seca, [10]Doce, [11]Piraquê-Açu, [12]Santa Maria da Vitória, [13]Jucu, [14]Itapemirim, [15]Itabapoana, [16]Paraíba do Sul, [17]Rio Grande (PR), [18]Tietê (PR), [19]Paranapanema (PR), [20]Iguaçu (PR), [21]Uruguai (PR), [22]Jacuí, [23]Amazonas, [24]Parnaíba. *Legenda:* (PR) representa sub-bacias da bacia do rio Paraná. Informações de cada sequência e o haplótipo ao qual faz referência, além do clado correspondente a ela, estão detalhadas no Apêndice 1.

3.1. CLADO I: POTENCIAL NOVO GÊNERO

Este clado está distribuído no norte, sendo composto por 450 indivíduos e 187 haplótipos. Encontra-se nas cabeceiras dos rios Paraná e Paraíba do Sul, no extremo sul de sua distribuição e São Francisco a oeste, além das bacias costeiras do rio Itabapoana, Itapemirim, Jucu, Santa Maria da Vitória, Piraquê-Açu, Doce, Barra Seca, São Mateus, Itaúnas, Mucuri, Jucuruçu, Buranhém, Jequitinhonha e Contas no extremo norte. É formado por quatro clados (A a D) estruturados geograficamente, cuja região de simpatria encontra-se nas porções de cabeceiras dos rios Jequitinhonha, São Francisco, Doce, Itabapoana e Paraíba do Sul (Figura 3).

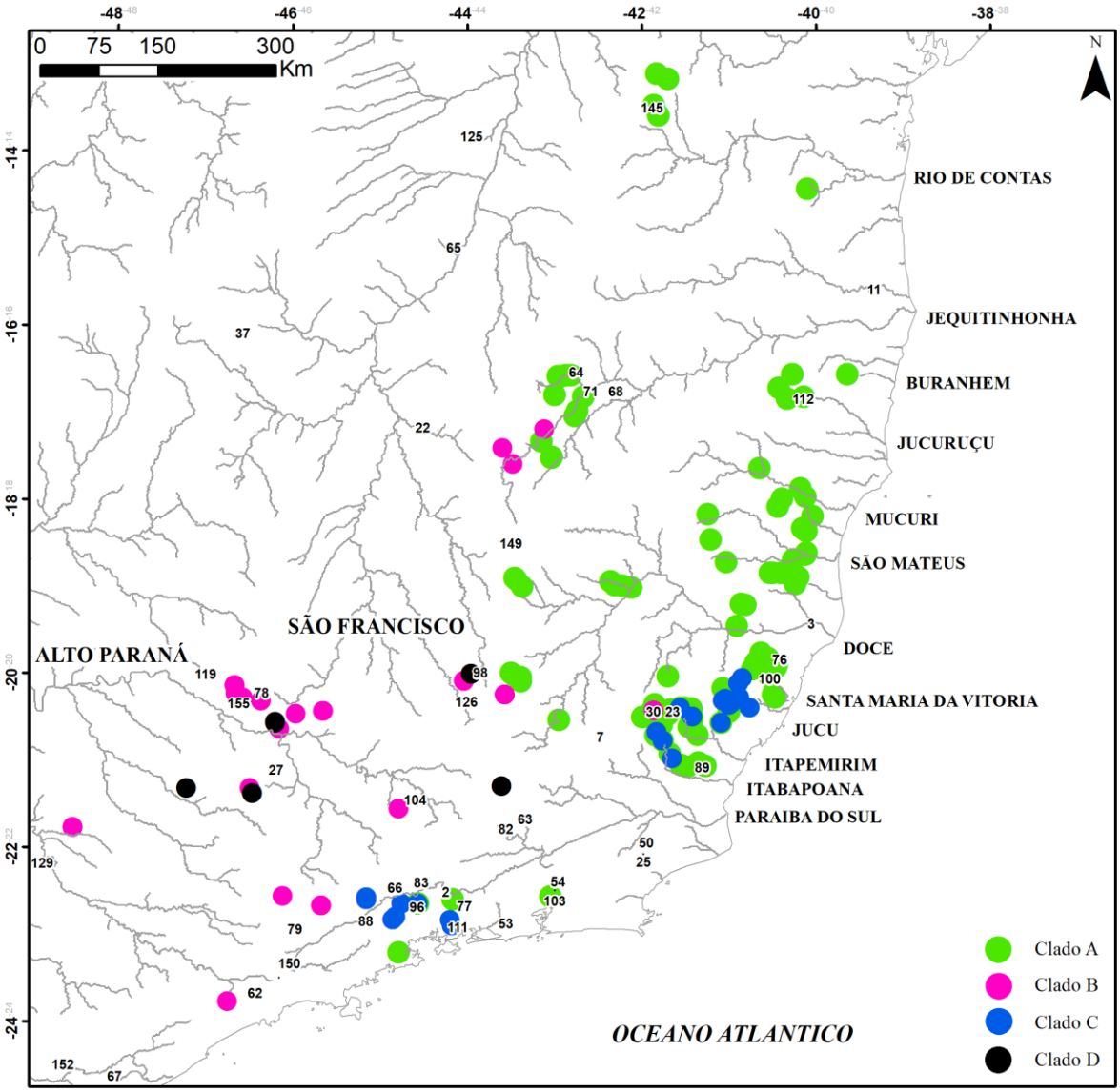


Figura 3. Mapa de distribuição dos quatro clados encontrados dentro do potencial gênero novo. Números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndice 2. Cores fazem referência aos agrupamentos monofiléticos encontrados na árvore filogenética da Figura 2.

3.1.1. Clado A

Este clado foi avaliado com base em 323 amostras e 121 haplótipos e apresentou com distância genética intraclado de 4%. Encontra-se no limite norte da distribuição das linhagens do leste, estando presente nas bacias dos rios de Contas no extremo norte, além do Jequitinhonha, Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana, tendo o rio Paraíba do Sul no limite sul de sua distribuição (Figura 4). Está subdividido em seis subclados (A1, A2, A3, A4, A5 e A6), cujas distâncias entre eles variaram de 3,3 a 5,6% (Apêndice 4).

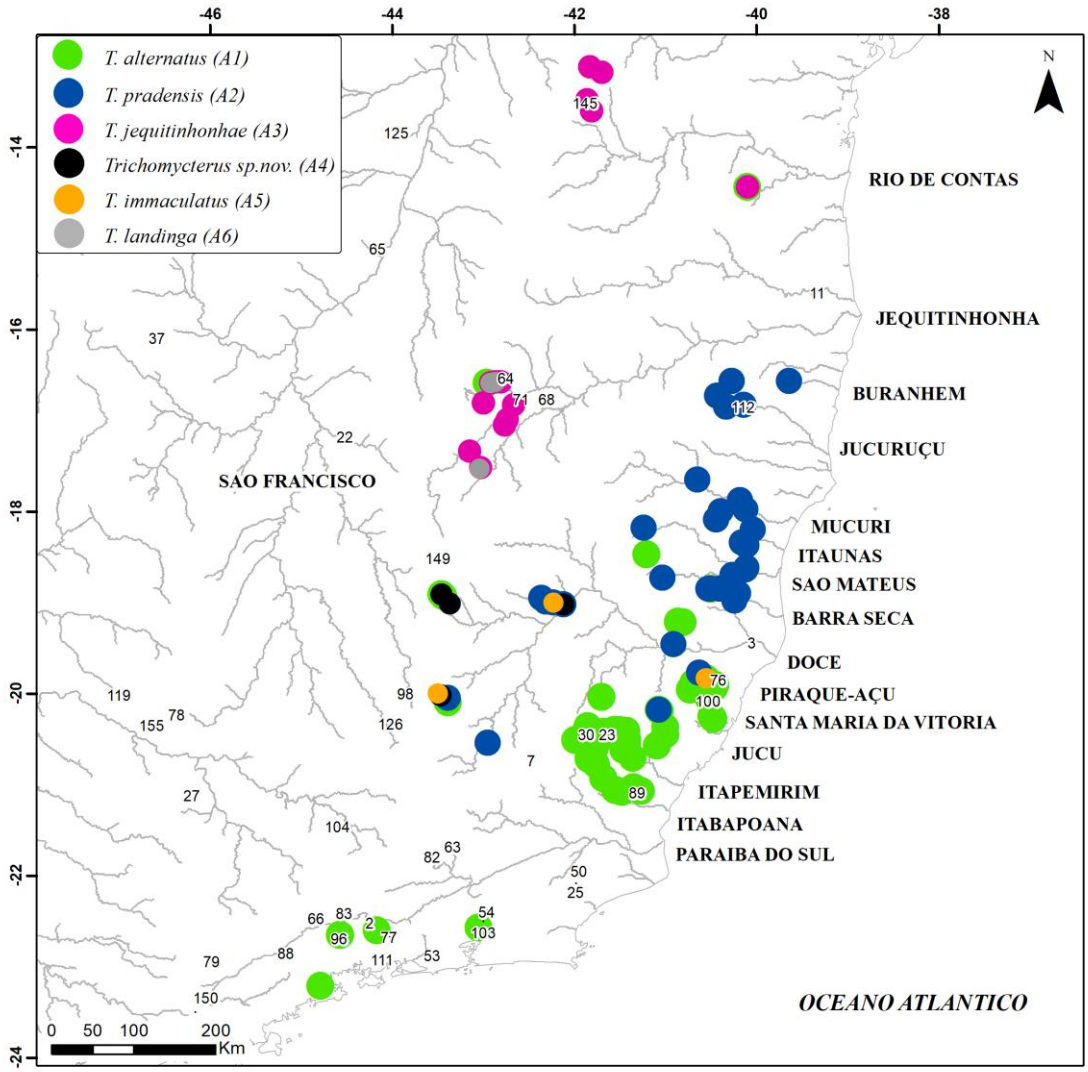


Figura 4. Mapa de distribuição das seis espécies reconhecidas dentro do Clado A composto por 323 amostras e 121 haplótipos com 789 bp. Na legenda o número entre parênteses referem-se aos subclados conforme consta na filogenia molecular (Figura 2). Números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndice 2.

3.1.1.1. Subclado A1: T. alternatus

O Subclado A1 apresenta 19 agrupamentos com politomia basal (Figura 5A), com 2,4% de distância intra e inter-ramo variando de 1,1 a 4,1% (Tabela 2), e está representado por 179 espécimes e 67 haplótipos. É formado por indivíduos distribuídos entre o Rio de Contas no limite norte e o rio Paraíba do Sul no limite sul, sendo encontrados nas bacias do rio Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim e Itabapoana, tendo poucos representantes do Paraíba do Sul, além de animais de distribuição disjunta nos rios Jequitinhonha, Barra Seca e São Mateus. Este subclado abriga indivíduos das localidades-tipo de *T. longibarbatus* Costa, 1992, *T. caudofasciatus* Alencar & Costa, 2004, *T. pantherinus* Alencar & Costa, 2004, *T. gasparinni* Barbosa, 2013, *T. mimosensis* Barbosa, 2013 e *T. alternatus* Eigenmann, 1918.

Considerando a baixa distância genética entre os 19 agrupamentos (Tabela 2); a falta de estruturação geográfica entre eles (Figura 5B); o compartilhamento de haplótipos entre indivíduos reconhecidos como espécies distintas (Apêndice 1); a presença de topótipos de cinco espécies presentes neste subclado (Apêndice 2); e o polifiletismo das espécies dentro do clado; não há suporte para apoiar a manutenção de seis ou 19 espécies nesse grupo. Considerando que dentre as espécies identificadas que integram esse clado, *T. alternatus* é a mais antiga, assume o nome do táxon. Assim, foram analisados morfológica e molecularmente os indivíduos das espécies *T. caudofasciatus*, *T. gasparinni*, *T. longibarbatus*, *T. mimosensis* e *T. pantherinus*, sugerindo a sinonímia a *T. alternatus*. Assim, o presente estudo reconhece a distribuição de *T. alternatus* para as bacias do Rio de Contas (porção baixa), Jequitinhonha, São Mateus, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana e Paraíba do Sul. As análises moleculares sugerem ocorrência sintópica com as espécies *T. jequitinhonhae* no rio Jequitinhonha, *T. pradensis* no rio Doce, *Trichomycterus* sp. (Clado C2) nos rios Jucu e Itapemirim e *T. nigroauratus* (Clado C1) no alto Paraíba do Sul.

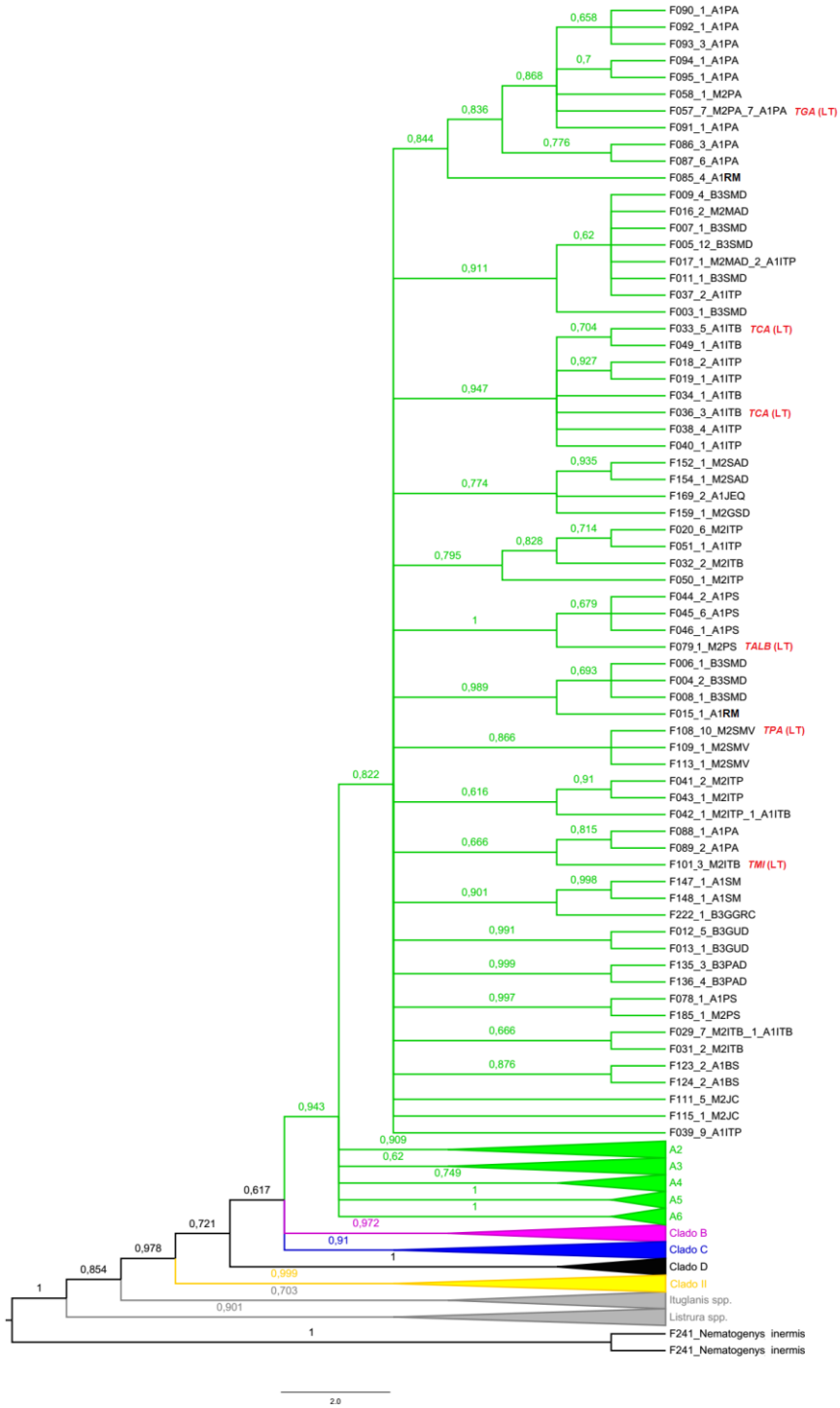


Figura 5. Relação filogenética das linhagens de *T. alternatus* Eigenmann, 1918 referente a 179 sequências e 67 haplótipos do gene COI com 789 pb obtida a partir da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. caudofasciatus* (TCA), *T. albinotatus* (TALB), *T. gasparinii* (TGA), *T. mimosensis* (TMI), *T. pantherinus* (TPA). O número que sucede a espécie refere-se a frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de BS correspondente a bacia do rio Barra Seca, GGRC a Gongogi (Rio de Contas), ITB a Itabapoana, ITP a Itapemirim, JEQ a Jequitinhonha, JC a Jucu, PA ao Piraquê-Açu, PS a Paraíba do Sul, SMV a Santa Maria da Vitória, SM a São Mateus, GS a Guanhães (Doce), MAD a Manhuaçu (Doce), SMD a Santa Maria (Doce).

Tabela 2. Percentual de distância genética par a par entre os agrupamentos de *Trichomycterus alternatus* dentro do Clado A1 obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 179 indivíduos e 67 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os agrupamentos. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada agrupamento:

%dist	A1.1	A1.2	A1.3	A1.4	A1.5	A1.6	A1.7	A1.8	A1.9	A1.10	A1.11	A1.12	A1.13	A1.14	A1.15	A1.16	A1.17	A1.18	A1.19
A1.1	**0.004**	0.007	0.007	0.007	0.006	0.008	0.006	0.006	0.005	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006
A1.2	0.025	**0.001**	0.006	0.006	0.005	0.007	0.006	0.007	0.006	0.005	0.006	0.004	0.006	0.007	0.006	0.006	0.005	0.006	0.006
A1.3	0.028	0.025	**0.005**	0.006	0.005	0.007	0.007	0.005	0.005	0.005	0.007	0.005	0.007	0.007	0.005	0.005	0.005	0.005	0.006
A1.4	0.032	0.023	0.029	**0.013**	0.005	0.007	0.007	0.005	0.005	0.006	0.005	0.005	0.006	0.008	0.006	0.006	0.006	0.005	0.006
A1.5	0.024	0.016	0.022	0.023	**0.003**	0.006	0.006	0.005	0.004	0.005	0.006	0.005	0.006	0.006	0.006	0.006	0.005	0.004	0.005
A1.6	0.037	0.034	0.033	0.031	0.030	**0.001**	0.007	0.007	0.006	0.006	0.008	0.007	0.008	0.008	0.006	0.007	0.007	0.006	0.007
A1.7	0.032	0.025	0.030	0.029	0.026	0.031	**0.004**	0.007	0.006	0.006	0.006	0.005	0.007	0.007	0.006	0.005	0.006	0.006	0.007
A1.8	0.023	0.022	0.021	0.025	0.012	0.032	0.032	**0.002**	0.004	0.006	0.006	0.006	0.006	0.007	0.005	0.006	0.005	0.004	0.006
A1.9	0.024	0.021	0.024	0.027	0.011	0.028	0.027	0.012	**0.005**	0.004	0.006	0.005	0.006	0.006	0.005	0.005	0.004	0.003	0.005
A1.10	0.028	0.022	0.020	0.028	0.017	0.025	0.023	0.023	0.019	**0.005**	0.006	0.005	0.006	0.007	0.004	0.005	0.006	0.005	0.006
A1.11	0.032	0.027	0.032	0.025	0.027	0.039	0.026	0.031	0.034	0.026	**0.010**	0.005	0.006	0.009	0.005	0.005	0.007	0.006	0.007
A1.12	0.021	0.011	0.022	0.020	0.014	0.032	0.019	0.020	0.019	0.019	0.018	**0.000**	0.005	0.007	0.006	0.004	0.005	0.005	0.006
A1.13	0.023	0.021	0.030	0.026	0.024	0.034	0.028	0.021	0.025	0.023	0.024	0.013	**0.000**	0.007	0.006	0.006	0.006	0.006	0.007
A1.14	0.027	0.029	0.038	0.041	0.027	0.041	0.040	0.032	0.031	0.032	0.041	0.028	0.028	**0.007**	0.007	0.007	0.007	0.007	0.007
A1.15	0.023	0.022	0.020	0.024	0.019	0.021	0.024	0.015	0.017	0.013	0.027	0.020	0.022	0.033	**0.006**	0.005	0.006	0.005	0.006
A1.16	0.026	0.023	0.022	0.027	0.024	0.024	0.017	0.023	0.022	0.018	0.024	0.017	0.021	0.037	0.016	**0.004**	0.006	0.006	0.006
A1.17	0.022	0.015	0.022	0.025	0.013	0.025	0.025	0.014	0.013	0.020	0.032	0.017	0.019	0.030	0.018	0.023	**n.a.**	0.004	0.006
A1.18	0.022	0.019	0.021	0.025	0.009	0.028	0.028	0.011	0.009	0.020	0.032	0.017	0.023	0.030	0.018	0.023	0.011	**n.a.**	0.005
A1.19	0.025	0.026	0.032	0.031	0.022	0.026	0.038	0.024	0.023	0.027	0.034	0.023	0.024	0.034	0.024	0.026	0.021	0.021	**n.a.**

3.1.1.2. Subclado A2: T. pradensis

O Subclado A2 correspondente a indivíduos provenientes da localidade-tipo e identificados como *T. pradensis* Sarmento-Soares, Martins-Pinheiro, Aranda & Chamon, 2005. É composto por 77 indivíduos e 28 haplótipos com distância intraclado de 1,3% (Apêndice 4), e apresenta três agrupamentos com distância entre eles variando de 0,9 a 3,4%, estruturados geograficamente por bacias (Figura 6). Além da localidade-tipo no rio Jucuruçu, os indivíduos deste clado são encontrados entre os rios Buranhém ao norte e rio Doce ao sul, presentes nas bacias dos rios Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca e braço norte do rio Doce.

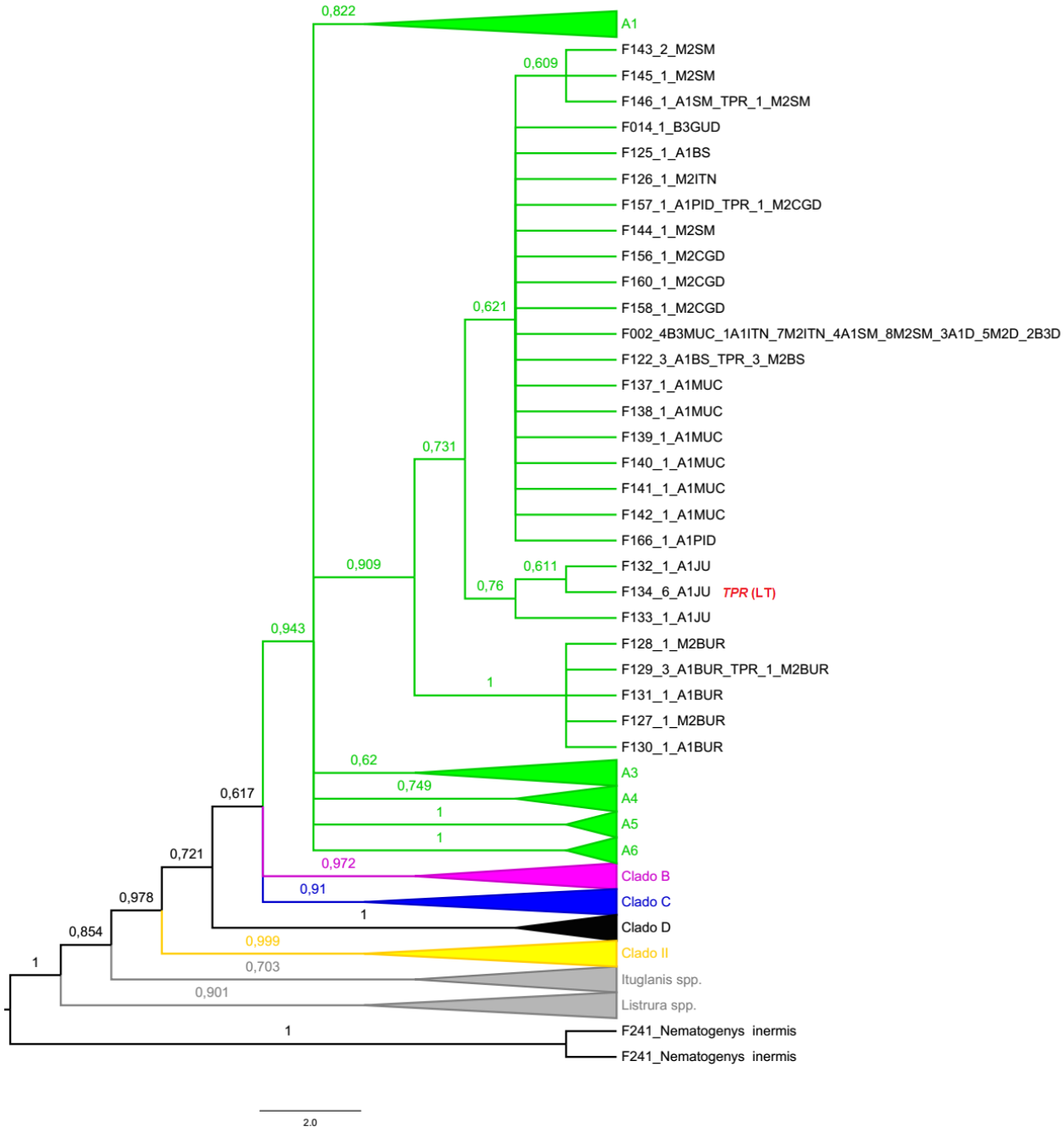


Figura 6. Relação filogenética dos indivíduos do Clado A2 correspondente a *T. pradensis* referente a 77 sequências e 28 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de *T. pradensis* (TPR). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de BS correspondente a bacia do rio Barra Seca, BUR a Buranhém, ITN a Itaúnas, JU a Jucuruçu, MUC ao Mucuri, SM a São Mateus, D ao Doce, PID a Piranga (Doce), CG a Corrente Grande (Doce), GUD a Guandu (Doce).

3.1.1.3. Subclado A3: T. jequitinhonhae

O Subclado A3 é formado por 52 indivíduos e 15 haplótipos, organizados em sete ramos (Figura 7), com distância genética intraclado de 2,8% (Apêndice 4) e interclado de 1,6 a 3,8% (Tabela 3). É composto por espécimes identificados como *T. tete* Barbosa & Costa, 2011 (Rio de Contas) e *T. jequitinhonhae* Triques & Vono, 2004 (Jequitinhonha). Encontra-se no limite norte da distribuição do Clado I, não sendo encontrado ao sul do rio Jequitinhonha. Na análise morfológica, foi verificado que estas duas espécies são muito similares. Além disso, os índices de distância genética das unidades filogenéticas dentro deste subclado são baixos, não havendo suporte para se considerar mais de uma espécie no grupo, tampouco há suporte para a criação de cinco novas espécies. Sendo assim, propõe-se a sinonímia de *T. tete* a *T. jequitinhonhae*.

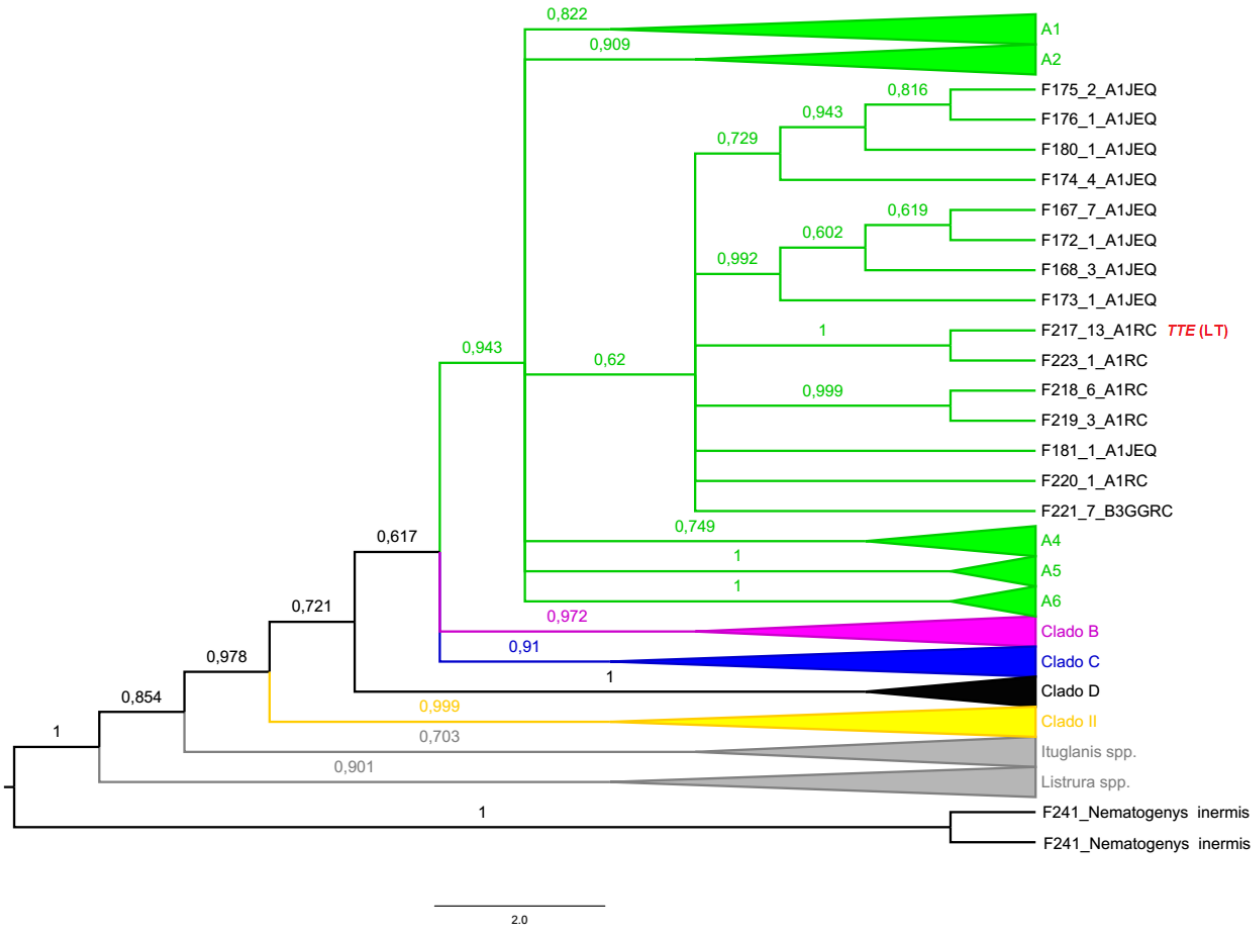


Figura 7. Relação filogenética dos indivíduos do Clado A3 correspondente a *T. landinga* referente a 52 sequências e 15 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de *T. tete* (TTE). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de RC correspondente a bacia do Rio de Contas, GGRC a Gongogi (Rio de Contas) e JEQ a Jequitinhonha.

Tabela 3. Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus landinga* dentro do Clado A3 obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 52 indivíduos e 15 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado:

%dist	A3.1	A3.2	A3.3	A3.4	A3.5	A3.6	A3.7
A3.1	**0.012**	0.007	0.007	0.007	0.006	0.007	0.007
A3.2	0.038	**0.004**	0.008	0.006	0.006	0.007	0.006
A3.3	0.038	0.034	**0.002**	0.007	0.007	0.006	0.006
A3.4	0.034	0.032	0.028	**0.002**	0.005	0.006	0.005
A3.5	0.031	0.026	0.031	0.020	**n.a.**	0.005	0.006
A3.6	0.033	0.031	0.027	0.018	0.023	**n.a.**	0.006
A3.7	0.031	0.024	0.024	0.016	0.019	0.019	**n.a.**

3.1.1.4. Subclado A4: Trichomycterus sp. nova

O Subclado A4 corresponde a uma espécie nova em processo de descrição. Este clado é composto por sete indivíduos e sete haplótipos, formando um ramo com alto suporte (74%), com diversidade genética interna de 1,3% e encontrado apenas no alto e médio rio Doce (Figura 8). Apresenta três agrupamentos com 1,3 a 2,5% de distância genética entre si. É geneticamente mais próximo de *T. landinga* e *T. jequitinhonhae*, ambas as espécies da bacia do rio Jequitinhonha, sendo estas três espécies geneticamente mais próximas dentro do Clado A.

3.1.1.5. Subclado A5: T. immaculatus

O Subclado A5 corresponde a *T. immaculatus*, com 0,4% de distância entre si, formando um ramo com alto suporte (100%), sendo composto por quatro indivíduos e dois haplótipos. Encontra-se distribuído nas porções alta, média e baixa da bacia do rio Doce (Figura 8). É geneticamente mais próximo de *T. landinga*.

3.1.1.6. Subclado A6: T. landinga

O Subclado A6 apresenta 0,2% de divergência entre si, correspondente a *T. jequitinhonhae* Triques & Vono, 2004, formando um ramo com alto suporte (100%), é constituído por quatro indivíduos e dois haplótipos, sendo endêmico da porção alta da bacia do rio Jequitinhonha (Figura 8). Apresenta ocorrência sintópica com *T. jequitinhonhae.*

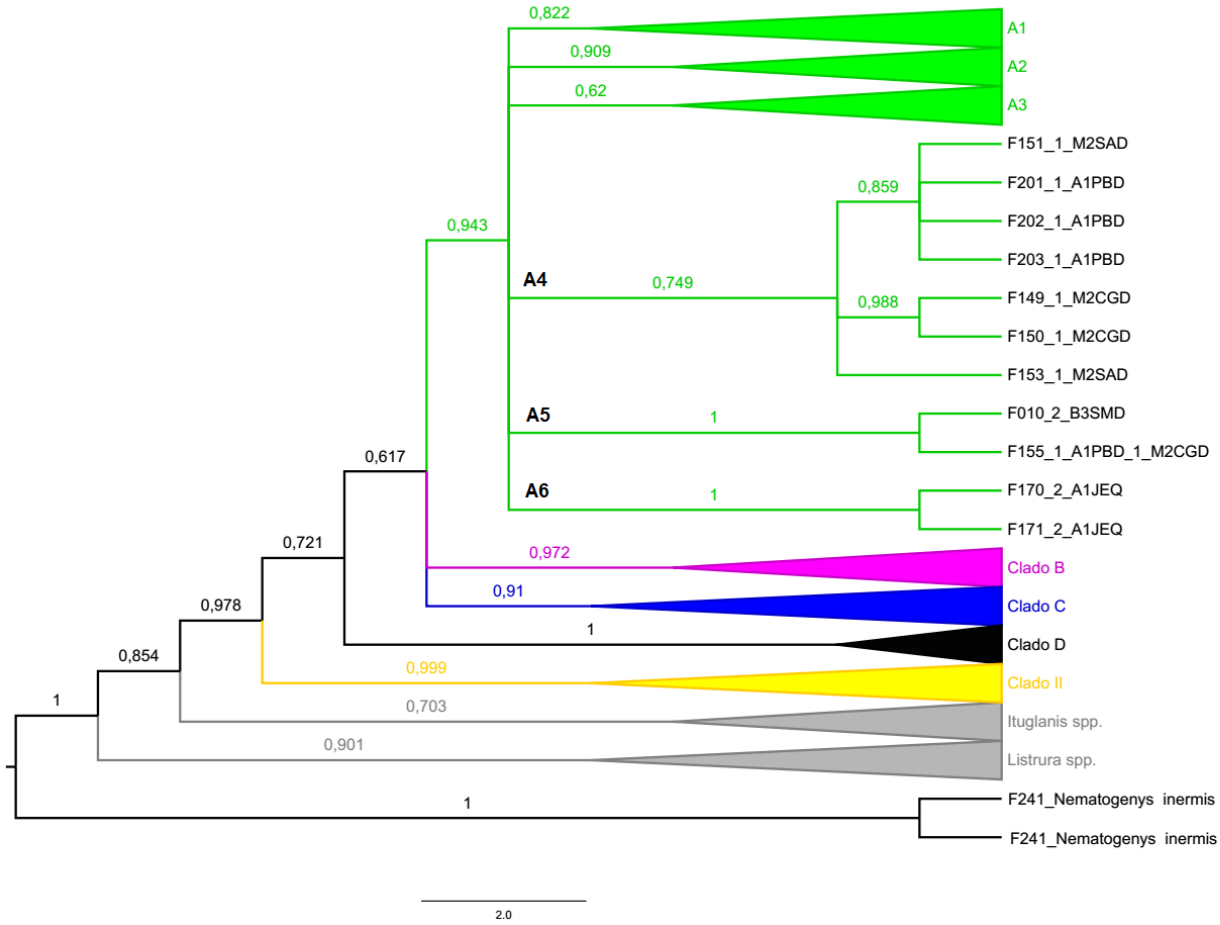


Figura 8. Relação filogenética das linhagens de *Trichomycterus* sp.nov.1 (A4), *T. immaculatus* (A5) e *T. jequitinhonhae* (A6) referente a 15 indivíduos e 11 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de JEQ correspondente a bacia do rio Jequitinhonha, PB a Piracicaba (Doce), CG a Corrente Grande (Doce), SAD a Santo Antônio (Doce), SMD a Santa Maria (Doce).

3.1.2. Clado B: Complexo "T. brasiliensis"

O Clado B é composto por 55 amostras e 37 haplótipos, formado por 12 ramos basais (Figura 9), com baixa divergência interna (2,7%), com distância entre si de 1,8 a 3,8% (Tabela 4). É um agrupamento encontrado principalmente nas porções altas dos rios São Francisco, Paraná, Paraíba do Sul e em menor frequência no alto Jequitinhonha e Itabapoana, principalmente nas cabeceiras de rios entre a Serra do Mar e a Serra do Espinhaço. A distribuição deste clado e a presença de *T. brunoi* sugere que se trate do Complexo "*T. brasiliensis*" *sensu* Barbosa & Costa (2010). O compartilhamento de haplótipos e a baixa divergência genética não dão suporte para admitir mais de um táxon nesse grupo. Este clado é composto por indivíduos da localidade-tipo das espécies *T. brunoi*, *T. macrotrichopterus*, *T. novalimensis* e *T. variegatus.*

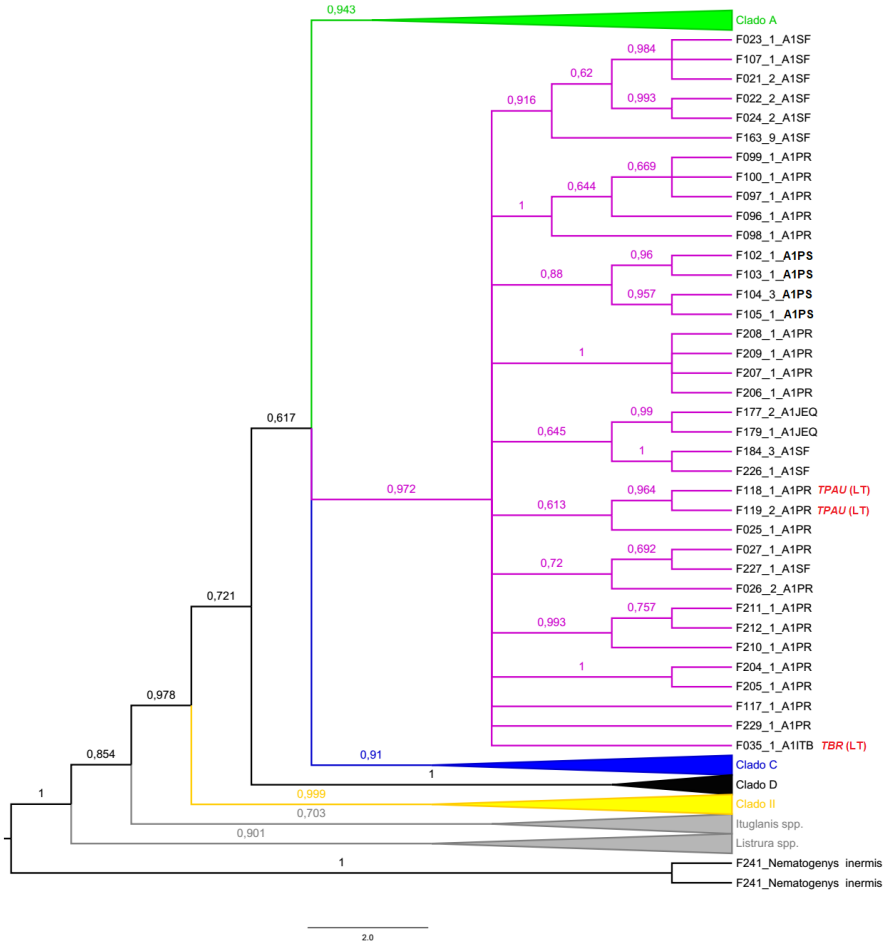


Figura 9. Relação filogenética dos indivíduos do Clado B correspondente ao Complexo *"T. brasiliensis"* referente a 55 sequências e 37 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. brunoi* (TBR) e *T. pauciradiatus* (TPAU). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de JEQ correspondente a bacia do Jequitinhonha, ITB ao Itabapoana, PR ao Paraná, SF ao São Francisco, PS ao Paraíba do Sul.

Tabela 4. Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus* sp. do Complexo "*T. brasiliensis*" dentro do Clado B obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI correspondente a 55 indivíduos e 37 haplótipos. Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado:

%dist	B1	B2	B3	B4	B5	B6	B7	B8	B9	B10	B11	B12
B1	**0.007**	0.010	0.006	0.007	0.006	0.007	0.006	0.007	0.008	0.008	0.007	0.007
B2	0.040	**0.002**	0.009	0.009	0.009	0.008	0.008	0.008	0.009	0.011	0.009	0.009
B3	0.024	0.035	**0.004**	0.006	0.006	0.005	0.006	0.006	0.006	0.007	0.005	0.007
B4	0.028	0.033	0.025	**0.000**	0.006	0.007	0.006	0.006	0.008	0.009	0.007	0.007
B5	0.030	0.036	0.028	0.025	**0.013**	0.006	0.006	0.005	0.007	0.008	0.006	0.006
B6	0.030	0.036	0.018	0.029	0.032	**0.007**	0.005	0.006	0.006	0.008	0.005	0.006
B7	0.027	0.030	0.024	0.023	0.024	0.023	**0.006**	0.004	0.006	0.008	0.006	0.005
B8	0.028	0.029	0.025	0.024	0.022	0.027	0.015	**0.001**	0.007	0.008	0.006	0.006
B9	0.033	0.033	0.020	0.032	0.032	0.022	0.028	0.026	**0.000**	0.008	0.006	0.008
B10	0.036	0.043	0.031	0.038	0.037	0.037	0.033	0.026	0.032	**n.a.**	0.007	0.009
B11	0.029	0.037	0.018	0.028	0.029	0.019	0.023	0.026	0.023	0.036	**n.a.**	0.006
B12	0.031	0.035	0.027	0.026	0.025	0.025	0.021	0.020	0.032	0.038	0.021	**n.a.**

3.1.3. Clado C: T. nigroauratus

A análise do clado C envolveu 63 espécimes e 22 haplótipos com distância genética intraclado de 2,7%, mostrando dois ramos (C1 e C2) com divergência intraclado de 0,7 e 1,9%, respectivamente, e 4,4% de divergência entre si (Apêndice 4). A distância genética entre os clados, além da estruturação filogenética e geográfica (Figura 10) sugerem se tratar de espécies distintas.

O ramo C1 corresponde a 29 indivíduos e 14 haplótipos provenientes do rio Paraíba do Sul, identificados na plataforma BOLD como *T. immaculatus*, *T. nigroauratus* e *T. giganteus*. Além disso, são encontrados haplótipos deste clado na localidade-tipo de *T. nigroauratus*. Com isso, a partir da proximidade com a localidade-tipo e a identificação prévia, é possível que o Intraclado C1 esteja relacionado à espécie *T. nigroauratus*.

O ramo C2 inclui 34 indivíduos e oito haplótipos dos rios Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim e Itabapoana. Dentro do ramo C2 foram encontrados dois ramos com 3% de distância genética, sendo o primeiro distribuído nos rios Santa Maria da Vitória e Jucu, e o segundo no Itapemirim, Itabapoana e alto Paraíba do Sul (Figura 3). O clado C2 integra indivíduos das bacias dos rios Itabapoana, Itapemirim e Paraíba do Sul, onde são conhecidas as espécies pertencentes a outros

clados já mencionados. Portanto, não sendo conhecidas espécies para sua distribuição que já não componham outros agrupamentos, este intraclado integra uma unidade evolutiva nova dentro destas bacias, em simpatria com *T. alternatus* (Clado A1).

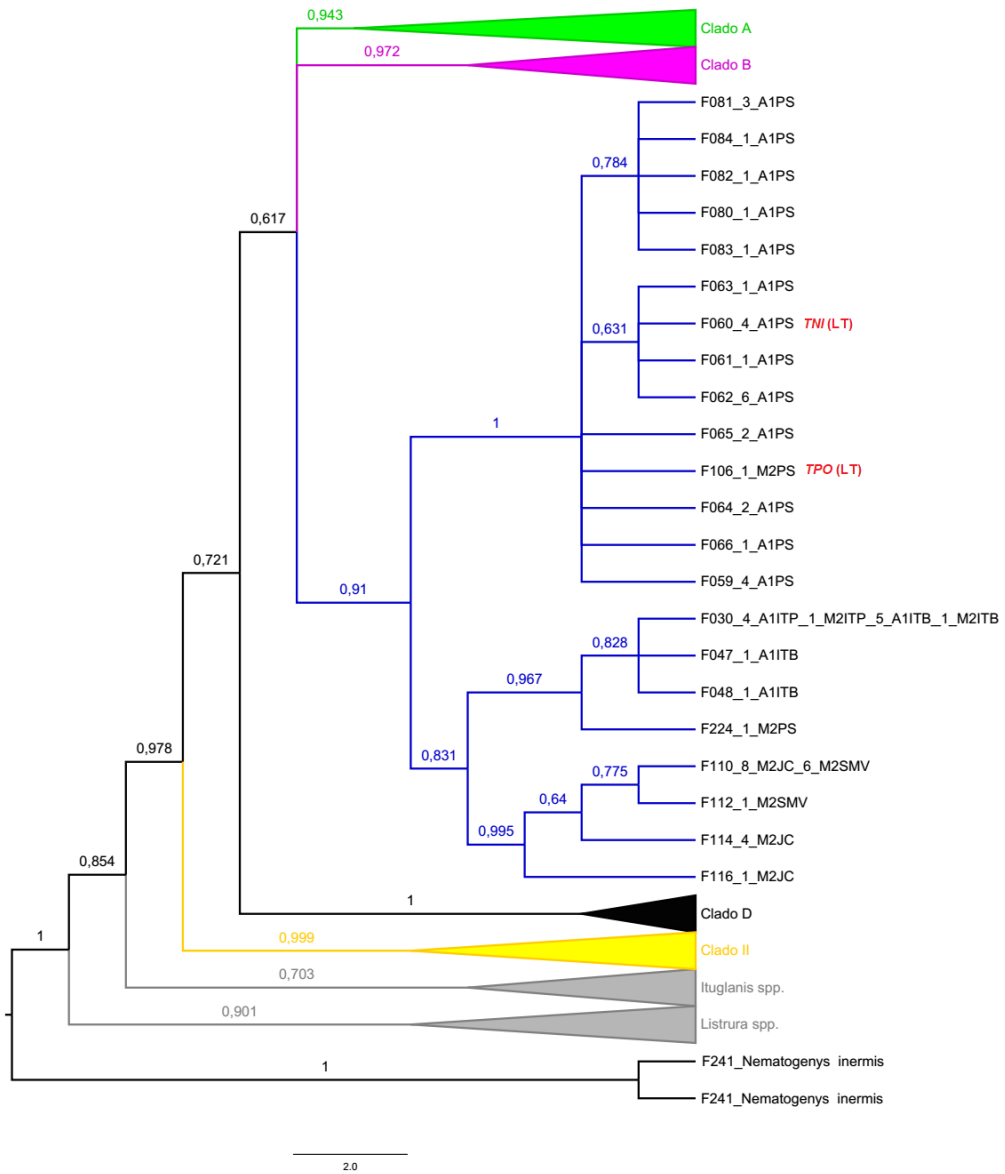


Figura 10. Relação filogenética dos indivíduos do Clado C correspondente a *T. nigroauratus* (C1) e *Trichomycterus* sp. (C2) referente a 63 sequências e 22 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. nigroauratus* (TNI) e *T. potschi* (TPO). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de ITB correspondente a bacia do Itabapoana, ITP a Itapemirim, JC ao Jucu, PR ao Paraná, PS ao Paraíba do Sul, SMV a Santa Maria da Vitória, SF ao São Francisco.

3.1.4. Clado D: T. novalimensis

O Clado D é composto por nove indivíduos e cinco haplótipos, provenientes das cabeceiras dos rios São Francisco, Paraíba do Sul e Paraná. Apresentou distância intraclado de 3,3% e haplótipos na mesma localidade-tipo da espécie *T. novalimensis* (alto São Francisco). É composto por três agrupamentos (Figura 11) com distância de 3,9 a 4,1% entre si. Não é possível saber quantas espécies integram este clado, principalmente devido a lacunas amostrais. Esta é a linhagem de *Trichomycterus* mais próxima geneticamente do grupo externo *Ituglanis* (Apêndice 4).

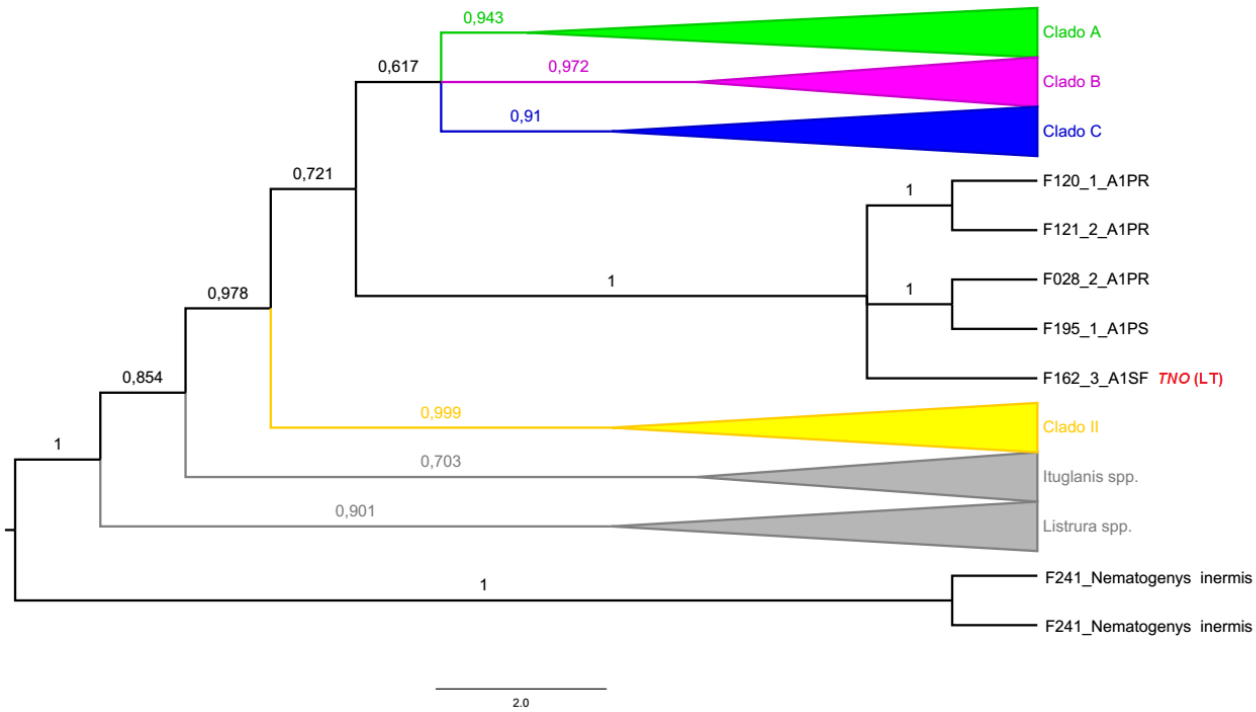


Figura 11. Relação filogenética dos indivíduos do Clado C correspondente a *T. novalimensis* referente a nove sequências e cinco haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) de *T. novalimensis* (TNO). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de PR correspondente a bacia do Paraná, PS ao Paraíba do Sul e SF ao São Francisco.

3.2. CLADO II: TRICHOMYCTERUS "STRICTO SENSU"

O gênero *Trichomycterus* agrupou 46 indivíduos em 34 haplótipos, com 5,9% de distância intragenérica. É subdividido em cinco clados (E, F, G, H e I), com distância entre si de 6,9 a 8,1% (Figura 12, Apêndice 4). Abrange espécies distribuídas nos rios costeiros do sudeste e sul do Brasil das cabeceiras dos rios São Francisco e da vertente esquerda do rio Paraná (Figura 13), com predominância no braço leste da bacia do rio Paraná, tendo a bacia do rio Jacuí como limite sul. Apresentam estruturação geográfica e zonas de simpatria predominantemente ao norte da distribuição do clado, principalmente nas cabeceiras do rio Paraíba do Sul, São Francisco e Paraná, onde se encontram em simpatria.

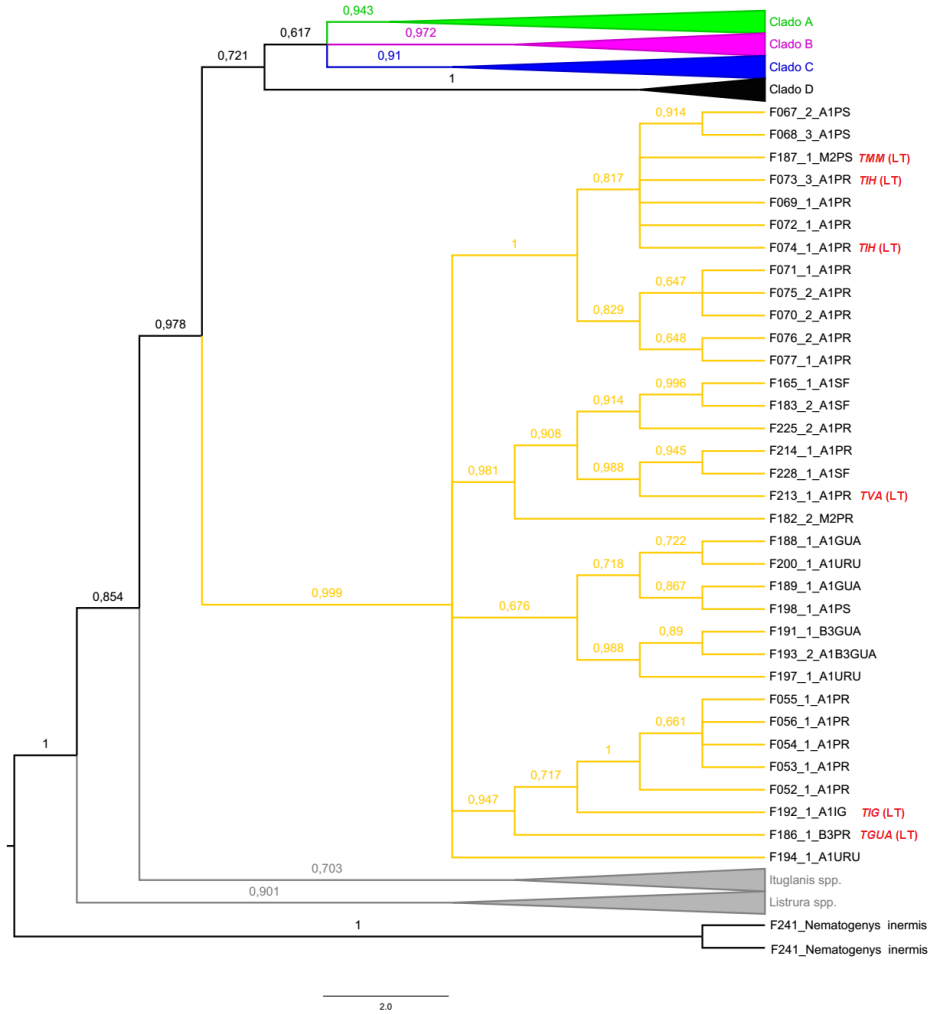


Figura 12. Relação filogenética dos indivíduos do clado *Trichomycterus "stricto sensu"* referente a 46 indivíduos e 34 haplótipos do gene COI com 789 pb. Valor de cada ramo corresponde ao índice de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança. *Legenda:* O código precedido de F refere-se aos haplótipo correspondente conforme Apêndice 1. Em vermelho, referência dos haplótipos com a localidade-tipo (LT) das espécies *T. iheringi* (TIH), *T. mariamole* (TMM), *T. variegatus* (TVA), *T. igobi* (TIG) e *T. guaraquessaba* (TGUA). O número que sucede a espécie refere-se à frequência do haplótipo em questão. Por fim, a abreviação refere-se à procedência do haplótipo, em que A1, M2 e B3 corresponde a porção da bacia, sendo alto médio e baixo, respectivamente, além de PR correspondente a bacia do Paraná, GUA a Guaíba-Jacuí (PR), IG a Iguaçu (PR), URU a Uruguai (PR), PS ao Paraíba do Sul e SF ao São Francisco.

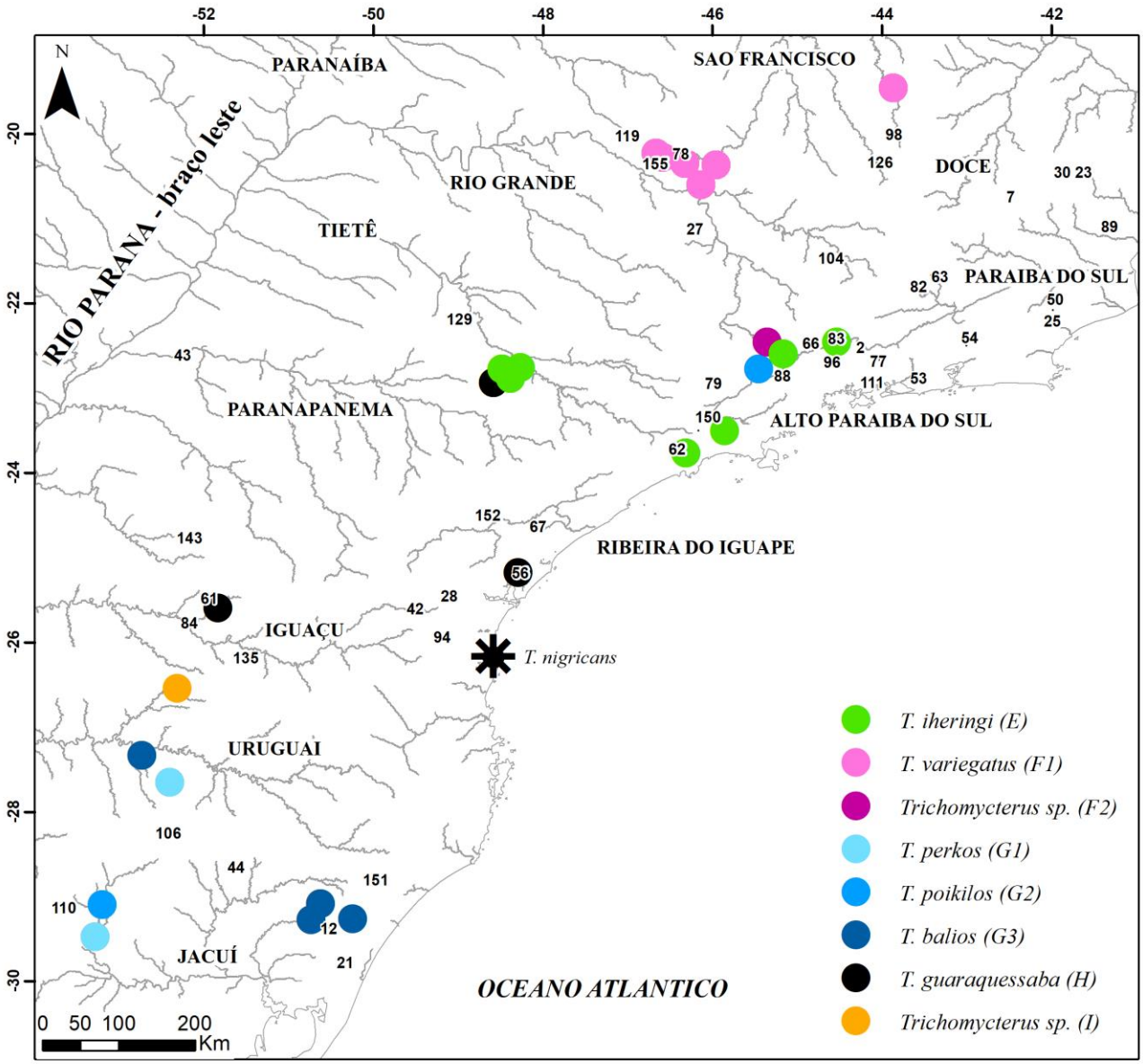


Figura 13. Mapa de distribuição dos cinco subclados encontrados dentro do Clado *Trichomycterus* entre o alto São Francisco e sul do braço leste da bacia do Paraná. Em destaque a espécie-tipo do gênero, *T. nigricans*. Os números fazem referência à localidade-tipo das espécies conforme Apêndices 2 e 3. Cores fazem referência aos agrupamentos monofiléticos encontrados na árvore filogenética da Figura 2.

3.2.1. Clado E: T. iheringi

O Clado E integra 20 indivíduos e 12 haplótipos com distância genética intraclado de 0,6%. Encontra-se amplamente distribuído ao longo do rio Paraíba do Sul, além de uma vertente do alto Paraná na porção de interseção entre as ottobacias do Tietê e Paranapanema. Está em sintopia com a localidade-tipo das espécies *T. iheringi* e *T. mariamole*. Na plataforma BOLD estes animais estão identificados como *T. iheringi*. Sendo assim, considerando os baixos índices de distância genética, é pouco provável que este clado corresponda a mais de uma espécie. Embora as amostras das localidades-tipo de *T. iheringi* e *T. mariamole* encontram-se neste agrupamento, os animais foram identificados como *T. iheringi* Eigenmann, 1917, e, portanto, o Clado E foi atribuído a esta espécie. Embora forme dois agrupamentos com 0,9% de distância entre si, indivíduos da localidade-tipo das duas espécies se encontram no mesmo subclado.

3.2.2. Clado F: T. variegatus

O clado agrupa 10 indivíduos e sete haplótipos, e encontram-se no limite norte da distribuição do gênero *Trichomycterus*, encontrados predominantemente nas cabeceiras do rio São Francisco e Paraná. Dentro deste clado foram encontrados dois subclados F1 e F2, com distância genética entre si de 4,4%. A distância entre estes subclados sugere se tratar de espécies distintas.

Três indivíduos referentes ao Subclado F1 foram identificados no BOLD como *T. variegatus* e sua distribuição contempla a localidade-tipo desta espécie. Os dois animais e um haplótipo referente ao Subclado F2 não estão identificados em nível específico, embora se encontre no mesmo rio da localidade-tipo de *T. candidus*.

3.2.3. Clado G: T. perkos, T. poikilos e T. balios

O Clado G é composto por oito indivíduos e sete haplótipos, distribuídos predominantemente nos rios Uruguai e Jacuí, estando em menor frequência no Paraíba do Sul. Apresentou divergência genética intraclado de 3,6%. É formado por três subclados, sendo que G1 e G2 formam um grupo irmão, distantes entre si por 3,7%, enquanto diferem do G3 por 3,8 a 5%, respectivamente (Apêndice 4). O Subclado G1 apresentou distância genética intraclado de 3%, sendo o agrupamento geneticamente mais próximo dos demais (3,7 e 3,8%). Os índices de distância sugerem que estes três subclados estejam associados a espécies distintas.

O Subclado G1 é composto por dois indivíduos e dois haplótipos provenientes das bacias dos rios Uruguai e Jacuí, geograficamente próximos da localidade-tipo de *T. perkos*, onde se encontra em simpatria a G2 e G3. O Subclado G2 integra dois indivíduos e dois haplótipos com distância

intraclado de 2% e distribuição disjunta, estando presente no médio Jacuí e no Paraíba do Sul. É a amostra geograficamente mais próxima da localidade-tipo de *T. poikilos.* O Subclado G3 é composto por quatro indivíduos e três haplótipos com 1% de divergência intraclado, sendo o mais distante geneticamente dos demais. Encontra-se predominantemente no rio Jacuí, embora também esteja presente no rio Uruguai. Está geograficamente próximo da localidade-tipo de *T. balios*. Na plataforma BOLD, nenhum destes espécimes está identificado em nível específico.

3.2.4. Clado H: T. guaraquessaba

O clado H é composto por sete indivíduos e sete haplótipos, com distância genética intraclado de 1%. Encontra-se no extremo sul da distribuição de *Trichomycterus*, nas bacias do Ribeira do Iguape, Iguaçu e alto Paraná na porção de interseção entre as ottobacias do Tietê e Paranapanema. Ao sul do Ribeira do Iguape, indivíduos deste clado se encontram em sintopia com a localidade-tipo de *T. guaraquessaba*, sendo este o ponto de amostragem referente à mesma ottobacia da localidade-tipo da espécie-tipo do gênero, *T. nigricans*.

Considerando que sua identificação na plataforma BOLD consta *T. diabolus*, e nenhum dos indivíduos da amostra são provenientes da localidade-tipo de *T. diabolus* (mesma bacia), mas se encontram na localidade-tipo de *T. guaraquessaba*, há suporte para se associar o nome *T. guaraquessaba* a esse clado. Ainda, considerando os baixos índices de distância genética, este clado se refere a apenas uma espécie. Contudo, devido à sintopia e proximidade com outras espécies inseridas neste clado, é necessário verificar a validade das espécies *T. diabolus, T. guaraquessaba, T. igobi, T. mboycy, T. crassicaudatus* e *T. stawiarski* visto que podem se tratar da mesma espécie.

3.2.5. Clado I: Trichomycterus sp.

O Clado I é formado por um indivíduo da bacia do rio Uruguai. Nesta bacia, é simpátrico às espécies *T. balios* e *T. perkos*. Na plataforma BOLD não está identificado em nível específico, além de não se encontrar geograficamente próximo a nenhuma localidade-tipo de *Trichomycterus* da bacia. Com isso, não foi possível propor nenhum nome em nível específico a este clado. Dentro do gênero, é geneticamente mais próximo de *T. guaraquessaba* (Clado H) e mais distante de *T. variegatus* (Clado F1).

3.3. SIMPLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM (SNP)

A análise dos *SNPs* do gene COI revelou que três *loci* nas posições 240, 264 e 391 distinguem os dois gêneros reconhecidos nos presente estudo, sendo *Trichomycterus "stricto sensu"* caracterizado pelas bases C, A e T, respectivamente, enquanto o potencial gênero novo possui as bases T, C e C, respectivamente (Apêndice 5). A distinção dos gêneros mostra que no *locus* 240 na posição 3 do códon ocorreu uma transição (C e T), no *locus* 264 na posição 3 do códon ocorreu uma transversão (C e A) e no *loci* 391 na posição 1 códon ocorreu uma transição (C e T). Desta forma, foram encontradas duas mutações sinônimas na posição 3 do códon e uma mutação não sinônima na posição 1.

Quanto aos *SNPs* espécie-específicos, foram encontrados 14 *loci* que distinguem as espécies entre si, localizados predominantemente na posição 3 do códon, referindo-se portanto a mutações sinônimas no gene COI. No entanto, *T. nigroauratus* e *T. iheringi* apresentaram uma transição (C e T) na posição 1 do códon, correspondendo a uma mutação não sinônima (Tabela 5). Embora algumas espécies não tenham apresentado uma variação exclusiva, foi possível encontrar *SNPs* compartilhados de algumas delas com a espécie-irmã, tais como um *SNP* entre *T. perkos* (Clado G1) e *T. poikilos* (Clado G2), e um entre *T. nigroauratus* (Clado C1) e *Trichomycterus* sp. (Clado C2) (Apêndice 5).

Tabela 5. Informações referentes aos *Simple Nucleotide Polymorphism* das espécies, tais como *locus*, posição do códon e a respectiva base exclusiva correspondente (vide Apêndice 5):

Gênero	**Clado**	**Espécie**	***Locus***	**Códon**	**Base**
Potencial novo	A1	*T. alternatus*	537	3	C
	A4	*Trichomycterus* sp. nov.	162	3	T
	A5	*T. immaculatus*	432	3	T
	B	Complexo "*T. brasiliensis*"	336	3	T/C
	C	*T. nigroauratus*	574	1	T
	D	*T. novalimensis*	318	3	A
			498	3	C
Trichomycterus "stricto sensu"	E	*T. iheringi*	298	1	T
			387	3	A
			432	3	A
			477	3	C
	G2	*T. poikilos*	447	3	C
	G3	*T. balios*	198	3	G
	H	*T. guaraquessaba*	564	3	A

4. DISCUSSÃO

Um dos objetivos do presente estudo foi testar a eficiência da ferramenta de DNA *Barcoding* a partir do gene COI para delimitar as espécies de *Trichomycterus*. Assim, este marcador mitocondrial se mostrou muito eficiente em distinguir espécies e gêneros, embora pouco esclarecedor na relação entre populações dentro das espécies.

Embora os resultados do presente estudo tenham se baseado em um único gene mitocondrial com 789 pb, os clados encontrados e a relação entre as espécies foram congruentes com os sinais filogenéticos observados por Ochoa *et al.* (2017), que utilizaram cinco genes (mitocondriais: 16S, COI e cit-b; nucleares: Myh6 e Rag2) num total de 3284 pb, para elucidar a relação da família Trichomycteridae. Desta forma, confirma-se o gene mitocondrial COI como um bom marcador molecular utilizado para elucidar os problemas taxonômicos neste grupo, visto que há grande dificuldade em diagnosticar as espécies numa análise morfológica.

Além disso, o presente estudo contribuiu com sequências do gene COI de 391 novos indivíduos e representa a análise mais robusta acerca do preenchimento dos déficits Linneano e Wallaceano de *Trichomycterus* para a porção leste do Brasil. O preenchimento de tais lacunas foi essencial para a compreensão da história filogenética das espécies nesta região. A partir disso, foi possível encontrar a estruturação de duas linhagens, sendo uma referente a um potencial gênero novo ao norte da distribuição do grupo, trazendo assim uma proposta para redefinição de *Trichomycterus "stricto sensu"* ao sul do rio São Francisco. Além disso, foi possível verificar alguns padrões e esclarecer algumas questões, tais como espécies ocorrendo em sintopia e simpatria, principalmente nas porções de cabeceiras; propor sinonímia de algumas espécies, o que pode atenuar os grandes problemas taxonômicos deste grupo; contribuir para o entendimento da distribuição da diversidade genética das espécies, evidenciando uma alta diversidade genética associadas às cabeceiras; assim como permitir o entendimento de que muitas espécies apresentam grande área de ocorrência, mas com distribuição disjunta, contribuindo para o conhecimento do grupo, visto que grande parte das espécies é conhecida apenas para a localidade-tipo.

4.1. Distinção entre gêneros e um potencial gênero novo

Considerando que as distâncias genéticas entre os dois clados da porção leste do Brasil encontrados no presente estudo são altas e próximos aos índices encontrados entre diferentes gêneros, além de apresentarem três sinapomorfias moleculares definidas por *SNPs* que os distinguem, é possível sugerir que cada um dos dois clados corresponda a dois gêneros distintos. A espécie-tipo do gênero *Trichomycterus*, *T. nigricans* Valenciennes, 1832, que se encontra no rio Itapocu no estado de São

Paulo, apresenta distribuição coincidente e exclusiva com a área abrangida pelo Clado II, permitindo-nos sugerir que *Trichomycterus "stricto sensu"* teria a distribuição predominantemente ao sul, entre os rios São Francisco e Paraíba do Sul ao norte de sua distribuição até o sul da porção leste da bacia do Paraná. O Clado I, referente a um potencial gênero novo, encontra-se desde o Rio de Contas ao norte até os rios São Francisco e Paraíba do Sul ao sul, ocorrendo em simpatria com *Trichomycterus "stricto sensu"* ao sul de sua distribuição, nas porções altas das bacias dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul. Os clados I e II do presente estudo também foram recuperados por Ochoa *et al.* (2017), referenciados como clados D5 e D4, respectivamente (Figura 14). No entanto, em seu estudo, Ochoa *et al.* (2017) não propuseram a criação de um gênero novo no leste do Brasil, mas verificaram que estes dois clados de *Trichomycterus* da porção leste coalesceram há cerca de 22 milhões de anos atrás, no início do Mioceno.

O Clado D4 de Ochoa *et al.* (2017) mostrou-se composto por espécies do alto São Francisco, braço leste do Paraná e bacias costeiras do sul, além de incluir duas espécies de outro gênero de Trichomycterinae, *Scleronema minutum* e *Scleronema* cf. *angustirostre*, sendo sugerido por esses autores que *Trichomycterus* seja um gênero polifilético.

O polifiletismo do gênero *Trichomycterus* foi confirmado por análises filogenéticas geradas por diversos autores. A exemplo, podemos citar os trabalhos de Datovo e Bockmann (2010), Ochoa *et al.* (2017) e Capítulo 1 do presente estudo, que verificaram a relação filogenética de *T. areolatus* Valenciennes, 1846 dos Andes chilenos com *Bullockia maldonadoi* Eigenmann, 1920 e *Hatcheria macraei* Girard, 1855 também encontrados nesta região. Segundo Ochoa *et al.* (2017), este clado coalesceu de seu clado irmão, *Ituglanis* spp. (Clado E), há cerca de 23.97 milhões de anos, entre o fim do Oligoceno e início do Mioceno.

Ochoa *et al.* (2017) também constatou que espécies das bacias do São Francisco, Paraná, Paraíba do Sul e Jacuí, tais como *T. davisi* Haseman, 1911, *T. diatropoporos* Fernandez & Malabarba, 2013, *T. iheringi* Eigenmann, 1917, *T. perkos* Datovo, Carvalho & Ferrer, 2012, *T. poikilos* Fernandez & Malabarba, 2013, *T. variegatus* Costa, 1992 e *T. zonatus* Eigenmann, 1918 formaram um clado com *Scleronema minutum* Boulenger, 1891 e *Scleronema angutirostre* Devincenzi, 1942. Este clado (D4 de Ochoa *et al.*, 2017) corresponde ao denominado pelo presente estudo como *Trichomycterus "stricto sensu"*. Tendo em vista que o presente estudo propõe a hierarquização deste clado como um gênero distinto, e considerando que o gênero *Scleronema* foi descrito por Eigenmann em 1917, data posterior a descrição de *Trichomycterus* por Valenciennes em 1832, os dados de Ochoa *et al.* (2017) contrastados com a presente proposta, sugere a realocação de *Scleronema* ao gênero *Trichomycterus*.

Desta forma, a delimitação sugerida pelo presente estudo em dois gêneros distintos validaria *Trichomycterus* como um gênero monofilético. Além disso, considerando que o padrão dos gêneros

da subfamília é ser representado por poucas espécies ou monotípicos, é possível que seis dos cinco clados de Trichomycterinae encontrados por Ochoa *et al.* (2017) que abrigam espécies de *Trichomycterus* – sendo dois corroborados pelo presente estudo, correspondam a gêneros distintos.

Nesta mesma perspectiva, o Capítulo 1 do presente estudo propôs a realocação de *Trichomycterus areolatus* e *Bullockia maldonadoi* a *Hatcheria macraei*. Tal hierarquização em nível genérico dos clados encontrados por Ochoa *et al.* (2017) seria uma proposta plausível de resolver o polifiletismo de muitas espécies de *Trichomycterus*, visto que os autores recuperaram *T. areolatus* e *B. maldanodoi* como um grupo monofilético pertencente ao Clado E.

Além destes, Ochoa *et al.* (2017) verificaram que espécies de *Trichomycterus* do Equador, Colômbia e Peru, tais como *T. knerii* Steindachner, 1882, *T. punctulatus* Valenciennes, 1846 e *T. sandovali* Ardila-Rodríguez, 2006 compuseram o mesmo clado (D1) de *Eremophilus mutisii* Humboldt, 1805 simpátrico a estas espécies nos rios colombianos. Os autores verificaram que este clado coalesceu de seu grupo irmão (Clado D2+D3+E) há 30 milhões de anos no Oligoceno Médio. Numa proposta de realocação das espécies, como *Eremophilus* foi descrito por Humboldt em 1805 antes de *Trichomycterus*, descrito em 1832 por Valenciennes, com base nas propostas de hierarquização do presente estudo e congruência com os dados encontrados por Ochoa *et al.* (2017), sugere-se a realocação de *T. knerii*, *T. punctulatus* e *T. sandovali* ao gênero *Eremophilus*.

Além disso, no Capítulo 1 do presente estudo, verificou através do gene citocromo-b que *T. guianensis* Eigenmann, 1909 proveniente da Guiana demonstrou ser uma linhagem distinta dos *Trichomycterus* das porções oeste e leste neotropical – dois clados e potenciais gêneros distintos, com índices de divergência de 12,5 e 15%, respectivamente. Esta espécie compõe um dos clados (D2) encontrados por Ochoa *et al.* (2017), e integra outras espécies deste gênero encontradas na Colômbia e no Panamá, tais como *T. banneaui* Eigenmann, 1912, *T. cachirensis* Ardila-Rodríguez, 2008, *T. ruitoquensis* Ardila-Rodríguez, 2007, *T.* aff. *spilosoma* Regan, 1913, *T. striatus* Meek & Hilbebrand, 1913 e *T. transandinus* Steindachner, 1915. De acordo com Ochoa *et al.* (2017), este clado coalesceu de seu grupo irmão (Clado D3+E) há 27 milhões de anos, durante o Oligoceno. Desta forma, estas espécies comporiam um gênero novo dentre os cinco gêneros propostos de forma a resolver o polifiletismo do grupo.

Por fim, a proposta do presente estudo de um gênero novo da porção norte do leste neotropical acompanharia a distinção das linhagens supracitadas, visto que este representa o Clado D5 de Ochoa *et al.* (2017). As distâncias genéticas entre as linhagens no presente estudo, associado aos problemas taxonômicos inerentes de *Trichomycterus* e seu polifiletismo, além das relações encontradas por Ochoa *et al.* (2017) e estruturação geográfica de todas os cinco clados encontrados pelos autores supracitados, o presente estudo sugere a validação de todas estas cinco linhagens encontradas por Ochoa *et al.* (2017) como gêneros distintos.

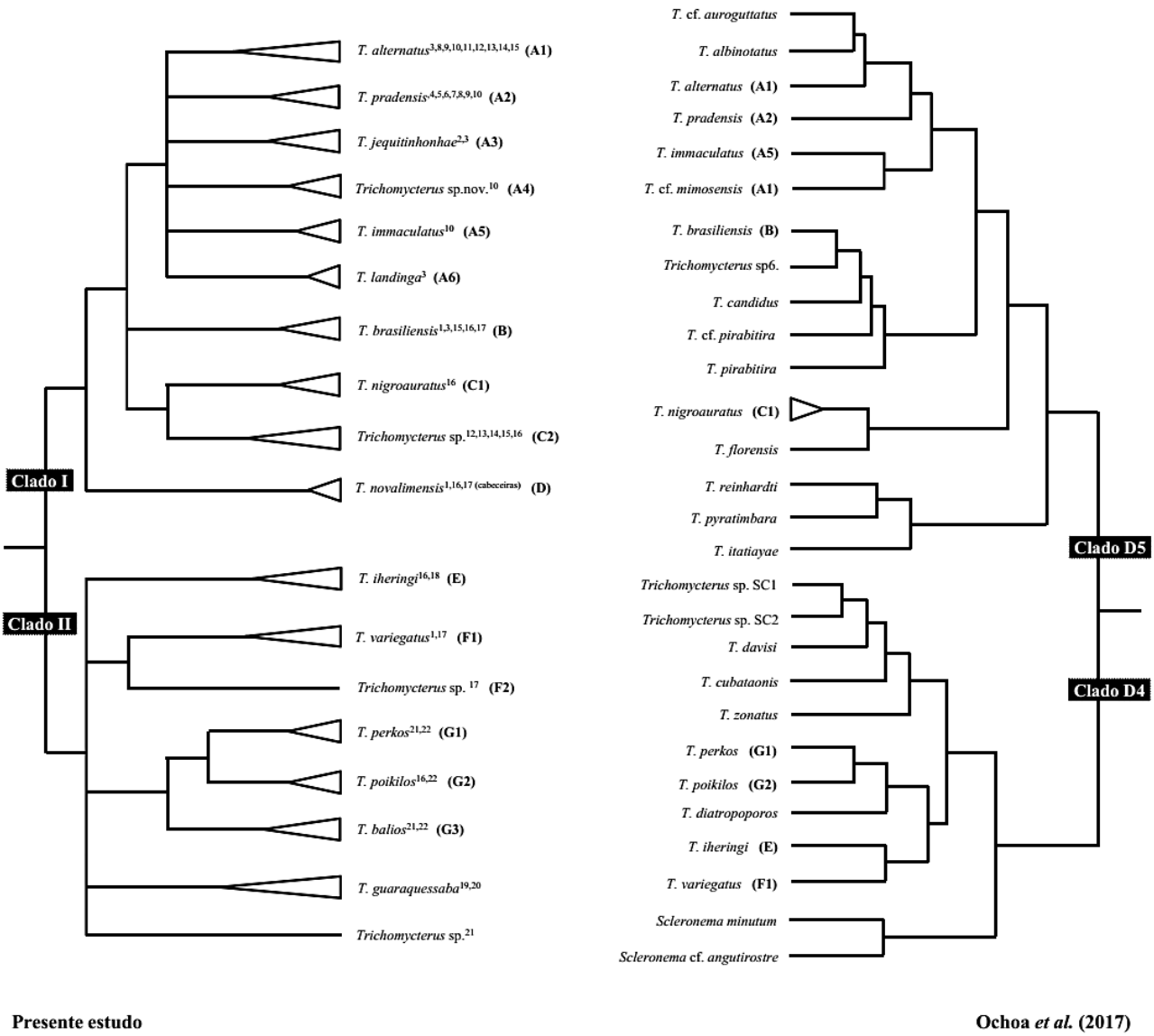


Figura 14. Relação filogenética de *Trichomycterus* do leste do Brasil. À esquerda, relação filogenética obtida pela Máxima Verossimilhança referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb. Em sobrescrito, os números correspondem as seguintes bacias onde se encontram distribuídas as respectivas OTUs: [1]São Francisco, [2]Rio de Contas, [3]Jequitinhonha, [4]Buranhém, [5]Jucuruçu, [6]Mucuri, [7]Itaúnas, [8]São Mateus, [9]Barra Seca, [10]Doce, [11]Piraquê-Açu, [12]Santa Maria da Vitória, [13]Jucu, [14]Itapemirim, [15]Itabapoana, [16]Paraíba do Sul, [17]Rio Grande (PR), [18]Tietê (PR), [19]Paranapanema (PR), [20]Iguaçu (PR), [21]Uruguai (PR), [22]Jacuí, [23]Amazonas, [24]Parnaíba. *Legenda:* (PR) representa sub-bacias da bacia do rio Paraná. À direita, a relação filogenética obtida pela Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana encontrada por Ochoa *et al.* (2017) a partir da utilização de 30 terminais e matriz concatenada com 3284 pb dos genes mitocondriais 16S, COI e cit-b e nucleares Myh6 e Rag2.

4.2. Estratégias para delimitação das espécies

Desde 1758, quando Carolus Linnaeus propôs a hierarquização das espécies, discute-se sobre as categorias taxonômicas e sua delimitação, tema até hoje muito debatido, e não há qualquer consenso a este respeito. No século XIX o botânico Joseph Dalton Hooker levantou a discussão filosófica sobre os mecanismos de delimitação das espécies, na qual identificou dois padrões usualmente adotados. O padrão *splitter* que visa nomear toda a variação delimitável em categorias distintas opõe-se a ideia conhecida como *lumper*, que visa em optar pelo cenário conservador, principalmente diante de delimitações que se mostrem complicadas. Assim, *lumpers* seria a abordagem na qual se pretende agrupar variações mais discretas em uma só espécie. Hooker verificou que a abordagem *splitter*, embora importante para conhecer a biodiversidade detectável, impedia a identificação de padrões evolutivos das linhagens, tendo em vista que o grande número de espécies com variações sutis e distribuição restrita limitaria muitas inferências (Endersby, 2009).

Desta forma, o presente estudo optou por uma interpretação dos dados a partir do conceito filogenético de espécies, utilizando a estratégia conservadora para delimitar as unidades espécie-específicas. Isso porque avaliamos que adotar esta estratégia de delimitação dos táxons contribuiria para a resolução dos grandes problemas taxonômicos já existentes no grupo, principalmente decorrente da dificuldade em identificar muitos espécimes em nível específico ou mesmo distinguir espécies morfologicamente muito similares.

Partindo dessa estratégia, foi proposta a sinonímia de *T. caudofasciatus*, *T. gasparinii*, *T. longibarbatus*, *T. mimosensis* e *T. pantherinus* a *T. alternatus* (Tabela 6). No clado composto por estas espécies (Clado A1) foram encontrados 19 agrupamentos monofiléticos, sendo seis deles correspondentes às espécies nominais supracitadas, todas elas apresentando distribuição limitada à bacia ou sub-bacia onde se encontra sua localidade-tipo. No entanto, para validá-las, seria necessária a proposição de 13 novas espécies, com distribuição restrita e endêmica, além de baixa densidade demográfica (Figura 5). No presente estudo, este é um clado com boa amostragem (179 indivíduos), ao qual poderia ser encontrada uma densidade demográfica maior das espécies, o que não ocorreu. Além disso, este clado compartilha uma sinapomorfia molecular (*SNP* no *locus* 546) entre todos os 179 indivíduos, dando suporte para validá-lo como uma única espécie do ponto de vista molecular. Desta forma, sinonimizar as cinco espécies a *T. alternatus*, além de plausível do ponto de vista molecular e morfológico, poderia minimizar os problemas já existentes no gênero. Até então, a distribuição conhecida de *T. alternatus* remete ao rio Doce, além das porções do Rio das Flores e Rio das Pedras no Paraíba do Sul, onde ocorrem, respectivamente, *T. florensis* e *T. travassosi*, espécies atualmente sinonimizadas a *T. alternatus* em estudos prévios (De Pinna & Wosiacki, 2003). Assim, no presente estudo expande-se a distribuição conhecida de *T. alternatus*, ocorrendo nas bacias do Rio de Contas (limite norte), Jequitinhonha, São Mateus, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da

Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana e Paraíba do Sul. Embora a ocorrência de *T. alternatus* verificada no presente estudo ao norte do rio Doce se mostrou disjunta, tal registro já foi relatado por Triques e Vono (2004), que verificaram sua ocorrência sintópica com *T. landinga* no rio Jequitinhonha.

A partir destes mesmos critérios, é proposta a sinonimização de *T. tete* a *T. jequitinhonhae.* Se fosse optado pela validação de ambas, exigiria a criação de cinco novas espécies, todas elas com distribuição endêmica ou restrita. Além disso, a similaridade morfológica, associada à proximidade geográfica, sugere se tratarem de apenas uma espécie.

Diante deste cenário, o presente estudo encontrou valores de distância genética mínimos de 4% entre espécies filogeneticamente relacionadas, salvo raras exceções. Além disso, propõe-se que valores de distância genética intraclado menores que 3% correspondam à variação intraespecífica. Desta forma, sugere-se tal valor referencial para distância genética mínima entre espécies-irmãs. No entanto, para que sejam delimitadas espécies com base neste valor, é necessário que os cálculos sejam realizados sob uma perspectiva filogenética e que os clados apresentem uma boa amostragem geográfica. Isso porque o baixo número de indivíduos representados pode evidenciar valores discrepantes, perdendo-se assim o gradiente de divergência genética. Partindo dos critérios supracitados, o presente estudo delimitou 18 espécies, sendo 10 espécies pertencentes ao potencial gênero novo, enquanto em *Trichomycterus "stricto sensu"* foram delimitadas oito espécies.

Na tentativa de delimitar espécies na perspectiva do DNA *Barcoding*, Pereira *et al.* (2013) analisaram 14 espécies de *Trichomycterus* da bacia do rio Paraná, gerando grande parte das sequências do BOLD utilizadas no presente estudo (Apêndice 1), e verificaram que o percentual de distância entre as espécies de *Trichomycterus* variou muito em relação ao presente estudo, sendo encontrados valores de 1,2 a 16,9% com média de 8,1%. No entanto, as discrepâncias observadas em Pereira *et al.* (2013) podem ser atribuídas a três principais fatores: (i) a análise de espécies muito distantes geneticamente, visto que no presente estudo foram encontradas linhagens filogeneticamente pouco relacionadas e muito distintas na porção alta da bacia do rio Paraná; (ii) os autores identificaram um indivíduo como *Trichomycterus* (número 499 do Apêndice 1), enquanto o mesmo indivíduo correspondeu ao clado *Ituglanis* no presente estudo; (iii) no presente estudo não foram encontrados valores superiores a 13,7% entre gêneros distintos dentro de Trichomycterinae, e nenhum valor superior a 15,4% entre espécies dos Clados I e II em relação a *Ituglanis*.

Desta forma, visto que o presente estudo contemplou uma ampla amostragem geográfica e 496 espécimes, foi permitido estabelecer valores referenciais de divergência genética entre espécies de no mínimo 4%, enquanto que índices superiores a 11,8% foram considerados divergência em nível genérico.

Tabela 6. Checklist das espécies assinaladas em *Trichomycterus* com localidade-tipo na Ecorregião Mata Atlântica Nordeste descriminadas por autoria e seu respectivo status taxonômico conforme reconhecido no presente estudo. As espécies estão ordenadas em ordem alfabética:

ESPÉCIE NOMINAL	Ferraris, 2007	Eschmeyer, Fong & Van der Laan 2017	PRESENTE ESTUDO	STATUS TAXONÔMICO	DISTRIBUIÇÃO
Trichomycterus alternatus Eigenmann, 1918	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Válida	Doce.
Trichomycterus brunoi Barbosa & Costa, 2010	-	*Trichomycterus brunoi*	Complexo *"T. brasiliensis"* Lütken, 1874	Válida. Grupo *T.brasiliensis*. Necessários estudos adicionais.	Itabapoana.
Trichomycterus caudofasciatus Alencar & Costa, 2004	*Trichomycterus caudofasciatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Sinônimo júnior de *T. alternatus*	Nova sinonímia	Itapemirim e Itabapoana.
Trichomycterus jequitinhonhae Triques & Vono, 2004	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus jequitinhonhae*	Válida	Jequitinhonha.
Trichomycterus landinga Triques & Vono, 2004	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus landinga*	Válida	Jequitinhonha.
Trichomycterus longibarbatus Costa, 1992	*Trichomycterus longibarbatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Sinônimo júnior de *T. alternatus*	Nova sinonímia	Piraquê-Açu.
Trichomycterus gasparinii Barbosa, 2013	-	*Trichomycterus gasparinii*	Sinônimo júnior de *T. alternatus*	Nova sinonímia	Piraquê-Açu.
Trichomycterus mimosensis Barbosa, 2013	-	*Trichomycterus mimosensis*	Sinônimo júnior de *T. alternatus*	Nova sinonímia	Itabapoana.
Trichomycterus pantherinus Alencar & Costa, 2004	*Trichomycterus pantherinus*	*Trichomycterus pantherinus*	Sinônimo júnior de *T. alternatus*	Nova sinonímia	Santa Maria da Vitória e Jucu.
Trichomycterus pradensis Sarmento-Soares, Martins-Pinheiro, Aranda & Chamon, 2005	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Válida	Buranhém, Jucuruçu, Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce.
Trichomycterus tete Barbosa & Costa 2011	-	*Trichomycterus tete*	Sinônimo júnior de *T. jequitinhonhae*	Nova sinonímia	Rio de Contas.
Trichomycterus sp.nov. "espinhaço"	-	-	*Trichomycterus* sp.nov. "espinhaço"	Nova espécie	Doce.

4.3. Dificuldades da delimitação das espécies

Embora muitas lacunas do conhecimento sobre o grupo tenham sido preenchidas nos últimos anos, ainda resta desvendar muitas questões. No presente estudo, foi possível evidenciar os seguintes problemas, que dificultaram a tomada de decisão e a determinação das espécies encontradas neste estudo, sendo eles:

(i) Muitos caracteres atualmente assumidos como diagnósticos de muitas espécies de *Trichomycterus* não são eficientes para a distinção dos espécimes em nível específico, o que é agravado pela falta de clareza na descrição de muitas espécies, conforme relatado por De Pinna (1989).

(ii) Muitas espécies da área de estudo foram descritas a partir de uma pequena série de indivíduos de uma única localidade ou a partir da análise de espécimes geograficamente próximos da localidade-tipo. Nestas descrições, a comparação com congêneres geograficamente próximos não foi considerada, o que indiretamente contribui para superestimar a diversidade de espécies. Desta forma, a análise de um conjunto de dados mais robusto e geograficamente mais amplo, contemplando um gradiente de variação, poderia diluir as variações discrepantes que justificassem a descrição uma espécie nova.

(iii) À luz da análise morfológica, a identificação dos espécimes é muito difícil de ser realizada, visto que há incongruências de identificação dos espécimes, em que grande parte das espécies seria polifilética no presente estudo, considerando a identificação a priori. Isso porque alguns caracteres diagnósticos são muito variáveis e influenciados pelo meio, a exemplo do padrão de manchas corporal, e considerá-los sem uma análise ampla, poderia gerar sobreposição de caracteres entre as espécies consideradas como unidades operacionais distintas.

(iv) Associar a identificação da espécie apenas pela localidade-tipo pode ser problemático, visto que podem ocorrer espécies sintópicas. No presente estudo, foram utilizados indivíduos provenientes da localidade-tipo de 18 espécies, e foi verificada a presença de outras espécies na mesma localidade, tais como indivíduos molecularmente reconhecidos como *T. alternatus* na localidade-tipo de *T. nigroauratus*.

(v) Há muita dificuldade em determinar a localidade-tipo precisa de muitas espécies. Isso porque muitas delas foram descritas antes do uso de georreferenciamento para registro da localidade, e para estas espécies há apenas estimativas, mesmo nas bibliografias consultadas no presente estudo que forneciam a coordenada (Apêndice 2). Além disso, em algumas descrições mais recentes, tais como *T. albinotatus, T. variegatus, T. longibarbatus, T. bahianus, T. auroguttatus, T. mimonha, T. mirissumba, T. concolor, T. potschi, T. giganteus, T. guaraquessaba, T. igobi, T. tupinamba, T. crassicaudatus, T. megantoni* e *T. ruitoquensis*, a descrição faz referência somente ao tributário em que o holótipo foi coletado, não apresentando a coordenada precisa do local. Estas imprecisões

dificultaram o georreferenciamento realizado no presente estudo das 161 espécies descritas em *Trichomycterus*.

(vi) Há descrição de mais de uma espécie para a mesma localidade-tipo, sem a verificação se a espécie ocorre em áreas adjacentes ou regiões mais distantes, visto que muitas espécies de *Trichomycterus* são conhecidas apenas para a localidade-tipo. No presente estudo, foram encontradas localidades-tipo compartilhadas entre 19 espécies de *Trichomycterus*, que, somado aos outros problemas, dificulta a determinação das espécies.

(vii) A diversidade de espécies do grupo parece ser superestimada. Isso porque no presente estudo foi proposta a sinonimização de seis espécies, o que pode ser aumentado com a ampliação geográfica da amostragem. Este não seria um caso isolado de sinonimização de espécies em *Trichomycterus*, a citar a sinonímia de *T. florensis* e *T. travassosi* a *T. alternatus*, e *T. cubataonis* a *T. zonatus* (De Pinna & Wosiacki, 2003). Além disso, no presente estudo foram recuperados no mesmo clado indivíduos provenientes da localidade-tipo de duas espécies distintas não sintópicas, tais como *T. iheringi* e *T. mariamole*, e não foram encontradas para estas localidades mais do que um clado espécie-específico. Desta forma, é necessária uma análise multidisciplinar da diversidade do grupo gerada a partir de uma boa amostragem de forma a evitar que a diversidade do grupo seja superestimada. O acréscimo de 391 indivíduos sequenciados no presente estudo, além dos 105 já existentes no BOLD contribui para as futuras descrições, e tais informações devem ser utilizadas e contrastadas com as potenciais espécies novas a serem descritas no grupo.

Para minimizar tais problemas na delimitação das espécies, o presente estudo partiu de uma premissa filogenética de forma a atribuir nomes apenas a grupos monofiléticos. Nos casos em que a distinção morfológica era confusa ou não era possível de ser realizada, partiu-se da identificação a priori da espécie conforme autor original (BOLD ou identificação da coleção de origem). Nos casos de espécies identificadas a priori que se mostraram polifiléticas após análise filogenética do gene COI, optou-se por denominá-la associando à localidade-tipo da espécie em que os espécimes do clado se encontraram.

5. CONCLUSÕES

Foram encontrados dois clados monofiléticos de indivíduos até então conhecidos como *Trichomycterus* com altos índices de distância genética entre si e estruturados geograficamente. Todas as evidências indicam que estas duas linhagens tratam de gêneros distintos, propondo assim a criação de um potencial gênero novo. Uma destas linhagens, definida no presente estudo como *Trichomycterus "stricto sensu",* é proveniente da porção leste da bacia do Paraná, contempla a porção de ocorrência da espécie-tipo do gênero *T. nigricans* e compreende a distribuição sul das linhagens. O gênero novo está distribuído ao norte de sua distribuição, em simpatria com *Trichomycterus "stricto sensu"* na porção das cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul.

Em táxons altamente diversos e com dificuldades taxonômicas inerentes do grupo, como é o caso de Trichomycterinae, torna-se uma conveniência utilizar a localidade-tipo como ponto de partida para inferir a distribuição da espécie. Assim, quando há apenas uma espécie descrita numa determinada bacia, presume-se que os espécimes encontrados ao longo dela se refiram a tal espécie. Além disso, tendo em vista que a distribuição de muitas espécies de *Trichomycterus* se limita a sua localidade-tipo, assume-se uma distribuição muito restrita das espécies. Porém, numa análise um pouco mais detalhada, é possível encontrar simpatria e sintopia de ocorrência em muitas regiões biogeográficas (tais como bacias), inclusive nas regiões das localidades-tipo. Com isso, a dificuldade em delimitar as espécies e sua respectiva distribuição se torna muitas vezes impraticável, principalmente neste grupo, em que há muitos problemas taxonômicos. Por isso, a análise das relações filogenéticas de grupos, com a determinação morfológica de espécies diagnosticáveis, é o ponto de partida para estudos sobre a história evolutiva das linhagens, tais como bio e filogeográficos.

Incertezas taxonômicas são muito comuns entre as espécies de *Trichomycterus*, visto que muitas delas não são de fácil distinção, ou a diagnose não permite identificar os espécimes em nível específico. Com isso, para grupos complexos e altamente diversos, como o gênero *Trichomycterus*, é prudente partir de uma perspectiva filogenética para definição de entidades evolutivas, visto que morfologicamente é difícil distinguir se as diferenças encontradas se tratariam de distinções em nível populacional ou específico.

A partir da delimitação do grupo monofilético ao qual a espécie integra, o universo amostral a ser analisado se restringe, facilitando, por exemplo, a descrição de novas espécies. Isso porque é inviável a análise comparativa das 161 espécies do gênero. Haja vista as inúmeras identificações morfológicas equivocadas dos espécimes utilizados neste estudo, incluindo gêneros distintos, ficam evidentes as dificuldades em distinguir as espécies, principalmente porque muitas delas se encontram

distribuídas em simpatria ou sintopia umas com as outras. No entanto, em nosso estudo, sugerimos que sejam evitadas descrições que não apresentem base nos dados filogenéticos apresentados e conhecidos, bem como contrastar as novas espécies com todos os representantes do grupo monofilético que integra a sua área geográfica de abrangência, de forma a confirmar a validade da potencial espécie nova.

Além disso, recomendamos a verificação da divergência genética das entidades abrangendo uma amostragem representativa. Isso porque em nosso estudo foi verificado que grupos bem amostrados apresentam um gradiente de divergência, que, se amostrado apenas uma pequena parte de sua diversidade, fica sujeito a encontrar distâncias genéticas muito discrepantes entre os espécimes, perdendo-se tal gradiente. Em grupos mais amostrados, mesmo com valores de distância altos entre alguns haplótipos, no conjunto total dos dados, o grupo monofilético se mostra consistente com uma entidade evolutiva diagnosticável com sinapomorfias moleculares, que, a priori, no presente estudo foi classificado em nível de espécie. Isso faz com que as discrepâncias encontradas sejam diluídas com um conjunto de dados maior.

Como dentro dessas entidades bem amostradas há poucos indivíduos com distâncias discrepantes, mas integrando o mesmo grupo monofilético, é possível que este viés seja inerente da história evolutiva da linhagem, que possivelmente apresenta fidelidade de sítio ou baixa vagilidade, o que dificulta o fluxo gênico de determinadas populações dentro destas espécies. Isso explicaria a presença de animais do mesmo clado e geograficamente próximos com distâncias genéticas altas entre si. No caso de espécies pouco amostradas, os grupos monofiléticos mostraram o mesmo padrão. No entanto, devido à falta do gradiente amostral, as discrepâncias são potencializadas. Por isso, adotamos o mesmo critério de corte das distâncias genéticas dos filogenéticos e as categorizamos em nível específico.

Desta forma, sugere-se como referencial o valor máximo de 3,2% para distância intraespecífica, enquanto para distância entre espécies foi utilizado valores acima de 4%. Para distinção de gêneros filogeneticamente próximos, adotou-se o ponto de corte de no mínimo 11,8%, enquanto valores acima de 18% representariam distinção entre famílias. Embora o presente estudo tenha preenchido diversas lacunas no conhecimento taxonômico do grupo, foram evidenciadas questões que merecem investigação futura, tendo em vista as dúvidas sobre potenciais novos gêneros até então classificados no gênero *Trichomycterus*. Além disso, a inclusão de outras espécies em uma análise filogenética futura pode evidenciar questões sobre a história evolutiva do grupo ainda desconhecidas.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABELL R, THIEME LM, REVENGA C, BRYER M, KOTTELAT M, *et al.* (2008) Freshwater Ecoregions of the World: A New Map of Biogeographic Units for Freshwater Biodiversity Conservation. BioScience, v.58, n.2, p.403-414.

BANDELT HJ, FORSTER P, RÖHL A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Mol Biol Evol., v.16, n.1, p.37-48.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2010) Seven new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from southeastern Brazil and redescription of *T. brasiliensis*. Ichthyological Explorations of Freshwaters, v.21, p.97-122.

BRUFORD MW, HANOTTE O, BROOKFIELD JFY, BURKE T (1992) Single-locus and multilocus DNA fingerprinting. In: Molecular genetic analyses of populations: A Pratical Approach. HOELZEL, A. R. (Ed.). Oxford: IRL Press, p. 225-269.

DARRIBA D, TABOADA GL, DOALLO R, POSADA D (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods v. 9, n.8, 772.

DATOVO A & BOCKMANN FA (2010) Dorsolateral head muscles of the catfish families Nematogenyidae and Trichomycteridae (Siluriformes: Loricarioidei): comparative anatomy and phylogenetic analysis. Neotropical Ichthyology, v.8, n.2, p. 193-246.

ENDERSBY J (2009) Lumpers and Splitters: Darwin, Hooker, and the Search for Order. Science, v.326, p.1496-1499.

ESCHMEYER WN & FRICKE R & VAN DER LAAN R (Eds). Catalog of fishes: genera, species, references. Electronic version accessed 20 September 2017. Digital resource at http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp.

FELSENSTEIN J (1985) Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution 39:783-791.

FERRARIS-JR CJ (2007) Checklist of catfishes, recent and fossil (Osteichthyes: Siluriformes), and catalogue of siluriform primary types. Zootaxa, v.1418, p.1-628.

FROESE R & PAULY D (2017). FishBase (version Jun 2017). In: Roskov Y, Abucay L, Orrell T, Nicolson D, Bailly N, Kirk PM, Bourgoin T, DeWalt RE, Decock W, De Wever A, Nieukerken E van, Zarucchi J, Penev L (eds.). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 25th August 2017. Digital resource at www.catalogueoflife.org/col. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. ISSN 2405-8858.

HUELSENBECK JP & RONQUIST F (2001) MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. Bioinformatics, v.17, p.754-755.

KIMURA M (1980) A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution, v.16, p.111-120.

KUMAR S, STECHER G, TAMURA K (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution 33:1870-1874.

LIBRADO P & ROJAS J (2009) DNAsp v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics, v.25, p.1451-1452.

MEHANNA MN (2010) Análise molecular e morfológica de exemplares de *Trichomycterus* Valenciennes, 1832 da chapada dos Guimarães (Bacia do Paraguai) e ensaio sobre o complexo de espécies *Trichomycterus brasiliensis* Lütken,1874. Dissertação (mestrado), Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências de Botucatu. 97p.

NEI M, KUMAR S (2000) Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York.

OCHOA LE, ROXO FF, DO-NASCIMIENTO C, SABAJ MH, DATOVO A, ALFARO M, OLIVEIRA C (2017) Multilocus analysis of the catfish family Trichomycteridae (Teleostei: Ostariophysi: Siluriformes) supporting a monophyletic Trichomycterinae. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.115, p.71-81.

PEREIRA LHG, HANNER R, FORESTI F, OLIVEIRA C (2013) Can DNA barcoding accurately discriminate megadiverse Neotropical freshwater fish fauna? BMC Genetics, v.14:20, p. 1-14.

De PINNA MCC (1989) A new Scarcoglanidine catfish, phylogeny of its subfamily, and an appraisal of the phyletic status of the Trichomycterinae (Teleostei, Trichomycteridae). Am. Mus. Novit., n. 2950, p. 1-39.

DE PINNA MCC (1998) Phylogenetic relationships of Neotropical Siluriformes (Teleostei: Ostariophysi); historical overview and synthesis of hypothesis. Pp. 279- 330. In: MALABARBA LR, REIS RE, VARI RP, LUCENA ZM & LUCENA CAS (Eds.). Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Edipucrs, Porto Alegre, Brazil, 603p.

DE PINNA MCC, WOSIACKI WB (2003) Family Trichomycteridae (pencil or parasitic catfishes). p.270-290. In: REIS RE, KULLANDER SO, FERRARIS-JR CJ (eds.). Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS. 729p.

UIEDA VS, CASTRO RMC (1999) Coleta e fixação de peixes de riacho. p. 1-22. In: CARAMASCHI EP, MAZZONI R, PERES-NETO PR (eds.). Ecologia de peixes de riachos. Série Oecologia Brasiliensis, v. VI, PPGE-UFRJ. Rio de Janeiro, Brasil.

WARD RD, ZEMLAK TS, INNES BH, LAST PR, HEBERT PDN (2005) DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of Royal Society, v. 359, p. 1847-1857.

XIA X, XIE Z, SALEMI M, CHEN L & WANG Y (2003) An index of substitution saturation and its application. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.26, p.1-7.

XIA X (2013) DAMBE5: A comprehensive software package for data analysis in molecular biology and evolution. Mol. Biol. Evol. v.30, n.7, p.1720-1728.

APÊNDICE 1

Relação das amostras utilizadas neste estudo, bem como a localidade, procedência, clado ao qual fazem referência e o haplótipo do gene COI. As amostras estão ordenadas por clado, conforme relação filogenética visualizada na Figura 2. Esta tabela continua nas próximas 19 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. BOLD: Barcode of Life Data System. NCBI: National Center for Biotechnology Information:

N°	ID AMOSTRA	IDENTIFICAÇÃO	ID COLEÇÃO	BACIA	LATITUDE	LONGITUDE	HAPLÓTIPO	CLADO	COLEÇÃO
1	MBML8540_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
2	MBML8540_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
3	MBML8540_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
4	MBML8540_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F058	Clado A1	Coletado
5	MBML8540_6	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
6	MBML8540_7	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
7	MBML8540_9	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
8	MBML8540_10	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
9	MBML4446	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.91	-40.55	F085	Clado A1	MBML
10	MBML4450_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.9	-40.54	F085	Clado A1	MBML
11	MBML4450_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.9	-40.54	F085	Clado A1	MBML
12	MBML4596_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.54	F086	Clado A1	MBML
13	MBML4596_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.54	F086	Clado A1	MBML
14	MBML4603_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
15	MBML4603_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
16	MBML4608_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F057	Clado A1	MBML
17	MBML4608_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
18	MBML4615_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F087	Clado A1	MBML
19	MBML4615_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F086	Clado A1	MBML

20	MBML4615_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F087	Clado A1	MBML
21	MBML4640	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.91	-40.53	F085	Clado A1	MBML
22	MBML5219_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.94	-40.46	F087	Clado A1	MBML
23	MBML6087_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.49	F090	Clado A1	MBML
24	MBML6090_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F091	Clado A1	MBML
25	MBML6090_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F057	Clado A1	MBML
26	MBML6090_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F092	Clado A1	MBML
27	MBML6781	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.5	F057	Clado A1	MBML
28	MBML6784_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F057	Clado A1	MBML
29	MBML6784_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F093	Clado A1	MBML
30	MBML6784_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F093	Clado A1	MBML
31	MBML6788_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F057	Clado A1	MBML
32	MBML6788_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F057	Clado A1	MBML
33	MBML6788_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F094	Clado A1	MBML
34	MBML6788_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F095	Clado A1	MBML
35	MBML6811_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	F093	Clado A1	MBML
36	MBML6811_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	F057	Clado A1	MBML
37	MBML6210_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F003	Clado A1	MBML
38	MBML6210_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F005	Clado A1	MBML
39	MBML6211_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	F007	Clado A1	MBML
40	MBML6822_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.83	-40.56	F009	Clado A1	MBML
41	MBML6822_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.83	-40.56	F009	Clado A1	MBML
42	MBML6833_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
43	MBML6833_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F011	Clado A1	MBML
44	MBML6833_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
45	MBML6833_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
46	MBML6833_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
47	MBML6841_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML

48	MBML6841_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
49	MBML6841_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
50	MBML7681_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
51	MBML7681_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
52	MBML7681_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
53	MBML7681_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F009	Clado A1	Coletado
54	MBML8426_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F005	Clado A1	Coletado
55	MBML8426_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F009	Clado A1	Coletado
56	RD42	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F016	Clado A1	PUCMG
57	RD43	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F017	Clado A1	PUCMG
58	RD44	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F016	Clado A1	PUCMG
59	MBML8191_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F037	Clado A1	Coletado
60	MBML8191_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F037	Clado A1	Coletado
61	MBML8191_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F017	Clado A1	Coletado
62	MBML8191_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F017	Clado A1	Coletado
63	MBML8198_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	F018	Clado A1	Coletado
64	MBML8198_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	F019	Clado A1	Coletado
65	MBML8177	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.72	-41.84	F033	Clado A1	Coletado
66	MBML8181_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F033	Clado A1	Coletado
67	MBML8181_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F034	Clado A1	Coletado
68	MBML8181_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F033	Clado A1	Coletado
69	MBML8185_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F036	Clado A1	Coletado
70	MBML8185_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F036	Clado A1	Coletado
71	MBML8185_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F033	Clado A1	Coletado
72	MBML8185_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F033	Clado A1	Coletado
73	MBML8199_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.4	-41.56	F038	Clado A1	Coletado
74	MBML8211_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F038	Clado A1	Coletado
75	MBML8212_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F040	Clado A1	Coletado

76	LM1871	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.64	-41.8	F049	Clado A1	MNRJ
77	LM1873	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.6	-41.77	F036	Clado A1	MNRJ
78	LM1872	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.48	-41.7	F018	Clado A1	MNRJ
79	LM1874	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.4	-41.51	F038	Clado A1	MNRJ
80	LM4654	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.4	-41.51	F038	Clado A1	MNRJ
81	J117_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	F169	Clado A1	PUCMG
82	J117_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	F169	Clado A1	PUCMG
83	RD79	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.1	-43.39	F159	Clado A1	PUCMG
84	RD155	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.91	-43.46	F152	Clado A1	PUCMG
85	RD172	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.93	-43.44	F154	Clado A1	PUCMG
86	MBML8226	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
87	MBML8152_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-21.03	-41.35	F032	Clado A1	Coletado
88	MBML8152_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-21.03	-41.35	F032	Clado A1	Coletado
89	MBML8225_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
90	MBML8225_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
91	MBML8225_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
92	MBML8225_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
93	MCP44963	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.54	-41.42	F051	Clado A1	PUCRS
94	LM4655	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	MNRJ
95	LM1877	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.71	-41.36	F050	Clado A1	MNRJ
96	LI030	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-44.17	F079	Clado A1	UNESP
97	BOLD-1219991	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F044	Clado A1	Pereira et al. (2010)
98	BOLD-1219992	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F044	Clado A1	Pereira et al. (2010)
99	BOLD-1219993	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
100	BOLD-1219994	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
101	BOLD-1219995	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
102	BOLD-1219996	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
103	BOLD-1219997	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)

104	BOLD-1219998	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F046	Clado A1	Pereira et al. (2010)
105	BOLD-1219999	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
106	MBML6210_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F004	Clado A1	MBML
107	MBML6210_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F006	Clado A1	MBML
108	MBML6211_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	F008	Clado A1	MBML
109	MBML8426_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F004	Clado A1	Coletado
110	MBML8430	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Reis Magos	-19.93	-40.65	F015	Clado A1	Coletado
111	MBML5466_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.26	-40.48	F108	Clado A1	MBML
112	MBML5474_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.25	-40.49	F108	Clado A1	MBML
113	MBML5474_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.25	-40.49	F109	Clado A1	MBML
114	MBML5495_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.28	-40.47	F108	Clado A1	MBML
115	MBML8514_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
116	MBML8519_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
117	MBML8519_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
118	MBML8519_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
119	MBML8526_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
120	MBML8526_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F113	Clado A1	Coletado
121	MBML8526_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
122	MBML8526_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
123	MBML8390_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F041	Clado A1	Coletado
124	MBML8390_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F042	Clado A1	Coletado
125	MBML8390_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F041	Clado A1	Coletado
126	MBML8390_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F043	Clado A1	Coletado
127	LM4653	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F042	Clado A1	MNRJ
128	MBML4603_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F088	Clado A1	MBML
129	MBML4608_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F089	Clado A1	MBML
130	MCP44971	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F089	Clado A1	PUCRS
131	MBML8161_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado

132	MBML8161_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado
133	MBML8161_8	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado
134	CZNC795_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.47	-41.21	F147	Clado A1	CEUNES
135	CZNC795_2 (T17)	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.47	-41.21	F148	Clado A1	CEUNES
136	GG4C4_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F222	Clado A1	UESB
137	MBML7641_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
138	MBML7641_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
139	MBML7641_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
140	MBML7642_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F013	Clado A1	Coletado
141	MBML7642_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F012	Clado A1	Coletado
142	MBML7642_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F012	Clado A1	Coletado
143	MBML7665_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F135	Clado A1	Coletado
144	MBML7665_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
145	MBML7665_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
146	MBML7665_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
147	MBML7665_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
148	MBML7672_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.22	-40.81	F135	Clado A1	Coletado
149	MBML7672_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.22	-40.81	F135	Clado A1	Coletado
150	LI009	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-23.21	-44.79	F078	Clado A1	UNESP
151	LM4640	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.57	-43.05	F185	Clado A1	MNRJ
152	MBML8132_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	F029	Clado A1	Coletado
153	MBML8132_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	F029	Clado A1	Coletado
154	MBML8144_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
155	MBML8144_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
156	MBML8144_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
157	MBML8144_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
158	MBML8149_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	F031	Clado A1	Coletado
159	MBML8149_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	F031	Clado A1	Coletado

160	LM1868	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.71	-41.84	F029	Clado A1	MNRJ
161	MBML6873_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F123	Clado A1	Coletado
162	MBML6873_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F123	Clado A1	Coletado
163	MBML6873_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F124	Clado A1	Coletado
164	MBML6873_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F124	Clado A1	Coletado
165	MBML8211_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F039	Clado A1	Coletado
166	MBML8211_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F039	Clado A1	Coletado
167	MBML8212_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
168	MBML8212_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
169	MBML8212_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
170	MBML8219_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	Coletado
171	MBML8219_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	Coletado
172	MCP44889	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	PUCRS
173	LM1875	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	MNRJ
174	MBML8403_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
175	MBML8403_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
176	MBML8403_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
177	MBML8403_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
178	MBML8403_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
179	MBML9672_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F115	Clado A1	Coletado
180	MBML4431	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.77	-40.63	F002	Clado A2	MBML
181	MBML7642_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	F014	Clado A2	Coletado
182	CT462	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F166	Clado A2	UFV
183	CT463	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F002	Clado A2	UFV
184	CT464	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F157	Clado A2	UFV
185	CT477	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F002	Clado A2	UFV
186	CZNC144_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.64	-40.12	F002	Clado A2	CEUNES
187	CZNC144_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.64	-40.12	F002	Clado A2	CEUNES

188	CZNC168_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
189	CZNC168_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F143	Clado A2	CEUNES
190	CZNC182_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F002	Clado A2	CEUNES
191	CZNC304_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F002	Clado A2	CEUNES
192	CZNC361_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F144	Clado A2	CEUNES
193	CZNC463	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F145	Clado A2	CEUNES
194	CZNC721_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F002	Clado A2	CEUNES
195	CZNC721_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F146	Clado A2	CEUNES
196	CZNC721_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F002	Clado A2	CEUNES
197	CZNC845_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.18	-41.24	F002	Clado A2	CEUNES
198	CZNC845_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.18	-41.24	F002	Clado A2	CEUNES
199	CZNC885_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F146	Clado A2	CEUNES
200	CZNC885_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
201	CZNC885_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
202	CZNC885_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
203	CZNC885_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F143	Clado A2	CEUNES
204	MBML5054_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.98	-40.24	F122	Clado A2	MBML
205	MBML5069_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.9	-40.2	F122	Clado A2	MBML
206	MBML5069_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.9	-40.2	F122	Clado A2	MBML
207	MBML6870	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.53	F122	Clado A2	Coletado
208	MBML6873_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F122	Clado A2	Coletado
209	MBML6889_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	F125	Clado A2	Coletado
210	MBML6889_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	F122	Clado A2	Coletado
211	MBML7221_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
212	MBML7221_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
213	MBML7221_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
214	MBML7221_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
215	MBML7221_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado

216	MBML7236	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.34	-40.16	F126	Clado A2	Coletado
217	MBML7488_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F127	Clado A2	Coletado
218	MBML7488_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F128	Clado A2	Coletado
219	MBML7488_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F129	Clado A2	Coletado
220	MBML7500_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
221	MBML7500_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F130	Clado A2	Coletado
222	MBML7500_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
223	MBML7500_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
224	MBML7500_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F131	Clado A2	Coletado
225	MBML7503	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.73	-40.43	F132	Clado A2	Coletado
226	MBML7512_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F133	Clado A2	Coletado
227	MBML7512_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
228	MBML7512_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
229	MBML7512_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
230	MBML7512_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
231	MBML7517_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.83	-40.14	F134	Clado A2	Coletado
232	MBML7517_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.83	-40.14	F134	Clado A2	Coletado
233	MBML7745_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	F002	Clado A2	Coletado
234	MBML7745_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	F002	Clado A2	Coletado
235	LM4666	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.46	-40.91	F002	Clado A2	MNRJ
236	LGC4100	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
237	LGC4101	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
238	LGC4102	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
239	LGC4103	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
240	RD37	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19	-42.23	F156	Clado A2	PUCMG
241	RD38	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F002	Clado A2	PUCMG
242	RD39	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F002	Clado A2	PUCMG
243	RD40	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F157	Clado A2	PUCMG

244	RD71	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.99	-42.31	F158	Clado A2	PUCMG
245	RD81	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.99	-42.31	F160	Clado A2	PUCMG
246	RD84	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.99	-42.31	F002	Clado A2	PUCMG
247	RD94	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-20.05	-43.39	F002	Clado A2	PUCMG
248	LGC3025	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F002	Clado A2	PUCMG
249	LGC3026	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F002	Clado A2	PUCMG
250	MCP44949	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18	-40.39	F002	Clado A2	PUCRS
251	BOLD-3624645	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.65	-40.65	F137	Clado A2	BOLD
252	BOLD-3624690	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.98	-40.12	F138	Clado A2	BOLD
253	BOLD-3624757	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.65	-40.65	F139	Clado A2	BOLD
254	BOLD-4619863	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F140	Clado A2	BOLD
255	BOLD-4619864	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F141	Clado A2	BOLD
256	BOLD-4619865	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F142	Clado A2	BOLD
257	J90_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
258	J90_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
259	J90_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
260	J97_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F175	Clado A3	PUCMG
261	J97_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F175	Clado A3	PUCMG
262	J97_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F176	Clado A3	PUCMG
263	LGC1609	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.34	-43.15	F180	Clado A3	PUCMG
264	MCP44932	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.99	-42.74	F174	Clado A3	PUCRS
265	J11_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
266	J11_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
267	J11_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
268	J12_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F172	Clado A3	PUCMG
269	J12_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F168	Clado A3	PUCMG
270	J12_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F168	Clado A3	PUCMG
271	J60	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	F167	Clado A3	PUCMG

272	J64	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F173	Clado A3	PUCMG
273	J99_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F167	Clado A3	PUCMG
274	J100	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	F167	Clado A3	PUCMG
275	J104_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F167	Clado A3	PUCMG
276	J104_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F168	Clado A3	PUCMG
277	BR2C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
278	BR2C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
279	BR2C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
280	RC2C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
281	RC2C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
282	RC2C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
283	RC2C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
284	RC2C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
285	RC3C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	UESB
286	RC3C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	UESB
287	RC3C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F223	Clado A3	UESB
288	MBML7198_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	MBML
289	MBML7198_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	MBML
290	MBML7214_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	MBML
291	AB1C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
292	AB1C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
293	AB1C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
294	AB1C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
295	AB1C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
296	AC12C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F218	Clado A3	UESB
297	AC12C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB
298	AC12C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB
299	AC12C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB

300	LGC1620	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.52	-43.03	F181	Clado A3	PUCMG
301	BR2C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F220	Clado A3	UESB
302	GG4C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
303	GG4C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
304	GG4C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
305	GG4C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
306	GG5C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
307	GG5C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
308	GG5C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
309	RD73	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F201	Clado A4	PUCMG
310	RD74	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F202	Clado A4	PUCMG
311	RD75	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F203	Clado A4	PUCMG
312	RD150	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus brasiliensis*	Doce	-19.01	-43.37	F151	Clado A4	PUCMG
313	RD171	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.91	-43.46	F153	Clado A4	PUCMG
314	LGC3024	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F149	Clado A4	PUCMG
315	LGC3027	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F150	Clado A4	PUCMG
316	MBML6822_4	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.83	-40.56	F010	Clado A5	MBML
317	MBML6825	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.83	-40.55	F010	Clado A5	MBML
318	LM4802	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20	-43.5	F155	Clado A5	MNRJ
319	RD36	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19	-42.23	F155	Clado A5	PUCMG
320	J11_1	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F170	Clado A6	PUCMG
321	J11_3	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F171	Clado A6	PUCMG
322	J99_1	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F171	Clado A6	PUCMG
323	LGC1625	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.53	-43.04	F170	Clado A6	PUCMG
324	MCP42400	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F107	Clado B	PUCRS
325	CT746	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
326	CT747	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
327	CT756	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV

328	CT765	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
329	CT766	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
330	CT767	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
331	CT768	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
332	CT769	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
333	CT770	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
334	BOLD-1357150	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F021	Clado B	Carvalho et al (2012)
335	BOLD-1357154	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F021	Clado B	Carvalho et al (2012)
336	BOLD-1357170	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F022	Clado B	Carvalho et al (2012)
337	BOLD-1357171	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F022	Clado B	Carvalho et al (2012)
338	BOLD-1219493	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F023	Clado B	Pereira et al. (2013)
339	BOLD-1219494	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F024	Clado B	Pereira et al. (2013)
340	BOLD-1219495	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F024	Clado B	Pereira et al. (2013)
341	BOLD-1173076	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F096	Clado B	Pereira et al. (2013)
342	BOLD-1173077	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F097	Clado B	Pereira et al. (2013)
343	BOLD-1173078	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F098	Clado B	Pereira et al. (2013)
344	BOLD-1173079	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F099	Clado B	Pereira et al. (2013)
345	BOLD-1173080	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F100	Clado B	Pereira et al. (2013)
346	BOLD-1219512	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F102	Clado B	Pereira et al. (2013)
347	BOLD-1219513	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F103	Clado B	Pereira et al. (2013)
348	BOLD-1219514	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
349	BOLD-1219517	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
350	BOLD-1219518	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
351	BOLD-1219519	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F105	Clado B	Pereira et al. (2013)
352	BOLD-1796623	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F206	Clado B	Silva et al. (2010)
353	BOLD-1796624	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F207	Clado B	Silva et al. (2010)
354	BOLD-1796625	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F208	Clado B	Silva et al. (2010)
355	BOLD-1796626	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F209	Clado B	Silva et al. (2010)

356	LGC1538	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.42	-43.6	F177	Clado B	PUCMG
357	LGC1563	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.6	-43.48	F177	Clado B	PUCMG
358	LGC1604	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.2	-43.12	F179	Clado B	PUCMG
359	LM1857	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.47	-45.97	F226	Clado B	MNRJ
360	LM1861	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
361	LM1862	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
362	LM1863	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
363	MBML9786_1	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F118	Clado B	Coletado
364	MBML9786_2	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F119	Clado B	Coletado
365	MBML9786_4	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F119	Clado B	Coletado
366	LM1351	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.64	-46.16	F025	Clado B	MNRJ
367	LM191	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-22.56	-46.12	F027	Clado B	MNRJ
368	LM4645	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.56	-46.21	F026	Clado B	MNRJ
369	LM1844	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.57	-46.21	F026	Clado B	MNRJ
370	LM4647	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.32	-46.37	F227	Clado B	MNRJ
371	BOLD-1796627	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F210	Clado B	Silva et al. (2010)
372	BOLD-1796628	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F211	Clado B	Silva et al. (2010)
373	BOLD-1796629	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F212	Clado B	Silva et al. (2010)
374	BOLD-1796621	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n1*	Paraná	-20.23	-46.66	F204	Clado B	Silva et al. (2010)
375	BOLD-1796622	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n1*	Paraná	-20.28	-46.582	F205	Clado B	Silva et al. (2010)
376	MBML8184_4	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brunoi*	Itabapoana	-20.43	-41.86	F035	Clado B	Coletado
377	BOLD-1219505	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus paolence*	Paraná	-23.77	-46.76	F117	Clado B	Pereira et al. (2013)
378	BOLD-1219515	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus vermiculatus*	Paraná	-21.32	-46.5	F229	Clado B	Pereira et al. (2013)
379	LM4651	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus nigroauratus*	Paraíba do Sul	-22.9	-44.18	F106	Clado C1	MNRJ
380	BOLD-1219978	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
381	BOLD-1219979	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
382	BOLD-1219980	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
383	BOLD-1219981	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)

384	BOLD-1219982	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
385	BOLD-1219983	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
386	BOLD-1219984	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
387	BOLD-1219985	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F080	Clado C1	Pereira et al. (2010)
388	BOLD-1219986	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
389	BOLD-1219987	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
390	BOLD-1219988	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
391	BOLD-1219989	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F082	Clado C1	Pereira et al. (2010)
392	BOLD-1219990	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
393	BOLD-1220000	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F061	Clado C1	Pereira et al. (2010)
394	BOLD-1220001	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
395	BOLD-1220002	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
396	BOLD-1220003	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
397	BOLD-1220004	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F063	Clado C1	Pereira et al. (2010)
398	BOLD-1220010	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F064	Clado C1	Pereira et al. (2010)
399	BOLD-1220011	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F065	Clado C1	Pereira et al. (2010)
400	BOLD-1220012	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
401	BOLD-1220013	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F064	Clado C1	Pereira et al. (2010)
402	BOLD-1220014	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
403	BOLD-1220015	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
404	BOLD-1220016	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F065	Clado C1	Pereira et al. (2010)
405	BOLD-1220017	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F066	Clado C1	Pereira et al. (2010)
406	BOLD-1413208	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.8	-44.83	F083	Clado C1	Pereira et al. (2010)
407	BOLD-1413209	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.8	-44.83	F084	Clado C1	Pereira et al. (2010)
408	MBML8139	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.98	-41.65	F030	Clado C2.1	Coletado
409	MBML8172_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
410	MBML8172_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
411	MBML8172_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado

412	MBML8172_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
413	MBML8172_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
414	MBML8199_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.4	-41.56	F030	Clado C2.1	Coletado
415	MBML8219_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	Coletado
416	MBML8219_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	Coletado
417	MBML8390_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F030	Clado C2.1	Coletado
418	LM1869	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.68	-41.83	F047	Clado C2.1	MNRJ
419	LM1870	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.68	-41.83	F048	Clado C2.1	MNRJ
420	LM1876	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	MNRJ
421	LM4652	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus travassosi*	Paraíba do Sul	-22.84	-44.2	F224	Clado C2.1	MNRJ
422	MBML6943_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.4	-40.76	F110	Clado C2.2	MBML
423	MBML6943_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.4	-40.76	F110	Clado C2.2	MBML
424	MBML8407	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.3	-41.04	F110	Clado C2.2	Coletado
425	MBML8417_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
426	MBML8417_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F112	Clado C2.2	Coletado
427	MBML8417_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
428	MBML8417_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
429	MBML8423_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
430	MBML8423_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
431	MBML8423_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
432	MBML9634_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F114	Clado C2.2	Coletado
433	MBML9634_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
434	MBML9662_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
435	MBML9662_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
436	MBML9667_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.35	-40.98	F110	Clado C2.2	Coletado
437	MBML9667_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.35	-40.98	F110	Clado C2.2	Coletado
438	MBML9672_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F114	Clado C2.2	Coletado
439	MBML9672_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F114	Clado C2.2	Coletado

440	MBML9688_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.32	-41.07	F116	Clado C2.2	Coletado
441	MBML9688_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.32	-41.07	F114	Clado C2.2	Coletado
442	BOLD-1219496	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.32	-47.23	F120	Clado D	Pereira et al. (2013)
443	BOLD-1219621	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.38	-46.47	F121	Clado D	Pereira et al. (2013)
444	BOLD-1219622	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.38	-46.47	F121	Clado D	Pereira et al. (2013)
445	MCP42387	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-21.3	-43.61	F195	Clado D	PUCRS
446	LM4641	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.56	-46.21	F028	Clado D	MNRJ
447	LM4642	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.57	-46.21	F028	Clado D	MNRJ
448	BOLD-1357151	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
449	BOLD-1357152	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
450	BOLD-1357153	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
451	LM4649	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.46	-44.53	F187	Clado E	MNRJ
452	BOLD-1220005	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F067	Clado E	Pereira et al. (2010)
453	BOLD-1220006	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
454	BOLD-1220007	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
455	BOLD-1220008	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
456	BOLD-1220009	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F067	Clado E	Pereira et al. (2010)
457	BOLD-1219501	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F069	Clado E	Pereira et al. (2013)
458	BOLD-1219523	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.51	-45.85	F072	Clado E	Pereira et al. (2013)
459	BOLD-1219524	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
460	BOLD-1219525	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
461	BOLD-1219526	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F074	Clado E	Pereira et al. (2013)
462	BOLD-1219527	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
463	BOLD-1219502	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F070	Clado E	Pereira et al. (2013)
464	BOLD-1219504	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F070	Clado E	Pereira et al. (2013)
465	BOLD-1219522	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F071	Clado E	Pereira et al. (2013)
466	BOLD-1219528	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F075	Clado E	Pereira et al. (2013)
467	BOLD-1219529	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F075	Clado E	Pereira et al. (2013)

468	BOLD-1219530	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F076	Clado E	Pereira et al. (2013)
469	BOLD-1219531	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F076	Clado E	Pereira et al. (2013)
470	BOLD-1219532	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F077	Clado E	Pereira et al. (2013)
471	LM1848	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	Paraná	-20.6	-46.13	F225	Clado F1	MNRJ
472	LM4646	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	Paraná	-20.6	-46.13	F225	Clado F1	MNRJ
473	LM1859	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.37	-45.95	F183	Clado F1	MNRJ
474	LM1860	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.37	-45.95	F183	Clado F1	MNRJ
475	BOLD-1365085	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-19.46	-43.86	F165	Clado F1	Carvalho et al (2012)
476	LM4648	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.35	-46.32	F228	Clado F1	MNRJ
477	BOLD-1796630	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.n4*	Paraná	-20.28	-46.58	F213	Clado F1	Pereira et al. (2013)
478	BOLD-1796631	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.n4*	Paraná	-20.23	-46.66	F214	Clado F1	Pereira et al. (2013)
479	LI067	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Paraná	-22.46	-45.35	F182	Clado F2	UNESP
480	LI068	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Paraná	-22.46	-45.35	F182	Clado F2	UNESP
481	MCP21231	*Trichomycterus perkos*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.48	-53.28	F188	Clado G1	PUCRS
482	MCP46774	*Trichomycterus perkos*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-27.66	-52.4	F200	Clado G1	PUCRS
483	MCP21454	*Trichomycterus poikilos*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.1	-53.2	F189	Clado G2	PUCRS
484	MCP44225	*Trichomycterus poikilos*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.78	-45.45	F198	Clado G2	PUCRS
485	MCP22397	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.09	-50.62	F191	Clado G3	PUCRS
486	MCP37334	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.28	-50.73	F193	Clado G3	PUCRS
487	MCP41292	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.27	-50.24	F193	Clado G3	PUCRS
488	MCP44180	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-27.34	-52.73	F197	Clado G3	PUCRS
489	MCP22581	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus sp.*	Iguaçu	-25.6	-51.83	F192	Clado H	PUCRS
490	LM4644	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus sp.*	Ribeira do Iguape	-25.18	-48.29	F186	Clado H	MNRJ
491	BOLD-1173072	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F052	Clado H	Pereira et al. (2013)
492	BOLD-1173073	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F053	Clado H	Pereira et al. (2013)
493	BOLD-1173074	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F054	Clado H	Pereira et al. (2013)
494	BOLD-1173075	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F055	Clado H	Pereira et al. (2013)
495	BOLD-1175665	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Paraná	-22.94	-48.58	F056	Clado H	Pereira et al. (2013)
496	MCP40023	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-26.55	-52.31	F194	Clado I	PUCRS

497	MCP42764	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Amazonas - Madeira	-9.651	-65.56	F196	Grupo externo	PUCRS
498	LM4650	*Ituglanis amazonicus*	*Ituglanis amazonicus*	Amazonas - Uruará	-3.736	-53.8	F230	Grupo externo	MNRJ
499	BOLD-1796633	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.n6*	Paraná	-20.14	-46.67	F216	Grupo externo	Pereira et al. (2013)
500	BOLD-6120094	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Parnaíba	-4.874	-43.34	F164	Grupo externo	BOLD
501	BOLD-6120095	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Parnaíba	-4.874	-43.34	F164	Grupo externo	BOLD
502	BOLD-1219482	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
503	BOLD-1219483	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
504	BOLD-1219484	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
505	BOLD-1219485	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F232	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
506	BOLD-1219486	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
507	LM4643	*Listrura boticario*	*Listrura boticario*	Paraná	-25.32	-48.67	F233	Grupo externo	MNRJ
508	LM2267	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
509	LM2268	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
510	LM2269	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
511	BOLD-2951415	*Listrura costai*	*Listrura costai*	Paraíba do Sul	-22.92	-44.31	F235	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
512	BOLD-3014092	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F239	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
513	BOLD-3014093	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
514	BOLD-3014094	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
515	BOLD-3014095	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
516	BOLD-3014096	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
517	BOLD-3019693	*Listrura picinguabae*	*Listrura picinguabae*	Paraná			F237	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
518	BOLD-3019694	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
519	BOLD-3019695	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
520	BOLD-3019698	*Listrura nematopteryx*	*Listrura nematopteryx*	Paraná			F236	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
521	BOLD-3019699	*Listrura picinguabae*	*Listrura picinguabae*	Paraná			F237	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
522	BOLD-3019700	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
523	EU359428	*Nematogenys inermis*	*Nematogenys inermis*				F241	Grupo externo	NCBI

APÊNDICE 2

Relação das 161 espécies de *Trichomycterus* descritas e ordenadas em ordem alfabética, bem como a respectiva localidade-tipo, distribuição, autor e referência da informação. * Referente ao dado do holótipo da espécie-tipo. Esta tabela segue nas próximas sete páginas:

#	ESPÉCIE	BACIA	LOCALIDADE	LATITUDE	LONGITUDE	AUTOR	LOTE*	REFERÊNCIA
1	*T. aguarague*	-	Tarija, Bolívia	-21.5	-64	Fernández & Osinaga, 2006	MNKP4012	Descrição
2	*T. albinotatus*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.5	-44.25	Costa, 1992	MZUPS42312	Descrição
3	*T. alternatus*	Doce	Espírito Santo, Brasil	-19.423	-40.056	Eigenmann 1918 (redescrito Trinques & Vono, 2004)	FMNH58082	Redescrição
4	*T. alterus*	Los Sauces	Argentina	-29.433	-66.85	Marini, Nichols & La Monte, 1933 (redescrito por Fernandez & Vari, 2002)	AMNH12241	Descrição
5	*T. anhanga*	Amazonas (Madeira)	Amazonas, Brasil	-5.12	-60.379	Dutra, Wosiacki & De Pinna, 2012	INPA25125	Descrição
6	*T. areolatus*	-	Chile	-33.45	-70.666	Valenciennes, 1846	MNHN3167	De Pinna & Wosiacki, 2003
7	*T. argos*	Doce	Minas Gerais, Brasil	-20.721	-42.478	Lezama, Triques & Santos, 2012	DZUFMG103	Descrição
8	*T. arleoi*	-	Venezuela	-10.583	-63.3	Fernández-Yépez, 1972	-	De Pinna & Wosiacki, 2003
9	*T. atochae*	Atocha	Bolívia	-20.876	-66.445	Eigenmann & Allen, 1942	CAS64576	De Pinna & Wosiacki, 2003
10	*T. auroguttatus*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.5	-44.25	Costa, 1992	MZUSP43341	Descrição
11	*T. bahianus*	Una	Bahia, Brasil	-15.583	-39.333	Costa, 1992	MZUSP43340	Descrição
12	*T. balios*	Caí	Rio Grande do Sul, Brasil	-29.362	-50.521	Fernandez & Malabarba, 2013	UFRGS16229	Descrição
13	*T. ballesterosi*	Sinú	Meta, Colômbia	4.239	-73.449	Ardila-Rodríguez, 2011	CAR400	Castellanos-Morales, 2012
14	*T. banneaui*	Magdalena	Tolimã, Colômbia	5.174	-74.757	Eigenmann, 1912	FMNH56025	Castellanos-Morales, 2012
15	*T. barbouri*	Beni	Bolívia	-10.383	-65.4	Eigenmann, 1911 (redescrito por Fernandez, 2000)	MCZ29313	Redescrição, De Pinna & Wosiacki, 2003
16	*T. belensis*	Laguna Blanca	Argentina	-26.5	-67.05	Fernandez & Vari, 2002	FML2530	Descrição
17	*T. bogotensis*	Bogota	Colômbia	4.683	-75.933	Eigenmann, 1912	FMNH56030	De Pinna & Wosiacki, 2003
18	*T. bomboizanus*	Bomboiza	Equador	-3.416	-78.483	Tortonese, 1942	MZUT3553	De Pinna & Wosiacki, 2003
19	*T. borellii*	-	Argentina	-27	-67	Boulenger, 1897	BMNH1897.1.27.26	De Pinna & Wosiacki, 2003
20	*T. boylei*	Rio Grande	Argentina	-23.383	-65.383	Nichols, 1956 (redescrito	AMNH202	Redescrição; De Pinna

						por Arratia & Menu-Marque, 1984)	99	& Wosiacki, 2003
21	*T. brachykechenos*	Jacuí	Rio Grande do Sul, Brasil	-29.762	-50.327	Fernandez & Malabarba, 2013	MCN18929	Descrição
22	*T. brasiliensis*	São Francisco (Rio das Velhas)	Minas Gerais, Brasil	-17.166	-44.516	Lutken, 1874 (redescrito por Barbosa & Costa, 2010)	MNHN1889-0303	Redescrição; Buckup, 2007
23	*T. brunoi*	Itabapoana	Minas Gerais, Brasil	-20.431	-41.699	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ 6030	Descrição
24	*T. cachiraensis*	Magdalena	Colômbia	7.746	-73.051	Ardila-Rodríguez, 2008	CAR125	Descrição
25	*T. caipora*	Macabu	Rio de Janeiro, Brasil	-22.081	-41.981	Lima, Lazzarotto & Costa, 2008	UFRJ6583	Descrição
26	*T. caliensis*	Calima	Colômbia	3.45	-76.516	Eigenmann, 1912	FMNH56029	De Pinna & Wosiacki, 2003
27	*T. candidus*	Paraná (Rio Grande)	Minas Gerais, Brasil	-21.1	-46.2	Miranda Ribeiro, 1949 (redescrito por Barbosa & Costa, 2003)	MNRJ5209	Redescrição
28	*T. castroi*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-25.433	-49.1	De Pinna, 1992	MZUSP36964	Descrição
29	*T. catamarcensis*	Laguna Blanca	Argentina	-26.5	-67.05	Fernández & Vari, 2000	FML2507	Descrição
30	*T. caudofasciatus*	Itabapoana	Minas Gerais, Brasil	-20.431	-41.865	Alencar & Costa, 2004	UFRJ6002	Descrição
31	*T. celsae*	Kukenan	Venezuela	5.108	-60.83	Lasso & Provenzano, 2003	MHNLS6453	Descrição
32	*T. chaberti*	Umaylanta	Bolívia	-18.116	-65.766	Durand, 1968	MNHN 1968-0217	De Pinna & Wosiacki, 2003
33	*T. chapmani*	Boquia	Colômbia	4.683	-75.483	Eigenmann, 1912	FMNH56027	De Pinna & Wosiacki, 2003
34	*T. chiltoni*	Biobio	Chile	-36.816	-73.05	Eigenmann, 1928	CAS57596	De Pinna & Wosiacki, 2003
35	*T. chungaraensis*	-	Chile	-18.247	-69.162	Arratia, 1983	FFSUC IC 290878A	De Pinna & Wosiacki, 2003
36	*T. claudiae*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.666	-44.033	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ5684	Descrição
37	*T. concolor*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-16.083	-46.583	Costa, 1992	MZUSP43347	Descrição
38	*T. conradi*	-	Guiana e Venezuela	5.3	-59.3	Eigenmann, 1912	FMNH53721	De Pinna & Wosiacki, 2003
39	*T. corduvensis*	Primeiro River	Argentina	-31.33	-63.61	Weyenbergh, 1877	MSNG9020	De Pinna & Wosiacki, 2003
40	*T. crassicaudatus*	Iguaçu	Paraná, Brasil	-25.795	-52.093	Wosiacki & De Pinna, 2008	MZUSP88518	Descrição
41	*T. dali*	Paraguai	Mato Grosso do Sul, Brasil	-21.153	-56.72	Rizzato, Costa-Jr, Trajano & Bichuette, 2011	MZUSP106630	Descrição
42	*T. davisi*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-25.583	-49.5	Haseman, 1911	FMNH60309	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
43	*T. diabolus*	Paraná (Paranapanema)	São Paulo, Brasil	-22.591	-52.243	Bockmann, Casatti & De Pinna, 2004	MZUSP78860	Descrição; Ferraris-Jr, 2007
44	*T. diatropoporos*	Jacuí	Rio Grande do Sul, Brasil	-28.634	-51.614	Fernandez & Malabarba, 2013	MCP46947	Descrição
45	*T. dispar*	-	Peru	-1.54	-76.95	Tschudi, 1846	MHNN767	De Pinna & Wosiacki, 2003

46	*T. dorsostriatum*	-	Colômbia	4.15	-73.61	Eigenmann, 1917	FMNH58096	De Pinna & Wosiacki, 2003
47	*T. duellmani*	Tupiza	Bolívia	-22.55	-65.75	Arratia & Menu-Marque, 1984	KU20191	Descrição; De Pinna & Wosiacki, 2003
48	*T. emanueli*	Chama	Venezuela	-9.05	-71.61	Schultz, 1944	USNM121223	De Pinna & Wosiacki, 2003
49	*T. fassli*	Songo	Bolívia	-16	-67.5	Steindachner, 1915	NMW 44470	De Pinna & Wosiacki, 2003
50	*T. fuliginosus*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-21.933	-41.95	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ6029	Descrição
51	*T. gabrieli*	Amazonas (rio Negro)	Amazonas, Brasil	-0.083	-67	Myers, 1926	CAS64583	De Pinna & Wosiacki, 2003; Ferraris-Jr, 2007
52	*T. gasparinii*	Reis Magos	Espírito Santo, Brasil	-19.916	-40.473	Barbosa, 2013	UFRJ8157	Descrição
53	*T. giganteus*	Guandu	Rio de Janeiro, Brasil	-22.86	-43.56	Lima & Costa, 2005	UFRJ5999	Descrição
54	*T. goeldii*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.38	-42.96	Boulenger, 1896	BMNH1896.7.4.7-8	De Pinna & Wosiacki, 2003
55	*T. gorgona*	Gorgona - ilha do Pacífico	Colômbia	2.98	-78.19	Fernández & Schaefer, 2005	ANSP149946	Descrição, Ferraris-Jr, 2007; Nascimiento, Prada-Pedreros & Guerrero-Kommritz, 2014
56	*T. guaraquessaba*	Paraná	Paraná, Brasil	-25.16	-48.26	Wosiacki, 2005	MPEG 7916	Descrição
57	*T. guianense*	Potaro	Guiana	5	-59.5	Eigenmann, 1909	FMNH52676	De Pinna & Wosiacki, 2003
58	*T. hasemani*	Amazonas	Pará, Brasil	-2.5	-54.833	Eigenmann, 1914	FMNH56424	De Pinna & Wosiacki, 2003
59	*T. heterodontus*	Mendoza	Argentina	-33.05	-68.56	Eigenmann, 1917	CAS 58139	De Pinna & Wosiacki, 2003
60	*T. hualco*	La Rioja Province	Argentina	-28.58	-67.18	Fernandez & Vari, 2009	FML2601	Descrição
61	*T. igobi*	-	Paraná, Brasil	-25.46	-51.93	Wosiacki & De Pinna, 2008	MPEG13352	Descrição
62	*T. iheringi*	Paraná (Tietê)	São Paulo, Brasil	-23.7	-46.41	Eigenmann, 1917 (redescrito por Wosiacki, 2005)	CAS64585	Redescrição; De Pinna & Wosiacki, 2003
63	*T. immaculatus*	Paraíba do Sul	Minas Gerais, Brasil	-21.666	-43.416	Eigenmann & Eigenmann, 1889	MCZ8300	De Pinna & Wosiacki, 2003
64	*T. itacambirussu*	Jequitinhonha	Minas Gerais, Brasil	-16.55	-42.75	Triques & Vono, 2004	MZUSP58493	Descrição
65	*T. itacarambiensis*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-15.101	-44.158	Trajano & De Pinna, 1996	MZUSP42469	De Pinna & Wosiacki, 2003
66	*T. itatiayae*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.45	-44.833	Miranda Ribeiro, 1906 (redescrito por Caramaschi & Caramaschi, 1991 e por Barbosa & Costa, 2008)	MNRJ792 (lectótipo)	Redescrições; De Pinna & Wosiacki, 2003
67	*T. jacupiranga*	Ribeira do Iguape	São Paulo, Brasil	-24.615	-48.05	Wosiacki & Oyakawa, 2005	MZUSP67818	Descrição
68	*T. jequitinhonhae*	Jequitinhonha	Minas Gerais, Brasil	-16.75	-42.3	Triques & Vono, 2004	MZUSP58497	Descrição

69	*T. johnsoni*	Paraná	Mato Grosso, Brasil	-16.666	-57.666	Fowler, 1932	ANSP53873	De Pinna & Wosiacki, 2003
70	*T. knerii*	Amazonas	Equador	-1.58	-77.75	Steindachner, 1882	NMW43328 (síntipo)	De Pinna & Wosiacki, 2003
71	*T. landinga*	Jequitinhonha	Minas Gerais, Brasil	-16.75	-42.583	Triques & Vono, 2004	MZUSP58496	Descrição
72	*T. latidens*	Calima	Colômbia	4.133	-77.066	Eigenmann, 1917	IU13801	De Pinna & Wosiacki, 2003
73	*T. latistriatus*	Quebrada de Pinchote	Colômbia	6.533	-73.2	Eigenmann, 1917	FMNH58449	De Pinna & Wosiacki, 2003
74	*T. laucaensis*	Lauca	Chile	-18.216	-69.3	Arratia, 1983	FFSUCIC160878A	De Pinna & Wosiacki, 2003
75	*T. lewi*	Kukenan	Venezuela	-51.083	-60.83	Lasso & Provenzano, 2003	MHNLS6454	Descrição
76	*T. longibarbatus*	Reis Magos	Espírito Santo, Brasil	-19.833	-40.416	Costa, 1992	MZUSP43339	Descrição
77	*T. macrophthalmus*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.66	-44.033	Barbosa & Costa, 2012	UFRJ6003	Descrição
78	*T. macrotrichopterus*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-20.216	-46.366	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ6031	Descrição
79	*T. maculosus*	Paraíba do Sul	São Paulo, Brasil	-22.924	-45.98	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ6033	Descrição
80	*T. maldonadoi*	Sinú	Colômbia	8.187	-76.055	Ardila-Rodríguez, 2011	CAR380	Castellanos-Morales & Galvis, 2012
81	*T. maracaiboensis*	Mene Grande	Venezuela	9.816	-70.933	Schultz, 1944	USNM121227	De Pinna & Wosiacki, 2003
82	*T. maracaya*	Pardo	Minas Gerais, Brasil	-21.779	-43.56	Bockmann & Sazima, 2004	ZUEC6137	Descrição
83	*T. mariamole*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.395	-44.529	Barbosa & Costa, 2010	UFRJ6026	Descrição
84	*T. mboycy*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-25.75	-52.166	Wosiacki & Garavello, 2004	MPEG6695	Ferraris-Jr, 2007; Baumgartner et al., 2012
85	*T. megantoni*	Ucayali	Peru	-12.259	-72.32	Fernandez & Chuquihuamani, 2007	MUSM29631	Descrição
86	*T. meridae*	Albireggas	Venezuela	8.6	-71.133	Regan, 1903	BMNH1903.4.28.35-38	De Pinna & Wosiacki, 2003
87	*T. migrans*	Orinoco	Colômbia	3.271	-73.087	Dahl, 1960	ICNMHN399	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
88	*T. mimonha*	Paraíba do Sul	São Paulo, Brasil	-22.833	-45.166	Costa, 1992	MZUSP43343	Descrição
89	*T. mimosensis*	Itabapoana	Espírito Santo, Brasil	-21.073	-41.306	Barbosa, 2013	UFRJ 8156	Descrição
90	*T. minus*	Cuevas	Argentina	-27.066	-66.65	Fernandez & Vari, 2012	MCN1528	Descrição
91	*T. mirissumba*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.5	-44.25	Costa, 1992	MZUSP43345	Descrição
92	*T. mondolfi*	Tuy	Venezuela	10.4	-65.983	Schultz, 1945	USNM120377	De Pinna & Wosiacki, 2003
93	*T. motatanensis*	Maracaibo	Venezuela	9.816	-70.933	Schultz, 1944	USNM121232	De Pinna & Wosiacki, 2003
94	*T. naipi*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-25.916	-49.183	Wosiacki & Garavello,	MPEG669	Ferraris-Jr, 2007;

						2004	9	Buckup, 2007
95	*T. nigricans*	Itapocu	Santa Catarina, Brasil	-26.166	-48.583	Valenciennes, 1832 (redescrito por Arratia, 1998)	MNHNB-0251	Redescrição; De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
96	*T. nigroauratus*	Paraíba do Sul	São Paulo, Brasil	-22.674	-44.58	Barbosa & Costa, 2008	UFRJ6034	Descrição
97	*T. nigromaculatus*	Magdalena e rios do Sistema Caribenho	Colômbia	5.454	-73.361	Boulenger, 1887	BMNH1880.2.26.16-17	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012; IUCN-RedList, 2016
98	*T. novalimensis*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-19.983	-43.85	Barbosa & Costa, 2010	MZUSP104536	Descrição
99	*T. oroyae*	Oroya	Peru	-11.525	-75.898	Eigenmann & Eigenmann, 1889	MCZ3955 (síntipo)	De Pinna & Wosiacki, 2003
100	*T. pantherinus*	Santa Maria da Vitória	Espírito Santo, Brasil	-20.054	-40.533	Alencar & Costa, 2004	UFRJ 6001	Descrição
101	*T. paolence*	Paraná (Tietê)	São Paulo, Brasil	-23.5	-46.166	Eigenmann, 1917	FMNH58085	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
102	*T. papilliferus*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-25.75	-52.166	Wosiacki & Garavello, 2004	-	Buckup, 2007
103	*T. paquequerense*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.5	-43	Miranda Ribeiro, 1946	MNRJ1159	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
104	*T. pauciradiatus*	Paraná	Minas Gerais, Brasil	-21.444	-44.6	Alencar & Costa, 2006	UFRJ5831	Descrição
105	*T. payaya*	Itapicuru	Bahia, Brasil	-11.338	-40.606	Sarmento-Soares, Zanata & Martins-Pinheiro, 2011	MNRJ36665	Descrição
106	*T. perkos*	Paraná (Paranapanema e Uruguai)	Rio Grande do Sul, Brasil	-28.235	-52.414	Datovo, Carvalho & Ferrer, 2012	MCP46679	Descrição
107	*T. pirabitira*	Paraná	Minas Gerais, Brasil	-21.142	-46.259	Barbosa & Azevedo-Santos, 2012	UFRJ8335	Descrição
108	*T. piurae*	-	Peru	-5.533	-80.883	Eigenmann, 1922	CAS58119	De Pinna & Wosiacki, 2003
109	*T. plumbeus*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-24.75	-52.166	Wosiacki & Garavello, 2004	-	Buckup, 2007
110	*T. poikilos*	Jacuí	Rio Grande do Sul, Brasil	-29.113	-53.65	Fernandez & Malabarba, 2013	UFRGS16239	Descrição
111	*T. potschi*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.905	-44.113	Barbosa & Costa, 2003	-	Descrição
112	*T. pradensis*	Jucuruçu	Bahia, Brasil	-16.836	-40.144	Sarmento-Soares, Martins-Pinheiro, Aranda & Chamon, 2005	MNRJ28483	Descrição
113	*T. pseudosilvinichthys*	Amarillo	Argentina	-28.916	-67.516	Fernandez & Vari, 2004	ML2588	Descrição
114	*T. punctatissimus*	Tocantins	Tocantins, Brasil	-11.604	-50.687	Castelnau, 1855	MNHNB-0610	De Pinna & Wosiacki, 2003
115	*T. punctulatus*	-	Peru	-12	-76.833	Valenciennes, 1846	MNHN3168	De Pinna & Wosiacki, 2003
116	*T. puriventris*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-21.946	-41.967	Barbosa & Costa, 2012	UFRJ6005	Descrição
117	*T. ramosus*	Laguna Blanca	Argentina	-26.5	-67.05	Fernández, 2000	FML2070	De Pinna & Wosiacki, 2003

118	*T. regani*	San Juan	Colômbia	5.366	-76.416	Eigenmann, 1917	CAS64591	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
119	*T. reinhardti*	São Francisco (Rio das Velhas)	Minas Gerais, Brasil	-20	-47	Eigenmann, 1917	FMNH58081	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
120	*T. retropinnis*	Magdalena	Colômbia	1.878	-76.299	Regan, 1903	MBUCV-V-32797	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
121	*T. riojanus*	La Rioja	Argentina	-30	-67.5	Berg, 1897	MACN5175	De Pinna & Wosiacki, 2003
122	*T. rivulatus*	Titicaca	Peru	-15.8	-69.4	Valenciennes, 1846	MNHNB-0586	De Pinna & Wosiacki, 2003
123	*T. roigi*	Pastos Chicos	Argentina	-23.4	-66.583	Arratia & Menu-Marque, 1984	MLP29-8-83-1	Descrição
124	*T. romeroi*	Honda	Colômbia	5.206	-74.751	Fowler, 1941	ANSP69331	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
125	*T. rubbioli*	São Francisco	Bahia, Brasil	-13.822	-43.956	Bichuette & Rizzato, 2012	MZUSP110977	Descrição
126	*T. rubiginosus*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-20.316	-44.016	Barbosa & Costa, 2010	MZUSP104537	Descrição
127	*T. ruitoquensis*	Magdalena	Colômbia	7.116	-73.05	Ardila-Rodriguez, 2007	CAR340	Descrição
128	*T. sandovali*	Magdalena	Colômbia	6.811	-73.295	Ardila-Rodríguez, 2006	CAR116	Castellanos-Morales & Galvis, 2012
129	*T. santaeritae*	Paraíba do Sul	Rio de Janeiro, Brasil	-22.164	-48.98	Eigenmann, 1918	FMNH58577	De Pinna & Wosiacki, 2003
130	*T. santanderensis*	Magdalena	Colômbia	7.1	-73.22	Castellanos-Morales, 2007	CAC-CDMB072	Castellanos-Morales & Galvis, 2012
131	*T. sketi*	Magdalena	Colômbia	6.839	-73.088	Castellanos-Morales, 2010	ANSP189653	Descrição
132	*T. spegazzinii*	Cachi	Argentina	-24.783	-65.416	Berg, 1897	SMF831	De Pinna & Wosiacki, 2003
133	*T. spelaeus*	Cueva Punto Fijo	Venezuela	-10.952	-74.468	Nascimiento, Villarreal & Provenzano, 2001	MBUCVV29602	De Pinna & Wosiacki, 2003
134	*T. spilosoma*	San Juan - Pacífico	Colômbia	5	-76.733	Regan, 1913	BMNH1910.7.11.106-107	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales, 2012
135	*T. stawiarski*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-26.166	-51.5	Miranda Ribeiro, 1968	MNRJ9739	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
136	*T. steindachneri*	Orinoco	Colômbia	4.519	-73.979	Nascimiento, Prada-Pedreros & Guerrero-Kommritz, 2014	MPUJ4191	Descrição
137	*T. stellatus*	Magdalena - Quebrada Sargento	Colômbia	5.117	-74.666	Eigenmann, 1918	FMNH58101	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
138	*T. straminius*	Quebrada del Mango	Colômbia	6.972	-73.034	Eigenmann, 1917	FMNH58105	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
139	*T. striatus*	Rio Cana	Panamá	8.85	-81.7	Meek & Hilbebrand, 1913	FMNH7579	Ferraris-Jr, 2007
140	*T. taczanowskii*	Rio Tortora bei Chirimoto	Peru	-6.516	-77.4	Steindachner, 1882	NMW43387	De Pinna & Wosiacki, 2003

141	*T. taenia*	Cauca, Magdalena e Pacifico	Equador	-1.829	-78.184	Kner, 1863	NMW 43389	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales, 2012
142	*T. taeniops*	Ucayali	Peru	-4.5	-73.45	Fowler, 1945	ANSP71638	De Pinna & Wosiacki, 2003
143	*T. taroba*	Paraná (Iguaçu)	Paraná, Brasil	-24.75	-52.166	Wosiacki & Garavello, 2004	-	Buckup, 2007
144	*T. tenuis*	Córdoba	Argentina	-31.4	-64.183	Weyenbergh, 1877	MSNG8852 (síntipo)	De Pinna & Wosiacki, 2003
145	*T. tete*	Contas	Bahia, Brasil	-13.495	-41.884	Barbosa & Costa, 2011	UFRJ8062	Descrição
146	*T. therma*	Paraná-Pilcomayo	Bolívia	-19.45	-67.783	Fernandez & Miranda, 2007	CBF8886	Descrição
147	*T. tiraquae*	Paraná-Pilcomayo	Bolívia	-17.403	-65.737	Fowler, 1940	ANSP69126	Fernandez & Miranda, 2007
148	*T. transandianus*	Magdalena	Colômbia	4.85	-75.8	Steindachner, 1915	NMW44475 (síntipo)	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales, 2012
149	*T. trefauti*	São Francisco (Rio das Velhas)	Minas Gerais, Brasil	-18.5	-43.5	Wosiacki, 2004	MZUSP79911	Descrição
150	*T. triguttatus*	Paraíba do Sul	São Paulo, Brasil	-23.322	-46.049	Eigenmann, 1918	FMNH58670	De Pinna & Wosiacki, 2003
151	*T. tropeiro*	Jacuí	Rio Grande do Sul, Brasil	-28.783	-49.966	Ferrer & Malabarba, 2011	MCP46171	Descrição; Ferrer & Malabarba, 2013
152	*T. tupinamba*	Ribeira do Iguape	São Paulo, Brasil	-24.481	-48.646	Wosiacki & Oyakawa, 2005	MZUSP62382	Descrição
153	*T. uisae*	Sogamoso	Colômbia	6.839	-73.088	Castellanos-Morales, 2008	CAC-CDMB	Descrição
154	*T. unicolor*	San Juan - Pacífico	Colômbia	6.433	-76.2	Regan, 1913	BMNH1913.10.1.42-43	De Pinna & Wosiacki, 2003; Castellanos-Morales & Galvis, 2012
155	*T. variegatus*	São Francisco	Minas Gerais, Brasil	-20.333	-46.6	Costa, 1992	MZUSP42316	Descrição
156	*T. venulosus*	Orinoco	Colômbia	4.51	-73.98	Steindachner 1915 (redescrito por Nascimiento, Prada-Pedreros & Guerrero-Kommritz, 2014)	NMW44476	Redescrição
157	*T. vermiculatus*	Paraíba do Sul	Minas Gerais, Brasil	-21.666	-43.416	Eigenmann, 1918	FMNH58077	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007
158	*T. vittatus*	-	Peru	-13.233	-70.4	Regan, 1903	BMNH1902.5.29.210	De Pinna & Wosiacki, 2003
159	*T. weyrauchi*	Ucayali	Peru	-4.5	-73.45	Fowler, 1945	ANSP71639	De Pinna & Wosiacki, 2003
160	*T. yuska*	Transandina	Argentina	-27.233	-68.266	Fernandez & Schaefer, 2003	FML2535	Descrição
161	*T. zonatus*	Paraíba do Sul	São Paulo, Brasil	-23.666	-46.416	Eigenmann, 1918	FMNH58573	De Pinna & Wosiacki, 2003; Buckup, 2007

REFERÊNCIAS DO APÊNDICE 2:

ALENCAR AR & COSTA WJEM (2004) Description of two new species of the catfish genus *Trichomycterus* from southeastern Brazil (Siluriformes: Trichomycteridae). Zootaxa, v.744, p.1-8.

ALENCAR AR & COSTA WJEM (2006) *Trichomycterus pauciradiatus*, a new catfish species from the upper rio Paraná basin, southeastern Brazil (Siluriformes: Trichomycteridae). Zootaxa, v.1269, p.43-49.

ARDILA-RODRIGUEZ CAA (2007) *Trichomycterus ruitoquensis* (Siluriformes: Trichomycteridae) una nueva especie de pez de la cuenca alta del río Lebrija, Departamento de Santander - Colombia. Barranquilla, n.3.

ARDILA-RODRÍGUEZ CAA (2008) *Trichomycterus cachiraensis* (Siluriformes: Trichomycteridae), nueva especie del rio cachira, cuencia del rio Magqalena, Colombia. Dahlia (Rev. Asoc. Colomb. Ictiol.), v.10, p.33-41.

ARRATIA G & MENU-MARQUE S (1984) New catfishes of the genus *Trichomycterus* from the high Andes of South America (Pisces, Siluriformes) with remarks on distribution and ecology. Zoologische Jahrbücher, Systematik, v.111, p.493-520.

ARRATIA G (1998) *Silvinichthys*, a new genus of trichomycterid catfishes from the Argentinian Andes, with redescription of *Trichomycterus nigricans*. Ichthyological Exploration of Freshwaters, v.9, p.347-370.

BARBOSA MA (2013) Description of two new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from the coastal river basins, southeastern Brazil. Vertebrate Zoology, v.63, n.3, p.269-275.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2003) Validade, relações filogenéticas e redescrição de *Eremophilus candidus* Ribeiro, 1949 (Teleostei, Siluriformes, Trichomycteridae). Arquivos do Museu Nacional do Rio de Janeiro, v.61, n.3, p.179-188.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2003) *Trichomycterus potschi* (Siluriformes: Trichomycteridae) a new species of trichomycterid catfish from coastal streams of southeastern Brazil. Ichthyol.Explor.Freshwaters, v.14, n.3, p.281-287.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2008) Description of a new species of catfish from the upper rio Paraíba do Sul basin, south-eastern Brazil (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) and re-description of *Trichomycterus itatiayae.* Aqua International Journal of Ichthyology, v.14, n. 4, p.176-186.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2010) Seven new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from southeastern Brazil and redescription of *T. brasiliensis*. Ichthyological Explorations of Freshwaters, v.21, p.97-122.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2011) Description of a new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from the rio de Contas basin, northeastern Brazil. Vertebrate Zoology, v.61, n.3, p.307-312.

BARBOSA MA & AZEVEDO-SANTOS (2012) A new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from the rio Paraná basin, southeastern Brazil. Vertebrate Zoology, v.62, n.3, p.357-362.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2012) *Trichomycterus macrophthalmus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae), a new species of catfish from the Paraíba do Sul river basin, southeastern Brazil. Vertebrate Zoology, v.62, n.1, p.79-82.

BARBOSA MA & COSTA WJEM (2012) *Trichomycterus puriventris* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae), a new species of catfish from the rio Paraíba do Sul basin, southeastern Brazil. Vertebrate Zoology, v.62, n.2, p.155-160.

BAUMGARTNER G, PAVANELLI, CS, BAUMGARTNER D, BIFI AG, DEBONA T, FRANA, VA (2012) Peixes do baixo rio Iguaçu. Editora da Universidade Estadual de Maringá, 203p (ISBN 978-85-7628-586-1).

BICHUETTE ME & RIZZATO PP (2012) A new species of cave catfish from Brazil, *Trichomycterus rubbioli* sp.n., from Serra do Ramalho karstic area, São Francisco River basin, Bahia State (Silurifomes: Trichomycteridae). Zootaxa, v.3480, p.48-66.

BOCKMANN & SAZIMA (2004) *Trichomycterus maracaya*, a new catfish from the upper rio Paraná, southeastern Brazil (Siluriformes: Trichomycteridae), with notes on the *T. brasiliensis* species-complex. Neotropical Ichthyology, v.2, n.2, p.61-74.

BOCKMANN FA, CASATTI L & DE PINNA MCC (2004) A new species of trichomycterid catfish from the Rio Paranapanema basin, southeastern Brazil (Teleostei: Siluriformes), with comments on the phylogeny of the family. Ichthyological Exploration of Freshwaters, v.15, p.225-242.

BUCKUP PA, MENEZES NA, GHAZZI MA (2007) Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil. Rio de Janeiro: Museu Nacional, Série Livros 23. 195p.

CARAMASCHI EP & CARAMASCHI U (1991) Taxonomic Status of the Trichomycterid Catfish *Trichomycterus itatiayae*. Copeia, v.1, p.222-224.

CASTELLANOS-MORALES CA (2007) *Trichomycterus santanderensis*: A new species of troglomorphic catfish (Siluriformes, Trichomycteridae) from Colombia. Zootaxa, v.1541, p.49-55.

CASTELLANOS-MORALES CA (2008) *Trichomycterus uisae*: a new species of hypogean catfish (Siluriformes: Trichomycteridae) from the northeastern Andean Cordillera of Colombia. Neotropical Ichthyology, v.6, n.3, p.307-314.

CASTELLANOS-MORALES CA (2010) *Trichomycterus sketi*: a new species of subterranean catfsh (Siluriformes: Trichomycteridae) from the Andean Cordillera of Colombia. Biota Colombiana, v.11 (1 y 2), p.33-41.

CASTELLANOS-MORALES CA & GALVIS F (2012) Las especies del género *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) en Colombia. Bol.Cient.Mus.Hist.Nat., v.16, n.1, p.194-206.

COSTA WJEM (1992) Description de huit nouvelles espèces du genre *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae), du Brésil oriental. Revue Française d'Aquariologie et Herpétologie, v.18, n.4, p.101-110.

DATOVO A, CARVALHO M & FERRER J (2012) A new species of the catfish genus *Trichomycterus* from the La Plata River basin, southern Brazil, with comments on its putative phylogenetic position (Siluriformes: Trichomycteridae). Zootaxa, v.3327, p.33-44.

DUTRA GM, WOSIACKI WB & DE PINNA MCC (2012) *Trichomycterus anhanga*, a new species of miniature catfish related to *T. hasemani* and *T. johnsoni* (Siluriformes: Trichomycteridae) from the Amazon basin, Brazil. Neotropical Ichthyology, v.10, n.2, p.225-231.

FERNANDEZ LA (2000) Redescription of the teleost *Trichomycterus barbouri* (Eigenmann, 1911), occurrence in Argentina and comparison with related species (Ostariophysi: Siluriformes: Trichomycteridae). Stud.Neotrop. Fauna & Environm., v.35, p.27-33.

FERNANDEZ L & CHUQUIHUAMANI RQ (2007) species of *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from the Andean Cordillera of Perú, with comments on relationships within the genus. Zootaxa. v.1545, p.49-57.

FERNANDEZ L & MIRANDA G (2007) A catfish of the genus Trichomycterus from a thermal stream in southern South America (Teleostei, Siluriformes, Trichomycteridae), with comments on relationships within the genus. Journal of Fish Biology, v.71, p.1303-1316.

FERNANDEZ L & OSINAGA (2006) A new *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from Aguarague National Park of the Bolivian preandean region, with comments on relationships within of the genus. Environmental Biology of Fishes, v.75, p.385-393.

FERNANDEZ L & SCHAEFER SA (2003) *Trichomycterus yuska*, a new species from high elevations of Argentina (Siluriformes: Trichomycteridae). Ichtchyol.Explor.Freshwaters, v.14, n.4, p.353-360.

FERNANDEZ L & VARI RP (2000) New Species of *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) Lacking a Pelvic Fin and Girdle from the Andes of Argentina. Copeia, v.4, p.990-996.

FERNANDEZ L & VARI RP (2002) New Species of *Trichomycterus* from the Andes of Argentina with a redescription of *Trichomycterus alterus* (Siluriformes: Trichomycteridae). Copeia, v.3, p.739-747.

FERNANDEZ L & VARI RP (2004) New species of *Trichomycterus* from midelevation localities of northwestern Argentina (Siluriformes: Trichomycteridae). Copeia, v.4, p.876-882.

FERNANDEZ L & VARI RP (2009) New Species of *Trichomycterus* from the Andean Cordillera of Argentina (Siluriformes: Trichomycteridae). Copeia, n.1, p.195-202.

FERNANDEZ & VARI RP (2012) New Species of Trichomycterus (Teleostei: Siluriformes) from the Andean Cordillera of Argentina and the Second Record of the Genus in Thermal Waters. Copeia, n.4, p.631-636.

FERRER J & MALABARBA LR (2011) A new *Trichomycterus* lacking pelvic fins and pelvic girdle with a very restricted range in Southern Brazil (Siluriformes: Trichomycteridae). Zootaxa, v.2912, p.59-67.

FERRER J & MALABARBA LR (2013) Taxonomic review of the genus *Trichomycterus* Valenciennes (Siluriformes: Trichomycteridae) from the laguna dos Patos system, Southern Brazil. Neotropical Ichthyology, v.11, n.2, p.217-246.

FERRARIS-JR CJ (2007) Checklist of catfishes, recent and fossil (Osteichthyes: Siluriformes), and catalogue of siluriform primary types. Zootaxa, v.1418, p.1-628.

KATZ AM & BARBOSA MA (2014) Re-description of *Trichomycterus cubataonis* Bizerril, 1994 (Siluriformes: Trichomycteridae) from the Cubatão river basin, southern Brazil. Vertebrate Zoology, v.64, n.1, p.3-8.

LASSO CA & PROVENZANO F (2003) Dos nuevas especies de bagres del género *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) de la Gran Sabana, Escudo de las Guayanas, Venezuela. Rev.Biol.Trop., v.50, n.3-4, p.1-12.

LEZAMA AQ, TRIQUES ML & SANTOS PS (2012) *Trichomycterus argos* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae), a new species from the Doce River Basin, Eastern Brazil. Zootaxa, v.3352, p.60-68.

LIMA SMQ & COSTA WJEM (2005) *Trichomycterus giganteus* (Siluriformes: Loricarioidea: Trichomycteridae): a new catfish from the Rio Guandu basin, southeastern Brazil. Zootaxa, v.761, p.1-6.

LIMA SMQ, LAZZAROTTO H & COSTA WJEM (2008) A new species of *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from lagoa Feia drainage, southeastern Brazil. Neotropical Ichthyology, v.6, n. 3, p.315-322.

DO-NASCIMIENTO C, PRADA-PEDREROS S & GUERRERO-KOMMRITZ J (2014) *Trichomycterus venulosus* (Steindachner, 1915), a junior synonym of *Eremophilus mutisii* Humboldt, 1805 (Siluriformes: Trichomycteridae) and not an extinct species. Neotropical Ichthyology, v.12, n.4, p.707-715.

DE PINNA MCC (1992) *Trichomycterus castroi*, a new species of trichomycterid catfish (Teleostei: Silurifomes). Ichthyol.Explor.Freshwaters, v.3, n.1, p.89-95.

DE PINNA MCC, WOSIACKI WB (2003) Family Trichomycteridae (pencil or parasitic catfishes). p.270-290. In: REIS RE, KULLANDER SO, FERRARIS-JR CJ (eds.). Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS. 729p.

RIZZATO PP, COSTA-JR EPD, TRAJANO E & BICHUETTE ME (2011) *Trichomycterus dali*: a new highly troglomorphic catfish (Silurifomes: Trichomycteridae) from Serra da Bodoquena, Mato Grosso do Sul State, Central Brazil. Neotropical Ichthyology, v.9, n.3, p.477-491.

SARMENTO-SOARES LM, MARTINS-PINHEIRO RF, ARANDA AT & CHAMON CC (2005) *Trichomycterus pradensis*, a new catfish from southern Bahia coastal rivers, northeastern Brazil (Siluriformes: Trichomycteridae). Ichthyol.Explor.Freshwaters, v.16, n.4, p.289-302.

SARMENTO-SOARES LM, ZANATA AM & MARTINS-PINHEIRO RF (2011) *Trichomycterus payaya*, new catfish (Siluriformes: Trichomycteridae) from headwaters of rio Itapicuru, Bahia, Brazil. Neotropical Ichthyology, v.9, n.2, p.261-271.

TRIQUES ML & VONO V (2004) Three new species of *Trichomycterus* (Teleostei: Siluriformes: Trichomycteridae) from the Rio Jequitinhonha basin, Minas Gerais, Brazil. Ichthyol. Explor. Freshwaters, v.15, n.2, p.161-172.

WOSIACKI WB (2004) New species of the catfish *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from the headwaters of the rio São Francisco basin, Brazil. Zootaxa, v.592, p.1-12.

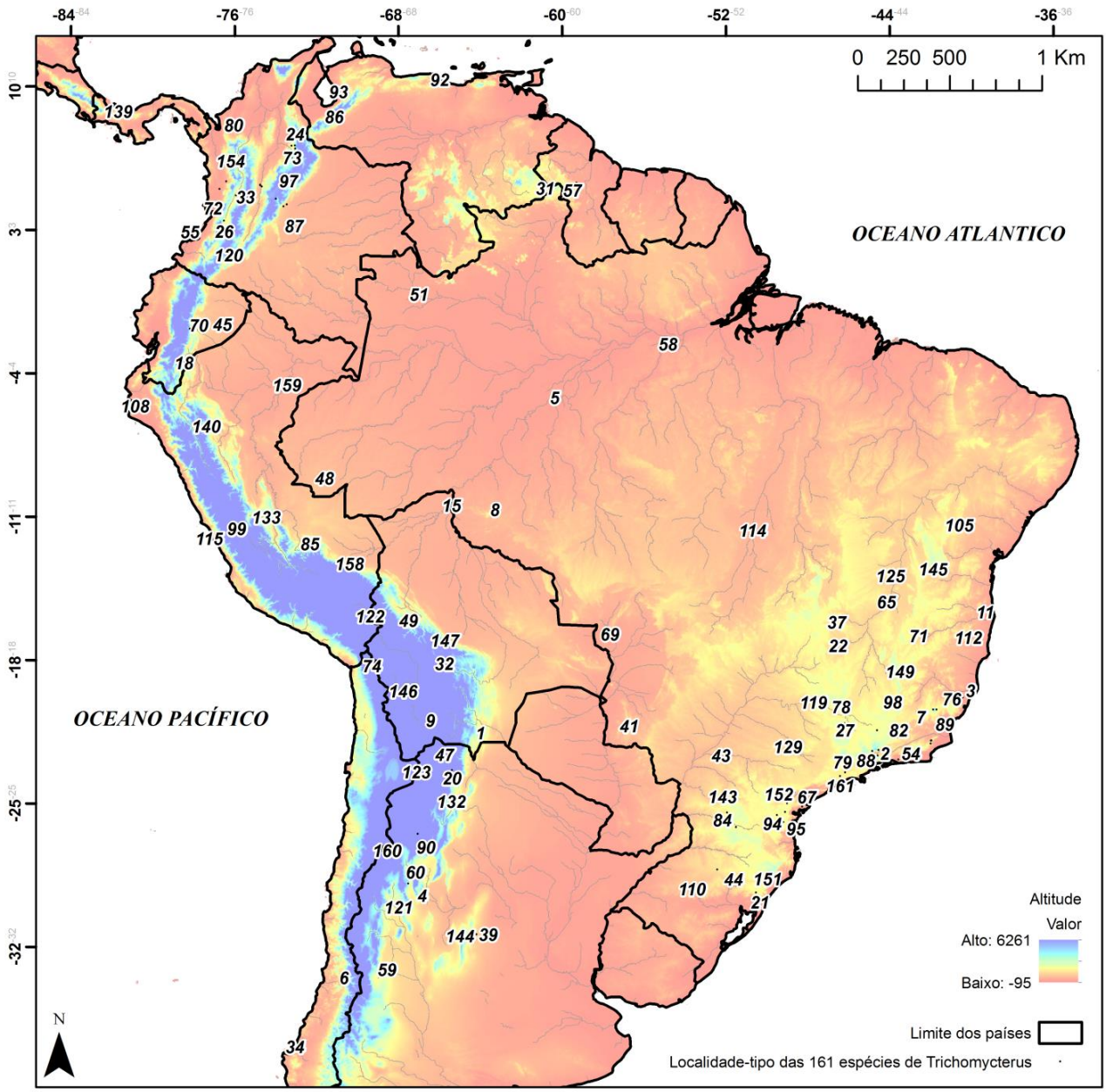
WOSIACKI WB (2005) A new species of *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from south Brazil and redescription of *T. iheringi* (Eigenmann). Zootaxa, v.1040, p.49-64.

WOSIACKI WB & OYAKAWA OT (2005) Two new species of the catfish genus *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) from the rio Ribeira de Iguape Basin, Southeastern Brazil. Neotropical Ichthyology, v.3, n.4, p.465-472.

WOSIACKI WB & DE PINNA MCC (2008) A new species of the neotropical catfish genus *Trichomycterus* (Siluriformes: Trichomycteridae) representing a new body shape for the family. Copeia, n.2, p.273-278.

WOSIACKI WB & DE PINNA MCC (2008) *Trichomycterus igobi*, a new catfish species from the rio Iguaçu drainage: the largest head in Trichomycteridae (Siluriformes: Trichomycteridae). Neotropical Ichthyology, v.6, n.1, p.17-23.

APÊNDICE 3



Localidade-tipo das 161 espécies de *Trichomycterus* reconhecidas. O nome das espécies correspondentes aos números do mapa se encontra no Apêndice 2. Espécies cuja localidade-tipo é sintópica ou muito próxima entre si, predominou o menor número.

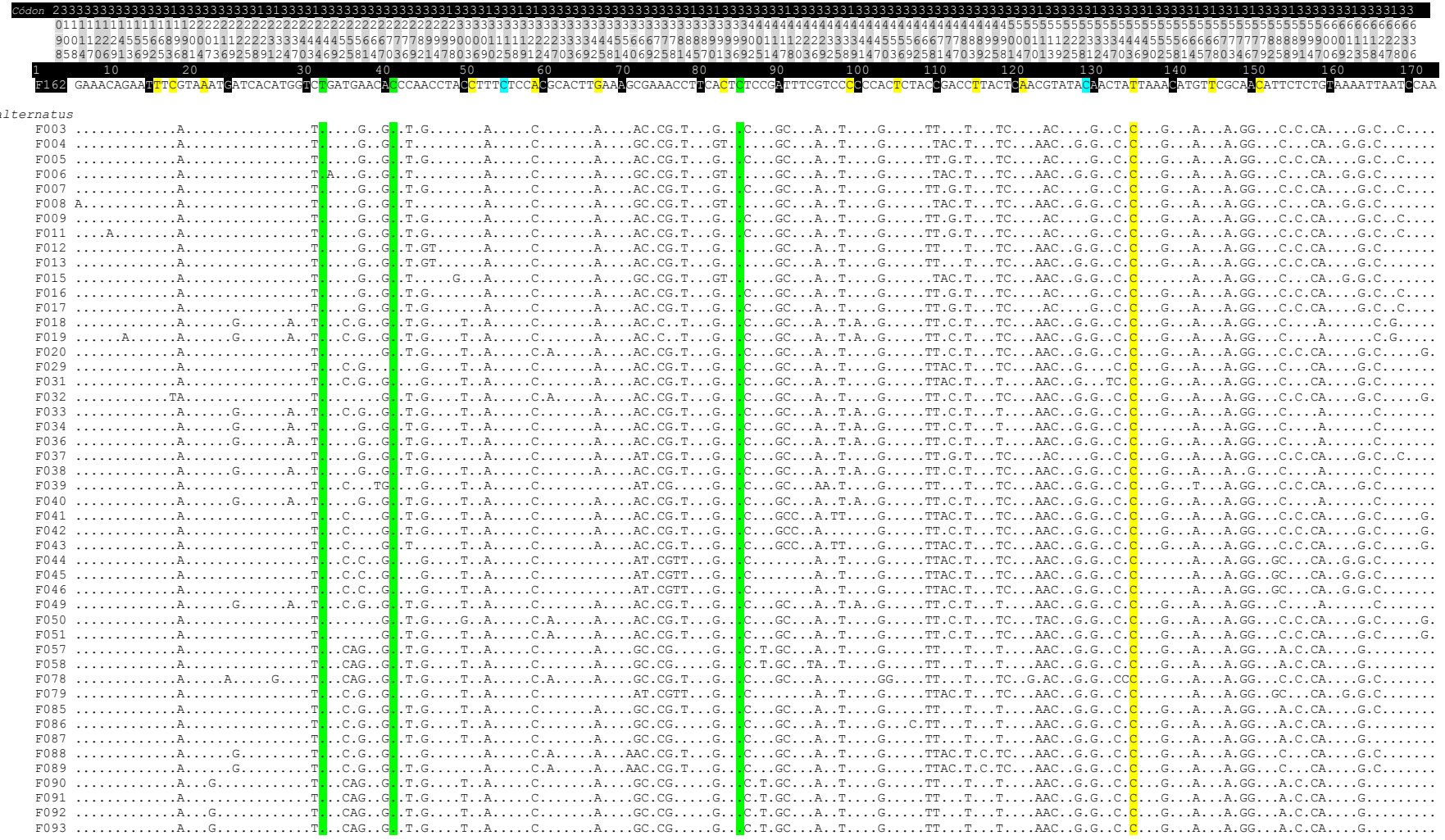
APÊNDICE 4

Percentual de distância genética par a par entre as linhagens de *Trichomycterus* obtidos a partir da matriz do gene mitocondrial COI (inclui os grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*). Valores abaixo da diagonal correspondem aos percentuais e distância entre os clados. Valores acima da diagonal fazem referência ao erro padrão dos índices de distância correspondentes. Valores em negrito na diagonal referem-se aos percentuais de distância dentro de cada intraclado:

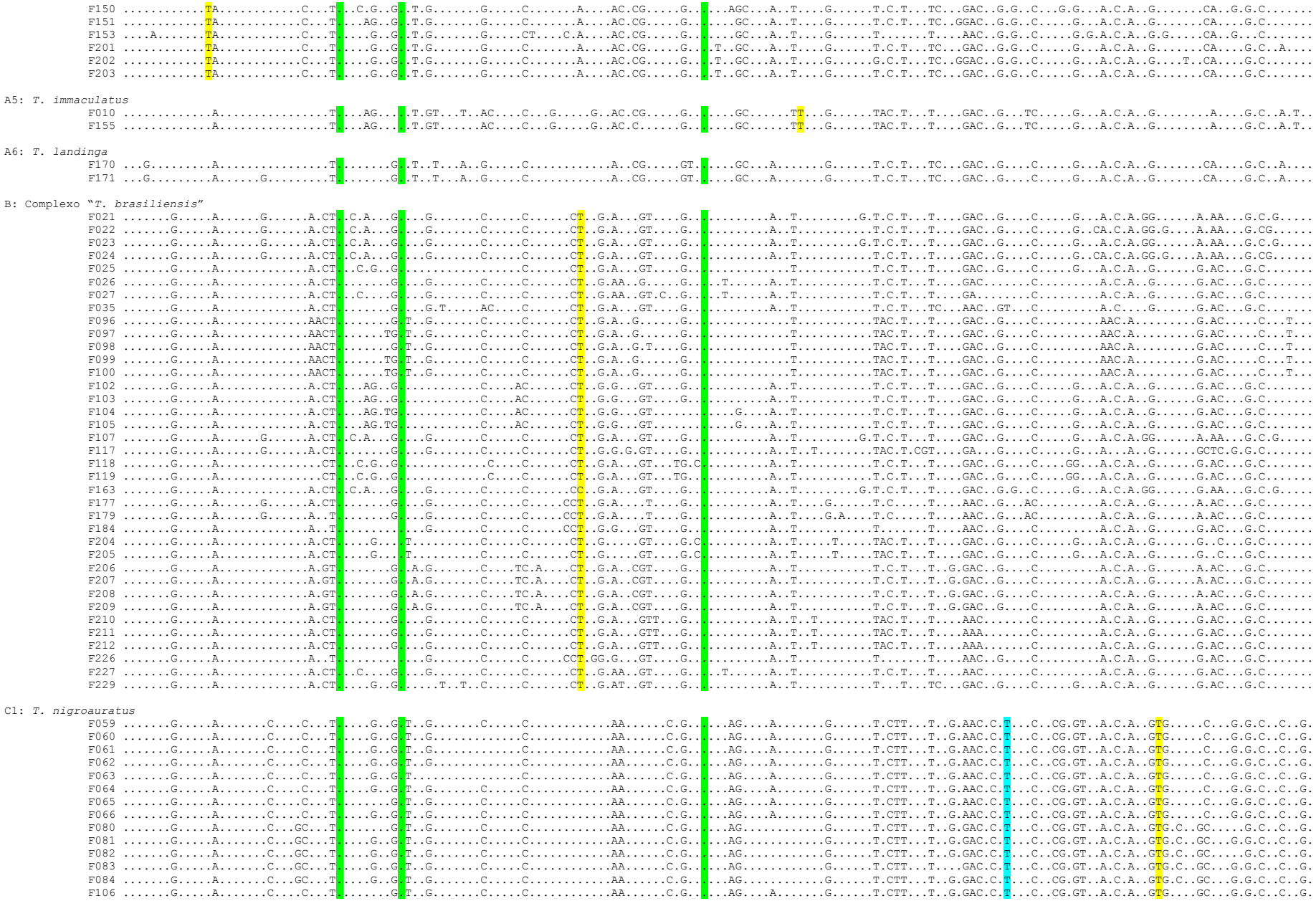
% distância	Clado A1	Clado A2	Clado A3	Clado A4	Clado A5	Clado A6	Clado B	Clado C1	Clado C2	Clado D	Clado E	Clado F1	Clado F2	Clado G1	Clado G2	Clado G3	Clado H	Clado I	*Ituglanis*	*Listrura*	*Nematogenys*
Clado A1	**0.0242**	*0.008*	*0.007*	*0.006*	*0.008*	*0.007*	*0.010*	*0.012*	*0.010*	*0.011*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.014*	*0.014*	*0.015*	*0.014*	*0.018*	*0.023*
Clado A2	0.055	**0.0133**	*0.009*	*0.008*	*0.010*	*0.009*	*0.011*	*0.012*	*0.012*	*0.012*	*0.015*	*0.016*	*0.015*	*0.014*	*0.013*	*0.014*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.019*	*0.023*
Clado A3	0.048	0.058	**0.0282**	0.006	0.008	0.007	0.009	0.011	*0.009*	*0.010*	*0.016*	*0.015*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.013*	*0.014*	*0.015*	*0.019*	*0.022*
Clado A4	0.040	0.044	0.039	**0.0137**	0.009	0.007	0.009	0.011	*0.010*	*0.010*	*0.016*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.015*	*0.020*	*0.023*
Clado A5	0.056	0.055	0.051	0.045	**0.0037**	0.008	0.010	0.013	*0.011*	*0.011*	*0.016*	*0.015*	*0.016*	*0.016*	*0.014*	*0.014*	*0.014*	*0.015*	*0.015*	*0.018*	*0.023*
Clado A6	0.048	0.047	0.040	0.033	0.040	**0.0018**	0.009	0.012	*0.009*	*0.011*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.015*	*0.014*	*0.014*	*0.015*	*0.015*	*0.018*	*0.023*
Clado B	0.070	0.074	0.063	0.060	0.066	0.058	**0.0269**	0.012	*0.009*	*0.010*	*0.015*	*0.014*	*0.014*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.015*	*0.019*	*0.022*
Clado C1	0.084	0.082	0.074	0.065	0.080	0.069	0.079	**0.0072**	*0.008*	*0.012*	*0.014*	*0.013*	*0.014*	*0.012*	*0.013*	*0.013*	*0.012*	*0.013*	*0.016*	*0.019*	*0.023*
Clado C2	0.075	0.082	0.066	0.065	0.071	0.061	0.066	0.044	**0.0191**	*0.011*	*0.015*	*0.014*	*0.015*	*0.014*	*0.013*	*0.013*	*0.013*	*0.014*	*0.015*	*0.018*	*0.023*
Clado D	0.088	0.093	0.083	0.081	0.081	0.072	0.072	0.088	0.085	**0.0325**	*0.015*	*0.013*	*0.012*	*0.012*	*0.011*	*0.012*	*0.013*	*0.015*	*0.014*	*0.018*	*0.022*
Clado E	0.127	0.130	0.134	0.128	0.120	0.114	0.109	0.111	0.114	0.123	**0.0065**	*0.010*	*0.010*	*0.010*	*0.012*	*0.010*	*0.011*	*0.010*	*0.018*	*0.019*	*0.024*
Clado F1	0.129	0.132	0.132	0.128	0.129	0.116	0.117	0.110	0.116	0.127	0.080	**0.0213**	*0.008*	*0.009*	*0.011*	*0.010*	*0.011*	*0.010*	*0.015*	*0.018*	*0.024*
Clado F2	0.131	0.126	0.132	0.123	0.132	0.119	0.118	0.118	0.126	0.122	0.082	0.044	**n.a.**	*0.009*	*0.010*	*0.010*	*0.011*	*0.009*	*0.014*	*0.018*	*0.023*
Clado G1	0.127	0.120	0.126	0.122	0.126	0.115	0.102	0.099	0.108	0.112	0.068	0.070	0.060	**0.0303**	*0.007*	*0.007*	*0.009*	*0.008*	*0.016*	*0.017*	*0.023*
Clado G2	0.122	0.110	0.119	0.116	0.115	0.105	0.102	0.097	0.102	0.105	0.083	0.077	0.074	0.037	**0.0207**	*0.009*	*0.010*	*0.010*	*0.015*	*0.018*	*0.023*
Clado G3	0.111	0.106	0.113	0.109	0.104	0.096	0.090	0.090	0.094	0.103	0.061	0.072	0.066	0.038	0.050	**0.0100**	*0.009*	*0.010*	*0.016*	*0.018*	*0.024*
Clado H	0.120	0.121	0.111	0.115	0.110	0.105	0.096	0.095	0.097	0.114	0.070	0.079	0.080	0.062	0.071	0.059	**0.0104**	*0.008*	*0.016*	*0.019*	*0.024*
Clado I	0.121	0.117	0.116	0.111	0.112	0.106	0.093	0.099	0.103	0.114	0.060	0.070	0.064	0.056	0.066	0.058	0.042	**n.a.**	*0.017*	*0.018*	*0.024*
Ituglanis	0.134	0.136	0.129	0.132	0.129	0.125	0.137	0.138	0.132	0.130	0.161	0.145	0.137	0.155	0.149	0.154	0.146	0.154	**0.0758**	*0.016*	*0.023*
Listrura	0.194	0.187	0.190	0.194	0.186	0.186	0.187	0.181	0.180	0.183	0.213	0.204	0.198	0.186	0.186	0.200	0.188	0.187	0.184	**0.1046**	*0.023*
Nematogenys	0.237	0.230	0.239	0.240	0.247	0.222	0.235	0.237	0.240	0.221	0.255	0.247	0.245	0.234	0.233	0.251	0.260	0.255	0.249	0.265	**0.0000**

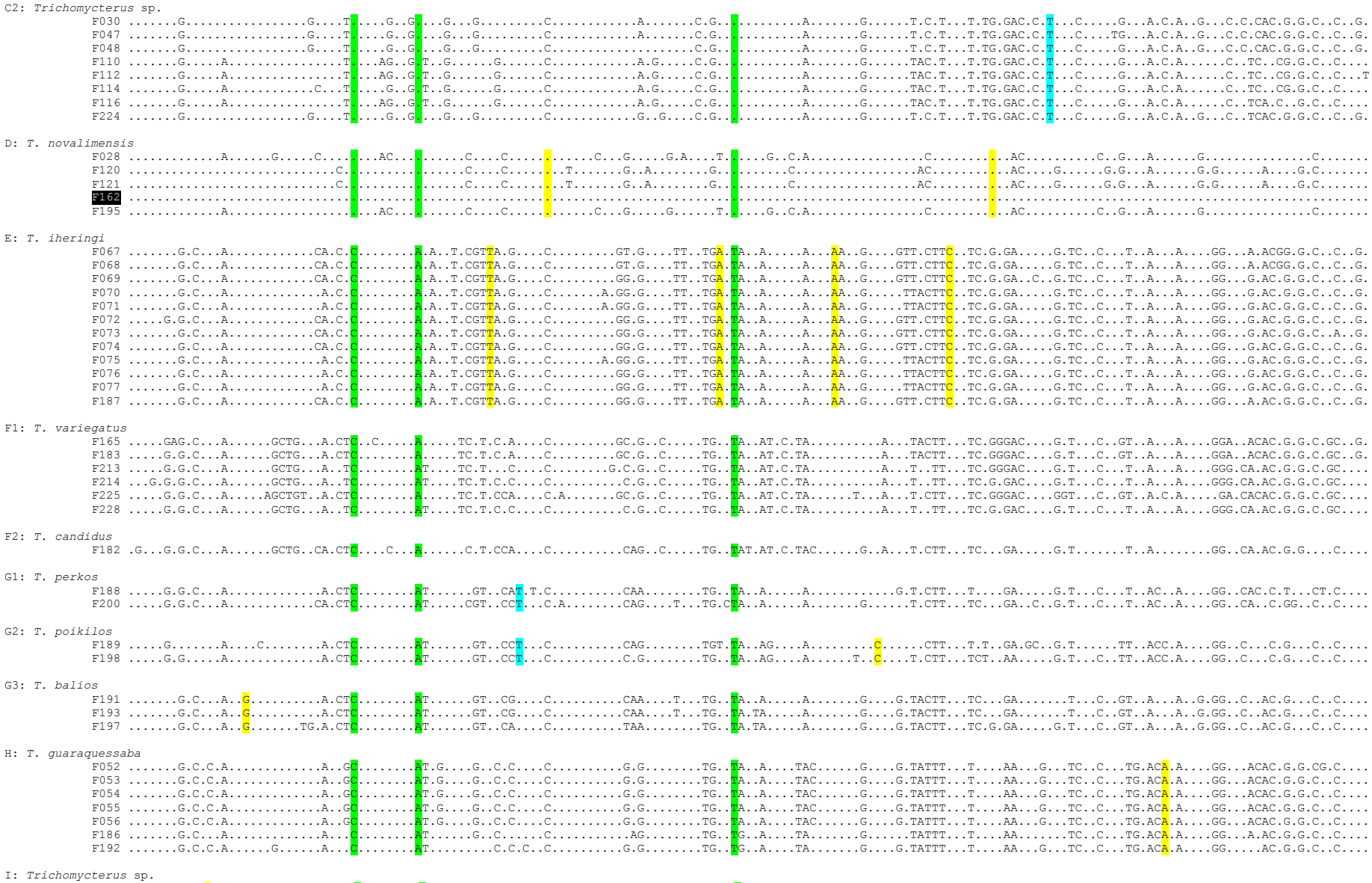
APÊNDICE 5

Relação dos *Simple Nucleotide Polymorphisms* encontrados entre os haplótipos de cada espécie. Sequência referência pertence a *T. novalimensis* (F162: Clado D). A marcação na cor verde faz referência aos *SNPs* encontrados entre gênero novo proposto e *Trichomycterus "stricto sensu"*. A marcação amarela refere-se aos *SNPs* da espécie correspondente. A marcação azul refere-se aos *SNPs* de um clado composto por mais de uma espécie. Em rosa, os *SNPs* do grupo externo (*Ituglanis*):



F094 .....A.....T...CAG..G..T.G....T..A.....C.......A....GC.CG.....G...C.T.GC...A..T....G.....TT...T...T....AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...ATC.CA....G.....
F095 .....A.....T...CAG..G..T.G....T..A.....C.......A....GC.CG.....G...C.T.GC...A..T....G.....TT...T...T....AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...ATC.CA....G.....
F101 .....A.....G.....T...C.G..G....G....T..A.....C.A.....A....AC.CG.T...G...C...GC...A..T....G.....TTAC.T...TC...AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...C...CA....G.C.....
F108 .....A.....T...C....G..T.G....T..A.....C.......A....AC.CG.T...G...C...GC...A..T....G.....TT.C.T...TC...AAC..G...TC.C...G...A...A.GG...C.C.CA......C.....G.
F109 .....A.....T...CA...G..T.G....T..A.....C.......A....AC.CG.T...G...C...GC...A..T....G.....TT.C.T...TC...AAC..G...TC.C...G...A...A.GG...C.C.CA......C.....G.
F111 .....A.....T...C....G..T.G....T..A.....C.......A....AC.CG.T...G...C...GC...A..T....G.....TT.C.T...TC...AAC....G..C.C...G...A...A.G....C.C.CA..G.G.C.....
F113 .....A.....T...C....G..T.G....T..A.....C.......A....AC.CG.T...G...C...GC...A..T....G.....TT.C.T...T....AAC..G...TC.C...G...A...A.GG...C.C.CA......C.....G.
F115 .....A.....T...C....G..T.G....T..AC....C.......A....AC.C..T...G...C...GC...A..T....G.....TT.C.T...TC...AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...C.C.CA....G.C.....G.
F123 .....A.....T...C.G..G..T.G......A....C.......A....AT.CG.T...G.....GC...A..T....G......TAC.T...T....AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...C...CA......C.....
F124 .....A.....T...C.G..G..T.G......A....C..........AT.CG.T...G.....GC...A..T....G......TAC.T...T....AAC..G.G..C.C...G...A...A.GG...C...CA....G.C.....
F135 .....A.....T...CAG..G..T.G......A....C..........AAC.CG.T...G.....GC...A..T....G.....TT...T...TC...AAC..G....C.C...G...A...A.G....C.C.CA....G.C.....
F136 .....A.....T...CAG..G..T.G......A....C..........AAC.CG.T...G.....GC...A..T....G.....TT...T...TC...AAC..G....C.C...G...A...A.G....C.C.CA....G.C.....
F147 .....A.....T.....G..G..T.G......A....C.A..T..A....AC.CG.....G.....GC...A..T..T.G......T...T...TC...AAC..G....C.C.....CA...A.GG...C...CA....G.C.....
F148 .....A.....T.....G..G..T.G......A....C.A..T..A....AC.CG.....G.....GC.C.A..T..T.G......T...T...TC...AAC..G....C.C.......A...A.GG...C...CA....G.C.....
F152 .....A.....T.....G..G..T.G......A....C.A..T..A....AC.CG.T...G.....C....C..TA..T....G.....TT...T...TC...AAC..G....C.C.....T.A...A.GG...C...CA....G.C.....
F154 .....A.....A.T.....G..T.G......A....C.......A....AC.CG.T...G...C....C..TA..T....G.....TT...T...T....AAC..G....C.C.....T.A...A.GG...C...CA....G.C.....
F159 ....A.....AC.....A..T.....T.....A....C.......A....AT.CG.T...G...C...GC..TA..T....G.....TT...T...TC...AAC..G....C.C.......A...A.GG..GC...CA....G.C.....
F169 .....A.....T.....G..T.G......A....C.....A....AC.CG.T...G...C..AGC..TA..T....G.....TT.G.T...TC...AAC..G....C.C.....A...A.GG...C...CA....G.C.....
F185 .....A.....A.....G....T...CAG..G..T.G.T..T..A....C.A.....GC.CG.T...G...C....C...A.....GG....TT...T...TC....AC..G.G..CCC...G...A...A.GG...C.C.CA....G.C.....
F222 .....G.....A.....G.....T...C.G..G..T.GT.....A....C....T..A....AC.CG.....G.....GC...A..T....G.....T...T...TC...AAC..G....C.C.....A...A.GG...C...CA....G.C.....
A2: T. pradensis
F002 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F014 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G...A...AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...GAC..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.GGC.....
F122 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F125 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...GAC..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F126 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...GAC..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F127 .....A.....A.CT...C.G..G..T.GT.....GC....C...G.....G..ATGCG.....G.....TAGC...A.TT....G.....T.CTT...TC...G.C..G.G..C.....G....CC....G....A..C...G.G.C..A....
F128 .....A.....A.CT...C.G..G..T.GT.....GC....C...G.....G..GTGCG.....G.....TAGC...A.TT....G.....T.CTT...TC...G.C..G.G..C.....G....CC....G....AC.C...G.G.C..A....
F129 .....A.....A.CT...C.G..G..T.GT.....GC....C...G.....G..ATGCG.....G.....TAGC...A.TT....G.....T.CTT...TC...G.C..G.G..C.....G....CC....G....AC.C...G.G.C..A....
F130 .....A.....A.CT...C.GG.G..T.GT.....AC....C...G.....G..ATGCG.....G.....TAGC...A.TT....G.....T.CTT...TC...G.C..G.G..C.....G....CC....G....AC.C.G.G.G.C..A....
F131 .....A.....A.CT...C.G..G..T.GT.....CC....C...G.....G..ATGCG.....G.....TAGC...A.TT....G.....T.CTT...TC...G.C..G.G..C.....G....CC....G....AC.C...G.G.C..A....
F132 A.....A.....CT.....G..T.GT.....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C.....G...ACC...GG.....C.CA..G.G.C.....
F133 .....A.....CT.....G..T.GT.....C....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C.....G...ACC...GG.....C.CA..G.G.C.....
F134 .....A.....CT.....G..T.GT.....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C.....G...ACC...GG.....C.CA..G.G.C.....
F137 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F138 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F139 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F140 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F141 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F142 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F143 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA.CG.G.C.....
F144 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....A..CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F145 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CT.CG.G.C.....
F146 .....A.....CT...C....G..T.GT.....C....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA.CG.G.C.....
F156 ....A.....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F157 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC....G.G...C.CA..G.G.C.....
F158 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACCT..GG.G...C.CA..G.G.C.....
F160 A.....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
F166 .....A.....CT...C....G..T.GT.....A....T...G.....AC.CG.....G.....TAGC...A..T....G.....T.C.T...TC...G.C..G.G..C....GG...ACC...GG.G...C.CA..G.G.C.....
A3: T. jequitinhonhae
F167 .....G....A.....A.....T.....G..G..T.....GC....C.....A..CG...C.G..|.....C...A..T....G.A....T.G.T...TC...AAC..G....C.....A.G.A..G.....CA....G.C.....
F168 .....G....A.....A.....T.....G..G..T.....GC....C.....A..CG...C.G..|.....C...A..T....G.A....T...T...TC...AAC..G....C.....A.G.A..G.....CA....G.C.....
F172 .....G....A.....A.....A..T.....G..G..T.....GC....C.....A..CG...C.G..|.....C...A..T....G.A....T.G.T...TC...AAC..G....C.....A.G.A..G.....CA....G.C.....
F173 .....G....A.....A.....T...C.G..G..T.....GC....C.....AT.CG...C.G..|.....C...A..T....G.A....T.G.T...TC...AAC..G....C.....A.G.A..G.....CA....G.C.....
F174 .....G....A.....T.....T.A...G.TG...G.....A....C.....AT.CG...C.G..|.....C...A..T....G.....TA...T...TC...AAC..G....C.....A.C.A..G.....CA......C.....
F175 .....G....A.....T.....T.A.....TG..T.G.....A....C.....AC.C....C.G..|.....GC...A..T....G.....TA...T...T.T..GAC..G....C.....A.C.A..G.....CA....G.C.....
F176 .....G....A.....T.....T.A.....TG..T.G.....A....C.....A....AC.C....C.G..|.....GC...A..T....G.....TA...T...T.T..G.C..G....C.....A.C.A..G.....C.CA....G.C.....
F180 .....G....A.....T.....T.A.....TG..T.G.....A....C.....A....AC.C....C.G..|.....GC...A..T....G.....TA...T...T.T..AAC..G....C.....A.C.A..G.....C.CA......C.....
F181 .....G....A.....T...C.G..G..T.G.....G....C.....AT.CGT..C.G..|.....GC...A..T....G.....G.T...T...GAC..GT...C.....A.C.A..G.....CA......C.....
F217 ..G.....G....A.....T.....G..G..T.G....A..AC....C.....G...AC.CG...A.G...|.T..GC...A..T.T..G.....T...TC...GAC..G....C.....A.C.A..G.G.....CA....G.C.....
F218 .....G....A.....C...T.....G..G..T.G.....A....C.....G...AT.CG...C.G..|.....GC...A..T....G.....G.T...T....GAC..G..G.C.....A.C.A..G...G...CA....G.C.G.....
F219 .....G....A.....C...T.....G..G..T.G.....A....C.....G.G.AT.CG...C.G..|.....GC...A..T....G.....G.T...T....GAC..G..G.C.....A.C.A..G...G...CA....G.C.G.....
F220 .....G....A.....T.....G..G..T.G.....A....C.....G...AT.CG...C.G.C.|.....GC...A..T....G.....G.T...TC...GA...G....C.....A.C.A..G...C.C.CA....G.C..A....
F221 .....G....A.....T.....G..G..T.G.....A....C.....AT.CG...C.G..|.....C...A..T....G.....G.T...TC...GAC..G....C.....A.C.AT.G.G.....CA....G.C.G.....
F223 ..G.....G....A.G.....T.....G..G..T.G....A..AC....C.....G...AC.CG...A.G...|.T..GC...A..T.T..G.....T...TC...GAC..G....C.....A.C.A..G.G.....CA....G.C.....
A4: Trichomycterus sp.nov.
F149 .....G....TA.....C...T...C.G..G..T.G.....G....C.....A....AC.CG.....G.....AGC...A..T....G.....T.C.T...TC...GAC..G.G..C...G.G...A.C.A..G.....CA..G.G.C.....


F150 F151 F153 F201 F202 F203
A5: T. immaculatus
F010 F155
A6: T. landinga
F170 F171
B: Complexo "T. brasiliensis"
F021 F022 F023 F024 F025 F026 F027 F035 F096 F097 F098 F099 F100 F102 F103 F104 F105 F107 F117 F118 F119 F163 F177 F179 F184 F204 F205 F206 F207 F208 F209 F210 F211 F212 F226 F227 F229
C1: T. nigroauratus
F059 F060 F061 F062 F063 F064 F065 F066 F080 F081 F082 F083 F084 F106


C2: Trichomycterus sp.
F030
F047
F048
F110
F112
F114
F116
F224
D: T. novalimensis
F028
F120
F121
F162
F195
E: T. iheringi
F067
F068
F069
F070
F071
F072
F073
F074
F075
F076
F077
F187
F1: T. variegatus
F165
F183
F213
F214
F225
F228
F2: T. candidus
F182
G1: T. perkos
F188
F200
G2: T. poikilos
F189
F198
G3: T. balios
F191
F193
F197
H: T. guaraquessaba
F052
F053
F054
F055
F056
F186
F192
I: Trichomycterus sp.
F194

CAPÍTULO 3

ALTA DIVERSIDADE DE ESPÉCIES NAS CABECEIRAS E ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA POR BACIAS EM *TRICHOMYCTERUS* (SILURIFORMES; TRICHOMYCTERIDAE) DO LESTE DO BRASIL

A ser submetido à revista Systematics and Biodiversity (FI: 2,127)

Thaís de Assis Volpi[1,3*], Luisa Maria Sarmento-Soares[2,3] & Valéria Fagundes[1,3]

[1] Laboratório de Genética Animal (LGA), UFES. Avenida Fernando Ferrari, 514 - sala 311, Campus de Goiabeiras, CEP 29.075-910, Vitória-ES, Brasil.

[2] Instituto Nacional da Mata Atlântica (INMA), Laboratório de Zoologia. Av. José Ruschi, 4, Centro, CEP 29.650-000, Santa Teresa, ES, Brasil.

[3] Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal (PPGBAN), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Campus de Goiabeiras, CEP 29.043-900, Vitória, ES, Brasil.

[*] Autor para correspondência: thaisvolpi@gmail.com

"Ó meu Ribeirão, das malvas malvinas! Das gangorras, das corredeiras. Onde estão tuas águas cristalinas, tuas cascatas e cachoeiras? O homem crédulo ou desavisado destruiu teu leito, tua nascente. Tristonho, hoje, olha desolado, procurando o verde da tua vertente. Comunidade imprevidente, grandes e pequenos fazendeiros, prejudicam tanta gente inocente, na irrigação de vastos cafeeiros. Ó meu querido Ribeirão, não ligues pra essa gente não, mostra a tua valentia de então, com galhardia levanta teu tufão. Destemido, quebra todas as barragens, arranca cercos, tudo, tudo que impede, tua vida, tua livre passagem. O povo aflito te implora e pede. Lembra-te daquele chuvoso dia quando ainda eu era criança? Chegaste cheio, levando tudo que havia, teu furor nunca me sai da lembrança. Em pânico, corri, abracei meu pai. Estavas insano, louco, bravio demais. Avante camarada! Repete este gesto, vai. Intrépido, provocarás euforia, uai! Olha bem, mira em tua volta, quanta secura, quanta tristeza, ressequidos ingazeiros, com certeza, abrigam famintas gaivotas. Secaram as goiabeiras e assa-peixes, as flores silvestres, as aquáticas violetas, triste destino dos girinos e peixes, das abelhas, beija-flores e borboletas. É triste, dolorido, mas pura verdade. Teu leito desnudo, sapos e peixes perecendo... água sumindo, a vida se esvaindo... reage querido, afoga todo tipo de maldade! Ó meu Ribeirão, meu amigo, não te acomodes não! Volta a correr, viver com teus irmãos, volta! Irriga este chão, acalma o meu coração!"

Haydée Almeida Murta

RESUMO

Trichomycterus é o gênero mais especioso e amplamente distribuído da subfamília Trichomycterinae, representado por 161 espécies nominais de bagres distribuídos por toda a região neotropical. No entanto, estudos recentes com caracteres moleculares sugerem que o gênero estaria restrito apenas as espécies do leste neotropical, com a presença de dois clados cuja distinção filogenética e molecular corresponderia a nível genérico. Contudo, o conhecimento sobre os padrões biogeográficos das espécies de *Trichomycterus* ainda é muito incipiente, principalmente devido à dificuldade em delimitá-las. Sendo assim, o presente estudo teve como objetivo investigar a distribuição geográfica das linhagens conhecidas de *Trichomycterus* no leste neotropical. Para tal, foram analisadas sequências do gene Citocromo Oxidase I de 496 indivíduos, que compõem 18 espécies distribuídas entre o Rio de Contas e Jacuí. Foram encontrados 175 haplótipos com 789 pares de base, em que foi verificada a estruturação geográfica de dois clados do leste. Embora estruturados, apresentaram simpatria na porção de cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul, onde foi encontrada 55% das espécies, retendo representantes de todas ou grande parte das espécies, além de espécies endêmicas. Desta forma, esta região pode ter exercido grande importância na história evolutiva do grupo, tendo atuado como área ancestral, rotas de dispersão e refúgios destas espécies, visto que compartilham uma história comum a maior parte delas. Além disso, foi possível verificar dois diferentes padrões de distribuição das linhagens. O primeiro refere-se a grande associação das espécies com as cabeceiras dos rios, onde foi encontrada a maior diversidade e simpatria das espécies. Além deste padrão, foi verificada a estruturação geográfica populacional em nível de bacias, vista em espécies distribuídas em ambientes com características ambientais e geomorfológicas similares. No entanto, foi verificada a ausência no padrão de distribuição dos indivíduos de *T. alternatus*, cuja estrutura populacional pode estar relacionada a conformação pretérita da paisagem. Assim, tanto a captura de cabeceiras quanto a conexão de paleodrenagens costeiras podem ter exercido influência na paisagem e consequentemente na estrutura das populações analisadas. No entanto, diferentes eventos podem ter infuenciado o padrão de estruturação de uma mesma linhagem ao longo de sua história evolutiva. Dentro de linhagens filogeneticamente relacionadas e espécies-irmãs, os padrões filogeográficos são muito distintos, variando conforme a amplitude de sua distribuição e o ambiente em que se encontram. Em suma, dinâmica da paisagem, principalmente eventos de captura de cabeceiras, desempenharam grande importância na história evolutiva de *Trichomycterus*, tendo atuado como rotas de dispersão e refúgios de grande parte das espécies.

Palavras-chave: diversidade em cabeceiras, endemismo, estruturação geográfica, biogeografia.

1. INTRODUÇÃO

A região neotropical abriga a maior biodiversidade de espécies de peixes do mundo (Reis *et al.*, 2016). No entanto, entender os padrões de distribuição e a história evolutiva das linhagens não é uma tarefa fácil. Isso porque a alta diversidade de espécies, somada ao diversos acontecimentos neotectônicos, a alta heterogeneidade ambiental e climática ao longo desta região, pode promover alteração na paisagem e na distribuição da biota, tanto ao longo de toda a porção neotropical como dentro de uma mesma região, considerando fatores os históricos associados à evolução de cada linhagem.

A hipótese biogeográfica mais comumente testada para peixes de água doce é a estruturação das linhagens por bacias, visto que estas porções constituem unidades geográficas distintas e isoladas das demais num espaço de tempo muitas vezes suficiente para promover a especiação por vicariância (Sanches & Galetti, 2007; Olden *et al.*, 2010). Os padrões observados em algumas espécies corroboram essa premissa, como é o caso da distribuição das dez espécies de *Megaleporinus* (Characiformes: Anostomidae) na região neotropical, em que foi demonstrado que as espécies estão estruturadas por regiões hidrológicas (Ramirez *et al.*, 2017). Outro exemplo foi verificado entre populações de *Hoplias malabaricus* (Characiformes: Erythrinidae) nas bacias costeiras entre os rios Paraguaçu (Bahia) e Paranaguá (Paraná), que demonstraram estruturação por bacias ou conjunto de bacias adjacentes (Pereira *et al.*, 2013).

No entanto, o acúmulo de informações sobre a distribuição da biodiversidade de água doce vem desconstruindo tal paradigma, visto que muitas espécies não se encontram geograficamente estruturadas por bacias ou regiões hidrológicas. Isso porque eventos como capturas de drenagem podem gerar a alteração do curso dos rios, conectando populações de bacias distintas, anteriormente isoladas, ou isolando populações. Tal alteração pretérita na paisagem reflete no cenário atual da distribuição das espécies, que nem sempre se encontram estruturadas por bacias ou conjunto de bacias adjacentes, de acordo com sua conformação contemporânea. Dagosta e De Pinna (2017) verificaram que o padrão de distribuição dos peixes amazônicos não apresenta relação entre os afluentes e as bacias de origem, mas sim à captura de drenagens, haja vista o compartilhamento de linhagens entre bacias distintas, de forma que a dispersão biótica após os eventos de captura de drenagens teriam gerado uma mistura da fauna.

Um rio pode ser capturado por seu tributário adjacente através da alteração da paisagem causada por dois principais eventos: (i) ciclos glaciais e interglaciais ocorridos durante o Pleistoceno, em que as glaciações provocaram a regressão do mar, redirecionando o curso dos rios que desaguavam no oceano; e as interglaciações, quando a elevação do nível do mar interrompeu as conexões entre muitas bacias costeiras conectadas por paleodrenagens na plataforma continental;

(ii) eventos tectônicos, que geraram falhas no relevo e alteraram o curso dos rios, promovendo captura de muitos deles por rios adjacentes (Ribeiro, 2006).

Embora muitos processos e padrões biogeográficos das espécies de peixes na região neotropical sejam conhecidos, os padrões de distribuição de muitas espécies ainda permanecem sem esclarecimento, visto a alta diversidade ictiofaunística encontrada nesta porção e as peculiaridades nos padrões de distribuição de cada táxon, mesmo que estejam distribuídos na mesma região. Isso porque os fatores históricos inerentes da evolução de cada linhagem diferem entre si (Dagosta & De Pinna, 2017). Assim, a investigação dos padrões biogeográficos de cada espécie pode trazer grandes contribuições a respeito da distribuição da biodiversidade na região, evidenciando áreas de maior diversidade, rotas de dispersão e refúgios utilizados pelas espécies durante a conexão pretérita das drenagens ou eventos glaciais pleistocênicos (Hubert & Renno, 2006).

O estudo dos padrões biogeográficos das espécies de peixes na região neotropical ainda é muito difícil de ser realizado, pois muitos táxons apresentam problemas taxonômicos complexos que necessitam ser resolvidos antes da investigação dos padrões de distribuição das espécies. O gênero *Trichomycterus* é um desses táxons, visto que a dificuldade em delimitar as linhagens está no fato de que muitas espécies apresentam caracteres diagnósticos sobrepostos ou com descrições pouco claras, de forma que a identificação morfológica dos espécimes em nível específico é muito complexa, impossibilitando a delimitação das unidades a serem investigadas numa perspectiva biogeográfica.

No entanto, estudos moleculares recentes trazem propostas que visam recuperar o monofiletismo de *Trichomycterus*, limitando o gênero para o leste neotropical (Capítulo 1 desta tese), predominantemente na porção leste da bacia do Paraná (Capítulo 2 desta tese), com potenciais quatro novos gêneros dentro do que até então se conhece como *Trichomycterus* (Ochoa *et al.*, 2017; Capítulo 2 desta tese). Na porção leste do Brasil, *Trichomycterus* subdivide-se em dois grupos, em que um grupo do sul presente no alto São Francisco, Paraíba do Sul, braço leste do Paraná e Jacuí corresponderia a *Trichomycterus "stricto sensu"*, enquanto que os representantes do norte encontrados entre o Rio de Contas e o alto Paraná poderiam representar um novo gênero, em simpatria com *Trichomycterus "stricto sensu"* nas porções das cabeceiras do São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul, sendo este o limite de distribuição destas duas linhagens (Capítulo 2 desta tese). Nesse estudo, a delimitação dos táxons se baseou na análise filogenética e na divergência molecular entre as linhagens recuperadas, sendo sugerida a delimitação das unidades operacionais e distribuição de cada uma.

As espécies de *Trichomycterus*, assim como as demais de Trichomycterinae, estão comumente associadas a cabeceiras fluviais, visto que apresentam odontódeos na região opercular

que lhes confere alta adaptabilidade em ambientes de águas torrenciais, possibilitando a ocupação das cabeceiras, sendo muitas vezes as únicas espécies presentes (Sazima, 2004).

Além isso, nas porções serranas, onde é encontrado o maior número de espécies de *Trichomycterus* descritas, o relevo é mais acidentado, promovendo alta diversidade de microambientes, o que pode contribuir para a grande quantidade de espécies conhecidas para tais porções (Capítulo 2 desta tese). Muitas delas são conhecidas apenas para a localidade-tipo (Buckup *et al.*, 2007), evidenciando a alta diversidade e endemismo de espécies encontradas em cabeceiras.

Associada à alta adaptabilidade de indivíduos de toda a subfamília a ambientes torrenciais e serranos, que são característicos de cabeceiras (Sazima, 2004), *Trichomycterus* torna-se um bom modelo para testar hipóteses biogeográficas em ambientes aquáticos, haja vista sua alta diversidade e endemismo associada a ambientes torrenciais, tendo um menor número de espécies descrito para porções serranas, cujo relevo é mais acidentado, tais como as regiões costeiras do Pacífico e do Atlântico (Capítulo 2 desta tese). No entanto, os padrões de estruturação geográfica ao longo da paisagem e em diferentes ambientes não são claramente compreendidos, e podem variar de acordo com a espécie e a região, principalmente em grupos altamente diversos, amplamente distribuídos e com peculiaridades ecológicas, como é o caso de *Trichomycterus*.

Nesse sentido, o presente estudo teve como objetivo verificar, a partir da distribuição da diversidade genética das linhagens de *Trichomycterus* da porção leste neotropical, os padrões filogeográficos ao longo da paisagem, de modo a testar as seguintes hipóteses: (i) Visto que grande parte das espécies de *Trichomycterus* é encontrada e/ou está associada a porções das cabeceiras; testar se há diferença no número de espécies que ocupam as regiões de cabeceiras em relação à porção média dos rios; (ii) Visto que muitas espécies são conhecidas apenas para a localidade-tipo, presume-se que as espécies sejam restritas a uma pequena área geográfica, associadas a um rio/bacia; analisar a área de ocorrência das espécies.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Amostra

Para o presente estudo, foram utilizadas sequências de 496 indivíduos e 174 localidades, sendo 391 geradas no presente estudo, e as demais obtidas na plataforma *Barcode of Life Data System* (BOLD) <http://www.boldsystems.org> (acesso em 20 de novembro de 2016), representando 18 espécies de da porção leste neotropical. O universo amostral abrange indivíduos provenientes das bacias do Rio de Contas, Buranhém, Jucuruçu, Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana, São Francisco, Paraíba do Sul, Ribeira do Iguape e Jacuí, além das sub-bacias do rio Paraná, tais como Rio Grande, Tietê, Paranapanema, Iguaçu e Uruguai. A identificação de cada sequência e sua respectiva coordenada, além do número de indivíduos e haplótipos, clado correspondente aos espécimes e bacias onde estão distribuídas se encontram no Apêndice 1.

As unidades operacionais utilizadas no presente estudo foram delimitadas a partir de critérios moleculares e filogenéticos (Figura 1), que revelam dois clados na porção leste neotropical, cuja distinção filogenética e diversidade molecular compatíveis com status genérico distinto (Capítulo 2 desta tese). O Clado I se encontra a norte da distribuição, presente desde o Rio de Contas no limite norte até o rio Paraíba do Sul no limite sul. É representado por 10 espécies organizadas em quatro clados, sendo elas: *T. alternatus, T. pradensis, T. jequitinhonhae, Trichomycterus* sp.nov., *T. immaculatus, T. landinga,* Complexo *"T. brasiliensis", T. nigroauratus, Trichomycterus* sp1. e *T. novalimensis*. O Clado II se encontra entre a cabeceira do rio São Francisco no limite norte até o rio Jacuí, distribuído predominantemente no braço leste da bacia do Paraná. É representado por oito espécies organizadas em cinco clados, sendo eles: *T. iheringi, T. variegatus, Trichomycterus* sp2., *T. perkos, T. poikilos, T. balios, T. guaraquessaba* e *Trichomycterus* sp3. (Figura 1). Embora haja a proposta de hierarquização destas linhagens, para o presente estudo, trataremos todos os indivíduos como *Trichomycterus,* organizados em dois clados.

2.2. Análise dos dados

Os testes de neutralidade foram baseados nos valores de D ($p<0.05$) de Tajima (Tajima, 1989) e Fs ($p<0.02$) de Fu (Fu, 1997) e gerados a partir de 10.000 simulações, em que valores significativamente negativos, é assumida a hipótese alternativa de ausência de neutralidade entre os alelos presentes nos indivíduos que a compõem a população. Os índices de fluxo gênico entre as populações foram baseados nos valores de Fst a partir de 10.000 randomizações, em que valores acima de 0.05, assume-se a hipótese alternativa de que a distribuição de haplótipos observada não é aleatória em relação ao local de amostragem. Para verificar a existência de subestruturação

populacional entre as localidades estudadas, foi utilizada a Análise de Variância Molecular (AMOVA), sendo o percentual de variação entre as populações maior do que dentro delas indício de estruturação. Todas as análises estatísticas supracitadas, além dos índices de diversidade haplotípica e nucleotídica – calculados somente para espécies representadas por mais de sete indivíduos, foram gerados no programa Arlequin v3.1. Para gerar a rede de haplótipos foi utilizado o programa *Population Analysis with Reticulate Trees* – PopART (Bandelt *et al.*, 1999) de forma a verificar a relação entre os haplótipos e sua localidade. Os mapas foram gerados em ambiente de Sistema de Informações Geográficas (SIG).

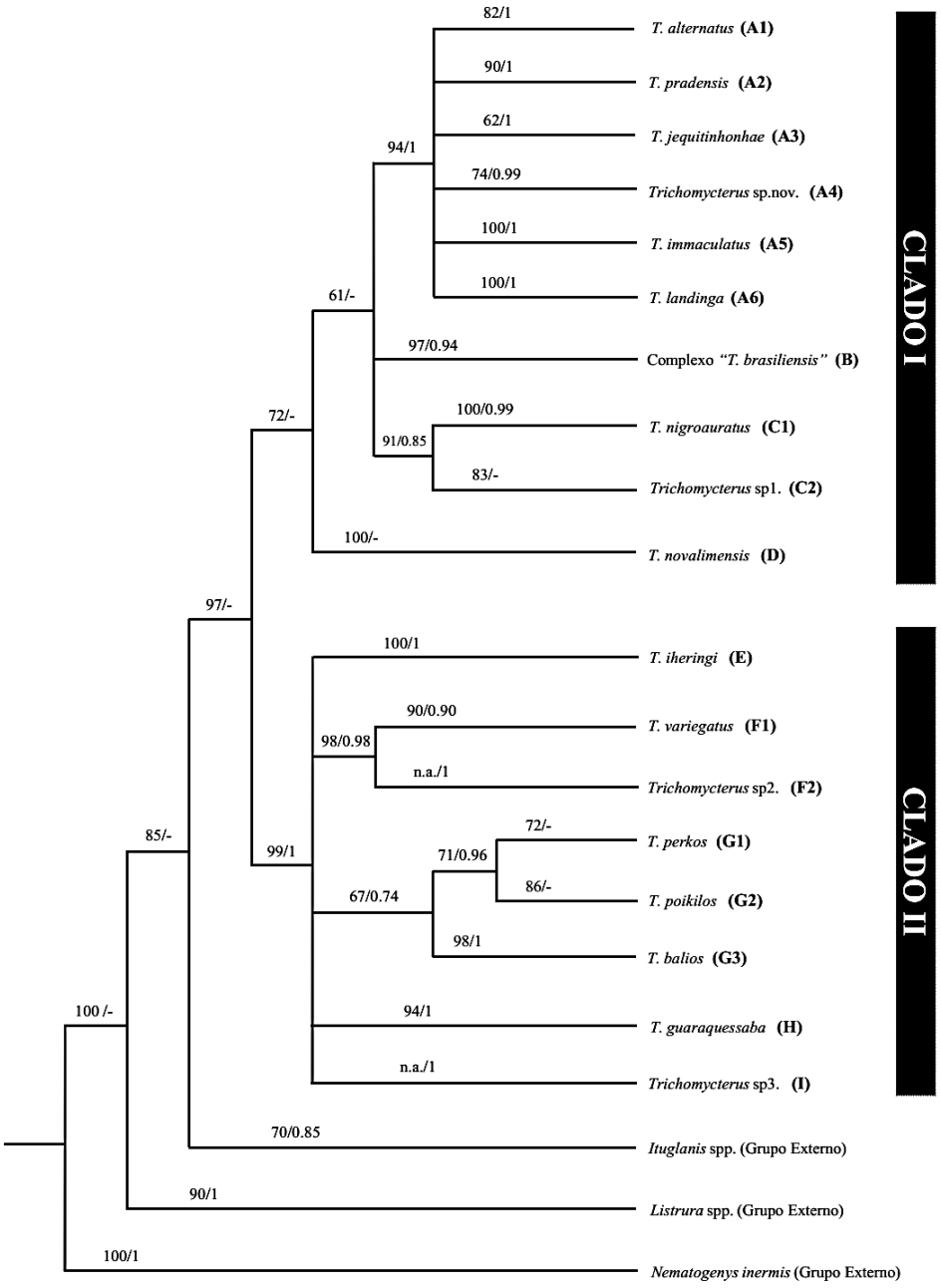


Figura 1. Filogenia de *Trichomycterus* do leste do Brasil referente a 496 indivíduos e 219 haplótipos do gene COI com 789 pb, além dos grupos externos *Ituglanis* spp., *Listrura* spp. e *Nematogenys inermis*. Topologia da árvore faz referência à análise gerada pela Máxima Verossimilhança. Valores em preto acima de cada ramo corresponde ao índice de consistência do ramo, sendo: o valor de *bootstrap* da Máxima Verossimilhança à esquerda; a Probabilidade Posterior da Bayesiana à direita; o traço correspondente à relação não recuperada na análise; n.a. corresponde a casos em que o valor Não se Aplica (Capítulo 2 desta tese, adaptado).

3. RESULTADOS

A matriz com 496 sequências do COI com 789 pb gerou 175 haplótipos. O Clado I está representado por 450 indivíduos e 148 haplótipos, enquanto o Clado II é representado por 46 indivíduos e 27 haplótipos (Tabela 1, Apêndice 1). Para verificar os padrões de distribuição das 18 espécies de *Trichomycterus* da porção leste neotropical, foram plotados numa mapa todas as localidades em que foram registradas.

Os índices de diversidade haplotípica (dh) variaram de dh=0.62 em *T. pradensis* a dh=1.00 em *Trichomycterus* sp. nov., ambas espécies que ocorrem em simpatria no rio Doce. Os índices de diversidade nucleotídica (dπ) variaram de dπ=0.008 em *T. pradensis* a dπ=0.099 em *T. variegatus* (Tabela 1).

A partir da análise da distribuição das espécies e a verificação dos padrões encontrados, foi possível contrastá-los com as duas hipóteses a serem testadas. A primeira hipótese parte do fato de que grande parte das espécies de *Trichomycterus* é encontrada e/ou está associada a porções das cabeceiras, ao qual foi verificado se há diferença no número de espécies que ocupam as regiões de cabeceiras em relação à porção média dos rios. A segunda hipótese é baseada no fato de que muitas espécies são conhecidas apenas para a localidade-tipo, ao qual se presume que as espécies sejam restritas a uma pequena área geográfica, associadas a um rio/bacia, verificado através da análise da área de ocorrência das espécies. Desta forma, os resultados apresentados foram subdivididos em dois tópicos, conforme as hipóteses biogeográficas testadas.

3.1. Alta diversidade de espécies em cabeceiras

Na análise da distribuição das espécies (Figura 2) foi verificada alta diversidade e simpatria de espécies nas regiões de cabeceiras dos rios de maior porte, tanto nas cabeceiras dos rios Jequitinhonha e Doce (Clado I) quanto em cabeceiras dos rios São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul (clados I e II). Nesta porção, próxima geograficamente, são encontradas 55% das espécies do leste registradas no presente estudo, evidenciando a história compartilhada das linhagens associada a esta região.. Além disso, a espécie basal do Clado I (*T. novalimensis*) se mostrou endêmica das cabeceiras dos rios São Francisco, Paraíba do Sul e Paraná, região onde os clados I e II se encontram em simpatria.

Quanto às bacias com maior diversidade de espécies, o Paraíba do Sul se mostrou representado por 39% das 18 espécies, seguida por Rio Grande (Paraná) e alto Jequitinhonha, que abrigaram 28,5% de espécies cada.

Foram encontradas espécies na porção alta em 92% das 24 bacias amostradas. Dentre as 14 bacias que apresentam espécies distribuídas em mais de uma porção (alta, média ou baixa), 58% das bacias apresentaram maior diversidade de espécies em sua porção alta, tendo a diminuição da diversidade com o distanciamento da cabeceira. Em contrapartida, 28% mantiveram o mesmo número de espécies ao longo de todo o rio, enquanto 14% apresentaram mais espécies em sua porção média ou baixa (Tabela 2).

No Rio Grande (Paraná) foi encontrada a menor diversidade em cabeceiras quando comparada as outras porções da bacia, que apresentou mais espécies em sua porção baixa. No entanto, tal região se encontra geograficamente próxima do alto São Francisco, que apresenta a mesma composição de espécies encontradas no médio Rio Grande, sugerindo uma mistura de fauna nesta porção (Figura 2).

Tabela 1. Índices de diversidade haplotípica (dh), diversidade nucleotídica (dπ), número de haplótipos (nh) e distribuição geográfica das espécies de *Trichomycterus* recuperadas através da análise filogenética obtida por Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana de 496 indivíduos sequenciados com o gene mitocondrial Citocromo Oxidase I com 789 bp. Para ilustração dos clados I (norte) e II (sul) e os respectivos subclados, ver Figura 1:

CLADO	Subclado	n	nh	dh	dπ	ESPÉCIE	DISTRIBUIÇÃO
I Norte	A1*	179	57	0.96	0.030	*T. alternatus* Eigenmann, 1918	Jequitinhonha, São Mateus, Barra Seca, Doce, Piraquê-Açu, Reis Magos, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana, Paraíba do Sul.
	A2*	77	19	0.62	0.008	*T. pradensis* Sarmento-Soares, Martins-Pinheiro, Aranda & Chamon, 2005	Buranhém, Jucuruçu, Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce.
	A3*	52	15	0.88	0.025	*T. jequitinhonhae* Triques & Vono, 2004	Rio de Contas, Jequitinhonha.
	A4	7	7	1.00	0.017	*Trichomycterus* sp. nov.	Doce.
	A5	4	2	0.66	0.002	*T. immaculatus* Eigenmann & Eigenmann, 1889	Doce.
	A6	4	2	0.66	0.001	*T. landinga* Triques & Vono, 2004	Jequitinhonha.
	B	55	25	0.95	0.094	Complexo "*T. brasiliensis*" Lutken, 1874	São Francisco, Jequitinhonha, Itabapoana, Rio Grande (Paraná), Paraíba do Sul.
	C1	29	9	0.79	0.014	*T. nigroauratus* Barbosa & Costa, 2008	Paraíba do Sul.
	C2*	34	8	0.72	0.014	*Trichomycterus* sp1.	Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana.
	D	9	4	0.80	0.086	*T. novalimensis* Barbosa & Costa, 2010	São Francisco, Paraíba do Sul, Rio Grande (Paraná).
II Sul	E	20	8	0.86	0.038	*T. iheringi* Eigenmann, 1917	Paraíba do Sul, Tietê (Paraná).
	F1	8	6	0.92	0.099	*T. variegatus* Costa, 1992	Rio Grande (Paraná).
	F2	2	1	0	0	*Trichomycterus* sp2.	Rio Grande (Paraná).
	G1	2	2	1.00	0.029	*T. perkos* Datovo, Carvalho & Ferrer, 2012	Jacuí (Paraná), Uruguai (Paraná).
	G2	2	2	1.00	0.021	*T. poikilos* Fernandez & Malabarba, 2013	Paraíba do Sul, Jacuí (Paraná).
	G3	4	3	0.83	0.008	*T. balios* Fernandez & Malabarba, 2013	Jacuí (Paraná), Uruguai (Paraná).
	H	7	4	0.71	0.068	*T. guaraquessaba* Wosiacki, 2005	Paranapanema (Paraná), Iguaçu (Paraná).
	I	1	1	0	0	*Trichomycterus* sp3.	Uruguai (Paraná).

**Espécies utilizadas para análise dos padrões de distribuição populacional.*

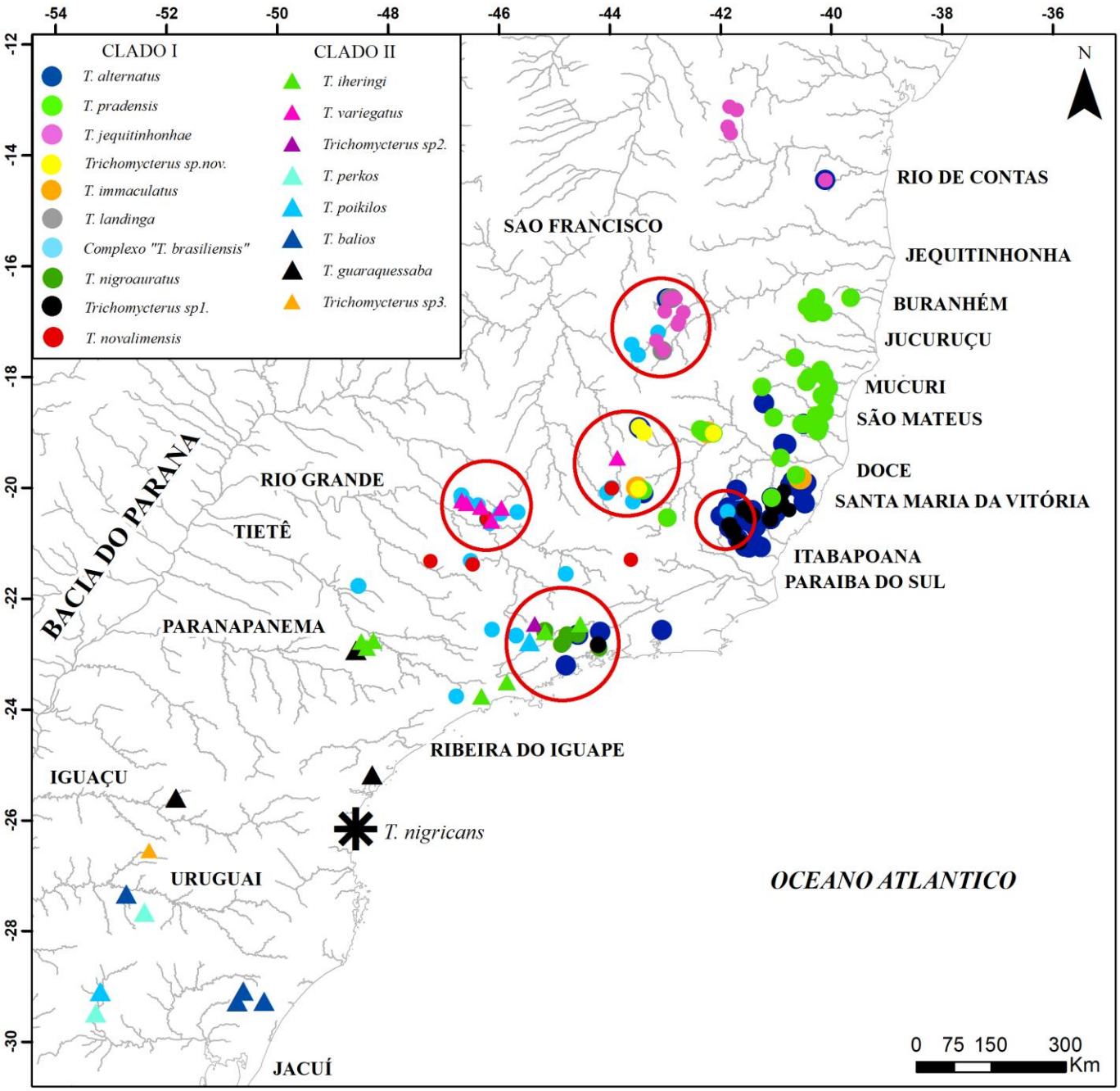


Figura 2. Distribuição das 18 espécies de *Trichomycterus* estudadas na porção leste neotropical. As porções circuladas correspondem a áreas de maior simpatria/sintopia e maior diversidade de espécies nas cabeceiras dos rios Jequitinhonha, São Francisco, Doce, Itabapoana, Paraná (Rio Grande) e Paraíba do Sul.

Tabela 2. Relação do número de indivíduos (N ind) por espécie (18) presente nas porções Alta (A), Média (M) e Baixa (B) dos 24 rios representados no presente estudo:

RIO	N ind	N sp A/M/B	n^{alt}	n^{prad}	n^{jeq}	n^{spn}	n^{imc}	n^{lnd}	n^{bras}	n^{nig}	n^{sp1}	n^{nov}	n^{ihng}	n^{var}	n^{sp2}	n^{prk}	n^{pkl}	n^{bl}	n^{grq}	n^{sp3}
Contas	32: 2sp	1/2/-	0/1/-	-	24/7/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Jequitinhonha	30: 4sp	4/-/-	2/-/-	-	21/-/-	-	-	4/-/-	3/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Buranhém	8: 1sp	1/-/-	-	8/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Jucuruçu	8: 1sp	1/-/-	-	8/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Mucuri	10: 1sp	1/1/-	-	2/7/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Itaúnas	9: 1sp	1/1/-	-	1/8/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
São Mateus	20: 2sp	2/1/-	2/0/-	3/15/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Barra Seca	11: 2sp	2/1/-	4/0/-	4/3/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Doce	74: 4sp	4/3/3	3/0/43	5/9/3	-	5/2/0	1/1/2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Piraquê-Açu	34: 1sp	1/-/-	34/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Reis Magos	6: 1sp	1/-/-	6/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Santa Maria da Vitória	19: 2sp	2/1/-	8/4/-	-	-	-	-	-	-	-	7/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Jucu	19: 2sp	2/1/-	6/-/-	-	-	-	-	-	-	-	11/2/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Itapemirim	34: 2sp	2/2/-	24/5/-	-	-	-	-	-	-	-	4/1/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Itabapoana	34: 3sp	3/2/-	12/13/-	-	-	-	-	-	1/0/-	-	7/1/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Paraíba do Sul	56: 7sp	6/2/-	11/1/-	-	-	-	-	-	6/-/-	29/-/-	1/-/-	-/1/-	6/-/-	-	-	-	1/-/-	-	-	-
São Francisco	29: 3sp	3/-/-	-	-	-	-	-	-	22/-/-	-	-	3/-/-	-	4/-/-	-	-	-	-	-	-
Rio Grande (Paraná)	28: 4sp	2/2/3	-	-	-	-	-	-	4/1/12	-	-	0/3/2	-	0/0/4	2/0/0	-	-	-	-	-
Tietê (Paraná)	20: 2sp	2/2/-	-	-	-	-	-	-	1/5/-	-	-	-	5/9/-	-	-	-	-	-	-	-
Paranapanema (Paraná)	5: 1sp	1/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5/-/-	-
Iguaçu (Paraná)	5: 1sp	-/1/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-/1/-	-
Uruguai (Paraná)	3: 3sp	-/2/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-/1/-	-	-/1/-	-	-/1/-
Ribeira do Iguape	1: 1sp	1/-/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/-/-	-
Jacuí	5: 3sp	2/1/-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/0/-	1/0/-	0/3/-	-	-

3.2. Distribuição das espécies

Tendo em vista que muitas espécies são conhecidas apenas para a localidade-tipo (Buckup *et al.*, 2007), foi verificado se as espécies estariam restritas a uma pequena área geográfica, endêmicas de um rio ou bacia. Desta forma, dentre as 18 espécies analisadas, cinco se mostraram endêmicas, sendo encontradas em apenas uma bacia, tais como no rio Jequitinhonha (*T. landinga*), Doce (*Trichomycterus* sp. nov.), Paraíba do Sul (*T. nigroauratus*), Rio Grande/Paraná (*Trichomycterus* sp2.) e Uruguai/Paraná (*Trichomycterus* sp3). No entanto, 72% das espécies foram registradas em mais de uma bacia, principalmente em bacias adjacentes, contrastando com a hipótese de que grande parte das espécies apresentaria distribuição restrita.

Das 13 espécies, quatro foram encontradas em mais de uma bacia e apresentam boa amostragem, tornando possível a análise dos padrões de distribuição da diversidade genética das populações do COI. Assim, para este fim, foi analisada a distribuição das populações de *T. jequitinhonhae, T. pradensis, Trichomycterus* sp1. e *T. alternatus.* Dentre elas, a espécie com maiores índices de diversidade haplotípica e nucleotídica encontrados foi em *T. alternatus* (dh=0.96; dπ= 0.03) e os menores em *T. pradensis* (dh=0.62; dπ= 0.008; Tabela 1), ambas as espécies com a distribuição mais ampla dentre as 18 delimitadas no leste neotropical.

Ao verificar os padrões de distribuição das populações destas quatro espécies, foi possível encontrar estruturação geográfica das linhagens de *T. jequitinhonhae, T. pradensis, Trichomycterus* sp1., não sendo encontrado qualquer padrão em *T. alternatus*.

3.2.1. Trichomycterus jequitinhonhae

A espécie é encontrada no Rio de Contas e Jequitinhonha, sendo representada por 52 indivíduos e 15 haplótipos. Encontra-se no limite norte da distribuição do Clado I, sem registros para o sul do rio Jequitinhonha (Figura 2). Ao verificar a relação dos haplótipos e sua localidade, foi encontrado um padrão de estruturação por bacias, com distinção de pelo menos três populações, sendo uma do alto Jequitinhonha (H1 a H8), além de duas do Rio de Contas, com estruturação entre as populações das porções alta (H10 a H13, H15) e média (H14) do rio. Não foi verificado compartilhamento de haplótipos entre o alto Jequitinhonha, alto e médio Rio de Contas, sendo todos os haplótipos exclusivos destas três porções. Dentro do Jequitinhonha foi possível encontrar três haplogrupos (H1 a H4; H5 a H8; H9), sem forte estruturação geográfica associada, visto que ocorrem em simpatria (Figura 3).

Os índices de Fst demonstraram que as populações mais estruturadas são o médio e alto Rio de Contas, com Fst de 0.54 ($p<0.05$), enquanto a população do Jequitinhonha foi a molecularmente mais relacionada com as demais populações, com Fst de 0.47 ($p<0.05$) em relação tanto ao médio quanto ao alto Rio de Contas.

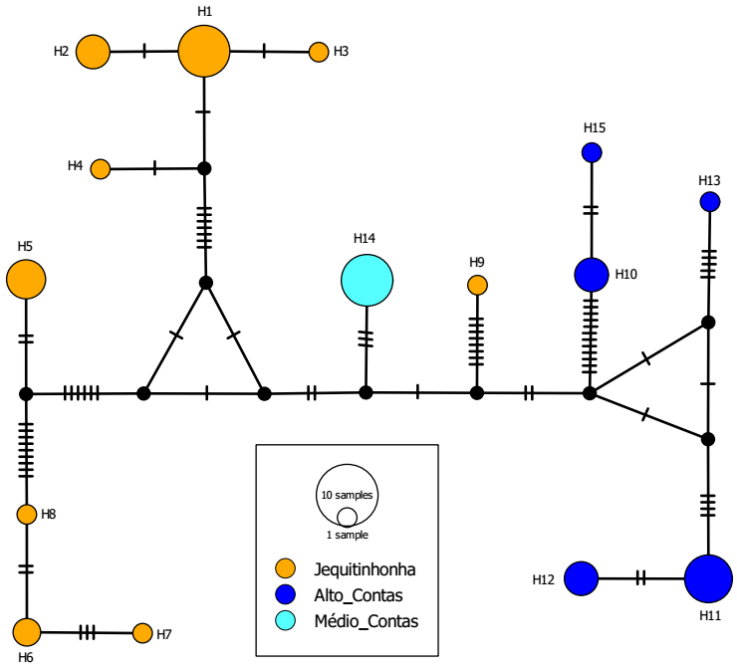


Figura 3. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente a 52 indivíduos de *T. jequitinhonhae* distribuídos entre o Rio de Contas e Jequitinhonha.

3.2.2. Trichomycterus pradensis

Esta espécie é representada por 77 indivíduos e 19 haplótipos (Figura 4), distribuída nas bacias dos rios Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca e braço norte do rio Doce. É uma das espécies mais amplamente distribuídas entre todas as encontradas na porção leste. Os valores de Fst e a rede de haplótipos mostraram que há estruturação genética das linhagens entre bacias, organizada em três haplogrupos (Figura 4): Buranhém, Jucuruçu e as demais bacias ao sul.

Os índices de Fst altos e significativos confirmaram a estruturação entre estas três populações, sendo encontrados índices de Fst que variaram de 0.89 a 0.95 ($p<0.05$). Os índices de AMOVA indicaram que 93% da variação genética é encontrada entre as populações. Além disso, foram encontrados menos passos mutacionais dos haplótipos do haplogrupo sul em relação ao haplogrupo do Jucuruçu, sendo o do Buranhém com maior número de passos mutacionais entre as demais populações (Figura 4A).

O haplogrupo do Buranhém é representado por oito indivíduos e cinco haplótipos, e apresentou dH=0.78 e $d\pi$=0.003, sendo a população com maior diversidade. O haplogrupo do Jucuruçu é constituído por oito indivíduos e três haplótipos, e apresentou dH= 0.43 e $d\pi$= 0.0008. Por fim, o haplogrupo composto pelas demais bacias é representado por 61 indivíduos e apresentou diversidade haplotípica de 0.40 e nucleotídica de 0.001. Embora o haplogrupo constituído por indivíduos provenientes dos rios Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca e braço norte do rio Doce seja mais amplamente distribuído e com maior número de amostra (61 indivíduos), demonstrou os menores índices de diversidade genética.

A rede de haplótipos (Figura 4A) mostrou cinco haplótipos no haplogrupo Buranhém (H4 a H8), três haplótipos no haplogrupo Jucuruçu (H9-H11) e 11 haplótipos demais bacias (H1 a H3 e H12 a H19), sem compartilhamento de haplótipos entre os três haplogrupos.

Um haplótipo central (H1) do haplogrupo sul (demais bacias) se mostrou presente em grande parte das bacias do Espírito Santo, sendo encontrado em maior frequência nos rios Mucuri, Itaúnas e São Mateus. Tal conformação dos haplótipos em estrela a partir deste haplótipo central sugere que os demais haplótipos tenham se divergido a partir dele, visto os poucos passos mutacionais entre ele e os haplótipos adjacentes, sugerindo expansão demográfica recente. Tal expansão é confirmada pelos os índices significativos de D de Tajima (D=-2.11; $p<0.000$) e Fs de Fu (Fs=-9.09; $p<0.001$) apenas para o haplogrupo sul das demais bacias, composto por indivíduos dos rios Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca e Doce (Figura 4B).

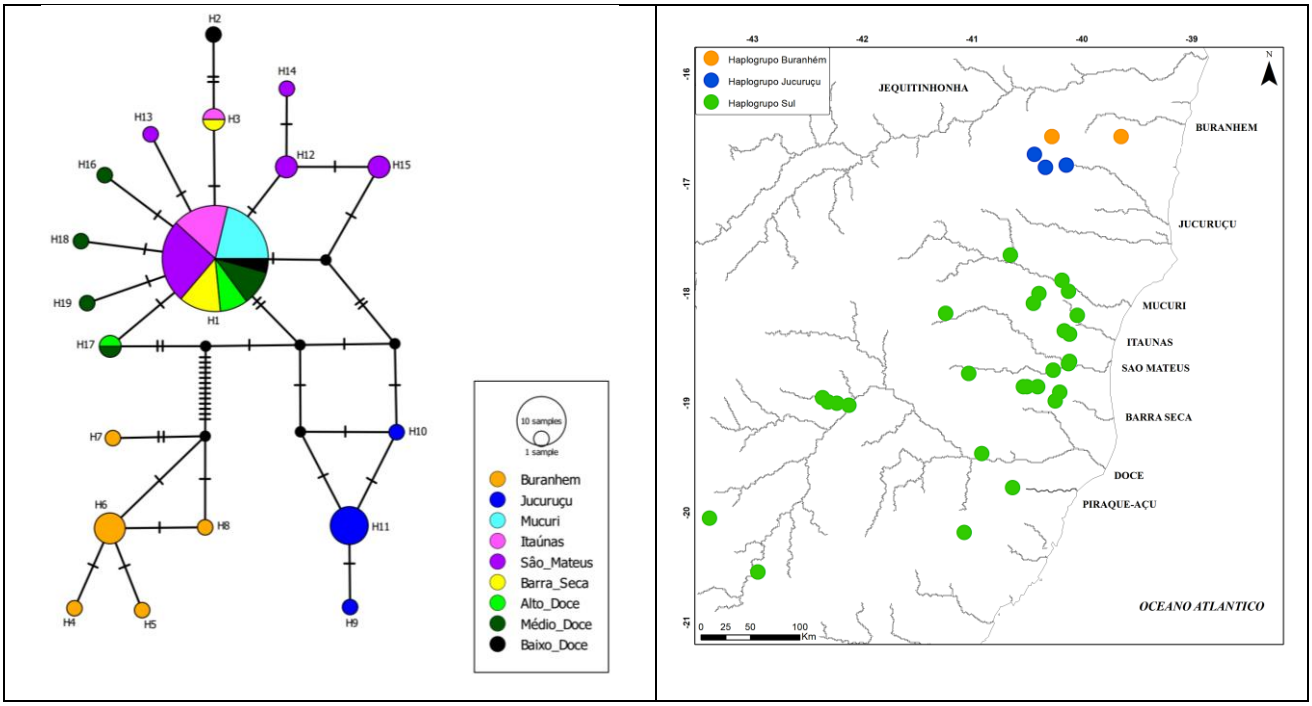


Figura 4. A. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente a 77 indivíduos de *T. pradensis* distribuídos entre o rio Buranhém e Doce. **B.** Distribuição dos três haplogrupos estruturados geograficamente encontrados em *T. pradensis*.

3.2.3. Trichomycterus sp1.

Nesta espécie, foi detectado o padrão de estruturação por bacias entre dois haplogrupos (Figura 5). É composta por 34 indivíduos e oito haplótipos, sendo representada por indivíduos provenientes dos rios Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim, Itabapoana e Paraíba do Sul. A rede de haplótipos (Figura 5A) revelou a presença de dois haplogrupos com índice de Fst de 0.93 ($p<0.05$), evidenciando alta estruturação entre eles. O primeiro haplogrupo (H1 a H3, H8) é composto por sete indivíduos do rio Santa Maria da Vitória e 13 do Jucu, e apresentou diversidade haplotípica de dh=0.48 e nucleotídica de dn=0.001. O segundo haplogrupo (H1 a H3, H17) é representado por sete indivíduos do Itapemirim, seis do Itabapoana e um do Paraíba do Sul, com diversidade haplotípica de 0.39 e nucleotídica de 0.001. Apenas no segundo haplogrupo foi verificada expansão demográfica recente através do valor de D significativo (D: -1.79; $p<0.05$). Os haplótipos mais frequentes de ambos os haplogrupos são os compartilhados entre as bacias adjacentes, tais como entre o rio Santa Maria da Vitória e Jucu, e entre Itapemirim e Itabapoana.

A espécie se encontra em simpatria com *T. alternatus* ao longo de toda sua distribuição. No entanto, o padrão de distribuição e a amplitude de ocorrência destas duas linhagens é muito distinto, visto que *Trichomycterus* sp. se encontra exclusivamente em ambientes serranos (Figura 5B).

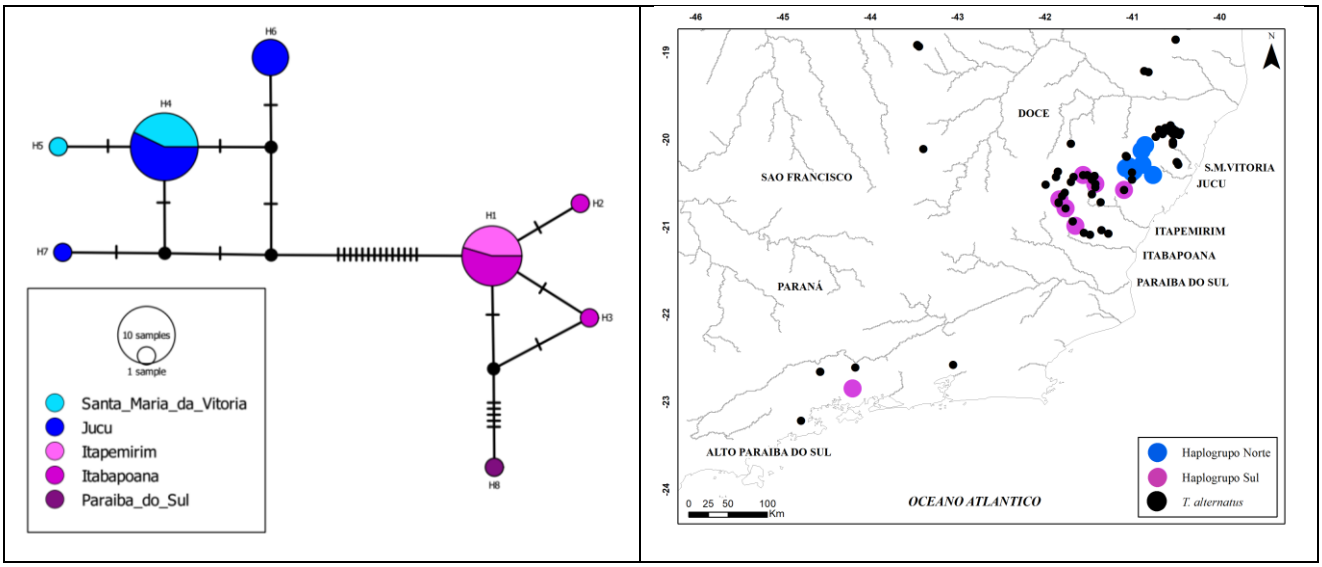


Figura 5. A. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp de 34 indivíduos de *Trichomycterus* sp1. distribuídos entre o rio Santa Maria da Vitória e Paraíba do Sul. **B.** Distribuição de *Trichomycterus* sp1. com estruturação geográfica entre os dois haplogrupos. Destaque para a ocorrência em simpatria com *T. alternatus* ao longo de toda a distribuição da espécie.

3.2.4. Trichomycterus alternatus

Esta espécie se encontra distribuída em 12 bacias entre o Rio de Contas no limite norte e o rio Paraíba do Sul no limite sul. É representada por 179 indivíduos e 57 haplótipos (Tabela 1). Apresentou os maiores índices de diversidade haplotípica e nucleotídica dentre as quatro espécies investigadas (dh=0.96; dπ= 0.03). De maneira geral, não há muitos passos mutacionais entre os haplótipos, salvo exceções (H53). Os haplótipos mais frequentes são encontrados nas bacias do rio Itapemirim, Jucu e Piraquê-Açu, regiões que se encontram na porção central da distribuição da espécie. Em contrapartida, animais presentes nas bacias periféricas da distribuição da espécie apresentaram menor número de indivíduos por haplótipo, molecularmente mais relacionados com outras bacias. Sua ampla distribuição abrange grande heterogeneidade ambiental, visto que acima e abaixo do rio Doce encontram-se diferentes características quanto a formações geológicas e aspectos bioclimáticos.

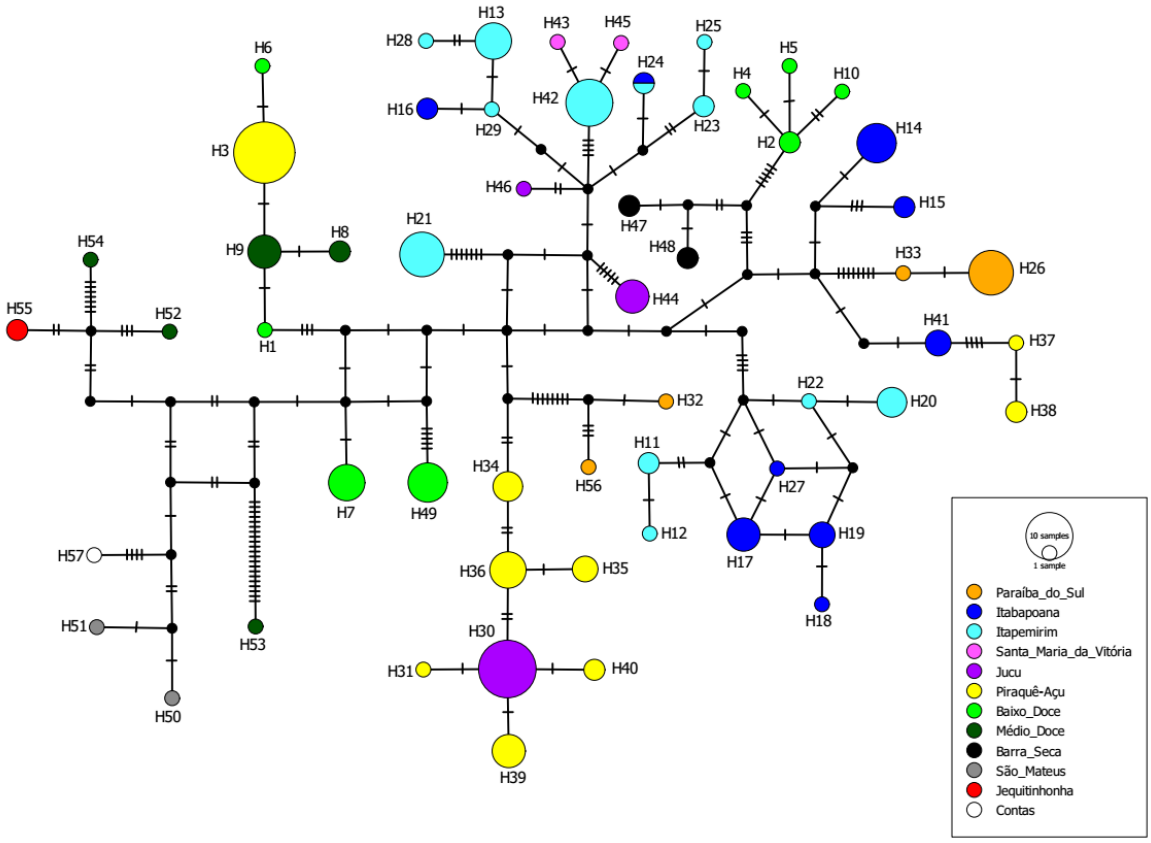


Figura 6. Rede de haplótipos Median Joining Network do gene COI com 789 bp correspondente 179 indivíduos de *T. alternatus* distribuído entre o Rio de Contas e Paraíba do Sul. Cada cor corresponde a uma bacia distinta, conforme legendado.

4. DISCUSSÃO

4.1. Alta diversidade de espécies em cabeceiras

No presente estudo, foi verificada alta associação das linhagens às porções de cabeceiras, onde a maior parte das espécies se encontra em simpatria. As principais áreas de simpatria entre as espécies dos clados I e II foram no alto São Francisco, Rio Grande (Paraná) e Paraíba do Sul. Estas cabeceiras são geograficamente próximas, tendo o Rio Grande na porção intermediária entre o São Francisco e Paraíba do Sul. Estes dois clados apresentaram estruturação geográfica, sendo o Clado I encontrado predominantemente ao norte em relação ao Clado II, cuja porção de simpatria entre eles constitui no limite sul do Clado I e limite norte do Clado II. Estes dois clados coalesceram há cerca de 24 milhões de anos atrás no início do Mioceno (Ochoa *et al.*, 2017), que marca o início da ação neotectônica intraplaca da placa sul-americana (Villas-Boas *et al.*, 2001). A movimentação da placa sul-americana gerou deslocamentos diferenciais nas zonas de fraqueza do relevo, gerando o rebaixamento em algumas regiões e soerguimento de outras ao longo de toda a costa leste (Lima, 2000), o que pode ter promovido evento vicariante entre estes dois clados, com um predominantemente ao norte e um ao sul.

Na porção de cabeceira dos rios São Francisco, Rio Grande (Paraná) e Paraíba do Sul foram registradas 55% das espécies estudadas, sugerindo a conexão pretérita destas áreas que atualmente se encontram isoladas. Tal evidência da história compartilhada destas linhagens associada a tal porção torna nítida a importância desta área para a compreensão da história evolutiva dos *Trichomycterus* do leste. Desta forma, o presente estudo propõe que tal porção seja considerada como área prioritária para conservação, visto que abriga a maior parte da diversidade de espécies *Trichomycterus* do leste neotropical, de forma a promover a manutenção da maior parte dos estoques genéticos do grupo.

A alta diversidade encontrada na região pode ser atribuída ao fato de que nas porções peripátricas da distribuição das linhagens é encontrada maior diversidade, visto que correspondem ao seu limite ambiental, onde as pressões seletivas são intensificadas, ao contrário do que ocorre na porção central de sua distribuição, que corresponderia ao seu ótimo ambiental (Eldredge & Gould, 1972).

A alta diversidade associada às cabeceiras, além da ocorrência simpátrica de diferentes espécies filogeneticamente não relacionadas, sugere contato secundário destas linhagens após o acúmulo de diferenças genéticas e especiação. Desta forma, é possível sugerir que as cabeceiras foram outrora conectadas e que tenham atuado como refúgios e rotas de dispersão para estes bagres em tempos alternados de períodos glaciais e interglaciais.

O potencial de refúgio e rotas de dispersão durante o Pleistoceno das cabeceiras dos rios São Francisco e Paraná já foi demonstrado por Hubert e Renno (2006) para Characiformes, que verificou que as diversas retrações e expansões durante períodos glaciais e interglaciais promoveram a conexão e separação das drenagens dessa região diversas vezes ao longo do Pleistoceno. Assim, estes refúgios associados ao alto São Francisco e Paraná podem ter recebido e dispersado diferentes linhagens ao longo desses períodos, retendo a maior diversidade pela mistura de fauna das duas bacias nesta porção.

Assim, considerando que Characiformes e Siluriformes representam 71% de toda a biodiversidade ictiológica neotropical (Malabarba & Malabarba, 2014), é possível considerar as porções altas do São Francisco e Paraná como chave para a história evolutiva das linhagens de peixes de água doce na porção leste neotropical, retendo grande parte dos estoques genéticos do grupo.

Considerando que em muitos táxons a região de maior área e diversidade atua como fonte para as áreas adjacentes e menores, como demonstrado por mamíferos no grande intercâmbio americano (Marshall & Webb, 1982) ou pelas hipóteses de biogeografia de ilhas (MacArthur & Wilson, 1963; 1967), o São Francisco e Paraná podem ter atuado como matriz das principais linhagens das bacias menores e adjacentes do leste, onde são encontradas menos espécies.

Além disso, visto que nas porções mais próximas a foz e nas bacias menores foi encontrada menos espécies, é possível sugerir que parte das linhagens provenientes das cabeceiras migrou para as porções adjacentes das bacias, onde a diversidade encontrada no presente estudo foi menor (por efeito fundador). Isso porque, de acordo com Mayr (1942), as populações fundadoras contém apenas uma fração da diversidade alélica da população de origem. Desta forma, por efeito fundador, é proposto que, a partir do alto São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul, as linhagens tenham dispersado para as bacias do leste, principalmente através do Jequitinhonha, Doce e Itabapoana, onde é encontrada a maior diversidade de espécies de *Trichomycterus*.

Evidências geológicas apontam para a história compartilhada entre as bacias dos rios São Francisco, Paraná, Doce e Paraíba do Sul, em que os eventos de denudação poderiam explicar a captura de cabeceiras na região. Cherem *et al.* (2012) registraram um intenso escarpamento denudacional nesta porção, fazendo com que os planaltos mais baixos avancem progressivamente em direção ao interior do continente (mais suscetíveis à denudação). Logo, o planalto da bacia do São Francisco perde 8,77m a cada milhão de anos, a bacia do rio Doce perde 15,68m e a do rio Bocaina 50m. Assim, a bacia do rio São Francisco perde área para a do rio Doce que, por sua vez, perde área para a bacia do rio Paraíba do Sul. Além disso, a movimentação da placa sul-americana é responsável pela atividade geológica neotectônica ainda presente no Brasil (Lima, 2000), o que também pode contribuir para a captura de cabeceiras.

É possível verificar que as bacias que sofrem os efeitos de denudação e consequente alteração em sua conformação (Cherem *et al.*, 2012), também foram as áreas identificadas no presente estudo com maior diversidade e simpatria de espécies. Isso porque a alteração no relevo pode ter influenciado no curso e conexão dos rios, promovendo a captura de drenagens e estabelecendo zonas de contato secundário. Estas regiões híbridas retêm tanto linhagens originalmente presentes na região quanto linhagens presentes no rio capturado da bacia adjacente, aumentando a diversidade de espécies no local.

Na bacia do rio Doce foram encontradas quatro espécies – sendo uma nova e endêmica, mostrando a deficiência do conhecimento quanto à diversidade de *Trichomycterus* na bacia, local este destruído ao longo dos anos pela ocupação humana em seu entorno, e mais recentemente devastado pelo depósito de dejetos provenientes do rompimento da barragem de Fundão em Bento Rodrigues/MG em novembro de 2015, empreendimento gerenciado pela mineradora Samarco Mineração S.A. (VALE e BHP). Com isso, é possível que em regiões de alta diversidade e endemismo, tais como o rio Doce, muitas espécies sejam extintas antes mesmo de serem conhecidas.

4.2. Distribuição das espécies

Embora muitas espécies de *Trichomycterus* sejam conhecidas apenas para a localidade-tipo ou bacia correspondente (Buckup *et al.*, 2007), a hipótese de alto endemismo e distribuição restrita das espécies não foi uma regra, visto que apenas 27% das espécies estudadas apresentaram distribuição endêmica a uma só bacia. Ainda assim, mesmo endêmicas, não foram registradas em apenas um local. Em contrapartida, todas as demais espécies foram encontradas em mais de uma bacia, o que inclui espécies amplamente distribuídas, tais como *T. alternatus* presente em pelo menos 13 bacias, e *T. pradensis* distribuída em pelo menos sete. Desta forma, é possível que o alto endemismo atribuído a *Trichomycterus* seja decorrente da falta de conhecimento da distribuição das espécies, evidenciando as grandes lacunas Wallaceanas ainda existentes entre as espécies do gênero.

Embora as espécies se encontrem em simpatria em algumas porções – principalmente em cabeceira, num panorama geral foi verificada a estruturação geográfica das linhagens, desde entre os clados I e II, como entre as espécies dentro de cada clado ou entre as populações. O padrão de estruturação por bacias é encontrado em muitas espécies de peixes na porção neotropical, tais como *Brycon hilarii* na bacia do rio Paraguai (Sanches & Galetti, 2007), espécies de *Megaleporinus* ao longo de toda a região neotropical (Ramirez *et al.*, 2017) e *Hoplias malabaricus* nas bacias costeiras entre os rios Paraguaçu e Paranaguá (Pereira *et al.*, 2013).

Dentre os táxons da porção leste neotropical, o presente estudo identificou que as espécies com populações estruturadas por bacias estão distribuídas em apenas uma região bioclimática *sensu* Carnaval *et al.* (2014) ou ao norte ou ao sul do rio Doce, cuja paisagem apresenta feições pouco variáveis. Estas linhagens se encontram estruturadas por bacias ou conjunto de bacias adjacentes entre si, a citar *T. jequitinhonhae*, *T. pradensis* e *Trichomycterus* sp1., encontradas apenas acima ou abaixo do rio Doce.

Carnaval *et al.* (2014) verificaram dois perfis bioclimáticos distintos ao norte e ao sul do rio Doce, cujos padrões de distribuição das espécies de vertebrados terrestres nestas duas porções apresentam explicações distintas. Os autores verificaram que a estabilidade da floresta ao norte do rio Doce é histórica (~120-21 mil anos atrás), não apresentando relação com os padrões espaciais de estabilidade climática da Mata Atlântica em sua porção sul. As áreas de estabilidade na porção sul do rio Doce estariam associadas a elevadas altitudes, que corresponderam a alta diversidade e endemismo das espécies de vertebrados terrestres, e que o cenário mais recente (Pleistoceno em diante) explicaria melhor a distribuição dos táxons nessa porção.

Embora as hipóteses de estruturação por bacias seja intuitivamente pertinente, tendo em vista que uma bacia é uma unidade hidrográfica isolada das circunvizinhas, é necessário considerar os fatores históricos associados à dinâmica da paisagem e à história evolutiva de cada linhagem.

Isso porque muitas espécies não seguem um padrão de estruturação coerente com conformação atual das bacias. Esta situação foi recentemente observada por Dagosta e De Pinna (2017) na distribuição dos peixes amazônicos, em que verificaram que as sub-bacias que drenam o rio Amazonas são híbridas, revelando conexões históricas com bacias adjacentes. Tal evidência foi verificada pelo compartilhamento de linhagens entre essas regiões, em decorrência de eventos de captura de drenagem que permitiram a dispersão biótica, gerando assim uma mistura da fauna.

Desta forma, mesmo táxons com grande amplitude geográfica de ocorrência, tais como *T. pradensis*, desde que ocorram em ambiente homogêneo, podem apresentar estruturação geográfica em nível de bacias, visto que as alterações climáticas e da paisagem podem ter gerado pouca alteração no curso dos rios ao longo da história evolutiva das linhagens na porção acima do rio Doce, como no Grupo Barreiras (Brasil, 1981). O mesmo pode ser observado quando analisado *T. jequitinhonhae* presente apenas ao norte do Doce, ou *Trichomycterus* sp1., restrita a porções serranas ao sul do rio Doce, regiões em que foi identificado apenas um perfil bioclimático (Carnaval *et al.*, 2014).

4.2.1. Trichomycterus jequitinhonhae

Esta é a espécie com a distribuição mais ao norte dentro da presente amostragem. Encontra-se restrita às bacias do rio Jequitinhonha e alto rio de Contas. Ao analisar a relação dos haplótipos e sua procedência, foi possível verificar que haplótipos de indivíduos de populações uma mesma bacia são mais relacionados com haplótipos populações de bacias adjacentes do que entre si, tais como as populações do alto e médio Rio de Contas, que são geneticamente mais relacionadas com as do Jequitinhonha, do que entre as duas porções dentro de um mesmo rio. A relação mais próxima dos indivíduos do Rio de Contas com o Jequitinhonha do que entre populações dentro da mesma bacia indica que as populações do alto e médio Rio de Contas podem ter sido fundadas por indivíduos com diferentes alelos provenientes do Jequitinhonha.

A estruturação de táxons dentro de um único sistema hidrográfico pode ser explicada pelas diferenças ambientais ao longo de um mesmo rio (Hatanaka & Galetti, 2003) ou pela dinâmica da paisagem, que pode promover a captura de drenagens através de atividades neotectônicas e denudacionais (Lima, 2000; Cherem *et al.*, 2012). O rio Jequitinhonha apresentou intensa atividade neotectônica que alterou a dinâmica e direção de suas drenagens, evidenciado pela presença de diversas deformações e peculiaridades no relevo (Saadi & Pedrosa-Soares, 1991; Saadi, 1995) que poderiam promover captura de drenagens vizinhas, principalmente em sua cabeceira. Na porção alta da bacia encontra-se o rio Itacambiruçu, cuja abrupta curvatura parece corresponder à uma captura

Cenozoica de um antigo afluente do São Francisco ligado a um basculamento do planalto para o Sudeste (King 1956). Evidências de conexões pretéritas com o São Francisco também podem ser encontradas a partir da presença de muitos *windgaps* na borda oeste, cujo basculamento teve efeito semelhante ao sul, onde as porções altas dos rios Ribeirão de Areias e Tabatinga parecem ser resultado recente captura de drenagem entre estas duas bacias (King, 1956). O arqueamento da serra do Espinhaço no final do Terciário foi o divisor do Jequitinhonha e São Francisco, tendo pelo menos três ou quatro eventos de deformação associados a tal arqueamento na região, sendo o eixo de arqueamento direcionado oeste para leste (King, 1956), formando dos vales dos rios Araçuaí e Jequitinhonha com feição de tabuleiros e formação do basculamento tectônico da margem direita do rio Araçuaí (Saadi & Pedrosa-Soares, 1991). O soerguimento da serra Espinhaço remonta o período de diversificação dos gêneros do leste (Ochoa *et al.*, 2017). No entanto, a Depressão de Couto de Magalhães formada através de intensa dissecação fluvial por drenagens do alto Araçuaí e Jequitinhonha, faz com que a bacia receba drenagens que ultrapassaram os limites ocidentais da Serra do Espinhaço, o que pode promover a conexão de drenagens do São Francisco e Jequitinhonha. Essa depressão está associada ao direcionamento inicial do alto rio Jequitinhonha de sudeste para nordeste e marca uma oscilação muito recente do divisor Jequitinhonha e São Francisco próximo a Bocaiúva, sugerindo que as drenagens desta região podiam escoar para a bacia do rio São Francisco antes basculamento pliocênico (Saadi, 1995).

A intensidade das atividades pode ter gerado grandes alterações no curso dos tributários do Jequitinhonha, e os dados do presente estudo trazem evidências faunísticas que dão suporte a essa afirmação, haja vista a presença na cabeceira desta bacia de linhagens distintas e distribuídas em bacias tanto ao norte quanto ao sul do Jequitinhonha. Além disso, considerando que a alta diversidade e endemismo de determinada região pode indicar rotas de dispersão e refúgio para muitas linhagens (Hubert & Renno, 2006), é plausível supor que o Jequitinhonha tenha desempenhado um papel importante como refúgio e rotas de dispersão das linhagens para o leste, principalmente para o norte.

4.2.2. Trichomycterus pradensis

Esta é uma das espécies com distribuição mais ampla encontrada para as espécies do leste, distribuída predominantemente ao norte do rio Doce até o rio Buranhém, onde o relevo não apresenta grandes diferenças altitudinais quando comparado às bacias do sul. Todas as linhagens encontradas nos tabuleiros do Grupo Barreiras apresentaram estruturação geográfica e por bacias, tendo uma quebra biogeográfica entre o Buranhém e Jucuruçu, e entre o Jucuruçu e as demais bacias ao sul.

No presente estudo, foram encontrados três haplogrupos fortemente estruturados, sendo um composto por indivíduos provenientes da bacia do rio Buranhém, o segundo por indivíduos do Jucuruçu e o terceiro por animais presentes entre o rio Mucuri e Doce. Dos três, a população do rio Buranhém demonstrou maior estruturação, mesmo entre bacias circunvizinhas, como a do Jucuruçu. O evento vicariante pode ter sido gerado pelo basculamento entre essas duas drenagens. A quebra biogeográfica nesta porção entre o rio Buranhém e Jucuruçu também foi reportada por Pereira *et al.* (2013) entre as populações de *Hoplias malabaricus* (Teleostei, Erythrinidae), sendo atribuída a influência da Formação de Abrolhos, alterando o relevo do continente e atuando como barreira vicariante entre as linhagens continentais. Com isso, é possível inferir que esta formação, mesmo que marinha, possa ter desencadeado alterações no relevo que geraram a alteração da paisagem continental, atuando como barreira ao fluxo gênico. Além disso, considerando a plataforma continental mais exposta durante os períodos de glaciação do Pleistoceno, é possível que as bacias do Buranhém e Jucuruçu tenham ficado isoladas mais a leste desde a formação de Abrolhos, impedindo a conexão pretérita dos rios na plataforma continental exposta. Assim, tal barreira demonstrou ser mais proeminente para *T. pradensis* do que a distância entre bacias, visto que as populações do Jucuruçu e Doce são geneticamente mais próximas.

As drenagens da região ao norte do rio Doce compreendem o Grupo Barreiras, uma região de ambiente homogêneo e pouca oscilação altitudinal ao longo da paisagem. Evidências geológicas apontam para conexões pretéritas entre muitas destas bacias. Ao norte da desembocadura do rio Jucuruçu e ao sul da foz do Mucuri é possível encontrar basculamentos de sedimentos do Grupo Barreiras em direção ao continente, o que desencadeou capturas e anomalias de drenagem devido à basculamentos neotectônicos (Ferraz, 2006). O Grupo Barreiras é caracterizado por apresentar tabuleiros de grande extensão com interrupção brusca próximos à costa por falésias fósseis ou ativas (Rocha *et al.*, 2000), o que podem ter isolado as paleodrenagens da região, impedindo o fluxo gênico das populações de *T. pradensis* através desta porção.

A região do Grupo Barreiras apresenta relevo com baixa a média variação altitudinal, além de estabilidade florestal persistente por um período mais longo na história da paisagem, em

comparação ao sul do Doce (Carnaval *et al.*, 2014). As áreas de estabilidade climática da Mata Atlântica ao norte do rio Doce estão relacionadas à estabilidade história da floresta (~120-21 mil anos atrás) e não apresenta relação com o cenário contemporâneo. Desta forma, a estruturação em nível de bacias encontrada em *T. pradensis* pode ser atribuída à características da paisagem, que, além de ter sofrido poucas alterações ao longo do tempo da história evolutiva da espécie na região (8.4 milhões de anos *sensu* Ochoa *et al.*, 2017) se encontra distribuída apenas em um perfil morfoclimático da Mata Atlântica (Carnaval *et al.*, 2014).

4.2.3. Trichomycterus sp1.

Na porção sul do rio Doce, foi encontrada a espécie *Trichomycterus* sp1., cujas populações estão estruturadas em nível de bacias ou conjunto de bacias adjacentes. Esta espécie se mostrou restrita a porções de relevo acidentado e de elevada altitude (porções de serra) e associadas às cabeceiras dessas bacias. Carnaval *et al.* (2014) verificaram que na porção norte e sul do rio Doce são bioclimaticamente distintas. Na porção sul, as áreas de estabilidade florestal estariam associadas à elevadas altitudes, que corresponderam ao alto endemismo dos táxons. Estas porções mais elevadas ao sul do Doce funcionariam como refúgios de fauna durante as glaciações do Pleistoceno, e poderiam reter grande número de linhagens. Além disso, os autores demonstraram que o cenário mais recente associado às glaciações pleistocênicas até o presente explicaria melhor a distribuição dos vertebrados terrestres nessa porção. Desta forma, *Trichomycterus* sp1. se encontra unicamente em uma porção bioclimática, o que pode explicar a estruturação das linhagens em nível de bacias, visto que ocorrem num ambiente com características ambientais pouco discrepantes.

Foi verificada a presença de dois haplogrupos ou populações em *Trichomycterus* sp1., sendo um correspondente a indivíduos das bacias vizinhas do rio Santa Maria da Vitória e Jucu, e o segundo haplogrupo composto por animais provenientes dos rios Itapemirim e Itabapoana – também adjacentes. Embora as bacias do Jucu e Itapemirim sejam vizinhas, houve uma quebra filogeográfica entre as populações. Tal estruturação de linhagens também foi encontrada para *Hoplias malabaricus*, em que o haplogrupo Leste B apresentou ocorrência desde o Itabapoana até Paraíba do Sul, cuja quebra foi associada ao lineamento magmático de Cabo Frio (Pereira *et al.*, 2013). Esta quebra biogeográfica foi associada pelos autores ao lineamento magmático de Cabo Frio.

4.2.4. Trichomycterus alternatus

Embora para três espécies de *Trichomycterus* tenha sido encontrado algum padrão de estruturação das linhagens, o mesmo não ocorreu em *T. alternatus.* Foram encontrados agrupamentos endêmicos e com presença de mais de uma população na mesma bacia, não sendo possível observar uma estruturação geográfica marcante entre as linhagens desta espécie, sendo encontrada em menor densidade na porção periférica de sua distribuição.

Ainda que seja possível hipotetizar que a espécie seria mais antiga que as demais, o que poderia explicar a não estruturação geográfica decorrente de diversos eventos de contato secundário entre as populações de bacias distintas, segundo Ochoa *et al.* (2017), esta espécie coalesceu de sua linhagem irmã há cerca de 5,17 milhões de anos, num período posterior à coalescência de *T. pradensis*, há cerca de 8,44 milhões de anos. Haja vista que em *T. pradensis* foi verificado um padrão de estruturação geográfica das populações, não é possível atribuir o fator tempo para explicar a ausência de padrões em *T. alternatus*. Uma distribuição sem estruturação pode ser entendida através de um cenário de conexões pretéritas entre drenagens costeiras, que promoveram o fluxo gênico entre indivíduos de bacias atualmente distintas.

No presente estudo, a espécie foi encontrada na porção baixa do Rio de Contas, na cabeceira dos rios Jequitinhonha, Barra Seca, São Mateus, além de apresentar ocorrência ao longo de toda a bacia rio Doce, Piraquê-Açu, Santa Maria da Vitória, Jucu, Itapemirim e Itabapoana e Paraíba do Sul. Desta forma, a espécie é encontrada ao longo de dois perfis bioclimáticos distintos, sendo um acima e outro abaixo do rio Doce. Segundo Carnaval *et al.* (2014), ao norte do rio Doce o padrão verificado foi de estabilidade histórica da floresta é histórica (~120-21 mil anos atrás), em que a distribuição dos vertebrados terrestres não apresenta relação com o cenário contemporâneo. Em contrapartida, as áreas de estabilidade na porção sul do rio Doce estão associadas à elevadas altitudes, que corresponderam ao alto endemismo filogeográfico dos táxons, e que a distribuição das linhagens pode ser explicada tanto através de um cenário da paisagem pretérito quanto contemporâneo. Além disso, esta área apresenta grande variação geomorfológica ao longo da paisagem. Todos estes fatores podem ter contribuído para a alteração da paisagem e alteração do fluxo das drenagens. A alta heterogeneidade ambiental e climática presente dentro de toda a distribuição da espécie pode promover uma dinâmica populacional distinta sem estruturação geográfica.

A estruturação populacional encontrada dentro de uma bacia pode ser explicada por questões inerentes da história evolutiva da espécie, que pode apresentar fidelidade de sítio ou baixa vagilidade em alguns trechos do rio, o que dificulta o fluxo gênico de determinadas populações, mesmo em regiões geograficamente próximas. De acordo com Carnaval *et al.* (2014),

microrrefúgios nas terras altas e ao sul do Doce desempenharam um papel importante para a manutenção da diversidade de vertebrados terrestres durante o Quaternário, regiões estas que também poderiam ter atuado como refúgios para populações de *T. alternatus* durante o Pleistoceno.

Além disso, de acordo com Ribeiro e Menezes (2015), as análises filogenéticas de *Oligosarcus* revelaram que alterações e falhas no relevo estariam associadas a estruturações biogeográficas entre as linhagens, principalmente as associadas ao escudo cristalino, visto que esta restringiria a dispersão dos animais devido à presença de muitos vales, corredeiras e a presença de locais com quebras abruptas entre regiões de altitude e planícies. Isso explicaria a presença de animais molecularmente distintos encontrados na mesma bacia, como verificado no presente estudo nas linhagens de *T. alternatus*. A estruturação das linhagens dentro de um único sistema hidrográfico pode ser explicada pelas diferenças ambientais ao longo de um mesmo rio e/ou adaptação de espécies a um ambiente específico (Hatanaka & Galetti, 2003).

Considerando que o compartilhamento de fauna entre bacias é uma forte evidência para a conexão pretérita entre elas (Hubert & Renno, 2006; Dagosta & De Pinna, 2017), é possível considerar o rio Doce e Jequitinhonha como prováveis rotas de dispersão de *T. alternatus* para as bacias costeiras do leste. A proximidade geográfica entre contribuintes do alto Jequitinhonha e braço norte do Doce, a proximidade das cabeceiras dos rios Barra Seca e São Mateus em relação ao Doce, e o fato de que grande parte dos indivíduos provenientes do Jequitinhonha, Barra Seca e São Mateus se encontram em outras espécies reveladas no presente estudo indicam uma história compartilhada entre estas áreas.

De acordo com Ferraz e Valadão (2006), capturas de drenagem nessa região e anomalias no relevo são geradas pelo desnudamento da paisagem pela drenagem agressiva dos cursos d'água que compõem as bacias do rio Doce e Mucuri, através da captura dos canais fluviais que complementavam a rede hidrográfica da bacia do Jequitinhonha. Mesmo que a presença de *T. alternatus* no Jequitinhonha e Rio de Contas pareça disjunta, a conexão pretérita do Jequitinhonha com o Doce já foi verificada por evidências geológicas (Saadi & Pedrosa-Soares, 1991; Saadi, 1995). Durante o arqueamento da Serra do Espinhaço, a atividade tectônica pliocênica e movimentação das rampas de empurrão para oeste formaram a deformação na cobertura metassedimentar do Cráton do São Francisco, fazendo com que sua drenagem arqueasse para oeste, e a instalação de um contexto distensivo em sua borda oriental que promoveram a formação das depressões do baixo rio Araçuaí e médio rio Doce, possibilitando a conexão de suas drenagens (Saadi, 1995).

Todas estas evidências apontam para uma história compartilhada das bacias onde *T. alternatus* se encontra, a estruturação ppopulacional dentro de uma mesma bacia pode estar associada à heterogeneidade do ambiente associado ao escudo cristalino, principalmente nas

cabeceiras, locais em que os animais da subfamília Trichomycterinae apresentam grande adaptabilidade morfológica para ocupar (Sazima, 2004).

4.3. Captura de cabeceiras e paleodrenagens costeiras

A captura de cabeceiras foi o principal evento capaz de explicar o padrão de distribuição das espécies no presente estudo. Nestas porções de cabeceiras foi verificada a ocorrência simpátrica e sintópica das linhagens e apontam para uma história compartilhada entre as bacias dos rios São Francisco, Jequitinhonha, Paraná, Doce e Paraíba do Sul. Desta forma, o presente estudo encontrou uma alta diversidade associada a cabeceiras dos rios, ocorrendo em todos os níveis hierárquicos, desde a distribuição de diferentes clados, como os clados I e II, ou mesmo entre espécies e populações.

Em eventos de captura de drenagens, as populações são isoladas por vicariância quando um tributário é capturado por um rio vizinho, separando as populações. Em contrapartida, as populações são conectadas quando a barreira que as isolava é rompida através da conexão dos tributários. Estes eventos podem ocorrer a partir de atividades neotectônicas, intemperismo ou glaciação. Considerando que os padrões biogeográficos identificados contribuem para o entendimento da história da paisagem (Platnick & Nelson, 1978), as evidências faunísticas para os eventos de captura de drenagem são percebidos quando seus efeitos afetam simultaneamente várias linhagens filogeneticamente não relacionadas. Dagosta e De Pinna (2017) verificaram que a distribuição dos peixes amazônicos não apresentou relação com a conformação atual das bacias, e que eventos de captura de drenagens explicariam a conformação atual da distribuição das espécies, de forma que a dispersão biótica após os eventos de captura teriam gerado uma mistura da fauna.

No entanto, não é possível descartar as conexões através das paleodrenagens como promotoras do fluxo gênico entre as populações. As paleodrenagens surgem através dos eventos de glaciação, que retraem o mar é expõem a plataforma continental ao longo da “Mata Atlântida” (Leite *et al.*, 2016), fazendo com que as drenagens que desaguavam no mar passem a se conectar. Os efeitos das paleodrenagens na estruturação das populações já foram observados em *Trichomycterus*, a citar *T. zonatus*, presente nas drenagens costeiras da Serra do Mar (Lima, 2009). O padrão de estruturação de suas populações, atualmente disjuntas, é recuperado através da análise da conformação histórica das bacias, visto que drenagens atualmente isoladas compartilham representantes da mesma população. A paleodrenagem formada no Quaternário cortava a Baía de Guanabara e hoje integra a bacia do rio Paraíba do Sul, mostrando congruência com a conformação das populações em relação à paisagem deste período, e não ao cenário atual (Lima, 2009).

Ramirez *et al.* (2017) realizaram a análise das relações filogenéticas e padrões de distribuição de dez espécies de *Megaleporinus* na região neotropical e demonstraram que a dispersão e diversificação do gênero para as bacias costeiras do leste foi facilitada pelas conexões entre paleo-bacias durante períodos de baixo nível do mar (glaciações pleistocênicas) e captura de drenagens entre as bacias costeiras e as bacias mais a oeste.

Estes eventos poderiam explicar a dinâmica populacional observada neste estudo em *T. alternatus*, pois dentro de uma mesma bacia se encontram indivíduos geneticamente mais relacionados com animais de bacias adjacentes. Além da captura de cabeceiras, é possível propor que a conexão por paleodrenagens também poderia explicar o fluxo gênico dos animais de diferentes regiões, não sendo, portanto, eventos excludentes, já que ambos poderiam ter favorecido a dinâmica populacional na espécie.

As paleodrenagens poderiam explicar a dinâmica populacional em espécies estruturadas geograficamente sem registro de distribuição disjunta das linhagens, tais como em *T. pradensis*, em que a conexão entre as paleodrenagens costeiras que ligavam os rios Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce e Piraquê-Açu poderia ter favorecido o fluxo gênico entre indivíduos destas bacias e, portanto, justificaria que correspondam a uma só população amplamente distribuída.

Embora em *T. pradensis* não tenha sido registrada distribuição disjunta das linhagens, é possível que a conexão entre as drenagens do Mucuri, Itaúnas, São Mateus, Barra Seca, Doce e Piraquê-Açu por paleodrenagens costeiras tenha favorecido o fluxo gênico entre indivíduos destas bacias, uma vez que compõem uma só população amplamente distribuída.

A conexão destas áreas e relação das linhagens através das paleodrenagens não exclui a hipótese de conexão de cabeceiras, pois diferentes eventos podem ter infuenciado o padrão de estruturação de uma mesma linhagem ao longo de sua história. Além disso, foi observado que dentro de grupos filogeneticamente relacionados e linhagens-irmãs, os padrões filogeográficos são muito distintos, variando conforme a amplitude da distribuição da linhagem e o ambiente em que se encontra. Embora não sejam excludentes, os eventos de captura de cabeceiras parecem explicar melhor a distribuição das linhagens. Isso porque a maior diversidade destas espécies está associada a cabeceiras, evidenciando uma história compartilhada entre drenagens adjacentes.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BANDELT HJ, FORSTER P, RÖHL A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Mol Biol Evol., v.16, n.1, p.37-48.

BRASIL (1981) Ministério das Minas e Energia. Secretaria Geral. Folha SD 24 Salvador: geologia, geomorfologia, pedologia, vegetação, uso potencial da terra. Rio de Janeiro, 624p. 24v.

BUCKUP PA, MENEZES NA, GHAZZI MA (2007) Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil. Rio de Janeiro: Museu Nacional, Série Livros 23. 195p.

CARNAVAL AC, WALTARI E, RODRIGUES MT, ROSAUER D, VANDERWAL J, DAMASCENO R, PRATES I, STRANGAS M, SPANOS Z, RIVERA D, PIE MR, FIRKOWSKI CR, BORNSCHEIN MR, RIBEIRO LF& MORITZ C (2014) Prediction of phylogeographic endemism in an environmentally complex biome. Proccedings of the Royal Society B, 281: 20141461, p1-8.

CHEREM LFS, VARAJÃO CAC, BRAUCHER R, BOURLÉS D, SALGADO AAR, VARAJÃO AC (2012) Long-term evolution of denudational escarpments in southeastern Brazil. Geomorphology, v.173-174, p.118-127.

DAGOSTA FCP & DE PINNA MCC (2017) Biogeography of Amazonian fshes: deconstructing river basins as biogeographic units. Neotropical Ichthyology, v.15, n.3, p. e170034 [1-24].

ELDREDGE N & STEPHEN JAY GOULD SJ (1972) Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. In Models in Paleobiology, SCHOPF TJM (Ed.). Freeman Cooper, p.82-115.

FERRAZ CML & VALADÃO RC (2006) A tectônica Cenozoica e a evolução do relevo: das "chapadas" do Jequitinhonha à planície costeira do sul da Bahia. Anais do VI Simpósio Nacional de Geomorfologia, Goiânia-GO, p.1-11.

FU YX (1997) The χ-calculus, IEEE Computer Society Press, Advances in Computing Science, Proceedings of the 1997 International Conference on Advances in Parallel and Distributed Computing (APDC'97), p. 74-81.

HATANAKA, T. & GALETTI JR, PM., 2003. RAPD markers indicate the occurrence of structured populations in a migratory freshwater fish species. Genet. Mol. Biol., vol. 26, no. 1, p. 19-25.

HUBERT N & RENNO JF (2006) Historical biogeography of South American freshwater fishes. Journal of Biogeography, v.33, p.1414-1436.

KING LC (1956) Geomorfologia do Brasil Oriental. Rev. Bras. Geog., v.18, n.2, p.1-147.

LEITE YLR, COSTA LP, LOSS AC, ROCHA RG, BATALHA-FILHO H, BASTOS AC, QUARESMA VS, FAGUNDES V, PARESQUE R, PASSAMANI M & PARDINI R (2015)

Neotropical forest expansion during the last glacial period challenges refuge hypothesis. PNAS Early Edition, p.1-6.

LIMA CCU (2000) O Neotectonismo na Costa do Sudeste e do Nordeste Brasileiro. Revista de Ciência & Tecnologia, v.15, p.91-102.

LIMA SMQ (2009) Filogeografia e sistemática molecular de dois bagres das bacias costeiras da Serra do Mar, Trichomycterus zonatus (Eigenmann, 1918) e Trichogenes longipinnis Britski & Ortega, 1983 (Siluriformes: Trichomycteridae). Tese de doutorado, Universidade Federal do Rio de Janeiro. 189p.

MALABARBA LR & MALABARBA MCSL (2014) Filogenia e classificação dos peixes tropicais. p.1-12. BALDISSEROTTO B, CYRINO JEP & URBINATI EC (Eds). Em: Biologia e fisiologia de peixes neotropicais de água doce. Jaboticabal: FUNEP-UNESP. 336p.

MAC-ARTHUR RH & WILSON EO (1967) The Theory of Island Biogeography. Monographs in Population Biol., Princeton Univ. Press, Princeton.

MARSHALL LG, WEBB SD, SEPKOSKI JJ-Jr & RAUP DM (1982) Mammalian evolution and the great American interchange. Science, v.215, n.4538, p.1351-1357.

MAYR E (1942) Systematics and the Origin of Species. Columbia University Press, New York.

OCHOA LE, ROXO FF, DO-NASCIMIENTO C, SABAJ MH, DATOVO A, ALFARO M, OLIVEIRA C (2017) Multilocus analysis of the catfish family Trichomycteridae (Teleostei: Ostariophysi: Siluriformes) supporting a monophyletic Trichomycterinae. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.115, p.71-81.

OLDEN JD, KENNARD MJ, LEPRIEUR F, TEDESCO PA, WINEMILLER KO, GARCÍA-BERTHOU E. Conservation biogeography of freshwater fishes: recent progress and future challenges. Divers Distrib. 2010; v.16, n.3, p.496-513.

PEREIRA TL, SANTOS U, SCHAEFER CE, SOUZA GO, PAIVA SR, MALABARBA LR, SCHMIDT EE, DERGAM JA (2013a) Dispersal and vicariance of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Teleostei, Erythrinidae) populations of the Brazilian continental margin. Journal of Biogeography, v.40, p. 905–914.

PLATNICK NI & NELSON G (1978) A method of analysis for historical biogeography. Syst Zool., v.27, n. 1, p.1-16.

RAMIREZ JL, BIRINDELLI JLO, GALETTI-JR PM (2017) A New Genus of Anostomidae (Ostariophysi: Characiformes): Diversity, Phylogeny and Biogeography Based on Cytogenetic, Molecular and Morphological Data. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.107, p.308-323.

REIS RE, ALBERT JS, DI DARIO F, MINCARONE MM, PETRY P & ROCHA LA (2016) Fish biodiversity and conservation in South America. Journal of Fish Biology, v.89, p.12-47.

RIBEIRO AC (2006) Tectonic history and the biogeography of the freshwater fishes from the coastal drainages of eastern Brazil: an example of faunal evolution associated with a divergent continental margin. Neotropical Ichthyology, v. 4, n. 2, p. 225-246.

RIBEIRO AC, MENEZES NA (2015) Phylogenetic relationships of the species and biogeography of the characid genus *Oligosarcus* Günther, 1864 (Ostariophysi, Characiformes, Characidae). Zootaxa 3949, v.1, p 041-081.

ROCHA *et al.* (2000) Geologia. In: PROJETO Porto Seguro: Santa Cruz Cabrália: programa informações para gestão territorial. Salvador: CPRM: CBPM: SEAGRI-DDF.

SAADI A & PEDROSA-SOARES AC (1991) Um graben cenozóico no Médio Jequitinhonha, Minas Gerais. In: Anais do 1° Workshop sobre a Neotectônica e Sedimentação Cenozoica Continental no Sudeste Brasileiro, Belo Horizonte, 1991. Boletim SBG-MG, v.11, p.101-124.

SAADI A (1995) A geomorfologia da Serra do Espinhaço em Minas Gerais e de suas margens. Geonomos, v.3, n.1, p. 41-63.

SANCHES A & GALETTI-Jr PM, 2007. Genetic evidence of population structuring in the neotropical freshwater fish *Brycon hilarii* (Valenciennes, 1850). Brazilian Journal of Biology, v.67, n.4, p.:889-895.

SAZIMA I (2004) Natural history of Trichogenes longipinnis, a threatened trichomycterid catfish endemic to Atlantic forest streams in Southeast Brazil.Ichthyological Exploration of Freshwaters, v. 15, n. 1, p. 49–60.

TAJIMA, F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism, Genetics, v. 123, p. 585–595.

VILAS-BÔAS GS, SAMPAIO FJ & PEREIRA MAS (2001) The Barreiras Group in the Northeastern coast of the State of Bahia, Brazil: depositional mechanisms and processes. An. Acad. Bras. Cienc., v.73, n.3, p.417-427.

APÊNDICE 1

Relação das amostras e os dados de cada indivíduos utilizado neste estudo. As amostras estão ordenadas por clado, conforme relação filogenética visualizada na Figura 1. Esta tabela continua nas próximas 19 páginas. *Legenda:* CEUNES/UFES: Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo. INMA: Instituto Nacional da Mata Atlântica. MNRJ: Museu Nacional do Rio de Janeiro. PUCMG: Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais. PUCRS: Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. UESB: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. UFV: Universidade Federal de Viçosa. BOLD: Barcode of Life Data System. NCBI: *National Center for Biotechnology Information*:

N°	ID AMOSTRA	IDENTIFICAÇÃO	ID COLEÇÃO	BACIA	LATITUDE	LONGITUDE	HAPLÓTIPO	CLADO	COLEÇÃO
1	MBML8540_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
2	MBML8540_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
3	MBML8540_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
4	MBML8540_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F058	Clado A1	Coletado
5	MBML8540_6	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
6	MBML8540_7	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
7	MBML8540_9	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
8	MBML8540_10	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus gasparinii*	Piraquê-Açu	-19.91	-40.45	F057	Clado A1	Coletado
9	MBML4446	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.91	-40.55	F085	Clado A1	MBML
10	MBML4450_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.9	-40.54	F085	Clado A1	MBML
11	MBML4450_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.9	-40.54	F085	Clado A1	MBML
12	MBML4596_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.54	F086	Clado A1	MBML
13	MBML4596_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.54	F086	Clado A1	MBML
14	MBML4603_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
15	MBML4603_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
16	MBML4608_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F057	Clado A1	MBML
17	MBML4608_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F087	Clado A1	MBML
18	MBML4615_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F087	Clado A1	MBML
19	MBML4615_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F086	Clado A1	MBML
20	MBML4615_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F087	Clado A1	MBML

21	MBML4640	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Reis Magos	-19.91	-40.53	F085	Clado A1	MBML
22	MBML5219_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.94	-40.46	F087	Clado A1	MBML
23	MBML6087_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.49	F090	Clado A1	MBML
24	MBML6090_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F091	Clado A1	MBML
25	MBML6090_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F057	Clado A1	MBML
26	MBML6090_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.51	F092	Clado A1	MBML
27	MBML6781	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.89	-40.5	F057	Clado A1	MBML
28	MBML6784_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F057	Clado A1	MBML
29	MBML6784_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F093	Clado A1	MBML
30	MBML6784_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.9	-40.49	F093	Clado A1	MBML
31	MBML6788_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F057	Clado A1	MBML
32	MBML6788_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F057	Clado A1	MBML
33	MBML6788_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F094	Clado A1	MBML
34	MBML6788_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.92	-40.49	F095	Clado A1	MBML
35	MBML6811_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	F093	Clado A1	MBML
36	MBML6811_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.93	-40.53	F057	Clado A1	MBML
37	MBML6210_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F003	Clado A1	MBML
38	MBML6210_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F005	Clado A1	MBML
39	MBML6211_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	F007	Clado A1	MBML
40	MBML6822_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.83	-40.56	F009	Clado A1	MBML
41	MBML6822_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.83	-40.56	F009	Clado A1	MBML
42	MBML6833_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
43	MBML6833_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F011	Clado A1	MBML
44	MBML6833_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
45	MBML6833_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
46	MBML6833_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
47	MBML6841_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
48	MBML6841_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML

49	MBML6841_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Doce	-19.88	-40.57	F005	Clado A1	MBML
50	MBML7681_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
51	MBML7681_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
52	MBML7681_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F005	Clado A1	Coletado
53	MBML7681_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.88	-40.69	F009	Clado A1	Coletado
54	MBML8426_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F005	Clado A1	Coletado
55	MBML8426_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F009	Clado A1	Coletado
56	RD42	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F016	Clado A1	PUCMG
57	RD43	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F017	Clado A1	PUCMG
58	RD44	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.04	-41.7	F016	Clado A1	PUCMG
59	MBML8191_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F037	Clado A1	Coletado
60	MBML8191_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F037	Clado A1	Coletado
61	MBML8191_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F017	Clado A1	Coletado
62	MBML8191_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.36	-41.85	F017	Clado A1	Coletado
63	MBML8198_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	F018	Clado A1	Coletado
64	MBML8198_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.42	-41.67	F019	Clado A1	Coletado
65	MBML8177	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.72	-41.84	F033	Clado A1	Coletado
66	MBML8181_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F033	Clado A1	Coletado
67	MBML8181_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F034	Clado A1	Coletado
68	MBML8181_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.51	-41.99	F033	Clado A1	Coletado
69	MBML8185_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F036	Clado A1	Coletado
70	MBML8185_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F036	Clado A1	Coletado
71	MBML8185_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F033	Clado A1	Coletado
72	MBML8185_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.42	-41.87	F033	Clado A1	Coletado
73	MBML8199_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.4	-41.56	F038	Clado A1	Coletado
74	MBML8211_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F038	Clado A1	Coletado
75	MBML8212_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F040	Clado A1	Coletado
76	LM1871	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.64	-41.8	F049	Clado A1	MNRJ

77	LM1873	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.6	-41.77	F036	Clado A1	MNRJ
78	LM1872	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.48	-41.7	F018	Clado A1	MNRJ
79	LM1874	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.4	-41.51	F038	Clado A1	MNRJ
80	LM4654	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.4	-41.51	F038	Clado A1	MNRJ
81	J117_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	F169	Clado A1	PUCMG
82	J117_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-16.59	-42.96	F169	Clado A1	PUCMG
83	RD79	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.1	-43.39	F159	Clado A1	PUCMG
84	RD155	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.91	-43.46	F152	Clado A1	PUCMG
85	RD172	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.93	-43.44	F154	Clado A1	PUCMG
86	MBML8226	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
87	MBML8152_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-21.03	-41.35	F032	Clado A1	Coletado
88	MBML8152_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-21.03	-41.35	F032	Clado A1	Coletado
89	MBML8225_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
90	MBML8225_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
91	MBML8225_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
92	MBML8225_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	Coletado
93	MCP44963	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.54	-41.42	F051	Clado A1	PUCRS
94	LM4655	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.62	-41.46	F020	Clado A1	MNRJ
95	LM1877	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.71	-41.36	F050	Clado A1	MNRJ
96	LI030	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-44.17	F079	Clado A1	UNESP
97	BOLD-1219991	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F044	Clado A1	Pereira et al. (2010)
98	BOLD-1219992	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F044	Clado A1	Pereira et al. (2010)
99	BOLD-1219993	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
100	BOLD-1219994	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
101	BOLD-1219995	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
102	BOLD-1219996	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
103	BOLD-1219997	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
104	BOLD-1219998	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F046	Clado A1	Pereira et al. (2010)

105	BOLD-1219999	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F045	Clado A1	Pereira et al. (2010)
106	MBML6210_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F004	Clado A1	MBML
107	MBML6210_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.86	-40.62	F006	Clado A1	MBML
108	MBML6211_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.89	-40.6	F008	Clado A1	MBML
109	MBML8426_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.96	-40.73	F004	Clado A1	Coletado
110	MBML8430	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Reis Magos	-19.93	-40.65	F015	Clado A1	Coletado
111	MBML5466_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.26	-40.48	F108	Clado A1	MBML
112	MBML5474_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.25	-40.49	F108	Clado A1	MBML
113	MBML5474_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.25	-40.49	F109	Clado A1	MBML
114	MBML5495_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.28	-40.47	F108	Clado A1	MBML
115	MBML8514_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.05	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
116	MBML8519_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
117	MBML8519_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
118	MBML8519_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.04	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
119	MBML8526_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
120	MBML8526_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F113	Clado A1	Coletado
121	MBML8526_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
122	MBML8526_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.02	-40.53	F108	Clado A1	Coletado
123	MBML8390_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F041	Clado A1	Coletado
124	MBML8390_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F042	Clado A1	Coletado
125	MBML8390_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F041	Clado A1	Coletado
126	MBML8390_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F043	Clado A1	Coletado
127	LM4653	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F042	Clado A1	MNRJ
128	MBML4603_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F088	Clado A1	MBML
129	MBML4608_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.88	-40.54	F089	Clado A1	MBML
130	MCP44971	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus longibarbatus*	Piraquê-Açu	-19.87	-40.53	F089	Clado A1	PUCRS
131	MBML8161_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado
132	MBML8161_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado

133	MBML8161_8	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus mimosensis*	Itabapoana	-21.07	-41.27	F101	Clado A1	Coletado
134	CZNC795_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.47	-41.21	F147	Clado A1	CEUNES
135	CZNC795_2 (T17)	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.47	-41.21	F148	Clado A1	CEUNES
136	GG4C4_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F222	Clado A1	UESB
137	MBML7641_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
138	MBML7641_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
139	MBML7641_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.19	-41.06	F012	Clado A1	Coletado
140	MBML7642_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F013	Clado A1	Coletado
141	MBML7642_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F012	Clado A1	Coletado
142	MBML7642_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-20.18	-41.07	F012	Clado A1	Coletado
143	MBML7665_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F135	Clado A1	Coletado
144	MBML7665_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
145	MBML7665_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
146	MBML7665_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
147	MBML7665_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.21	-40.86	F136	Clado A1	Coletado
148	MBML7672_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.22	-40.81	F135	Clado A1	Coletado
149	MBML7672_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus alternatus*	Doce	-19.22	-40.81	F135	Clado A1	Coletado
150	LI009	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-23.21	-44.79	F078	Clado A1	UNESP
151	LM4640	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.57	-43.05	F185	Clado A1	MNRJ
152	MBML8132_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	F029	Clado A1	Coletado
153	MBML8132_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.93	-41.68	F029	Clado A1	Coletado
154	MBML8144_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
155	MBML8144_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
156	MBML8144_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
157	MBML8144_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.06	-41.55	F029	Clado A1	Coletado
158	MBML8149_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	F031	Clado A1	Coletado
159	MBML8149_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-21.08	-41.48	F031	Clado A1	Coletado
160	LM1868	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.71	-41.84	F029	Clado A1	MNRJ

161	MBML6873_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F123	Clado A1	Coletado
162	MBML6873_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F123	Clado A1	Coletado
163	MBML6873_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F124	Clado A1	Coletado
164	MBML6873_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F124	Clado A1	Coletado
165	MBML8211_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F039	Clado A1	Coletado
166	MBML8211_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.45	-41.46	F039	Clado A1	Coletado
167	MBML8212_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
168	MBML8212_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
169	MBML8212_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	Coletado
170	MBML8219_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	Coletado
171	MBML8219_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	Coletado
172	MCP44889	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.41	-41.43	F039	Clado A1	PUCRS
173	LM1875	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F039	Clado A1	MNRJ
174	MBML8403_1	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
175	MBML8403_2	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
176	MBML8403_3	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
177	MBML8403_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
178	MBML8403_5	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.45	-41	F111	Clado A1	Coletado
179	MBML9672_4	*Trichomycterus alternatus*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F115	Clado A1	Coletado
180	MBML4431	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.77	-40.63	F002	Clado A2	MBML
181	MBML7642_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.18	-41.07	F014	Clado A2	Coletado
182	CT462	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F166	Clado A2	UFV
183	CT463	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F002	Clado A2	UFV
184	CT464	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F157	Clado A2	UFV
185	CT477	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.54	-42.95	F002	Clado A2	UFV
186	CZNC144_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.64	-40.12	F002	Clado A2	CEUNES
187	CZNC144_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.64	-40.12	F002	Clado A2	CEUNES
188	CZNC168_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES

189	CZNC168_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F143	Clado A2	CEUNES
190	CZNC182_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F002	Clado A2	CEUNES
191	CZNC304_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F002	Clado A2	CEUNES
192	CZNC361_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F144	Clado A2	CEUNES
193	CZNC463	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.62	-40.11	F145	Clado A2	CEUNES
194	CZNC721_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F002	Clado A2	CEUNES
195	CZNC721_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F146	Clado A2	CEUNES
196	CZNC721_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.73	-41.03	F002	Clado A2	CEUNES
197	CZNC845_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.18	-41.24	F002	Clado A2	CEUNES
198	CZNC845_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.18	-41.24	F002	Clado A2	CEUNES
199	CZNC885_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F146	Clado A2	CEUNES
200	CZNC885_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
201	CZNC885_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
202	CZNC885_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F002	Clado A2	CEUNES
203	CZNC885_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	São Mateus	-18.7	-40.26	F143	Clado A2	CEUNES
204	MBML5054_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.98	-40.24	F122	Clado A2	MBML
205	MBML5069_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.9	-40.2	F122	Clado A2	MBML
206	MBML5069_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.9	-40.2	F122	Clado A2	MBML
207	MBML6870	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.53	F122	Clado A2	Coletado
208	MBML6873_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.5	F122	Clado A2	Coletado
209	MBML6889_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	F125	Clado A2	Coletado
210	MBML6889_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Barra Seca	-18.85	-40.4	F122	Clado A2	Coletado
211	MBML7221_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
212	MBML7221_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
213	MBML7221_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
214	MBML7221_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
215	MBML7221_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.37	-40.11	F002	Clado A2	Coletado
216	MBML7236	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.34	-40.16	F126	Clado A2	Coletado

217	MBML7488_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F127	Clado A2	Coletado
218	MBML7488_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F128	Clado A2	Coletado
219	MBML7488_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-39.64	F129	Clado A2	Coletado
220	MBML7500_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
221	MBML7500_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F130	Clado A2	Coletado
222	MBML7500_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
223	MBML7500_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F129	Clado A2	Coletado
224	MBML7500_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Buranhém	-16.57	-40.27	F131	Clado A2	Coletado
225	MBML7503	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.73	-40.43	F132	Clado A2	Coletado
226	MBML7512_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F133	Clado A2	Coletado
227	MBML7512_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
228	MBML7512_3	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
229	MBML7512_4	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
230	MBML7512_5	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.85	-40.33	F134	Clado A2	Coletado
231	MBML7517_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.83	-40.14	F134	Clado A2	Coletado
232	MBML7517_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Jucuruçu	-16.83	-40.14	F134	Clado A2	Coletado
233	MBML7745_1	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	F002	Clado A2	Coletado
234	MBML7745_2	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.2	-40.04	F002	Clado A2	Coletado
235	LM4666	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Doce	-19.46	-40.91	F002	Clado A2	MNRJ
236	LGC4100	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
237	LGC4101	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
238	LGC4102	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
239	LGC4103	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.88	-40.18	F002	Clado A2	PUCMG
240	RD37	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19	-42.23	F156	Clado A2	PUCMG
241	RD38	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F002	Clado A2	PUCMG
242	RD39	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F002	Clado A2	PUCMG
243	RD40	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.95	-42.36	F157	Clado A2	PUCMG
244	RD71	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.99	-42.31	F158	Clado A2	PUCMG

245	RD81	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.99	-42.31	F160	Clado A2	PUCMG
246	RD84	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-18.99	-42.31	F002	Clado A2	PUCMG
247	RD94	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-20.05	-43.39	F002	Clado A2	PUCMG
248	LGC3025	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F002	Clado A2	PUCMG
249	LGC3026	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F002	Clado A2	PUCMG
250	MCP44949	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18	-40.39	F002	Clado A2	PUCRS
251	BOLD-3624645	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.65	-40.65	F137	Clado A2	BOLD
252	BOLD-3624690	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.98	-40.12	F138	Clado A2	BOLD
253	BOLD-3624757	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Mucuri	-17.65	-40.65	F139	Clado A2	BOLD
254	BOLD-4619863	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F140	Clado A2	BOLD
255	BOLD-4619864	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F141	Clado A2	BOLD
256	BOLD-4619865	*Trichomycterus pradensis*	*Trichomycterus pradensis*	Itaúnas	-18.09	-40.44	F142	Clado A2	BOLD
257	J90_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
258	J90_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
259	J90_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus alternatus*	Jequitinhonha	-17.05	-42.77	F174	Clado A3	PUCMG
260	J97_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F175	Clado A3	PUCMG
261	J97_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F175	Clado A3	PUCMG
262	J97_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.83	-42.67	F176	Clado A3	PUCMG
263	LGC1609	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.34	-43.15	F180	Clado A3	PUCMG
264	MCP44932	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.99	-42.74	F174	Clado A3	PUCRS
265	J11_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
266	J11_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
267	J11_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F167	Clado A3	PUCMG
268	J12_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F172	Clado A3	PUCMG
269	J12_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F168	Clado A3	PUCMG
270	J12_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.81	-43	F168	Clado A3	PUCMG
271	J60	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	F167	Clado A3	PUCMG
272	J64	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F173	Clado A3	PUCMG

273	J99_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F167	Clado A3	PUCMG
274	J100	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.81	F167	Clado A3	PUCMG
275	J104_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F167	Clado A3	PUCMG
276	J104_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F168	Clado A3	PUCMG
277	BR2C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
278	BR2C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
279	BR2C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F217	Clado A3	UESB
280	RC2C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
281	RC2C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
282	RC2C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
283	RC2C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
284	RC2C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	UESB
285	RC3C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	UESB
286	RC3C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	UESB
287	RC3C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F223	Clado A3	UESB
288	MBML7198_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	MBML
289	MBML7198_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.48	-41.86	F217	Clado A3	MBML
290	MBML7214_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.49	-41.86	F217	Clado A3	MBML
291	AB1C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
292	AB1C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
293	AB1C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
294	AB1C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
295	AB1C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.18	-41.7	F218	Clado A3	UESB
296	AC12C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F218	Clado A3	UESB
297	AC12C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB
298	AC12C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB
299	AC12C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.12	-41.83	F219	Clado A3	UESB
300	LGC1620	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.52	-43.03	F181	Clado A3	PUCMG

301	BR2C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-13.6	-41.81	F220	Clado A3	UESB
302	GG4C4_1	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
303	GG4C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
304	GG4C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
305	GG4C4_5	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
306	GG5C4_2	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
307	GG5C4_3	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
308	GG5C4_4	*Trichomycterus jequitinhonhae*	*Trichomycterus tete*	Contas	-14.44	-40.1	F221	Clado A3	UESB
309	RD73	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F201	Clado A4	PUCMG
310	RD74	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F202	Clado A4	PUCMG
311	RD75	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20.02	-43.47	F203	Clado A4	PUCMG
312	RD150	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus brasiliensis*	Doce	-19.01	-43.37	F151	Clado A4	PUCMG
313	RD171	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-18.91	-43.46	F153	Clado A4	PUCMG
314	LGC3024	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F149	Clado A4	PUCMG
315	LGC3027	*Trichomycterus sp.nov.*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.02	-42.12	F150	Clado A4	PUCMG
316	MBML6822_4	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.83	-40.56	F010	Clado A5	MBML
317	MBML6825	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-19.83	-40.55	F010	Clado A5	MBML
318	LM4802	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus sp.*	Doce	-20	-43.5	F155	Clado A5	MNRJ
319	RD36	*Trichomycterus immaculatus*	*Trichomycterus immaculatus*	Doce	-19	-42.23	F155	Clado A5	PUCMG
320	J11_1	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F170	Clado A6	PUCMG
321	J11_3	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.59	-42.92	F171	Clado A6	PUCMG
322	J99_1	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-16.58	-42.87	F171	Clado A6	PUCMG
323	LGC1625	*Trichomycterus landinga*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.53	-43.04	F170	Clado A6	PUCMG
324	MCP42400	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus novalimensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F107	Clado B	PUCRS
325	CT746	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
326	CT747	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
327	CT756	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
328	CT765	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV

329	CT766	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
330	CT767	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
331	CT768	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
332	CT769	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
333	CT770	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.25	-43.57	F163	Clado B	UFV
334	BOLD-1357150	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F021	Clado B	Carvalho et al (2012)
335	BOLD-1357154	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F021	Clado B	Carvalho et al (2012)
336	BOLD-1357170	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F022	Clado B	Carvalho et al (2012)
337	BOLD-1357171	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F022	Clado B	Carvalho et al (2012)
338	BOLD-1219493	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.01	-43.96	F023	Clado B	Pereira et al. (2013)
339	BOLD-1219494	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F024	Clado B	Pereira et al. (2013)
340	BOLD-1219495	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	São Francisco	-20.09	-44.04	F024	Clado B	Pereira et al. (2013)
341	BOLD-1173076	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F096	Clado B	Pereira et al. (2013)
342	BOLD-1173077	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F097	Clado B	Pereira et al. (2013)
343	BOLD-1173078	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F098	Clado B	Pereira et al. (2013)
344	BOLD-1173079	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F099	Clado B	Pereira et al. (2013)
345	BOLD-1173080	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus maracaya*	Paraná	-21.77	-48.53	F100	Clado B	Pereira et al. (2013)
346	BOLD-1219512	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F102	Clado B	Pereira et al. (2013)
347	BOLD-1219513	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F103	Clado B	Pereira et al. (2013)
348	BOLD-1219514	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
349	BOLD-1219517	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
350	BOLD-1219518	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F104	Clado B	Pereira et al. (2013)
351	BOLD-1219519	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus mimonha*	Paraíba do Sul	-22.67	-45.68	F105	Clado B	Pereira et al. (2013)
352	BOLD-1796623	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F206	Clado B	Silva et al. (2010)
353	BOLD-1796624	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F207	Clado B	Silva et al. (2010)
354	BOLD-1796625	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F208	Clado B	Silva et al. (2010)
355	BOLD-1796626	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n2*	Paraná	-20.14	-46.67	F209	Clado B	Silva et al. (2010)
356	LGC1538	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.42	-43.6	F177	Clado B	PUCMG

357	LGC1563	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.6	-43.48	F177	Clado B	PUCMG
358	LGC1604	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	Jequitinhonha	-17.2	-43.12	F179	Clado B	PUCMG
359	LM1857	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.47	-45.97	F226	Clado B	MNRJ
360	LM1861	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
361	LM1862	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
362	LM1863	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.44	-45.66	F184	Clado B	MNRJ
363	MBML9786_1	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F118	Clado B	Coletado
364	MBML9786_2	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F119	Clado B	Coletado
365	MBML9786_4	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.56	-44.79	F119	Clado B	Coletado
366	LM1351	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.64	-46.16	F025	Clado B	MNRJ
367	LM191	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-22.56	-46.12	F027	Clado B	MNRJ
368	LM4645	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.56	-46.21	F026	Clado B	MNRJ
369	LM1844	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.57	-46.21	F026	Clado B	MNRJ
370	LM4647	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.32	-46.37	F227	Clado B	MNRJ
371	BOLD-1796627	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F210	Clado B	Silva et al. (2010)
372	BOLD-1796628	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F211	Clado B	Silva et al. (2010)
373	BOLD-1796629	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n3*	Paraná	-20.14	-46.67	F212	Clado B	Silva et al. (2010)
374	BOLD-1796621	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n1*	Paraná	-20.23	-46.66	F204	Clado B	Silva et al. (2010)
375	BOLD-1796622	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus sp.n1*	Paraná	-20.28	-46.582	F205	Clado B	Silva et al. (2010)
376	MBML8184_4	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus brunoi*	Itabapoana	-20.43	-41.86	F035	Clado B	Coletado
377	BOLD-1219505	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus paolence*	Paraná	-23.77	-46.76	F117	Clado B	Pereira et al. (2013)
378	BOLD-1219515	*Complexo "T. brasiliensis"*	*Trichomycterus vermiculatus*	Paraná	-21.32	-46.5	F229	Clado B	Pereira et al. (2013)
379	LM4651	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus nigroauratus*	Paraíba do Sul	-22.9	-44.18	F106	Clado C1	MNRJ
380	BOLD-1219978	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
381	BOLD-1219979	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
382	BOLD-1219980	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
383	BOLD-1219981	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)
384	BOLD-1219982	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F059	Clado C1	Pereira et al. (2010)

385	BOLD-1219983	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
386	BOLD-1219984	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
387	BOLD-1219985	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F080	Clado C1	Pereira et al. (2010)
388	BOLD-1219986	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
389	BOLD-1219987	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
390	BOLD-1219988	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F081	Clado C1	Pereira et al. (2010)
391	BOLD-1219989	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.83	-44.86	F082	Clado C1	Pereira et al. (2010)
392	BOLD-1219990	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.57	F060	Clado C1	Pereira et al. (2010)
393	BOLD-1220000	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F061	Clado C1	Pereira et al. (2010)
394	BOLD-1220001	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
395	BOLD-1220002	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
396	BOLD-1220003	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
397	BOLD-1220004	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.65	-44.76	F063	Clado C1	Pereira et al. (2010)
398	BOLD-1220010	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F064	Clado C1	Pereira et al. (2010)
399	BOLD-1220011	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F065	Clado C1	Pereira et al. (2010)
400	BOLD-1220012	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
401	BOLD-1220013	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F064	Clado C1	Pereira et al. (2010)
402	BOLD-1220014	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
403	BOLD-1220015	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F062	Clado C1	Pereira et al. (2010)
404	BOLD-1220016	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F065	Clado C1	Pereira et al. (2010)
405	BOLD-1220017	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus giganteus*	Paraíba do Sul	-22.58	-45.16	F066	Clado C1	Pereira et al. (2010)
406	BOLD-1413208	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.8	-44.83	F083	Clado C1	Pereira et al. (2010)
407	BOLD-1413209	*Trichomycterus nigroauratus*	*Trichomycterus immaculatus*	Paraíba do Sul	-22.8	-44.83	F084	Clado C1	Pereira et al. (2010)
408	MBML8139	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.98	-41.65	F030	Clado C2.1	Coletado
409	MBML8172_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
410	MBML8172_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
411	MBML8172_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
412	MBML8172_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado

413	MBML8172_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itabapoana	-20.78	-41.76	F030	Clado C2.1	Coletado
414	MBML8199_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.4	-41.56	F030	Clado C2.1	Coletado
415	MBML8219_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	Coletado
416	MBML8219_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	Coletado
417	MBML8390_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus caudofasciatus*	Itapemirim	-20.57	-41.09	F030	Clado C2.1	Coletado
418	LM1869	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.68	-41.83	F047	Clado C2.1	MNRJ
419	LM1870	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itabapoana	-20.68	-41.83	F048	Clado C2.1	MNRJ
420	LM1876	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Itapemirim	-20.5	-41.42	F030	Clado C2.1	MNRJ
421	LM4652	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus travassosi*	Paraíba do Sul	-22.84	-44.2	F224	Clado C2.1	MNRJ
422	MBML6943_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.4	-40.76	F110	Clado C2.2	MBML
423	MBML6943_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.4	-40.76	F110	Clado C2.2	MBML
424	MBML8407	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.3	-41.04	F110	Clado C2.2	Coletado
425	MBML8417_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
426	MBML8417_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F112	Clado C2.2	Coletado
427	MBML8417_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
428	MBML8417_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.12	-40.89	F110	Clado C2.2	Coletado
429	MBML8423_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
430	MBML8423_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
431	MBML8423_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Santa Maria da Vitória	-20.06	-40.85	F110	Clado C2.2	Coletado
432	MBML9634_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F114	Clado C2.2	Coletado
433	MBML9634_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
434	MBML9662_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
435	MBML9662_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.28	-40.88	F110	Clado C2.2	Coletado
436	MBML9667_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.35	-40.98	F110	Clado C2.2	Coletado
437	MBML9667_5	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.35	-40.98	F110	Clado C2.2	Coletado
438	MBML9672_2	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F114	Clado C2.2	Coletado
439	MBML9672_3	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.37	-41	F114	Clado C2.2	Coletado
440	MBML9688_1	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.32	-41.07	F116	Clado C2.2	Coletado

441	MBML9688_4	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pantherinus*	Jucu	-20.32	-41.07	F114	Clado C2.2	Coletado
442	BOLD-1219496	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.32	-47.23	F120	Clado D	Pereira et al. (2013)
443	BOLD-1219621	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.38	-46.47	F121	Clado D	Pereira et al. (2013)
444	BOLD-1219622	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus pauciradiatus*	Paraná	-21.38	-46.47	F121	Clado D	Pereira et al. (2013)
445	MCP42387	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-21.3	-43.61	F195	Clado D	PUCRS
446	LM4641	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.56	-46.21	F028	Clado D	MNRJ
447	LM4642	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus brasiliensis*	Paraná	-20.57	-46.21	F028	Clado D	MNRJ
448	BOLD-1357151	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
449	BOLD-1357152	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
450	BOLD-1357153	*Trichomycterus novalimensis*	*Trichomycterus reinhardti*	São Francisco	-20.01	-43.96	F162	Clado D	Carvalho et al (2012)
451	LM4649	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.46	-44.53	F187	Clado E	MNRJ
452	BOLD-1220005	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F067	Clado E	Pereira et al. (2010)
453	BOLD-1220006	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
454	BOLD-1220007	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
455	BOLD-1220008	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F068	Clado E	Pereira et al. (2010)
456	BOLD-1220009	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraíba do Sul	-22.6	-45.16	F067	Clado E	Pereira et al. (2010)
457	BOLD-1219501	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F069	Clado E	Pereira et al. (2013)
458	BOLD-1219523	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.51	-45.85	F072	Clado E	Pereira et al. (2013)
459	BOLD-1219524	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
460	BOLD-1219525	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
461	BOLD-1219526	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F074	Clado E	Pereira et al. (2013)
462	BOLD-1219527	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-23.77	-46.31	F073	Clado E	Pereira et al. (2013)
463	BOLD-1219502	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F070	Clado E	Pereira et al. (2013)
464	BOLD-1219504	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.89	-48.38	F070	Clado E	Pereira et al. (2013)
465	BOLD-1219522	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F071	Clado E	Pereira et al. (2013)
466	BOLD-1219528	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F075	Clado E	Pereira et al. (2013)
467	BOLD-1219529	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.78	-48.48	F075	Clado E	Pereira et al. (2013)
468	BOLD-1219530	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F076	Clado E	Pereira et al. (2013)

469	BOLD-1219531	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F076	Clado E	Pereira et al. (2013)
470	BOLD-1219532	*Trichomycterus iheringi*	*Trichomycterus iheringi*	Paraná	-22.76	-48.26	F077	Clado E	Pereira et al. (2013)
471	LM1848	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	Paraná	-20.6	-46.13	F225	Clado F1	MNRJ
472	LM4646	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	Paraná	-20.6	-46.13	F225	Clado F1	MNRJ
473	LM1859	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.37	-45.95	F183	Clado F1	MNRJ
474	LM1860	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-20.37	-45.95	F183	Clado F1	MNRJ
475	BOLD-1365085	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.*	São Francisco	-19.46	-43.86	F165	Clado F1	Carvalho et al (2012)
476	LM4648	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus variegatus*	São Francisco	-20.35	-46.32	F228	Clado F1	MNRJ
477	BOLD-1796630	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.n4*	Paraná	-20.28	-46.58	F213	Clado F1	Pereira et al. (2013)
478	BOLD-1796631	*Trichomycterus variegatus*	*Trichomycterus sp.n4*	Paraná	-20.23	-46.66	F214	Clado F1	Pereira et al. (2013)
479	LI067	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Paraná	-22.46	-45.35	F182	Clado F2	UNESP
480	LI068	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Paraná	-22.46	-45.35	F182	Clado F2	UNESP
481	MCP21231	*Trichomycterus perkos*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.48	-53.28	F188	Clado G1	PUCRS
482	MCP46774	*Trichomycterus perkos*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-27.66	-52.4	F200	Clado G1	PUCRS
483	MCP21454	*Trichomycterus poikilos*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.1	-53.2	F189	Clado G2	PUCRS
484	MCP44225	*Trichomycterus poikilos*	*Trichomycterus sp.*	Paraíba do Sul	-22.78	-45.45	F198	Clado G2	PUCRS
485	MCP22397	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.09	-50.62	F191	Clado G3	PUCRS
486	MCP37334	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.28	-50.73	F193	Clado G3	PUCRS
487	MCP41292	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Jacuí	-29.27	-50.24	F193	Clado G3	PUCRS
488	MCP44180	*Trichomycterus balios*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-27.34	-52.73	F197	Clado G3	PUCRS
489	MCP22581	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus sp.*	Iguaçu	-25.6	-51.83	F192	Clado H	PUCRS
490	LM4644	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus sp.*	Ribeira do Iguape	-25.18	-48.29	F186	Clado H	MNRJ
491	BOLD-1173072	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F052	Clado H	Pereira et al. (2013)
492	BOLD-1173073	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F053	Clado H	Pereira et al. (2013)
493	BOLD-1173074	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F054	Clado H	Pereira et al. (2013)
494	BOLD-1173075	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Iguaçu	-22.94	-48.58	F055	Clado H	Pereira et al. (2013)
495	BOLD-1175665	*Trichomycterus guaraquessaba*	*Trichomycterus diabolus*	Paraná	-22.94	-48.58	F056	Clado H	Pereira et al. (2013)
496	MCP40023	*Trichomycterus sp.*	*Trichomycterus sp.*	Uruguai	-26.55	-52.31	F194	Clado I	PUCRS
497	MCP42764	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Amazonas - Madeira	-9.651	-65.56	F196	Grupo externo	PUCRS

498	LM4650	*Ituglanis amazonicus*	*Ituglanis amazonicus*	Amazonas - Uruará	-3.736	-53.8	F230	Grupo externo	MNRJ
499	BOLD-1796633	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.n6*	Paraná	-20.14	-46.67	F216	Grupo externo	Pereira et al. (2013)
500	BOLD-6120094	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Parnaíba	-4.874	-43.34	F164	Grupo externo	BOLD
501	BOLD-6120095	*Ituglanis sp.*	*Trichomycterus sp.*	Parnaíba	-4.874	-43.34	F164	Grupo externo	BOLD
502	BOLD-1219482	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
503	BOLD-1219483	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
504	BOLD-1219484	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
505	BOLD-1219485	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F232	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
506	BOLD-1219486	*Ituglanis sp.*	*Ituglanis sp.*	Paraná	-17.73	-48.47	F231	Grupo externo	Pereira et al. (2012)
507	LM4643	*Listrura boticario*	*Listrura boticario*	Paraná	-25.32	-48.67	F233	Grupo externo	MNRJ
508	LM2267	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
509	LM2268	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
510	LM2269	*Listrura camposi*	*Listrura camposi*	Ribeira do Iguape	-24.25	-47.24	F234	Grupo externo	MNRJ
511	BOLD-2951415	*Listrura costai*	*Listrura costai*	Paraíba do Sul	-22.92	-44.31	F235	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
512	BOLD-3014092	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F239	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
513	BOLD-3014093	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
514	BOLD-3014094	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
515	BOLD-3014095	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
516	BOLD-3014096	*Listrura tetraradiata*	*Listrura tetraradiata*	Paraná			F240	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
517	BOLD-3019693	*Listrura picinguabae*	*Listrura picinguabae*	Paraná			F237	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
518	BOLD-3019694	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
519	BOLD-3019695	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
520	BOLD-3019698	*Listrura nematopteryx*	*Listrura nematopteryx*	Paraná			F236	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
521	BOLD-3019699	*Listrura picinguabae*	*Listrura picinguabae*	Paraná			F237	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
522	BOLD-3019700	*Listrura sp.*	*Listrura sp.*	Paraná			F238	Grupo externo	Villa-Verde et al. (2012)
523	EU359428	*Nematogenys inermis*	*Nematogenys inermis*				F241	Grupo externo	NCBI

CONCLUSÃO

Qual a relação das espécies de *Trichomycterus* ao longo da extensa região neotropical? Como resolver o polifiletismo do gênero, tornando-o monofilético? Com tantos problemas taxonômicos e a dificuldade em identificar as espécies de *Trichomycterus*, será que todos os 161 táxons são válidos? Como resolver os problemas taxonômicos do gênero? Será que a maior parte das espécies apresentam distribuição restrita, com base no que se conhece sobre a distribuição das espécies? As linhagens de *Trichomycterus* estão estruturadas por bacias? Dentro de uma mesma bacia, há estruturação populacional entre as porções alta, média e baixa? Qual seria a área que abriga a maior diversidade de espécies do gênero de forma a sugeri-la como área ancestral? As espécies podem ocorrer em sintopia?

Todas estas perguntas nos acompanharam ao longo destes últimos anos. *Trichomycterus* é um gênero fascinante, que traz inúmeras questões a serem desvendadas. Na tentativa de respondê-las, este estudo foi concebido. Cada evidência descoberta, cada *outlier* que ficava mais e mais comum, cada animal que foi recuperado em um clado em que ele não "deveria" estar. E assim foi o grande desafio de trabalhar com *Trichomycterus*. Tínhamos um grande volume de dados nas mãos, e o primeiro desafio foi organizar a abordagem de forma a responder tais perguntas.

Nesta tentativa, confirmamos o polifiletismo do gênero ao verificar que *T. areolatus*, uma espécie dos Andes chilenos, foi recuperada no mesmo clado de *Bullockia maldonadoi* e *Hatcheria macraei*, e que o clado leste, que abriga a espécie-tipo do gênero *T. nigricans*, era um clado muito distinto e altamente divergente dos clados do oeste e norte neotropical. Desta forma, foi possível restringir o universo confuso de *Trichomycterus* apenas a porção leste. Foi então que descobrimos que nesta região ocorrem dois clados com altos índices de distância molecular entre si. Um deles, *Trichomycterus "stricto sensu"*, apresenta distribuição que abrange a localidade-tipo de *T. nigricans*, enquanto o segundo clado e potencial novo gênero, se encontra ao norte de sua distribuição, com simpatria com *Trichomycterus "stricto sensu"* nas porções do alto São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul. Esta região, além de apresentar uma história compartilhadas entre estes dois gêneros, também abriga a maior parte das espécies delimitadas em nosso estudo. Desta forma, o alto São Francisco, Paraná e Paraíba do Sul são áreas potencialmente ancestrais de toda a linhagem leste.

A partir da delimitação das linhagens, foi possível investigar seus padrões de distribuição, contrastando com o que se conhece das espécies do gênero. Assim, confirmamos a estrita relação das espécies com as porções de cabeceiras, onde foi encontrada a maior diversidade. No entanto, a distribuição das linhagens não se mostrou predominantemente restrita a uma bacia ou uma localidade, como previamente se sabia sobre grande parte das espécies do gênero, que são, em sua

maioria, conhecidas apenas para a localidade-tipo. Visto que muitas espécies apresentam ampla distribuição, verificamos que o padrão preponderante é a estruturação populacional por bacias ou conjunto de bacias adjacentes. No entanto, o caso mais notável foi visto em *T. alternatus*, uma espécie amplamente distribuída que não apresentou qualquer padrão de estruturação de suas populações.

Todo este cenário apenas evidencia a grande variedade de padrões e processos que nortearam a história evolutiva de *Trichomycterus*, e também mostra as enormes lacunas ainda existentes. Assim, nosso estudo, ao responder todas as questões acima mencionadas, também abre caminho para novos questionamentos. Todas as exceções encontradas, toda falta de padrão biogeográfico evidenciado, toda distribuição disjunta, toda relação filogenética que pareça incoerente com o que se conhece da distribuição e relação das linhagens, abre caminho para o novo.

“E no encaixe pela sobrevivência
Para caber no mundo que muda
Num mundo que nem sempre lhe cabe
Peixes bailam para acompanhar os rios dançarinos
Que, exigentes por natureza
Selecionam os dançarinos mais ritmados
Os mais talentosos
Para continuarem a dança da vida
E nessas idas e vindas
Muitos deixam suas pegadas
Nas areias, nas pedras, no sangue, e em cada letrinha
Pegadas que mostram a evolução da dança, da música, dos bailarinos
Os que dançaram em harmonia com os rios
Acompanharam o ritmo
Seguiram a melodia
E hoje nos cativa pela diversidade de passos e compassos
Com tanta vida a bailar nessa paisagem
Que há de encantar muitos outros que virão depois de mim.”

Thaís de Assis Volpi

Desenho elaborado por Fernanda Andrade.