

Univerzita Palackého v Olomouci

Přírodovědecká fakulta

Katedra zoologie



**Speciace rodu *Cautires* v Orientální oblasti (Coleoptera:  
Lycidae)**

Diplomová práce

**Bc. Alice Jirušková**

Studijní program: Biologie

Studijní obor: Zoologie

Forma studia: prezenční

Vedoucí práce: Prof. Ing. Ladislav Bocák, Ph.D.

Olomouc 2017

## **PROHLÁŠENÍ**

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci vypracovala samostatně pod vedením Prof. Ing. Ladislava Bocáka, Ph.D. a použila jsem pouze uvedené bibliografické zdroje.

Olomouc, 19. 4. 2017

.....

## **PODĚKOVÁNÍ**

Chtěla bych poděkovat Prof. Ing. Ladislavu Bocákovi, Ph.D. za konzultace během zpracování tohoto projektu. Dále můj velký dík patří všem mým kolegům z laboratoře molekulární systematiky za odborné i praktické rady při psaní této práce.

## **BIBLIOGRAFICKÁ IDENTIFIKACE**

Jméno a příjmení autora: Bc. Alice Jirušková

Název práce: Speciace rodu *Cautires* v Orientální oblasti (Coleoptera: Lycidae)

Typ práce: Diplomová práce

Pracoviště: Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci

Vedoucí práce: Prof. Ing. Ladislav Bocák, Ph.D.

Rok obhajoby práce: 2017

### **ABSTRAKT**

*Cautires* Waterhouse, 1879 (Lycidae: Metriorrhynchini) je jeden z druhově nejbohatších rodů síťokřídlných brouků. Tito brouci jsou vysoce diverzifikovaní v Orientální oblasti, kde jsou součástí mimetických komplexů. Většina z 54 dosud známých malajských a sumatránských druhů jsou endemity v dané oblasti. Malacká úžina oddělující Malajsii a Sumatru je dnes mělké moře, ale byla vynořená a pokrytá suchou savanou po většinu pleistocénu. Tato práce datuje původ druhů, jejich příbuzenské vztahy a mechanismy podporující diverzifikaci v této oblasti. Molekulární fylogeneze mtDNA byla získána z datového souboru obsahujícího 388 jedinců ze 78 druhů. Druhy byly identifikovány za použití morfologie, genetických vzdáleností a metody Bayesian Poisson Tree Processes. Analýzy ancestrálních území a datování štěpení prokázaly v malajském kládu vznik starobylých skupin v Malajsii před 49–30 miliony lety a pozdější diverzifikaci na Sumatře, která začala před 26 miliony lety v souladu s tektonickou historií ostrova. Druhy po osídlení nového území obvykle přijmou místní mimetický vzor a linie zvýší rychlost speciace. Mnoho druhů se vyskytuje pouze ve vyšších nadmořských výškách a ke speciaci dochází v rámci jednotlivých pohoří. Především nížinné druhy přešly Malackou úžinu a osídlily nová území. Hlavní cesta šíření byla identifikována mezi jižní částí Malajsie a centrální Sumatrou. Přes pouze o málo širší část Malacké úžiny mezi severní částí Sumatry a západním pobřežím Malajsie nebylo zaznamenáno žádné šíření. Tato práce ukazuje překvapivě silný izolační efekt mělkého moře v úžině a oblastí suché savany pro síťokřídlné brouky. Biologie této skupiny silně ovlivňuje schopnost šíření a sekundárně také speciační tempo.

Klíčová slova: mtDNA, diverzifikace, druhy, mimetický, osídlování

Počet stran: 55

Počet příloh: 10

Jazyk: český

## **BIBLIOGRAPHIC IDENTIFICATION**

First name and surname of the author: Bc. Alice Jirušková

Name of the thesis: Speciation of *Cautires* in the Oriental Region (Coleoptera: Lycidae)

Type of thesis: Diploma thesis

Workplace: Department of Zoology, Faculty of Science, Palacký University Olomouc

Thesis supervisor: Prof. Ing. Ladislav Bocák, Ph.D.

Year of defence: 2017

## **ABSTRAKT**

*Cautires* Waterhouse, 1879 (Lycidae: Metriorrhynchini) is one of the most species-rich genera of net-winged beetles. These beetles are highly diversified in the Oriental Region where they take part in mimetic complexes. Most of currently recognized 54 Malay and Sumatran species are endemics of respective landmasses. The Malacca Strait which separates Malaya and Sumatra is now a shallow sea but was subaerial and covered by dry savannah for most of the Pleistocene. The study dates species origins, the relationships, and the mechanisms promoting the diversification in the region. The mtDNA molecular phylogeny was recovered from a dataset containing 78 species from 388 individuals. The species were identified using morphology, genetic distances, and Bayesian Poisson Tree Processes method. The analyses of ancestral areas and timing of splits in the Malay clade provided an evidence for origins of ancient clades in Malaya from 49 to 30 million years ago and the delayed evolution of diversity in Sumatra which started 26 mya in agreement with the tectonic history. The species commonly adopted local mimetic patterns and increased their speciation rate after the colonization of a new range. Many species occur only in high mountains and they diversified *in situ*. Mainly lowland species crossed the Strait of Malacca and colonized new areas. The main dispersal route was identified between the southern part of Malaya and central Sumatra. Despite only slightly longer distance, there was no faunal exchange between the northern part of Sumatra and the western coast of Malaya. The study demonstrates the surprisingly strong isolating effect of a shallow sea strait and the dry savannah regions for net-winged beetles. The biology of the group strongly affects dispersal propensity and secondarily also the speciation process.

Key words: mtDNA, diversification, species, mimetic, colonization

Number of pages: 55

Number of supplements: 10

Language: Czech

## Obsah

1. Úvod.....	7
2. Cíle práce.....	11
3. Materiál a metody.....	12
3.1. Materiál.....	12
3.2. Laboratorní práce.....	12
3.3. Fylogenetické analýzy, delimitace druhů, rekonstrukce ancestrálních území a datování speciačních událostí.....	13
4. Výsledky.....	15
4.1. Sekvenování, alignment, fylogenetické analýzy.....	15
4.2. Delimitace druhů.....	15
4.3. Identifikace ancestrálních území.....	16
4.4. Datování speciačních událostí v rodu <i>Cautires</i> .....	16
4.5. Dynamika speciace.....	17
5. Diskuze.....	18
5.1. Delimitace druhů.....	18
5.2. Původ rodu <i>Cautires</i> a jeho diverzifikace.....	19
6. Závěr.....	23
7. Citovaná literatura.....	24
8. Seznam příloh.....	29

# 1. Úvod

Evoluce vytvořila za posledních 245 milionů let od Permské krize neobyčejnou druhovou diverzitu. Hmyz po celou dobu dominoval fauně na této planetě a v současnosti je popsáno přes 1 milion druhů hmyzu, z toho přibližně 400 000 druhů brouků (McKenna a kol., 2015). Jednotlivé čeledi brouků jsou svou dobou vzniku a popsanou, eventuálně předpokládanou, diverzitou srovnatelné s takovými skupinami jako jsou například ptáci (Hunt a kol., 2007). Vzhledem k úspěšnosti hmyzu mě zajímalo, jaké procesy jsou zodpovědné za tak mimořádnou diverzitu, a jak se v diverzitě liší jednotlivé oblasti. Na evolučních procesech zodpovědných za současnou diverzitu se podílí migrace z okolních oblastí a *in situ* speciace druhů. Tyto faktory jsou důležité a je zajímavé zjistit, kdy a kde převažují. Z evolučního hlediska jsou významné i klimatické a tektonické změny, které mohou významně ovlivnit lokální diverzitu.

Jako modelová skupina byla použita čeleď Lycidae (dlouhoústcovití). Ta náleží do řádu Coleoptera, podřádu Polyphaga, série Elateriformia a nadčeledi Elateroidea (Lawrence a Newton, 1995; Bocakova a kol., 2007). Do této čeledi spadá 6 podčeledí, a to Libnetinae, Dictyopterinae, Ateliinae, Dexorinae, Lyropaeinae a Lycinae. Čeleď Lycidae již čítá přes 4000 popsáných druhů a náleží tak mezi největší linie elateroidních brouků. Je rozšířena po celém světě, ale největší druhová diverzita byla zjištěna ve vlhkých tropických lesích (Kleine, 1933). Tato studie je zaměřena na oblast jihovýchodní Asie, konkrétně Sumatru a Malajský poloostrov. Tropické deštné lesy jihovýchodní Asie patří mezi druhově nejdiverzifikovanější oblasti světa (Myers a kol., 2000). Každý rok se objevují popisy nových dosud neznámých druhů z těchto oblastí (Jiruskova a Bocak, 2015; Jiruskova a kol., 2016; Bocek, 2017; Motyka a Bocak, 2015).

Larvy všech druhů čeledi Lycidae žijí ve vlhkém rozkládajícím se dřevě nebo v půdě s vysokým obsahem organického materiálu (Bocak a Matsuda, 2003). Dospělci létají pomalu a pouze na krátké vzdálenosti a zdržují se ve stínu stromů, kde sedí nebo pomalu lezou po listech a jsou aktivní především za soumraku. Dospělci žijí krátce, typicky 2–3 týdny, a nejsou schopni přijímat potravu. Přesto existují druhy schopné sát nektar na květech, a to především zástupci tribů Calochromini a Lycini (Motyka a kol., v tisku). Jako obranu proti predátorům používají dospělci páchnoucí a mírně jedovatou hemolymfu, jejíž kapky se mohou objevovat na okraji krovek, na kloubu mezi stehnem a holení a na mezičláňkových membránách tykadel. Navíc bývají velmi často aposematicky zbarvení (Moore a Brown, 1981; Bocak a Bocakova, 2008).

Tato studie je zaměřena na rod *Cautires*, který je klasifikován v tribu Metriorrhynchini (podčeď Lycinae; Bocak a Bocakova, 2008). Brouci rodu *Cautires* jsou rozšířeni v Afrotropické oblasti, na Madagaskaru, v Indii, celé jihovýchodní Asii a východní části Palearktické oblasti. Tato práce je zaměřena pouze na vznik diverzity tohoto rodu na Sumatře a Malajském poloostrově, které od sebe nikdy nebyly odděleny hlubokým mořem. Celá oblast má velmi podobnou tektonickou historii, byla vždy spojena s kontinentem a patří ke klimaticky velmi stabilním oblastem díky trvalé pozici v blízkosti rovníku. Tato oblast je již po dlouhou dobu kryta tropickým deštným pralesem.

Proto je otázkou, jak se mohou lišit fauny čeledi Lycidae ze Sumatry a Malajského poloostrova, jelikož se jedná o létající hmyz, u něhož se nepředpokládá, že by nebyl schopen překonat menší geografické bariéry. Schopnost letu umožňuje disperzi jedinců na blízké i daleké vzdálenosti, nalezení partnera a potravy (Ikeda a kol., 2011; Engel a Grimaldi, 2004). Přesto asi 10 % hmyzu zůstalo nelétavých (Roff, 1990) pravděpodobně kvůli vysokým energetickým nákladům na údržbu letového aparátu oproti jiným orgánům potřebným k přežití a reprodukci (Roff, 1991). Nelétavost urychluje alopatickou speciaci díky omezené disperzní schopnosti hmyzu. Nelétavé druhy se špatně šíří. V takovém případě se sníží míra genového toku a jako důsledek si geograficky blízké nelétavé druhy udržují větší genetické rozdíly a dvakrát vyšší míru speciace než druhy létavé. Opakovaná evoluce nelétavosti pravděpodobně napomohla stabilní diverzifikaci brouků již od mesozoika (Ikeda a kol., 2011). Schopnost letu ovšem není tak jednoduše odstupňována a čeď Lycidae představuje skupinu, která sice umí létat, ale není schopna kolonizovat vzdálenější oblasti. Tím jsou z hlediska disperze určitým přechodným případem mezi nelétajícím a dobře létajícím hmyzem.

Příkladem oblasti s částečně izolovanými ostrovy je jihovýchodní Asie, konkrétně Asijský kontinentální šelf v oblasti Velkých Sund. Při kolísání výšky hladiny moře docházelo k obnažení tohoto šelfu, který je v takovém případě označován jako Sundaland (Woodruff, 2010). Před 65 miliony lety byl Sundaland kontinentálním mysem na jižním cípu Eurasie (Hall, 1996). Ve středním oligocénu (před 30 miliony lety) klesala hladina moře a velká část Sundského šelfu byla obnažena. V této době byla součástí vynořené Sundalandu i většina území Sumatry. Na konci oligocénu (před 25 miliony lety) začala hladina moře stoupat, přesto Sumatra zůstávala vynořená. Hladina nadále stoupala v raném i středním miocénu (před 20–15 miliony lety). Sumatra se v důsledku tektonických změn ponořila a zůstal jen úzký pás ostrovů při okraji pevninského šelfu. V pozdním miocénu (před 10 miliony lety) začala hladina moře opět klesat a Sumatra se současně opět začala vynořovat v podobě úzkého pruhu



pevniny. V raném pliocénu (před 5 miliony lety) hladina dál klesala a Sumatra už byla vynořená z velké části tak, jak ji známe dnes (Voris, 2000).

Podobně rozložení ostatních ostrovů v jihovýchodní Asii bylo vytvořeno v základních rysech již v pozdním miocénu před 11.6–5.3 miliony lety. V současnosti je Sundský šelf mělké rozšíření kontinentálního šelfu v jihovýchodní Asii a zahrnuje Sumatru, Jávu, Borneo a Palawan, které se díky vyzvednutí okraje Eurasijské pevninské desky zvětšují od středního miocénu (Hall, 1998). Tato oblast však zůstala geologicky aktivní i v pliocénu. Tektonická aktivita změnila před 6–3 miliony lety rozpořádání některých souostroví (např. Filipín) a tvar a velikost některých samostatných ostrovů. Příkladem je rotace Bornea a vyzvednutí vysokého masivu Mt. Kinabalu na jeho severovýchodním okraji. Díky vulkanické aktivitě na styku litosférických desek se pravděpodobně vytvořily tzv. stepping stones v podobě menších ostrovů mezi většími ostrovy (např. mezi Borneem a Sulawesi), které zajišťují jejich alespoň částečné propojení (Hall, 2002).

V raném eocénu před 56 miliony lety vznikl monzun v důsledku vyzvednutí Himalájí a podnebí v jihovýchodní Asii bylo podobné dnešnímu nebo teplejší a vlhčí než dnes. Před 45 miliony lety začalo být toto klima sezónní a sušší, a tak to zůstalo až do neogénu před 23 miliony lety. Sumatra, Jáva a Borneo byly spojeny s kontinentální Asií až do začátku pliocénu (před 5 miliony lety; Woodruff, 2010). Hladina moře se zvedala během středního pliocénu a nejvyššího maxima dosáhla před 3 miliony lety. Se zvyšující se hladinou moře rostla zároveň i vzdálenost mezi ostrovy. Změny hladiny moře byly intenzivnější a častější v pozdním pliocénu a raném pleistocénu (Zhong a kol., 2004). Podoba Sundského šelfu je geograficky komplexní a byla v posledních obdobích výrazněji ovlivněna pliocénními a pleistocénními změnami klimatu, klesající a stoupající výškou hladiny moře a geologií než tektonickými změnami (Outlaw a Voelker, 2008).

Velká část suchozemských oblastí Velkých Sund je pokryta tropickými deštnými lesy. Ty byly ovlivněny čtvrtohorními glaciacemi, během nichž většinu území pokrývaly savany a opadavé lesy. Během interglaciálů měla hladina moře stejnou výšku jako dnes, ale během posledního glaciálního maxima (před 20 000 lety) byla o 120 metrů níže. S klesající hladinou moře se obnažoval Sundský šelf, čímž bylo v posledním glaciálním maximu znemožněno vypařování vody z Jihočínského moře během zimních monzunů. To vedlo k vysoušení centrální části Sundského šelfu, které spolu s rostoucí sezonalitou způsobilo změnu vegetace z tropických deštných lesů na suché savany (Gathorne-Hardy a kol., 2002; Bird a kol., 2005). V těchto dobách zůstávaly deštné lesy jen v několika refugiích a druhy na ně vázané

v interglaciálech rekolonizovaly nová území (Morley, 2000). Fosilní záznamy dokazují, že savci přes takto vytvořený suchý koridor procházeli (Heaney, 1991).

Některé oblasti jako západní Jáva nebo severní Borneo si zachovaly dostatečnou vlhkost pro udržení deštných pralesů i za snížené hladiny moře díky horám zachycujícím srážky z letního monzunu (Gathorne-Hardy a kol., 2002). Deštné lesy též zůstaly během posledního glaciálního maxima v nížinách do 700–800 m, kde měly dostatečnou vlhkost, a to obzvlášť na úpatí velkých hor (Morley, 2000).

Podnebí v jihovýchodní Asii je ovlivněno monzuny. Severozápadní (zimní) monzun vane ze studených oblastí s vysokým tlakem nad Sibiří a Tibetskou plošinou do teplých oblastí s nízkým tlakem nad Austrálií. Díky proudění se vypařuje voda ze západního Pacifiku a Jihočínského moře, a vznikají tak srážky v oblasti Sund v zimním období. Jihovýchodní (letní) monzun funguje v opačném směru, voda se vypařuje z Indického oceánu a způsobuje srážky v letním období (MacKinnon a kol., 1997). V glaciálech byl letní monzun studenější než v interglaciálech a zimní monzun silnější než dnes (Ann, 2000).

## 2. Cíle práce

Tato práce navazuje na předchozí studie, které se zabývaly alfa-taxonomií rodu *Cautires* na Malajském poloostrově (Jiruskova a Bocak, 2015; Jiruskova a kol., 2016). Tato studie je založena na nových molekulárních datech a soustředí se na evoluční procesy vedoucí ke vzniku současné diverzity rodu *Cautires* v celé oblasti Malajského poloostrova a Sumatry. Cílem je prezentovat robustní fylogenetickou analýzu identifikující speciační události ve studované skupině za posledních 40 milionů let, identifikovat případy disperze mezi mořem izolovanými oblastmi a vyhodnotit jejich četnost a současně zjistit podíl speciačních událostí, ke kterým došlo na základě kolonizace sousedních oblastí nebo oddělením druhů v rámci stejné oblasti, tj. Sumatry nebo Malajského poloostrova. Další otázkou je podíl druhů, které vznikly osídlením tropických pohoří. Zvláště se soustřeďuji na zjištění starobylosti horské fauny a možnosti, že tyto ostrovy diverzity generují další druhy na základě oddělení populací bez významné geografické izolace (Bray a Bocak, 2016).

## 3. Materiál a metody

### 3.1. Materiál

Do molekulární studie bylo zahrnutý rod *Cautires* (Lycinae: Metriorrhynchini: Metriorrhynchina) z pevninské Malajsie a Sumatry. Použitý materiál obsahoval 140 vzorků ze Sumatry, 247 vzorků z pevninské Malajsie a jeden vzorek z Jávy. Brouci byli sbíráni na 16 lokalitách představující výběr ze západní části Sundského šelfu pokrývající ~800000 km<sup>2</sup>. Tyto lokality pokrývají ekosystémy od hladiny moře až do výšky 2400 m. n. m. (tab. 1, obr. 1). Jako outgroup byli použiti zástupci rodu *Metanoeus*, *Porrostoma*, *Microtrichalus*, *Leptotrichalus* a *Diatrichalus* reprezentující tribus Metriorrhynchini. Tyto rody patří do linie v sesterské pozici vůči *Xylobanus* + *Cautires*. Sekvence těchto jedinců byly již dříve publikovány (Sklenarova a kol., 2013) a jsou dostupné v databázi GenBank.

### 3.2. Laboratorní práce

Jedinci byli v terénu usmrcení vložení do 96% etanolu. V laboratoři byly vzorky uskladněny v teplotě -20 °C až do izolace DNA. DNA byla preparována z metathorakálních svalů, kde je vyšší podíl svaloviny a minimum obsahu trávicího traktu, za použití DNeasy kitu k extrakci DNA z tkáně.

Na spektrofotometru NanoDrop-1000 byla změřena koncentrace DNA. Byly sekvenovány 3 fragmenty mitochondriálního genomu dále označené jako *cox1*, *rrnL* a *nad5*. Fragment *cox1* obsahoval 3 geny: 784 bp *cox1*, 60 bp tRNA-Leu a 260 bp *cox2*. Fragment *rrnL* se skládal z 3 genů: 621 bp *rrnL* rRNA, 69 tRNA-Leu a 127 *nad1*. Poslední sekvenovaný fragment byl *nad5* a obsahoval jeden proteiny kódující gen: 1017 bp *nad5* a následující tRNA geny, v celkové délce 305 bp. Pro amplifikaci fragmentů byly použity tyto primery: pro *cox1* JerryM (CAA CAY YTA TTT TGR TTY TTT GG) a Marcy (TAR TTC RTA TGW RCA ATA YCA YTG RTG), pro *rrnL* 16a (CGC CTG TTT AAC AAA AAC AT) a ND1AMetN (GGR CCY TTW CGA ATY TGA ATA TAV CC) a pro *nad5* OF1 (CCT ACT CCT GTT TCT GCT TTA GTT CAT TC) a R6 (GAA ACG AAA AAT CGT ATT TAA TTT CGA CT). Pomocí elektroforézy byla vyhodnocena úspěšnost amplifikace všech fragmentů za použití barviva GelRed<sup>TM</sup>. Filtrovací destička PCRU96 Plates (Milipore Inc.) byla použita k vyčištění PCR produktu. Na spektrofotometru Nanodrop-1000 byla měřena koncentrace syntetizované DNA.

Sekvenační reakce proběhla pomocí Big Dye Terminator Cycle Sequencing kit v. 1. 1 (Life Technologies Inc.). Pro sekvenování vzorků v automatickém sekvenátoru ABI3130 bylo nutné je nejdříve vyčistit precipitací v 96% alkoholu a promýt 70% alkoholem. Editace získaných sekvencí byla provedena v programu Sequencher 4. 9 (Gene Codes Corp.).

### **3.3. Fylogenetické analýzy, delimitace druhů, rekonstrukce ancestrálních území a datování speciálních událostí**

Mitochondriální DNA fragmenty byly alignovány v programu Mafft 7.017 (Katoh a Standley, 2013) za použití předdefinovaných parametrů. Alignmenty protein kódujících genů byly ověřeny na základě shody pozic kodonů definujících aminokyseliny. Pro výpočet fylogenetického stromu metodou maximální pravděpodobnosti v programu RAxML-HPC2 8.2.9 (Stamatakis, 2014) byl použit portál Cipres (Miller a kol., 2010) a data byla rozdělena podle genů a pozic kodonů do 14 particí. Během analýzy bylo provedeno 100 hledání k vytvoření nejlepšího stromu podle modelu GTR+G+I, který je identifikován programem jModelTest 2 (Darriba a kol., 2012; Guindon a Gascuel, 2003). Bootstrapové hodnoty pro podporu větví fylogenetického stromu byly spočítány s použitím modelu GTRCAT (Stamatakis a kol., 2008).

Vzhledem k velmi nepřehledné taxonomické situaci nebyly jednotlivé druhy rodu *Cautires* ze Sumatry formálně identifikovány. Pro určení druhů byla použita kombinace morfologických znaků a DNA analýz. Pro delimitaci založené na DNA byla použita Bayesiánská implementace PTP v programu bPTP (Bayesian implementation of the Poisson Tree Processes) na serveru pro delimitaci druhů (URL: <http://species.h-its.org/>, Zhang a kol., 2013). Pro tuto analýzu byla odstraněna outgroup a hodnoceno bylo 500 000 MCMC generací, ostatní parametry zůstaly v předdefinovaném nastavení. Dále byl pro výpočet interspecifických a intraspecifických vzdáleností použit Kimurův dvouparametrový model a druhy byly delimitovány v programu Species Identifier 1.8 na základě 2% hranice odlišnosti genetických vzdáleností (Meier a kol., 2006). K ověření identity druhů v blízkce příbuzných kládech byla použita vnější morfologie jedinců a samčí genitálie. Abdomeny samců byly na dvě až tři hodiny ponořeny v 50% etanolu. Poté byly ponechány po několik minut v horkém 10% hydroxidu draselném. Z abdomenu byla odstraněna svalovina a tukové těleso a následně byl kopulační orgán vypreparován a pozorován v glycerolu. Abdomeny byly nalepeny na štítky, kopulační orgány byly vloženy do PVC trubičky naplněné glycerolem a s abdomeny přiloženy k původním jedincům. Jednotlivé kusy jsou k dispozici ve sbírce laboratoře molekulární systematiky, Přírodovědecká fakulta UP v Olomouci.

Další analýzy řešily datování speciálních událostí a rekonstrukci ancestrálních území. Datový soubor pro tyto analýzy byl zmenšen na jednoho zástupce každého druhu nebo populace, pokud byl druh dostupný z více lokalit. Tato matice obsahovala 89 vzorků a pro datování byl navíc jako outgroup použit zástupce z rodu *Xylobanus*. Byla opět provedena analýza v programu RAxML-HPC2 8.2.9 na webu Cipres se stejným nastavením jako výše pro vytvoření vodícího stromu pro další analýzy. Pro datování štěpení mezi druhy a/nebo populacemi byla použita fixní topologie získaná z předchozí analýzy. Datování bylo provedeno v programu Beast 1.8.1 (Drummond a Rambaut, 2007; Suchard a Rambaut, 2009). HKY+I+G model jako druhý nejlepší model poté, co GTR+I+G model nezajistil dosažení konvergence, Yule Process a Lognormal Uncorrelated Relaxed Clock jsou použité parametry podle návodu pro Beast (Drummond a kol., 2006). Protože nejsou dostupné žádné fosílie z tribu Metriorrhynchini, substituční rychlosti byly nastaveny různě pro jednotlivé fragmenty na základě údajů v literatuře: 0.0115 pro *cox1* fragment (Brower, 1994), 0.0054 pro *rrnL* fragment (Papadopoulou a kol., 2010) a 0.0167 pro *nad5* fragment (Pons a kol., 2006). Analýza byla nastavena pro 50 milionů generací s logováním každé 5000. generace. Parametr Effective Sample Size (ESS) a prestační fáze byly určeny v programu Tracer 1.6 (Rambaut a kol., 2014). Prvních 12.5 milionů generací bylo vyřazeno z další analýzy jako burn-in.

Rekonstrukce ancestrálních území byla provedena v programu Beast 1.8.1 s použitím HKY+I+G modelu stejně jako v případě datování, nastaven byl Coalescent Model: Constant Population Size, Strict Clock a topologie získaná z analýzy maximální pravděpodobnosti zredukovaného datového souboru. Parametry byly nastaveny podle doporučení v manuálu pro Beast. Názvy lokalit byly kódovány dvěma způsoby, jak je vidět na terminálech na obr. 4–6 (první analýza geografický původ: (1) Sumatra a (2) Malajsie; druhá analýza geografický původ: (1) Malajsie: nížiny, (2) Malajsie: Cameron Highlands, (3) Sumatra: Merapi (centrální oblasti: Merapi, Talamau a Danau Maninjau), (4) Sumatra: Tujuh (jižní oblasti: Tujuh a Kerinci) a (5) Sumatra: Sibayak (severní oblasti: Sibayak a Sinabung).

## 4. Výsledky

### 4.1. Sekvenování, alignment, fylogenetické analýzy

Tři fragmenty mitochondriální DNA: *rrnL*-tRNA-Leu-*nad1*, *cox1*-tRNA-Leu-*cox2*, a *nad5*-tRNA byly získány pro 388 jedinců v ingroup a 19 jedinců v outgroup, přičemž 8 z nich bylo převzato z databáze GenBank (Sklenarova a kol., 2013). Datový soubor alignovaný pomocí Mafft algoritmu se skládá z *cox1* mtDNA (1104 homologních pozic), *rrnL* mtDNA (817 pozic) a *nad5* mtDNA (1322 pozic). Kompletní datový soubor obsahoval 3 fragmenty (95 % kompletnost bez outgroup pro *cox1*, 45 % pro *rrnL* a 95 % pro *nad5*). Bylo identifikováno 272 unikátních haplotypů a nekorigované *cox1* mtDNA párové vzdálenosti mezi druhy dosahovaly až 15.39 %.

Metodou maximální pravděpodobnosti byl získán fylogenetický strom s bootstrapovými podporami na obr. 2 a 3. Monofylie rodu *Cautires* získala podporu 64 %. Nejhlubší štěpení oddělující malajský a sumatránský klád mají podobnou podporu (obr. 2 a 3). Některá pozdější štěpení mají menší podporu, ale koncové klády obsahující 3–10 druhů byly robustně podpořeny (obr. 2 a 3).

### 4.2. Delimitace druhů

Celkem 40 druhů bylo zaznamenáno v pevninské Malajsii, 39 druhů na Sumatře a jeden na Jávě. Pouze dva druhy (*C. rianganus* a *Cautires* sp. G) byly zaznamenány v Malajsii i na Sumatře. Metodou bPTP bylo identifikováno 82 potenciálních druhů (tab. 2). Dle této metody bylo 6 druhů definovaných na základě morfologie nadhodnoceno jako 12 druhů (*C. paraimitator* s pravděpodobnostmi 93.3 % a 93.4%, *Cautires* sp. AD s pravděpodobností 78.4 %, *Cautires* sp. AB s pravděpodobností 59.1 %, *Cautires* sp. AU s pravděpodobností 50.4 %, *Cautires* sp. B s pravděpodobností 100% a *C. pauper* s pravděpodobností 100 %, tab. 2). Pouze ve dvou případech byly dva morfologicky definované druhy sloučeny do jednoho (*C. rianganus* a *C. tapahensis* s pravděpodobností 98.4 % a *Cautires* sp. AN a *C. pauperulus* s pravděpodobností 78.5 %). V programu Species Identifier byli hodnoceni jen jedinci s fragmentem *cox1* (*cox1* byl k dispozici pro maximální počet vzorků), v tomto datovém souboru bylo zastoupeno 74 druhů, pro 4 druhy zastoupené pouze jedním jedincem nebyl k dispozici *cox1* fragment. Intraspecifická genetická vzdálenost byla hodnocena v každém druhu obsahujícím více než dva jedince a dosahovala až 2.62 % pro *cox1*.

### 4.3. Identifikace ancestrálních území

Pro identifikaci ancestrálních území byl použit stejný datový soubor a topologie fylogenetické stromu jako pro datovací analýzu. Byly rozeznány dva klády s velmi dobře podpořeným původem na Sumatře a pevninské Malajsii (obr. 4 a 5). Malajský klád má pravděpodobnost vzniku v Malajsii 92 % a sumatránský klád má pravděpodobnost vzniku na Sumatře ~ 90 % (obr. 5). Nebylo možné rozhodnout, které z těchto území je ancestrální, kvůli podobné podpoře (44 % pro Sumatru a 56 % pro Malajsii, obr. 5). V sumatránském kládu bylo zaznamenáno jedno reverzní šíření ze Sumatry do Malajsie před 1.4 miliony lety s pravděpodobností ~ 96 % (obr. 5 a 6). V kontrastu proti takto nízkému disperznímu potenciálu v sumatránském kládu bylo zaznamenáno v malajském kládu 14 šíření z Malajsie na Sumatru, 6 šíření ze Sumatry do Malajsie a 5 šíření z malajských nížin do Cameron Highlands. Tyto kolonizace se uskutečnily průběžně před 45–0.5 miliony lety (obr. 6). Většina z těchto přesunů se udála v posledních ~ 4 milionech letech (obr. 6).

### 4.4. Datování speciálních událostí v rodu *Cautires*

Do datovací analýzy bylo zařazeno 88 jedinců rodu *Cautires* a jako outgroup byl použit jeden zatím neurčený druh rodu *Xylobanus*. Jedinci byli vybráni tak, aby reprezentovali druhy a všechny geograficky vzdálené populace, jak je popsáno výše. Analýza identifikovala dvě štěpení před 60 miliony lety rozdělující jedince samostatných skupin označené jako malajský a sumatránský klád (obr. 6).

Sumatránský klád zůstával na Sumatře od svého vzniku, jinam se nešířil po dlouhé období a postupná diverzifikace vedla ke vzniku šesti druhů. Nejstarší štěpení v tomto kládu je datováno před 42 a 35 miliony lety. Následující štěpení bylo jedno v pozdním miocénu a ostatní štěpení až v posledních 2 milionech letech v pleistocénu (obr. 6). Všechny druhy se vyskytují na Sumatře, pouze jeden druh *C. pauper* se vyskytuje v malajských nížinách a je sesterský k druhu *Cautires* sp. E ze Sumatry. Štěpení mezi populacemi těchto dvou druhů bylo datováno před 1.4 miliony lety (obr. 6).

Malajský klád zahrnuje 80 jedinců ze 71 druhů. Tento klád začal dříve diverzifikovat. Série častých specií byla datována do období před 49–26 miliony lety, kdy proběhlo 16 štěpení (obr. 6). Pouze jednotlivé druhy se šířily na Sumatru, a právě proto nelze přesně identifikovat, kdy se na Sumatru dostaly. Další kolonizační události před 26.1, 16.5 a 5.94 miliony lety vedly ke vzniku kládů s druhy převážně se vyskytujícími na Sumatře (obr. 6). V rámci těchto kládů se jenom omezený počet druhů nebo populací šířil ze Sumatry



do Malajsie. Přesnější datování těchto událostí není možné z důvodu zastoupení jedním jedincem v analýze. V období před 28–17 miliony lety došlo v nejdiverzifikovanějším kládu s převahou sumatránských druhů ke sledu rychlých štěpení. K dalším speciacím docházelo později, nejčastěji v posledních 4 milionech letech (obr. 6).

Sumatránský klád obsahoval málo druhů a štěpení v tomto kládu bylo identifikováno v eocénu a později v pozdním pliocénu a pleistocénu. V malajském kládu bylo nejvíce štěpení odhaleno v raném miocénu před 23–13 miliony lety a v posledních 3 milionech letech. Na pevninské Malajsii byl speciální proces postupný bez výrazných změn rychlosti. Mezi sumatránskými druhy byl odhalen krátký časový úsek s vyšší speciální rychlostí (obr. 7).

## **4.5. Dynamika speciace**

Míry speciálního procesu se lišily mezi Sumatrou a Malajsií (obr. 7). Na pevninské Malajsii byla tato míra po dlouhé období víceméně konstantní, pouze s mírným nárůstem přibližně před 40–60 miliony lety a od té doby byla nízká. Na Sumatře byla speciální rychlost nízká a zrychlila se v posledních 5 milionech letech (obr. 7).

## 5. Diskuze

### 5.1. Delimitace druhů

V taxonomii tropických skupin hmyzu se často setkáváme s chaotickou klasifikací. To platí i ve skupinách tropických brouků, včetně čeledi Lycidae. Podobně je na tom druhová klasifikace i v rodu *Cautires*. Proto je nutné druhy z Malajsie a Sumatry určovat nejen na základě morfologie, ale i analýz DNA. Většina malajských druhů byla identifikována v předchozích studiích (Jiruskova a Bocak, 2015; Jiruskova a kol., 2016). Sumatránské druhy zařazené do analýzy zatím nebyly identifikovány vzhledem k nepřístupnosti typového materiálu. Většina druhů byla jasně odlišena morfologií i molekulárními analýzami. Příkladem problematické delimitace druhů jsou *C. tapahensis* a *C. rianganus*. Molekulární analýzy identifikovaly tyto druhy jako jediný druh obsahující dvě morfologicky odlišené formy (obr. 2 a 3, tab. 2 a 3; Jiruskova a kol., 2016). V tomto případě dosahovala interspecifická genetická vzdálenost 0,81–0,9 % (tab. 3), což je hluboko pod všeobecně akceptovanou hranicí 2–3 %. Podobným případem byl klád druhů *C. pauper*, *Cautires* sp. D a *Cautires* sp. E, ve kterém genetická vzdálenost mezi populacemi dosahovala hodnot 2.71–4.61% (obr. 2 a 3, tab. 3), tedy na horní hranici akceptované mezidruhové divergence. Taktéž druhy *C. campestris* a *C. jasarensis* byly hodnoceny jako jeden druh podle genetických vzdáleností 1.08–1.44 % (tab. 3). Tyto druhy byly rozlišeny na základě morfologických znaků popsaných v předchozích studiích (Jiruskova a Bocak, 2015; Jiruskova a kol., 2016). Dalším příkladem může být nadhodnocení počtu druhů metodou bPTP, kdy bylo identifikováno 82 druhů. Po zvážení různých delimitačních metod (morfologie, DNA analýzy) bylo v celkovém datovém souboru identifikováno 78 druhů (tab. 1–3), jejich označení na obr. 2 a 3 je používáno v další diskuzi. Delimitace druhů je v současnosti založena na molekulárních i morfologických datech a konflikt v signálu poskytovaném jednotlivými metodami je častý i v čeledi Lycidae (Bocek a Bocak, 2016; Kusy a kol., 2017). Definice biologického druhu (např. Mayr, 1942) vycházejí z předpokladu, že druh je skupina populací, které se přirozeně kříží mezi sebou a nekříží se mimo tyto skupiny. V reálné situaci je aplikace tohoto kritéria problematická například za situace, kdy se částečně oddělené populace vyskytují na Malajském poloostrově a na Sumatře a v současnosti jsou odděleny mořskou úžinou. Na základě úrovně genetické a morfologické divergence ovšem můžeme vyslovit hypotézu o jejich izolovanosti a akceptovat nebo odmítnout jejich statut biologického druhu. Podrobné studium genetické a morfologické divergence tedy ukazuje na poměrně časté

případy, kdy je rozhodování, zda se jedná o druh nebo pouze o částečně diverzifikované populace, zcela arbitrážní.

Dále byly hodnoceny aposematické barevné vzory na krovkách a pronotu jako faktorů, který je spojen s příslušností k mimetickým komplexům a jednoznačně hraje roli v procesu speciace (Bocak a Yagi, 2010). Populace jednotlivých druhů rodu *Cautires* jsou většinou uniformně zbarvené a vnitrodruhové, eventuálně vnitropopulační rozdíly, jsou nepatrné (obr. 3). Dva různé barevné vzory, každý z jiné lokality, byly identifikovány v rámci dvou druhů, *C. rianganus* a *C. jasarensis*. Přestože jsou populace těchto druhů geneticky uniformní, mohou být členy různých mimetických skupin. Evoluce aposematického vzoru tedy předchází genetické diverzifikaci, jak bylo demonstrováno dříve (Bocak a Yagi, 2010).

Většina malajských druhů je uniformně černě zbarvená a vyskytují se endemicky ve vyšších nadmořských výškách. Přestože tyto druhy nejsou typicky pestře aposematicky zbarvené, byl tento vzor hodnocen jako aposematický vzhledem k roli velikosti a tvaru těla jako aposematického signálu v případě, že je jedinec predátorem pozorován na listu proti ostrému světlu (Malohlava a Bocak, 2010). Dominantně jsou tedy jedinci stejného druhu rodu *Cautires* v Orientální oblasti zbarveni tak, jak předpokládá teorie mimetismu. Přitom v čeledi Lycidae byl nedávno zjištěn mimetický polymorfismus jednak na Nové Guinei (Bocek a Bocak, 2016), ale i v oblasti Velkých Sund včetně Sumatry (nepublikovaná data). Současné výsledky ukazují, že polymorfismus má geografickou strukturu a teprve se zpožděním dochází ke genetické diverzifikaci. Podrobné studium ukázalo, že podstatným faktorem podporujícím vznik polymorfismu je výskyt velkého počtu mimetických vzorů na jediném místě (Bocek a Bocak, 2016; Motyka a kol., v tisku; nepublikovaná data). Přes poměrně vysoký počet druhů na většině lokalit ovšem nedošlo k vývoji polymorfismu v rámci jediné lokality v rodu *Cautires*.

## 5.2. Původ rodu *Cautires* a jeho diverzifikace

Dosud nejsou k dispozici žádné známé fosilie pro síťokřídle brouky z tribu Metriorrhynchini. Většina již známých fosilií je velmi pozdních a omezuje možnosti jejich použití pro datování hlubších událostí v jiných skupinách (Winkler, 1987; Kazantsev, 2013). Proto byly pro datovací analýzy zvolené odhadované mutační rychlosti pro nukleotidové substituce v mitochondriálních genech (Brower, 1994; Papadopoulou a kol., 2010; Pons a kol., 2006). Tyto rychlosti byly testovány v předchozích publikacích zabývajících se evolucí

brouků tribu Metriorrhynchini a výsledky byly podpořeny tektonickou historií (Bocak a Yagi, 2010; Sklenarova a kol., 2013).

Předchozí studie ukazuje, že početné linie rodu *Cautires* vznikly v eocénu před 55–35 miliony lety, když tento rod osídlil Orientální oblast (Sklenarova a kol., 2013). V této práci bylo určeno dobře podpořené hluboké štěpení mezi druhy sumatránského kládu (skupina *C. pauper*) a ostatními druhy rodu *Cautires*, který zahrnuje všechny ostatní *Cautires* a druhovou skupinu *C. obsoletus*. Tento klád může být označen jako *Cautires* s. str. (též malajský klád; Dudkova a Bocak, 2010; Jiruskova a Bocak, 2015). Štěpení mezi těmito liniemi je datováno do doby, kdy byla fauna rodu *Cautires* pravděpodobně omezena na pohybující se indický subkontinent a dosud neosídlila Sumatru a Malajský poloostrov (Sklenarova a kol., 2013).

Druhové skupiny *C. pauper* a *Cautires* s. str. se podstatně liší ve svém rozšíření. Skupina *C. pauper* se od počátku kolonizace jihovýchodní Asie do pozdního pleistocénu vyskytovala pouze na Sumatře a až před 1.4 miliony lety jeden druh kolonizoval pevninskou Malajsii (obr. 6). *Cautires* s. str. má malajský původ a tato linie zůstala na kontinentální Asii do pozdního oligocénu (před 26.2 miliony lety). V této době se odštěpil sumatránský, později na Sumatře silně se diverzifikující klád (druhy *Cautires* sp. Z–AH, obr. 6). Analýza současného datového souboru ukazuje na celkem 14 kolonizací Sumatry z Malajského poloostrova. Rané kolonizace jsou datovány do pozdního oligocénu (26.2 milionů let) a miocénu (dvě kolonizace před 16.5 a 5.9 miliony lety). Následně došlo k více kolonizacím v pliocénu (trojnásobná kolonizace před 4.4, 4.1 a 3.4 miliony lety). Osídlování Sumatry pokračovalo i v pleistocénu (před 1.4 miliony let; obr. 6). V několika případech klád po kolonizaci vykazuje zvýšení speciálního tempa v nově osídlené oblasti (obr. 4–6). V dalších případech kolonizací Sumatry se nedá přesně určit, kdy k šíření došlo vzhledem k tomu, že po osídlení nového území nedošlo ke speciaci. Je tedy nutné předpokládat možnost disperze na Sumatru od odštěpení od malajského sesterského druhu až do současnosti (obr. 4–6).

Zajímavým faktem je, že intenzita šíření v obou směrech je rozdílná od období pozdního oligocénu až do konce pliocénu. Sumatránský klád zůstával po dlouhou dobu izolován na ostrově a pouze jednou, v poměrně nedávné době, došlo k disperzi jediného druhu na Malajský poloostrov. Druhy malajského kládu kolonizovaly Sumatru ve 14 samostatných případech a pouze část druhů zpětně osídlila Malajský poloostrov a vytvořila samostatné druhy (6 případů). Vzhledem k celkovému počtu druhů a délce hodnoceného období jsou migrace mezi pevninskými oblastmi vzácné a podstatná část z nich byla zjištěna v pliocénu

a pleistocénu. Malajská fauna je mnohem starší a diverzifikovanější než sumatránská, která je od ní odvozena.

Další aspekty šíření a diverzifikace jsou původ a jedinečnost horské fauny ve studované oblasti. Tropické horské masivy jsou považovány za centra biodiverzity a zůstává otázkou, zda tato centra vznikla šířením druhů ze vzdálených chladných oblastí, nebo adaptací nížinných druhů na horské podmínky (Merckx a kol., 2015). Bylo určeno 19 druhů rodu *Cautires* s rozšířením omezeným pouze na horské lesy v malajských Cameron Highlands. Pouze několik druhů bylo zjištěno v nížinách a současně jejich areál zasahoval do nižších nadmořských výšek horských masivů, typicky až do výšek pod 1300 m n. m.: *C. indus* (max. 1030 m) a *C. pauperulus* (1200 m; tab. 1; Jiruskova a kol., 2016). Rod *Cautires* se hojně vyskytuje nejen v tropické východní a jihovýchodní Asii (Sklenarova a kol, 2013; Nakane, 1969), ale i v horských oblastech Dálného východu a severního Japonska. Je tedy možné v tomto rodu předpokládat vysokou toleranci chladného klimatu. V současné analýze byl odhalen brzký vznik tří horských kládů v oblasti Malajského poloostrova zastoupených 17-ti druhy. Tyto skupiny malajské horské fauny vznikly před 26.4, 17.8 a 11.4 miliony lety a představují 70 % diverzity zaznamenané z horských lesů v Cameron Highlands. Celkem 5 druhů bylo nalezeno v malajských horách a jejich štěpení od sesterských druhů nebo populací nemůže být přesně odhadnuto, ale nemělo by k němu dojít dříve než před 20.0, 17.2, 10.5, 2.1 a 0.2 miliony lety. Přes omezený rozsah horských oblastí v Malajsii a jejich proměnlivou klimatickou historii, která mohla případně umožnit šíření mezi areály během tak dlouhých období, 3 klády skládající se z hojně zastoupených druhů se vyskytují především na horách. Pouze jediný druh *Cautires* sp. S byl hodnocen jako člen horského kládu (jeden exemplář z Cameron Highlands), ale současně se vyskytuje v oblasti Gua Musang v nadmořské výšce 1000 m (obr. 5). Tyto výsledky jednoznačně ukazují, že horská fauna je unikátní, velmi diverzifikovaná a je odvozena z lokálních v nížině rozšířených druhů a nebyla ovlivněna dálkovou disperzí ani v chladnějších periodách.

V horských oblastech Sumatry byl zjištěn poměrně značný překryv mezi faunami v jednotlivých horských masivech. Ve čtyřech případech byly populace jednoho druhu zároveň zjištěny alespoň ve dvou horských areálech *Cautires* sp. B (Merapi a Tujuh), *Cautires* sp. N (Merapi, Sibayak a Tujuh), *Cautires* sp. O (Sibayak a Merapi), *Cautires* sp. AD (Merapi a Sibayak) a *Cautires* sp. AN (Merapi a Tujuh). Dalších 34 sumatránských druhů bylo zaznamenáno na jediné horské lokalitě, přičemž 10 z nich bylo zastoupeno pouze jedním jedincem (tab. 1). Přestože je pravděpodobné, že současný materiál pokrývá pouze část skutečné diverzity rodu *Cautires* v této oblasti, provedené analýzy podporují hypotézu,

že se horské druhy vyskytují nejčastěji v malých areálech a díky omezené schopnosti šíření je častá lokální speciace (Barraclough a Vogler, 2000).

## 6. Závěr

Předložená analýza tří mitochondriálních DNA fragmentů s relativně vysokým počtem druhů malajské a sumatránské fauny rodu *Cautires* poskytuje důkaz o efektivní izolaci síťokřídlých brouků pouze mělkou a příležitostně vyschlou Malackou úžinou. Fauny mají rozdílnou diverzifikační historii. Analýzy ancestrálních území ukazují, že se nejstarší linie vyvinuly v Malajsii a šířily se odtud na Sumatru, kde se dále diverzifikovaly krátce po kolonizaci nového území již od pozdního oligocénu. Šíření v opačném směru je méně časté, probíhalo evidentně v pozdějších obdobích. Pro žádné z těchto šíření není možné určit přesné časové období kolonizace, protože ani v jednom z těchto případů neproběhla následná speciace po osídlení Malajského poloostrova. Výsledky potvrzují, že šíření v tomto směru je recentní. Druhy kolonizující nová území se velice rychle přizpůsobily místním mimetickým vzorům. Předpokládám tedy, že selekce proti vzácným vzorům představuje jeden z faktorů limitujících šíření aposematicky zbarvených síťokřídlých brouků. Fauna malajských horských brouků má starý původ a většina druhů patří do jednoho ze tří kládů, které se adaptovaly na horské lesy a diverzifikovaly v jejich rámci. Výsledky této studie ukazují na možnost, že dvě zdánlivě podobné fauny v blízkých oblastech mohou mít velmi odlišnou evoluční historii. Z hlediska fylogenetické diverzity je zásadní ochrana fauny Malajského poloostrova, který je velmi silně ovlivněn rozvojem lidského osídlení.

## 7. Citovaná literatura

- An Z. 2000. The history and variability of the East Asian palaeomonsoon climate. *Quaternary Science Reviews*, 19: 171–188.
- Barracough T. M. and Vogler A. P. 2000. Detecting the geographical pattern of speciation from species-level phylogenies. *American Naturalist*, 55 (4): 419–434.
- Bird M. I., Taylor D. and Hunt C. 2005. Palaeoenvironments of insular Southeast Asia during the Last Glacial Period: a savanna corridor in Sundaland? *Quaternary Science Reviews*, 24: 2228–2242.
- Bocak L. and Bocakova M. 2008. Phylogeny and classification of the family Lycidae (Insecta: Coleoptera). *Annales Zoologici*, 58: 695–720.
- Bocak L. and Matsuda K. 2003. Review of immature stages of the family Lycidae (Insecta: Coleoptera). *Journal of Natural History*, 37: 1463–1507.
- Bocak L. and Yagi T. 2010. Evolution of mimicry in *Metriorrhynchus* (Coleoptera: Lycidae): The history of dispersal and speciation in Southeast Asia. *Evolution*, 64: 39–52.
- Bocakova M., Bocak L., Hunt T., Teravainen M. and Vogler A. P. 2007. Molecular phylogenetics of Elateriformia (Coleoptera): evolution of bioluminescence and neoteny. *Cladistics*, 23: 477–496.
- Bocek M. 2017. New species of *Diatrichalus* (Coleoptera: Lycidae) from New Guinea and the Moluccas. *Zootaxa*, 4247 (5): 577–584.
- Bocek M. and Bocak L. 2016. Species limits in polymorphic mimetic *Eniclases* net-winged beetles from New Guinean mountains (Coleoptera, Lycidae). *ZooKeys*, 593: 15–35. <http://dx.doi.org/10.3897/zookeys.593.7728>.
- Bray T. C. and Bocak L. 2016. Slowly dispersing neotenic beetles can speciate on a penny coin and generate space-limited diversity in the tropical mountains. *Scientific Reports*, 6: 33579. doi: 10.1038/srep33579.
- Brower A. V. 1994. Rapid morphological radiation and convergence among races of the butterfly *Heliconius erato* inferred from patterns of mitochondrial DNA evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91: 6491–6495.
- Darriba D., Taboada G. L., Doallo R. and Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9: 772.
- Drummond A. J., Ho S. Y. W., Phillips M. J. and Rambaut A. 2006. *PLoS Biology* 4: e88. doi: 10.1371/journal.pbio.0040088.



- Drummond A. J. and Rambaut A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7: 214.
- Dudkova P. and Bocak L. 2010: A review of the *Cautires obsoletus* species group from Indo-Burma (Coleoptera: Lycidae). *Zootaxa*, 2527: 28–48.
- Engel M. S. and Grimaldi D. A. 2004. New light shed on the oldest insect. *Nature*, 427: 627–630.
- Gathorne-Hardy F. J., Syaukani R., Davies R. G., Eggleton P. and Jones D. T. 2002. Quaternary rainforest refugia in south-east Asia: using termites (Isoptera) as indicators. *Biological Journal of the Linnean Society*, 75: 453–466.
- Guindon S. and Gascuel O. 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Systematic Biology*, 52: 696–704.
- Hall R. 1996: Reconstructing Cenozoic SE Asia. In R. Hall and D. J. Blundell (eds.), *Tectonic Evolution of SE Asia*. Geological Society of London Special Publication, 106: 153–184.
- Hall R. 1998. The plate tectonics of Cenozoic SE Asia and the distribution of land and sea. In R. Hall and J. D. Holloway (eds.). *Biogeography and Geological Evolution of SE Asia*, Backhuys Publishers, Leiden, pp. 99–131.
- Hall R. 2002. Cenozoic geological and plate tectonic evolution of SE Asia and the SW Pacific: computer-based reconstructions and animations. *Journal of Asian Earth Sciences*, 20: 353–434.
- Heaney L. R. 1991. A synopsis of climatic and vegetational change in Southeast Asia. *Climatic Change*, 19: 53–61.
- Hunt T., Bergsten J., Levkanicova Z., Papadopoulou A., John O. St., Wild R., Hammond P. M., Ahrens D., Balke M., Caterino M. S., Gómez-Zurita J., Ribera I., Barraclough T. G., Bocakova M., Bocak L. and Vogler A. P. 2007. A Comprehensive phylogeny of beetles reveals the evolutionary origins of a superradiation. *Science*, 318: 1913–1916.
- Ikeda H., Nishikawa M. and Sota T. 2011. Loss of flight promotes beetle diversification. *Nature Communications*. doi: 10.1038/ncomms1659.
- Jiruskova A. and Bocak L. 2015: Species delimitation in *Cautires* (Coleoptera: Lycidae) from Peninsular Malaysia using DNA data and morphology. *Annales Zoologici*, 65 (2): 239–248.
- Jiruskova A., Motyka M. and Bocak L. 2016: High diversity and endemism in the genus *Cautires* Waterhouse, 1879 (Coleoptera: Lycidae) from the Malay mountain forests,

- with the descriptions of fourteen new species. *European Journal of Taxonomy*, 219: 1–29.
- Katoh K. and Standley D. M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 772–780.
- Kazantsev S. V. 2013 A new fossil genus of net-winged beetles, with a brief review of amber Lycidae (Insecta: Coleoptera). *Zootaxa*, 3608: 94–100.
- Kleine R. 1933. *Coleopterorum Catalogus auspiciis et auxilio W. Junk editus S. Schenkling. Pars 128: Lycidae.* W. Junk, Berlin.
- Kusy D., Sklenarova K. and Bocak L. 2017. The effectiveness of DNA-based delimitation in *Synchonnus* net-winged beetles (Coleoptera: Lycidae) assessed, and description of 11 new species. *Austral Entomology*. doi: 10.1111/aen.12266.
- Lawrence J. F. and Newton A. F. 1995. Families and subfamilies of Coleoptera (with selected genera, notes, references and data on family-group names), 779-1006. In: Pakaluk J. and Ślipiński S. A. (eds.): *Biology, phylogeny, and classification of Coleoptera: Papers Celebrating the 80th Birthday of Roy A. Crowson.* Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa.
- MacKinnon K., Hatta G., Halim H. and Mangalik A. 1997. *The ecology of Kalimantan.* Oxford: Oxford University Press.
- Malohlava V. and Bocak L. 2010: Evidence of extreme habitat stability in a Southeast Asian biodiversity hotspot based on the evolutionary analysis of neotenic net-winged beetles. *Molecular Ecology*, 19: 4800–4811.
- Mayr E. 1942. *Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist.* Harvard University Press.
- McKenna D. D., Wild A. L., Kanda K., Bellamy C. L., Beutel R. G., Caterino M. S., Farnum C. W., Hawks D. C., Ivie M. A., Jameson M. L., Leschen R. A. B., Marvaldi A. E., McHugh J. V., Newton A. F., Robertson J. A., Thayer M. K., Whiting M. F., Lawrence J. F., Ślipiński A., Maddison D. R. and Farrell B. D. 2015. The beetle tree of life reveals that Coleoptera survived end-Permian mass extinction to diversify during the Cretaceous terrestrial revolution. *Systematic Entomology*, 40: 835–880. doi:10.1111/syen.12132.
- Meier R., Shiyang K., Vaidya G. and Ng P. K. L. 2006. DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*, 55: 715–728.

- Merckx V. S. F. T., Hendriks K. P., Beentjes K. K., Mennes C. B., Becking L. E., Peijnenburg K. T. C. A., Afendy A., Arumugam N., de Boer H., Biun A., Buang M. M., Chen P-P., Chung A. Y. C., Dow R., Feijen F. A. A., Feijen H., Feijen-van Soest C., Geml J., Geurts R., Gravendeel B., Hovenkamp P., Imbun P., Ipor I., Janssens S. B., Jocqué M., Kappes H., Khoo E., Koomen P., Lens F., Majapun R. J., Morgado L. N., Neupane S., Nieser N., Pereira J. T., Rahman H., Sabran S., Sawang A., Schwallier R. M., Shim P-S., Smit H., Sol N., Spait M., Stech M., Stokvis F., Sugau J. B., Suleiman M., Sumail S., Thomas D. C., van Tol J., Tuh F. Y. Y., Yahya B. E., Nais J., Repin R., Lakim M. and Schilthuizen M. 2015: Evolution of endemism on a young tropical mountain. *Nature*, 524: 347–350.
- Miller M. A., Pfeiffer W. and Schwartz T. 2010. "Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees" in Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE). New Orleans, LA pp 1–8.
- Moore B. P. and Brown W. V. 1981. Identification of warning odour components, bitter principles and antifeedants in an aposematic beetle-*Metriorrhynchus rhipidium* (Coleoptera: Lycidae). *Insect Biochemistry*, 15: 493–499.
- Morley R. J. 2000. Origin and evolution of tropical rain forests. Chichester: John Wiley and Sons Ltd. pp. 362. doi: 10.1002/jqs.774.
- Motyka M. and Bocak L. 2015. The classification of *Flabellochromus* and *Dumbrelli* (Coleoptera: Lycidae) with descriptions of two new species of *Calochromus* from the Sundaland Region. *Zootaxa*, 3941 (1): 125–130.
- Motyka M., Masek M. and Bocak L. 2017. Congruence between morphology and molecular phylogeny: the reclassification of Calochromini (Coleoptera: Lycidae) and their dispersal history. *Zoological Journal of the Linnean Society*, in press.
- Myers N., Mittermeier R. A., Mittermeier C. G., da Fonseca G. A. B. and Kent J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403: 853–858.
- Nakane T. 1969. Fauna Japonica. Lycidae (Insecta: Coleoptera). Tokyo: Academic Press of Japan.
- Outlaw D. C. and Voelker G. 2008. Pliocene climatic change in insular Southeast Asia as an engine of diversification in *Ficedula* flycatcher. *Journal of Biogeography*, 35: 739–752.
- Papadopoulou A., Anastasiou I. and Vogler A. P. 2010. Revisiting the insect mitochondrial molecular clock: the Mid-Aegean trench calibration. *Molecular Biology and Evolution*, 27: 1659–1672.

- Pons J., Barraclough T., Gomez-Zurita J., Cardoso A., Duran D., Hazell S. and Vogler A. P. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55: 595–609.
- Rambaut A., Suchard M. A., Xie D. and Drummond A. J. 2014. Tracer v1.6, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.
- Roff D. A. 1990. The evolution of flightlessness in insects. *Ecological Monographs*, 60: 389–421.
- Roff D. A. 1991. Life history consequences of bioenergetic and biomechanical constraints on migration. *American Zoologist*, 31: 205–215.
- Sklenarova K., Chesters D. and Bocak L. 2013. Phylogeography of poorly dispersing net-winged beetles: a role of drifting India in the origin of Afrotropical and Oriental fauna. *PlosOne*, 8(6)e67957.
- Stamatakis A., Hoover P. and Rougemont J. 2008. A rapid bootstrap algorithm for the RAxML web servers. *Systematic Biology*, 57: 758–771.
- Stamatakis A. 2014. RAxML Version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30: 1312–1313.
- Suchard M. A. and Rambaut A. 2009. Many-core algorithms for statistical phylogenetics. *Bioinformatics*, 25: 1370–1376.
- Voris H. K. 2000. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time duration. *Journal of Biogeography*, 27: 1153–1167.
- Winkler J. R. 1987. Three new genera of fossil Lycidae from Baltic Amber (Coleoptera, Lycidae). *Mitteilungen der Müncher Entomologische Gesellschaft*, 77: 61–78.
- Woodruff D. 2010. Biogeography and conservation in Southeast Asia: how 2.7 million years of repeated environmental fluctuations affect today's patterns and the future of the remaining refugial-phase biodiversity. *Biodiversity and Conservation*, 19: 919–41.
- Zhang J., Kapli P., Pavlidis P. and Stamatakis A. 2013. A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements. *Bioinformatics*, 29 (22): 2869–2876.
- Zhong G., Jianhua G., Wong H. K., Maa Z. and Wu N. 2004. A semi-quantitative method for the reconstruction of eustatic sea level history from seismic profiles and its application to the southern South China Sea. *Earth Planetary Science Letters*, 223: 443–459.

## 8. Seznam příloh

### Tabulky

**Tabulka 1.** Sekvenovaný materiál, jeho geografický původ, výsledky sekvenace a přístupová čísla do databáze GenBank.

**Tabulka 2.** Delimitace druhů pomocí bPPT.

**Tabulka 3.** Delimitace druhů pomocí Species Identifier.

### Ilustrace

**Obrázek 1.** Mapa oblastí výskytu studovaných jedinců.

**Obrázek 2.** Zkolabovaný fylogenetický strom.

**Obrázek 3.** Fylogenetický strom s ilustracemi problematických druhů.

**Obrázek 4.** Rekonstrukce ancestrálních území: Sumatra a Malajsie.

**Obrázek 5.** Rekonstrukce ancestrálních území: Malajsie: nížiny, Malajsie: Cameron Highlands, Sumatra: Tujuh, Sumatra: Sibayak a Sumatra: Merapi.

**Obrázek 6.** Datování speciačních a disperzních událostí.

**Obrázek 7.** Množství speciačních událostí v čase.

**Tabulka 1.** Sekvenovaný materiál, jeho geografický původ, výsledky sekvenace a přístupová čísla do databáze GenBank.

Číslo	Taxon	Lokalita	<i>cox1</i>	<i>rrnL</i>	<i>nad5</i>
Outgroup					
VK0158	<i>Xylobanus</i> sp.	Perak, Ringlet, 40 km SE of Ipoh, 900 m	+	+	+
VK0067	<i>Xylobanus</i> sp.	Pahang, rd. Ipoh–Kg. Raja, 35 km E of Ipoh, 800 m	+	+	+
AJ0023	<i>Xylobanus</i> sp.	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	KR140287	+	+
VK0175	<i>Xylobanus</i> sp.	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
000121	<i>Metanoeus</i> sp.	Sumatra	KC538277	KC538662	KC538468
000372	<i>Porrostoma rhipidium</i>	Australia	DQ144678	KC538699	DQ144702
000199	<i>Microtrichalus</i> sp.	Sulawesi	KC538290	KC538674	KC538481
000378	<i>Porrostoma haemorrhoidalis</i>	Australia	DQ144679	KC538704	DQ144703
000376	<i>Microtrichalus</i> sp.	Australia	KC53816	KC538703	KC538507
MW0008	<i>Metanoeus</i> sp.	Jambi, Gn. Kerinci	+	+	+
000105	<i>Metanoeus</i> sp.	Borneo	KC538271	KC538657	KC538463
000248	<i>Metanoeus</i> sp.	Sumatra	KC538299	KC538684	KC538490
MW0021	<i>Metanoeus</i> sp.	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	+	+
MW0025	<i>Metanoeus</i> sp.	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	+	+
LB0484	<i>Leptotrichalus</i> sp.	Sumatra Barat, Gn. Merapi	+	–	+
LB0131	<i>Diatrichalus</i> sp.	Sumatra Barat, Gn. Merapi	+	+	+
LB0514	<i>Mictrotrichalus</i> sp.	Sumatra Barat, Gn. Merapi	+	–	+
LB0196	<i>Mictrotrichalus</i> sp.	Pahang, 30 km NE of Raub	+	–	+
Ingroup					
VK0432	<i>Cautires alexae</i>	Perak, 40 km SE of Ipoh, 900 m, Banjaran Titiwangsa Ringlet	+	–	–
VK0433	<i>Cautires alexae</i>	Perak, 40 km SE of Ipoh, 900 m, Banjaran Titiwangsa, Ringlet	+	–	–
VK0426	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	+	+
AJ0082	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
AJ0083	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
VK0251	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0272	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0312	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0322	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0519	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0564	<i>Cautires andujari</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
AJ0058	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0059	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0062	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0064	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+

AJ0066	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	-	+
AJ0078	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	-
AJ0079	<i>Cautires arribasae</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0092	<i>Cautires berembanensis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	KR140290	+	+
VK0254	<i>Cautires berembanensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0275	<i>Cautires berembanensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0278	<i>Cautires berembanensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
AJ0096	<i>Cautires campestris</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	-	+	+
AJ0032	<i>Cautires campestris</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
AJ0039	<i>Cautires campestris</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
AJ0040	<i>Cautires campestris</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
AJ0041	<i>Cautires campestris</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
AJ0004	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Jasar, N slope, 1550 m, 4°28'56"N 101°21'55"E	+	+	-
AJ0006	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Jasar, N slope, 1550 m, 4°28'56"N 101°21'55"E	+	+	-
AJ0013	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0061	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0093	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0068	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0084	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
AJ0087	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
AJ0091	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
VK0242	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0244	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0245	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0246	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0255	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0260	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0261	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0262	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0263	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0264	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0265	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0267	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0271	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0274	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0276	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0277	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0279	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0310	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1400–1650 m	+	-	+

VK0311	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0313	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0314	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0316	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0317	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0321	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0323	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0324	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0325	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0512	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0513	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0514	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0515	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0520	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0521	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0523	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0524	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0421	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0361	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0572	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0526	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0418	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0268	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
VK0450	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
VK0563	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0568	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0619	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0622	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0623	<i>Cautires communis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
MM0054	<i>Cautires corporaali</i>	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0057	<i>Cautires corporaali</i>	Sumatra Utara, Brastagi	+	–	–
VK0445	<i>Cautires corporaali</i>	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0308	<i>Cautires griseus</i>	Pahang, rd. Ipoh–Kg. Raja, 35 km E of Ipoh, 800 m	+	+	+
VK0575	<i>Cautires griseus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
AJ0071	<i>Cautires imitator</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	KR140298	+	+
AJ0072	<i>Cautires imitator</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	KR140299	+	+
MM0009	<i>Cautires imitator</i>	Cameron Highlands	KR140323	–	+
AJ0001	<i>Cautires indus</i>	Perak, 40 km, rd. Tapah–Ringlet, 1030 m, 4°23'30"N 101°22'19" E	KR140314	+	+
AJ0002	<i>Cautires indus</i>	Perak, 40 km, rd. Tapah–Ringlet, 1030 m, 4°23'30"N 101°22'19" E	KR140315	+	+



AJ0003	<i>Cautires indus</i>	Perak, 40 km, rd. Tapah–Ringlet, 1030 m, 4°23'30"N 101°22'19" E	KR140316	+	+
AJ0007	<i>Cautires indus</i>	Pahang, Tioman, Kg. Tekek–Juara, 50–300 m, 2°49'10"N 104°10'21"E	KR140318	+	+
AJ0015	<i>Cautires indus</i>	Perak, 47 km, Rd. Ipoh–Kg. Raja, 1030 m, 4°35'39"N 101°18'51"E	KR140317	+	+
AJ0045	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140293	+	+
AJ0046	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140294	+	+
AJ0047	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140295	+	+
AJ0052	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140307	+	+
AJ0050	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140305	+	+
AJ0054	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140309	+	+
AJ0056	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140311	+	+
AJ0057	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140312	+	+
AJ0038	<i>Cautires indus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140313	+	+
AJ0094	<i>Cautires indus</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	KR140319	+	+
MM0007	<i>Cautires indus</i>	Perak, 40 km SE of Ipoh	KR140322	–	+
AJ0034	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
AJ0067	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0070	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
VK0252	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
VK0253	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	+	+
VK0362	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0569	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0425	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0437	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, rd. Ipoh–Kg. Raja, 51 km E of Ipoh, 1100 m	+	–	+
VK0565	<i>Cautires jasarensis</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
AJ0028	<i>Cautires katarinae</i>	Pahang, km 12, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
VK0419	<i>Cautires kirstenae</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
AJ0042	<i>Cautires kotatingensis</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
AJ0048	<i>Cautires kotatingensis</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
A00048	<i>Cautires kotatingensis</i>	Johor, 30 km N of Kota Tinggi	HQ456967	HQ456948	HQ456990
A00050	<i>Cautires kotatingensis</i>	Johor, 30 km N of Kota Tinggi	+	–	KC538546
AJ0005	<i>Cautires linardi</i>	Pahang, Gn. Jasar, N slope, 1550 m, 4°28'56"N 101°21'55"E	+	+	+
VK0451	<i>Cautires linardi</i>	Pahang, Tanah Rata	+	+	+
VK0625	<i>Cautires linardi</i>	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
AJ0069	<i>Cautires maseki</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
VK0280	<i>Cautires maseki</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0628	<i>Cautires maseki</i>	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
VK0576	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0573	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0570	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+

VK0571	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	-	+
VK0360	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	-	+
VK0422	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	-	+
VK0533	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
AJ0076	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Jasar, E slope, 1500 m, 4°28'23"N 101°22'06"E	+	+	-
VK0243	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0257	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0258	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0266	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0516	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0517	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0518	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0525	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0241	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0273	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0281	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0282	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0318	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0319	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	-	+
VK0621	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	-	+
VK0618	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	-	+
VK0453	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata	+	-	+
VK0269	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata	+	-	+
VK0270	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata	+	+	+
AJ0065	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0010	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0080	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
VK0250	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	-	-	+
AJ0085	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
AJ0086	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
VK0566	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	-	+
VK0567	<i>Cautires nervosus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	-	+
VK0527	<i>Cautires pahangensis</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
AJ0095	<i>Cautires paraimitator</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	KR140300	+	+
AJ0008	<i>Cautires paraimitator</i>	Pahang, Tioman, Kg. Tekek–Juara, 50–300 m, 2°49'10"N 104°10'21"E	KR140301	+	+
AJ0009	<i>Cautires paraimitator</i>	Pahang, Tioman, Kg. Tekek–Juara, 50–300 m, 2°49'10"N 104°10'21"E	KR140302	+	+
AJ0026	<i>Cautires parallelus</i>	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	KR140303	+	+
AJ0060	<i>Cautires parallelus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	KR140304	+	+
MM0006	<i>Cautires pauper</i>	Perak, Ringlet	+	+	-

AJ0033	<i>Cautires pauper</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	KR140288	+	+
AJ0043	<i>Cautires pauperulus</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140291	+	+
VK0420	<i>Cautires pauperulus</i>	Pahang, Tanah Rata	KR140320	+	+
AJ0027	<i>Cautires renatae</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
AJ0035	<i>Cautires renatae</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	–
000198	<i>Cautires renatae</i>	Pahang, 30 km NE of Raub	+	–	+
LB0198	<i>Cautires renatae</i>	Pahang, 30 km NE of Raub	+	–	+
AJ0018	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, Kg. Kuala Boh, 1040 m, 4°26'25"N 101°28'14"E	+	+	+
AJ0024	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
AJ0029	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
AJ0030	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
AJ0031	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
LB0178	<i>Cautires reverandi</i>	Pahang, 30 km NE of Raub	KC538285	KC538669	KC538476
VK0430	<i>Cautires reverandi</i>	Perak, Ringlet, 40 km SE of Ipoh, 900 m, Banjaran Titi Wangsa	+	–	+
MM0018	<i>Cautires rianganus</i>	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	+	+
MM0020	<i>Cautires rianganus</i>	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0022	<i>Cautires rianganus</i>	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0023	<i>Cautires rianganus</i>	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0025	<i>Cautires rianganus</i>	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
LB0173	<i>Cautires rianganus</i>	Pahang, 30 km NE of Raub	–	–	+
LB0296	<i>Cautires rianganus</i>	Gn. Talamau, 17 km E of Simpangempat	–	–	+
LB0297	<i>Cautires rianganus</i>	Gn. Talamau	KC538305	KC538690	KC538496
LB0298	<i>Cautires rianganus</i>	Gn. Talamau, 17 km E of Simpangempat	–	–	+
LB0299	<i>Cautires rianganus</i>	Gn. Talamau, 17 km E of Simpangempat	–	–	+
AJ0011	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0073	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	–
AJ0090	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Gn. Beremban, N slope, 1580 m, 4°29'12"N 101°23'27"E	KR140289	+	+
VK0259	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0247	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0283	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0309	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1400–1650 m	+	+	+
VK0574	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0620	<i>Cautires simillimus</i>	Pahang, Tanah Rata, Gn. Jasar, 1600 m	+	–	+
MM0005	<i>Cautires simillimus</i>	Perak, Ringlet	+	+	–
LB0088	<i>Cautires tanahratensis</i>	Cameron Highlinds	KC538268	KC538654	KC538460
AJ0014	<i>Cautires tanahratensis</i>	Perak, 47 km, rd. Ipoh–Kg. Raja, 1030 m, 4°35'39"N 101°18'51"E	KR140297	+	+
AJ0051	<i>Cautires tapahensis</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140306	+	+
AJ0053	<i>Cautires tapahensis</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140308	+	+
AJ0055	<i>Cautires tapahensis</i>	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140310	+	+

LB0205	<i>Cautires</i> sp. A	Jambi, Gn. Tujuh	KC538291	KC538675	KC538482
MM0061	<i>Cautires</i> sp. A	Jambi, Gn. Kerinci	+	–	+
MM0015	<i>Cautires</i> sp. B	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0036	<i>Cautires</i> sp. B	Jambi, Kerinci Seblat NP	+	+	+
MM0039	<i>Cautires</i> sp. C	Jambi, Kerinci Seblat NP	–	+	+
MM0013	<i>Cautires</i> sp. D	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0017	<i>Cautires</i> sp. D	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0027	<i>Cautires</i> sp. D	Sumatra Barat, Lake Pasaman, Gn. Talamau	+	–	+
MM0055	<i>Cautires</i> sp. E	Jambi, Gn. Kerinci	+	–	+
MM0056	<i>Cautires</i> sp. E	Jambi, Gn. Kerinci	+	–	+
AJ0019	<i>Cautires</i> sp. F	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
AJ0020	<i>Cautires</i> sp. F	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
AJ0021	<i>Cautires</i> sp. F	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
AJ0022	<i>Cautires</i> sp. F	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
AJ0025	<i>Cautires</i> sp. F	Pahang, Kg. Kuala Boh, 960 m, 4°26'18"N 101°28'07"E	+	+	+
VK0546	<i>Cautires</i> sp. G	Sumatra Barat, Lake Maninjau, E coast, 800 m	+	+	+
VK0548	<i>Cautires</i> sp. G	Sumatra Barat, Lake Maninjau, E coast, 800 m	+	–	+
LB0174	<i>Cautires</i> sp. G	Pahang, 30 km NE of Raub	KC538283	–	KC538474
LB0197	<i>Cautires</i> sp. G	Pahang, 30 km NE of Raub	–	–	+
LB0061	<i>Cautires</i> sp. G	Sumatra Barat, Gn. Merapi, 1050 m	–	–	+
LB0056	<i>Cautires</i> sp. H	Jambi, Gn. Tujuh	KC538254	KC538641	KC538446
VK0582	<i>Cautires</i> sp. H	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	+	+
LB0054	<i>Cautires</i> sp. I	Jambi, Gn. Tujuh	+	–	+
LB0057	<i>Cautires</i> sp. I	Jambi, Gn. Tujuh	–	–	+
LB0052	<i>Cautires</i> sp. J	Jambi, Gn. Tujuh	KC538253	KC538640	KC538445
VK0216	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi; Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	–	+
VK0218	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi; Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	–	+
VK0219	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi; Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	+	+
VK0409	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0444	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
MW0026	<i>Cautires</i> sp. K	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	+	+
VK0529	<i>Cautires</i> sp. L	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
VK0554	<i>Cautires</i> sp. L	Johor, 20 km N of Kota Tinggi	+	–	+
VK0215	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi; Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	+	+
VK0404	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0407	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0439	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0441	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0446	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+

VK0447	<i>Cautires</i> sp. M	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0205	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Barat, 10 km S of Bukittinggsi, Gn. Merapi, 1600 m	+	–	+
VK0221	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	–	–
VK0405	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0411	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0412	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0440	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0503	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	–
VK0501	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	+	+
VK0502	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0225	<i>Cautires</i> sp. N	Sumatra, Seblat NP, 7km E of Kayu Aro, Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750m	+	–	–
VK0182	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0579	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0581	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	–
LB0047	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Gn. Tujuh	KC538250	KC538637	KC538442
LB0051	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Gn. Tujuh	–	–	+
LB0053	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Gn. Tujuh	–	–	+
LB0055	<i>Cautires</i> sp. N	Jambi, Gn. Tujuh	–	–	+
VK0223	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	–	+
VK0402	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0403	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0410	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0442	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0491	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0492	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0547	<i>Cautires</i> sp. O	Sumatra Barat, Lake Maninjau, E coast 800 m	+	–	+
LB0123	<i>Cautires</i> sp. P	Jawa, Trawas, Gn. Penanggungan	KC538276	+	+
VK0220	<i>Cautires</i> sp. Q	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	–	+
VK0438	<i>Cautires</i> sp. Q	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0443	<i>Cautires</i> sp. Q	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
AJ0077	<i>Cautires</i> sp. R	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
AJ0036	<i>Cautires</i> sp. S	Pahang, 12 km, rd. Kg. Raja–Gua Musang, 980 m, 4°38'15"N 101°30'11"E	+	+	+
VK0424	<i>Cautires</i> sp. S	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
VK0448	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
AJ0012	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Gn. Beremban, 1320 m, 4°27'40"N 101°23'22"E	+	+	+
AJ0016	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Gn. Jasar, N slope, 1550 m, 4°28'56"N 101°21'55"E	+	+	+
AJ0063	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Gn. Beremban, 1480 m, 4°27'51"N 101°23'26"E	+	+	+
VK0583	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0584	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+

VK0585	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0586	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0587	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0588	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0589	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0590	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0591	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0592	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0593	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0594	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0595	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
AJ0074	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1400–1600 m, 4°47'N 101°37'E	+	+	–
AJ0075	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Gn. Jasar, E slope, 1500 m, 4°28'23"N 101°22'06"E	+	+	–
AJ0081	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Gn. Brinchang, 1800 m, 4°30'34"N 101°23'09"E	+	+	+
VK0522	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
VK0528	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0530	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0531	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	+	+
VK0532	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata, 1600 m	+	–	+
VK0624	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
VK0626	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata	+	–	+
LB0070	<i>Cautires</i> sp. T	Pahang, Tanah Rata	KC538260	KC538647	KC538452
VK0214	<i>Cautires</i> sp. U	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0229	<i>Cautires</i> sp. U	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	+	+
VK0256	<i>Cautires</i> sp. V	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
VK0320	<i>Cautires</i> sp. W	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	+	+
AJ0037	<i>Cautires</i> sp. X	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	+	+	+
LB0060	<i>Cautires</i> sp. Y	Sumatra Barat, Gn. Merapi	KC538255	KC538642	KC538447
VK0577	<i>Cautires</i> sp. Z	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0578	<i>Cautires</i> sp. Z	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	+	+
VK0580	<i>Cautires</i> sp. Z	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
LB0049	<i>Cautires</i> sp. AA	Jambi, Gn. Tujuh	–	–	+
LB0050	<i>Cautires</i> sp. AA	Jambi, Gn. Tujuh	KC538252	KC538639	KC538444
VK0206	<i>Cautires</i> sp. AA	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	+	+
VK0228	<i>Cautires</i> sp. AA	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	–	+
VK0408	<i>Cautires</i> sp. AB	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
VK0413	<i>Cautires</i> sp. AB	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	–	+
VK0226	<i>Cautires</i> sp. AC	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	+	+
VK0222	<i>Cautires</i> sp. AD	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sinabung, 1400–2000 m	+	+	+

LB0072	<i>Cautires</i> sp. AD	Gn. Talamau, 17km E of Simpangempat	–	–	+
VK0230	<i>Cautires</i> sp. AE	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	–	–
VK0231	<i>Cautires</i> sp. AE	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	+	+
LB0058	<i>Cautires</i> sp. AE	Jambi, Gn. Tujuh	+	–	+
VK0203	<i>Cautires</i> sp. AF	Sumatra Barat, 10 km S of Bukittinggsi, Gn. Merapi, 1600 m	+	+	+
VK0204	<i>Cautires</i> sp. AF	Sumatra Barat, 10 km S of Bukittinggsi, Gn. Merapi, 1600 m	+	–	+
LB0059	<i>Cautires</i> sp. AF	Sumatra Barat, Gn. Merapi	+	–	+
LB0048	<i>Cautires</i> sp. AG	Jambi, Gn. Tujuh	KC538251	KC538638	KC538443
VK0212	<i>Cautires</i> sp. AG	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0211	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0213	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0207	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	+	+
VK0208	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0209	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0210	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	–
VK0224	<i>Cautires</i> sp. AH	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	–	+
VK0227	<i>Cautires</i> sp. AH	Seblat NP, 7km E of Kayu Aro Gn. Tujuh, 1°45'S 101°25'E, 1750±250 m	+	–	+
VK0497	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0498	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0499	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
VK0500	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	+	–	+
MM0060	<i>Cautires</i> sp. AH	Jambi, Gn. Kerinci	+	+	–
LB0176	<i>Cautires</i> sp. AI	Pahang, 30 km NE of Raub	–	–	+
MM0041	<i>Cautires</i> sp. AJ	Kerinci, Seblat NP	+	+	+
MM0014	<i>Cautires</i> sp. AK	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0019	<i>Cautires</i> sp. AK	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0024	<i>Cautires</i> sp. AK	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
MM0026	<i>Cautires</i> sp. AK	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	+	+
LB0295	<i>Cautires</i> sp. AK	Gn. Talamau, 17km E of Simpangempat	KC538304	KC538689	KC538495
MM0040	<i>Cautires</i> sp. AL	Kerinci, Seblat NP	+	+	+
VK0427	<i>Cautires</i> sp. AL	Seblat NP, 24km NE Tapan Muara Sako E env, 2°05'S 101°15'E, 400–550 m	+	+	+
AJ0044	<i>Cautires</i> sp. AM	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140292	+	+
VK0434	<i>Cautires</i> sp. AM	Pahang, 30 km NE Raub, Lata Lembik, 200–400 m, 3°56'N 101°38'E	KR140321	+	–
LB0177	<i>Cautires</i> sp. AM	Pahang, 30 km NE of Raub	KC538284	KC538668	KC538475
MM0034	<i>Cautires</i> sp. AM	Tanah Rata	+	+	+
MM0058	<i>Cautires</i> sp. AN	Jambi, Gn. Kerinci	+	+	+
MM0016	<i>Cautires</i> sp. AN	Sumatra Barat, Lake Maninjau	+	–	+
LB0314	<i>Cautires</i> sp. AN	Sumatra Barat, Gn. Merapi	KC538306	KC538691	KC538497
AJ0049	<i>Cautires</i> sp. AO	Perak, 24 km, rd. Tapah–Ringlet, 350 m, 4°18'39"N 101°19'52"E	KR140296	+	+

MM0038	<i>Cautires</i> sp. AP	Kerinci, Seblat NP	+	+	+
VK0406	<i>Cautires</i> sp. AQ	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak, 1600–2200 m	+	+	+
LB0315	<i>Cautires</i> sp. AR	Sumatra Barat, Gn. Merapi	KC538307	KC538692	KC538498
LB0316	<i>Cautires</i> sp. AR	Sumatra Barat, Gn. Merapi	–	–	+
LB0206	<i>Cautires</i> sp. AS	Jambi, Kersik Tua, Gn. Kerinci, 1600–2200 m	KC538292	KC538676	KC538483
MM0059	<i>Cautires</i> sp. AT	Jambi, Gn. Kerinci	+	+	+
MM0035	<i>Cautires</i> sp. AU	Kerinci, Seblat NP	+	+	+
MM0037	<i>Cautires</i> sp. AU	Kerinci, Seblat NP	+	+	+
VK0315	<i>Cautires</i> sp. AV	Pahang, Tanah Rata, 1500–1800 m	+	–	+
LB0294	<i>Cautires</i> sp. AW	Gn. Talamau, 17 km E of Simpangempat	KC538303	KC538688	KC538494
MM0042	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0043	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0044	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0045	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0046	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0047	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi	+	–	+
MM0048	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	–
MM0049	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0050	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0051	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0052	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+
MM0053	<i>Cautires</i> sp. AX	Sumatra Utara, Brastagi, Gn. Sibayak	+	–	+



**Tabulka 2.** Delimitace druhů pomocí bPTP.

Taxon	Podpora	Čísla jedinců
<i>C. linardi</i>	0.971	VK0451, AJ0005, VK0625
<i>C. griseus</i>	0.985	VK0575, VK0308
<i>C. kotatingensis</i>	0.699	A00048, A00050, AJ0042, AJ0048
<i>Cautires</i> sp. X	1.000	AJ0037
<i>Cautires</i> sp. A	0.880	MM0061, LB0205
<i>Cautires</i> sp. U	0.971	VK0229, VK0214
<i>Cautires</i> sp. F	0.999	AJ0022, AJ0020, AJ0021, AJ0025, AJ0019
<i>Cautires</i> sp. G	0.978	VK0548, VK0546, LB0061, LB0174, LB0197
<i>C. parallelus</i>	0.975	AJ0026, AJ0060
<i>Cautires</i> sp. AF	0.998	VK0204, LB0059, VK0203
<i>C. simillimus</i>	0.960	VK0283, AJ0073, VK0247, AJ0090, VK0620, AJ0011, MM0005, VK0574, VK0259, VK0309
<i>Cautires</i> sp. AE	0.952	LB0058, VK0231, VK0230
<i>Cautires</i> sp. AI	1.000	LB0176
<i>Cautires</i> sp. AV	1.000	VK0315
<i>C. indus</i>	0.974	AJ0002, MM0007, AJ0038, AJ0050, AJ0001, AJ0003, AJ0057, AJ0054, AJ0015, AJ0094, AJ0007, AJ0046, AJ0047, AJ0056, AJ0052, AJ0045
<i>C. berembanensis</i>	0.959	AJ0092, VK0278, VK0275, VK0254
<i>Cautires</i> sp. AO	1.000	AJ0049
<i>C. katarinae</i>	1.000	AJ0028
<i>Cautires</i> sp. M	0.745	VK0215, VK0441, VK0447, VK0446, VK0439, VK0404, VK0407
<i>Cautires</i> sp. L	0.995	VK0529, VK0554
<i>C. renatae</i>	0.923	AJ0035, AJ0027, LB0198, 000198
<i>Cautires</i> sp. V	1.000	VK0256
<i>Cautires</i> sp. Y	1.000	LB0060
<i>C. kirstenae</i>	1.000	VK0419
<i>Cautires</i> sp. AH	0.901	VK0211, VK0213, VK0208, VK0500, VK0499, MM0060, VK0224, VK0227, VK0497, VK0210, VK0498, VK0207, VK0209
<i>Cautires</i> sp. Z	0.932	VK0580, VK0578, VK0577
<i>Cautires</i> sp. AA	0.937	LB0049, VK0228, LB0050, VK0206
<i>C. campestris</i>	0.545	AJ0096, AJ0032, AJ0039, AJ0040, AJ0041
<i>C. jasarensis</i>	0.513	AJ0070, AJ0067, VK0569, AJ0034, VK0565, VK0252, VK0253, VK0362, VK0437, VK0425
<i>Cautires</i> sp. C	1.000	MM0039
<i>C. nervosus</i>	0.974	VK0241, VK0453, VK0567, AJ0065, VK0270, AJ0080, VK0571, VK0243, VK0618, VK0517, VK0573, VK0518, AJ0085, VK0533, VK0576, VK0516, VK0570, VK0269, VK0257, VK0282, VK0266, VK0525, VK0360, VK0273, AJ0076, VK0318, VK0319, VK0258, VK0422, AJ0010, AJ0086, VK0250, VK0281, VK0566, VK0621

<i>Cautires</i> sp. AG	0.999	LB0048, VK0212
<i>C. andujari</i>	0.971	VK0426, VK0312, VK0519, AJ0082, AJ0083, VK0251, VK0272, VK0564, VK0322
<i>C. maseki</i>	0.929	VK0280, AJ0069, VK0628
<i>Cautires</i> sp. T	0.921	VK0595, AJ0075, AJ0074, AJ0063, AJ0012, LB0070, AJ0081, AJ0016, VK0531, VK0522, VK0587, VK0584, VK0448, VK0593, VK0626, VK0624, VK0592, VK0594, VK0585, VK0590, VK0532, VK0586, VK0591, VK0588, VK0589, VK0583, VK0528, VK0530
<i>Cautires</i> sp. AT	1.000	MM0059
<i>Cautires</i> sp. AS	1.000	LB0206
<i>Cautires</i> sp. AR	0.967	LB0316, LB0315
<i>C. tanahratensis</i>	0.994	AJ0014, LB0088
<i>Cautires</i> sp. AQ	1.000	VK0406
<i>Cautires</i> sp. O	0.971	VK0223, VK0547, VK0442, VK0403, VK0402, VK0492, VK0491, VK0410
<i>Cautires</i> sp. N	0.968	VK0440, VK0411, VK0405, VK0221, VK0412, VK0205, VK0501, VK0579, LB0047, VK0503, VK0225, VK0502, LB0055, LB0051, VK0182, VK0581, LB0053
<i>Cautires</i> sp. P	1.000	LB0123
<i>C. tapahensis/rianganus</i>	0.984	AJ0053, AJ0055, AJ0051/MM0018, MM0020, MM0025, MM0023, MM0022, LB0173, LB0299, LB0296, LB0298, LB0297
<i>Cautires</i> sp. AX	0.947	MM0044, MM0048, MM0045, MM0047, MM0050, MM0052, MM0046, MM0053, MM0051, MM0042, MM0049, MM0043
<i>Cautires</i> sp. W	1.000	VK0320
<i>C. communis</i>	0.998	VK0512, VK0265, VK0313, VK0277, AJ0087, VK0310, VK0264, VK0262, AJ0013, VK0263, VK0523, VK0242, AJ0093, AJ0061, VK0421, VK0361, VK0274, AJ0004, AJ0091, VK0572, VK0276, VK0245, VK0515, AJ0068, VK0623, AJ0006, AJ0084, VK0568, VK0311, VK0520, VK0316, VK0418, VK0619, VK0513, VK0524, VK0514, VK0267, VK0279, VK0314, VK0246, VK0261, VK0260, VK0317, VK0323, VK0526, VK0622, VK0321, VK0255, VK0244, VK0324, VK0563, VK0450, VK0268, VK0521, VK0271, VK0325
<i>C. pahangensis</i>	1.000	VK0527
<i>Cautires</i> sp. S	0.934	VK0424, AJ0036
<i>C. pauper</i> (1)	1.000	AJ0033
<i>C. pauper</i> (2)	1.000	MM0006
<i>Cautires</i> sp. E	0.996	MM0056, MM0055
<i>Cautires</i> sp. D	0.969	MM0027, MM0013, MM0017
<i>Cautires</i> sp. R	1.000	AJ0077
<i>C. arribasae</i>	0.988	AJ0079, AJ0078, AJ0064, AJ0058, AJ0059, AJ0066, AJ0062
<i>Cautires</i> sp. J	1.000	LB0052
<i>Cautires</i> sp. K	0.817	VK0409, VK0219, VK0218, VK0216, MW0026, VK0444
<i>C. alexae</i>	0.993	VK0433, VK0432
<i>Cautires</i> sp. AC	1.000	VK0226
<i>Cautires</i> sp. AW	1.000	LB0294
<i>C. corporaali</i>	0.996	MM0057, VK0445, MM0054

<i>Cautires</i> sp. B (1)	1.000	MM0036
<i>Cautires</i> sp. B (2)	1.000	MM0015
<i>Cautires</i> sp. H	0.998	LB0056, VK0582
<i>Cautires</i> sp. I	0.999	LB0054, LB0057
<i>C. imitator</i>	0.929	MM0009, AJ0071, AJ0072
<i>Cautires</i> sp. AP	0.998	MM0038
<i>Cautires</i> sp. AL	0.995	VK0427, MM0040
<i>Cautires</i> sp. AM	0.976	LB0177, VK0434, MM0034, AJ0044
<i>Cautires</i> sp. AN / <i>pauperulus</i>	0.785	MM0058, MM0016, LB0314/VK0420, AJ0043
<i>Cautires</i> sp. AJ	0.982	MM0041
<i>Cautires</i> sp. AK	0.982	MM0014, MM0019, MM0026, LB0295, MM0024
<i>C. paraimitator</i> (1)	0.934	AJ0095
<i>C. paraimitator</i> (2)	0.933	AJ0009, AJ0008
<i>Cautires</i> sp. AD (1)	0.784	VK0222
<i>Cautires</i> sp. AD (2)	0.784	LB0072
<i>Cautires</i> sp. AB (1)	0.591	VK0408
<i>Cautires</i> sp. AB (2)	0.591	VK0413
<i>Cautires</i> sp. AU (1)	0.504	MM0037
<i>Cautires</i> sp. AU (2)	0.504	MM0035
<i>Cautires</i> sp. Q	0.730	VK0443, VK0220, VK0438
<i>C. reverandi</i>	0.742	LB0178, AJ0031, AJ0029, AJ0024, VK0430, AJ0030, AJ0018

---

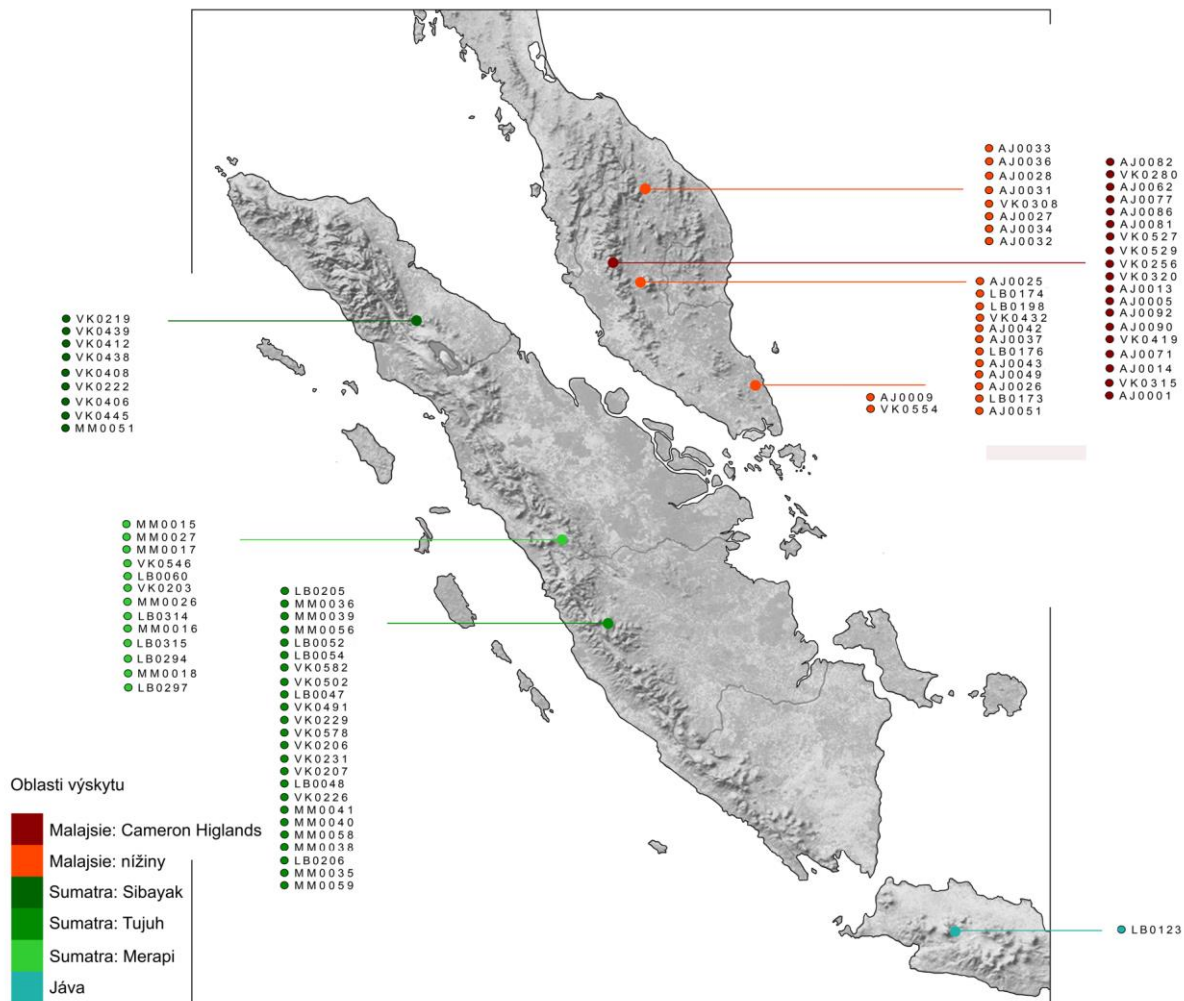
**Tabulka 3.** Delimitace druhů pomocí Species Identifier.

Druhy <i>Cautires</i>	Počet jedinců	Minimální intraspecifická vzdálenost (%)	Maximální intraspecifická vzdálenost (%)	Nejbližší druh	Minimální extraspecifická vzdálenost (%)	Maximální extraspecifická vzdálenost (%)
<i>C. alexae</i>	2	0.45	-	<i>C. sp. K</i>	2.35	2.44
<i>C. andujari</i>	9	0.99	1.35	<i>C. sp. R</i>	7.15	7.69
<i>C. arribasae</i>	7	0.45	0.72	<i>C. sp. R</i>	4.07	4.43
<i>C. berembanensis</i>	4	0.27	0.54	<i>C. sp. AD</i>	11.59	11.68
<i>C. campestris</i>	4	0.09	0.27	<i>C. jasarensis</i>	1.08	1.44
<i>C. communis</i>	56	1.08	1.81	<i>C. sp. W</i>	4.98	5.52
<i>C. corporaali</i>	3	0.36	0.54	<i>C. sp. AW</i>	2.26	2.53
<i>C. griseus</i>	2	0.09	0.09	<i>C. sp. uU</i>	12.68	12.68
<i>C. imitator</i>	2	0.09	0.09	<i>C. sp. AP/paraimitator</i>	3.07	3.17
<i>C. indus</i>	16	0.54	0.72	<i>C. sp. AO/AW/corporaali</i>	11.86	12.22
<i>C. jasarensis</i>	10	0.36	0.63	<i>C. campestris</i>	1.08	1.44
<i>C. katarinae</i>	1	-	-	<i>C. sp. U</i>	10.32	-
<i>C. kirstenae</i>	1	-	-	<i>C. sp. AD</i>	9.6	-
<i>C. kotatingensis</i>	4	0.45	0.81	<i>C. sp. U</i>	10.77	11.5
<i>C. linardi</i>	3	0.09	0.09	<i>C. sp. U</i>	15.39	-
<i>C. maseki</i>	3	0.9	0.9	<i>C. arribasae</i>	4.89	5.07
<i>C. nervosus</i>	34	0.9	1.26	<i>C. sp. T</i>	11.23	11.59
<i>C. pahangensis</i>	1	-	-	<i>C. sp. S</i>	5.43	-
<i>C. paraimitator</i>	3	1.72	1.72	<i>C. sp. AP</i>	2.17	2.17
<i>C. parallelus</i>	2	0.09	0.09	<i>C. paraimitator</i>	11.41	11.5
<i>C. pauper</i>	2	2.17	2.17	<i>C. sp. E/sp. D</i>	2.71	4.61
<i>C. pauperulus</i>	2	0.45	0.45	<i>C. sp. AN</i>	0.9	0.99
<i>C. renatae</i>	4	0.54	0.72	<i>C. campestris</i>	11.05	11.32
<i>C. reverandi</i>	7	0.36	0.63	<i>C. sp. Q</i>	1.72	2.08
<i>C. riananus</i>	6	0.72	0.81	<i>C. tapahensis</i>	0.81	0.9
<i>C. simillimus</i>	10	0.63	0.9	<i>C. sp. AE</i>	12.13	12.68
<i>C. sp. A</i>	2	0.18	0.18	<i>C. sp. U</i>	13.67	-
<i>C. sp. AA</i>	3	0.45	0.54	<i>C. sp. Z</i>	10.05	10.32
<i>C. sp. AB</i>	2	0.54	0.54	<i>C. sp. Z</i>	11.59	11.68
<i>C. sp. AC</i>	1	-	-	<i>C. sp. AD</i>	3.17	-
<i>C. sp. AD</i>	1	-	-	<i>C. sp. AC</i>	3.17	-
<i>C. sp. AE</i>	3	0.09	0.09	<i>C. sp. Z</i>	11.5	11.59
<i>C. sp. AF</i>	3	0.27	0.36	<i>C. sp. AD</i>	12.4	12.5

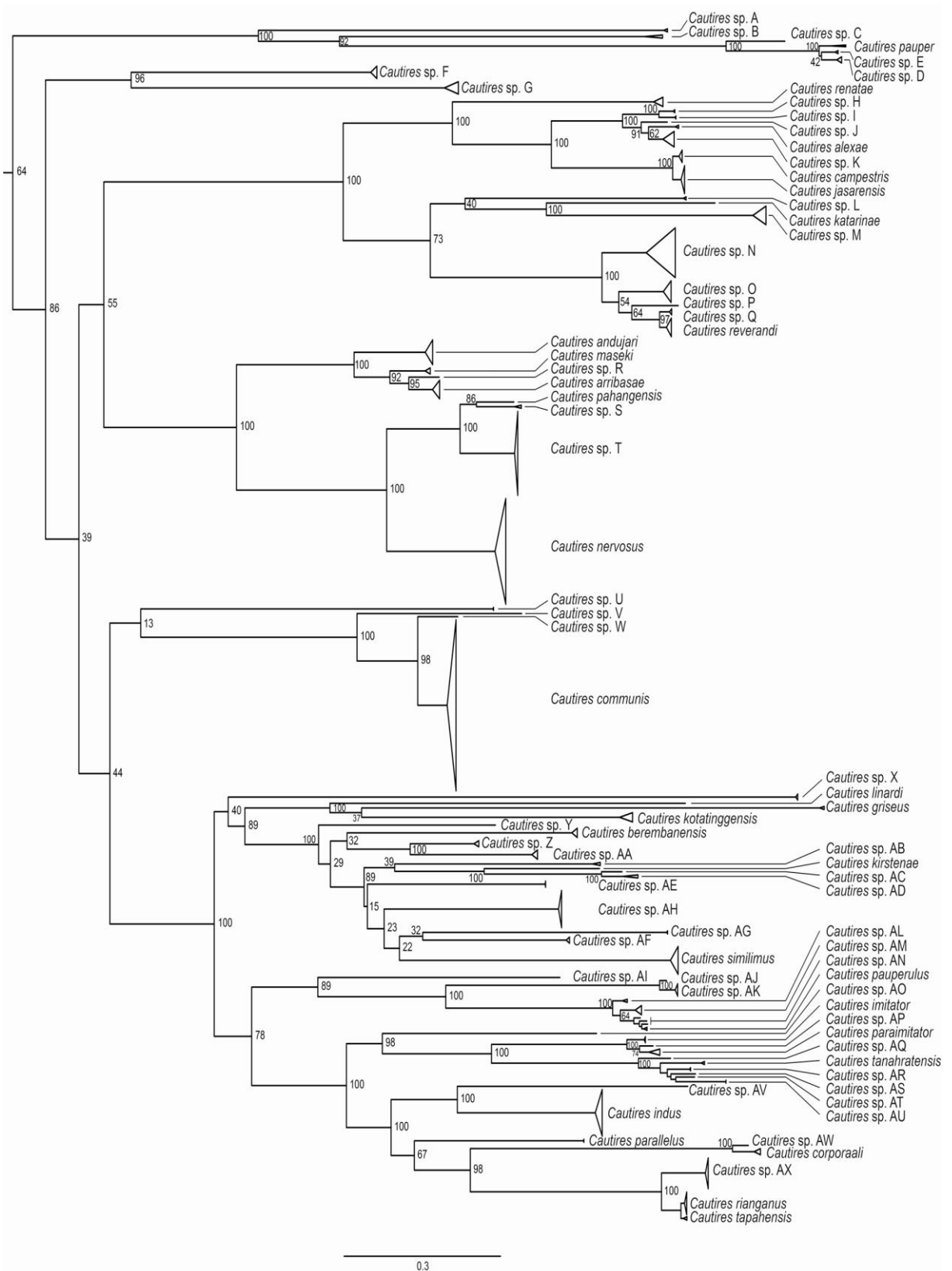
C. sp. AG	2	0.18	0.18	C. sp. U/sp. AH	13.76	13.86
C. sp. AH	13	0.18	0.36	C. sp. AE	12.13	12.4
C. sp. AJ	1	-	-	C. sp. AK	1.72	-
C. sp. AK	5	0.18	0.27	C. sp. AJ	1.72	1.81
C. sp. AL	2	0.09	0.09	C. sp. AM	2.8	2.89
C. sp. AM	4	0.9	1.08	C. sp. AL	2.8	3.44
C. sp. AN	3	2.17	2.35	<i>C. pauperulus</i>	0.9	1.99
C. sp. AO	1	-	-	C. sp. AT	11.5	-
C. sp. AP	1	-	-	<i>C. paraimitator</i>	2.17	-
C. sp. AQ	1	-	-	C. sp. AR	3.8	-
C. sp. AR	1	-	-	C. sp. AT	2.71	-
C. sp. AS	1	-	-	C. sp. AT	3.07	-
C. sp. AT	1	-	-	C. sp. AR	2.71	-
C. sp. AU	2	0	0	C. sp. AR	3.62	-
C. sp. AW	1	-	-	<i>C. corporaali</i>	2.26	-
C. sp. AX	12	0.45	0.45	<i>C. riananus</i>	3.71	4.07
C. sp. B	2	2.62	2.62	C. sp. U	14.03	14.13
C. sp. D	3	0.72	0.81	C. sp. E	2.71	2.8
C. sp. E	2	0.09	0.09	<i>C. pauper</i>	2.71	2.8
C. sp. F	5	0.54	0.72	C. sp. U	11.14	11.41
C. sp. G	3	0.81	0.81	C. sp. U	10.23	10.41
C. sp. H	2	0.18	0.18	C. sp. I	1.99	2.17
C. sp. I	1	-	-	C. sp. H	1.99	-
C. sp. J	1	-	-	C. sp. K	2.35	-
C. sp. K	6	0.36	0.45	<i>C. alexae/sp. J</i>	2.35	2.44
C. sp. L	2	0.54	0.54	<i>C. katarinae</i>	11.23	-
C. sp. M	7	0.9	0.99	<i>C. katarinae</i>	10.5	10.86
C. sp. N	14	1.44	1.72	<i>C. reverandi</i>	4.52	6.34
C. sp. O	8	0.54	0.72	<i>C. sp. Q/reverandi</i>	4.52	4.8
C. sp. R	1	-	-	<i>C. arribasae</i>	4.07	-
C. sp. S	2	1.17	1.17	<i>C. pahangensis</i>	5.43	5.79
C. sp. T	18	0.09	0.27	<i>C. pahangensis</i>	6.34	6.52
C. sp. U	2	0.09	0.09	<i>C. sp. G/katarinae</i>	10.23	13.04
C. sp. V	1	-	-	<i>C. communis</i>	11.23	-
C. sp. W	1	-	-	<i>C. communis</i>	4.98	-
C. sp. X	1	-	-	<i>C. kotatingensis</i>	12.13	-
C. sp. Y	1	-	-	<i>C. sp. Z</i>	11.41	-

<i>C. sp. Z</i>	3	0.27	0.45	<i>C. sp. AA</i>	10.05	10.14
<i>C. tanahratensis</i>	2	0.45	0.45	<i>C. sp. AS</i>	3.89	3.98
<i>C. tapahensis</i>	3	0.45	0.54	<i>C. rianganus</i>	0.81	1.08

---

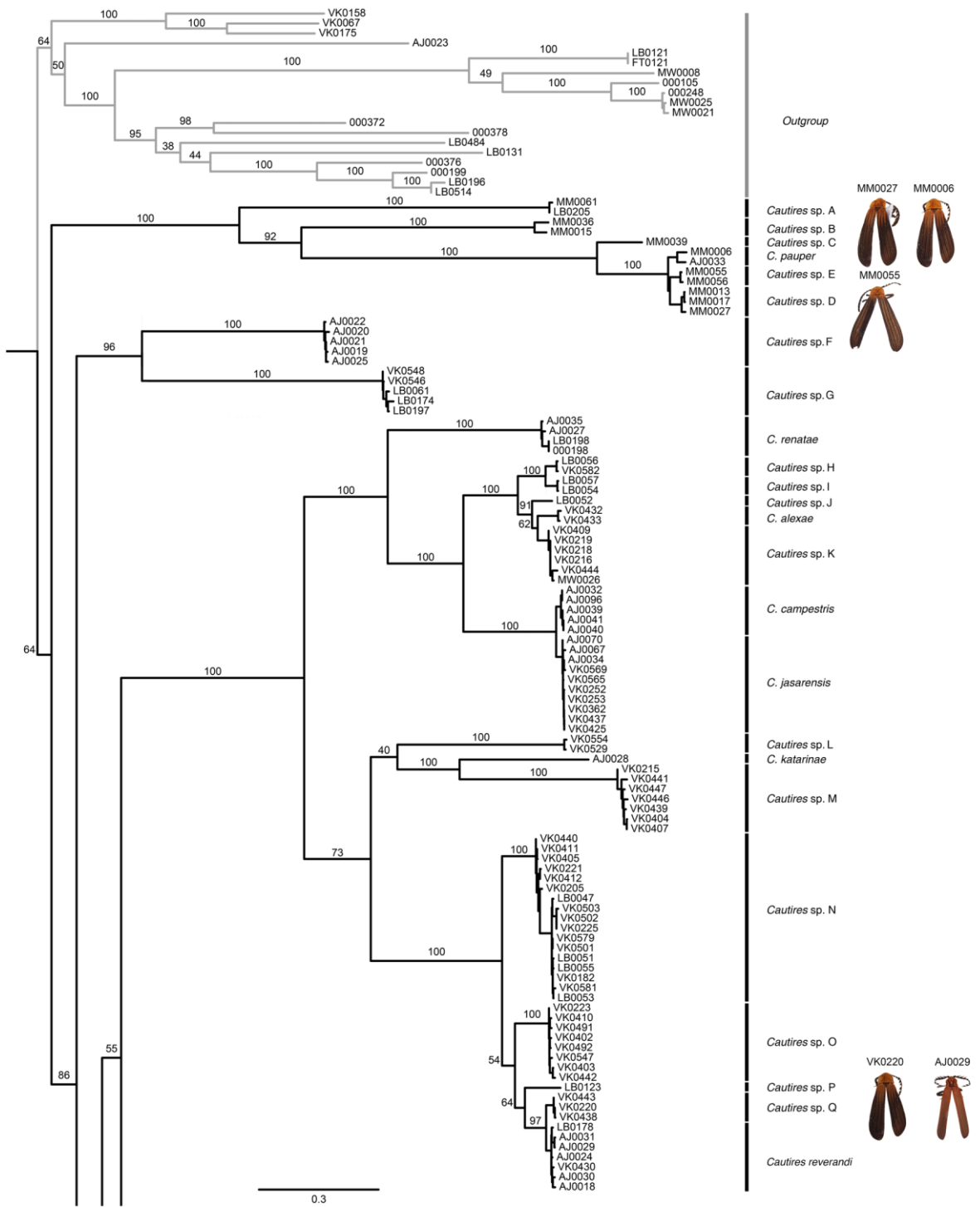


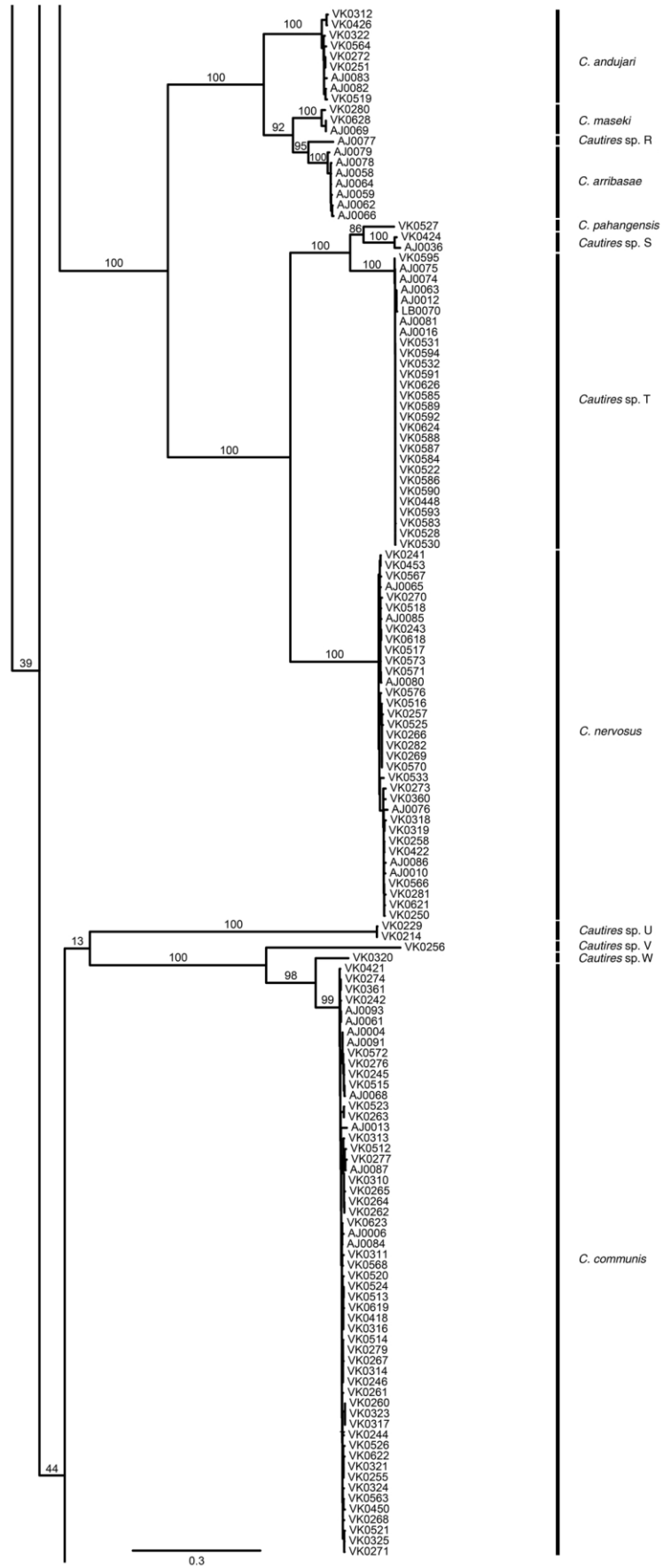
Obrázek 1. Mapa oblastí výskytu studovaných jedinců.

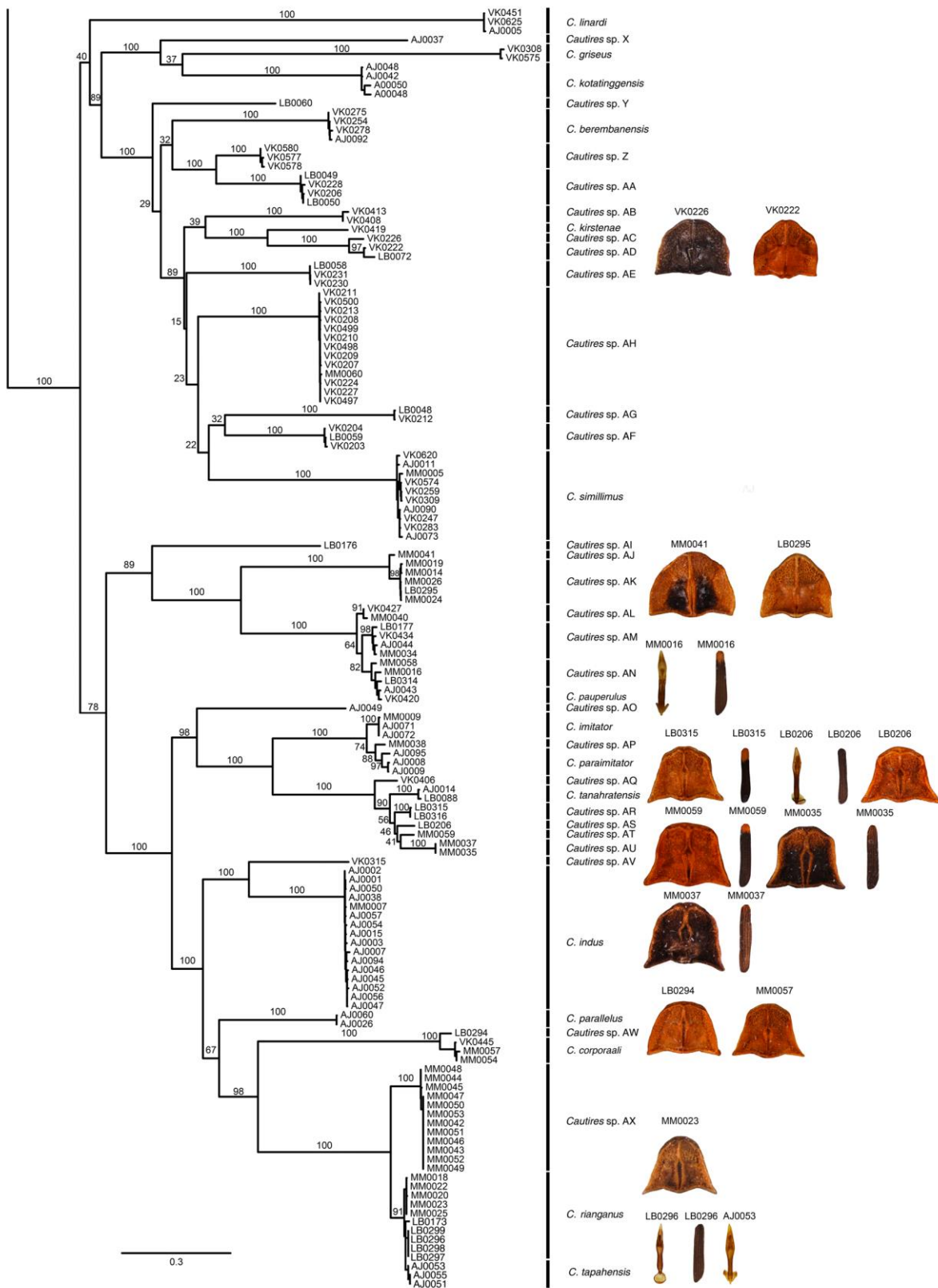


**Obrázek 2.** Zkolabovaný fylogenetický strom.

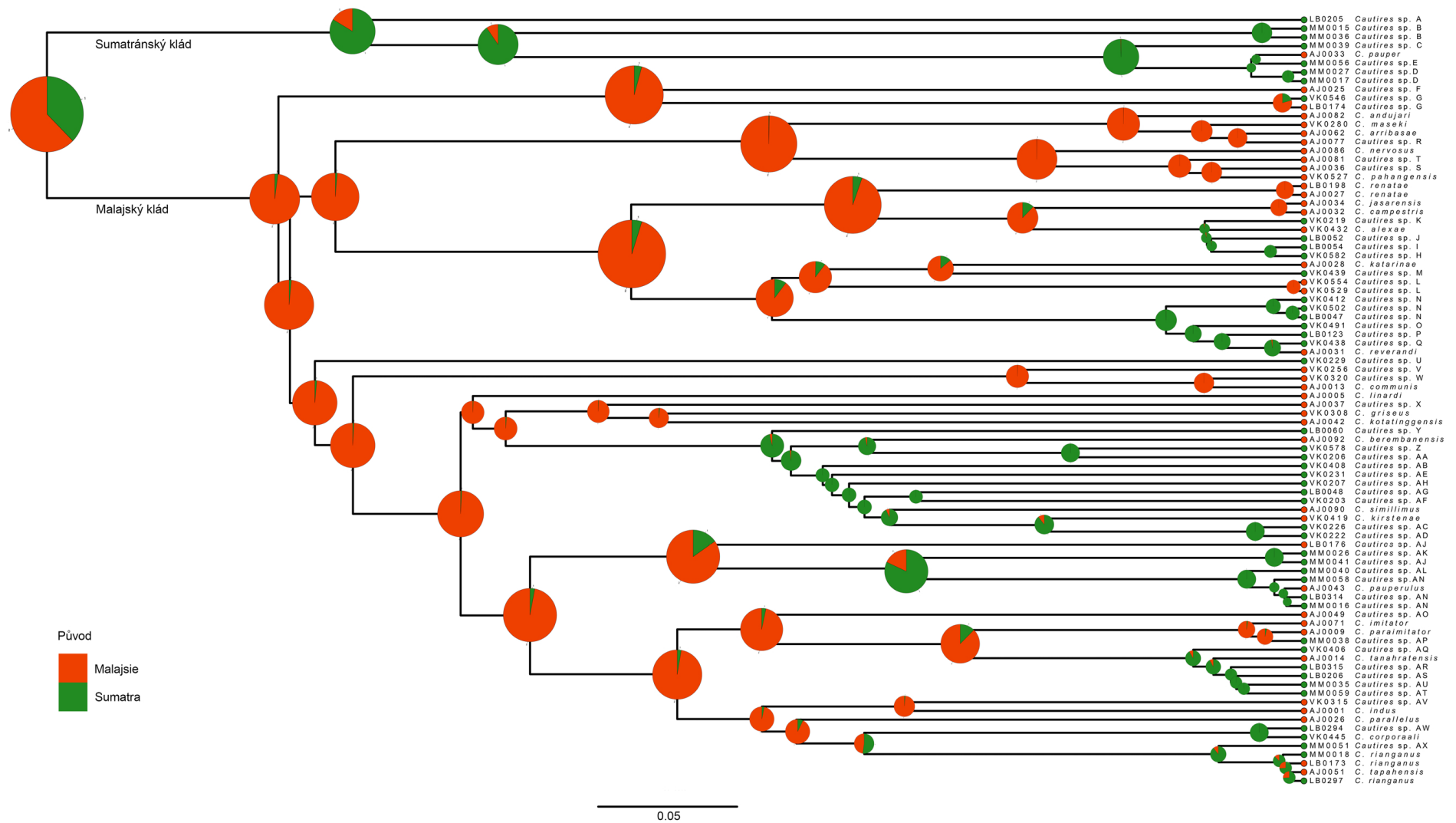




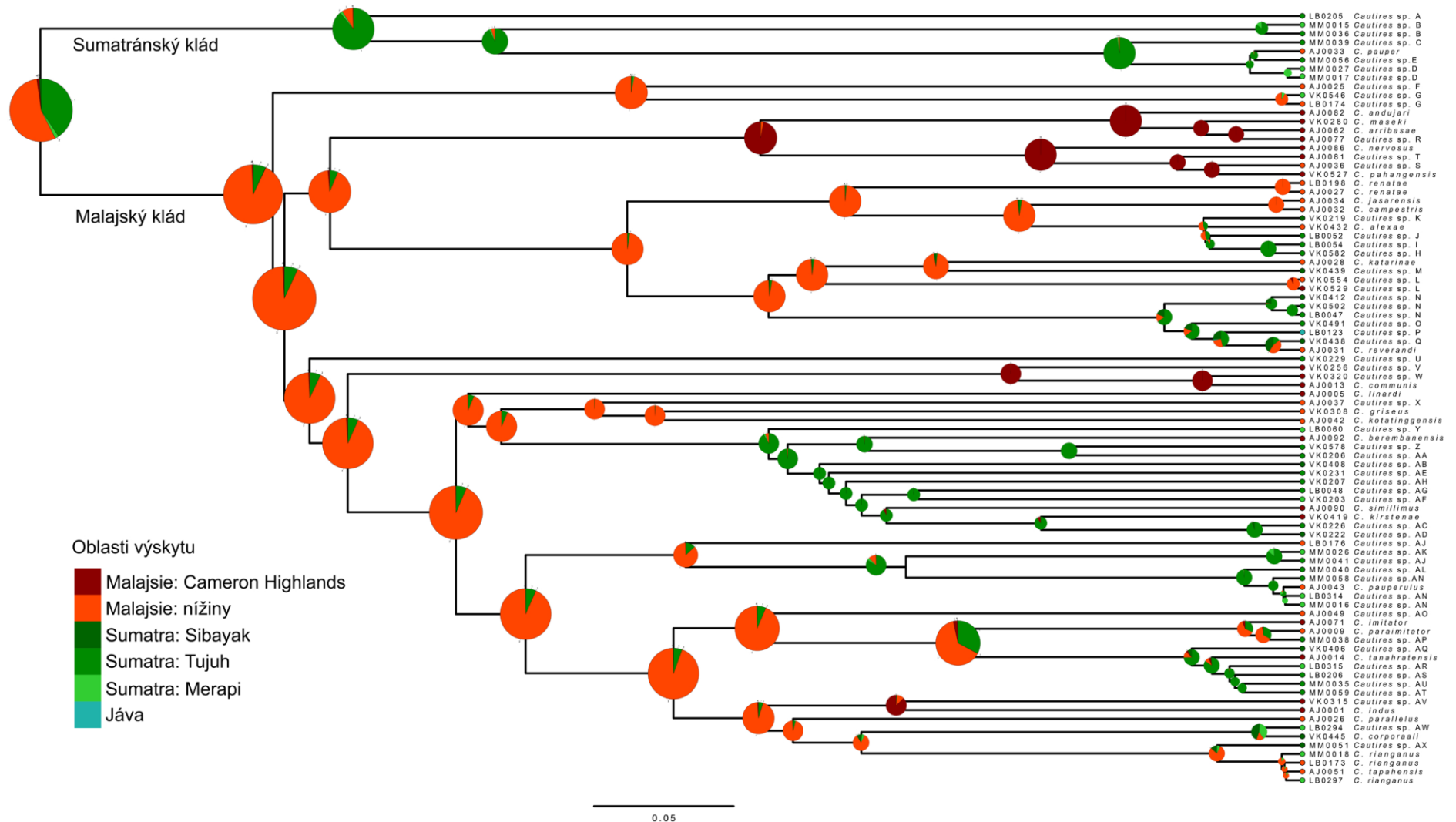




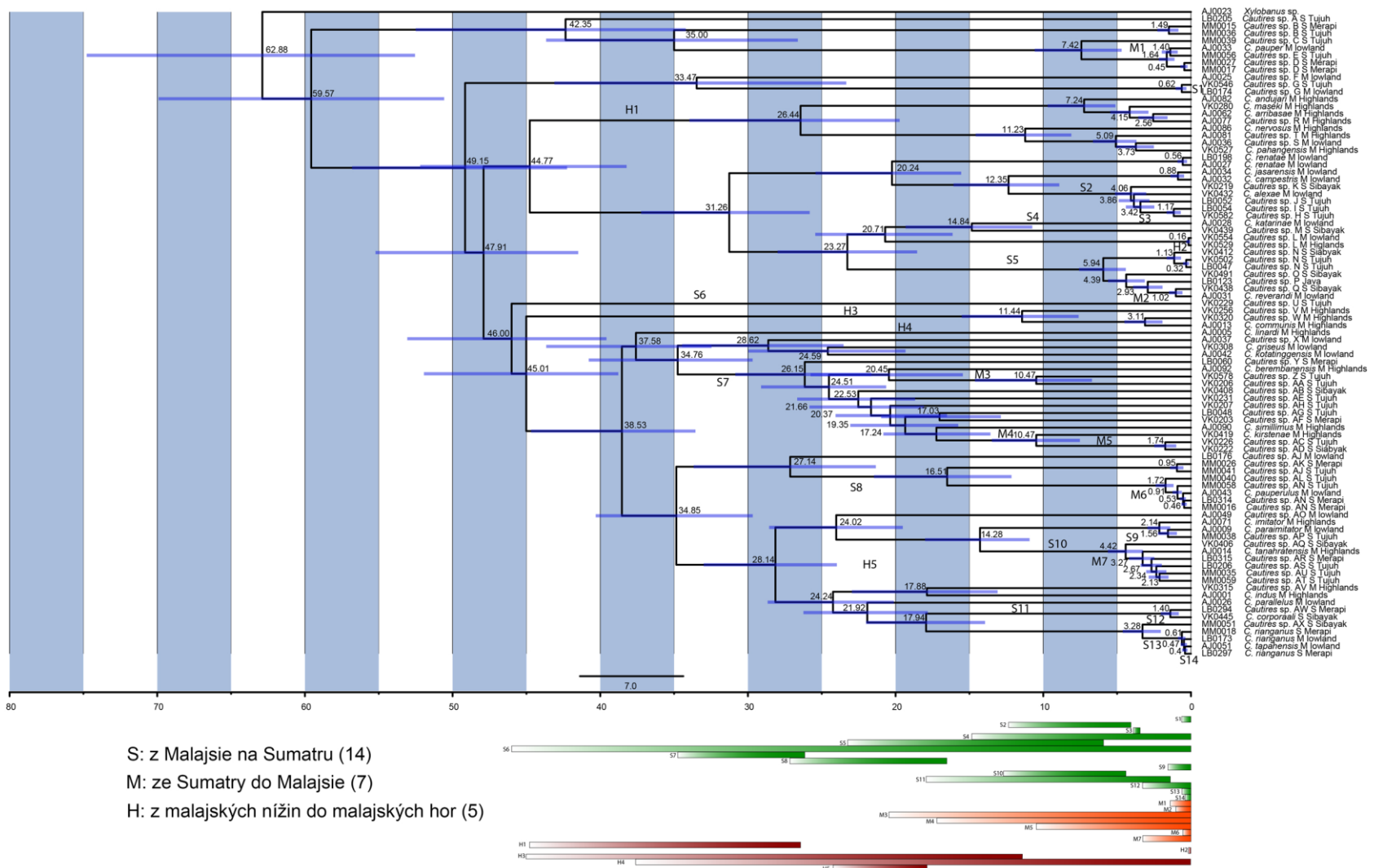
Obrázek 3. Fylogenetický strom s ilustracemi problematických druhů.



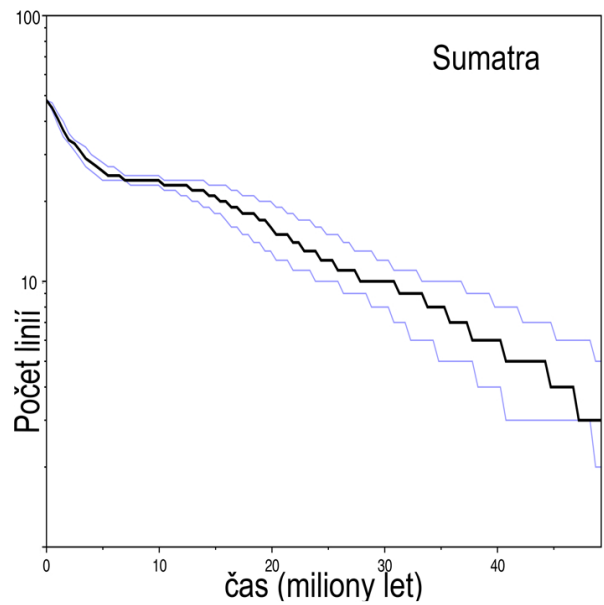
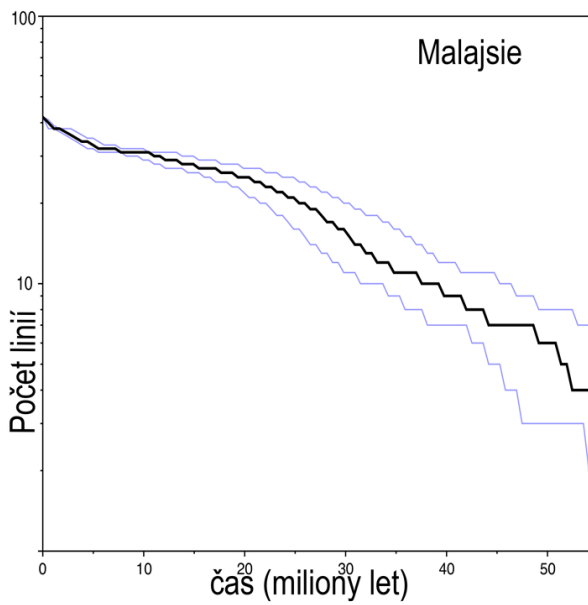
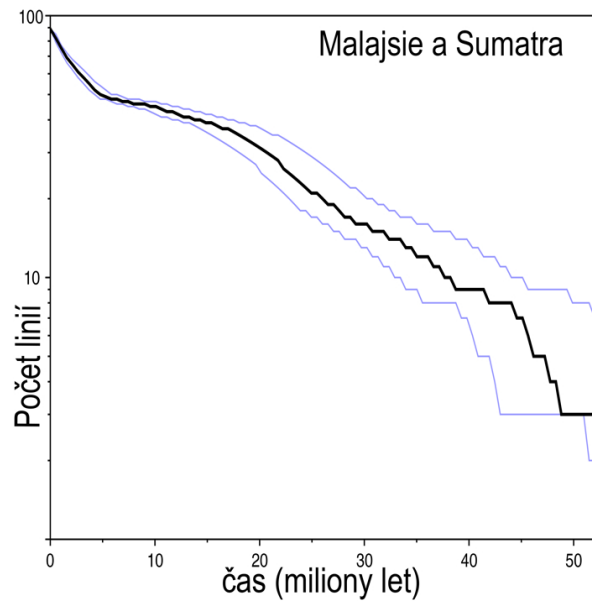
Obrázek 4. Rekonstrukce ancestrálních území: Sumatra a Malajsie.



**Obrázek 5.** Rekonstrukce ancestrálních území: Malajsie: nížiny, Malajsie: Cameron Highlands, Sumatra: Tujuh, Sumatra: Sibayak a Sumatra: Merapi.



Obrázek 6. Datování speciálních a disperzních událostí.



**Obrázek 7.** Množství speciálních událostí v čase.