

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE ZOOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA ANIMAL

FERNANDA ITO DOS SANTOS

**Análise de diversidade e estrutura genética de *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata:
Tropiduridae) no PARNA Catimbau, Pernambuco.**

Recife

2018

FERNANDA ITO DOS SANTOS

Análise de diversidade e estrutura genética de *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata: Tropiduridae) no PARNA Catimbau, Pernambuco.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Biologia Animal.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo A. Torres.
Co-orientador: Prof. Dr. Pedro M. Sales Nunes

Recife
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) de acordo com ISBD

Santos, Fernanda Ito dos

Análise de diversidade e estrutura genética de *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata: Tropiduridae) no PARNA Catimbau, Pernambuco/ Fernanda Ito dos Santos- 2018.

74 folhas: il., fig., tab.

Orientador: Rodrigo A. Torres

Coorientador: Pedro M. Sales Nunes

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de Biociências. Programa de Pós Graduação em Biologia Animal. Recife, 2018.

Inclui referências e anexo

1. Lagartos 2. Caatinga 3. Florestas I. Torres, Rodrigo A. (orient.) II. Nunes, Pedro M. Sales (coorient.) III. Título

597.95

CDD (22.ed.)

UFPE/CB-2018-357

Elaborado por Elaine C. Barroso CRB4/1728

FERNANDA ITO DOS SANTOS

Análise de diversidade e estrutura genética de *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata: Tropiduridae) no PARNA Catimbau, Pernambuco.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Biologia Animal.

Aprovada em: 26/02/2018

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Rodrigo Augusto Torres (Orientador)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof. Dr. Luciano Nicolás Naka (Examinador Interno)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof^a. Dr^a. Fernanda de Pinho Werneck (Examinador Externo)
Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia

Prof. Dr. Daniel Oliveira Mesquita (Examinador Externo)
Universidade Federal da Paraíba

Prof. Dr. Enrico Bernard (Suplente Interno)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof. Dr. Adrian Antonio Garda (Suplente Externo)
Universidade Federal do Rio Grande do Norte

AGRADECIMENTOS

Como sempre, meu primeiro e maior agradecimento vai para os meus pais, Edvaldo e Cristina, por me permitirem ser quem eu sou hoje. Por abraçarem meus sonhos e não medirem esforços para me ajudar a realizá-los. Por todo amor, carinho, atenção, incentivo e apoio em mais esta fase da minha vida.

Às minhas irmãs, Larissa e Camila, pelo simples fato de me fazerem tentar ser uma pessoa melhor sempre, para incentivá-las e apoiá-las em todas as situações. Obrigada por todos os momentos, por todo o apoio e amizade.

Aos meus orientadores, Rodrigo e Pedro, pela oportunidade, confiança e, principalmente, pela trajetória nestes anos de mestrado. Agradeço por todos os ensinamentos, broncas, dicas, apoio e incentivo.

Ao PELD, PPGBA e CNPq pelo auxílio para a realização do projeto e pelo financiamento. Ao Núcleo de Plataformas Tecnológicas do Aggeu Magalhães, em especial à Cássia e Viviane, por tornarem possível o sequenciamento do material coletado.

Ao pessoal do LAGEA pelos momentos compartilhados, pela amizade cultivada, pelo conhecimento adquirido, pelo incentivo e apoio. Meu agradecimento especial à Clara, Gabi e Flávia que conviveram e dividiram comigo grande parte destes anos, me ajudaram com algumas análises e sempre estiveram presentes quando precisei.

Ao pessoal da Herpeto por terem me ensinado tanto, pelo apoio nas coletas, pelas conversas, por sempre me receberem de braços abertos, por entenderem as ‘frescuras’ de quem sempre trabalhou em laboratório e, principalmente, pela amizade! Meu gigante agradecimento ao Tiago e ao Sérgio por toda a ajuda em campo, sem vocês este projeto não seria possível. E um obrigada mais do que especial à Anninha pela amizade linda que trouxe pra minha vida, por toda a ajuda que me deu neste projeto e por me dar a oportunidade de te ensinar um pouquinho da genética.

Ao pessoal do laboratório de nome comprido, meus ‘morcególogos’ do coração, por me manterem na “família” mesmo me chamando de “traidora dos lagartos”. Obrigada, de coração, pela amizade, pelo companheirismo, pelo apoio e por todos os momentos compartilhados. Vocês todos são parte fundamental do que sou hoje!

Aos meninos do Laboratório de Insetos Necrófagos pela amizade e companheirismo mesmo depois de tanto tempo. Por me receberem de braços abertos toda vez que eu aparecia no lab para jogar conversa fora como nos velhos tempos. Por todos os momentos compartilhados e pelo apoio sempre tão presente. Meu agradecimento especial para Diego pela amizade incrível de tantos anos!

Aos meus amores madrileños por me apoiarem mesmo de tão distante, por todas as vezes que me ouviram, me aconselharam, me apoiaram e incentivaram, me divertiram e me ajudaram a me tornar quem eu sou hoje. Por sempre vibrarem com as minhas conquistas, por se importarem com meus problemas e até com as minhas loucuras. Por serem presentes independente da distância, tempo e situação.

Meu maior e mais sincero agradecimento pra aqueles que se fizeram essenciais nos meus dias: Leo, Rodo, Luiz (Perrits), Dani e Adélia. Obrigada por tudo que fizeram pelo mestrado em si, seja em forma de caronas, ajuda com mapas e figuras, artigos baixados e tantas outras coisas que vocês participaram. E obrigada, principalmente, por terem me ajudado a me tornar o que sou hoje e a chegar até aqui! As conversas, os conselhos, as broncas, as festas, os desabafos, as gordices, as brincadeiras (e os memes!), e toda a amizade de vocês é muito importante pra mim. Obrigada, obrigada, obrigada!

Enfim, à todos aqueles que participaram desta etapa da minha vida: há um pouco de cada um de vocês neste trabalho. Obrigada!

RESUMO

Tropidurus semitaeniatus é um lagarto que apresenta adaptações marcantes para o modo de vida saxícola, como o corpo achatado dorso-ventralmente, permitindo-os explorar com eficiência afloramentos rochosos. Essa espécie apresenta alta especificidade de habitat, o que sugere dispersão limitada por ambientes não-rochosos. Recentemente foi mostrado que *T. semitaeniatus* é um complexo de unidades evolutivamente significativas (UEs), sustentando a hipótese de que a espécie abriga diversidades biológica e filogenética escondidas. Diante disto, esta hipótese de estruturação foi testada em uma escala geográfica menor, dentro do PARNA Catimbau, no semiárido de Pernambuco. Para tanto, foram amostrados 140 espécimes em oito afloramentos rochosos, dos quais foram obtidas sequências do gene mitocondrial Cytb e do nuclear MC1R. Os resultados apontaram que, apesar da fidelidade aos afloramentos, não foi encontrada estruturação entre os locais amostrados, sugerindo a panmixia da espécie dentro do PARNA. Além disso, essa conectividade entre os afloramentos está relacionada com a permeabilidade da matriz, apontando uma relação mais estreita com a vegetação típica da Caatinga. Quando os dados de Cytb são analisados junto com espécimes amostrados em outras áreas da Caatinga, Cerrado e Floresta Atlântica, os resultados das análises de agrupamento mostraram que os indivíduos do PARNA formam um ramo monofilético em relação aos *T. semitaeniatus* das outras regiões, que não compartilham haplótipos e possuem um perfil genético único. Estes dados incrementam a idéia do complexo de UEs abrigadas sob uma única denominação taxonômica. E com isso, os resultados chamam atenção para a conservação da espécie, que, apesar de ser amplamente distribuída na Caatinga, apresenta alguns microendemismos e está fortemente relacionada com a vegetação do semiárido. Além de reforçar a importância do PARNA na conservação da biodiversidade local.

Palavras-chave: Afloramentos rochosos. Diversidade críptica. Microendemismo. Caatinga.

ABSTRACT

Tropidurus semitaeniatus is a lizard that exhibits marked adaptations to the saxicolous way of life, such as a dorsoventrally flattened body, allowing them to efficiently explore rocky outcrops. This species presents high habitat specificity, which suggests dispersion limited by non-rocky environments. It has recently been shown that *T. semitaeniatus* is a complex of evolutionarily significant units, supporting the hypothesis that the species harbor hidden biological and phylogenetic diversity. In view of this, this structuring hypothesis was tested on a smaller geographic scale, within PARNA Catimbau, in the semiarid of Pernambuco. For this purpose, 140 specimens were sampled in eight rocky outcrops, from which mitochondrial Cytb and MC1R nuclear sequences were obtained. The results showed that, despite the fidelity to the outcrops, no structure was found among the sampled sites, suggesting panmixia of the species within the PARNA. In addition, this connectivity between the outcrops is related to the permeability of the matrix, indicating a closer relationship with the typical Caatinga vegetation. When Cytb data are analyzed together with specimens sampled in other areas of the Caatinga, Cerrado and Atlantic Forest, the results of cluster analysis showed that PARNA individuals form a monophyletic branch in relation to the *T. semitaeniatus* of the other regions, which do not share haplotypes and have a unique genetic profile. These data improve the idea of the complex of cryptic evolutionary lineages harbor under a single taxonomic denomination. Thus, the results call attention to the conservation of the species, which, despite being widely distributed in Caatinga, presents some microendemisms and is strongly related to the vegetation of the semiarid. In addition to reinforcing the importance of PARNA in conserving local biodiversity.

Keywords: Rocky outcrops. Cryptic diversity. Microendemism. Caatinga.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	11
3	DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE <i>Tropidurus semitaeniatus</i> (SQUAMATA: TROPIDURIDAE) NO PARNA CATIMBAU, PERNAMBUCO.	19
4	CONCLUSÃO.....	67
	REFERÊNCIAS	68
	ANEXO A - GUIDE FOR AUTHORS: ZOOLOGISCHER ANZEIGER	73

1 INTRODUÇÃO

Classificada como uma Floresta Tropical Sazonalmente Seca (Pennington *et al.*, 2000), a Caatinga apresenta mais de 160 espécies de répteis e anfíbios, muitas representando casos de endemismos para o bioma (Rodrigues, 2003). Apesar de sua reconhecida riqueza de espécies e endemismos (Silva *et al.*, 2018b), a região foi negligenciada por muito tempo pela comunidade científica (Santos *et al.*, 2011) e sua diversidade é tida como sub-amostrada (Leal *et al.*, 2003).

Diante disto, a identificação de micro endemismos e de diversidade críptica são fundamentais para a taxonomia e para a determinação de centros de diversificação e, consequentemente, servem de subsídio na elaboração de medidas conservacionistas (Rodrigues, 2003). Tais medidas ganham importância no cenário de intensa perturbação antrópica sobre os ecossistemas, como aquele encontrado atualmente na Caatinga (Castelletti *et al.*, 2003), o bioma menos protegido no Brasil, com apenas 2% do seu território sob a proteção de unidades de conservação (Leal *et al.*, 2003). Entre elas tem-se o Parque Nacional do Catimbau (PARNA Catimbau), com uma área total de 62.300 hectares, localizado na região do semiárido de Pernambuco, entre os municípios de Buíque, Tupanatinga e Ibimirim (SNE, 2002). Entretanto, o PARNA Catimbau não passou por um processo de desapropriação, assim, apesar de ser uma unidade de proteção integral, estima-se que aproximadamente 300 famílias residam no Parque (Mantovani *et al.*, 2017; Oliveira e Bernard, 2017), causando perturbações sobre a paisagem adaptativa e, portanto, sobre a biodiversidade local.

Tropidurus semitaeniatus é uma espécie de lagarto endêmica da Caatinga e apresenta adaptações marcantes para o modo de vida saxícola, como o corpo achatado dorso-ventralmente (Vanzolini *et al.*, 1980). Isso os permite explorar com eficiência os afloramentos rochosos, tanto para termorregulação quanto para proteção (Vanzolini *et al.*, 1980). Essa espécie apresenta alta especificidade de hábitat, sendo dependente desses afloramentos rochosos como abrigos (Passos *et al.*, 2011). Tal especificidade reduz a possibilidade de dispersão através de ambientes não-rochosos e a relação da sua história evolutiva com os eventos geomorfológicos ocorridos na região que habitam se torna muito estreita (Werneck *et al.*, 2015). Recentemente foi mostrado que *T. semitaeniatus* é, na verdade, composto por diversas unidades evolutivamente significativas distribuídas pela região da Caatinga (Werneck *et al.*, 2015), indicando que a espécie abriga diversidades biológica e filogenética

escondidas. Em face da dependência do habitat, *T. semitaeniatus* pode se mostrar muito vulnerável às perturbações antrópicas impostas ao ecossistema, podendo levar a uma perda de potencial evolutivo (variação genética), tal como já observado em outros vertebrados (Wilson *et al.*, 2015).

2 REFERENCIAL TEÓRICO

As Florestas Tropicais Sazonalmente Secas (FTSS) caracterizam-se por uma marcante sazonalidade nas precipitações, que é concentrada em alguns meses, com volume menor que 1600 mm/ano e com um período de seca de seis meses (Pennington *et al.*, 2006). Este característico regime de precipitações tem forte influência sobre a vegetação local, que é bastante heterogênea e formada principalmente por espécies decíduas (Pennington *et al.*, 2006). Com cerca de 60% de sua ocorrência na região Neotropical, as FTSSs apresentam uma distribuição disjunta que se estende do Nordeste brasileiro ao vale do Rio Uruguai, com porções no Chiquitano, ao longo da costa caribenha da Colômbia e da Venezuela e alguns pontos da Bolívia, Peru, Equador e Colômbia (Pennington *et al.*, 2006; Werneck, 2011; Werneck *et al.*, 2011). Entre elas, três grandes áreas são definidas como núcleos de FTSS: o núcleo subandino ‘Piedmont’, que é parte do Grande Chaco, no Sudoeste da Bolívia e Noroeste da Argentina; o núcleo Misiones, ocorrendo ao longo dos rios Paraguay e Paraná; e o núcleo da Caatinga, no Nordeste brasileiro, que é o maior deles (Prado and Gibbs, 1993). Essa distribuição disjunta é apontada como sendo resquício de um grande bloco de Florestas Secas com uma ampla e ininterrupta distribuição na região Neotropical (Prado and Gibbs, 1993).

Conhecida como Teoria do Arco Pleistocênico, a hipótese de conexão entre os blocos de Florestas Secas leva em consideração a distribuição de espécies alopátricas de plantas em alguns destes blocos e aponta para a expansão das FTSSs durante o período mais seco no Último Máximo Glacial, no Pleistoceno, levando à formação de um único e grande núcleo na região (Prado and Gibbs, 1993; Pennington *et al.*, 2000). Durante o Pleistoceno, flutuações climáticas sucessivas levaram à expansão das Florestas Úmidas durante os períodos interglaciais mais quentes e úmidos, e sua retração durante os períodos mais secos que, consequentemente, permitiram a expansão das Florestas Secas (Brown and Ab’Sáber, 1979; Prado and Gibbs, 1993). Desta forma, a distribuição atual seria o resultado destes eventos paleoclimáticos. Contudo, estudos mais recentes com modelos de distribuição sugerem que os eventos de expansão das FTSSs durante o Último Máximo Glacial não foram tão marcantes, sendo mais recentes e datados para o Holoceno (Mayle, 2004; Werneck, 2011; Werneck *et al.*, 2011). Assim sendo, tais evidências não suportam a teoria de conexão entre os grandes blocos no Arco Pleistocênico (Werneck, 2011; Werneck *et al.*, 2011).

Apesar de não apresentarem uma conexão histórica bem suportada, algumas áreas de FTSS são consideradas como refúgios devido a sua estabilidade ao longo do tempo (Werneck *et al.*, 2011). Também durante as flutuações climáticas do Último Máximo Glacial, grandes núcleos de Florestas Secas serviram de refúgios durante os períodos mais úmidos, permitindo a diversificação das espécies (Brown and Ab'Sáber, 1979; Werneck *et al.*, 2011). Além disso, a sua estabilidade histórica faz com que atuem como refúgios até hoje, definindo a distribuição de várias espécies e promovendo sua diversificação (Pennington *et al.*, 2009; Werneck *et al.*, 2011), que é refletida na riqueza de espécies e nos níveis de endemismo e diversidade genética observados nessas regiões (Silva *et al.*, 2018b).

O maior núcleo de FTSS na América do Sul é a Caatinga (Prado and Gibbs, 1993; Werneck *et al.*, 2011) com uma área de 912.529 km², que corresponde a 10,7% do território brasileiro, onde seus limites estão completamente inseridos (Silva *et al.*, 2018a). Localizada no semiárido do Nordeste brasileiro, esse núcleo abrange os Estados do Ceará (quase 100%), Rio Grande do Norte (95%), grande parte de Pernambuco (83%) e da Paraíba (92%), sudeste do Piauí (63%), oeste de Alagoas (48%) e Sergipe (49%), a região norte e central da Bahia (54%), uma pequena porção de Minas Gerais (2%) e do Maranhão (1%) (Prado, 2003; MMA, 2010; 2013). A Caatinga é caracterizada pelos períodos de seca e vegetação decídua, que explica a origem de seu nome em Tupi, que significa “Floresta Branca” e faz alusão aos troncos brancos e sem folhas abundantes na estação seca (Prado, 2003).

O domínio do semi-árido é caracterizado por depressões interplanálticas, entre maciços antigos e chapadas, com fraca decomposição química, afloramentos de rochas abundantes, drenagens intermitentes extensivas, chão pedregoso, revestido por diferentes tipos de caatingas e possuindo clima quente e predominantemente seco (Ab'Saber, 1999; Mantovani *et al.*, 2017). Apresenta elevada radiação solar, com pouca nebulosidade, baixas taxas de umidade relativa e temperaturas médias entre 25 e 30 °C e, como característica mais marcante, precipitação baixa e irregular (Prado, 2003; Silva *et al.*, 2018a). O volume de chuvas anual varia bastante ao longo da região, com a maior área apresentando um volume entre 600 e 1000 mm por ano e com algumas regiões chegando a receber apenas 250 mm/ano (Mantovani *et al.*, 2017). Além disso, as precipitações são concentradas, com cerca de 70% do volume de chuvas ocorrendo em apenas três meses do ano, gerando um longo período de seca anual característico (Nimer, 1972; Silva *et al.*, 2018a). São também observadas nesta região

variações na concentração das chuvas entre os anos, podendo ocorrer períodos longos em que as precipitações são muito baixas e a seca severa pode durar anos (Silva *et al.*, 2018a).

Devido às condições impostas pelo clima quente e seco, a vegetação do semi-árido desenvolveu diversas adaptações e é composta, principalmente, por plantas anuais efêmeras, suculentas perenes e não-suculentas perenes, sendo uma mistura de ervas, arbustos e árvores de pequeno porte (Mantovani *et al.*, 2017). As espécies anuais efêmeras tem seu ciclo de vida encurtado e fortemente relacionado com as chuvas, permanecendo em forma de sementes no período seco. Já as perenes são plantas xerófitas, ou seja, espécies que apresentam adaptações para sobrevivência em locais com um curto período úmido, podendo ser através do armazenamento de água em seus parênquimas como as suculentas, ou através da perda das folhas para reduzir a superfície de evapotranspiração (Mantovani *et al.*, 2017).

Da mesma forma que outras áreas geográficas da América do Sul, a região da Caatinga apresenta uma grande heterogeneidade na vegetação, nos tipos de solo e nas condições climáticas (Prado, 2003). Podem ser encontradas áreas de Savanas, Florestas Úmidas ou Campos Rupestres inseridas na grande matriz dessa Floresta Seca, além das áreas de transição (Queiroz *et al.*, 2018). Assim, são categorizadas oito ecorregiões ao longo do domínio da Caatinga: Complexo da Chapada Diamantina, Complexo Ibiapaba-Araripe, Depressão Sertaneja Meridional, Depressão Sertaneja Setentrional, Dunas do São Francisco, Planalto da Borborema, Raso da Catarina e São Francisco-Gurguéia (Mantovani *et al.*, 2017; Silva *et al.*, 2018a).

Estas características também tem forte influência sob as populações humanas da região, que ultrapassam os 28 milhões de habitantes e correspondem a quase 15% da população brasileira, sendo uma das regiões semiáridas mais densamente povoadas do mundo (Mantovani *et al.*, 2017; Silva *et al.*, 2018a). Resultado da miscigenação entre indígenas e Portugueses que pretendiam colonizar áreas mais interiores, as primeiras populações se estabeleceram próximo aos Rios São Francisco e Paraguaçu e se espalharam pelo semiárido à medida que se adaptavam às condições locais (Silva *et al.*, 2018a). Com suas atividades historicamente baseadas na agricultura de subsistência e na pecuária, essas populações são extremamente dependentes dos recursos naturais e caracterizam-se como a região menos desenvolvida do Brasil, com os menores índices de desenvolvimento humano (IDH) do país (Silva *et al.*, 2018a).

Desta forma, o domínio da Caatinga sofre com os impactos antrópicos que podem ser divididos em duas categorias: perturbações agudas, caracterizadas pela transformação de áreas de vegetação natural em áreas de produção agrícola e pecuária; e perturbações crônicas, que, apesar de mais lentas, são contínuas e representam a superexploração dos recursos naturais (Silva *et al.*, 2018a). Assim, mais de 30% de toda a área da Caatinga sofreu alteração antrópica para o desenvolvimento de atividades agrícolas (Castelletti *et al.*, 2003) que, em geral, são realizadas sem o uso de técnicas de alta produtividade, como a irrigação e a adubação, e sem se preocupar com a erosão dos solos ao fazer o manejo com queimadas (Castro, 2013). Além disso, a abertura de estradas para circulação dos recursos faz com que a área impactada quase dobre devido aos efeitos de borda (Castelletti *et al.*, 2003), o grande tamanho dos rebanhos, que totalizam mais de 19 milhões de bodes, e a introdução de plantas exóticas, para consumo tanto humano quanto animal (Silva *et al.*, 2018a), fazem com que a Caatinga seja um dos ecossistemas mais degradados do Brasil (Silva *et al.*, 2004). Somadas a estas perturbações antrópicas ao solo e à vegetação, as mudanças climáticas tendem a aumentar a frequência e a duração das secas na Caatinga, elevando o risco de desertificação (Melo, 2018), que já é considerado alto em 75% da área total do território deste domínio (Sá e Angelotti, 2009).

Os processos de alteração e deterioração na região causam a rápida perda de espécies e processos ecológicos e evolutivos únicos (Silva *et al.*, 2004). Contudo, o conhecimento acerca das relações entre a biodiversidade da Caatinga e os impactos antrópicos ainda é incipiente (Silva *et al.*, 2018a), principalmente devido à grande negligência científica experimentada pelas Florestas Secas (Santos *et al.*, 2011). Com metade do seu território negligenciado em inventários da biodiversidade (MMA, 2002), a expansão do conhecimento básico sobre as espécies que ocorrem na região, assim como sua biologia e ecologia, é apontada como uma das maiores necessidades da Caatinga (Santos *et al.*, 2011).

Durante muito tempo acreditou-se que a região não possuía espécies próprias e caracterizava-se por uma baixa e homogênea diversidade, em geral compartilhada com outras FTSSs, compondo a Diagonal Seca da América do Sul (Leal *et al.*, 2003, Queiroz *et al.*, 2018). Entretanto, com o aumento dos estudos acerca destes domínios foi observado que, apesar de todos apresentarem sazonalidade marcante, a similaridade entre eles é apenas superficial, com ecologia, evolução e composição de espécies distintas (Queiroz *et al.* 2018). Atualmente a Caatinga é considerada a Floresta Seca Neotropical com a maior riqueza de

espécies, com registros de 3150 espécies de plantas, 548 aves, 386 peixes, 183 mamíferos, 98 anfíbios e 79 espécies de lagartos (Silva *et al.*, 2018b). Além disso, estudos filogeográficos com a biota das FTSSs revelam a existência de muitos casos de endemismo e linhagens crípticas, com espécies antes consideradas de ampla distribuição revelando-se complexos de espécies geograficamente estruturados (Silva *et al.*, 2018a). Neste caso, a Caatinga também apresenta o maior número de endemismos entre as Florestas Secas Neotropicais (Silva *et al.*, 2018b), com 702 espécies de plantas distribuídas em 31 gêneros endêmicos (Queiroz *et al.*, 2018), 67 espécies de aves exclusivas da Caatinga (Araujo and Silva, 2018), 203 peixes (Lima *et al.*, 2018), 20 diferentes anfíbios (Garda *et al.*, 2018) e 38 espécies de lagartos endêmicos (Mesquita *et al.*, 2018).

Apesar de sua reconhecida riqueza e das ameaças a que está submetida, a Caatinga é o domínio menos protegido do Brasil, com Áreas Protegidas englobando apenas 7,4% de seu território (Silva *et al.*, 2018a), com pouco mais de 1% sob a proteção de Unidades de Conservação de proteção integral (Castelletti *et al.*, 2003). Além disso, a grande maioria destas Unidades de Conservação não foi criada de maneira apropriada (Oliveira and Bernard, 2017) e mais da metade não possui plano de manejo (Mantovani *et al.*, 2017). Assim como em todo o Brasil, a falta de recursos se torna um grande obstáculo para a criação e manutenção das UCs (Mantovani *et al.*, 2017). Desta forma, além das Unidades de Conservação já existentes, são indicados 691 alvos para conservação que incluem espécies de aves, mamíferos, peixes, plantas e anfíbios, e também topografias e ecossistemas, como dunas, inselbergs e cavernas (Fonseca *et al.*, 2018).

O Parque Nacional do Catimbau caracteriza-se como um bom exemplo da situação das UCs brasileiras. Localizado na porção central do semiárido de Pernambuco, o PARNA foi criado pelo Decreto Lei 4.340 de 22/08/2002, em conformidade com a Lei 9.985/2000 (SNUC), e possui uma área total de 62.300 hectares distribuída entre os municípios de Buíque, Tupanatinga e Ibimirim (SNE, 2002). É considerado um local de extrema importância biológica e engloba áreas de Mata Atlântica, Restinga, Cerrado e Campos Rochosos, além da vegetação típica da Caatinga (Siqueira, 2006; Ferreira, 2009). Apesar disto, o Parque ainda não possui um Plano de Ação, não apresenta infraestrutura básica e não passou pelo processo de desapropriação, contando com cerca de 300 famílias residindo dentro de seus limites (Mantovani *et al.*, 2017; Oliveira e Bernard, 2017).

O Brasil é o país com a herpetofauna mais diversa do mundo, com cerca de 773 espécies (Costa e Bérnils, 2015), resultante não apenas do tamanho de seu território, mas principalmente da diversidade dos ecossistemas que abriga (Rocha, 1994). Contudo, assim como em outros grupos Neotropicais, existe uma lacuna no conhecimento de répteis e anfíbios brasileiros (Oliveira *et al.*, 2016) que tem a maioria dos estudos baseados em taxonomia guiada por informações morfológicas (Domingos *et al.*, 2016) e focados em espécies que ocorrem em áreas de Florestas Úmidas do país. O recente aumento nos estudos com métodos moleculares vem revelando uma diversidade da herpetofauna subestimada (Oliveira *et al.*, 2016) e a existência de linhagens crípticas (Werneck *et al.*, 2015; Domingos *et al.*, 2016; Oliveira *et al.*, 2016).

Adicionalmente, a herpetofauna das Florestas Secas também passa por certa negligência científica, quando comparada com a fauna de ambientes úmidos. Dentre os estudos faunísticos envolvendo a herpetofauna das FTSSs, a maioria dos estudos está focada em espécies do Cerrado ou de distribuição ampla entre as FTSSs (*e.g.* Gamble *et al.*, 2012; Werneck *et al.*, 2012; Recoder *et al.*, 2014). O que contribuiu para a perpetuação da ideia de que a Caatinga possuía uma herpetofauna homogênea, de baixa riqueza e amplamente distribuída pelas FTSSs (Vanzolini, 1976). Contudo, estudos mais recentes vem revelando a alta riqueza de espécies e endemismos da Caatinga que, em publicações mais atuais, registra 98 espécies de anfíbios, 143 de serpentes e 79 de lagartos, sendo 20, 22 e 38 o número de endemismos para cada grupo respectivamente (Gamble *et al.*, 2012; Guedes *et al.*, 2014; Guedes *et al.*, 2017; Garda *et al.*, 2018; Mesquita *et al.*, 2018). Destas 177 espécies, 52 são citadas como alvos para a conservação na Caatinga, incluindo espécies consideradas altamente endêmicas por sua distribuição restrita no território do domínio (Fonseca *et al.*, 2018). Além disso, inselbergs e dunas estão entre as topografias também classificadas como alvos prioritários (Fonseca *et al.*, 2018), sendo os habitats associados com o maior número de espécies endêmicas da Caatinga (Rodrigues, 1996; Mesquita *et al.*, 2018).

Na região Neotropical, Tropiduridae é a segunda família mais diversa na Caatinga (Mesquita *et al.*, 2018), com a maioria das espécies pertencendo ao gênero *Tropidurus* Wied, 1820 (SBH, 2008). Este gênero possui 29 espécies descritas na América do Sul e tem a distribuição mais ampla na região ocorrendo, predominantemente, em áreas abertas como o Chaco, o Cerrado e a Caatinga, e em enclaves de áreas abertas na Amazônia e na Floresta Atlântica da costa brasileira (Carvalho, 2013). Ocupando uma variedade de habitats e

apresentando uma grande diversidade morfológica (Rodrigues, 1987), o gênero é atualmente dividido em quatro grupos de espécies: *T. spinulosus*, *T. torquatus*, *T. bogerti* e *T. semitaeniatus* (Frost *et al.*, 2001).

O grupo *T. semitaeniatus* representa um clado (Frost *et al.*, 2001) composto por quatro espécies extremamente adaptadas ao ambiente saxícola: *Tropidurus semitaeniatus* Spix, 1825, *Tropidurus pinima* (Rodrigues, 1984), *Tropidurus helenae* (Manzani and Abe, 1990) e *Tropidurus jaguaribanus* Passos, Lima and Borges-Nojosa, 2011. As três últimas espécies possuem uma área de distribuição mais restrita dentro da Caatinga, ocorrendo, respectivamente, na Serra do Assuruá - Bahia, no Parque Nacional da Serra da Capivara – Piauí, e no Vale do Jaguaribe – Ceará (Carvalho, 2013). Já *T. semitaeniatus* possui uma distribuição mais ampla na Caatinga, podendo ocorrer, também, em afloramentos rochosos de áreas abertas e de transição do Cerrado e da Floresta Atlântica (Carvalho, 2013).

Caracterizada por sua especificidade de habitat, *T. semitaeniatus* apresenta diversas adaptações que permitem explorar de forma eficiente o ambiente rochoso, sendo o achatamento dorsoventral do corpo a mais marcante (Vanzolini *et al.*, 1980). Essa característica morfológica diminui o centro de gravidade do corpo, impedindo que o animal caia ao escalar os afloramentos, além de permitir que ele se esconda em pequenas fendas em busca de abrigo (Pelegrin *et al.*, 2017). Outra vantagem observada está relacionada com a termorregulação, visto que a troca de temperatura com a rocha é facilitada, a temperatura do animal aumenta rapidamente e auxilia na alimentação e na fuga de predadores (Vanzolini *et al.*, 1980; Eloi e Leite-Filho, 2013; Pelegrin *et al.*, 2017). Esses lagartos também apresentam membros mais alongados, com um sistema muscular bem desenvolvido e tendões mais largos e resistentes, o que facilita a escalada das rochas e aumenta sua resistência (Tulli *et al.*, 2016). Adaptações comportamentais também são observadas em *T. semitaeniatus*, sendo as rochas o local onde os indivíduos são avistados praticamente em exclusividade e, também, o mais utilizado pela espécie (Caldas *et al.*, 2015; Pelegrin *et al.*, 2017). Além disso, estes lagartos são predadores de espreita (Rodrigues, 1987) e este tipo de forrageamento é facilitado por sua coloração críptica.

Estes lagartos utilizam de maneira muito eficiente o ambiente rochoso como abrigo, para reprodução, alimentação e termorregulação (Pelegrin *et al.*, 2017). Porém, características ecomorfológicas tão específicas tendem a diminuir a performance dos indivíduos em ambientes diferentes (Vitt, 1981; Clemente *et al.*, 2013; Gomes *et al.*, 2016) e a estreita

relação com os afloramentos reduz a dispersão através de ambientes não-rochosos (Werneck *et al.*, 2015), sugerindo a ideia de estruturação populacional para *T. semitaeniatatus*. Com base nisto, estudos recentes sugerem que, assim como no gênero por inteiro, *Tropidurus semitaeniatatus* abriga uma diversidade críptica grande, sendo caracterizada por um complexo de linhagens evolutivas significativas geograficamente estruturadas e com distribuição mais restrita (Werneck *et al.*, 2015). Assim, Werneck e colaboradores (2015) identificaram oito linhagens evolutivas significativas sob o nome de *T. semitaeniatatus*: três de distribuição mais ampla, localizadas a Sul, Nordeste e Noroeste do Rio São Francisco; e cinco linhagens consideradas como microendemismos da Serra das Confusões, Uruçuí-Una, Seridó, Norte do Ceará e Vale do Jaguaribe.

3 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Tropidurus semitaeniatus* (SQUAMATA: TROPIDURIDAE) NO PARNA CATIMBAU, PERNAMBUCO.

Fernanda Ito dos Santos¹, Pedro M. Sales Nunes², Rodrigo A. Torres¹.

1 – Laboratório de Genômica Evolutiva e Ambiental (LAGEA), Departamento de Zoologia, Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil.

2 – Laboratório de Herpetologia, Departamento de Zoologia, Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil.

1. INTRODUÇÃO

A diversidade genética é considerada um dos componentes biológicos mais importantes a ser preservado, tendo em vista que se constitui como a matéria-prima para a evolução das espécies em resposta às variações ambientais (Reed and Frankham, 2003). Com base nisto, os padrões de fluxo gênico entre populações garantem a mistura genética entre elas e, conseqüentemente, a sua conectividade, aumentando o potencial adaptativo (Verhoeven *et al.*, 2011). Assim, o entedimento destes padrões pode fornecer importantes informações sobre a diversidade genética, a estrutura e conectividade populacional e a influência dos fatores ambientais sobre elas (Clark *et al.*, 2008).

Populações geneticamente estruturadas apresentam uma maior similaridade genética com aquelas geograficamente mais próximas, devido ao fluxo gênico reduzido entre os indivíduos de populações mais distantes (Vekemans and Hardy, 2004). O fluxo gênico entre estas pode ser influenciado tanto pela biologia da espécie (capacidade dispersiva, comportamento social, especificidade de hábitat, etc), como pelas características do ambiente em que ela ocorre (variação de temperatura, cobertura vegetal, impacto antrópico, etc; Clark *et al.*, 2008). O isolamento destas populações por interrupção do fluxo gênico tem efeito negativo sobre a diversidade genética, o que aumenta a susceptibilidade dos indivíduos a efeitos estocásticos e diminui a capacidade de responder as mudanças do ambiente (Young *et al.*, 1996; Reed and Frankham, 2003; Sugawara *et al.*, 2016), podendo levar a extinção.

O entendimento da interação dos diversos fatores para o surgimento e manutenção destas populações é foco dos estudos de estrutura genética em fina escala. Tais estudos podem estar relacionados com espécies ameaçadas, fragmentação de habitat, capacidade dispersiva, impacto da urbanização, comportamento sexual, especificidade de habitat, padrões de migração, entre outros (*e.g.* Newman and Squire, 2001; Vekemans and Hardy, 2004; Clark *et al.*, 2008; Kanno *et al.*, 2011; Pernetta *et al.*, 2011; Sugawara *et al.*, 2016). Assim, essas pesquisas ganham importância devido ao intenso impacto antrópico sobre a biodiversidade, que leva à fragmentação de muitas populações (Sugawara *et al.*, 2016).

Com seus limites totalmente dispostos em território brasileiro (Prado, 2003), a Caatinga é considerada o maior núcleo de Floresta Tropical Sazonalmente Seca da América do Sul (Pennington *et al.*, 2000). São registradas para a região 3150 espécies de plantas, 548 aves, 386 peixes, 183 mamíferos, 98 anfíbios e 79 espécies de lagartos (Silva *et al.*, 2018b). Apesar de sua reconhecida riqueza de espécies e de seus níveis de endemismos chegarem a 57% (Leal *et al.*, 2005), a região foi negligenciada por muito tempo pela comunidade científica (Santos *et al.*, 2011) e é considerada um dos três ecossistemas mais degradados do país (Castelletti *et al.*, 2003) e o menos protegido (Leal *et al.*, 2003).

Estudos recentes sobre a diversidade genética de lagartos e anfíbios das Florestas Secas Neotropicais tem relevado a existência de complexos de espécies e linhagens crípticas, antes consideradas espécies de ampla distribuição (*e.g.* Geurgas and Rodrigues; 2010; Gamble *et al.*, 2012; Werneck *et al.*, 2012; Domingos *et al.*, 2014; Werneck *et al.*, 2015; Domingos *et al.*, 2016; Fazolato *et al.*, 2017). Porém, o conhecimento acerca da dinâmica populacional destas espécies em fina escala geográfica ainda é escasso, dificultando o entendimento dos processos de especiação e microevolução.

Neste cenário, *Tropidurus semitaeniatus* apresenta-se como um interessante objeto de estudo, pois é uma espécie de lagarto endêmica da Caatinga, com especificidade de habitat e que abriga relevante diversidade filogenética (Werneck *et al.*, 2015). Este lagarto vem sendo classificado como uma espécie que apresenta uma alta fidelidade de habitat no que se refere a afloramentos rochosos (Caldas *et al.*, 2015; Gomes *et al.*, 2015; Pelegrin *et al.*, 2017) e apresenta adaptações marcantes para o modo de vida saxícola, como o corpo achatado dorso-ventralmente (Vanzolini *et al.*, 1980), que os permite explorar com eficiência os afloramentos rochosos, tanto para termorregulação quanto para proteção (Vanzolini *et al.*, 1980; Passos *et al.*, 2011). Tal especificidade reduz a possibilidade de dispersão através de ambientes não-rochosos e estreita a relação da sua história evolutiva com os eventos geomorfológicos ocorridos na região que habitam (Werneck *et al.*, 2015).

Além disso, recentemente foi mostrado que *T. semitaeniatus* é, na verdade, composto por diversas unidades evolutivamente significativas distribuídas pela região da Caatinga (Werneck *et al.*, 2015), indicando que a espécie nominal abriga diversidades biológica e filogenética escondidas. Geograficamente estruturadas, as linhagens identificadas por Werneck e colaboradores (2015) tem sua diversificação datada para o Pleistoceno e relacionada com o curso histórico do Rio São Francisco, sendo três delas de distribuição mais ampla a Sul, Nordeste e Noroeste do Rio. São apontados também cinco casos de microendemismo nesta espécie, restritos às regiões da Serra das Confusões, Uruçuí-Una, Seridó, Norte do Ceará e Vale do Jaguaribe.

Em face da diversidade apresentada por *Tropidurus semitaeniatus* (Werneck *et al.*, 2015) e de sua marcante dependência de afloramentos rochosos (Pelegrin *et al.*, 2017), objetivou-se testar a diversidade genética da espécie em fina escala geográfica. Para tanto, sua estrutura genético-evolutiva foi analisada no Parque Nacional do Catimbau, localizado no

semiárido de Pernambuco (Brasil), sob a hipótese de existirem populações geneticamente estruturadas.

2. METODOLOGIA

2.1 Área de amostragem e método de captura

A coleta dos indivíduos foi realizada no Parque Nacional do Catimbau (PARNA Catimbau). O PARNA, criado pelo Decreto Lei 4.340 de 22/08/2002, em conformidade com a Lei 9.985/2000 - Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza (SNUC), possui uma área total de 62.300 hectares distribuída entre os municípios de Buíque, Tupanatinga e Ibimirim, no semiárido de Pernambuco (SNE, 2002). A precipitação pluviométrica anual local varia entre 650 e 1100 mm, com grande irregularidade no regime interanual (SNE, 2002), sendo o período de março a julho o mais chuvoso. A temperatura média anual oscila em torno dos 23°C e o mês de temperatura mais baixa é julho, com valores equivalentes a 21°C, enquanto dezembro, com temperatura média de 25°C, é o mês mais quente. O relevo é marcado por vales, serras e vertentes e a vegetação predominante caatinga arbustivo-arbórea (SNE, 2002).

Foram amostrados 137 espécimes de *Tropidurus semitaeniatus* em oito afloramentos ao longo do PARNA, com uma distância linear mínima de 1 km entre cada ponto amostrado (Figura 1). Os indivíduos foram capturados com base na metodologia do “laço” (Plummer and Ferner, 2012), marcados em campo por ablação de artelhos, de acordo com as técnicas propostas na literatura especializada (Plummer and Ferner, 2012), e então liberados. O artelho retirado para a marcação foi o dedo I do membro posterior esquerdo, atendendo todos os cuidados indicados pelo acordo entre o Ministério Público Federal e o SISBio/ICMBio. Todas as atividades de captura e coleta foram autorizadas pelo SISBIO, através da licença nº 52060-1, e pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA) da UFPE, registrada pelo número

0033/2016. Em cada afloramento amostrado foram coletados até cinco indivíduos como espécime-testemunho, sendo depositados na Coleção Herpetológica da UFPE.

2.2 Procedimentos moleculares

O artelho retirado para a marcação também foi coletado e utilizado para a extração de DNA do espécime. Esta foi feita utilizando o kit de extração DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN®), seguindo o protocolo fornecido pelo fabricante. O gene mitocondrial Citocromo b foi amplificado via PCR utilizando os *primers* cytTrop (5'-TGAAAACCAAYCGTTATTCAAC-3') e CB3 (5'-GGCGAATAGGAAGTATCATTC-3'; Werneck *et al.*, 2015). O volume final das reações foi de 25 µL contendo 12,5 µL de *Taq Pol Master Mix 2x* (Cellco Biotec), 0,5 µL de MgCl₂ (50 mM), 0,75 µL de cada *primer* (10,0 mM) e cerca de 50 ng de DNA extraído, sob as seguintes condições de temperatura: 95°C por 5 minutos, seguidos de 35 ciclos de 95°C por 45 segundos, 50°C por 30 segundos e 72°C por 1 minuto. Por último, 72°C por 7 minutos para extensão final (Werneck *et al.*, 2015). Também foi amplificado o marcador nuclear *Melanocortin receptor 1* (MC1R), através da técnica EPIC, com os *primers* MC1RF (5'-GGCNGCCATYGTCAAGAACCGGAACC-3') e MC1RR (5'-CTCCGRAAGGCRTAAATGATGGGGTCCAC-3'), também em um volume final de 25 µL para cada reação. Estas compreenderam 12,5 µL de *Taq Pol Master Mix 2x* (Cellco Biotec), 0,5 µL de MgCl₂ (50 mM), 0,5 µL de cada *primer* (10,0 mM) e cerca de 50 ng de DNA extraído, sob as seguintes condições de temperatura: 92°C por 5 minutos, seguidos de 40 ciclos de 92°C por 30 segundos, 53°C por 30 segundos e 72°C por 1 minuto e 30 segundos. Seguidos por uma extensão final de 72°C por 5 minutos (Pinho *et al.*, 2009).

Os produtos de PCR foram purificados com o kit de purificação ExoSAP (Cellco Biotec), segundo o protocolo do fabricante, e sequenciados com o Kit "Big Dye™

Terminator v 3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction” (Applied Biosystems) em ambas as direções.

2.3 Análise dos dados

As sequências obtidas foram editadas e alinhadas utilizando o software *Geneious 6.1.8* (Kearse *et al.*, 2012), sendo os alinhamentos inspecionados visualmente. Para o marcador nuclear, foi utilizado o software *Phase v2.1.1* (Stephens *et al.*, 2001) para resolver a fase gamética dos heterozigotos, sendo removidos das análises os alelos com probabilidade menor de 70%.

Sequências do marcador mitocondrial para *Tropidurus semitaeniatus* depositadas no GenBank foram adicionadas às análises para comparação (Tabela S1). Além disso, *Tropidurus hispidus* e *Europhosaurus divaricatus* foram utilizados como grupo-externo nas análises de Cytb (Werneck *et al.*, 2015), e *Lacerta schreiberi* e *Mabuya wrightii* para MC1R (Pinho *et al.*, 2009). As relações filogenéticas entre os espécimes de *Tropidurus semitaeniatus* foram analisadas através da construção de topologias por Inferência Bayesiana no *MrBayes 3.2.6* (Ronquist and Huelsenbeck, 2003). O modelo evolutivo da variância dos sítios foi determinado com o software *jModelTest 2.1.7* (Darriba *et al.*, 2012). Cada conjunto de dados foi analisado em 100 milhões de gerações, com burn-in de 10%.

A identificação dos haplótipos, suas frequências relativas e o número de sítios polimórficos foi realizada no software *DNAsp v6* (Rozas *et al.*, 2017). As relações entre os haplótipos foram obtidas por redes haplotípicas no programa *PopArt 1.7* (Leigh *et al.*, 2016). Foram realizadas análises de genética populacional – Análise de variância molecular entre os afloramentos (AMOVA), índice de fixação (Φ_{ST}/F_{ST}), diferenciação genética (G_{ST}) e fluxo gênico (Nm) – com ambos os marcadores através dos programas *Arlequin 3.5.2.2* e *DNAsp v6* (Excoffier and Lischer, 2010; Rozas *et al.*, 2017). Mudanças no tamanho populacional foram

testadas utilizando F_s de Fu (Fu, 1997) e D de Tajima (Tajima, 1989). E a história demográfica foi analisada, perante os dados do marcador mitocondrial para o PARNA, pelo método *Bayesian skyline plot* (BSP; Drummond *et al.*, 2005), implementado no programa *BEAST v1.8.4* (Drummond *et al.*, 2012) em 20 milhões de gerações e utilizando o modelo de substituição HKY e uma taxa de mutação de 1,9% por milhões de anos (Werneck *et al.*, 2015).

A análise da estruturação genético-populacional de *T. semitaeniatus* entre os afloramentos do PARNA Catimbau foi realizada por *Bayesian Analysis of Population Structure – BAPS v6* (Corander *et al.*, 2008) perante os dados do gene mitocondrial, utilizando uma análise de mistura genética com as sequências ou loci ligados, seguida por mistura de população em 10.000 gerações. Além disso, os dados de ambos os marcadores foram analisados com o software *Geneland 4.0.6* (Guillot *et al.*, 2005) para verificar o número de populações de *T. semitaeniatus* e suas distribuições ao longo do PARNA, com nove corridas independentes de 1.000.000 de interações, estabelecendo o máximo de dez populações e burn-in=200.

Os dados do marcador mitocondrial foram alinhados com as sequências disponíveis no GenBank e utilizados para a determinação dos tempos de divergência através de uma topologia datada no *BEAST v1.8.4* (Drummond *et al.*, 2012). Para tal, foram utilizados os seguintes parâmetros: Strict molecular clock, Yule Process, HKY como modelo de substituição determinado pelo jModelTest, e prior com distribuição normal de média 0.0194 e desvio de 0.0000346 (Werneck *et al.*, 2015; Fazolato *et al.*, 2017). Foram realizadas duas corridas independentes com 100 milhões de gerações cada, com os parâmetros avaliados a cada 1000 gerações. As corridas foram analisadas no *Tracer v1.6* (Rambaut *et al.*, 2014), adotando valores de ESS acima de 200 e determinando um burn-in de 10%. As topologias

geradas em ambas as corridas foram combinadas com *LogCombiner v1.8.4* (Drummond *et al.*, 2012) e a melhor topologia determinada com o *TreeAnnotator v1.8.4* (Drummond *et al.*, 2012) para visualização com o *Figtree v1.4.3*. (Rambaut, 2016).

3. RESULTADOS

Foram coletadas amostras de 137 espécimes em oito afloramentos do PARNA Catimbau (Figura 1). Sequências de 608pb do marcador mitocondrial Cytb foram geradas para 58 indivíduos e, para o marcador nuclear MC1R, foram obtidas sequências de 696pb para 123 indivíduos. Para as análises de Cytb, foram adicionadas 102 sequências homólogas de *Tropidurus semitaeniatus* depositadas no GenBank, gerando um alinhamento com 364pb.

As topologias de Inferência Bayesiana (IB) foram produzidas a partir do alinhamento de cada marcador. Os modelos de substituição nucleotídica, selecionados considerando o critério corrigido de informação de Akaike, foram HKY+I+G para o mitocondrial e GTR+I+G para o marcador nuclear.

Perante as topologias bayesianas obtidas com os dados do gene nuclear e do Cytb, não foi observada estruturação geográfica entre os locais amostrados dentro do PARNA Catimbau (Figuras 2 e 3). Quando somadas com sequências oriundas de outras áreas (Werneck *et al.*, 2015), a topologia de Cytb evidencia um clado bem definido ($pp=1.0$) com todos os espécimes do PARNA (Figura 4), separado dos espécimes de outras áreas da Caatinga, do Cerrado e da Mata Atlântica.

As sequências obtidas pelo marcador mitocondrial Cytb definiram 33 haplótipos, que apresentam os seguintes níveis de diversidade genética: $h= 0,961$ e $\pi=0,02145$ (Tabela 1). O G_{ST} global foi de 0,06421 e o número de migrantes por geração (N_m) foi de 3,64. As

sequências do gene nuclear evidenciaram 102 haplótipos, com $h=0,981$ e $\pi=0,00995$ (Tabela 2). O G_{ST} global foi de 0,04401 e o número de migrantes por geração (N_m) foi de 5,43.

Tabela 1. Índices de variabilidade genética e resultados dos testes de neutralidade do citocromo b em *Tropidurus semitaeniatus* coletados em diferentes afloramentos do PARNA Catimbau.

Localidade	N	Nº de Haplótipos	Diversidade Haplótica (h)	Diversidade Nucleotídica (π)	Fs de Fu	D de Tajima
Rocha dos Bodes	10	7	0,91111	0,02577	1,95709	-1,46214
Torres	9	9	1,00000	0,02128	-2,21762	-0,93220
Igrejinha	9	6	0,88889	0,01739	1,69610	-1,76812*
Cavalo Marinho	11	6	0,72727	0,01276	1,89049	-1,72726*
P30	4	4	1,00000	0,02581	0,84547	-0,44031
Paraíso Selvagem	11	10	0,98182	0,01860	-1,90997	-0,60710
GPS193	4	3	0,83333	0,02718	3,48646	-0,56594
Total	58	33	0,961	0,02145	-6,295	-2,1297

*= valores significativos ($p<0,05$).

Tabela 2. Índices de variabilidade genética e resultados dos testes de neutralidade do gene MC1R em *Tropidurus semitaeniatus* coletados em diferentes afloramentos do PARNA Catimbau.

Localidade	N	Nº de Haplótipos	Diversidade Haplótica (h)	Diversidade Nucleotídica (π)	Fs de Fu	D de Tajima
Rocha dos Bodes	36	14	0,87302	0,00408	-4,83835	-1,14952
Torres	26	13	0,95077	0,01403	0,36598	-0,72373
Igrejinha	34	21	0,97148	0,01943	-1,57852	-1,64424
Cavalo Marinho	39	20	0,97031	0,00877	-4,97206	-0,90485
Paraíso Selvagem	40	15	0,91795	0,00723	-1,99699	-0,09137
GPS193	40	19	0,96538	0,00617	-6,80813	-0,12942
P11	24	9	0,89855	0,00768	0,74579	-0,00541
Total	236	102	0,981	0,00995	-102,561	-2,41443

Assim como as topologias filogenéticas, as redes haplotípicas de ambos os marcadores não revelaram estruturação genética entre os afloramentos amostrados ao longo do Parque (Figuras 5 e 6). Todavia, a rede haplotípica obtida perante os dados de Cytb reunindo haplótipos do PARNA e de outras localidades da Caatinga (Tabela S1) mostra dois haplogrupos: um deles formado pelos indivíduos do Catimbau e outro com indivíduos provenientes de outras localidades da Caatinga (Figura 7).

A AMOVA, com base as sequências dos marcadores mitocondrial e nuclear, mostrou que a maior variância genética está dentro das populações de *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau. Os índices de fixação foram de 0,08462 e de 0,07616, respectivamente (Tabelas 3a e 3b). Já as comparações de F_{ST} par-a-par revelaram, em alguns casos, uma divergência genética considerada de moderada ($0,05 < F_{ST} < 0,15$) a grande ($0,15 < F_{ST} < 0,25$), principalmente para o marcador nuclear (Tabelas 4a e 4b).

Tabela 3a. Análise da variância molecular do gene Citocromo b para as populações de *Tropidurus semitaeniatus* no PARNA Catimbau. gl = graus de liberdade.

Fontes de variação	gl	Soma dos quadrados	Componentes da variância	Percentual da variação
Entre populações	6	63,400	0,55780 Va	8,46
Dentro de populações	51	307,721	6,03374 Vb	91,54
Total	57	371,121	6,59154	
Índice de Fixação	Φ_{ST}		0,08462	

Tabela 3b. Análise da variância molecular do gene MC1R para as populações de *Tropidurus semitaeniatus* no PARNA Catimbau. gl = graus de liberdade.

Fontes de variação	gl	Soma dos quadrados	Componentes da variância	Percentual da variação
Entre populações	7	79,050	0,26650 Va	7,62
Dentro de populações	238	769,373	3,23266 Vb	92,38
Total	245	848,423	3,49916	
Índice de Fixação	Φ_{ST}		0,07616	

Tabela 4a. Comparações F_{ST} par-a-par entre populações de *T. semitaeniatus* do Catimbau para o gene Citocromo b. A escala de tons reflete ao grau de divergência segundo classificação de Wright (1978): <0,05 pouca; 0,05-0,15 moderada; 0,15-0,25 grande).

	Rocha Bodes	Cavalo Marinho	Torres	Igrejinha	Paraíso	GPS193
--	-------------	----------------	--------	-----------	---------	--------

Rocha Bodes	-					
Cavalo Marinho	0,09828*	-				
Torres	0,11461*	0,08273*	-			
Igrejinha	0,01104*	0,12574*	0,21175	-		
Paraíso	0,12916*	0,05521	-0,01498	0,19672*	-	
GPS193	-0,01619*	0,03719	0,02774	0,14645*	0,06978	-
P30	-0,03326*	0,08432	0,03150	0,13812*	0,09894	-0,2614

*= valores significativos ($p < 0,05$).

Tabela 4b. Comparações F_{ST} par-a-par entre populações de *T. semitaeniatus* do Catimbau para o gene MC1R. A escala de tons reflete ao grau de divergência segundo classificação de Wright (1978): <0,05 pouca; 0,05-0,15 moderada; 0,15-0,25 grande).

MC1R	Rocha Bodes	Cavalo Marinho	Torres	Igrejinha	Paraíso	P11	GPS193
Rocha Bodes	-						
Cavalo Marinho	0,11381*	-					
Torres	0,06497*	0,04257*	-				
Igrejinha	0,05588*	0,05651*	0,02421*	-			
Paraíso	0,16583*	0,02569*	0,05854*	0,06975*	-		
P11	0,26417	0,09225*	0,09909*	0,10599*	0,55940	-	
GPS193	0,13436*	0,06971*	0,06080*	0,08550*	0,67350	0,12358*	-
P30	0,19660*	0,01607	-0,00948	0,02204	0,01347	0,06539	0,06633*

*= valores significativos ($p < 0,05$).

Na análise de estruturação pelo BAPS são observados três perfis genéticos ($k=3$) para o Citocromo b (Figura 8). Um deles (em vermelho) está presente em todas as populações amostradas e outro (em verde) é característico de um único afloramento. Quando os dados de outras áreas foram incluídos, a análise revela quatro perfis genéticos ($k=4$), sendo um deles (em vermelho) formado exclusivamente por indivíduos do Catimbau (Figura 9). Para o marcador nuclear foram definidos dois perfis genéticos ($k=2$), sendo, também, um deles (em vermelho) característico de todos os afloramentos (Figura 10).

Perante os dados do Cytb, a análise com o Geneland também mostrou a existência de três agrupamentos dentro do PARNA Catimbau para a espécie (Figura 11a). Um dos *clusters* localiza-se mais ao Sul e é formado pelos afloramentos “Paraíso Selvagem” e “Cavalo

Marinho” (Figura 11b). Outro agrupamento compreendeu o afloramento ‘Igrejinha’ isolado (Figura 11c). E o terceiro agrupou os indivíduos dos afloramentos ‘Rocha dos Bodes’, ‘GPS193’, ‘P30’ e ‘Torres’ (Figura 11d). Para o marcador nuclear, contudo, a análise mostrou a ocorrência de seis agrupamentos (Figura 12a), porém com as probabilidades baixas dos *clusters* (Figuras 12b a 12g).

A topologia datada obtida com os dados de Citb do Catimbau e Caatinga mostrou que o clado compreendido pelos indivíduos do PARNA divergiu há 1,25 Milhões de anos (95% HDP: 1,7 – 0,8 Milhões de anos; Figura 13). A análise BPS com o gene mitocondrial mostra certa estabilidade demográfica para a espécie no PARNA, com uma expansão recente do tamanho populacional efetivo (Figura 14).

4. DISCUSSÃO

Com adaptações marcantes para o modo de vida saxícola (Vanzolini *et al.*, 1980), *T. semitaeniatus* é uma espécie típica da Caatinga (Mesquita *et al.*, 2018), podendo ser considerada endêmica por alguns autores (Frost *et al.*, 2001; Carvalho, 2013; Werneck *et al.*, 2015), e apesar de sua distribuição ampla no semiárido brasileiro (Carvalho, 2013), recentemente foi apontado que a espécie é caracterizada por um complexo de unidades evolutivas significativas (Werneck *et al.*, 2015). Contudo, esta estruturação evolutiva não foi recuperada em escalas geográficas menores, como mostram os resultados das análises feitas com a espécie no PARNA Catimbau. Nas topologias geradas perante os dados de ambos os marcadores, não são observados agrupamentos claros entre os afloramentos rochosos amostrados (Figuras 2 e 3). Além disso, observou-se o compartilhamento de haplótipos entre os afloramentos (Figuras 5 e 6), bem como dos perfis genéticos entre os indivíduos do PARNA (Figuras 8 e 10). Tais evidências sugerem o transito de indivíduos entre os afloramentos, que se confirmou pelo alto índice do número de migrantes observado.

A espécie apresenta diversas características que a permite explorar de forma eficiente o ambiente rochoso, envolvendo desde a morfologia do corpo, proporção e forma dos membros, desenvolvimento dos músculos, período reprodutivo, até características comportamentais, como forrageamento por espreita, filopatria e territorialismo (Vanzolini *et al.*, 1980; Vitt, 1981; Rodrigues, 1987; Eloi e Leite-Filho, 2013; Tulli *et al.*, 2016; Caldas *et al.*, 2015; Werneck *et al.*, 2015; Pelegrin *et al.*, 2017). Tais características reforçam a hipótese inicial de existência de estruturação genética para *T. semitaeniatus*, visto que características ecomorfológicas tão específicas tendem a diminuir a performance dos indivíduos em ambientes diferentes (Clemente *et al.*, 2013; Gomes *et al.*, 2016) e que a estreita relação com os afloramentos reduz a dispersão através de ambientes não-rochosos (Werneck *et al.*, 2015). Além disso, estudos realizados no PARNA Catimbau e na Caatinga como um todo somente registraram a espécie associada aos afloramentos, não havendo a sua captura em armadilhas de interceptação e queda (Rodrigues, 2003; Pedrosa *et al.*, 2014; P.M.S. Nunes, pers. comm., 2018). Contudo, as evidências aqui encontradas apontam que áreas cobertas com a vegetação xerófito, típica das Florestas Tropicais Sazonalmente Secas (Prado, 2003), parecem não afetar a transição dos indivíduos desta espécie entre afloramentos rochosos, que são formações comuns na Caatinga (Ab'Saber, 2005).

Os dados de fluxo genético e aqueles da distribuição espacial das eventuais populações (Figuras 11 e 12) aqui obtidos, associados àqueles da literatura acerca da cobertura vegetal das FTSSs, sugerem que *T. semitaeniatus* é capaz de cruzar pequenas distâncias de matriz arenosa ou de matas abertas entre os afloramentos, com a vegetação agindo como corredores ecológicos para estes lagartos. E neste contexto, ambientes florestados e extensas áreas arenosas atuam como barreiras para a espécie (Carvalho *et al.*, 2013), que apresentam características morfológicas que inviabilizam a máxima performance nesses ambientes, como o formato e proporção dos membros, e por ter preferências termais incompatíveis com as

encontradas nestes locais (Teixeira-Filho *et al.*, 1996; Kohlsdorf *et al.*, 2001; Kohlsdorf *et al.*, 2004; Goodman *et al.*, 2007; Grizante *et al.*, 2010; Carvalho *et al.*, 2013; Caldas *et al.*, 2015).

Devido às características da matriz de Caatinga, se faz necessária a rápida locomoção entre os abrigos e, em geral, espécies saxícolas da Caatinga tendem a realizar saltos horizontais ao cruzar obstáculos (Kohlsdorf and Navas, 2007), evitando a exposição prolongada. Assim, os resultados aqui obtidos indicam ao menos parte da vegetação do semiárido como uma matriz permeável para *T. semitaeniatus*, permitindo a manutenção do fluxo gênico entre os afloramentos rochosos. Evidência similar já foi observada nesta espécie em uma abrangência geográfica maior (Werneck *et al.*, 2015). Assim, a hipótese de permeabilidade da matriz é suportada pelos dados aqui obtidos, tendo em vista o compartilhamento de haplótipos (Figuras 5 e 6), a baixa diferenciação genética observada entre as populações pela AMOVA (Tabelas 3a e 3b) e pelos altos valores para número de migrantes/geração.

A conectividade entre os afloramentos também é observada nos resultados do BAPS, já que os dados de ambos os marcadores analisados evidenciam um perfil genético (em vermelho; Figura 8) compartilhado por todas as populações amostradas. Além disso, são observados perfis genéticos compartilhados por indivíduos de afloramentos com uma grande distância entre si, sem que afloramentos mais próximos sejam agrupados. Para o marcador mitocondrial é apontado um perfil genético (em azul; Figura 8) compartilhado por indivíduos de afloramentos distantes até 14 km, que também é observado nos afloramentos intermediários e reforça a hipótese dos corredores ecológicos da matriz. O mesmo pode ser visto no segundo perfil genético pelo marcador nuclear (em verde; Figura 10), que, apesar de ser compartilhado por indivíduos de afloramentos com uma menor distância entre si (entre 9 e 5 km), também demonstra a conectividade destes ambientes. Portanto, a estruturação genética

na espécie pode não ser influenciada apenas pelas distâncias entre os afloramentos rochosos, mas também pelo tipo de matriz entre os afloramentos, sendo a areia e as florestas fechadas os tipos de matriz que impõem grande limitação para os migrantes.

Além disso, essas relações entre os perfis genéticos apontados pelo BAPS para o marcador mitocondrial são corroboradas pelos agrupamentos gerados pelo Geneland (Figura 11). O marcador nuclear, entretanto, revelou um grande número de agrupamentos, que não condiz com os resultados das outras análises (Figura 12a). Contudo, os baixos valores das probabilidades observadas inviabilizam quaisquer agrupamentos (Figuras 12b a 12g), reforçando a falta de estruturação para a espécie no PARNA. De maneira semelhante, são observados valores de F_{ST} par-a-par que indicam diferença genética significativa entre algumas populações (Tabelas 4a e 4b), todavia a magnitude da diferença não é tão elevada quando comparada com populações fortemente estruturadas (*e.g.* Geurgas and Rodrigues, 2010; Werneck *et al.*, 2015; Cunningham *et al.*, 2016; Medina *et al.*, 2016). Portanto, argumentar em favor de um padrão de ilhas genéticas para os afloramentos do PARNA Catimbau com base nos dados de F_{ST} par-a-par seria inapropriado, devido ao conjunto maior de evidências que apontam para uma cena histórica contrária.

De maneira semelhante, diversos estudos com outras espécies de lagartos revelaram padrões de estruturação geográfica utilizando dados do gene mitocondrial Citocromo b (*e.g.* Recorder *et al.*, 2014; Santos *et al.*, 2014; Da Fonseca, 2017; Domingos *et al.*, 2016). O marcador também revelou a existência de forte estruturação genética em espécies do gênero *Tropidurus* na Caatinga (Werneck *et al.*, 2015), no Cerrado (Domingos *et al.*, 2016) e em área de Restinga (Fazolato *et al.*, 2017). Apesar de existir certa diferença na escala geográfica analisada com *T. semitaeniatus* no PARNA Catimbau e com *T. hygomi* em Restinga (Fazolato *et al.*, 2017), ambos os trabalhos apontam para uma diversificação recente nas espécies,

datada para o Pleistoceno. Desta forma, este marcador se mostra bastante eficaz na identificação de populações geneticamente estruturadas, mesmo em espécies que divergiram recentemente, corroborando a falta de estruturação encontrada em *T. semitaeniatus* e a hipótese de a Caatinga se constituir como uma matriz permeável para a espécie.

Os resultados obtidos ainda apontam que a estabilidade e a abundância dos afloramentos rochosos na Caatinga (Ab'Saber, 2005), quando comparados à outras regiões, favoreceram a diversificação destes lagartos, que também está relacionada com os fenômenos paleoclimáticos que ocorreram no Brasil (Werneck *et al.*, 2011; Werneck *et al.*, 2015). De acordo com a Teoria do Refúgio, inicialmente proposta para as Florestas Tropicais Úmidas, a distribuição e diversificação das espécies foram influenciadas pelas sucessivas flutuações climáticas que ocorreram durante o Pleistoceno (Brown and Ab'Sáber, 1979). Neste modelo é proposto que, durante os períodos mais secos e frios, as florestas atuaram como refúgios, permitindo a especiação (Brown and Ab'Sáber, 1979). Neste cenário, a Caatinga é um grande núcleo de Floresta Tropical Sazonalmente Seca que se manteve estável durante este período de retrações e expansões (Werneck *et al.*, 2011), o que possibilitou a diversificação das espécies e a ocorrência de muitos casos de endemismo (Werneck *et al.*, 2011; Carvalho *et al.*, 2013). Com uma história demográfica iniciada no Pleistoceno e marcada por eventos de dispersão por longas distâncias (Werneck *et al.*, 2015), *Tropidurus semitaeniatus* pode ter tido sua diversificação influenciada pela estabilidade do habitat, que está refletida nos altos níveis de diversidade genética observados na espécie. Esta recente diversificação também pode ser observada pelos curtos ramos observados nas topologias filogenéticas (Figuras 2 e 3), com os valores negativos encontrados para os testes de neutralidade (Tabelas 1 e 2) e com o desvio histórico do tamanho populacional efetivo (Figura 14) que indicam expansão recente da população. Tais níveis de diversidade genética também são observados em outras populações

de *T. semitaeniatus* e em outras espécies de lagartos (Werneck *et al.*, 2012; Oliveira *et al.*, 2015; Fazolato *et al.*, 2017).

Estudos sobre a diversidade filogenética de lagartos, principalmente aqueles com espécies que ocorrem nas áreas abertas e de Florestas Secas Neotropicais, tem revelado a grande existência de complexos de espécies e linhagens crípticas, antes considerados espécies de ampla distribuição (*e.g.* Geurgas and Rodrigues; 2010; Gamble *et al.*, 2012; Werneck *et al.*, 2012; Domingos *et al.*, 2014; Werneck *et al.*, 2015; Domingos *et al.*, 2016; Fazolato *et al.*, 2017). Da mesma forma, quando analisados em uma escala geográfica maior, os espécimes do PARNA Catimbau constituem um grupo monofilético singular (Figura 4), que não compartilha haplótipos com outras populações da Caatinga (Figura 7) e apresentam um perfil genético singular (Figura 9), corroborando os resultados prévios que apontam outros casos de microendemismo para a espécie (Werneck *et al.*, 2015). Tal evidência refuta a ideia de que a região não contava com uma fauna própria e que seria homogênea em toda a área de Florestas Secas Neotropicais (Leal *et al.*, 2003). Além disso, os resultados aqui obtidos chamam atenção para a lacuna de conhecimento acerca da biodiversidade local, que ainda é subestimada e negligenciada pela comunidade científica (Santos *et al.*, 2011), sendo um dos poucos trabalhos realizados com herpetofauna endêmica da Caatinga (Werneck *et al.*, 2015).

A linhagem do PARNA divergiu há 1,25 Milhões de anos (95% HDP: 1,7 – 0,8 Milhões de anos; Figura 13) e está inserida na área de ocorrência de duas linhagens identificadas por Werneck e colaboradores (2015), localizadas a Nordeste e Noroeste do Rio São Francisco e que possuem distribuição muito mais ampla na Caatinga e tempo de divergência datado para 1,95 Milhões de anos (95% HDP: 2,30 – 1,35 Milhões de anos; Figura 13). A diversificação desta linhagem e sua relação mais próxima com as linhagens que ocorrem a Norte do Rio São Francisco corroboram os eventos de dispersão apontados para a

espécie, em que o clado com as linhagens que ocorrem a Sul, Noroeste e Nordeste do Rio São Francisco é originado a partir de eventos de dispersão por longas distâncias, iniciados há cerca 1,8 Milhão de anos (Werneck *et al.*, 2015). Além disso, estes resultados reforçam outros estudos que apontam a recente diversificação de espécies de lagartos, anfíbios, peixes, plantas e mamíferos de Florestas Secas ocorrendo no Pleistoceno (*e.g.* Gamble *et al.*, 2012; Werneck *et al.*, 2012; Domingos *et al.*, 2014; Fouquet *et al.*, 2014; Carmignotto e Astúa, 2018; Lima *et al.*, 2018; Mesquita *et al.*, 2018; Queiroz *et al.*, 2018), principalmente para espécies associadas aos ambientes rochosos e arenosos da Caatinga (Queiroz *et al.*, 2018) e incluindo as outras linhagens identificadas dentro da espécie (Werneck *et al.*, 2015).

Inserida na ecorregião da Depressão Sertaneja, a região central de Pernambuco é reconhecida por sua extrema importância ecológica (Pedrosa *et al.*, 2014; Silva *et al.*, 2018b). Com vegetação típica de savana-estépica (Siqueira, 2006; Ferreira, 2009) essa área é importante no processo de diversificação das espécies e apresenta uma das maiores riquezas de espécies de répteis e anfíbios (Pedrosa *et al.*, 2014; Mesquita *et al.*, 2018). Sua estabilidade histórica (Werneck *et al.*, 2011) pode estar relacionada com o surgimento mais antigo do complexo *Tropidurus semitaeniatus* (Werneck *et al.*, 2015) e a existência de regiões menos áridas e de transição de regimes de chuvas (Mesquita *et al.*, 2018), como é o caso do PARNA Catimbau (Mantovani *et al.*, 2017), pode ter influenciado na diversificação desta linhagem. Assim, a identificação de uma linhagem exclusiva de *T. semitaeniatus* para o Parque, e que se diversificou recentemente, reforça que a alta diversidade da Caatinga não está relacionada apenas com as áreas de Florestas Úmidas inseridas no domínio do semiárido e suporta resultados que apontam a região da Depressão Sertaneja como uma área prioritária para a conservação (Mantovani *et al.*, 2017; Silva *et al.*, 2018b).

Diante dos resultados, as características da espécie possuem importantes implicações conservacionistas, visto que ela é classificada como ‘Pouco preocupante’ pela *IUCN* e é analisada como uma única espécie abundante e de distribuição ampla (*IUCN*, 2017). Contudo, os resultados reforçam a ideia de que, apesar de serem encontrados em algumas áreas de matas abertas e de transição no Cerrado e na Mata Atlântica (Carvalho, 2013), estes lagartos podem ser considerados endêmicos da Caatinga, devido a sua relação com a matriz do semiárido. Desta forma, *T. semitaeniatus* se junta à *T. helenae*, *T. jaguaribanus* e *T. pinima*, que compõem o grupo *semitaeniatus* e também tem sua distribuição fortemente relacionada com os afloramentos rochosos, porém muito mais restrita (Carvalho, 2013; Carvalho *et al.*, 2013). Portanto, os resultados aqui apresentados servem de subsídio para uma análise mais refinada do *status* desta espécie, que deve levar em consideração a sua estreita relação com o domínio da Caatinga e a distribuição restrita das populações microendêmicas identificadas.

Apesar de ser o maior núcleo de Floresta Tropical Sazonalmente Seca da América do Sul (Prado, 2000; Silva *et al.*, 2018b), a Caatinga é um dos ecossistemas mais impactados do Brasil, com mais de 63% de sua área total alterada pelo homem (Castelletti *et al.*, 2003; Silva and Barbosa, 2018) e cerca de 75% com alto potencial para desertificação (Sá and Angelotti, 2009). A vegetação extremamente adaptada evita a transformação da Caatinga em um deserto (Garda, 1996), porém estudos recentes preveem o aumento da temperatura e a diminuição das precipitações na região, além da maior frequência de eventos estocásticos ambientais, como secas severas (Melo, 2018). Tais transformações afetam diretamente *T. semitaeniatus* devido á estreita relação e grande dependência dos afloramentos rochosos e da matriz de Caatinga observadas na espécie. Além de deixar as condições ambientais mais severas, alterando a temperatura local e a disponibilidade de alimento (Melo, 2018), a desertificação pode causar a perda da conectividade entre as populações de *T. semitaeniatus*, ao aumentar as distâncias formadas por solo arenoso e por retirar a vegetação xerófita, que aparenta servir como

corredores ecológicos entre os afloramentos rochosos. Diante disto, a especificidade de habitat observada em *T. semitaeniatus* faz com ela seja de fundamental importância na conservação da Caatinga, uma vez que sua preservação está diretamente relacionada com a manutenção e conservação do domínio do semiárido.

Apontada como uma grande área de endemismo (Carvalho *et al.*, 2013; Guedes *et al.*, 2014; Silva *et al.*, 2018b), a Caatinga abriga 79 espécies de lagartos, sendo 38 endêmicas (Mesquita *et al.*, 2018), das quais sete pertencem ao gênero *Tropidurus* (Carvalho *et al.*, 2013). Entre estas espécies, 30 estão entre os répteis indicados como alvos prioritários para a conservação na Caatinga, que é o domínio menos protegido do Brasil, com apenas 7,4% de seu território englobado por áreas protegidas e pouco mais de 1% em áreas de proteção integral (Silva *et al.*, 2018a; Fonseca *et al.*, 2018). Diante disto, as características da espécie e a identificação de outro caso de microendemismo em *T. semitaeniatus* fornecem informações que ajudam na definição de áreas e alvos prioritários para a conservação. Neste cenário, a manutenção e criação de novas Unidades de Conservação e o estabelecimento da conectividade entre estas áreas são apontados como principais estratégias para a proteção dos 691 alvos e 53 áreas identificados como prioritários para a conservação biodiversidade local (Fonseca *et al.*, 2018). E sob esta visão, a linhagem do Catimbau identificada em *T. semitaeniatus* tem grande importância por apresentar grande dependência de afloramentos rochosos, que é uma topografia que está entre os alvos indicados pelo MMA (Fonseca *et al.*, 2018), e por ter sua distribuição restrita à uma área menor que 1000 km², sendo considerada altamente endêmica (Fonseca *et al.*, 2018).

A ocorrência desta linhagem única de *T. semitaeniatus* no PARNA Catimbau pode indicar a eficiência do Parque na conservação de uma linhagem evolutiva singular de uma espécie típica da Caatinga e, conseqüentemente, na conservação do ecossistema como um

todo, abrangendo as 21 espécies de anfíbios, 25 de lagartos e 11 espécies de serpentes registradas para o PARNA (Pedrosa *et al.*, 2014). O que reforça a importância do Parque como um *hotspot* evolutivo, sendo uma das poucas áreas de proteção integral da Caatinga que abrange grande diversidade genética (Da Fonseca, 2017), e caracterizando-o como uma área prioritária para a conservação da biodiversidade, devido ao seu elevado potencial evolutivo (Frankham *et al.*, 2002; Da Fonseca, 2017).

Apesar disto, o Catimbau pode ser considerado como um “*paper park*” por não estar agindo de acordo com as regulamentações brasileiras e por muitas de suas funções serem cumpridas apenas “no papel” (Fonseca *et al.*, 2018). Criado em 2012 (SNE, 2002), o Parque ainda não possui um Plano de Ação, não apresenta infraestrutura básica e não passou pelo processo de desapropriação (Mantovani *et al.*, 2017; Oliveira and Bernard, 2017). Com isso, cerca de 300 famílias ainda residem na região e causam impacto sob a biodiversidade local devido ao uso insustentável dos recursos (Mantovani *et al.*, 2017). Neste contexto, os resultados aqui apresentados servem de subsídio para a manutenção desta UC e destaca a urgência da elaboração do seu Plano de Ação.

5. REFERÊNCIAS

- Ab'Saber, A.N., 2005. Caatingas: O domínio dos sertões secos, in: Ab'Saber, A.N. (Ed.), Os Domínios de Natureza no Brasil, Potencialidades Paisagísticas. Ateliê, São Paulo, pp. 83–100.
- Brasil - SNUC, 2000. Lei N° 9.985, de 18 de Julho de 2000. Regulamenta o art. 225, § 1o, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/L9985.htm. Acessado em 20 Dez 2017.
- Brown, K.S., Ab'Sáber, A.N., 1979. Ice-age forest refuges and evolution in Neotropics: correlation of paleoclimatological, geomorphological and pedological data with biological endemism. *Paleoclimas*, 5, 1–30.
- Caldas, F.L.S., Santana, D.O., dos Santos, R.A., Gomes, F.F.A., da Silva, B.D., Faria, R.G., 2015. Atividade e uso do espaço de *Tropidurus semitaeniatus* (Iguania) em área de Mata Atlântica, Nordeste do Brasil. *Neotrop. Biol. Conserv.* 10, 85–92.
- Carmignotto, A.P., Astúa, D., 2018. Mammals of the Caatinga: Diversity, ecology, biogeography, and conservation. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp. 211-254.
- Carvalho, A.L.G., 2013. On the distribution and conservation of the South American lizard genus *Tropidurus* Wied-Neuwied, 1825 (Squamata: Tropiduridae). *Zootaxa*, 3640 (1): 42–56.
- Carvalho, A.L.G., Britto, M.R., Silva, D.F., 2013. Biogeography of the lizard genus *Tropidurus* Wied-Neuwied, 1825 (Squamata: Tropiduridae): distribution, endemism, and area relationships in South America. *PLoS ONE*, 8: e59736.

- Castelletti, C.H.M., Silva, J.M.C., Tabarelli, M., Santos, A.M.M., 2003. Quanto ainda resta da Caatinga? Uma estimativa preliminar, in: Leal, I.R., Tabarelli, M., Silva, J.M.C. (Eds.), *Ecologia e Conservação da Caatinga*. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp. 777-796.
- Clark, R.W., Brown, W.S., Stechert, R., Zamudio, K.R., 2008. Integrating individual behaviour and landscape genetics: the population structure of timber rattlesnake hibernacula. *Molecular Ecology*, 17(3), 719-730.
- Clemente, C.J., Withers, P.C., Thompson, G.G., Lloyd, D., 2013. Lizard tricks: overcoming conflicting requirements of speed versus climbing ability by altering biomechanics of the lizard stride. *J. Exp. Biol.* 216, 3854–62.
- Corander, J., Marttinen, P., Sirén, J., Tang, J., 2008. Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinf.*, 9 (1):1.
- Cunningham, S.W., Shirley, M.H., Hekkala, E.R., 2016. Fine scale patterns of genetic partitioning in the rediscovered African crocodile, *Crocodylus suchus* (Saint-Hilaire 1807). *PeerJ*, 4, e1901.
- Da Fonseca, E.M., 2017. Filogeografia, *Hotspots* evolutivos e conservação ao longo da diagonal de formações abertas da América do Sul. Thesis, Natal, Universidade Federal do Rio Grande do Norte.
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R., Posada, D., 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8), 772.
- Domingos, F.M.C., Bosque, R.J., Cassimiro, J., Colli, G.R., Rodrigues, M.T., Santos, M.G., Beheregaray, L.B., 2014. Out of the deep: Cryptic speciation in a Neotropical gecko (Squamata, Phyllodactylidae) revealed by species delimitation methods. *Mol. Phylogenet. Evol.* 80, 113–124.

- Domingos, F.M.C., Colli, G.R., Lemmon, A., Moriarty Lemmon, E., Beheregaray, L.B., 2016. In the shadows: Phylogenomics and coalescent species delimitation unveil cryptic diversity in a Cerrado endemic lizard (Squamata: *Tropidurus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 107, 455-465.
- Drummond, A.J., Rambaut, A., Shapiro, B., Pybus, O.G., 2005. Phylogenetic Analysis and Epidemic History of Hepatitis C Virus Genotype 2 in Tunisia, North Africa. *Mol Biol Evol.*, 22:1185–92.
- Drummond, A.J., Suchard, M.A., Xie, D., Rambaut, A., 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7 *Molecular Biology And Evolution*, 29: 1969-1973.
- Eloi, F.J., Leite-Filho, E., 2013. Competing for a place in the sun: a short study with *Tropidurus hispidus* and *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata:Tropiduridae). *Revista Nordestina de Biologia*, 21(2):59-69.
- Excoffier, L., Lischer, H.E.L., 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.
- Fazolato, C., Fernandes, F., Batalha-Filho, H., 2017. The effects of Quaternary sea-level fluctuations on the evolutionary history of an endemic ground lizard (*Tropidurus hygoni*). *Zoologischer Anzeiger*, 270: 1-8.
- Ferreira, R.R., 2009. Ecoturismo no município de Buíque - Pernambuco: avaliação crítico-reflexiva a luz desenvolvimento local sustentável. Thesis, Recife, Universidade de Pernambuco.

- Fonseca, C.R., Antongiovanni, M., Matsumoto, M., Bernard, E., Venticinque, E.M., 2018. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp.429-444.
- Fouquet, A., Cassini, C.S., Haddad, C.F.B., Pech, N., Rodrigues, M.T., 2014. Species delimitation, patterns of diversification and historical biogeography of the Neotropical frog genus *Adenomera* (Anura, Leptodactylidae). *Journal of Biogeography*, 41: 855-870.
- Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A., 2002. *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Frost, D., Rodrigues, M.T., Grant, T., Titus, T.A., 2001. Phylogenetics of the lizard genus *Tropidurus* (Squamata: Tropiduridae: Tropidurinae): direct optimization, descriptive efficiency, and sensitivity analysis of congruence between molecular data and morphology. *Mol Phylogenet Evol.* 21(3): 352–71.
- Fu, Y.X., 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2): 915–25.
- Gamble, T., Colli, G.R., Rodrigues, M.T., Werneck, F.P., Simons, A.M., 2012. Phylogeny and cryptic diversity in geckos (*Phyllopezus*; Phyllodactylidae; Gekkota) from South America's open biomes. *Mol Phylogenet Evol.* 62: 943–53.
- Garda, E.C., 1996. *Atlas do meio ambiente do Brasil*. Terra Viva, Brasília.
- Gomes, F.F.A., Caldas, F.L.S., dos Santos, R.A., da Silva, B.D., Santana, D.O., Rocha, S.M., Ferreira, A.S., Faria, R.G., 2015. Patterns of space, time and trophic resource use by *Tropidurus hispidus* and *T. semitaeniatus* in an area of Caatinga, northeastern Brazil. *The Herpetological Journal*, 25(1), 27-39.

- Gomes, V., Carretero, M.A., Kaliontzopoulou, A., 2016. The relevance of morphology for habitat use and locomotion in two species of wall lizards. *Acta Oecol.* 70, 87–95.
- Goodman, B.A., Krockenberger, A.A., Schwarzkopf, L., 2007. Master of them all: performance specialization does not result in trade-offs in tropical lizards. *Evol. Ecol. Res.* 9: 527–546.
- Grizante, M.B., Navas, C.A., Garland, T. Jr, Kohlsdorf, T., 2010. Morphological evolution in Tropidurinae lizards: an integrated view along a continuum of ecological settings. *J Evol Biol* 23: 98–111.
- Geurgas, S.R., Rodrigues, M.T., 2010. The hidden diversity of *Coleodactylus amazonicus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revealed by molecular data. *Mol Phylogenet Evol.* 54:583–93.
- Guedes, T.B., Nogueira, C., Marques, O.A., 2014. Diversity, natural history, and geographic distribution of snakes in the Caatinga, Northeastern Brazil. *Zootaxa*, 3863(1), 1-93.
- Guillot, G., Mortier, F., Estoup, A., 2005. Geneland: a computer package for landscape genetics. *Mol Ecol Notes.* 5:712–5. 41.
- Kanno, Y., Vokoun, J.C., Letcher, B.H., 2011. Fine-scale population structure and riverscape genetics of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) distributed continuously along headwater channel networks. *Molecular Ecology*, 20(18): 3711-3729.
- Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Buxton, S., Cooper, A., Markowitz, S., Duran, C., Thierer, T., Ashton, B., Mentjies, P., Drummond, A., 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28 (12): 1647–1649.

Kohlsdorf, T., Garland, T. Jr, Navas, C.A., 2001. Limb and tail lengths in relation to substrate usage in *Tropidurus* lizards. *J. Morph.* 248: 151–164.

Kohlsdorf, T., James, R.S., Carvalho, J.E., Wilson, R.S., Silva, M.D.P., Navas, C.A., 2004. Locomotor performance of closely related *Tropidurus* species: relationships with physiological parameters and ecological divergence. *J. Exp. Biol.* 207: 1183–1192.

Kohlsdorf, T., Navas, C.A., 2007. Evolution of jumping capacity in Tropidurinae lizards: does habitat complexity influence obstacle-crossing ability? *Biol. J. Linn. Soc.* 91: 393–402.

Leal, I.R., Tabarelli, M., Silva, J.M.C., 2003. *Ecologia e Conservação da Caatinga*. Ed. Universitária da UFPE, Recife.

Leal, I.R., Silva, J.M.C., Tabarelli, M., Lacher, T. E., 2005. Changing the course of biodiversity conservation in the caatinga of northeastern Brazil. *Conservation Biology*, 19: 701-706.

Leigh, J., Bryant, D., Steel, M., 2016. PopArt Version 1.7.

Lima, S.M.Q., Ramos, T.P.A., Silva, M.J., Rosa, R.S., 2018. Diversity, distribution, and conservation of the Caatinga fishes: advances and challenges. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp. 97-132.

Mantovani, W., Anjos, L., Monteiro, R.F., Araújo, F.S., 2017. A conservação da biodiversidade no domínio da Caatinga. In: Mantovani, W., Monteiro, R.F., Anjos, L., Cariello, M.O. (Eds.), *Pesquisas em unidades de conservação no domínio da caatinga: subsídios à gestão*. Fortaleza, UFC.

- Medina, C.D., Avila, L.J., Sites, J.W., Morando, M., 2017. Phylogeographic history of Patagonian lizards of the *Liolaemus elongatus* complex (Iguania: Liolaemini) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*.
- Melo, F.P.L., 2018. The socio-ecology of the Caatinga: understanding how natural resource use shapes an ecosystem. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp.369-382.
- Mesquita, D.O., Costa, G.C., Garda, A.A., Delfim, F.R., 2018. Species composition, biogeography, and conservation of the Caatinga lizards. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp.151-180.
- Newman, R.A., Squire, T., 2001. Microsatellite variation and fine-scale population structure in the wood frog (*Rana sylvatica*). *Molecular Ecology*, 10(5), 1087-1100.
- Oliveira, E.F., Gehara, M., São-Pedro, V.A., Chen, X., Myers, E.A., Burbrink, F.T., Mesquita, D.O., Garda, A.A., Colli, G.R., Rodrigues, M.T., Arias, F.J., Zaher, H., Santos, R.M.L., Costa, G.C., 2015. Speciation with gene flow in whiptail lizards from a Neotropical xeric biome. *Molecular Ecology* 24(23), 5957-5975.
- Oliveira, A.P.C., Bernard, E., 2017. The financial needs vs. the realities of in situ conservation: an analysis of federal funding for protected areas in Brazil's Caatinga. *Biotropica*, 49(5): 745-752.
- Passos, D.C., Lima, D.C., Borges-Nojosa, D.M., 2011. A new species of *Tropidurus* (Squamata, Tropiduridae) of the semitaeniatus group from a semiarid area in Northeastern Brazil. *Zootaxa*, 2930: 60–8.

Pedrosa, I.M.M.C., Costa, T.B., Faria, R.G., França, F.G.R., Laranjeiras, D.O., Oliveira, T.C.S.P., Palmeira, C.N.S., Torquato, S., Mott, T., Vieira, G.H.C., Garda, A.A., 2014. Herpetofauna of protected areas in the Caatinga III: The Catimbau National Park, Pernambuco, Brazil. *Biota Neotropica*, 14(4): e20140046.

PELD Catimbau. Disponível em: < <https://www.peldcatimbau.org/mapas-tematicos> >. Acessado em: 03 Jan 2018.

Pelegrin, N., Mesquita, D.O., Albinati, P., Caldas, F.L.S., Cavalcanti, L.B.Q., Costa, T.B., Falico, D.A., Galdino, J.Y.A., Tucker, D.B., Garda, A.A., 2017. Extreme specialization to rocky habitats in *Tropidurus* lizards from Brazil: Trade-offs between a fitted ecomorph and autoecology in a harsh environment. *Austral Ecology*, 42(6), 677-689.

Pennington, R. T., Prado, D.A., Pendry, C., 2000. Neotropical seasonally dry forests and Pleistocene vegetation changes. *J. Biogeogr.*, 27: 261–273.

Pernetta, A.P., Allen, J.A., Beebee, T.J.C., Reading, C.J., 2011. Fine-scale population genetic structure and sex-biased dispersal in the smooth snake (*Coronella austriaca*) in southern England. *Heredity*, 107(3), 231.

Pinho, C., Rocha, S., Carvalho, B.M., Lopes, S., Mourão, S., Vallinoto, M., Brunes, T. O., Haddad, C.F.B., Gonçalves, H., Sequeira, F., Ferrand, N., 2009. New primers for the amplification and sequencing of nuclear loci in a taxonomically wide set of reptiles and amphibians. *Conservation Genet Resour*, s12686-009-9126-4.

Plummer, M.V., Ferner, J.W., 2012. Finding and capturing reptiles. In: McDiarmid, R.W., Foster, M.S., Guyer, C., Gibbons, J.W., Chernoff, N. (Eds.), *Reptile Biodiversity. Standard methods for inventory and monitoring*. University of California Press, p. 79.

Prado, D.E., 2000. Seasonally dry forests of tropical South America: from forgotten ecosystems to a new phytogeographic unit. *Edinburgh Journal of Botany*, 57: 437–461.

Prado, D.E., 2003. As Caatingas da América do Sul. In: Leal, I.R., Tabarelli, M., Silva, J.M.C. (Eds.), *Ecologia e conservação da Caatinga*. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp 3-76.

Queiroz, L.P., Cardoso, D., Fernandes, M.F., Moro, M.F., 2018. Diversity and evolution of flowering plants of the Caatinga domain. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp.23-64.

Rambaut, A., Suchard, M.A., Drummond, A.J., 2014. Tracer v1.6. Disponível em: <
<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/tracer>>.

Rambaut, A., 2016. FigTree v1. 4.3 software. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh.

Recoder, R., Werneck, F.P., Teixeira Jr, M., Colli, G.R., Sites Jr., J.W., Rodrigues, M.T., 2014. Geographic variation and systematic review of the lizard genus *Vanzosaura* (Squamata, Gymnophthalmidae), with the description of a new species. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 171, 206-225.

Reed, D.H., Frankham, R., 2003. Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 17: 230–237.

Rodrigues, M.T., 1987. Systematics, ecology and zoogeography of the *Tropidurus* of the torquatus group south of the Amazonian River [South America] (Sauria, Iguanidae). *Arq. Zool.* 31: 105–230.

- Rodrigues, M.T., 2003. Herpetofauna da Caatinga. In: Leal, I.R., Tabarelli, M., Silva, J.M.C. (Eds.), *Ecologia e conservação da Caatinga*. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp. 181-235.
- Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P., 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19: 1572-1574.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sánchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 34: 3299-3302.
- Sá, I.B., Angelotti, F., 2009. Degradação ambiental e desertificação no semi-árido brasileiro. In: Angelotti, F., Sá, I.B., Menezes, E.A., Pellegrino, G.Q. (Eds.), *Mudanças climáticas e desertificação no semi-árido brasileiro*. Embrapa Semiárido, Petrolina, pp 59–88.
- Santos, J.C., Leal, I.R., Almeida-Cortez, J.S., Fernandes, G.W., Tabarelli, M., 2011. Caatinga: the scientific negligence experienced by a dry tropical forest. *Tropical Conservation Science*, 4(3): 276-286.
- Santos, M.G., Nogueira, C., Giugliano, L.G., Colli, G.R., 2014. Landscape evolution and phylogeography of *Micrablepharus atticolus* (Squamata, Gymnophthalmidae), an endemic lizard of the Brazilian Cerrado. *Journal of biogeography*, 41(8), 1506-1519.
- Silva, J.M.C., Barbosa, L.C.F., 2018. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp. 359-368.
- Silva, J.M.C., Barbosa, L.C.F., Leal, I.R., Tabarelli, M., 2018a. The Caatinga: Understanding the challenges. In: Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M. (Eds.), *Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America*. Springer, Switzerland, pp. 3-22.

Silva, J.M.C., Leal, I.R., Tabarelli, M., 2018b. Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America. Springer, Switzerland.

Siqueira, G.R., 2006. Avaliação da implementação do Parque Nacional do Catimbau - PE: uma análise do desenvolvimento sustentável na perspectiva do ecoturismo e da comunidade local. Thesis, Recife, Universidade Federal de Pernambuco.

Sociedade Nordestina de Ecologia (SNE), 2002. Projeto Técnico para a Criação do Parque Nacional do Catimbau/PE - versão final, em cumprimento ao contrato n° 086-00/02, Subprojeto "Proposta para criação do Parque Nacional do Catimbau/PE".

Stephens, M., Smith, N., Donnelly, P., 2001. A new statistical method for haplotype reconstruction from population data. *Am J Hum Genet*, 68:978–89.

Sugawara, H., Kusano, T., Hayashi, F., 2016. Fine-Scale genetic differentiation in a salamander *Hynobius tokyoensis* living in fragmented urban habitats in and around Tokyo, Japan. *Zoological science*, 33(5), 476-484.

Tajima, F., 1989. The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3): 597– 601.

Teixeira-Filho, P., Rocha, C.F.D., Ribas, S., 1996. Ecologia termal e uso do habitat por *Tropidurus torquatus* (Sauria: Tropiduridae) em uma área de Restinga do sudeste do Brasil. In: Péfaur, J.E. (Ed.), *Herpetologia Neotropical. Actas del II Congreso latino americano de Herpetologia*, II Volumen, Merida, Consejo de Publicaciones, Universidad de Los Andes, p. 255-267.

The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2017-3. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 28 December 2017.

- Tulli, M. J., Cruz, F.B., Kohlsdorf, T., Abdala, V., 2016. When a general morphology allows many habitat uses. *Integr. Zool.* 11: 483–99.
- Vanzolini, P.E., Ramos-Costa, A.M.M., Vitt, L.J., 1980. Répteis das Caatingas. Academia Brasileira de Ciências, Rio de Janeiro, 161 pp.
- Vekemans, X., Hardy, O.J., 2004. New insights from fine-scale spatial genetic structure analyses in plant populations. *Molecular Ecology*, 13(4), 921-935.
- Verhoeven, K.J.F., Macel, M., Wolfe, L.M., Biere, A., 2011. Population admixture, biological invasions and the balance between local adaptation and inbreeding depression. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278, 2–8.
- Vitt, L.J., 1981. Lizard reproduction: habitat specificity and constraints on relative clutch mass. *The American Naturalist*, 117 (4), 506-514.
- Werneck, F.P., Costa, G.C., Colli, G.R., Prado, D., Sites Jr, J.W., 2011. Revisiting the historical distribution of Seasonally Dry Tropical Forests: new insights based on palaeodistribution modelling and palynological evidence. *Global Ecol Biogeogr.*, 20: 272–88.
- Werneck, F.P., Gamble, T., Colli, G.R., Rodrigues, M.T., Sites Jr, J.W., 2012. Deep diversification and long-term persistence in the South American ‘dry diagonal’: integrating continent-wide phylogeography and distribution modeling of geckos. *Evolution* 66, 3014–3034.
- Werneck, F.P., Leite, R.N., Geurgas, S.R., Rodrigues, M.T., 2015. Biogeographic history and cryptic diversity of saxicolous Tropicoduridae lizards endemic to the semiarid Caatinga. *BMC evolutionary biology*, 15: 94.

Wright, S., 1978. Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4, Variability within and among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago. 590pp.

Young, A., Boyle, T., Brown, T., 1996. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. Trends Ecol Evol, 11: 413–418

6. FIGURAS

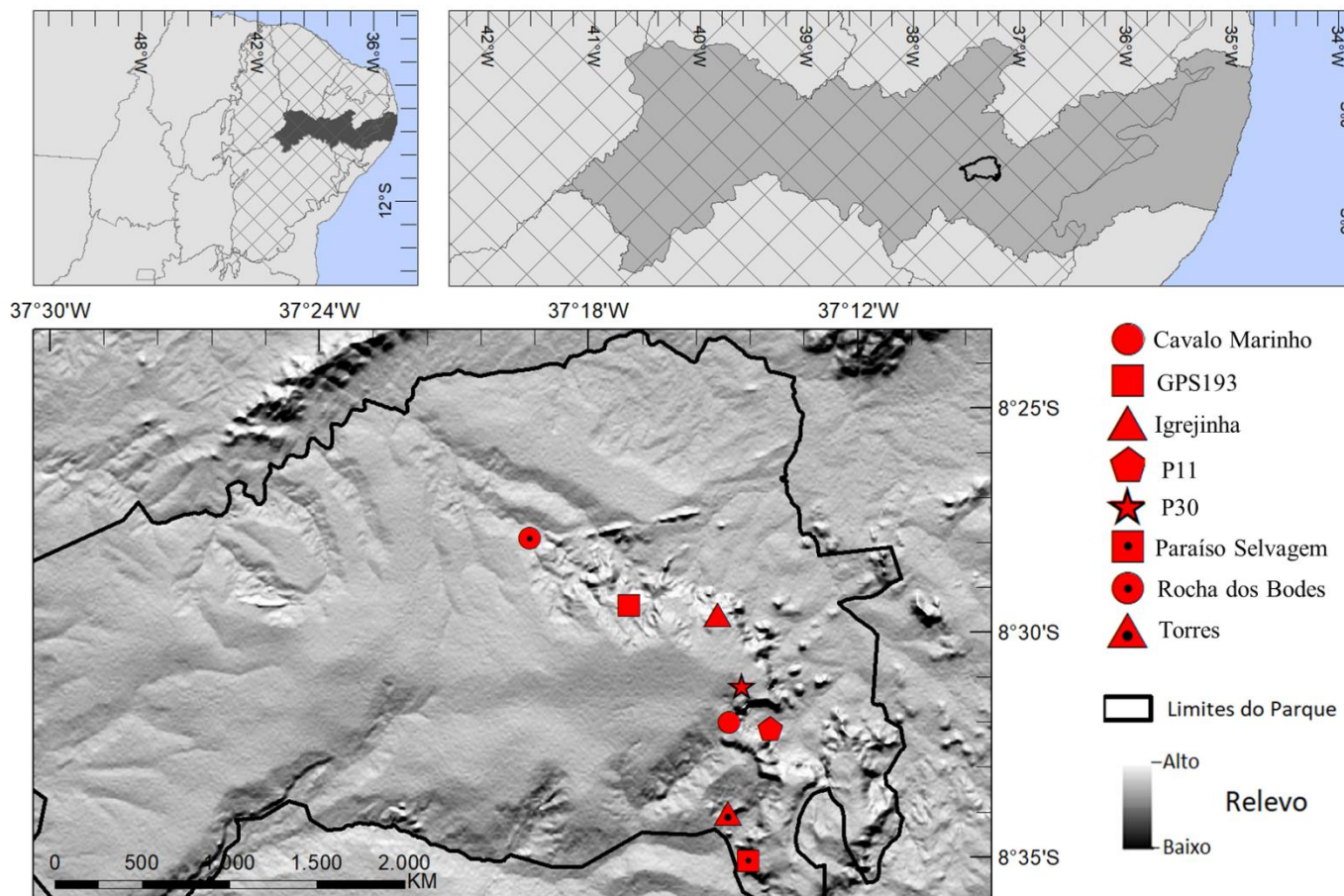


Figura 1. Mapa com a localização do Parque Nacional do Catimbau na Caatinga e dos afloramentos rochosos amostrados dentro dos limites do PARNA.

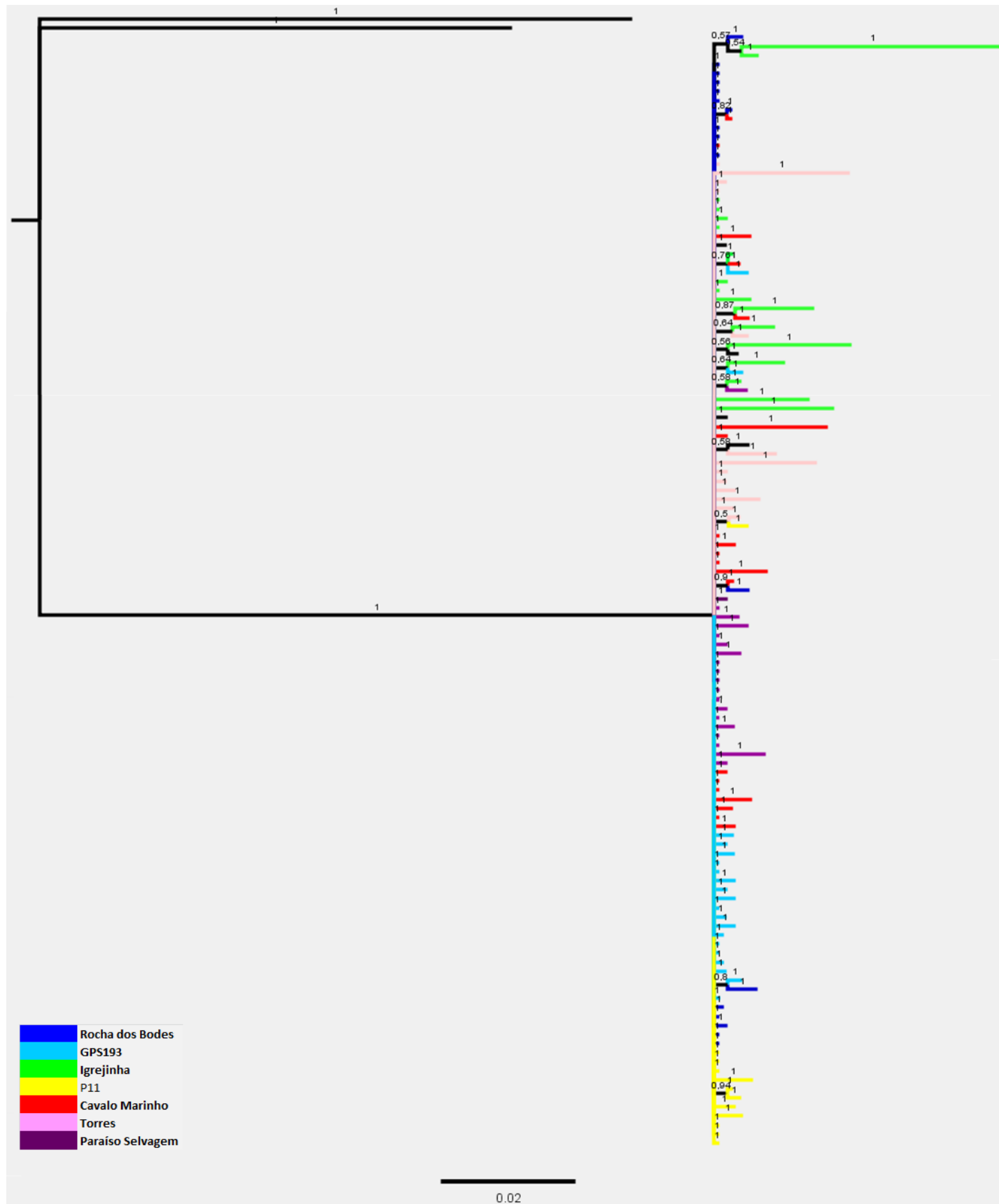


Figura 2. Topologia por Inferência Bayesiana pelo gene nuclear MC1R para espécimes de *Tropidurus semitaeniatus* coletados em sete diferentes afloramentos do PARNA Catimbau.

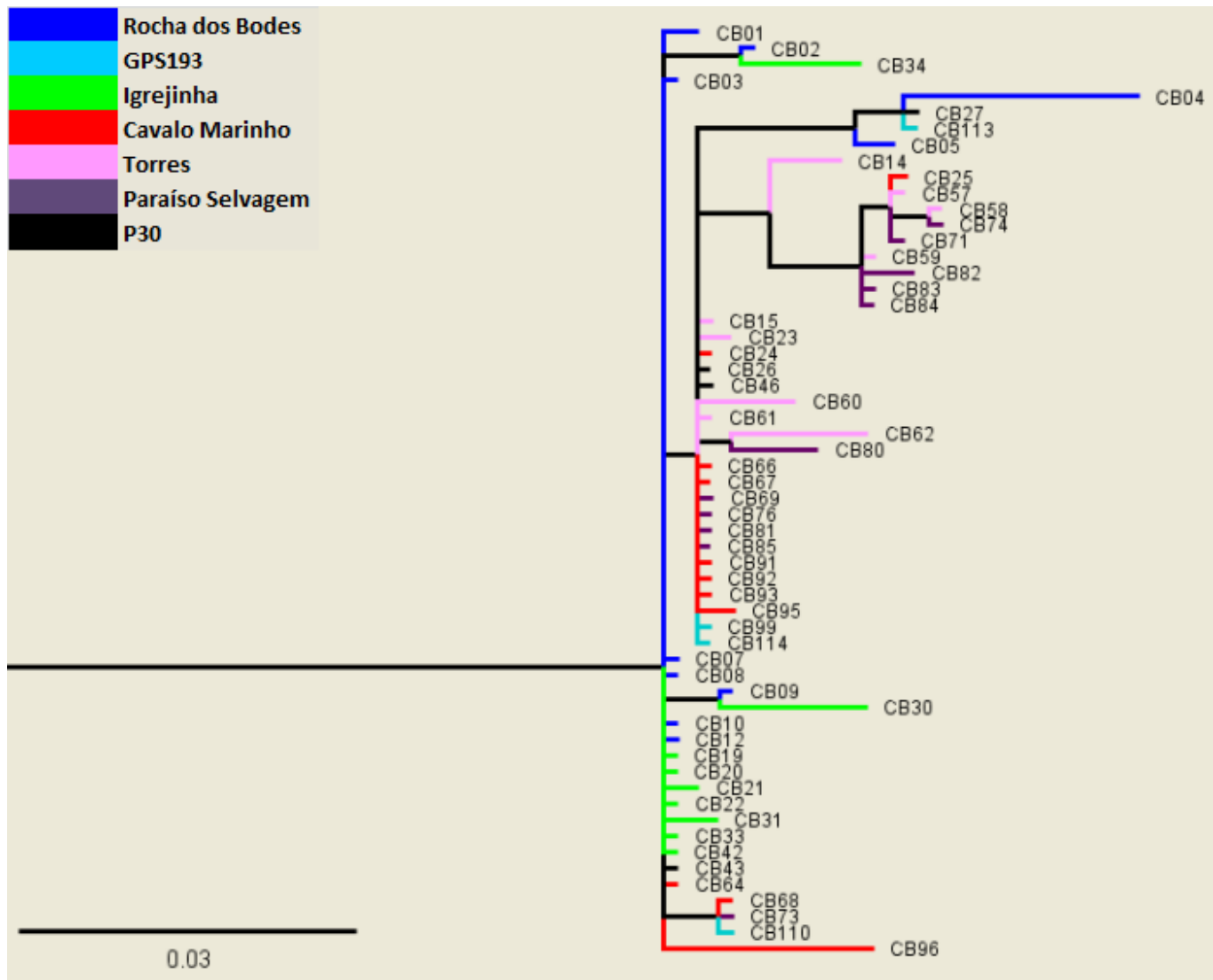


Figura 3. Topologia por Inferência Bayesiana do marcador mitocondrial para espécimes de *Tropidurus semitaeniatus* coletados em sete diferentes afloramentos do PARNA Catimbau.



Figura 4. Topologia por Inferência Bayesiana gerada com dados do gene Citocromo b para espécimes de *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau (em vermelho) e espécimes provenientes de outras áreas da Caatinga (em verde). Para as sequências provenientes do GenBank, os números de acesso, vouchers e localidades estão disponíveis na Tabela S1.

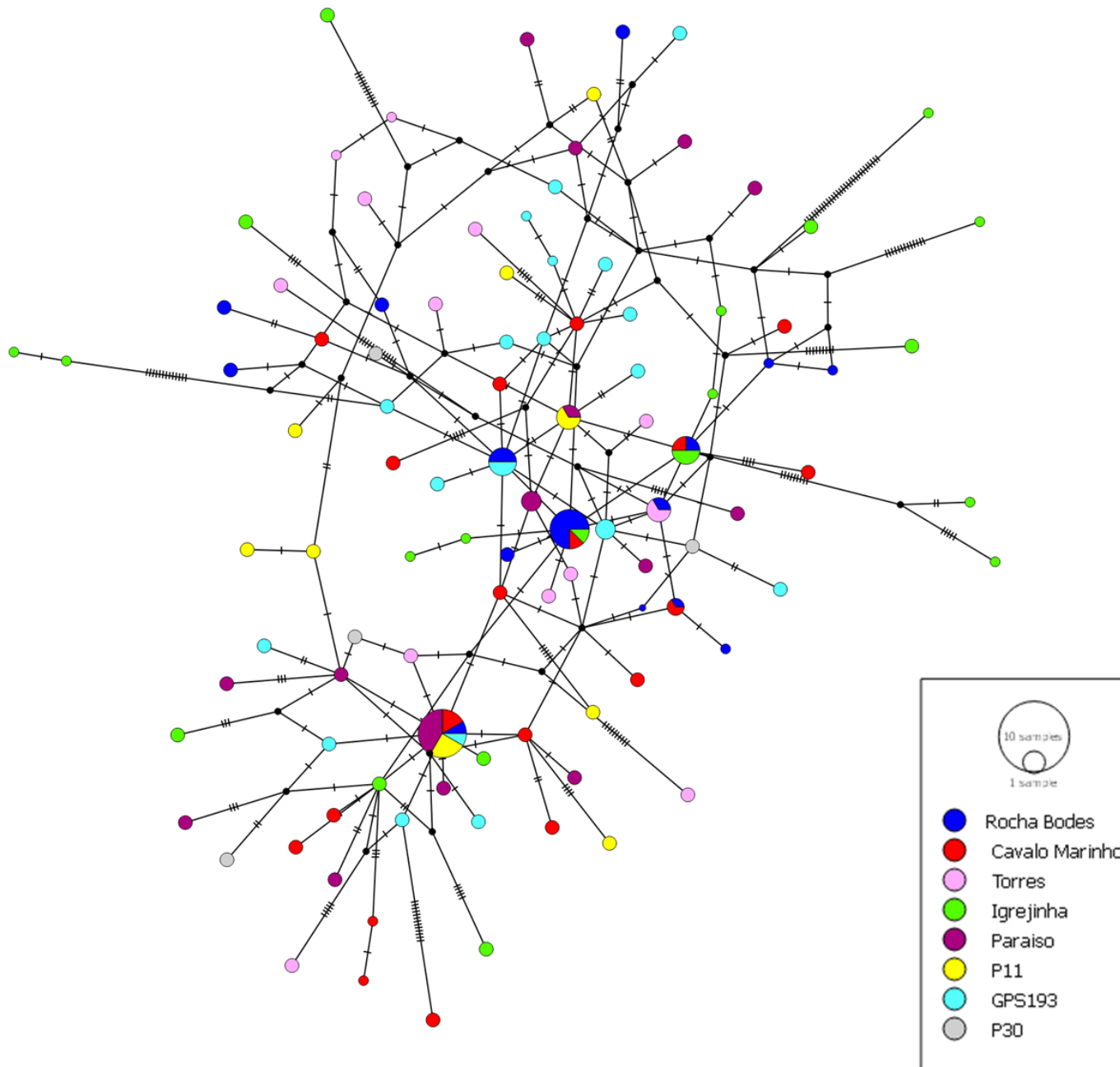


Figura 5. Rede de haplótipos gerada para o marcador nuclear MC1R com indivíduos de *Tropidurus semitaeniatus* coletados em oito afloramentos do Parque Nacional do Catimbau, PE, Brasil.

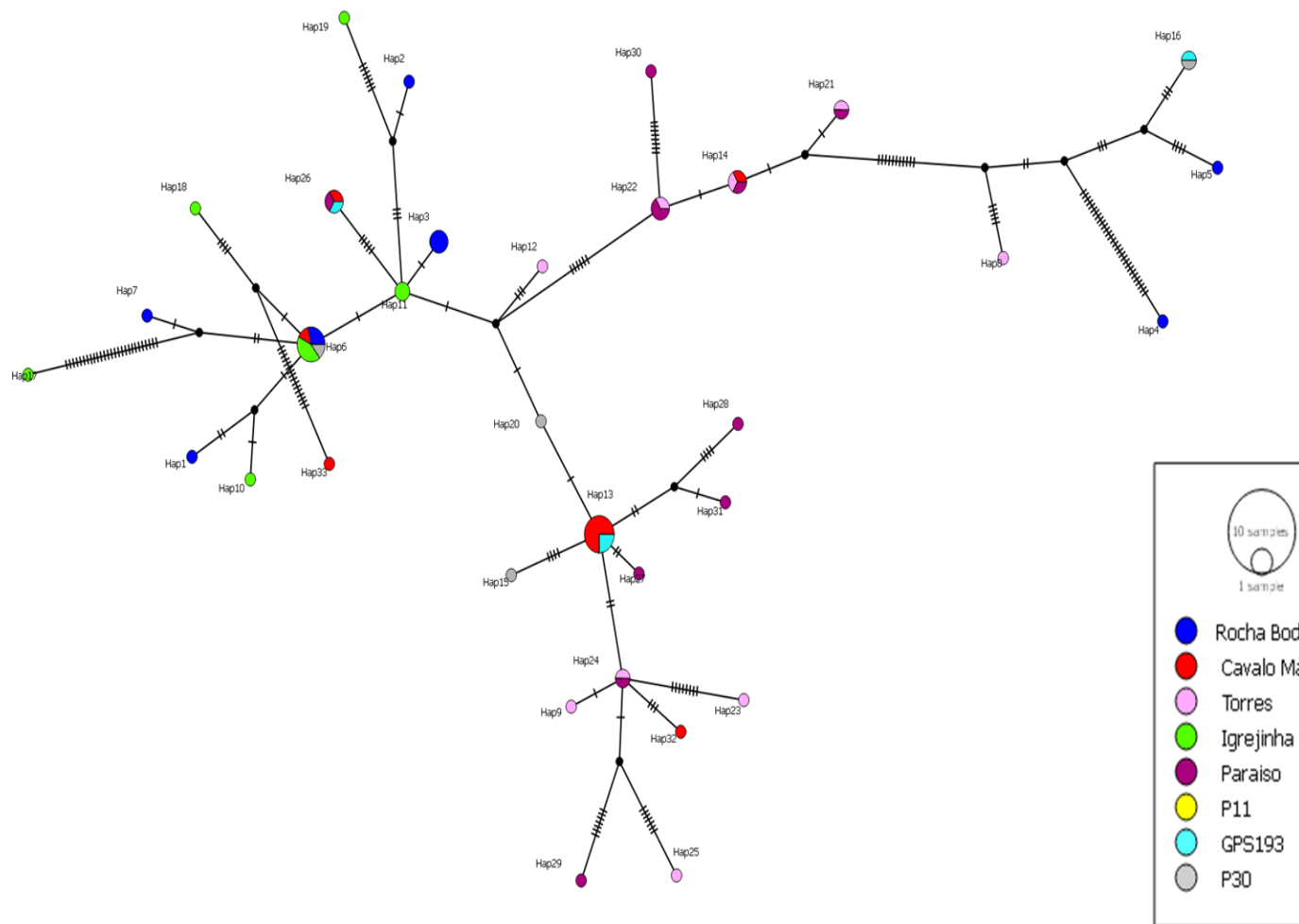


Figura 6. Rede de haplótipos gerada para o marcador mitocondrial *Citb* com indivíduos de *Tropidurus semitaeniatus* coletados em oito afloramentos do Parque Nacional do Catimbau, PE, Brasil.

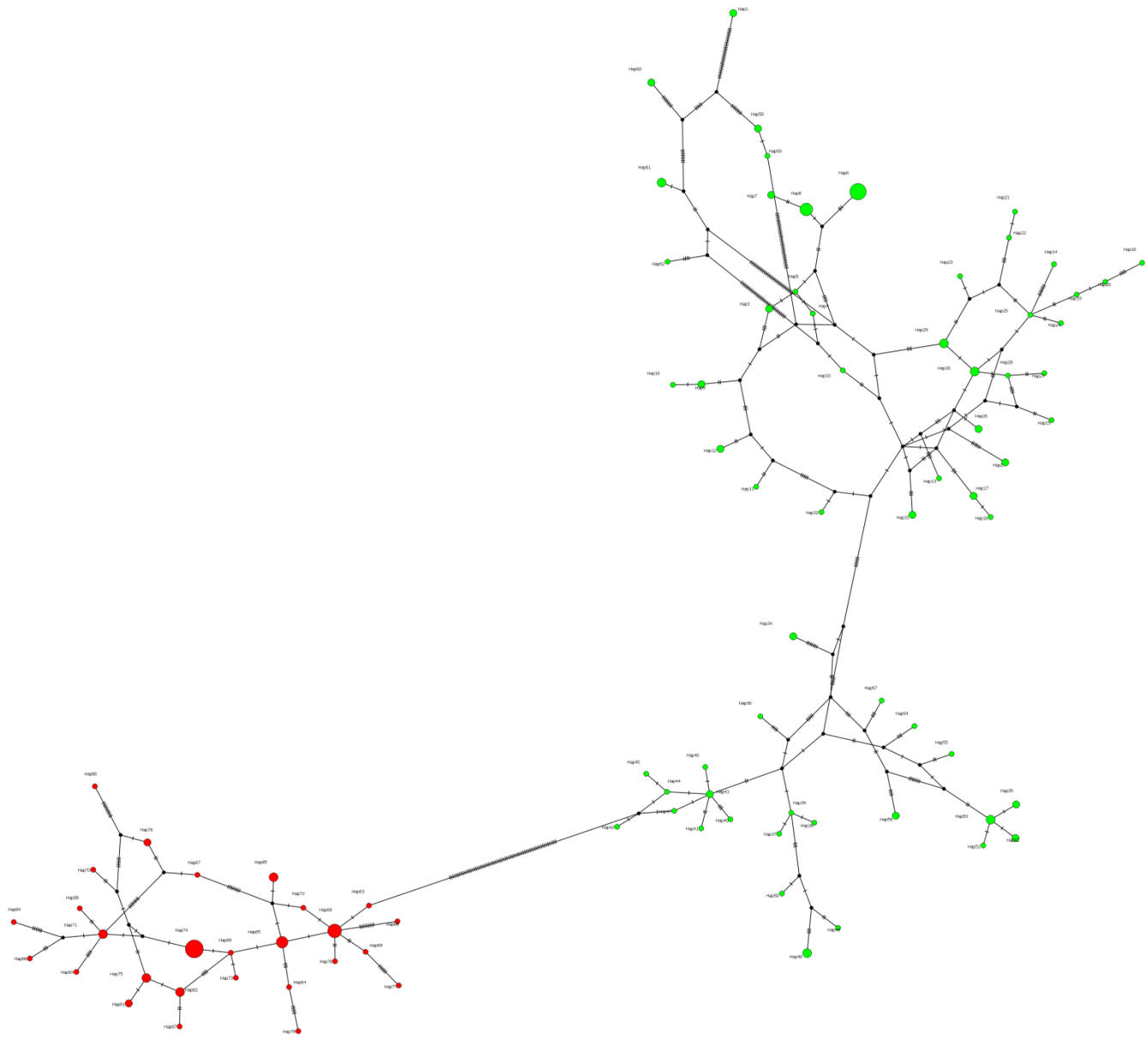


Figura 7. Rede de haplótipos gerada para o marcador mitocondrial *Citb* com indivíduos de *Tropidurus semitaeniatus* coletados no PARNA Catimbau (vermelho) e de indivíduos oriundos de outras áreas da Caatinga (verde). Número de acesso ao GenBank, Haplótipo correspondente e localidade de cada espécime estão disponíveis na Tabela S1.

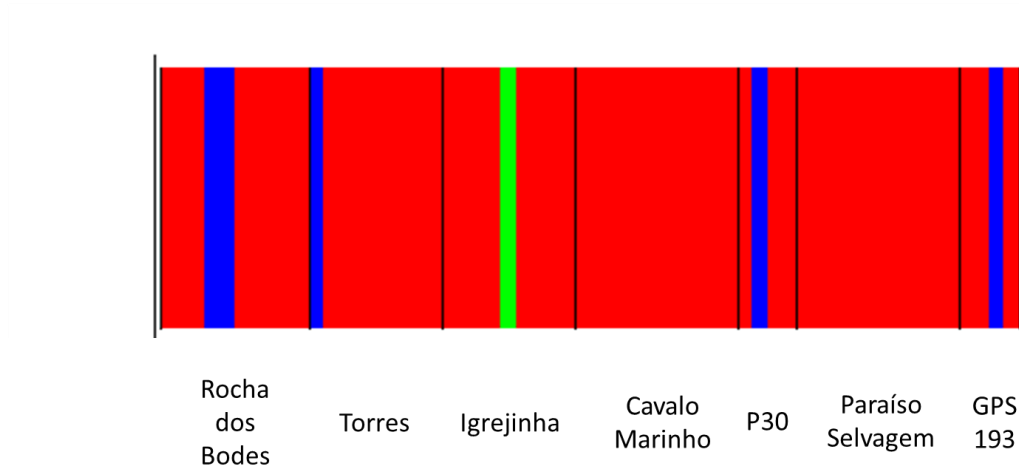


Figura 8. Análise de estruturação populacional BAPS para *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau com sequências do gene mitocondrial Citocromo b.

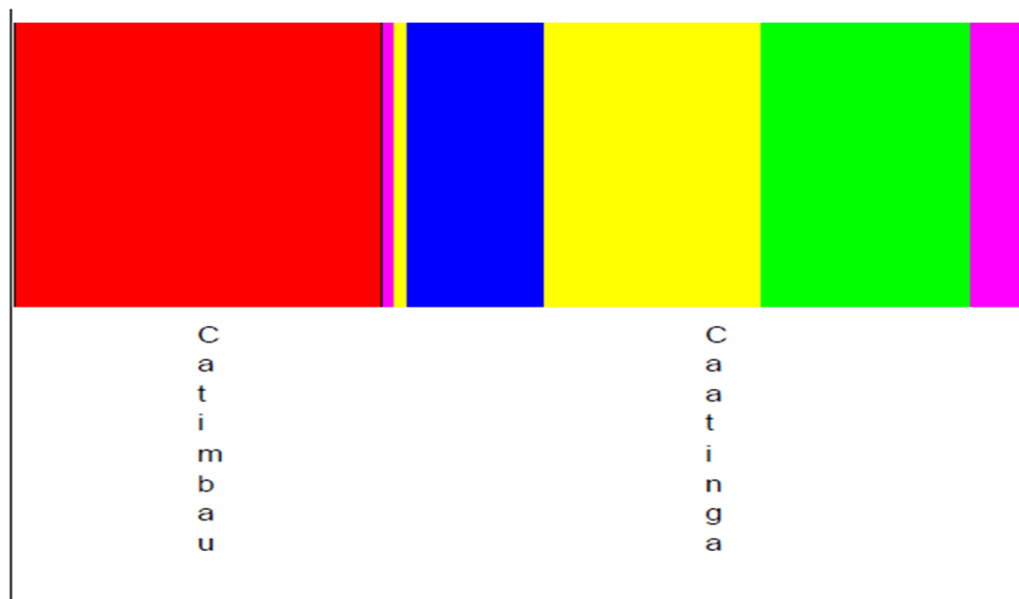


Figura 9. Análise de estruturação populacional BAPS com sequências de Cytb para *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau e de diferentes áreas da Caatinga.

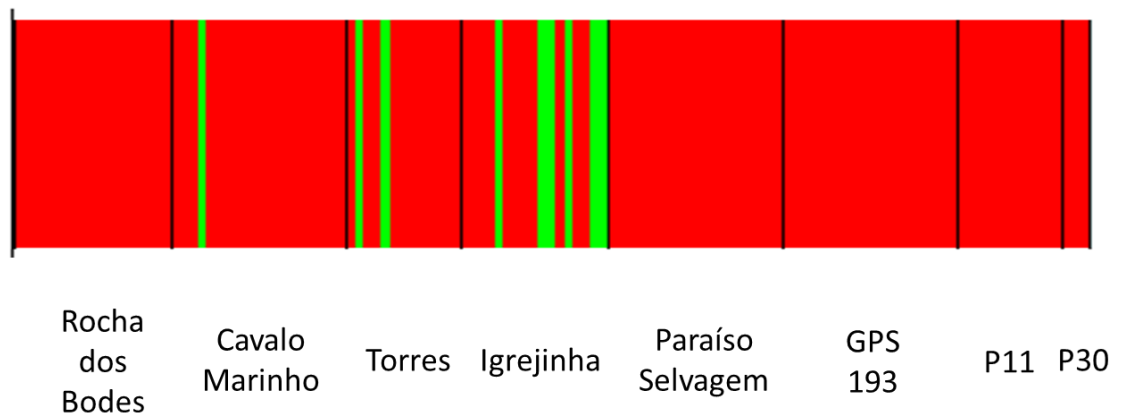


Figura 10. Análise de estruturação populacional BAPS para *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau com seqüências do gene nuclear MC1R.

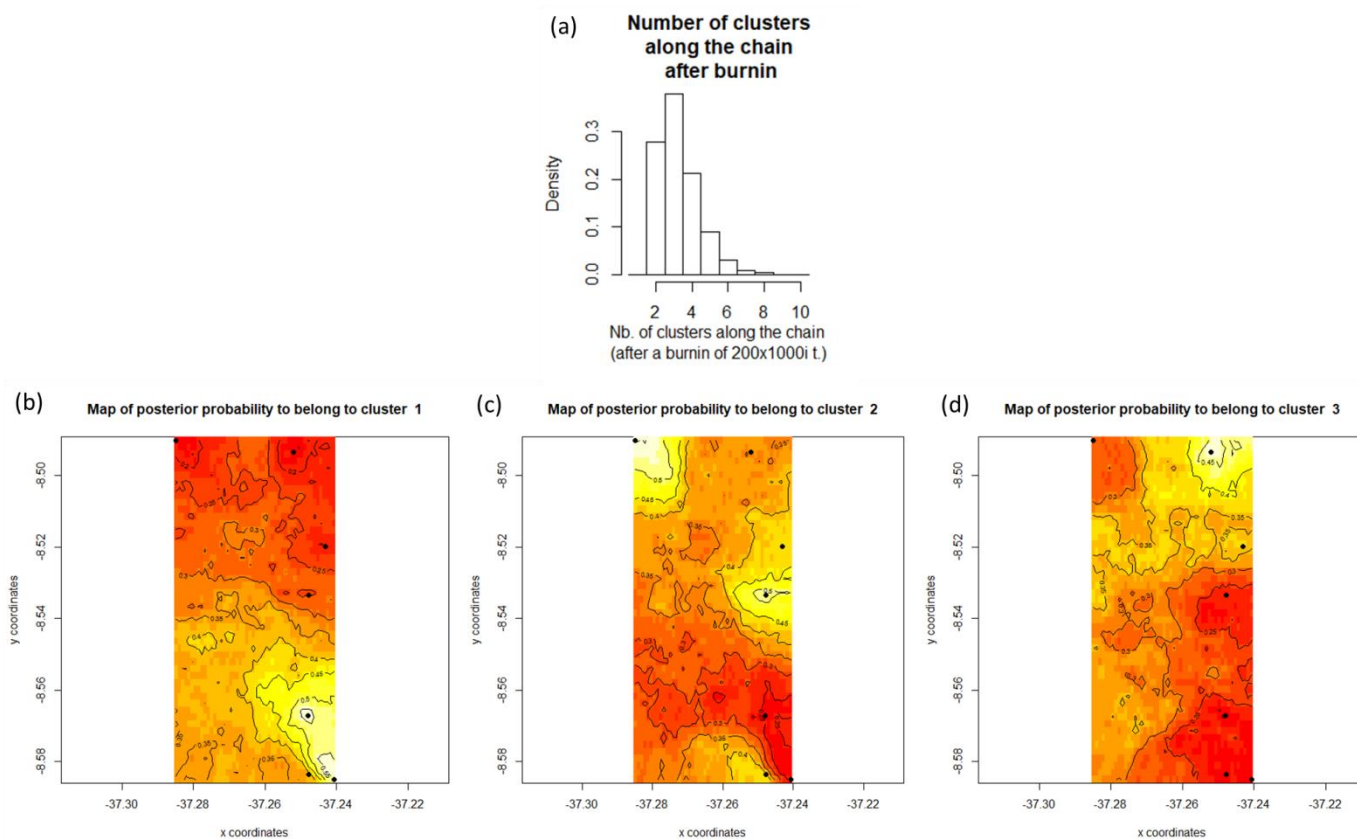


Figura 11. Resultados do Geneland para a distribuição espacial de *Tropidurus semitaeniatus* no PARNA Catimbau com base nas seqüências do marcador mitocondrial Citocromo b. Pontos em preto representam os locais amostrados e as cores mais claras a maior probabilidade de pertencer ao *cluster*.

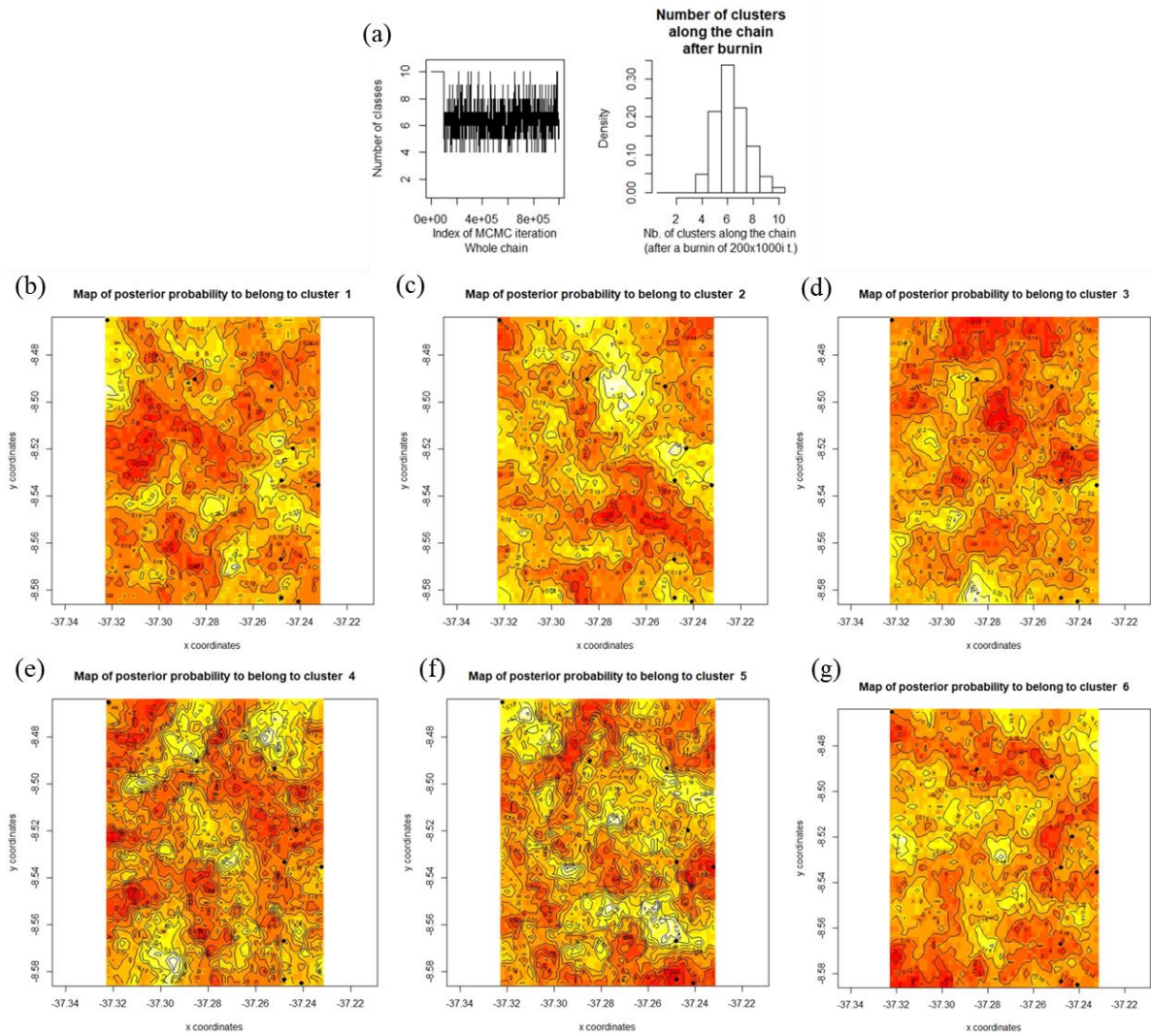


Figura 12. Resultados do Geneland para a distribuição espacial de *Tropidurus semitaeniatus* no PARNA Catimbau com base nas sequências do gene mitocondrial MC1R. Pontos em preto representam os locais amostrados e as cores mais claras a maior probabilidade de pertencer ao *cluster*.

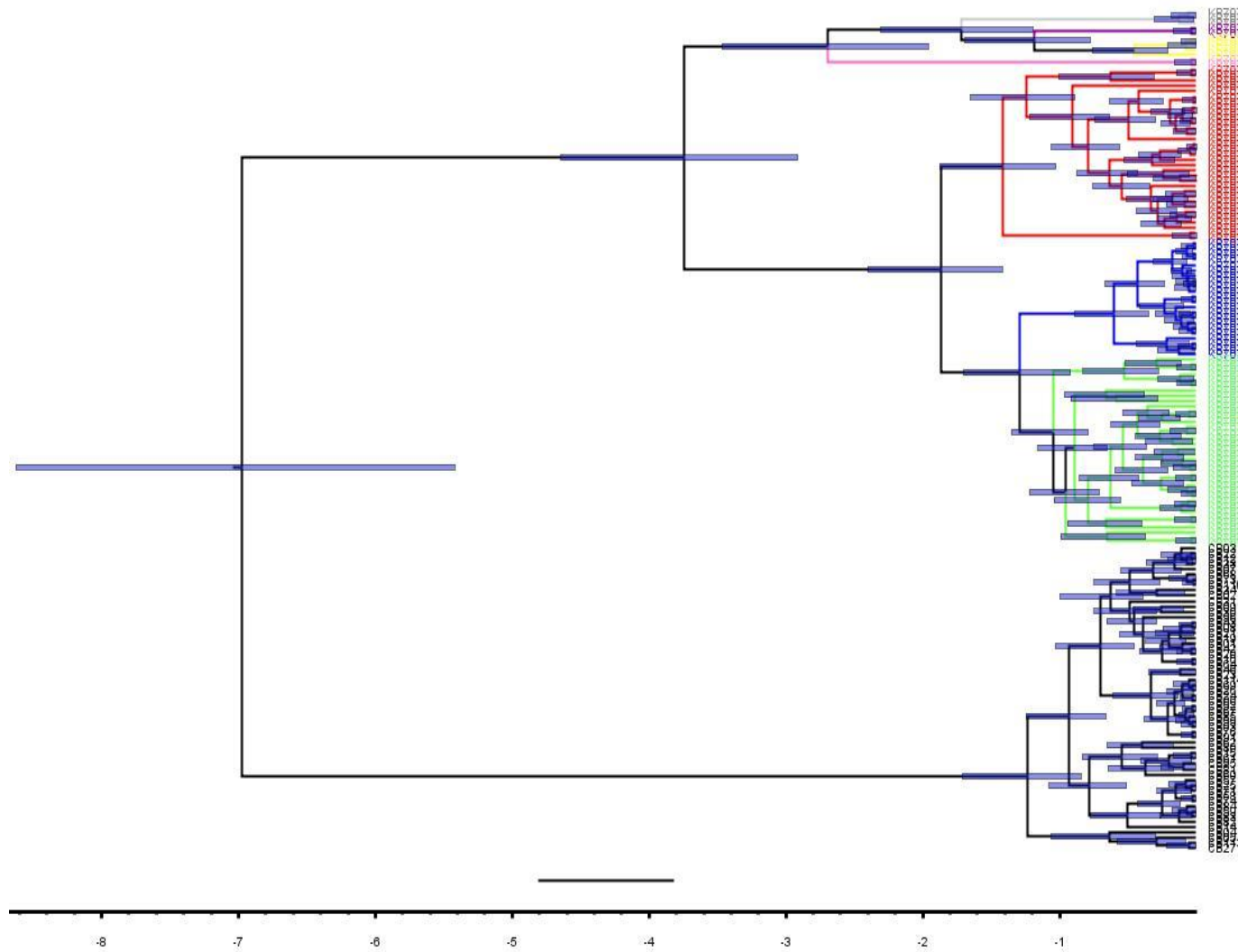


Figura 13. Topologia de Inferência Bayesiana para estimar o tempo de divergência com o gene mitocondrial Citocromo b para sequências de *Tropidurus semitaeniatus* provenientes do PARNA Catimbau (em preto) e de outras diferentes regiões da Caatinga (em verde, azul, vermelho, rosa, amarelo, roxo e cinza; Tabela S1; Werneck *et al.*, 2015).

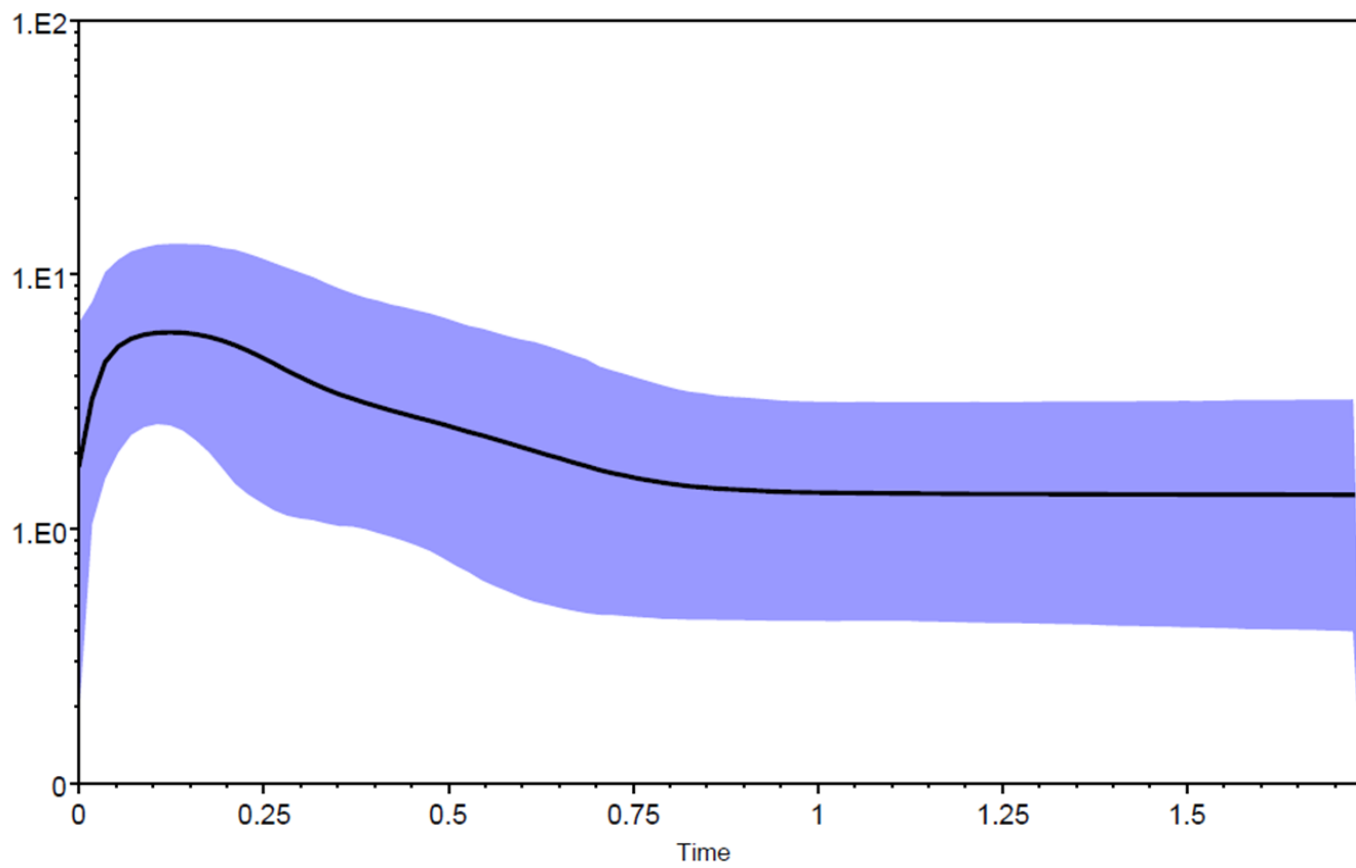


Figura 14. Desvio histórico do tamanho populacional efetivo dos indivíduos de *Tropidurus semitaeniatus* do PARNA Catimbau.

7. MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1. Sequências utilizadas como grupo-externo nas análises de agrupamento com seus respectivos números de acesso no Genbank (NCBI), e sequências de *Tropidurus semitaeniatus* com seus números de acesso do Genbank e vouchers, assim como seu haplótipo correspondente neste estudo e o clado em que se insere de acordo com Werneck e colaboradores (2015).

Espécie	Genbank	Voucher	Haplótipo	Haplogrupo Werneck <i>et al.</i> , 2015.
<i>Lacerta schreiberi</i>	GU180920	-	-	-
<i>Mabuya wrightii</i>	GU180949	-	-	-
<i>Eurolophosaurus divaricatus</i>	KR707072	-	-	-
<i>Tropidurus hispidus</i>	KR707073	-	-	-
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707087	MTR15577	Hap1	Seridó (Rosa)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707088	MTR15579	Hap1	Seridó (Rosa)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707090	MTR19908	Hap2	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707091	MTR19909	Hap2	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707092	MTR15260	Hap3	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707093	MTR15261	Hap3	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707094	MTR15262	Hap4	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707096	MTR14038	Hap5	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707097	MTR222	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707098	MTR223	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707099	MTR225	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707100	MTR224	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707101	MTR227	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707102	MTR228	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707103	MTR229	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707104	MTR15578	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707105	MTR221	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707106	MTR226	Hap6	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707107	MTR15371	Hap7	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707108	MTR15374	Hap7	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707109	MTR21449	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707110	MTR21450	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707111	MTR15372	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707112	MTR15373	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707113	MTR005	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707114	MTR006	Hap8	Nordeste SF (Azul)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707115	MTR20025	Hap09	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707116	MTR20129	Hap10	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707117	MTR20131	Hap09	Sul SF (Verde)

<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707118	MTR20074	Hap11	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707119	MTR20075	Hap12	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707120	MTR20079	Hap12	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707121	MTR22942	Hap13	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707122	MTR876554	Hap14	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707123	MTR20022	Hap15	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707124	MTR916246	Hap16	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707125	MTR15614	Hap17	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707126	MTR15615	Hap17	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707127	MTR11722	Hap18	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707128	MTR11720	Hap19	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707129	MTR11721	Hap20	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707130	MTR11731	Hap21	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707131	MTR11733	Hap22	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707132	RPD087	Hap23	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707133	MTR21286	Hap24	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707134	MTR15622	Hap25	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707135	MTR11742	Hap26	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707136	MTR11743	Hap26	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707137	MTR11744	Hap27	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707138	MTR11741	Hap28	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707139	MTR11752	Hap29	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707140	MTR11753	Hap29	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707141	MTR11754	Hap29	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707142	MTR11718	Hap30	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707143	MTR11719	Hap30	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707144	MTR11740	Hap30	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707145	MTR22367	Hap31	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707146	MTR22369	Hap31	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707147	MTR11861	Hap32	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707148	MTR22990	Hap33	Sul SF (Verde)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707149	MTR14	Hap34	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707150	MTR21451	Hap34	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707151	MTR11728	Hap35	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707152	MTR11729	Hap35	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707153	MTR14039	Hap36	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707154	MTR3753	Hap37	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707155	MTR11760	Hap38	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707156	MTR4554	Hap39	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707158	MTR11697	Hap40	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707159	MTR11699	Hap41	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707160	MTR3752	Hap42	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707161	MTR11759	Hap43	Noroeste SF (Vermelho)

<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707162	MTR11738	Hap44	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707163	MTR11739	Hap45	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707164	MTR11727	Hap46	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707165	MTR11737	Hap47	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707166	MTR11723	Hap43	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707167	MTR23494	Hap48	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707168	MTR23495	Hap48	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707169	MTR23496	Hap48	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707170	CGERV097	Hap49	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707171	CGERV096	Hap50	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707172	MTR11705	Hap51	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707173	MTR11707	Hap52	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707174	MTR11708	Hap52	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707175	MTR11703	Hap53	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707176	MTR11704	Hap53	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707177	MTR11706	Hap53	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707178	MTR11698	Hap54	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707179	MTR11726	Hap55	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707180	MTR11899	Hap56	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707181	MTR11900	Hap56	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707182	MTR11916	Hap57	Noroeste SF (Vermelho)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707197	MTR4649	Hap58	Serra das Confusões (Cinza)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707198	MTR4651	Hap58	Serra das Confusões (Cinza)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707199	MTR4650	Hap59	Serra das Confusões (Cinza)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707200	MTR2577	Hap60	Uruçui-Uma (Roxo)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707201	MTR2576	Hap60	Uruçui-Uma (Roxo)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707202	MTR4541	Hap61	Norte Ceará (Amarelo)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707203	UFCL3874	Hap61	Norte Ceará (Amarelo)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707204	UFCL3876	Hap61	Norte Ceará (Amarelo)
<i>Tropidurus semitaeniatus</i>	KR707205	UFCL3875	Hap62	Norte Ceará (Amarelo)

4 CONCLUSÃO

Levando-se em consideração os resultados obtidos, pode-se concluir que *Tropidurus semitaeniatus* se apresenta como uma única população panmítica dentro do Parque Nacional do Catimbau. Assim, apesar da especificidade de habitat que esta espécie apresenta, ela se mostra capaz de cruzar pequenas distâncias da matriz de caatinga entre os afloramentos rochosos, mantendo o fluxo gênico entre as populações. Além disso, o PARNA abriga uma linhagem única desta espécie, o que mostra a sua efetividade e reforça a urgência da elaboração de um plano de manejo para esta unidade de conservação.

REFERÊNCIAS

- AB'SABER, A. Sertões e sertanejos: uma geografia humana sofrida. **Estudos Avançados**, v.13, p. 7–59, 1999.
- ARAUJO, H.F.P.; SILVA, J.M.C. The Avifauna of the Caatinga: biogeography, ecology, and conservation. In: **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.181-210, 2018.
- BRASIL - SNUC, 2000. Lei Nº 9.985, de 18 de Julho de 2000. Regulamenta o art. 225, § 1o, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/L9985.htm>. Acesso em: 20 dez. 2017.
- BRASIL-MMA. **Biodiversidade brasileira**: avaliação e identificação de áreas e ações prioritárias para conservação, utilização sustentável e repartição dos benefícios da biodiversidade nos biomas brasileiros. Brasília, pp. 133-173, 2002.
- BRASIL-MMA. **Subsídios para a Elaboração do Plano de Ação para a Prevenção e Controle do Desmatamento na Caatinga**. Brasília, Brazil, 2010.
- BRASIL-MMA, 2013. **Caatinga**. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biomas/caatinga>>. Acesso em: 15 dez. 2017.
- BROWN, K.S.; AB'SÁBER, A.N. Ice-age forest refuges and evolution in Neotropics: correlation of paleoclimatological, geomorphological and pedological data with biological endemism. **Paleoclimas**. v.5, p. 1–30, 1979.
- CALDAS, F.L.S. et al. Atividade e uso do espaço de *Tropidurus semitaeniatus* (Iguania) em área de Mata Atlântica, Nordeste do Brasil. **Neotrop. Biol. Conserv.**, v.10, p. 85–92, 2015.
- CARVALHO, A.L.G. On the distribution and conservation of the South American lizard genus *Tropidurus* Wied-Neuwied, 1825 (Squamata: Tropiduridae). **Zootaxa**, v.3640 (1), p. 42–56, 2013.
- CASTELLETTI, C.H.M. et al. Quanto ainda resta da Caatinga? Uma estimativa preliminar. In: **Ecologia e Conservação da Caatinga**. LEAL, I.R.; TABARELLI, M.; SILVA, J.M.C. (Eds.), Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp. 777-796, 2003.
- CASTRO, C.N. A agricultura no Nordeste brasileiro: oportunidades e limitações ao desenvolvimento. **Boletim Regional, Urbano e Ambiental**, v.8, p. 77-89, 2013.
- CLEMENTE, C.J. et al. Lizard tricks: overcoming conflicting requirements of speed versus climbing ability by altering biomechanics of the lizard stride. **J. Exp. Biol.**, v.216, p. 3854–62, 2013.
- COSTA, H.C.; BÉRNILS, R.S. Répteis brasileiros: lista de espécies. **Herpetologia Brasileira**, v.4(3), p. 75-93, 2015.
- DOMINGOS, F.M.C. et al. In the shadows: Phylogenomics and coalescent species delimitation unveil cryptic diversity in a Cerrado endemic lizard (Squamata: *Tropidurus*). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v.107, p. 455-465, 2016.

ELOI, F.J.; LEITE-FILHO, E. Competing for a place in the sun: a short study with *Tropidurus hispidus* and *Tropidurus semitaeniatus* (Squamata:Tropiduridae). **Revista Nordestina de Biologia**, v.21(2), p. 59-69, 2013.

FERREIRA, R.R. **Ecoturismo no município de Buíque - Pernambuco**: avaliação crítico-reflexiva a luz desenvolvimento local sustentável. Thesis, Recife, Universidade de Pernambuco, 2009.

FONSECA, C.R. et al. Conservation opportunities in the Caatinga. In: **Caatinga**: the largest Tropical Dry Forest region in South America. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.429-444, 2018.

FROST, D.R. et al. Phylogenetics of the lizard genus *Tropidurus* (Squamata: Tropiduridae: Tropidurinae): Direct optimization, descriptive efficiency, and sensitivity analysis of congruence between molecular data and morphology. **Mol. Phylogenet. Evol.**, v.21, p. 352–371, 2001.

GAMBLE, T. et al. Phylogeny and cryptic diversity in geckos (*Phyllopezus*; Phyllodactylidae; Gekkota) from South America's open biomes. **Mol Phylogenet Evol.**, v.62, p. 943–53, 2012.

GARDA, A.A. et al. Ecology, biogeography, and conservation of amphibians of the Caatinga. In: **Caatinga**: the largest Tropical Dry Forest region in South America. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.133-150, 2018.

GOMES, V.; CARRETERO, M.A.; KALIONTZOPOULOU, A. The relevance of morphology for habitat use and locomotion in two species of wall lizards. **Acta Oecol.**, v.70, p. 87–95, 2016.

GUEDES, T.B.; NOGUEIRA, C.; MARQUES, O.A. Diversity, natural history, and geographic distribution of snakes in the Caatinga, Northeastern Brazil. **Zootaxa**, 3863(1), 1–93, 2014.

GUEDES, T.B. et al. Patterns, biases and prospects in the distribution and diversity of Neotropical snakes. **Global Ecol Biogeogr.**, v.27, p. 14–21, 2018.

LEAL, I.R.; TABARELLI, M.; SILVA, J.M.C. **Ecologia e Conservação da Caatinga**. Ed. Universitária da UFPE, Recife, 2003.

LIMA, S.M.Q. et al. Diversity, distribution, and conservation of the Caatinga fishes: advances and challenges. In: **Caatinga**: the largest Tropical Dry Forest region in South America. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.97-132, 2018.

MANTOVANI, W. et al. A conservação da biodiversidade no domínio da Caatinga. In: **Pesquisas em unidades de conservação no domínio da caatinga**: subsídios à gestão. MANTOVANI, W. et al. (Eds.), Fortaleza, UFC, 2017.

MANZANI, P.R., ABE, A.S. A new species of *Tapinurus* from the caatinga of Piauí, northeastern Brazil (Squamata: Tropiduridae). **Herpetologica**, v.46, p. 462–467, 1990.

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

- MELO, F.P.L. The socio-ecology of the Caatinga: understanding how natural resource use shapes an ecosystem. In: **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.369-382, 2018.
- MESQUITA, D.O. et al. Species composition, biogeography, and conservation of the Caatinga lizards. In: **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.151-180, 2018.
- NIMER, E. Climatologia da região Nordeste do Brasil. Introdução à climatologia dinâmica. **Ver. Bras. Geogr.**, v.34, p. 3–51, 1972.
- OLIVEIRA, A.P.C.; BERNARD, E. The financial needs vs. the realities of in situ conservation: an analysis of federal funding for protected areas in Brazil's Caatinga. **Biotropica**, v.49(5), p. 745-752, 2017.
- OLIVEIRA, D.P.; CARVALHO, V.T.; HRBEK, T. Cryptic diversity in the lizard genus *Plica* (Squamata): phylogenetic diversity and Amazonian biogeography. **Zoologica Scripta**, v.45(6), p. 630-641, 2016.
- PASSOS, D.C.; LIMA, D.C.; BORGES-NOJOSA, D.M. A new species of *Tropidurus* (Squamata, Tropiduridae) of the semitaeniatus group from a semiarid área in Northeastern Brazil. **Zootaxa**, v.2930, p. 60–68, 2011.
- PELEGRIN, N. et al. Extreme specialization to rocky habitats in *Tropidurus* lizards from Brazil: Trade-offs between a fitted ecomorph and autoecology in a harsh environment. **Austral Ecology**, v.42(6), p. 677-689, 2017.
- PENNINGTON, R.T.; PRADO, D.E.; PENDRY, C.A. Neotropical seasonally dry forests and Quaternary vegetation changes. **Journal of Biogeography**, v.27, p. 261–273, 2000.
- PENNINGTON, R.T.; LEWIS, G.P.; RATTER, J.A. **Neotropical savannas and seasonally dry forests: plant diversity, biogeography and conservation**. CRC Press Taylor, Boca Raton, FL, 2006.
- PENNINGTON, R.T.; LAVIN, M.; OLIVEIRA-FILHO, A.T. Woody plant diversity, evolution, and ecology in the tropics: perspectives from seasonally dry tropical forests. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.40, p. 437–457, 2009.
- PRADO, D.E.; GIBBS, P.E. Patterns of species distributions in the dry seasonal forests of South America. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v.80, p. 902–927, 1993.
- PRADO, D.E. As Caatingas da América do Sul. In: **Ecologia e Conservação da Caatinga**. LEAL, I.R.; TABARELLI, M.; SILVA, J.M.C. (Eds.), Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp. 3-76, 2003.
- QUEIROZ, L.P. et al. Diversity and evolution of flowering plants of the Caatinga domain. In: **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp.23-64, 2018.

RECODER, R. et al. Geographic variation and systematic review of the lizard genus *Vanzosaura* (Squamata, Gymnophthalmidae), with the description of a new species. **Zoological Journal of the Linnean Society**, v.171, p. 206-225, 2014.

ROCHA, C.F.D. Introdução à ecologia de lagartos brasileiros. In: **Herpetologia no Brasil**. Nascimento, L.B., Bernardes, A.T., Cotta, G.A. (Eds.), Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Fundação Biodiversitas, Fundação Ezequiel Dias, Belo Horizonte, pp. 39–57, 1994.

RODRIGUES, M.T. Sobre *Platynotus* Wagler, 1830, pré-ocupado, substituído por *Tapinurus* Amaral, 1933, com a descrição de uma nova espécie (Sauria, Iguanidae). **Papéis Avulsos de Zoologia**, v.35, p. 367–373, 1984.

RODRIGUES, M.T. Systematics, ecology and zoogeography of the *Tropidurus* of the torquatus group south of the Amazonian River [South America] (Sauria, Iguanidae). **Arq. Zool.**, v.31, p. 105–230, 1987.

RODRIGUES, M.T. Lizards, snakes, and amphisbaenians from the “Quaternary” sand dunes of the middle rio São Francisco, Bahia, Brazil. **J Herpetol.**, v.30, p. 513–523, 1996.

RODRIGUES, M.T. Herpetofauna da Caatinga. In: **Ecologia e Conservação da Caatinga** Leal, I.R., Tabarelli, M. and Silva J.M.C. (Eds.), Ministério do Meio Ambiente, Brasília, pp. 181-235, 2003.

SÁ, I.B.; ANGELOTTI, F. Degradação ambiental e desertificação no semi-árido brasileiro. In: **Mudanças climáticas e desertificação no semi-árido brasileiro**. ANGELOTTI, F. et al. (Eds.), Embrapa Semiárido, Petrolina, pp 59–88, 2009.

SANTOS, J.C. et al. Caatinga: the scientific negligence experienced by a dry tropical forest. **Tropical Conservation Science**, v.4(3), p. 276-286, 2011.

SILVA, J.M.C. et al. **Biodiversidade da Caatinga: áreas e ações prioritárias para a conservação**. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, 2004.

SILVA, J.M.C. et al. The Caatinga: Understanding the challenges. In: **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. (Eds.), Springer, Switzerland, pp. 3-22, 2018a.

SILVA, J.M.C.; LEAL, I.R.; TABARELLI, M. **Caatinga: the largest Tropical Dry Forest region in South America**. Springer, Switzerland, 2018b.

SIQUEIRA, G.R. **Avaliação da implementação do Parque Nacional do Catimbau - PE: uma análise do desenvolvimento sustentável na perspectiva do ecoturismo e da comunidade local**. Thesis, Recife, Universidade Federal de Pernambuco, 2006.

SOCIEDADE NORDESTINA DE ECOLOGIA (SNE). **Projeto Técnico para a Criação do Parque Nacional do Catimbau/PE** - versão final, em cumprimento ao contrato nº 086-00/02, Subprojeto "Proposta para criação do Parque Nacional do Catimbau/PE", 2002.

TULLI, M.J. et al. When a general morphology allows many habitat uses. **Integr. Zool.**, v.11, p. 483–99, 2016.

- VANZOLINI, P.E. On the lizards of a Cerrado-Caatinga contact: evolutionary and zoogeographical implications (Sauria). **Papéis Avulsos de Zoologia**, v.29, p. 111-119, 1976.
- VANZOLINI, P.E.; RAMOS-COSTA, A.M.M.; VITT, L.J. **Répteis das Caatingas**. Academia Brasileira de Ciências, Rio de Janeiro, 161 pp, 1980.
- VITT, L.J. Lizard reproduction: habitat specificity and constraints on relative clutch mass. **The American Naturalist**, v.117 (4), p. 506-514, 1981.
- WERNECK, F.P. The diversification of eastern South American open vegetation biomes: historical biogeography and perspectives. **Quaternary Science Reviews**, v.30, p. 1630-1648, 2011.
- WERNECK, F.P. et al. Revisiting the historical distribution of Seasonally Dry Tropical Forests: new insights based on palaeodistribution modelling and palynological evidence. **Global Ecol Biogeogr.**, v.20, p. 272–88, 2011.
- WERNECK, F.P. et al. Deep diversification and long-term persistence in the South American ‘dry diagonal’: integrating continent-wide phylogeography and distribution modeling of geckos. **Evolution**, v.66, p. 3014-3034, 2012.
- WERNECK, F.P. et al. Biogeographic history and cryptic diversity of saxicolous Tropiduridae lizards endemic to the semiarid Caatinga. **BMC evolutionary biology**, v.15, p. 94, 2015.
- WILSON, A. et al. Urbanisation versus Agriculture: a comparison of local genetic diversity and gene flow between wood mouse *Apodemus sylvaticus* populations in human-modified landscapes. **Ecography**, 38: 01-11, 2015.

ANEXO A - GUIDE FOR AUTHORS: ZOOLOGISCHER ANZEIGER

“Papers submitted for publication in ZOOLOGISCHER ANZEIGER should deal with metazoan taxa (at all possible systematic levels) and should include comparative aspects. Purely taxonomic papers (like species descriptions without a broader systematic or evolutionary context) are not considered for publication. Papers may be submitted as original scientific articles, reviews, short communications or opinions. All manuscripts will be peer reviewed. The corresponding Subject Editor (for details see Editorial Board information) is responsible for handling the manuscript throughout the review process and for final acceptance of a paper for publication. Manuscripts not conforming to the following guidelines will be returned without further consideration. All manuscripts must be written in English, **double spaced, font: Times 12pt, with a surrounding margin of 2,5 cm** and should preferably not exceed 20 printed pages (approx. 60 manuscript pages). Short communications and Opinions should not exceed 1 printed page (incl. illustrations). Submit the text (incl. figure captions) as one file. Tables, figures and illustrations have to be uploaded separately as single files. Manuscript texts should be organized as follows: **Title, Author(s), Address(es), Abstract, Key words, Text, Acknowledgements, References, Appendix, Figure captions.** For Short communications and Opinions please use the following order: Title, Author Name(s), Abstract, Text, Acknowledgements, References, Address(es), Figure captions.

Subdivision - numbered sections

Divide your article into clearly defined and numbered sections. Subsections should be numbered 1.1 (then 1.1.1, 1.1.2, ...), 1.2, etc. (the abstract is not included in section numbering). Use this numbering also for internal cross-referencing: do not just refer to 'the text'. Any subsection may be given a brief heading. Each heading should appear on its own separate line.

Reference style - Text

All citations in the text should refer to: 1. Single author: the author's name (without initials, unless there is ambiguity) and the year of publication; 2. Two authors: both authors' names and the year of publication; 3. Three or more authors: first author's name followed by 'et al.' and the year of publication. Citations may be made directly (or parenthetically). **Groups of references should be listed first alphabetically, then chronologically.** Examples: 'as demonstrated (Allan, 2000a, 2000b, 1999; Allan and Jones, 1999). Kramer et al. (2010) have recently shown'

Reference style - List

References should be arranged first alphabetically and then further sorted chronologically if necessary. More than one reference from the same author(s) in the same year must be identified by the letters 'a', 'b', 'c', etc., placed after the year of publication.

Examples:

Reference to a journal publication: Van der Geer, J., Hanraads, J.A.J., Lupton, R.A., 2010. The art of writing a scientific article. *J. Sci. Commun.* 163, 51–59.

Reference to a book: Strunk Jr., W., White, E.B., 2000. *The Elements of Style*, fourth ed. Longman, New York.

Reference to a chapter in an edited book: Mettam, G.R., Adams, L.B., 2009. How to prepare an electronic version of your article, in: Jones, B.S., Smith, R.Z. (Eds.), *Introduction to the Electronic Age*. E-Publishing Inc., New York, pp. 281–304.

Reference to a website: Cancer Research UK, 1975. Cancer statistics reports for the UK. <http://www.cancerresearchuk.org/aboutcancer/statistics/cancerstatsreport/> (accessed 13 March 2003).

Reference to a dataset: [dataset] Oguro, M., Imahiro, S., Saito, S., Nakashizuka, T., 2015. Mortality data for Japanese oak wilt disease and surrounding forest compositions. Mendeley Data, v1. <https://doi.org/10.17632/xwj98nb39r.1>.

References “in press” (accepted for publication) shall be cited with the expected year of publication and with the remark “(in press)” following the name of the journal. Names of persons who provide unpublished information should have their initials included in the text, e.g. (W.F. Miller, pers. comm. 1967 [for information obtained orally]) or (J.J. Jacobs, in lit. 1993) [for information obtained in writing]).

List references alphabetically by author(s) name(s). Do not italicize words in references other than genus group and species group names.”