



Universidad Peruana  
Cayetano Heredia

# PROYECTO FINAL

FILOGENIA Y ESTRUCTURA EN  
*SCELOPORUS ARENICOLUS*

Ecología  
Molecular

Benjamin  
Hurtado

Adrian  
Chalco

[Github repo del proyecto](#)



# ÍNDICE

1. Introducción
2. Objetivos
3. Metodología
4. Resultados y Discusión
5. Conclusiones

# INTRODUCCIÓN

## *Sceloporus arenicolus*:

- Altamente **especialista**
- Shinnery oak en Mescalero Monahans (Nuevo México-Texas). **Separación Topográfica en Skinny Zone**



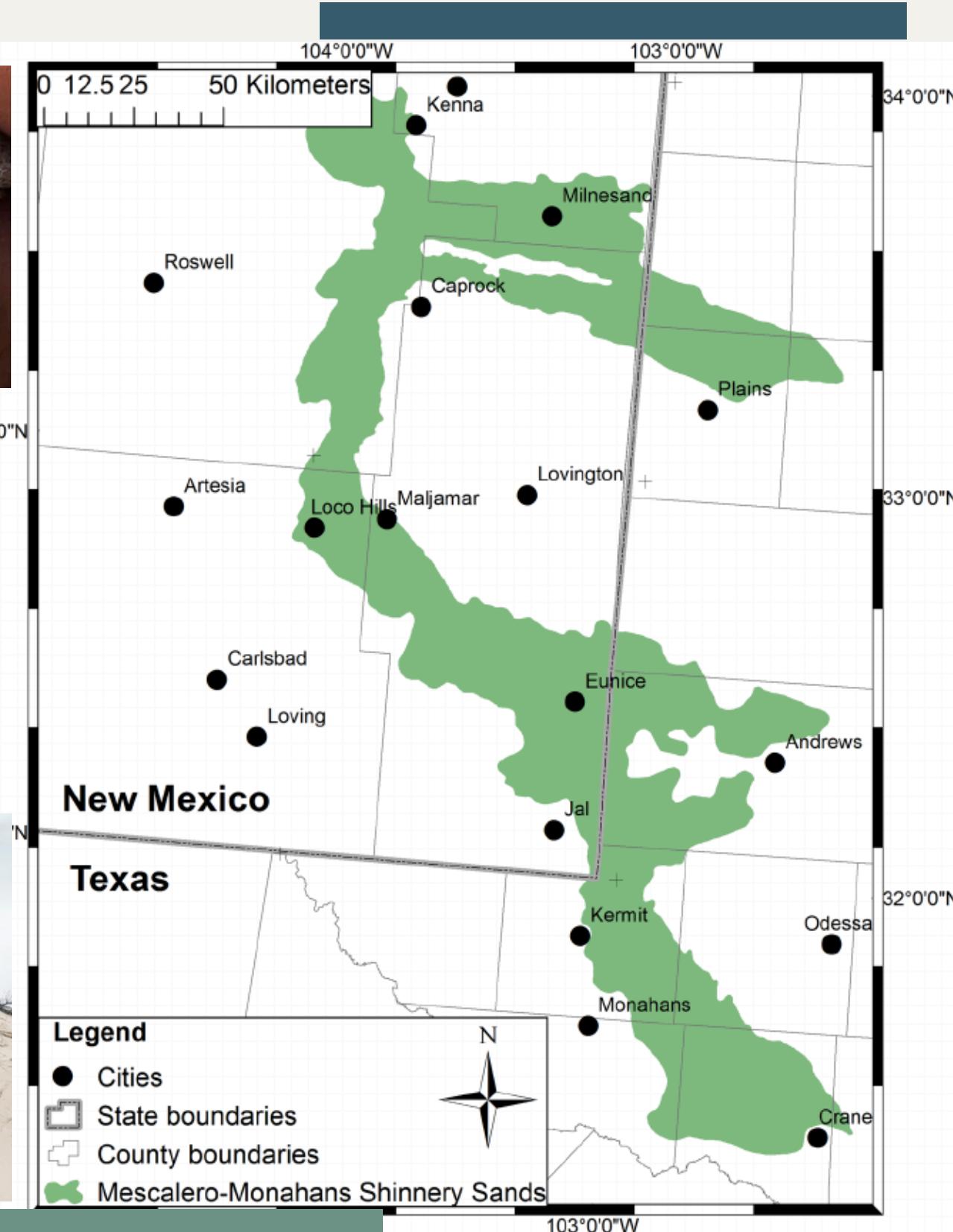
## Estructura genética en especialistas:

- Dipersión limitada
- Fuerte dependencia del micro hábitat
- Sensibilidad a la fragmentación



## Estudios previos

- 3 poblaciones
  - geográficamente inciertas



# OBJETIVOS

## Originales

**Caracterizar la historia evolutiva del lagarto de matorral de dunas usando un muestreo geográfico y genético más completo**

- Identificar linajes genéticos y quiebres filogeográficos.
- Inferir relaciones evolutivas mediante mtDNA y loci nucleares.
- Estimar estructura poblacional contemporánea con microsatélites.
- Evaluar conectividad histórica entre regiones.
- Reconstruir cambios en tamaño efectivo mediante EBSP.
- Probar hipótesis de divergencia y colonización mediante ABC.

## Adicionales

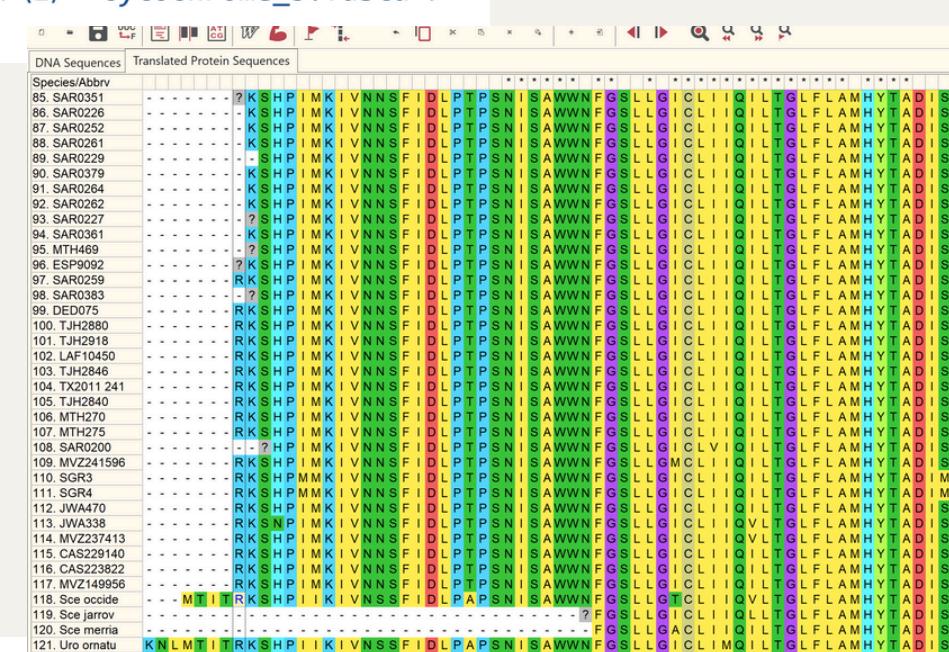
- Evaluar  $H_{obs}$  vs.  $H_{exp}$  para inferir endogamia y alelos nulos.
- Calcular riqueza alélica rarefaccionada por población.
- Estimar FST pareados (Nei) y comparar con métodos clásicos.
- Analizar estructura genética mediante PCA (individuos y poblaciones).
- Realizar AMOVA para partición de la variación genética.

# METODOLOGÍA - PROCESAMIENTO INICIAL

## 1. Descarga de secuencias mitocondriales

## 2. Recuperación de outgroups a partir de Chan et al. (2013).

```
# Editing innergroup of S. arenicolus
sed 's/>.*isolate \([^\n]*\).*/>\1/' cytochrome_b.fasta >
cytochrome_b_clean.fasta
```



```
35  ```bash
36  trimal -in cytochrome_b.aln.fasta \
37  |   -out cytba.aln.fasta \
38  |   -selectcols { 21-1148 } -complementary -fasta -keepheader
39
```

```
scripts > fetch_mt_outgroups.py
1  from Bio import Entrez, SeqIO
2
3  codes = ["SGR3", "SGR4", "MVZ241596", "MVZ237413", "JWA338", "JWA470", "CAS229140"]
4
5
6  def search_accessions(gene_terms):
7      results = {}
8      for code in codes:
9          query = (
10              f'"Sceloporus graciosus"[Organism] AND ({gene_terms}) AND ({code}
11              f'AND (KC853700:KC854199[ACCN]))'
12          )
13          handle = Entrez.esearch(db="nuccore", term=query, retmax=200)
14          ids = Entrez.read(handle)["IdList"]; handle.close()
```

## 3. Conversión de headers a voucher ID para innergroup.

## 4. Alineamiento: MAFFT

## 5. Trimming y concatenación: Trimal y AMAS.

Cytb: Inicio de codon & multiplo 3

Final alignment length: 2097 bp

# METODOLOGÍA

Remoción de outgroups del alineamiento concatenado  
**DNAsp + R (ape & pegas)**

**DnaSP**

**TCS network**

Recuperamos manualmente las regiones de cada voucher  
TCS Network: **PopArt**

Parsimony Network: **TCS**

6 particiones: por gen y por codón.

Elección del modelo: **iqtree2**

ML: UFBoot 1000 replicas

**MrBayes:**

```
mcmc ngen=1800000 nruns=2 nchains=4 printfreq=5000 samplefreq=300  
mcmc stoprule=yes stopval=0.01;
```

6 particiones por gen y por codón

Estimación del mejor modelo: **DT-ModSel**

**MrBayes:** 2 runs, 50 millones de generaciones

# METODOLOGÍA

## Diversidad genética

- Procesamiento inicial: Adaptación de la BBDD
- Cálculo de Hobs vs Hexp
- Cálculo de Fis por Locus
- Estimación de riqueza alélica
- **AMOVA** para cuantificar diversidad genética

Librerías **adegenet**, **ade4**, **hierfstat**  
**corrplot**, **pegas**,**poppr**, **ggplot2**, **tidyverse**



## Estructura poblacional

- Procesamiento inicial: Adaptación de la BBDD
- Cálculo de Fst pareado con método **Nei**
- PCA con **dudi.pca** de R para reconocer estructura
- **Structure** 500,000 burn-in, 1,000,000 de gens posteriores
- Structure Harvester por R

# RESULTADOS - HAPLOTYPE NETWORK

## mtDNA diversity summary (without outgroups)

ND1 + Cyt-b (concatenated)

Dataset	S (segregating sites)	π	k (avg. pairwise differences)	Unique haplotypes	H <sub>d</sub>	Var(H <sub>d</sub> )
Deduplicated	97	0.0058	9.2321	75	0.9836	0.0000
Not deduplicated	97	0.0052	8.2964	75	0.9281	0.0002

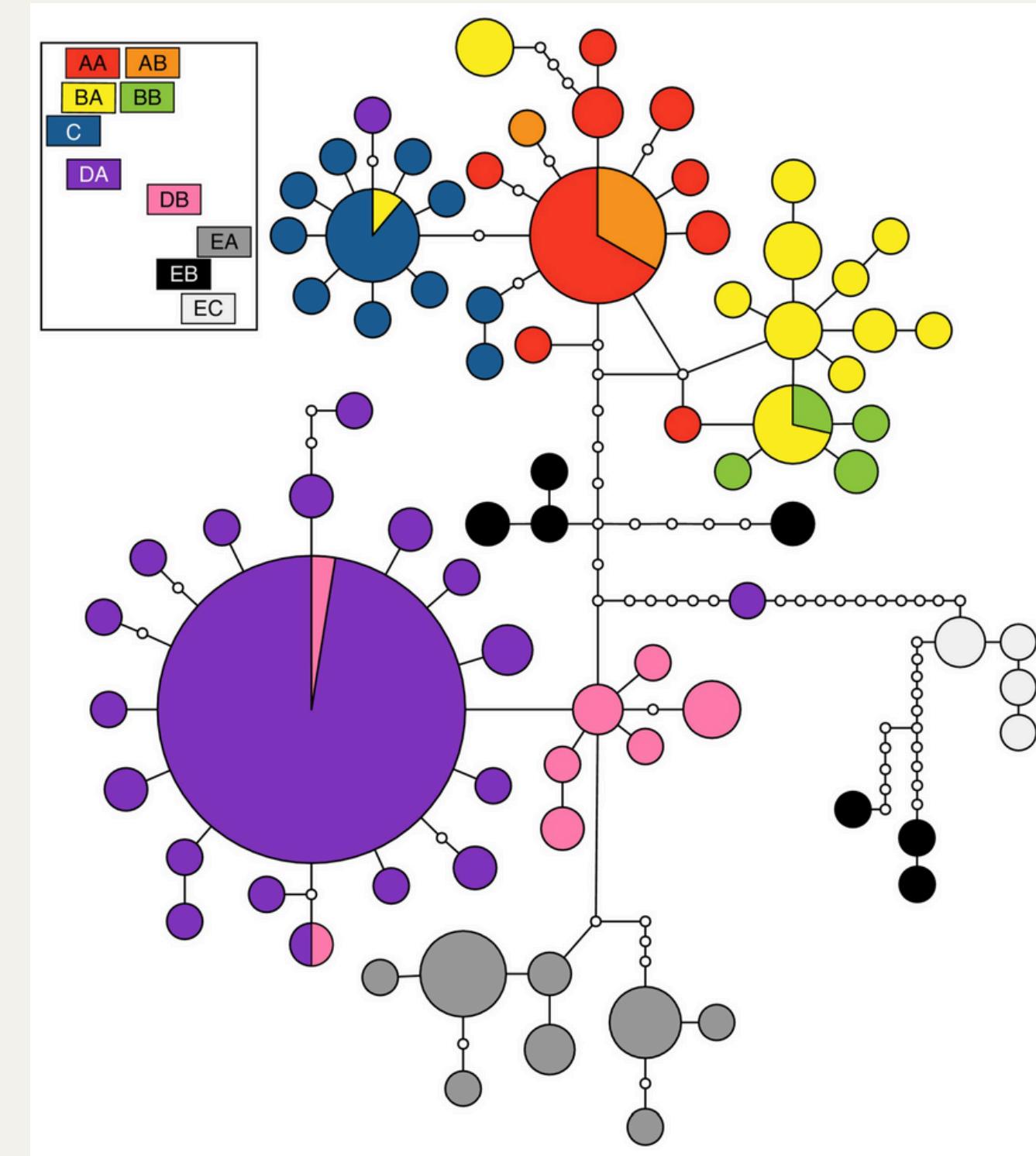
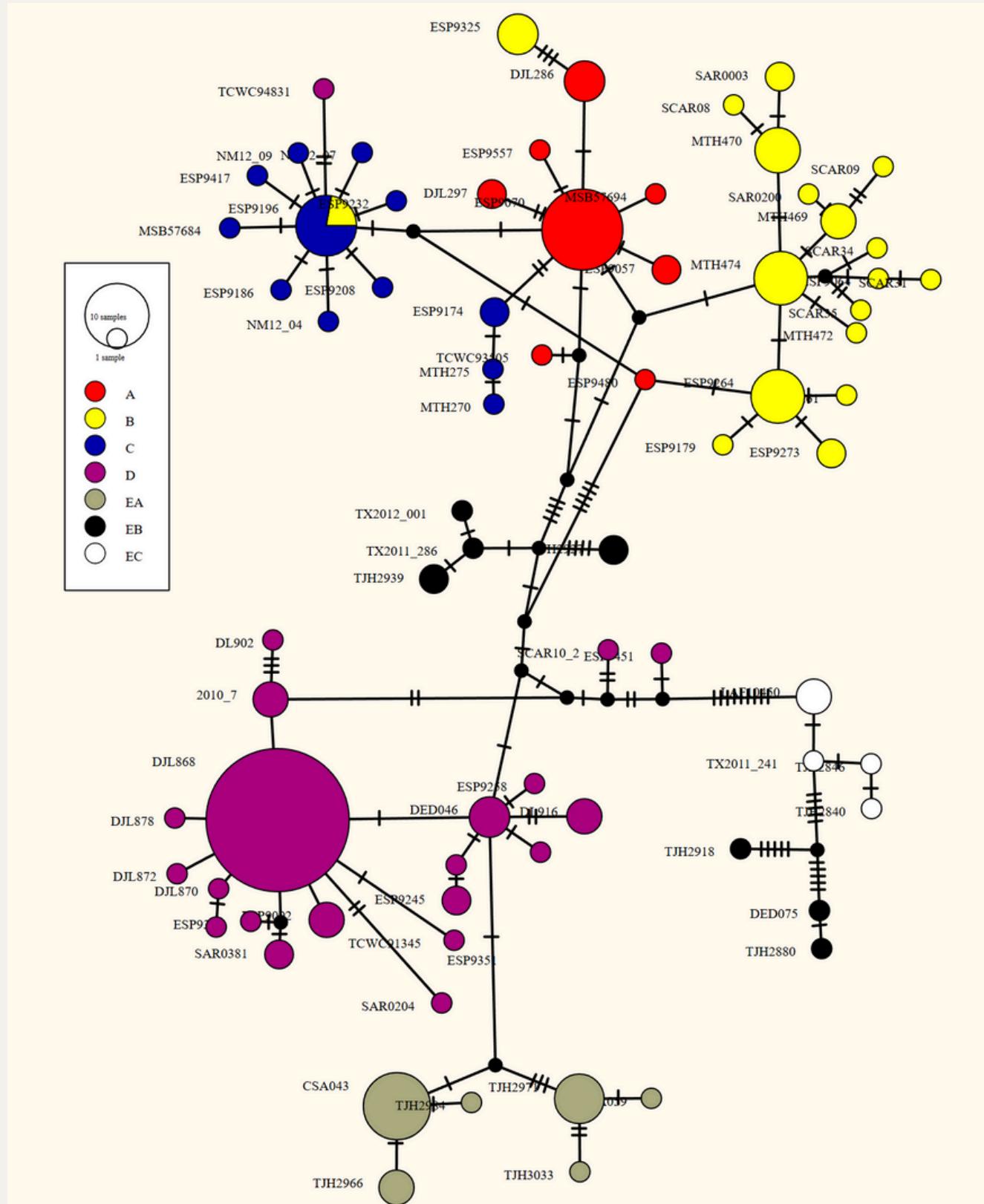
Locus	N	Alignment Length	Parsimony Informative Sites	Unique Seqs	Segregating sites, S	Average nucleotide differences, k	Nucleotide diversity, π
mtDNA	225	2097	72	78	106	8.72	0.0043

- Riqueza Haplótípica prácticamente idéntica (96% recuperado)
- Número de variantes bastante similar (S: 97 vs 106)
- Diversidad nucleotídica:
  - Mismo orden de magnitud
- Diversidad Haplótípica:
  - Buena diversidad y estructura espacial del mtDNA

# RESULTADOS - HAPLOTYPE NETWORK

Northern Mescalero Sands: A,B,C  
 Southern Mescalero Sands: D  
 Monahans Sandhills: E complex

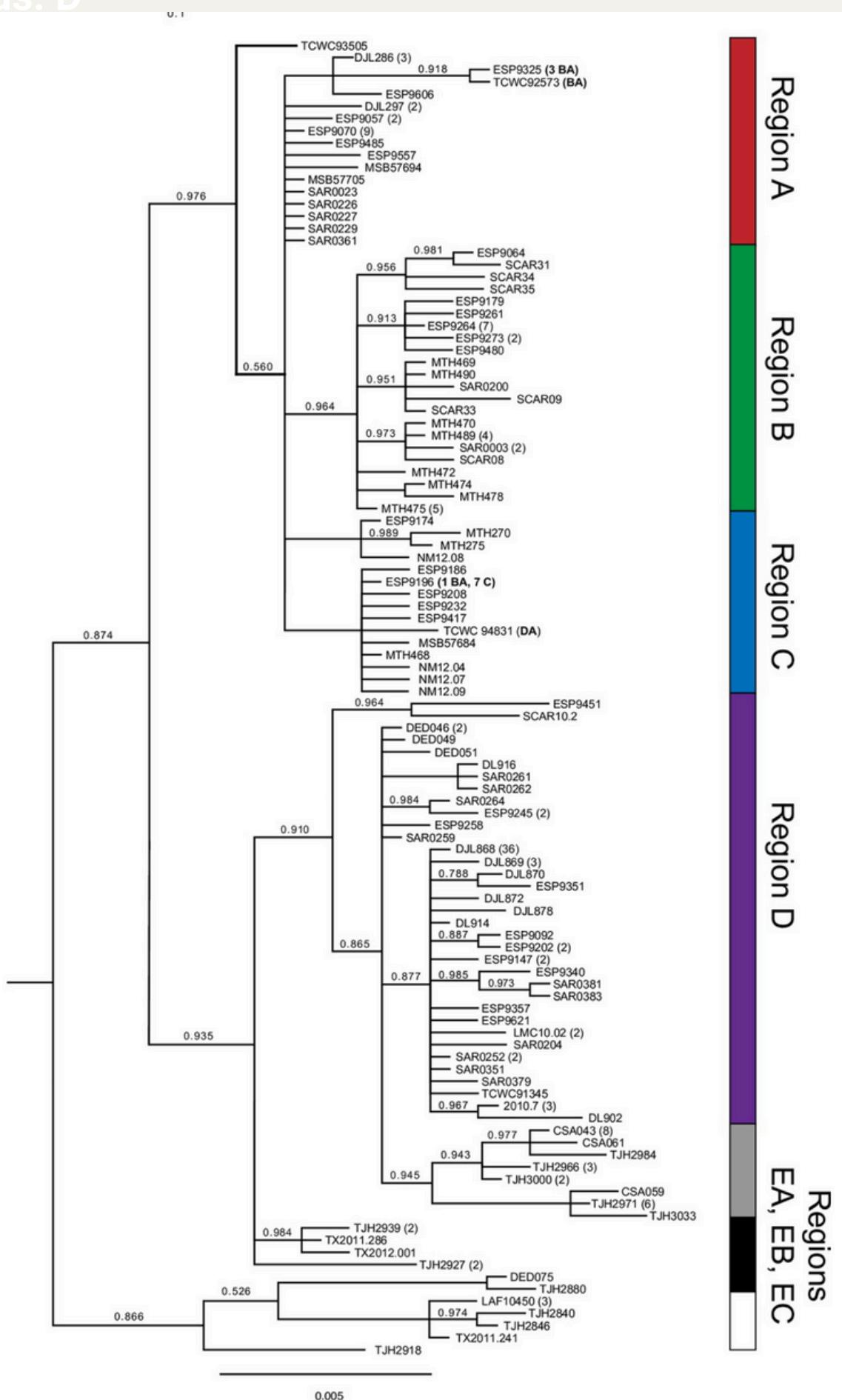
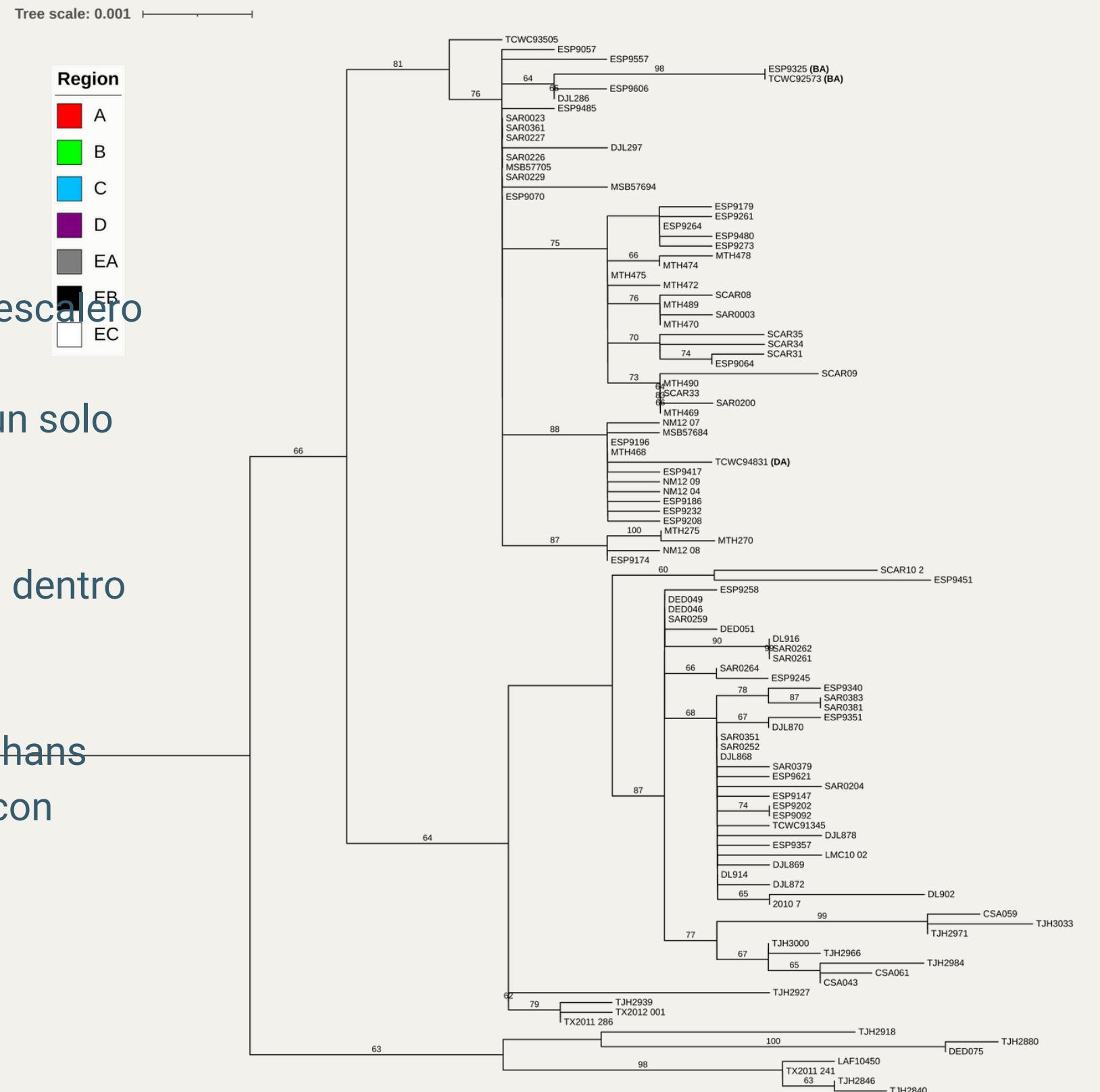
- Bloques de haplotipos A,B,C (NMS) muy cercanos entre sí.
- Algunos eventos de dispersión
- Separación entre NMS y SMS coincide con Skinny Zone
- Expansión poblacional reciente para D (SMS)
- Se detecta una alta divergencia de secuencia dentro de E (Monahans) y con respecto a Mescalero Sands



# RESULTADOS - ML

FB  
EC

- Las subregiones de Mescalero Norte se agrupan consistentemente en un solo clado
- Se aprecia divergencia dentro de NMS
- Mescalero Sur + Monahans (EA & EB) se agrupan con soporte menor
- Linaje EB parafilético



# RESULTADOS - MR BAYES

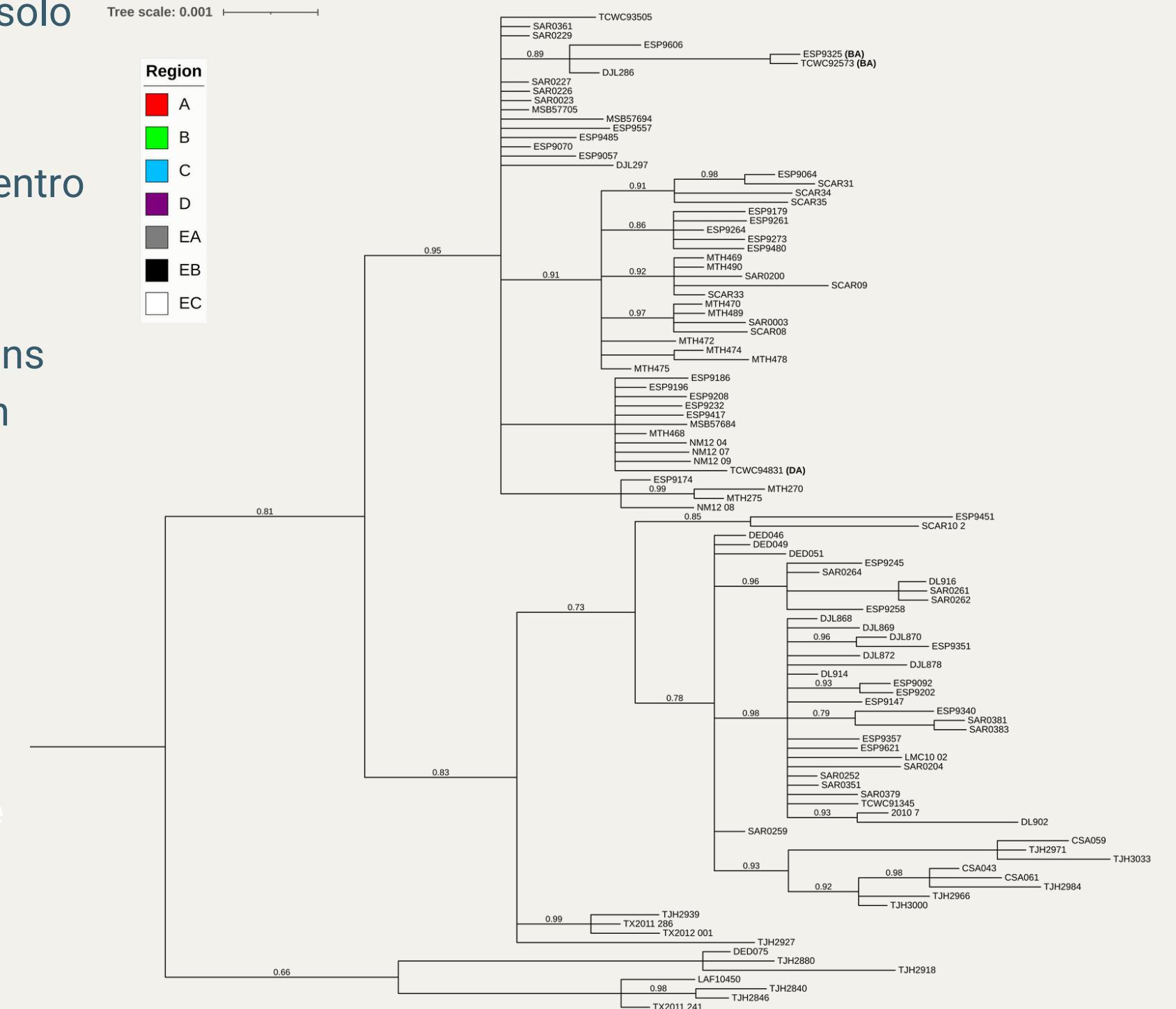
- Las subregiones de Mescalero Norte se agrupan consistentemente en un solo clado

- Se aprecia divergencia dentro de NMS

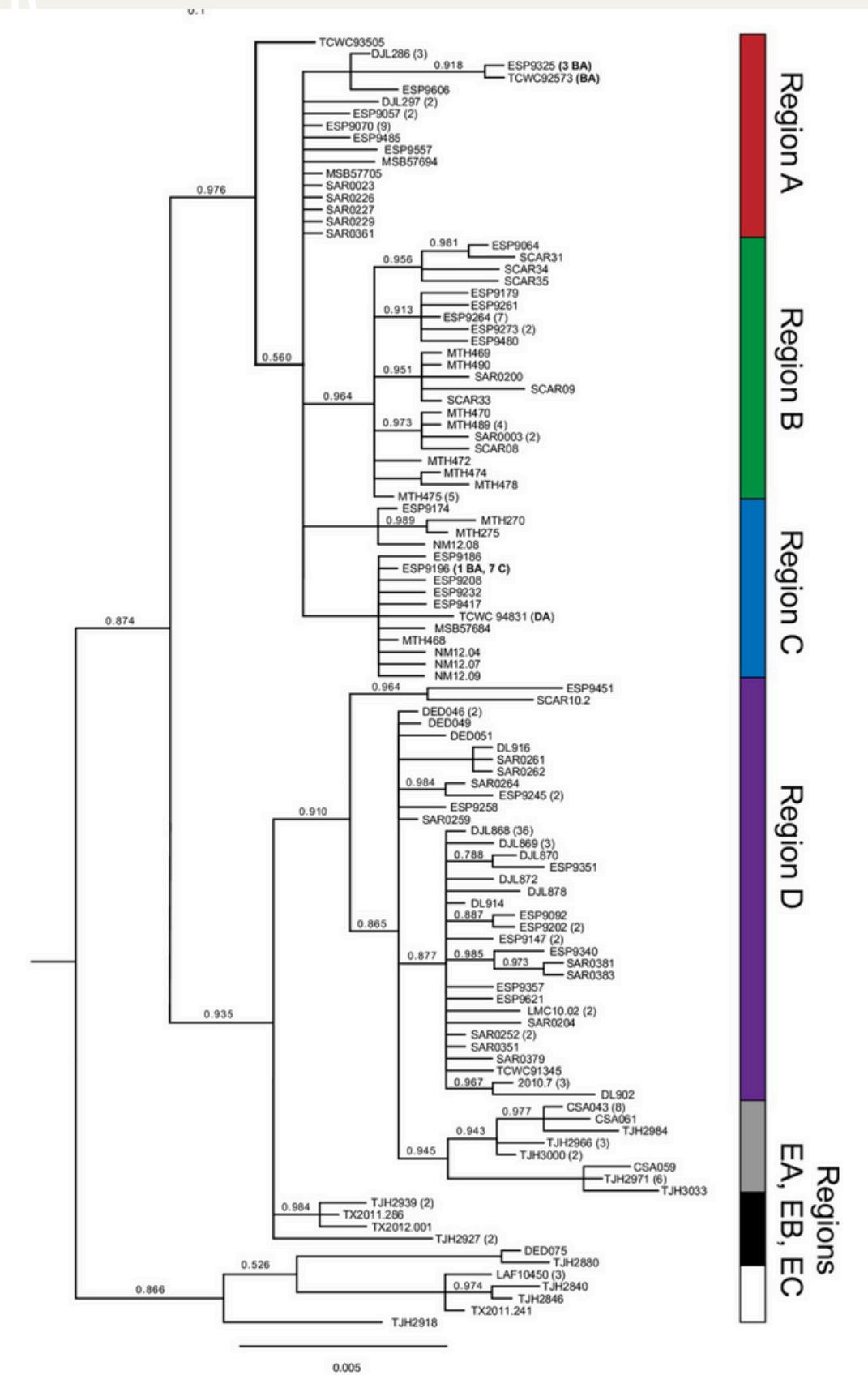
- Mescalero Sur + Monahans (EA & EB) se agrupan con menor pp

- Linaje EB parafilético

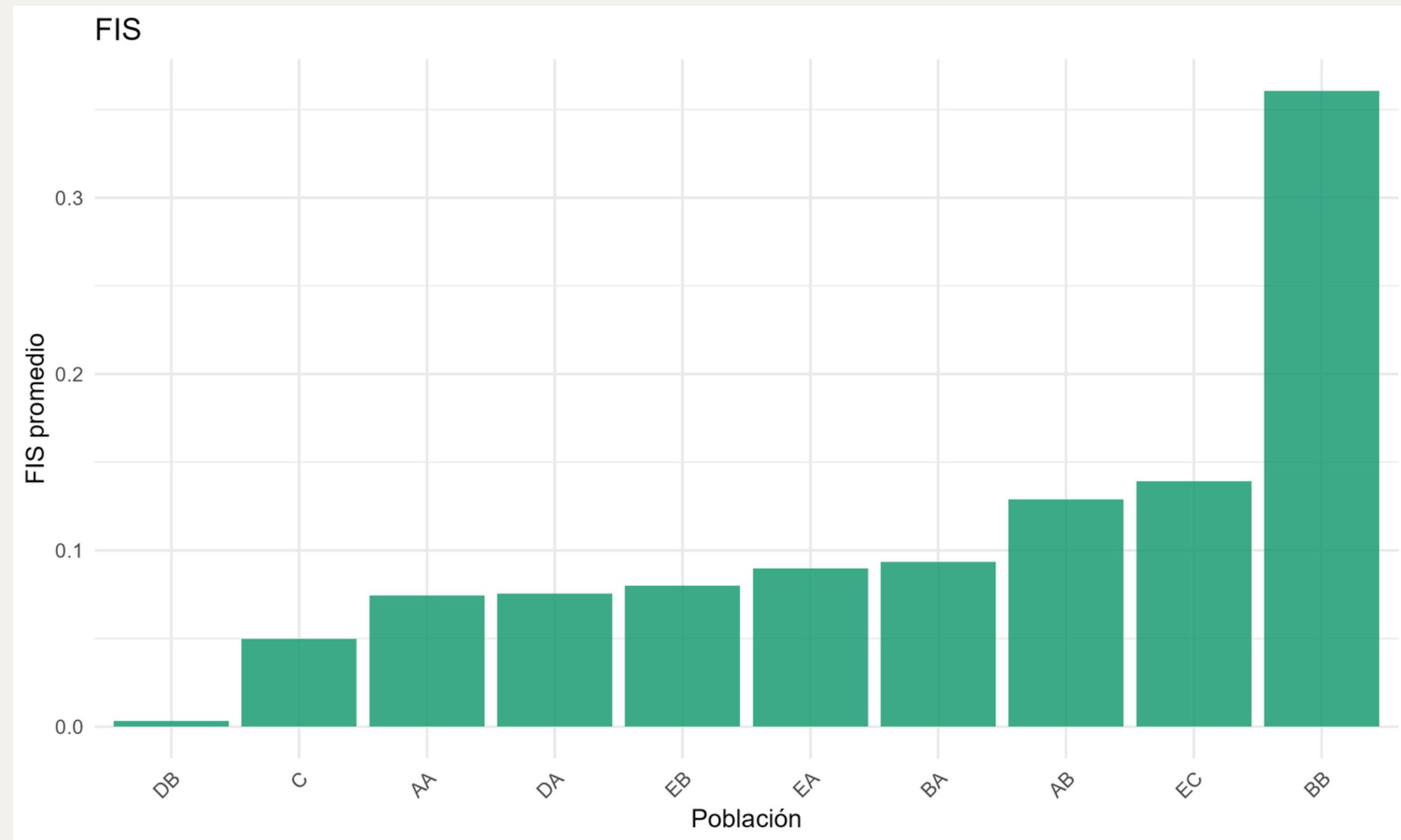
**Historia Filogeográfica**  
Robusta obtenida a partir de  
ML + Bayesian approach



Northern Mescalero Sands: A,B,C  
Southern Mescalero Sands: D  
Monahans Sandhills: E



# RESULTADOS - HOBS, HEXP Y FIS

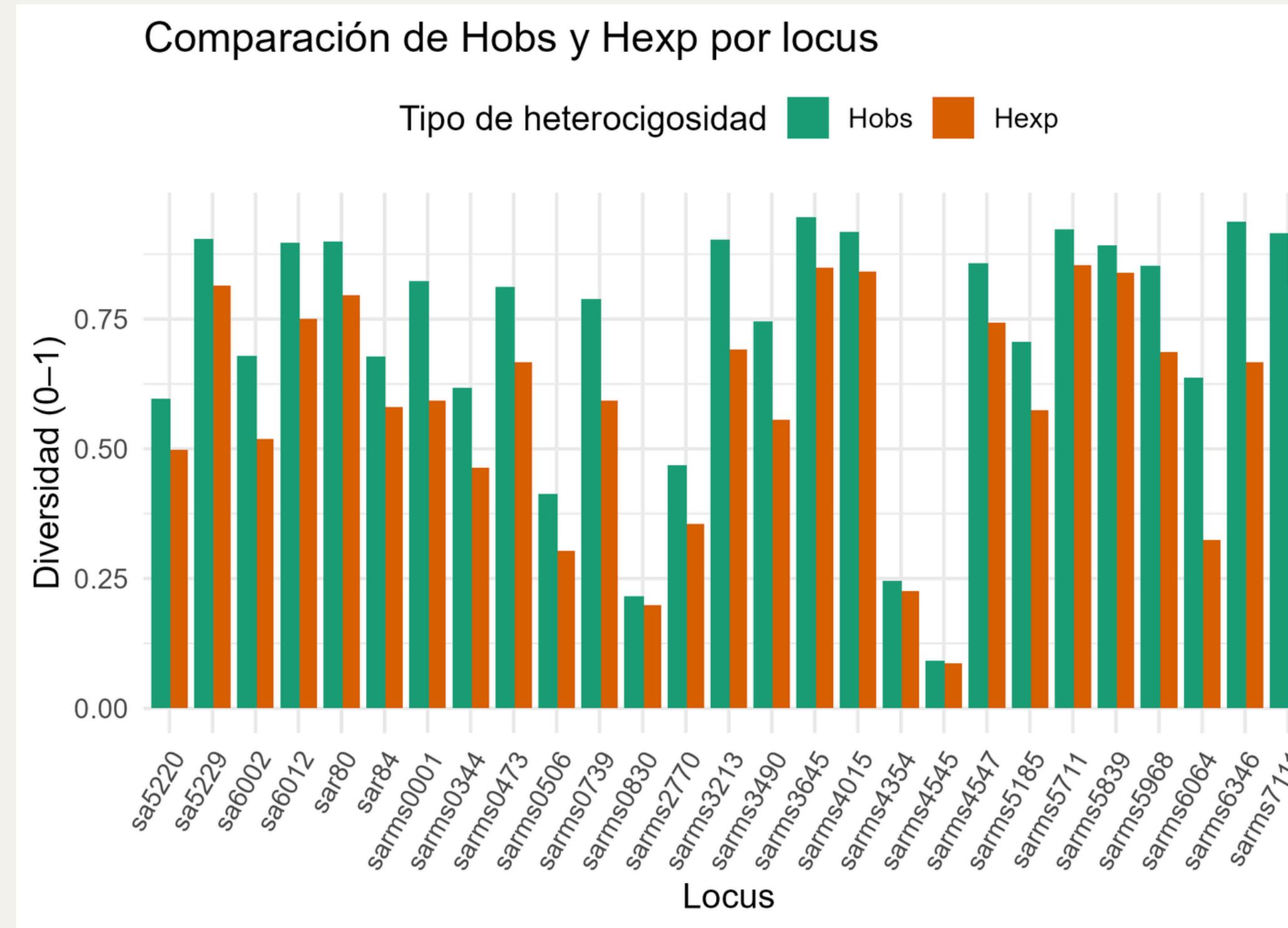


↑ Fis en BB

Población BB relevante

Control y revisión de BB  
y el cluster al que  
pertenece

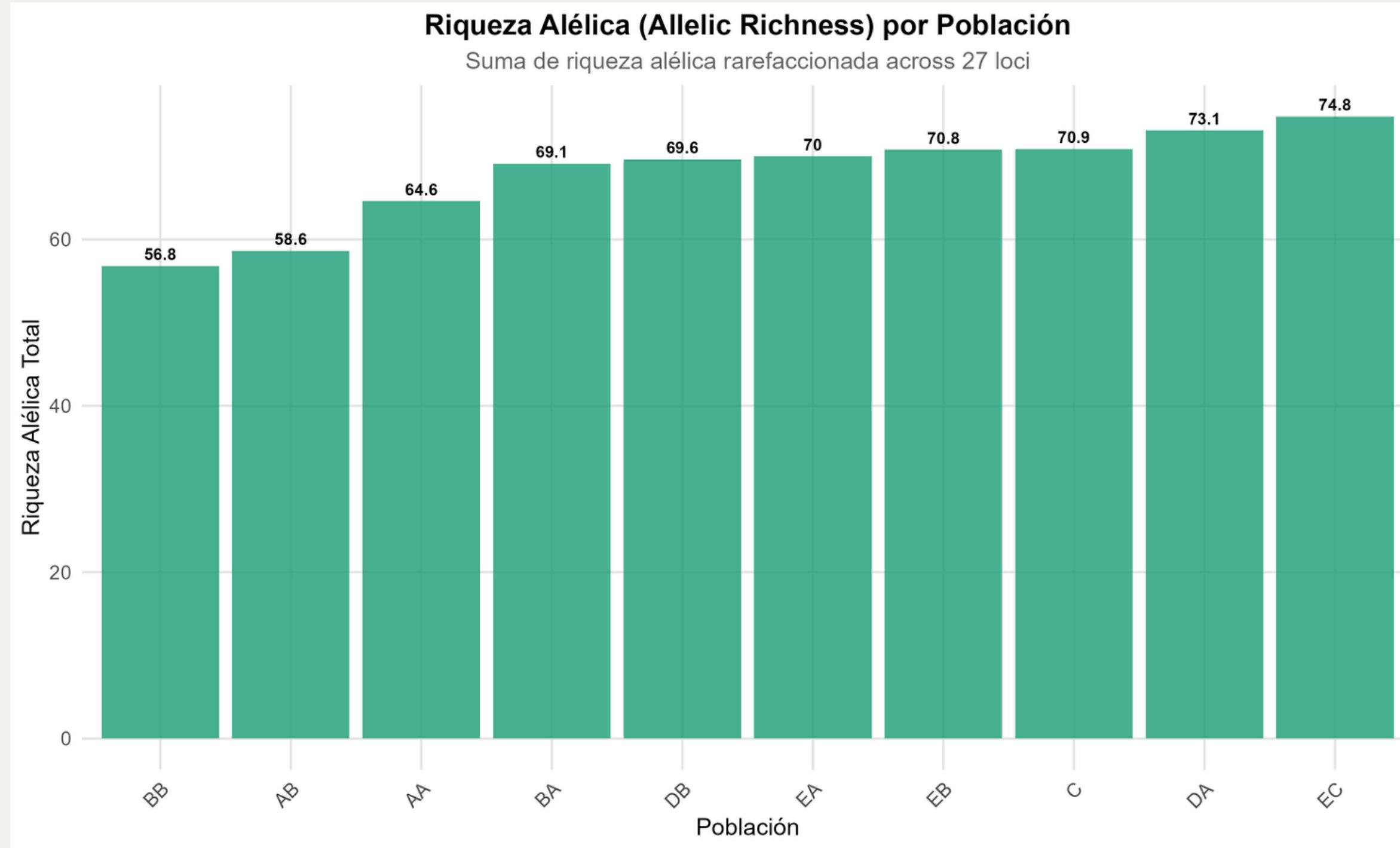
# RESULTADOS - HOBS, HEXP Y FIS



Mayoría de Locus con Hobs > Hexp

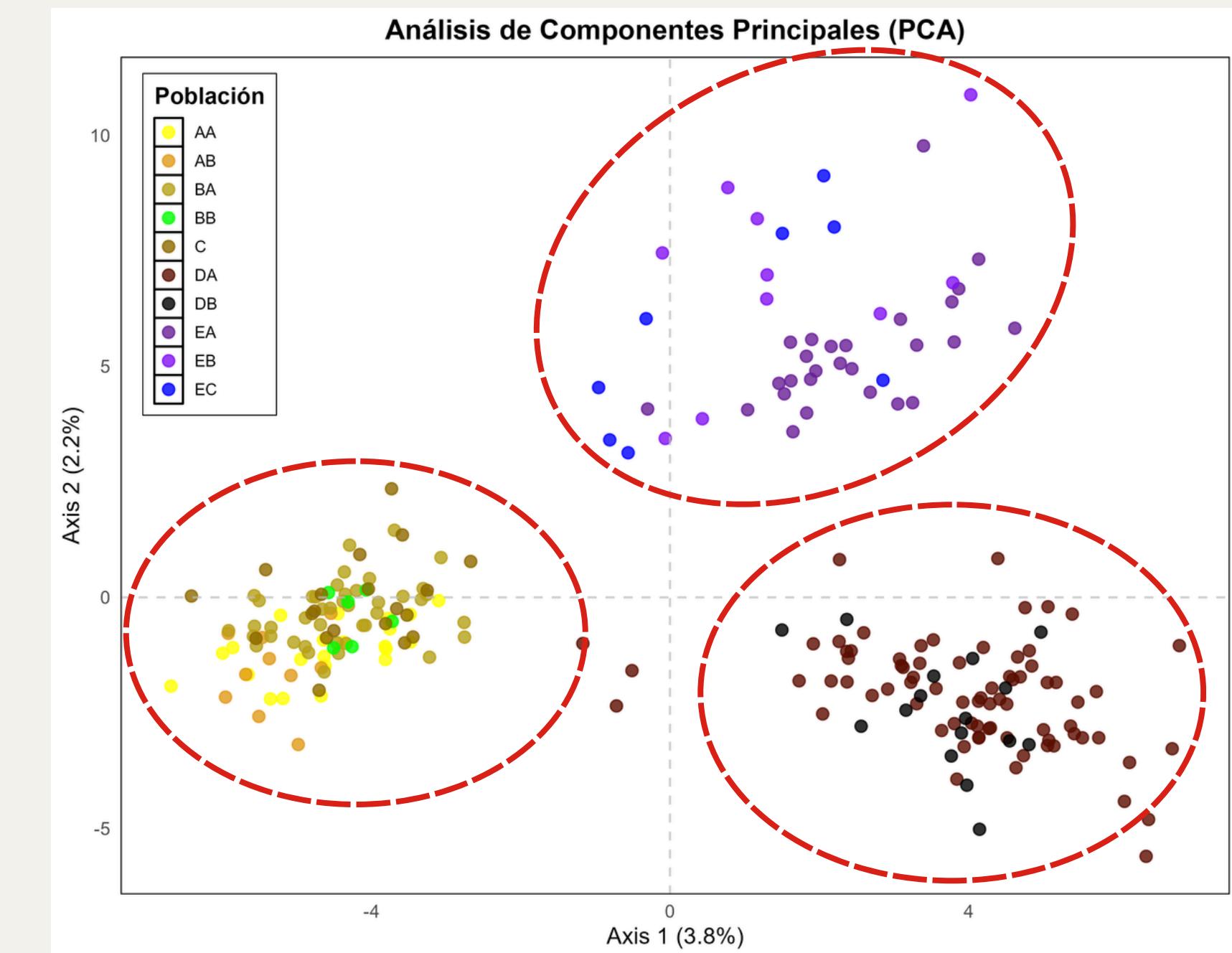
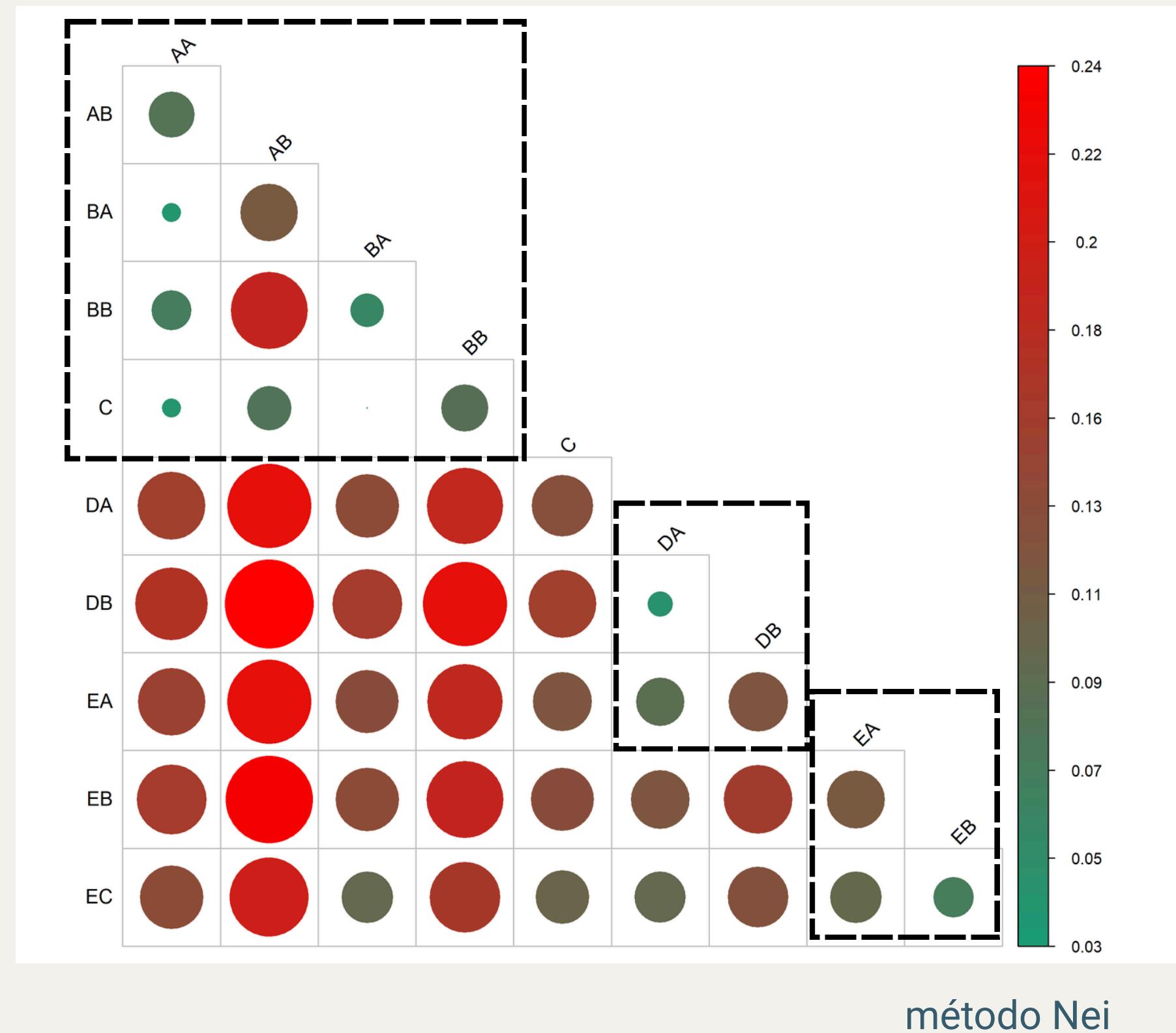
Selección en diferentes loci

# RESULTADOS - RIQUEZA ALÉLICA



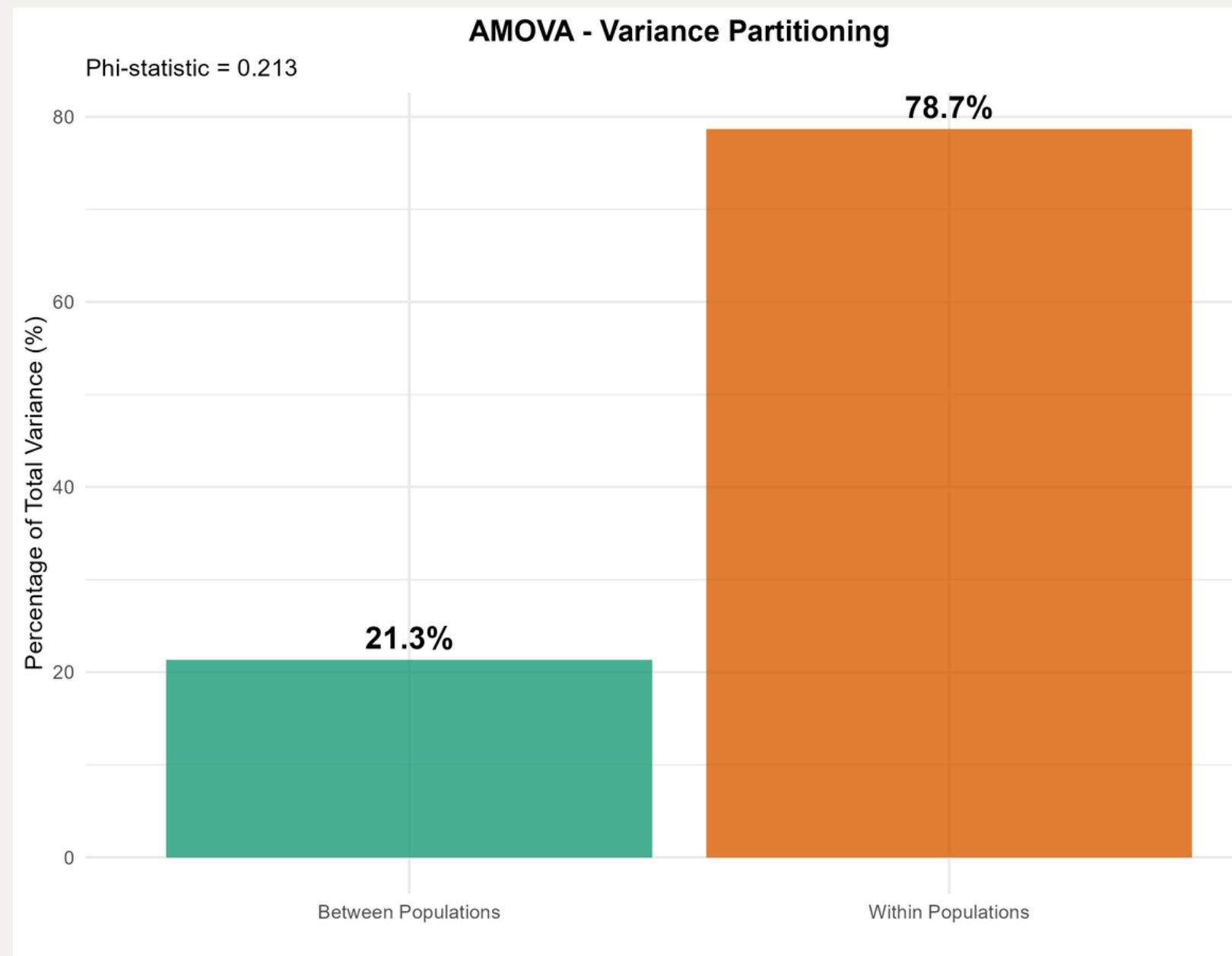
Población BB relevante  
EC → Población divergente

# RESULTADOS - Fst pareado Y PCA



3 Clusters. Diferente a Structure

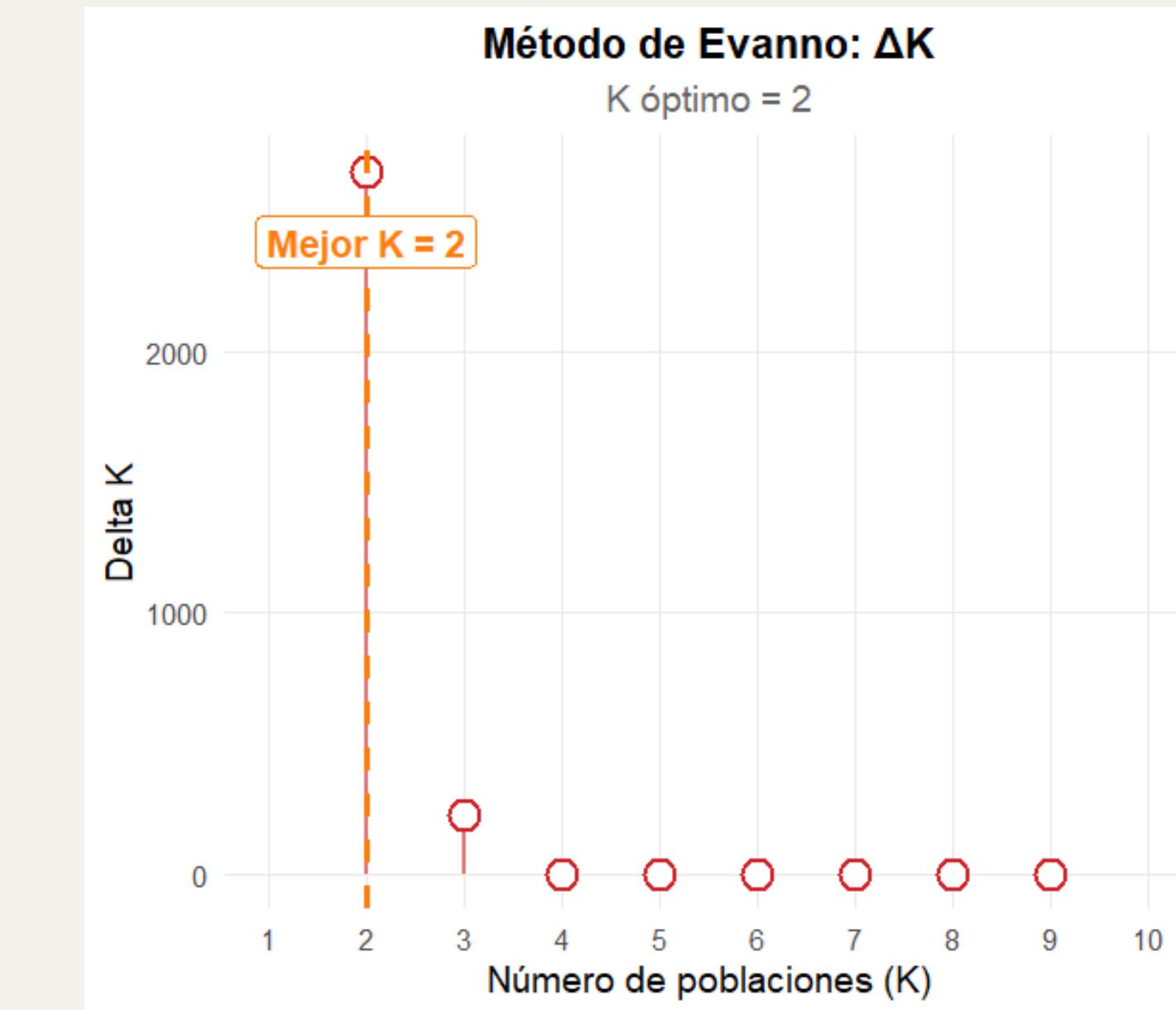
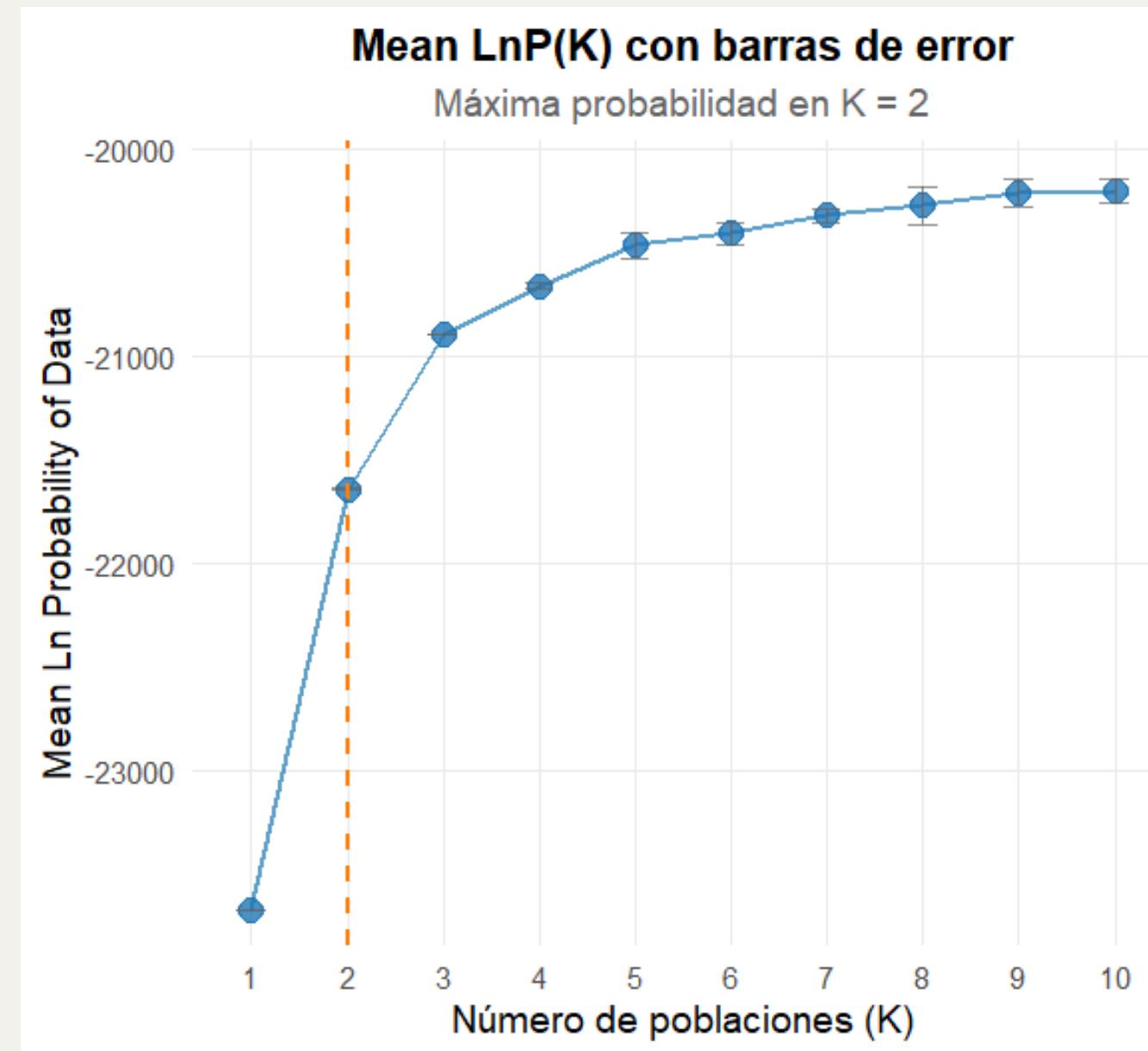
# RESULTADOS - AMOVA



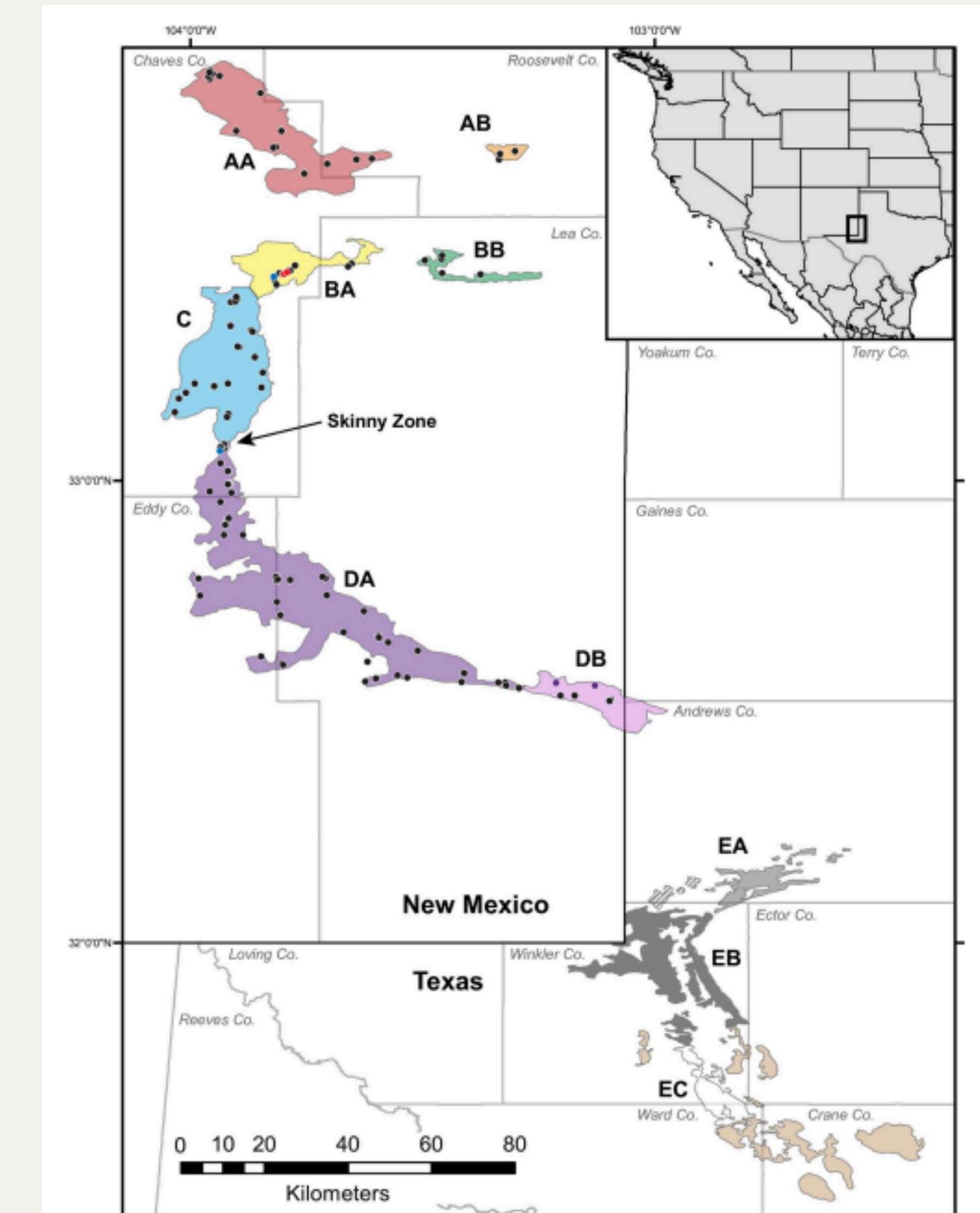
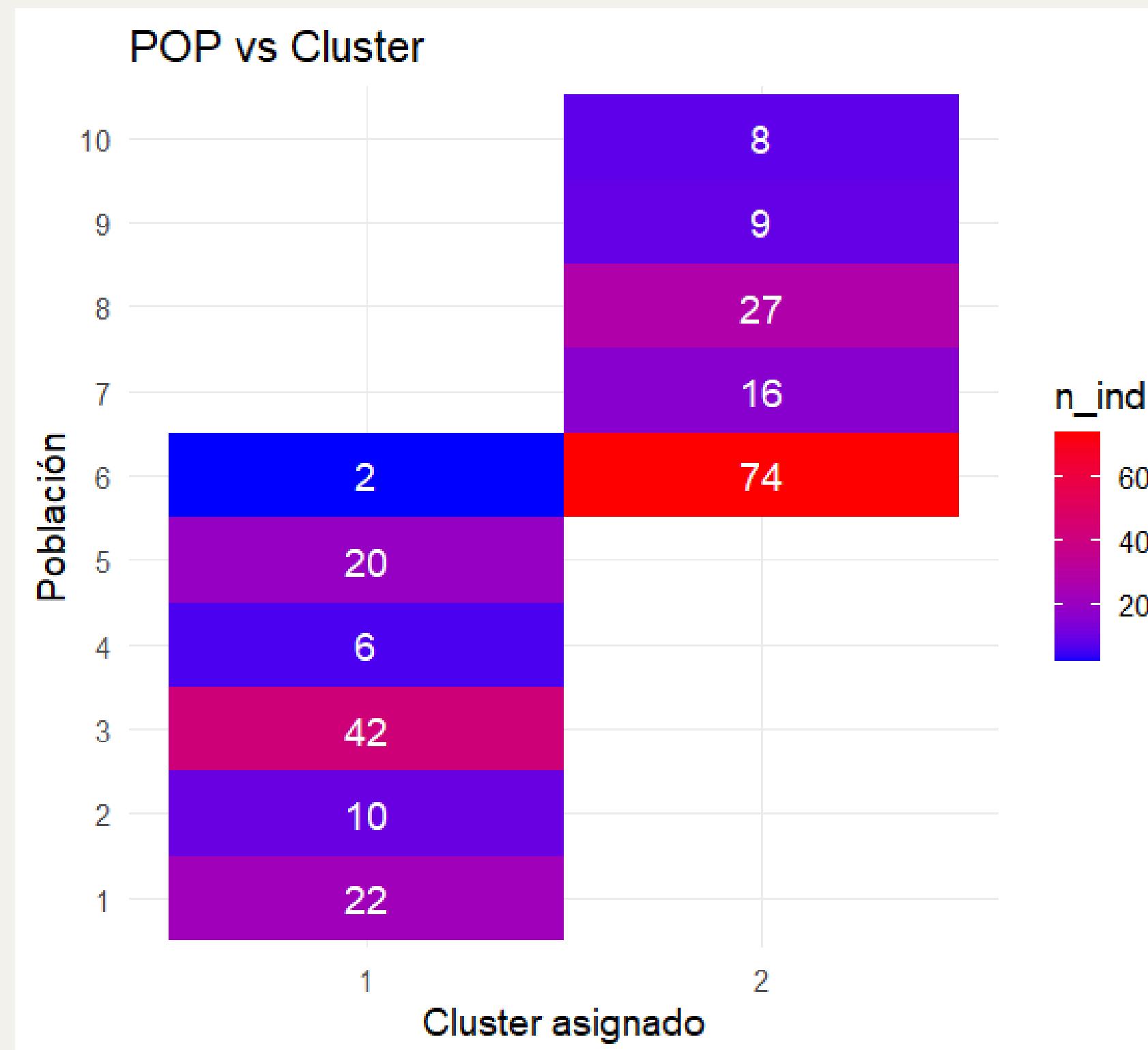
- Distribución balanceada : Poblaciones saludables con estructura significativa
- Apoya modelo de 3 clusters: Consistente con resultados de PCA y FST

Relevancia en conservación:  
Mantener cada unidad poblacional por su diversidad interna única

# RESULTADOS - Structure y mejor K

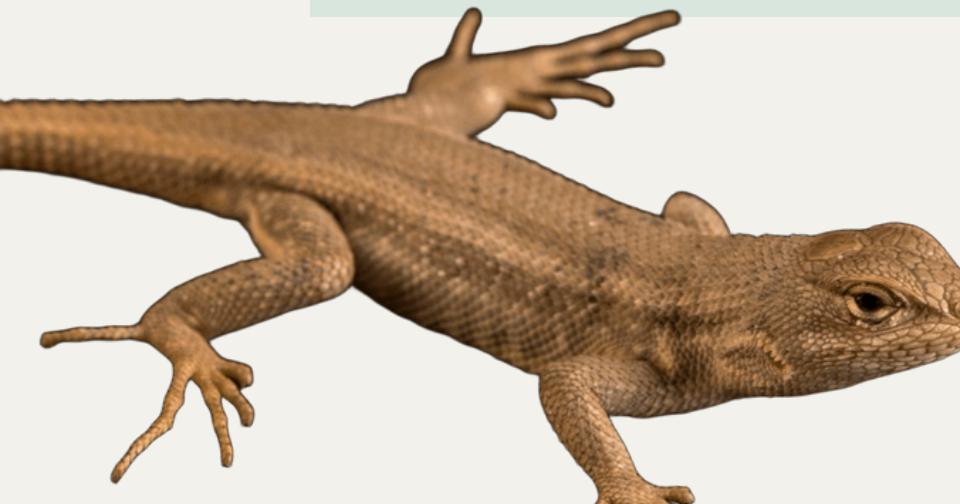


# RESULTADOS - Structure y mejor K



# CONCLUSIONES

- Replicamos exitosamente la estructura poblacional descrita por Chan et al., identificando los mismos dos grandes clusters genéticos de Mescalero y Monahans y su separación asociada a la conectividad del hábitat (Skinny Zone).
- Los análisis de diversidad y FST indican que algunas poblaciones presentan diferenciación significativa, lo que sugiere áreas donde la conservación debe priorizar la conectividad y protección del hábitat.
- Aun sin modelos jerárquicos, se observan patrones claros de diversidad diferenciada entre poblaciones, reflejando historia evolutiva, aislamiento espacial y dinámica del paisaje.



# REFERENCIAS

Chan, L. M., Archie, J. W., Yoder, A. D., & Fitzgerald, L. A. (2013). Review of the systematic status of *Sceloporus arenicolus* Degenhardt and Jones, 1972 with an estimate of divergence time. *Zootaxa*, 3664(3), 312–320.

<https://doi.org/10.11646/zootaxa.3664.3.2>

Chan, L. M., Painter, C. W., Hill, M. T., Hibbitts, T. J., Leavitt, D. J., Ryberg, W. A., Walkup, D., & Fitzgerald, L. A. (2020). Phylogeographic structure of the dunes sagebrush lizard, an endemic habitat specialist. *PLOS ONE*, 15(9), e0238194.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238194>



Universidad Peruana  
Cayetano Heredia

# MUCHAS GRACIAS

Noviembre 2025