



UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLÁS DE HIDALGO



FACULTAD DE BIOLOGÍA

PROGRAMA INSTITUCIONAL DE DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Historia de vida y diversidad genética del género *Naphrys* Edwards, 2003 (Salticidae: Euophryini) del centro-occidente de México

TESIS

Para obtener el grado de

Doctor en Ciencias Biológicas

Opción: Conservación y Manejo de recursos Naturales

Presenta:

M. en C. Juan Maldonado Carrizales

Comité Tutorial:

Dr. Javier Ponce Saavedra. Facultad de Biología-UMSNH

Dr. Alejandro Valdez Mondragón. Colección de Arácnidos e Insectos-CIBNOR

Dra. María Luisa Jiménez Jiménez. Colección de Arácnidos e Insectos-CIBNOR

Dra. Margarita Vargas Sandoval. Facultad de Biología-UMSNH

Dr. Rodolfo Pérez Rodríguez. Facultad de Biología-UMSNH

Morelia, Michoacán

Abril 2025

DEDICATORIA

Para Diana y Quetzali,
Por su paciencia, apoyo y amor...
¡las amo infinitamente!

AGRADECIMIENTOS

En principio, quisiera agradecer a Diana Ávila Trejo, por todo tu apoyo, paciencia, comprensión y amor, gracias por estar a mi lado siempre, por cuidarme, por cuidarnos... gracias infinitamente ¡te amo toda!

A mi hija Quetzali Maldonado Ávila, por ser paciente cuando estaba ocupado y no podía jugar contigo, por ser mi inspiración a ser mejor para ti, por llegar a mi vida y convertirte en ella ¡Te amo!

A mi madre Karina Carrizales Torres, porque nada de esto hubiera sido posible sin tu amor ni tu apoyo, gracias gracias gracias por enseñarme a trabajar, a ser mejor siempre y no rendirme ¡Te amo mamá!

A mi abuela Ma. de la Luz Torres Trejo, que cuando salí de la licenciatura me compró tres trajes y a manera de broma le dije que los usaría hasta terminar el doctorado (que bueno que no engordé y sí, esta vez toca el traje gris). Gracias por estar ahí siempre, por cuidarnos, por todo.

A mi tía Margarita Torres Trejo, que junto con mi abuela han sido siempre como mis otras mamás, gracias por siempre cuidarme, enseñarme lo que es la familia y nunca rendirnos, gracias por todo.

A mi padre (Q.E.P.D.) Juan Maldonado Infante, que donde quiera que estés se que estás orgulloso y sin tus consejos no estaría aquí. Gracias.

Un agradecimiento especial para el Dr. Javier Ponce Saavedra, mi asesor en mi formación académica desde la licenciatura, gracias por la paciencia y las enseñanzas, por mostrarme como ser un buen científico y sobre todo, gracias por los consejos, las vivencias y su amistad. Gracias, me siento honrado de llamarlo mi amigo.

Al Dr. Alejandro Valdez Mondragón, de quien he aprendido que la disciplina y constancia ayudan a forjar a un buen científico, que trabajando es como se sale adelante. Gracias por los consejos y regaños, sin duda un ejemplo.

A la Dra. María Luisa Jiménez Jiménez, a quien solo conocía por su gran trayectoria científica y que al conocerla personalmente me demostró la gran calidad de persona que es. Una gran inspiración y una gran científica. Gracias por formar parte del comité y por todos sus comentarios y observaciones.

A la Dra. Margarita Vargas Sandoval, por todos sus consejos y apoyo desde la maestría, porque me ha enseñado a seguir adelante a pesar de las dificultades. Gracias por formar parte del comité y por todos sus comentarios y observaciones.

Al Dr. Rodolfo Pérez Rodríguez quien, a pesar de los detalles en la obtención del ADN, confió en el trabajo y sobre todo que, durante mi formación, me orientó a para poder tener un

trabajo de calidad. Gracias por formar parte del comité y por todos sus comentarios y observaciones.

Por último, pero no menos importante, a todos los compañeros que están o estuvieron en el Laboratorio de Entomología y me acompañaron a campo o estuvieron ahí para hacer menos pesada esta travesía. A Erick, Lisbeth, Silvano, Nayeli, Rodrigo, Mauricio, Lin, Randy, Michel, Blanca, Paco, Yuk, Willy, Carlos, Carmina, Derek, Neto... a todos ¡GRACIAS! les deseo todo el éxito.

CONTENIDO

RESUMEN GENERAL	5
ABSTRACT	6
I. INTRODUCCIÓN GENERAL	7
II. HIPÓTESIS	10
III. OBJETIVOS.....	11
Objetivo General	11
Objetivos Específicos	11
IV. <i>CAPÍTULO I</i>	12
V. <i>CAPÍTULO II</i>	75
VI. DISCUSIÓN GENERAL	107
VII. CONCLUSIONES	109
VIII. LITERATURA CITADA.....	110

RESUMEN GENERAL

Dentro del orden Araneae, la familia Salticidae, con más de 6,800 especies descritas, representa el grupo más diverso a nivel mundial. Dentro de esta familia, la tribu Euophryini destaca como uno de los linajes más diversos, con más de 1,000 especies. El género *Naphrys* es un representante destacado de dicha tribu, reportado principalmente en el centro y noreste de Estados Unidos, Canadá y el noreste de México. No obstante, existen registros adicionales en regiones más al sur del territorio mexicano. Mediante el uso de taxonomía integradora, que combina datos morfológicos, ultramorfológicos, genéticos y ecológicos, se identificaron y describieron tres nuevas especies distribuidas en el centro-occidente de México: *Naphrys echeri*, *Naphrys tecoxquin* y *Naphrys tuuca*. Además, se realizó un análisis integral de observaciones de laboratorio y campo que permitieron documentar aspectos clave de la historia natural de estas especies. Aunque las tres especies muestran un pico en la abundancia de adultos durante los meses lluviosos, dicha abundancia no parece estar directamente relacionada con las precipitaciones; sin embargo, en algunos casos, la temperatura sí mostró influencia significativa. Bajo condiciones controladas de laboratorio, se documentó por primera vez que las especies del género *Naphrys* construyen refugios para realizar el proceso de muda, el cual ocurre en promedio cada dos meses, siendo necesarias cinco mudas para alcanzar la etapa adulta. Como un hallazgo adicional, se reporta la presencia de un nematodo endoparásito de la familia Mermithidae parasitando a la especie *N. tecoxquin*, lo que constituye el primer registro de interacción de este tipo para una araña en México. Los resultados de este estudio resaltan la relevancia de México como el país con el mayor número de especies endémicas del género *Naphrys* y lo posicionan, junto con Estados Unidos, como uno de los países con la mayor riqueza de especies de este género.

Palabras clave: Taxonomía integradora; Nuevas especies; Historia de vida; Arañas Saltarinas; Factor de crecimiento

ABSTRACT

Within the order Araneae, the family Salticidae, with over 6,800 described species, represents the most diverse group worldwide. Within this family, the tribe Euophryini stands out as one of the most diverse lineages, with more than 1,000 species. The genus *Naphrys* is a notable representative of this tribe, primarily reported in the central and northeastern Estados Unidos, Canadá, and northeastern Mexico. However, additional records exist in regions further south within Mexico. Through the use of integrative taxonomy, combining morphological, ultramorphological, genetic, and ecological data, three new species distributed in central-western Mexico were identified and described: *Naphrys echeri*, *Naphrys tecoxquin*, and *Naphrys tuuca*. Additionally, a comprehensive analysis of laboratory and field observations was conducted, documenting key aspects of the natural history of these species. Although the three species exhibit a peak in adult abundance during the rainy months, this abundance does not appear to be directly related to precipitation; however, in some cases, temperature showed a significant influence. Under controlled laboratory conditions, it was documented for the first time that species of the genus *Naphrys* build shelters for molting, a process that occurs approximately every two months, requiring five molts to reach adulthood. As an additional finding, the presence of an endoparasitic nematode from the family Mermithidae was reported parasitizing the species *N. tecoxquin*, constituting the first record of this type of interaction for a spider in Mexico. The results of this study highlight Mexico's importance as the country with the highest number of endemic species of the genus *Naphrys* and position it, alongside the Estados Unidos, as one of the countries with the greatest species richness within this genus.

Keywords: Integrative taxonomy; New species; History life; Jumping spiders; Growth factor.

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

El orden Araneae, comúnmente conocido como arañas es considerado como uno de los grupos megadiversos con más de 52,000 especies descritas (World Spider Catalog, 2025). Estas arañas han colonizado una amplia variedad de nichos ecológicos, desde las regiones árticas hasta los desiertos, y algunas especies han logrado desarrollar su ciclo de vida en hábitats acuáticos de agua dulce (Rash y Hodgson, 2002; Seyyar y Demir, 2009; Foelix, 2011; Ubick et al., 2017). A diferencia de otros taxa megadiversos, cuya evolución está marcada por diversas estrategias tróficas. El orden Araneae se caracteriza por su composición exclusiva de depredadores (Coddington y Levi, 1991), lo que podría explicar en parte su éxito evolutivo, asociado con la utilización de la seda y el veneno como herramientas para cazar (Li et al., 2022).

Una de las familias más destacadas dentro del orden es la familia Salticidae, que agrupa a más de 6,800 especies distribuidas en 689 géneros (World Spider Catalog, 2025). Las arañas saltarinas se distinguen por sus grandes ojos medios anteriores, ubicados en la parte frontal del prosoma, lo que les otorga una visión de alta resolución (Blest et al., 1984; Cerveira et al., 2019). Estas arañas exhiben una notable diversidad morfológica y de colores, algunas incluso imitan especies de pseudoescorpiones, hormigas o escarabajos y presentan una amplia gama de coloración, que va desde tonalidades pardas hasta colores metálicos, derivados de pigmentos o escamas en su tegumento (Reiskind, 1977; Platnick, 1984; Richman, 2008). Además, las arañas saltarinas son conocidas por sus complejos cortejos previos a la copulación (Jackson, 1977; Richman y Jackson, 1992; Maddison y Hedin, 2003; Hill y Richman, 2009).

Dentro de esta familia, la tribu Euophryini, con más de 1,000 especies distribuidas en 116 géneros (Edwards, 2003; Maddison, 2015; Zhang y Maddison, 2015), se encuentra ampliamente representada, con una mayor diversidad en las zonas tropicales (Zhang y Maddison, 2015; Maddison, 2015). El género *Naphrys* Edwards, 2003, uno de los representantes de esta tribu, agrupa cuatro especies: *Naphrys acerba* (Peckham y Peckham, 1909), *Naphrys bufoides* (Chamberlin e Ivie, 1944), *Naphrys pulex* (Hentz, 1846) y *Naphrys xerophila* (Richman, 1981) (Edwards, 2003; World Spider Catalog, 2025). Estas especies se distribuyen en diversas regiones de Norteamérica, como el noreste de México, sur de los Estados Unidos, Canadá y la península de Florida (Richman, 1981; Edwards, 2002; Richman et al., 2011).

Las arañas de este género son de tamaño pequeño, generalmente menores a 5 mm, de coloración oscura y capacidad para tolerar temperaturas frías; se asocian principalmente al suelo, aunque algunas especies también se encuentran en hojarasca con una humedad moderada (Richman, 1981; Zhang y Maddison, 2013). Recientemente, diversos estudios han reportado la presencia del género *Naphrys* en varias regiones de México, como Chiapas, Jalisco y Michoacán (Ibarra-Núñez et al., 2011; Maddison, 2015; Maldonado-Carrizales y Ponce-Saavedra, 2017), aunque no se ha logrado asignar las especies a un nombre específico.

En relación con la evolución de la tribu Euophryini, Zhang y Maddison (2013) han propuesto que el género *Naphrys* podría estar estrechamente relacionado con el género *Corticattus* Zhang y Maddison, 2012, que se encuentra en Puerto Rico, aunque sin profundizar sobre la presencia de este género en Norteamérica. Las características de las arañas del género *Naphrys*, como su tolerancia a bajas temperaturas y su tamaño pequeño, sugieren que podrían disponer de estrategias para la dispersión y supervivencia en una amplia gama de hábitats.

La identificación y clasificación de especies son fundamentales en la biología, ya que muchas preguntas sobre evolución, ecología, biología de la conservación y biogeografía dependen del conocimiento preciso de las especies (Dayrat, 2005).

La taxonomía, la ciencia encargada de clasificar y nombrar a las especies, también involucra la definición de conceptos teóricos de especie (Schlick-Steiner et al., 2010). Dado que se han propuesto más de 20 conceptos de especie (Mayden et al., 1997; Mayden, 1999; de Queiroz, 2007), es necesario establecer criterios apropiados para su identificación, ya que el concepto de especie utilizado influye en el análisis y la interpretación de los datos (Laamanen et al., 2003; Agapow et al., 2004).

Aunque no existe un concepto universal de especie, la mayoría de los biólogos coinciden en que las especies son linajes de poblaciones que evolucionan de forma independiente (de Queiroz, 2007; Padial et al., 2010). En este contexto, la taxonomía integradora se presenta como un enfoque que utiliza múltiples fuentes de datos, como la morfología, ecología, geografía y ADN, para delimitar las unidades básicas de la biodiversidad (Dayrat, 2005; DeSalle et al., 2005; Padial et al., 2010). Esta metodología no reemplaza a la taxonomía tradicional, sino que la complementa al aportar un mayor rigor en la delimitación de especies (Padial et al., 2010). DeSalle et al. (2005) proponen el modelo del “círculo taxonómico”, que ilustra cómo el uso conjunto de diversas líneas de evidencia

puede corroborar las hipótesis taxonómicas y facilitar el reconocimiento de nuevas especies. Solo cuando varias rutas de evidencia son congruentes, se puede salir del círculo y confirmar la existencia de un nuevo taxón (DeSalle et al., 2005).

Dado que las arañas del género *Naphrys* pertenecen a la tribu Euophryini, conocida por su tolerancia a las bajas temperaturas, y considerando su tamaño pequeño y amplia distribución geográfica, así como la falta de una identificación específica en México, es relevante aplicar la taxonomía integradora para describir posibles nuevas especies presentes en el país. Este enfoque, junto con el análisis de su historia de vida, permitirá inferir sobre su capacidad de dispersión y proporcionar una mejor comprensión de la distribución de este género en Norteamérica.

II. HIPÓTESIS

- 1) La riqueza de especies del género *Naphrys* en México está subestimada, y los individuos reportados en las regiones del centro-occidente del país corresponden a especies aún no descritas.
- 2) Las especies del género *Naphrys* en el centro-occidente de México presentan una distribución y abundancia estacional influenciada por las variaciones climáticas, especialmente la precipitación. Se espera que los períodos de mayor precipitación estén asociados con un incremento en la actividad reproductiva, por ende, en la abundancia de ejemplares, debido a una mayor disponibilidad de recursos y condiciones ambientales favorables.

III. OBJETIVOS

Objetivo General

Analizar la identidad específica y la historia de vida de las especies del género *Naphrys* Edwards, 2003 presentes en el centro-occidente de México.

Objetivos Específicos

- 1) Delimitar e identificar las posibles nuevas especies con base a evidencia morfológica, genética y ecológica (enfoque integrador).
- 2) Estimar la abundancia relativa y estacionalidad de las poblaciones de especies del género *Naphrys* del centro-occidente de México.
- 3) Describir la fenología, duración y parte de la historia de vida de las especies del género *Naphrys* en el centro-occidente de México.

IV. ***CAPÍTULO I***

Objetivo que abarca

- Delimitar e identificar las posibles nuevas especies con base a evidencia morfológica, genética y ecológica (enfoque integrador).

Tres nuevas especies del género de arañas *Naphrys* Edwards (Araneae, Salticidae) bajo datos morfológicos y moleculares con notas en la distribución de *Naphrys acerba* (Peckham & Peckham) de México

Juan Maldonado-Carrizales¹, Alejandro Valdez-Mondragón², María Luisa Jiménez-Jiménez²
Javier Ponce-Saavedra¹

¹ Facultad de Biología, Laboratorio de Entomología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), Morelia, Michoacán, México

² Colección aracnológica (CARCIB), Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), La Paz, Baja California Sur, México

Autor de correspondencia:

Javier Ponce-Saavedra

Edificio B4 2° piso, Gral. Francisco J. Múgica S/N, Morelia, Michoacán, 58040

e-mail: javier.ponce@umich.mx

Resumen

En este trabajo, describimos tres nuevas especies del género de arañas *Naphrys* Edwards, 2003 de México: *Naphrys echeri* **sp. nov.**, *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** y *Naphrys tuuca* **sp. nov.** Se aplicó un enfoque taxonómico integrador, utilizando datos de morfología, ultramorfología, el gen mitocondrial COI y registros de distribución. Se implementaron cuatro métodos moleculares para la delimitación de especies bajo los criterios de unión de vecinos (NJ) con p-distancia corregida: 1) Ensamblaje de especies por partición automática (ASAP); 2) Coalescente general mixto de Yule (GMYC); 3) Proceso de árbol de Poisson bayesiano (bPTP); y 4) Proceso de árbol de Poisson de múltiples tasas (mPTP). Tanto los datos morfológicos como los moleculares apoyaron la delimitación y el reconocimiento de las tres nuevas especies. La distancia genética interespecífica promedio (p-distancia) dentro del género *Naphrys* es del 14%, mientras que la distancia genética intraespecífica (p-distancia) es < 2% para la mayoría de las especies. Demostramos que la distribución natural de *Naphrys* no se limita a la región Neártica. Además, las localidades reportadas en este estudio representan las primeras con ubicaciones precisas en el país para *Naphrys acerba*. Además, se proporciona una clave de identificación taxonómica para las especies del género.

Introducción

La familia de arañas Salticidae, compuesta por más de 6700 especies descritas, representa la familia de arañas más diversa del mundo (WSC, 2024). Uno de los grupos más grandes dentro de esta familia es la tribu Euophryini, que contiene más de 1000 especies dentro

de 116 géneros (Edwards, 2003; Maddison, 2015; Zhang y Maddison, 2015). Las especies de Euophryine tienen una distribución global, encontrándose principalmente en regiones tropicales (Zhang y Maddison, 2015; Maddison, 2015). Presentan una notable uniformidad en la forma del cuerpo, siendo poco comunes las formas alargadas o similares a las de las hormigas, sus genitales también comparten algunas características particulares: el palpo masculino típicamente tiene un émbolo espiral simple, y el epigynum tiene ventanas enmarcadas por pliegues circulares, presumiblemente guiando el émbolo durante el apareamiento (Maddison, 2015).

La taxonomía de la tribu se ve obstaculizada por convergencias e inversiones morfológicas comunes, a pesar de los intentos de delimitación de especies utilizando datos morfológicos y moleculares. Esta confusión taxonómica se ve agravada por la relativa simplicidad de la genitalia de Euophryini, que presenta una variación interespecífica limitada y dificulta incluso la identificación a nivel de género (Zhang y Maddison, 2015).

Según Edwards (2003), la mayoría de las especies de Euophryine en la región Neártica son pequeñas (menos de 5 mm de largo) con cuerpos compactos. Estas especies a menudo presentan una coloración críptica (marrones o grises) y poseen un número moderado de setas en sus cuerpos. El género *Naphrys* Edwards, 2003 es un claro representante de este grupo. *Naphrys* actualmente incluye cuatro especies descritas restringidas a Norteamérica: *Naphrys acerba* (G. W. Peckham y E. G. Peckham, 1909), *Naphrys bufoides* (Chamberlin e Ivie, 1944), *Naphrys pulex* (Hentz, 1846) y *Naphrys xerophila* (Richman, 1981), todas presentes en Estados Unidos. Además, *N. pulex* se extiende hasta Canadá, y se ha reportado *N. acerba* en México (Richman, 1981; Edwards, 2003; WSC, 2024).

En México, la distribución de *N. acerba* se reporta en la región noreste, pero su ubicación precisa aún no está clara (Richman, 1981). Sin embargo, diversas fuentes (Ibarra-Núñez et al., 2011; Maddison, 2015; Maldonado-Carrizales y Ponce-Saavedra, 2017) mencionan la presencia del género en diferentes partes de México sin asignar especies conocidas. Esto pone de relieve el limitado conocimiento taxonómico sobre este género en el país. La taxonomía moderna emplea una amplia variedad de métodos y diferentes líneas de evidencia para analizar y delimitar linajes, ya que, en algunos casos, la evidencia morfológica por sí sola puede dificultar o incluso imposibilitar la delimitación de especies (Hebert et al., 2003; Carstens et al., 2013; Luo et al., 2018; Nolasco y Valdez-Mondragón, 2022; Hedin y Milne, 2023). Este enfoque reconoce las limitaciones de basarse únicamente en la morfología.

El análisis de ADN se ha convertido en una herramienta crucial para la delimitación de especies debido a su objetividad. A diferencia de la morfología, que puede ser subjetiva e influenciada por el entorno, el ADN ofrece una medida estandarizada y cuantificable de la divergencia evolutiva (Fujita et al., 2012). Sin embargo, delinear o delimitar las especies de arañas basándose únicamente en datos moleculares es insuficiente e incorrecto (Hamilton et al., 2011).

El uso combinado de datos morfológicos y moleculares cobra cada vez mayor importancia para la delimitación de especies de arañas. Este enfoque es especialmente valioso en familias como Salticidae, donde la similitud en la apariencia y las características sexuales dificulta los métodos de clasificación tradicionales (Trębicki et al., 2021; Cala-Riquelme et al., 2022; Maddison et al.,

2022; Courtial et al., 2023; Kumar et al., 2024; Lin et al., 2024; Phung et al., 2024). Se han logrado éxitos similares en otros grupos de arañas como Mygalomorphae (Hamilton et al., 2014; Ortiz y Francke, 2016; Candia-Ramírez y Francke 2021; Ferretti et al., 2024), Synspermiata (Valdez-Mondragón et al., 2019; Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2020; Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2024) y Araneoidea (Hedin y Milne, 2023). El uso combinado de métodos ha dado como resultado caracterizaciones sólidas de los límites de las especies.

El enfoque de la taxonomía integradora ha surgido para abordar las deficiencias de cada método individualmente, utilizando múltiples fuentes de datos y disciplinas de forma complementaria para identificar y delimitar especies o linajes. En otras palabras, la taxonomía integrativa es el método que busca delimitar las especies, las unidades fundamentales de la biodiversidad, desde perspectivas diferentes y complementarias (Dayrat, 2005; DeSalle et al., 2005; Padial et al., 2010; Padial y de la Riva, 2010).

Si bien la taxonomía integradora se ha aplicado en diversos grupos biológicos, su uso en la investigación de arañas sigue siendo limitado (Bond et al., 2021). Esto resalta el potencial para una mayor exploración de la taxonomía integradora dentro de la sistemática de arañas.

En este estudio, empleamos la taxonomía integradora para describir tres nuevas especies del género *Naphrys*. Este enfoque utiliza caracteres morfológicos, ultramorfología y datos moleculares analizados mediante métodos de distancia genética y basados en árboles para la delimitación de especies. Dado que no existe un concepto único de especie, en este trabajo empleamos el concepto unificado de especie, que es un marco flexible que incorpora elementos de diversos conceptos de especie, como los biológicos, ecológicos, evolutivos y filogenéticos, para delimitar las especies con base en su estatus como linajes metapoblacionales que evolucionan por separado (De Queiroz, 2007; Schlick-Steiner et al., 2010). También consideramos los registros de distribución biogeográfica de la nueva especie. Finalmente, proporcionamos una clave de identificación taxonómica para las especies del género y datos precisos de distribución para *N. acerba* en el noreste de México.

Materiales y métodos

Las muestras fueron recolectadas y conservadas tanto en etanol al 96% para análisis moleculares como en etanol al 80% con etiquetas de datos de campo completas para estudios morfológicos. Los especímenes tipo están depositados en dos colecciones biológicas: Colección de Arácnidos e Insectos, Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C. (CARCIB), La Paz, Baja California Sur, México, y Colección Aracnológica de la Facultad de Biología de la Universidad Michoacana (CAFBUM), Morelia, Michoacán, México. Los especímenes fueron recolectados bajo el documento SPARN/DGVS/074492/24, Permiso de Colector Científico de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT), México, otorgado a Margarita Vargas Sandoval (Directora y Curadora Principal del CAFBUM, Facultad de Biología, Laboratorio de Entomología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo). Para las descripciones morfológicas, los especímenes se observaron utilizando un estereomicroscopio Amscope SM1TZ-RL-10MA. Todas las medidas están en milímetros (mm).

Los epigineos fueron disecados, limpiados manualmente y aclarados temporalmente con aceite de clavo siguiendo el método descrito por Levi (1965), después de digerir los tejidos blandos epiginales internos con KOH al 10%. Los pedipalpos izquierdos de los machos fueron disecados y limpiados manualmente usando agujas hipodérmicas y un cepillo pequeño. Ambos genitales fueron observados bajo un microscopio de luz transmitida Axiostar Plus Carl Zeiss. Las fotografías del habitus y los genitales fueron obtenidas usando configuraciones separadas, una cámara Amscope MU1000 conectada a un estereomicroscopio Amscope SM1TZ-RL-10MA para imágenes del habitus, y un microscopio de luz transmitida (Axiostar Plus Carl Zeiss) para genitales. Las fotografías fueron procesadas con el programa Helicon focus v8.2.2 y editadas usando Adobe Photoshop CS6. El mapa de distribución fue creado usando QGIS v3.32 'Lima'. Los datos de las provincias biogeográficas (.shp) se obtuvieron de los límites propuestos por Morrone et al (2017) y Escalante et al (2021). Los datos de los límites (archivos .shp) se obtuvieron del USGS (2021). Finalmente, se utilizó la capa base topográfica «ESRI Topo» a través del subprograma XYZ Tiles de QGIS. Para la microscopía electrónica de barrido (MEB), las estructuras morfológicas se diseccionaron, se limpiaron manualmente, se deshidrataron en etanol absoluto, se secaron a punto crítico con el equipo samdri-PVT-3B y luego se cubrieron con oro:paladio en una proporción 60:40. Las estructuras se examinaron al vacío en un MEB Hitachi S-3000N. Las mediciones en las micrografías electrónicas se expresan en micrómetros (μm). La nomenclatura morfológica sigue principalmente a Ramírez (2014) y Zhang y Maddison (2015), con abreviaturas utilizadas en la descripción y figuras de la siguiente manera: **AER**, fila de ojos anterior; **PER**, fila de ojos posterior; **ALE**, ojo lateral anterior; **AME**, ojo medio anterior; **PLE**, ojo lateral posterior; **PME**, ojo medio posterior; **OQ**, cuadrángulo ocular; **S**, espermateca; **CD**, conducto copulador; **W**, ventana del epigineo; **CO**, aberturas copuladoras; **FD**, conducto de fertilización; **MS**, septo medio; **RTA**, apófisis tibial retrolateral; **E**, émbolo; **ED**, disco embólico; **SP**, poro espermático; **T**, tegulum; **TL**, lóbulo tegular; **RSDL**, conducto espermático retrolateral; **VT**, apófisis tibial ventral; **PED**, proceso en el disco embólico (por sus siglas en inglés).

Muestreo de taxones

Los análisis moleculares se realizaron con un total de 110 especímenes, incluyendo una especie no descrita de *Naphrys* y tres nuevas especies descritas en este estudio. Dado que este estudio no es un análisis filogenético, utilizamos únicamente un taxón de exogrupo para enraizar los árboles, *Corticattus latus* (Zhang & Maddison), que representa el género más estrechamente relacionado con *Naphrys* según Zhang & Maddison (2015) (Tabla 1).

Tabla 1. Especímenes utilizados en los análisis moleculares bajo COI, números de comprobante de ADN, localidades y números de acceso GenBank/BOLD.

Especie	Números de vouchers de ADN	Localidad	Número de acceso a GenBank/BO LD	Fuente
<i>Naphrys pulex</i>	Npulex_CAN1	Canadá: Ontario	HM880192	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN2	Canadá: Wellintong	GU682819	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN3	Canadá: Wellintong	GU682817	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN4	Canadá: Wellintong	GU682816	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN5	Canadá: Wellintong	GU682814	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN6	Canadá: Wellintong	GU682836	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN7	Canadá: Wellintong	ARONT843-18	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN8	Canadá: Wellintong	ARONT876	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN9	Canadá: Ontario	ARONT917	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN10	Canadá: Wellintong	ARONT947	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN11	Canadá: Ontario	KP646979	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN12	Canadá: Ontario	KP656563	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN13	Canadá: Ontario	MG049224	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN14	Canadá: Ontario	ARONZ306	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN15	Canadá: Ontario	ARONZ331	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN16	Canadá: Ontario	ARONZ571	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN17	Canadá: Ontario	HQ924681	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN18	Canadá: Ontario	HQ924683	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN19	Canadá: Nova Scotia	GU683271	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN20	Canadá: Nova Scotia	GU683271	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN21	Canadá: Ontario	MF816087	deWaard et al (2019)
	Npulex_CAN22	Canadá: Nova Scotia	KP652066	Blagoev et al (2016)

Npulex_CAN23	Canadá: Quebec	KP646121	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN24	Canadá: Ontario	MF808927	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN25	Canadá: Ontario	MF816952	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN26	Canadá: Ontario	KP651428	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN27	Canadá: Ontario	KP648109	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN28	Canadá: Ontario	MF810509	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN29	Canadá: Ontario	ELPCG2846	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN30	Canadá: Ontario	ELPCG2847	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN31	Canadá: Ontario	ELPCG3050	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN32	Canadá: Ontario	ELPCG3523	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN33	Canadá: Ontario	ELPCG3524	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN34	Canadá: Ontario	ELPCG3525	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN35	Canadá: Ontario	ELPCG3599	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN36	Canadá: Ontario	ELPCG5003	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN37	Canadá: Ontario	ELPCG5472	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN38	Canadá: Ontario	ELPCG6449	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN39	Canadá: Ontario	ELPCG7399	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN40	Canadá: Ontario	ELPCG7401	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN41	Canadá: Ontario	ELPCG8416	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN42	Canadá: Ontario	ELPCG8449	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN43	Canadá: Ontario	ELPCG8644	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN44	Canadá: Ontario	ELPCH2306	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN45	Canadá: Ontario	MG048013	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN47	Canadá: Nova Scotia	KP649884	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN48	Canadá: Nova Scotia	KP654153	Blagoev et al (2016)

Npulex_CAN49	Canadá: Ontario	KP652349	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN50	Canadá: Nova Scotia	MF809281	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN51	Canadá: Nova Scotia	MF813033	deWaard et al (2019)
Npulex_CAN52	Canadá: Ontario	OPPKG2671	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN53	Canadá: Ontario	OPPOG1872	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN54	Canadá: Ontario	OPPZE1286	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN55	Canadá: Wellintong	KP647608	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN56	Canadá: Ontario	KM839902	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN57	Canadá: Ontario	JN308610	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN58	Canadá: Ontario	JN308622	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN59	Canadá: Ontario	JN308631	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN60	Canadá: Ontario	JN308807	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN61	Canadá: Ontario	JN308822	Blagoev et al (2016)
Npulex_CAN62	Canadá: Ontario	RARBB197	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN63	Canadá: Ontario	RARBB202	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN64	Canadá: Ontario	DQ127443	Barrett y Hebert (2005)
Npulex_CAN65	Canadá: Ontario	DQ127431	Barrett y Hebert (2005)
Npulex_CAN66	Canadá: Ontario	RBGBB303	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN67	Canadá: Ontario	ROUGE2474	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN68	Canadá: Ontario	KT707577	Telfer et al (2015)
Npulex_CAN69	Canadá: Ontario	KT707910	Telfer et al (2015)
Npulex_CAN70	Canadá: Ontario	KT706489	Telfer et al (2015)
Npulex_CAN71	Canadá: Ontario	KT619474	Telfer et al (2015)
Npulex_CAN72	Canadá: Ontario	MG048049	Ratnasingham y Hebert (2013)
Npulex_CAN73	Canadá: Ontario	MG046695	Ratnasingham y Hebert (2013)

	Npulex_CAN74	Canadá: Ontario	MG044990	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN75	Canadá: Ontario	HQ977049	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN76	Canadá: Ontario	KP650393	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN77	Canadá: Ontario	KP656197	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN78	Canadá: Ontario	KP646924	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN79	Canadá: Ontario	KP656484	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN80	Canadá: Ontario	KP649929	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN81	Canadá: Ontario	MG046512	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN82	Canadá: Ontario	MG043132	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_CAN83	Canadá: Ontario	MF815739	deWaard et al (2019)
	Npulex_CAN84	Canadá: Ontario	MG509225	deWaard et al (2019)
	Npulex_CAN85	Canadá: Ontario	MG509777	deWaard et al (2019)
	Npulex_CAN86	Canadá: Ontario	KP656878	Blagoev et al (2016)
	Npulex_CAN87	Canadá: Ontario	KP656232	Blagoev et al (2016)
	Npulex_USA2	Estados Unidos: Texas	BBUSE1504 (BIOUG0187 7-H01)	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_USA3	Estados Unidos: Tennessee	GMGSQ008 (BIOUG0345 3-H09)	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_USA4	Estados Unidos: Tennessee	GMGST563 (BIOUG0493 8-E01)	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_USA5	Estados Unidos: Washington	GMNCF099	Ratnasingham y Hebert (2013)
	Npulex_USA6	Estados Unidos: Desconocido	OR235169	Ratnasingham y Hebert (2013)
<i>Naphrys xerophila</i>	Nxerophila_USA1	Estados Unidos: Texas	BBUSE1415 (BIOUG0163 7-H07)	Ratnasingham y Hebert (2013)
<i>Naphrys</i> sp.	Nsp_USA10	Estados Unidos: High Appalachian Mountains	OR174102	Caterino y Recuero (2023)
	Nsp_USA11	Estados Unidos: High Appalachian Mountains	OR173350	Caterino y Recuero (2023)

	Nsp_USA8	Estados Unidos: High Appalachian Mountains	OR174487	Caterino y Recuero (2023)
	Nsp_USA9	Estados Unidos: High Appalachian Mountains	OR174414	Caterino y Recuero (2023)
<i>Naphrys echeri</i> sp. nov.	Necheri_MEX11	México: Michoacán	PP123908	Presente estudio
	Necheri_MEX58	México: Michoacán	PP123905	Presente estudio
	Necheri_MEX71	México: Michoacán	PP123902	Presente estudio
	Necheri_MEX73	México: Michoacán	PP123909	Presente estudio
	Necheri_MEX74	México: Michoacán	PP123903	Presente estudio
	Necheri_MEX8	México: Michoacán	PP123900	Presente estudio
	Necheri_MEX9	México: Michoacán	PP123901	Presente estudio
<i>Naphrys tecoxquin</i> sp. nov.	Ntecoquin_MEX 109	México: Jalisco	PP123899	Presente estudio
	Ntecoquin_MEX 54	México: Jalisco	PP123898	Presente estudio
	Ntecoquin_MEX 56	México: Jalisco	PP123906	Presente estudio
<i>Naphrys tuuca</i> sp. nov.	Ntuuca_MEX 52	México: Nayarit	PP123904	Presente estudio
	Ntuuca_MEX 76	México: Nayarit	PP123910	Presente estudio
	Ntuuca_MEX 98	México: Nayarit	PP123907	Presente estudio
<i>Corticattus latus</i>	Clatus_DomRep	Dominican Republic: Pedernales	KC615698	Zhang y Maddison (2015)

Extracción, amplificación y secuenciación de ADN

El ADN se aisló por separado de las ocho patas de 13 especímenes individuales, utilizando proteinasa K/fenol/cloroformo, siguiendo el protocolo de Hillis et al. (1996). Brevemente, las ocho patas de una araña se incubaron a 60 °C durante 24 horas con un tampón de digestión que contenía 400 µL de solución salina, 45 µL de solución de SDS al 1% y 5 µL de proteinasa K. Tras la digestión, se añadieron 200 µL de fenol y 200 µL de cloroformo isoamílico y se agitó vigorosamente. Posteriormente, las muestras se centrifugaron a 12 000 rpm durante 10 minutos. Una vez finalizado el proceso, se recuperaron 400 µL de la fase acuosa superior, repitiendo los lavados con fenol/cloroformo. Una vez realizados los lavados con fenol/cloroformo, se añadieron 200 µL de fenol a la mezcla, se agitó suavemente y se centrifugó inmediatamente a 12.000 rpm durante 10 minutos. Se recuperaron 300 µL de la fase acuosa superior y se añadieron 750 µL de etanol absoluto frío (-20 °C). A continuación, se agitó suavemente la mezcla y se incubó durante 12 horas a -20 °C. Una vez incubada, se centrifugó a 13.000 rpm durante 20 minutos y se decantó el etanol por inversión, evitando perder el pellet del fondo. A continuación, se añadieron 600 µL de etanol al 70% frío (-20 °C) y se centrifugó a 13.000 rpm durante 20 minutos, decantando el etanol por inversión, evitando perder el pellet del fondo. Finalmente, se realizó un secado en centrífuga de vacío a 60 °C durante 10 minutos. Una vez seco el vial, el

ADN se suspende en 50 μ L de agua destilada y se almacena a -20 °C. Tras la extracción del ADN, se amplificó el gen mitocondrial Subunidad 1 del Citocromo Oxidasa (COI), propuesto por Folmer et al. (1994), (LCO1498 y HCO2198). Las amplificaciones se llevaron a cabo en un termociclador GeneAmp PCR System 2700, en un volumen total de 25,9 μ L: 1,66 μ L de tampón (5X), 1,5 μ L de MgCl₂ (50 mM), 1,25 μ L de LCOI1498 (10 μ M), 1,25 μ L de HCOI2198 (10 μ M), 0,23 μ L de Taq (5U/ μ L), 0,875 μ L de dNTP (10 mM), 1 μ L de BSA (1,25 mg/ μ L), 16,135 μ L de H₂O, 2 μ L de ADN. El PCR se configuró de la siguiente manera: un paso inicial durante 1 min 30 s a 95 °C; 35 ciclos de amplificación de 30 segundos a 94 °C (desnaturalización), 30 segundos a 50 °C (recocido), 45 segundos a 72 °C (elongación) y elongación final de 10 minutos a 72 °C. Los productos de PCR se verificaron mediante electroforesis en gel para analizar la longitud y la pureza en geles de agarosa al 1% con un marcador molecular de 1000 pb.

Las extracciones de ADN se realizaron en el Laboratorio de Biología Acuática “J. Javier Alvarado Díaz”, mientras que las amplificaciones por PCR se realizaron en el Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología (CMEB), ambos de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH) en Morelia, Michoacán, México. La purificación y secuenciación de sanger en ambas direcciones se llevaron a cabo en Psomagen, Maryland, Estados Unidos.

Edición y alineación de secuencias

Las secuencias se visualizaron en Geneious Prime v.2023.2.1 (Geneious Prime, 2023) y posteriormente se editaron manualmente con el programa BioEdit v. 7.7.1 (Hall, 1999). Tras guardarlas en formato FASTA (.fas), se alinearon con MAFFT v. 7 (Kato y Toh 2008) con los parámetros predeterminados en el servidor en línea de MAFFT (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>).

Análisis molecular y delimitación de especies

Se emplearon cuatro métodos de delimitación molecular diferentes utilizando las distancias p corregidas Neighbor-Joining (NJ) como criterio inicial: 1) ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning) (Puillandre, Brouillet y Achaz, 2021), 2) GMYC (General Mixed Yule Coalescent) (Pons et al., 2006), 3) bPTP (Bayesian Poisson Tree Process) (Zhang et al., 2013), y 4) mPTP (multi-rate Poisson tree process) (Kapli et al., 2017).

Criterio de p-distances Neighbor-Joining (NJ)

Se utilizó MEGA v.10.0.5 (Kumar et al., 2018) para construir el árbol de distancia genética, utilizando los siguientes parámetros: número de réplicas = 1000, valores de soporte de bootstrap = 1000 (valores significativos $\geq$ 50%), tipo de sustitución = nucleótido, modelo = p-distancia, sustituciones a incluir = d: transiciones + transversiones, tasas entre sitios = gamma distribuida con sitios invariantes (G+I), tratamiento de datos faltantes = eliminación por pares.

Assemble Species by Automatic Partitioning (ASAP)

Este método es un algoritmo de agrupamiento jerárquico ascendente que analiza conjuntos de datos de códigos de barras de ADN de un solo locus. Fusiona iterativamente las secuencias con la mayor similitud por pares en grupos progresivamente más grandes. Además, ASAP conserva información sobre todos los posibles pasos de agrupamiento, lo que resulta en una serie completa de particiones que representan posibles agrupaciones de especies dentro de los datos. Posteriormente, ASAP calcula una puntuación de probabilidad para cada partición basándose en la similitud de secuencias dentro del grupo en comparación con la similitud intergrupos. Finalmente, el método identifica las particiones con las puntuaciones de probabilidad más altas como las agrupaciones a nivel de especie más probables y construye un árbol de partición de especies que refleja las relaciones jerárquicas entre estas posibles especies (Puillandre et al., 2021). Los análisis ASAP se ejecutaron en la plataforma en línea (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/>) utilizando matrices de distancia Kimura (K80) y se configuraron bajo los siguientes parámetros: modelo de sustitución = p -distancias, probabilidad = 0,01, mejores puntuaciones = 10, valor de semilla fijo = -1.

General Mixed Yule Coalescent (GMYC)

El método GMYC (Fujisawa y Barraclough, 2013) es un marco estadístico empleado para la delimitación de especies mediante datos de códigos de barras de ADN de un solo locus. Este enfoque utiliza umbrales temporales únicos para definir los límites de las especies en un contexto de Máxima Verosimilitud, basándose en árboles ultramétricos como entrada (Ortiz y Francke, 2016; Nolasco y Valdez-Mondragón, 2022). En este estudio, los árboles ultramétricos se generaron mediante análisis filogenéticos realizados con los programas BEAUti y BEAST v.2.7.6 (Bouckaert et al., 2019). Durante el análisis, se implementó una priorización del árbol del Proceso de Yule para considerar los patrones de diversificación de linajes. Además, se aplicó un modelo de reloj molecular relajado optimizado, que incorpora el modelo evolutivo estimado para el gen COI (GTR + I + G). Para garantizar la robustez de la inferencia filogenética, se ejecutaron cinco análisis BEAST independientes, cada uno con 80 millones de iteraciones. La convergencia de estos análisis se evaluó posteriormente con Tracer v1.6 (Rambaut y Drummond, 2003-2013), con un umbral mínimo de 200 para el Tamaño Eficaz de Muestra (ESS). Posteriormente, se empleó Tree Annotator 2.6.0 (parte del paquete BEAST) para generar árboles de máxima verosimilitud que representan las historias evolutivas más probables. El primer 25 % de cada ejecución independiente se descartó como prueba de quemado para considerar posibles sesgos iniciales en las cadenas MCMC. Finalmente, se implementó el método GMYC a través de la plataforma en línea (<https://species.h-its.org/gmyc/>) (Fujisawa y Barraclough, 2013).

Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP)

bTPT opera dentro de un marco bayesiano, considerando las incertidumbres tanto en la longitud de las ramas del árbol filogenético como en las posibles asignaciones de especies. Este método asume un proceso de Poisson para los eventos de especiación a lo largo de las ramas del árbol e incorpora longitudes de rama que reflejan divergencias en la secuencia. Considerando esta

información y sus incertidumbres inherentes, bPTP estima probabilidades posteriores para diversas particiones de especies candidatas dentro de los datos, que representan la probabilidad de que cada partición refleje con precisión los verdaderos límites de las especies (Zhang et al., 2013). En este trabajo, se realizaron variantes bayesianas y de máxima verosimilitud en la plataforma en línea (<https://species.h-its.org/ptp/>), utilizando las siguientes opciones: árbol enraizado, MCMC = 1000000, aclareo = 100, burn-in = 0.1, semilla = 123. Los árboles resultantes se editaron en FigTree 1.4.4 (Rambaut, 2018). Se emplearon criterios de integración de congruencia para delimitar las diferentes especies. Este enfoque compara evidencia a través de múltiples métodos, lo que da como resultado delimitaciones de especies más sólidas e hipótesis de especies mejor respaldadas (por ejemplo, DeSalle et al., 2005; Pons et al., 2006; Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2020; Valdez-Mondragón, 2020; Nolasco y Valdez-Mondragón, 2022).

Multi-rate Poisson Tree Processes (mPTP)

mPTP utiliza un modelo de proceso de Poisson no homogéneo. Este enfoque permite estimar multiplicadores de tasa distintos para cada rama del árbol filogenético, reconociendo así la posible heterogeneidad en las tasas evolutivas entre linajes. Se empleó la estimación del árbol ML para identificar multiplicadores de tasa específicos de cada rama, y se emplearon simulaciones de Monte Carlo de Cadenas de Markov (MCMC) para integrar la incertidumbre asociada a estas estimaciones (Kapli et al., 2017). Al identificar cambios estadísticamente significativos en las tasas de diversificación a lo largo del árbol generado a partir de nuestro análisis ML, mPTP identifica los posibles límites de las especies, considerando específicamente los linajes que han evolucionado a ritmos dispares. Este análisis se realizó en la plataforma en línea (<http://mptp.h-its.org/>).

Zoobank

La versión electrónica de este artículo en formato de documento portátil (PDF) representará una obra publicada según la Comisión Internacional de Nomenclatura Zoológica (ICZN). Por lo tanto, los nuevos nombres contenidos en la versión electrónica se publican efectivamente bajo dicho código, únicamente a partir de la edición electrónica. Esta obra publicada y las actas nomenclaturales que contiene se han registrado en ZooBank, el sistema de registro en línea de la ICZN. Los LSID (identificadores de ciencias de la vida) de ZooBank se pueden resolver y la información asociada se puede visualizar a través de cualquier navegador web estándar añadiendo los LSID al prefijo <http://zoobank.org/>. Los LSID de esta publicación son: urn:lsid:zoobank.org:act:6CFF43A9-8C98-4027-A1DA-2838FE4D79F8; urn:lsid:zoobank.org:act:D67CCC72-E17D-450C-9193-231120527FDE; y urn:lsid:zoobank.org:act:3129A3DE-57E8-46CC-8036-86DC467EB056. La versión en línea de esta obra está archivada y disponible en los siguientes repositorios digitales: PeerJ, PubMed Central, SCIE y CLOCKSS.

Resultados

Análisis molecular de distancias genéticas

Las *p*-distancias corregidas bajo NJ de COI recuperaron seis especies putativas (Fig. 1). Los análisis de distancia genética recuperaron grupos correspondientes a una nueva especie putativa (con valor de soporte bootstrap por debajo del 50%), las dos especies previamente descritas *N. pulex* y *N. xerophila* (con alto valor de soporte bootstrap, 89%), y tres nuevas especies descritas aquí (con alto valor de soporte bootstrap, 98%). Los valores de soporte bootstrap para todas las especies fueron altos (>89%) (Fig. 1). Las *p*-distancias interespecíficas genéticas promedio de las especies de *Naphrys* fue del 14% (mín.: 11%, máx.: 18,1%) (Tabla 2). La *p*-distancia interespecífica promedio entre especies previamente conocidas (*N. pulex* y *N. xerophila*) fue del 11,8%. Entre las especies nuevas (*N. echeri* **sp. nov.**, *N. tecoxquin* **sp. nov.** y *N. tuuca* **sp. nov.**) y las ya conocidas, se observaron distancias *p* interespecíficas promedio más altas, entre 12.9% y 14%. Con valores promedio superiores a 15.1%, *Naphrys* sp. presentó la distancia *p* interespecífica promedio más alta. Para la mayoría de las especies, las distancias intraespecíficas fueron inferiores a 1.61%, excepto para *Naphrys* sp., que mostró un valor más alto (Tabla 3).

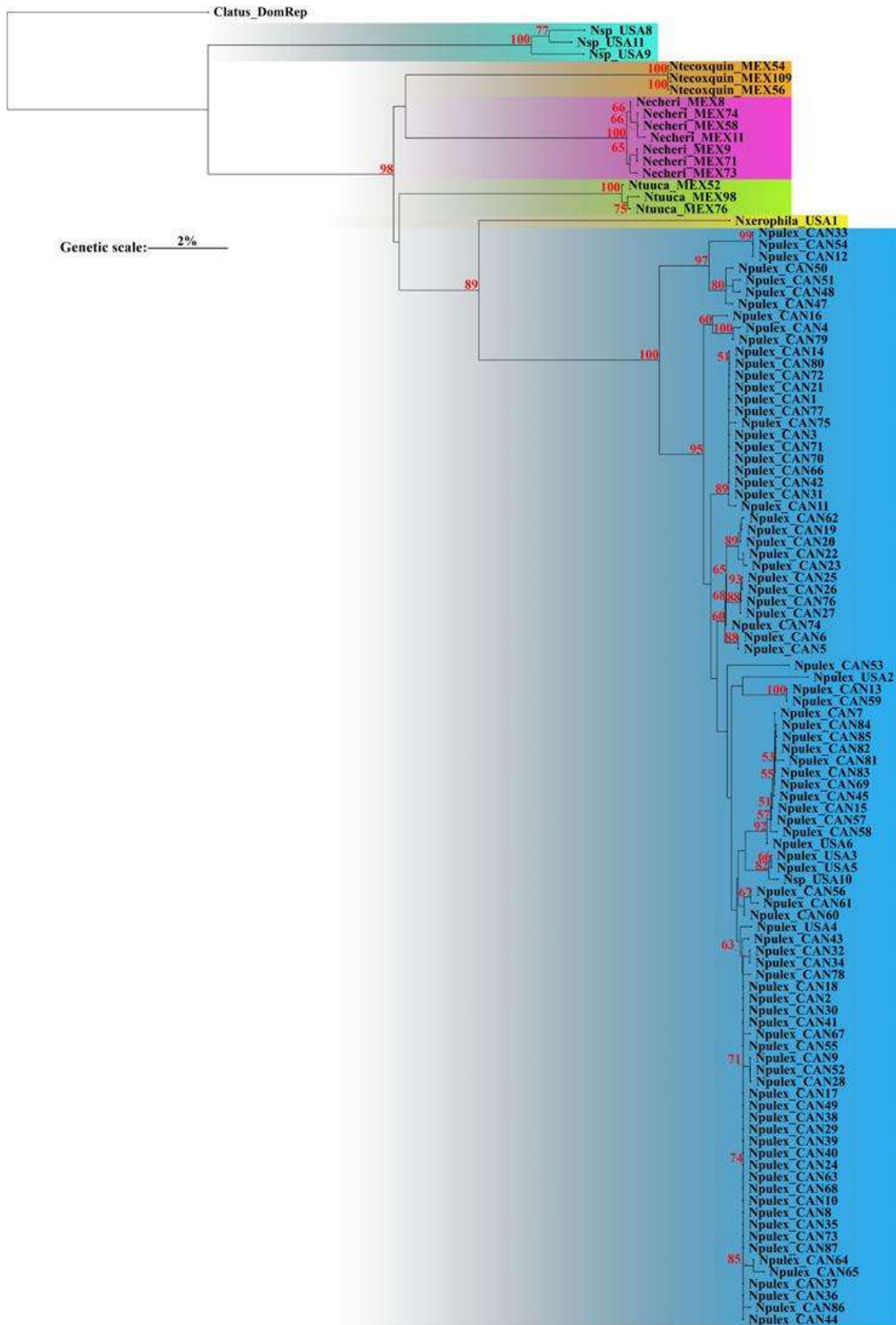


Figura 1. Árbol de Neighbor-Joining (NJ) con distancias p corregidas, construido con secuencias COI de diferentes especies de *Naphrys*. Los colores indican las posibles especies. Los números rojos sobre las ramas representan valores significativos de soporte Bootstrap (<50%).

Tabla 2. Distancias genéticas promedio (*p*-distancias) de COI entre especies de *Naphrys*.

	1	2	3	4	5
1. <i>Naphrys pulex</i> USA	-				
2. <i>Naphrys xerophila</i> USA	11.8	-			
3. <i>Naphrys</i> sp. USA	15.1	16.4	-		
4. <i>Naphrys tecoxquin</i> sp. nov. MEX	14.0	12.9	18.1	-	
5. <i>Naphrys echeri</i> sp. nov. MEX	13.4	13.4	17.8	11.2	-
6. <i>Naphrys tuuca</i> sp. nov. MEX	13.0	13.6	17.2	11.0	11.1

Tabla 3. Distancia genética promedio (*p*-distancias) de COI dentro de las especies de *Naphrys*.

Specie	Distance	Standard Error
<i>Naphrys pulex</i> USA	1.61	0.26
<i>Naphrys xerophila</i> USA	-	-
<i>Naphrys</i> sp. USA	10.94	1.18
<i>Naphrys tecoxquin</i> sp. nov. MEX	0	0
<i>Naphrys echeri</i> sp. nov. MEX	0.32	0.15
<i>Naphrys tuuca</i> sp. nov. MEX	0.34	0.19

Métodos moleculares para la delimitación de especies

El análisis de delimitación ASAP recuperó las seis especies (*N. echeri* sp. nov., *N. tecoxquin* sp. nov., *N. tuuca* sp. nov., *Naphrys* sp., *Naphrys pulex* y *Naphrys xerophila*) con un alto valor de soporte de bootstrap (>93%) (Fig. 2) del árbol NJ. Los métodos GMYC y mPTP recuperaron las tres nuevas especies descritas aquí y una nueva especie putativa, mientras que *N. pulex* no se recuperó como una sola especie (Fig. 2). El resultado más incongruente se observó en bPTP, que delimitó 42 y 50 especies putativas bajo las variantes ML e IB, respectivamente. Solo *N. tecoxquin* sp. nov. y *N. xerophila* fueron recuperadas por la variante ML de bPTP. Solo *N. xerophila* fue recuperada bajo todos los métodos y respaldada por un alto valor de bootstrap (93%). *Naphrys pulex* muestra los resultados más incongruentes en todos los métodos de delimitación de especies, recuperando 10 especies en mPTP, 16 en GMYC, y 42 y 50 especies en las variantes ML y BI del método bPTP, respectivamente (Fig. 2). Sin embargo, *N. pulex* presenta una baja distancia genética intraespecífica (<2%) y un alto valor de soporte bootstrap (100%) (Tabla 3; Fig. 2).

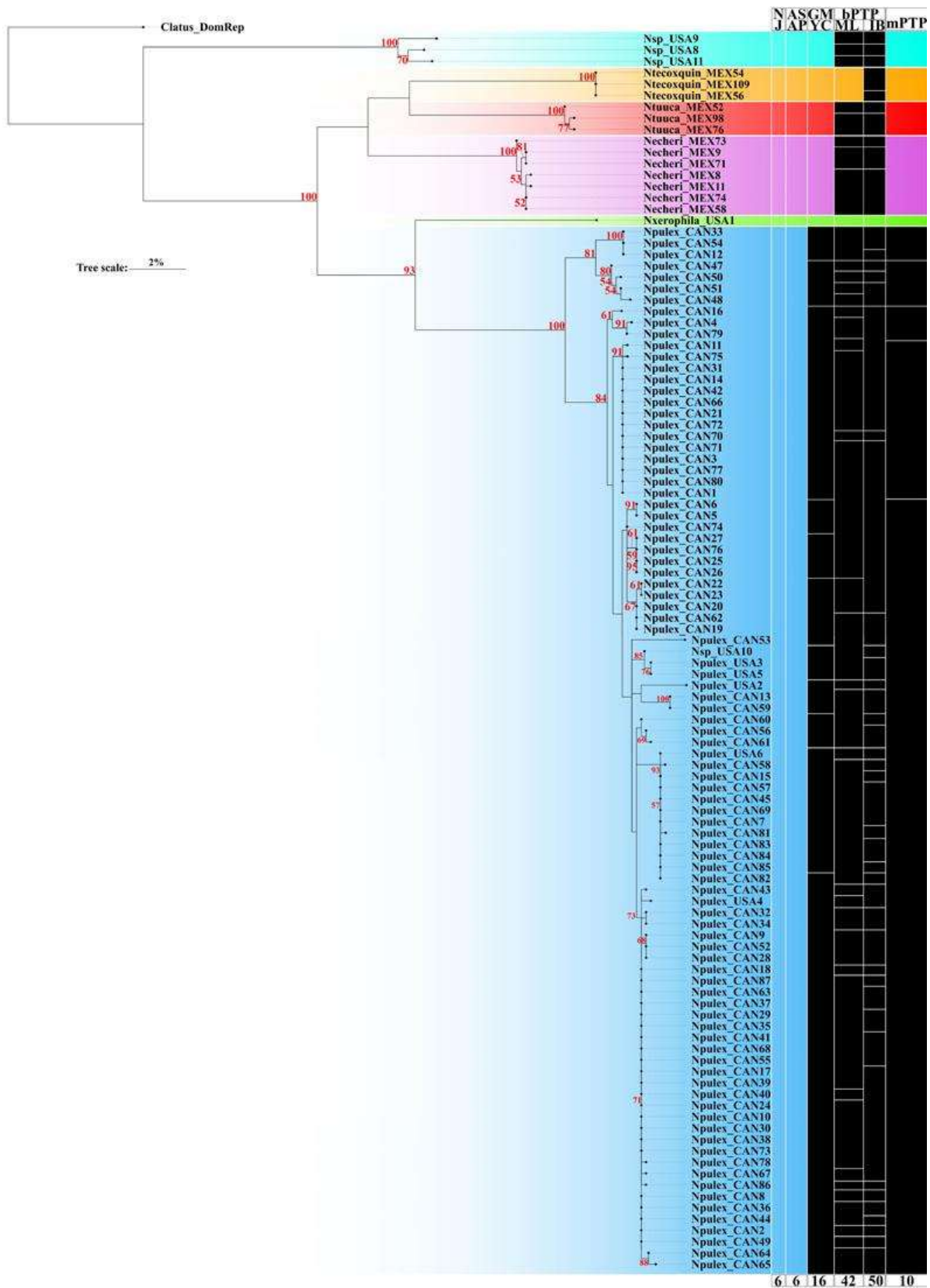


Figura 2. Árbol de Máxima Verosimilitud (ML) de *Naphrys* construido con COI. Los colores representan las especies putativas. Las columnas representan los diferentes métodos de delimitación de especies. Los

números sobre las ramas representan los valores de compatibilidad de Bootstrap para ML (>50%). Abreviaturas de las columnas: Neighbor-Joining(NJ); General Mixed Yule Coalescent (GMYC); Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP) con variantes de Máxima Verosimilitud (ML) e Inferencia Bayesiana (IB); Multi-rate Poisson Tree Processes (mPTP). Los números rojos sobre las ramas representan los valores de compatibilidad de Bootstrap para ML (>50%).

Taxonomía

Familia: Salticidae Blackwall, 1841

Género: *Naphrys* Edwards, 2003

Tribu: Euophryini Simon, 1901

Especies tipo: *Habrocestum acerbum* G. W. Peckham & E. G. Peckham, 1909, por designación original (= *Naphrys acerba*).

Diagnosis enmendada. Según Richman (1981) y Edwards (2003). Las especies de *Naphrys* se caracterizan por su pequeño tamaño (2–6,1 mm) y coloración opaca y críptica (negra y marrón) (Figs. 3C-D). Quelíceros con un diente promarginal bicúspide. Caparazón alto. La primera tibia no tiene más de dos pares de macrosetas ventrales y la pata III es más larga que la pata IV (Tibia+Patela III > Tibia+ Patela IV). El bulbo del palpo del macho suele ser grande con una TL proximal. Presentan RTA y RSDL simples con forma de dedo. Además, la tibia del pedipalpo tiene apófisis ventral (VTA). El disco embolar (ED) tiene una proyección cónica ventral. El émbolo (E) posee una configuración en forma de J, con una curvatura prolateral en su parte distal y una proyección emergente en su parte proximal (Figs. 4C-H). El epigineo tiene una estructura típica de ventana con un septo medio (Figs. 5C-F). Las aberturas copuladoras (OC) se ubican a lo largo de los bordes posterior, medio (Figs. 5C-F) o anteromediano del epigineo, con rebordes que las intersecan posteriormente. Los rebordes no llegan a rodear completamente el epigineo. Las espermatecas (S) son casi esféricas, más o menos contiguas medialmente y miden la mitad o más del diámetro del epigineo. Se ubican aproximadamente a la mitad o completamente dentro de la parte posterior del epigineo, como se observa en la vista ventral (Figs. 5C-F).

Composición actual. *Naphrys* se compone de siete especies: *Naphrys acerba* (Peckham y Peckham, 1909); *Naphrys bufoides* (Chamberlin e Ivie, 1944); *Naphrys echeri* **sp. nov.**; *Naphrys pulex* (Hentz, 1846); *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.**; *Naphrys tuuca* **sp. nov.**; *Naphrys xerophila* (Richman, 1981).

Distribución. Canadá, México, y los Estados Unidos.

Observaciones. Modificamos el diagnóstico genérico basado en los órganos copuladores del macho y la hembra.

Clave para las especies de *Naphrys*

1. Macho	2
- Hembra	8
2. Dorso del opistosoma con dos manchas blancas brillantes y redondas. (Fig. 4A)	3
- Dorso del opistosoma con marcas distintas	5
3. Émbolo delgado y recto, más grande que el ED (Richman, 1981; Fig. 5). Setas blancas que cubren toda la cara lateral del prosoma. (Edwards y Hill 2008; Fig. 7)	
..... <i>N. bufoides</i> (Chamberlin & Ivie, 1944)	
- Émbolo grueso y curvo, más corto que el ED (Richman 1981; Figs. 8, 16)	4
4. Dorso del opistosoma con una franja blanca longitudinal medial que cubre la porción anterior. La parte anterior del prosoma presenta setas de color bronce cobrizo brillante en toda la superficie (Metzner 2024; Fig. 293)	<i>N. xerophila</i> (Richman, 1981)
- Dorso del opistosoma sin franja blanca longitudinal medial. La parte anterior del prosoma está densamente cubierta por una mezcla de setas blancas, bronceadas y negras (Fig. 4A)	<i>N. acerba</i> (Peckham & Peckham, 1909)
5. Dorso del opistosoma con una banda longitudinal blanca medial extendida que se extiende a través de todo el opistosoma.	6
- Dorso del opistosoma con una marca distinta	7
6. El disco embolar (DE) presenta un proceso triangular bien desarrollado, junto al émbolo, claramente visible en la vista retrolateral y de menor tamaño que este. El émbolo es grueso y más corto que el DE. El prosoma, en vista dorsal, presenta setas blancas que forman una marca en V, extendiéndose desde los lados del PLE hacia el pedicelo	<i>N. echeri</i> sp. nov.
- El disco embolar (ED) carece de proceso. El émbolo delgado, de mayor tamaño que el ED, se pliega en su punto medio, formando una suave curva. El prosoma, en vista dorsal, presenta setas blancas que forman una marca en forma de “Y”, extendiéndose hacia afuera desde los lados del PLE	<i>N. tuuca</i> sp. nov.
7. Émbolo grueso y curvado, más corto que el ED (Zhang y Maddison, 2015; Fig. 140). La parte anterior del prosoma está densamente cubierta por una mezcla de setas blancas y negras. (Edwards y Hill 2008; Fig. 8)	<i>N. pulex</i> (Hentz, 1846)
- Émbolo grueso y recto. La parte anterior del prosoma presenta setas brillantes de color bronce cobrizo. Patas I-III de color marrón oscuro	<i>N. tecoxquin</i> sp. nov.
8. Las aberturas copuladoras (CO) se encuentran en el lado lateral externo del S	9
- Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en diferente lugar	10
9. S piriforme. Opistosoma claro con cuatro manchas negras en vista dorsal, junto con marcas chevron de color marrón oscuro hacia arriba en el último tercio posterior.	<i>N. tecoxquin</i> sp. nov.
- S circular. Opistosoma oscuro cubierto con setas de color bronce cobrizo en toda la superficie y que muestra un patrón moteado de tenues marcas translúcidas (Fig. 6C)	<i>N. echeri</i> sp. nov.
10. Los conductos copuladores (CD) se abren hacia el epigino formando ventanas transparentes (W), con aberturas de más de un tercio de la longitud de S (Figs. 5C-F)	11

- Los conductos copuladores (CD) tienen una abertura circular, de menos de un tercio de la longitud de la S. Las aberturas copuladoras (CO) se ubican anteriormente a S (Richman 1981; Fig. 18). El opistosoma oscuro está cubierto de setas marrones y negras en toda la superficie, con una franja blanca longitudinal en el centro del primer tercio y un patrón de chevrones negros en los dos tercios restantes. (Metzner 2024; Fig. 294) *N. xerophila* (Richman, 1981)
- 11. Dorso del opistosoma con dos manchas blancas brillantes y redondas (Figs. 3C, D, 5A) 12
- Dorso del opistosoma con marcas distintas 13
- 12.- Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en el centro del epigino, tocando el borde anterior de S. Los conductos copuladores (CD) tienen un bucle único, parecido a una forma de G (Figs. 5C, E) *N. acerba* (Peckham & Peckham, 1909)
- Aberturas copuladoras (CO) que no tocan el borde anterior de S (Richman 1981; Fig. 22) ...
..... *N. bufoides* (Chamberlin & Ivie, 1944)
- 13. Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en la mitad del epigineo (Richman 1981; Fig. 10) ...
..... *N. pulex* (Hentz, 1846)
- Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en la parte basal media del epigineo
..... *N. tuuca* sp. nov.

Naphrys acerba (Peckham & Peckham, 1909)

Figs. 3–5.

Habrocestum acerbum Peckham & Peckham, 1909, p. 522, pl. 44, figs. 1-Ic. **Holotipo:** Holotipo no designado por el autor. Sintipos: varios machos y una hembra de Travis County, Austin, Texas, USA, y un macho de Georgia, USA. NO EXAMINADOS.

Naphrys acerba Edwards, 2003 p. 69, figs. 5-8 (Transferido de *Habrocestum*)

Otro material examinado. MÉXICO: *Nuevo León*: 6 hembras (CAFBUM88003, CAFBUM88004, CABUM84234, CAFBUM84242, CAFBUM84256, CAFBUM84257), along Camino al teleférico, Cerro de la Silla, mpio. Guadalupe (lat. 25.655501, long. -100.254415, 587 m), bosque de encino, colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, F. Morales Martínez, E. G. Fuentes Ortiz cols., 21/X/2023. *Tamaulipas*: 3 machos (CAFBUM88005) and 3 inmaduros (CAFBUM880040), Rancho del Sr. Sabino, carretera Ciudad Victoria-Tula km 28 (lat. 23.606512, long. 99.229572, 1473 m), bosque de encino, colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, F. Morales Martínez, E. G. Fuentes Ortiz cols., 20/X/2023.

Diagnosis enmendada. Según Peckham y Peckham (1909) y Richman (1981). *Naphrys acerba* se asemeja a *N. bufoides* y *N. xerophila* por poseer manchas blancas y redondas en el abdomen dorsal (Figs. 3C, 4A, 5A). Sin embargo, difiere de *N. xerophila* por carecer de una franja blanca longitudinal medial que cubra la porción anterior. Además, *N. acerba* se puede distinguir de *N. bufoides* por su émbolo más grueso, que es más corto que ED (Figs. 4C, E, F, H). En las hembras, los CO de *N. acerba* se localizan centralmente dentro del epigineo, tocando el borde anterior de

S (Figs. 5C, E). Esto contrasta con *N. bufoides*, donde los CO no alcanzan el borde anterior de S, y *N. tuuca*, donde los CO se posicionan en la parte basal media del epigineo.

Distribución. ESTADOS UNIDOS: *Texas*; MÉXICO: *Coahuila, Nuevo León, Tamaulipas* [Richman, 1981; WSC, 2024], *Jalisco, Michoacán y Nayarit* [presente trabajo].

Historia natural. Según Richman (1981), esta especie parece estar asociada con bosques de encino y enebro. Los especímenes utilizados en este estudio se recolectaron de la capa superior de hojarasca del bosque de encinos (*Quercus* sp.) a 1,473 m en Tamaulipas, México, dentro del área de distribución conocida de la especie. Esto también incluyó áreas perturbadas en la ciudad de Monterrey (Figs. 3A-D).

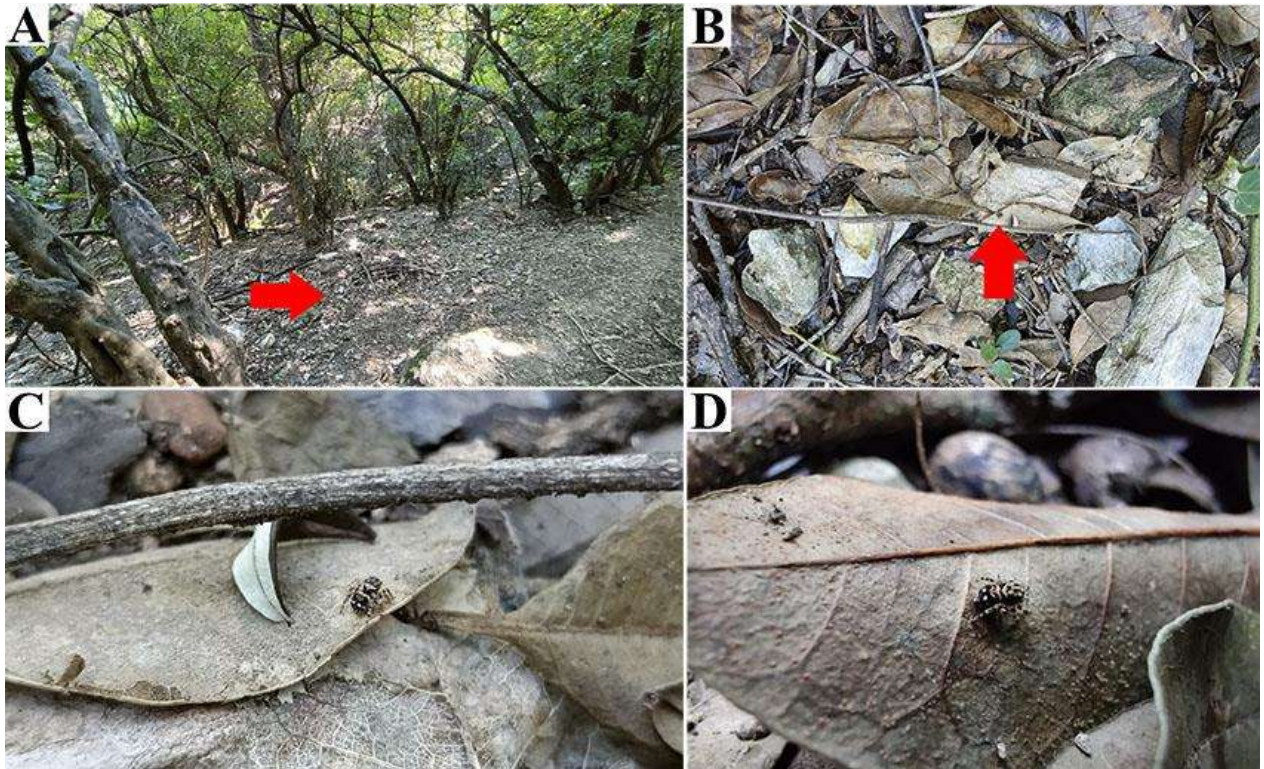


Figura 3. *Naphrys acerba* (Peckham y Peckham, 1909) desde el camino al teleférico, Cerro de la Silla, Guadalupe, Nuevo León, México. La flecha roja indica (A) Hábitat, (B) Microhábitat. (C) y (D) Hembra viva sobre hojarasca. Fotos de Juan Maldonado-Carrizales.

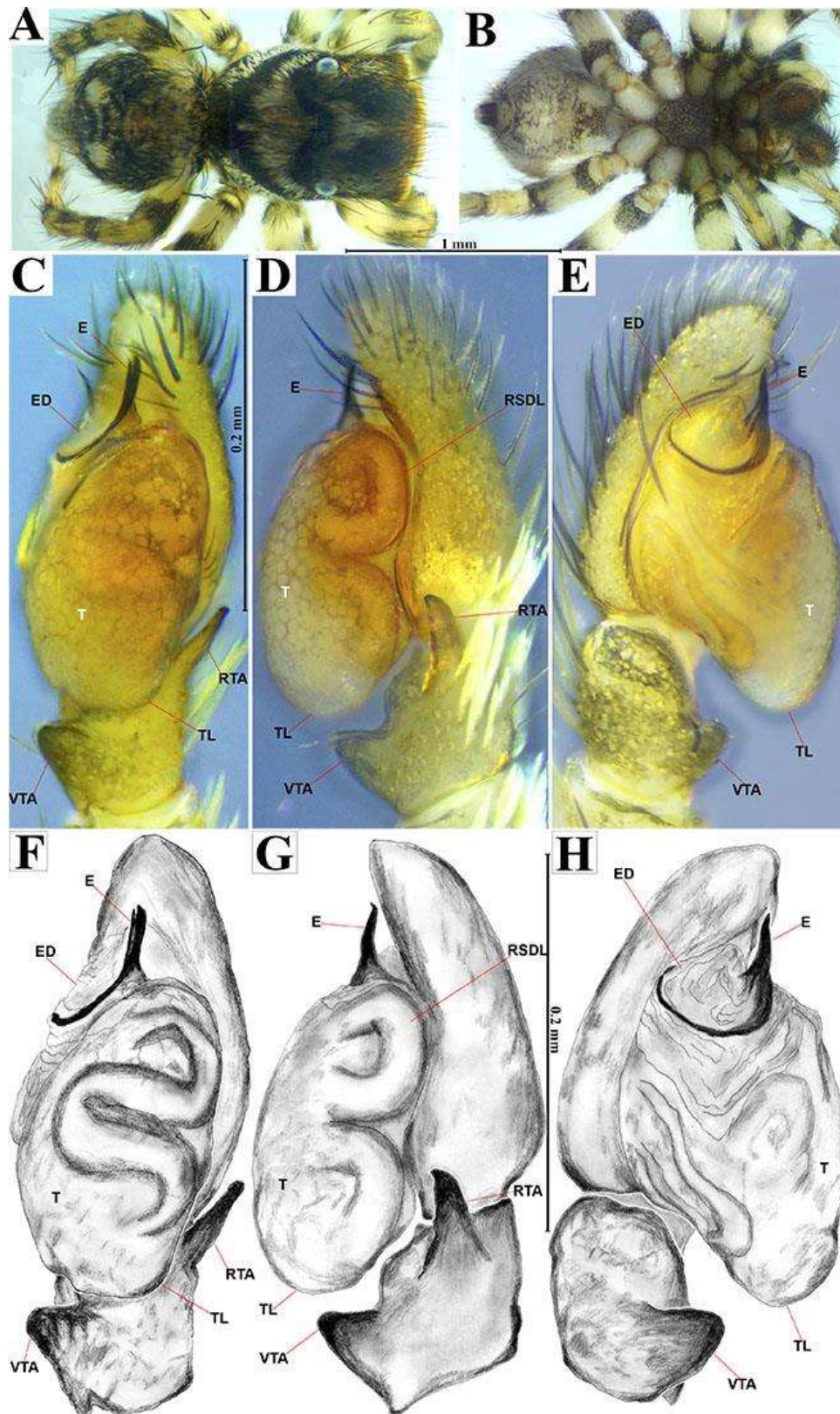


Figura 4. *Naphrys acerba* (Peckham y Peckham, 1909). Hábito macho (A) vistas dorsal y (B) ventral. Palpo izquierdo (C) vistas ventral, (D) retrolateral y (E) prolateral. Dibujos del palpo izquierdo (F) vistas ventral, (G) retrolateral y (H) prolateral.

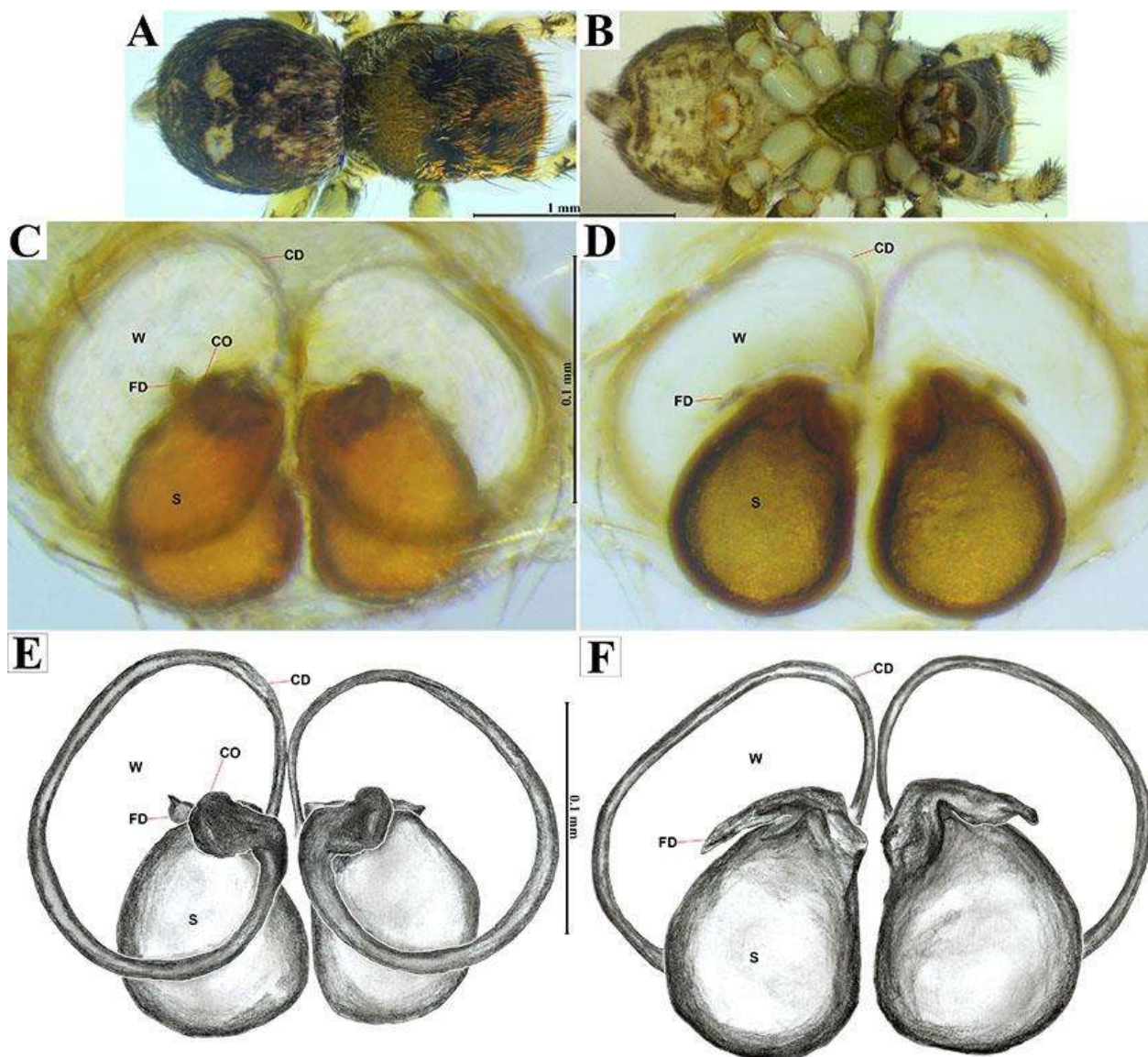


Figura 5. *Naphrys acerba* (Peckham y Peckham, 1909). Hábito de la hembra (A) vistas dorsal y (B) ventral. Epígino (C) vistas dorsal y (D) ventral. Dibujos del epígino (E) vistas ventral y (F) dorsal.

Naphrys echeri **sp. nov.**

Figs. 6–10.

LSID: urn:lsid:zoobank.org:act:FFCFC48A-1827-4DCF-9096-DE8504E63251

Material tipo: **Macho** holotipo, MÉXICO: *Michoacán*, Cerro El Gigante, Jesús del Monte, Morelia (lat. 19.636605, long. -101.146877, 2192 m), **bosque de encino** (*Quercus* sp.), colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, F. Morales Martínez, R. Cortés Santillán cols., 31/III/2023. (CARCIB-Ar-047). Paratipos: 1 **hembra** (CARCIB-Ar-008), 1 **macho** (CARCIB-Ar-0327) y 1 **hembra** (CARCIB-Ar-0328) mismos datos de colecta que el hholotipo. *Jalisco*: 1 **macho**, 1 inmaduros (CAFBUM84264) Piedras Bolas, Ahualulco de Mercado (lat. 20.653021, long. -104.057697, 1907 m), **bosque de encino** (*Quercus* sp.), colecta directa del suelo, J.

Maldonado Carrizales, G. L. López Solís, S. Montañez Hernández, N. Ruíz Hernández cols., 8/IV/2022. 1 **hembra** (CAFBUM88012) UMA Potrero de Mulas, San Sebastián del Oeste (lat. 20.749852, long. -104.976763, 797 m) bosque de niebla, colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, E. G. Fuentes Ortiz cols., 13/XII/2022.

Otro material examinado. MÉXICO: Jalisco: 1 **hembra** (CNAN-Ar011468) y 1 **macho** (CNAN-Ar011467), inicio del camino hacia el Cerro La Bufa, San Sebastián del Oeste (lat. 20.758, long. -104.8438, 1460 m), bosque de pinos jóvenes, D. Guerrero, G. Contreras, C. Hutton, G.B. Edwards cols., 14/VI/2018. 3 **machos**, 3 inmaduros (CNAN-Ar011464), y 1 **hembra** (CNAN-Ar011462), Piedras Bolas, Ahualulco de Mercado (lat. 20.64945, long. -104.05592, 1863 m), **bosque de encino** (*Quercus* sp.), D. Guerrero, G. Contreras, C. Hutton y G.B. Edwards cols., 17/VI/2018.

Etimología. El nombre “echeri” (/etʃˈeri/ pronunicación nativa) es un sustantivo en aposición que significa “tierra o suelo” en lengua p'urépecha, en referencia al microhábitat donde habita. El estado p'urépecha, que alcanzó su máximo auge en los siglos XIV y XV antes de la llegada de los españoles, se conoce hoy como Michoacán y representa la localidad tipo de esta especie.

Diagnosis. *Naphrys echeri* **sp. nov.** se parece a *N. tuuca* **sp. nov.** ya que los machos tienen una línea longitudinal blanca medial extendida en la parte dorsal del opistosoma, que se extiende a través de todo el opistosoma (Fig. 7A). Sin embargo, *N. echeri* **sp. nov.** difiere en poseer un ED que lleva un proceso triangular bien desarrollado (PED) junto al émbolo, claramente visible en vista retrolateral (Figs. 7D, G). *Naphrys echeri* **sp. nov.** tiene una E gruesa y recta más corta que el ED (Figs. 7C, E, F, H), mientras que en *N. pulex* este es grueso pero curvado, y en *N. tuuca* **sp. nov.** la E es delgada y se pliega en el punto medio formando una curva suave, finalmente más grande que el ED. *Naphrys echeri* **sp. nov.** difiere de *N. tecoxquin* **sp. nov.** y *N. tuuca* **sp. nov.** en la morfología del ápice de su émbolo, con *N. echeri* **sp. nov.** Posee una fina proyección que se estrecha abruptamente hasta formar una estructura similar a una espina y se orienta hacia el interior del palpo. Las hembras de *N. echeri* **sp. nov.** comparten con *N. tecoxquin* **sp. nov.** la ubicación de CO en la cara lateral externa de S, pero difieren en forma; en *N. echeri* **sp. nov.**, las S son circulares (Figs. 8C-F), mientras que en *N. tecoxquin* **sp. nov.** son piriformes.

Descripción del macho holotipo (CARCIB-AR-047). Longitud total: 2.60. Prosoma 1.57 de largo y 1.22 de ancho. Marrón oscuro, con setas blancas formando una marca en forma de “V”, que se extiende hacia afuera desde los lados del PLE hacia el pedicelo en la región cefálica (Fig. 7A). Borde inferior cubierto con seta blanca formando una banda. Cuadrángulo ocular (OO) 0.30 de largo. Fila de ojos anterior (AER) 1.46 veces más ancha que PER, AER 1,10 de ancho, PER 0.75 de ancho. Esternón marrón rojizo, 0.65 de largo, 0.50 de ancho. Labium marrón rojizo, tan largo como ancho, 0.30 de largo, 0.30 de ancho. Endito 0.42 de largo, 0.17 de ancho, marrón rojizo, blanquecino anteriormente y de forma cuadrada (Fig. 7B). Opistosoma 1.03 de largo y 0.95 de ancho; Exhibe una banda longitudinal con setas blancas en vista dorsal, cubriendo más

de la mitad de su ancho (Fig. 7A). Palpo cubierto por setas blancas en vista dorsal; en vista ventral posee una E recta, corta y ancha que cubre hasta la mitad de la parte distal del cymbium (Figs. 7C, F, 9A, 10A). Vista ventral de la E con escamas (Figs. 10A, C). Un PED está presente, fácilmente visible en vista retrolateral, triangular con una fina proyección en la punta que se estrecha abruptamente formando dos estructuras similares a espinas (Figs. 7D, G, 9B, 10A-C). El ápice del émbolo y la SP están orientados hacia el interior del palpo (Figs. 9A, 10A-B). El ápice del émbolo presenta una fina proyección que se estrecha abruptamente a una estructura similar a una espina, mientras que la SP presenta un borde multiconvexo formando crestas lisas (Fig. 10D). Disco embolar (ED) completamente rugoso y plegado en su porción anterior (Figs. 9A, 10A). Térgulo (T) amarillo con marcas oscuras y una RSDL ancha que ocupa más de la mitad, fácilmente visible en la vista retrolateral (Figs. 7D, G). Además, la RSDL está dividida en dos: el asa anterior es extremadamente curvada formando una “C” invertida que se extiende desde el centro de la T hasta su borde retrolateral. El asa posterior es curvada anteriormente y recta en su parte más posterior, formando una “L” invertida que no toca el borde retrolateral (Figs. 7D, G). Apófisis tibial retrolateral (RTA) ancha en la base, reduciéndose en la parte distal y ligeramente orientada anteriormente (Figs. 7D, G, 9B, D). Apófisis tibial ventral (VTA) redondeada con una gran fosita en la punta. Presenta líneas tenues que recorren su superficie (Figs. 9A, C). Patas de color marrón rojizo con bandas negras. Las patas I y II son pálidas con marcas intersegmentarias oscuras, excepto la articulación entre el metatarso y el tarso. Las patas III y IV presentan marcas intersegmentarias oscuras en toda su extensión. Fórmula de patas: 3412. Pata I: 2.84 (0.90, 0.45, 0.60, 0.46, 0.42); Pata II: 2.72 (0.92, 0.45, 0.52, 0.45, 0.38); Pata III: 3.90 (1.20, 0.55, 0.82, 0.77, 0.47); Pata IV: 3.80 (1.30, 0.50, 0.72, 0.82, 0.45).

Hembra (CARCIB-Ar-008). Coloración más pálida, menos pronunciada que la del macho. Longitud total: 5.10. Prosoma 2.50 de largo y 1.90 de ancho. Marrón oscuro, con setas blancas y naranjas anteriormente (Fig. 8A). Borde inferior cubierto de setas blancas formando una banda. Cuadrángulo ocular (OQ) 0.60 de largo. Fila de ojos anterior (AER) 1.27 veces más ancha que PER, AER 1.40 de ancho, PER 1.10 de ancho. Esternón marrón rojizo con marcas oscuras, 1.67 de largo, 0.87 de ancho. Labio negro ligeramente más largo que ancho, 0.37 de largo, 0.32 de ancho. Endite 0.25 de largo, 0.65 de ancho, marrón rojizo, blanquecino anteriormente y de forma ovoide (Fig. 8B). Opistosoma 2.60 de largo y 2.50 de ancho; Cubierto con setas de color bronce cobrizo en toda la superficie y exhibiendo un patrón moteado de tenues marcas translúcidas (Fig. 8A). Epígino ligeramente más ancho que largo, 0.40 de largo, 0.34 de ancho. Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en los lados laterales externos de S. S circular y un asa única en CD forman una D en cada lado del epígino (Figs. 8C-F). El tabique medio (MS) y los lados son lisos, en forma de tridente, con surcos o crestas en la parte anterior (Fig. 10E). Ventanas del epígino (W) mayormente lisas, pero estriadas centralmente (Fig. 10E). Patas marrón rojizas con marcas negras. Fórmula de patas 3412. Pata I 3,72 (1,12, 0,70, 0,85, 0,65, 0,40), Pata II 3,67 (1,30, 0,62, 0,67, 0,62, 0,45), Pata III 5,52 (1,85, 0,80, 1,25, 1,00, 0,62), Pata IV 4,40 (1,57, 0,67, 1,12, 0,52, 0,50).

Distribución. MÉXICO: *Michoacán* y *Jalisco*.

Historia natural. Los especímenes se recolectaron de la hojarasca del bosque de encino (*Quercus* sp.) y del bosque de niebla. Los adultos se encontraron principalmente de marzo a noviembre. (Figs. 6A-C).

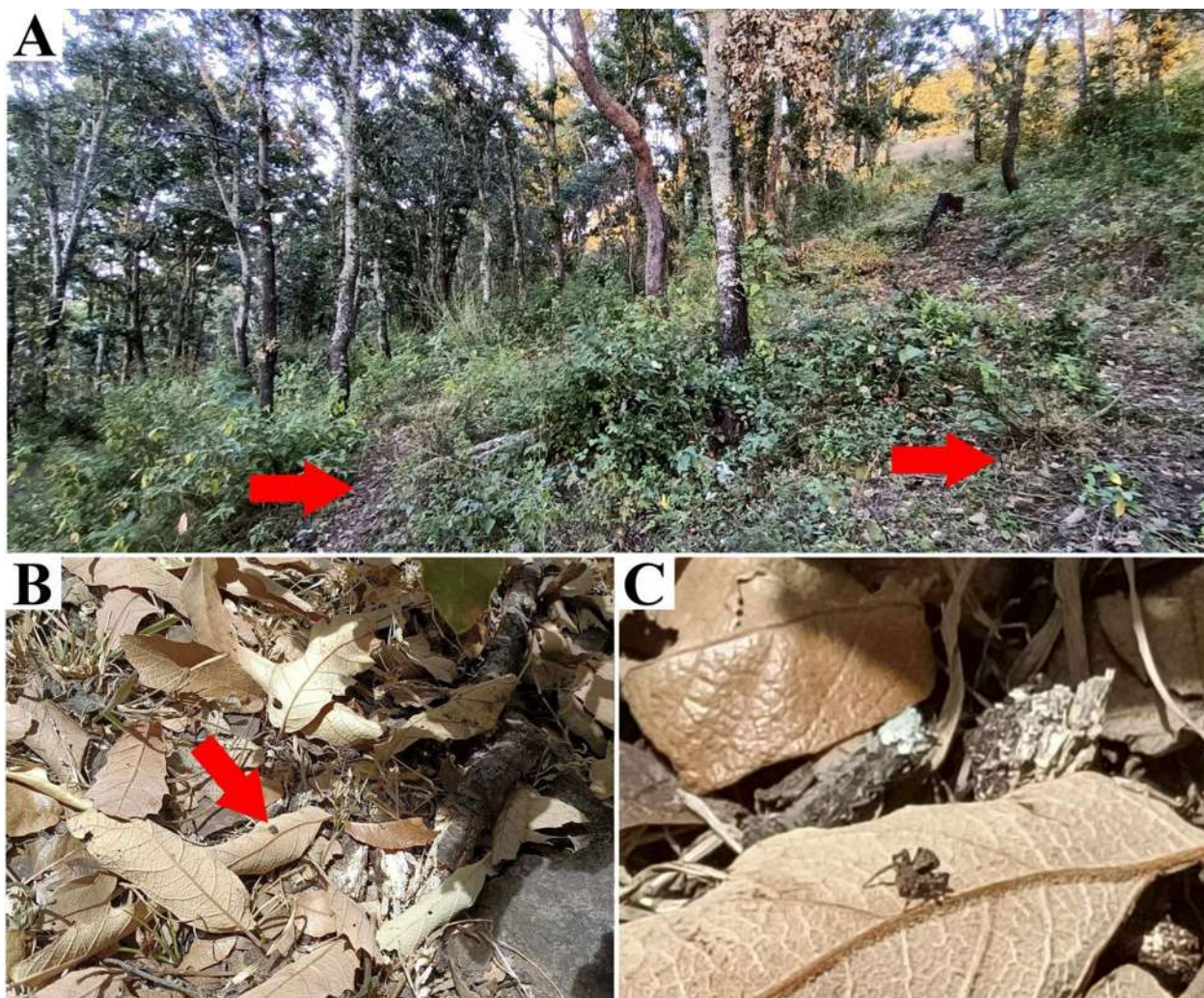


Figure 6. Localidad tipo de *Naphrys echeri* **sp. nov.** del Cerro El Gigante, Jesús del Monte, Morelia, Michoacán, México. La flecha roja indica (A) hábitat y (B) microhábitat. (C) ejemplar hembra vivo en bosque de encino.

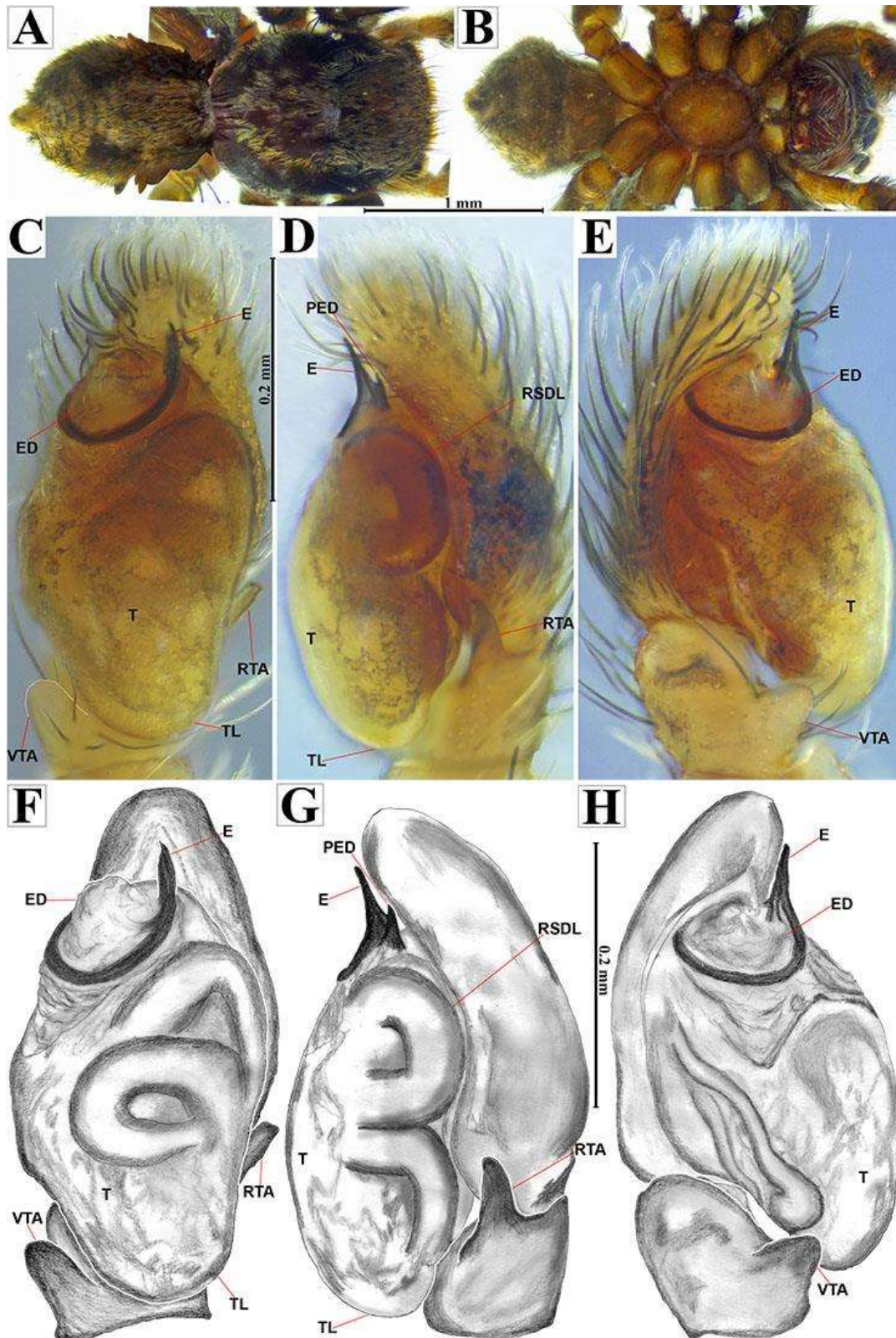


Figure 7. *Naphrys echeri* **sp. nov.** holotipo macho (CARCIB-AR-047). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Palpo izquierdo vistas (C) ventral, (D) retrolateral y (E) prolateral. Dibujos del palpo izquierdo vistas (F) ventral, (G) retrolateral y (H) prolateral.

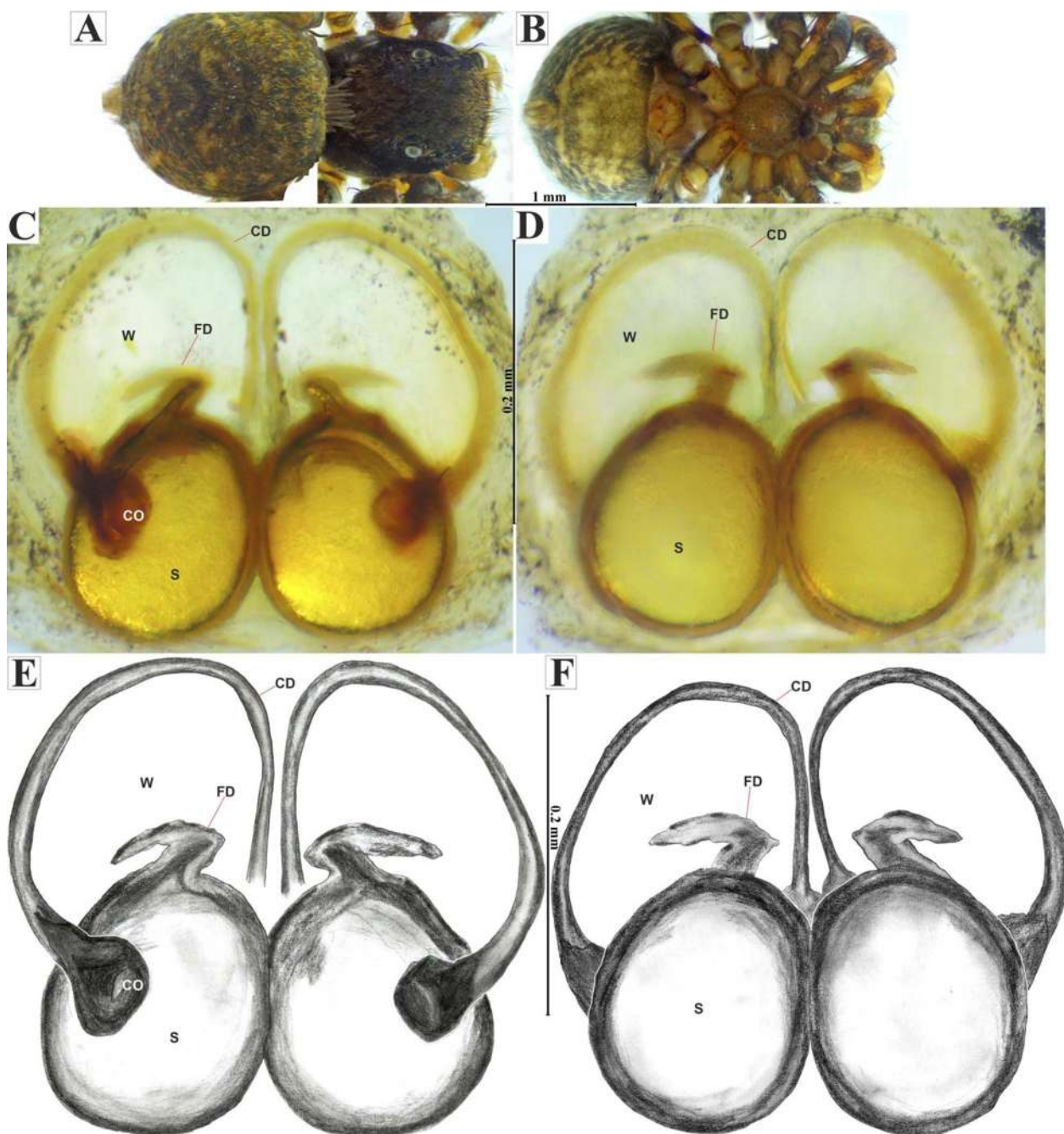


Figure 8. *Naphrys echeri* **sp. nov.** paratipo hembra (CARCIB-Ar-008). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Epigineo (C) vistas dorsal y (D) ventral. Dibujos del epigineo (E) vistas ventral y (F) dorsal.

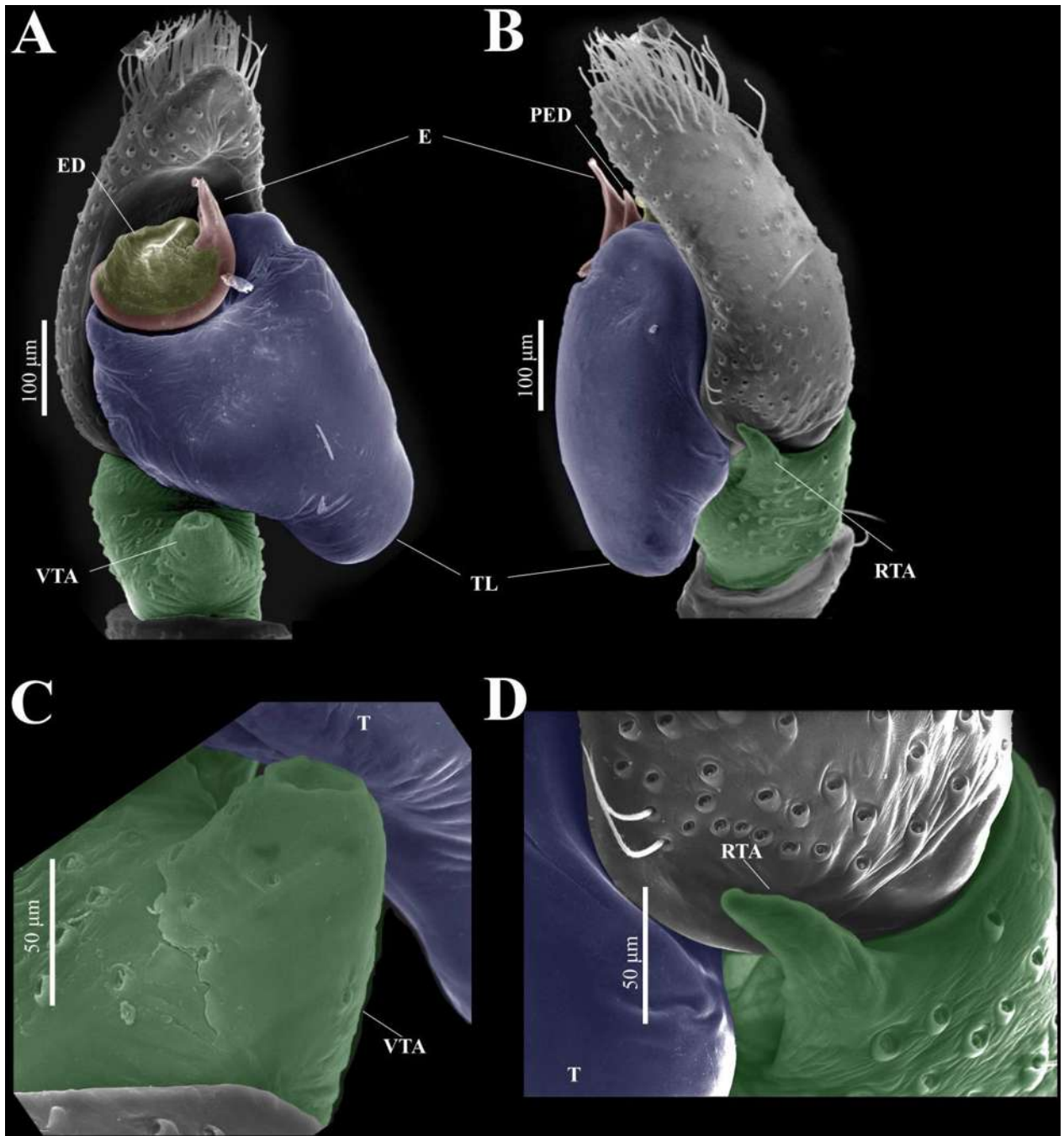


Figure 9. *Naphrys echeri* sp. nov. Genitalia del macho: Micrografías SEM Pedipalpo: (A) prolateral y (B) retrolateral. (C) Apófisis tibial ventral (VAT). (D) Apófisis tibial retrolateral (RTA).

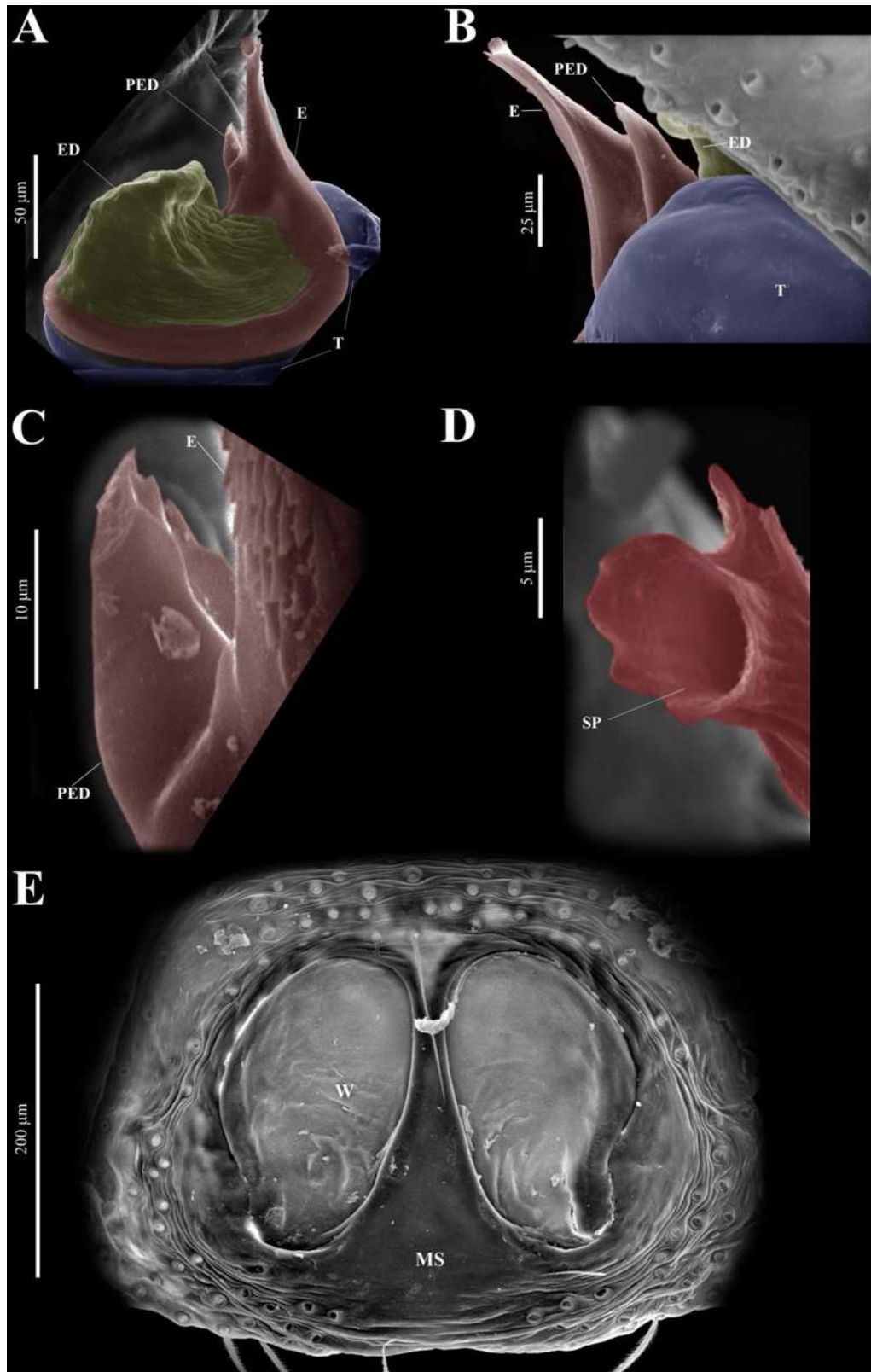


Figure 10. *Naphrys echeri* **sp. nov.** Genitalia del macho micrografías SEM: Émbolo (A) vista ventral y (B) vista dorsal. (C) Proceso en el disco embólico (PED). (D) Poro espermático (SP) en el ápice del émbolo. (E) genitalia de la hembra micrografía SEM: epigineo, vista ventral.

Naphrys tecoxquin **sp. nov.**

Figs. 11–15.

urn:lsid:zoobank.org:act:D67CCC72-E17D-450C-9193-231120527FDE

Material tipo: Holotipo macho, MÉXICO: Jalisco, Boca de Tomatlán, Cabo Corrientes (lat. 20.511861, long. -105.318, 36 m), bosque tropical, colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, R. Cortés Santillán, E. G. Fuentes Ortiz cols., 13/IV/2023 (CARCIB-Ar-048). Paratipos: 1 hembra (CARCIB-Ar-009), 1 macho (CARCIB-Ar-0329) y 1 hembra (CARCIB-Ar-0330) mismos datos de colecta que el holotipo; 2 machos (CAFBUM84260-CAFBUM84261) y 1 hembra (CAFBUM84238) mismos datos que el holotipo.

Otro material examinado. MÉXICO. Jalisco: 1 macho (CAFBUM84232) y 12 inmaduros (CAFBUM84221), mismos datos de colecta que el holotipo. 1 inmaduro (CNAN-Ar011469), mismos datos de colecta que el paratipo. 1 hembra (CNAN-Ar011471), Las Ánimas mismo municipio que el holotipo (lat. 20.50002, long. -105.33869, 39m), bosque tropical, colecta directa del suelo, G. Contreras col., 6/IX/2018.

Etimología. El nombre de la especie “tecoxquin” (/tek'ofkin/ pronunciación nativa) es un sustantivo en aposición en referencia al grupo nativo original que habitó una extensa región que abarca toda la costa sur de Nayarit y la vecina costa de Jalisco donde se encuentra la localidad tipo.

Diagnosis. Los machos de *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** posee setas de color bronce cobrizo brillante en la parte anterior del prosoma (Figs. 11E, 12A), un opistosoma claro con cuatro manchas negras en vista dorsal y marcas de color marrón oscuro que apuntan hacia arriba en el tercio posterior (Fig. 12A). En contraste, *N. echeri* **sp. nov.** exhibe un opistosoma oscuro cubierto con setas de color bronce cobrizo en toda su superficie y muestra un patrón moteado de marcas translúcidas tenues (Fig. 7A). *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** exhibe patas marrón oscuro I-III (Fig. 11E), que contrastan con el resto de las especies. *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** es similar a *N. xerophila*, pero difiere en tener un émbolo grueso y recto (Figs. 12C-H), en contraste con el émbolo curvado observado en *N. xerophila* y *N. pulex*. *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** difiere de *N. echeri* **sp. nov.** y *N. tuuca* **sp. nov.** en la morfología del ápice de su émbolo, que es ventralmente plano y dorsalmente convexo, orientado hacia el exterior del pedipalpo. La superficie del ápice del émbolo en *N. tecoxquin* **sp. nov.** es sinuosa con pequeñas proyecciones. Además, *N. tecoxquin* **sp. nov.** carece de PED junto al émbolo, una característica de *N. echeri* **sp. nov.** (Figs. 7D, G, 9B, 10A-C). En las hembras de *N. tecoxquin* **sp. nov.**, CO se encuentran en el lado lateral externo de S (Figs. 13C, E). *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** difiere de *N. echeri* **sp. nov.** en la forma de S, que es piriforme en *N. tecoxquin* **sp. nov.** (Figs. 13C-F), pero redonda en *N. echeri* **sp. nov.** (Figs. 8C-F).

Descripción. Macho holotipo (CARCIB-Ar-048). Longitud total: 2.90. Prosoma de 1.74 de largo y 1.26 de ancho. Marrón oscuro, con setas blancas formando una marca en forma de “U”, que se extiende desde los lados del PLE hacia el pedicelo. La parte anterior está cubierta por setas bronceadas (Fig. 12A). Borde inferior cubierto por setas blancas formando una banda. Cuadrángulo ocular (OQ), de 0.60 de largo. Fila ocular anterior (AER) 1.31 veces más ancha que PER, AER 1.18 de ancho, PER 0.90 de ancho. Esternón oscuro con tenues marcas amarillas, de 0.62 de largo, 0.46 de ancho. Labium oscuro, más ancho que largo, de 0.15 de largo, 0.22 de ancho. Endito de 0.27 de largo, 0.25 de ancho, marrón rojizo, blanquecino anteriormente y cuadrado (Fig. 12B). Opistosoma de 1.16 de largo y 0.92 de ancho, con dos bandas longitudinales rectas en forma de “V” que cubren casi la mitad del opistosoma anterior. En la parte central, se observa una marca negra con forma de tres triángulos unidos en la base. Además, se observa una marca blanca en forma de diamante en la parte distal (Fig. 12A). Pedipalpo cubierto por setas blancas en vista dorsal; en vista ventral, una E gruesa y recta cubre hasta la mitad de la parte distal del cimbium (Figs. 12C, F). El ápice del émbolo y la SP están orientados hacia el exterior del palpo (Figs. 14A, 15A). El ápice del émbolo es plano ventralmente y convexo dorsalmente, orientado hacia el exterior del pedipalpo. La superficie del ápice del émbolo es sinuosa con pequeñas proyecciones (Figs. 15A-B). El disco embolar (ED) presenta un ligero pliegue anterior, con estrías en el centro (Figs. 14A, 15A). El tegulum (T) es oscuro con tenues marcas amarillas y naranjas. La RSDL es ancha y fácilmente visible en la vista retrolateral (Figs. 12D, G). Además, la RSDL está dividida en dos, el asa anterior presenta una ligera curvatura similar a un paréntesis cerrado “)””, extendida en el borde retrolateral. Adyacente, el asa posterior comparte la misma forma, pero no toca el borde retrolateral (Figs. 12D, G). La apófisis tibial retrolateral (RTA) exhibe una superficie densamente estriada en toda su longitud. Esta apófisis se proyecta en una orientación recta, atenuándose gradualmente distalmente. Cabe destacar que la RTA muestra una ligera orientación dorsal en relación con el palpo (Figs. 14B, D). La apófisis tibial ventral (VTA) es redondeada y lisa (Figs. 14A, C). Pata I, fémur, patela, tibia y metatarso son de color marrón oscuro con tenues marcas de color marrón rojizo. Patas II-III, fémur, patela y tibia son de color marrón oscuro con tenues marcas de color marrón rojizo, metatarso ámbar y tarso amarillo. Pata IV, fémur, metatarso y tarso amarillos, patela y tibia marrón oscuro con tenues marcas de color marrón negruzco. Fórmula de patas 3412. Pata I 2.81 (0.82, 0.48, 0.62, 0.45, 0.42); pata II 2.86 (0.85, 0.47, 0.60, 0.52, 0.41); pata III 3.83 (1.25, 0.47, 0.77, 0.81, 0.52); pata IV 3.75 (1.27, 0.58, 0.78, 0.57, 0.52).

Hembra (CARCIB-Ar-009). Coloración más pálida, menos pronunciada que la del macho, particularmente en el prosoma. Longitud total: 2.68. Prosoma 1.50 de largo y 1.10 de ancho, marrón oscuro, con la parte anterior cubierta de setas negras y naranjas (Fig. 13A); borde inferior cubierto de setas blancas formando una banda. Cuadrángulo ocular (OQ), 0.70 de largo. Fila de ojos anterior (AER) 1.50 veces más ancha que PER, AER 1.08 de ancho, PER 0.72 de ancho. Esternón marrón rojizo con marcas oscuras, 0.62 de largo, 0.46 de ancho. Labium negro, más ancho que largo, 0.22 de largo, 0.46 de ancho. Endito 0.28 de largo, 0.24 de ancho, marrón

rojizo y ovoide (Fig. 13B). Opistosoma 1.18 de largo y 0.92 de ancho; claro con cuatro manchas negras en vista dorsal, junto con marcas de chevron ascendentes de color marrón oscuro en el último tercio posterior (Fig. 13A). Epigineo más largo que ancho, 0.82 de largo, 0.46 de ancho. Las aberturas copuladoras (CO) se encuentran en los lados laterales externos de S. Espermateca (S) piriforme y un bucle único en CD forman una forma de D en cada lado del epigineo (Figs. 13C-F). Septo medio (MS) y lados lisos, en forma de tridente, con ranuras en los bordes anteriores de W (Fig. 15C). Ventanas del epigineo (W) más largas que anchas, mayormente lisas, pero estriadas en el centro (Fig. 15C). Patas de color marrón rojizo con marcas negras. Fórmula de las patas 3412. Pata I 2.25 (0.67, 0.45, 0.47, 0.37, 0.27); pata II: 2.12 (0.55, 0.40, 0.50, 0.35, 0.32); pata III: 3.27 (1.05, 0.45, 0.70, 0.60, 0.47); pata IV: 3.10 (1.00, 0.40, 0.67, 0.65, 0.37).

Distribución. MÉXICO: *Jalisco*.

Historia natural. Los especímenes se recolectaron de la hojarasca de bosques tropicales secos con árboles latifolios. Los adultos se encontraron principalmente de abril a julio y de septiembre a noviembre (Fig. 11).

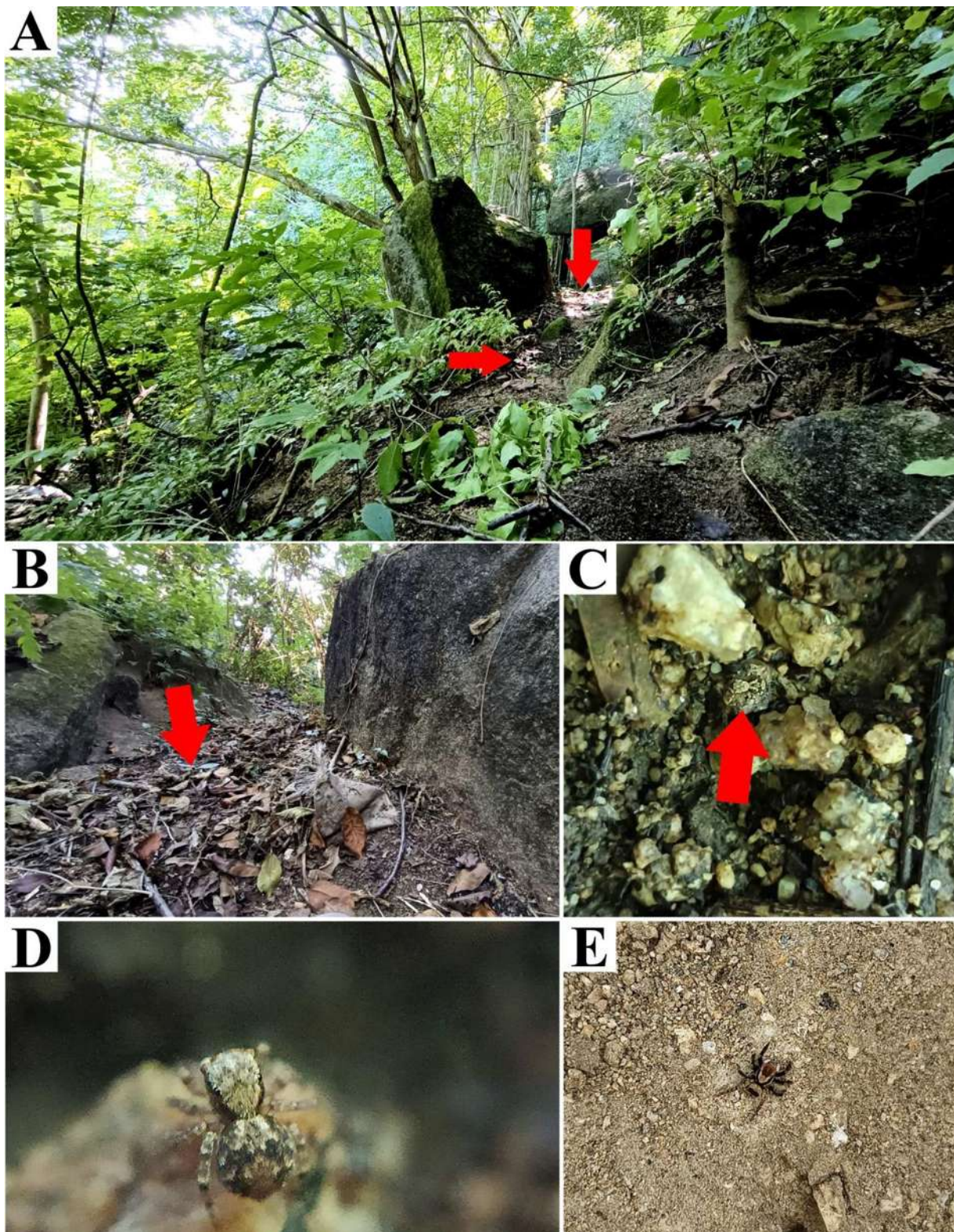


Figure 11. Localidad tipo de *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** de Boca de Tomatlán, Cabo Corrientes, Jalisco, México. La flecha roja indica (A) hábitat y (B) microhábitat. (C) La flecha roja indica ejemplar vivo en el suelo. (D) Ejemplar vivo de Hembra y (E) Ejemplar vivo de macho.

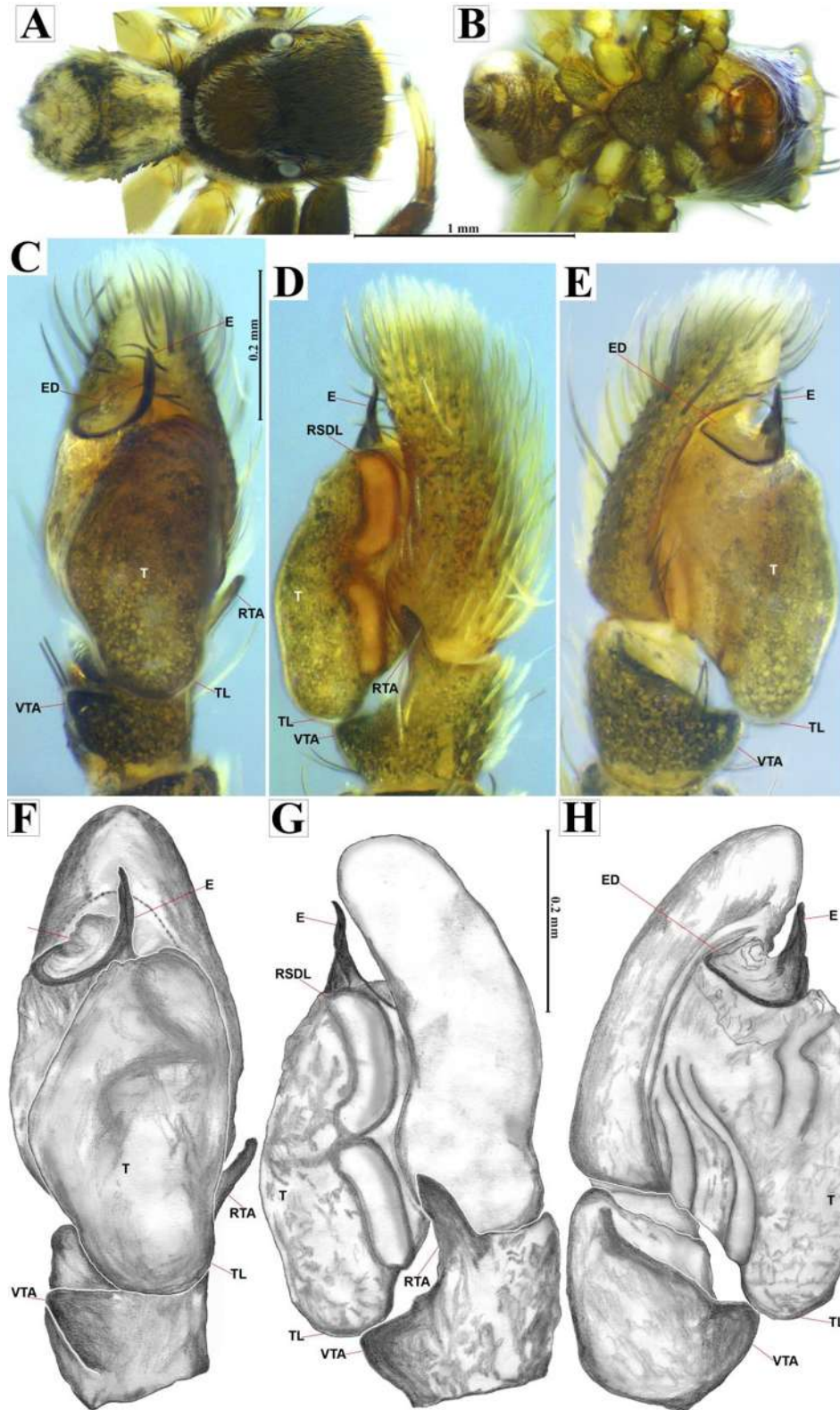


Figure 12. *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** macho holotipo (CARCIB-Ar-048). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Palpo izquierdo (C) vistas ventral, (D) retrolateral y (E) prolateral. Dibujos del palpo izquierdo (F) vistas ventral, (G) retrolateral y (H) prolateral.

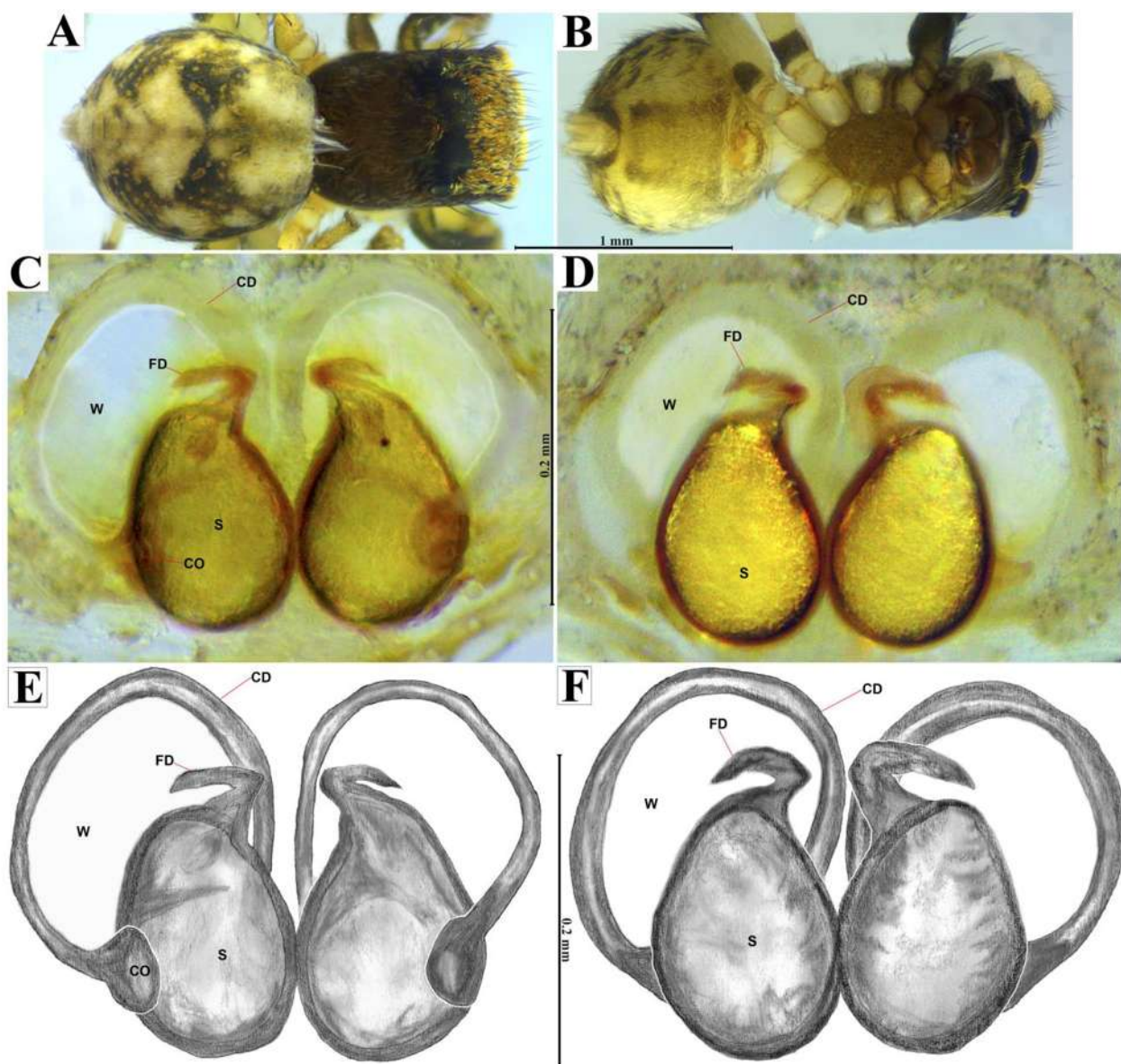


Figure 13. *Naphrys tecoxquin* sp. nov. hembra paratipo (CARCIB-Ar-009). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Epigineo (C) vistas dorsal y (D) ventral. Dibujos del epigineo (E) vistas ventral y (F) dorsal.

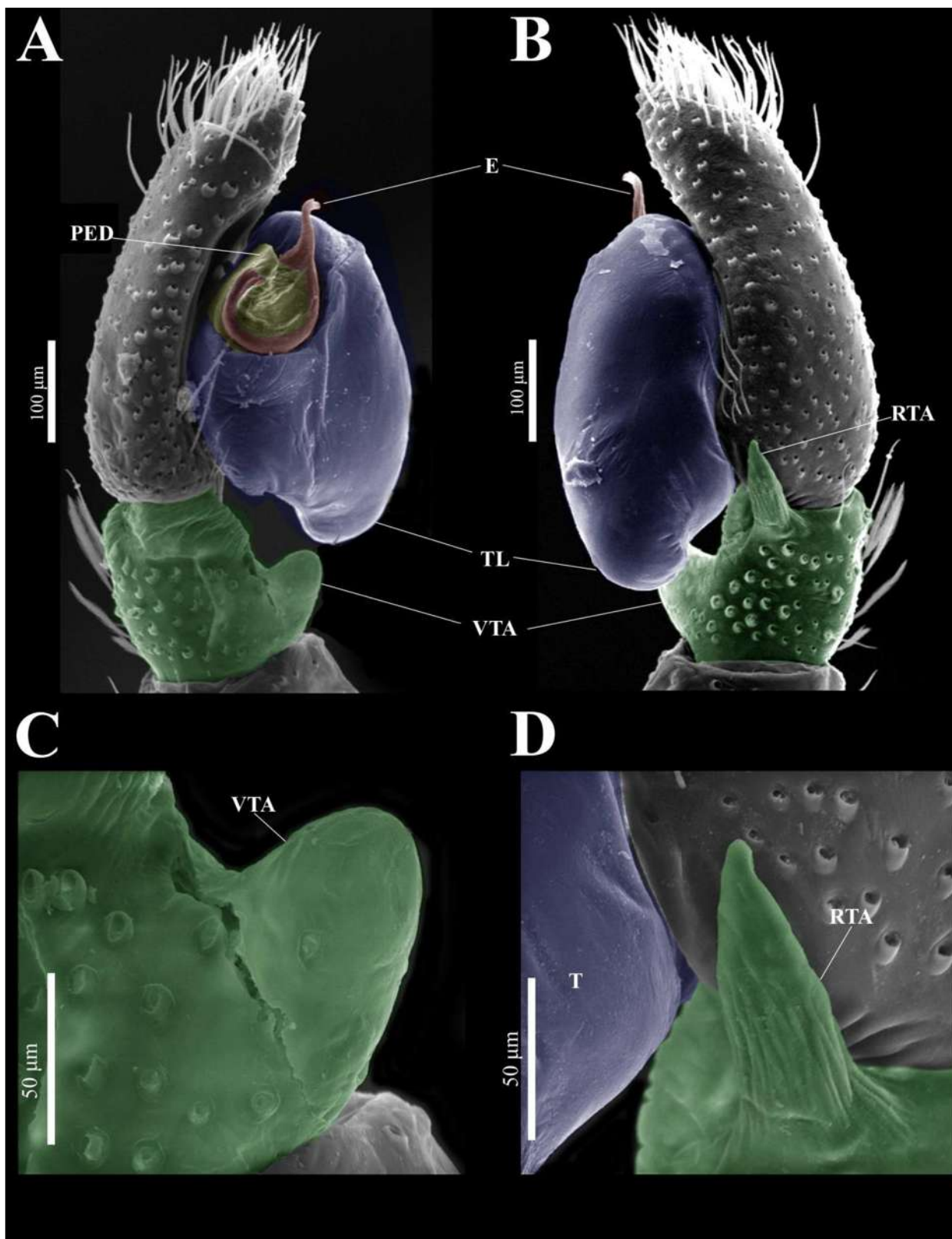


Figure 14 *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** genitália de macho: Micrografias SEM. Pedialpo: (A) prolateral y (B) retrolateral. (C) Apófisis tibial ventral (VTA). (D) Apófisis tibial retrolateral (RTA).

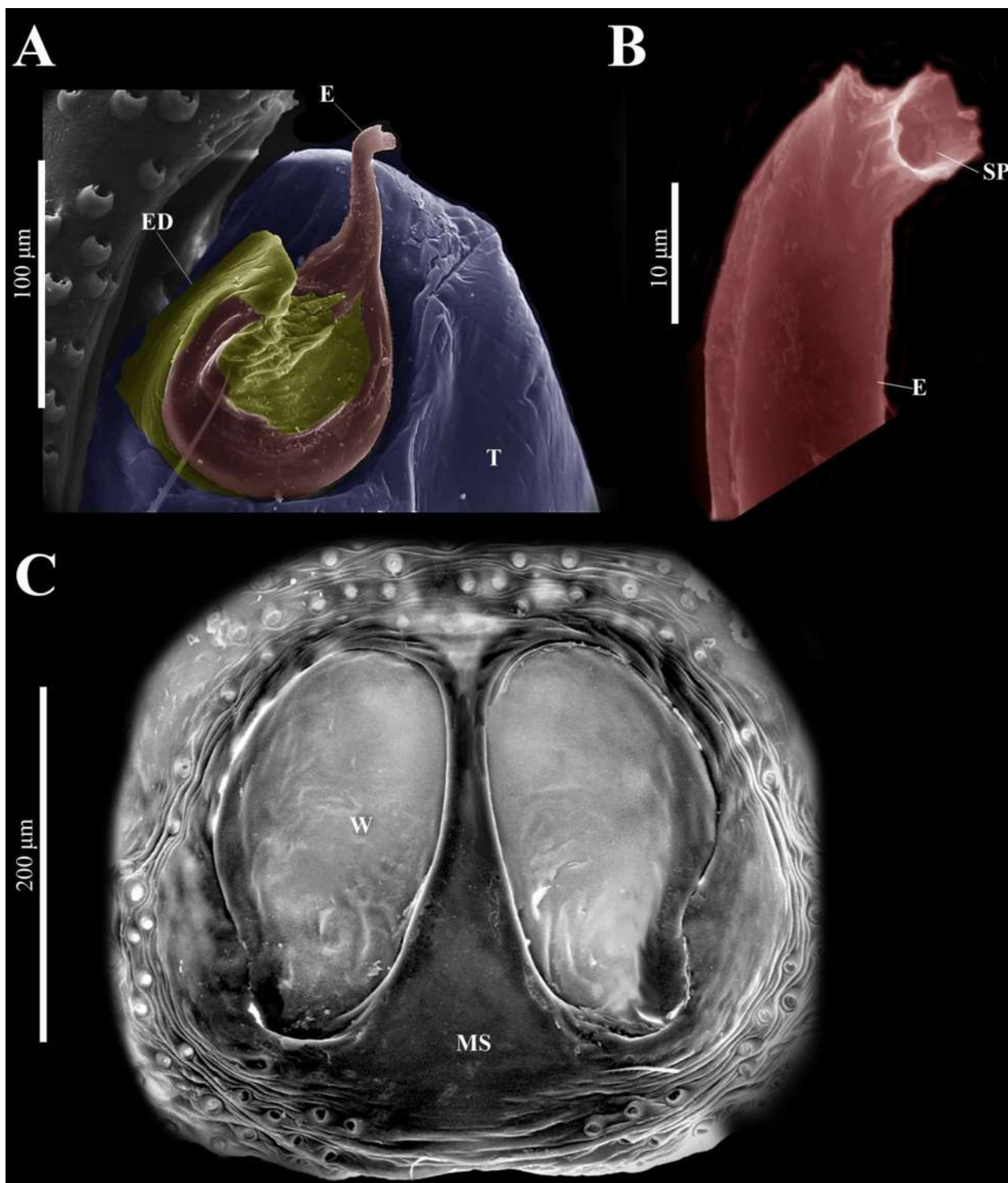


Figure 15. *Naphrys tecoxquin* sp. nov. genitalia del macho: micrografías de SEM. Émbolo (A) vista ventral. (B) Poro espermático (SP) en el ápice del émbolo. (C) genitalia de la hembra: micrografía de SEM, epigineo vista ventral.

Naphrys tuuca **sp. nov.**

Figs. 16–22.

LSID: urn:lsid:zoobank.org:act:3129A3DE-57E8-46CC-8036-86DC467EB056

Material tipo: Macho holotipo, MÉXICO: *Nayarit*, macho del Cerro San Juan, Tepic (lat. 21.505877, long. -104.924464, 1121m), bosque de encino (*Quercus* sp.), colecta directa del suelo, J. Maldonado Carrizales, R. Cortés Santillán col., 24/V/2023 (CARCIB-Ar-049). Paratipos: 1 hembra (CARCIB-Ar-010), 2 machos (CARCIB-Ar-0331; CAFBUM880039) y 2 hembras (CARCIB-Ar-0332; CAFBUM880021) mismos datos de colecta que el holotipo.

Outro material examinado. MÉXICO. *Nayarit*: 2 machos (CAFBUM880001; CAFBUM880002), 1 hembra (CAFBUM880075), mismos datos que el holotipo. 1 macho (CNAN-Ar011460), mismos datos que el holotipo (CNAN-Ar011461). 3 machos y 3 hembras (CNAN-Ar011461), Volcán Ceboruco, Jala (lat. 21.1149, long. -104.5014, 1916m), cañada húmeda, D. Guerrero, G. Contreras, C. Hutton, and G.B. Edwards col., 16/V/2018.

Etimología. El nombre de la especie “tuuca” (/t̪uuk'a/ pronunciación nativa) es un sustantivo en aposición que significa “araña” en la lengua wixárika. El pueblo wixárika es originario de la Sierra Madre Occidental en el estado de Nayarit, donde se encuentra la localidad tipo.

Diagnosis. El prosoma en vista dorsal de *N. tuuca* **sp. nov.** presenta una seta blanca característica única que forma una marca en forma de “Y”, extendiéndose hacia afuera desde los lados del PLE (Figs. 16C, 17A). En contraste, *N. echeri* **sp. nov.** exhibe setas blancas que forman una marca en forma de “V” en esta región (Fig. 7A). *Naphrys tuuca* **sp. nov.** tiene un opistosoma oscuro cubierto con setas de color bronce cobrizo en toda la superficie (Figs. 16C, 17A), similar a *N. echeri* **sp. nov.**; sin embargo, *N. tuuca* **sp. nov.** presenta un patrón moteado distintivo de marcas blancas y una franja blanca lisa longitudinal medial que cubre la porción anterior del opistosoma (Figs. 16C, 17A). Los machos de *N. tuuca* **sp. nov.** poseen un émbolo delgado (Figs. 17C-H). El émbolo es más grande que el ED y se pliega en su punto medio, formando una curva suave (Figs. 17E, H), a diferencia del émbolo delgado y recto observado en *N. bufoides*. Al igual que en *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.**, el ápice del émbolo de *N. tuuca* **sp. nov.** es curvo y está orientado hacia el exterior del palpo. La superficie del ápice del émbolo en *N. tuuca* **sp. nov.** es lisa. Además, *N. tuuca* **sp. nov.** carece de PED, presente en *N. echeri* **sp. nov.** Las hembras de *N. tuuca* **sp. nov.** presentan CO ubicado en la parte basal media del epigineo (Figs. 18C, E), a diferencia de la ubicación central del CO observado en *N. acerba*, *N. bufoides* y *N. pulex*.

Descripción. Macho holotipo (CARCIB-Ar-049). Longitud total: 2.48. Prosoma de 1.42 de largo y 1.10 de ancho, oscuro con setas blancas que forman una marca en forma de “Y”, extendiéndose desde los lados del PLE hacia el pedicelo (Figs. 16C, 17A). Borde inferior cubierto de setas blancas que forman una banda. Cuadrángulo ocular (OQ), de 0.74 de largo.

Línea ocular anterior (AER) 1.53 veces más ancha que PER, AER de 0.98 de ancho, PER de 0.64 de ancho. Esternón oscuro con tenues marcas ámbar, de 0.72 de largo y 0.50 de ancho. Labium oscuro, más ancho que largo, de 0.17 de largo y 0.25 de ancho. Endite de 0.35 de largo y 0.27 de ancho, ámbar y cuadrado (Fig. 17B). Opistosoma de 1.06 de largo y 0.88 de ancho, que presenta una banda longitudinal con setas blancas en vista dorsal, que cubre un tercio de su anchura (Figs. 16C, 17A). Pedipalpo cubierto de setas blancas en vista dorsal, con un émbolo delgado en vista ventral, mayor que el ED, que se pliega en su punto medio formando una suave curva (Figs. 17C, E, F, H, 19A, 20A). El ápice del émbolo presenta un aplanamiento lateral, lo que le confiere una forma dorsalmente convexa; está orientado hacia afuera del cuerpo principal del palpo. La superficie del ápice del émbolo presenta contornos lisos (Figs. 20A-B). El disco embolar (ED) presenta un margen anterior desplegado, y la región central presenta una mayor concentración de estrías (Figs. 19A, 20A). Tegulum (T) oscuro con tenues marcas amarillas y anaranjadas, RLSD ancha, fácilmente visible en la vista retrolateral (Figs. 17D, G). Además, la RLSD está dividida en dos, con el asa anterior extremadamente curvada, formando una “C” invertida que se extiende desde la mitad del T hasta su borde retrolateral. El asa posterior es curvada anteriormente y recta en su parte más posterior, formando un gancho que no toca el borde retrolateral (Figs. 17D, G). La apófisis tibial retrolateral (RTA) presenta escasas estrías a lo largo de toda su longitud. Esta estructura se proyecta en una orientación recta, atenuándose gradualmente distalmente y mostrando una ligera orientación anterior (Figs. 17D, G, 19B, D). La apófisis tibial ventral (VTA) presenta una estructura cónica con una textura superficial rugosa y una pequeña muesca distal (Figs. 19A, C). Las patas I y II son pálidas con marcas intersegmentarias oscuras, excepto por la articulación entre el metatarso y el tarso. Las patas III-IV presentan marcas intersegmentarias oscuras en toda su extensión (Figs. 21D, H, L, P). Fórmula de las patas 3412. Pata I: 2.71 (0.78, 0.47, 0.50, 0.49, 0.45); pata II: 2.68 (0.96, 0.45, 0.51, 0.50, 0.24); pata III: 3.91 (1.26, 0.65, 0.78, 0.74, 0.47); pata IV: 3.60 (1.10, 0.45, 0.76, 0.87, 0.49).

Hembra paratipo (CARCIB-r-010). Coloración más pálida, menos pronunciada que la del macho. Longitud total: 3.64. Prosoma de 1.64 de largo y 1.34 de ancho, marrón oscuro, parte anterior cubierta de setas blancas y anaranjadas (Figs. 16D, E, 18A). Borde inferior cubierto de setas blancas formando una banda. Cuadrángulo ocular (OQ) de 0.68 de largo. Línea de ojos anterior (AER) 1.47 veces más ancha que PER, AER de 1.18 de ancho, PER de 0.80 de ancho. Esternón marrón rojizo con marcas oscuras, 0.67 de largo, 0.57 de ancho. Labium oscuro con tenues marcas ámbar, más ancho que largo, 0.20 de largo, 0.27 de ancho. Endite de 0.37 de largo, 0.25 de ancho, marrón rojizo y de forma ovoide (Fig. 18B). Opistosoma de 2.00 de largo y 1.80 de ancho, oscuro, cubierto con setas de color bronce cobrizo en toda la superficie, con un patrón moteado de marcas blancas y una franja blanca lisa longitudinal medial que cubre la porción anterior (Fig. 18A). Epigineo ligeramente más ancho que largo, 0.30 de largo, 0.34 de ancho. Aberturas copuladoras (CO) ubicadas en la parte basal media del epigineo. S circular y un bucle único en CD forman una “D” en cada lado del epigineo (Figs. 18C-F). El septo medio (MS) exhibe una textura superficial lisa, mientras que los bordes anteriores de W presentan

surcos (Fig. 20C). La superficie general de W exhibe una textura ligeramente rugosa. Ventanas del epígino (W) tan largas como anchas (Fig. 20C). Patas amarillas con marcas oscuras, metatarso ámbar y tarso amarillo. Patas III y IV amarillas con bandas oscuras cerca de las uniones de los segmentos. Fórmula de las patas 3412. Pata I: 2.82 (0.88, 0.52, 0.56, 0.50, 0.36); pata II: 2.86 (0.92, 0.44, 0.58, 0.58, 0.34); pata III: 4.14 (1.34, 0.58, 0.82, 0.90, 0.50); pata IV: 4.06 (1.30, 0.56, 0.80, 0.82, 0.58).

Distribución. MÉXICO: *Nayarit*.

Historia natural. Los especímenes se recolectaron de la hojarasca del bosque de encinos (*Quercus* sp.). Los adultos se encontraron principalmente de mayo a septiembre. Se observó que esta especie depreda colémbolos (Fig. 16D).

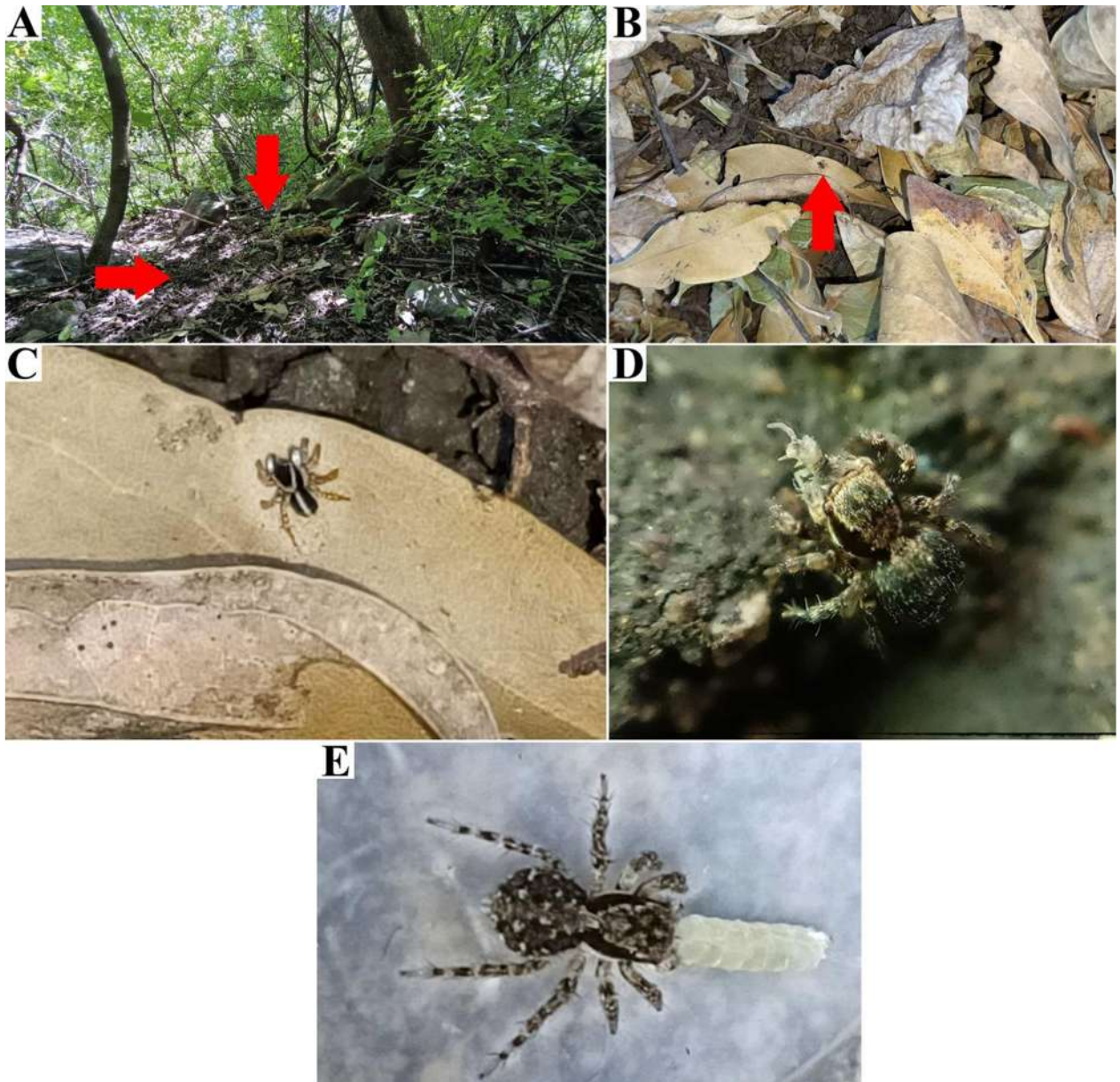


Figure 16. Localidad tipo de *Naphrys tuuca* **sp. nov.** de Cerro San Juan, Tepic, Nayarit, México. La flecha roja indica (A) hábitat y (B) microhábitat. (C) ejemplar macho vivo. (D) hembra viva comiendo un colémbolo en campo. (E) Hembra viva comiendo una larva de *Drosophila melanogaster* Meigen, 1830 en cautiverio.

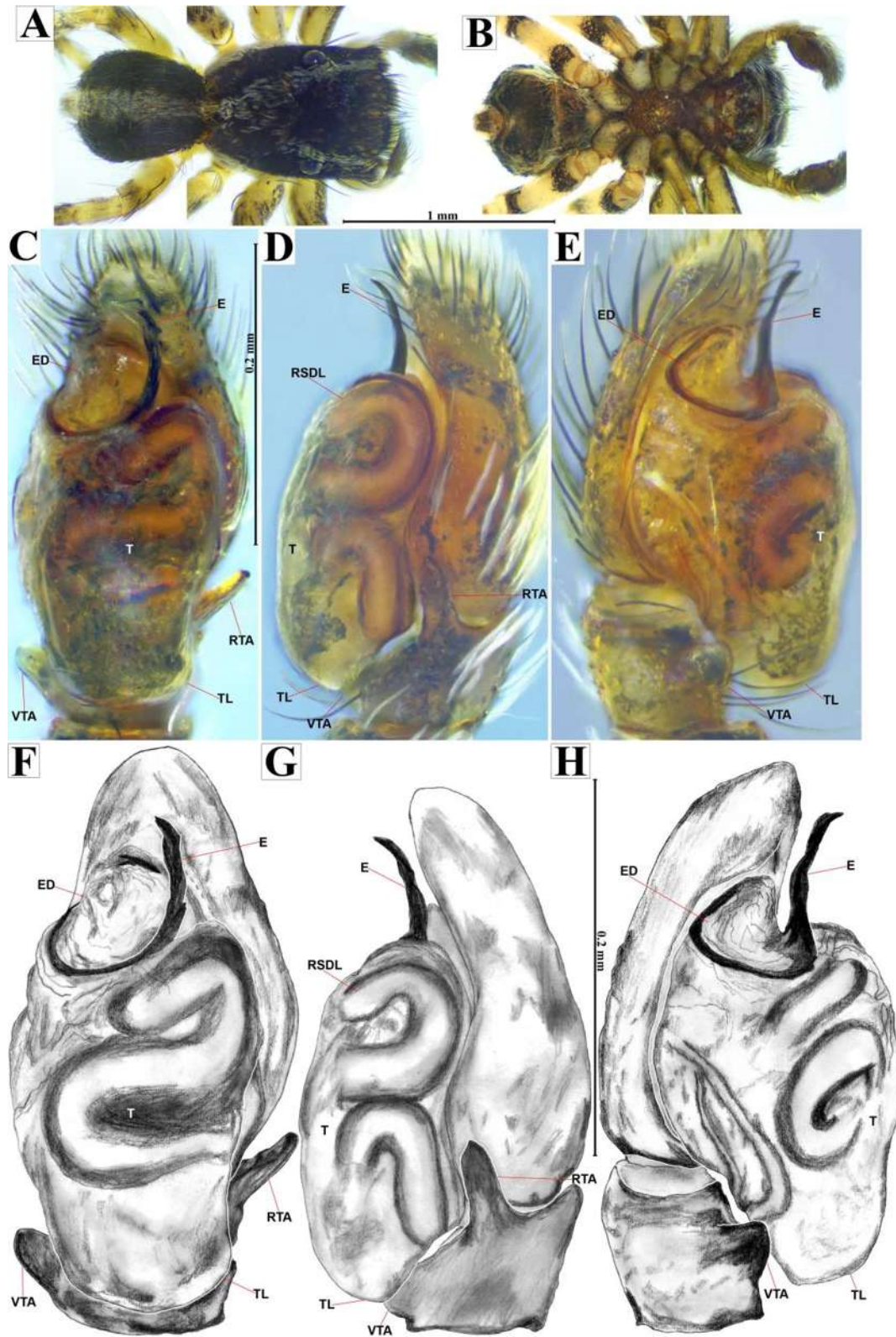


Figure 17 *Naphrys tuuca* sp. nov. Macho holótipo (CARCIB-Ar-049). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Pedipalpo izquierdo (C) vistas ventral, (D) retrolateral y (E) prolateral. Dibujos del palpo izquierdo (F) vistas ventral, (G) retrolateral y (H) prolateral.

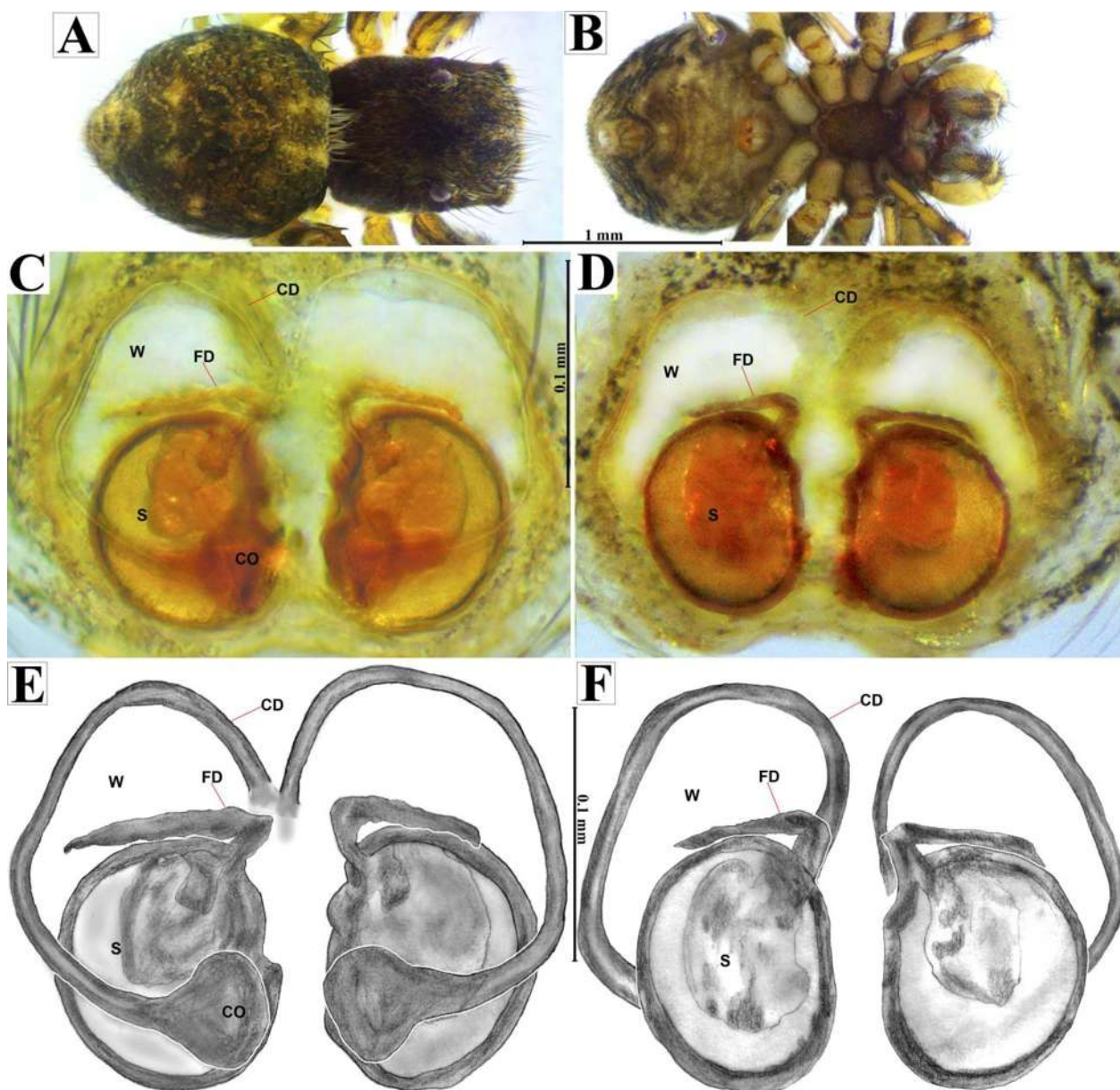


Figure 18. *Naphrys tuuca* **sp. nov.** Hembra paratipo (CARCIB-Ar-010). Habitus (A) vistas dorsal y (B) ventral. Epigineo (C) vistas dorsal y (D) ventral. Dibujos del epigineo (E) vistas ventral y (F) dorsal.

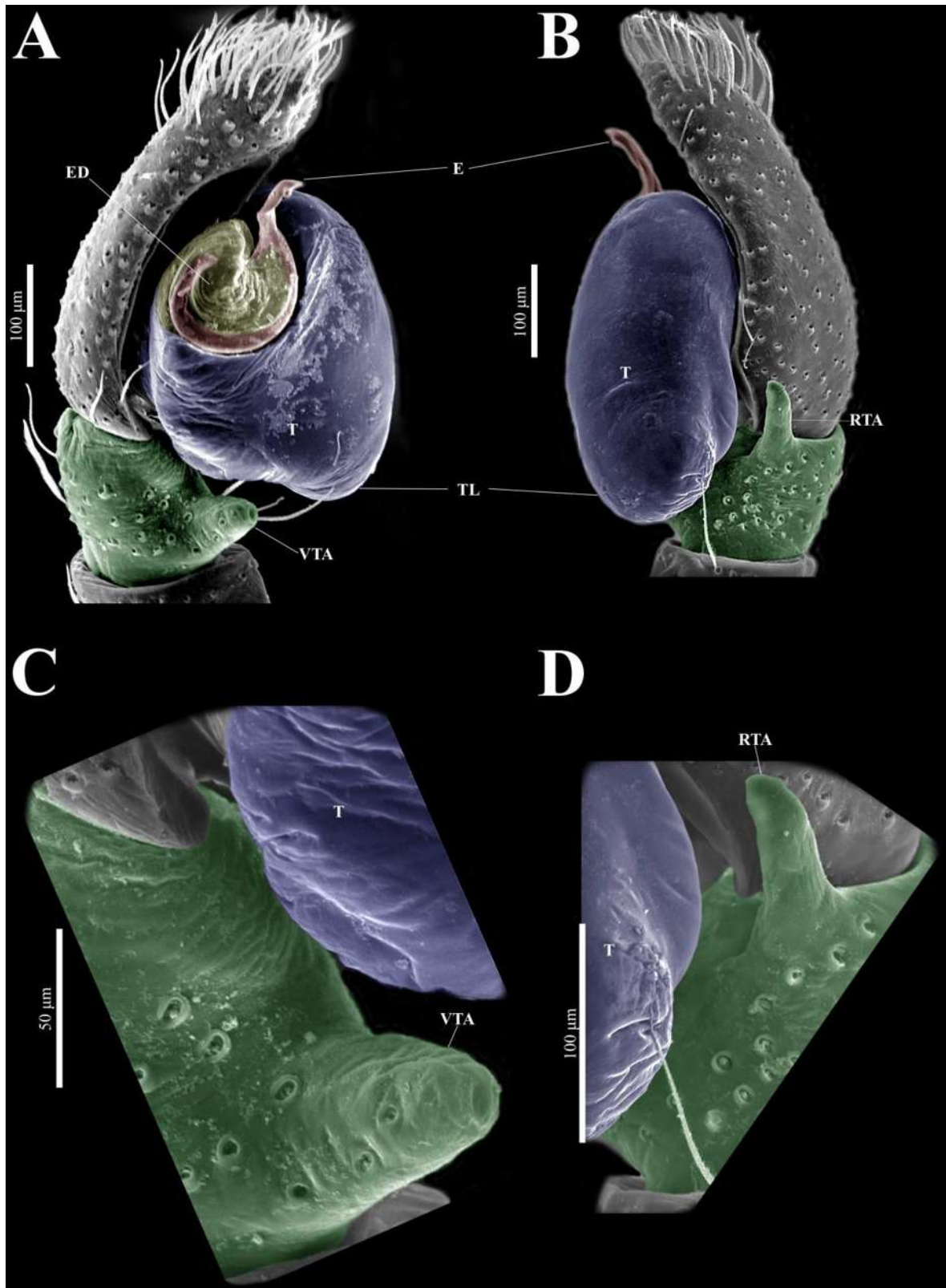


Figure 19. *Naphrys tuuca* **sp. nov.** genitália de macho micrografias SE: pedipalpo (A) prolateral y (B) retrolateral. (C) Apófisis tibial ventral (VTA). (D) Apófisis tibial retrolateral (RTA).

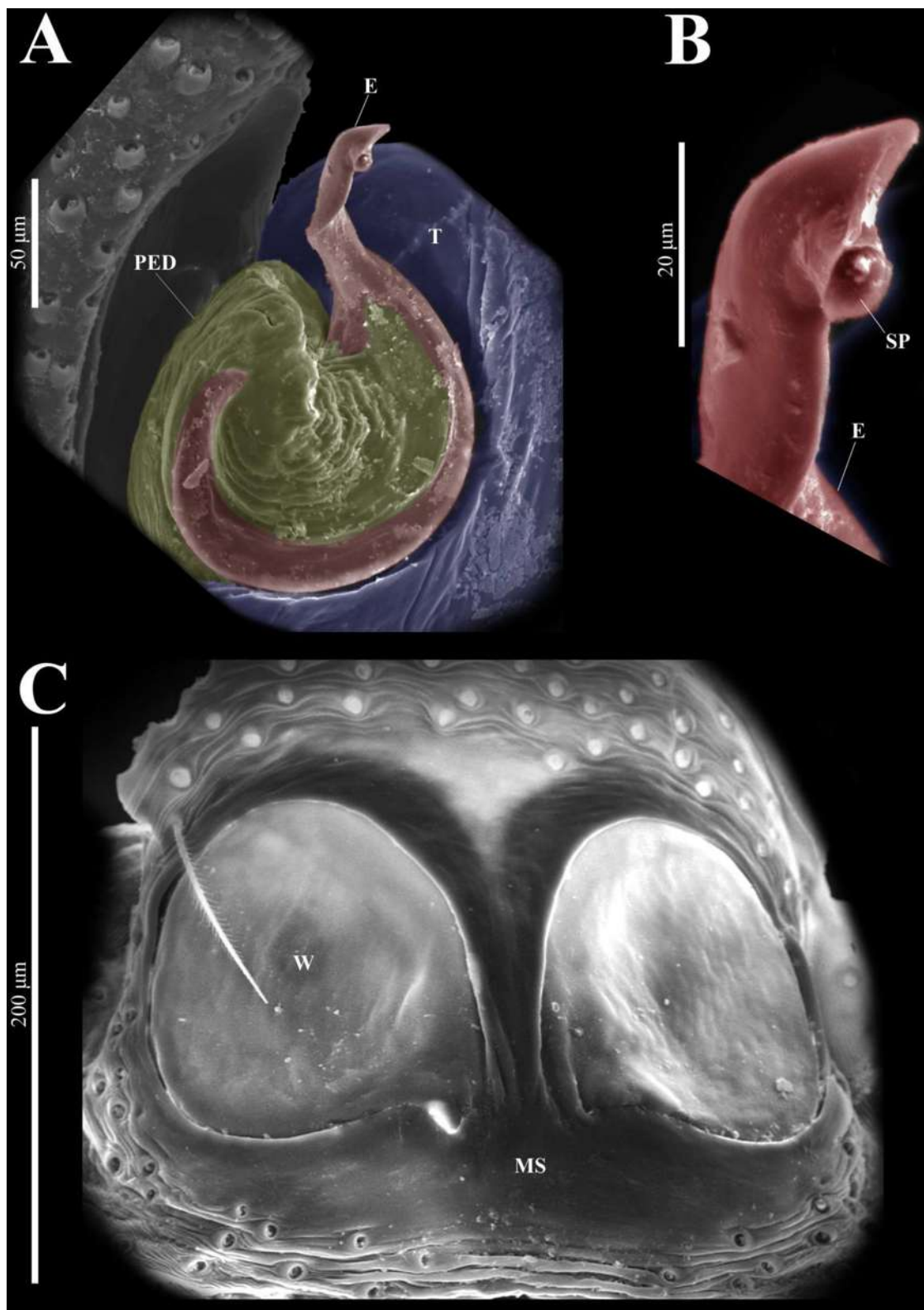


Figure 20. *Naphrys tuuca* **sp. nov.** genitália de macho micrografias SEM. Émbolo (A) vista ventral. (B) Poro espermático (SP) en el ápice del émbolo. (C) Genitalia de hembra micrografía SEM, epigineo, vista ventral.

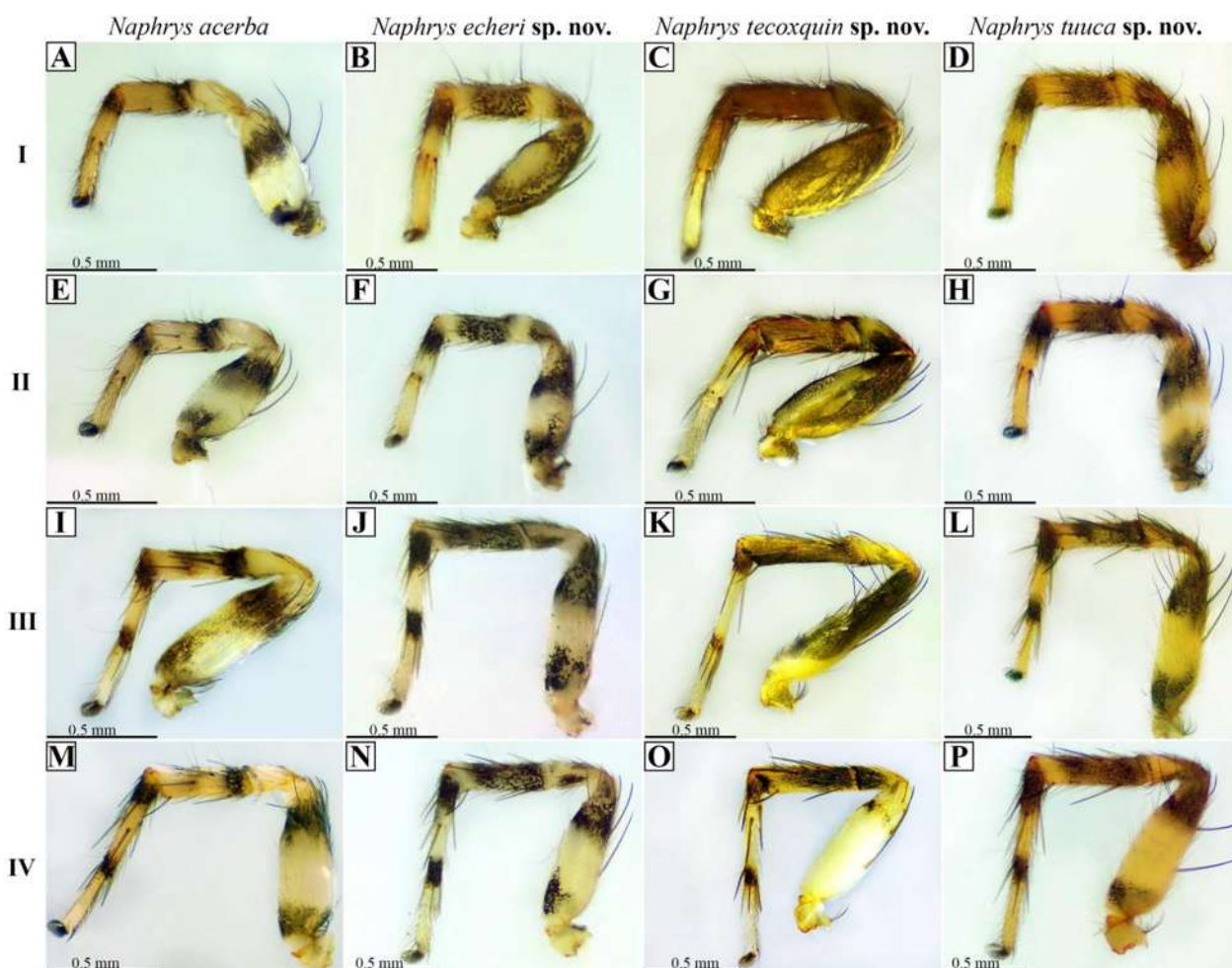


Figure 21. Vista retrolateral de las patas de *Naphrys* macho. La columna izquierda indica el número de pata. La fila superior indica la especie. (A, E, I y M) patas I, II, III y IV de *Naphrys acerba*, respectivamente; (B, F, J y N) patas I, II, III y IV de *Naphrys echeri* **sp. nov.**, respectivamente; (C, G, K y O) patas I, II, III y IV de *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.**, respectivamente; (D, H, L y P) patas I, II, III y IV de *Naphrys tuuca* **sp. nov.**, respectivamente.

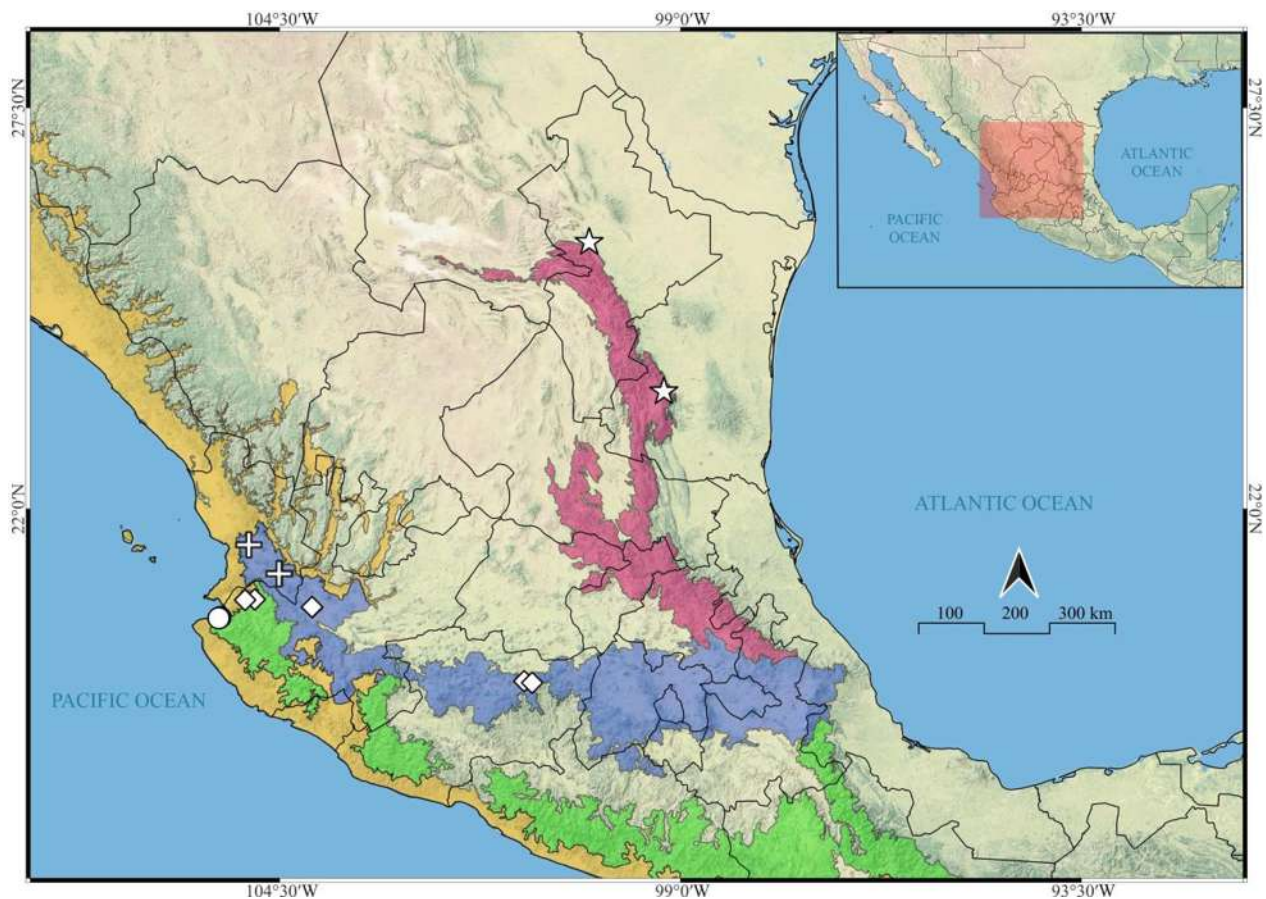


Figure 22. Registros de distribución conocidos de las especies mexicanas de *Naphrys*. Estrella: *N. acerba*. Diamante: *N. echeri* **sp. nov.** Círculo: *N. tecoxquin* **sp. nov.** Cruz: *N. tuuca* **sp. nov.** Los colores representan las provincias biogeográficas siguiendo a Escalante, Rodríguez-Tapia & Morrone (2021). Azul: provincia del Cinturón Volcánico Transmexicano. Verde: Provincia Sierra Madre del Sur. Rosa: Sierra Madre Oriental. Amarillo: tierras bajas del Pacífico.

Discusión

La delimitación de especies dentro de la familia Salticidae se ha basado cada vez más en una combinación de datos moleculares y morfológicos. Esta tendencia es evidente en estudios que emplean una perspectiva filogenética (Maddison, 2016a, 2016b; Cala-Riquelme, et al., 2022; Maddison et al., 2022). Si bien los datos genómicos también pueden ser un enfoque fiable (Girard et al., 2021; Lin, Yang y Zhang, 2024), suelen requerir mayor inversión de recursos y tiempo de análisis. Por el contrario, los estudios que integran diversas fuentes de datos para la delimitación de especies dentro de Salticidae siguen siendo relativamente escasos.

Un ejemplo notable es el trabajo de Trębicki et al. (2021), quienes abordaron ambigüedades taxonómicas dentro del género *Cytaea* Keyserling, 1882 y especies relacionadas. Los autores atribuyeron esta confusión taxonómica a diagnósticos y descripciones originales deficientes dentro del género. Para resolver este problema, Trębicki et al. (2021) emplearon un enfoque combinado, analizando tanto la morfología de los especímenes holotipo como el método de Detección Automática de Brechas en Códigos de Barras (ABGD) basado en un árbol NJ

construido con secuencias de genes COI. Sus resultados revelaron que las “especies similares” previamente reconocidas eran sinónimas del holotipo *Cytaea*, lo que impulsó a los autores a sinonimizar formalmente estos taxones.

Si bien los autores emplearon un método de delimitación basado en la distancia (árbol de NJ) para aclarar la identidad de especies ambiguas, en nuestro trabajo adoptamos un enfoque más integral, incorporando análisis moleculares basados en árboles. Para evitar futuras confusiones, también presentamos un diagnóstico corregido del género *Naphrys*. Estos recursos integrales buscan facilitar la determinación precisa de especies y géneros.

Boperachchi et al. (2022) ejemplifican aún más la aplicación de métodos moleculares para la delimitación de especies dentro de Salticidae. Su estudio tuvo como objetivo aclarar la diversidad de especies dentro del género *Ballus* C. L. Koch, 1850 en Sri Lanka. Tres especies se habían reportado previamente para esta región, descritas a finales del siglo XIX y principios del XX. Para abordar esta incertidumbre taxonómica, Boperachchi et al. (2022) emplearon un enfoque multifacético, integrando datos morfológicos con datos de secuencia de tres genes (COI, H3, 28S). Utilizaron múltiples métodos de delimitación de especies, incluyendo ABGD, mPTP y Delimitación Bayesiana de Especies Multilocus (BPP). Cabe destacar que todos los métodos aplicados arrojaron resultados congruentes, lo que indica que las tres especies de *Ballus* previamente reconocidas representaban una sola especie con características morfológicas consistentes y sin diferenciación genética significativa.

Al igual que en nuestro trabajo, los autores emplearon múltiples métodos moleculares para investigar la diversidad de especies dentro de un género que contenía especies previamente descritas. En nuestro estudio, el método mPTP, también utilizado por Boperachchi et al. (2022), no solo confirmó la identidad de la especie previamente conocida, *N. xeophila*, sino que también respaldó la designación de tres nuevas especies.

Finalmente, Phung et al. (2024) emplearon un enfoque combinado para la delimitación de especies dentro del género *Phintella* Strand, 1906 y arañas similares a *Phintella*. Su enfoque empleó tres métodos distintos: un método basado en la distancia (ASAP) y dos métodos basados en árboles (versión bayesiana de GMYC y BPP). Estos métodos se emplearon para delinear nuevas especies potenciales basándose en los datos genéticos disponibles. Además, los autores reconocieron el desafío del fuerte dimorfismo sexual dentro de *Phintella*. Abordaron esta limitación incorporando los mismos métodos para asignar combinaciones macho-hembra para aproximadamente un tercio de las especies donde se desconocían dichos emparejamientos. Los análisis de Phung et al. (2024) resultó en la identificación de 22 especies distintas, de las cuales 11 podrían representar taxones no descritos. Sin embargo, es importante señalar que el estudio no estableció formalmente nuevas especies mediante la ley de nomenclatura.

En concordancia con nuestros hallazgos, Phung et al. (2024) aplicaron diversos métodos para la delimitación de especies. El método ASAP basado en la distancia arrojó un recuento de especies menor, similar a nuestros resultados. Por el contrario, los métodos basados en árboles (bGMYC y BPP) dieron lugar a sobreestimaciones, como también observamos. Ambos estudios respaldan la utilidad del gen COI para la detección preliminar de especies potencialmente no descritas, que posteriormente deben describirse, como se realizó en este trabajo.

Al igual que los desafíos encontrados en los estudios previos, la tribu Euophryini presenta numerosas incertidumbres taxonómicas. Estas dificultades suelen deberse a descripciones originales deficientes de las especies, un conocimiento limitado del dimorfismo sexual (p. ej., solo se conoce un sexo en algunas especies) y una alta similitud morfológica entre ellas. Para superar estas limitaciones, los investigadores han empleado cada vez más una combinación de múltiples métodos (p. ej., datos morfológicos y moleculares) para la delimitación de especies (Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2020; Candia-Ramírez y Francke, 2021; Cala-Riquelme et al., 2022).

Los caracteres morfológicos, en particular las características sexuales, siguen siendo indispensables para un diagnóstico, identificación y delimitación robustos de las especies (Valdez-Mondragón, 2020). Esto se debe, en parte, al bajo nivel de variación intraespecífica y al alto nivel de variación interespecífica observados en la genitalia de las arañas (Eberhard, 1985; Eberhard et al., 1998), lo que convierte a esta característica en una valiosa herramienta de diagnóstico (Valdez-Mondragón, 2013; 2020; Valdez-Mondragón y Francke, 2015). En nuestro estudio, delimitamos diferentes especies mediante caracteres morfológicos, algunos de los cuales fueron particularmente diagnósticos. Por ejemplo, la presencia de un PED claramente visible en *N. echeri* **sp. nov.** y la forma distintiva de la S permitieron distinguir fácilmente a esta especie de sus congéneres.

Las prácticas taxonómicas modernas priorizan cada vez más la integración de múltiples fuentes de datos para la validación y delimitación de especies. Este enfoque combinado refuerza la evidencia de los límites entre especies y proporciona una comprensión más completa de los taxones recién descritos. De esta manera, este estudio representa el primero en el que se describen nuevas especies dentro de la familia Salticidae mediante métodos de delimitación de especies basados en datos moleculares (tanto de distancia como arbóreos).

En comparación con otros genes, el uso del gen COI ha demostrado ser una herramienta eficaz para la delimitación de especies en arañas (Trębicki et al., 2021; Valdez-Mondragón et al., 2019; Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2020; Nolasco y Valdez-Mondragón, 2022; Phung et al., 2024). Naseem y Muhamman (2016) identificaron Salticidae en huertos de cítricos utilizando el gen COI con valores interespecíficos de divergencia de nucleótidos entre 9.96 y 11.91 %. Yamasaki et al. (2018) encontraron valores interespecíficos más altos de divergencia de nucleótidos (14.1-18.2%) en su redescipción del género *Chrysilla*, basándose en la morfología y el código de barras del ADN. Estos estudios sirven como referencia para la variación entre diferentes especies. Las divergencias genéticas interespecíficas encontradas en este trabajo fueron mayores al 11% (media: 14%, mín.: 11%, máx.: 18,1%), ajustándose al rango previamente reportado para Salticidae.

Para muchos grupos taxonómicos, se suele utilizar un umbral de divergencia genética del 3% para definir los límites entre especies (Sbordoni, 2010). Sin embargo, este valor puede variar entre grupos animales e incluso entre especies estrechamente relacionadas debido a diferencias en las tasas evolutivas (Trębicki et al., 2021). Estudios previos (Vink et al., 2011; Richardson y Gunter, 2012; Blagoev et al., 2016; Trębicki et al., 2021) han reportado una amplia gama de

divergencias genéticas intraespecíficas dentro de la familia Salticidae, que van desde menos del 0.5% hasta el 7.57%.

Nuestros resultados (Tabla 3) se ajustan a este rango establecido para Salticidae, excepto para *Naphrys* sp., que presentó un valor de divergencia mayor, del 10.94 %. Lamentablemente, no pudimos examinar morfológicamente los especímenes. Nuestra identificación de este taxón se basó únicamente en datos genéticos obtenidos de GenBank. Para determinar de forma concluyente los caracteres diagnósticos de esta especie, el análisis morfológico es indispensable. Cabe destacar que *Naphrys pulex*, a pesar de las inconsistencias en algunos métodos de delimitación de especies, mostró una variación intraespecífica observada inferior al 2 %, lo cual se encuentra dentro del rango esperado para las especies de Salticidae.

Entre los métodos probados en este trabajo, ASAP recuperó el menor número de especies, similar a los hallazgos de Phung et al. (2024) con Salticidae. Guo y Kong (2022) sugirieron que el enfoque basado en la distancia es generalmente superior al enfoque basado en árboles, siendo el método ASAP el más eficiente. Al igual que en Phung et al. (2024), nuestro uso de los métodos GMYC, bPTP y mPTP resultó en un número significativamente mayor de especies delineadas. Esto contrasta con estudios previos con otros grupos de arañas (Mygalomorphae y Araneomorphae) (Ortiz y Francke, 2016; Valdez-Mondragón et al., 2019; Navarro-Rodríguez y Valdez-Mondragón, 2020), en los que típicamente se identificó un menor número de especies utilizando métodos similares. Esta discrepancia podría atribuirse a las limitaciones de los métodos GMYC y PTP. Como lo discutieron Luo et al. (2018) y Guo y Kong (2022), estos métodos pueden ser particularmente sensibles al flujo génico, lo que puede alterar la clara correlación entre el tamaño de la población y el tiempo de divergencia, lo que podría llevar a una sobreestimación de los límites de las especies. Este problema de sobreestimación podría explicar las diferencias encontradas en los métodos basados en árboles para el análisis molecular de *N. pulex*, a pesar de las bajas distancias intraespecíficas genéticas observadas (<2%).

Hamilton et al (2011) enfatizaron la utilidad de los datos geográficos en la delimitación de especies. En nuestro estudio se pueden separar las diferentes especies de *Naphrys* presentes en México por su distribución. *Naphrys pulex* está distribuida por toda la subregión biogeográfica de Alleghany correspondiente al este de Canadá y Estados Unidos (Escalante et al., 2021). *Naphrys xerophila* se distribuye únicamente en las llanuras costeras del sureste de los Estados Unidos a través de la provincia biogeográfica austroriparia dentro de la subregión de Alleghany (Richman et al., 2012; Escalante et al., 2021). Su distribución está limitada por el aumento de la aridez en los límites occidental y sur de la subregión de Alleghany (Takhtajan, 1986; Escalante et al., 2021).

Antes de este estudio, la única especie conocida presente en México era *N. acerba*, distribuida en la parte norte de la provincia biogeográfica Sierra Madre Oriental, en el noreste del país. *Naphrys tecoxquin* **sp. nov.** habita una provincia biogeográfica distinta, las Tierras Bajas del Pacífico. Esta provincia corresponde a una franja estrecha e ininterrumpida a lo largo de la costa del Pacífico (Morrone, 2019). *Naphrys tuuca* **sp. nov.** y *N. echeri* **sp. nov.** se distribuyen dentro de la provincia del Cinturón Volcánico Transmexicano (TVB). Esta provincia corresponde al conjunto de cordilleras volcánicas que atraviesa el país de oeste a este (Morrone, 2019).

Dentro de la Cuenca del TVB, *N. tuuca* **sp. nov.** habita la zona montañosa occidental. En contraste, *N. echeri* **sp. nov.** ocupa las montañas centrales de la TVB (Fig. 22). *Naphrys echeri* **sp. nov.** también se encuentra en las montañas orientales de México, específicamente en la parte norte de la provincia Sierra Madre del Sur (SMS), un sistema montañoso que corre paralelo a la costa del Océano Pacífico en dirección noroeste-sureste. Sin embargo, su continuidad se ve interrumpida por una serie de valles, con ríos que típicamente fluyen por encima de los 1000 m (Hernández-Cerda et al., 2016; Morrone, 2019). Las provincias SMS y TVB forman parte de la Zona de Transición Mexicana (TMZ). La TMZ exhibe una combinación única de características que la distinguen de otras zonas de transición. Cabe destacar que alberga una notable mezcla de taxones neárticos y neotropicales.

Las barreras geográficas desempeñan un papel fundamental en la distribución diferencial de *N. echeri* **sp. nov.** y *N. tuuca* **sp. nov.** La Cordillera del SMS atraviesa un foso tectónico de mesetas volcánicas, con estratovolcanes desarrollándose a lo largo de sus márgenes, como el Volcán Ceboruco (Blanco y Correa et al., 2021). La localidad más oriental de *N. tuuca* **sp. nov.** está separada de las localidades occidentales de *N. echeri* **sp. nov.** (Piedras Bolas en la Cuenca del Volcán Temblor y Potrero de Mulas en el SMS) por extensas llanuras aluviales (de hasta 25 km de ancho) y profundas hendiduras formadas por el río Ameca (Valdivia-Ornelas y Castillo-Aja, 2001; Blanco y Correa et al., 2021; Valero-Padilla et al., 2017).

Las especies descritas aquí son las representantes más meridionales del género. Contrariamente a las suposiciones previas de Edwards (2003) de que el género tiene una distribución neártica, nuestros hallazgos revelan la presencia de estas especies en la región neotropical, lo que sugiere una distribución geográfica más amplia. Si bien el presente trabajo se centró en el oeste de México, es probable que una mayor exploración, particularmente en el sur, proporcione especies adicionales no descritas. Este estudio también proporciona los primeros datos precisos de la localidad de *N. acerba* en México, previamente conocidos solo a partir de registros históricos. Nuestro estudio demuestra la utilidad del gen COI para una delimitación robusta a nivel de especie dentro del género *Naphrys*. Este hallazgo se sustenta en la alta congruencia observada entre la mayoría de los métodos empleados. Además, los caracteres morfológicos, en particular los pedipalpos del macho y los epigineos de la hembra, resultaron ser características fiables para la identificación y el diagnóstico de las especies de *Naphrys*.

Agradecimientos

El primer autor agradece al Programa Institucional de Doctorado en Ciencias Biológicas (PIDCB), Facultad de Biología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), por la formación académica durante la investigación, así como al comité sinodal de doctorado por sus valiosos aportes, comentarios y sugerencias en la realización de este trabajo. Los autores agradecen el apoyo del técnico Ariel Arturo Cruz Villacorta en el funcionamiento del Microscopio Electrónico de Barrido (SEM) en el Laboratorio de Microscopía Electrónica del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C. El trabajo está financiado por el Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONHACYT) de México a través

de la beca n.º 790303. Los financiadores no participaron en el diseño del estudio, la recopilación y el análisis de datos, la decisión de publicar ni la preparación del manuscrito.

Referencias

- Barrett DH, Hebert DN. 2005. Identifying spiders through DNA barcodes. *Can. Journal of Zoology*, 83(3): 481-491. <https://doi.org/10.1139/z05-024>
- Bidegaray-Batista L, Arnedo MA. 2011. Gone with the plate: the opening of the Western Mediterranean basin drove the diversification of ground-dweller spiders. *BMC Evolutionary Biology*, 11(317): 1-15. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-317>
- Blagoev GA, deWaard JR, Ratnasingham S, deWaard L, Lu L, Robertson J, Telfer AC, Hebert DN. 2016. Untangling taxonomy: A DNA barcode reference library for Canadian spiders. *Molecular Ecology Resources*, 16: 325–341. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12444>
- Blanco y Correa M, Pérez MAO, Cruz-Medina J. 2021. Diversidad del relieve. In: Angón AC, Medina JC, Cordero, KCN, Melgarejo ED, Fong JAS, Uribe EYF, ed. *La biodiversidad en Nayarit. Estudio de Estado. Vol. I. México: CONABIO*, 40-45.
- Bond JE, Godwin RL, Colby JD, Newton LG, Zahnle XJ, Agnarsson I, Hamilton CA, Kuntner M. 2021. Improving taxonomic practices and enhancing its extensibility—an example from araneology. *Diversity*, 14(1): 1-15. <https://doi.org/10.3390/d14010005>
- Bouckaert R, Vaughan TG, Barido-Sottani J, Duchêne S, Fourment M, Gavryushkina A, Heled J, Jones G, Kühnert D, De Maio N, Matschiner M, Mendes FK, Müller NF, Ogilvie HA, duPlessis L, Poppinga A, Rambaut A, Rasmussen D, Siveroni I, Suchard MA, Wu CH, Xie D, Zhang C, Stadler T, Drummond AJ. 2019. BEAST2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Computational Biology*, 15(4): e1006650. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1006650>
- Cala-Riquelme F, Bustamante AA, Salgado A. 2022. Morphological delimitation of the genus *Cobanus* F.O. Pickard-Cambridge, 1900 (Araneae: Salticidae: Euophryini) with a description of two new species from Colombia. *Zoologischer Anzeiger*, 297: 42-70. <https://doi.org/10.1016/j.jcz.2022.02.002>

- Candia-Ramírez D, Francke O. 2021. Another stripe on the tiger makes no difference? Unexpected diversity in the widespread tiger tarantula *Davus pentaloris* (Araneae: Theraphosidae: Theraphosinae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 192(1): 75–104. <https://doi.org/10.1093/zoolinnea/zlaa107>
- Carstens BC, Pelletier TA, Reid NM, Satler J. 2013. How to fail at species delimitation. *Molecular Ecology*, 22(17): 4369–4383. <https://doi.org/10.1111/mec.12413>
- Caterino MS, Recuero E. 2023. Shedding light on dark taxa in sky-island Appalachian leaf litter: Assessing patterns of endemism using large-scale, voucher-based barcoding. *Insect Conservation and Diversity*, 17(1): 16–30. <https://doi.org/10.1111/icad.12697>
- Courtial C, Privet K, Aubriot X, Picard L, Pétilion J. 2023. Description of a new species of *Hypaeus* (Araneae: Salticidae: Salticinae: Amycini) based on integrative taxonomy. *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, 58(2): 439–447. <https://doi.org/10.1080/01650521.2022.2068223>
- Dayrat B. 2005. Towards integrative taxonomy. *Biological journal of the Linnean society*, 85(3): 407–417. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>
- De Queiroz K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Systematic biology*, 56(6): 879–886. <https://doi.org/10.1080/10635150701701083>
- DeSalle R, Egan MG, Siddall M. 2005. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360:1905–1916. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1722>
- deWaard JR, Ratnasingham S, Zakharov EV, Borisenko AV, Steinke D, Telfer AC, Perez KHJ, Sones JE, Young MR, Levesque-Beaudin V, Sobel CN, Abrahamyan A, Bessonov K, Blagoev G, deWaard SL, Ho C, Ivanova NV, Layton KKS, Lu L, Manjunath R, McKeown JTA, Milton MA, Miskie R, Monkhouse N, Naik S, Nikolova N, Pentinsaari M, Prosser SWJ, Radulovici AE, Steinke C, Warne CP, Hebert PDN. 2019. A reference library for Canadian invertebrates with 1.5 million barcodes, voucher specimens, and DNA samples. *Sci Data*, 6: 308. <https://doi.org/10.1038/s41597-019-0320-2>

- Dimitrov D, Arnedo MA, Ribera C. 2008. Colonization and diversification of the spider genus *Pholcus* Walckenaer, 1805 (Araneae, Pholcidae) in the Macaronesian archipelagos: evidence for long-term occupancy yet rapid recent speciation. *Molecular phylogenetics and evolution*, 48(2): 596-614. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.04.027>
- Dimitrov D, Hormiga G. 2021. Spider diversification through space and time. *Annual Review of Entomology*, 66: 225-241. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-061520-083414>
- Eberhard WG. 1985. *Sexual Selection and Animal Genitalia*. Cambridge: Harvard university Press. <https://doi.org/10.4159/harvard.9780674330702>
- Eberhard WG, Huber BA, Rodriguez RL, Briceno RD, Salas I, Rodriguez V. 1998. One size fits all? Relationships between the size and degree of variation in genitalia and other body parts in twenty species of insects and spiders. *Evolution*, 52: 415–431. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1998.tb01642.x>
- Eberle J, Dimitrov D, Valdez-Mondragón A, Huber BA. 2018. Microhabitat change drives diversification in pholcid spiders. *BMC Evolutionary Biology*, 18: 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12862-018-1244-8>
- Edwards GB, Hill DE. 2008. Representatives of the North American salticid fauna, revisited. *Peckhamia*, 30.2: 1-15.
- Edwards GB. 2003. A review of the Nearctic jumping spiders (Araneae: Salticidae) of the subfamily Euophryinae north of Mexico. *Insecta Mundi*, 16(2002): 65-75.
- Escalante T, Rodríguez-Tapia G, Morrone JJ. 2021. Toward a biogeographic regionalization of the Nearctic region: Area nomenclature and digital map. *Zootaxa*, 5027(3): 351–375. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5027.3.3>
- Ferretti N, Nicoletta M, Soresi DS. 2024. An integrative taxonomy approach evaluates the limits of the widespread tarantula *Plesiopelma longisternale* (Araneae: Mygalomorphae: Theraphosidae) and reveals a new species from Argentina. *Zoologischer Anzeiger*, 308: 131-143. <https://doi.org/10.1016/j.jcz.2023.12.003>

- Folmer M, Black W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3: 294–299.
- Fujisawa T, Barraclough TG. 2013. Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent approach: A revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic Biology*, 62(5): 707–724. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt033>
- Fujita MK, Leaché AD, Burbrink FT, McGuire JA, Moritz C. 2012. Coalescent-based species delimitation in an integrative taxonomy. *Trends in ecology & evolution*, 27(9): 480-488. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.04.012>
- Geneious Prime. 2023. Geneious Prime 2023.2.1. Available at <https://www.geneious.com> (accessed 10 October 2023).
- Girard MB, Elias DO, Azevedo G, Bi K, Kasumovic MK, Waldock JM, Rosenblum EB, Hedin M. 2021. Phylogenomics of peacock spiders and their kin (Salticidae: *Maratus*), with implications for the evolution of **macho** courtship displays. *Biological Journal of the Linnean Society*, 132(3): 471–494. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blaa165>
- Guo B, Kong L. 2022. Comparing the Efficiency of Single-Locus Species Delimitation Methods within Trochoidea (Gastropoda: Vetigastropoda). *Genes*, 13: 2273. <https://doi.org/10.3390/genes13122273>
- Hall TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. [Abstract] *Nucleic acids symposium series* 47: 95-98.
- Hamilton CA, Formanowicz DR, Bond JE. 2011. Species delimitation and phylogeography of *Aphonopelma hentzi* (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae): Cryptic diversity in North American tarantulas. *PLoS ONE*, 6(10): e26207. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026207>
- Hamilton CA, Hendrixson BE, Brewer MS, Bond JE. 2014. An evaluation of sampling effects on multiple DNA barcoding methods leads to an integrative approach for delimiting species: A case study of the North American tarantula genus *Aphonopelma* (Araneae,

- Mygalomorphae, Theraphosidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 71: 79–93. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.11.007>
- Hebert PD, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B: Biological Sciences*, 270(1512): 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hedin M, Milne MA. 2023. New species in old mountains: integrative taxonomy reveals ten new species and extensive short-range endemism in *Nesticus* spiders (Araneae, Nesticidae) from the southern Appalachian Mountains. *ZooKeys*, 1145: 1-130. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1145.96724>
- Hernández-Cerda ME, Azpra-Romero E, Aguilar-Zamora V. 2016. Condiciones climáticas de la Sierra Madre del Sur. In: Luna-Vega I, Espinosa D, Contreras-Medina R, ed. *Biodiversidad de la Sierra Madre del Sur: una síntesis preliminar*. México: UNAM, 91-116.
- Ibarra-Núñez G, Maya-Morales J, Chamé-Vázquez D. 2011. Las arañas del Bosque Mesófilo de Montaña de la Reserva de la Biosfera Volcán Tacaná, Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82(4): 1183-1193. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2011.4.736>
- Jackson ND, Carstens BC, Morales AE, O'Meara BC. 2017. Species delimitation with gene flow. *Systematic biology*, 66(5): 799-812. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syw117>
- Kapli P, Lutteropp S, Zhang J, Kobert K, Pavlidis P, Stamatakis A, Flouri T. 2017. Multi-rate Poisson tree processes for single-locus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo. *Bioinformatics*, 33(11): 1630-1638. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx025>
- Katoh K, Toh H. 2008. Recent developments in the MAFFT multiple sequence alignment program. *MAFFT version 7. Briefings in Bioinformatics*, 4(4): 286–298. <https://doi.org/10.1093/bib/bbn013>

- Kumar R, Gupta BK, Sharma AK. 2024. Revisiting taxonomic problems in the genus *Myrmaplata* Prószyński, 2016 (Araneae: Salticidae). *International Journal of Entomology Research*, 9(1): 7-14. <https://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4334501>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6): 1547-1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Levi HW. 1965. Techniques for the study of spider genitalia. *Psyche: A Journal of entomology*, 72: 152-158. <https://doi.org/10.1155/1965/94978>
- Lin L, Yang ZY, Zhang JX. 2024. Revalidation of the jumping spider genus *Cheliceroides* Żabka, 1985 based on molecular and morphological data (Araneae, Salticidae). *ZooKeys*, 1196: 243-253. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1196.117921>
- Luo A, Ling C, Ho YM, Zhu CD. 2018. Comparison of methods for molecular species delimitation across a range of speciation scenarios. *Systematic Biology*, 67(5): 830–846. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy011>
- Maddison WP, Ruiz GRS, Ng PYC, Vishnudas EH, Sudhikumar AV. 2022. *Kelawakaju* gen. nov., a new Asian lineage of marpissine jumping spiders (Araneae, Salticidae, Marpissina). *ZooKeys*, 1130: 79-102. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1130.87730>
- Maddison WP. 2015. A phylogenetic classification of jumping spiders (Araneae: Salticidae). *Journal of Arachnology*, 43(3): 231-292. <https://doi.org/10.1636/arac-43-03-231-292>
- Maddison WP. 2016a. *Sumakuru*, a deeply-diverging new genus of lyssomanine jumping spiders from Ecuador (Araneae: Salticidae). *ZooKeys*, 614: 87-96. <http://dx.doi.org/10.3897/zookeys.614.9368>
- Maddison WP. 2016b. *Papuaneon*, a new genus of jumping spiders from Papua New Guinea (Araneae: Salticidae: Neonini). *Zootaxa*, 4200(3): 437-443. <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4200.3.9>
- Maldonado-Carrizales J, Ponce-Saavedra J. 2017. Arañas Saltarinas (Araneae: Salticidae) en dos sitios contrastantes en grado de antropización en Morelia Michoacán, México. *Entomología mexicana*, 4(1), 597-603.

- Metzner H. 2024. Jumping spiders (Arachnida: Araneae: Salticidae) of the world. Available at <https://www.jumping-spiders.com> (accessed 20 March 2024).
- Morrone JJ, Escalante T, Rodríguez-Tapia G. 2017. Mexican biogeographic provinces: Map and shapefiles. *Zootaxa*, 4277(2): 277–279. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4277.2.8>
- Morrone JJ. 2019. Regionalización biogeográfica y evolución biótica de México: encrucijada de la biodiversidad del Nuevo Mundo. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 90: e902980. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2019.90.2980>
- Naseem S, Muhamman HT. 2016. Use of mitochondrial COI gene for the identification of family Salticidae and Lycosidae of spiders. *Mitochondrial DNA Part A*, 29: 96-101. <http://dx.doi.org/10.1080/24701394.2016.1248428>
- Navarro-Rodríguez CI, Valdez-Mondragón A. 2024. Violins we see, species we don't... Species delimitation of the spider genus *Loxosceles* Heineken & Lowe (Araneae: Sicariidae) from North America using morphological and molecular evidence. *Zootaxa*, 5428 (4): 527–548 <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5428.4.4>
- Navarro-Rodríguez I, Valdez-Mondragón A. 2020. Description of a new species of *Loxosceles* Heineken & Lowe (Araneae, Sicariidae) recluse spiders from Hidalgo, Mexico, under integrative taxonomy: Morphological and DNA barcoding data (CO1+ITS2). *European Journal of Taxonomy*, 704: 1–30. <https://doi.org/10.5852/ejt.2020.704>
- NCBI. 2024. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information. Available at <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (accessed 29 September 2024).
- Nolasco S, Valdez-Mondragón A. 2022. To be or not to be... Integrative taxonomy and species delimitation in the daddy long-legs spiders of the genus *Physocyclus* (Araneae, Pholcidae) using DNA barcoding and morphology. *ZooKeys*, 1135: 93-118. <https://doi.org/10.3897/zookeys.1135.94628>
- Ortiz D, Francke O. 2016. Two DNA barcodes and morphology for multi-method species delimitation in *Bonnetina* tarantulas (Araneae: Theraphosidae). *Molecular*

- Phylogenetics and Evolution, 101: 176–193.
<https://doi.org/10.1016/j.ympev.2016.05.003>
- Padial JM, De La Riva I. 2010. A response to recent proposals for integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 101(3): 747–756.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2010.01528.x>
- Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in zoology*, 7: 1–14. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-16>
- Phung LTH, Su YC, Yamasaki T, Li YY, Eguchi K. 2024. High species diversity of *Phintella* and *Phintella*-like spiders (Araneae: Salticidae) in Vietnam revealed by DNA-based species delimitation analyses. *Ecology and Evolution*, 14: e11144.
<https://doi.org/10.1002/ece3.11144>
- Pons J, Barraclough TG, Gomez-Zurita J, Cardoso A, Duran DP, Hazell S, Kamoun S, Sumlin WD, Volger AP. 2006. Sequence based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55(4): 595–609.
<https://doi.org/10.1080/10635150600852011>
- Puillandre N, Brouillet S, Achaz G. 2021. ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular Ecology Resources*, 21(2): 609–620. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13281>
- Rambaut A. 2018. FigTree v1.4.4. Available at <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (accessed 10 October 2023).
- Ramírez MJ. 2014. The morphology and phylogeny of dionychan spiders (Araneae: Araneomorphae). *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 390: 1–374.
<http://dx.doi.org/10.1206/821.1>
- Ratnasingham S, Hebert PDN. 2013. A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE*, 8(8): e66213.
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0066213>

- Richardson BJ, Gunter NL. 2012. Revision of Australian jumping spider genus *Servaea* Simon 1887 (Araneae: Salticidae) including use of DNA sequence data and predicted distributions. *Zootaxa*, 3350(1): 1-33. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3350.1.1>
- Richman DB, Cutler B, Hill DE. 2012. Salticidae of North America, including Mexico. *Peckhamia*, 95(3): 1-88.
- Richman DB. 1981. A revision of the genus *Habrocestum* (Araneae, Salticidae) in North America. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 170: 197-206.
- Rosenzweig ML. 1995. *Species Diversity in Space and Time*. UK: Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511623387>
- Sbordoni V. 2010. Strength and Limitations of DNA Barcode under the Multidimensional Species Perspective. In: Nimis PL, Lebbe RV, ed. *Tools for Identifying Biodiversity: Progress and Problems. Proceedings of the International Congress*. Paris, Trieste: EUT Edizioni Università di Trieste.
- Schlick-Steiner BC, Steiner FM, Seifert B, Stauffer C, Christian E, Crozier RH. 2010. Integrative Taxonomy: A Multisource Approach to Exploring Biodiversity. *Annual Review of Entomology*, 55: 421–438. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085432>
- Stein A, Gerstner K, Kreft H. 2014. Environmental heterogeneity as a universal driver of species richness across taxa, biomes and spatial scales. *Ecology Letters*, 17(7): 866-80. <https://doi.org/10.1111/ele.12277>
- Takhtajan A. 1986. *Floristic regions of the world*. Berkeley, University of California Press.
- Telfer AC, Young MR, Quinn J, Perez K, Sobel CN, Sones JE, Levesque-Beaudin V, Derbyshire R, Fernandez-Triana J, Rougerie R, Thevanayagam A, Boskovic A, Borisenko AV, Cadel A, Brown A, Pages A, Castillo AH, Nicolai A, Glenn Mockford BM, Bukowski B, Wilson B, Trojahn B, Lacroix CA, Brimblecombe C, Hay C, Ho C, Steinke C, Warne CP, Garrido Cortes C, Engelking D, Wright D, Lijtmaer DA, Gascoigne D, Hernandez Martich D, Morningstar D, Neumann D, Steinke D, Marco DeBruin DD, Dobias D, Sears E, Richard E, Damstra E, Zakharov EV, Laberge F,

- Collins GE, Blagoev GA, Grainge G, Ansell G, Meredith G, Hogg I, McKeown J, Topan J, Bracey J, Guenther J, Sills-Gilligan J, Addesi J, Persi J, Layton KK, D'Souza K, Dorji K, Grundy K, Nghidinwa K, Ronnenberg K, Lee KM, Xie L, Lu L, Penev L, Gonzalez M, Rosati ME, Kekkonen M, Kuzmina M, Iskandar M, Mutanen M, Fatahi M, Pentinsaari M, Bauman M, Nikolova N, Ivanova NV, Jones N, Weerasuriya N, Monkhouse N, Lavinia PD, Jannetta P, Hanisch PE, McMullin RT, Ojeda Flores R, Mouttet R, Vender R, Labbee RN, Forsyth R, Lauder R, Dickson R, Kroft R, Miller SE, MacDonald S, Panthi S, Pedersen S, Sobek-Swant S, Naik S, Lipinskaya T, Eagalle T, Decaëns T, Kosuth T, Braukmann T, Woodcock T, Roslin T, Zammit T, Campbell V, Dinca V, Peneva V, Hebert PD, deWaard JR. 2015. Biodiversity inventories in high gear: DNA barcoding facilitates a rapid biotic survey of a temperate nature reserve. *Biodiversity Data Journal*, 30(3):e6313. <https://doi.org/10.3897/bdj.3.e6313>
- Trębicki Ł, Patoleta BM, Dabert M, Żabka M. 2021. Redescription of type species of the genus *Cytaea* Keyserling, 1882 (Araneae: Salticidae)—an integrative approach. *The European Zoological Journal*, 88(1), 933-947. <https://doi.org/10.1080/24750263.2021.1961029>
- USGS. 2021. North America Political Boundaries - Sciencebase-Catalog. Available at <https://www.sciencebase.gov/catalog/item/4fb555ebe4b04cb937751db9> (accessed 16 January 2024).
- Valdez-Mondragón A, Francke OF. 2015. Phylogeny of the spider genus *Ixchela* Huber, 2000 (Araneae: Pholcidae) based on morphological and molecular evidence (CO1 and 16S), with a hypothesized diversification in the Pleistocene. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 175: 20–58. <https://doi.org/10.1111/zoj.12265>
- Valdez-Mondragón A, Navarro-Rodríguez CI, Solís-Catalán KP, Cortez-Roldán MR, Juárez-Sánchez AR. 2019. Under an integrative taxonomic approach: The description of a new species of the genus *Loxosceles* (Araneae, Sicariidae) from Mexico City. *ZooKeys*, 892: 93–133. <https://doi.org/10.3897/zookeys.892.39558>
- Valdez-Mondragón A. 2013. Taxonomic revision of the spider genus *Ixchela* Huber, 2000 (Araneae: Pholcidae), with description of ten new species from Mexico and Central America. *Zootaxa*, 3608 (5): 285–327. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3608.5.1>

- Valdez-Mondragón A. 2020. COI mtDNA barcoding and morphology for species delimitation in the spider genus *Ixchela* Huber (Araneae: Pholcidae), with the description of two new species from Mexico. *Zootaxa*, 4747(1): 54-76. doi:10.11646/zootaxa.4747.1.2
- Valdivia-Ornela L, Castillo-Aja MR. 2001. Las regiones geomorfológicas del estado de Jalisco. *Revista Geocalli*, 2(3): 17-108.
- Valero-Padilla J, Rodríguez-Reynaga FP, Cruz-Angón A. 2017. Resumen ejecutivo. Contexto físico. In: Angón AC, Hermosillo, AO, Padilla JV, Melgarejo ED, ed. La biodiversidad en Jalisco. Estudio de Estado. Vol. I. México: CONABIO, 21-22.
- Vink C, Dupérré N, McQuillan BN. 2011. The black-headed jumping spider, *Trite planiceps* Simon, 1899 (Araneae: Salticidae): redescription including cytochrome c oxidase subunit 1 and paralogous 28S sequences. *New Zealand Journal of Zoology*, 38(4): 317-331. <http://dx.doi.org/10.1080/03014223.2011.613939>
- WSC. 2024. World Spider Catalog. Version 24. Natural History Museum Bern. Available at <http://wsc.nmbe.ch> (accessed 27 April 2024). <https://doi.org/10.24436/2>
- Xu X, Liu F, Cheng R-C, Chen J, Xu X, Zhang Z, Ono H, Pham DS, Norma-Rashid Y, Arnedo MA, Kuntner M, Li D. 2015. Extant primitively segmented spiders have recently diversified from an ancient lineage. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282(1808): 20142486. <https://doi.org/10.1098/rspb.2014.2486>
- Yamasaki T, Yamaguchi M, Phung LTH, Huang PS, Tso IM. 2018. Redescription of *Chrysilla lauta* Thorell 1887 (Araneae: Salticidae) based on the comparison with the holotype, and DNA barcoding. *Acta Arachnologica*, 67(1): 23–29. <http://dx.doi.org/10.2476/asjaa.67.23>
- Zhang J, Kapli P, Pavlidis P, Stamatakis A. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22): 2869–2876. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt499>
- Zhang J, Maddison WP. 2015. Genera of euophryine jumping spiders (Araneae: Salticidae), with a combined molecular-morphological phylogeny. *Zootaxa*, 3938(1): 1-147. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3938.1.1>

V. *CAPÍTULO II*

Objetivos:

- Estimar la abundancia relativa y estacionalidad de las poblaciones de especies del género *Naphrys* del centro-occidente de México.
- Describir la fenología, duración y parte de la historia de vida de las especies del género *Naphrys* en el centro-occidente de México.

Natural history of three jumping spider species of the genus *Naphrys* Edwards (Araneae: Salticidae) from central-western of Mexico

Juan Maldonado-Carrizales¹, María Luisa Jiménez-Jiménez², Alejandro Valdez-Mondragón², Javier Ponce-Saavedra¹

¹ Faculty of Biology, Entomology Laboratory, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), Morelia, Michoacán, Mexico

² Arachnological Collection (CARCIB), Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), La Paz, Baja California Sur, Mexico

Abstract. *Naphrys echeri*, *N. tuuca*, and *N. tecoxquin* (Salticidae) are common spider species inhabiting leaf litter in tropical environments of the highlands of Michoacan, Nayarit, and the coasts of Jalisco, respectively. This study provides a comprehensive summary of laboratory and field observations on their natural history. All three species exhibit a peak in adult abundance during the rainy months, although adults and juveniles are present throughout the year. For the first time, it was documented that *Naphrys* species construct retreats for molting under laboratory conditions. Laboratory data indicate that these spiders molt on average every two months, with five molts required to reach the adult stage from the post-embryo. The inter-stage growth factors were estimated to be 1.09 for *N. echeri*; 1.1 for *N. tecoxquin*; 1.12 for *N. tuuca* from Instar I to adult and 1.32 from post-embryo to Instar I in the last species. Additionally, this study records the parasitism of *N. tecoxquin* by a Mermithidae nematode endoparasite, marking the first such report for a spider in Mexico. These findings contribute valuable insights into the ecological dynamics and life history of *Naphrys* species in tropical environments.

Resumen. *Naphrys echeri*, *N. tuuca* y *N. tecoxquin* (Salticidae) son especies comunes de arañas que habitan la hojarasca en ambientes tropicales de las tierras altas de Michoacán, Nayarit y las costas de Jalisco, respectivamente. Este estudio proporciona un resumen integral de las observaciones de laboratorio y campo sobre su historia natural. Las tres especies presentan un pico en la abundancia de adultos durante los meses lluviosos sin tener una relación significativa, aunque los adultos y los juveniles están presentes durante todo el año. Por primera vez, se documentó que las especies de *Naphrys* construyen refugios para la muda bajo condiciones de laboratorio. Los datos de laboratorio indican que estas arañas mudan, en promedio, cada dos meses, siendo necesarias cinco mudas para

alcanzar la etapa adulta. Los factores de crecimiento entre estadio se estimaron en 1.09 para *N. echeri*; 1.1 para *N. tecoxquin*; 1.12 para *N. tuuca* desde el Instar I hasta el adulto y 1.32 desde el estado postembrionario hasta el Instar I en esta última especie. Además, este estudio registra el parasitismo de *N. tecoxquin* por un nemátodo endoparásito de la familia Mermithidae, lo que marca el primer registro de este tipo para una araña en México. Estos hallazgos contribuyen a proporcionar valiosos conocimientos sobre la dinámica ecológica y la historia de vida de las especies de *Naphrys* en ambientes tropicales.

Key words: Growth factor, Phenology, Parasitism, Nematode.

Running Title: Natural history of three *Naphrys* species from central-western of Mexico.

Introduction

A well-established biogeographical pattern reveals that terrestrial biological diversity in tropical regions significantly surpasses that of temperate and boreal environments (Santos et al., 2017). This pattern, known as the latitudinal diversity gradient, has been consistently documented across numerous terrestrial animal lineages (Willing et al., 2003; Hillebrand, 2004). Notably, the Neotropics, or the American tropics, represent some of the most biodiverse areas worldwide (Rull, 2020). Although comprehensive global data on spider species richness variation are still needed, spiders conform to this general trend of elevated biodiversity in tropical zones (Santos et al., 2017). With more than 52,000 accepted species, spiders represent one of the most diverse groups (World Spiders Catalog, 2025) and constitute the most diversified group of terrestrial predators (Coddington & Levi, 1991). Due to the remarkable species richness of spiders, knowledge regarding their biology and life history remains limited. As with various groups of spiders, most information originates from original taxonomic descriptions, which generally lack comprehensive natural history data.

Consequently, information about their natural history is sparse and dispersed throughout the literature. This paucity of knowledge may be attributed to the fact that many spider species are relatively small and tend to exist at low densities, rendering them less studied or of limited interest (Wise, 1993). Nonetheless, understanding the general biology of spiders is crucial for the accurate interpretation of ecological and behavioral data, as it is fundamental to comprehending the ecological roles they play within terrestrial ecosystems (Bartos, 2005). The Salticidae family is no exception to the diversity found within the order Araneae; it is the most diverse family, comprising over 6,800 described species across more than 680 genera (World Spider Catalog, 2025). Salticids or Jumping Spiders are characterized by having stenochronic life cycles (Schaefer, 1987). Various studies on species found in temperate climates have established that they exhibit annual or biennial life cycles (Horner and Starks, 1972; Jackson, 1978; Matsumoto and Chikuni, 1987). Jumping spiders are diurnal, wandering predators that stalk and hunt their prey using their highly trained visual system (Land, 1972). Accurately determining the number of individuals in a given area can be difficult, especially if they are mobile (Jackson, 1978).

The Euophryini tribe is among the most diverse groups within the Salticidae family, comprising over 1,000 described species across 116 genera (Edwards, 2003; Maddison, 2015;

Zhang & Maddison, 2015). The genus *Naphrys* Edwards, 2003 is a notable representative of this tribe and includes seven species: *Naphrys acerba* (G. W. Peckham & E. G. Peckham, 1909); *Naphrys bufoides* (Chamberlin & Ivie, 1944); *Naphrys echeri* Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025; *Naphrys pulex* (Hentz, 1846); *Naphrys tecoxquin* Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025; *Naphrys tuuca* Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025 and, *Naphrys xerophila* (Richman, 1981) (Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025; World Spider Catalog, 2025). These spiders are recognized for their small size and ground-dwelling habits, typically inhabiting microhabitats such as fallen wood and leaf litter (Richman, 1981; Edwards, 2003; Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025). Various studies have reported the prey preference of *N. pulex* for ants (Cutler, 1980; Li *et al.*, 1996; Clark *et al.*, 2000), while others have analyzed the courtship behaviors of *N. pulex*, *N. bufoides* y *N. xerophila* (Richman, 1982). However, there is limited information on the remaining species, particularly regarding their life history. The species *N. echeri*, *N. tecoxquin* and *N. tuuca* are small-sized spiders (total lengths of 2.60–2.10, 2.90–2.68 and 2.48–3.64 mm respectively) and are dominant components of soil spider assemblages, with allopatric geographic distributions (Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025). *Naphrys echeri* and *N. tuuca* inhabits leaf litter in **bosque de encino** (*Quercus* sp.) and cloud forest, while *N. tecoxquin* inhabits leaf litter in tropical dry forests with broad-leaved trees (Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025). This study presents laboratory and field observations on the natural history of *Naphrys* species from central-western Mexico, encompassing growth factors, lifespan, and molting retreats. Additionally, we report an interaction between a Mermithidae nematode and *N. tecoxquin*. Furthermore, this research is part of a broader effort to contribute to the phenology of these species.

Materials and Methods

Study area. The study was conducted at the type localities where the species were originally described in Mexico: 1) Cerro “El Gigante”, Morelia, Michoacán (EG) for *Naphrys echeri*; 2) Boca de Tomatlán, Cabo Corrientes, Jalisco (BT) for *Naphrys tecoxquin*; and 3) Cerro “San Juan”, Tepic, Nayarit (SJ) for *Naphrys tuuca* (Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025) (Figure 1).



Figure 1. Study area where the work was carried out in Mexico. Color Diamond: Black = Cerro “El Gigante”, Morelia, Michoacán; Red = Boca de Tomatlán, Cabo Corrientes, Jalisco; Green = Cerro “San Juan”, Tepic, Nayarit.

The SJ locality is situated at N21.506194°, W104.924861°, while the EG locality is at N19.636611°, W101.146889°. Both localities are located within the biogeographic region of the Transverse Volcanic Belt, as proposed by Morrone (2019). These localities feature **Bosque de encino** vegetation (*Quercus* spp.) and are situated at elevations ranging from 1,470 meters above sea level (SJ) to 2,140 meters above sea level (EG). Lastly, the BT locality is located at N20.511861°, W105.318°, at 20 meters above sea level, and is characterized by tropical dry forest vegetation (Maldonado-Carrizales *et al.*, 2025).

Phenology. Monthly collections were conducted at these localities over an annual cycle (from October 2022 to September 2023). Sampling was carried out within a 100 m² quadrant, involving three participants and lasting for one day, with two periods: morning (10:00 to 14:00) and afternoon (16:00 to 19:00). Spiders were captured through direct manual

collection, involving intensive searches in the leaf litter on the ground, using small glass vials (6 cm in length) sealed with cork, rubber stoppers, or cotton. At each locality, comprehensive collection data were recorded, including the site, date, time of collection, and type of vegetation, with particular emphasis on the microhabitats where the spiders were found (e.g., leaf litter, sand, stones). Soil and ambient temperatures were measured using a Steren TER-150 digital thermometer, additionally, climatological data on average annual precipitation and temperature were obtained from the meteorological stations of the National Meteorological Service (SMN, 2023) (Figure 2 – 4).

The phenology of the captured specimens was described by organizing the data according to developmental stages alongside monthly data collected in the field. This information was recorded in a matrix using Microsoft Excel ®. Additionally, the captured spiders were maintained alive and transferred to the “Biol. Sócrates Cisneros Paz” Entomology Laboratory at the Faculty of Biology, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), where they were kept in captivity for further observation.

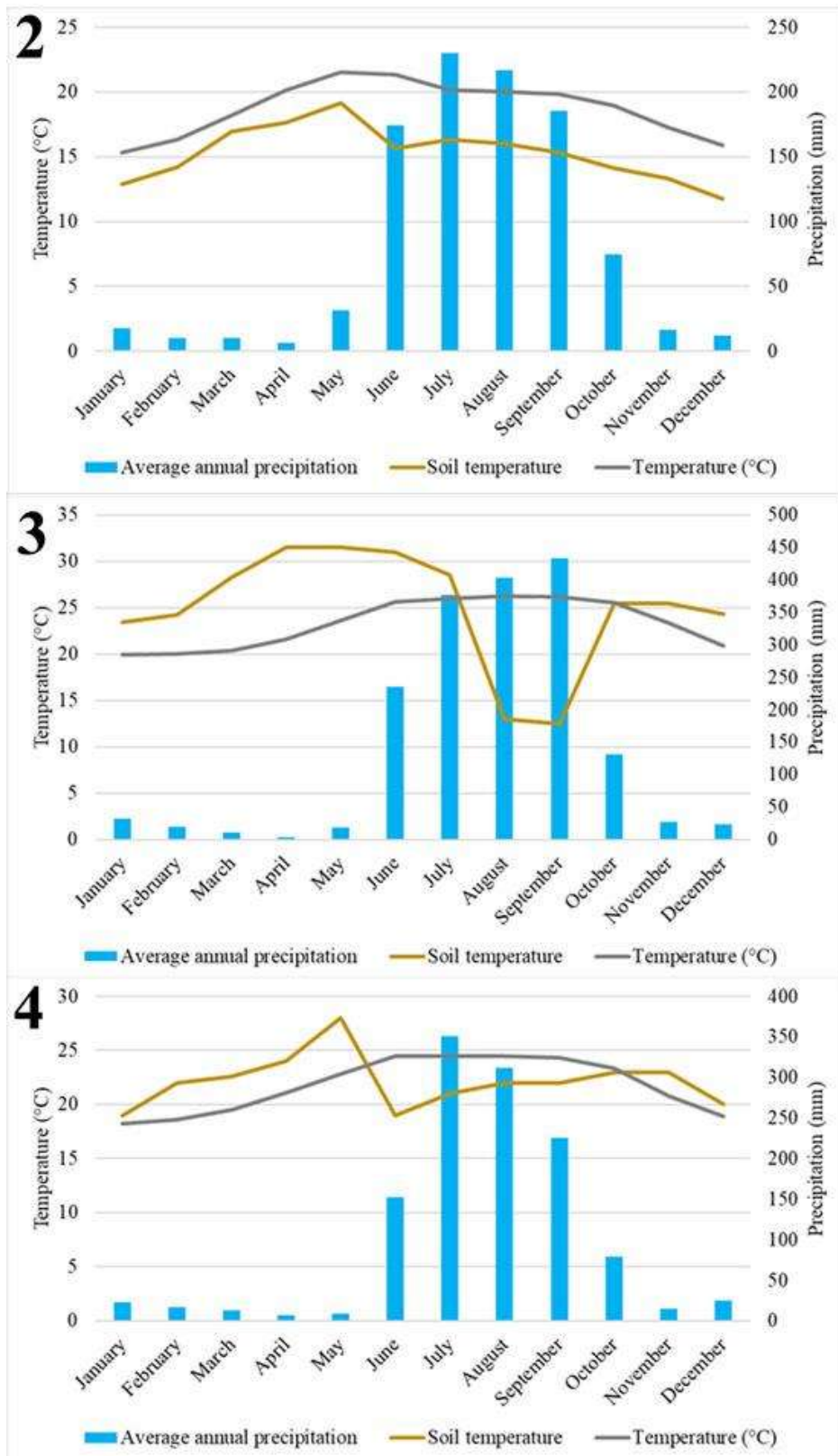


Figure 2 – 4. Climate graph of the study region including average annual precipitation, temperatures and soil temperatures from: 2) Cerro “El Gigante”; 3) Boca de Tomatlán; 4) Cerro “San Juan”.

Terminology. We adopted the combined terminology for development stage proposed by Jackson (1978) and Alvarado-Castro & Jiménez (2016). The stage commencing with the rupture of the chorion and concluding with the first true molt was designated as the “post-embryo”. This stage was attributed to the smallest specimens collected in the field and later measured in the laboratory, based on the estimation of the growth factor (see Growth factor estimation section). The stage that follows the first molt is the first instar (Instar I), and so forth. The stages denominated as “juvenile” were defined as a spider from the first instar up to the antepenultimate stage. The penultimate instar is denominated as “subadult”, referring to the stage just before the molt into adulthood. Subadult **machos** were distinguished by swollen tarsi lacking sclerotized structures, whereas subadult **hembras** were identified by the outline of the epigynum, which is visible beneath the cuticle of the ventral abdomen. An “adult **macho**” was characterized by modified pedipalps, including a sclerotized copulatory bulb with distinct sclerites and a palpal tibia bearing apophyses. An “adult **hembra**” was identified by the presence of a distinct epigynum. Developmental stages were determined based on external morphological traits.

Determination of the developmental stage. To verify the developmental stages of spiders collected in field, they were kept in captivity under controlled conditions in a 1.5 m x 1.5 m room with a 12:12 h light-dark photoperiod, maintained using a Steren SHOME-120 smart LED bulb. The room was kept at a mean temperature of $24 \pm 1^{\circ}\text{C}$ with a relative humidity of 60-70%. Individual spiders were housed in 40 ml plastic containers with perforated lids, each containing a water-saturated cotton swab (approximately 5 mm) to ensure adequate moisture levels. The cotton swabs were replaced weekly or immediately upon observing dark spots, which indicated potential fungal growth (Figure 5–7).

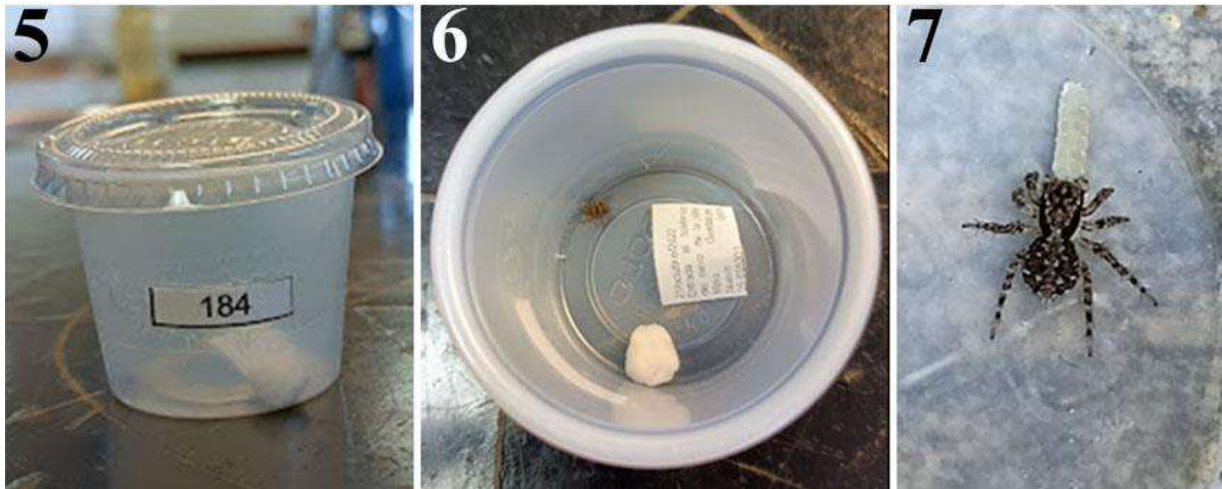


Figure 5–7. 5) Small plastic container; 6) Spider inside plastic container with its water-saturated cotton swab. 7) Spider eating a fruit fly larva (*Drosophila melanogaster* Meigen, 1830).

All spiders were fed once a week with three fruit fly larvae (*Drosophila melanogaster* Meigen, 1830). To ensure the sterility of the flies and prevent the transmission of external pathogens or parasites to the spiders, the flies were obtained from a culture provided by the Genetics Laboratory of Faculty of Biology at UMSNH. The culture was maintained by combining 10 g of yeast (*Saccharomyces cerevisiae* Meyen ex E.C. Hansen, 1883), 100 g of corn starch, one banana (*Musa × paradisiaca* L.), 5 g of ascorbic acid, and 300 ml of water at 35°C to produce additional fly larvae for feeding the spiders. Spiders were examined daily and all developmental stages were recorded until sexual maturity was reached. From the number of exuviae collected, the stages leading to adulthood were determined, and the duration between molts was also recorded. Both exuviae and deceased spiders were documented and preserved in 96% ethanol.

Growth factor estimation. The growth factor was estimated based on the molts of the captive specimens in the laboratory. Measurement of cephalothorax length was taken from the base of the anterior median eyes to the posterior edge of the cephalothorax (Figure 8) using a micrometer with 0.01 mm precision. The growth factor was calculated starting with the value of Przibram (1.29), as cited by Faber (1994) for spiders, and progressively decreasing to the value of Dyar (1.26) or less if necessary. This calculation was performed using a non-parametric chi-square goodness of fit test.

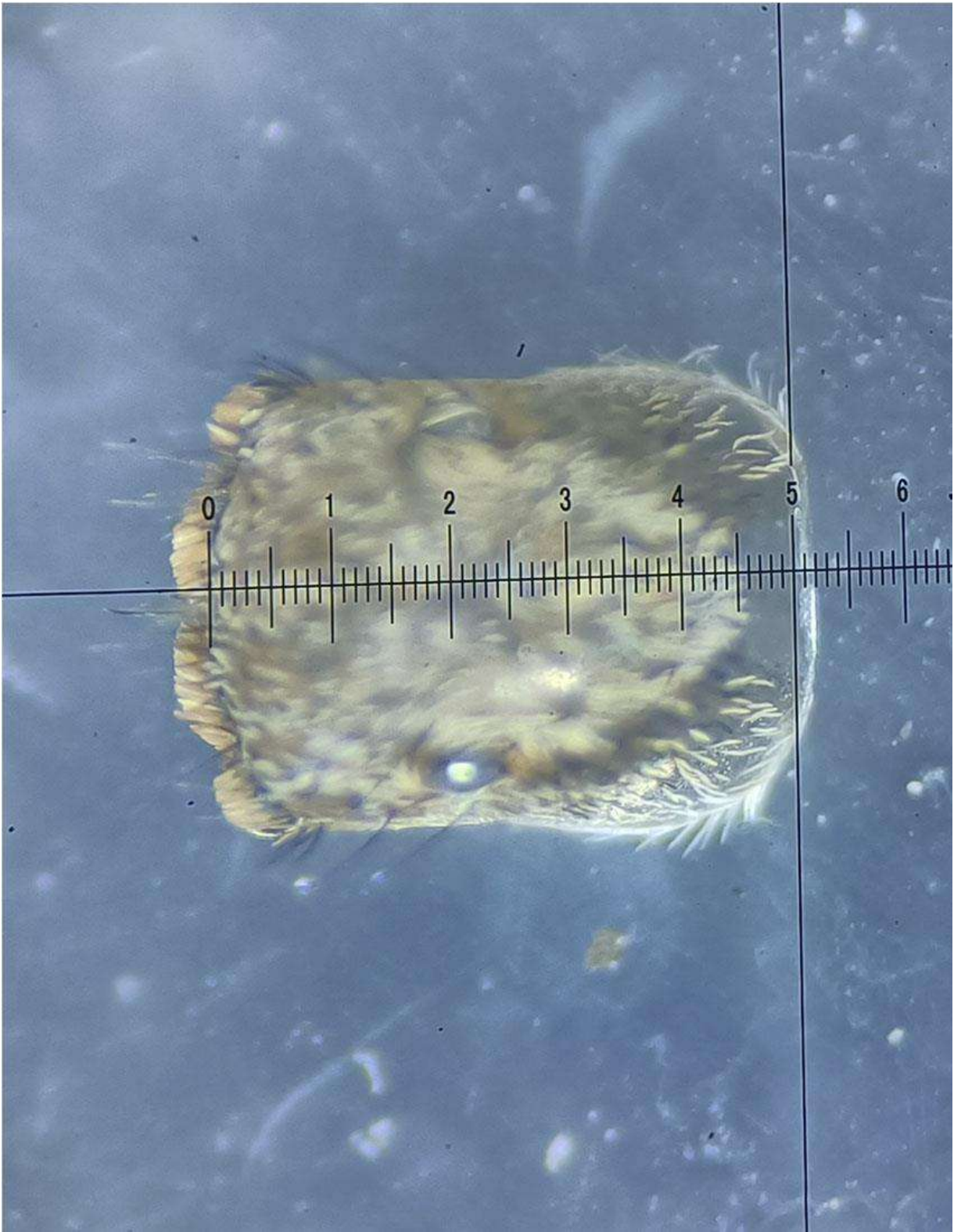


Figure 8. Example of cephalothorax length measurement.

Endoparasitism. A spider belonging to the species *N. texoquin* was discovered parasitized by a nematode. Both specimens were preserved in 96% ethyl alcohol and subsequently transferred to the Parasitology Laboratory of the Faculty of Biology at UMSNH for identification. The nematode was cleared using lactic acid and dehydrated to facilitate the observation of its internal structures under an optical microscope for accurate identification.

Results

Phenology and life cycle. A total of 1,364 spiders were collected, of which: 396 specimens correspond to *N. echeri* (72 adult **machos**, 64 adult **hembras**, 42 subadults, 34 Instar III, 92 Instar II and 92 Instar I); while 565 for *N. tecoxquin* (101 adult **machos**, 114 adult **hembras**, 49 Subadults, 93 Instar III, 114 Instar II, 84 Instar I and 10 Post-embryo); finally, 403 for *N. tuuca* (82 **machos**, 77 **hembras**, 61 subadults, 79 instar III, 60 instar II, 32 instar I and 12 post-embryo) (Table 1).

Table 1. Number of *Naphrys* species collected per month from October 2022 to September 2023, including their developmental stage (estimated in laboratory once death). Mo = Month, M = **Macho**, F = **Hembra**, SA = Subadult, Instars I-III, P = Post-embryo.

	<i>Naphrys echeri</i>							<i>Naphrys tecoxquin</i>							<i>Naphrys tuuca</i>						
Mo	M	F	S A	II I	II	I	P	M	F	S A	II I	II	I	P	M	F	S A	II I	II	I	P
J	0	2	0	0	18	5	0	1	0	1	2	15	5	0	0	0	8	9	6	4	2
F	0	0	0	0	21	5	0	0	0	0	0	2	3	3	1	6	3	8	0	4	3
M	7	2	4	3	17	0	0	0	0	0	10	24	5	1	1 0	2	19	2	3	6	0
A	8	0	1	8	3	1	0	8	0	8	10	29	1	0	1 1	0	7	1	6	7	0
M	2 1	7	5	2	1	0	0	35	39	5	5	3	0	0	3 0	2 2	14	0	0	0	1
J	2 0	1 7	12	3	0	1	0	22	27	11	1	0	1	2	1 8	2 0	2	8	0	0	0
J	1 0	1 2	7	8	2	0	0	8	16	8	16	6	4	0	9	1 5	1	19	7	2	1
A	3	1 1	0	3	1	2	0	10	9	2	1	4	8	1	2	1 0	5	0	1	0	0
S	3	1	9	1	4	0	0	15	11	2	9	0	2	0	1	0	0	0	5	3	0
O	0	1 1	1	5	24	3 4	0	2	9	7	24	15	1 7	0	0	2	0	8	1 0	0	5
N	0	1	0	0	12	1 1	0	0	3	1	0	9	2 0	2	0	0	0	12	2	0	0
D	0	0	3	1	9	1 3	0	0	0	4	15	7	1 8	1	0	0	2	12	2 0	6	0
Tota l	7 2	6 4	42	34	11 2	7 2	0	10 1	11 4	49	93	11 4	8 4	1 0	8 2	7 7	61	79	6 0	3 2	1 2

In June, 21 adult **machos** of *N. echeri* were collected, representing the highest abundance for this stage. June also marked the peak abundance for adult **hembras** and subadults, with 17 and 12 specimens collected, respectively. For Instar III, April and July exhibited the greatest abundance, with 8 specimens collected during each month. In contrast, for Instar II and Instar I, October was the most abundant month, with 24 and 34 specimens collected, respectively. No specimens were recorded for the post-embryo stage (Table 1).

For *N. tecoxquin*, May was the month of highest abundance for both adult **hembras** and **machos**, with 35 and 39 specimens collected, respectively. The subadult stage reached its peak in June, with 11 specimens recorded. The months of highest abundance for the remaining instars were as follows: Instar III in October with 24 specimens, Instar II in April with 29, Instar I in November with 20, and the post-embryonic stage in February with 3 specimens (Table 1).

Lastly, for *N. tuuca*, May was the most abundant month for adult **hembras** and **machos**, as well as subadults, with 30, 22, and 14 specimens collected, respectively. The highest abundance for Instar III was observed in July with 19 specimens, for Instar II in December with 20, for Instar I in April with 7, and for the post-embryonic stage in October with 5 specimens (Table 1).

The relative abundance of adult **machos**, **hembras**, and subadults of *N. echeri* throughout the year demonstrates an apparently unimodal distribution, with the highest abundance recorded from May to July. In contrast, Instar I and Instar II exhibit an apparent bimodal distribution, with significant peaks occurring from January to March and from October to December (Figure 9).

For *Naphrys tecoxquin*, the relative abundance of **hembras**, **machos**, and subadults also shows an apparently unimodal distribution, peaking between May and June. The remaining stages display an apparent bimodal distribution, with the highest abundance observed in March and April, as well as in October and December (Figure 10).

In the case of *N. tuuca*, adult **machos** and **hembras** reach their peak abundance between May and July, following an apparently unimodal distribution. Subadults, however, exhibit an apparently multimodal distribution, with three peaks of abundance observed in March, May, and August. Similarly, Instar III displays three peaks of abundance, occurring from January to

February, June to July, and October to December (Figure 11). In general, the highest peak of adults of the three *Naphrys* species was found between the months of April to August, this coincides with the increase in precipitation and the decrease in soil temperature reported for each location. (Figure 2).

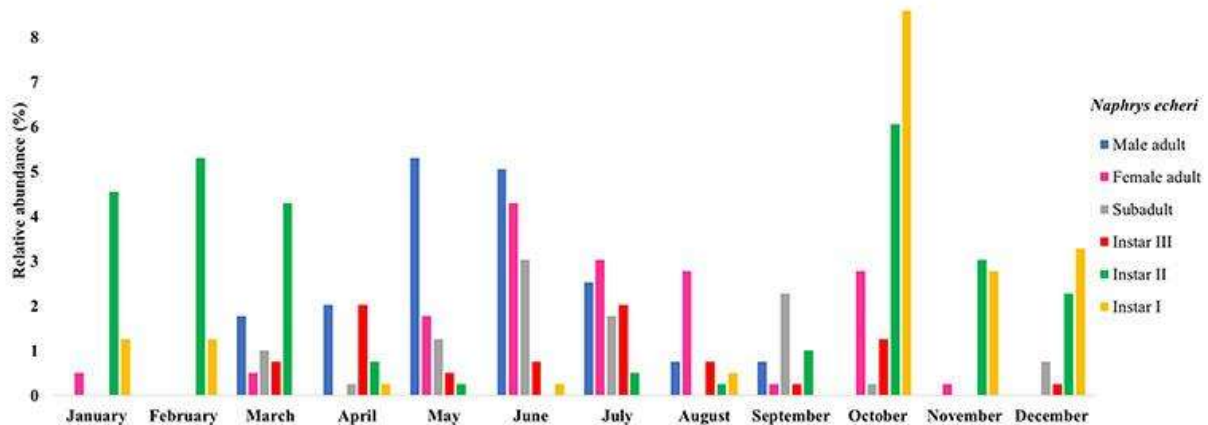


Figure 9. Seasonal distribution in relative abundance of developmental stages of *Naphrys echeri* during collection months.

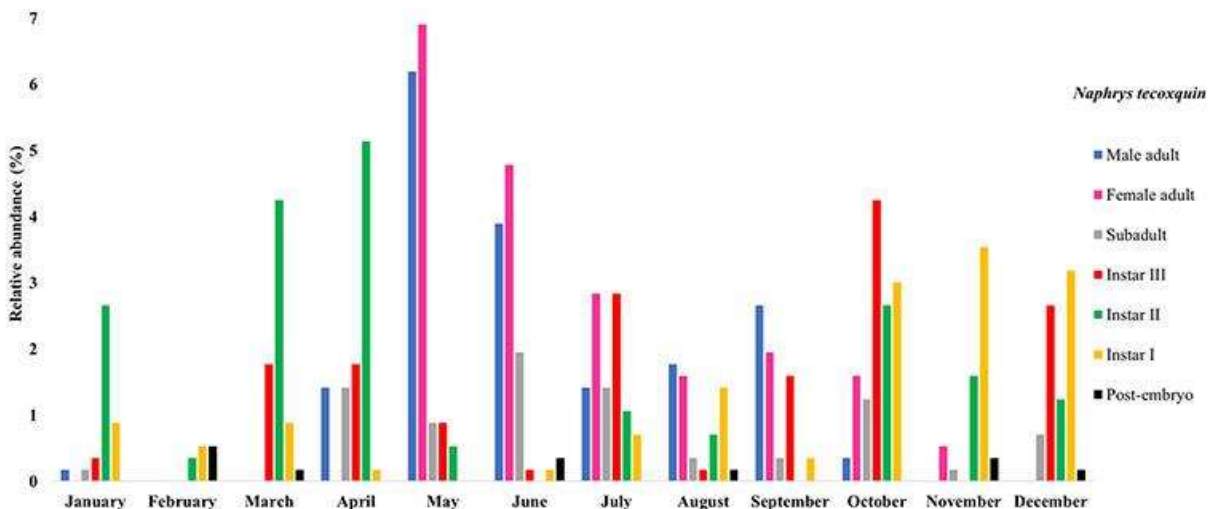


Figure 10. Seasonal distribution in relative abundance of developmental stages of *Naphrys tecoxquin* during collection months.

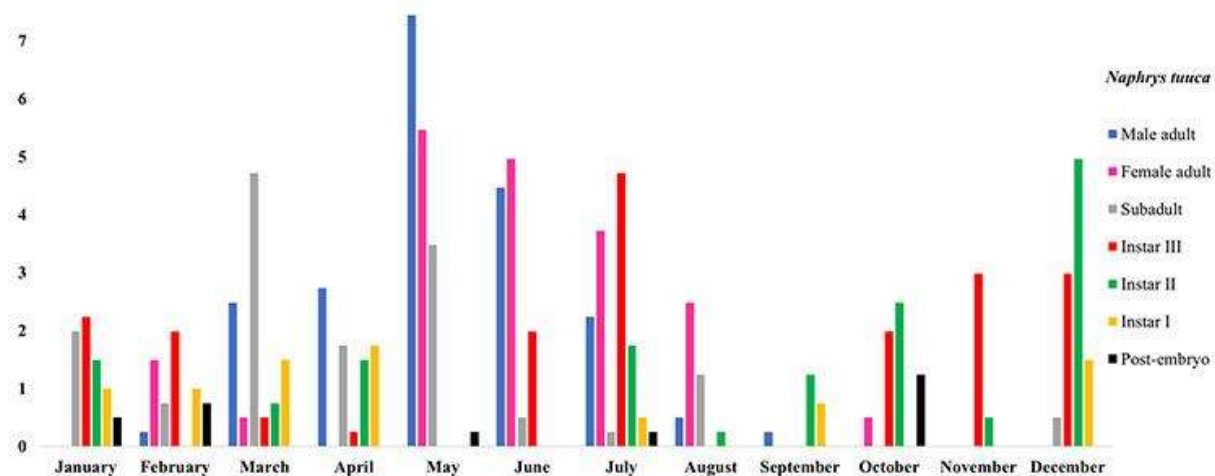


Figure 11. Seasonal distribution in relative abundance of developmental stages of *Naphrys tuuca* during collection months.

Ambient temperature is positively correlated with the abundance of adult *N. echeri* ($R^2 = 0.658$; $p = 0.001$) (Figure 13). Conversely, it is negatively correlated with juvenile *N. tuuca* ($R^2 = 0.3463$; $p = 0.042$) (Figure 19). For *N. tecoxquin*, soil temperature exhibits a positive correlation with adults ($R^2 = 0.678$; $p = 0.001$) (Figure 15). Overall, a weak positive correlation was observed for adults of other species, while juveniles showed a weak negative correlation. However, no statistically significant differences were detected in these relationships (Figures 12–20).

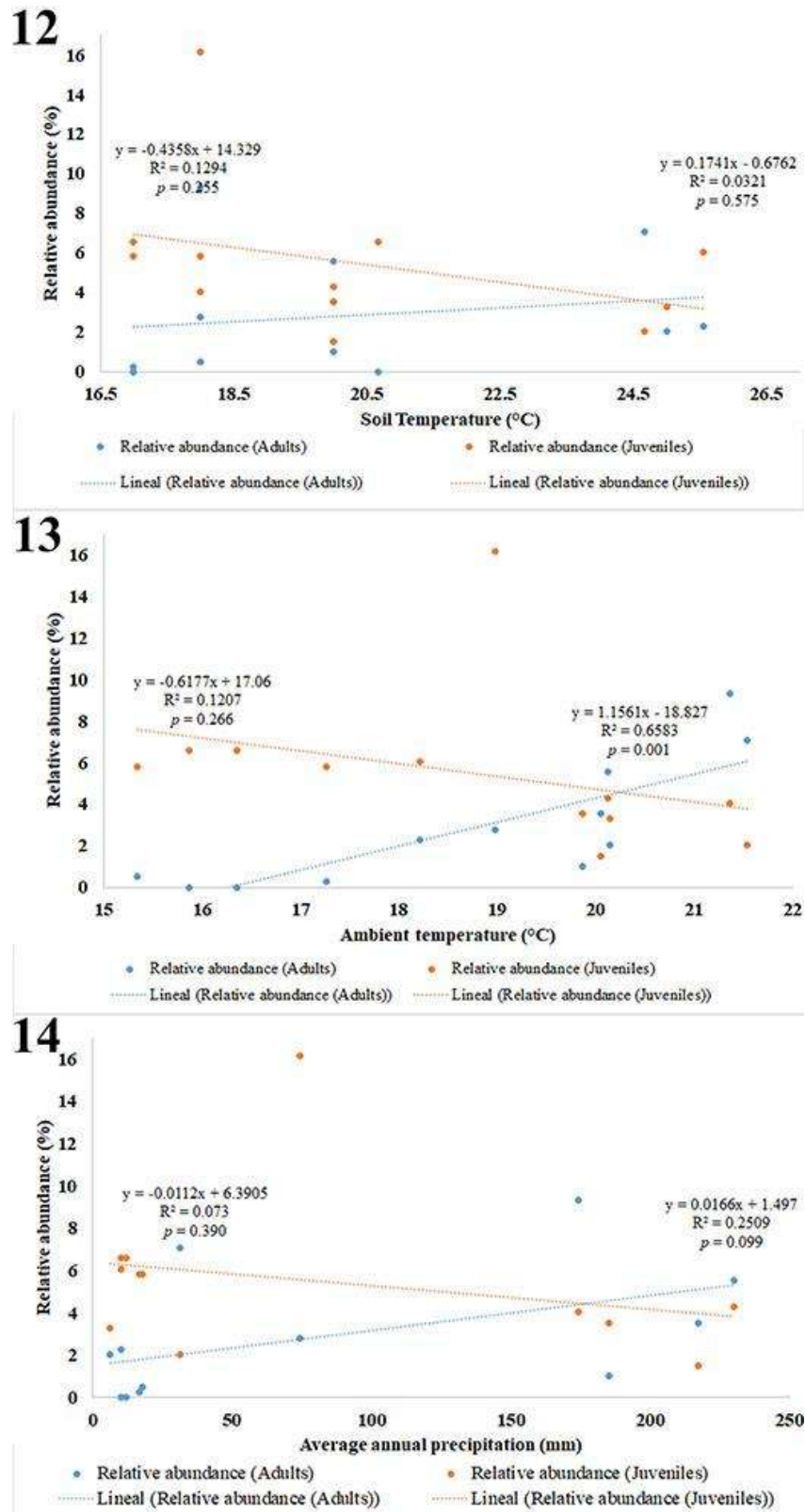


Figure 12-14. Relationship between 12) soil temperature, 13) ambient temperature, 14) average annual precipitation and relative abundance of *Naphrys echeri* in the field.

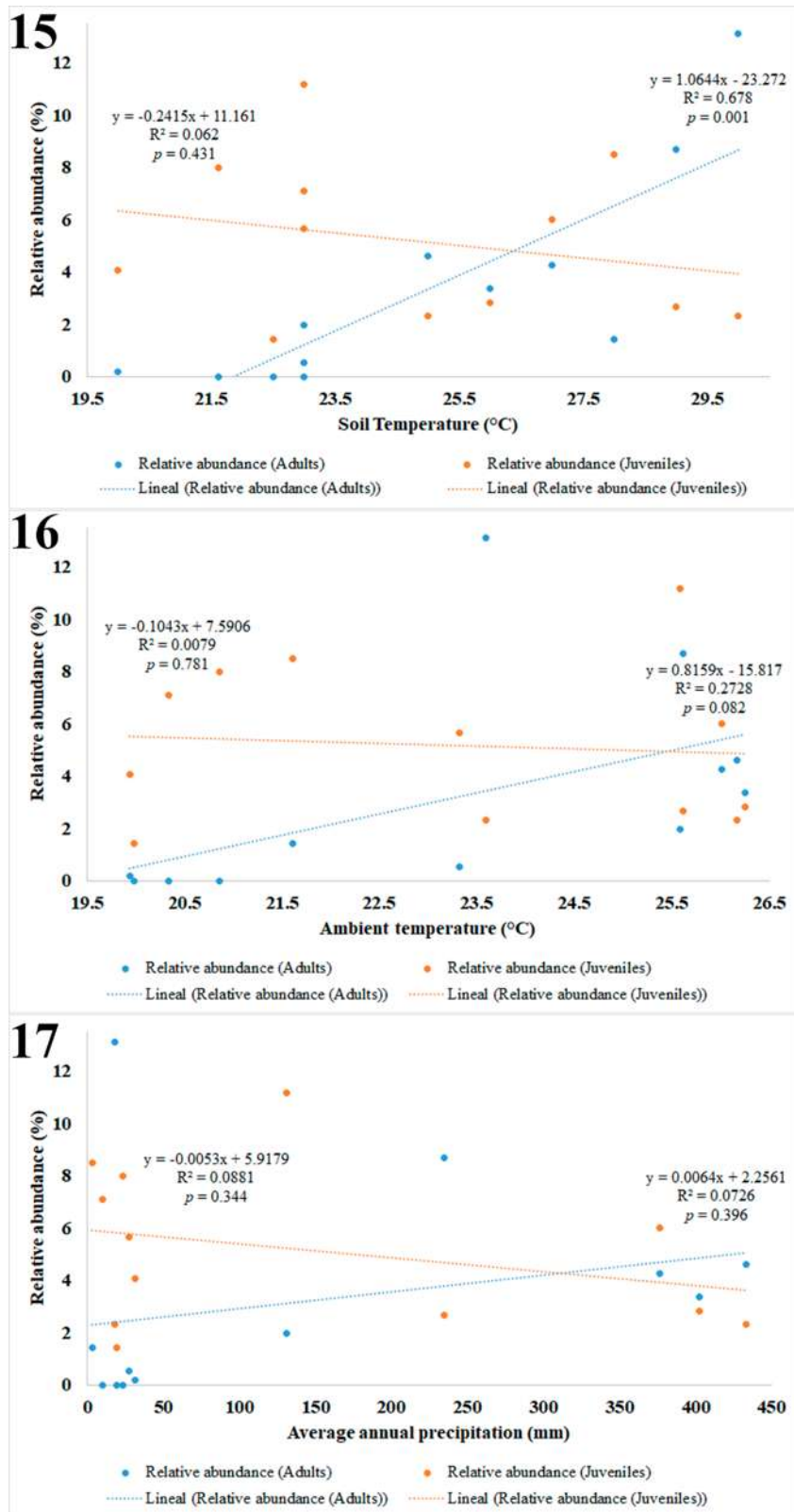


Figure 15-17. Relationship between 15) soil temperature, 16) ambient temperature, 17) average annual precipitation and relative abundance of *Naphrys tecoxquin* in the field.

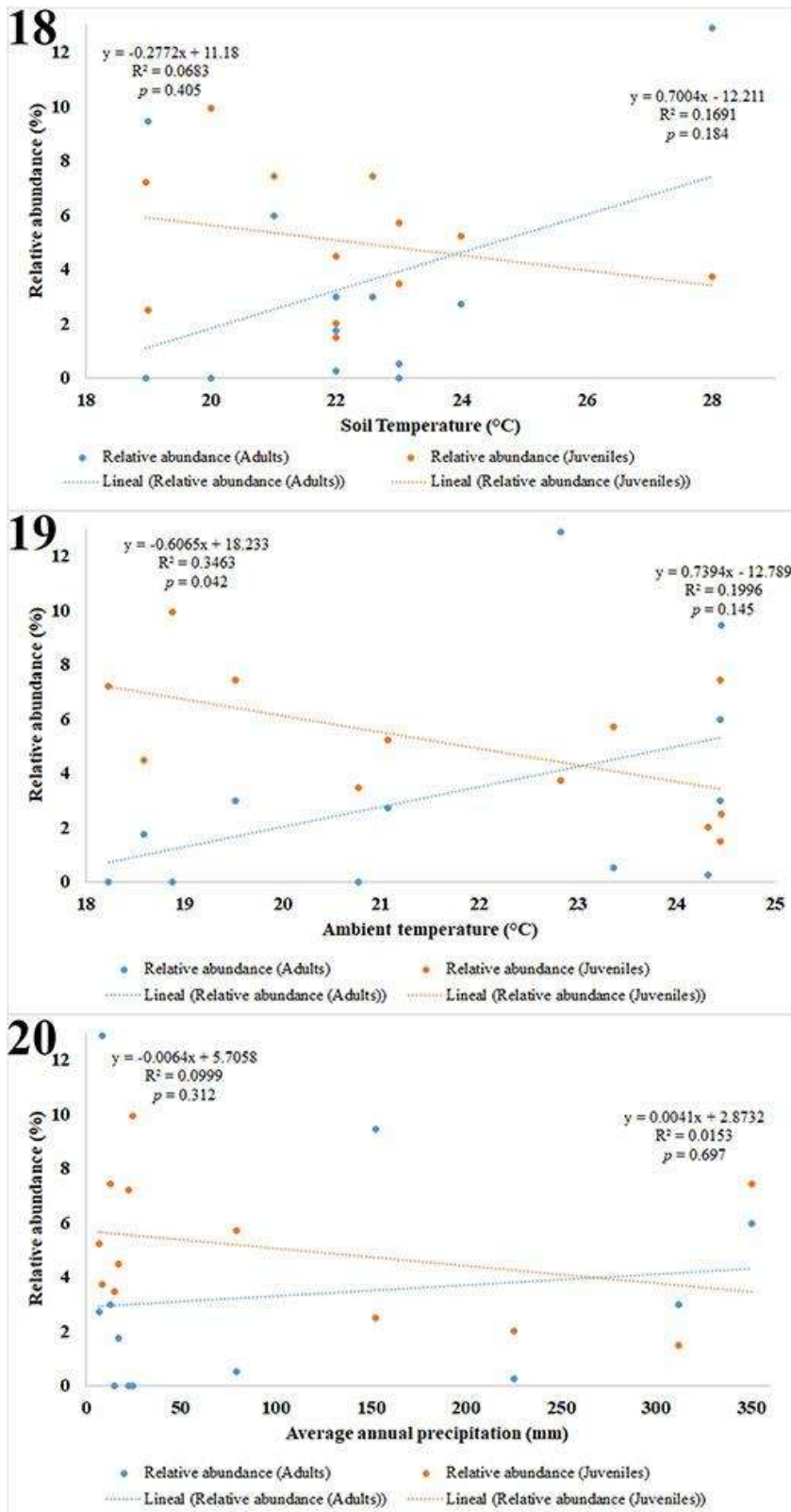


Figure 18-20. Relationship between 18) soil temperature, 19) ambient temperature, 20) average annual precipitation and relative abundance of *Naphrys tuuca* in the field.

Use of shelter in the field and laboratory. During the collection of *Naphrys* species, the spiders were observed to rapidly jump into the leaf litter or onto the ground to evade capture, or to conceal themselves within small branches, crevices between rocks, or at the interface between the ground and larger rocks (Fig. 21–26; Supplementary 1). No species were noted to possess any form of structured refuge for shelter.

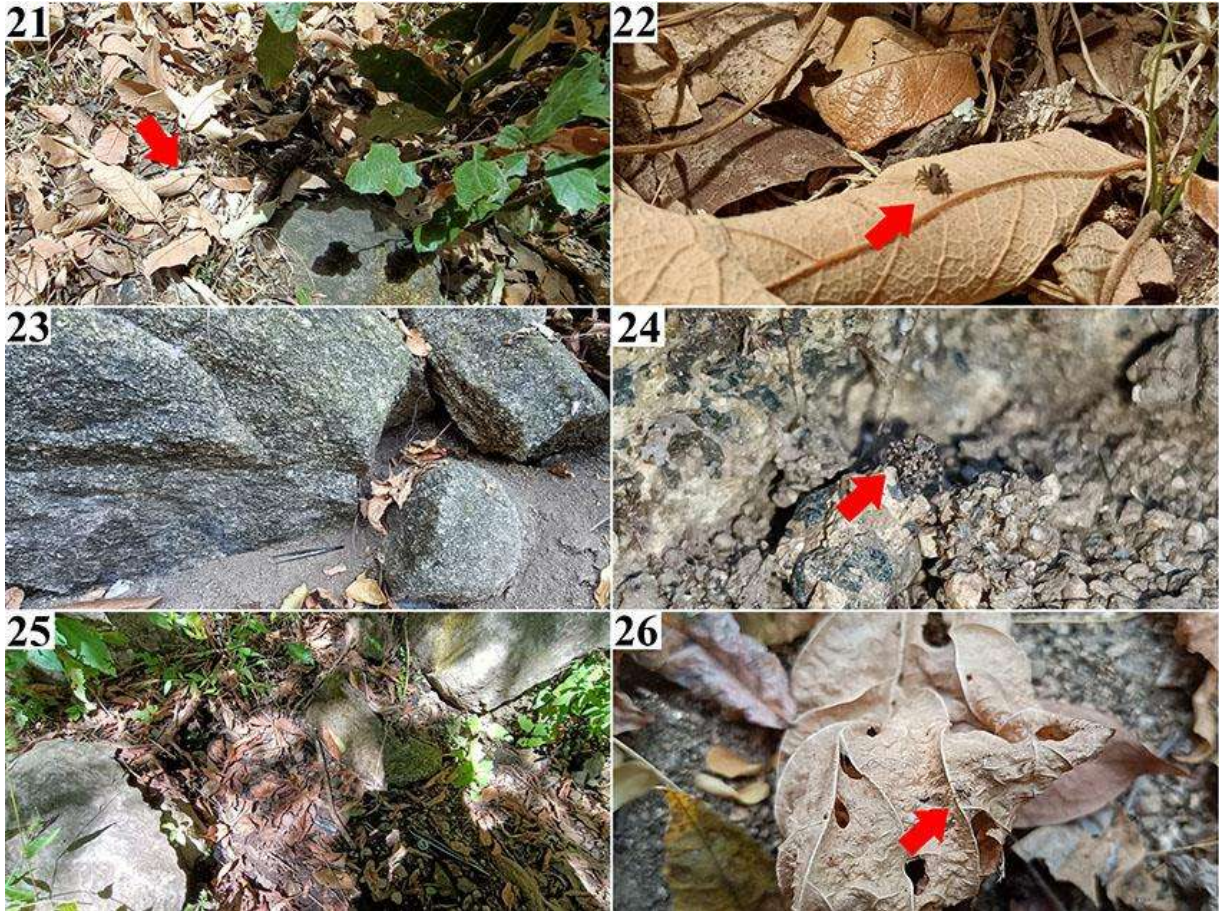


Figure 21–26. 21–22) *Naphrys echeri*; 23–24) *Naphrys tecoxquin* and 25–26) *Naphrys tuuca* taking shelter in their habitats.

In the laboratory, the three species exhibited similar behavior in the use of silk shelters. All developmental stages constructed silk retreats, typically located at the top of the container, to shelter from their environment. Additionally, these retreats were used during the molting process. Juvenile and subadult individuals constructed simple silk retreats for molting (Figure

27–31), consisting of two loosely woven layers. The basal and upper layers were composed of visible silk threads. At least two spiders died during or shortly after the molting process, failing to free their legs from the exuvium, which ultimately led to their death under laboratory conditions (Figure 31).

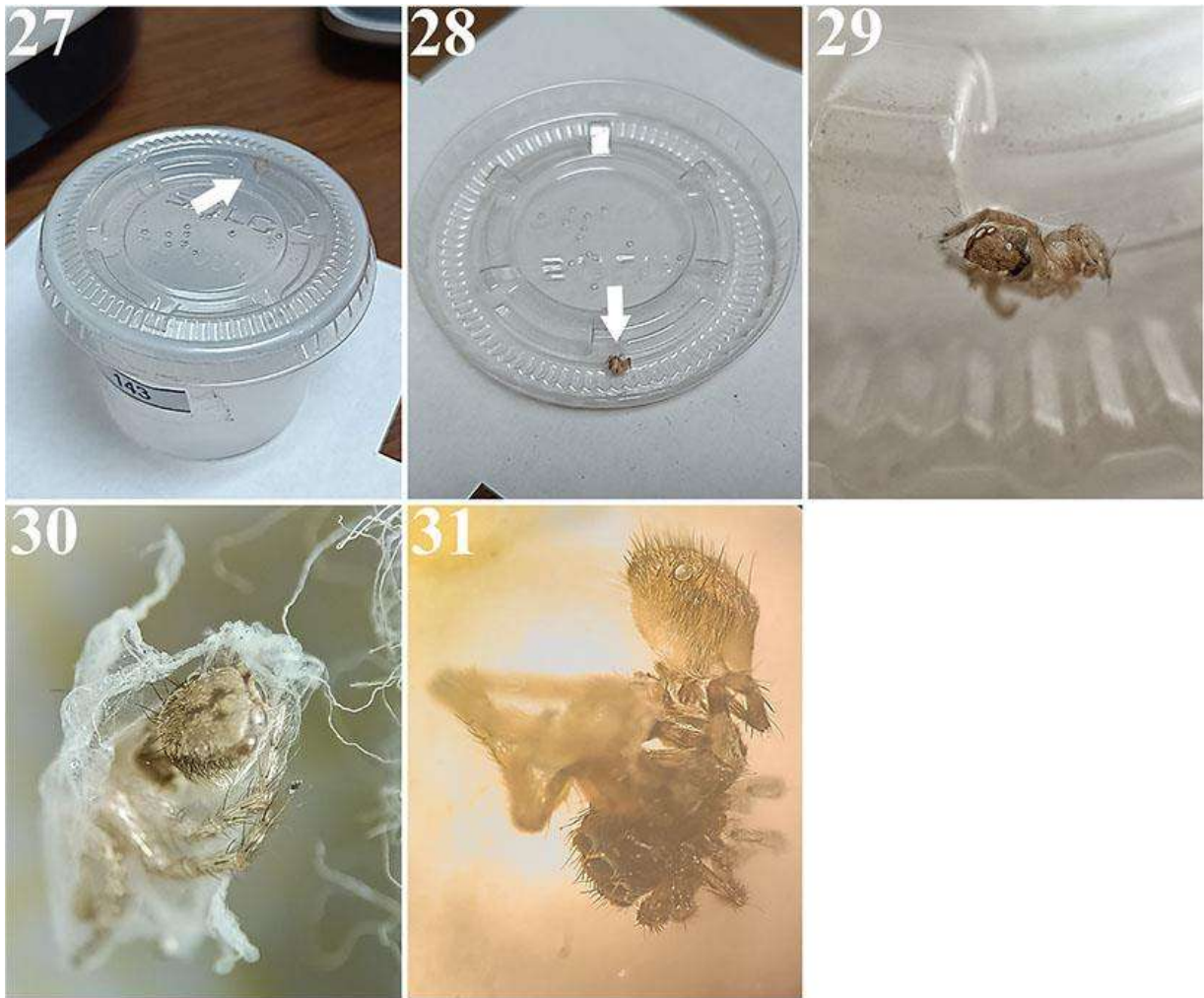


Figure 27–31. 27) Closed plastic container with the exuvium on top of the lid. 28) Internal view of the lid with the exuvium. 29) close up to exuvium. 30) Exuvium of *Naphrys* spp. inside its silk molting shelter. 31) *Naphrys* spp. specimen trapped in the exuvium.

Under laboratory conditions, out of the 1,364 spiders collected, 25.7% (350) remained alive, and of these, 43.7% (153) successfully molted. However, only 34.6% (53) reached the adult

stage (Figure 32). Four specimens from the three species (one *N. echeri*, two *N. tecoxquin*, and one *N. tuuca*) have four molts from the time of collection until reaching the adult stage. Under these conditions, the spiders molted on average every two months (≈ 60 days). By considering both the number of molts observed in the laboratory and the growth factor values (see below), it was determined that the *Naphrys* species undergo five molts from the time the chorion breaks until they reach adulthood.

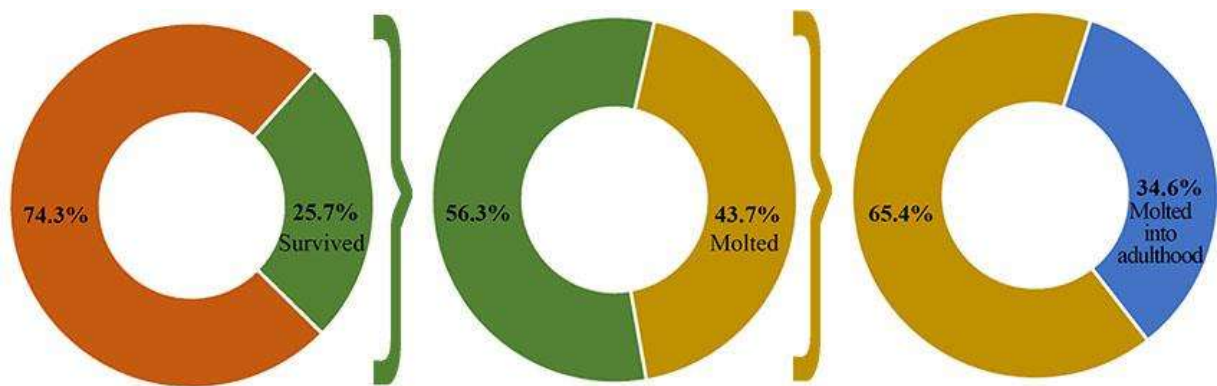


Figure 32. Graph illustrating the relative abundance of *Naphrys* species that survived in captivity (green) compared to those that died (orange); next spiders that molted (gold) versus those that did not molt (green) and finally, spiders that reached adulthood in captivity (blue) compared to those that did not reach adulthood (gold).

Growth factor estimation. Growth factor determined varied by species. For *N. echeri*, estimated growth factor is 1.09 (n=64), while for *N. tecoxquin*, it is 1.1 (n=186). For *N. tuuca*, the growth factor from the Instar I to Adult is calculated as 1.12 (n=43), and from Post-embryo to Instar I as 1.32 (n=12) (Table 2). In the case of *N. echeri*, specimens from the Post-embryo were not collected, as the measured specimens did not align with the calculated factor. However, for *N. tuuca*, very small specimens were collected that did not correspond to the factor calculated for the other stages (Adult to Instar I); thus, the corresponding value was calculated for these specimens (Instar I – Post-embryo).

By considering the number of molts observed in the laboratory and the growth factor values, it was possible to assign the appropriate developmental stage to spiders that did not molt but

were measured in the laboratory. This assignment utilized the expected averages and ranges for the different stages, up to the adult size.

Table 2. Mean cephalothorax length (mm) with corresponding confidence limits for each developmental stage. Estimated growth factor for *N. echeri* is 1.09 (n=64); for *N. tecoxquin*, 1.1 (n=186). Growth factor for *N. tuuca* from Adult to Instar I is 1.12 (n=43), and from Instar I to Post-embryo is 1.32 (n=12). Values marked with an asterisk (*) are estimated.

	<i>N. echeri</i>			<i>N. tecoxquin</i>			<i>N. tuuca</i>		
	Min	Mean	Max	Min	Mean	Max	Min	Mean	Max
Adult	1.695	1.767	1.838	1.738	1.795	1.851	1.828	1.902	1.976
Subadult	1.663	1.704	1.745	1.620	1.661	1.702	1.693	1.737	1.781
Instar III	1.518	1.576	1.635	1.506	1.526	1.547	1.585	1.615	1.645
Instar II	1.391	1.421	1.451	1.380	1.407	1.435	1.344	1.404	1.463
Instar I	1.220	1.278	1.336	1.229	1.273	1.320	1.170	1.213	1.256
Post-embryo	0.949*	1.173*	1.217*	1.093	1.161	1.226	0.859	0.882	0.905

Endoparasitism. After completing the collections for September, while transferring the spiders to their plastic containers, it was observed that one spider was immobile and presumed dead. It was kept in the original vial in which it was captured while attending to the rest of the spiders. Approximately three hours later, after finishing the transfer of the live spiders to their plastic containers, a large white worm was observed emerging from the spider. Upon examination under a stereoscopic microscope, the larva was found to be alive (Figure 33–34; Supplementary 2).

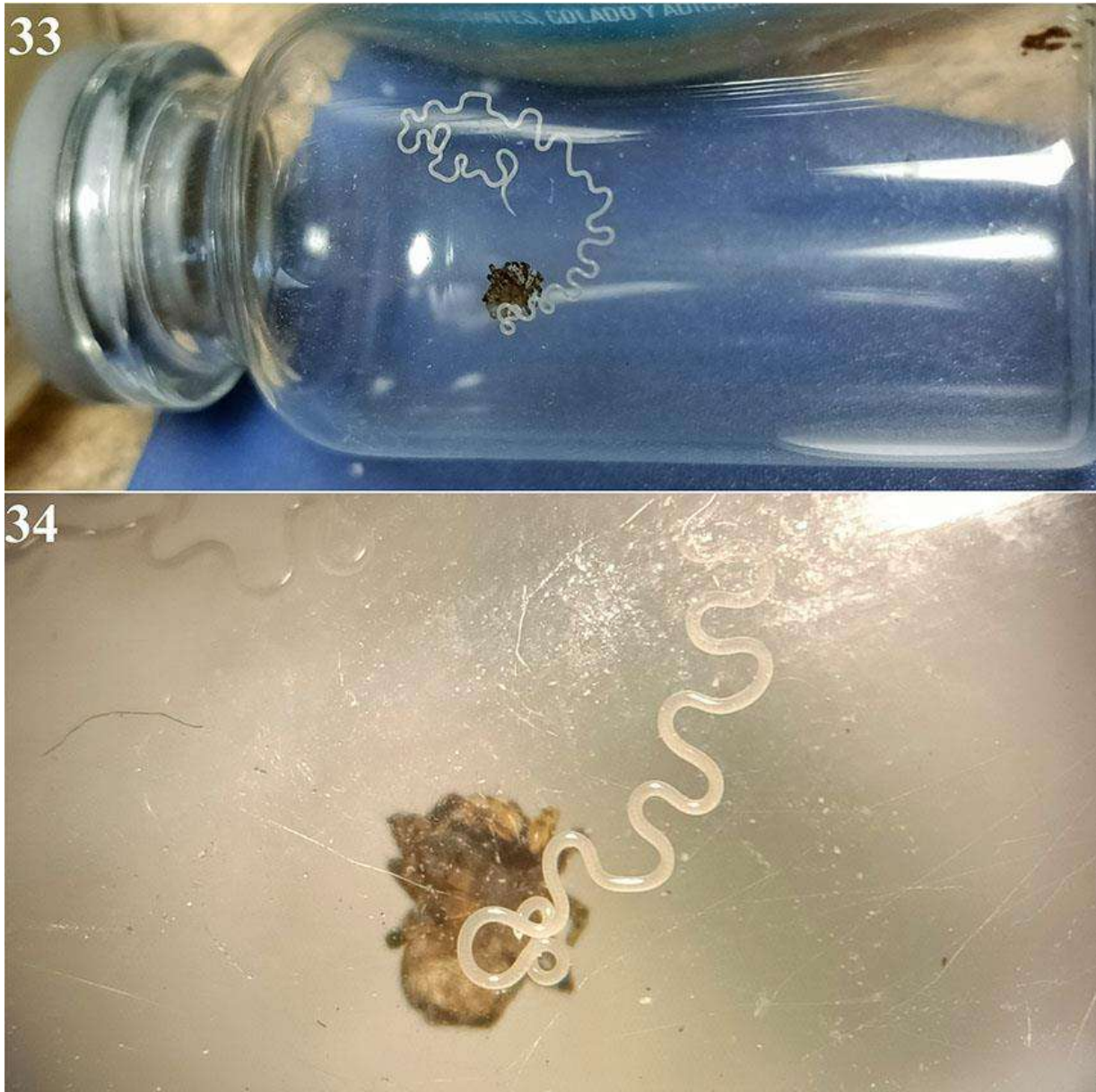


Figure 33–34. Larvae of Mermithidae nematod and its host *N. tecoxquin* observed in laboratory.

Notably, the spider did not exhibit signs of anorexia or any malformations, appearing healthy prior to its death. Following the emergence of the nematode from the spider, both specimens were preserved in 96% ethanol and subsequently transferred to the Parasitology Laboratory of the Faculty of Biology at UMSNH for identification. The nematode was identified to the family level, corresponding to Mermithidae (Enoplea: Mermithida). A more specific taxonomic identification was not feasible, as the specimen was in its larval stage (Figure 35).



Figure 35. Mermithide nematod from Boca de Tomatlán, Cabo Corrientes, Jalisco, México.

Discussion

Phenology. The results indicate a high abundance of adults during months with increased rainfall, consistent with previous observations for salticid spiders in Mexico (Castelo-Calvillo, 2000; Sosa-Romero et al., 2016). However, our findings reveal no correlation between adult abundance and increased precipitation.

In contrast, ambient temperature exhibited a positive relationship with adults of *N. echeri* but a negative relationship with juveniles of *N. tuuca*. Similarly, soil temperature showed a positive relationship with adults of *N. tecoxquin*. Brito et al. (2019) reported similar findings, highlighting the critical role of monthly mean temperature in determining species abundance. Furthermore, seasonal patterns of spider assemblages may vary even within regions of the same state if those regions are characterized by distinct environmental conditions (Rodrigues

et al., 2016). This observation underscores that each biome supports species specifically adapted to its unique climatic and environmental constraints (Brito et al., 2019).

Plant complexity is one potential factor influencing spider abundance. Increased plant complexity is thought to sustain a higher diversity of predatory species by providing a wider range of substrates, prey types, prey densities, and microhabitats (Hatley & MacMahon, 1980). Similarly, Carvalho et al. (2015) observed that spider abundance is influenced by the availability of potential prey.

Another key factor is the depth and composition of leaf litter. Areas with deeper, more complex litter may offer a greater diversity of microhabitats, thereby supporting a broader variety of spider species (Uetz, 1979).

Additionally, increases in temperature and humidity may enhance food availability in the environment, a critical factor for spider development. Diet (including the quantity, quality, and availability of food) plays a pivotal role in spider growth. Adequate nutrition accelerates molting processes (Napiórkowska, 2018), enabling larger spider populations across different developmental stages.

In this study, we did not analyze the relationships between spider abundance and factors such as plant complexity, prey availability, or litter depth. Future research should explore these variables, hypothesizing that they directly affect the abundance of species in the genus *Naphrys* in central-western Mexico.

Finally, our findings suggest that reproductive periods are not confined to months with high temperatures. Various developmental stages, including adults and post-embryos, were observed during months with lower temperatures. However, further studies are required to examine additional factors (such as prey availability, litter depth, and vegetation complexity) to provide a comprehensive understanding of the phenology of *Naphrys* species, including the presence of eggs in their natural habitats.

Growth factor estimation. Przibram's rule asserts that the average ratio of mean weights for successive instars in hemimetabolous insects is 2.09, while the average ratio of mean lengths for successive instars is 1.29 (Przibram & MeguGar, 1912). The latter value, as noted by Faber (1994), approximates 1.28, the cube root of 2.09. This principle was applied to the spider

Zygoballus rufipes G. W. Peckham & E. G. Peckham, 1885 (Salticidae), where the ratio of mean body weights was analyzed (Faber, 1994). However, the estimated growth factor between instars for the different species did not correspond to the values observed by Faber (1994). Nonetheless, the estimated growth factor (1.31) from Postembryo to Instar I in *N. echeri* is consistent with the proposal by Wigglesworth (1972), who suggested that the ratio of linear dimensions for successive stages in many insect species typically ranges between 1.3 and 1.4. Hallas (1987) notes that various Salticid species allocate energy and nutrients toward the development of somatic structures, particularly during the transition from subadult to adult stages. In the case of *N. echeri*, it is likely that this process occurs, although at earlier developmental stages.

Use of shelter in laboratory conditions. Jumping spiders construct silken nests that are likely of significant value, providing shelter during nighttime, inclement weather, molting, mating, oviposition, and guarding of offspring (Jackson, 1979; Hoefler & Jakob, 2006). At least two species of salticids, *Jacksonoides queenslandicus* Wanless, 1988 in the field (Jackson, 1988) and *Phidippus audax* (Hentz, 1845) in terraria inside a greenhouse (Popson, 1999), have been observed leaving their nests during the day and returning to the same nest at night. During field expeditions, no silk shelters were observed for any of the species, and this behavior was initially documented in the laboratory. The observed behavior in the laboratory may be attributed to the limited space available for the spiders to hide. Both *Servaea incana* (Karsch, 1878) and *Phidippus johnsoni* (Peckham & Peckham, 1883) are known to construct retreats for molting, which are also used for courtship and as refuges during breeding (McGinley et al., 2015; Jackson, 1979). It is unclear whether *Naphrys* species, under natural conditions, retreat into their habitats and return to the same location daily. However, under laboratory conditions, they have been observed exhibiting this behavior. Nevertheless, this behavior may be influenced by the limited space in the laboratory setting.

Endoparasitism. The vast majority of documented cases of natural nematode infections involve parasites from the family Mermithidae. Nematodes of this family are significant endoparasites of arthropods (Camino et al., 2015; Durkin et al., 2021). In this study, we report the first recorded instance of a Mermithidae nematode parasitizing a spider in Mexico, as previous records were limited to Brazil and the Estados Unidos (see Košulič & Mašová,

2019). These findings are generally rare and predominantly involve juvenile specimens, which are often ineligible for species-level identification due to the nematodes' complex life cycle and development, typically resulting in only accidental discoveries in natural conditions (Poinar, 1985; Košulič & Mašová, 2019). Similarly, in our case, a juvenile stage was observed, preventing identification beyond the family level. According to Poinar & Welch (1981), juvenile specimens can only be identified to the collective genus *Agamomermis*; nevertheless, they established a new genus, *Aranimermis*, which includes large, robust species specialized in parasitizing spiders. It is necessary to do a detailed study to accurately determine the genus of nematode found in this study.

Acknowledgments

The first author expresses gratitude to the Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONHACYT) of Mexico for the scholarship (No. 790303) supporting their PhD studies. Appreciation is also extended to the Programa Institucional de Doctorado en Ciencias Biológicas (PIDCB), Faculty of Biology, UMSNH, for the academic training provided during the research, and to the PhD synodal committee for their valuable contributions, comments, and suggestions throughout the development of this work. Additionally, we sincerely thank MSc Hugo Alejandro Farías Chagoya, head of the Genetics Laboratory, Faculty of Biology, UMSNH, for donating the fruit fly strain used in this study, and BSc David Tafolla Venegas for his assistance in identifying the nematode.

Literature Cited

- Alvarado-Castro, J. A., Jiménez, M.L. 2016. Phenology of the Sonoran desert-endemic populations of *Homalonychus selenopoides* (Araneae: Homalonychidae). *Journal of Arachnology*, 44: 58–64. <https://doi.org/10.1636/J14-42.1>
- Bartos, M. 2005. The life history of *Yllenus arenarius* (Araneae, Salticidae)—evidence for sympatric populations isolated by the year of maturation. *The Journal of Arachnology*, 33:214–221.
- Brito, P. R., Prado-Junior, J., Brescovit, A. D. & Tunes, B. M. L. 2019. Climatic conditions drive the abundance and diversity of spiders community in an Atlantic Forest fragment. *Oecologia Australis*, 23(1): 39-55. <https://doi.org/10.4257/oeco.2019.2301.04>

- Camino, N., B., González, S. E & Reboredo G. R. 2015. Biodiversity of Mermitids (Nematoda: Mermithidae) parasitoids of aquatic Diptera (Simuliidae, Culicidae and Chironomidae) in Argentina. *Neotropical Helminthology*, 2015, 9(1).
- Carvalho, L. S., Sebastian, N., Araújo, H. F. P., Dias, S. C., Venticinque, E., Brescovit, A. D. & Vasconcellos, A. 2015. Climatic Variables Do Not Directly Predict Spider Richness and Abundance in Semiarid Caatinga Vegetation, Brazil. *Environmental Entomology*, 44(1): 54-63. <https://doi.org/10.1093/ee/nvu003>
- Castelo-Calvillo, J. L. 2000. Diversidad de Salticidae (Arachnida: Araneae) en una localidad de selva baja caducifolia del sur de Jalisco, México. BSc Thesis. Escuela Nacional de Estudios Profesionales, Campus Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Tlalnepantla, Estado de México..
- Clark, R. J., Jackson, R. R. & Cutler, B. 2000. Chemical cues from ants influence predatory behavior in *Habrocestum pulex*, an ant-eating jumping spider (Araneae, Salticidae). *The Journal of Arachnology*, 28(3): 309–318. [https://doi.org/10.1636/0161-8202\(2000\)028\[0309:CCFAIP\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1636/0161-8202(2000)028[0309:CCFAIP]2.0.CO;2)
- Coddington, J. A. y Levi, H. W. 1991. Systematics and Evolution of spider (Araneae). *Annual Review of Ecology and Systematics*, 22: 565-592. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.22.110191.003025>
- Cutler, B. 1980. Ant predation by *Habrocestum pulex* (Hentz) (Araneae: Salticidae). *Zoologischer Anzeiger*, 204: 97–101.
- Durkin, E. S., Cassidy, S. T., Gilbert, R., Richardson, E. A., Roth, A. M., Shablin, S., & Keiser, C. N. 2021. Parasites of spiders: Their impacts on host behavior and ecology. *The Journal of Arachnology*, 49(3): 281-298. <https://doi.org/10.1636/JoA-S-20-087>
- Edwards, G. B. 2003. A review of the Nearctic Jumping Spiders (Araneae: Salticidae) of the subfamily Euophryinae north of Mexico. *Insecta Mundi*, 16(3), 65–75.
- Faber, D. B. 1994. Przibram's Rule and **macho** body-size dimorphism in *Zygoballus rufipes* (Araneae: Salticidae). *Journal of Zoology*, 232(2), 191-198.

- Foelix, R. F. 2011. Biology of spiders. Third edition. Oxford University Press, New York. 419 pp.
- Hallas, S. E. 1987. The life cycle of three species of *Portia* (Salticidae, Spartaeinae). PhD Thesis. University of Canterbury.
- Hatley, C. L. & Macmahon, J. A. 1980. Spider Community Organization: Seasonal Variation and the Role of Vegetation Architecture. *Environmental Entomology*, 9 (5): 632–639.
<https://doi.org/10.1093/ee/9.5.632>
- Hoefler, C.D., Jakob, E. M. 2006. Jumping spiders in space: movement patterns, nest site fidelity and the use of beacons. *Animal Behaviour*, 71: 109–116.
- Horner, N.V. y Starks, K. J. 1972. Bionomics of the jumping spider *Metaphidippus galathea*. *Annales of the Entomological Society of America*, 65: 602–607.
- Jackson, R. R. 1978. Life history of *Phidippus Johnsoni* (Araneae, Salticidae). *The Journal of Arachnology*, 6:1-21.
- Jackson, R. R. 1979. Nests of *Phidippus johnsoni* (Araneae, Salticidae): characteristics, pattern of occupation, and function. *Journal of Arachnology* 7: 47–58.
- Jackson, R. R. 1988. The biology of *Jacksonoides queenslandica*, a jumping spider (Araneae: Salticidae) from Queensland: intraspecific interactions, web-invasion, predators, and prey. *New Zealand Journal of Zoology*, 15: 1–37.
- Košulič, O. & Mašová, Š. 2019. First report on mermithid parasitism (Enoplea: Mermithidae) in a Southeast Asian spider (Araneae: Araneidae). *Helminthologia*, 56(2): 157 – 167.
<https://doi.org/10.2478/helm-2019-0012>
- Land, M. F. 1972. Mechanisms of orientation and pattern recognition by jumping spiders (Salticidae). pp. 231-247. In: Information processing in the visual systems of arthropods, R. Wehner (ed.). Springer-Verlag, Berlin.
- Li, D., Jackson, R. R. & Cutler, B. 1996. Prey-capture techniques and prey preferences of *Habrocestum pulex*, an ant-eating jumping spider (Araneae, Salticidae) from North America. *Journal of Zoology*, 240: 551-562. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.1996.tb05305.x>

- Maldonado-Carrizales, J., Ponce-Saavedra, J. y Valdez-Mondragón, A. 2024. Three new species of the spider genus *Naphrys* Edwards (Araneae, Salticidae) under morphology and molecular data with notes in the distribution of *Naphrys acerba* (Peckham & Peckham) from Mexico. *PeerJ*, 13: e18775 <https://doi.org/10.7717/peerj.18775>.
- Matsumoto, S. y Chikuni, Y. 1987. Notes on the life history of *Sitticus fasciger* (Simon 1880) (Araneida, Salticidae). *Journal of Arachnology*, 15:205–212.
- Mcginley, R. H., Mendez, V., Taylor, P. W. 2015. Natural history and display behaviour of *Servaea incana*, a common and widespread Australian jumping spider (Araneae: Salticidae). *Australian Journal of Zoology*, 63: 300–319. <https://doi.org/10.1071/ZO15032>
- Morrone, J. 2019. Regionalización biogeográfica y evolución biótica de México: encrucijada de la biodiversidad del Nuevo Mundo. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 90: e902980. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2019.90.2980>
- Napiórkowska, T., Kobak, J., Napiórkowski, P., & Templin, J. 2018. The effect of temperature and light on embryogenesis and post-embryogenesis of the spider *Eratigena atrica* (Araneae, Agelenidae). *Journal of thermal biology*, 72: 26–32. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2017.12.003>
- Popson, M. 1999. Finding the way: learning in a jumping spider (*Phidippus audax*). MSc thesis, Bowling Green State University, Bowling Green, Ohio, U.S.A.
- Richman, D. B. 1981. A revision of the genus *Habrocestum* (Araneae, Salticidae) in North America. *Bulletin American Museum of Natural History*, 170: 197–206.
- Richman, D. B. 1982. Epigamic display in jumping spiders (Araneae, Salticidae) and its use in systematics. *The Journal of arachnology*, 10: 47-67.
- Robertson, M. W. & Stephens, A. (2002). Mating behavior, reproductive biology, and development of *Phidippus princeps* (Araneae: Salticidae). *Transactions of the Illinois State Academy of Science*, 95(4), 335-345.
- Rodrigues, E. N. L., Rodrigues, P. E. S., Mendonça, J. M. S. & Milton, S. 2016. Spider species composition in the tree-shrub strata of riparian forests and its microhabitats in southern Brazil. *Zoologia (Curitiba)*, 33 (3): e20150102. <https://doi.org/10.1590/S1984-4689zool-20150102>

- Rodríguez-Ramos, N. B. 2006. Estudio de la densidad poblacional y uso de habitat de *Lycosa tarentula* en Chitiva Alto, Suesca, Cundinamarca. Trabajo de grado. Universidad de Los Andes, Facultad de Ciencias, Departamento de Ciencias Biológicas. 41 p.
- Santos, A. J., Brescovit, A. D., Oliveira-Tomasi, M., Russo, P. & Oliveira, U. 2017. Curves, Maps and Hotspots: The Diversity and Distribution of Araneomorph Spiders in the Neotropics. In: Viera, C. & Gonzaga, M. O. (eds). Behaviour and Ecology of Spiders Contributions from the Neotropical Region. Springer, Cham. Pp. 1-28.
https://doi.org/10.1007/978-3-319-65717-2_1
- Schaefer, M. 1987. Life Cycles and Diapause. In: Nentwig, W. (eds) Ecophysiology of Spiders. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-71552-5_25
- SMN. 2023. Información Estadística Climatológica. Available from <https://smn.conagua.gob.mx/es/climatologia/informacion-climatologica/informacion-estadistica-climatologica> (accessed 15 July 2024).
- Sosa-Romero, M., Menéndez-Acuña, M., & Burgos-Solorio, A. 2016. Fenología y estacionalidad del género *Mexigonus* Edwards, 2002 (Araneae: Salticidae) en un bosque templado al norte de Cuernavaca, Morelos, México. *Entomología Mexicana*, 3: 919-923.
- Uetz, G. W. 1979. The influence of variation in litter habitats on spider communities. *Oecologia*, 40: 29-42. <https://doi.org/10.1007/BF00388808>
- Willing, M. R., Kaufman, D.M. & Stevens, R.D. 2003. Latitudinal Gradients of Biodiversity: Pattern, Process, Scale, and Synthesis. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 34: 273–309. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.012103.144032>
- World Spider Catalog. 2025. World Spider Catalog. Version 25.5. Natural History Museum Bern. Available from <http://wsc.nmbe.ch> (accessed 15 July 2024). <https://doi.org/10.24436/2>
- Young, O. P. (1989). Field observations of predation by *Phidippus audax* (Araneae: Salticidae) on arthropods associated with cotton. *Journal of Entomological Science*, 24(2), 266-273.

Zhang, J. X., y Maddison, W. P. 2015. Genera of Euophryine jumping spiders (Araneae: Salticidae), with a combined molecular-morphological phylogeny. *Zootaxa*, 3938(1): 1–147.
<https://doi.org/10.11646/zootaxa.3938.1.1>

Supplementary files

S1:

<https://drive.google.com/drive/folders/1CMUsLvIUT3DLp5AiWJ9WEN0XmQOK7KLE?usp=sharing>

S2:

https://drive.google.com/drive/folders/1FA11og33V0bT3S3TrZffvM0r9O_EMK1V?usp=sharing

VI. DISCUSIÓN GENERAL

El conocimiento sobre el ciclo de vida de las arañas, particularmente en la familia Salticidae, sigue siendo limitado, debido en gran parte a que la mayoría de las especies son relativamente pequeñas y habitan en bajas densidades, lo que reduce su atractivo para los estudios científicos (Wise, 1993). No obstante, comprender la biología general de estas especies es esencial para una interpretación adecuada de los datos ecológicos y comportamentales, ya que permite conocer el papel ecológico que desempeñan en los ecosistemas terrestres (Bartos, 2005). A pesar de ello, persisten numerosas especies cuya delimitación taxonómica sigue siendo incompleta, lo que dificulta la determinación de su manejo y de su papel dentro del medio ambiente.

La práctica de delimitar especies no ha estado exenta de dificultades, y el debate sobre qué metodologías generan resultados más precisos sigue siendo vigente (Marshall et al., 2006; Fujita & Leaché, 2011; Rannala, 2015). En casos en los que la diversidad morfológica no se corresponde con la diversidad genética, y viceversa, los límites entre las especies no pueden resolverse mediante enfoques tradicionales (Funk et al., 2012; Wagner et al., 2012; Blair et al., 2013).

En el presente estudio, se delimitaron tres nuevas especies (*Naphrys echeri*, *Naphrys tecoxquin* y *Naphrys tuuca*) mediante un enfoque de taxonomía integradora, y se analizó una parte de su historia de vida.

Diversas fuentes (Taylor & Peck; 1974; Jackson, 1978; Meister & Whitcomb, 1984; Horner & Starks, 1972) reportan que los saltícidos machos de talla pequeña suelen llegar a su madurez antes que las hembras. Esta relación entre el número de estadios antes de la maduración y el tamaño adulto específico de la especie está relacionada con el hecho de que las especies más grandes requieren más tiempo para madurar porque tienen que consumir una mayor biomasa de presas antes de alcanzar el tamaño adulto que las especies pequeñas, y que todas las arañas pueden crecer solo hasta cierto punto por muda, por lo que las especies grandes requieren más mudas antes de madurar (Hall, 1987).

En el presente trabajo se observó que tanto machos y hembras necesitaban el mismo número de mudas para llegar a su madurez; sin embargo, existe cierta incertidumbre en los estadios más pequeños pues no fue posible recolectar estudiar a las arañas desde su etapa de huevo.

El número de mudas reportadas en este trabajo para que las arañas del género *Naphrys* lleguen a su madurez sexual fue de cinco, coincidiendo en el número mínimo reportado para *Pelegrina galathea* (Walckenaer, 1837) (Horner & Starks, 1972) y *Portia* (Hall, 1987).

A pesar del esfuerzo realizado por conocer la historia de vida de las especies de *Naphrys* estudiadas, persisten numerosas interrogantes sobre su función ecológica. Un aspecto aún no resuelto es la preferencia trófica de estas especies, un factor clave para comprender su papel en las redes alimenticias.

Si bien es conocido que todas las arañas son depredadoras, algunas especies han mostrado una especialización hacia determinados tipos de presas. En el caso particular de los saltícidos, especies como *Evarcha culicivora* Wesolowska & Jackson, 2003, y *Paracyrba wanlessi* Žabka & Kovac, 1996, presentan una clara preferencia por los mosquitos (Wesolowska & Jackson, 2003; Jackson & Cross, 2015), mientras que *Naphrys pulex* muestra una inclinación por las hormigas (Cutler, 1980; Li et al., 1996; Clark et al., 2000). Esta información resulta de gran relevancia para aplicaciones prácticas, como el manejo de vectores en ambientes urbanos y el control de plagas agropecuarias.

Sin embargo, en el caso de las especies delimitadas en este estudio, no se llevaron a cabo experimentos que permitieran determinar sus preferencias alimenticias. Por lo tanto, se recomienda realizar investigaciones adicionales que puedan proporcionar más detalles sobre estos aspectos, los cuales son fundamentales para comprender de manera integral la ecología de estas especies.

El presente trabajo representa un avance significativo en el conocimiento de la historia de vida de las arañas del género *Naphrys* en la región centro-occidental de México. Sería interesante comparar nuestros resultados con los de especies previamente descritas, cuya distribución se encuentra en latitudes mayores y en climas y entornos notablemente distintos.

Como se ha mencionado, es necesario incrementar los estudios en diversos aspectos para comprender de manera más completa la historia de vida de estos saltícidos y su entorno. Esta meta queda pendiente para futuras investigaciones, las cuales serán fundamentales para profundizar en el conocimiento ecológico y evolutivo de estas especies.

VII. CONCLUSIONES

El presente estudio ha permitido identificar y describir tres nuevas especies mediante un enfoque integrador que combina datos morfológicos, moleculares y ecológicos. Este enfoque no solo ha contribuido a delimitar con precisión las especies presentes en la región centro-occidente, sino que también ha resaltado la importancia de métodos interdisciplinarios para abordar los retos taxonómicos en grupos complejos como las arañas.

Con los resultados de este trabajo, México se resalta como el país con el mayor número de endemismos de especies del género *Naphrys*, y se iguala con Estados Unidos como los países con la mayor riqueza de especies.

Los resultados obtenidos muestran que la riqueza de especies del género *Naphrys* en México ha sido subestimada y que estas arañas tienen una distribución geográfica más amplia de lo previamente registrado. Además, se destaca que factores como las variaciones climáticas estacionales influyen en su distribución y abundancia, lo que sugiere una relación directa entre la actividad reproductiva y las condiciones ambientales favorables.

Finalmente, el presente trabajo recalca la relevancia de los estudios taxonómicos en la conservación de la biodiversidad, proporcionando datos fundamentales para la gestión y protección de los ecosistemas del centro-occidente de México. La aplicación de la taxonomía integradora no solo ha fortalecido el conocimiento sobre la diversidad biológica del país, sino que también ha sentado las bases para futuros estudios evolutivos y biogeográficos en este grupo.

VIII. LITERATURA CITADA

- Agapow, P. M., Bininda-Emonds, O. R., Crandall, K. A., Gittleman, J. L., Mace, G. M., Marshall, J. C., & Purvis, A. 2004. The impact of species concept on biodiversity studies. *The quarterly review of biology*, 79(2), 161-179. <https://doi.org/10.1086/383542>
- Alarcón-Herrera, M. T., Bundschuh, J., Nath, B., Nicolli, H. B., Gutierrez, M., Reyes-Gomez, V. M., y Sracek, O. 2013. Co-occurrence of arsenic and fluoride in groundwater of semi-arid regions in Latin America: Genesis, mobility and remediation. *Journal of Hazardous Materials*, 262, 960-969. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2012.08.005>
- Blest, A. D., & Price, G. D. 1984. Retinal mosaics of the principal eyes of some jumping spiders (Salticidae: Araneae): adaptations for high visual acuity. *Protoplasma*, 120, 172-184. <https://doi.org/10.1007/BF01282598>
- Cerveira, A. M., Jackson, R. R., & Nelson, X. J. 2019. Dim-light vision in jumping spiders (Araneae, Salticidae): identification of prey and rivals. *Journal of Experimental Biology*, 222(9): jeb198069. <https://doi.org/10.1242/jeb.198069>
- Coddington J. A. & Levi, H. W. 1991. Systematics and Evolution of spider (Araneae). *Annual Review of Ecology and Systematics*, 22: 565-592. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.22.110191.003025>
- Dayrat, B. 2005. Towards integrative taxonomy. *Biological journal of the Linnean society*, 85(3): 407-417. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>
- De Queiroz, K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Systematic biology*, 56(6): 879-886. <https://doi.org/10.1080/10635150701701083>
- DeSalle, R., Egan, M. G. y Siddall, M. 2005. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical transactions of the royal society B: Biological sciences*, 360(1462): 1905-1916. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1722>
- Edwards GB. 2003. A review of the Nearctic jumping spiders (Araneae: Salticidae) of the subfamily Euophryinae north of Mexico. *Insecta Mundi*, 16(2002): 65-75.

Foelix, R. F. 2011. Biology of spiders. Third edition. Oxford University Press, New York. 419 pp.

Ibarra-Núñez, G., Maya-Morales, J., & Chamé-Vázquez, D. 2011. Las arañas del Bosque Mesófilo de Montaña de la Reserva de la Biosfera Volcán Tacaná, Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82(4): 1183-1193. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2011.4.736>

Jackson, R. R. 1977. Prey of the jumping spider *Phidippus johnsoni* (Araneae: Salticidae). *Journal of Arachnology*, 145-149.

Jackson, R. R., & Cross, F. R. 2015. Mosquito-terminator spiders and the meaning of predatory specialization. *The Journal of Arachnology*, 43(2), 123-142. <https://doi.org/10.1636/V15-28>

Laamanen, T. R., Petersen, F. T., & Meier, R. 2003. Kelp flies and species concepts—the case of *Coelopa frigida* (Fabricius, 1805) and *C. nebulare* Aldrich, 1929 (Diptera: Coelopidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 41(2), 127-136. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0469.2003.00209.x>

Maddison, W. P. 2015. A phylogenetic classification of jumping spiders (Araneae: Salticidae). *Journal of Arachnology*, 43(3): 231-292. <https://doi.org/10.1636/arac-43-03-231-292>

Maddison, W., & Hedin, M. 2003. Phylogeny of *Habronattus* jumping spiders (Araneae: Salticidae), with consideration of genital and courtship evolution. *Systematic Entomology*, 28(1): 1-22. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3113.2003.00195.x>

Mayden, R. L. 1999. Consilience and a hierarchy of species concepts: advances toward closure on the species puzzle. *Journal of Nematology*, 31(2): 95-116.

Mayden, R. L., Claridge, M. F., Dawah, H. A. y Wilson, M. R. 1997. A hierarchy of species concepts: The denouement in the saga of the species problem, *Species: The units of biodiversity*, London, Chapman and Hall.

Padial, J. M., Miralles, A., De la Riva, I. y Vences, M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in zoology*, 7(1), 1-14. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-16>

Platnick, N. I. 1984. On the pseudoscorpion-mimicking spider *Cheliferoides* (Araneae: Salticidae). *Journal of the New York Entomological Society*, 169-173.

Rash, L. D., & Hodgson, W. C. 2002. Pharmacology and biochemistry of spider venoms. *Toxicon*, 40(3): 225-254. [https://doi.org/10.1016/S0041-0101\(01\)00199-4](https://doi.org/10.1016/S0041-0101(01)00199-4)

Reiskind, J. 1977. Ant-mimicry in Panamanian clubionid and salticid spiders (Araneae: Clubionidae, Salticidae). *Biotropica*, 1-8.

Richman, D. B. 1981. A revision of the genus *Habrocestum* (Araneae, Salticidae) in North America. *Bulletin American Museum of Natural History*, 170: 197–206.

Richman, D. B. 2008. Revision of the jumping spider genus *Sassacus* (Araneae, Salticidae, Dendryphantinae) in North America. *Journal of Arachnology*, 26-48. <https://doi.org/10.1636/H07-03.1>

Richman, D. B., & Jackson, R. R. 1992. A review of the ethology of jumping spiders (Araneae, Salticidae). *Bulletin of the British arachnological Society*, 9(2), 33-37.

Richman, D. B., Cutler, B., & Hill, D. E. 2012. Salticidae of North America, including Mexico. *Peckhamia*, 95(3), 1-88.

Schlick-Steiner, B. C., Steiner, F. M., Seifert, B., Stauffer, C., Christian, E. y Crozier, R. H. 2010. Integrative taxonomy: a multisource approach to exploring biodiversity. *Annual review of entomology*, 55: 421-438. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085432>

Seyyar, O., & Demir, H. 2009. Distribution and habitats of the water spider *Argyroneta aquatica* (Clerck, 1757)(Araneae, Cybaeidae) in Turkey. *Archives of Biological Sciences*, 61(4): 773-776. <https://doi.org/10.2298/ABS0904773S>

Ubick, D., Cushing, P. E., & Roth, V. 2017. Spiders of North America an identification manual. 2nd edition. American Arachnological Society.

Wesołowska, W. & Jackson, R. R. 2003. *Evarcha culicivora* **sp. nov.**, a mosquito-eating jumping spider from East Africa (Araneae: Salticidae). *Annales Zoologici, Warszawa* 53: 335-338.

World Spider Catalog. 2025. World Spider Catalog. Version 25.5. Natural History Museum Bern, online at <http://wsc.nmbe.ch>, accessed on (January 13, 2025) <https://doi.org/10.24436/2>

Zhang J, Maddison WP. 2015. Genera of euophryine jumping spiders (Araneae: Salticidae), with a combined molecular-morphological phylogeny. *Zootaxa*, 3938(1): 1-147. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3938.1.1>

Juan Maldonado Carrizales

Historia de vida y diversidad genética del género Naphrys Edwards,.pdf

Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo

Detalles del documento

Identificador de la entrega
trn:oid::3117:445840988

Fecha de entrega
4 abr 2025, 12:08 p.m. GMT-6

Fecha de descarga
4 abr 2025, 12:41 p.m. GMT-6

Nombre de archivo
Historia de vida y diversidad genética del género Naphrys Edwards,.pdf

Tamaño de archivo
6.8 MB

114 Páginas
28.267 Palabras
155.402 Caracteres

39% Overall Similarity

The combined total of all matches, including overlapping sources, for each database.

Top Sources

- 37% Internet sources
- 32% Publications
- 0% Submitted works (Student Papers)

Integrity Flags

0 Integrity Flags for Review

No suspicious text manipulations found.

Our system's algorithms look deeply at a document for any inconsistencies that would set it apart from a normal submission. If we notice something strange, we flag it for you to review.

A Flag is not necessarily an indicator of a problem. However, we'd recommend you focus your attention there for further review.

Formato de Declaración de Originalidad y Uso de Inteligencia Artificial

Coordinación General de Estudios de Posgrado
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo



A quien corresponda,

Por este medio, quien abajo firma, bajo protesta de decir verdad, declara lo siguiente:

- Que presenta para revisión de originalidad el manuscrito cuyos detalles se especifican abajo.
- Que todas las fuentes consultadas para la elaboración del manuscrito están debidamente identificadas dentro del cuerpo del texto, e incluidas en la lista de referencias.
- Que, en caso de haber usado un sistema de inteligencia artificial, en cualquier etapa del desarrollo de su trabajo, lo ha especificado en la tabla que se encuentra en este documento.
- Que conoce la normativa de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, en particular los Incisos IX y XII del artículo 85, y los artículos 88 y 101 del Estatuto Universitario de la UMSNH, además del transitorio tercero del Reglamento General para los Estudios de Posgrado de la UMSNH.

Datos del manuscrito que se presenta a revisión		
Programa educativo	Programa Institucional de Doctorado en Ciencias Biológicas	
Título del trabajo	Historia de vida y diversidad genética del género <i>Naphrys</i> Edwards, 2003 (Salticidae: Euophryini) del centro-occidente de México	
	Nombre	Correo electrónico
Autor/es	Juan Maldonado Carrizales	juan.carrizales@umich.mx
Director	Javier Ponce Saavedra	javier.ponce@umich.mx
Codirector	Alejandro Valdez Mondragón	lat_mactans@yahoo.com.mx
Coordinador del programa	Omar Chassin Noria	omar.chassin@umich.mx

Uso de Inteligencia Artificial		
Rubro	Uso (sí/no)	Descripción
Asistencia en la redacción	NO	

Formato de Declaración de Originalidad y Uso de Inteligencia Artificial

Coordinación General de Estudios de Posgrado
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo



Uso de Inteligencia Artificial		
Rubro	Uso (sí/no)	Descripción
Traducción al español	NO	
Traducción a otra lengua	NO	
Revisión y corrección de estilo	NO	
Análisis de datos	NO	
Búsqueda y organización de información	NO	
Formateo de las referencias bibliográficas	NO	
Generación de contenido multimedia	NO	
Otro	NO	

Datos del solicitante	
Nombre y firma	Juan Maldonado Carrizales
Lugar y fecha	Morelia, Michoacán, 7 de abril de 2025