

## Estructura genética poblacional de la lagartija arenera *Uma exsul* Schmidt y Bogert, 1947, en el desierto Chihuahuense

Population genetic structure of the sand lizard, *Uma exsul* Schmidt and Bogert, 1947, in the Chihuahuan desert

Hugo López-Martínez<sup>1, 2</sup>, Ulises Romero-Méndez<sup>1\*</sup>, David Lazcano<sup>2</sup>, Héctor Gadsden<sup>3</sup>, Verónica Ávila-Rodríguez<sup>1</sup>, Cristina García-de la Peña<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Juárez del Estado de Durango. Av. Universidad s/n, Fraccionamiento Filadelfia, Gómez Palacio, Durango, CP 35010

<sup>2</sup> Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba s/n, San Nicolás de Los Garza, Nuevo León, CP. 66451

<sup>3</sup> Instituto de Ecología A.C. Centro Regional del Bajío, Av. Lázaro Cárdenas No. 253, Pátzcuaro, Michoacán, México, CP. 61600, AP. 386

### RESUMEN

*Uma exsul* es una especie microendémica del desierto Chihuahuense, se encuentra enlistada en la NOM-059-SEMARNAT-2010 como en peligro de extinción. El objetivo fue determinar la estructura genética poblacional de *U. exsul*, suponiendo que las poblaciones con distribución alopatrica, constituyen linajes distintos. Metodología: se realizaron 14 salidas al campo y se colectaron un total de 24 muestras biológicas. Se utilizó el gen Citocromo b para el análisis BAPS. Para determinar el patrón de haplotipos se utilizó el programa TCS. Se calculó la *D* de Tajima para determinar la selección o deriva de las poblaciones y una AMOVA para determinar la *Fst* y el flujo genético poblacional. Se registró una baja selección (Tajima *D* = 0.000,  $p \leq 0.001$ ). La variación genética interpoblacional de 12.91% es baja, la intrapoblacional es alta (87.09%), con *Fst*: 0.13113 y *Nm*: 3.31 ( $p < 0.001$ ). Existe incipiente estructura con una población en evolución sin selección y alto flujo genético interpoblacional en Viesca; Estación Marte tuvo un barrido selectivo reciente y posterior expansión de la población después de un cuello de botella reciente. Se concluye que las muestras conforman tres grupos genéticos, indicando que la población Estación Marte se le puede considerar como una población alopatrica.

**Palabras clave:** haplotipos, alopatrica, estructura genética, grupos genéticos, lagartija de arena.

### ABSTRACT

*Uma exsul* is a micro-endemic species of the Chihuahuan desert, listed as an endangered species in NOM-059-SEMARNAT-2010. The objective was to determine the genetic population structure of *U. exsul*, assuming that the distribution allopatric populations constitute different lineages. Methodology: 14 field trips were carried out, collecting 24 biological samples. Cytochrome b was used for BAPS analysis. The TCS program was used to determine the haplotype pattern. We calculated Tajima's *D* to determine the selection or drift of populations and an AMOVA to determine the *Fst* and the population gene flow. A low selection was recorded (Tajima's *D* = 0.000,  $p \leq 0.001$ ). The AMOVA

interpopulation 12.91% is low, the intrapopulation is high (87.09%), with *Fst*: 0.13113 and *Nm*: 3.31 ( $p < 0.001$ ). There is an incipient structure with an evolving population without selection and high interpopulational genetic flow in Viesca; Estación Marte had a recent selective sweep and subsequent population expansion after a recent bottleneck. We conclude that the samples make up three genetic groups, considering the Estación Marte population as an allopatric population.

**Key words:** haplotypes, allopatry, genetic structure, genetic group, Fringe-toed lizard.

### INTRODUCCIÓN

La estructura genética de una población, trata tanto de las frecuencias alélicas de los marcadores moleculares (o frecuencias nucleotídicas de las secuencias de ADN) y el número de grupos genéticamente divergentes en una población como variables aleatorias. Sin embargo, los análisis y comparaciones de los modelos pueden realizarse también usando un número fijo de grupos genéticamente divergentes o estructuras de poblaciones previamente especificadas (Corander *et al.*, 2013).

Actualmente se ha utilizado el análisis Bayesiano de la Estructura Poblacional con el programa BAPS, por sus siglas en inglés, el cual puede agrupar datos moleculares y realizar análisis de mezcla genética y adición. El análisis de mezcla genética puede hacerse en (1) grupos (por lo general corresponde al agrupamiento de las poblaciones de la muestra), o (2) individuales. De hecho, en muchas aplicaciones con datos moleculares relativamente escasos conviene hacer análisis Bayesianos, cuando existe información auxiliar biológicamente relevante para definir los grupos antes del análisis de la mezcla. Ambos tipos de análisis de la mezcla genética pueden hacerse mediante (1) modelos no-espaciales, o (2) modelos espaciales, de discontinuidades genéticas en las poblaciones (Corander *et al.*, 2013).

Hranitz y Baird (2000), encontraron que pocas poblaciones entre manchones de hábitat en el sitio de estudio de *Crotaphytus collaris* (Say) fueron suficientes para inferir divergencias genéticas o subdivisiones dentro de la meta-

\*Autor para correspondencia: Ulises Romero Méndez  
 Correo electrónico: [biologo\\_ulisesromero@yahoo.com.mx](mailto:biologo_ulisesromero@yahoo.com.mx)

Recibido: 27 de noviembre de 2018

Aceptado: 20 de mayo de 2019

población de estudio. El tamaño poblacional efectivo observado fue reducido y apoyó los modelos de evolución para *C. collaris*, donde los procesos estocásticos pudieron haber influido fuertemente en la divergencia de las poblaciones de esta especie.

Castillo-Ramírez *et al.* (2012), quienes estudiaron la vinculación de eventos fundadores con variación regional en recombinación en bacterias usando BAPS, en una gran colección mundial de secuencias de ADN de un genoma completo y datos derivados de las muestras, identificaron varios linajes genéticamente aislados dentro del Clon ST239 y estimaron sus tiempos de introducción en regiones geográficas particulares. Además, se demostró que dentro de un mismo país, el aislamiento geográfico de una zona a otra, tiene consecuencias en la medida en que la recombinación afecta la evolución genómica (Cheng *et al.*, 2013).

Mulvaney *et al.* (2005), evaluaron la estructura de las poblaciones dentro de la especie del lacertilio *Rhineura floridana* (Baird) mediante la combinación de la distribución actualizada de datos con patrones geográficos utilizando genes del ADN mitocondrial (ADNmt). Encontraron una estructura genética poblacional bien definida combinando datos ADNmt y datos morfométricos.

*Uma exsul* (Schmidt y Bogert) es una especie micro-endémica restringida a depósitos de arena en el desierto Chihuahuense ( $\approx 500$  km<sup>2</sup>), por esta razón se incluye en la lista roja UICN (Vázquez-Díaz *et al.*, 2007) y en la NOM-059-SEMARNAT-2010 como en peligro de extinción (SEMARNAT, 2010). Es importante determinar la estructura genética poblacional de *U. exsul* para localizar y cuantificar dichas variedades genéticas mediante el análisis Bayesiano. Además, es necesario determinar las restricciones en el flujo genético y sus causas para fundamentar la importancia de cada una de las poblaciones, suponiendo que los grupos con distribución alopatrica, constituyen linajes distintos. Actualmente el cambio de uso de suelo y las actividades antrópicas siguen alterando y fragmentando el hábitat donde se distribuyen las poblaciones de *U. exsul*, por lo cual es importante conservar el germoplasma de todas sus variedades genéticas *In situ*.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Trabajo de campo

El estudio se realizó tratando de abarcar todas las regiones de dunas del suroeste del Estado de Coahuila, en donde se ha reportado la distribución de *U. exsul* (Schmidt y Bogert, 1947; Gadsden *et al.*, 2001; García de la Peña *et al.*, 2005). Se delimitaron las poblaciones de la especie y se realizaron 14 salidas al campo durante los años 2016 y 2017, donde se muestrearon cinco individuos en cuatro poblaciones (Bilbao, Saucillo, Gabino, Texas) y cuatro individuos en la población de Estación Marte, para un total de 24 muestras (Figura 1). La captura se realizó manualmente mediante la técnica del lazado corredizo, se registró la fecha y las coordenadas geográficas de cada punto de colecta.

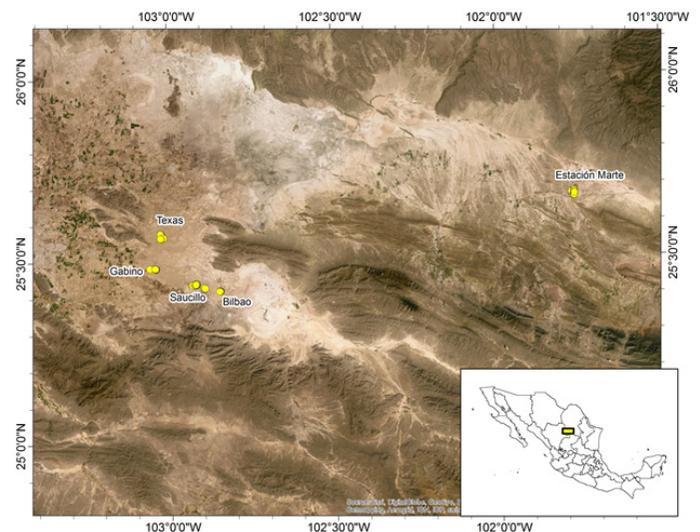
La colecta de material biológico se obtuvo *In situ*, un fragmento ( $\sim 1$ cm) de tejido caudal de cada individuo

capturado (sin lastimar al organismo) y se almacenó en un tubo de 1.5 ml con el Buffer de colección del Kit Xpedition™ Tissue and insect DNA MiniPrep de ZYMO RESERCH. CA, USA. Las muestras se transportaron al Laboratorio de Biología de la Conservación de la Facultad de Ciencias Biológicas (UJED), en donde fueron conservadas a  $-20^{\circ}\text{C}$  hasta la extracción de ADN. Una vez tomada la muestra caudal de los individuos, estos fueron liberados vivos en ese momento en el punto exacto en donde fueron capturados. Tanto la pinza de corte como la región caudal del individuo fueron desinfectadas con alcohol al  $90^{\circ}$  GL.

### Análisis de ADN genómico

**Extracción de ADN.** La extracción de ADN genómico se realizó a partir de tejido caudal de *U. exsul* mediante el Kit Xpedition™ Tissue and insect DNA MiniPrep de ZYMO RESERCH. CA, USA, siguiendo las instrucciones del proveedor. La concentración y pureza del ADN de las muestras fueron obtenidas en un espectrofotómetro (UV Transilluminator UVP) y los productos de extracción de ADN fueron visualizados por electroforesis en geles de agarosa (Miller *et al.*, 1988; Sambrook, 2001).

**Amplificación de ADN.** La amplificación del mtADN se realizó con los oligonucleótidos 5' CCA TCC ACC ATC TCA GCA TGA TGA AA 3' y 5'GCC CCT CAG AAT GAT ATT TGT CCT CA 3' (Kocher *et al.*, 1989; Fu, 2000; Murphy *et al.*, 2006). Se utilizó el protocolo de PCR empleando 12.5  $\mu\text{L}$  de MASTER MIX (PROMEGA®), Madison, USA, 1  $\mu\text{L}$  de cada oligonucleótido (10  $\mu\text{M}$ ), 5  $\mu\text{L}$  de ADN (50 ng totales) y 5.5  $\mu\text{L}$  de H<sub>2</sub>O grado molecular. El programa térmico para el Cytb fue un ciclo inicial a  $98^{\circ}\text{C}$  por 30 segundos, seguido por 33 ciclos de 5 segundos a  $98^{\circ}\text{C}$ , 10 segundos a  $65^{\circ}\text{C}$  y 30 segundos a  $72^{\circ}\text{C}$ , y un ciclo final a  $72^{\circ}\text{C}$  durante 5 minutos (Murphy *et al.*, 2006). La amplificación se llevó a cabo en un termociclador (Thermo Scientific Piko 24®, CA, USA).



**Figura 1.** Área de estudio y puntos de colecta de las poblaciones de *Uma exsul*.

**Figure 1.** Study and sampling areas of *Uma exsul* population.

**Visualización de los Productos de PCR.** Los productos de extracción, así como los obtenidos de la amplificación y de restricción, fueron separados en geles de agarosa al 0.8 y 1.5%, respectivamente. Se utilizó como amortiguador TBE al 0.5% (tris base, ácido bórico, EDTA al 0.5M, pH 8.0). Las muestras fueron teñidas con Gel Red<sup>®</sup>, de acuerdo con el manual de Sambrook (1989) y se empleó un marcador de peso molecular de 100 pb (CSL-MDNA Cleaver Scientific Ltd. Camberley, UK) como referencia. Posteriormente cada uno de los geles fueron fotografiados con el fotodocumentador GelMax<sup>™</sup> UVP<sup>®</sup>. Los productos de PCR se enviaron a MACROGEN USA CORP. Rockville, Maryland, USA, para su purificación y posterior secuenciación.

### Obtención de los datos genéticos

Las secuencias de nucleótidos fueron leídas y editadas con Chromatogram Explorer v. 5.0.2.3 (Heracle Biosoft SRL, 2006). Las secuencias se alinearon con ClustalW en Mega7 (Kumar *et al.*, 2016). Se llevó a cabo el análisis de polimorfismo del ADN en el programa DnaSP v.5.10.01 DNA sequence polymorphism, de sus siglas en inglés (Librado y Rosas, 2009) para los siguientes parámetros: diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), la diversidad haplotípica ( $Hd$ ), la  $D$  de Tajima para determinar la selección o deriva de las poblaciones y para determinar el estado poblacional en cuanto a expansión o estabilidad. Además, la lista y dispersión de los haplotipos para establecer la identidad de cada haplotipo en la red. Se implementó una AMOVA mediante el programa PopArt 1.7 (Population Analysis with Reticulate Trees) de sus siglas en inglés (Clement, 2002), para determinar la variación genética poblacional (Yoke *et al.*, 2006). Se usó el programa DNAsp 5.10.01 para obtener diversas medidas de la heterogeneidad genética entre las poblaciones: Kst, Kxy y Fst (Hudson *et al.*, 1992), con pruebas de permutación (aleatorización) de 1000 réplicas según Hudson *et al.* (1992a). También se utilizó el programa DNAsp 5.10.01 para realizar un análisis de dispersión "mismatch". El cual permite la discriminación entre las poblaciones que se mantuvieron estables en el tiempo (curvas multimodales) y la población que experimentó una expansión demográfica desde una pequeña población fundadora (curvas unimodales).

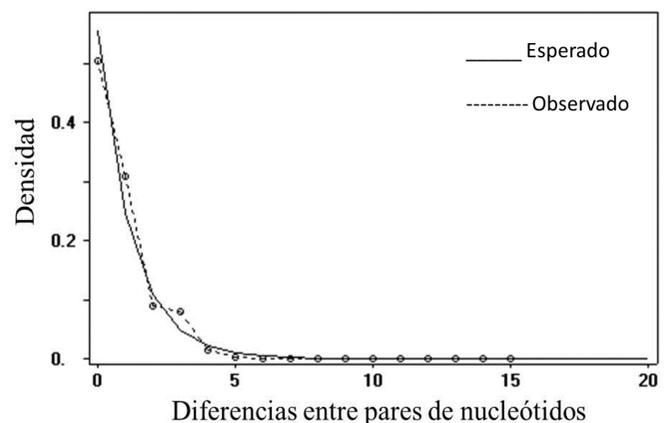
Se utilizaron los programas TCS (Clement *et al.*, 2000) y tcsBU (Santos *et al.*, 2015) para establecer el arreglo de las relaciones haplotípicas entre poblaciones. El tcsBU es un programa informático online que se utiliza para estimar las genealogías genéticas, incluidas las multifurcaciones y/o las reticulaciones (es decir, las redes). Primero se estimó la red de haplotipos en el programa TCS v. 1.21 (Phylogenetic network estimation using statistical parsimony) de sus siglas en inglés (Clement *et al.*, 2000) y este archivo se utilizó en el tcsBU para estimar la red de haplotipos. Las redes de parsimonia estadística fueron construidas o implementadas en TCS (Templeton *et al.*, 1992). Se utilizó el programa Arlequin (Swofford, 2001) para determinar el haplotipo ancestral. Se utilizaron las secuencias del gen Citocromo b para realizar el análisis Bayesiano de la estructura genética poblacional, utilizando el

software BAPS, el cual determina cuántos grupos genéticos hay en la población y cuántos grupos forman la población ancestral (Corander *et al.*, 2013).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Estadísticos descriptivos

Se obtuvieron fragmentos de ADN de 305 pb de las secuencias parciales del gene Citocromo b de *U. exsul*. El análisis de las secuencias mostró 48 sitios polimórficos y 22 haplotipos con diversidad haplotípica alta ( $Hd = 0.98$ ). La diversidad nucleotídica de las cinco poblaciones juntas fue muy baja ( $n = 0.00187$ ), la  $D$  de Tajima ( $D = 0$ ,  $p \leq 0.001$ ) indica una baja selección y una población en expansión según el equilibrio de mutación-deriva (Tajima, 1989) y el análisis de distribución Mismatch (Figura 2). Lo anterior indica que en las poblaciones estudiadas opera la deriva génica. Sin embargo, analizando la población más divergente, que es la de Estación Marte, con un número promedio de divergencia nucleotídica de  $K = 23$  (según el estadístico  $K$  de Jukes y Cantor, 1969) comparada con las demás muestras (Bilbao  $K = 5.5$ , Saucillo  $K = 8.1$ , Gabino  $K = 4.8$  y Texas  $K = 4.1$ ), se observa una diferencia relativamente alta que podríamos suponer que Estación Marte es una variedad genética diferente. En esta población (Estación Marte) se encontró una  $D$  de Tajima negativa ( $-2.35911$ ,  $p < 0.001$ ), esto puede indicar que esta población en particular tuvo un barrido selectivo reciente y posterior expansión de la población después de un cuello de botella reciente. El AMOVA aplicado a todas las poblaciones, indica que la variación interpoblacional es de 12.91 % la cual se considera baja, en cambio la variación intrapoblacional es alta (87.09 %), con  $Fst$ : 0.13113 y  $Nm$ : 3.31 ( $p < 0.001$ ). Lo anterior significa que existe incipiente estructura genética y alto flujo genético interpoblacional. Sin embargo, si se considera la diferenciación genética entre poblaciones, a través de las distancias genéticas, se puede observar que la población de Estación Marte está muy alejada de las demás,



**Figura 2.** Distribución Mismatch para haplotipos del Citocromo B en *Uma exsul* de las dunas de Viesca, Coahuila, México. La frecuencia esperada se basa en un modelo de crecimiento-disminución de la población, indicando aquí una expansión poblacional.

Figure 2. Cytochrome B haplotypes mismatch distribution in *Uma exsul* of Viesca dunes, Coahuila, Mexico. Based on a model of population growth-diminution, the expected frequency indicates a population expansion.

con diferencias en distancias genéticas muy altas (Tabla 1). Por lo que se puede suponer que el alto flujo génico es de las poblaciones del Oeste (Bilbao, Saucillo, Gabino y Texas). Estación Marte está muy alejada geográficamente (155 km) de las demás poblaciones; por lo que podría considerarse una población alopátrica, es decir, una población aislada geográficamente de las demás poblaciones (Cabej, 2012). Además de que existe la barrera de la distancia, también las dunas están fragmentadas entre las poblaciones de oeste y la población de Estación Marte, por lo que se estima que no hay flujo génico entre estas poblaciones.

**Tabla 1.** Diferenciación genética entre poblaciones a través de las distancias genéticas, donde: Ks = número de sustituciones sinónimas por sitio, Kxy = número promedio de sustituciones nucleotídicas por sitio entre poblaciones, Fst = índice de fijación Haplotípica.

**Table 1.** Genetic differentiation between populations through genetic distances, where: Ks = number of synonymous substitutions per site, Kxy = average number of nucleotide substitutions per site between populations, Fst = rate of fixing haplotype.

Población1	Población2	Ks	Kxy	Fst
Bilbao	Gabino	5.15	5.96	0.13591
Bilbao	Marte	13.27	14.9	0.04362
Bilbao	Saucillo	6.8	5.92	-0.14865
Bilbao	Texas	4.8	8.56	0.43925
Gabino	Marte	12.88	15.9	0.12579
Gabino	Saucillo	6.45	7.8	0.17308
Gabino	Texas	4.45	5.96	0.25336
Marte	Saucillo	14.72	15.65	0.00639
Marte	Texas	12.5	16.4	0.17378
Saucillo	Texas	6.1	9.8	0.37755

**Patrón de haplotipos**

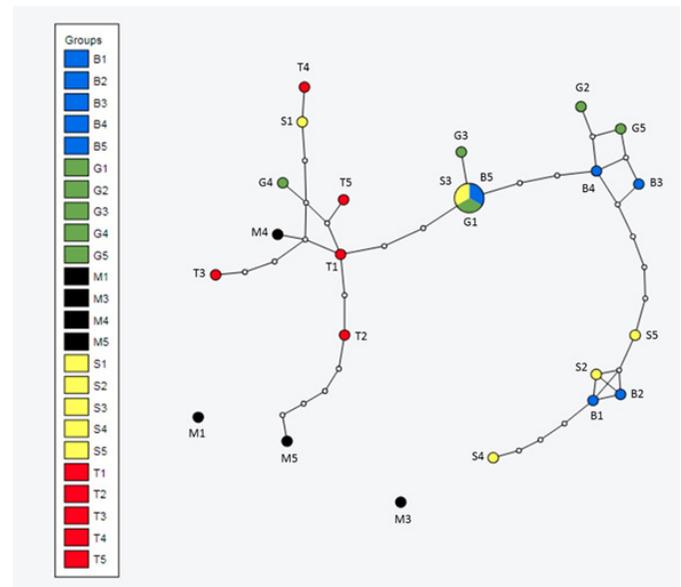
Se registraron 22 haplotipos de 24 secuencias del gen Citocromo b del mtADN de *U. exsul*, el haplotipo cinco (B5), agrupó 3 secuencias: B5, G1 y S3 (Tabla 2). Al respecto, Trepanier (2002) registró 12 haplotipos para esta especie, es de suponerse que las diferencias en el número de haplotipos encontrados, se debe a la selección de los sitios de muestreo donde incluyó un número mayor de muestras en sitios muy cercanos entre sí (población de Saucillo). Además, no incluyó la población de Estación Marte y por último, en este trabajo se utilizaron diferentes *primers* para amplificar el gen Citocromo b, ya que Trepanier (2002) llevó a cabo una metodología basada en Haddrath (Murphy *et al.*, 2006), donde utilizaron un *primer* que no es específico para el Citocromo b mitocondrial, el cual ha sido utilizado comúnmente en aves. Lo anterior se comprobó con el programa BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

El análisis del patrón de haplotipos muestra tres grandes grupos y se reconoce a los haplotipos de Bilbao5, Gabino1 y Saucillo3, como haplotipos ancestrales (Figura 3). Sin embargo, en análisis con el programa Arlequín (Swofford, 2015) se registró a Bilbao5 como el haplotipo ancestral (N = 24, *p* < 0.05), entonces se puede inferir que entre los tres haplotipos conforman el grupo haplotípico ancestral. El haplo-

**Tabla 2.** Distribución de haplotipos considerando una alineación de sitios con gaps, el cual presentó 305 posiciones con 48 sitios polimórficos, 22 haplotipos y una diversidad Haplotípica de 0.98. Donde, Hap\_5: 3 [5-6 17] está representado por tres haplotipos, 5, 6 y 17, que representan a los haplotipos Bilbao5 (B5), Gabino1 (G1) y Saucillo3 (S3).

**Table 2.** Haplotype distribution, considering an alignment of sites with gaps, which presented 305 positions with 48 polymorphic sites, 22 haplotypes and a haplotype diversity of 0.98. Hap\_5: 3 [5-6 17] is represented by three haplotypes, 5, 6 and 17, representing the haplotypes Bilbao5 (B5), Gabino1 (G1) and Saucillo3 (S3).

Número de haplotipos	Nombre de haplotipos
Hap_1: 1 [1]	Hap_1: 1 [B1]
Hap_2: 1 [2]	Hap_2: 1 [B2]
Hap_3: 1 [3]	Hap_3: 1 [B3]
Hap_4: 1 [4]	Hap_4: 1 [B4]
Hap_5: 3 [5-6 17]	Hap_5: 3 [B5 G1 S3]
Hap_6: 1 [7]	Hap_6: 1 [G2]
Hap_7: 1 [8]	Hap_7: 1 [G3]
Hap_8: 1 [9]	Hap_8: 1 [G4]
Hap_9: 1 [10]	Hap_9: 1 [G5]
Hap_10: 1 [11]	Hap_10: 1 [M1]
Hap_11: 1 [12]	Hap_11: 1 [M3]
Hap_12: 1 [13]	Hap_12: 1 [M4]
Hap_13: 1 [14]	Hap_13: 1 [M5]
Hap_14: 1 [15]	Hap_14: 1 [S1]
Hap_15: 1 [16]	Hap_15: 1 [S2]
Hap_16: 1 [18]	Hap_16: 1 [S4]
Hap_17: 1 [19]	Hap_17: 1 [S5]
Hap_18: 1 [20]	Hap_18: 1 [T1]
Hap_19: 1 [21]	Hap_19: 1 [T2]
Hap_20: 1 [22]	Hap_20: 1 [T3]
Hap_21: 1 [23]	Hap_21: 1 [T4]
Hap_22: 1 [24]	Hap_22: 1 [T5]



**Figura 3.** Patrón de haplotipos del gen citocromo b de las poblaciones muestreadas de la especie *Uma exsul*, donde: B1 hasta B5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 Saucillo, G1-G5 Gabino, T1-T5 Texas y M1-M5 Marte.

**Figure 3.** Cytochrome b gene haplotypes pattern of the *Uma exsul* species sampled populations, where: B1 to B5 correspond to sequences of Bilbao, S1-S5 Saucillo, G1-G5 Gabino, T1-T5 Texas and Mars M1-M5.

tipo M5 está muy alejado del resto con cuatro mutaciones, M1 y M3 son dos haplotipos desconectados del resto, lo que puede estar indicando que pertenecen a una posible variedad genética diferente. M4 está dentro de la red y conectado a los haplotipos que conforman la población de Texas. Lo anterior coincide con lo encontrado por Murphy *et al.* (2006) en donde encontraron que *Uma scoparia* Cope presentaba haplotipos únicos en parches de dunas muy alejados a los demás, lo cual daba la posibilidad de adaptaciones regionales y una posible especiación incipiente. Se observaron relativamente altas divergencias genéticas en las poblaciones de Estación Marte, mientras que la estructura genética dentro de las poblaciones del Oeste (Bilbao, Saucillo, Gabino y Texas) es menos discreta y con una divergencia muy ligera. Tomando en cuenta la distancia geográfica que existe entre la población de Estación Marte y el resto de las poblaciones y que los haplotipos de Estación Marte son los más alejados con dos haplotipos desconectados del resto, podríamos suponer que dicha población podría considerarse como una unidad evolutiva distinta (Figuras 3 y 4). Se recomienda realizar análisis morfológicos y de variabilidad genética intra-específica de las distintas poblaciones adicionalmente a los resultados presentados en este trabajo.

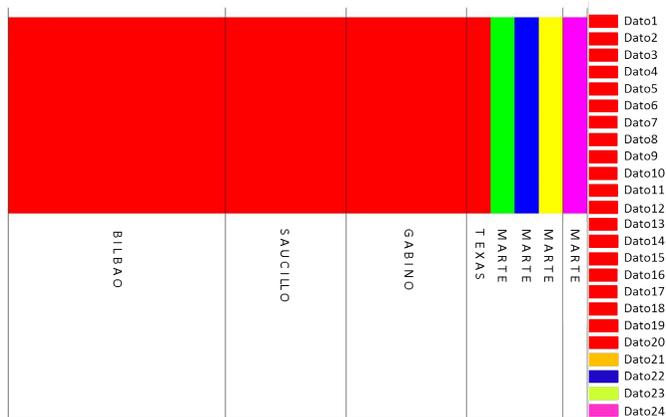


Figura 4. Estructura genética poblacional de *Uma exsul* mediante BAPS, donde: B1 hasta B5 = dato1-dato5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 = dato6-dato10 corresponden a Saucillo, G1-G5 = dato11-dato15 corresponden a Gabino, T1-T5 = dato16-dato20 corresponde a Texas y M1-M5 = dato21-dato24 corresponden a Marte. Cada color es un grupo genéticamente diferenciado y cada bloque (entre barras negras) es un aislado. M5 (dato24) es un grupo diferente y aislado.

Figure 4. Population genetic structure of *Uma exsul* using BAPS, where: B1 to B5 = data1-data5 correspond to Bilbao sequences, S1-S5 = data6-data10 correspond to saucillo, G1-G5 = data11-data15 correspond to Gabino, T1-T5 = data16-data20 corresponds to Texas and M1-M5 = data21-data24 correspond to Mars. Each color is a genetically distinct group and each block (between black bars) is an isolate. M5 (data24) is a different and isolated group.

### Estructura genética poblacional

El análisis de estructura genética poblacional muestra cinco colores, cada color representa uno de los grupos genéticamente diferenciados y cada barra de color vertical corresponde a un aislado (Figura 4). El código de color es el siguiente: grupo BAPS1, Rojo (Bilbao, Saucillo, Gabino y Texas) el cual se denominó "Bilbao"; grupo BAPS2, Rojo, Verde, Azul y Amarillo (Texas) el cual se denominó "Texas"; grupo

BAPS3, Rosa (Marte) el cual se denominó "Estación Marte". Se encontraron pruebas de mezcla entre los dos primeros grupos y las muestras de M1, M3 y M4, representan grupos diferentes, pero enlazados con T5 (población de Texas). M5 de Estación Marte representa un grupo genético diferente y aislado, totalmente separado de los demás grupos de la estructura genética, que podría representar una posible nueva unidad evolutivamente significativa. Mulvaney *et al.* (2005) mencionan que la lagartija gusano *Rhineura floridana* Baird, presenta una estructura poblacional genéticamente diferenciada en grupos y encontraron que las poblaciones más aisladas geográficamente constituyeron grupos que representan especies diferentes. Por otro lado, Branch *et al.* (2003) y Heath *et al.* (2012) también encontraron en su estudio de *Eumeces egregius*, *Neoseps reynoldsi* y *Sceloporus woodi*, que los grupos o poblaciones aisladas espacialmente, generalmente presentan profundas divergencias genéticas.

En el presente trabajo se encontraron tres grupos genéticamente diferenciados dentro de los cuales la población de Estación Marte se reconoce como el grupo más alejado, tanto geográfica, como genéticamente, respectivamente, coincidiendo con lo encontrado por Mulvaney *et al.* (Op. cit.).

Considerando la separación geográfica del grupo de Estación Marte, podríamos inferir un posible aislamiento por distancia, ya que presenta todos los elementos para ello, por lo que se sugiere un análisis de concordancia filogeográfica, mediante la prueba de Mantel para demostrarlo (Wright, 1946; Stalkin, 1994), así como análisis filogenéticos basados en distancias genéticas y caracteres moleculares bajo un modelo evolutivo. Por otro lado, el análisis de la estructura genética poblacional infiere o muestra que el grupo Texas, podría presentar cuatro posibles variedades genéticas. La población de Estación Marte, presentó un haplotipo único, podría representar un posible nuevo grupo genético evolutivamente significativo.

### CONCLUSIONES

*Uma exsul* presentó 22 haplotipos, siendo Bilbao5 el haplotipo ancestral, cuatro de ellos (Estación Marte) candidatos a posibles nuevas unidades evolutivamente significativas. *Uma exsul* se divide en cinco poblaciones geográficamente diferenciadas y muestra una estructura genética poblacional incipiente e integrada por tres grandes grupos: Bilbao (BAPS1), Texas (BAPS2) y Marte (BAPS3). La población de Estación Marte, por su aislamiento genético y geográfico, se puede considerar una población alopátrica. Según los resultados del análisis mismatch, el cual es unimodal cargado hacia la izquierda, la metapoblación de *U. exsul*, es una población en expansión, que proviene de un cuello de botella, donde está operando la deriva génica.

Se sugiere el desarrollo de un plan de conservación efectivo para la protección del hábitat que requiere cada grupo genético de *U. exsul*, con la finalidad de no sólo proteger la especie, que está en estatus vulnerable de conservación, sino conservar la variabilidad genética que permitiría su adaptación a futuras perturbaciones del hábitat.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la administración de la Facultad de Ciencias Biológicas–Universidad Juárez Estado de Durango y a la subdivisión de Posgrado de la Facultad de Ciencias Biológicas–Universidad Autónoma de Nuevo León por todas las facilidades prestadas para la realización de este estudio. Los autores agradecen las observaciones del Dr. Ricardo Canales del Castillo, a dos revisores anónimos y a los editores en jefe de la revista Biotecnia.

## REFERENCIAS

- Baird, S. F. 1859. Description of new genera and species of North American lizards in the Museum of the Smithsonian Institution. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 1859: 253–256.
- Branch, L. C., Clark, A. M., Moler, P. E. y Bowen, B. W. 2003. Fragmented landscapes, habitat specificity, and conservation genetics of three lizards in Florida scrub. *Conservation Genetics*, 4:199–212.
- Cabej, N. R. 2012. Species and Allopatric Speciation. *Epigenetic Principles of Evolution*, 707–723. doi:10.1016/b978-0-12-415831-3.00018-5.
- Castillo-Ramírez, S., Corander, J., Marttinen, P., Aldeljawi, M., Hanage, W., Westh, H., Boye, K., Gulay, Z., Bentley, S., Parkhill, J., Holden, M. y Feil, E. 2012. Phylogeographic variation in recombination rates within a global clone of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Genome Biology*, 13(12), p.R126.
- Cheng, L., Connor, T. R., Sirén, J., Aanensen, D. M. y Corander, J. 2013. Hierarchical and Spatially Explicit Clustering of DNA Sequences with BAPS Software. *Molecular Biology and Evolution*. 30(5): 1224–1228.
- Clement, M., Posada, D. y Crandall, K. A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9: 1657–1659.
- Clement, M., Snell, Q., Walker, P., Posada, D. y Crandall, K. 2002. TCS: Estimating gene genealogies. *IPDPS* 2:184.
- Corander, J., Cheng, L., Marttinen, P., Sirén, J. y Tang, J. 2013. BAPS: Bayesian Analysis of Population Structure. Department of Mathematics and statistics University of Helsinki 00014. Finland.
- Fu, J. 2000. Toward the phylogeny of the family Lacertidae—why 4708 base pairs of mtDNA sequences cannot draw the picture. *Biological Journal of the Linnean Society*, 71: 203–217.
- Gadsden, H., Palacios-Orona, L. E., y Cruz-Soto, G. A. 2001. Diet of the Mexican Fringe-toed Lizard (*Uma exsul*). *Journal of Herpetology* 35: 493–496.
- García-de la Peña, C., Gadsden, H., López-Corrujedo, H. y Lazcano, D. 2005. *Uma exsul* (Coahuila Fringe-toed Sand Lizard). *Body temperature. Herpetological Review* 36(1):66–67.
- Heath, S., Schrey, A. W., Ashton, K. G., Mushinsky, H. R. y McCoy, E. D. 2012. Contrasting Genetic Differentiation of a Poorly Dispersing Lizard in Connected and Fragmented Scrub Habitats. *Journal of Herpetology*, 46(4), 602–607. doi:10.1670/10-291.
- Heracle Biosoft SRL, 2006. DNA Chromatogram explorer. Trial versión. Versión 5.0.2.3. www.DnaBaser.com
- Hranitz, J. M. y Baird, T. A. 2000. Effective Population Size and Genetic Structure of a Population of Collared Lizards, *Crotaphytus collaris*, in Central Oklahoma. *Copeia*, Vol. 2000, No. 3: 786–791.
- Hudson, R. R., Boos, D.D. y Kaplan, N. L. 1992. A statistical test for detecting population subdivision. *Molecular Biology and Evolution*, 9: 138–151.
- Hudson, R. R., Slatkin, M. y Maddison, W. P. 1992. Estimation of levels of gene flow from DNA sequence data. *Genetics*. 132: 583–589.
- IUCN, 2018. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2018-1. <http://www.iucnredlist.org>
- Jukes, T. H. y Cantor, C. R. 1969. Evolution of protein molecules, pp.21-132. In H. N. Munro (ed.), *Mammalian Protein Metabolism*. Academic Press, New York.
- Kocher, T.D., Thomas, W.K., Meyer, A., Edwards, S.V., Paabo, S., Villablanca, F.X. y Wilson, A.C., 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the NAS. USA*. 86: 6196–6200.
- Kumar, S. Stecher, G. y Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870–1874.
- Librado, P. y Rosas, J. 2009. DNASp v 5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451–1452.
- Miller, S. A., Dykes, D. D. y Polesky, H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.* 16:1215.
- Mulvaney, A., Castoe, T. A., Ashton, K. G., Krysko, K. L. y Parkinson, C. L. 2005. Evidence of Population Genetic Structure within the Florida Worm Lizard, *Rhineura floridana* (Amphisbaenia: Rhineuridae). *Journal of Herpetology*, 39(1): 118–124. doi:10.1670/0022-1511(2005)039[0118:eo.
- Murphy, R. W., Trépanier, T. L. y Morafka, D. J. 2006. Conservation genetics, evolution and distinct population segments of the Mojave fringe-toed lizard, *Uma scoparia*. *Journal of Arid Environments*, 67: 226–247. doi:10.1016/j.jaridenv.2006.09.023.
- Sambrook, J., Fritsch, E. F. y Maniatis, T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd ed. Cold Spring Harbor Lab Press, Cold Spring Harbor, NY.
- Sambrook, J. y Russell, D. W. 2001. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Second Edition. Plainview, New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Santos, A. M., Cabezas, M. P., Tavares, A. I., Xavier, R. y Branco, M. 2015. tcsBU: a tool to extend TCS network layout and visualization. *Bioinformatics*, 32(4): 627–628. (doi: 10.1093/bioinformatics/btv636).
- SEMARNAT (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales). 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección Ambiental-Especies Nativas de México de Flora y Fauna Silvestres-Categorías de Riesgo y Especificaciones para su Inclusión, Exclusión o Cambio-Lista de Especies en Riesgo. México. Diario Oficial de la Federación (Segunda Sección): 1–78 p.
- Schmidt, K. P. y Bogert, C. M. 1947. A new fringe-footed sand lizard from Coahuila, México. *American Museum Novitates* 1139:1–7.
- Scoffier, L. 2015. An integrated software package for population genetics data analysis. Manual Arlequin. Version 3.5. Swiss Institute for Bioinformatics. Disponible en <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>.

- Slatkin, M. 1994. Gene flow and population structure. In Ecological genetics, L. A. Real (ed.). Princeton University Press, Princeton, New Jersey. 3–18.
- Tajima, F. 1989. Método estadístico para probar la hipótesis de mutación neutra por polimorfismo de ADN. *La genética*. 123 (3): 585–95.
- Templeton, A. R., Crandall, K. A. y Sing, C. F. 1992. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics* 132: 619–633.
- Trepanier, T. L. 2002. Conserving genetic diversity in Fringe-Toed-Lizard: a phylogenetic approach. A Tesis of Doctor Philosophy degree. The University of Toronto. 151p.
- Vázquez-Díaz, J., Gadsden, H., Quintero-Díaz, G. E., Ponce-Campos, P. and Lavín, P. 2007. *Uma exsul*. The IUCN Red List of Threatened Species 2007. Downloaded on 11 December 2018.
- Wright, S. 1943. Isolation by distance. *Genetics* 28: 114–138.
- Yoke, M. M., Morando, M., Avila, L. J. y Sites, J. W. 2006. Phylogeography and genetic structure in the *Cnemidophorus longicauda* complex (SQUAMATA, TEIIDAE). *Herpetológica*, 62(4): 420–434. doi:10.1655/0018-0831.