



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES ZARAGOZA

**Límites de especies en *Scincella gemmingeri* (Cope, 1864)
(Squamata: Scincidae)**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE BIÓLOGO

P R E S E N T A

ANDRÉS PEREA PÉREZ

DIRECTOR DE TESIS

M. EN C. URI OMAR GARCÍA VÁZQUEZ



CIUDAD DE MÉXICO

MARZO 2020



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES

“ZARAGOZA”

DIRECCIÓN

JEFE DE LA UNIDAD DE ADMINISTRACIÓN ESCOLAR
PRESENTE.

Comunico a usted que el alumno **PEREA PÉREZ ANDRÉS**, con número de cuenta **311127441**, de la carrera de Biología, se le ha fijado el día **31 de marzo de 2020** a las **15:00 hrs.**, para presentar examen profesional, el cual tendrá lugar en esta Facultad con el siguiente jurado:

PRESIDENTE Dr. ANTONIO ALFREDO BUENO HERNÁNDEZ

VOCAL M. en C. URI OMAR GARCÍA VÁZQUEZ

SECRETARIO Dr. MANUEL FERIA ORTIZ

SUPLENTE M. en C. GENARO MONTAÑO ARIAS

SUPLENTE Dr. GABRIEL GUTIÉRREZ GRANADOS

El título de la tesis que presenta es: **Límites de especies en *Scincella gemmingeri* (Cope, 1864) (Squamata: Scincidae).**

Opción de titulación: Tesis.

Agradeceré por anticipado su aceptación y hago propia la ocasión para saludarle.

ATENTAMENTE

“POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU”

Ciudad de México, a 09 de marzo de 2020

DR. VICENTE JESÚS HERNÁNDEZ ABAD
DIRECTOR

RECIBI
OFICINA DE EXÁMENES
PROFESIONALES Y DE GRADO

VO. BO
M. en C. BÁRBARA SUSANA LUNA ROSALES
JEFA DE CARRERA

A mis abuelos;

María de la Luz, Martiniano, Rosario y Rafael

Por ese apoyo, cariño, consejos y recuerdos que
dejaron en mí, sin su apoyo esto no se hubiese logrado.

¡Muchas gracias!

Q.E.P.D.

Para Leo y Esperanza que con cariño los recuerdo.
Siempre serán mi inspiración para crecer. Los quiero.

A mi familia por todo el apoyo brindado. Gracias.

AGRADECIMIENTOS

La elaboración de este trabajo fue gracias al apoyo otorgado por la Dirección General de Apoyo al Personal Académico, Universidad Nacional Autónoma de México a Uri Omar García Vázquez, a través de los proyectos PAPIIT-IN 216619 y PAPIIT-IN 221016 y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, a través del proyecto CONACYT A1-S-37838.

Agradezco a la Universidad Nacional Autónoma de México y a la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza por la educación y oportunidades brindadas.

Agradezco a J. A. Campbell y E. N. Smith (University of Texas at Arlington), L. Trueb y J. Simmons (University of Kansas Museum of Natural History), A. N. Montes de Oca y E. Pérez Ramos (Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM), M. Feria Ortiz (Museo de Zoología, Facultad de Estudios Superiores, Zaragoza, UNAM), V. Hugo Reynoso (Colección Nacional de Anfibios y Reptiles, Instituto de Biología, UNAM), H. Elosa León (Colección Herpetológica de la Facultad de Biología, BUAP) por haberme permitido revisar los ejemplares de las colecciones a su cargo.

Agradezco a mi jurado Dr. Antonio Alfredo Bueno Hernández, Dr. Manuel Feria Ortiz, Dr. Gabriel Gutiérrez Granados, M en C. Genaro Montaña Arias y M. en C. Uri Omar García Vázquez, por la revisión, comentarios y observaciones al manuscrito, que ayudaron a la redacción y enriquecimiento del presente trabajo.

Agradezco a mi director de tesis “profe”, Uri Omar García Vázquez por todas y cada de una de las oportunidades brindadas, por permitirme formar parte de su equipo de trabajo, por despertar la llama dentro mi para hacer ciencia, por todos esos comentarios de apoyo y las enseñanzas dejadas en campo, materias y en el laboratorio, por todo ello. Muchas Gracias.

AGRADECIMIENTOS PERSONALES

A mí madre Liliana por enseñarme que, a pesar de una fuerte caída, uno mismo puede levantarse, puede seguir y ser mejor cada día, Gracias por enseñarme con hechos lo que es ser fuerte y valioso. Y sobre todo por ese apoyo, cariño y por ser inspiración para mí. Te quiero.

A mí hermana Luz por la confianza, los consejos, el apoyo, las risas, las pláticas, por la motivación para mejorarme. Gracias. Te quiero. Y recuerda los tres podemos contra todo y todos.

A mí hermano M. Miguel por todos esos comentarios, consejos y críticas para que mejorara como persona, por su apoyo incondicional en todo momento. Gracias. Te quiero. Y recuerda los tres podemos contra todo y todos.

A mis tíos Humberto Perea “Beto” y Beatriz Maldonado “Betty”, y Mariano Pérez y Angélica Morales, por todo su apoyo, consejos y orientarme cuando lo necesite y a mis primos Beatriz “Bella”, David, Giovanni y Humberto “Ñas”, por el apoyo brindado durante la carrera. Gracias.

A Antonio Esaú “Toño” y Diego “chamuco” por todas sus enseñanzas en campo, sus consejos, bromas “cábula”, por ser unos buenos mentores conmigo. Gracias.

A el “Triciclo” Rafa y Osvaldo gracias por todo, las salidas “bicheadas”, enseñanzas, pláticas sobre Herpetofauna, críticas para que mejoremos como profesionistas y en especial a ti Rafa, gracias por apoyarme y darme tu perspectiva del tema cuando lo he necesitado.

A Ricardo “Richard” gracias por todo, por aconsejarme, escucharme y apoyarme, por convertirte en mi mejor amigo en la FES y volverte como un hermano para mí.

A Romina, Juan Carlos “Charly”, Gabriel “Gabo” y Uriel, por sus comentarios, observaciones y ayuda para mejorar el manuscrito, en especial a ti Uriel, por tus críticas al documento y el apoyo para disipar mis dudas, y a “Gabo” por su apoyo para la estética del documento y observaciones. Gracias.

A mis compañeros de laboratorio de Sistemática Molecular: Aarón, Carlos, Gaby, Isabel, Jorge, Laura, Lesly, Mabel, Max, Norberto, Oyuki y Paulina por su compañía, apoyo en el trabajo de labo y prácticas de campo.

A ti Beatriz por el apoyo y cariño brindado en la parte terminal de la carrera, por alentarme cuando lo necesité. Gracias. Te Quiero. Y recuérdalo siempre es importante pensar en grande.

A TI, por todas esas aventuras y enseñanzas, por creer en mí, apoyarme, aconsejarme, orientarme y brindarme lo mejor de ti, porque este logro también es tuyo. Gracias. Te quiero.

A ti Laura, por ser una buena amiga conmigo, la cual siempre me ha apoyado y aconsejado, espero que siempre se cumplan tus metas y sueños. Sabes que siempre te apoyare.

A mí Padre, gracias por todas esas aventuras, platicas, recuerdos y consejos que me llegaste a brindar. Te quiero.

Índice

Resumen	3
Introducción	4
Marco Teórico	4
Género Scincella	9
Historia Taxonómica de <i>Scincella gemmingeri</i>	10
Justificación	13
Objetivo General	14
Objetivos Particulares	14
Material y Métodos	14
Morfología	14
Generación de Secuencias	17
Análisis filogenéticos	18
Límites de especies.....	19
Resultados	21
Revisión morfológica	21
Coloración	21
Análisis de Componentes Principales	22
Relaciones filogenéticas.....	25
Máxima Verosimilitud.....	26
Inferencia bayesiana.....	28
Límite de especies	29
Wiens y Penkrot (WP).....	29
Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC)	29
Poisson Tree Process (PTP).....	31
Diversidad genética	32
Discusión	33
Análisis morfológico	33
Análisis filogenéticos	34
Límites de especies.....	35
Wiens y Penkrot.....	35

Generalized Mixed Yule Coalescent	35
Poisson Tree Process.....	36
Divergencia genética	36
Taxonomía.....	37
Conclusiones	37
Consideraciones taxonómicas	39
Literatura citada	42
Apéndice 1.....	53
Apéndice 2.....	54

Resumen

Se evaluaron las relaciones filogenéticas en el género *Scincella* para determinar la posición filogenética de *Scincella gemmingeri*, dentro del grupo *Oligosoma* y corroborar la monofilia de la especie, por medio de análisis de Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Para evaluar los límites de especies se usaron tres criterios, uno basado en un árbol filogenético de DNA mitocondrial y la geografía mediante el método propuesto por Wiens y Penkrot (2002) y dos métodos coalescentes de descubrimiento, Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC) con un umbral simple y múltiple y Poisson Tree Processes (PTP) en su versión clásica y bayesiana. Adicionalmente se estimó la distancia genética de las poblaciones relacionadas a este taxón, finalmente se realizó un análisis estadístico a partir de caracteres morfométricos y merísticos de las poblaciones asignadas a la especie de estudio.

Con base en los análisis filogenéticos se sustenta la monofilia de *Scincella gemmingeri* donde los haplotipos se encuentran ubicados en tres clados principales, de acuerdo con las pruebas de límites de especies, sugiere la existencia de tres especies *Scincella gemmingeri* con distribución en la FVT la cual posee un coloración marrón, con líneas dorsolaterales definidas, y dos especies no descritas, *Scincella sp* (SMOr) con distribución en la Sierra Madre Oriental, que se caracteriza por poseer una coloración marrón, líneas dorsolaterales claras que van desapareciendo conforme se acerca a la cola hasta volverse ligeros puntos, y *Scincella sp* (SMS) con distribución en la Sierra Madre del Sur, se caracteriza por tener una coloración de color marrón con ligeros puntos negros dispersos en el dorso, líneas dorsolaterales bien definidas hasta la cloaca, además de que estas especies pueden ser separadas morfológicamente por la combinación de cuatro variables: hileras longitudinales alrededor del cuerpo, escamas nucales ensanchadas, hileras transversales en el dorso y longitud hocico cloaca.

Introducción

México destaca por su alta riqueza biológica y los porcentajes de endemismo presentes en el país. Ocupa el segundo lugar en reptiles con 864 especies descritas de las cuales 417 son lagartijas, 393 serpientes, tres anfisbénidos, tres cocodrilos y 48 tortugas, estas especies se incluyen en 158 géneros y 40 familias que representan el 8.7 % de los reptiles del mundo (Flores-Villela y García-Vázquez, 2013). Esta diversidad de organismos en el país se debe a su accidentada topografía, variedad de climas y a la convergencia de las regiones Neártica y Neotropical, por lo que es considerado un país megadiverso (Flores-Villela y Pérez-Mendoza, 2006).

Parte importante de esta diversidad se concentra en las cordilleras continentales del país, tales como la Sierra Madre Oriental (SMOr), Sierra Madre Occidental (SMOc), la Faja Volcánica Transmexicana (FVT), Sierra Madre del Sur (SMS) y las Sierras de Chiapas, las cuales son consideradas las provincias biogeográficas que poseen una de las biotas más ricas en México en cuanto al número de especies y endemismos presentes; estas provincias en conjunto forman parte de la Zona de Transición Mexicana (ZTM) (Espinosa *et al.*, 2008), la cual, ha sido considerada una área de divergencia de taxones, principalmente por la formación de sierras y el cambio climático del Pleistoceno que jugó un papel importante en la diversidad genética dentro de las especies. Se ha probado que en poblaciones de diferentes géneros como *Sceloporus*, *Phrynosoma*, *Plestiodon*, *Crotalus* que están restringidas a hábitos montañosos presentan mayores niveles de divergencia genética con relación a otras poblaciones (Bryson *et al.*, 2011; Bryson *et al.*, 2012; Bryson *et al.*, 2017), lo que sugiere que las tierras bajas que se encuentran entre los sistemas montañosos, funcionan como barreras de aislamiento que impide el flujo génico (Shepard y Burbrink, 2008). Por esta razón se considera relevante el estudio de la fauna herpetológica en esta región.

Marco Teórico

Sistemática

La sistemática es la ciencia que trata de entender las relaciones evolutivas de los organismos e interpretar la manera en la que la vida ha diversificado y cambiado a través

del tiempo, tomando en cuenta a las especies como unidades base (Morrone, 2000). La sistemática tiene como objetivos: a) encontrar el orden y los procesos responsables en el surgimiento de la biodiversidad, b) proponer hipótesis sobre las relaciones filogenéticas y los grupos de especies, c) sistematizar la biodiversidad descrita en clasificaciones jerárquicas que sustenten las hipótesis filogenéticas (Wiens y Servedio, 2000; Goyenechea, 2007).

En la sistemática se han desarrollado diversos métodos de clasificación biológica los cuales fueron definidos en tres principales: el evolutivo, fenético y el filogenético o cladista (Contreras-Ramos y Goyenechea, 2007; Peña, 2011). El cladista se ha convertido en la perspectiva más utilizada para las reconstrucciones filogenéticas de grupos biológicos (Goyenechea, 2007). Esto se debe a que toman en cuenta los caracteres homólogos, los derivados o apomórficos, para reconocer grupos monofiléticos. La creación de softwares especializados y otros avances analíticos, han convertido al método filogenético en una herramienta que hace disponibles y comparables los análisis filogenéticos (Contreras-Ramos y Goyenechea, 2007). En este método se pueden aplicar caracteres morfológicos como moleculares, tales como secuencias de nucleótidos de DNA mitocondrial (mtDNA) y DNA nuclear (nuDNA). El mtDNA posee algunas ventajas sobre los marcadores nucleares, ya que refleja la relación de organismos cercanamente emparentados y beneficia a las filogenias de las poblaciones dentro de una especie (Goyonechea y Contreras-Ramos, 2007), esto debido a que es de herencia materna y no recombinante, tiene un tamaño menor al genoma nuclear y su rápida tasa de mutación, son características que permiten la reconstrucción de historias evolutivas de los taxones que divergieron recientemente (Wiens y Penkrot, 2002).

Métodos de reconstrucción filogenética.

Existen tres principales métodos de reconstrucción de las historias evolutivas en la sistemática filogenética: Máxima Parsimonia (MP), Máxima Verosimilitud (MV) e Inferencia Bayesiana (IB).

Máxima Parsimonia

El método busca el árbol más corto o con el menor número de pasos, es decir el árbol que implica la menor cantidad de cambio evolutivo entre las unidades taxonómicas operacionales (OTUs). Este método ha sido durante mucho tiempo el principio metodológico para inferir filogenias dentro de los enfoques numéricos. Sin embargo, el

mayor problema que presentan los métodos de parsimonia es que la evolución no sigue necesariamente la parsimonia (Eguiarte *et al.*, 1997); además de que se cometen errores en la estimación de las relaciones filogenéticas, si no se tienen suficientes caracteres informativos (Contreras-Ramos y Goyonechea, 2007).

Máxima Verosimilitud

Este método se ha utilizado con mucha frecuencia en los últimos años para datos moleculares, funciona seleccionando la hipótesis que explica mejor los datos observados, generando un árbol que considera el ajuste entre un modelo de selección nucleotídica y cada uno de los árboles filogenéticos posibles mediante algoritmos heurísticos. Considera que es más probable que se den cambios en las ramas largas que en las cortas, encuentra el árbol que proporciona un mayor valor de verosimilitud, en algunos casos se considera uno de los más indicados y utilizados para la construcción de filogenias, debido a la heterogeneidad de tasas de sustitución (Goyonechea y Contreras-Ramos, 2007).

Inferencia Bayesiana

Este método ha cobrado fuerza desde finales de la década de 1990 para realizar análisis sobre todo utilizando caracteres moleculares que permiten la cuantificación directa de cada parámetro; este método trata de determinar la probabilidad posterior dada una probabilidad previa o *prior*. Debido a que obtener las probabilidades posteriores para este tipo de datos es intratable matemáticamente, se utilizan las cadenas Markov Montecarlo (MCMC siglas en inglés), un procedimiento estocástico para estimar las probabilidades posteriores (Huelsenbeck *et al.*, 2001; Leache y Reeder, 2002). Ha sido de gran utilidad para resolver problemas sistemáticos en grupos donde los caracteres fenotípicos no han sido suficientes, el cual utiliza caracteres tanto moleculares como morfológicos para realizar inferencias filogenéticas (Goyonechea y Contreras-Ramos, 2007).

Concepto de especie

El concepto de especie ha tenido un papel muy importante en diferentes áreas de la biología. Existen muchos conceptos de especie que varían en cuanto al argumento o enfoque de trabajo, Mayden (1997) enumeró aproximadamente 24 conceptos diferentes, muchos de los cuales son incompatibles entre ellos, ya que pueden llevar a conclusiones diferentes con respecto a los límites y el número de especies presentes. Dado lo anterior las especies De Queiroz (2007) propone separar entre conceptualización de especie y criterios operacionales, el concepto teórico explicado como un linaje que evoluciona

independientemente, mientras que los criterios operacionales de especies, son las múltiples líneas de evidencia que son relevantes para la delimitación de éstas. La separación entre la conceptualización de las especies y sus criterios operacionales ha permitido la generación de diversos protocolos que permiten una delimitación reproducible de las especies. Dado lo anterior las especies deben ser delimitadas bajo un enfoque integrativo utilizando múltiples líneas de evidencia (De Queiroz, 2007).

Delimitación de especies

Las especies son consideradas un nivel de organización biológica y una entidad en el proceso evolutivo (Simpson, 1951; De Queiroz y Donoghue, 1998), así mismo también constituyen una categoría taxonómica, ya que son unidades fundamentales de los estudios sistemáticos, ecológicos y evolutivos (Cracraft, 2002; Lee, 2003). Por esta razón es necesario que se implementen métodos para delimitar objetiva y rigurosamente las especies presentes en la naturaleza (Sites y Marshall, 2003). La delimitación de especies tradicionalmente se lleva a cabo mediante la comparación de caracteres morfológicos; sin embargo, este método enfrenta problemas como puede ser el subestimar el número de especies si no se registran los caracteres suficientes o la existencia de especies crípticas que son difíciles de reconocer mediante la morfología. Adicionalmente, cuando un evento de especiación es reciente, la morfología entre las especies producidas puede no estar diferenciada (Rowe *et al.*, 2011; Yang y Rannala, 2010). Por tal motivo, el incluir datos moleculares y la información sobre la distribución de las especies dan como resultado hipótesis de delimitación de especies más robustas (Davis y Nixon, 1992; Wiens, 1999; Highton, 1989).

La delimitación molecular de especies es actualmente uno de los campos de mayor desarrollo en sistemática (Sites y Marshall, 2003). Una gran variedad de métodos han sido desarrollados recientemente: ABGD (Puillandre *et al.*, 2012), PTP (Zhang *et al.*, 2013), BPP (Yang, 2015), GMYC (Pons *et al.*, 2006), Structurama (Huelsenbeck *et al.*, 2011), SpedeSTEM (Ence y Cartens, 2011) y BFD (Grummer *et al.*, 2014), entre otros. La efectividad de los métodos en identificar especies continúa bajo discusión (Sukumaran y Knowles, 2017). Sin embargo, el uso de estos métodos puede ser útil como una primera aproximación para reconocer la diversidad dentro de un grupo determinado, en especial para aquellos grupos morfológicamente conservados y polimórficos. Estos métodos pueden fallar en reconocer las especies, aunque puede servir para identificar especies putativas

que posteriormente deberán ser confirmadas con otras líneas de evidencia como morfología, bioacústicas, segregación de nicho, reproducción u otras (Arias, 2019).

Criterios de delimitación de especies

En la actualidad las estrategias de conservación de especies más exitosas dependen del adecuado reconocimiento de la biodiversidad, es por esta razón que el descubrimiento y descripción de especies se vuelve una de las principales tareas de la sistemática, por lo que es importante que esta cuente con métodos objetivos para delimitarlas (Sites y Marshall, 2003).

El enfoque tradicional utilizado en la delimitación de especies es el descubrimiento de caracteres diagnósticos entendidos como aquellos intraespecíficamente invariables o que su variación en una especie no se superpone con la variación presente en otras especies. Actualmente la inclusión de caracteres moleculares ha logrado aumentar el número y variedad de acercamientos metodológicos hacia la delimitación de especies (Wiens, 1999; Carstens *et al.*, 2013).

Dentro de los métodos utilizados en la delimitación de especies está el propuesto por Wiens y Penkrot (2002) (WP) el cual se basa en un árbol de mtDNA, obtenido mediante el análisis de Inferencia Bayesiana y en la procedencia geográfica de los ejemplares. Evalúa la presencia de varias especies al interior de un clado de la especie de interés (especie focal), la cual representará una especie si en una filogenia aparece como grupo monofilético y exclusivo con especies cercanamente emparentadas, por lo que puede ser considerada como especie diferente. Posteriormente se evalúa la presencia de varias especies al interior de la especie focal si sus clados basales son exclusivos y tienen congruencia geográfica, esto se considera como evidencia de que no existe flujo génico entre ellos y pueden ser consideradas como especies diferentes (Wiens y Penkrot, 2002).

Teoría de la coalescencia

Kingman (1982) postula la teoría de la coalescencia, que se basa en el tiempo para describir las relaciones ntepasado-descendiente de una especie en una población integra las funciones de espacio-tiempo para inferir la genealogía de las poblaciones y proporciona un marco conceptual sólido para identificar objetivamente a las especies cripticas y alopátricas. Indica que la historia genética de dos alelos puede ser trazada hacia atrás en el tiempo hasta el momento que convergen en el ancestro común más próximo, siguiendo esta teoría se puede completar la historia genética de todo un conjunto de alelos y llegar al alelo

ancestral próximo en común. Con base en la teoría de la coalescencia se han implementado algunos métodos para delimitar especies, tales como Mixed Yule Coalescent (GMYC), Poisson Tree Processes (PTP), los cuales son métodos de descubrimiento y Bayes Factor Delimitation (BFD) el cual es considerado un método de validación (Fujita *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2013; Grummer *et al.*, 2014).

En particular, Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC), distingue los patrones de ramificación resultantes de especiación de aquellos resultantes de divergencia intraespecífica en un árbol ultramétrico (Pons *et al.*, 2006). Se espera que los procesos de especiación sigan el modelo de Yule mientras que los procesos intraespecíficos sigan el modelo coalescente (Fujita *et al.*, 2012). La longitud de las ramas del árbol ultramétrico debe estar escalada con respecto al tiempo (Pons *et al.*, 2006). GMYC es considerado un método de descubrimiento ya que no requiere de hipótesis previa (Carstens *et al.*, 2013)

Poisson Tree Process (PTP) distingue los patrones de ramificación resultantes de la especiación de aquellos resultantes de divergencia intraespecífica en un árbol no ultramétrico. Se basa en un criterio operacional de coalescencia de genes en función del número de eventos de sustitución a lo largo de las ramas de la filogenia en lugar del tiempo. Este método es ideal para la delimitación de especies en filogenias moleculares de un solo locus ya que solo necesita como entrada de un árbol filogenético enraizado, al igual que GMYC no requiere una hipótesis previa (Zhang *et al.*, 2013).

El resultado de estos criterios en conjunto con un análisis morfológico constituye una evidencia suficiente para delimitar el número de especies existentes en un complejo de estudio (Ence y Carstens, 2011; De Jesús-Bonilla *et al.*, 2017).

Género *Scincella*

El género *Scincella* es un grupo de lagartijas que se encuentra ubicado taxonómicamente dentro de la familia Scincidae: se caracterizan por su tamaño pequeño, la presencia de un disco traslúcido en el párpado, cuatro supraoculares, dos loreales, de seis a siete supra e infralabiales, ausencia de escamas supranasales y extremidades moderadamente cortas (Smith y Taylor, 1966; García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006). Se encuentra principalmente en áreas templadas y tropicales, bosques de coníferas y bosques mesófilos, matorral xerófilo y matorral desértico, selvas tropicales y selvas caducifolias. Posee una distribución amplia que abarca el este y sureste de Asia, en América se puede encontrar desde el

sureste de Estados Unidos, norte, sur, y centro de México, Belice, Costa Rica, Guatemala, Honduras, Nicaragua y Panamá (García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006; García-Vázquez, 2012).

El género *Scincella* cuenta con un total de 35 especies de las cuales 27 se encuentran en Asia y ocho en América (Nguyen *et al.*, 2019). Las especies americanas fueron separadas en dos grupos a partir de la escama frontoparietal, *Oligosoma* posee una escama dividida y en *Lygosoma* es única. Las especies que se encuentran dentro del Grupo *Oligosoma* son: *Scincella gemmingeri* con dos subespecies (*S. g. gemmingeri* y *S. g. forbesorum*); *S. silvicola* con dos subespecies (*S. s. silvicola* y *S. s. caudaequinae*), *S. lateralis* y *S. kikaapoa* (García-Vázquez *et al.*, 2010). Mientras que para el grupo *Lygosoma* se reconocen, *S. assata* con dos subespecies (*S. a. assata* y *S. a. taylori*), *S. cherriei* con dos subespecies (*S. c. cherriei*, *S. c. ixbac*), *S. stuarti*, *S. incerta* y *S. rara* (Valdenegro-Brito, 2018).

En México la distribución del género abarca los estados de Campeche, Chiapas, Coahuila, Colima, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, Michoacán, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz, y Yucatán; en las provincias biogeográficas del Altiplano Central Mexicano; Faja Volcánica Transmexicana; Llanura Costera del Golfo; Península de Yucatán; Sierra Madre Oriental; Sierra Madre del Sur; Sierra de Chiapas; y la Vertiente del Pacífico (García-Vázquez y Mendoza-Hernández, 2007; García-Vázquez, 2012; Johnson *et al.*, 2015; Mata-Silva *et al.*, 2015).

Históricamente el género *Scincella*, al igual que la mayor parte de los escíncidos del mundo, presentan diversos problemas en cuanto a su clasificación, esto, debido a que existe una ausencia de caracteres que sustenten la monofilia y permitan diferenciar de manera confiable las especies que lo integran (García-Vázquez, 2012).

Historia Taxonómica de *Scincella gemmingeri*

Una de las especies del género *Scincella* con mayor distribución en México dentro del grupo *Oligosoma* es *Scincella gemmingeri*, esta especie fue originalmente descrita por Cope (1864) como *Oligosoma gemmingeri* con base en cuatro ejemplares recolectados en la región de Orizaba, Veracruz. Hasta aquel momento, la única especie descrita para el género *Oligosoma* era *O. lateralis* y las características que la diferenciaban de *O. gemmingeri* fueron el largo del cuerpo, dos pares de escamas nucales alargadas y 27 hileras de escamas alrededor del cuerpo. Cope (1864) añade en su descripción que la

coloración de *O. gemmingeri* es color amarillo a dorado, con una línea negra dorsolateral, con manchas negras dispersas en el dorso.

Más tarde, Taylor (1937) describe dos especies nuevas para México del género *Leiopisma*: *L. forbesorum* de la Placita, Hidalgo y *L. silvicolum* en San Lorenzo, Veracruz. La descripción la realizó con base en caracteres merísticos y morfométricos, entre los cuales consideró el número de hileras de escamas que separan las extremidades dado la superposición de ellas al cuerpo y el número de escamas nucales. Añade que *L. forbesorum* presentó una longitud máxima de 54.2 mm y una banda marrón, que se va haciendo más estrecha conforme se acerca a la cola. En este mismo trabajo reevaluó el estado taxonómico de *Oligosoma gemmingeri*, y a partir de las características de escamación de la cabeza, la reasignó al género *Leiopisma*, por lo cual separó a estas tres especies por el tamaño de sus extremidades, caracteres morfométricos (principalmente la relación de la longitud de la axila de la ingle con respecto a la longitud hocico-cloaca, longitud de cuarto dedo, diámetro del tímpano), y merísticos como lo son las escamas infralabiales, escamas supralabiales y el número de escamas alrededor de la mitad del cuerpo.

Mittleman (1950), describe el género *Scincella* donde incluye a todas las especies de *Leiopisma* del Nuevo Mundo, y otras especies de los géneros *Leiopisma* y *Lipina* de Asia. Más tarde, Smith (1951), con base en la distribución geográfica y características del hábitat, relegó a *L. forbesorum* a nivel de subespecie dentro de *L. gemmingeri*, argumentando que *L. g. gemmingeri* y *L. g. forbesorum* presentan características similares, como extremidades cortas y el mismo número de laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Greer (1974), analizó las relaciones genéricas de los scincidos referidos al género *Leiopisma*, y da validez al género *Scincella* propuesto por Mittleman (1950).

García-Vázquez (2003) realizó una revisión taxonómica del grupo *Oligosoma* del género *Scincella* a partir de caracteres morfológicos, a partir de la cual propone una especie no descrita, y sugiere que *Scincella forbesorum* representa una sinonimia de *Scincella gemmingeri* ya que no presentaron diferencias morfológicas así mismo considera que las subespecies pertenecientes a *Scincella silvicola* son unidades independientes con caracteres morfológicos diagnosticables y deben ser consideradas especies.

Linkem *et al.*, (2011) analiza las relaciones interespecíficas entre los géneros *Scincella* y *Sphenomorphus*, dando como resultado que estos géneros para América son grupos parafiléticos con respecto a los del Viejo Mundo, por lo que reasigna a todas las especies

americanas de *Sphenomorphus* a *Scincella*. A pesar de que sólo incluyeron algunas especies de *Scincella* las cuales fueron *Scincella cherriei*, *S. assatus*, *S. lateralis* *S. forbesorum* los resultados son congruentes con otros trabajos realizados posteriormente y los cuales incluyen un mayor número de especies (García-Vázquez, 2012; Valdenegro-Brito, 2018).

En estudios específicos para el taxón *Scincella gemmingeri* García-Vázquez (2012) sugieren que puede ser un complejo de especies por su amplia distribución, caracteres morfológicos y los resultados obtenidos de un análisis filogenético con mtDNA, así mismo García-Vázquez (commen. pers) sugiere que las poblaciones asignadas a *Scincella gemmingeri* de la parte baja de la Sierra Mixe representan una especie no descrita.

Scincella gemmingeri

Es una especie de tamaño pequeño, la LHC en promedio es de 59.25 mm. Posee una escama frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal. 1-6 escamas nucales ensanchadas en series pareadas, 28-33 escamas alrededor del cuerpo en la inserción anterior del brazo; 26-31 escamas alrededor del cuello; 24-29 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 54-67 escamas dorsales; 14-19 laminillas infradigitales en el cuarto dedo, cuerpo color marrón claro u oscuro con una línea lateral clara continua o ligeramente interrumpida por motas negras a lo largo del cuerpo (García-Vázquez, 2003; Canseco-Márquez, 2007; García-Vázquez, 2012). Se distribuye en el centro y sur de Hidalgo, norte de Puebla, centro de Veracruz, norte de Oaxaca, abarca varias regiones montañosas de la Faja Volcánica Transmexicana (FVT), Sierra de Juárez (SJ), Sierra de Mixe (SM), Sierra Madre Oriental (SMOr) y Sierra Madre del Sur (SMS)

(Smith y Taylor, 1966; Camarillo, 1995; Auth *et al.*, 1999; García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006; Johnson *et al.*, 2015; Mata-Silva *et al.*, 2015) (Fig.1).

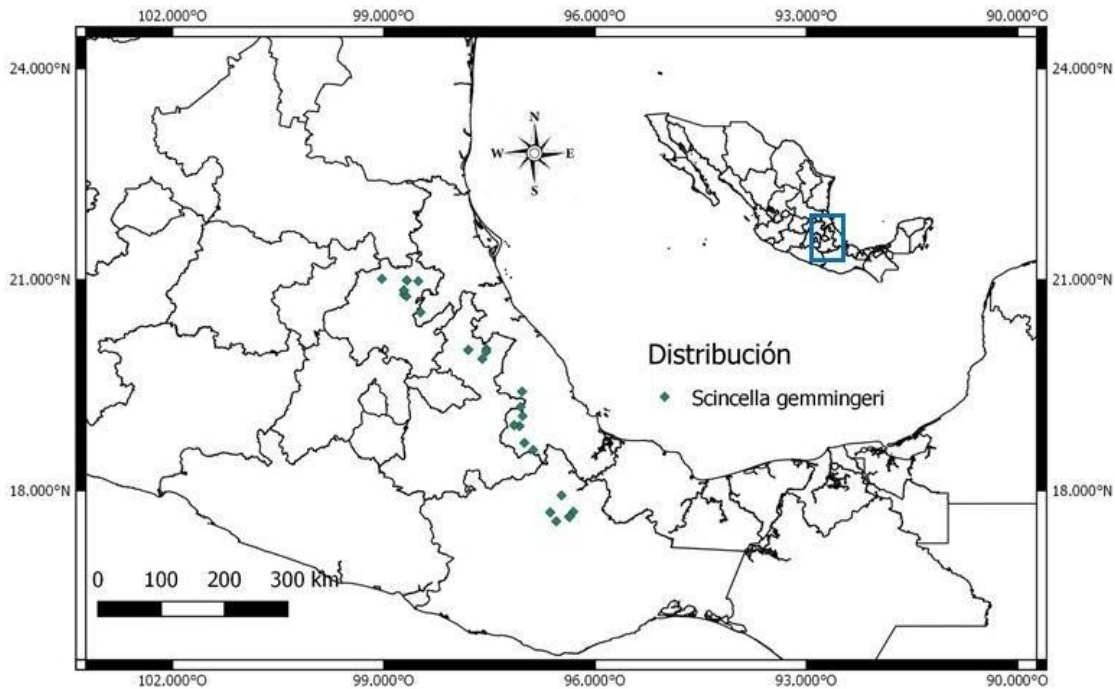


Figura 1. Distribución conocida de *Scincella gemmingeri*

Justificación

Scincella gemmingeri es un taxón ampliamente distribuido a lo largo de tres provincias biogeográficas SMO_r, FVT y SMS, cada una de estas regiones posee condiciones ambientales similares con altitudes arriba de los 1000 m, donde predominan el bosque de coníferas y el bosque mesófilo de montaña. *Scincella gemmingeri*, al igual que la mayoría de los scincidos del mundo, posee dificultades taxonómicas debido a la ausencia de caracteres morfológicos informativos y/o la existencia de especies crípticas. En un estudio previo sobre el taxón, García-Vázquez (2012) sugiere la existencia de una especie aún no descrita la cual se encuentra taxonómicamente asignada a *Scincella gemmingeri*; sin embargo, las relaciones filogenéticas dentro del taxón no están esclarecidas, el presente trabajo busca determinar cuántas especies putativas comprende el taxón.

Objetivo General

Realizar una revisión taxonómica a *Scincella gemmingeri*.

Objetivos Particulares

Someter a prueba la monofilia de *Scincella gemmingeri*

Evaluar caracteres morfológicos mediante métodos estadísticos de las poblaciones asignadas a *Scincella gemmingeri* para comprobar la existencia de grupos exclusivos.

Establecer el número de especies presentes en el taxón *Scincella gemmingeri* a partir de pruebas de límites de especies basados en métodos coalescentes.

Asignar categorías taxonómicas y cambios pertinentes a las poblaciones de *Scincella gemmingeri* a nivel de especie.

Material y Métodos

Se realizó una búsqueda de ejemplares pertenecientes al grupo *Oligosoma* del género *Scincella* las especies que constituyen al género son: *S. gemmingeri*, *S. silvicola*, *S. lateralis* y *S. kikaapoa*, adicionalmente se tomaron en cuenta los ejemplares propuestos por García-Vázquez (2012) como *Scincella sp.*, se incluyeron todas las subespecies presentes, los ejemplares pertenecen a diversas localidades del área de distribución conocida de este grupo. Todos los organismos y muestras de tejido fueron provenientes de trabajo de campo y de las colecciones herpetológicas de los Museos: Colección Herpetológica de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (EBUAP); Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM, (MZFC); Instituto de Biología, UNAM (IBH); Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN (ENCB); Museo de Zoología, FES Zaragoza, UNAM, (MZFZ); University of Kansas Museum of Natural History (UKMNH) y University Texas at Arlington (UTACV).

Morfología

Se revisaron morfológicamente un total de 120 organismos del grupo *Oligosoma* de los cuales 70 ejemplares pertenecen a *Scincella gemmingeri*, con base en trabajos previos de escincidos (Cope, 1864; Taylor, 1937; Mittleman, 1950; Smith, 1951; Greer, 1974; García-

Vázquez, 2003; García-Vázquez, 2012) se midieron los siguientes caracteres morfométricos con la ayuda de un vernier digital con una precisión de 0.01 mm (Fig. 2):

1. Longitud hocico-cloaca (LHC); medida de la punta del hocico al margen anterior de la cloaca.
2. Longitud de la cola (LC); medida del margen posterior de la cloaca hasta la punta de la cola.
3. Ancho máximo de la cabeza (AC); medido al nivel de la región postorbital.
4. Longitud de la cabeza (LCa); medida de la punta del hocico al margen posterior de la membrana timpánica.
5. Diámetro vertical del tímpano (DT).
6. Longitud de la extremidad anterior (LA); medida desde la axila hasta la punta del tercer dedo.
7. Longitud de la extremidad posterior (LP); medida desde la ingle hasta la punta del cuarto dedo.
8. Longitud del cuarto dedo de la extremidad posterior (LD).
9. Longitud del tronco, medida de la axila a la ingle (LAI).
10. Longitud hocico-inserción anterior del brazo (IA).

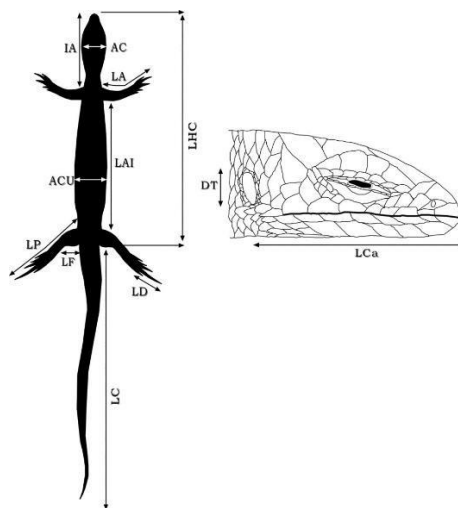


Figura 2. Caracteres morfométricos considerados en este estudio. Tomado de García-Vázquez (2012).

Por otra parte, con base en trabajos previos se revisaron los siguientes caracteres merísticos con ayuda de un microscopio estereoscópico (Cope, 1864; Taylor, 1937; Mittleman, 1950; Smith, 1951; Greer, 1974; García-Vázquez, 2003; García-Vázquez, 2012):

1.-Número de escamas nucales ensanchadas. Se considerarán como nucales ensanchadas únicamente a aquellas más anchas que largas ubicadas en la parte posterior de la cabeza.

2.- Número de hileras longitudinales de escamas alrededor del cuello.

3.- Número de hileras longitudinales de escamas alrededor de la mitad del cuerpo.

4.- Número de hileras transversales de escamas a lo largo de la línea media dorsal del cuerpo a partir de las escamas nucales hasta el nivel de la abertura cloacal.

5.- Superposición de extremidades para evaluar este carácter se plegarán contra el cuerpo las extremidades del lado derecho, y se contarán el número de escamas laterales del cuerpo entre ellas (cuando las extremidades queden separadas), o el número de escamas laterales del cuerpo bajo ellas (cuando las extremidades queden superpuestas).

6.- Número de laminillas subdigitales en el cuarto dedo de la extremidad posterior derecha.

Análisis de Componentes Principales (ACP)

Los caracteres merísticos y morfométricos fueron estandarizados al transformarlos a logaritmo natural para disminuir la influencia que pudieran causar las diferencias dimensionales que existen entre los caracteres usados (Sánchez-García, 2018). Se realizó un análisis de componentes principales para conservar aquellas variables que relacionan de mejor forma los datos, el análisis se llevó a cabo en el programa Statgraphics Centurion XVI Versión 16.02.04 (StatPoint technologies, 2013). Se tomaron en cuenta valores positivos tanto como negativos. Los porcentajes mayores a 60% fueron considerados como buenos y permitieron la obtención de caracteres diagnósticos (Villardón, 2002). El ACP fue utilizado como base para separar linajes, esto permitió separar los caracteres morfológicos de mayor peso o que más información aportaron para reconocer patrones de agrupación de datos (Sánchez-García, 2018).

Generación de Secuencias

Extracción DNA

Para inferir las relaciones filogenéticas dentro del *grupo Oligosoma*, determinar la posición filogenética y evaluar la monofilia de *Scincella gemmingeri*. Se realizó la extracción de DNA mitocondrial (mtDNA) de las especies y de las subespecies reconocidas dentro del género *Scincella* para el continente americano a partir de tejido hepático congelado y preservado en alcohol, la extracción se realizó mediante la técnica de acetato de amonio siguiendo el protocolo de Hillis *et al.*, (1996). Adicionalmente de Genbank se descargó una secuencia de *Scincella reeversi* para enraizar el árbol, la elección de la secuencia se llevó a cabo con base en un estudio previo (Pyron *et al.*, 2013). La calidad del DNA extraído fue confirmado por medio de electroforesis en gel de agarosa y empleando un marcador de peso molecular de 1kb Plus (100-12,000 pares de bases).

Amplificación de DNA

Se amplificó un fragmento del gen NADH deshidrogenasa subunidad 1 (ND1), un segmento del gen que codifica para el RNA ribosomal 16S (16S) y tRNAs asociados (Leu, Ile, Gln y Met). Esta región fue elegida debido a que se ha empleado con éxito en diversos estudios filogenéticos en scincidos (Brandley *et al.*, 2005; García-Vázquez, 2012; Valdenegro-Brito, 2018). La amplificación se realizó mediante el proceso de reacción en cadena polimerasa (PCR) utilizando un termociclador MultiGene OptiMax. Los parámetros del ciclo de PCR fueron un ciclo de desnaturalización inicial a 94°C durante 5 min, seguido por 40 ciclos de desnaturalización inicial a 94°C durante 30 seg, alineamiento a 48°C durante 30 seg, y una extensión a 72°C durante 10 min. Los primers utilizados fueron 16 aR2 (Reeder, 2003), tMET (Leaché y Reeder, 2002) y ND1- INT R2 (Schmitz *et al.*, 2005). Los productos amplificados fueron verificados mediante electroforesis en gel de agarosa y se visualizaron en una cámara de UV; Los productos de PCR fueron purificados con el método Polyethylene Glycol (PEG) (Lis, 1980) y finalmente se enviaron a MacroGen Sequencing Service, Korea para su secuenciación.

Edición y alineamiento

Las secuencias fueron editadas en el software Sequencher 4.1.4 (Gene Codes Corporation, 2000). La matriz generada constó de 36 secuencias del género *Scincella* del grupo

Oligosoma de las cuales 28 corresponden a *Scincella gemmingeri* y ocho del grupo *Lygosoma*, como grupo externo se utilizó a *Scincella reveesi* (Cuadro 1).

Análisis filogenéticos

Las secuencias editadas se alinearon haciendo uso del algoritmo Muscle (Edgar, 2004) incluido en el software Mega 7.0 (Kumar *et al.*, 2015). Se seleccionó el esquema de partición y el modelo de sustitución que mejor se ajustó a los datos en Partition-Finder v 1.1.1. (Lanfear *et al.*, 2012). Para evaluar la monofilia de *Scincella gemmingeri* se obtuvieron dos hipótesis filogenéticas: la primera de ellas fue un análisis de Máxima verosimilitud (ML) realizado en el software RaxML 8.1.11 (Stamatakis, 2014). Se realizó una búsqueda heurística con el modelo general de tiempo reversible (GTR) para determinar el soporte de las ramas se realizó un bootstrap no paramétrico de 1000 repeticiones, los valores de bootstrap arriba de 70% en los nodos de los árboles fueron considerados como bien soportados (Hillis y Bull, 1993). El segundo análisis se realizó por medio de la inferencia Bayesiana (IB) en el software Mr. Bayes 3.2 (Ronquist *et al.*, 2012), se realizaron dos corridas de cadenas paralelas de Markov, Monte Carlo Metrópolis (mcmc) de 30000000 de generaciones, con muestreo de árboles cada 5000 generaciones. Para generar el árbol consenso del análisis Bayesiano se combinaron los resultados de cada una de las cadenas de Markov los cuales fueron unidos y corroboradas en TRACER 1.5 (Rambaut y Drummond, 2007) posteriormente se obtuvo el árbol de máxima credibilidad en TreeAnnotator v2.1.2 (Drummond *et al.*, 2012). Los resultados de ambos análisis se visualizaron en FigTree 1.3.1 (Lemey *et al.*, 2009), los valores de probabilidad posterior arriba de 0.95 fueron considerados como bien soportados (Leaché y Reeder, 2002), para el análisis de IB.

Cuadro 1. Taxones correspondientes a las secuencias del género *Scincella* en los análisis filogenéticos

Taxón	Número de Secuencias	Grupo	Lugar de la muestra
<i>Scincella reveesi</i>	1	-	Asia
<i>Scincella assata</i> <i>assata</i>	1	<i>Lygosoma</i>	Oaxaca

<i>Scincella assata taylori</i>	2	<i>Lygosoma</i>	Colima, Guerrero
<i>Scincella caudaequinae</i>	1	<i>Oligosoma</i>	Nuevo León
<i>Scincella cherriei cherriei</i>	3	<i>Lygosoma</i>	Costa Rica, Honduras, Veracruz
<i>Scincella cherriei stuarti</i>	1	<i>Lygosoma</i>	Veracruz
<i>Scincella gemmingeri</i>	16	<i>Oligosoma</i>	Chiapas, Hidalgo, Oaxaca, Puebla, Veracruz
<i>Scincella forbesorum</i>	1	<i>Oligosoma</i>	Hidalgo
<i>Scincella kikaapoa</i>	1	<i>Oligosoma</i>	Coahuila
<i>Scincella lateralis</i>	1	<i>Oligosoma</i>	USA
<i>Scincella incerta</i>	1	<i>Lygosoma</i>	Guatemala
<i>Scincella silvicola</i>	1	<i>Oligosoma</i>	Puebla
<i>Scincella sp nov</i>	7	<i>Oligosoma</i>	Guenegati, Los chimas Oaxaca, Los tuxtlas Chiapas.

Límites de especies

Para establecer el límite de especies se implementaron tres métodos WP, GMYC, PTP.

Wiens y Penkrot (WP)

Se consideró a *Scincella gemmingeri*, como especie focal. Se utilizó el árbol obtenido a partir del análisis de Inferencia bayesiana para tener referencia de las relaciones filogenéticas. Considerando a la especie de interés *Scincella gemmingeri* como especie focal para el análisis, se buscó la presencia o ausencia de flujo génico entre las ramas basales de cada clado obtenido, buscando exclusividad de cada clado mediante el soporte de los nodos y su concordancia geográfica, se elaboró un mapa para visualizar la

procedencia geográfica de las muestras y buscar concordancia con el análisis filogenético (Wien y Penkrot, 2002).

Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC)

Se construyó un árbol ultramétrico utilizando el software BEAST 1.8 (Drummond *et al.*, 2012), bajo los modelos evolutivos obtenidos en Partition-Finder v 1.1.1. (Lanfear *et al.*, 2012). Se corrieron dos análisis por separado de 1×10^8 generaciones cada uno, muestreando cada 1000 generaciones y desechando el 25% de los árboles iniciales como burn-in se utilizaron como parámetros un reloj log normal no correlacionado y el modelo a priori del árbol de Yule. Los valores de logaritmo se visualizaron en TRACER 1.5 (Rambaut y Drummond, 2007) para comprobar la convergencia de las cadenas. Con base en el árbol que se obtuvo, se elaboró un árbol de máxima credibilidad en TreeAnnotator v2.1.2 (Drummond *et al.*, 2012). El árbol resultante se utilizó como entrada para el método de GMYC, que se realizó con el uso del paquete “SPLITS” (Ezard y Barraclough, 2009; <http://rforge.rproject.org/projects/splits>) implementado en el software estadístico “R” (Development Core Team, 2010).

Poisson Tree Process (PTP)

Se realizó un análisis de PTP mediante el servidor web (Zhang *et al.*, 2013; <http://species.hits.org/ptp/>), utilizando el árbol de entrada obtenido en RaxML 8.1.11 (Stamatakis, 2014), corriendo dos análisis de 1×10^6 generaciones con los siguientes parámetros: Thinning 100, burn-in 0.1 y seed 123, se descartaron los grupos externos y se tomaron en cuenta los resultados de PTP con Máxima Verosimilitud y PTP con Inferencia Bayesiana (Zhang *et al.*, 2013).

Divergencia genética

Finalmente, se estimó la divergencia genética para el gen ND1 entre y dentro de los clados principales obtenidos por los análisis filogenéticos y las hipótesis de límites de especie las distancias fueron calculadas mediante la distancia corregida por pares utilizando el modelo K2P con el software MEGA 7 (Kimura, 1980; Kumar *et al.*, 2015).

Resultados

Revisión morfológica

Se encontró que el taxón *Scincella gemmingeri* pueden ser dividido en tres grupos, un grupo ubicado en la FVT, el otro en la SMO y el último con ubicación en la SMS, particularmente en SJ. La agrupación se hizo con base en la procedencia geográfica de los ejemplares y características morfológicas de los ejemplares ubicados en estas provincias, las características usadas para las agrupaciones son: el número de hileras longitudinales de escamas alrededor de la mitad del cuerpo, donde las poblaciones de la SMO poseen un mayor número (25-30, $\bar{x}=25.5$), comparadas con los de la FVT (26-28, $\bar{x}=27$), y los de la SMS (24-28, $\bar{x}=24.5$), las laminillas subdigitales del cuarto dedo en el cual los ejemplares de la SMO poseen un mayor número (16-18, $\bar{x}=15.90$), mientras que las poblaciones de la FVT presentan (14-16, $\bar{x}=15.5$) y los de la SMS (14-16, $\bar{x}=14.70$). De manera general, la longitud total aproximada máxima de los ejemplares de la FVT es mayor al resto de los organismos (123.84 mm, $\bar{x}=90.02$ mm), a diferencia de las otras poblaciones de *S. gemmingeri* donde los ejemplares de la SMS (71.63 mm, $\bar{x}=53.18$ mm), y los de SMO (95.44, $\bar{x}=70.37$) respectivamente.

Coloración

El patrón de coloración no fue trabajado de manera estadística, no obstante, al hacer la comparación por fotografías de diferentes ejemplares de las poblaciones se puede apreciar una variación en el patrón de coloración, que se describe adelante.

Faja Volcánica Transmexicana

Los ejemplares ubicados en la FVT poseen una coloración marrón, el dorso posee una coloración brillante, sin puntos franjas dorsales oscuras y líneas dorsolaterales claras bien definidas hasta la cloaca este patrón es similar al descrito por Cope (1864) (Fig. 3a).

Sierra Madre Oriental

La coloración de estos organismos es marrón, franjas laterales oscuras y líneas dorsolaterales claras que van desapareciendo conforme se acerca a la cola hasta que se vuelven ligeros puntos dorados, el vientre es de color crema (Fig. 3b).

Sierra Juárez

Coloración marrón, con ligeros puntos negros dispersos en el dorso, franjas laterales oscuras y dos bandas delgadas bien delimitadas a lo largo del cuerpo que van desapareciendo conforme se acercan a la cola, la coloración que toma es gris. Vientre color crema con ligeros parches verdes (Fig. 3c).



Figura 3. Patrón de coloración, vista dorsal y ventral de los ejemplares de las diferentes poblaciones de *Scincella gemmingeri*: A) FVT, B) SMO_r y C) SMS

Análisis de Componentes Principales

Se utilizó un total de 58 muestras con datos estandarizados de caracteres morfométricos y merísticos. A partir de estos datos se obtuvieron los primeros cuatro componentes que mejor explicaran las 19 variables iniciales. Los componentes fueron seleccionados por los valores de porcentaje acumulado hasta esos cuatro componentes dando un total del 74.177% (Cuadro 2 y Fig. 4).

Cuadro 2. Porcentaje de varianza acumulado para los primeros siete componentes.

Componente	Carácter	Eigenvalor	Porcentaje de varianza	Porcentaje acumulado
1	Escamas dosotransversales	9.02402	47.495	47.495
2	Tronco	2.52602	13.295	60.790
3	Nucales	1.45748	7.671	68.461
4	LHC	1.08612	5.716	74.177
5	Longitud Cabeza	0.9681	5.095	79.272
6	Laminillas del cuarto dedo	0.77018	4.054	83.326
7	Ancho del cuello	0.699948	3.682	87.007

Gráfica de Sedimentación

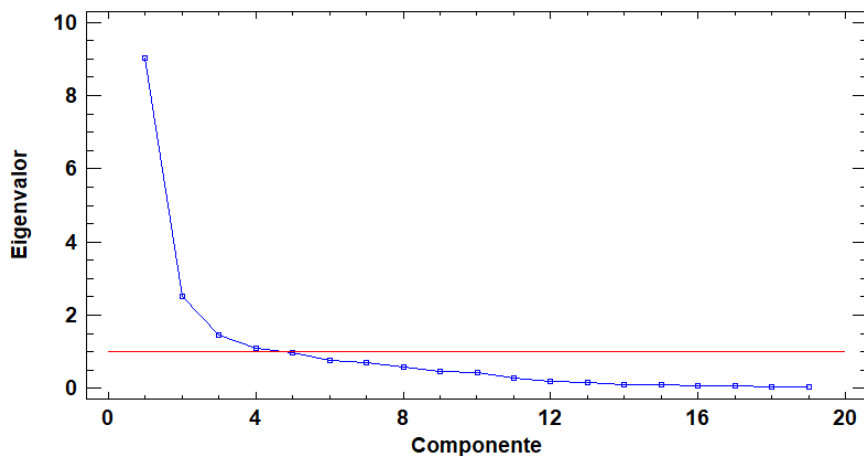


Figura 4. Gráfico de sedimentación, la línea indica el tope de cuantos componentes se usarán.

Con base en el análisis de componentes principales fue posible elegir cuatro variables que mejor explican los datos, las cuales son; La longitud hocico cloaca (LHC), el número de hileras longitudinales de escamas alrededor de la mitad del cuerpo, escamas nucales y

escamas nucales ensanchadas, e hileras de escamas transversales. A partir de estas variables es posible separar las poblaciones de *Scincella gemmingeri* como lo refleja el cuadro 3 y la figura 5.

El diagrama de dispersión resultante del análisis integrativo de los caracteres morfométricos y merísticos evidencia la formación de tres grupos, un primer grupo separado del resto, formado por las poblaciones ubicada en la provincia biogeográfica de la FVT, otro grupo formado por la población de la SMOr y un tercer grupo formado por las poblaciones ubicadas en SMS, estos últimos dos grupos no son exclusivos, dado que hay un solapamiento en ellas (Fig. 5).

Cuadro 3. Caracteres morfológicos de las poblaciones de *Scincella gemmingeri*.

Población	Hileras longitudinales alrededor del cuerpo	Escamas Nucales	Ensanchadas	Hileras dorsotransversales	\bar{x} =LHC (mm)
<i>Scincella gemmingeri</i> (FVT) N= 11	(26-28) \bar{x} =27	(5-6) \bar{x} =5.5	2	(54-58) \bar{x} =56	\bar{x} =49.41
<i>Scincella gemmingeri</i> (SMOr) N= 25	(25-30) \bar{x} =25.5	(4-5) \bar{x} =4.5	0-1	(51-56) \bar{x} =53.5	\bar{x} =22.69
<i>Scincella gemmingeri</i> (SMS) N=21	(24-28) \bar{x} =24.5	(5-6) \bar{x} =5.5	0	(55-60) \bar{x} =57.5	\bar{x} =24.72

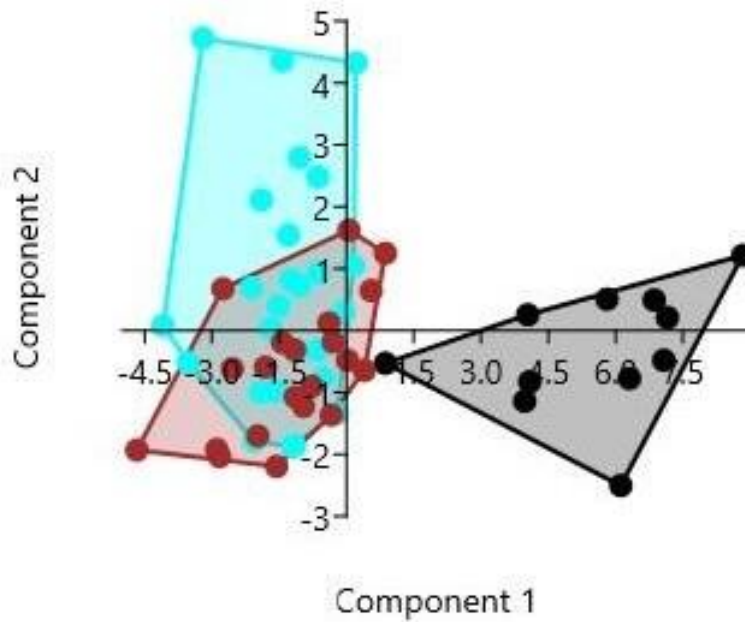


Figura 5. Gráfico de dispersión obtenido del Análisis de Componentes Principales, realizado a las poblaciones de *Scincella gemmingeri*. Negro FVT, Azul SMOr y Rojo SJ.

Relaciones filogenéticas

El producto final del alineamiento fue de 1491 pb para el cual se obtuvieron seis particiones y los siguientes modelos evolutivos que se muestran en el cuadro 4.

Cuadro 4. Modelos evolutivos usados para cada partición en el análisis de Inferencia Bayesiana.

Gen	Particiones	Modelo evolutivo
16S_stemps	1-206	GTR+G
16S_loops	207-338	GTR+I+G
ND1_1	339-1293/3	GTR+I+G

ND1_2	340-1293/3	GTR+G
ND1_3	341-1293/3	GTR+I+G
Trna_todos	1294-1491	GTR+G

Máxima Verosimilitud

En el árbol obtenido mediante MV se observan siete clados principales. Un primer clado conformado por los haplotipos de *S. silvicola*+ *S. forbesorum* + *S. caudaequinae*, otro clado que contiene a los haplotipos de *S. lateralis* + *S. kikaapoa*, un tercer clado el cual incluye los representantes del grupo *Lygosoma* (*S. incertum* + *S. cherrie cherrie* + *S. c. stuarti* + *S. c. cherrie* + *S. a. taylori* + *S. a. taylori*), un cuarto clado que contiene a todos los haplotipos de *S. sp_nov* y finalmente tres clados que hacen referencia a la especie en estudio, ya que los haplotipos de *S. gemmingeri* están incluidos en ellos (Fig. 6).

Los haplotipos que conforman a el grupo *Lygosoma* se encuentran ubicados en un solo clado (Clado C) y como grupo hermano de los haplotipos de *S. lateralis* + *S. kikkappa* (Clado B).

El grupo *Oligosoma* es parafilético con respecto al grupo *Lygosoma*, debido a que las especies y los haplotipos ubicados en este grupo se encuentran en varios clados (clado B, D, E, F y G)

Los haplotipos de la especie aun no descrita propuesta por García-Vázquez (2012) con ubicación geográfica en Oaxaca y Chiapas se encuentra en un clado (Clado D) este clado es el grupo hermano de los haplotipos asignados a *S. gemmingeri* ubicados en tres clados (clados E, F, G)

En lo que se refiere a la especie de estudio *S. gemmingeri* es monofilética y es posible observarla en tres clados principales, un clado que contiene a los siete haplotipos ubicados en la provincia biogeográfica de la SMOr con distribución en los estados de Hidalgo, Puebla y la parte de norte de Veracruz (clado E), este clado es grupo hermano de los clados que ubican a los tres haplotipos con distribución en la FVT en los estados de Puebla y Veracruz (Clado F) y un tercer clado con los seis haplotipos de la SMS con distribución en la Sierra Juárez, Oaxaca, este clado (clado G) es grupo hermano del clado de los haplotipos de la FVT (clado E).

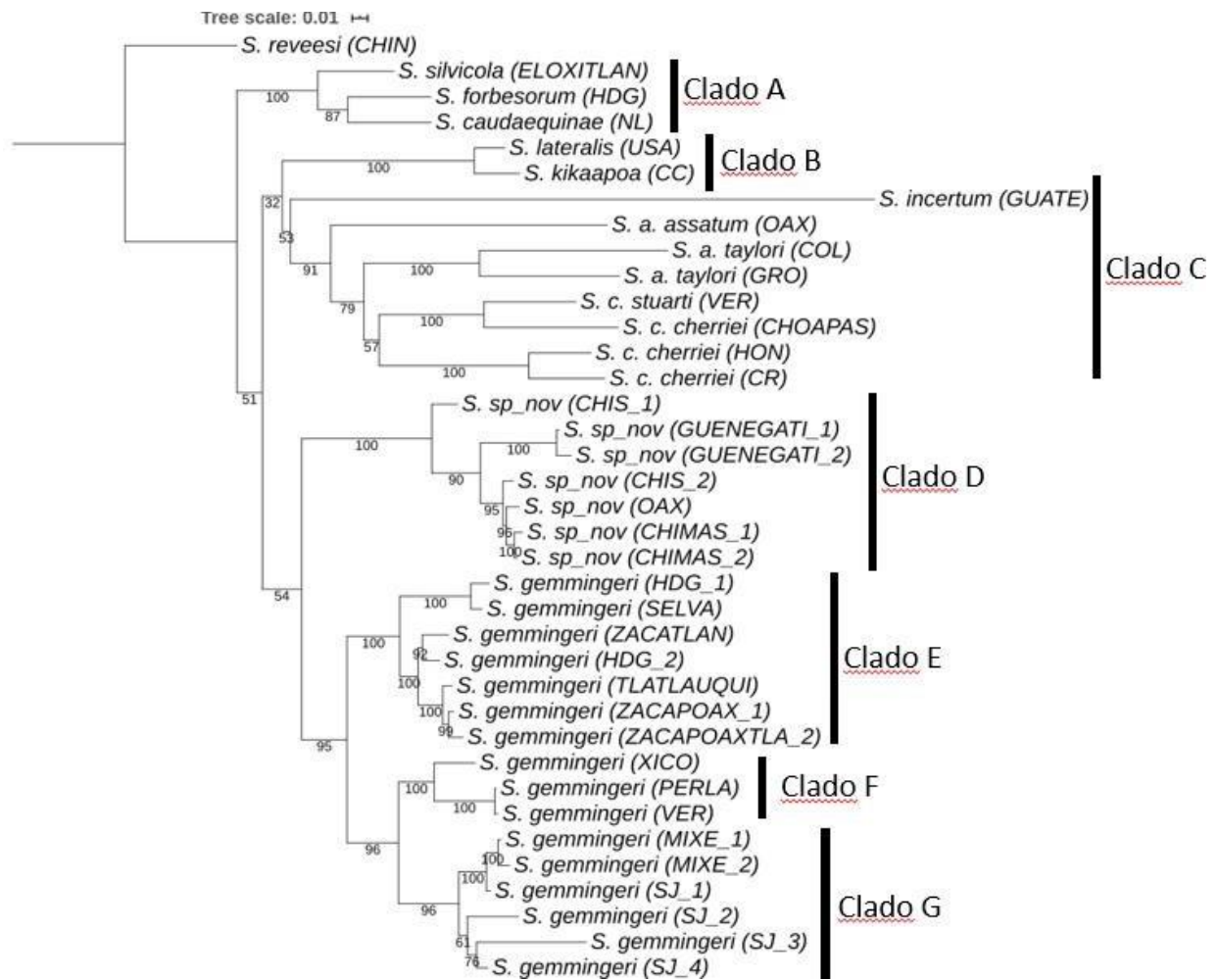


Figura 6. Árbol de Máxima verosimilitud. Los valores en los nodos reflejan el soporte de los clados.

Inferencia bayesiana

El árbol obtenido mediante IB (Fig. 7), es similar al árbol obtenido mediante MV, ya que las relaciones filogenéticas de los haplotipos que conforman cada clado, mantiene constante las relaciones entre ellos.

Al igual que el árbol de MV las relaciones entre el haplotipo de *S. incertum* y *S. a. assatum* no están soportadas ya que los valores de probabilidad posterior que soportan esta relación son bajos (PP= 54), no obstante las relaciones entre los demás haplotipos que conforman al grupo *Lygosoma* están soportadas (PP=1).

Otra diferencia con respecto al árbol de MV es que los haplotipos del clado de la SMO se encuentran cercanamente relacionada al grupo *Lygosoma* no obstante, en ambos árboles las relaciones para la especie de estudio se encuentran soportadas PP= 1 y bootstrap >70. Adicionalmente el valor de PP sustenta la relación de grupo hermano de la *S. sp_nov* con los clados de la especie de estudio (PP=.99), a comparación del árbol obtenido mediante MV (bootstrap=54).

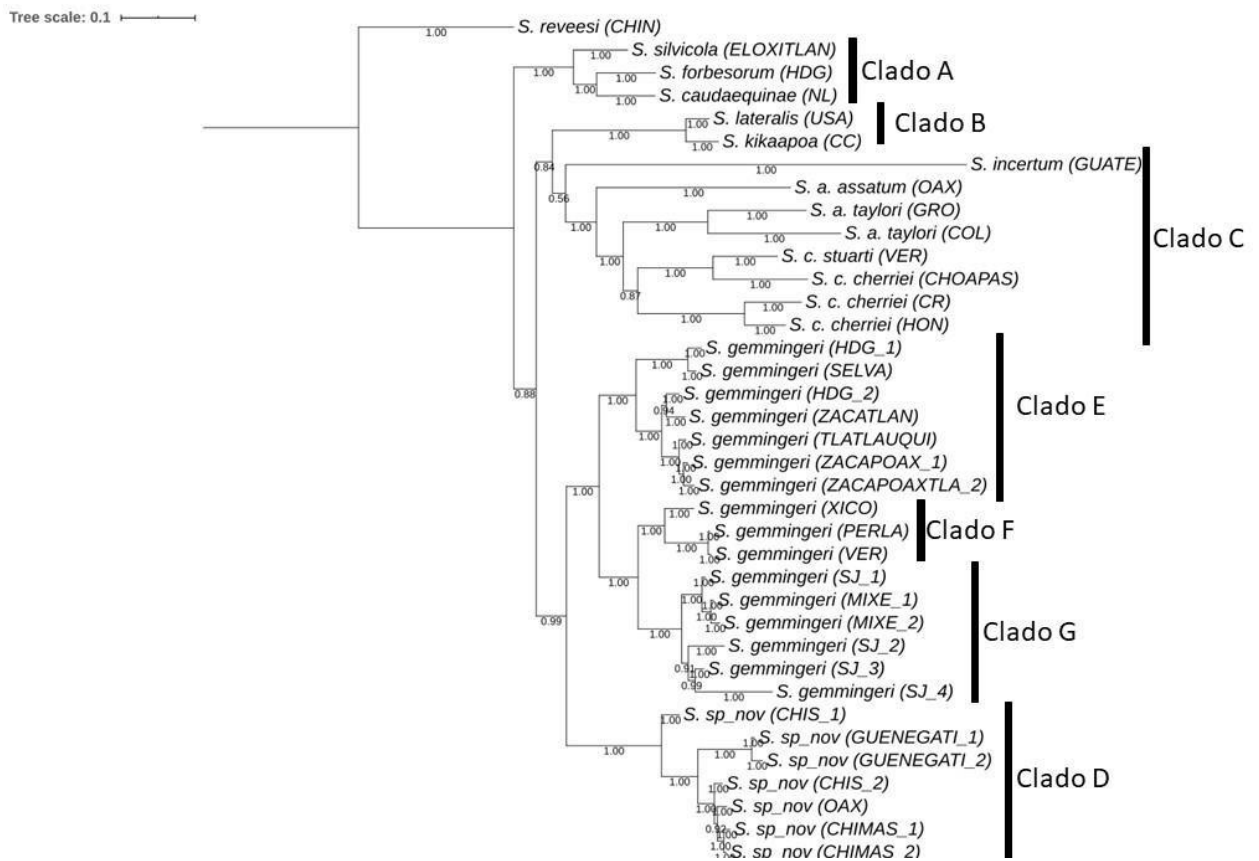


Figura 7. Árbol de Inferencia Bayesiana. Los valores en el nodo reflejan clados bien soportados valores mayores a 0.95 se consideran bien soportados.

Límite de especies

Wiens y Penkrot (WP)

La delimitación de especies con base en Wiens y Penkrot (2002), se llevó a cabo a partir del árbol obtenido mediante inferencia Bayesiana (Fig. 7), por tener mejor soportadas las relaciones filogenéticas dentro del grupo de estudio a comparación del árbol obtenido mediante MV además, los clados que contienen a la especie de interés presentan valores de soporte alto, un aspecto importante en la elección de especies putativas (Wiens y Penkrot, 2002).

Los haplotipos de la especie focal *S. gemmingeri* se encuentran en tres clados, cada uno de estos clados tiene congruencia geográfica con una provincia biogeográfica, uno de estos clados con ubicación en la SMO_r, otro clado con ubicación en la FVT y un tercer clado con distribución en la SMS, cada uno de estos clados es monofilético y es concordante con la distribución, motivo por el cual el método asume la existencia de tres especies.

Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC)

El análisis de GMYCs mediante umbral simple (single), se elaboró a partir de 16 haplotipos correspondientes a *S. gemmingeri* y como grupos externos se utilizó a *S. sp nov*, *S. lateralis* y *S. kikaapoa* por las relaciones filogenéticas obtenidas mediante los análisis de IB y MV ya que estos haplotipos son los más cercanos a la especie de estudio. El método considera la presencia de dos especies, una especie está compuesta por los haplotipos ubicados en la provincia biogeográfica de la SMO_r y la segunda especie está conformada por los haplotipos con distribución en la provincia de la FVT y SMS, la segunda especie sugerida por el método, subestima las especies presentes ya que cada población asignada a esas provincias biogeográficas posee caracteres diagnósticos para poder considerarlas como especies diferentes no obstante, los resultados pueden ser tomados como base para esclarecer el número de especies, al ser un método de descubrimiento (Fig. 8).

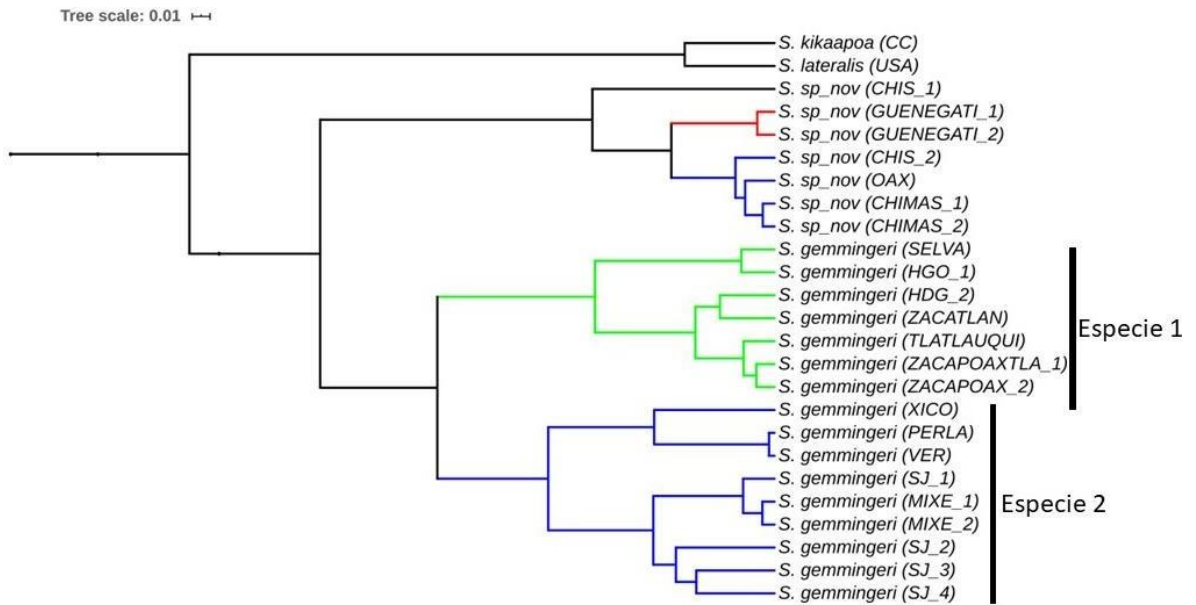


Figura 8. Árbol ultramétrico y especies sugeridas para *Scincella gemmingeri* por el método GMYC single, las especies sugeridas se señalan a la derecha del árbol.

El análisis GMYCm mediante umbral múltiple, se elaboró con los mismos haplotipos que se utilizaron en el GMYCs, este método sobreestima el número de especies presentes ya que considera siete especies, para la provincia biogeográfica de la SMS y FVT considera dos especies distintas, respectivamente y finalmente considera tres especies con distribución en la SMOr (Fig. 9).

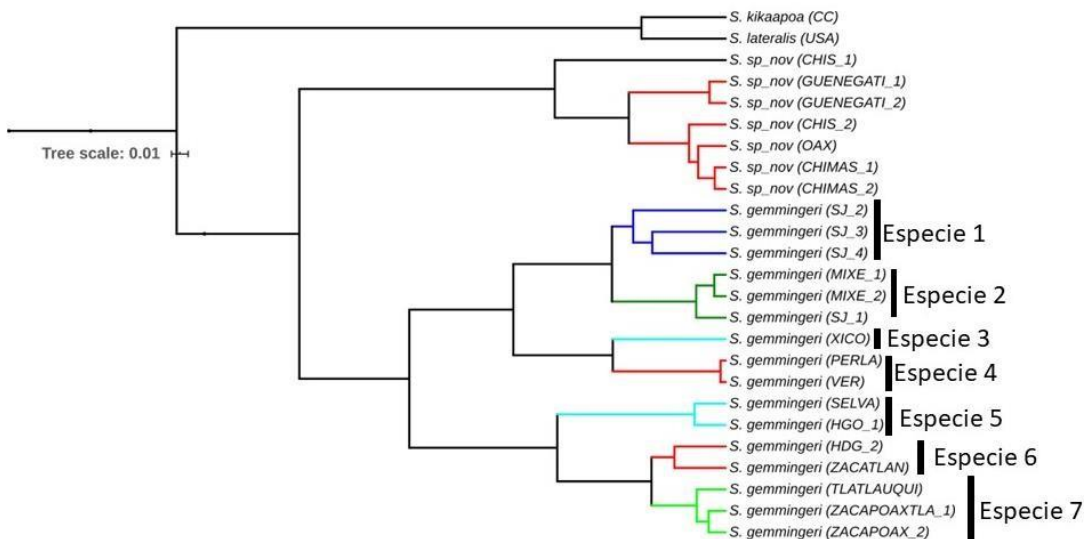


Figura 9. Árbol ultramétrico y especies sugeridas para *Scincella gemmingeri* por el método GMYC múltiple, las especies sugeridas se señalan a la derecha del árbol.

Poisson Tree Process (PTP)

El análisis de PTP se elaboró a partir de un árbol de Máxima Verosimilitud el cual sirve como árbol de entrada, se utilizó un haplotipo del grupo *Lygosoma*, para enraizar el árbol, el haplotipo en elección fue *scincella taylori* debido a que esta secuencia se encontraba cercanamente relacionada al grupo de estudio. PTP en sus dos versiones clásica y bayesiana sugiere la presencia de ocho especies, las cuales son: dos especies diferentes que comparten distribución en la SMO, adicionalmente, sugiere dos especies diferentes con ubicación en la FVT y finalmente sugiere la existencia de cuatro especies diferentes con distribución compartida en la SMS (Fig. 10).

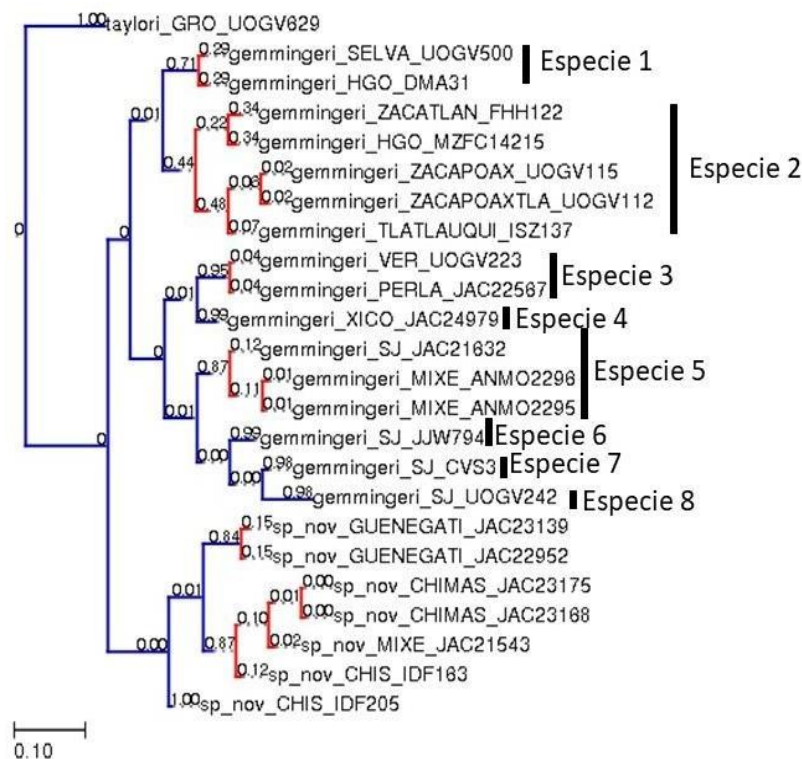


Figura 10. Árbol obtenido mediante el análisis de PTP clásico, las especies sugeridas por el método se señalan a la derecha del árbol.

Diversidad genética

Las distancias genéticas entre las poblaciones de *S. gemmingeri* (SMOr) y *S. gemmingeri* (SMS) con respecto al clado de las poblaciones de *S. gemmingeri* (FVT), varían entre 10.8 y 11.7.8%, mientras que la distancia del clado de la población de *S. gemmingeri* (SMS) tiene un valor de 11.7% con respecto al clado de *S. gemmingeri* (SMOr) (Cuadro 5). Adicionalmente se estimaron las distancias genéticas dentro de los clados donde la distancia genética de los haplotipos con ubicación en la *S. gemmingeri* (SMOr) es de 4.8%, mientras en *S. gemmingeri* (SMS) es de 4.3%, el clado de *S. gemmingeri* (VFT) es de 3.9 % (Cuadro 6)

Cuadro 5. Distancia genética entre poblaciones de *S. gemmingeri*.

Población	1	2	3
<i>S. gemmingeri</i> (FVT)	-		
<i>S. gemmingeri</i> (SMOr)	0.108	-	
<i>S. gemmingeri</i> (SMS)	0.108	0.117	-

Cuadro 6. Distancia genética dentro de las poblaciones de *S. gemmingeri*.

Población	Distancia	Porcentaje %
<i>S. gemmingeri</i> (FVT)	0.039	3.9
<i>S. gemmingeri</i> (SMOr)	0.048	4.8
<i>S. gemmingeri</i> (SMS)	0.043	4.3

Discusión

Análisis morfológico

La examinación morfológica pone en evidencia la formación de tres grupos de *S. gemmingeri*. Uno con distribución en la FVT, el otro con ubicación en la SMO_r y finalmente un tercer grupo en la SMS la formación de estos grupos está basada a partir de cuatro variables, la primera es la longitud hocico cloaca (LHC) Mittleman (1950) y Greer (1974) mencionan que las especies de este género son organismos pequeños (aprox. LHC= 65mm) y que los caracteres morfométricos son ampliamente utilizados para la separación de especies, grupos y géneros dentro de la familia *Scincidae*. Adicionalmente Brown y Alcalá (1980) y Linkem *et al.*, (2011), consideran la existencia de variación interespecífica e intraespecífica en los caracteres morfológicos de las especies del género *Sphenomorphus* y cercanas a ellas. Brown y Alcalá (1980) identificaron cuatro caracteres de mayor relevancia para separar a los grupos formados por estas lagartijas ubicadas en la región de las filipinas y zonas adyacentes a la isla, las cuales son; a) LHC, b) Número de hileras alrededor del cuerpo, c) Hileras de escamas dorsales y d) laminillas subdigitales del cuarto dedo.

Los intervalos que presentan cada una de las poblaciones en estudio con respecto a la LHC son diferentes y concuerda con lo mencionado por Mittleman (1950) y Greer (1974) de que este carácter tiene un gran peso para identificar especies y separarlas.

La segunda variable que nos ayuda explicar la formación de los grupos, es el número de hileras longitudinales alrededor del cuerpo. Mittleman (1950) considera este carácter informativo para la separación de especies en América, menciona que este carácter es de importancia para separar también a los géneros que conforman a la familia *Scincidae*, la variación de este carácter para los grupos SMO_r, FVT y SMS en el estudio presenta rangos diferentes.

El tercer carácter son las escamas nucales y las ensanchadas, Greer y Shea (2003) consideran que las escamas presentes en la cabeza pueden ser de importancia para la identificación de especies, ellos discuten la importancia de la escama temporal secundaria para separar especies por la forma y tamaño que esta presenta, algo similar sucede con las escamas nucales ya que pueden presentarse como ensanchadas o alargadas, la relevancia de este carácter no ha sido estudiada a detalle. No obstante, es relevante para

separar los grupos en estudio, Greer y Shea (2003) mencionan que estas variaciones morfológicas se pueden deber a factores geográficos y ecológicos.

Finalmente, la cuarta variable, que explica la agrupación de los tres grupos, es el número de hileras transversales en el dorso, Mittleman (1950), Brown y Alcalá (1980) y Greer (1974) consideran que este carácter es de suma importancia para separar grupos, este carácter es diferente en cada una de las poblaciones.

Como lo menciona Brown y Alcalá (1980) y Greer y Shea (2003) la combinación de caracteres morfológicos, ayudan a sustentar la independencia entre muestras de una especie y entre grupos de la familia *Scincidae*, tres caracteres usados en este trabajo para separar a los grupos a) LHC, b) Número de hileras de escamas a la mitad del cuerpo y c) Número de hileras de escamas dorsales, concuerdan con los usados por Brown y Alcalá (1980), recalcando la importancia de estos caracteres para la separar a las especies. Adicionalmente trabajos como el de García-Vázquez *et al.*, (2010), Neang *et al.*, (2018) y Nguyen *et al.*, (2019) hacen relevancia de la combinación de estos caracteres morfológicos informativos para la descripción de especies dentro del género *Scincella*.

Análisis filogenéticos

La reconstrucción filogenética de los análisis de MV e IB, recuperan la monofilia de *Scincella gemmingeri*, las diferencia observadas en las topologías en los árboles obtenidos por ambos análisis se pueden deber a diversas razones; a) los criterios de búsqueda de los métodos utilizados, b) los modelos utilizados y c) artefactos propios del método para reconstruir la filogenia como la atracción de ramas largas (Bergsten, 2005). Los árboles filogenéticos obtenidos en este estudio sustentan la monofilia de las poblaciones de *S. gemmingeri* y de la población previamente confundida con este taxón, esto es similar a lo obtenido por García-Vázquez (2012).

A pesar de estudios previos con respecto a las especies americanas del género *Scincella* García-Vázquez y Valdenegro-Brito (2018), la situación de muchas especies aún es cuestionable. Adicionalmente Linkem *et al.*, (2011) propone nuevos géneros para la familia *Scincidae* en Asia, también mencionan que hace falta un estudio integrativo con las especies americanas y asiáticas para esclarecer las relaciones filogenéticas de las especies.

Límites de especies

Wiens y Penkrot

Wiens y Penkrot (2002), mencionan que, para sustentar la diferenciación entre especies, es necesario la exclusividad geográfica de los haplotipos con respecto al árbol filogenético generado y que estas poblaciones posean variación morfológica. Feria-Ortiz (2011) y Pavón-Vázquez (2015) trabajaron con las especies del género *Plestiodon* que también se encuentra ubicados en la familia *Scincidae* ambos autores mencionan que hay una divergencia reciente para la especies de este género con distribución en la FVT, SMS esto es similar en la especie de estudio, esta separación es posible explicar debido a los procesos históricos, los ciclos de expansión y contracción de los bosques de altura debido a los cambios climáticos durante el Pleistoceno (Bryson *et al.*, 2011)

El método propuesto por Wiens y Penkrot (2002) considera que para alcanzar resultados óptimos, es adecuado tener un número considerable de muestras de las localidades de distribución de la especie en estudio, donde el mínimo de muestras requerido por localidad sugerido por el método es de dos, comparando con el estudio previo de García-Vázquez (2012) este estudio incluye un mayor número de muestras y debido a la concordancia geográfica de las muestras y la evidencia morfológica, el método sustenta la presencia de tres especies de las cuales dos estaban asignadas previamente a *Scincella gemmingeri*.

Generalized Mixed Yule Coalescent

Las especies propuestas por el método de GMYC subestiman y sobreestiman el número de especies presentes en el grupo de estudio el umbral simple considera dos especies y el umbral múltiple considera siete especies, esto es posible explicar debido al número total de muestras con las cuales se efectuó el trabajo (Talavera *et al.*, 2013). El análisis simple considera a las poblaciones de la SMOr+SMS (Fig. 8) como una especie putativa esto puede ser explicado por la nula significancia de transición entre la coalescencia y la especiación ya que es un proceso lento que no permite generar un linaje ancestro (Knowles y Carstens, 2007). Y GMYC múltiple considera a los haplotipos ubicados en una misma provincia biogeográfica como diferentes especies, para SMOr propone tres especies, dos especies ubicadas en la FVT y SMS respectivamente, este método toma en cuenta dos umbrales e interpreta que hay una amplia trascendencia entre la coalescencia y la especiación, considerando la existencia de múltiples ancestros próximos reflejado en los

nodos internos, tomando en cuenta más eventos de especiación de los que probablemente existen (Esselysten *et al.*, 2012; Talavera *et al.*, 2013).

Poisson Tree Process

La propuesta de PTP en ambas versiones para las especies que componen a *Scincella gemmingeri* sobreestima el número presentes en ellas con ocho especies diferentes, la divergencia interespecífica por parte del método se puede explicar debido a dos factores, el primero de ellos es el muestreo desigual ya que tener varios haplotipos de una misma localidad, comparado con una sola muestra de otra localidad, disminuye la precisión del método como sucede con los haplotipos de la Sierra Juárez, Oaxaca y los haplotipos con distribución en la SMOr con ubicación en la parte sur de Hidalgo y norte de Puebla (Fig. 10) (Bazin *et al.*, 2006; Zhang *et al.*, 2013) y la segunda razón con respecto a la sobreestimación se puede deber a que el punto de transición de coalescencia entre especies es reciente e intraespecíficamente por el número de sustituciones presentes genera especiación (Kapli *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2013)

Divergencia genética

La variación interespecífica reflejada a partir del gen ND1 para las poblaciones de la especie en estudio es diferente, este valor de divergencia conjuntada con las relaciones filogenéticas obtenidas confirma que cada población forma un linaje único y que el ancestro de cada uno de estos linajes tiene un origen independiente (Strecker *et al.*, 2003). Nguyen *et al.*, (2019) menciona que el valor $\bar{x} = >10$ de distancia genética, es evidencia suficiente para considerar a cada población como un linaje único, los rangos obtenidos son similares al obtenido para la descripción de *Scincella badenensis* y especies cercanas a él, a pesar de que el gen utilizado fue COI, ambos genes (COI y ND1) reflejan una gran distancia genética interespecífica, esto sustenta que cada población es un linaje único. Adicionalmente la variación intraespecífica es baja, refleja que cada una de las secuencias es cercana y que no hay diferencias en ellas, corrobora que las relaciones obtenidas mediante los árboles filogenéticos son buenas (Nguyen *et al.*, 2019) (Cuadros 5 y 6; Figuras 6 y 7).

Taxonomía

Con base en el análisis Morfológico, las hipótesis de límites de especies y la diversidad genética, se propone la existencia de tres especies dentro del complejo de *Scincella gemmingeri*, una con distribución en la SMOr la cual tiene como características, altitudes arriba de los 1500 m. donde predominan bosques de pino-encino. Otro con distribución en la provincia de FVT en ella predominan los bosques de pino-encino y Bosque Mesófilo de Montaña con al menos 70% de vegetación con altitudes que van de los 2000 m a 2900 m, esta provincia es privilegiada, ya que conecta entre si diversas provincias fisiográficas SMOc, SMOr, SMS, además de haber constituido un evento vicariante para muchos taxones. Y finalmente el ubicado en la provincia de la SMS particularmente en la Sierra de Juárez, donde la vegetación predominante son bosques templados dominados por pinos (*Pinus*), encinos (*Quercus*) con altitudes por encima de los 1000 m y menos a 1800 m (Bryson *et al.*, 2017; Espinosa *et al.*, 2008; Hulsey *et al.*, 2004; Morrone, 2005; Morrone *et al.*, 2017) (Fig. 11).

Conclusiones

- Los análisis filogenéticos corroboran la monofilia de las poblaciones *Scincella gemmingeri*.
- Los resultados obtenidos mediante el análisis estadísticos y métodos coalescentes utilizados en este trabajo sustentan la existencia de al menos tres taxones: *S. gemmingeri*, *Scincella sp* (SMOr) y *Scincella sp.* (SMS).
- El análisis de divergencia genética es tomado como una aproximación para explicar el aislamiento entre las poblaciones para *Scincella gemmingeri*. Sin embargo es necesario usar otro tipo de análisis biogeográficos (Estimación de tiempos de divergencia, Reconstrucción de áreas ancestrales, etc), para explicar la divergencia entre especies y del género en América.
- Un análisis filogenético y pruebas de hipótesis de límites de especie a partir de datos multiloci, podrían resolver mejor las relaciones filogenéticas dentro los grupos *Oligosoma* y *Lygosoma*, del género *Scincella*

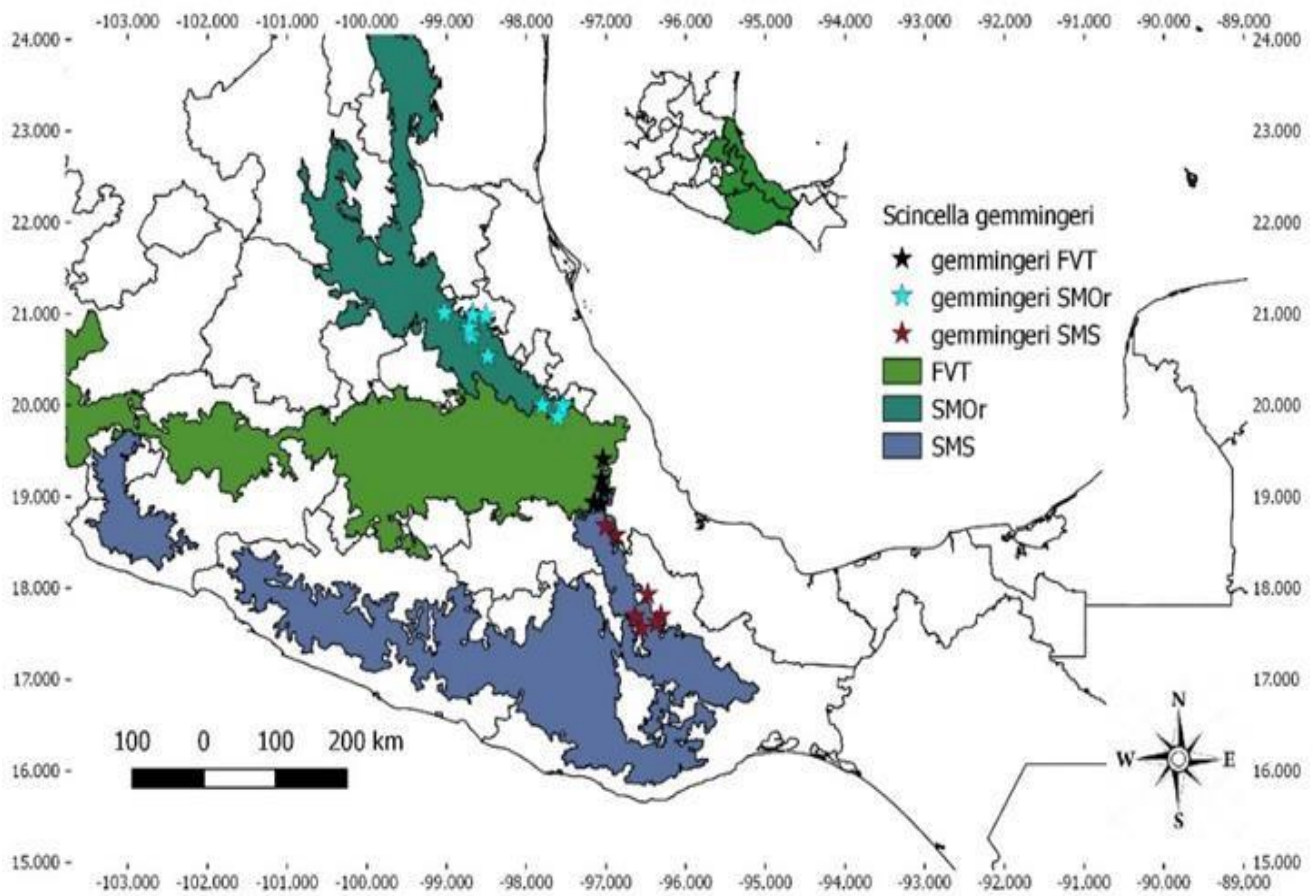


Figura 11. Mapa de distribución de las especies propuestas. Estrellas color negro, *Scincella gemmingeri* FVT; estrellas color azul, *Scincella sp.* SMOr; estrellas color rojo, *Scincella sp.* SMS.

Consideraciones taxonómicas

Scincella gemmingeri (Cope, 1864)

Fig. 3a

Oligosoma gemmingeri (Cope, 1864)

Leiolopisma gemmingeri (Taylor, 1937)

Leiolopisma gemmingeri gemmingeri (Smith 1951) (en parte)

Scincella gemmingeri (Greer, 1974)

Scincella gemmingeri (García-Vázquez, 2012)

Localidad tipo. Orizaba, Veracruz

Comparación. Difiere del grupo *lygosoma* por poseer escama frontoparietal dividida; difiere de *S. silvicola* por poseer unas líneas dorsolaterales constantes hasta la cloaca, un menor número de escamas alrededor del cuerpo (26-28 vs 28-32) y extremidades más cortas. De *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria. De *Scincella sp.* (SMO) por poseer líneas claras bien definidas hasta la cloaca, mientras en esta van desapareciendo y de *Scincella sp.* (SMS) por no poseer puntos en el dorso y una mayor cantidad de escamas alrededor del cuerpo (24-26 vs 24-25) y ser de mayor tamaño que las dos especies propuestas anteriores.

Descripción. Especie de tamaño mediano alcanza una LHC max. de 65.07 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con la frontoparietal, de 1-5 escamas nucales raramente 7, 32-36 escamas alrededor del cuello, 26-28 escamas alrededor del cuerpo, raramente 25, 54-60 escamas dorsales, raramente mayores a 60-64, 14-16 laminillas subdigitales del cuarto dedo, miembros petadáctilos cortos, que al plegarse se separan hasta por 10 escamas, raramente 16. Coloración marrón con dorso brillante sin puntos, franjas laterales oscuras, con líneas dorsolaterales claras bien definidas hasta la cloaca, vientre color crema y cola grisácea.

Distribución. Esta especie se ha registrado al Oeste de la FVT al sur del estado de Puebla y centro- sur de Veracruz.

Scincella sp. (SMOr)

Fig. 3b

Oligosoma gemmingeri (Cope, 1864)

Leiolopisma gemmingeri (Taylor, 1937)

Leiolopisma gemmingeri gemmingeri (Smith 1951) (en parte)

Scincella gemmingeri (Greer, 1974)

Scincella gemmingeri (García-Vázquez, 2012) (en parte)

Comparación. Difiere del grupo *lygosoma* por poseer escama frontoparietal dividida difiere de *S. silvicola* por poseer un menor número de escamas alrededor del cuerpo (25-30 vs 28-32) y extremidades más cortas. De *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria. De *Scincella gemmingeri* por poseer líneas claras bien que van desapareciendo conforme se acerca a la cloaca, mientras en *S. gemmingeri* esta es continua y de *Scincella* sp. (SMS) por no poseer puntos en el dorso y una mayor cantidad de escamas alrededor del cuerpo (25-30 vs 24-28).

Descripción. Especie de tamaño pequeño alcanza una LHC max. de 55.27 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con la frontoparietal, de 1-6 escamas nucales raramente 4, 30-36 escamas alrededor del cuello, 25-30 escamas alrededor del cuerpo, raramente 34, 51-56 escamas dorsales en machos y hembras 55-60 escamas dorsales, 16-18 laminillas subdigitales del cuarto dedo, raramente 14, miembros petadáctilos cortos, que al plegarse se separan hasta por 10 escamas, raramente 16. Coloración marrón con dorso brillante sin puntos, franjas laterales oscuras, con líneas dorsolaterales claras que van desapareciendo conforme se acerca a la cloaca hasta que se vuelven ligeros puntos dorados, vientre color crema y cola grisácea solo en la punta.

Distribución. Esta especie se distribuye en la porción sur de la SMOr en los estados Hidalgo, Puebla y Veracruz.

Scincella sp. (SMS)

Fig. 3c

Oligosoma gemmingeri (Cope, 1864)

Leiolopisma gemmingeri (Taylor, 1937)

Leiolopisma gemmingeri gemmingeri (Smith 1951) (en parte)

Scincella gemmingeri (Greer, 1974)

Scincella gemmingeri (García-Vázquez, 2012) (en parte)

Comparación. Difiere del grupo *lygosoma* por poseer escama frontoparietal dividida difiere de *S. silvicola* por poseer un menor número de escamas alrededor del cuerpo (24-28vs28-32) y extremidades más cortas. De *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria. De *S. gemmingeri* por poseer líneas claras bien que van desapareciendo conforme se acerca a la cola, mientras en *S. gemmingeri* esta es continua y de *Scincella sp.* (SMOr) por poseer puntos en el dorso, mientras que en la *S. sp.* (SMOr) esta posee ligeros puntos dorados conforme se acerca a la cloaca y cola, mayor cantidad de escamas en el dorso (55-60vs51-56) y ser de menor tamaño de LHC que las dos especies propuestas anteriores.

Descripción. Especie de tamaño pequeño alcanza una LHC max. de 49.15 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con la frontoparietal, de 1-6 escamas nucales, 30-34 escamas alrededor del cuello, 24-28 escamas alrededor del cuerpo, 55-60 escamas dorsales, raramente 62, 14-16 laminillas subdigitales del cuarto dedo, raramente 12, miembros petadáctilos cortos, que al plegarse se separan hasta por 16 escamas. Coloración marrón con ligeros puntos en el dorso, franjas laterales oscuras, con líneas dorsolaterales claras que van desapareciendo conforme se acerca a la cola hasta que se vuelven ligeros puntos con una coloración grisácea, vientre color crema y con ligeros parches verdes.

Distribución. Esta especie es endémica al estado de Oaxaca, y se distribuye en la Sierra de Juárez y en la parte alta de la Sierra Mixe.

Literatura citada

- Arias, E., P. 2019. Sistemática y biogeografía del complejo de especies *Craugastor podiciferus* (Anura: Strabomantidae) en América central ístmica empleando ADN mitocondrial y Nuclear. Tesis de Doctorado. UNAM. CDMX
- Auth, D. L., B. Brown, H. Smith & D. Chiszar. 1999. Geographic distribution *Scincella gemmingeri gemmingeri*. *Herpetological Review*. **30**: 224.
- Bazin, E., S. Glémin & N. Galtier. 2006. Population size does not influence mitochondrial genetic diversity in animals. *Science*. **312**: 570-572.
- Bergsten J. 2005. A review af long-branch attraction. *Cladistics*. **21**:163-193.
- Bouckaert, R., J. Heled, D. Kühnert, T. Vaughan, C. H. Wu, D. Xie, M. A. Suchard, A. Rambaut & A. J. Drummond. 2014. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS computational biology*. **10**: 4.
- Brandley, M. C., A. Schmitz & T. W. Reeder. 2005. Partitioned Bayesian analyses, partition choise, and the phylogenetic relationships of scincid lizards. *Sistematic Biology*. **54**: 373-390.
- Brown W. C. & A.C. Alcala. 1980. Phillipine lizards of the family *scincidae*. Dumaguete City. Philippines. Siliman University Press.
- Bryson R. W., R. W. Murphy, A. Lathrop & D. Lazcano-Villareal. 2011. Evolutionary drivers of phylogeographical diversity in the highlands of Mexico: a case study of the *Crotalus triseriatus* species group of montane rattlesnakes. *Journal of Biogeography*. **38**: 697–710
- Bryson, R. W., U. O. García- Vázquez & B. R. Riddle. 2012. Relative roles of Neogene vicariance and Quaternary climate change on the historical diversification of bunchgrass lizards (*Sceloporus scalaris* group) in Mexico. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. **62**: 447-457.
- Bryson , R.W., C. W. Linkem, C. J. Pavón-Vázquez, A. Nieto-Montes de Oca, J. Klicka & J. E. McCormack. 2017 A phylogenomic perspective on the biogeography of skinks in the *Plestiodon brevirostris* group inferred from target enrichment of ultraconserved elements. *Journal of Biogeography*. **44**: 2033–2044.

- Buha, J. & K. Crandall. 2005. Subterranean phylogeography of freshwater crayfishes shows extensive gene flow and surprisingly large population size. *Molecular Ecology*. **14**: 4259-4273.
- Camarillo, R. J. 1995. Distribution records for some amphibians and reptiles from Mexico. *Bulletin of Maryland Herpetological Society*. **37**: 191-197.
- Canseco-Márquez L., y M. G. Gutiérrez-Mayén. 2010. Anfibios y Reptiles del Valle de Tehuacán-Cuicatlán. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, Fundación para la Reserva de la Biosfera Cuicatlán A.C., Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México.
- Casrtens, B.C., T.A. Pellentier, N.M Reid & J.D. Satler. 2013. How to fail at species delimitation. *Molecular Ecology*. **22**: 4369-4383.
- Contreras-Ramos, A. & I. Goyoenechea. 2007. La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad. Pp. 1-21. En: A. Contreras-Ramos, C. Cuevas, I Goyenechea & U. Iturbe (eds.). La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, México.
- Cope, E. D. 1864. Contribution to the Herpetology of Tropical América. Proceeding of Academy of Natural Science 180 pp.
- Cracraft, J. 2002. The seven great questions of systematic biology: an essential foundation for conservation and the sustainable use of biodiversity. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. **89**: 127-144.
- Davis, J. L., & K. C. Nixon. 1992. Populations, genetic variation, and the delimitation of phylogenetic species. *Systematic Biology*. **41**: 421-435.
- De Jesús-Bonilla, V. S., L. Barrientos-Lozano & A. Zaldivar-Riverón. 2017. Sequence-Based species delineation and molecular phylogenetics of the transitional Nearctic-Neotropical grasshopper genus *Taeniopoda* (Orthoptera, romaleidae). *Sistematics and Biodiversity*. **1**: 18.
- De Queiroz, K. 2007. Species Concepts and Species Delimitation. *Systematic Biology*. **56**: 879-886.
- De Queiroz, K. & M. J. Donoghue. 1988. Phylogenetic systematics and the species problema. *Cladistics*. **4**: 317-338.

- Development, Core Team. 2010. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria. Internet: <http://www.R-project.org>.
- Drummond, A. J., M. A. Suchard, D. Xie & A. Rambaut. 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*. **29**: 1969–1973.
- Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*. **32**: 1792-1797.
- Eguiarte, L. E., V. Souza, J. Nuñez-Farfán y B. Hernández-Baños. 1997. El análisis filogenético: métodos, problemas y perspectivas. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*. **60**: 169-181
- Ence, D. D., & B. C. Carstens. 2011. SpedeSTEM: a rapid and accurate method for species delimitation. *Molecular Ecology Resources*. **3**: 473-480.
- Espinosa D., S. Ocegueda-Cruz, C. Aguilar-Zúñiga, O. Flores Villela y J. Llorente-Bousquets. 2008. El conocimiento biogeográfico de las especies y su regionalización natural. En: Sarukhán, J. (Ed.), Capital natural de México. Vol. I. Conocimiento actual de la biodiversidad. Conabio, Ciudad de Mexico, pp. 33–65.
- Esselsteyn, J.A., B.J., Evans, J.L., Sedlock. F.A., Khan y L.R., Heaney.2012. Single-locus species delimitation: a test of the mixed Yule-coalescent model, with an empirical application to Philippine round-leaf bats. *Proceedings of the Royal Society of London*. **279 (1743)**: 3678-3686.
- Ezard, T., T. Fujisawa & T. G. Barraclough. 2009. Splits: species' limits by threshold statistics. *R package versión*. 1(11), r29. Available from: URL <http://R-Forge.Rproject.org/projects/splits/>. Consultado en marzo de 2018.
- Feria-Ortiz, M. 2011. Filogenia morfológica y molecular del grupo de especies *Plestiodon brevisrostris* (Squamata: Scincidae). Tesis de Doctorado. Facultad de ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. CDMX. México.
- Flores-Villela O. y H. A. Pérez-Mendoza. 2006. Herpetofaunas estatales de México. Inventarios herpetofaunísticos de México: avances en el conocimiento de su biodiversidad. 327-346pp.
- Flores-Villela O. y U. O. García-Vázquez. 2013. Biodiversidad de Reptiles en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. **85**: 467-475.

- Fujita M. K., A. D. Leaché, F. T. Burbrink, J. A. McGuire & C. Moritz. 2012. Coalescent based species delimitation in an integrative taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution*. **27**: 480–488.
- García-Vázquez U. O. 2003. Revisión taxonómica del género *Scincella* (Lacertilia: Scincidae) de México, Unpubl, B.S. Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma de Puebla. México pp. 63.
- García-Vázquez U. O. 2012. Revisión taxonómica del grupo *Oligosoma* (Scincidae). Tesis de Maestría. UNAM. México.
- García-Vázquez U. O. & A. Mendoza-Hernández. 2007. Geographic distribution. *Scincella gemmingeri*. *Herpetological review*. **38**: 219-220.
- García-Vázquez, U. O. & M. Feria-Ortiz. 2006. Skinks of México, Reptilia. *The European Herp Magazine*. **63**: 12-19.
- García-Vázquez, U. O., A. Nieto-Montes de Oca & L. Canseco-Márquez. 2010. A New Species of *Scincella* (Squamata: Scincidae) from the Cuatro Ciénegas, Basin, Coahuila, México. *Copeia*. **3**: 373–381.
- Gene Codes Corporation. 2000. Sequencher versión 4.1. Gene Codes Corporation, Michigan, EUA.
- Goyenechea, I. 2007. Sistemática: Su historia, sus métodos y sus aplicaciones en las serpientes del género *Conopsis*. *CIENCIA ergo sum*. **1**: 1-4
- Goyenechea, I. & A. Contreras Ramos. 2007. Controversias en sistemática filogenética. Pp. 47-53. En : A. Contreras-Ramos, C. Cuevas. I Goyenechea & U. Iturbe (eds). La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad. Universidad Autonoma del Estado de Hidalgo, México.
- Gould, S. J. 2002. Th structure of evolutionary theory. Belknap Press, Massachusetts, EUA.
- Greer A. E. 1974. The generic relationships of the scincid lizard genus *leiolopisma* and its relatives. *Australian Journal of Zoology*. **31**: 1-67.

- Greer A. E. & G. Shea. 2003. Secondary temporal scale overlap pattern: a character of possible broad systematics importance in *sphenomorphine* skinks. *Journal of Herpetology* **37**: 545-549.
- Grummer, J. A., R. W. Bryson Jr. & T. W. Reeder. 2014. Species Delimitation Using Bayes Factors: Simulations and Application to the *Sceloporus scalaris* Species Group (Squamata: Phrynosomatidae). *Systematic Biology*. **63**: 119-133.
- Hanski, I. & O. E. Gaggiotti. 2004. Metapopulation biology: Past, present, and future. in Ecology, genetics, and evolution of metapopulations (I. Hanski and O. E. Gaggiotti, eds.). Elsevier, Amsterdam, pp. 3–22.
- Highton, R. 1989. Biochemical evolution in the slimy salamanders of the *Plethodon glutinosus* complex in the Eastern United States, I: Geographic protein variation. *Illinois Biological Monographs*. **57**: 1-153.
- Hillis, D. M. 1996. Inferring complex phylogenies. *Nature*. **383**: 130.
- Hillis, D. M. & J. J. Bull. 1993. An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Systematic Biology*. **42**: 182-192.
- Honda, M., H. Ota, G. Köhler, I. Ineich, L. Chirio, L. Chen, & T. Hikida. 2003. Phylogeny of the lizard subfamily *Lygosominae* (Reptilia: Scincidae), with Special Reference to the Origin of the New World taxa. *Genes Genetics and Systematics*. **78**: 71-80.
- Huelsenbeck, J. P., F. Ronquist, R. Nielsen & J. P. Bollack. 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology. *Science* **294**: 2310-2314.
- Hulsey, C. D., F. J. García de León, Y. Sánchez Johnson, D. A. Hendrickson & T. J. Near. 2004. Temporal diversification of Mesoamerican cichlid fishes across a major biogeographic boundary. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. **31**: 754-764.
- Johnson, J. D., V. Mata-Silva, E. García-Padilla & L. D. Wilson. 2015. The herpetofauna of Chiapas, México: composition, physiographic distribution and conservation status. *Mesoamerican Herpetology*. **2**: 272-329.
- Kapli P., S. Lutteropp, J. Zhang, K. Kobert, P. Pavlidis, A. Stamatakis & T. Flouri. 2017. Multi-rate Poisson tree processes for single-locus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo. *Bioinformatics*. **33**: 1630-1638.

- Kingman J. F. C. 1982. The coalescent. *Stochastic Processes and their Applications*. **13**: 235-248.
- Knowles, L. L. & B. C. Carstens. 2007. Delimiting species without monophyletic gene trees. *Systematic Biology*. **56(6)**: 887-895.
- Kolarov T. N., K. Ljubisavljevi, L. Polovi, G. Dzuki & M. L. Kalezi. 2010. The body size, age structure and growth pattern of the endemic Balkan mosor rock lizard (*Dinarolacerta mosorensis* Kolombatovi, 1886). *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*. **56**: 55-71.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*. **16**: 111-120.
- Kumar, S., G. Stecher & K. Tamura. 2015. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution*. **33**: 1870-1874.
- Lanfear R., B. Calcott, S. Y. Ho. & S. Guindon. 2012. PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*. **29**: 1695-1701.
- Lartillot, N., & H. Philippe. 2006. Computing Bayes factors using thermodynamic integration. *Systematic biology*. **55**: 195-207.
- Leache, A. D. & T. D. Reeder. 2002. Molecular Systematics of the Eastern Fence Lizard (*Sceloporus undulatus*): A Comparison of Parsimony, Likelihood, and Bayesian Approaches. *Systematic Biology*. **51**: 44–68.
- Lee, M. S. 2003. Species concepts and species reality: salvaging a linnaean Rank. *Journal of Evolutionary Biology*. **16**: 179- 88.
- Lemey, P., A. Rambaut, A. J. Drummond & M. A. Suchard. 2009. Bayesian phylogeography finds its roots. *PLoS computational biology*. **5**: 9.
- Linkem, C. W., A. C. Diesmos & R. M. Brown. 2011. Molecular systematics of the Philippine forest skinks (Squamata: Scincidae: *Sphenomorphus*): testing morphological hypotheses of interspecific relationships. *Zoological Journal of the Linnean Society*. **163**: 1217–1243.

- Mata-Silva V., J. D. Johnson, L. D. Wilson & E. Garcia-Padilla. 2015. The herpetofauna of Oaxaca, México: Composition, Physiographic distribution, and conservation status. *Mesoamerican herpetology*. **2**: 6-62.
- Mayden, R. L. 1997. A hierarchy of species concepts: The denouement in the saga of the species problem. Pages 381–424 in *Species: The units of biodiversity* (M. F. Claridge, H. A. Dawah, and M. R. Wilson, eds.). Chapman and Hall, London.
- Mittleman, M. B. 1950. The generic status of *Scincus lateralis* Say, 1823. *Herpetologica* **6**: 17-19.
- Morrone, J. J. 2000. Sistemática, Biogeografía, Evolución: Los patrones de la biodiversidad en tiempo-espacio. México: Museo de Zoología Alfonso L. Herrera, Facultad de Ciencias, UNAM.
- Morrone, J. 2005. Hacia una síntesis biogeográfica de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. **76**: 207–252.
- Morrone J. J., T. Escalante & G. Rodríguez-Tapia. 2017. Mexican biogeographic provinces: Map and shapefiles. *Zootaxa*. **4277**: 277-279.
- Neang, T., S. Chan & N. A. Poyarkov Jr. 2018. A new species of smooth skink (Squamata: Scincidae: *Scincella*) from Cambodia. *Zoological Research*. **39**: 220-240.
- Nguyen S. N., V. D. H. Nguyen, L. T. Nguyen & R. W. Murphy. 2019. A new skink of the genus *Scincella* Mittleman, 1950 (Squamata: *Scincidae*) from Ba De Mountain, Tay Ninh Province, southern Vietnam. *Zootaxa*. **4648(2)**: 273-286.
- Niewiarowski P.H., M. J. Angilletta Jr. & A. D. Leache. 2004. Phylogenetic comparative analysis of life-history variation among populations of the lizard *Sceloporus undulatus*: An example and prognosis. *Evolution*. **58**: 619-633.
- Pavón-Vázquez C. J. 2015. Reevaluación de los límites de especies en el esquinco *Plestiodon brevirostris* con base en datos multi-locus. Tesis de maestría. Facultad de ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. CDMX. México.
- Peña, C. 2011. Métodos de inferencia filogenética. *Revista peruana de biología*. **18(2)**: 265-267.

- Pons J., T. G. Berraclough, J. Gomez-Zurita, A. Cardoso, D. P. Duran, S. Hazell, S. Kamoun, W. D. Sumlin & A. P. Vogler. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*. **55**: 595-609.
- Pyron R. A., F. T. Burbrink & J. J. Wiens. 2013. A phylogeny and revised classification of squamata, including 4161 species of lizards and snakes. *BMC Evolutionary Biology*. **13**: 93-146.
- Puillandre, N., A. Lambert, S. Brouillet & G. Achaz. 2012. ABGD. Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular ecology*. **21**: 1864-1877.
- Rambaut, A. & A. J. Drummond. 2014. TreeAnnotator 1.8: MCMC output analysis delimitation. *Genetics*. **194**: 245-253
- Rambaut, A. & A. J. Drummond. 2007. Tracer, version 1.5. Program distributed by the author. Edinburgh, UK: University of Edinburgh. Auckland, New Zealand: University of Auckland.
- Ronquis, F., M. Teslenko, P. van der Mark, D. L. Ayres, A. Darling, S. Höhna, B. Larget, L. Liu, M.A. Suchard & J. P. Hueksenbeck. 2012. Mr Bayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*. **61**: 539-542
- Rowe, K. C., K. P. Aplin, P. R. Baverstock & C. Moritz. 2011. Recent and rapid speciation with limited morphological disparity in the genus *Rattus*. *Systematic Biology*. **60**: 188-203.
- Santos, S., T. Jrbeck, I. P. Farias, H. Schneider e I. Sampaio. 2006. Population genetic structuring of the King weakfish. *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae), in Atlantic coastal waters of South America: Deep genetic divergence without morphological change. *Molecular Ecology*. **15**: 4361-4373
- Sánchez-García, J. C. 2018. Límite de especies entre *Rhadinaea marcellae* y *Rhadinaea forbesi* (Squamata: Colubridae). Tesis de Licenciatura. UNAM, México, CDMX.
- Schmitz, A., M. C. Brandley, P. Mausfeldm, M. Vences, F. Glaw, R. A. Nussbaum & T. W. Reeder. 2005. Opening the black box: Phylogenetics and morphological evolution of the Malagasy fossorial lizards of the subfamily "Scincinae". *Molecular Phylogenetics and Evolution*. **34**: 188-133.

- Serb, J. M., A. Alejandrino, E. Otárola-Castillo y D. C. Adams. 2011. Morphological convergence of shell shape in distantly related sacallop species (Mollusca: Pectinidae). *Zoological journal of linnean society*. **163**: 571-584.
- Shepard, D. B. y F.T Burbrink. 2009. Lineage diversification and historical demography of a sky island salamander, *Plithodon ouachitae*, from the interior Highlands. *Molecular Ecology*. **17**: 5315-5353
- Shine R. 2005. Life-history evolution in reptiles. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*. **36**: 23-46.
- Simpson, G. G. 1951. The species concept. *Evolution*. **5**: 285-298.
- Sites, J. W., & J. C. Marshall. 2003. Delimiting species: a renaissance issue in systematic biology. *Trends in Ecology and Evolution*. **18**: 412-420.
- Smith H. M. 1951. A new species of *Leiolopisma* (Reptilia: Sauria), from México. *Kansas University Science Bulletin*. **34**:195-200.
- Smith H. M. & E. Taylor. 1966. Herpetology of México, annotated checklist and keys to the Amphibians and Reptiles. Smithsonian Institution, United States National Museum. *Science Bulletin*. **194**.
- Solano-Zavaleta, I. & A. Nieto-Montes de Oca. 2018. Species limits in the Morelet's Alligator lizard (Anguidae: Gerrhonotinae). *Molecular phylogenetics and evolution*. **120**: 16-27.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*. **30**: 1312–1313.
- Statgraphics Centurion, X. V. I. 2013. Statgraphics centurion XVI software version 16.2.04. *Virginia (USA): StatPoint Technologies Inc, Warrenton*.
- Sukumaran, J. & L. L. Knowles. 2017. Multispecies coalescent delimits structure, not species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. **114**: 1607-1612
- Strecker, U., L., Bernatchez & H., Wilkens. 2003. Genetic divergence between cave and surface populations of *Astyanax* in Mexico (*Characidae, Teleostei*). *Molecular Ecology*. **12(3)**: 699–710.

- Szu-Lung C. & T. Hikida. 2001. Taxonomic Status of the Korean Populations of the Genus *Scincella* (Squamata: Scincidae). *Journal of Herpetology*. **35**: 122-129.
- Talavera G., V. Dincá & R. Vila. 2013. Factors affecting species delimitations with the GMYC model: Insights from a butterfly survey. *Methods in Ecology and Evolution*. **4(12)**: 1101-1110.
- Taylor E. H. 1937 Two new Lizards of the genus *Leiolopisma* from México, with comments on another Mexican Species. *Copeia*. **1937**: 5-11.
- Valdenegro-Brito, A. E. 2018. Evaluación del estado Taxonómico de una población de *Scincella* (Squamata: Scincidae) del norte de Oaxaca, México. Tesis de Licenciatura. UNAM, México, CDMX.
- Vargas, M. B. 2009. Filogeografía de *Artibeus jamaicensis triomylus* y *Artibeus jamaicensis yucatanicus* (Chiroptera: Phyllostomidae) de México. Tesis de Doctorado. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional, México. D. F., México.
- Villardón, J. 2002. Análisis de componentes principales. Cataluña: UOC, Departamento de Estadística, 32p.
- White, B. P., E. M. Pilgrim, L. M. Boykin, E. D. Stein & R. D. Mazar. 2014. Comparison of four species-delimitation methods applied to a DNA data set of insect larvae for use in. *Freshwater Science*. **33(1)**: 338-348
- Wiens, J. J. 1999. Polymorphism in Systematics and Comparative biology. *Annual Review of Ecology and Systematics*. **30**: 327-362.
- Wiens, J. J. & T. A. Penkrot. 2002. Delimiting species using DNA and morphological variation and discordant species limits in spiny lizards (*Sceloporus*). *Systematic Biology*. **51**:69-91.
- Wiens, J. J. & M. R. Servedio. 2000. Species delimitation in systematics: inferring diagnostic differences between species. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*. **267**: 631-636.
- Yang, Z. 2015. The BPP program for species tree estimation and species delimitation. *Current Zoology*. **61**: 854-865

- Yang, Z. & B. Rannala. 2010. Bayesian species delimitation using multilocus sequence data. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A* **107**: 9264-9269.
- Yu, G., D. Rao, M. Matsui & J. Yang. 2017. Coalescent-based delimitation outperforms distance-based methods for delineating less divergent species: the case of *Kurixalus odontotarsus* species group. *Scientific reports*. **7**: 16124.
- Zhang, J., P. Pavlidis & P. Stamatakis. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*. **29**: 2869-2876.

Apéndice 1

Localidades de los ejemplares examinados

Scincella caudaequinae

Nuevo León: UKMNH 87736, 87737, 87738, 87739, 87740, 87741 Zaragoza; UKMNH 192606 La huasteca, Cañón; JLAL 242, 243 Chipinque, Monterrey; AJG 279, 280 Paraje los osos, Santiago; JLAL 246 Parque ecológico, Santiago, MZFC 11220 Santiago, Santiago.

Scincella forbesorum

Hidalgo: MZFC 7586 Tolantongo, Tlahuiltepa, ITAH 998 Tepehuacan; ITAH 335 Atlapexco; ITAH 737 Yahualica; ITAH 732 Atempa, Calnali; Querétaro: MZFC 08830, 09423 Jalapan de Serra; MZFC 09804, 09831, 09832 Neblinas, Landa de Matamoros; MZFC 9805, Rio Tancuilin; MZFC-8871 N/a; San Luís Potosí: LACM 131550, 131551 Ciudad del maíz; MZFC 5462 Pago pago; Tamaulipas: UOGV 516, 517, 561 Ejido alta cima, Gómez Farías.

Scincella gemmingeri FVT

Veracruz: IDF 033, 034, JLAL 138, 140, UOGV 223 2 km SW ejido los Zapotes, La perla; JAC 22563, 22567 Metlac, La Perla; JAC 24979 Xico; AMNO 2323 Coscomatepec Aprox. 1.3 Km W de Tecocac; Puebla: Chichiquila 1.3 Km al NE de Lancho.

Scincella sp (SMOr)

Hidalgo: ITAH 592 Cerro Burrotepeltc, San Juan Huazalingo; UTACV 11989, 11990, 11991, 11995, Lolotla; UTACV 11992 Molango, Xochicoatlan; MZFC 03439 Molango, Zacualtipan; UTACV 31011, 31012, 11993, MZFC 4504 ITAH 107, Tlachinol; Puebla CHFB-BUAP 1081 El rosario, Cuetzalan; CHFB-BUAP 1554; Xocoyolo, Cuetzalan; CNAR-IB 6897, 6896, 6898, 6898-2 Tepango de Rodríguez; LCM-1154 Tahitic, Zacapoaxtla; Veracruz: UOGV 500, 505, 506, 507, 508 Huayacocotla, La selva.

Scincella sp (SMS)

Oaxaca: UTACV 12087 Buena Vista, Sierra de Juárez; UTACV 8439, 30315, 30361; MZFC 10545 La esperanza, Sierra Juárez; UTACV 8440, 12011, 12014, 12088, 12089, 12090 Vista Hermosa, Sierra de Juárez; JAC 21635, 21637, 21638 San Mateo Yetla, Sierra Juárez; UTCV 8429 Cerro Pelón, Sierra Juárez; MZFC 4503 Puerto Antonio, Santiago Cosmaltepec; CSV 1 San Isidro, Buenos Aires; UTACV 12013 Metate; UOGV 242 San Juan Bautista.

Scincella sp_nov García-Vázquez, 2012

Oaxaca: UTACV 8558, 12005, 12006, 12008, 12009, 12010, 12092, 30314, 30329, 30330, Totontepec, Sierra Mixe; AMNO 2296, JAC 21543 Totontepec, Sierra Mixe; UTACV 12095, 12096, 12097 El baúl, Rodolfo Figueroa, Chimalapas; MZFC 9956 San Miguel, Chimalapa.

Apéndice 2

#NEXUS

BEGIN DATA;

DIMENSIONS NTAX=37 NCHAR=1491;

FORMAT DATATYPE = DNA GAP = - MISSING = ?;

MATRIX

sp_nov_CHIMAS_JAC23168

```
TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTCAAAGATACGCC
ACCATCAAAGCTGAAAAAACTCAAGCCAT?CGGCAATAAACTTAGCCGAGACATCGGCTTATTTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTTTAAGAAGAAGTTCACACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTCTACATTATCCCCATCCTAATCGCAGTGGCCTTCTTACACTTCTAGAACGAAAAGTCCTTG
GCTACATACAACACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTACAGCCCATTGCCGACGGT
GTAAAACACTATTCACCAAAGAACCACTCCGACCATCATCTTCTCCCAATACTATTTATCACTACCCCAACACT
AGCACTATTCTGGCCCTTATAATTTGAATCCCGCTGCCCATACCAGCCCCACTAGCAGACCTCAACCTAGGC
TTACTATTTATGCTAGCCCTGTCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTGATCTGGCTGAGCATCGAATTC
AATACCCATTAATTGGGGCACTCCGAGCCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACACTCGGACTAATCC
TACTAACAATCATCATTCTGGCGGGCGGGTTTACAACACAAACCCCTTACAACCACCCAAAACCTCCCACTGAC
TCCTACTCTCCTCTTGACCCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATT
GACCTTACAGAAGGAGAGTCAGAACTTGTGTCGGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCTTTTGCCT
CTTTTCTGGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAAACACCTTAACCGCTGTCTTATTCTTAAACCCAGGA
AACGCCGACCCCAACACATATCCAATAAACTTGATACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTTTTATGAG
CACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGCACCTGTTGTGAAAAAACTTCTGCCTATCAC
CTTGGCCCTACTTTTATGGCAGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAATG
CGAGATCTTCAGGTAATCACCAGGACACCCTAAA?GAAACGTACTAAGGACACCCTAAA?GAAACGTACT
AAGGTGGCAGCCATAATCCTACCTTTGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTGGGGTTTAGAGACA
AAATCCCTCACTTCCCTTAGAAACGGAACGCAAGCCACCTGT
```

sp_nov_CHIS_IDF163

```
TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTCAAAGATACGCC
ACCATCAAAGCTGAAAAAACTCAAGCCCT?CGGCAATAAACTTAGCCGAGACATCGGCTTATTTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTTTAAGAAGAAGTTCACACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTCTACATTATCCCCATCCTAATCGCAGTGGCCTTCTTACACTTCTAGAACGAAAAGTCCTTG
GCTACATACAACACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTCCAGCCCATTGCCGACGGT
GTAAAACACTATTCACCAAAGAACCCCTCCGACCATCATCTTCTCCCAATACTATTTATCACTACCCCAACACT
AGCACTATTCTGGCCCTTATAATTTGAACCCCACTGCCCATACCAGCCCCACTAGCAGACCTCAACCTGGGC
```

T TACTATTTATGCTAGCCCTATCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTGGTCTGGCTGAGCATCAAATCAA
AATACCACTAATTGGGGCACTCCGAGCCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACTCGGACTAATCC
TACTAACAAATCATCATTCTAGCGGGCGGGTTACAATACAAACCCTTACGACCACCCAAAACCTCAAAGTAC
TCCTACTCTCCTTTGACCCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTC
GACCTTACAGAAGGAGAGTCAAGACTTGTGTGAGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCGTTTTCGCT
CTTTTCTAGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAAACACCTTAACCACTGTCTTATTCTTAAACCCAGGA
AACGCCGACCCCAACACATATCCAATAAACTTGATACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTTTTATGAA
CACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGCACCTGTTGTGAAAAAACTTCTTACCTATCAC
CCTGGCCCTACTTTTATGGCAGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAATG
CGAGATCTTCAGGTAATCACCAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACT
AAGGTGGCAGCCATAATCTACCTTTGTTTCATCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTAGGGTTTAGAGACA
AAATCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTTT

sp_nov_CHIMAS_JAC23175

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTCAAAGATACGCC
ACCATCAAAGCTGAAAAAACTCAAGCCAT?CGGCAATAAACTTAGCCGAGACATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTTAAGAAGAACTTCTCACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTCTACATTATCCCCATCCTAATCGCAGTGGCCTTCTTACACTTCTAGAACGAAAAGTCTTG
GCTACATACAACACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTACAGCCCATGCGGACGGT
GTAAAACACTATTCACCAAAGAACCCTCCGACCATCATCTTCTCCCAATACTATTTATCACTACCCCAACACT
AGCACTATTCTGGCCCTTATAATTTGAATCCCACTGCCATACCAGCCCACTAGCAGACCTCAACCTAGGC
T TACTATTTATGCTAGCCCTGTCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTGATCTGGCTGAGCATCGAATCAA
AATACCCATTAATTGGGGCACTCCGAGCCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACTCGGACTAATCC
TACTAACAAATCATCATTCTGGCGGGCGGGTTACAACACAAACCCTTACAACCACCCAAAACCTCAAAGTAC
TCCTACTCTCCTTTGACCCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTC
GACCTTACAGAAGGAGAGTCAAGACTTGTGTGAGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCTTTTTCGCT
CTTTTCTAGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAAACACCTTAACCGCTGTCTTATTCTTTAAACCCAGGA
AACGCCGACCCCAACACATATCCAATAAACTTGATACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTTTTATGAA
CACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGCACCTGTTGTGAAAAAACTTCTTACCTATCAC
CCTGGCCCTACTTTTATGGCAGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAATG
CGAGATCTTCAGGTAATCACCAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACT
AAGGTGGCAGCCATAATCTACCTTTGTTTCATCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTGGGGTTTAGAGACA
AAATCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTTT

sp_nov_CHIS_IDF205

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTTAAGAGTACGCC
ACCATCAAAGCTGAAAAAACTCAAGCCAT?CGGCAATAAACTTAGCCGAGACATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTTAAGAAGAACTTCACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTCTACATTATCCCCATCCTAATCGCAGTGGCCTTCTTACACTTCTAGAACGAAAAGCCCTAG
GCTACATACAACACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCCATACGGACTTCTTCAACCCGTTGCTGATGGTG
TAAAACATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCATCATCTTCTCCCAACACTATTTATTCTTACCCCAACACTA

GCACTATTTTTAGCCCTTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTTAATCTGGGGT
TATTATTTATACTCGCCCTATCAAGCATGGCTGTATTTCAATCCTTTGGTCTGGATGAGCATCAAATTCAA
ATACCCACTAATCGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAAATTTTCATATGAAGTAACACTAGGACTCATCTT
ATTAACAATCATCATTCTGGCGGGCGGGTTTACAATACAAACCCTTACAACCACCCAAAATTCCAAGTACT
CTACTCTCCTCTTGACCCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTG
ACCTTACAGAAGGAGAGTCAAGACTTGTGTCAAGCTTCAACGTAGAATACGCAGCCGGACCTTTTGCCTC
TTTTTCTAGCCGAATACGCAAACATCATACTAATAAACACCCTAACCGTCGTCTTGTCTTAAACCCAGGAA
ACGCCGACCCCAACACATATCCAATAAACTTAATACTAAAAACAACACTATTAACAGCCCTGTTTTTATGGAC
ACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGCACCTGTTGTGAAAAAATTCCTACCTATCACC
CTGGCCCTACTTTTATGGCAGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGGTAATCACCAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTA
AGGTGGCAGCCATAATCCTACCCTTGTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTAGGGTTAGAGACAA
AATCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

sp_nov_GUENEGATI_JAC22952

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTGAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAGGGGGCCTATGTTAAAGATACGCC
ACCATCAACGCTGAAAAAATCAAGCCCT?CGGCAATAA?CTTAGCCGAGACATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTCTAAGAAGAACTTCACACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTTTATATTGTCCCCATCCTACTCGCAGTAGCCTTCTCACACTTCTAGAACGAAAAATCCTTGG
CTACATACAACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTCCAGCCCGTTGCCGACGGTGT
GAAACTATTCACCAAAGAACCCTCCGACCATCCTTCTCCTCCCAACATTATTTATTATACCCGACACTAG
CCTTATTCTTAGCCCTTATAATCTGACTCCCATTACCCATACCCGCCCATTAGCAGACCTAACCTAGGACTA
CTATTTATGCTAGCCCTCTCTAGTATGGCCGTGACTCAATCCTATGGTCTGGCTGAGCATCAAATTCAAAAT
ACCCATTAATTGGGGCACTCCGTGCCGTGCACAAACAATCTCCTACGAAGTAACACTCGGACTAATCCTAC
TAACAATCATCATTCTAGCGGGCGGGTTCACAATACAAACCCTACAACCACCCAAAATCAAATTGACTTCT
TCTCTCCTCTTGGCCCTTAGCAATAATGTGGTTTATCTCAACCCTGGCTGAGACTAACCGAGCCCCATTGAC
CTTACAGAAGGAGAATCAGAAGTGTATCGGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCTTTTGCCTCTTT
TTCCTAGCCGAATACGCAAACATCATACTAATGAACACCCTGACCACCGTCTTATTCTAAACCCAGGGAAAC
ACCGACCCCAACGTTTTTCAATAAACTTGATACTAAAGACAATACTATTAACAGCCTTGTCTTATGGACAC
GAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATACACCTGTTATGAAAAAATTCCTGCCTATCACCCT
AGCCCTGCTTTTATGGCAGCTTCATTCCCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAAATGCGA
GATCTTCAGGTAATCACCAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTACTAAG
GTGGCAGCCATAATCCTACCTTTGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTAGGGTTAGAGACAAAA
TCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

sp_nov_GUENEGATI_JAC23139

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTGAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAGGGGGCCTATGTTAAAGATACGCC
ACCATCAACGCTGAAAAAATCAAGCCCT?CGGCAATAA?CTTAGCCAAGACATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTCTAAGAAGAACTTCACACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTTTATATTGTCCCCATCCTACTCGCAGTAGCCTTCTCACACTTCTAGAACGAAAAATCCTTGG
CTACATACAACTACGAAAAGGCCAAACACTGTAGGCCCATACGGCCTA????????????????????????

????????????????????????????????GACATCTCTCTCCCAACATAATTTATCATAACCCCAACACTAGCGTTATTC
TTAGCCCGTATAATCTGACTCCATTACCCATACCGCCCCATTAGCAGACCTAAACCTAGGACTACTATTTA
TGCTAGCCCTCTCTAGTATGGCCGTGACTCAATCCTATGGTCTGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATT
AATTGGGGCACTCCGTGCCGTGCGACAAACAATCTCCTACGAAGTAACTCGGACTAATCCTACTAACAAAT
CATCATTCTAGCGGGCGGGTTCACAATACAAACCCTCACACCACCCAAAACCTCAAATTGACTTCTTCTCTCC
TCTTGGCCCTTAGCAATAATGTGGTTTATCTCAACCCTGGCTGAGACTAACCGAGCCCCATTGACCTTACAG
AAGGAGAATCAGAACTTGTATCGGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCTTTTGGCTCTTTTTCTAG
CCGAATACGCAAACATCATACTAATGAACACCCTGACCACCGTCTTATTCCTAAACCCAGGGAACACCGACC
CCAACGCTTTTTCAATAAACTTGATACTAAAGACAATACTATTAACAGCCTTGTCTTATGGACACGAGCATC
TTACCCCGTTTTCGATATGACCAGCTAATACACCTGTTATGAAAAAACTTCTGCCTATCACCCCTAGCCCTG
CTTTTATGGCAGCTTTCATTCCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAATGCGAGATCTTC
AGGTAATCACCAGGACACCCTAAAAGAAACGTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTAAGGTGGCA
GCCATAATCCTACCTTTGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTGGGGTTAGAGACAAAATCCCCTC
ACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

sp_nov_MIXE_JAC21543

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTACAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTCAAAGATACGCC
ACCATCAAAGCTGAAAAAACTCAAGCCAT?CGGCAATAAACTTAGCCGAGACATCGGCTTATTAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTTAAGAAGAACTTCACACTACTTTACCTTAT
TAACCCACTACTCTACATTATCCCCATCCTAATCGCAGTGGCCTTCTGACACTTCTAGAACGAAAAGTCCCTG
GCTACATACAACTACGAAAAGGCCAAACATTGTAGGCCATACGGCCTACTCCAACCCCTTGGCAGCGGT
TAAAATATTACCAAAGAACCCTCCGACCATCATCTTCTCCCAATACTATTTATCACTACCCCAACACTA
GCACTATTCTGGCCCTTATAATTTGAGTCCCCCTGCCATACCAGCCCCACTAGCAGACCTCAACCTAGGCT
TACTATTTATGCTAGCCCTATCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTGGTCTGGCTGAGCATCGAATTCAAA
ATACCCATTAATTGGGGCACTCCGAGCCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACACTCGGACTAATCCT
ACTAACAATCATTATTCTGGCGGGCGGGTTTACAATACAAACCCTTACAACCACCCAAAACCTCCAAGTACT
CCTACTCTCTCTGACCCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATT
GACCTTACAGAAGGAGAGTCAGAACTCGTATCAGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGGACCTTTTGCCT
CTTTTCTAGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAAACACCTTAACCGCTGTCTTATTCTAAACCCAGGA
AACACCGACCCCAACACATATCCAATAAACTTGGTACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTTCTTATGAA
CACGAGCATTTACCCCGTTTTCGATATGACCAGCTAATGCACCTGTTGTGAAAAAACTTCTGCCTATCAC
CCTGGCCCTACTTTTATGGCAGCTTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTAATG
CGAGATCTTACGGTAATCACCAGGACACCCTAAAAGAAACGTAAGGACACCCTAAAAGAAACGTAAGT
AAGGTGGCAGCCATAATCCTACCTTTGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGATTAGGGTTAGAGACA
AAATCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

gemmingeri_PERLA_JAC22567

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTACAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAAAAACAGGCC
ATAAAATAAGCTGAAAAAAATCAAGCCCAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACACCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACACCACACTACTTTACCTTA
TTAACCCGTTACTCTATATTATCCCTGTTTTAATTGCAGTTGCCTTCTCACATTACTAGAGCGGAAAAGTCTAG

GGTATATACAACACTACGAAAGGGCCCTAATATTATTGGCCCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCCGACGGTG
TAAAACCTTTATCAAAGAACCCTACGACCATCATCTTCTCCCAACATTATTTATCTTTACCCCAACACTA
GCACTATTCTTAGCCCTTATAATCTGACTCCCCTTACCATACCCGCCTCATTAGCAGACCTAACCTTGGGTT
ATTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCAGTATACTCAATTCTCTGGTCCGGGTGAGCATCAAATTCAAAA
TACCATTAAATCGGGGCCCTTCGGGCCGTAGCACAACACTATTTCTATGAAGTGACACTAGGACTTATCTTA
TTAACAATCCTTGTCTTTACAGGCGGGTTACAATACAAATACTCACAGTTTACAAGATTCAAACCTGACTCT
TATTCTCCTCCTGACCCCTAGCCATAATATGGTTTATTTCCACCTTAGCTGAGACCAACCGAGCCCTTTTGAT
TTAACAGAAGGAGAGTCAGAAGTCTCGGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCCCTTCGCACTATT
TTTCTTGCCGAATACACAAACATCATAATAATAAACACCCTGACAACCATCTTATTTCTCAACCCCGGGGGC
ACTACCCAGACCTATTCTACTAAACCTAATACTTAAAACAGCGCTACTAACAGCCTTATTTTTATGGACAC
GGGCATCTTACCCCGCTTCGATACGATCAATTAATACACCTGTTATGAAAAAATTCCTACCAATCACCTT
GGCCCTACTATTATGACACACTTCTTTCCCAATAACACTAGCAGGATTGCCCCACAAGAGGTAAATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGTAAAG
GTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGACGTGTTTAGGATTTAGAGATAAAA
CCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGTAGCTCACCCAT

gemmingeri_XICO_JAC24979

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAAGAGCACGCC
CATAAAATAAGCTGAAAAAATCAAGCCCAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACATCGGCTTATTCAGTACT
GAAGTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTC
GTTAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACACCACACTACTTTACC
TTATTAATCCTCTACTCTATATTACCCCTATTTAATTGCAGTTGCCTTCTCACATTGCTAGAACGAAAAGTTC
TAGGATACATACAACTACGAAAAGGCCCTAATATTATTGGCCCATATGGCCTACTTCAACCCATTGCTGACG
GTGTAACACTCTTTATCAAAGAACCCTCCGACCGTCACTTCTTCCCAATATTGTTTATTTTTACCCCAACA
CTAGCATTATTCTTAGCCCTTATAATCTGACTCCCTTTACCAATGCCCGCTCATTAGCAGACCTAACCTTGG
GTTGTTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAATTCTCTGGTCCGGATGAGCATCAAATTC
AAATACCCCTTAATCGGAGCCCTTCGGGCCGTAGCACAACACTATTTCTATGAGGTGACACTAGGACTCATC
TTATTAACAATTATTGTCTTTACAGGCGGGTTACAATACAAATGCTCACAAATTTACAAAATTCAAAACCTGAC
TTTTACTCTCCTCCTGACCTTTAGCAATAATATGGTTTATTTCCACCCTAGCCGAGACCAACCGAGCCCTTTT
GATTTAACAGAAGGAGAGTCAGAACTAGTCTCTGGTTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTCGCACT
ATTTTCTTGGCGAATACACAAATATCATAATAATAAACACTCTAACCAACCTTATTTCTCAACCCAGGAA
GCACCCACCCAGACCTATTCTACTGAATCTAATACTTAAAACGGCATTATTAACAGCCCTATTTTTATGGAC
ACGAGCATCTTACCCCGCTTCGATATGATCAATTAATACACCTATTATGAAAAAATTCCTACCAATTACC
CTCGCCCTACTACTATGACA?GCTTCTTCCCAACAACACTAGCAGGGTTGCCCCACAAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGTAAAG
AGGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGACGTGTTTAGGATTTAGAGACAA
AGCCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGTAGCTCACCCAT

gemmingeri_VER_UOGV223

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAAAAACACGCC
ATAAAATTAGCTGAAAAAATCAAGCCCAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACACCGGCTTATTCAGTACTG
AAGTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACACCACACTACTTTACCTTA

TTAACCCGTTACTCTATATTTTCCCTGTTTTAATTGCAGTTGCCTTCTCACATTAAGAGCGGAAAGTCCTAG
GGTATATACAACACTACGAAAGGGCCCTAATATTATTGGCCCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCCGACGGTG
TAAAACTCTTTATCAAAGAACCCTACGACCATCATCTTCTCCCAACATTATTTATCTTTACCCCAACTA
GCACTATTCTTAGCCCTTATAATCTGACTCCCCTTACCCATACCCGCCTCATTAGCAGACCTTAACCTTGGGCT
ATTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCAGTATACTCAATTCTCTGGTCCGGGTGAGCATCAAATCAAAA
TACCATTAATCGGGGCCCTTCGGGCCGTAGCACAACTATTTCTATGAAGTGACACTAGGACTTATCTTA
TTAACAATCATTGTCTTTACAGGCGGGTTTACAATACAAATACTCACAGTTTACAAGATTCAAACCTGACTCT
TATTCTCCTCCTGACCCCTAGCCATAATATGGTTTATTTCCACCTTAGCTGAGACCAACCGAGCCCCTTTGAT
TTAACAGAAGGAGAGTCAGAACTAGTCTCGGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCCCTTCGCACTATT
TTTCTTGCCGAATACACAAACATCATAATAATAAACACCCTGACAACCATCTTATTTCTCAACCCCGGGGGC
ACTACCCAGACCTATTCTACTAAACCTAATACTTAAACAGCGCTACTAACAGCCTTATTTTTATGGACAC
GGGCATCTTACCCCGCTTCCGATACGATCAATTAATACACCTGTTATGAAAAAATTCTACCAATCACCTT
GGCCCTACTATTATGACACACTTCTTTCCAATAACACTAGCAGGATTGCCCCACAAAGAGGTAAATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGGAAACGTACTAAGGACACCCCAAGGGAAACGTACTAAG
GTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGACGTGTTTAGGATTTAGAGATAAAA
CCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGTAGCTCACCCAT

gemmingeri_HGO_DMA31

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTACGCAAAGGTTCTAGCTGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTTAATAACACGCCC
ATAAACTAGCTGAAAAAATTAAGCCCAACGGCAAAAGACAG?GCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCTG
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAATTCCACACTACTTTACCTTA
TTAACCCCTACTCTATATTATCTATTTTAAATTGCAGTCGCCTTTTACTACTGGAGCGAAAGTCCTAG
GATATATACAACACTACGAAAAGGCCCTAATATTGTGGGCCCATACGGACTTCTACAACCTATTGCTGACGGTG
TAAAGCTATTTATTAAGAACCCTTCGGCCATCATCTTCTCCCAACACTATTTATCTTACCCCAACTA
GCACTATTTTTAGCCCTTATAATCTGACTACCGCTACCAATACCCGCCCTTAGCAGATCTAACCTGGGGT
TACTATTCACTAGCTCTATCAAGCATAGCTGTATTTCAATCCTTTGGTCTGGATGAGCATCTAATCAA
ATACCCGTTAATCGGGGCCCTGCGGGCCGTGGCCAACTATTTTCATATGAAGTAACACTAGGACTTATCTT
ACTAACAGTCATTATATTAACAGGCGGATTTACAATACAAATACTCACGATTTACAAAATTCAAGCTGACTC
CTACTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATGTGGTTTATCTCCACCTTAGCTGAGACCAATCGAGCCCCATTG
ATCTAACAGAAGGAGAATCAGAAGTGGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCTGGACATTTGCACTAT
TCTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATACTAATAAACACCCTAACAGCTATCTTATTTCTAAACCCAGGAAG
CACGCACCCAGACATATTTTACTAAACCTTATACTCAAACAGCACTATTAACCGTCTTATTTTTATGGGCG
CGAGCATCGTACCCACGCTTCGGATACGACCAACTAATGCACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATCACCC
TAGCCCTGCTACTCTGACATGCCTCTTTCCAACCATACTAGCAGGCCTCCCCCACAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTCAGATAATCATCAAGGGTGCCTAAAGGAAACGTACTAAGGGTGCCTAAAGGAAACGTACTAA
GGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGACGTGTTTAGGATTTAGAGATAAA
ATCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGTAGCTCACCCAT

gemmingeri_MIXE_ANMO2295

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCGAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTACGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAATAGCACGCCC
ATACAACACTAGCTGAAAAAATTAAGCCCAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCTG

ATTAACCCCTACTCTACATCATCCCTATCTTAATTGCAGTCGCTTTTTTACACTACTAGAACGAAAACCTCCTA
GGATACATACAACTACGAAAAGGCCCAACATCATTGGCCCATACGGCCTACTTCAACCAATTGCTGACGGT
GTAAAACCTCTTTATTAAGAACCCTCCGACCATCATCTTCTTCCCAACATTATTTATTTTTACCCCAACT
AGCACTATTCTTAGCCCTTATAATTTGACTCCCCCTGCCAATACCTGCCTCATTAGCAGATCTTAACCTGGAT
TATTATTTATGCTGGCCCTATCAAGTATAGCAGTATACTCAATTCTCTGGTCCGGATGAGCATCAAATTCAAA
ATACCCTTAATCGGGGCCCTCCGGGCCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTGACTGGGACTCATCTT
ACTAACAATCATTATATTTACAGGCGGGTTCACAATACAAATACTTACGATCTCACAGAATTCAAACCTGACTC
TTACTTTCTCCTGGCCATTAGCAATAATATGGTTTATTTCCACCCTAGCTGAGACCAATCGAGCCCCCTTG
ATTTAACAGAAGGAGAATCAGAAGTACTGCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTCGCACTAT
TCTTCTTGGCAGTATACAAATATTATAATAATAAACACTTTAACAACCTGTCTTATTTCTCAACCCGGGAGG
CATCCCCCAGATATGTTCTCATTAAACCTGATACTTAAAACAGCACTATTAACAATCCTATTTTTATGGACAC
GAGCATCATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATACACCTACTATGAAAAAATCCTACCAATCACCCCT
GGCCCTATTACTATGACACACTTCTTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCTCCACAAAGAGGTAAATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGGAAACGTAAGGACACCCCAAGGGAAACGTAAGTAA
GTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGTTTAGGGTTAGAGACAAAC
TCGCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTCT

gemmingeri_SJ_JAC21632

TGACCCACATCAGCGAACACATAACAGCCGAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTGAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAATAGCACGCC
ATACAAGTACTGAAAAAATTAAGCCTAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTGCTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
AAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAACTTCTAAGAAGAAGCCACACTACTTTACCTT
ATTAACCCCTACTATACATCATCCCTATCTTAATTGCAGTCGCTTTTTTACACTACTAGAACGAAAGTCCCTA
GGATACATACAACTACGAAAAGGCCCTAATATTATTGGCCCATACGGCCTACTTCAACCAATCGCTGACGGT
GTAAAACCTCTTTATTAAGAACCCTCCGACCATCATCTTCTTCCCAACATTATTTATTTTTACCCCAACT
AGCATTATTCTTAGCCCTTATAATTTGACTCCCCATGCCAATACCTGCCTCATTAGCAGATCTTAACCTGGAT
TATTATTTATGCTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAATTCTCTGGTCCGGATGAGCATCAAATTCAAA
ATACCCACTAATCGGGGCCCTTCGAGCCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAGGTGACTCGGGCTCATCTT
ATTAACAATTATTATATTTACAGGCGGGTTCACAATACAAATACTTACGACCTCACAAAATCAAACCTGACTC
TTACTTTCTCCTGGCCATTGGCAATAATATGGTTTATTTCCACCCTAGCTGAGACCAATCGAGCCCCATTG
ACCTAACAGAAGGAGAGTCAAGTACTGCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTTGCACTA
TTCTTCTTGGCGAATACACAATATTATAATAATAAATACTTTAACAACCTGTCTTATTTCTCAACCCGGGAG
ACATCCCCCAGATATGTTCTCATTAAAGCCTGATACTTAAAACAGCACTATTAACAATCCTATTCTATGGAC
ACGAGCATCATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATACACCTACTATGAAAAAATCCTACCAATCACC
CTGGCCTTATTACTATGACACACTTCTTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCCCAACAAAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGGACACCCCAAGGAAACGTAAGTAA
AGGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGACGTGTTTAGGGTTAGAGACAA
AATCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTTT

gemmingeri_SJ_JJW794

????????????????????ACATAACAGCCGAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTAACA
ACGTGTTGAGTAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAATAGCACGCCATA
CAACTAGCTGAAAAAATTAAGCCTAGCGGCAATAAATGAAGCCGAGACATCGGCTTATT????????????T
CCGAGGCGTATCTTCTTATAAGA?GGTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGTTAACG

AGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACGCCACACTACTTTACCTTATTAAC
CCCCACTCTACATCATCCCTATCTTAATTGCAGTCGCTTTCTTACACTACTAGAACGAAAAGTCCTAGGATAT
ATACAACACTACGAAAAGGCCCTAATATCGGTGGCTCATAACGGCCTACTTCAACCAATTGCTGATGGTGTA
CTCTTTATTAAGAACCACTCCGACCATCATCTTCTTCCCAACATTATTTATTTTACCCCAACTAGCATT
TTCTTAGCCCTTATAATTTGACTCCCCCTGCCAATACCTGCCTCATTAGCAGATCTTAACCTTGGACTATTATT
TATGCTGGCCTTATCAAGTATAGCAGTATACTCTATTCTCTGGTCCGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCA
TTAATCGGAGCCCTTCGAGCCGTAGCACAACCATCTCCTATGAAGTGACACTGGGACTCATCTTACTAACA
ATCATTATATTTACAGGCGGGTTCACAATACAAATACTTAAGATCTCACAAAATTCAAACTGACTCTTACTTT
CCTCCTAACAATAACAATAATATGATTAATTTCCACCCTAGCTGAGACCAACCAAGCCCCATTTGATCTAAC
AGAAGGAGAATCAGAACTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATACGCAGCCGGACCATTTCGACTATTCTTCT
TGCCGAGTACACAAATATTATAATAATAAACACTTTAACAACGTATTATTTATCAACCCGGGAAGCATCCCC
CCAGATATGTTCTCATTAAACCTGATACTTAAACAGCACTATTAACAACCTATTTTTATGGACACGAGCAT
CATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATACACCTACTATGAAAAAATTCCTACCAATCACCTGGCCCT
ATTATTATGACACGCTTCTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCTCCACAAAGAGGTAAATGCGAGATCTT
CAGATAATCATCAAGGACACCCCAAAGGAAACTGTACAAGGACACCCCAAAGGAAACTGTACAAGGTGGC
AGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGTTTAGGGTTAGAGACAAAATCCCCT
CACTTCCCTTAGAAACAGAACTGCAGCCCACCTC

gemmingeri_SJ_UOGV242

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCGAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGAAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCAATGTTAGTAGCACGCCC
ATACAACACTAGCTGAAAAAATTAAGCGTAGCGGCAATAAATGAAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCTG
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACGCCACACTACTTTACCTT
ATTAACCCCTACTCTACATCATCCCTATCTTAATTGCAGTCGCTTTTTTACACTACTAGAACGAAAATCCTA
GGATACATACAACTACGAAAAGGCCCAATATCATCGGCCATACGGCCTGCTAAAACCTATCGCTGACGG
CGTAAAACCTTTTACCAAAGAGCCCTCCGCCGTCACCTCCTCCCAACACTATTTATTATTACCCCTACAC
TAGCACTATTTCTAGCCATAATAATCTGACTCCCCCTCCCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGG
ACTGCTATTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATTCTCTGATCTGGATGAGCATCAAATTC
AAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGGCTGTAGCACAAACCATTTCTATGAGGTCACACTAGGCCTTATT
CTGTTAACAGTCATATTCTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTACACAAAACCTCAAACCTGAT
TACTACTATCCTCCTGACCTTAGCAATAATGTGGGTTATCTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGGGCCCCATT
TGATTTTACAGAAGGAGAATCAGAACTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTTCGCACT
ATTCTTCTTGCCGAGTATACAAATATTATAATAATAAACACTTTAACAACGTCTTATTTCTCAACCCGGGA
GGCATCCCCCAGATATGTTCTCATTAAACCTGATACTTAAAACAGCACTATTAACAATCCTATTTTTATGGA
CACGAGCATCATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATACACCTACTATGAAAAAATTCCTACCAATCAC
CCTGGCCCTATTACTATGACACACTTCTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCTCCACAAAGAGGTAATG
CGAGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAAGGAAACGTACTAAGGACACCCCAAAGGAAACGTACT
AAGGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGTTTAGGGTTAGAGACA
AAATCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAACTGCAGCCCACCTC

gemmingeri_HGO_MZFC14215

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGATAAAGGGCCCATGTTAGTAACACGCCC
ATAAA?CCAGCTGAAGAAACTCAAGCCCAACGGCAACGCAC?AAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG

CAGTTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGGTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACTCCACTACTTTACCTCA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCTATTTTAATTGCAGTCGCTTTCTTACATTACTAGAGCGAAAAGTCTAG
GGTACATACAACCTACGAAAAGGGCCTAATATTATTGGCCATACGGACTTCTGCAACCCGTTGCTGATGGTG
TAAAACTATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCATCATCTTCTTCCCAACACTATTTATTCTTACCCCAACACTA
GCACTATTTTTAGCCCTTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCTTAGCAGACCTTAATCTGGGGT
TATTATTTATACTCGCCCTATCAAGCATGGCTGTATATTCAATCCTTTGGTCTGGATGAGCATCAAATTCAA
ATACCCAATAAACGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAAATTTTCATATGAAGTAACACTAGGACTCATCTT
AGTAAACATCATATTGACAGGCGGATTTACAATACAAATACTCACAATTTCAAAAATTCAAACTGGCT
CCTACTTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGTGATTTATCTCCACCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCTTTTG
ATCTAACAGAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTGCACTA
TTTTCTTGCCGAATACAAAATATTATTAATAAACACTCTAACAGCTATCTTGTCTCAACCCAGGAAG
CACGACCCAGACATATTTTCACTAAACCTTATACTCAAACAGCACTATTAACGACCCTGTTTTATGAACA
CGAGCGTCATACCCACGCTCCGATACGACCAATTAATGCACCTACTATGAAAAACTTTCTCCCAATCACCA
GGCCTTGCTACTTTGACATGCCTCTTTCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCCACAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTCAGATAATCATCAAGGGTACCCTAAAGGAAACGTAAGGGTACCCTAAAGGAAACGTAATAA
GGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGATGTGTTAGGGTTAGAGATAAA
GCCCCCTACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

gemmingeri_SELVA_UOGV500

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTGAGCAAAGGTTCTAGCTGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCTATGTTAATAACACGCCC
ATAAAACCAGCTGAAAAAATTAAGCCCAACGGCAAATAC?AGGCCAAGACATCGGCTTATTGACTG
AAGTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGGTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAATTCCACTACTTTACCTTA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCTATTTTAATTGCAGTCGCTTTTACTACTGGAGCGAAAAGTCTAG
GATACATACAACCTACGAAAAGGGCCTAATATTGTAGGCCATACGGACTTCTCCAACCTATTGCTGACGGTG
TAAAGCTATTTATTAAGAGCCCTTCGGCCATCATCTTCTTCCCGACACTATTTATTCTTACCCCAACACTA
GCACTATTTTTAGCCCTTATAATCTGACTACCACTACCAATACCCGCCCTTAGCAGATCTTAACCTGGGGT
TATTATTCATACTAGCTCTATCAAGCATAGCTGTGTATTCAATCCTTTGGTCTGGATGAGCATCTAACTCAA
ATACCCGTTAATCGGGGCCCTACGGGCCGTGGCCCAAATTTTCGTATGAGGTAACACTAGGACTTATCTT
ACTAACAATCATTATATTAACAGGCGGATTTACAATACAAATACTCACGATTTCAAAAATTCAAACTGACTC
CTACTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATATGGTTTATCTCCACCTTAGCTGAAACCAATCGAGCCCCATTTG
ATCTAACAGAAGGAGAATCAGAAGTGGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCTGGACCATTTGCACTAT
TCTTTCTTGCCGAATACAAAATATTATACTAATAAACACCCTAACAGCTATCTTATTCTAAACCCAGGAAG
CACACACCCAGACATATTTTCACTAAACCTTATACTCAAACAGCACTATTAACCGTCTTATTTTATGAGCGC
GAGCATCGTACCCACGCTCCGATACGACCAATTAATGCACCTACTATGAAAAATTTTCTACCTATCACCT
AGCCCTGCTACTCTGACATGCCTCTTTCCCGACCATACTAGCAGGCCTCCCCCACAAAGAGGTAATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAAGGGTACCCTAAAGGAAACGTAAGGGTACCCTAAAGGAAACGTAATAA
GTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGACGTGTTAGGATTTAGAGATAAA
TCCCCTCCCTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTT

gemmingeri_TLATLAUQUI_ISZ137

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCCTACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTGAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCCATGTTAGTAACACGCCC

ATAAAACCAGCTGAAAAA ACTCAAGCCCAACGGCAACGTAC?AAGCCAAGACATCGGCTTATT CAGTACTG
AAGTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACTCCACACTACTTTACCTCA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCTATTTAATTGCAGTCGCCTTCTTACATTACTAGAGCGAAAAGTCCTAG
GGTACATACA ACTACGAAAAGGGCCCTAATATTATCGGCCCATACGGACTTCTTCAGCCCGTTGCTGATGGTG
TAAA ACTATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCGTCATCTTCTCCCAACACTATTTATTCTCACCCCAACACTA
GCACTATTCTAGCCCTTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCTTAGCAGACCTAACCTGGGAC
TATTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCTGTATTTCAATCCTTTGGTCCGGATGGGCATCAAATTCAA
ATACCCACTAATCGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAA ACTATTTT CATATGAGGTAACACTAGGACTTATCTT
ATTAACAATCATCATGTTGACAGGCGGATTTACAATACAGATACTTACAATTTCAAAAATTCAAATTGGTTC
CTACTTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGTGATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCTTTTGA
TCTAACAGAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTGCACTAT
TTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATTAATAAACTCTAACAGCCATCTGTTTCTCAACCCAGGAAG
CACGCACCCAGACATATTTTCACTAAACCTCATGCTAAAAACAGCACTATTAACGACCCTTTTTATGAACA
CGAGCATCATAACCCGCGTTCGGATACGACCAATTAATGCACCTACTATGAAAAA ACTTTCTACCAATCACCT
TGGCCTTGCTACTTTGACATGCCTCTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCA CAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTCAGATAATCATCAAGGATACCCTAAAGGAAACGTACTAAGGATACCCTAAAGGAAACGTACTAA
GGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTATCTTAATAATGCTAACGGATGTGTATAGGGTTTAGAGATAAA
GCCCCCTACTTCCCTTAGAAACAGAACTGCAGACCACCTT

gemmingeri_ZACAPOAX_UOGV115

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTT CAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCCATGTTAGTAACACGCC
ATAAAACCAGCTGAAAAA ACTCAAGCCCAACGGCAACGTAC?AAGCCAAGACATCGGCTTATT CAGTACTG
AAGTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAGGGTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAACTCCACACTACTTTACCTCA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCTATTTAATTGCAGTCGCCTTCTTACATTACTAGAGCGAAAAGTCCTAG
GGTACATACA ACTACGAAAAGGGCCCTAATATTATCGGCCCATACGGACTTCTTCAGCCCGTTGCTGATGGTG
TAAA ACTATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCGTCATCTTCTCCCAACACTATTTATTCTTACCCCAACACTA
GCACTATTCTAGCCCTTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCTTAGCAGACCTAACCTGGGAC
TATTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCTGTATTTGATCCTTTGGTCCGGATGGGCGTCAAATTCAA
ATATCCACTAATCGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAA ACTATTTT CATATGAGGTAACACTAGGACTTATCTT
ATTAACAATCATCATATTGACAGGCGGATTTACAATACAGATACTTACAATTTCAAAAATTCAAATTGGTTC
CTACCTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGTGATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCTTTTGA
CCTAACAGAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTGCACTAT
TTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATTAATAAACTCTAACAGCCATCTGTTTCTCAACCCAGGAAG
CACGCACCCAGACATATTTTCACTAAACCGCATGCTAAAAACAGCACTATTAACGACCCTTTTTTATGAACA
CGAGCATCATAACCCGCGTTCGGATACGACCAATTAATGCACCTACTATGAAAAA ACTTTCTACCAATCACCT
TGGCCTTGCTACTTTGACATACCTCTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCA CAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTCAGATAATCATCAAGGATACCCTAAAGGAAACGTACTAAGGATACCCTAAAGGAAACGTACTAA
GGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTATCTTAATAATGCTAACGGATGTGTATAGGGTTTAGAGATAAA
GCCCCCTACTTCCCTTAGAAACAGAACTGCAGCCACCTT

gemmingeri_ZACAPOAXTLA_UOGV112

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA

ACAACGTGTTAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCCATGTTAGTAACACGCCC
ATAAAAACAGCTGAAAAAACTCAAGCCCAACGGCAACGTAC?AAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTGCTG
AAGTTCCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAAGTCCACACTACTTTACCTCA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCCTATTTTAATTGCAGTGCCTTCTTACATTACTAGAGCGAAAAGTCTAG
GGTACATACAACACTACGAAAGGGTCTAATATTATCGGCCCATACGGACTTCTTACAGCCCGTTGCTGATGGTG
TAAAACTATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCGTCATCTTCTCCCAACACTATTTATTCTTACCCCAACACTA
GCACTATTCTAGCCCTTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCTTAGCAGACCTAACCTGGGAC
TATTATTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCTGTATTTCAATCCTTTGGTCCGGATGGGGCGTCAAATTCAA
ATATCCACTAATCGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAAACACTATTTTCATATGAGGTAACACTAGGACTTATCTT
ATTAACAATCATCATATTGACAGGCGGATTTACAATACAGATACTTACAATTTACAAAATTCAAATTGGCTC
CTACCTTCTTGTACCATTAGCAATAATGTGATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCTTTTGA
CCTAACAGAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGGACCATTGCACTAT
TTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATTAATAAACACTCTAACAGCCATCTTGTTTCTCAACCCAGGAAG
CACGCACCCAGACATATTTTCACTAAACCTCATGCTAAAAACAGCACTATTAACGACCCTTTTTTATGAACA
CGAGCATCATACCCGCGCTCCGATACGACCAATTAATGCACCTACTATGAAAAAACTTTCTACCAATCACCT
TGGCCTTGCTACTTTGACATACCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCCACAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTACAGATAATCATCAAGGGTACCCTAAAGGAAACTGTACAAGGGTACCCTAAAGGAAACTGTACAA
GGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAACGGATGTGTTTAGGGTTTAGAGATAAA
GCCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCCCTT

gemmingeri_ZACATLAN_FHH122

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGATAAAGGGCCCATGTTAGTAACACGCCC
ATAAAAACAGCTGAAGAACTCAAGCCCAACGGCAACGCAC?AAGCCAAGACATCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCCAGGGCGTATCTTCTATAAGAAGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAGCTTCTAAGAAGAAGTCCACACTACTTTACCTCA
TTAACCCCTTACTCTATATTATTCCTATTTTAATTGCAGTGCCTTCTTACATTACTAGAGCGAAAAGTCTAG
GGTACATACAACACTACGAAAGGGCCCTAATATTAGTGGCCCATACGGACTTCTTCAACCCGTTGGGGATGGT
GAAAACTATTTATTAAGAGCCTCTTCGACCATCATCTTCTTCCCAATACCATTTATTCTTACCCCAACACT
AGCACTATTTTAGCCCTATAATCTGACTGCCACTACCAATACCCGCCCATTAGCAGACCTAACCTGGGG
TTATTATTTATACTAGCCCTATCTAGCATGGCTGTGTATTCAATCCTTTGGTCTGGATGAGCATCAAATCAA
AATACCCACTAATCGGGGCCCTTCGGGCTGTAGCCCAAACACTATTTTCATATGAAGCAACACTAGGACTCATCT
TATTAACAATCATCATATTGACAGGCGGGTTTACAATACAAACTCACAATTTACAAAATTCAAACTGGCT
CCTACTTCTCTTGTACCATTAGCAATAATGTGATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCTTTTG
ACCTAACAGAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCCGCCGGACCATTGCACTA
TTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATTAATAAACACTCTAACAGCTATCTTGTTTCTAGCCAGGAA
GCACGCACCCAGACATATTTTCACTAAACCTTATACTCAAAACAGCACTATTAACGACCCTGTTTTATGAAC
ACGAGCATCATACCCACGCTTCCGATACGACCAATTAATACACCTACTATGAAAAAACTTTCTACCAATCAC
TTGGCCTTGCTACTTTGACATGCCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCCACAAAGAGGTAATGC
GAGATCTTACAGATAATCATCAA????????????????????AA????????????????????AAGGTGGCA
GCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGGGCGGTTTAGGGTTTAGAGATAAAACCCCT
CACTTCCCTTAGAAAC????????????????????

reveesi_CHIN_KU1

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCCTAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGTAAAGGTTCTAGATGCTTCAGTACGAAAGGAAAACGGGCCCATGCTACAAGCACGCC
CAAAATAAAG??AAAAAACTAAAG?TTGCCAGCAGCCGATAAAGTTGAGATA?CGACTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATGCCTTCTAAGAAGGACCCGACACTACTTTACTTAA
TTAACCCCTTACTTTATATTGTTCCAATTTTGATTGCGGTCGCCTTCTTACACTATTAGAACGAAAGATCCTGG
GCTATATACAACTACGTAAGGGACCCAACATCGTTGGACCATACGGCCTACTACAACCAGTCGCCGACGGA
GTGAAACTATTTATCAAAGAACCTCTGCGCCCATCATCCTTCTCCCACCTTATTTATTGCTACCCCAACAAT
GGCATTATTCCTAGCTCTTATAATTTGAGCCCCAATACCAATACCCGCCTCAATGACAGACCTAAACCTTGA
CTTCTATTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCCGTCTATTCAATTCTCTGATCCGGCTGGGCCTCAAATTCAA
AATATCCACTGATCGGGGCCCTCCGGGCTGTAGCACAACCATCTCATACGAAGTCACACTAGGTATTATTC
TGCTGGCAATTATTATTATAGCCGGCGGCTTACAATGCACACACTCACAGTCACCCAAAGCTCAACCTGAC
TCCTATTTACCTCTGACCTTAGCAATAATATGGTTTATCTCTACTTTAGCTGAAACCAATCGTGCCCCATTT
GACCTAACAGAGGGAGAATCAGAGCTCGTATCTGGGTTAATGTAGAATACGCAGCCGGGCCATTTGCACT
ATTCTTTCTAGCCGAATACGCAAATATCATAATAATAAACTCTTACCTGTATTCTATTTATTAACCCTGGAG
ACACACACCCAGATATCTTCCAATCAACCTGATATCAAAAAAATAGTACTGACTGCCCTATTCTTATGAAC
ACGGGCATCATACCCGCGGTTTCGGTACGACCAGTTAATACACCTGCTGTGAAAAAACTTTTTGCCTATCAC
CTTAACCATATTCCTATGACACGCCTCATTTACTACAATATTTTCAGGCCTTCCACCACAAAGAGGTTAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCCAAACAGGCTGTACGGAAACGTAACAAACAGGCTGTACGGAAACGTAATA
AGGTGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCCTTAATAATGCTAGAGGATGTGTTTAGGGTTTAGAGATAC
AACCCCTCATTTCCACACCCGAAAACAGAACCGCCACCTTC

forbesorum_JACALA_AMH682

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTTCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGATAGGGGGCCCATGCTAAAAGCACGCC
ATTTTAAACGCTGAAAAAACTAAAG?CCTGCGGCAATCAACCGAGCCAAGATGCCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATGCCTTCTAAGAAGGATTCCACATTAATTTACCTTAT
TAACCCCTTACTCTATATTATCCCATTTAATCGCAGTGGCCTTCTTACACTATTAGAACGAAAGGTCCTCG
GATATATACAATTACGAAAAGGGCCTAATATTATCGGCCATACGGCCTGCTCCAACCTATCGCTGACGGCG
TAAAACCTTTTACCAAAGAACCTCTCCGCCCCGTCACCTCCTCCCCGACACTATTTATTATCACCCCTACACTA
GCACTATTTCTAGCCATAATAATCTGACTCCCCCTCCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTTAACCTCGGAC
TGCTATTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATTCTCTGATCTGGATGAGCATCAAATTCAAA
ATACCCACTAATCGGGGCCCTCCGGGCTGTAGCACAACCATTTCTATGAGGTCACACTAGGCCTTATTCT
ATTAACAATCATATTCTAGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTACACAAAACCTCAAACCTGATTA
CTACTATCCTCCTGACCTTAGCAATAATGTGGTTCATCTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGGGCCCCATTTG
ACCTTACAGAAGGAGAATCAGAACTCGTGCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCTGGACCATTTGCACTG
TTTTTTTTAGCTGAGTACGCAAACATTATACTAATAAATACCATAACGGCCATCTTATTTCTTAAACCCTGGAA
ACATACACCCAAACATATTTCCACTAAACCTCATACTTAAACAATATTACTAACAACCCTATTTCTATGGGTC
CGAGCATCATACCCCGATTTTCGATACGACCAACTAATGCACCTACTATGAAAAAACTTTCTACCAATCACGC
TCGCCCTCCTCTATGACACGCCTCATTCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCTCCACAAAGAGGTAATGCG
AGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGGAAACGTAATAAGGACACCCCAAGGGAAACGTAATA
GGTGGCAGCCATAATCCTACTCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGACGTGCTTAGGGTTTAGAGACAAA
ATCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAACTGTAGCCCACCCGT

silvicola_ELOXITLAN_UOGV1232

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCCTACGACTAACCTCGATGCACAGCAAAGTGTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAGAGGGCCTATACTAAAAGCACGCC
ATTCTAAACGCTGAAAAAATAAAG?CCTACGGCAATCAATCAAGCCAAGATGCCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATTTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTTCGTT
AACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATCCCTTCTAAGAAGGACCTCACACTAATTTACCTTAT
TAACCCACTACTTTATATTATCCCTATCTTAGTTGCAGTCGCCCTTCTCACACTATTAGAACGAAAGGTCCTCG
GGTATATACAACACTACGAAAAGGCCCAACATTATTGGCCATACGGCCTACTCCAACCTGTCGCTGATGGCG
TGAAACTCTTTACTAAAGAGCCTCTCCGCCCGTCCCCCTTCCCCAACACTATTTATCGTTACCCCAACGCTG
GCACTATTCTAGCCCTTATAATCTGACTCCCCCTGCCAATGCCCGCCCACTAGCAGACCTCAACCTAGGAC
TACTATTTACTAGCCCTCTCAAGCATGGCTGTATTTCAATTCCTTTGGTCTGGATGGGCCTCAAATTCAAA
GTACCCGTTAATTGGAGCCCTACGGGCTGTAGCACAACCATCTCTTATGAAGTTACTTGGCCTTATTCTA
CTAACAATTATCATTTCAGAGCGGATTACCATGCAAACACTTACAACCACACAAAATACTCAAAGTACTCC
TACTATCTCCTGACCCCTAGCAATAATGTGATTTATCTCTACCTAGCTGAAACTAACCGAGCCCCATTTGA
CCTTACAGAAGGGGAATCAGAAGTATCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCCGGACCATTCGCACTATT
TTTTCTAGCTGAGTACACAACATCATACTAATAAATACCCTAACAGCCGTCCTATTTCTAGCCCCGGAAGC
ACCTCCCCAAATATGTTTCCACTAAACCTTATGTTTAAAACAATATTACTAACAACCTATTTTTATGGGCCG
AGCATCATACCCGCGATTTTCGATACGACCAACTAATGCACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACTC
GCCCTACTCTATGGCACACCTCATTCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCACCACAAAGAGGTAATGCGAG
ATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAGGAAACGTACTAAGGACACCCCAAGGAAACGTACTAAGG
TGGCAGCCATAATCCTACCTATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGACGTGCTTAGGGTTTAGAGACAAAAT
CCCCCTACTTCCCTTAAAAGCAGAAGTGCAGCCCACCCAT

stuarti_VER_UOGV342

TGACCCAAATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGTTGCTTCAGTACGAAAGGACACATGGCCTATGTTAACAGCACGCCTA
CATATACAGCTGAACAAACTAAAG?CCAATAGCAACCACTTAAAGCCGAGATAGCGGCTTATTCAGTACTGAA
GTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTTCGTTA
ACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATACCCCTAAGGGGGGCTTCATCTACTTTACCTCATC
AACCCCTACTTTATATTATCCCAATCCTCATTGCAGTCGCCTCCAACCTTACTAGAACGAAAAGTCTTGG
ATATATACAACCTCGAAAAGGCCCAATATTGTTGGCCCTTACGGCCTACTACAACCCATCGCTGACGGCGT
AAAATAATTTATAAAGAGCCCTTCGACCGTCATCTTCTCCCCACATTATTCATTCTTACTCCAACAGTAG
CTTTATCTTAGCCCTTATAATCTGACTCCACTACCAATACCCTCACCATTAGCAGACCTCAACCTAGGACTA
CTTTTTATGTTGGCCCTATCAAGTATAGCCGTATACTCCACCCTTGGATCAGGCTGAGCATCAAATTCAAAAT
ACCCATTAATTGGCGCCCTACGAGCAGTAGCACAGACCATCTCCTATGAGGTTACTCAGGACTTATCCTAC
TAACAATTATTGTGCTGACGGGGGGATTACAATACAACACTACAACCACACAAAATACTCAAATGGCTCC
TATTCTTCTTGACCACTTGCAACAATATGTTTATCTCCACTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTTGAT
CTCACAGAAGGAGAGTCCGAACCTGTTTCCGGGTTAACGTAGAGTATGCTGCCGGACCCTTTGCGCTGTTT
TTCCTTGCCGAATACACCAATATTATACTAATAAACACCATAACAACCATCTTATTTCTCAACCCAGGGAACA
CCCCCCAAACATATTCTCACTCAGTTTAAATATTAAGACAATACTACTAACCAGCACTATTCCTTTGAACAG
GGCATCTTACCCCGATTTTCGATATGACCAACTAATACACCTACTATGAAAAAATTTTCTGCCAATTACTTTG
GCCATAATATTATGACACACCTCTTTTCCAACAATGTTGGCAGGTCTTCCACCACAAAGAGGTAATGCGAG
ATCTTCAGATAATCATCAAGGGTATCCCATGGAAAACGTACTAAGGGTATCCCATGGAAAACGTACTAAGG
TGGCAGCCATAATCCTACCTACGTTTCATCCTTAATAATGACAGTAGATGTGCTTAGGGTTTAGAGACAAAAT
CCCCCTACTTCCCTTAGAAAACAGAGCTGCAGCCCACCTT

cherriei_CHOAPAS_JLAL

TGACCCAAATCAACGATCCACATATCAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACCCAGGGCCTATATTAAGGATACGCCC
AATGTATA?GCTGAACAACTGAAG?CCTACAGCAACCAATCAAGCCGAGATAGCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATACCCCTAAGGGGGACTTCATCCTACTTTATCTCAT
CAACCCCTACTCTATATCATCCCAGTCTAATTGCAGTGCCTTTCTAACCCCTATTAGAACGGAAAGTACTCG
GGTACATGCAACTTCGAAAAGGCCCTAATATTGTCGGCCCTACGGCCTATTACAGCCCGTCGCTGACGGC
GTAAACTATTTACTAAAGAACCCCTTCGACCATCATCTTCTCCCCACATTATTTATTCTTACCCCAACT
AGCTCTATTCTTAGCCCTCATAATTTGACTTCCACTACCAATACCCTCACCCTAGCAGACCTCAACCTGGGC
CTACTTTTTATGCTGGCTCTATCAAGTATGGCCGTGACTCCACCCTTTGATCAGGCTGAGCATCAAATTCAA
AATACCCATTAATTGGTGCCTGCGGGCAGTAGCACAACCATCTCCTACGAAGTTACTACTGGGGCTTATTT
TACTAACGATTATTGACTAACAGGGGGTTTACAATACAAACTCACAACAACACAAAACCTCAACCTGGC
TCCTGTTTTCTTGGACCACTTGCAACAATGTGATTTATCTCCACATTAGCTGAAACCAATCGAGCCCCATT
GATCTCACAGAGGGGGAATCAGAAGTTGTTTCCGGATTTAATGTAGAATATGCTGCCGGACCACTTGCCT
GTTTTCTTGGCGAATACACTAATATCATACTAATAAACACCCTAACAACTATTTATTTCTCAACCCGGGGA
ACACCCCCCAAATATGTTCTCACTTAGTTTGATATTAACAATGTTGCTAACCGCACTATTCTTTGAAC
ACGAGCATCATACCCTCGATTCGGTATGATCAACTAATACACCTTCTATGAAAAATTTCTGCCAATCACC
TTAGCCCTGATATTATGACACACCTTTTTCCAACAATACTGGCAGGCCTCCCACCACAAAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCAAGGGTAGAACCGAGGAAACGTACTAAGGGTAGAACCGAGGAAACGTACT
AAGGTGGCAGCCATAATCCTACCCACGTTTCCTTAATAATGCTAGTGGATGTGCTTAGTATCTAGAGACA
AAATCCCCTCACTTCTTTAGAAACATGACCTGCGCCCACCCGT

cherriei_CR_MF6067

TGACCCAAATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTTTCATACGACTAACCTCGATGCTCAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACACGGGGCCTATGCTA?GCACACGCCC
TAAAACACAGCTGAACCATCTAAAG?CTAATGGCAATCAACCAAGCCAAGATAGCGACTTATTCAGTATGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATACTTTCTAAGAAGGATCTTATTCTACTTTACCTCAT
TAACCCCTTGCTCTATGTCATTCCAGTCTTATTGCAGTCGCCTTCTTACCCTATTAGAACGAAAAGTCTAGG
ATACATAAATACTACGAAAAGGCCCAAATATCATTGGCCCATACGGCCTTACAACCCTTGGCTGATGGTGT
AAAATATTTATTAAGAGCCCCTTCGACCATCATCCTCATCCCCGACACTATTTATCCTAACTCCAACACTAG
CTTTATTCTTAGCCATAATAATCTGAACCCCTCCCCATACCATCATCATTAGCAGACCTTAACCTGGGACTA
CTATTATGCTAGCTTTGTCGAGTATGGCCGTATACTCAATCCTTTGATCGGGGTGAGCATCAAACCTCAAAG
TACCCCTGATCGGGGCCCTTCGAGCAGTAGCACAACCTATCTCCTATGAAGTAACACTAGGACTTATCTTA
TTAACAATTATCGTACTGACAGGGGGTTTTACCCACAAACTCACAGTTACACAAAACCCAACCTTGGCTTC
TTTTCTCCTCTGACCCCTTACAATAATGTGGTTTATCTCCACCCTAGCCGAAACCAACCGGGCCCCCTTCGA
CCTTACAGGAGGGGAGTCTGAACTTGTCTCTGGCTTCAACGTAGAGTACGCCGCCGGACCACTTGCCTATT
CTTCTTGGCCGAGTACGCAAATATTATACTAATAAATAACCTAACAGTAGTCTTATTCTCAACCCAGGAGAT
ATGCCCCAAACATATTCTCATTTAATCTTATACTAAAACAACACTGCTAACTATAATATTCCTATGAACACG
AGCATCATACCCACGATTTTCGCTACGATCAATTAATACTATTATGAAAAACTTCTGCCAATTACCCTG
GCCCTATTACTGTGGCACACCTCATTTCCGATAATATTAGCAGGTCTTCTCCTCAAAGAGGTATATGCGAG
ATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAAAGAAACGTACTAAGGACACCCCAAAAGAAACGTACTAAGG
TGGCAGCCATAATCCTACCCATGTTTCATCCTTAATAATGACAGTAGATGTGTTTAGGGTCTAGAGATAAAAT
CCCCTCACTTCTTTAGAAACAGAAGTGCAGGCCACCTTT

cherriei_HON_MEA893

TGACCCAAATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCTCAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACACAGGGCCTATGTTAACAACACGCCC
TAAAATACAGCTGAACCATCTAAAG?CTACTGGCAGCCAATTAAGCCAAGATAGCGACTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATCCCTTCTAAGAAGGACTTCATACTGCTTTACCTTAT
TAACCTTTACTTTATATTATTCTGTTCTTATTGCTGTAGCCTTCTAACCTATTAGAACGAAAAGTCCTGGG
GTATATACAACACTACGAAAAGGCCAAATATCATTGGCCCATACGGCCTTACAACCTTTGCTGATGGTGT
AAAATATTTATTAAGAGCCCCCTTCGACCATCATCCTCATCCCCGACACTATTTATCCTAACTCCAACACTAG
CTTTATTCTTAGCCATAATAATCTGAACCCCCCTCCCATACCATCATCATTAGCAGACCTTAACCTGGGACTA
CTATTATGCTAGCTTTGTGCGAGTATGGCCGTATACTCAATCCTTTGATCGGGGTGAGCATCAAACCTAAAG
TACCCCTGATCGGGGCCCTTCGAGCAGTAGCACAACACTATCTCCTATGAAGTAACACTAGGACTTATCTTA
TTAACAATTATCGTACTGACAGGGGGTTTTACTATACAAACACTCACAGTTACACAAAACCTCAACTTGACTAC
TTTTCTCCTCTGACCACTTGCAATAATGTGGTTTATCTCTACCCTGGCCGAAACTAACCGAGCCCCCTTCGA
CCTTACAGAAGGGGAGTCAGAACTTGTCTCTGGGTTCAATGTGGAGTACGCCGCCGGACCCCTTTCATTATT
CTTTCTTGCCGAGTACACAAACATCATATTAATAAACACCCTAACGGCCATCCTATTCTCAATCCGGGGGAC
ACGCCCCCAGACATATTTTCATTCAACCTTATATTAATAACAATACTACTAACTACGGTATTCTCTGAACAC
GAGCCTCATACCCGCGTTTTGCTACGATCAATTAATGCACTTATTATGAAAAAATTTCTGCCAATCACCT
CGCCCTAATATTATGACAGGCCCTCTTTCCAATAATATTAGCAGGTCTTCCCCCTCAAAGAGGTATATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAAGGGTACCCTAAAAGAAACGTACTAAGGGTACCCTAAAAGAAACGTACTAAG
GTGGCAGCCATAATCCTACCTATGTTTCATCCTTAATAATGACAATAGACGTGTTTAGGATCTAGAGACAAAA
TCCCCTCACTTCTTTAGAAACAGAGCTGCAGCCCACCTTT

assatum_OAX_ANMO1068

TGATCCATATCAACGAACCACATAACAGCCGAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGTAAAGGTTCTAGACGTTTCAGTACGAAAGGACACGGGGCCCATGTGCGAGGACACGCCC
AAAATTTTTGCTGATAAGACTTAAG?CTAACAACAACCTAATGAAGCCGAGATATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGCATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCGCTATTGGTTCGTT
AACGAGTCCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATACCTTCTAAGAAGGATTTCACTACTTTACCTCAT
CAACCCATACTTTACATCATTCCCATCCTTGTGCTGTGCGCTTCTCACCTACTAGAACGAAAAATCCTCGG
GTACATACAACACTACGAAAGGGCCAAATATCATCGGACCATACGGGTTACTCCAGCCCGTTGCTGACGGGG
TCAAACTTTTTACCAAAGAACCTTTACGACCATCACCTCCTCCCAACACTATTATTATAACCCCAACACTA
GCTTTATTTTTAGCCCTCGTAATTTGACTACCCCTCCAACCTCATCAACACTAGCAGACTTAAACCTGGGGT
TACTATTCACTAGCCCTATCAAGCATGGCCGTATACTCAACCTTTGATCAGGATGAGCATCAAACCTAAA
ATACCCGTTAGTTGGGGCTTTACGAGCAGTGGCACAACCATCTCCTACGAAGTGACACTGGGACTAATCCT
ATTAGCAGTCGTTGTACTTGTGGGGCGGGTTTACGATACAGACACTCACAGTCACACAAAAGTTCGACTTGATT
GCTGCTCTCCGCTGACCCCTAGCAATAATGTGGTTTCTCACCCTAGCTGAAACCAATCGTGCCCCCTTT
GACCTCACAGAAGGGGAATCCGAGCTCGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCTGCCGGACCCCTTGGCCCTA
TTCTTTCTGCTGAGTACGCAAACATCATATTAATGAACACCCTAACAGCAATTTTATTTCTTAACCTGGGG
ACACACACCCAAACACCTTTTACTAAATCTGATACTCAAACAATACTACTGACCACCTATTTCTTTGGGT
GCGTGCATCATACCCCGGTTTCGATATGACCAATTAATACACCTTCTATGAAAAAATTTTCTTCAATTACC
CTAGCCCTGATACTGTGACACACCTCGCTCCCTACAACACTAGCAAGCCTGCCACCACAGAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCAAAAGAAATG???)AAGGACACCCCAAAAGAAATG???)AA
GGTGGCAGCCACAATCCTACTCATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGACGTGCTTAGGGCCTAGAGATAAA
GCCCCCTCACTTCCCTTAGAAACAGAACTGCAACCCACTTTT

kikaapoa_CC_UOGV2123

TGACCCATATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ATAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGATGCCTCAGTACGAAAGGACAAAGGGCCCTGCTAATGGTATGCCC
ATAAATTTAACTGAAAAAACTAAAG?TTTTAGCAATCAAAAAAGCCGAAATATCGGCTTATTCAGTACTGA
AGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTTCGT
AACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATATCTTCTAAGAAGAATTTTAACTACTTTATCTAAT
TAACCCCTTATTATTATTATCCAATCTTAATTGCAGTAGCCTTCTTACCCTTCTAGAGCGTAAAATCCTCGG
CTATATGCAACTACGAAAAGGCCCTAACATTGTAGGACCGTACGGCCTACTCAACCCATT?????????????
??
??
??
??
??
??
??
TCTACTAACAATTCTTGTTTAACAGGCGGATTACAATACAAACTC
ACAGCTACACAAGACTCAACTTGGCTCTTACTTTCTTCTTGACCCTAGCAATAATATGATTCATCTCCACTCT
GGCTGAAACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACAGAAGGCGAATCAGAGCTCGTATCCGGCTTAAATGTAG
AATATGCAGCTGGTCCATTTGCACTATTTTTCTTGCTGAGTATGCAAATATCATACTGATAAATACTCTAAC
AACTATTTTATCCTCAACCCAGGAAATACTCACCCAGATATATTTTCGTTAACCTAATCCTCAAATCAGTGC
TATTAACAACCCTATTTTTATGAACACGAGCATCATAACCCACGATTCCGATACGATCAATTAATACACCTACT
ATGAAAAAACTTCTACCTATTACATTAGCCCTACTACTATGACACACTTCTTTCCAATAATACTAGCAGGCC
TACCACCACAAAGAGGTAATGCGAGATCTTCAGATAATCATCAAGGATACCCCAAAGGAAACGTAATAAG
GATACCCCAAAGGAAACGTACTAAGGTGGCAGCCATAATCCTACCTTTGTTTCATCCTTAATAATGATAACAG
ATGTGTTTCAGGGTTTAGAGACAAAATCCCCTCATTCCCTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCCCT

taylori_GRO_UOGV629

CGACCCAAATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTTCATACGACTAACCTCGATGCTCAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCTTCAGTACGAAAGGACACAGGGCCTATGCTAACAGCACGCCC
ACTAGCACAGCTGAATAAACTAAAG?CCAGCAGCAACAACCAAAGCCGAGATACCGGCTTATTCAGTATTG
AAGTTCCAGGGCGTATCTTCTTATAGGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACATCAATGGTGCCTATTGGTTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAACTTCTAAGAAGAATTCACACTATTATATCTTA
TTAACCCCTACTCTATGTTGCACCTATTCTTATTGCAGTGGCTTTCCTACTACTAGAACGTAAAGTCCCTCG
GGTATATACAACACTACGAAAAGGCCCAAATATTATTGGCCCGTATGGCCTACTTCAACCTGTTGCAGACGGTA
TTAAACTCTTACTAAAGAACCTCTTCGACCATCTCCATCCTCACCAACTATTTATCCTCACCCCAACTA
GCCTTATTCTTAGCCCTTATAATTTGACTACCACTGCCAATGCCATCCTCACTAGCTGACCTAAACCTTGACT
TCTATTTATGTTAGCCCTATCAAGCATGGCCGTGACTCAACACTTTGATCCGGGTGAGCATCAAATTCAAAA
TACCATTAATTGGGGCCCTCCGAGCAGTAGCACAACTATCTCATATGAAGTAACACTCGGACTCATTTTA
TTGACAATTATTGACTGACAGGCGGATTTACTATACAAACTTACTACTACACAAAATTCACCTGACTAC
TATTTCTCCTGACCCCTTGCAATAATGTGGTTTATTTCTACTCTTGCCGAAACAAACCGAGCCCTTTTCGAC
CTAACCGAGGGTGAATCAGAGCTTGTTTCAGGGTCAATGTAGAATATGCTGCTGGACATTTGCACTCTTT
TTCCTTGCTGAGTATGCAAATATTATACTAATAAATACCCTTACAACCATCATATTTATTAACCCCGGGGGCG
TACCACCAAGCACATTTTCACTCAATCTTATACTAAAAGTAGCACTACTAACAACACTTTTCTCTGAACACG
CGCATCTTACCCCGATTTCCGGTACGACCAACTAATGCACCTTCTATGAAAAATTTTTGCCCCTTACTTTAG
CCTTAATGCTATGACACACCTCATTTCACAATATTAGCTGGCCTTCCCCACAAGAGGTAATGCGAGA
TCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCTGTGGGAAACGTACTAAGGACACCCTGTGGGAAACGTACTAAGGT
GGCAGCCACAATCCTACCTATGTTTCATCCTTAATAATGCTAATGGATGTGACTAGGATCTAGAGATAAAACC
CCCTCACTTCTTTAGAAACAGAAGTGTAGCCACCCGT

incertum_GUATE_JAC19573_2

TGACCCACATCAACGAACCACATAACAGCCAAGGTCCATACGACTAACCTCGATGCACAGCAAATGTTCTTA
ACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCCTCAGTACGAAAGGACAGAGGGCCTATGCTAAGAGCACGCC
CATTCTAAACGGCTGAAAAAATAAA?CTACGGCAATTCAATCAGGCCAAGATGCCGGCTTATTAGTACTG
AAGTTCCCAGGGCGTATCTTCTTATAAGAAGGTTTCGTTGGATCAGGACACCAATGGTGCCTATTGGTTCGT
TAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATACCTTCTAAGAAGGGCCTCACACTAATTTACCTTA
TTAACCCCTTACTCTATATTGTCCTATCTTAATCGCAGTTGCCTTCTTACGCTATTAGAACGAAAAGTACTC
GGGTACATACTTGAAGGCCCCAATATTGTAGGCCCTTACGGCCTATTACAGCCCGTCGCCGACGGC
GTAAAACTATTTACTAAAGAGCCACTTCGACCCTCATCTTCTCCCCACACTATTTATCTTACTCCAACACT
AGCTTTATTTTTAGCCCTTATAATTTGACTTCCATTACCCATACCGTCACCACTAGCAGACCTCAACTTAGGGT
TATTATTCATATTAGCCCTATCAAGTATGGCCGTGACTCCACCCTTTGATCGGGCTGAGCCTCAAATTCAAA
GTACCCATTAATTGGCGCC?TACGAGCAGTGGCACAACCATCTCCTACGAAGTTACCCTGGGGCTCATCTT
ACTAACAATCATTGACTAACAGGCGGATTTACAATACAAACTCACAATCACACAAGACTCAAATTGACT
ACTCTTCTCCTCATGACCCTTAGCAATAATATGGTTATTTCTACCCTAGCCGAACTAACCGCGCCCCATTTG
ATCTCACAGAGGGGGAATCAGAGCTTGATCAGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCTGGACCCTTTGCATTA
TTTTTTCTTGCCGAGTACACAAACATTCTGTTAATAAACACCCTTACTGCAATCCTATTCTTAAACCCGGAAA
CACGCACCCGAACTTATTTTCACTCAACCTAGTCCTTAAAACAACATTATTAACAACCCTATTCTTATGGACAC
GAGCATCGTACCACGATTTGATATGACCAACTAATACACCTGTTGTGAAAAAATTCCTACCTATTACCT
GGCCCTACTACTATGACACACCTCATTCCCACAATGTTAGCAGGCCTCCCCCTCAAAGAGGTAAATGCGA
GATCTTCAGATAATCATCAGCCGACAACCTTTGATAAAGGGTTTAAACAAGGATACCCCGGGGGAAACGGT
ACAAGGTGGCAGCCATAATCCTACCTATGTTCAAATAATGCT?AAGGATGTGCTCAGGACTTAGAGACAAA
ATCCCCCTATTTCTTAGAAA??CAGAACTGCAGCTCACCCCT

taylori_COL_UOGV718

TGGCCCAAGTCAACGAACCCATAAAAGCCAAGGTCCATAGGACTAGCCTCGATGCTCAGCAAATGTTCTT
AACAACGTGTTTCAGCAAAGGTTCTAGACGCTCAGTACGAAAGGACATCGGGCCATACTAAGAGTACGCC
CACTTACAAGGCTGAACAACTAAAG?CCAGCAGCAATAATCTAAGCCGAGATAGCGGCTTATTAGTACT
GAAGTTCCCAGGGCGTATATTTTTATAAGAAGGTTAGTTGGATCAGGACATCAATGGTGCCTATTGGTTC
GTTAACGAGTCTGATCTGAGACCGGATCCGGTCTTCTATAACTTCTAAGAAGGACTTCGCCCTATTATACCT
CATAAACCCCTACTTTATGTTGCCCAATTCTTATTGCAGTCGCCTCCTAACACTACTGGAACGCAAAGTCC
TGGGATACATACTACGAAAAGGTCCAAACACTGTCGGCCCCACGGCTTACTTCAACCCGTCGCTGACG
GCCTTAACTTTTACTAAAGAACCCTTCGACCATCTCCCTCCTCCCCAACATTATTTATCTCACCCCAACA
TTAGCCTTATTCTTAGCCCTCTAATCTGACTCCCACTCCCCATGCCGCTCATTGGCGGACCTCAACCTCGG
ACTTCTGTTTATACTGGCCCTATCAAGCATGGCCGTATACTCAACGCTTTGATCCGGGTGAGCATCAAATTC
AAATACCCATTAATTGGGGCCCTTCGAGCAGTAGCACAACTATCTCATATGAGGTGACTGAGGCTCATT
TTACTAACAATTGTTGATTAACAGGCGGATTTACCATGCAAACCTGACAATCACACAAGACACAACATGA
TTAATATTCTCCTCCTGACCCTTATAATAATGTGGTTCATCTCTACCCTTGCCGAAACAAATCGAGCCCCCT
TGATCTAACAGAAGGAGAATCAGAGCTTGTTCCGGTTTTAATGTTGAGTACGCTGCTGGCCCCCTTTGCATT
ATTTTTCTTGCTGAATACGCAAACATCATACTCATAAATACCCTTACGG?CATTCTTTTTTAAACCCAGGGG
ACACATCACAGGCACCTTTTACTAAACCTGATAATAAAACCACATTATTGACGACACTTTTCTTTGAAC
ACGAGCATCTTACCACGATTTGATATGATCAACTAATACACCTATTGTGAAAAAATTCCTACCTATTACT
TTAGCCATAATACTGTGACACACCTCGTCCCAACAATATTAGCAGGTTTCCCCCACAAAGAGGTAAATGC
GAGATCTTCAGATAATCATCAAGGACACCCCATAGGAAACGTAATAAGGACACCCCATAGGAAACGTAATA
AGGTGGCAGCCACAATCCTACCCATGTTTCATCTTAATAATGCCAATGGATGTGTTTCAGGATCTAGAGATAA
AACCCCTCACTTCTTTAGAAACAGAAGTGCAGCCACCTGT

```
;
END;
Beginassumptions;
outgroup reveesi_CHIN_KU1;
charset 16S_stemps = 1-206 ;
charset 16s_loops = 206-338;
charset Pos_1 = 339-1293\3;
charset Pos_2 = 340-1293\3;
charset Pos_3 = 341-1293\3;
charset TRNA_TODOS = 1294-1491;

end;
```