

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA DE POBLACIONES DE LA LAGARTIJA
Uma exsul (SCHMIDT y BOGERT, 1947),
EN EL CENTRO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE

Por

HUGO LÓPEZ MARTÍNEZ

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL
GRADO DE
DOCTOR EN CIENCIAS CON ACENTUACIÓN EN
MANEJO DE VIDA SILVESTRE Y DESARROLLO
SUSTENTABLE

NOVIEMBRE, 2021

FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA DE POBLACIONES DE LA LAGARTIJA

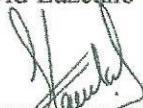
Uma exsul (SCHMIDT y BOGERT, 1947),

EN EL CENTRO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE

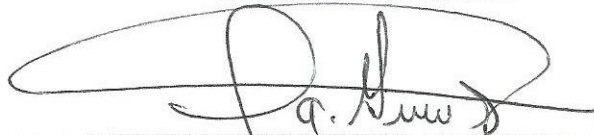
Comité de Tesis



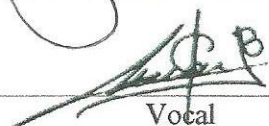
Presidente
Dr. David Lazcano Villarreal



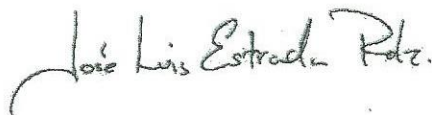
Secretaria
Dra. Susana Favela Lara



Vocal
Dr. Juan Antonio García Salas



Vocal
Dr. Jorge Luis Becerra López



Vocal
Dr. José Luis Estrada Rodríguez



SUBDIRECCIÓN
DE POSGRADO

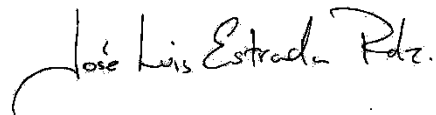
Subdirectora de Posgrado
Dra. Katiushka Arévalo Niño

FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA DE POBLACIONES DE LA LAGARTIJA
Uma exsul (SCHMIDT y BOGERT, 1947),
EN EL CENTRO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE

Dirección de Tesis



Director: Dr. David Lazcano Villarreal



Director Externo: Dr. José Luis Estrada Rodríguez

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la subdivisión de Posgrado de la Facultad de Ciencias Biológicas-UANL y a la administración de la Facultad de Ciencias Biológicas-UJED por todas las facilidades prestadas para la realización de este estudio. Así mismo, se agradecen las observaciones del Dr. Ricardo Canales del Castillo y la Dra. Irene Ruvalcaba Ortega, hechas al presente trabajo.

A CONACyT por el apoyo recibido durante la estancia doctoral.



DEDICATORIA

A la sociedad en general.

A todas las personas y profesionales de las Ciencias Biológicas que me han ayudado y acompañado a crecer humanamente sin comprometer mi integridad. He tenido la fortuna de contar con grandes maestros de vida que han dedicado e invertido tiempo para fortalecer mi opinión y criterio sobre incontables fenómenos naturales y sociales que nos acompañan. A todos ellos les agradezco profundamente.



Dr. Ulises Romero Méndez (1964-2021).

In memoriam

Agradezco y reconozco la asesoría académica, el acompañamiento y sobre todo la amistad con que me distinguió el Dr. Ulises Romero Méndez (Uli), a lo largo no solo de la realización de esta tesis, sino de toda mi formación como Biólogo, Maestro en Ciencias y ahora en mi fase doctoral. Incluso desde niño me conoció y jugaba conmigo. Sin su asesoría y ayuda hubiese sido muy difícil la conclusión de este trabajo.

Mi agradecimiento eterno Uli, un abrazo a dondequiera que estés. Hasta siempre.

RESUMEN EN ESPAÑOL Y EN INGLÉS

Uma exsul es una especie micro-endémica del desierto Chihuahuense (500 km²), se incluye en la lista roja UICN (2018) y en la NOM-059-SEMARNAT-2010 de especies en peligro de extinción. Los objetivos fueron evaluar la estructura filogeográfica, la genética de poblaciones, idoneidad climática, compactación y diversidad vegetal asociadas a ésta lagartija de dunas. Para determinar la estructura genética poblacional, suponiendo que las poblaciones con distribución alopátrica, constituyen linajes distintos, se realizaron 14 salidas al campo donde se colectaron un total de 24 muestras biológicas de tejido caudal en cinco poblaciones principales. Se utilizaron las secuencias del gen citocromo b, para realizar el análisis BAPS. Para determinar el patrón de haplotipos se realizó un modelo en 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. La diversidad nucleotídica de las poblaciones en total fue muy baja ($n = 0.00187$), indicando una baja selección (Tajima D = 0.000, $p \leq 0.001$). El AMOVA para la variación genética interpoblacional de 12.91% es baja, la intrapoblacional es alta (87.09 %), la Fst: 0.13113 y Nm: 3.31 ($p < 0.001$). Lo anterior indica que existe incipiente estructura con una población en evolución sin selección y alto flujo genético interpoblacional. Se concluye que las muestras conforman tres grupos genéticos, indicando que la población Estación Marte es la más alejada genética y geográficamente, a la cual se le puede considerar como una población alopátrica. Por otro lado, la transformación de la cobertura del suelo se ha incrementado dramáticamente en los últimos años y se espera que los cambios climáticos futuros sean negativos en cuanto a la distribución de las especies de reptiles, para lo cual se estimó la distribución potencial de la especie para los años 2000, 2020, 2050 a escala local, usando el algoritmo de máxima entropía (MaxEnt 3.3.3k) para generar los modelos presentes y futuros. Los resultados indicaron una reducción en el área de distribución potencial de la especie para los años 2020 y 2050, con una reducción de las áreas de distribución que van de 2007.4 Km² a 2024.7 Km² respectivamente, las cuales representan el 82 % aproximadamente en ambos casos. Las capas que más contribuyen a esta reducción son la temperatura del trimestre más seco, temperatura del trimestre más frío y precipitación estacional. Se concluye que aunque la reducción de su distribución es muy alta, la permanencia de la especie no se encuentra comprometida en el tiempo. Así mismo, la compactación y la cobertura vegetal

han sufrido cambios significativos en los últimos años, por lo que se determinó la composición vegetal, su valor de importancia y el grado de compactación del suelo en el área de distribución de las cinco poblaciones de la especie en estudio. Los resultados indicaron que la vegetación y la compactación del suelo, tuvieron un patrón similar en cuatro de las cinco poblaciones donde habita *U. exsul*, con excepción de la población que se encuentra en Estación Marte. De manera general se reconoció a la gobernadora (*Larrea tridentata*) y el saladillo (*Suaeda nigrescens*) como las dos especies con un mayor valor de importancia para tres de los sitios de muestreo. Sin embargo, en la población conocida como Texas, *S. nigrescens* es sustituido por *Opuntia rastrera*. En la población denominada Estación Marte, la especie con mayor valor de importancia fue *Jatropha dioica*, desplazando a *L. tridentata*, siendo esta última, la que *U. exsul* utiliza en mayor medida para termorregular y realizar sus requerimientos ecológicos principales. Dado el alto grado de compactación del suelo y una vegetación más diversa, ésta población se encuentra más escasa y presionada ecológicamente.

Summary

Uma exsul is a micro-endemic species of the Chihuahuan desert (500 km²), it is included in the IUCN red list (2018) and in the NOM-059-SEMARNAT-2010 of endangered species. The objectives were to evaluate the phylogeographic structure, population genetics, climatic suitability, compaction and plant diversity associated with this dune lizard. To determine the population genetic structure, assuming that the populations with allopatric distribution constitute different lineages, 14 field trips were made where a total of 24 biological samples of caudal tissue were collected in five main populations. Cytochrome b gene sequences were used to perform BAPS analysis. To determine the haplotype pattern, a model was made in the TCS program. The Tajima D was calculated to determine the selection or drift of the populations and an AMOVA to determine the Fst and the population gene flow. The nucleotide diversity of the populations in total was very low ($n = 0.00187$), indicating a low selection (Tajima D = 0.000, $p \leq 0.001$). The AMOVA for the interpopulation genetic variation of 12.91% is low, the intrapopulation is high (87.09%), the Fst: 0.13113 and Nm: 3.31 ($p < 0.001$). This indicates that there is an incipient structure with an evolving population without selection and high interpopulation gene flow. It is concluded that the samples make

up three genetic groups, indicating that the Estación Marte population is the most distant genetically and geographically, which can be considered as an allopatric population. On the other hand, the transformation of land cover has increased dramatically in recent years and future climate changes are expected to be negative in terms of the distribution of reptile species, for which the potential distribution of the species for the years 2000, 2020, 2050 at the local scale, using the maximum entropy algorithm (MaxEnt 3.3.3k) to generate the present and future models. The results indicated a reduction in the potential distribution area of the species for the years 2020 and 2050, with a reduction in the distribution areas ranging from 2007.4 Km² to 2024.7 Km² respectively, which represent approximately 82% in both cases. The layers that contribute most to this reduction are the temperature of the driest quarter, temperature of the coldest quarter and seasonal precipitation. It is concluded that although the reduction in its distribution is very high, the permanence of the species is not compromised over time. Likewise, compaction and plant cover have undergone significant changes in recent years, so the plant composition, its importance value, and the degree of soil compaction in the distribution area of the five populations of the species under study. The results indicated that vegetation and soil compaction had a similar pattern in four of the five populations where *U. exsul* lives, with the exception of the population found in Estación Marte. In general, the governor (*Larrea tridentata*) and the saladillo (*Suaeda nigrescens*) were recognized as the two species with the highest importance value for three of the sampling sites. However, in the population known as Texas, *S. nigrescens* is replaced by *Opuntia rastrera*. In the population called Estación Marte, the species with the highest value of importance was *Jatropha dioica*, displacing *L. tridentata*, the latter being the one that *U. exsul* uses to a greater extent to thermoregulate and fulfill its main ecological requirements. Given the high degree of compaction of the soil and a more diverse vegetation, this population is more threatened and ecologically pressured.

ÍNDICE

Introducción.....	1
Objetivo del trabajo.....	3
Capítulo I. Descripción de la especie y localización del área de estudio.....	4
1.1 Descripción de la especie.....	4
1.1.1 Identificación.....	4
1.1.2 Morfología.....	5
1.1.3 Coloración.....	5
1.1.4 Distribución.....	5
1.1.5 Conducta.....	5
1.1.6 Alimentación.....	6
1.1.7 Taxonomía.....	6
1.1.8 Etimología.....	6
1.1.9 Estatus de protección.....	7
1.2 Localización y características del área de estudio.....	8
1.2.1 Fisiografía.....	10
1.2.2 Clima.....	10
1.2.3 Hidrología.....	11
1.2.4 Orografía.....	11
1.2.5 Geomorfología.....	11
1.2.6 Suelos.....	12
1.2.7 Vegetación.....	12
Capítulo II. Estructura genética poblacional de la lagartija arenera <i>Uma exsul</i> (Schmidt y Bogert, 1947), en el Desierto Chihuahuense.....	14
2.1 Resumen.....	14
2.2 Introducción.....	14
2.3 Materiales y métodos.....	16
2.3.1 Trabajo de campo.....	16
2.3.2 Análisis de ADN genómico.....	17
2.3.2.1 Extracción de ADN.....	17

2.3.2.2	Amplificación de ADN.....	17
2.3.2.3	Visualización de los productos de PCR.....	18
2.3.2.4	Obtención de los datos genéticos.....	18
2.4	Resultados y discusión.....	19
2.4.1	Estadísticos descriptivos.....	19
2.4.2	Patrón de haplotipos.....	21
2.4.3	Estructura genética poblacional.....	24
Capítulo III.	Distribución potencial de la lagartija <i>Uma exsul</i> (Schmidt y Bogert, 1947) frente al cambio climático en el centro del Desierto Chihuahuense.....	26
3.1	Resumen.....	26
3.2	Introducción.....	26
3.3	Materiales y métodos.....	27
3.4.1	Variables climáticas.....	27
3.4.2	Modelado de nicho.....	28
3.4.3	Calibración del modelo.....	28
3.4	Resultados.....	29
3.5	Discusión.....	32
Capítulo IV.	Vegetación y compactación asociada a la lagartija <i>Uma exsul</i> (Schmidt y Bogert, 1947) en el centro del Desierto Chihuahuense.....	34
4.1	Resumen.....	34
4.2	Introducción.....	34
4.3	Materiales y métodos.....	36
4.3.1	Área de estudio.....	36
4.3.2	Toma de datos.....	36

4.3.3 Análisis de datos.....	37
4.4 Resultados.....	37
4.5 Discusión.....	45
Conclusiones.....	47
Bibliografía.....	49
Resumen biográfico.....	60
Anexo 1. Publicación. Estructura genética poblacional de <i>Uma exsul</i>	61

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Diferenciación genética entre poblaciones a través de las distancias genéticas, donde: K_s = número de sustituciones sinónimas por sitio, K_{xy} = número promedio de sustituciones nucleotídicas por sitio entre poblaciones, F_{st} = índice de fijación Haplotípica.....	21
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] = el haplotipo 5 está representado por tres haplotipos, el haplotipo número 5, 6 y 17, que representan a los haplotipos Bilbao5 (B5), Gabino1 (G1) y Saucillo3 (S3).....	22
Tabla 3. Caracterización de la vegetación asociada a las poblaciones de <i>Uma exsul</i> en Bilbao, Saucillo, Gabino, Texas y Estación Marte, en Coahuila.....	38
Tabla 4. Vegetación predominante en Bilbao.....	39
Tabla 5. Vegetación predominante en Saucillo.....	40
Tabla 6. Vegetación predominante en Gabino.....	41
Tabla 7. Vegetación predominante en Texas.....	42
Tabla 8. Vegetación predominante en Estación Marte.....	43
Tabla 9. Datos y promedios de compactación para cada sitio, expresada en Kg/cm ² de presión.....	44
Tabla 10. Prueba no paramétrica Kruskal-Wallis y diferencia significativa entre la compactación de las cinco poblaciones.....	45

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. <i>Uma exsul</i>	4
Figura 2. Ubicación del área de estudio dentro del Estado de Coahuila.....	8
Figura 3. Dunas en el área de estudio.....	9
Figura 4. Área de dunas.....	9
Figura 5. Vegetación dominante en el área.....	12
Figura 6. Mapa de ubicación del área de estudio con las poblaciones en amarillo.....	17
Figura 7. Distribución Mismatch para haplotipos del citocromo b en <i>Uma exsul</i> 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...20	20
Figura 8. Patrón de haplotipos del gen citocromo b de las poblaciones muestreadas de la especie <i>Uma exsul</i> , donde: B1 hasta B5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 Saucillo, G1-G5 Gabino, T1-T5 Texas y M1-M5 Marte.....	23
Figura 9. Estructura genética poblacional de <i>Uma exsul</i> mediante BAPS, donde: B1 hasta B5 = data1-data5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 = data6-data10 corresponden a Saucillo, G1-G5 = data11-data15 corresponden a Gabino, T1-T5 = data 16-20 corresponde a Texas y M1-M5 = data21-24 corresponden a Estación Marte. Cada color es un grupo genéticamente diferenciado y cada bloque (entre barras negras) es un aislado. M5 (data24) es un grupo diferente y aislado.....	24
Figura 10. Distribución potencial de <i>Uma exsul</i> para el año 2000.....	30
Figura 11. Distribución potencial de <i>Uma exsul</i> para el año 2020.....	30
Figura 12. Distribución potencial de <i>Uma exsul</i> para el año 2050.....	31
Figura 13. Modelo de nicho climático para inferir la distribución potencial y las zonas de máxima idoneidad de la especie microendémica <i>Uma exsul</i> para el año 2018.....	31
Figura 14. Fotografía tomada el 30 de abril de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Bilbao, Coahuila.....	39
Figura 15. Fotografía tomada el 1 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Saucillo, Coahuila.....	40
Figura 16. Fotografía tomada el 2 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Gabino, Coahuila.....	41

Figura 17. Fotografía tomada el 3 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Texas, Coahuila.....42

Figura 18. Fotografía tomada el 4 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Estación Marte, Coahuila.....43

INTRODUCCIÓN

La lagartija de arena de Coahuila *Uma exsul*, es una de las siete especies que conforman el género *Uma* (Trepanier *et al.*, 2002; Derycke *et al.*, 2020). Cinco de estas especies habitan en el desierto de Sonora (*U. inornata*, *U. notata*, *U. cowlesi*, *U. scoparia* y *U. thurmanae*) y dos (*U. exsul* y *U. paraphygas*) en la parte central del desierto Chihuahuense. *U. exsul*, al igual que el resto de las especies del género, están restringidas a depósitos eólicos de arena (Mosauer, 1935; Norris, 1958; Commins y Savitzky, 1973). Su distribución es puntual y endémica del suroeste y centro sur de Coahuila (Gadsden *et al.*, 2001; Lemos-Espinal y Smith, 2007) por lo que está considerada por la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Vázquez-Díaz *et al.* (2007) y la IUCN (2018) en la categoría de peligro de extinción. No obstante, aunque se han realizado estudios demográficos que indican que las poblaciones están en "equilibrio" presentando una tasa de reemplazamiento igual a uno y fluctuaciones de densidad balanceadas, su condición de micro endémica, la fragilidad de sus madrigueras y su limitada capacidad de migración fuera de las dunas (Gadsden *et al.*, 2001), la ubican en una situación muy vulnerable frente a los procesos naturales y antropogénicos de destrucción, fragmentación y compactación de su hábitat, que se reduce a menos de 200 km², siendo esta su distribución actual (López-Corrujedo, 2004; Ballesteros-Barrera *et al.* 2008). El impacto a su hábitat se ha visto acelerado por el incremento de la actividad agropecuaria y el crecimiento habitacional de la zona. Por otro lado, la construcción de presas (en la parte alta de la cuenca) y canales de riego, trajo consigo un bloqueo y desvío de las vías naturales de los ríos Nazas y Aguanaval, interrumpiendo, de esta manera, los posibles aportes naturales de arena a las lagunas de Mayrán y Viesca (López-Corrujedo, 2004). Ligado a esto, la escasa diversidad y cobertura vegetal en estos ecosistemas, determinan que sean muy frágiles a las múltiples alteraciones a las que están siendo sometidos, tales como la remoción de arena para construcción, basureros, uso de vehículos todo-terreno, tala de mezquites, cacería, turismo, entre otros (Gadsden *et al.*, 2001). La afectación de estos ecosistemas ha originado el abatimiento de sus poblaciones provocando un alto índice de endogamia (Adest, 1977; Morafka *et al.*, 1992) e incrementando su peligro de extinción.

Es importante conservar el germoplasma de sus variedades genéticas *In situ*. Se propone el estudio filogeográfico para localizar y cuantificar dichas variedades genéticas mediante el uso de técnicas filogeográficas y de genética de poblaciones. El estudio de la genética de poblaciones permitirá determinar las restricciones en el flujo genético.

OBJETIVO DEL TRABAJO

Objetivo General

- Evaluar la estructura filogeográfica, la genética de poblaciones, la idoneidad climática, así como la compactación del suelo y la vegetación asociada a la lagartija endémica del centro del desierto chihuahuense, *U. exsul*.

Objetivos Particulares

- Determinar la variación genética y estructura genética poblacional de *U. exsul*.
- Determinar el patrón haplotípico de las poblaciones de la especie en estudio.
- Determinar la idoneidad climática del hábitat donde se encuentran las poblaciones de *U. exsul*.
- Evaluar el grado de compactación y diversidad vegetal donde se encuentran las poblaciones de *U. exsul*.

CAPÍTULO 1

DESCRIPCIÓN DE LA ESPECIE Y LOCALIZACIÓN DEL ÁREA DE ESTUDIO

La descripción de la especie está basada textualmente y en su totalidad en el libro de Anfibios y Reptiles de Coahuila por Lemos-Espinal y Smith en 2007.

La localización del área de estudio está basada textualmente y en su totalidad en el documento titulado: Variabilidad espacial y temporal de los sistemas de dunas en el suroeste de Coahuila, México, por López-Corrujedo, 2004.

Descripción de la especie

Identificación

Esta es la única especie de frinosomátidos de Coahuila con la combinación de bandas amplias de color negro en el vientre de la cola, abertura auditiva presente y solo una mancha negra sobre los lados del abdomen (Figura 1).



Figura 1. *Uma exsul*

Morfología

Uma exsul es un poco más grande que *Uma parapygas*, alcanzando una LHC máxima de 92 mm (vs 86 mm, con solo dos especímenes de 114 mm). Existen diferencias significativas en varias características del número de escamas. En *U. exsul* el total de poros femorales está entre 15-30, solo el 5% con 29 o más (vs 25-37 y 88% con 29 o más en *U. parapygas*) (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Los machos adultos son fácilmente distinguibles de las hembras por sus tamaños mucho más grandes, patrón de coloración más llamativo y base de la cola ensanchada. Las escamas entre las filas de poros femorales en *U. exsul* son de 18-27, con 15% con menos de 20 (vs 14-25, 85% con menos de 20, en *U. parapygas*) (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Coloración

Uma exsul es muy parecida a *U. parapygas*, excepto que *U. exsul* tiene una sola banda negra sobre cada lado del abdomen, en lugar de dos. Sin embargo, debe señalarse que en varios (28%) de los especímenes de *U. parapygas* las dos bandas están parcialmente fusionadas; en 114 especímenes, uno tuvo una a cada lado y uno tuvo una en un lado. El número de bandas subcaudales es de 2-8 en *U. exsul*, con 8% teniendo 7 o más (vs 6-12, con 80% 7 o más en *U. parapygas*). En *U. exsul* las dos marcas negras están generalmente sobre la superficie anterior de los muslos (vs 3 en *U. parapygas*). En vida, *U. exsul* tiene un patrón de coloración más brillante que *U. parapygas*, con un tono amarillento en lugar de rojizo (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Distribución

Se distribuye en médanos de arena del extremo suroeste y sur central de Coahuila, en el extremo este de la Laguna de Mayrán y en Estación Marte (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Conducta

Se sabe, que no obstante, que estas lagartijas son capaces de construir madrigueras para refugiarse, prefieren ocupar madrigueras de mamíferos cuando éstas están presentes y dependen de ellas para refugiarse durante la noche. Sin embargo, existe una fuerte correlación

entre la densidad de *Uma exsul* y el número de madrigueras presentes, y realmente construyen madrigueras para refugiarse cotidianamente. Los individuos jóvenes corren solo distancias cortas (2-5 m) antes de esconderse en las raíces de arbustos superficiales (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Los adultos pueden correr rápidamente sobre distancias largas (30 mts), algunas veces perdiéndose de la vista de su perseguidor. Continúan haciendo esto si el peligro persiste, aún hasta el punto de quedar exhaustos, en lugar de refugiarse. Son capaces de enterrarse en la arena cuando no encuentran otro refugio. Su refugio preferido es enterrarse en la base de vegetación con raíces profundas tales como mezquites. En las primeras horas de la mañana y últimas horas de la tarde (9-10 a. m.; 6-7 p. m.), es posible encontrar a estas lagartijas enterradas en la base de arbustos (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Las lagartijas jóvenes emergen de sus refugios aproximadamente dos horas después del amanecer, los adultos aproximadamente media hora más tarde. Forrajean a una temperatura de 37-44 °C. (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

García de la Peña *et al.* (2005) reportaron depredación de esta especie por *Gambelia wislizenii* y *Aspidocelis marmorata*. Gadsden *et al.* (2006) reportaron que el cortejo y la cópula ocurren de marzo a junio, la oviposición de mayo a julio; 3-6 huevos son depositados por puesta, y eclosionan en verano o al principio del otoño durante la época de lluvias. Maduran en un año, pueden presentar dos puestas por año, y su esperanza de vida es corta.

Alimentación

Estas lagartijas son forrajeras activas que se alimentan de varios tipos de invertebrados diurnos, mayormente insectos, incluyendo: formícidos, hemípteros e himenópteros. (Gadsden *et al.*, 2001; Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Taxonomía

No se reconocen subespecies.

Etimología

El nombre genérico fue derivado del nombre de una tribu de nativos americanos, los Umas

o Yumas. El nombre específico es la palabra en latín que significa “exilio” (Lemos-Espinal y Smith, 2007).

Estatus de Protección.

La NOM-059-SEMARNAT-2010 y la IUCN (2018) la consideran en peligro de extinción, endémica a Coahuila y por lo tanto a México.

Localización y características del área de estudio

El área de estudio se ubica en la parte Suroeste de Coahuila entre los paralelos $25^{\circ} 41' 14''$ y $25^{\circ} 24' 18''$ de Latitud Norte; y los meridianos $102^{\circ} 49' 10''$ y $103^{\circ} 07' 35''$ de Longitud Oeste (Figura 2). Consiste mayormente de tres áreas o polígonos irregulares donde se distribuyen los montículos de arena (dunas) de extensión y altura variable (que van desde 0.5 m hasta 20 m de altura) (Figuras 2, 3 y 4). Limita al Oeste con la superficie irrigada del municipio de Matamoros; al Norte con la superficie irrigada del municipio de San Pedro; al Este con una depresión donde se encuentran las antiguas Lagunas de Mayrán y Viesca y al Sur con la planicie donde se encuentra la ciudad de Viesca, Coahuila. (López -Corrujedo, 2004).

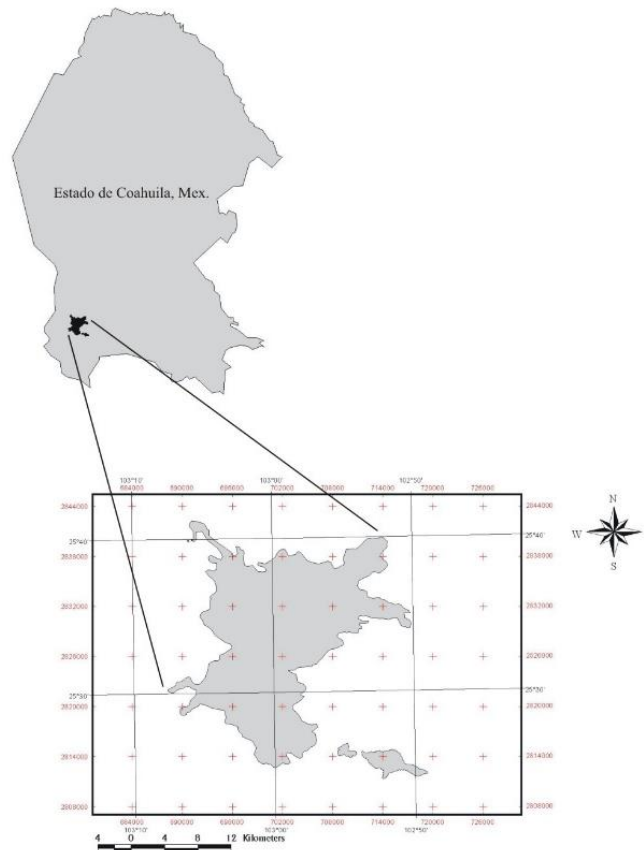


Figura 2. Ubicación del área de estudio dentro del Estado de Coahuila.



Figura 3. Dunas en el área de estudio.



Figura 4. Área de dunas.

Fisiografía

El sur del bolsón de Mapimí en el que se encuentran las lagunas de Mayrán y Viesca, se ubica en la provincia fisiográfica de la Mesa Central del Norte. Esta provincia fisiográfica está flanqueada por las cadenas montañosas de la Sierra Madre Oriental y la Sierra Madre Occidental que la aíslan del mar. Está compuesta por muchas cuencas cerradas, llamadas bolsones. El bolsón como unidad funcional, está compuesto de montañas y colinas, frecuentemente en la periferia, extensas bajadas con pendiente débil de abanicos aluviales coalescentes y playas planas de tierras bajas como receptáculos de sales y sedimentos finos transportados.

La región se denomina como subprovincia de la antigua zona lacustre, la cual fue intensamente plegada durante el Mioceno, destruyéndose en gran parte las líneas de drenaje preexistente, formando cuencas cerradas que al ser llenadas por depósitos lacustres, forman los llamados bolsones en cuyas depresiones quedan como testigos algunos lagos (López-Corrujedo, 2004).

Clima

El clima, de acuerdo con la clasificación de Köppen, es considerado como seco-desértico, con lluvias en verano; con 5 a 10 por ciento de precipitaciones en invierno; presentando un invierno fresco.

La precipitación media anual fluctúa entre 200 y 300 mm, distribuida principalmente entre abril y octubre. El régimen térmico es severo en cuanto a temperaturas altas, con una temperatura media anual que oscila entre 18.8 y 20.3 °C. Se presenta una evapotranspiración real (ET) media anual de 200 a 300 mm indicando un régimen de lluvia escaso (López-Corrujedo, 2004).

En esta región no existen áreas que logren mantener un mes al año el suelo a capacidad de campo (-10 a -130 KPa). El déficit medio anual de agua va de los 688 mm en la subcuenca de Viesca hasta los 826 mm en Mayrán, confirmándose así como la porción más árida de la Región Hidrológica 36 (López-Corrujedo, 2004).

Hidrología

El área está incluida en las subcuencas de Mayrán y Viesca, en la parte baja de la Región Hidrológica 36, constituida por los Ríos Nazas y Aguanaval. Debido a las presas construidas sobre los cauces de los ríos, las lagunas solo reciben agua en cantidades apreciables durante los años con precipitaciones extraordinarias. Se destaca también en esta región el grave problema de la sobreexplotación de los acuíferos, dada la extracción que se realiza para complementar las aguas superficiales que se encuentran íntegramente utilizadas. De esta forma, el porvenir del perímetro de riego en La Laguna (150,000 ha) se encuentra amenazado a mediano plazo, a menos que se tomen las medidas pertinentes en su sistema productivo (López-Corrujedo, 2004).

Orografía

Al Noroeste del área se encuentran la Sierra Texas y la Sierra San Lorenzo y al Este la Sierra Parras y la Sierra Mayrán (López-Corrujedo, 2004).

Geomorfología

La composición geológica de la parte baja de la RH36 es predominantemente de rocas sedimentarias, entre las que destacan la caliza y caliza-yeso. Esta composición, aunado al fuerte régimen evaporatorio, incrementa la escasez de escurrimiento debido a que las lagunas son muy llanas (menos de uno por ciento de pendiente) y están rellenas de aluviones cuaternarios, que a excepción de la capa superficial, deben ser en su mayoría muy permeables. Los materiales sedimentarios detríticos, están compuestos básicamente de conglomerados y de asociaciones, de las cuales las más representativas son las de lutita-arenisca y las de caliza-lutita. Las sierras en esta región están constituidas esencialmente de calizas, lo que contribuye a la reducción del escurrimiento a pesar de tener fuertes pendientes (20 o 30 %), según López-Corrujedo (2004).

En cuanto a la zona de dunas, se ha establecido que en los grandes bolsones, los pastizales halófilos suelen circundar una Ciénega salina; pero si la precipitación anual es demasiado baja o irregular el resultado será una playa inundada intermitentemente, en la cual se forma una capa de salitre y que está desprovista casi completamente de vegetación. En otros

tiempos, esos lugares fueron el sitio de lagos, lo que constituye una prueba geológica de que en la prehistoria el clima fue más húmedo. A barlovento de ellos suelen formarse campos de dunas debido a que el viento ha ido arrastrando y acumulando los sedimentos más finos del lecho del antiguo lago. (López-Corrujedo, 2004).

Suelos

De acuerdo con el sistema FAO-UNESCO modificado por INEGI (antes DETENAL) las unidades de suelo predominantes en la región son los Xerosoles, Yermosoles y Litosoles, donde los suelos salinos (Solonchaks y Solonetz) ocupan una gran parte de ella, sobre todo en la Laguna de Mayrán. De acuerdo con el sistema USDA Soil Taxonomy los órdenes de suelos principales son los Aridisoles y Entisoles, en los que destacan a nivel de grupo, los Haplargid y los Torriorthent (López-Corrujedo, 2004).

Vegetación

Rzedowsky (1978) señala que el tipo de vegetación dominante en el área es el matorral xerófilo (Figura 5). La vegetación abierta típica de dunas, se deriva sobre todo de la flora del matorral xerófilo circundante, pero que también incluye muchas plantas especialmente adaptadas a la alta alcalinidad y las elevadas concentraciones de sal. (López-Corrujedo, 2004).



Figura 5. Vegetación dominante en el área.

En el área de estudio, las especies dominantes en general, son la Gobernadora (*Larrea tridentata*) y en menor escala el Saladillo (*Suaeda nigrescens*). En algunas zonas muy localizadas se presenta la dominancia de otras especies como *Prosopis glandulosa* (mezquitales); *Opuntia sp.* (Nopaleras). Otras especies presentes que aunque no forman unidades definidas, si son notorias en el paisaje como el Ocotillo (*Fouquieria splendens*), el Zacate salino (*Hilaria mutica*), el Cardenche (*Cylindropuntia imbricata*) y el Tasajillo (*Cylindropuntia leptocaulis*), entre otras. Además de esto, se observan algunas especies de plantas anuales, que sobre todo en los años lluviosos, forman una alfombra verde que cubre casi totalmente el suelo arenoso.

CAPÍTULO 2

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE LA LAGARTIJA ARENERA *Uma exsul* (Schmidt y Bogert, 1947) EN EL DESIERTO CHIHUAHUENSE.

Resumen

Uma exsul es una especie micro-endémica del desierto Chihuahuense (500 km²), se incluye en la lista roja IUCN (2018) y en la NOM-059-SEMARNAT-2010 de especies en peligro de extinción. El objetivo fue determinar la estructura genética poblacional de *U. exsul*, suponiendo que las poblaciones con distribución alopátrica, constituyen linajes distintos. Como metodología se realizaron 14 salidas al campo donde se colectaron un total de 24 muestras biológicas de tejido. Se utilizaron las secuencias del gen citocromo b genómico para realizar el análisis BAPS. Para determinar el patrón de haplotipos se realizó un modelo en 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. La diversidad nucleotídica de las poblaciones en total fue muy baja ($n = 0.00187$), indicando una baja selección (Tajima D = 0.000, $p \leq 0.001$). El AMOVA para la variación genética interpoblacional de 12.91% es baja, la intrapoblacional es alta (87.09 %; Fst= 0.13113; Nm= 3.31; $p < 0.001$). Lo anterior significa que existe incipiente estructura, con una población en evolución, sin selección y alto flujo genético interpoblacional. Se concluye que las muestras conforman tres grupos genéticos, indicando que la población Estación Marte es la más alejada genética y geográficamente, a la cual se le puede considerar como una población alopátrica.

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 *Chrotaphytus collaris* fueron suficientes para inferir divergencias genéticas o subdivisiones dentro de la metapoblación 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* 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, 1947) es una especie micro-endémica restringida a depósitos

de arena en el desierto Chihuahuense ($\approx 500 \text{ km}^2$), 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 alopátrica, 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 6). 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 ($\sim 1 \text{ cm}$) 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 XpeditionTM 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°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 y georeferenciados. Tanto la pinza de corte como la región caudal del individuo fueron desinfectadas con alcohol al 90° GL .

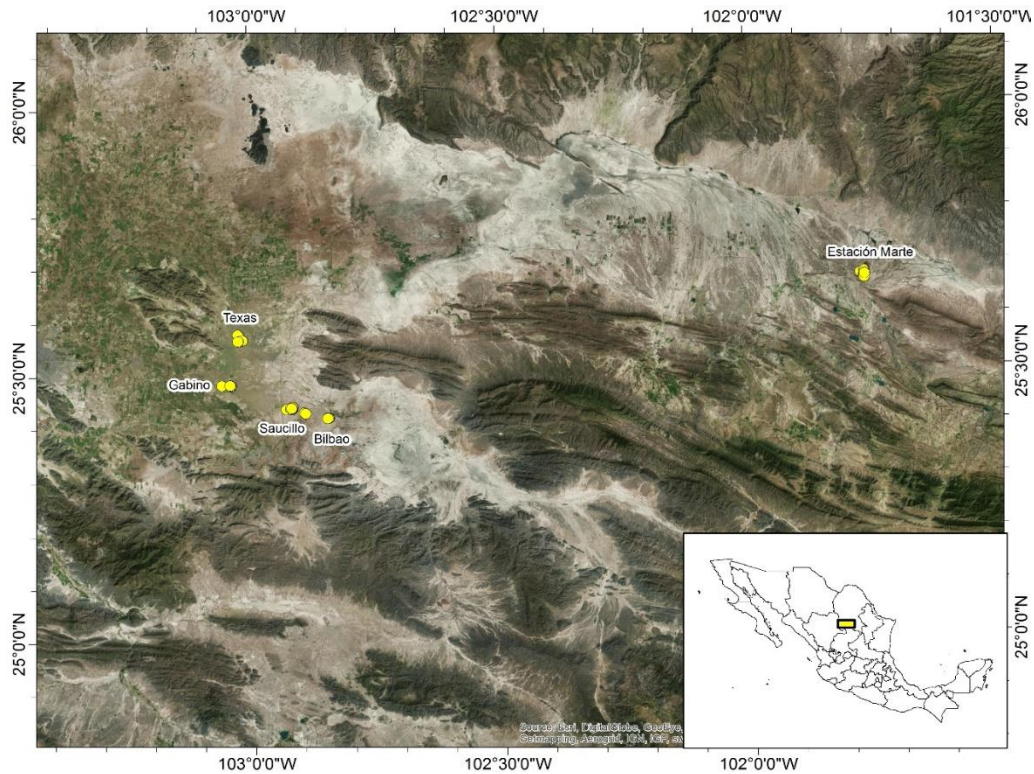


Figura 6. Mapa de ubicación del área de estudio con las poblaciones en amarillo.

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 µl de MASTER MIX (PROMEGA®), Madison, USA, 1 µl de cada oligonucleótido (10 uM), 5 µl de ADN (50 ng totales) y 5.5 µl de H₂O grado molecular. El programa térmico para el Cytb fue un ciclo inicial a 98 °C por 30 segundos, seguido por 33 ciclos de 5 segundos a 98 °C, 10 segundos a 65 °C y 30 segundos a 72 °C, y un ciclo final a

72 °C durante 5 minutos (Murphy *et al.*, 2006). La amplificación se llevó a cabo en un termociclador (Thermo Scientific Piko 24[®], CA, USA).

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[®], 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 GelMaxTM UVP[®]. 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 (π), 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). También se utilizó este programa para obtener diversas medidas de la heterogeneidad genética, así como el análisis de divergencia 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 implementada en TCS (Templeton *et al.*, 1992). Se utilizó el programa Arlequin (Scoffier, 2015) 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 cuantos grupos genéticos hay en la población y cuantos 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 7). 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 alta, lo que indica 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 $F_{st}= 0.13113$ 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, con diferencias en distancias genéticas muy altas (Tabla 1). Lo que indica que el alto flujo génico, es entre las poblaciones del Oeste (Bilbao, Saucillo, Gabino y Texas). Estación Marte está muy alejada geográficamente (155 km) de las demás poblaciones; por lo que se considera una población alopátrica, es decir, una población aislada geográficamente de las demás (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.

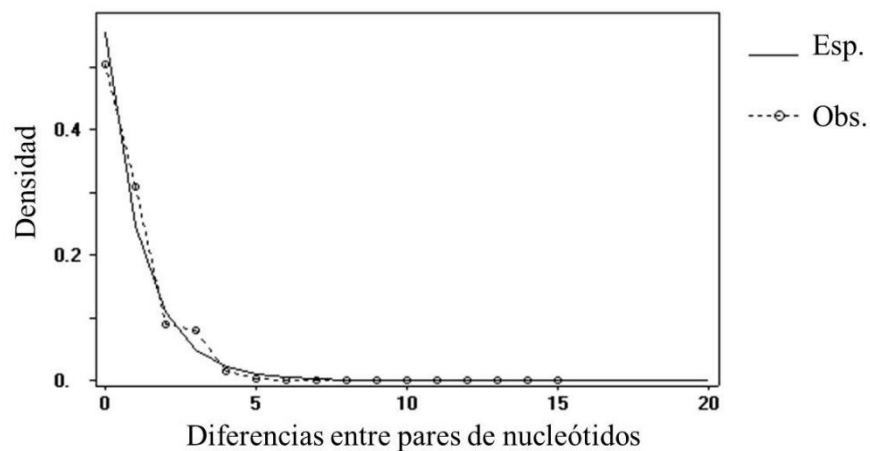


Figura 7. Distribución Mismatch para haplotipos del citocromo b en *U. exsul* de las dunas de Viesca, Coahuila, México. La frecuencia esperada se basa en un modelo de crecimiento-disminución de la población, indicando aquí una expansión poblacional.

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 Haplótipica.

Population1	Population2	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>).

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] = el haplotipo 5 está representado por tres haplotipos, el haplotipo número 5, 6 y 17, que representan a los haplotipos Bilbao5 (B5), Gabino1 (G1) y 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]

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 8). Sin embargo, en análisis con el programa Arlequín (Swofford, 2002) 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 haplotipo M5 está muy alejado del resto con cuatro mutaciones, M1 y M3 son dos haplotipos desconectados del resto, lo que indica la probabilidad de que pertenezcan a una 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* 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, dicha población podría considerarse como una unidad de origen evolutivo diferente, es decir un linaje distinto (Figuras 8 y 9). Se recomienda realizar análisis morfológicos y de variabilidad genética intraespecífica de las distintas poblaciones adicionalmente a los resultados presentados en este trabajo.

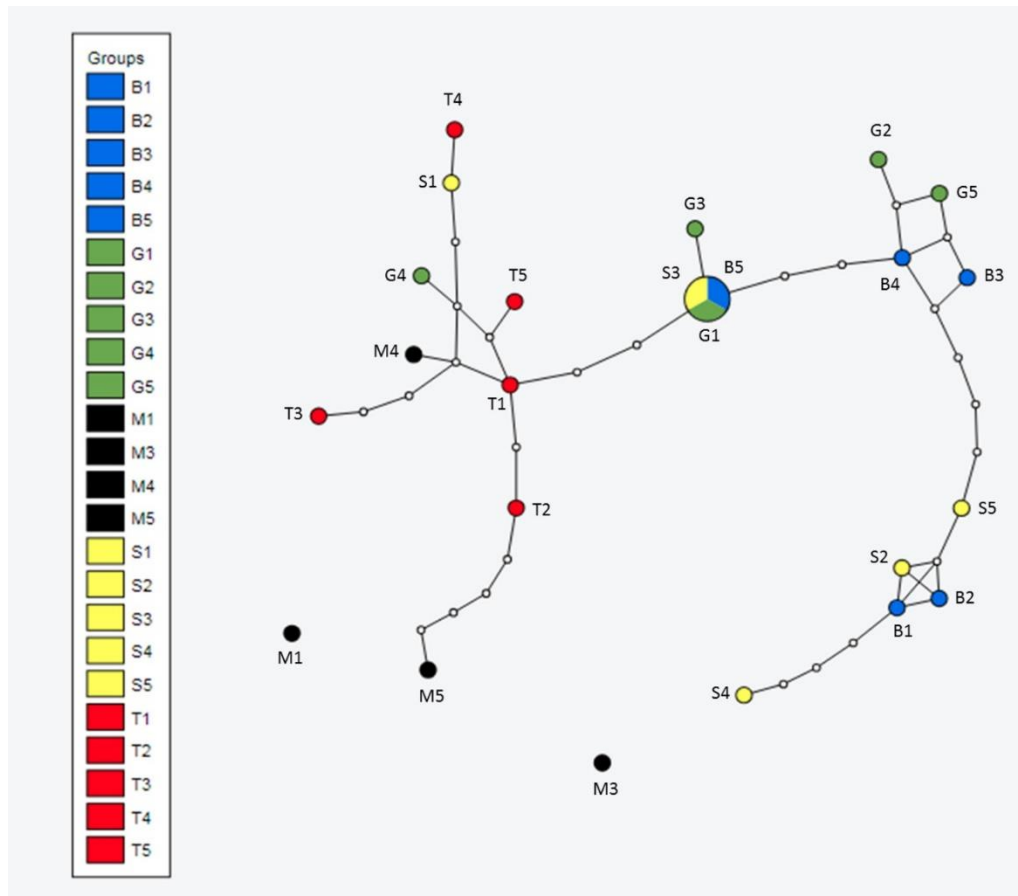


Figura 8. Patrón de haplotipos del gen citocromo b de las poblaciones muestreadas de la especie *Uma exsul*, donde: B1 hasta B5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 Saucillo, G1-G5 Gabino, T1-T5 Texas y M1-M5 Marte.

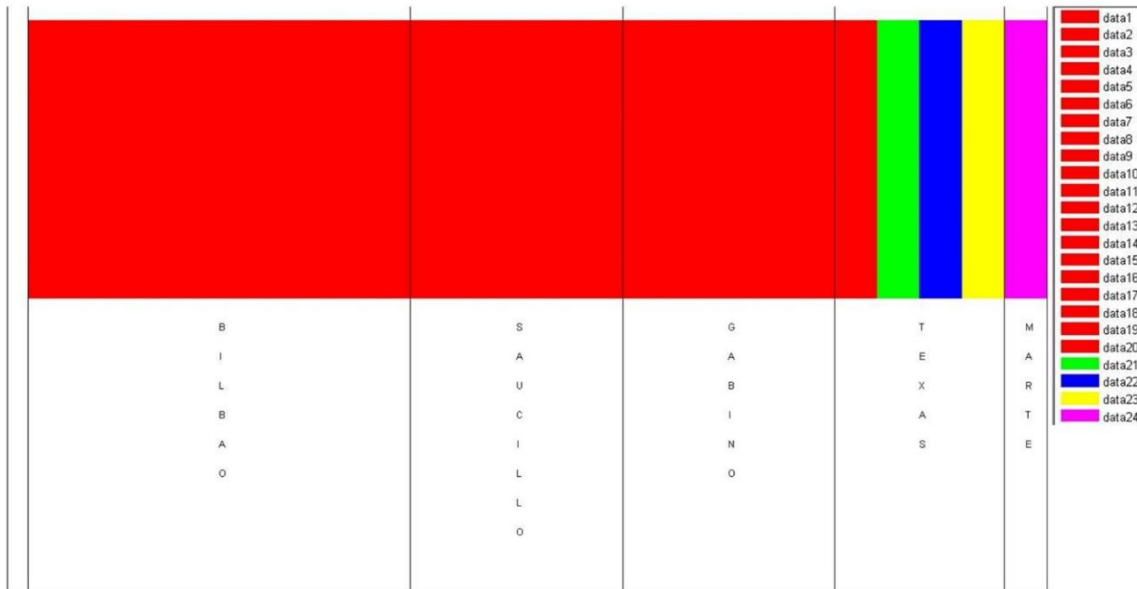


Figura 9. Estructura genética poblacional de *Uma exsul* mediante BAPS, donde: B1 hasta B5 = data1-data5 corresponden a las secuencias de Bilbao, S1-S5 = data6-data10 corresponden a Saucillo, G1-G5 = data11-data15 corresponden a Gabino, T1-T5 = data 16-20 corresponde a Texas y M1-M5 = data21-24 corresponden a Estación Marte. Cada color es un grupo genéticamente diferenciado y cada bloque (entre barras negras) es un aislado. M5 (data24) es un grupo diferente y aislado.

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 uno aislado (Figura 9). 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*, 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 1943; 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 discreto.

CAPÍTULO 3

DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE LA LAGARTIJA *Uma exsul* (Schmidt y Bogert, 1947) FRENTE AL CAMBIO CLIMÁTICO EN EL CENTRO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE.

Resumen

Uma exsul está restringida a pequeñas áreas de dunas de arena en el desierto Chihuahuense, donde la transformación de la cobertura del suelo se ha incrementado dramáticamente en los últimos años y se espera que los cambios climáticos futuros sean negativos en cuanto a la distribución de las especies de reptiles. El presente trabajo estimó la distribución potencial de la especie para los años 2000, 2020 y 2050 a escala local, usando el algoritmo de máxima entropía (MaxEnt 3.3.3k) para generar los modelos presentes y futuros. Los resultados indicaron una reducción en el área de distribución potencial de la especie para los años 2020 y 2050, con una reducción de las áreas de distribución que van de 2007.4 km² a 2024.7 km² respectivamente, las cuales representan el 82 % aproximadamente en ambos casos. Las capas que más contribuyen a esta reducción son la temperatura del trimestre más seco, temperatura del trimestre más frío y precipitación estacional. Se concluye que aunque la reducción de su distribución es muy alta, la permanencia de dos áreas poblacionales principales, una en Matamoros y otra en Estación Marte, ambas en Coahuila, podrían sostener la viabilidad de esta especie, siempre y cuando, no continúe la devastación antropogénica.

Introducción

U. exsul está restringida a pequeñas áreas de dunas de arena en el desierto Chihuahuense, donde la transformación de la cobertura del suelo se ha incrementado dramáticamente en los últimos años por lo que se espera que los cambios climáticos futuros sean graves y se prevé que se reduzca su distribución de manera significativa durante las próximas décadas (Ballesteros-Barrera *et al.*, 2008). Se ha estudiado la biología poblacional de *U. exsul* y se menciona que es una especie microendémica con distribución restringida a depósitos de arena, vulnerable al cambio climático y la actividad antrópica, por lo que se considera en peligro de extinción (Gadsden *et al.* 2001; Vazquez-Díaz, *et al.* 2007), además se han determinado los patrones de temperaturas corporales de *U. exsul* en dos áreas de dunas

(Saucillo y Gabino-Vazquez), bajo diferentes condiciones ambientales (García de la Peña *et al.*, 2005).

Los modelos bioclimáticos tienen como finalidad evaluar la sensibilidad de las especies al cambio climático, debido a que la amenaza más aguda a la supervivencia de las especies puede resultar de eventos climáticos extremos, incluyendo aumento de la temperatura y la duración de las sequías (Barrows *et al.*, 2009). Debido al alto grado de la transformación del hábitat de las dunas y a la importante reducción en la distribución de *U. exsul*, el presente trabajo estimó la distribución potencial de esta especie para los años 2000, 2020 y 2050, a escala local utilizando el software Maxent 3.3.3k, para posteriormente evaluar el supuesto de Ballesteros-Barrera *et al.* (2004) que pronostica que el cambio climático provocará la drástica reducción en la distribución de esta especie para el año 2050.

Materiales y Métodos

Datos geográficos. Los datos geográficos de la distribución de *U. exsul* se obtuvieron a partir de muestreos en campo y de la base de datos de CONABIO (2013). Se obtuvo un total de 157 registros individuales con referencia geográfica de latitud y longitud. La capa de registros de localidades fue depurada geográficamente a través de Google Earth®, para posteriormente generar el mapa de distribución conocida a través de las localidades geográficas.

Variables climáticas

La información climática se obtuvo de las 19 capas del clima actual disponibles en la versión 1.4 de la base de datos WorldClim. Estas capas contienen promedios climáticos de las condiciones meteorológicas registradas entre 1950 y 2000 con una resolución espacial de 30 segundos de arco (~ 1 km). La elección correcta de las variables climáticas basadas en la biología de la especie en estudio, juega un papel importante para la modelización robusta, en el entendido de que el clima establece los contornos generales de la distribución de las especies. Luego, se agregó a estos puntos información de las 19 variables ambientales del clima actual. Con la información generada, se realizó un análisis de correlación bivariado con el fin de reducir la multicolinealidad entre las variables de entrada. Se excluyeron las variables predictoras que estaban altamente correlacionadas ($r > |0.75|$). Se conservaron seis variables climáticas de las cuales, las que más contribuyeron al modelo fueron: temperatura

del trimestre más seco, temperatura del trimestre más frío y estacionalidad de la precipitación (Becerra-López *et al.*, 2017).

Posteriormente, utilizando el software ArcView Tools for Maxent, las variables climáticas retenidas fueron reescaladas 30 m por pixel, también se consideraron las variables de elevación y uso de suelo y vegetación (INEGI, 2015). El reescalar información climática podría llevar a la pseudo réplica; en nuestro caso para evitar esta situación se agregó información sobre componentes bióticos y abióticos que establecen diferencias a nivel microambiental para cada nuevo pixel generado (Cardoza-Martínez *et al.*, 2019).

Modelado de nicho

Para modelar la distribución geográfica potencial actual, se utilizó el algoritmo MaxEnt v.3.3.3k (Phillips *et al.*, 2006) y seis variables ambientales tipo raster obtenidas a partir del análisis de correlación bivariada mencionado anteriormente. De acuerdo a Becerra-López *et al.* (2017), MaxEnt predice la idoneidad del hábitat en función de las variables ambientales y los datos de presencia de especies. Esta idoneidad del hábitat está representada por una escala que va de 0 (idoneidad baja), a 1 (idoneidad alta). La calibración y evaluación adecuadas son necesarias para reducir la complejidad del modelo considerando la elección de: a) área accesible (fondo o área M), b) el tipo de variables que MaxEnt construye (características), y c) el tipo de salida del modelo (bruto, acumulativo o logístico), ya que estas consideraciones afectan las inferencias a realizar. La calibración y evaluación adecuadas también es especialmente importante para conjuntos de datos que sufren un sesgo de muestreo y para estudios que requieren modelos de transferencia a través del espacio o el tiempo.

Calibración del modelo

En este estudio, el método de calibración y evaluación para el modelado de *U. exsul* se llevó a cabo utilizando la biblioteca "ENMeval" en el software estadístico R 3.1.3. Se consideraron 24 registros geográficos ubicados dentro del área de distribución de *U. exsul* (Becerra-López *et al.* 2017) y las seis variables climáticas identificadas anteriormente. El modelo calibrado se evaluó calculando el criterio de información de Akaike corregido para muestras pequeñas (AICc). El AICc proporciona información sobre la calidad relativa de un modelo. Dado que

el AICc se calcula utilizando el conjunto de datos, no se ve afectado por el método elegido para la partición de datos. El modelo con el AICc más bajo fue seleccionado como el que mejor se ajusta a la especie. Los parámetros utilizados para obtener dichos modelos fueron el multiplicador de regularización (regularization multiplier) = 1, el número máximo de puntos de fondo (maximum number of background points) = 10000, el límite de convergencia (convergence limit) = 0.00001, número máximo de repeticiones (maximum iterations) = 500 y 10 réplicas. Para la validación del modelo se consideró el valor de AUC (Área bajo la curva ROC). Además, los registros ubicados fuera del área de distribución de *U. exsul* propuestos por Fitz-Maurice *et al.* (2013) se utilizaron para validar el modelo.

Resultados

La distribución conocida de la especie en estudio abarca los municipios de Matamoros, Viesca, San Pedro y Parras, en el estado de Coahuila (Figura 6). La distribución potencial estimada para el año 2000 (Figura 10), presentó un área total de 10,888 km², siendo las capas de temperatura media del trimestre más frío y la temperatura media del trimestre más seco, las capas que más contribuyeron en este modelo.

Los mapas de distribución potencial que se modelaron para los años 2020 y 2050 presentaron un área de distribución más reducida (82 % aproximadamente) y fueron de 2,007.4 km² y 2,024.7 km² respectivamente (Figuras 11 y 12), siendo la temperatura media del trimestre más frío y la precipitación estacional, las dos capas que más contribuyeron en estos dos modelos. Se realizó un modelo de nicho climático para inferir la distribución potencial y las zonas de máxima idoneidad de la especie (Figura 13).

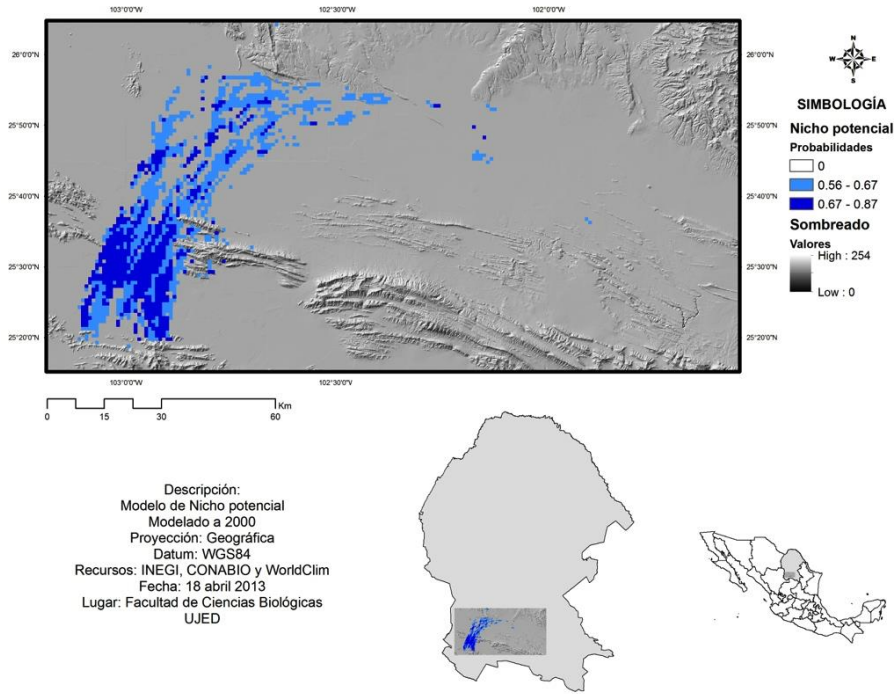


Figura 10. Distribución potencial de *U. exsul* para el año 2000.

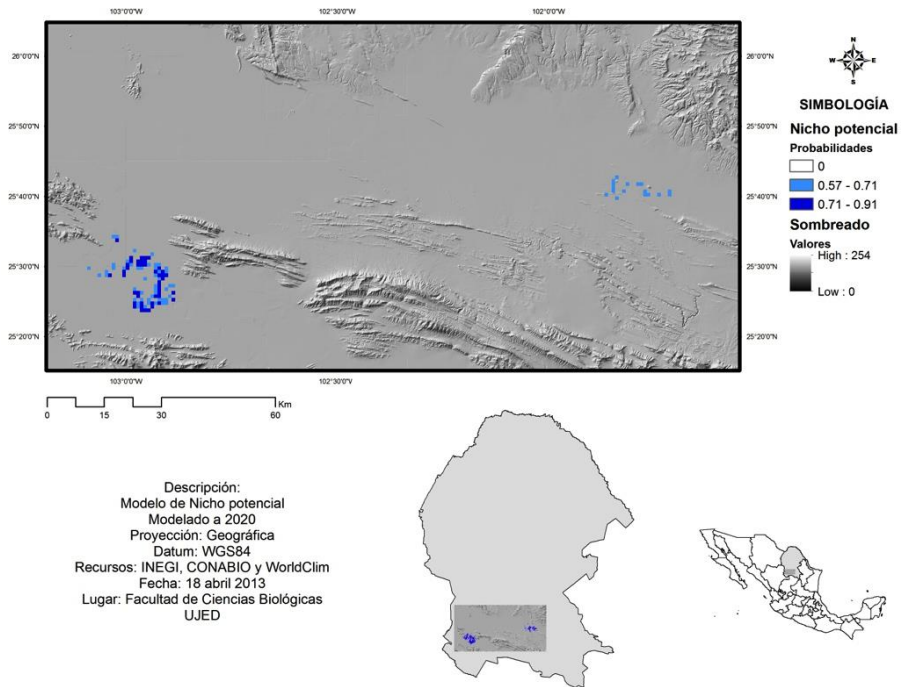


Figura 11. Distribución potencial de *U. exsul* para el año 2020.

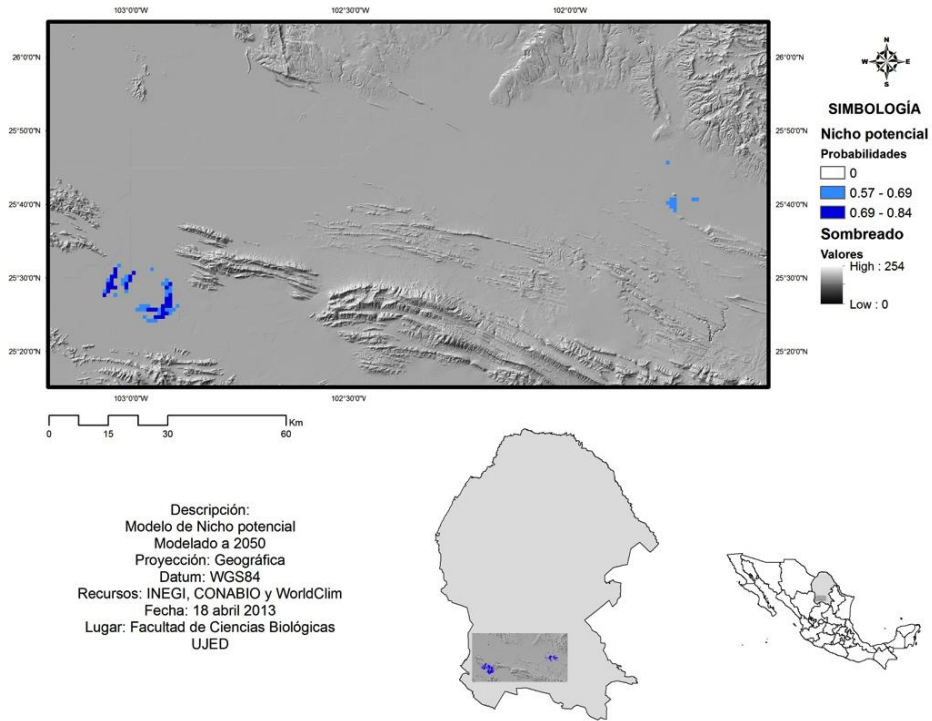


Figura 12. Distribución potencial de *U. exsul* para el año 2050.

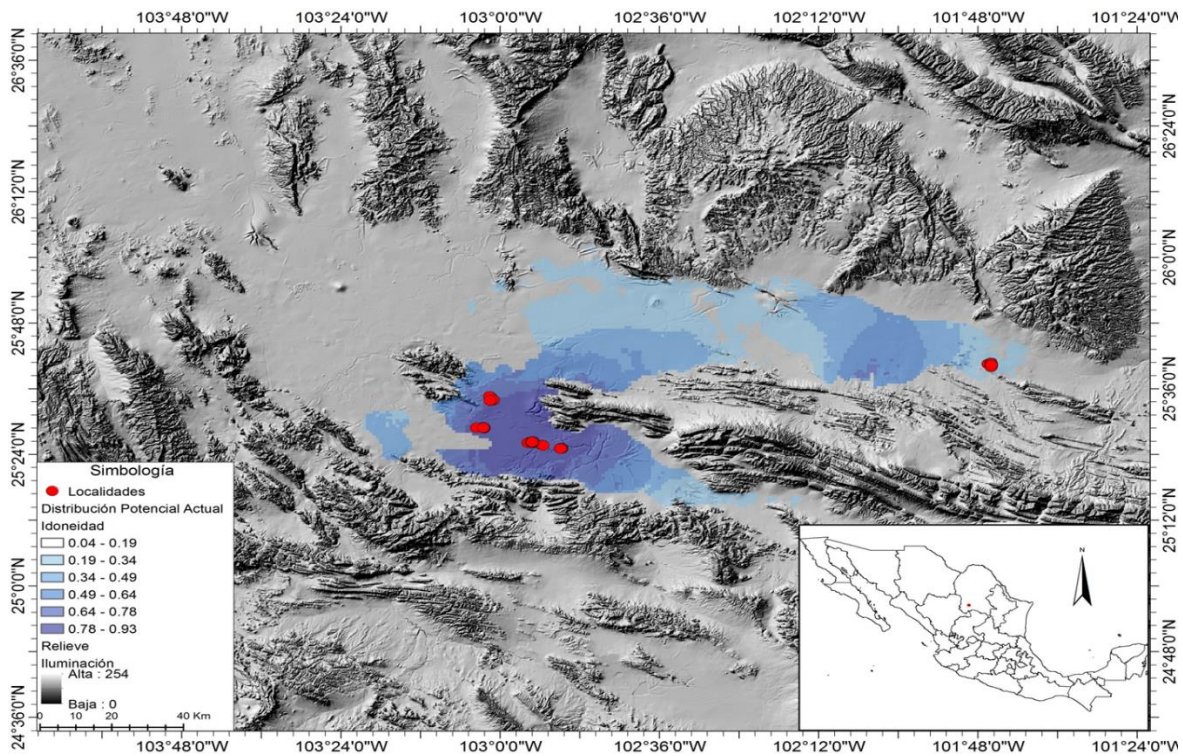


Figura 13. Modelo de nicho climático para inferir la distribución potencial y las zonas de máxima idoneidad de la especie microendémica *U. exsul* para el año 2018.

Discusión

Ballesteros-Barrera *et al.* (2008), encontraron un alto grado de transformación del hábitat por causas antropogénicas y una importante reducción en la distribución del nicho potencial de *U. exsul*. Reportaron un área de distribución potencial para el año 2000 de 5,151 km². Para el año 2020, utilizaron dos escenarios climáticos (liberales y conservadores), reportando áreas de 1,741 km² y 1,247 km² respectivamente. Igualmente para el año 2050 (usando los mismos escenarios), reportaron áreas de 845 km² y 705 km² respectivamente. Estos datos sugieren una reducción del 83 al 86% (respecto a los escenarios liberal y conservador) de la superficie del hábitat potencial para esta lagartija, en las próximas tres décadas. Así mismo, se destaca la tendencia de reducción que parece afectar en una proporción similar la reducción del hábitat de esta especie al compararla con las estimaciones de otros reptiles de ambientes áridos, aún y cuando las metodologías son diferentes (Barrows *et al.*, 2009). van Riper *et al.*, (2014) reportan que las proyecciones en el rango de distribución potencial hasta el año 2099, para aves y reptiles del suroeste de Estados Unidos, muestran una reducción considerable de sus áreas de distribución.

En este trabajo, los resultados también indicaron una reducción en el área de distribución potencial de la especie para los años 2020 y 2050 (aprox. 82 %), en comparación al año 2000. Para el año 2000, se presentó un área de distribución total de 10,888 km². Para el 2020, se encontró una reducción a 2,007.4 km², sin embargo, para el año 2050, se estima un probable y poco significativo aumento a 2,024.7 km².

Al comparar los resultados con los de Ballesteros-Barrera *et al.* (2008), se observó diferencia en las estimaciones atribuibles a tres factores principales. El primero hace considerar el tipo de algoritmo empleado, que fue el programa GARP (Genetic Algorithm for Rule-set Prediction) con una resolución de un kilómetro cuadrado (IPCC-data). Según Liras y Gómez (2008), por la determinación matemática que ellos emplearon se puede decir que GARP, basado en un algoritmo genético, ha demostrado funcionar muy bien a escalas globales. No obstante, dado que cada vez que se aplica el modelo, el resultado es ligeramente diferente, no es muy adecuado para aplicaciones que busquen un entendimiento de la ecología de la especie. Por el contrario, MaxEnt está basado en una distribución de probabilidad, por lo que supliría el déficit explicatorio de GARP, y sería más preciso al utilizarlo en escalas de distribución con mayor resolución.

El segundo factor involucra el hecho de que durante su estudio, Ballesteros *et al.*, (Op. cit.) no consideraron algunas coordenadas de presencia de la especie que fueron descritas por Lemos-Espinal y Smith (2007) y que se localiza aproximadamente a 150 kilómetros lineales al Este de la única zona conocida para *U. exsul*. Además se puede suponer que tuvo una mayor reducción en comparación a los resultados de este trabajo, pues en el estudio citado se restringieron los resultados a los polígonos de uso de suelo y vegetación. La tercera consideración, es el hecho de que en el estudio actual se utilizó el escenario de cambio climático considerado como regular, en donde no se prevé una reducción de la producción de gases de efecto invernadero a nivel global, sino una producción de gases de invernadero en incremento proporcional con el aumento de las necesidades de la población humana hasta el 2050 (Janssens-Maenhout *et al.*, 2012).

La importante reducción en la distribución potencial de la especie, en un futuro, pudiera ser causada principalmente por el aumento de la temperatura o vulnerabilidad al cambio pronosticado por el calentamiento global y a la reducción de la precipitación que se pronostica para esos años; aunque otros factores como la erosión del hábitat por actividad humana, el bloqueo de las fuentes de ingreso de arena a causa de la construcción de presas río arriba, la fragmentación por la agricultura, aunado a la creación de carreteras y otras obras de infraestructura, también contribuyen a su reducción (López-Corrujedo, 2004). Sin embargo, de acuerdo al mapa de máxima idoneidad, todas las poblaciones, con excepción de la población denominada Estación Marte, se ubican dentro de los límites de máxima idoneidad.

CAPÍTULO 4

VEGETACIÓN Y COMPACTACIÓN ASOCIADA A LA LAGARTIJA *Uma exsul* (Schmidt y Bogert, 1947) EN EL CENTRO DEL DESIERTO CHIHUAHUENSE.

Resumen

Uma exsul está restringida a pequeñas áreas de dunas de arena en el desierto Chihuahuense, donde la transformación de la cobertura vegetal se ha incrementado en los últimos años y se espera que los cambios climáticos futuros contribuyan de manera significativa a este proceso. Los objetivos fueron determinar la composición vegetal, su valor de importancia y el grado de compactación en el área de distribución de las cinco poblaciones de la especie en estudio. Los resultados indicaron que la vegetación y la compactación del suelo dentro de los sitios de muestreo, tuvo un patrón similar en cuatro de las cinco poblaciones donde habita *U. exsul*, con excepción de la población que se encuentra en Estación Marte. De manera general se reconoció a la gobernadora (*Larrea tridentata*) y el saladillo (*Suaeda nigrescens*) como las dos especies con un mayor valor de importancia para tres de los sitios de muestreo. Sin embargo, en la población conocida como Texas, *S. nigrescens* es sustituida por *Opuntia rastrera*. Finalmente, en la población denominada Estación Marte, la especie con mayor valor de importancia fue *Jatropha dioica*, desplazando a *L. tridentata*. Cabe mencionar que se reconoce a la gobernadora (*L. tridentata*) y el saladillo (*S. nigrescens*), como las dos especies vegetales más importantes para la permanencia de la lagartija *U. exsul*, ya que utiliza en mayor medida estas dos especies para termorregular y realizar sus requerimientos ecológicos principales durante sus horas de actividad. El grado de compactación del suelo, mostró un patrón que se corresponde con la vegetación, siendo el sitio Texas, el menos compacto y Estación Marte, donde se encontró mayor compactación.

Introducción

U. exsul está restringida a pequeñas áreas de dunas de arena en el suroeste de Coahuila, en el desierto Chihuahuense (Commins y Savitzky, 1973), donde la transformación de la cobertura vegetal y la compactación de suelo, se ha incrementado en los últimos años por lo que se espera que los cambios climáticos futuros impacten de manera significativa la composición vegetal y el grado de compactación del suelo en estos ecosistemas de dunas. El grado de estabilidad y

compactación de la arena, afecta la distribución de especies vegetales y animales (Seely, 1991; Gadsden *et al.* 2001).

U. exsul es una especie microendémica, especialista con distribución restringida a depósitos de arena, vulnerable al cambio climático y la actividad antrópica, por lo que se considera por la NOM-059-SEMARNAT-2010 y la Lista Roja de Especies Amenazadas, en peligro de extinción (Gadsden *et al.*, 2001; Vazquez-Díaz *et al.*, 2007).

La mayoría de los procesos fisiológicos en los lacertilios del grupo Phrynosomatidae, son altamente sensibles a la temperatura, por esto, han desarrollado distintas estrategias etológicas, como el uso de madrigueras, enterrarse bajo la arena y protegerse a la sombra de la vegetación arbustiva, para llevar a cabo sus necesidades fisiológicas de sobrevivencia (Gadsden *et al.*, 2001; Valdez-Villavicencio, 2013; López-Martínez, 2014). Esta especie, al ser totalmente heliotérmica, presenta ciertos patrones de actividad termorreguladora asociada a los patrones de vegetación del lugar donde habita, es decir, sus horas operativas están restringidas a periodos donde la intensidad de la temperatura es menor: de 9 am a 2 pm y de 4 pm a 7 pm aprox. durante la estación de verano. Durante el invierno se comporta de manera unimodal en un periodo de 10 am a 5 pm. Siendo *L. tridentata* la especie preferida para protegerse de la radiación y termorregular. La segunda especie preferida para termorregular es *S. nigrescens* (López-Martínez, 2014).

Las dunas de arena donde habita este reptil, se encuentran en la parte final de las cuencas de los ríos Nazas y Aguanaval en la Comarca Lagunera, al norte de México. Estos depósitos de arena tienen una distribución discontinua formando áreas de tamaño variable. El impacto a su hábitat se ha visto acelerado por el crecimiento del cordón agrícola y habitacional de la zona, que ha ido envolviendo y fragmentando la zona de dunas. Por otro lado la construcción de presas (en la parte alta y media de la cuenca) y canales de riego, trajo consigo un bloqueo y desvío de las vías naturales de estos ríos, interrumpiendo de esta manera los posibles aportes naturales de arena a las lagunas de Mayrán y Viesca (López-Corrujedo, 2004).

El tipo de vegetación dominante en el área es matorral xerófilo (Rzedowski, 1978). La vegetación abierta, típica de dunas, se deriva de la flora del matorral xerófilo circundante, que también incluye plantas especialmente adaptadas a la alta alcalinidad y las elevadas concentraciones de sal (Powell y Turner, 1974; Brown, 1982). En el área de dunas, las especies dominantes, son la gobernadora

(*Larrea tridentata*) y en menor escala el saladillo (*Suaeda nigrescens*). En algunas zonas muy localizadas, se presenta la dominancia de otras especies como mezquites (*Prosopis glandulosa*) y nopaleras (*Opuntia rastrera*). Otras especies presentes que aunque no forman unidades definidas, son notorias en el paisaje: el ocotillo (*Fouquieria splendens*), el zacate salino (*Hilaria mutica*), el cardenche (*Opuntia imbricata*), el tasajillo (*Opuntia leptocaulis*), entre otras. Además se observan algunas otras especies de plantas anuales, que en años lluviosos, forman una alfombra verde que cubre casi totalmente el suelo arenoso (López-Corrujedo, 2004).

Por lo anterior es de suma importancia caracterizar la vegetación y el grado de compactación del suelo en los ecosistemas donde habitan las cinco principales poblaciones de esta especie para evaluar diferencias significativas entre los sitios.

Materiales y métodos

Área de estudio

Las cinco poblaciones en estudio (Bilbao, Saucillo, Gabino, Texas y Estación Marte) Se ubican en la parte Suroeste de Coahuila entre los paralelos 25° 41' 14'' y 25° 24' 18'' de Latitud Norte; y los meridianos 102° 49' 10'' y 103° 07' 35'' de Longitud Oeste (Figura 6). Consiste de cinco áreas o polígonos irregulares donde se distribuyen los montículos de arena (dunas) de extensión y altura variable (que van desde 0.5 m hasta 20 m de altura). Limita al Oeste con la superficie irrigada del municipio de Matamoros; Al Norte con la superficie irrigada del municipio de San Pedro; Al Este con una depresión donde se encuentran las antiguas Lagunas de Mayrán y Viesca y al Sur con la planicie donde se encuentra la ciudad de Viesca Coahuila. (INEGI, 2015).

Toma de datos

Se realizó un muestreo durante el periodo comprendido del 30 de abril al 4 de mayo de 2018. El registro de datos se llevó a cabo en los cinco sitios seleccionados, de la siguiente manera: Bilbao (30 de abril), Saucillo (1 mayo), Gabino (2 de mayo), Texas (3 de mayo) y E. Marte (4 de mayo). En cada sitio se hicieron cuatro transectos en línea, estacas-cuerda, de 30 metros de extensión, en dirección N, S, E, O, a partir del sitio donde se obtuvo registro de presencia de un individuo de *U. exsul*. Los datos obtenidos fueron: especie, diámetro 1, diámetro 2 y altura (Brower y Zar, 1977; Franco-López *et al.*, 1996).

Se tomaron fotografías de cada sitio a una altura de 1000 metros, utilizando un Dron Phantom 3 standard para comparar la distribución de la vegetación entre cada sitio, y demostrar la escasa presencia y distancia entre los individuos.

Para medir el grado de compactación, se ubicó un punto central y puntos aleatorios de 0-60 m desde el mismo punto de partida seleccionado para el muestreo de vegetación, abarcando todas las orientaciones geográficas (N, S, E, O). Se tomaron 15 muestras por sitio, utilizando un compactómetro marca NL[®] scientific. Los datos se expresan en kg/cm².

Análisis de datos

Se calculó abundancia, cobertura, frecuencia y valor de importancia relativos por especie vegetal (Brower y Zar, 1977; Franco-López *et al.*, 1996) para cada sitio de muestreo y de manera global.

Para los datos de compactación, se realizó una prueba de normalidad

Resultados

Para los sitios de Bilbao, Saucillo y Gabino (Tablas 4, 5 y 6), las especies vegetales más importantes fueron *L. tridentata* y *S. nigrescens*; en cambio para la población Texas (Tabla 7), fueron *L. tridentata* y *O. rastrera*; para Estación Marte (Tabla 8), *J. dioica* seguida de *L. tridentata*, fueron las más importantes. Esta última zona fue donde se presentó la mayor riqueza vegetal, además de ser la más compactada (Tabla 9) y lejana al resto de los sitios muestreados (Figuras 13 y 18).

En la población de Texas, se aprecia que la cobertura y el V.I. de *O. rastrera* se incrementa en contraste con los sitios de Bilbao, Saucillo y Gabino, donde *L. tridentata* y *S. nigrescens* son las dos especies dominantes. De hecho, el grado de compactación en Texas, es el más bajo encontrado en las cinco poblaciones muestreadas (Tabla 9) y *O. rastrera* presenta un mayor V.I. que *S. nigrescens* (Tabla 7). La vegetación en Estación Marte es la más diversa (Tabla 8), donde domina *J. dioica*; mientras que *L. tridentata* es la especie dominante en el resto de los sitios.

Tabla 3. Caracterización de la vegetación asociada a las poblaciones de *Uma exsul* en Bilbao, Saucillo, Gabino, Texas y Estación Marte, en Coahuila.

Listado de especies

Arbustos

Larrea tridentata (Gobernadora)

Suaeda nigrescens (Saladillo)

Prosopis glandulosa (Mezquite)

Cylindropuntia imbricata (Cardenche)

Cylindropuntia leptocaulis (Tasajillo)

Opuntia rastrera (Nopal rastrero)

Opuntia rufida (Nopal rojizo)

Agave lechuguilla (Lechuguilla)

Jatropha dioica (Sangre de drago)

Fouquieria splendens (Ocotillo)

Herbáceas

Tidestromia lanuginosa (Hierba ceniza)

Hilaria mutica (Zacate toboso)

Vegetación y compactación en la población de Bilbao (Tabla 4 y Figura 14). Grado de compactación: **2.12 kg/cm²**

Tabla 4. Vegetación predominante en Bilbao.

Especie	Abundancia	Cobertura	Frecuencia	V.I.
<i>Larrea tridentata</i>	56.1	55.8	77.7	63.2

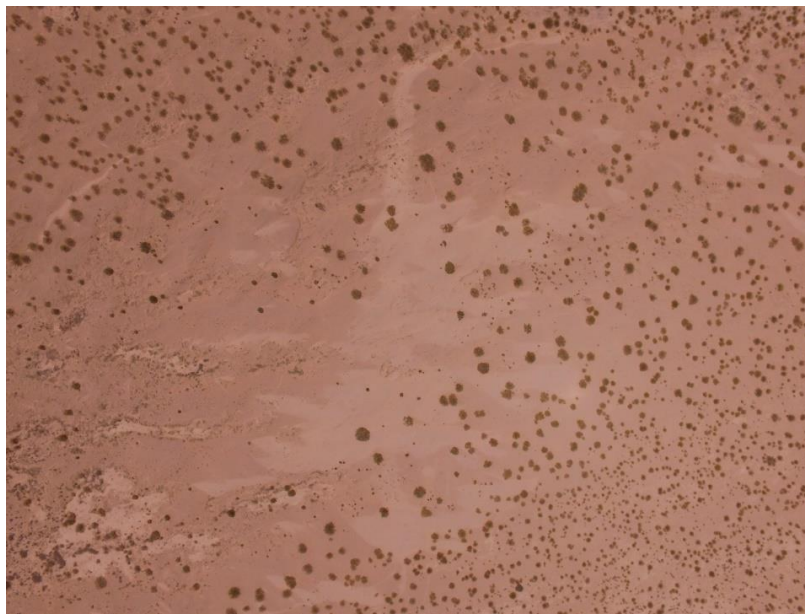


Figura 14. Fotografía tomada el 30 de abril de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Bilbao, Coahuila.

Vegetación y compactación en la población de Saucillo (Tabla 5 y Figura 15). Grado de compactación: **1.54 kg/cm²**

Tabla 5. Vegetación predominante en Saucillo.

Especie	Abundancia	Cobertura	Frecuencia	V.I.
<i>Larrea tridentata</i>	73.3	76.7	77.7	75.9
<i>Suaeda nigrescens</i>	31.5	36.9	44.4	37.6

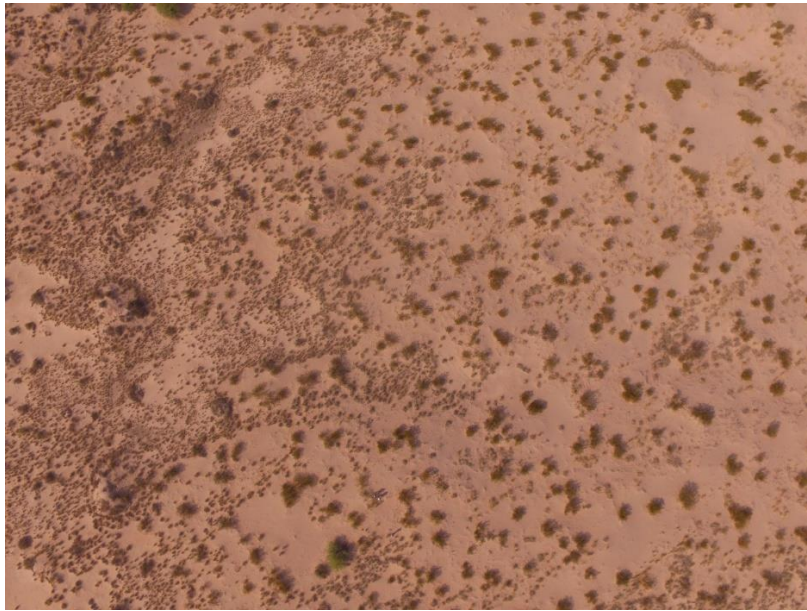


Figura 15. Fotografía tomada el 1 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Saucillo, Coahuila.

Vegetación y compactación en la población de Gabino (Tabla 6 y Figura 16). Grado de compactación: **1.79 kg/cm²**

Tabla 6. Vegetación predominante en Gabino.

Especie	Abundancia	Cobertura	Frecuencia	V.I.
<i>Larrea tridentata</i>	77.5	90.1	77.7	81.8
<i>Suaeda nigrescens</i>	5	2.8	44.4	17.4

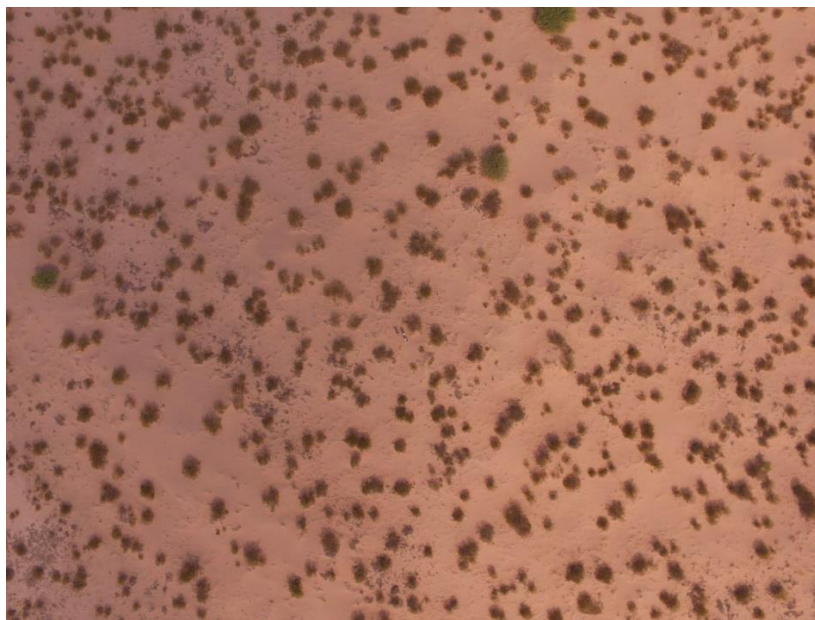


Figura 16. Fotografía tomada el 2 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Gabino, Coahuila.

Vegetación y compactación en la población de Texas (Tabla 7 y Figura 17). Grado de compactación: **1.49 kg/cm²**

Tabla 7. Vegetación predominante en Texas.

Especie	Abundancia	Cobertura	Frecuencia	V.I.
<i>Larrea tridentata</i>	53.4	56.1	77.7	62.4
<i>Opuntia rastrera</i>	11.6	2.5	22.2	12.1



Figura 17. Fotografía tomada el 3 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Texas, Coahuila.

Vegetación y compactación en la población de Estación Marte (Tabla 8 y Figura 18). Grado de compactación: 3.25 kg/cm^2

Tabla 8. Vegetación predominante en Estación Marte.

Especie	Abundancia	Cobertura	Frecuencia	V.I.
<i>Jatropha dioica</i>	36.8	35.5	23.5	31.9
<i>Larrea tridentata</i>	22.8	23.8	27.5	24.7
<i>Fouquieria splendens</i>	15.8	29.2	23.5	22.8
<i>Opuntia rastrera</i>	5.3	3.9	11.8	6.9
<i>Agave lechuguilla</i>	10.5	4.3	5.9	6.9
<i>Opuntia rufida</i>	7.0	2.4	5.9	5.1
<i>Cylindropuntia imbricata</i>	1.8	0.9	5.9	2.8



Figura 18. Fotografía tomada el 4 de mayo de 2018, a 1000 metros de altura, mediante un Dron Phantom 3 standard en Estación Marte, Coahuila.

Texas es el sitio menos compactado, mientras que Estación Marte, presenta el mayor grado de compactación. Para determinar el grado de compactación, se tomaron 15 datos en cada una de las cinco poblaciones, para un total de 75 datos (Tabla 9).

Tabla 9. Datos y promedios de compactación para cada sitio, expresada en kg/cm² de presión.

Compactación				
Bilbao	Saucillo	Gabino	Texas	Marte
2.7	0.5	1.5	1.0	1.5
2.0	0.7	1.0	0.7	3.4
3.3	1.0	1.5	1.6	1.0
4.0	4.0	3.0	0.6	5.0
2.3	1.0	1.5	1.2	5.0
2.5	1.3	2.4	0.5	5.0
1.0	0.5	2.0	1.1	2.2
2.1	1.5	2.5	1.0	2.4
1.6	1.0	1.3	2.4	1.2
2.0	0.5	1.9	2.5	1.3
1.5	4.0	2.2	2.6	4.4
2.2	1.5	0.5	1.4	5.0
2.5	0.7	1.4	2.1	5.0
1.0	3.8	3.0	1.4	5.0
1.1	1.2	1.2	2.3	1.4
2.12	1.54	1.76	1.49	3.25

Para estimar la media y comparar la diferencia en el grado de compactación entre cada población, se realizó la prueba no paramétrica Kruskal-Wallis (Tabla 10).

Tabla 10. Prueba no paramétrica Kruskal-Wallis y Diferencia significativa entre la compactación de las cinco poblaciones.

Poblaciones	N	Estadístico (Media)	Rango promedio (Compactación)	Diferencia (P<0.05)
(1) Bilbao	15	2.12	43.67	(2)
(2) Saucillo	15	1.54	25.63	(1)(5)
(3) Gabino	15	1.79	37.63	(5)
(4) Texas	15	1.49	30.00	(5)
(5) Marte	15	3.25	53.07	(2)(3)(4)

Discusión

A medida que el suelo es más compacto, se presenta una mayor cobertura y diversidad vegetal como posible consecuencia de los efectos del cambio climático antropogénico. Esta suposición ha sido poco evaluada y aunque se prevé un posible efecto directo del cambio climático sobre las especies vegetales, tal efecto es incierto (Lioubimtseva y Cole, 2006). Sin embargo, en Estación Marte, a diferencia del resto de los sitios muestreados, se observó que dicho efecto influye negativamente, ya que *U. exsul*, está adaptada a dunas de arena móviles y poco compactas, para construir madrigueras y enterrarse (Gadsden *et al.*, 2001, 2006, 2012). Además, en todos los sitios de estudio, se presenta un deterioro directo debido a causas antropogénicas como la agricultura o la ganadería, uso de vehículos todo terreno y basureros que ocasionan fragmentación y compactación de las áreas de dunas (López-Corrujedo, 2004; Ballesteros-Barrera *et al.*, 2008). Además se observa, que en Estación Marte, la cobertura relativa y el V.I.

de *J. dioica* se incrementan a medida que disminuyen los de *L. tridentata*. Lo anterior puede sugerir que los efectos del proceso de cambio o sucesión vegetal que han tenido las dunas con el tiempo, pasando de dunas móviles a dunas compactas y estabilizadas, repercuten en una modificación de la estructura y composición de la vegetación. De esta manera, se destaca la posible influencia que tiene una buena cobertura vegetal en el sistema de dunas sobre la dinámica de los lacertilios (Gadsden *et al.*, 2001, 2006, 2012).

Además es la población que se ubica más al norte que las tres mencionadas anteriormente, por lo que hace algunos años no presentaba mayor presión antropogénica. Sin embargo, en la actualidad, además de la carretera que fragmenta la población de Texas, existe la construcción estación de energía solar de gran tamaño. (Obs. pers.).

Valdez-Villavicencio (2013), menciona que el grupo de lagartijas, al cual pertenece *U. exsul*, ha desarrollado distintas estrategias etológicas como el uso de microhábitats para sobrevivir a las condiciones de escasa cobertura vegetal. Lo anterior, concuerda con lo observado en Estación Marte ya que fue el sitio con el mayor grado de compactación y la diversidad vegetal es mayor al resto de las poblaciones. Esto repercute en la estrategia evasiva de los individuos, que mostraban una mayor velocidad y distancia de escape, incrementando el esfuerzo de captura (80 horas/4 individuos muestreados). Se observó que la especie se encuentra más presionada por la escasa cobertura vegetal que le ofrecen especies como *J. dioica*, dado que ésta especie presenta poca superficie de cobertura que le permita a *U. exsul* esconderse y termorregular.

Asimismo, se recomienda desarrollar un muestreo de la diversidad vegetal, con un mayor tamaño de muestra, dentro de las dunas habitadas por *U. exsul*, para reforzar la idea de la posible vulnerabilidad de su entorno a partir del probable deterioro que pudiera sufrir este componente biótico, no solo por el calentamiento global, sino al sumarle la transformación que ha presentado el ambiente por causas de pérdida de arena, compactación del terreno y efecto de la agricultura de temporal (Varner y Dearing, 2014). Según Sinervo (2010), el calentamiento global proyectado, causará erosión en las condiciones del hábitat, provocando una disminución en las poblaciones de lacertilios y por ende de esta especie.

CONCLUSIONES

U. exsul presentó 22 haplotipos, siendo Bilbao5 el haplotipo ancestral, cuatro de ellos (Estación Marte) candidatos a posibles nuevas unidades evolutivamente significativas. *U. 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 considera 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 no sólo de proteger la especie, que es sumamente vulnerable y se encuentra en estatus de conservación, sino conservar la variabilidad genética que permitiría su adaptación a futuras perturbaciones del hábitat.

El nicho potencial de *U. exsul* se reducirá en un 82 % para los años 2020 y 2050. Las capas que más contribuyen a esta reducción son la temperatura del trimestre más seco, temperatura del trimestre más frío y precipitación estacional. Se concluye que aunque la reducción de su distribución es muy alta, no se compromete la permanencia de las poblacionales hasta 2050. La única población que se encuentra fuera de la zona que presenta máxima idoneidad climática es Estación Marte. Lo anterior indica que está bajo una presión ambiental y antropogénica más fuerte que el resto de las poblaciones.

Es evidente que en Bilbao, Saucillo y Gabino, existe una tendencia donde la cobertura y el V.I. de *S. nigrescens* se incrementa a medida que disminuye el de *L. tridentata*, ya que se observaron valores de compactación similares. Texas es el sitio menos compactado y no sigue la tendencia anterior. En el caso de Estación Marte, el grado de compactación y la diversidad vegetal son significativamente diferentes al resto de las poblaciones. *U. exsul*, presenta una presión ambiental y antropogénica más fuerte, por lo cual, se propone modificar las estrategias de conservación, ya que actualmente no existe una estrategia de conservación formal para ésta y

otras especies de la zona.

Por todo lo anterior, se recomienda aplicar métodos de delimitación de especies como el Bayesiano y análisis morfométricos, para determinar formalmente si la población de Estación Marte es un nuevo linaje evolutivo.

BIBLIOGRAFÍA

Introducción

Adest G A. 1977. Genetic relationships in the genus *Uma* (Iguanidae). *Copeia* 1977:47-52.

Ballesteros-Barrera C, Martínez-Meyer E y Gadsden H. 2008. Effects of land-cover transformation and climate change on the distribution of two microendemic lizards, genus *Uma*, of northern Mexico. *Journal of Herpetology* 41(4):733-740.

Commins M L y Savitsky HA. 1973. Field observations on a population of the sand lizard *Uma exsul*. *Journal of Herpetology* 7:51-53.

Derycke E G, Gottscho AD, Mulcahy DG, De Queiroz K. 2020. A new cryptic species of fringe-toed lizards from southwestern Arizona with a revised taxonomy of the *Uma notata* species complex (Squamata: Phrynosomatidae). *Zootaxa*. 4778(1); 67-100. doi: 10.11646/zootaxa.4778.1.3.

Gadsden H, Palacios-Orona LE y Cruz-Soto GA. 2001. Diet of the Mexican Fringe-toed Lizard (*Uma exsul*). *Journal of Herpetology* 35: 493-496.

IUCN. 2018. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2018-1. <http://www.iucnredlist.org>

Lemos-Espinal AJ y Smith MH. 2007. Anfibios y reptiles del estado de Coahuila, México. Conabio-UNAM: pp 120-121.

López-Corrujedo H. 2004. Variabilidad espacial y temporal de los sistemas de dunas en el suroeste de Coahuila, México. Tesis de Maestría UJED. 65p.

Morafka D J, Adest GA, Reyes ML, Aguirre LG y Liberman SS. 1992.

Mosauer W. 1935. The reptiles of the sand dune area and its surroundings in the Colorado Desert, California: a study in habitat preference. *Ecology* 16:13-27.

Norris K S. 1958. The evolution and systematics of the iguand genus *Uma* and its relation to the evolution of other North American desert reptiles. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 114:247-326.

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.

Trepanier T L. 2002. Conserving genetic diversity in Fringe-Toed-Lizard: a phylogenetic approach. A Tesis of Doctor Phylosophy degre. The Univesity of Toronto. 151p.

Vázquez-Díaz J, Gadsden, H, Quintero Díaz GE, Ponce-Campos P y Lavín P. 2007. *Uma exsul*. The IUCN Red List of Threatened Species 2007. Downloaded on December 2018.

Bibliografía Capítulo 1

Gadsden H, López-Corrujedo H, Estrada-Rodríguez JL y Romero-Méndez U. 2001. Biología poblacional y conservación de la lagartija de arena de Coahuila, México, *Uma exsul*. *Boletín de la Sociedad Herpetológica Mexicana* 9: 51-66.

Gadsden H, Davila CA y Gil MR. 2006. Reproduction in the arenicolus Mexican lizard *Uma exsul*. *Journal of Herpetology* 40:117-122.

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.

IUCN. 2018. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2018-1. <http://www.iucnredlist.org>

Lemos-Espinal AJ y Smith MH. 2007. Anfibios y reptiles del estado de Coahuila, México. Conabio-UNAM: pp 120-121.

López-Corrujedo H. 2004. Variabilidad espacial y temporal de los sistemas de dunas en el suroeste de Coahuila, México. Tesis de Maestría UJED. 65p.

Rzedowski J. 1978. Vegetación de México. Editorial México.

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.

Bibliografía Capítulo 2

Branch L C, Clark AM, Moler PE y Bowen BW. 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 WP, Westh H, Boye K, Gulay Z, Bentley SD, Parkhill J, Holden MT y Feil EJ. 2012. Phylogeographic variation in recombination rates within a global clone of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Genome Biology* 13(12): 126. doi:10.1186/gb-2012-13-12-r126.

Cheng L, Connor TR, Sirén J, Aanensen DM y Corander J. 2013. Hierarchical and Spatially Explicit Clustering of DNA Sequences with BAPS Software. *Mol, Biol, Evol.* 30(5): 1224-1228.

Clement M, Posada D y Crandall KA. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Mol Ecol* 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 LE y Cruz-Soto GA. 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 AW, Ashton KG, Mushinsky HR, y McCoy ED. 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 TA. 2000. Effective Population Size and Genetic Structure of a Population of Collared Lizards, *Crotaphytus collaris*, in Central Oklahoma. *Copeia* 2000(3) 786-791.

Hudson R R, Boos DD y Kaplan NL. 1992. A statistical test for detecting population subdivision. *Mol. Biol. Evol.* 9: 138-151.

Hudson R R, Slatkin M y Maddison WP. 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 CR. 1969. Evolution of protein molecules in H. N. Munro (ed.), Mammalian Protein Metabolism. Academic Press, New York: pp. 21-132.

Kocher T D, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX y Wilson AC. 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 DD y Polesky HF. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res 16:1215.

Mulvaney A, Castoe TA, Ashton KG, Krysko KL y Parkinson CL. 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 TL y Morafka DJ. 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, R.W.D. 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Second Edition. Plainview, New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Santos A M, Cabezas MP, Tavares AI, 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 CM. 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. Versión 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. pp 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 KA y Sing CF. 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 Phylosophy degre. The Univesity of Toronto. 151p.

Vázquez-Díaz J, Gadsden H, Quintero Díaz GE, Ponce-Campos P y Lavín P. 2007. *Uma exsul*. The IUCN Red List of Threatened Species 2007. Downloaded on December 2018.

Wright S. 1943. Isolation by distance. Genetics 28: 114-138.

Yoke M M, Morando M, Avila LJ y Sites JW. 2006. Phylogeography and genetic structure in the *Cnemidophorus longicauda* complex (SQUAMATA, TEIIDAE). *Herpetológica* 62(4): 420-434. doi:10.1655/0018-0831(2006)62-424;pags.

Bibliografía Capítulo 3

Barrows W C, Rotenberry TJ y Allen FM. 2009. Assessing sensitivity to climate change and drought variability of a sand dune endemic lizard. *Biological Conservation*.

Ballesteros-Barrera C, Hernández O, González SC y Martínez-Meyer E. 2004. Modelado del nicho ecológico para especies con distribución restringida: implicaciones para su conservación. Resúmenes de la VIII Reunión Nacional de Herpetología Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Villahermosa, Tabasco. México.

Ballesteros-Barrera C, Martínez-Meyer E y Gadsden H. 2008. Effects of land-cover transformation and climate change on the distribution of two microendemic lizards, genus *Uma*, of northern Mexico. *Journal of Herpetology* 41(4): 733-740.

Becerra-López J L, Esparza-Estrada CE, Romero-Méndez U, Sigala-Rodríguez JJ, Mayer Goyenechea IG, Castillo-Cerón JM (2017). Evidence of niche shift and invasion potential of *Lithobates catesbeianus* in the habitat of Mexican endemic frogs. *PLoS ONE* 12(9): e0185086. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185086>

Cardoza-Martínez G F, Becerra-López JL, Esparza-Estrada CE, Estrada-Rodríguez JL, Czaja A, Ehsan M, Baltierra-Trejo E, Romero-Méndez U. 2019. Shifts in Climatic Niche Occupation in *Astrophytum Coahuilense* (H. Möller) Kayser and Its Potential Distribution in Mexico. *Sustainability*. 11(1138). <https://doi.org/10.3390/su1104113>

Fitz-Maurice, B.; Sotomayor, M.; Fitz-Maurice, W.A.; Hernández, H.M.; Smith, M. 2013 *Astrophytum coahuilense* (Bonete de Obispo); Distribución Conocida; Catálogo de Metadatos Geográficos/Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) México: 2013. Available online: <http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis> (accessed on 30 November 2018).

Gadsden H, López-Corrujedo H, Estrada-Rodríguez JL y Romero-Méndez U. 2001. *Biología*

poblacional y conservación de la lagartija de arena de Coahuila, México, *Uma exsul*. Boletín de la Sociedad Herpetológica Mexicana 9: 51-66.

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.

INEGI. 2015. Mapa Digital de México V6.1 - INEGI. gaia.inegi.org.mx.

Janssens-Maenhout G, Meijide-Orive A, Guizzardi D, Pagliari V y Iancu A. 2012. An approach with a Business-as-Usual scenario projection to 2020 for the Covenant of Mayors from the Eastern Partnership. JRC scientific and technical reports.

Lemos-Espinal AJ y Smith MH. 2007. Anfibios y reptiles del estado de Coahuila, México. CONABIO-UNAM: pp 120-121.

Liras E y Gómez A. 2008. Interpretación de resultados GARP vs. MAXENT. Réplica del cuarto taller de modelización de nichos ecológicos. Centro Andaluz para la evaluación y seguimiento del cambio global. Universidad de Almería. España. www.gbif.es/formacióndetalles.php?IDForm=41·ad_image_0 <.

López-Corrujedo H. 2004. Variabilidad espacial y temporal de los sistemas de dunas en el suroeste de Coahuila, México. Tesis de Maestría UJED. 65p.

Phillips J S, Anderson PR y Schapire ER. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. Ecological Modelling 190/3-4: 231-259.

Schmidt K P y Bogert CM. 1947. A new fringe-footed sand lizard from Coahuila, México. American Museum Novitates 1139:1-7.

van Riper C III, Hatten JR, Giermakowski JT, Mattson D, Holmes JA, Johnson MJ, Nowak EM, Ironside K, Peters M, Heinrich P, Cole KL, Truettner C y Schwalbe CR. 2014. Projecting climate effects on birds and reptiles of the Southwestern United States. U.S. Geological Survey Open-File Report 100: 2014-1050.

Vázquez-Díaz J, Gadsden H, Quintero Díaz GE, Ponce-Campos P y Lavín P. 2007. *Uma*

exsul. The IUCN Red List of Threatened Species 2007. Downloaded on December 2018.

Bibliografía Capítulo 4

Ballesteros-Barrera C, Martínez-Meyer E y Gadsden H. 2008. Effects of land-cover transformation and climate change on the distribution of two microendemic lizards, genus *Uma*, of northern Mexico. *Journal of Herpetology* 41(4): 733-740.

Brower J E y Zar JH. 1977. *Field and Laboratory Methods for General Ecology*. WM. C. Brown Company Publishers, Iowa, USA.

Brown D E. 1982. Chihuahuan Desert scrub. En *Desert Plants. Biotic communities of the American Southwest-United States and México*. 4(1-4): 169-179. Commins M L y Savitsky HA. 1973. Field observations on a population of the sand lizard *Uma exsul*. *Journal of Herpetology* 7:51-53.

Commins M L y Savitsky HA. 1973. Field observations on a population of the sand lizard *Uma exsul*. *Journal of Herpetology* 7:51-53.

Franco-López, J, de la Cruz Agüero A, Cruz Gómez A, Rocha Ramírez A, Navarrete Salgado N, Flores Martínez G, Kato Miranda E, Sánchez Colón S, Abarca Arenas LG, Bedia Sánchez CM. 1996. *Manual de Ecología*. Cuarta reimpresión. Editorial Trillas: pp 108-113.

Gadsden H, Palacios-Orona LE y Cruz-Soto GA. 2001. Diet of the Mexican Fringe-toed Lizard (*Uma exsul*). *Journal of Herpetology* 35: 493-496.

Gadsden H, Davila CA y Gil MR. 2006. Reproduction in the arenicolus Mexican lizard *Uma exsul*. *Journal of Herpetology* 40:117-122.

Gadsden H, Ballesteros BC, Hinojosa GO, Castañeda GG, García-De la Peña C y Lemos JA. 2012. Effects of land-cover transformation and climate change on the distribution of two endemic lizards, *Crotaphytus antiquus* and *Sceloporus cyanostictus*, of northern Mexico. *Journal of Arid Environments* 83: 1-9.

INEGI. 2015. Mapa Digital de México V6.1 - INEGI. gaia.inegi.org.mx.

Lioubimtseva E y Cole R. 2006. Uncertainties of climate change in arid environments of Central Asia. *Reviews in Fisheries Science*, Taylor & Francis. 14: 29-49.

López-Corrujedo H. 2004. Variabilidad espacial y temporal de los sistemas de dunas en el suroeste de Coahuila, México. Tesis de Maestría UJED. 65p.

López-Martínez H. 2014. Ecología térmica de la lagartija de arena *Uma exsul* en el centro del desierto Chihuahuense, México. Tesis de Maestría UJED. 69p.

Powell A M and Turner BL. 1974. Aspects of the plants biology of the gypsum outcrops of the Chihuahan desert región, United States and México. U. S. Department of the Interior. National Park Service Transactions and proceedings series, Num 3.

Rzedowski J. 1978. *Vegetación de México*. Editorial México.

Seely M K. 1991. *The Ecology of Desert Communities. Sand Dune Communities*. 348-382. The University of Arizona Press.

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.

Sinervo B. 2010. Erosion of lizard diversity by climate change and altered thermal niches. *Science* 328: 894-899.

Schmidt K P y Bogert CM. 1947. A new fringe-footed sand lizard from Coahuila, México. *American Museum Novitates* 1139: 1-7.

Valdez-Villavicencio J H. 2013. Ecología térmica y uso de microhábitat de *Sceloporus hunsakeri* Y *Sceloporus licki* (SAURIA: PHRYNOSOMATIDAE) en la región del cabo Baja California Sur. Tesis de Maestría. CIBNOR, BCS, México.

Varner J y Dearing MD. 2014. The Importance of Biologically Relevant Microclimates in Habitat Suitability Assessments. PLoS ONE 9(8): e104648. doi:10.1371/journal.pone.0104648

Vázquez-Díaz J, Gadsden H, Quintero Díaz GE, Ponce-Campos P y Lavín P. 2007. *Uma exsul*. The IUCN Red List of Threatened Species 2007. Downloaded on December 2018.

RESUMEN BIOGRÁFICO

Hugo López Martínez

Candidato para el grado de

Doctorado en Ciencias con acentuación en Manejo de vida silvestre y Desarrollo
Sustentable

Tesis: FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA DE POBLACIONES DE LA LAGARTIJA *Uma
exsul* (SCHMIDT y BOGERT, 1947), EN EL CENTRO DEL DESIERTO
CHIHUAHUENSE

Campo de estudio: Ciencias Biológicas

Datos personales: Nacido en Gómez Palacio, Durango el 24 de noviembre de 1984, hijo de Hugo López Corrujedo y Erla Martínez García.

Educación: Egresado de la Universidad Juárez del Estado de Durango, grado obtenido Biólogo en 2010. Maestría en Ciencias en Ecología y Biodiversidad por la Universidad Juárez del Estado de Durango, grado obtenido en 2014.

Experiencia profesional: Maestro de tiempo parcial de la Universidad Juárez del Estado de Durango desde 2014.

ANEXO 1. Publicación. Estructura genética poblacional de *Uma exsul*.

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^{1,2}, Ulises Romero-Méndez^{1*}, David Lazcano², Héctor Gadsden³, Verónica Ávila-Rodríguez¹, Cristina García-de la Peña¹

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

² 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

³ 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* < 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* < 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

Recibido: 27 de noviembre de 2018

Aceptado: 20 de mayo de 2019