



Cytotaxonomy and DNA taxonomy of lizards (Squamata, Sauria) from a tropical dry forest in the Chamela-Cuixmala Biosphere Reserve on the coast of Jalisco, Mexico

RICCARDO CASTIGLIA^{1,6}, FLAVIA ANNESI², ALEXANDRA M.R. BEZERRA³, ANDRÉS GARCÍA⁴
& OSCAR FLORES-VILLELA⁵

¹Dipartimento di Biologia Animale e dell’Uomo, Università di Roma “La Sapienza”, via A. Borelli 50, 00161, Rome, Italy.
E-mail: castiglia@uniroma1.it

²Dipartimento di Biologia Animale e dell’Uomo, Università di Roma “La Sapienza”, via A. Borelli 50, 00161, Rome, Italy.
E-mail: flavia.annesi@uniroma1.it

³Departamento de Zoologia, Universidade de Brasília, ICC Sul, CEP 70910-900, Brasília, DF, Brazil. E-mail: abezerra@fst.com.br

⁴Estación de Biología Chamela Instituto de Biología, UNAM. Apdo. Postal 21. San Patricio, Jalisco, 48980

⁵Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM A.P. 70-399, 04510. D.F., Mexico. E-mail: ofv@hp.fciencias.unam.mx

⁶Corresponding author

Table of contents

Abstract	2
Resumen	2
Introduction	3
Material and methods	3
Results and discussion.....	6
Order Squamata	6
Suborder Lacertilia	6
Family Anguidae	6
<i>Gerrhonotus</i> Wiegmann	6
<i>Gerrhonotus</i> cf. <i>liocephalus</i> Wiegmann (Texas alligator lizard)	7
Family Eublepharidae	8
<i>Coleonyx</i> Gray	8
<i>Coleonyx elegans</i> Gray (Yucatan Banded Gecko)	9
Family Phyllodactylidae	10
<i>Phyllodactylus</i> Gray	10
<i>Phyllodactylus lanei</i> Smith (Lane's Leaf-toed Gecko)	10
Family Gekkonidae	11
<i>Hemidactylus</i> Gray	11
<i>Hemidactylus frenatus</i> Schlegel (Common house gecko)	11
Family Phrynosomatidae.....	12
<i>Sceloporus</i> Wiegmann.....	12
<i>Sceloporus melanorhinus</i> Bocourt (Pastel Tree Lizard).....	12
<i>Sceloporus utiformis</i> Cope (Cope's largescale spiny lizard).....	13
Genus <i>Urosaurus</i> Hallowell	14
<i>Urosaurus bicarinatus</i> Duméril (Tropical tree lizard).....	15
Family Polychrotidae	15
<i>Anolis</i> (Daudin)	15
<i>Anolis</i> (<i>Norops</i>) <i>nebulosus</i> Wiegmann (Clouded anole)	16
Family Scincidae	17
<i>Plestiodon</i> Duméril and Bibron	17
<i>Plestiodon parvulus</i> Taylor (Southern pigmy skink)	17
<i>Mabuya</i> Fitzinger	18
<i>Mabuya unimarginata</i> Cope (Central American mabuya)	18

Family Teiidae	20
<i>Ameiva</i> Duméril and Bibron	20
<i>Ameiva undulata</i> Wiegmann (Rainbow Ameiva)	21
Genus <i>Aspidoscelis</i> Fitzinger	22
<i>Aspidoscelis communis</i> Cope (Colima giant whiptail)	23
<i>Aspidoscelis lineattissima</i> (Cope) (Many-lined whiptail)	23
Conclusion	23
Acknowledgments	24
References	24

Abstract

Tropical dry forests contribute to a substantial proportion of the herpetological diversity of Mexico. The south-western coast of Jalisco is one of the more important areas by number of endemics and the high presence of endangered and restricted species. In this paper we used a combined karyological and molecular genetic (sequences of mtDNA genes for NDH2, *cytb* or 16S rDNA) approach to genetically characterize 13 lizard species belonging to seven families that inhabit the dry forests of the Chamela-Cuixmala Biosphere Reserve (Anguidae: *Gerrhonotus* cf. *liocephalus*; Eublepharidae: *Coleonyx elegans*; Phyllodactylidae: *Phyllodactylus lanei*; Gekkonidae: *Hemidactylus frenatus*; Phrynosomatidae: *Sceloporus melanorhinus*, *S. utiformis*, *Urosaurus bicarinatus*; Polychrotidae: *Norops nebulosus*; Scincidae: *Mabuya unimarginata*, *Plestiodon parvulus*; Teiidae: *Ameiva undulata*, *Aspidoscelis communis*, *A. lineattissima*). The karyotypes of six species were here described for the first time (*G. liocephalus*, 2n = 38, 14 macrochromosomes and 24 microchromosomes; *C. elegans*, 2n = 24 FN = 26; *N. nebulosus* 2n = 30, 13 macro- and 17 microchromosomes; *M. unimarginata* 2n = 32, 18 macro- and 14 microchromosomes; *P. parvulus* 2n = 26, 12 macro- and 14 microchromosomes; *A. undulata* 2n = 50, 26 macro- and 24 microchromosomes). Chromosomal heteromorphism was found in *C. elegans*, *N. nebulosus*, and *S. melanorhinus*. For *P. lanei* we found a karyotype different from that previously described in other localities. This variation matched with a high genetic divergence usually found in different species. The DNA typing of mtDNA genes allowed the identification of the taxonomic affinities of five Mexican endemic species, namely: *U. bicarinatus*, *A. nebulosus*, *P. parvulus*, *A. lineattissima* and *A. communis*. The specimen of *Gerrhonotus* from Chamela is very divergent by 16S rDNA and probably does not belong to the so far studied species of *Gerrhonotus*. High genetic divergence has been also observed between samples of *A. undulata* and *U. bicarinatus* from different regions. In these latter two cases, additional data are needed to understand the taxonomic status of these populations.

Key words: biodiversity hotspot, cytogenetic, dry forest, molecular systematic, NDH2, Reptilia, 16S rDNA

Resumen

El bosque tropical caducifolio contribuye con una proporción considerable a la diversidad herpetológica de México. La costa suroeste de Jalisco es una de las áreas más importantes por su elevado número de especies endémicas y la alta incidencia de especies en riesgo y de distribución geográfica restringida. En este trabajo utilizamos un enfoque cariológico y genético molecular (secuencias de genes ADNmt para NDH2, *cytb* o 16S ADNr) para caracterizar genéticamente 13 especies de lagartijas pertenecientes a siete familias que habitan el bosque tropical caducifolio de la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala (Anguidae: *Gerrhonotus* cf. *liocephalus*; Eublepharidae: *Coleonyx elegans*; Phyllodactylidae: *Phyllodactylus lanei*; Gekkonidae: *Hemidactylus frenatus*; Phrynosomatidae: *Sceloporus melanorhinus*, *S. utiformis*, *Urosaurus bicarinatus*; Polychrotidae: *Norops nebulosus*; Scincidae: *Mabuya unimarginata*, *Plestiodon parvulus*; Teiidae: *Ameiva undulata*, *Aspidoscelis communis*, *A. lineattissima*). Aquí se describen por primera vez el cariotipo de seis especies (*G. liocephalus*, 2n = 38, 14 macrocromosomas y 24 microcromosomas; *C. elegans*, 2n = 24 FN = 26; *N. nebulosus* 2n = 30, 13 macro- y 17 microcromosomas; *M. unimarginata* 2n = 32, 18 macro- y 14 microcromosomas; *P. parvulus* 2n = 26, 12 macro- y 14 microcromosomas; *A. undulata* 2n = 50, 26 macro- y 24 microcromosomas). Se encontró heteromorfismo cromosómico en *C. elegans*, *N. nebulosus*, y *S. melanorhinus*. En *P. lanei* encontramos un cariotipo distinto al descrito en otras localidades. Esta variación es similar a la que generalmente se encuentra entre especies con divergencia genética alta. La tipificación del ADN de los genes del ADNmt permitió la identificación de las afinidades taxonómicas de cinco especies endémicas de México, que son: *U. bicarinatus*, *A. nebulosus*, *P. parvulus*, *A. lineattissima* y *A. communis*. El espécimen de *Gerrhonotus* de Chamela es muy divergente por 16S ADNr y probablemente no pertenece a las especies hasta ahora estudiadas de *Gerrhonotus*. También se observó alta divergencia genética entre las muestras de *A. undulata* y *U. bicarinatus* de diferentes regiones. Para estos dos últimos casos se requiere de datos adicionales para entender el estado taxonómico de estas poblaciones.