



Molecular phylogeny of the *Sceloporus torquatus* species-group (Squamata: Phrynosomatidae)

NORBERTO MARTÍNEZ-MÉNDEZ¹ & FAUSTO R. MÉNDEZ-DE LA CRUZ²

Laboratorio de Herpetología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México D.F., 04510, México.

E-mail: ¹nmm@ibiologia.unam.mx; ²faustor@ibiologia.unam.mx

Abstract

The genus *Sceloporus* is one of the largest genus of lizards in North and Central America, with 22 species groups. Among these, the *torquatus* group has a notably wide geographic distribution with populations occurring from southern United States to Guatemala. In spite of the taxonomical work done with the group, some problems remain unsolved. We therefore obtained the phylogeny of the *torquatus* group, based on 925 bp of the ribosomal 16S gene, 912 bp of the ribosomal 12S gene, and 893 bp of the ND4 gene, for a total of 54 specimens of 25 taxa. The genes were analyzed, both separately and combined, by means of maximum parsimony and Bayesian inference analyses. The subspecies of *S. serrifer* did not form a monophyletic group. The sequence data refuted the morphological evidence that suggested that *S. s. plioporus* and *S. cyanogenys* are closely related to *S. s. serrifer* and to *S. s. prezygus*. Regardless, these last two were recovered as sister taxa. Moreover, evidence was found that *S. ornatus* does not form a monophyletic group, and that *S. ornatus ornatus* and *S. oberon* are a single species, despite their marked differences in coloration and scutellation. In addition, the non-monophyly of *S. mucronatus* was confirmed and the phylogenetic relationships of its different species were determined. At the same time, the subspecies of *S. dugesii* were recovered as a monophyletic group, refuting the non-monophyly of this taxon suggested in the phylogenetic hypothesis of the entire genus.

Key words: Phrynosomatidae; *Sceloporus*; *torquatus* group; phylogeny; molecular systematics, mtDNA sequences

Resumen

El género *Sceloporus* es uno de los géneros más grande de lacertilios de Norte y Centroamérica, con 22 grupos de especies. Entre estos, el grupo *torquatus* tiene una amplia distribución geográfica, con poblaciones que ocurren desde el sur de Estados Unidos hasta Guatemala. No obstante los trabajos taxonómicos realizados hasta ahora con el grupo, algunos problemas permanecen sin resolver. Por esa razón, obtuvimos la filogenia del grupo *torquatus*, basados en 925 pb del gen ribosomal 16S, 912 pb del gen ribosomal 12S y 893 pb del gen ND4, para un total de 54 especímenes de 25 taxa. Los grupos de datos fueron analizados separadamente y en conjunto, por medio de máxima parsimonia e inferencia bayesiana. Las subspecies de *S. serrifer* no fueron recuperadas formando un grupo monofilético, los datos refutan la evidencia morfológica que sugiere que *S. s. plioporus* y *S. cyanogenys* se realcionan con *S. s. serrifer* y con *S. s. prezygus*, sin embargo estos dos últimos sí son recuperados como taxa hermanos. Asimismo, encontramos evidencia que sugiere que las subspecies de *S. ornatus* no forman un grupo monofilético, y que *S. ornatus ornatus* y *S. oberon* forman parte de una sola especie, a pesar de sus marcadas diferencias en coloración y escutelación. También, se confirmó la no monofilia de *S. mucronatus* y se determinaron las relaciones filogenéticas de sus distintas especies. Al mismo tiempo, las subspecies de *S. dugesii* se recuperaron como un grupo monofilético, lo cual refuta la no monofilia de este taxon como se había sido sugerido en la filogenia previa del género.