



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Facultad de Ciencias

“REVISIÓN TAXONÓMICA DEL GRUPO
OLIGOSOMA DEL GÉNERO *SCINCELLA*
(SQUAMATA: SCINCIDAE)”

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
(SISTEMÁTICA)

P R E S E N T A

URI OMAR GARCÍA VÁZQUEZ

DIRECTOR DE TESIS: DR. ADRIAN NIETO MONTES DE OCA

MÉXICO, D.F.

JUNIO, 2012



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

**POSGRADO EN CIENCIAS
BIOLÓGICAS**

Facultad de Ciencias

“REVISIÓN TAXONÓMICA DEL GRUPO
OLIGOSOMA DEL GÉNERO *SCINCELLA*
(SQUAMATA: SCINCIDAE)”

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
(SISTEMÁTICA)

P R E S E N T A

URI OMAR GARCÍA VÁZQUEZ

DIRECTOR DE TESIS: DR. ADRIAN NIETO MONTES DE OCA

MÉXICO, D.F.

JUNIO, 2012

Agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) y a la Dirección General de Estudios de Posgrado (DGEP) por haberme otorgado las becas de posgrado de excelencia durante mis estudios de maestría

Un agradecimiento a mi comité tutorial: Dr. Adrian Nieto Montes de Oca, Dra. Gabriela Parra Olea y Dr. Oscar Flores Villela, por sus comentarios durante el desarrollo del presente trabajo.

Parte del material usado en este trabajo fue recolectado con fondos de los proyectos: CONACyT (P47590-Q) y DGAPA (PAPIIT 210707 y 224009) A. Nieto, NSF (DBE0613802) J. Campbell y O. Flores, CONABIO (H330 y L283) G. Gutiérrez.

Con mucho cariño a mis padres: Eva Vázquez y Jorge García, por su comprensión.

A mis hermanos: Nancy, Tania, Edgar, y Jorge, por el apoyo brindado.

A mis sobrinos: Fernanda, Roberto, Alejandro, Jorge y Omar, por las eternas sonrisas.

Agradezco de manera especial al Dr. Adrian Nieto Montes de Oca por brindarme un espacio en el Museo y principalmente por el apoyo que en todo sentido he recibido de el, por compartirme su visión de la ciencia, sus criticas, y sobre todo por su paciencia, confianza y amistad brindada.

A los revisores de la tesis, Dr. Oscar Flores, Dra. Gabriela Parra, Dra. Norma Manríquez y M. en C. Luis Canseco Márquez, por los comentarios y aportes a mi trabajo. Al Dr. Oscar Flores por todas las facilidades brindadas.

A Luis Canseco, Guadalupe Gutiérrez, Adrian Nieto y Eric Smith, por haberme introducido en este mundo de la herpetología.

A todas las personas que de manera desinteresada me ayudaron en el trabajo de campo y con la donación de muestras y ejemplares: Itzel Durán, José Luis Aguilar, Eric Smith, Alberto Mendoza, Carlos Hernández, Israel Solano, Manuel Feria, Jonathan Maceda, Luis Canseco, Rosaura Valdez, Jessica Ramos, Carlos Yáñez, Ricardo Mendoza, Edmundo Pérez, Roberto Luna, Cristian Blancas, Christopher Duifuis, Joazim Melgarejo, Constantino Villar, Carl Franklin y Fernando Mendoza.

Un agradecimiento a J. Campbell y E. Smith (University of Texas at Arlington), L. Trueb y J. Simmons (University of Kansas), K. de Queiroz (United States National Museum), J. B. Ladonski y A. Resetar (Field Museum of Natural History), G. Pérez Higareda (Estación de Biología Tropical “Los Tuxtlas”, Universidad Nacional Autónoma de México), O. Flores y E. Pérez (Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM) P. Lavín (Universidad Autónoma de Tamaulipas), D. Lazcano (Universidad Autónoma de Nuevo León), J. Morales (Universidad de Veracruz), J. C. López (Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN), H. Eliosa (Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Puebla), y F. Mendoza (Instituto Tecnológico Agropecuario de Hidalgo). Por haberme permitido revisar ejemplares de las colecciones a su cargo.

A Norma Manríquez, Martha Calderón, Itzel Durán, Jessica Ramos, Christopher Duifuis y Gabriela García por su ayuda en el trabajo de laboratorio.

A John Malone, Rebecca Calisi, Karl Franklin y de manera especial a la familia Smith (Eric, Karin y Svein) por haberme recibido en su casa. A todos gracias por el apoyo brindado durante mi estancia en Arlington.

A Eric Smith y Alejandro Zaldívar, por su ayuda y comentarios durante la realización de los análisis filogenéticos.

A todos los integrantes del Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias, UNAM y del Laboratorio de Herpetología de la Universidad Autónoma de Puebla. Gracias por los momentos compartidos.

Con cariño, a mis grandes amigos del Museo: Luis, Beto, Isra, Chris, Marysol, Estrella, Itzel, Leslie, Manuel (Compadre), Manuel, Norma, Martha, Gastón, Ángela, Rubí, Carlos, Héctor, Rox, Mundo, Laura, Geo, Cesar y Perla. Gracias por los consejos y el apoyo recibido.

A los que no son del museo pero que no pueden faltar: Yazmin, Fatuel, Esme, Anahi, José Luis, Sandra, Jonathan, Natalia, Mariana, Paty, Rosa, Rebeca y Cristian. Gracias por todo.

A Magaly, Erika, Horacio y las Familias Islas Vázquez y Mora García, gracias por la confianza depositada.

INDICE

Resumen	1
Introducción	5
Historia taxonómica del grupo <i>Oligosoma</i>	5
Ubicación genérica del grupo <i>Oligosoma</i>	7
Distribución y hábitat	8
El papel de la sistemática	10
Elección de caracteres en análisis filogenéticos	10
Uso de caracteres moleculares	10
Inclusión y codificación de las regiones de alineamiento ambiguo	11
Análisis combinado de caracteres moleculares y morfológicos	11
Uso de filogenias en límites de especie	12
Objetivos	13
General	13
Particulares	13
Métodos	13
Datos	13
Morfología externa	13
Caracteres examinados	13
Caracteres morfométricos	13
Caracteres merísticos	14
Caracteres cualitativos	15
Secuencias de mtDNA	16
Marcadores empleados	16
Extracción	16

Amplificación	17
Purificación y secuenciación	17
Muestreo de Taxones	18
Morfología externa	18
Análisis Filogenético	20
Codificación de caracteres morfológicos	21
Caracteres cualitativos	21
Caracteres merísticos y morfométricos	21
Alineación de secuencias	22
Máxima parsimonia	22
Análisis bayesiano	23
Delimitación de especies	24
Pruebas de hipótesis	24
Correlación geográfica y genética	24
Caracterización morfológica	24
Resultados y discusión	25
Análisis filogenético	25
Inclusión y codificación de las regiones de alineamiento ambiguo	25
Análisis de MP	25
Análisis bayesiano	26
Uso de caracteres morfológicos y análisis con datos combinados	30
Máxima parsimonia con datos combinados	30
Máxima parsimonia con datos combinados (Código de frecuencia generalizada)	30
Análisis bayesiano con datos combinados	33
Mejor estimación de la hipótesis filogenética	35
Divergencia genética	35

Monófilia del grupo Oligosoma y de los géneros	
<i>Scincella</i> y <i>Sphenomorphus</i>	36
Limites de Especie	38
<i>Scincella lateralis</i> y <i>S. kikaapoa</i>	38
Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas	40
Evidencia morfológica	40
<i>Scincella gemmingeri</i>	44
Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas	44
Evidencia morfológica	45
<i>Scincella silvicola</i>	50
Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas	50
Evidencia morfológica	50
<i>Sphenomorphus</i>	57
Evolución de la longitud de las extremidades	57
Conclusiones	58
Descripción de las especies propuestas	59
<i>Scincella caudaequinae</i>	59
Descripción	59
Comparaciones	60
Distribución	60
<i>Scincella gemmingeri</i>	60
Descripción	60
Comparaciones	61
Distribución	61

<i>Scincella</i> sp. nov. (Sierra Mixe)	61
Descripción	61
Comparaciones	62
Distribución	62
<i>Scincella silvicola</i>	62
Descripción	62
Comparaciones	62
Distribución	62
<i>Scincella</i> sp. nov. (SMO)	63
Descripción	63
Comparaciones	63
Distribución	64
<i>Scincella</i> sp. nov. (Tuxtlas)	64
Descripción	64
Comparaciones	64
Distribución	64
<i>Scincella lateralis</i>	65
Descripción	65
Comparaciones	65
Distribución	65
<i>Scincella kikaapoa</i>	66
Descripción	66
Comparaciones	66
Distribución	66
Literatura Citada	67
Anexo 1.- Material Examinado	79
Anexo 2.- Alineamiento de los caracteres moleculares y morfológicos	83

RESUMEN

Se realizó un análisis filogenético del grupo *Scincella oligosoma* con base en datos moleculares y morfológicos. Los datos moleculares consistieron en secuencias de los genes mitocondriales 16S (parte), ND1, tRNA^{GLU}, tRNA^{ILE}, tRNA^{MET} y tRNA^{GNL} (aproximadamente 1700 pares de bases en total). Los datos moleculares y moleculares y morfológicos combinados se analizaron con métodos bayesianos y de máxima parsimonia. Los límites de especies dentro del grupo se evaluaron con el método de delimitación de especies basado en árboles de DNAmT de Wiens y Penkrot, considerando cada especie descrita como especie focal. Para evaluar la concordancia entre las especies sugeridas por el árbol mitocondrial y los caracteres morfológicos, se examinaron 24 caracteres morfológicos en 483 especímenes adultos de los géneros *Scincella* y *Sphenomorphus*.

En el árbol del análisis de los datos combinados, el grupo *oligosoma* fue parafilético con respecto a las poblaciones de *Sphenomorphus* de América y contuvo cinco clados principales. Uno de estos clados lo integran los haplotipos de las poblaciones americanas de *Sphenomorphus*. Un segundo clado, hermano del primero, está compuesto por todos los haplotipos de *S. silvicola* excepto el de Los Tuxtlas, Veracruz. Un tercer clado está compuesto por los haplotipos de *S. gemmingeri* de la Sierra Juárez, la Sierra Madre Oriental y el Eje Neovolcánico Transversal. Un cuarto clado está compuesto por los haplotipos de *S. lateralis* y *S. kikaapoa*, y el último clado lo integran el haplotipo de *S. silvicola* de Los Tuxtlas y los haplotipos de *S. gemmingeri* de la Sierra Mixe y Los Chimalapas.

De esta manera, la hipótesis filogenética muestra que *Scincella* es parafilético con respecto a *Sphenomorphus*. Esta hipótesis también sugiere que *S. lateralis* puede representar más de una especie, ya que los haplotipos de Texas y Florida no formaron un clado; sin embargo, en este trabajo no se incluyeron poblaciones geográficamente intermedias, lo cual no permite determinar si existe aislamiento genético entre las poblaciones muestreadas. De no ser así, *S. lateralis* podría representar una especie parafilética con respecto a *S. kikaapoa*.

Scincella gemmingeri resultó polifilética, dado que sus haplotipos formaron dos grupos lejanamente emparentados, concordantes con la geografía y alopátridos. Un primer grupo está compuesto por tres subgrupos fuertemente apoyados, aparentemente alopátridos entre sí y concordantes con la geografía (Sierra Madre Oriental, Faja Volcánica Transmexicana y Sierra Juárez en Oaxaca). El segundo grupo está integrado por haplotipos de la Sierra Mixe y la región de los Chimalapas en el estado de Oaxaca, y un haplotipo de *S. s. silvicola* de los Tuxtlas, Veracruz. Aunque el método de Wiens y Penkrot sugiere que cada subgrupo del primer grupo podría representar una especie distinta, el análisis estadístico muestra un gran solapamiento en la variación de todos los caracteres morfológicos analizados, y no permite distinguir entre estos

subgrupos, ni entre ellos y el segundo grupo. Sin embargo, dada la distancia filogenética entre los dos grupos de haplotipos de *S. gemmingeri*, así como su aislamiento geográfico y genético, se reconoce al segundo grupo como una especie no descrita distinta de *S. gemmingeri*.

De manera similar, los haplotipos de *S. silvicola* no formaron un grupo exclusivo, dado que el haplotipo de *S. s. silvicola* de Los Tuxtlas resultó estar más relacionado con algunos haplotipos de *S. gemmingeri* que con los demás haplotipos de *S. silvicola*. La distancia filogenética entre el haplotipo de Los Tuxtlas y los demás haplotipos de *S. s. silvicola*, así como la relación fuertemente apoyada del primer haplotipo con haplotipos de *S. gemmingeri*, sugieren que dicho haplotipo representa una especie distinta de *S. silvicola*. Los haplotipos restantes de *S. silvicola* formaron un solo clado. Este clado está compuesto por tres grupos de haplotipos, bien apoyados en su mayoría, que son concordantes con la geografía y alopatridos (*S. silvicola* de la Sierra Madre Oriental, *S. s. caudaequinae* del norte de la misma sierra, y *S. silvicola* de la Faja Volcánica Transmexicana-Depresión de Valle de Tehuacán-Cuicatlán). Dado que no hay evidencia de flujo génico entre estos tres grupos, ni entre ellos y el haplotipo de Los Tuxtlas, la hipótesis filogenética sugiere que *S. silvicola* podría ser un taxón compuesto por cuatro especies. Sin embargo, el análisis estadístico muestra un gran solapamiento de la variación en todos los caracteres morfológicos analizados y únicamente permite separar claramente a *S. caudaequinae* del resto las especies sugeridas por el árbol filogenético.

ABSTRACT

A phylogenetic analysis of the *Scincella oligosoma* group based on molecular and morphological data was performed. The molecular data consisted of sequences of the mitochondrial genes 16S (in part), ND1, tRNA^{GLU}, tRNA^{ILE}, tRNA^{MET}, and tRNA^{GNL} (approximately 1700 base pairs in total). The molecular and combined molecular and morphological data were analyzed using Bayesian and maximum parsimony methods. Species limits within the group were evaluated using the tree-based approach for species delimitation with mtDNA data of Wiens and Penkrot, considering each described species as focal species. To evaluate the concordance between the species suggested by the mitochondrial tree and the morphological characters, 24 morphological characters were recorded from 483 adult specimens of the genera *Scincella* and *Sphenomorphus*.

In the tree from the analysis of the combined data, the *oligosoma* group is paraphyletic with respect to the populations of *Sphenomorphus* from America and contained five major clades. One of these clades is composed of the haplotypes of the American populations of *Sphenomorphus*. A second clade, sister to the first, is composed of all of the haplotypes of *S. silvicola* except for the

one from Los Tuxtlas, Veracruz. A third clade is composed of the haplotypes of *S. gemmingeri* from the Sierra Juárez, Sierra Madre Oriental, and Trans-Mexican Volcanic Belt. A fourth clade is composed of the haplotypes of *S. lateralis* and *S. kikaapoa*, and the last clade is composed of the haplotype of *S. silvicola* from Los Tuxtlas and the haplotypes of *S. gemmingeri* from the Sierra Mixe and the Chimalapas.

Thus, the phylogenetic hypothesis shows that *Scincella* is paraphyletic with respect to *Sphenomorphus*. This hypothesis also suggests that *S. lateralis* may represent more than one species, because the haplotypes from Texas and Florida do not form a clade; however, this work did not include geographically intermediate populations, which prevents determining whether genetic isolation exists between the sampled populations. If this is not the case, *S. lateralis* could represent a species paraphyletic with respect to *S. kikaapoa*.

Scincella gemmingeri was polyphyletic, given that its haplotypes formed two distantly related, allopatric groups concordant with geography. A first group is composed of three well-supported, apparently allopatric subgroups concordant with geography (Sierra Madre Oriental, Trans-Mexican Volcanic Belt, and the Sierra Juárez in Oaxaca). The second group is composed of haplotypes from the Sierra Mixe and the Chimalapas region in the state of Oaxaca, and a haplotype of *S. s. silvicola* from Los Tuxtlas, Veracruz. Although the Wiens and Penkrot method suggests that each of the subgroups of the first group could represent a distinct species, the statistical analysis show substantial overlap in the variation of all the morphological characters analyzed, and do not reveal differences among the subgroups, nor between these subgroups and the second group. However, given the phylogenetic distance between the two groups of haplotypes of *S. gemmingeri*, as well as their genetic and geographic isolation, I recognize the second group as an undescribed species distinct from *S. gemmingeri*.

Similarly, the haplotypes of *S. silvicola* did not form an exclusive group, given that the haplotype from Los Tuxtlas was more closely related to some of the haplotypes of *S. gemmingeri* than to the other haplotypes of *S. silvicola*. The phylogenetic distance between the haplotype from Los Tuxtlas and the other haplotypes of *S. s. silvicola*, along with the strongly supported relationship of the former haplotype with haplotypes of *S. gemmingeri*, suggest that that haplotype represents a species distinct from *S. silvicola*. The remaining haplotypes of *S. silvicola* formed a single clade. This clade is composed of three groups of haplotypes (well supported in the majority of cases) concordant with geography and allopatric (*S. silvicola* from the Sierra Madre Oriental, *S. s. caudaequinae* from the northern portion of the same sierra, and *S. silvicola* from the Trans-

Mexican Volcanic Belt and Tehuacán-Cuicatlán Valley Depression). Given that there is no evidence of gene flow among these three groups, nor between them and the haplotype from Los Tuxtlas, the phylogenetic hypothesis suggests that *S. silvicola* could be a taxon composed of four species. However, the statistical analysis shows substantial overlap in the variation of all the morphological characters analyzed and clearly separates only *S. caudaequinae* from the rest of the species suggested by the phylogenetic tree.

INTRODUCCION

El género *Scincella* se encuentra ubicado taxonómicamente en la familia Scincidae, dentro de la subfamilia Lygosominae (Greer, 1970) y se caracteriza principalmente porque sus integrantes suelen ser lagartijas de tamaño pequeño, tienen un disco translucido en el párpado, no presentan escamas supranasales, tienen cuatro supraoculares, dos loreales, de seis a siete supra e infralabiales y extremidades moderadamente cortas (Smith y Taylor, 1966; García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006). Este género posee una distribución muy amplia, encontrándose en las áreas templadas y tropicales del centro, este y sureste de Asia, además del sureste de Norte América en los países de México y Estados Unidos (García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006).

Históricamente el género *Scincella*, al igual que la mayor parte de scincidos del mundo, presenta diversos problemas en cuanto a la clasificación que le han asignado los investigadores que se han concentrado en su estudio a lo largo de su historia (Taylor, 1937; Mittleman, 1950; Smith, 1951; Greer, 1974; Szu-Lung y Hikida, 2001; García-Vázquez, 2003; Honda *et al.*, 2003). Estos problemas se deben principalmente a la ausencia de caracteres morfológicos diagnósticos, que permitan determinar de una manera clara los límites entre cada taxón.

El grupo *Oligosoma* actualmente se encuentra ubicado dentro del género *Scincella*, sin embargo cabe señalar que ninguna de las especies fue descrita originalmente dentro de este género, por lo que a continuación se describe su historia taxonómica.

HISTORIA TAXONÓMICA DEL GRUPO *OLIGOSOMA*

El grupo *Oligosoma* fue propuesto por Taylor (1937) para designar a las especies de *Leiolopisma* de América, y desde entonces el grupo ha sufrido cambios, debido a que se le han agregado las especies descritas posteriormente para México. Actualmente el término *Oligosoma* es usado para referirse a las especies de *Scincella* con distribución en el continente americano (García-Vázquez, 2003).

Say (1823), describió a *Scincus lateralis* de la parte central del estado de Missouri en los Estados Unidos, y la ubicó dentro de este género por ser una lagartija de talla pequeña y poseer extremidades relativamente cortas, características que la diferenciaban de las otras especies del género *Scincus*. Para Cope (1864) estos caracteres no justificaban la inclusión de esta especie en el

género *Scincus*, por lo que la reasignó al género *Leiolopisma*, descrito por Duméril y Bibron (1839) para el sureste Asiático.

Por otra parte, Cope (1864) describió a *Oligosoma gemmingeri* con base en solo cuatro ejemplares recolectados en la región de Orizaba, Veracruz. Bocourt (1881) reasignó mas tarde esta especie al género *Lygosoma* (Smith y Taylor, 1966).

En el siglo XX, Taylor (1937) describió dos especies nuevas para México del género *Leiolopisma*: *L. silvicolum* de Córdoba, Veracruz, y *L. forbesorum* de la Placita, Hidalgo. El describió a *L. silvicolum* basándose únicamente en dos ejemplares, y además sugirió que el tamaño de sus extremidades, característica que la diferenciaba del resto de las especies de *Leiolopisma* en América, representaba una adaptación al hábitat arbóreo. Por otra parte describió a *L. forbesorum* basándose en diez ejemplares de la Placita, Hidalgo. Aunque encontró variación entre ellos, principalmente en el número de escamas que separan las extremidades y el número de nucales, de manera general consideró a todos los caracteres como constantes. En este mismo trabajo, Taylor (1937) reevaluó el estado taxonómico de *Oligosoma gemmingeri* y considerando principalmente las características de escamación de la cabeza, la reasignó al género *Leiolopisma*, separando a estas tres especies por el tamaño de sus extremidades, caracteres morfométricos (principalmente la relación de la longitud de la axila a la ingle con respecto a la longitud hocico cloaca) y el número de escamas alrededor de la mitad del cuerpo. De esta manera consideró al grupo *Oligosoma* dentro del género *Leiolopisma*, integrado por: *L. silvicolum*, *L. gemmingeri* y *L. forbesorum*. El grupo quedo entonces caracterizado por presentar la escama frontoparietal dividida además de pequeñas escamas quilladas en la intersección de los miembros con el cuerpo.

Posteriormente Smith (1951) describió a *L. caudaequinae*, con base en un organismo colectado en Santiago, Nuevo León y seis en la parte norte de San Luis Potosí, encontrando variación entre ellos principalmente en lo que se refiere al número de escamas nucales, número de laminillas del cuarto dedo y escamas alrededor de la mitad del cuerpo. En un análisis del resto de las especies de *Leiolopisma* de Norteamérica, consideró a *L. caudaequinae* y *L. lateralis* dentro del grupo *Oligosoma*, quedando constituido este grupo por cinco taxones. Además, con base en sus distribuciones geográficas cercanas y las características similares de las regiones donde habitan, relegó a *L. forbesorum* al nivel de subespecie dentro de la especie *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.

Ubicación genérica del grupo *Oligosoma*.— De esta manera, quedaba conformado el grupo *Oligosoma* del género *Leiopisma* con cuatro especies (*L. lateralis*, *L. caudaequinae*, *L. silvicolum* y *L. gemmingeri*, con dos subespecies), y distribuido en el centro y sureste de E. U. y este y sureste de México.

Sin embargo, Smith (1951) ignoró un trabajo previo de Mittleman (1950), quien reevaluó el status genérico de *Scincus lateralis* y creó al género *Scincella* para incluir a todas las especies de *Leiopisma* del Nuevo Mundo entre otras. En este trabajo Mittleman (1950) consideró al género *Scincella* definiéndolo por la presencia de 4 supraoculares, 6 o 7 supralabiales, frontonasal y rostral elongadas y extremidades medianamente cortas, incluyendo dentro de este género algunas especies de los géneros *Leiopisma*, *Lipina* y todas las especies del supergénero *Lygosoma* de América y algunas de China y Australia. Así el grupo *Oligosoma* quedaba ubicado en el género *Scincella*.

Darling y Smith (1954), con base en cuatro ejemplares recolectados en la región de Los Tuxtlas, Veracruz, consideran a *Scincella silvicola* y *S. caudaequinae* como subespecies dentro de *S. silvicola*, argumentando que no presentan diferencias notables en el número de laminillas infradigitales ni en el número de escamas nucales.

Greer (1970), intentando esclarecer las relaciones filogenéticas dentro de la familia Scincidae dividió la familia en varias subfamilias, basándose en caracteres de la osteología del cráneo. En este trabajo no reconoce al género *Scincella* propuesto por Mittleman (1950) y resucitó al género *Leiopisma* dentro de la subfamilia Lygosominae, incluyendo dentro del mismo a todas las especies Americanas referidas por Mittleman (1950) como *Scincella*. Cabe destacar que en este análisis Greer (1970) únicamente revisó, de los taxones de América, ejemplares de *Leiopisma lateralis*, sin tomar en cuenta las especies más sureñas.

Sin embargo más adelante, el mismo Greer (1974) analizó las relaciones genéricas de los escíncidos referidos al género *Leiopisma*, y resucitó al género *Scincella* propuesto por Mittleman (1950) pero excluyó del mismo a todas las poblaciones de Centroamérica, sur de México, Australia y Japón antes referidas por Mittleman (1950) como *Scincella*, asignando estas al género *Sphenomorphus* por la presencia de una sola escama frontopariential y dos escamas pequeñas en contacto con cada escama caudal, y designando al género *Scincella* únicamente para las poblaciones del este y noreste de México, Estados Unidos y oeste de Asia.

A pesar de los estudios anteriormente realizados aún quedaban por esclarecer las relaciones dentro del grupo *Oligosoma* por lo cual García-Vázquez (2003) analizó los caracteres morfológicos de diversas poblaciones del género *Scincella* en Norteamérica, encontrando una fuerte superposición entre los valores de los caracteres diagnósticos de los taxones reconocidos, lo que no permitió esclarecer las relaciones filogenéticas dentro de este grupo. En este mismo trabajo García-Vázquez (2003) sugirió elevar al nivel de especie a *Scincella s. silvicola* y *Scincella s. caudaequinae* con base en las diferencias encontradas en los patrones de escamación y coloración, así como la posible existencia de un taxón no descrito para el norte de México. Sin embargo el mismo autor menciona la necesidad de revisar un mayor número de organismos, con la inclusión de diferentes técnicas de comparación para corroborar o refutar estas conclusiones.

Honda *et al.* (2003) analizaron las relaciones filogenéticas de la subfamilia Lygosominae con base en caracteres moleculares. Estos autores encontraron que los géneros *Scincella* y *Sphenomorphus* del Nuevo Mundo forman un grupo monofilético aparte de los taxones asiáticos y australianos de ambos géneros, aunque en este trabajo únicamente incluyeron muestras de una sola especie de *Scincella* y una de *Sphenomorphus* para América. Así, la monofilia de estos dos géneros es incierta como podía esperarse, pero la monofilia del grupo *Oligosoma* aún esta por ser investigada.

Recientemente García-Vázquez *et al.* (en prensa) describieron a *Scincella kikaapoa* integrada por poblaciones previamente asignadas a *Scincella lateralis* del norte de México mencionadas por García-Vázquez (2003), restringiendo su distribución a la región de Cuatro Ciénegas en el estado de Coahuila.

Actualmente la clasificación propuesta por Greer (1974) para *Scincella* y *Sphenomorphus* es la mas utilizada; sin embargo, como lo sugiere García-Vázquez (2003), existen diversos problemas en la clasificación del grupo *Oligosoma*, ya que aun queda por esclarecer y definir de manera clara la validez de las subespecies tanto de *Scincella gemmingeri* como de *S. silvicola*, definir el número de especies válidas que existen, delimitar los patrones de distribución de estas especies, así como plantear una hipótesis filogenética del grupo. Otro problema que surge es la ausencia de caracteres que den sustento a la monofilia del grupo *Oligosoma* y de caracteres que permitan diferenciar de manera confiable las especies que lo integran.

Distribución y hábitat.— La distribución geográfica del género *Scincella* en América, abarca toda la vertiente costera del Golfo de México desde el sureste de Estados Unidos hasta la parte norte del estado de Tabasco y el sureste de Oaxaca en México, habitando principalmente las regiones

Fisiográficas de la Sierra Madre Oriental, la Llanura Costera del Golfo Norte y la Sierra Madre del Sur (García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006).

De acuerdo con los registros de literatura, *Scincella g. gemmingeri* se encuentra distribuida a lo largo de la Vertiente del Golfo de México desde el sureste de Oaxaca hasta el estado de Hidalgo, comprendiendo los estados de Oaxaca, Tabasco (Auth, *et. al.*, 1999), Veracruz, Puebla, Hidalgo y Querétaro (García-Vázquez y Mendoza-Hernández, 2007), y puede encontrarse en hábitats variados que van desde bosques tropicales hasta climas templados como bosques de pino, encino y mesófilos.

Por su parte *Scincella g. forbesorum* se ha reportado para San Luis Potosí, sur de Nuevo León y norte de Hidalgo, sin embargo la presencia de esta especie en los estados de San Luis Potosí y Nuevo León, ha sido discutida por algunos autores (Martín del Campo, 1953 y García-Vázquez, 2003), por lo que considerando caracteres como el patrón de coloración es posible que estos registros se refieran en realidad a organismos jóvenes de *Scincella silvicola caudaequinae*, por lo que esta subespecie habitaría únicamente las partes altas del estado de Hidalgo, siendo habitante exclusiva de bosques mesófilos de montaña en la Sierra Madre Oriental (Taylor, 1937).

En lo que respecta a *Scincella s. silvicola*, esta se localiza en la parte norte y sureste de Oaxaca, Veracruz, Puebla e Hidalgo, en diversos tipos de vegetación como bosques tropicales en Veracruz, bosques templados y mesófilos en Puebla e Hidalgo y selva baja caducifolia en la Sierra Madre del Sur; *Scincella s. caudaequinae* habita los bosques templados y bosques mesófilos de montaña de la parte norte de San Luis Potosí, noreste de Querétaro, este de Coahuila, centro y sur de Nuevo León, sur de Tamaulipas y norte de Hidalgo (Smith, 1951; García-Vázquez, 2003; García-Vázquez *et al.*, 2004; 2005).

Scincella lateralis, se distribuye en la vertiente costera Atlántica de Estados Unidos en los bosques de coníferas desde Illinois hasta el sur de Florida y sureste de Texas. En México *Scincella lateralis* ha sido reportada para Coahuila (Schmidt y Owens. 1944), Nuevo León (Martín del Campo, 1953) y el estado de Durango (Smith, *et al.*, 2000. Finalmente *S. kikaapoa* tiene una distribución restringida, a la región de Cuatro Ciénegas, en el Estado de Coahuila. (García-Vázquez *et al.*, en prensa).

EL PAPEL DE LA SISTEMÁTICA

Una de las principales tareas dentro del campo de la sistemática es el descubrimiento y descripción de especies, las cuales son las unidades fundamentales tanto en esta disciplina como de los estudios ecológicos y evolutivos (Wiens y Servedio, 2000).

Si consideramos que la taxonomía debe ser un conjunto de supuestos sobre las relaciones entre los seres vivos, entonces esta debe ser lógicamente consistente con la historia evolutiva de los mismos (Frost y Hillis, 1990). En consecuencia, resulta necesario que las decisiones taxonómicas que se tomen se realicen bajo un concepto de especie que sea acorde a la historia evolutiva de los grupos.

Concepto de especie.— El tema sobre el concepto de especie aun sigue en debate (Wheeler y Meier, 2000). A pesar de que varios conceptos han sido propuestos, todavía no se ha llegado a un consenso sobre el uso de un concepto universal. Así el uso de un concepto u otro depende del criterio del investigador (Templeton, 1989).

El concepto de especie utilizado para este trabajo es el concepto filogenético (Cracraft, 1983), el cual define a la especie como: “La mas pequeña agrupación diagnosticable de organismos dentro de la cual existe un patrón de ancestría y descendencia”, por considerar que ofrece una alternativa más precisa para el reconocimiento práctico de las especie basada en el linaje, ya que este concepto es compatible con el objetivo de identificar los linajes más pequeños analizables por métodos cladistas los cuales son los productos finales reconocibles de la historia filogenética (Nixon y Wheeler, 1990).

Elección de caracteres en análisis filogenéticos

Uso de caracteres moleculares.— Durante las últimas dos décadas, los estudios taxonómicos se han beneficiado significativamente a partir del surgimiento de diferentes métodos moleculares, los cuales permiten obtener en poco tiempo una gran cantidad de caracteres partir de relativamente pequeños tamaños de muestra (Hillis, 1987; Baverstock y Moritz, 1996; Palumbi, 1996). De los diferentes métodos moleculares, el empleo de la técnica de secuenciación de ácidos nucleicos como herramienta en sistemática se ha incrementado considerablemente en años recientes en comparación con los demás tipos de técnicas moleculares (Hillis y Moritz, 1996).

EL DNA mitocondrial (mtDNA) ha sido ampliamente utilizado para realizar estudios filogenéticos de organismos cercanamente relacionados ya que puede reflejar el pasado en una forma diferente de la mayoría de los genes nucleares por su modo de herencia materno y no recombinante, su rápida evolución y mínima variación en longitud en sus secuencias de nucleótidos, y su extenso polimorfismo intraespecífico, que generalmente ocurre entre y no dentro de los individuos (Avice, 2000). Específicamente los datos obtenidos de las secuencias del mtDNA, suelen proveer de haplotipos múltiples que pueden ser ordenados filogenéticamente dentro de una especie, considerando que todos los individuos conespecíficos están relacionados genealógicamente a través de un extendido linaje (Avice, 1994).

Inclusión y codificación de las regiones de alineamiento ambiguo.— En análisis filogenéticos con caracteres moleculares, algunas secuencias de nucleótidos que no codifican proteínas, como aquellas que codifican los RNA ribosomales o los RNA de transferencia, se caracterizan por tener una longitud variable, la cual origina la presencia de discontinuidades o “gaps” en su alineamiento. Al incluir estas regiones en el análisis, se corre el riesgo de violar el principio de homología, ya que el número y la posición correcta de los “gaps” dentro del alineamiento es incierto (Wheeler, 1999; Lutzoni et al., 2000). El más común y conservativo de los enfoques al tratar estas regiones es la exclusión de las mismas (Ej. Wiens *et al.*, 1999; Reeder *et al.*, 2002; Brandley *et al.*, 2005; Leaché y McGuire, 2006). Sin embargo, se ha demostrado que el excluir estas regiones puede ocasionar la pérdida de resolución en la hipótesis filogenética (Wheeler, 1995; Wheeler *et al.*, 1995; Lutzoni, 1995). Esto sucede porque las regiones de alineamiento ambiguo pueden contener fracciones largas de caracteres potencialmente informativos.

Se han propuesto diversos métodos para codificar de manera simple y objetiva las regiones de alineamiento ambiguo, algunos métodos han incluido variantes que han sido determinadas por Lee (2001) como alineamientos a nivel de fragmentos (Wheeler, 1999; Kjer *et al.*, 2001; Lutzoni *et al.*, 2000). El principio de los métodos que utilizan variantes de alineamiento a nivel de fragmentos requiere un tratamiento de cada región de alineamiento ambiguo como un solo carácter multiestado, con cada variante en la longitud o composición de las secuencias considerada como un estado de carácter separado.

Análisis combinados de caracteres moleculares y morfológicos.— A pesar de que el uso de mtDNA representa una importante herramienta en estudios filogenéticos, recientemente se ha discutido sobre la importancia de incluir o no caracteres morfológicos en este tipo de análisis (Wiens, 2001; Wiens y Penkrot, 2002; Scotland, 2003). La congruencia entre análisis filogenéticos

moleculares y morfológicos no ha sido cuantificada, sin embargo algunas investigaciones han arrojado un alto nivel de congruencia entre ambos (Hillis, 1987; Sanderson y Donoghue, 1989; Donoghue y Sanderson, 1992; Hillis y Wiens, 2000). Además la ausencia de variación en caracteres fijos puede ser en ocasiones solo un artefacto del tamaño de la muestra (Campbell y Frost, 1993). Los caracteres morfológicos describen una importante variación (Wiens, 2001), por lo que la inclusión de éstos, en análisis filogenéticos puede proveer una mejor estimación de la filogenia de una especie (Wiens y Penkrot, 2002). Aunado a esto debemos considerar que un árbol de genes, al igual que un árbol filogenético, no es más que una hipótesis de trabajo. La posibilidad de aproximarse a tratar de entender la evolución de un grupo en particular, solo es posible si ubicamos nuestros resultados en un contexto global, razón por la cual no debe excluirse la evidencia morfológica en estudios de este tipo.

Uso de filogenias en los límites de especie.— El reconocimiento de las especies tradicionalmente se ha basado en las diferencias morfológicas presentes entre los organismos mediante la comparación de la distribución de sus caracteres. No obstante, en aquellos grupos cercanamente relacionados con morfología conservadora dicho reconocimiento resulta problemático (García-Vázquez, 2003). Debido a lo anterior, durante los últimos años se ha recurrido de manera alternativa al uso de filogenias de haplotipos mediante la técnica de secuenciación de DNA para poder inferir límites entre especies (p. ej., Avise y Ball, 1990; Brooker, 1999; Wiens y Penkrot, 2002; Parra-Olea *et al.*, 2005; Zaldivar-Riverón *et al.*, 2005). Mediante estos estudios es posible descubrir las especies evolutivas que pudieran estar contenidas dentro de especies polítipicas, ya que el árbol obtenido puede mostrar si sus poblaciones integran o no un grupo monofilético.

Entre los métodos más utilizados en este tipo de estudios se encuentran los propuestos por Wiens y Penkrot (2002). Estos autores describen dos diferentes formas para reconocer especies con base a las filogenias obtenidas con datos moleculares y con datos morfológicos. Particularmente en el método para delimitar especies con base a filogenias moleculares, los autores asumen a priori una filogenia de haplotipos de DNA de designación taxonómica conocida. Adicionalmente asumen que la diferencia de haplotipos para una localidad dada entre grupos cercanos es evidencia de flujo génico con otras poblaciones, como es la discordancia general entre los clados de haplotipos y el área geográfica en que los haplotipos son encontrados. Es decir cuando un haplotipo o un conjunto de haplotipos aparecen más cercanamente relacionados o intercalados con haplotipos de un área geográfica diferente, se asume que existe flujo génico entre los haplotipos de ambas regiones geográficas. Wiens y Penkrot (2002) mencionan que esta discordancia puede estar dada por una

mala estimación de la hipótesis filogenética, por lo que es importante tener una filogenia respaldada por altos valores de soporte al realizar este tipo de análisis.

OBJETIVOS

General

- Realizar una revisión taxonómica y un análisis filogenético del grupo *Oligosoma* del género *Scincella*

Particulares

- Investigar la monofilia del grupo *Oligosoma*
- Determinar los límites entre especies en el grupo
- Investigar las relaciones filogenéticas dentro del grupo
- Actualizar la taxonomía del grupo *Oligosoma* (descripción y distribución geográfica de sus especies).

MÉTODOS

DATOS

Morfología externa

Caracteres examinados

Los caracteres examinados incluyen aquellos usados por Cope (1864), Taylor (1937), Mittleman (1950), Smith (1951), Greer (1974) y García-Vázquez (2003). Estos caracteres corresponden al patrón de escutelación, morfometría y patrón de coloración, y fueron divididos de acuerdo a su naturaleza en morfométricos, merísticos y cualitativos.

Caracteres morfométricos.— Se evaluaron 10 caracteres morfométricos (Fig. 1) utilizando un vernier con una precisión de 0.01 mm:

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).

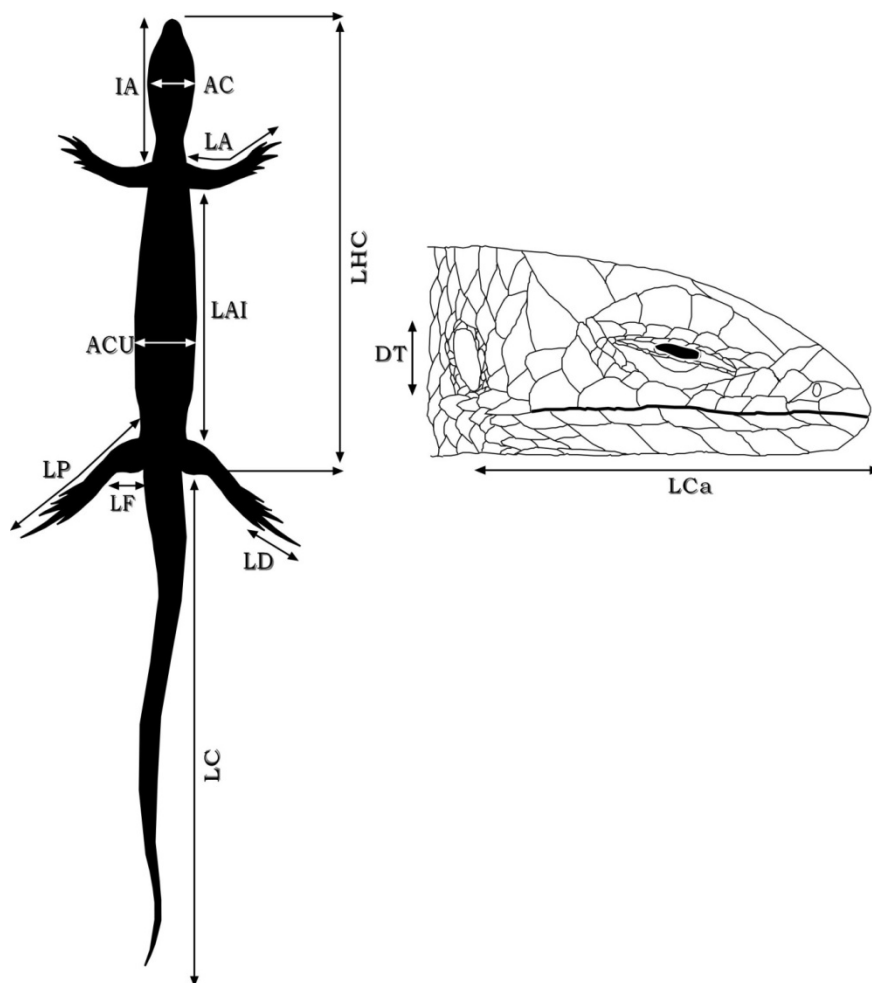


Figura 1.- Caracteres morfométricos considerados en este estudio.

Caracteres merísticos.— Con base en estudios taxonómicos previos de la familia Scincidae (Cope, 1864; Taylor, 1937; Smith, 1951; Mittleman, 1950; Greer, 1974; Szu-Lung y Hikida, 2001; García-Vázquez, 2003), se consideró un total de 10 caracteres merísticos:

1. *Número de escamas nucales ensanchadas.* Se consideraron como nucales ensanchadas únicamente a aquellas más anchas que largas.
2. *Escamas palpebrales.* Número de escamas en los márgenes de los párpados superior e inferior del ojo derecho.
3. *Número de hileras longitudinales de escamas alrededor del cuello.*
4. *Número de hileras longitudinales de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción anterior del brazo.*
5. *Número de hileras longitudinales de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción posterior del brazo.*
6. *Número de hileras longitudinales de escamas alrededor de la mitad del cuerpo.*
7. *Número de hileras transversales de escamas a lo largo de la línea mediodorsal del cuerpo a partir de las escamas nucales hasta el nivel de la abertura cloacal.*
8. *Superposición de extremidades.* Para evaluar este carácter se plegaron contra el cuerpo las extremidades del lado derecho, y se contó el número de escamas laterales del cuerpo entre ellas (cuando las extremidades quedaban separadas), o el número de escamas laterales del cuerpo bajo ellas (cuando las extremidades quedaban superpuestas).
9. *Número de laminillas subdigitales en el cuarto dedo de la extremidad posterior derecha.*
10. *Número de escamas laterales en contacto con cada escama medioventral de la región central de la cola.*

Caracteres cualitativos.— Se tomaron en cuenta los caracteres cualitativos sugeridos por García-Vázquez (2003):

1. *Escama frontoparietal.* En los ejemplares de *Scincella*, esta escama puede ser entera o dividida.
2. *Nucales y Temporal secundaria.* En *Scincella*, estas escamas pueden estar en contacto ó separadas.

3. *Temporal terciaria*. En los ejemplares de *Scincella*, esta escama puede ser entera o dividida (Fig. 2).

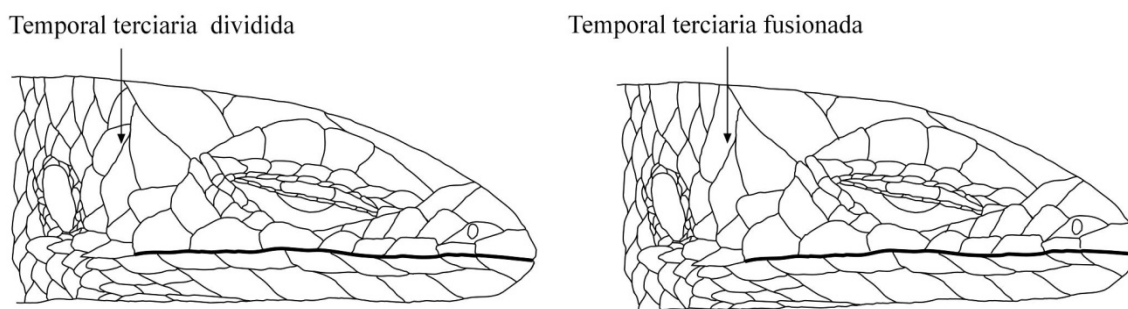


Figura 2.- Ubicación y condiciones de la escama temporal terciaria.

4. *Patrón de coloración del cuerpo*. Los ejemplares de *Scincella* presentan un color dorsal marrón, que varía en su tonalidad de clara a oscura; además de una o dos franjas dorsolaterales anchas más oscuras y una línea lateral angosta más clara, en cada lado del cuerpo, que son variables en su extensión y continuidad.

Todos los caracteres se registraron sin distinción en machos y hembras, debido a que no existe variación sexual en las especies del grupo *Oligosoma* (Smith, 1951; Taylor, 1937; García-Vázquez, 2003). La variación ontogénica fue minimizada utilizando únicamente datos de ejemplares adultos.

Secuencias de mtDNA

Marcadores empleados.— El segmento de mtDNA amplificado fue de aproximadamente 1595 pares de bases (pb) de longitud, e incluyó las secuencias completas de los genes que codifican la proteína ND1 y tres tRNAs (tRNA^{GLU} , tRNA^{ILE} y tRNA^{GNL}), así como secuencias parciales de los genes que codifican 16S y tRNA^{MET} . Este fragmento corresponde a las posiciones 2761–3672 en el genoma mitocondrial de *Eumeces egregius* (Kumazawa and Nishida, 1999). Se eligió esta región debido a que trabajos previos han comprobado su utilidad en estudios filogenéticos con lagartijas de la familia Scincidae (Schmitz, 2005).

Extracción.— La extracción del DNA genómico se realizó a partir de tejido congelado o preservado en alcohol mediante la técnica de fenol-cloroformo expuesta en Hillis *et al.* (1996). Una vez realizada la extracción, se visualizó la cantidad y calidad de DNA en la misma corriendo 2 μl de la muestra y 2 μl de azul de bromofenol como colorante en un gel de agarosa al 1% con 3 μl de

bromuro de etidio a una concentración de 1000 µl/ml para teñir el DNA. La visualización del gel se llevó a cabo por medio de un transiluminador de luz ultravioleta.

Amplificación.— La amplificación del DNA se realizó por medio de la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), utilizando para ello los primers 16 AR2, 16DR, TMET e INT R2 (Cuadro 1). Las condiciones de la PCR iniciaron con una temperatura de desnaturalización de 95° C por 3 min, seguida por 35 ciclos de desnaturalización a 94° C por 30 seg, escalonando a 45–55° C por 30 seg, y extensión a 72° C por 90 seg, y una extensión final a 72° C por 5 min. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de agarosa al 1% mediante un transiluminador de luz ultravioleta, junto con una escala de peso molecular con marcas cada 100 pb (GIBCO BRL) para determinar el tamaño del fragmento amplificado y su concentración.

Cuadro 1. Primers usados en el presente estudio.

Primer	Secuencia (5' → 3')	Posición *	Fuente
16AR2	CCC GMC TGT TTA CCA AAA ACA	1928	Reeder (2003)
16DR	CTA CGT GAT CTG AGT TCA GAC CGG AG	2481	Leaché y Reeder (2002)
ND1-INTR2a	GGY TCT TTR RTR ADA GTT THA CNC	2746	Este estudio
ND1-INTF4a	GTR GCM CAA ACM HAT YTC MTA YGA	3230	Este estudio
ND1-INTR2	CRA AKG GGC CDG CTG CRT AYT CTA C	3356	Schmitz et al (2005)
TMET	TCG GGG TAT GGG CCC RAR AGC TT	3836	Leaché y Reeder (2002)

*Posición de la base terminal 3' en el genoma mitocondrial de *Eumeces egregius* (GenBank No NC_000888; Kumazawa y Nishida, 1999)

Purificación y secuenciación.— La purificación de los productos amplificados se llevó a cabo utilizando la técnica de Polyethylene Glycol (PEG), que precipita los fragmentos de DNA de menor tamaño separando las moléculas de DNA de otras partículas orgánicas como exceso de proteína, sales, nucleótidos libres y otros residuos, conservando únicamente los fragmentos deseados (Hillis *et al.*, 2001). Los productos purificados se visualizaron en un gel de agarosa al 1% mediante un transiluminador de luz ultravioleta para determinar la calidad y el tamaño del fragmento purificado. La reacción de secuenciación de las muestras se llevó a cabo a partir de los productos de PCR purificados en un volumen total de 10 µl, utilizando el kit de secuenciación Big Dye v. 3. 1 (Applied Biosystems) y los primers TMET, INT F4a, INT R2a y 16 AR2 (Cuadro 1). Los productos de las reacciones de secuenciación se purificaron usando Sephadex en columnas CENTRI-SEP (Princeton Separations, Inc., Adelphia, NJ). La secuenciación se llevó a cabo en un secuenciador automático de capilar modelo ABI PRISM 310 Genetic Analyser (Applied Biosystems).

MUESTREO DE TAXONES

Morfología externa.— En total, se examinó la morfología externa de 483 especímenes adultos, incluyendo la serie tipo de todas las especies y subespecies reconocidas como *Scincella* para América, los especímenes fueron obtenidos mediante trabajo de campo y préstamos de 10 colecciones científicas (Anexo 1). Estos especímenes fueron divididos en 42 taxones terminales, los cuales corresponden a poblaciones únicas o grupos de poblaciones geográficamente cercanas y morfológicamente similares. La lista de taxones terminales y el número de individuos examinados para cada taxón se indica en el Cuadro 1.

Veintinueve de los taxones terminales representan a todas las especies y subespecies del grupo *Oligosoma* (Cuadro 2; fig. 3). Probar la hipótesis de monofilia del grupo *Oligosoma* requeriría estrictamente incluir en el análisis a todas las demás especies de *Scincella*, lo cual no fue posible debido a que éstas se distribuyen en el sureste de Asia. Sin embargo, se incluyó una de estas especies (*S. reveesi*) en el análisis. Por otra parte, la monofilia del género *Scincella* ha sido cuestionada a lo largo de su historia (Mittleman, 1950; Greer, 1970; Honda *et al.*, 2003; García-Vázquez, 2003), y actualmente aún no se establece de manera clara su monofilia con respecto al género *Sphenomorphus*, por lo que en este trabajo se incluyeron como taxones terminales 12 representantes de *Sphenomorphus* de América (*sensu*, Greer, 1974) y a *Sphenomorphus maculatus*, de distribución asiática. Para enraizar el árbol del grupo *Oligosoma* dentro de la familia Scincidae, se incluyó una muestra de *Mabuya unimarginata*, dos de *Plestiodon brevirostris*, dos de *P. indubitus*, y una de *Eumeces egregius*.

Secuencias de mtDNA.— Con respecto a los datos moleculares, cada taxón terminal estuvo representado por las secuencias de uno o dos individuos (Cuadro 2), dando un total de 48 muestras.

Cuadro 2. Taxones terminales utilizados en este trabajo. * Número de individuos incluidos en el análisis morfológico.

Catálogo	Taxón	*	Localidad
CAS-214306	<i>Scincella lateralis</i>	19	Orange, Co. Florida, USA
MF-4740	<i>Scincella lateralis</i>	37	Gritth League Ranch, Bastrop, Texas, USA
WGS	<i>Scincella lateralis</i>	37	El llano Ranch, Texas, USA
UOGV-566	<i>Scincella kikaapoa</i>	15	Camino a Playitas, Cuatro Ciénegas, Coahuila, Mex.
UOGV-569	<i>Scincella kikaapoa</i>	15	Poza el Mojarla, Cuatro Ciénegas, Coahuila, Mex.
UOGV-242	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	2	Coyula, Cuicatlan, Oaxaca, Mex.
JJW-794	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	16	Vista Hermosa, La Esperanza, Oaxaca, Mex.
JAC-21632	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	6	17.5 mi S San Mateo Yetla, Oaxaca, Mex.
JAC-22567	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	14	Ejido La Perla, Metlac, Veracruz, Mex.
MZFC-14215	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	7	Tenango de Doria, Hidalgo, Mex.
FHH-122	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	6	Zacatlan, Puebla, Mex.
UOGV-112	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	5	Hacienda Apulco, Zacapoaxtla, Puebla, Mex.
UOGV-500	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	7	Ejido La Selva, Veracruz, Mex.
JTB-90	<i>Scincella g. forbesorum</i>	14	Tlanchinol, Hidalgo, Mex.
JAC-22952	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	12	Santa Maria Guenegati, Oaxaca, Mex.

Cuadro 2.- Continuación			
Catálogo	Taxón	*	Localidad
JAC-21543	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	12	1.2 mi W Totontepec, Oaxaca, Mex.
JAC-23168	<i>Scincella g. gemmingeri</i>	7	El Palmar, San Miguel Chimalapa, Oaxaca, Mex
UOGV-72	<i>Scincella s. silvicola</i>	3	Presa la Soledad, Tlatlauquitepec, Puebla, Mex.
JAC-22499	<i>Scincella s. silvicola</i>	33	Hotel Villas Cuetzalan, Cuetzalan, Puebla, Mex.
UOGV-910	<i>Scincella s. silvicola</i>	8	Ejido Pueblo Nuevo, Eloxochitlan, Puebla, Mex.
AMH-191	<i>Scincella s. silvicola</i>	3	Santa Maria Texcatitlan, Cuicatlan, Oaxaca, Mex.
LCM-1181	<i>Scincella s. silvicola</i>	14	Coyula, Cuicatlan, Oaxaca, Mex.
UOGV-378	<i>Scincella s. silvicola</i>	13	Volcán Santa Martha, Catemaco, Veracruz, Mex.
JAC-24547	<i>Scincella s. caudaequinae</i>	12	Alta Cima, Gómez Farias, Tamaulipas, Mex.
MZFC-647	<i>Scincella s. caudaequinae</i>	12	Ejido Aztecas, Gomez Farias, Tamaulipas, Mex.
UOGV-561	<i>Scincella s. caudaequinae</i>	21	Ejido Cola de Caballo, Nuevo León, Mex.
JAC-25991	<i>Scincella s. caudaequinae</i>	8	El Naranjo, San Luis Potosí, Mex.
JAC-24532	<i>Scincella s. caudaequinae</i>	8	El Trapiche, Landa de Matamoros, Querétaro, Mex.
JAC-19573	<i>Sphenomorphus incertum</i>	30	Quiche, Guatemala
ISZ-211	<i>Sphenomorphus cherriae ixbaac</i>	6	Campeche, Mex.
JLAL	<i>Sphenomorphus c. cherriae</i>	17	Ejido Los Pericos, Las Choapas, Veracruz, Mex
LCM-260	<i>Sphenomorphus c. cherriae</i>	4	La Gringa, Santa María Chimalapa, Oaxaca, Mex.
UOGV-342	<i>Sphenomorphus cherriae stuarti</i>	3	San Matias, Cordoba, Veracruz, Mex.
UOGV-629	<i>Sphenomorphus assatum taylori</i>	2	Acahuizotla, Chilpancingo, Guerrero, Mex.
MF-6067	<i>Sphenomorphus c. cherriae</i>	2	Provincia Alajuela, Guanacaste, Costa Rica.
MEA-893	<i>Sphenomorphus c. cherriae</i>	1	La Atlántida, Honduras
ART-428	<i>Sphenomorphus c. ixbaac</i>	8	Yaxilan, Chiapas, Mex.
ENS-7113	<i>Sphenomorphus c. ixbaac</i>	27	Izabal, Guatemala
JAC-25254	<i>Sphenomorphus assatum taylori</i>	4	Puerto del Balzamo, Guerrero, Mex.
ANMO-1068	<i>Sphenomorphus a. assatum</i>	11	Cerro de Vidrio, Juchatengo, Oaxaca, Mex.
KU-291934	<i>Scincella reveesi</i>	5	Qiliba, Liangshan Yizu, Sichuan Province, China
CAS-204863	<i>Sphenomorphus maculates</i>	5	Sagaind, Myanmar
MF-6419	<i>Mabuya unimarginata</i>	2	Provincia Alajuela, Guanacaste, Costa Rica.
MFO	<i>Plestiodon brevirostris</i>	2	Puebla, México
MFO	<i>Plestiodon brevirostris</i>	0	Oaxaca, México
JLAL	<i>Plestiodon indubitus</i>	0	Jalisco, México
UOGV	<i>Plestiodon indubitus</i>	0	Jalisco, México
Gene Bank	<i>Eumeces egregius</i>	0	No NC_000888; Kumazawa y Nishida, 1999

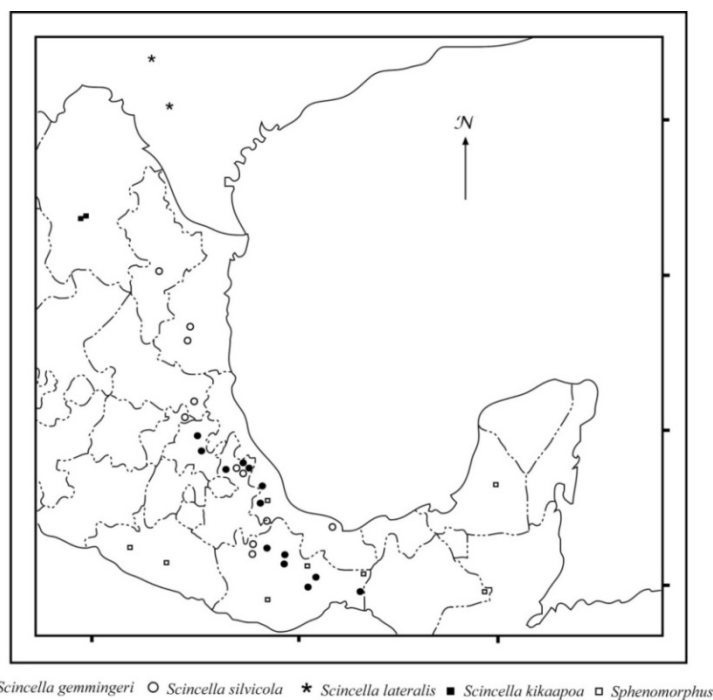


Figura 3.- Muestras de las especies del grupo *Oligosoma* y del género *Sphenomorphus* de México y sur de Estados Unidos, incluidas en el análisis filogenético.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Existen diversos métodos para estimar las relaciones filogenéticas. De manera general, éstos pueden dividirse en dos grupos: los basados en matrices de distancias y los basados en análisis de caracteres. Estos últimos calculan hipótesis filogenéticas que optimizan los patrones de distribución de cada uno de los caracteres con base en un criterio determinado (Carranza, 2006). Actualmente los métodos de Máxima Parsimonia (MP) y Bayesianos son los más utilizados, principalmente por representar alternativas diferentes para el análisis de un mismo conjunto de datos con bases filosóficas confiables (Muller y Reisz, 2006). En particular, los análisis bayesianos representan una aproximación metodológica que incorpora experiencias previas (modelos evolutivos) dentro del proceso analítico y por ende en las hipótesis finales. El criterio de parsimonia se basa en la idea de que la mejor explicación de los datos es la más simple; es decir, la que requiere menos presunciones *a priori*, y se basa en el principio de congruencia (Carranza, 2006).

Recientemente se ha discutido la importancia de incluir o no caracteres morfológicos en análisis filogenéticos de caracteres moleculares (Wiens, 2001; Wiens y Penkrot, 2002; Scotland, 2003). Ya que los caracteres morfológicos pueden proveer de información adicional que es expresada en diferentes niveles jerárquicos, su inclusión puede dar mayor resolución a los estudios filogenéticos y por lo tanto ayudar en el reconocimiento de grupos reales (Hillis, 1987). Por esta razón, en este trabajo se intentó combinar los caracteres morfológicos y moleculares tanto en análisis de MP como bayesianos. Sin embargo, encontrar una codificación óptima de los caracteres morfológicos que pueda usarse en ambos tipos de análisis es problemático.

A la fecha, se han propuesto diversos métodos para codificar caracteres morfológicos; entre éstos, destacan los propuestos recientemente por Wiens y Servedio (1997) y por Smith y Gutberlet (2001). Con algunas diferencias, ambos métodos permiten analizar información filogenética contenida en caracteres multiestado polimórficos, además de ser aplicables a caracteres cualitativos y cuantitativos. Sin embargo, los caracteres codificados de esta manera únicamente pueden ser utilizados en análisis de MP. Dado que utilizar cualquiera de estos métodos para codificar caracteres morfológicos en los análisis de MP y un método distinto para codificarlos en los análisis bayesianos produciría resultados no comparables, en este trabajo se optó por codificar los caracteres morfológicos con un mismo método en ambos tipos de análisis (ver abajo). En este método, cada carácter puede tener hasta 10 diferentes estados, número máximo de estados de carácter permitido por MrBayes v. 3.0b4 (Huelsenbeck y Ronquist, 2001) para análisis bayesianos. Este tipo de codificación permite realizar análisis de MP y bayesianos con la misma matriz de datos, además de incluir parte de la variación de cada carácter dentro de cada taxón terminal.

Por otra parte, con la finalidad de evaluar el método de codificación de caracteres morfológicos utilizado, también se realizaron análisis de MP y bayesianos excluyendo los caracteres morfológicos, así como un análisis de MP de los caracteres morfológicos codificados con el método propuesto por Smith y Gutberlet (2001).

Codificación de caracteres morfológicos

Caracteres cualitativos

1. *Escama frontoparietal*. 0: única, 1: dividida
2. *Nucales y Temporal secundaria*. 0: en contacto, 1: separadas
3. *Temporal terciaria*. 0: entera, 1: dividida.
4. *Color del dorso*. 0: Marrón claro, 1: Marrón oscuro
5. *Franjas dorsolaterales oscuras*. 0: una franja bien definida extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca, 1: una franja bien definida solamente en la parte de la cabeza e interrumpida en el resto del cuerpo por pequeños puntos más claros, 2: dos franjas bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca.
6. *Línea lateral clara*. 0: línea bien definida, extendiéndose desde el ojo hasta el nivel del margen distal de la cloaca, 1: línea pobremente definida, interrumpida frecuentemente por puntos oscuros.

Considerando la codificación anterior, los caracteres polimórficos fueron tratados de manera tradicional, utilizando el carácter mas frecuente dentro de los individuos de cada población (Thiele, 1993)

Caracteres merísticos y morfométricos

En el caso de los caracteres morfométricos, el efecto de la variación ontogénica se minimizó dividiendo el valor de cada carácter entre el valor de la LHC, y usando este cociente en lugar del carácter original (Thiele, 1993; Stone, 1998).

Para definir los estados de carácter en el caso de los caracteres morfométricos y merísticos, se utilizó una modificación del método de “gap weighting” propuesto por Thiele (1993). Para ello inicialmente se calcularon los promedios dentro de cada población y para cada carácter, y a partir de estos datos fueron calculados los valores de codificación utilizando la siguiente fórmula:

$$y = \frac{x - \min}{\max - \min} * n$$

Donde:

y = valor de codificación

x = promedio

min = valor mínimo para cada carácter

max = valor máximo para cada carácter

n = número de caracteres permitidos en el análisis, en este caso se multiplicó por 10, que es el número de estados de carácter que permite analizar MrBayes v. 3.0b4 (Huelsenbeck y Ronquist, 2001).

Finalmente se redondearon los valores de y al número entero más cercano.

Alineación de secuencias.— Todas las secuencias se editaron y ensamblaron con el programa Staden Package v. 1.5.3 (Staden, 1996) y alineadas con el programa CLUSTAL X v. 1.81 (Thompson et al., 1994). El alineamiento obtenido con este programa fue refinado manualmente con el programa MEGA 2.1 (Kumar *et al.*, 2004). Las regiones del alineamiento en las que las homologías no pudieron ser claramente establecidas (alineamiento ambiguo) fueron codificadas con el método propuesto por Lutzoni *et al.* (2000) modificado por Zaldivar-Riverón (2006). En este método, los fragmentos de alineamiento ambiguo potencialmente informativos (i.e., de igual longitud en más de un taxón) se trataron como bloques, asignando signos de interrogación dentro del mismo bloque a los taxones que presentaron longitudes diferentes y un mismo estado de carácter (valor numérico) a taxones con la misma longitud, y tratando las longitudes no informativas (aquellas presentes en un solo taxón) como datos faltantes. Para los análisis filogenéticos, estos estados de carácter (valores numéricos) se trataron de la misma manera que los caracteres morfológicos (Anexo 2).

Máxima parsimonia.— El análisis de MP se realizó usando PAUP 4.0 b10 (Swofford, 2002), mediante una búsqueda heurística, algoritmo de intercambio de ramas de “tree bisection and reconnection” (TBR) y adición de secuencias al azar con 1000 réplicas. Para determinar la estabilidad de las ramas internas en los cladogramas resultantes, se utilizó un análisis de bootstrap no paramétrico con 1000 pseudoréplicas; cada pseudoréplica consistió en una búsqueda heurística con 50 réplicas de adición de secuencias al azar y TBR. Cada base fue tratada como un carácter multiestado no ordenado con hasta cuatro estados alternativos, y los gaps fueron tratados como datos ausentes.

Análisis bayesiano.— Para este análisis, se delimitaron siete particiones. Para cada partición, el modelo de evolución nucleotídica que mejor se ajustó a los datos se identificó previamente con el programa MrModeltest versión 3.06 (Posada y Crandall, 1998; Cuadro 3). Para los caracteres morfológicos, se utilizó el modelo de evolución Mk + T (Harkov k; Lewis, 2001; Cuadro 3), ya que este modelo es el más apropiado para este tipo de datos, al considerar las tasas de transición y deleción iguales (Zaldivar-Riverón *et al.*, 2006). El análisis se llevó a cabo con el programa Mr. Bayes versión 3.0b4 (Huelsenbeck y Ronquist, 2001). Para corroborar los resultados obtenidos, se corrieron dos análisis independientes. Cada análisis se corrió por 4×10^6 generaciones, muestreando los árboles en intervalos de 1000 generaciones. Los árboles obtenidos durante las primeras 10,000 generaciones fueron desechados de acuerdo a lo sugerido por la gráfica de burn-in (Nylander *et al.*, 2004). La obtención del cladograma final se realizó mediante un consenso de mayoría a partir de los árboles muestreados. Para determinar el apoyo estadístico de las ramas, se estimó la probabilidad posterior de cada clado como la proporción de árboles muestreados (después de eliminar los árboles de las primeras 10,000 generaciones) que contenían dicho clado (Larget y Simon, 1999).

Cuadro 3.- Modelos evolutivos utilizados en el análisis bayesiano.

Partición	Modelo
16S	GTR + I + Γ
TRNAs	SYM + I + Γ
ND1_1aposisión	GTR + I + Γ
ND1_2aposisión	GTR + I + Γ
ND1_3aposisión	GTR + I + Γ
tRNAs	GTR + I + Γ
Morfología	Mk + Γ

DELIMITACIÓN DE ESPECIES

Los límites entre especies en el grupo *Oligosoma* se evaluaron con el método de Wiens y Penkrot (2002) para filogenias de DNAm. Este método asume que en una filogenia de DNA no recombinante, la agrupación de haplotipos de diferentes poblaciones es evidencia potencial de flujo génico entre ellas (Slatkin and Maddison, 1989), y que esta agrupación puede generar una discordancia entre los clados de haplotipos y las áreas geográficas de las que provienen estos haplotipos. A partir de ello se pueden reconocer especies dependiendo de la exclusividad de cada taxón; es decir, considerando la ubicación de sus haplotipos en el cladograma y las áreas geográficas donde fueron colectados. Para ello se toman en cuenta las poblaciones de la especie de interés (especie focal) y de especies estrechamente relacionadas con la especie focal. En el análisis la especie focal puede ser exclusiva o no. Si los haplotipos de la especie focal son exclusivos, la

presencia de múltiples especies dentro de esta especie es sugerida por linajes basales exclusivos entre sí que son concordantes con la geografía. Por otro lado, la especie focal puede representar una sola especie, y esto es sugerido por la presencia de flujo génico entre los linajes basales; es decir, cuando los haplotipos de una misma localidad aparecen en varios linajes basales o existe una discordancia entre los grupos de haplotipos en la filogenia y la geografía. Para este trabajo se consideró como especie focal a cada especie del grupo *Oligosoma* tradicionalmente reconocida. De esta manera, se consideraron tres especies focales (*Scincella lateralis*, *S. silvicola* y *S. gemmingeri*).

PRUEBAS DE HIPÓTESIS

Las hipótesis de monofilia de taxones particulares (i.e., especies y subespecies reconocidas) se probaron estadísticamente por medio de una prueba bayesiana (Buckley *et al.*, 2002; Reeder, 2003; Brandley *et al.*, 2005). Para cada taxón cuya monofilia se deseaba someter a prueba, se generó una topología alternativa construyendo a dicho taxón como monofilético en MacClade v. 4.08 (Maddison y Maddison, 2005), y se importó en PAUP* v. 4.0b10 (Swofford, 2002) un conjunto conteniendo el 95% de los árboles con mayor verosimilitud generados por el análisis bayesiano (Huelsenbeck y Ronquist, 2001); finalmente, este conjunto de árboles se filtró para retener los árboles compatibles con la hipótesis alternativa. Si no había árboles compatibles con la hipótesis alternativa, ésta se rechazó con un 95% de probabilidad.

CORRELACIÓN GEOGRÁFICA Y GENÉTICA

Para evaluar la relación entre las divergencias genéticas y las distancias geográficas entre los clados obtenidos se realizó una prueba de Mantel 2.0 (Miller, 2005). La prueba de Mantel es un procedimiento utilizado para evaluar la correlación entre dos conjuntos de datos (Epperson, 2003), y ha sido frecuentemente utilizada en análisis genéticos para comparar dos o más matrices de distancia (Filho, 2000). En un contexto más específico, una alta correlación entre distancias genéticas y geográficas en un espacio geográfico continuo ha sido primariamente interpretada como resultado de un proceso de aislamiento genético (Mantel *et al.*, 2003). El análisis se llevó a cabo en el programa Alleles in Space (Miller, 2005).

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA

Tomando en cuenta las especies sugeridas por el análisis filogenético, se realizó un análisis de los caracteres morfológicos para determinar la existencia de diferencias morfológicas entre las especies sugeridas.

Los caracteres merísticos se evaluaron mediante análisis de varianza univariados (ANOVAs) y pruebas de rangos múltiples de Duncan (Camper y Dixon, 1994). En el caso de los caracteres cualitativos de escutelación y del patrón de coloración, se comparó la distribución de frecuencias de los distintos estados de cada carácter entre los taxones. Los caracteres merísticos y morfométricos se analizaron de manera separada mediante análisis de componentes principales (ACP).

Finalmente, para cada una de las especies reconocidas se elaboró una ficha taxonómica incluyendo su descripción, comparación y distribución geográfica.

RESULTADOS y DISCUSIÓN

ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Inclusión y codificación de las regiones de alineamiento ambiguo.— Para investigar el efecto de incluir las regiones de alineamiento ambiguo en el alineamiento (ver arriba), se realizaron análisis de MP y Bayesianos excluyendo e incluyendo dichas regiones. De manera general, en ambos análisis, los árboles presentaron la misma topología al incluir o excluir las regiones de alineamiento ambiguo. Sin embargo, en ambos casos se observó que los valores de apoyo de las ramas aumentaron cuando se incluyen estas regiones (Figs. 4 y 5). Estos resultados son congruentes con los obtenidos en estudios previos (Lutzoni *et al.*, 2000; Simmons y Ochotorena, 2000; Lee, 2001; Zaldivar-Riverón *et al.*, 2006), y justifican la inclusión de este tipo de datos como una importante herramienta en análisis filogenéticos; además, comprueban la utilidad del método implementado para rescatar la información filogenética contenida en las regiones ambiguas de un alineamiento.

Análisis de MP.—En el árbol resultante de este análisis (Fig. 4), el grupo que contiene a todos los haplotipos del grupo *Oligosoma* es aparentemente parafilético con respecto a varias poblaciones de *Sphenomorphus*. Este grupo contiene dos grandes clados. El primero de estos clados contiene tres subclados: uno compuesto por varias poblaciones de *Sphenomorphus* (*incertum*, *cherriae* y *assatus*); otro (clado A), hermano del primero, compuesto por todos los haplotipos de *S. silvicola* excepto el de Los Tuxtlas, Veracruz; y el otro (clado B) compuesto por el haplotipo de *S. silvicola* de Los Tuxtlas y los haplotipos de *S. gemmingeri* de la Sierra Mixe y Los Chimalapas. El segundo clado principal contiene dos subclados: uno (clado C) compuesto por todos los haplotipos restantes de *S. gemmingeri*, y el otro (clado D) compuesto por los haplotipos de *S. lateralis* y *S. kikaapoa*. El grupo hermano de todos los haplotipos anteriores es un clado compuesto por dos haplotipos de

Sphenomorphus cherriae ixbaac, seguido hacia la base del árbol por un clado compuesto por dos haplotipos de *Sp. assatum*, un clado compuesto por haplotipos de *Sphenomorphus* y *Scincella* de Asia, *Mabuya*, y *Plestiodon*.

En este cladograma *S. silvicola* es polifilética, dado que el haplotipo de Los Tuxtlas está más relacionado a algunos haplotipos de *S. gemmingeri* (clado B) que a los haplotipos restantes de *S. silvicola* (clado A). Además, en el clado A, *S. s. caudequinae* es parafilética con respecto a los haplotipos de *S. s. silvicola* de la SMO, volviendo a *S. s. silvicola* polifilética también dentro de este clado. Los clados A y B, así como la mayoría de los subclados del clado A, están bien apoyados, pero no así la relación de los haplotipos de *S. s. silvicola* de la SMO con los de *S. s. caudaequinae*. *Scincella gemmingeri* también es polifilética, dado que los haplotipos de *S. gemmingeri* de la Sierra Mixe y Los Chimalapas están más relacionados con el haplotipo de *S. s. silvicola* de Los Tuxtlas (clado B) que con los demás haplotipos de *S. gemmingeri* (clado C), los cuales forman un grupo parafilético con respecto al único haplotipo de *S. g. forbesorum*. El clado B está bien apoyado, pero no así el clado C, aunque sus principales subclados sí lo están. Finalmente, en el clado D, *S. lateralis* es parafilética con respecto a *S. kikaapoa*, y estas relaciones están bien apoyadas.

Análisis bayesiano.—Al igual que en el análisis de MP, en el análisis bayesiano el grupo *Oligosoma* es parafilético con respecto a las especies americanas de *Sphenomorphus*; sin embargo, en este análisis las especies de *Sphenomorphus* forman un grupo monofilético. De cualquier manera, las relaciones entre los taxones de *Sphenomorphus* y entre éstos y otros taxones están débilmente apoyadas en ambos análisis (Fig. 5).

En cuanto a los taxones que integran el grupo *Oligosoma*, las relaciones filogenéticas dentro de los clados A, B y C son las mismas que en el análisis de MP, pero las relaciones entre ellos y con respecto al resto de los clados son diferentes [((A + *Sphenomorphus*) + B) + (C + D) en el análisis de MP, versus B + A + ((C + D) + *Sphenomorphus*) en el Bayesiano]. En el clado D, los haplotipos de *Scincella kikaapoa* aparecen más relacionados con los de *S. lateralis* de Florida, mientras que en el análisis de MP *S. kikaapoa* es el grupo hermano de los haplotipos de *S. lateralis* de Texas. En ambos análisis, los clados A, B y D están fuertemente apoyados; el clado C está fuertemente apoyado en el análisis Bayesiano, pero no en el de MP (Fig. 5).

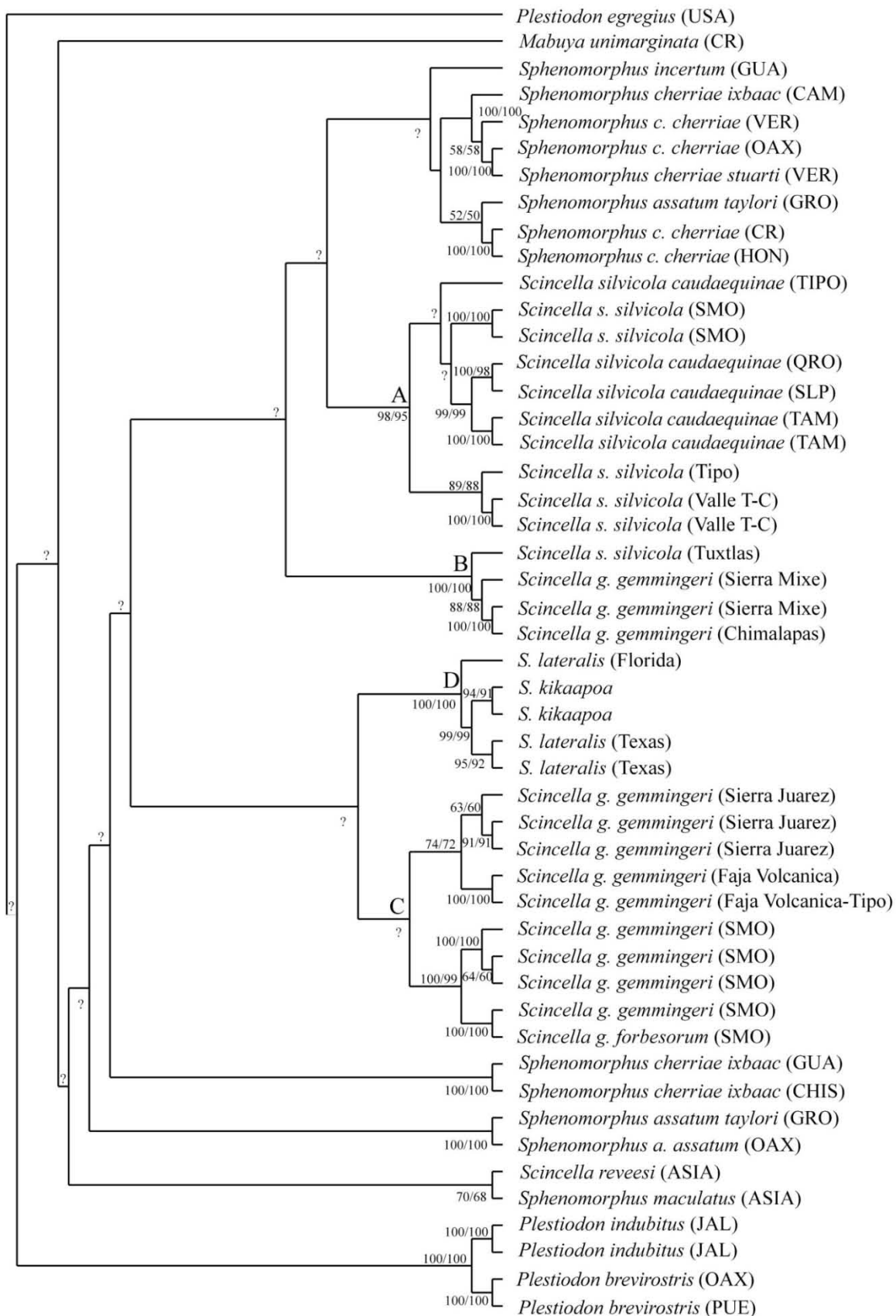


Figura 4.- Cladograma obtenido del análisis de MP de los caracteres moleculares. Los números a la izquierda y derecha de la diagonal representan los valores de bootstrap obtenidos al incluir y excluir las regiones de alineamiento ambiguo, respectivamente. Los signos de interrogación indican clados con valores de bootstrap menores de 50%.

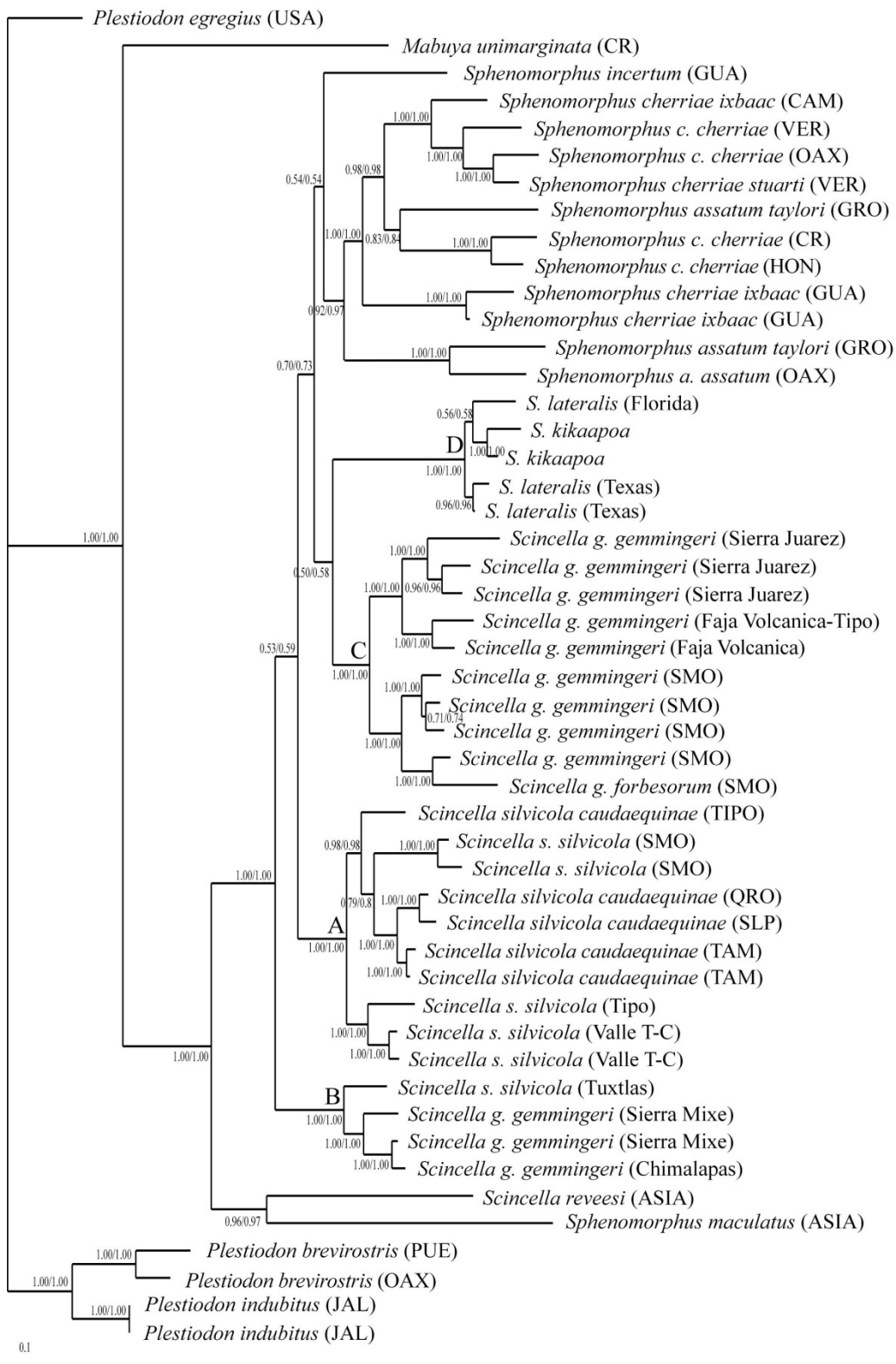


Figura 5.- Árbol obtenido del análisis Bayesiano de los caracteres moleculares. Los números a la izquierda y a la derecha de la diagonal representan los valores de probabilidad posterior obtenidos para cada clado excluyendo e incluyendo las regiones de alineamiento ambiguo, respectivamente.

Como se ha observado en otros grupos de lagartijas de la familia Scincidae, en este trabajo el uso de caracteres moleculares permitió, dentro del género *Scincella*, detectar agrupaciones no relacionadas

filogenéticamente que tradicionalmente eran agrupados entre si debido a su similitud morfológica (Honda *et al.*, 2003; ; Reeder, 2003; Schmitz *et al.*, 2004; Schmitz *et al.*, 2005; Brandley *et al.*, 2005).

Uso de caracteres morfológicos y análisis con datos combinados.— Los caracteres morfológicos contienen información filogenética importante que, de ser excluida, disminuye la precisión de un análisis filogenético (Hillis, 1987; Wiens y Servedio, 1997). Si bien esto ya ha sido demostrado (Hillis, 1987; Sanderson y Donoghue, 1989; Donoghue y Sanderson, 1992; Hillis y Wiens, 2000), la forma de codificar este tipo de caracteres (especialmente los caracteres polimórficos multiestado) ha sido controversial, y si bien se han desarrollado y debatido numerosos métodos para ello (Farris, 1981; Campbell y Frost, 1993; Wiens, 1993; Smith y Gutberlet, 2001), pocos estudios han utilizado caracteres polimórficos multiestado para examinar su comportamiento e influencia en el análisis (Campbell y Frost, 1993; Wiens, 1995).

Pimentel y Riggins (1987) y Cranston y Humphries (1988) criticaron el uso de variables continuas como las medidas morfométricas en análisis filogenéticos, y recomendaron su completa exclusión de los mismos. Chappill (1989), y Thiele (1993) proveen una útil discusión en la cual refutan esta noción. Un punto importante es que la mayor parte de los caracteres discretos, fijos y cualitativos considerados aceptables para análisis filogenéticos son caracteres cualitativos descritos cuantitativamente (Smith y Gutberlet, 2001), y en esto no difieren de los caracteres que Pimentel y Riggins (1987) y Cranston y Humphries (1988) excluyen de sus estudios. Además, si la variación observada en caracteres morfológicos multiestado tiene bases genéticas, todos estos caracteres pueden ser considerados como fuente potencial de información filogenética (Chappill, 1989; Thiele, 1993).

Un factor más, mencionado por Pimentel y Riggins (1987), es que los métodos de codificación de caracteres polimórficos multiestado hasta ahora utilizados, distorsionan la señal filogenética. Esto es similar a lo expresado por Strait *et al.*, (1996), quienes consideran dichos métodos como arbitrarios. A diferencia de otros métodos de codificación, el implementado en este trabajo no es realmente un estimador de parámetros como pueden ser un promedio o desviación estándar, y no requiere una búsqueda estadística de agrupaciones a priori (Smith y Gutberlet, 2001). Este método únicamente traslada a un lenguaje diferente, que puede ser leído por programas de análisis filogenéticos (PAUP y Mr. Bayes), la información contenida en los individuos analizados, estandarizando previamente los caracteres. De esta manera elimina la necesidad de muchas

operaciones estadísticas que puedan ser definidas arbitrariamente (Thiele, 1993; Smith y Gutberlet, 2001).

Finalmente, el método de codificación para caracteres morfológicos implementado en este trabajo permite la inclusión de todos los caracteres revisados, además de incluir parte de la variación intrapoblacional existente para cada carácter, ya que toma en cuenta los valores promedio de todos los individuos y entre cada carácter (Thiele, 1993; Wiens, 1995), lo cual es filosóficamente consistente con las bases de la sistemática filogenética.

Máxima parsimonia con datos combinados.—La topología del árbol obtenido en el análisis de MP de los datos combinados muestra ligeras diferencias en el arreglo de sus ramas con respecto al obtenido en el análisis de MP de los datos exclusivamente moleculares, ya que al incluir los caracteres morfológicos, los dos haplotipos de *Sphenomorphus cherriae ixbac* de Guatemala aparecen dentro del clado que contiene la mayoría de los haplotipos de *Sphenomorphus*. Los clados A y B se mantienen iguales; sin embargo, al incluir los caracteres morfológicos, los valores de apoyo de dos de sus subclados y del clado A aumentan (Fig. 6). El clado C se mantiene igual, pero al incluir la morfología externa los valores de apoyo para todo el clado y dos de sus ramas internas aumentan, y para otras dos ramas disminuyen. Asimismo, en el análisis combinado los haplotipos de *S. lateralis* y *S. kikaapoa* (clado D) constituyen el clado más basal del grupo *Oligosoma*, y disminuye el valor de apoyo para una de sus ramas internas (Fig. 6).

Máxima parsimonia con datos combinados (Código de frecuencia generalizada) .—El árbol resultante de este análisis presenta los mismos clados principales para el grupo *Oligosoma* que el árbol del análisis de datos combinados utilizando el método para codificar los datos morfológicos de Thiele (1993), pero difiere de éste árbol en las relaciones entre dichos clados y en la posición de *Sphenomorphus incertum* y uno de los haplotipos de *S. a. taylori* de Guerrero con respecto al resto de los haplotipos de *Sphenomorphus*. Los valores de bootstrap fueron mayores en 13 de los clados y menores en 5 cuando se utilizó el método de Thiele (1993) que cuando se utilizó el método de Smith y Gutberlet (2001); sin embargo, los valores de apoyo de los clados en conflicto entre ambos análisis fueron bajos en ambos casos (Fig. 7).

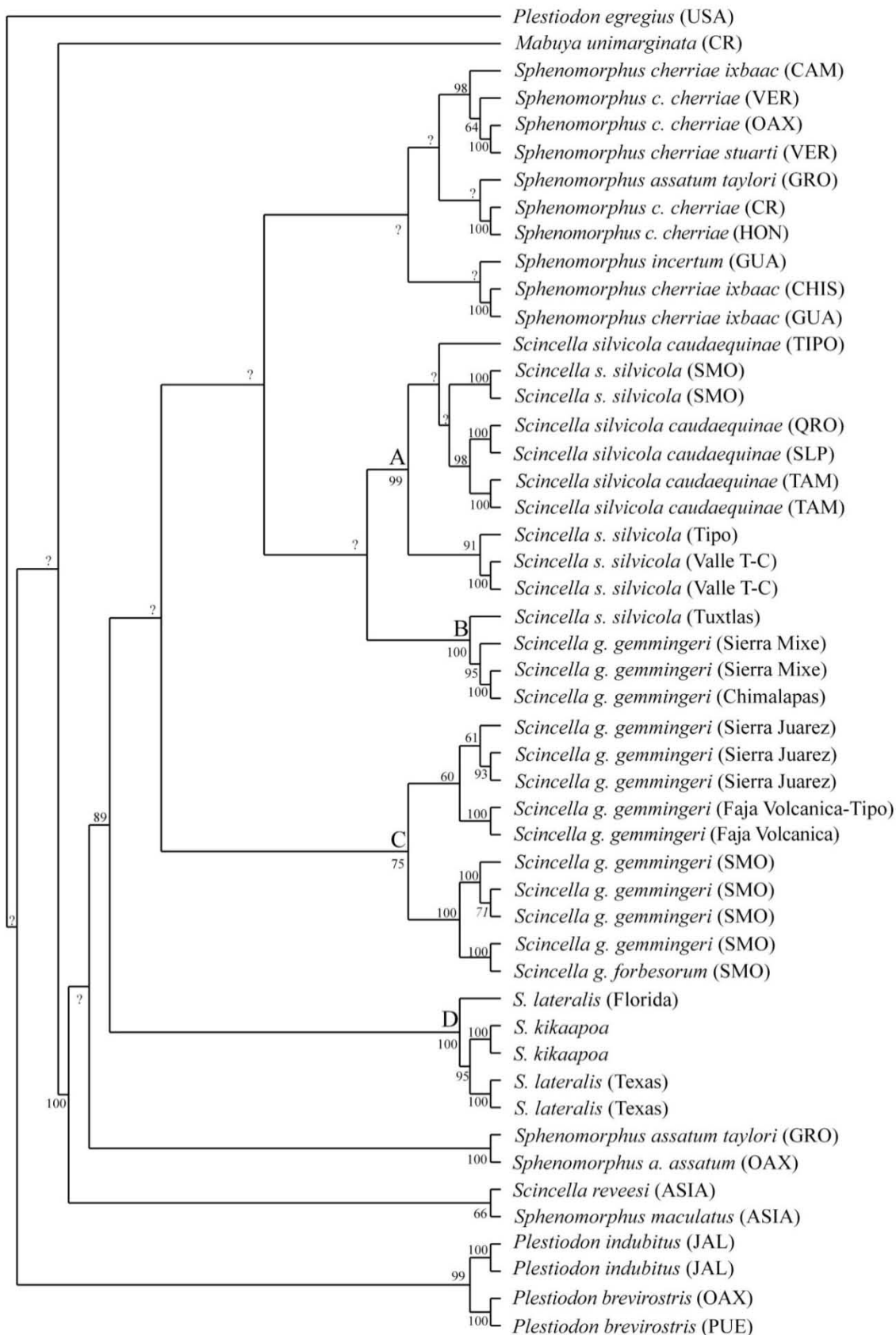


Figura 6.- Cladograma obtenido del análisis de MP utilizando caracteres combinados. Los números representan los valores de bootstrap de cada clado. Los signos de interrogación indican los clados que no fueron apoyados por los valores de bootstrap.

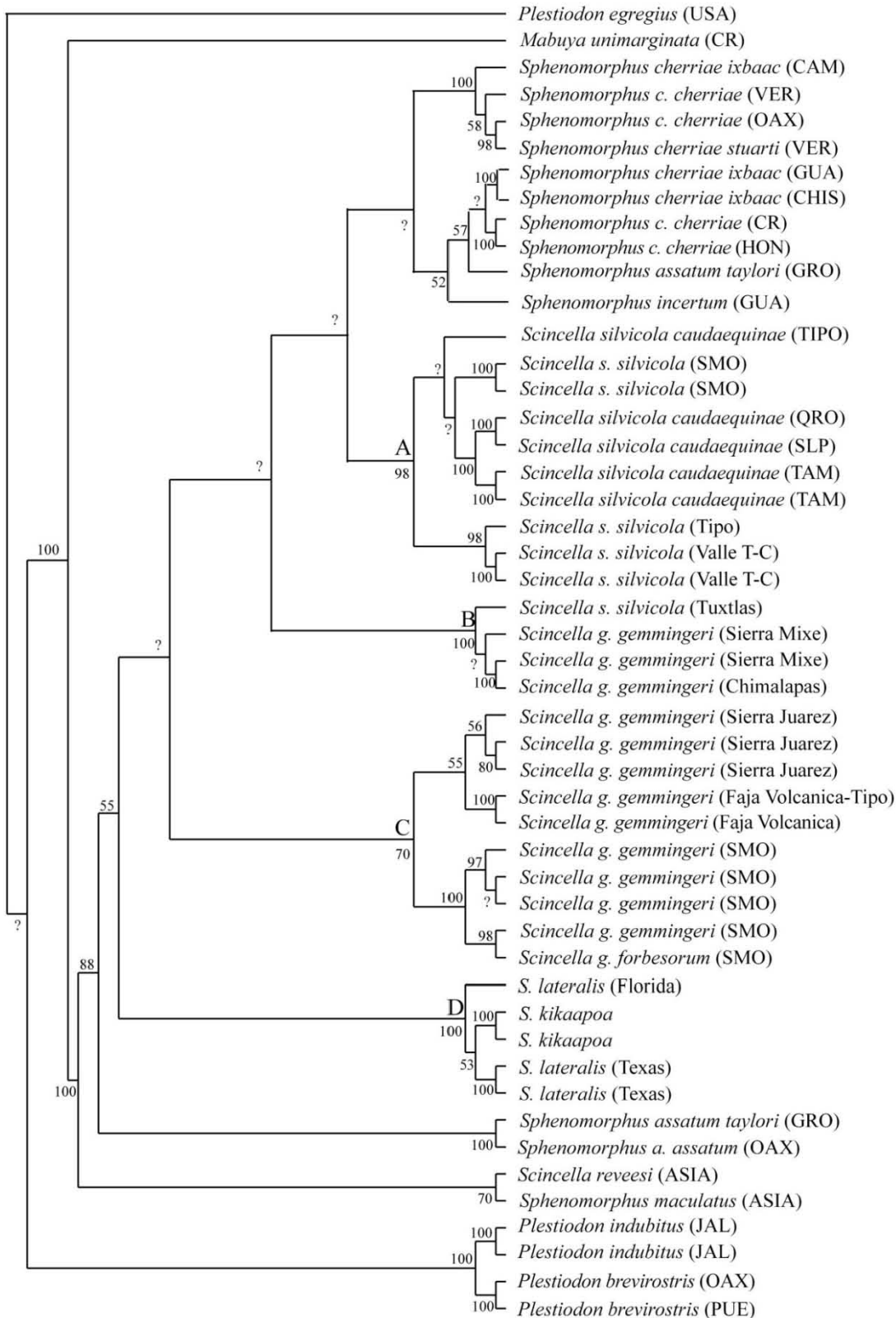


Figura 7.- Cladograma obtenido del análisis de MP de los datos combinados, utilizando el método de codificación de caracteres morfológicos de Smith y Gutberlet (2001). Los números representan los valores de bootstrap de cada clado. Los signos de interrogación indican los clados que no fueron apoyados por los valores de bootstrap.

Análisis bayesiano con datos combinados.—La topología obtenida en el análisis bayesiano de datos combinados (Fig. 8) es similar a la obtenida en el análisis bayesiano de caracteres exclusivamente moleculares (Fig. 5), pero con valores de apoyo más altos en la mayoría de sus ramas (por ejemplo, el clado compuesto por las especies americanas de *Sphenomorphus*, y el clado que incluye a las poblaciones de *S. silvicola* de la SMO. De las pocas diferencias entre ambos árboles, se observan cambios en la posición de algunos haplotipos dentro de los clados A y D. De mayor importancia, se observan diferencias en las relaciones entre los clados que integran el grupo *Oligosoma* [((A + *Sphenomorphus*) + C) + D) + B) en el análisis de combinado, contra (((D + C) + *Sphenomorphus*) + A) + B) en el análisis con datos moleculares. Sin embargo, en ambos análisis los valores de apoyo para estas relaciones son relativamente bajos (Figs. 5 y 8).

Al incluir caracteres morfológicos, tanto en análisis de MP como bayesianos, se obtiene una hipótesis filogenética con valores de soporte más altos que al excluirlas, además de una mayor coherencia geográfica de los clados. Estos resultados son congruentes con los de otros trabajos filogenéticos donde incluyen caracteres morfológicos dentro de análisis filogenéticos combinados con datos moleculares (Nylander *et al.*, 2004; Sorensen y Giribet, 2006; Forgie *et al.*, 2006). Esto demuestra la utilidad del método implementado para rescatar la información filogenética contenida en los datos analizados (Chappill, 1989; Thiele, 1993; Wiens, 1995; Wiens, 1998; Smith y Gutberlet, 2001). Los resultados del presente trabajo confirman las ventajas de utilizar caracteres morfológicos en análisis filogenéticos combinados, ya que pueden proveer corroboración, soporte y precisión a las filogenias obtenidas con DNA (Scotland *et al.*, 2003). Situación que ha sido demostrada en varios análisis tanto de máxima parsimonia (Carpenter y Wheeler, 1999; Cameron y Williams, 2003; Sorensen y Giribet, 2006) como bayesianos (Nylander *et al.*, 2004; Zaldivar-Riverón *et al.*, 2006), en los cuales se obtuvieron filogenias con un mayor respaldo estadístico para la mayoría de sus ramas al combinar caracteres morfológicos con moleculares.

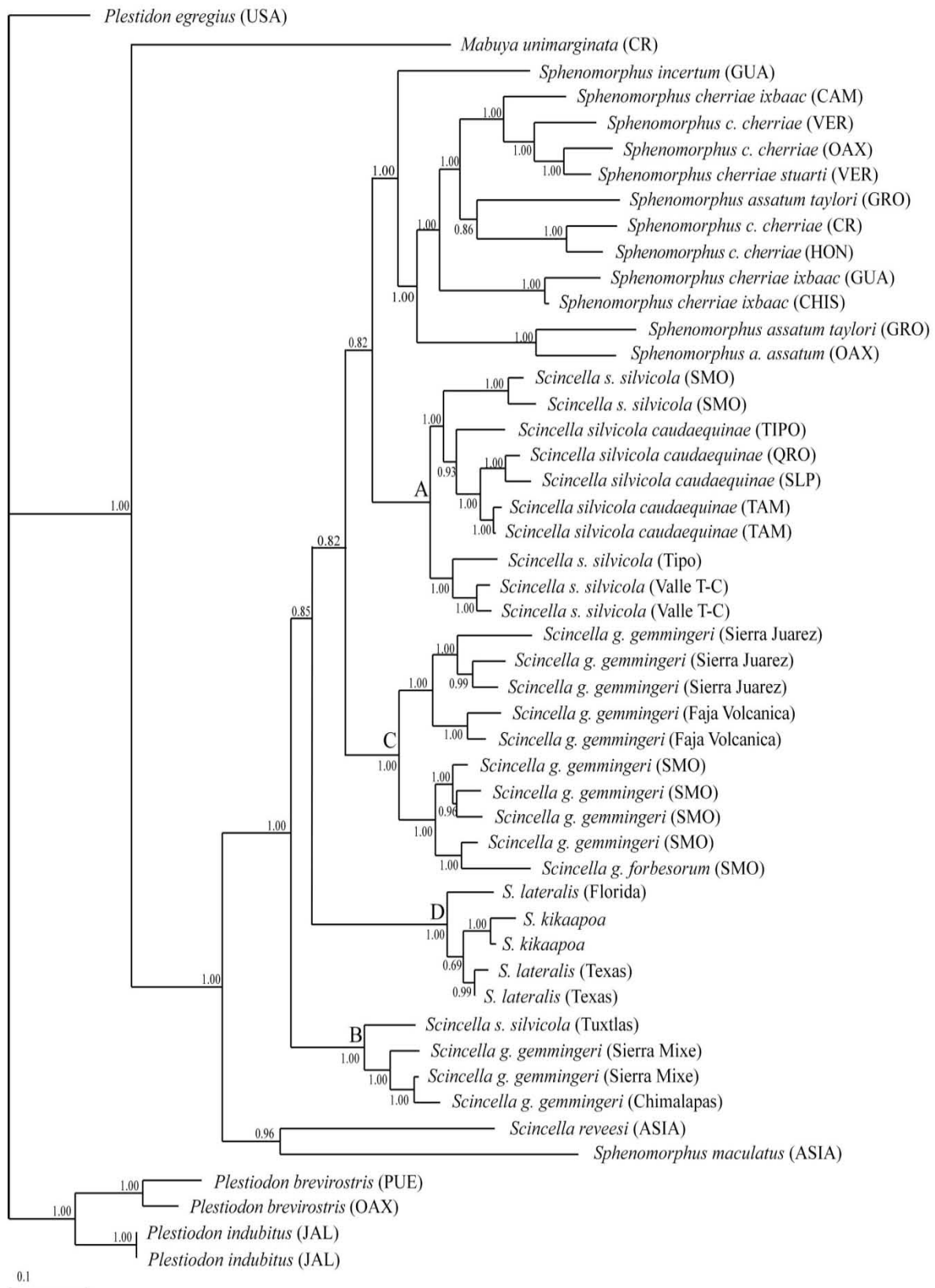


Figura 8.- Cladograma obtenido del análisis Bayesiano con caracteres combinados. Los números representan la probabilidad posterior para cada clado.

Mejor estimación de la hipótesis filogenética.—En comparación con los análisis de MP (Wiens, 1995; Carpenter y Wheeler, 1999; Smith y Gutberlet, 2001; Cameron y Williams, 2003; Sorensen y Giribet, 2006), los trabajos que incorporan caracteres morfológicos en análisis bayesianos han sido pocos (Nylander *et al.*, 2004; Lee, 2005; Wiens *et al.*, 2005; Zaldivar-Riverón *et al.*, 2006). Debido a esto, algunos autores han sugerido tratar con precaución sus resultados. El uso de caracteres morfológicos en análisis bayesianos está aun en desarrollo (Müller y Reisz, 2006). Sin embargo, al igual que en este estudio, los resultados obtenidos en otros trabajos sugieren que los análisis basados en modelos evolutivos, como los análisis bayesianos, pueden proveer una mejor hipótesis filogenética, particularmente al incluir caracteres morfológicos (Nylander *et al.*, 2004; Muller y Reisz, 2006, Zaldivar-Riveron *et al.*, 2006). Esto debido a que al incluir modelos evolutivos para estimar filogenias, los análisis bayesianos enfatizan los procesos de evolución en un taxón más que los de parsimonia, y pueden contribuir a entender la historia evolutiva desde una perspectiva diferente (Muller y Reisz, 2006), mientras que el uso de máxima parsimonia para el análisis de datos de secuenciación de nucleótidos ha sido criticado principalmente porque no toma en cuenta aspectos concernientes al proceso de evolución de las secuencias, dando lugar en ocasiones a árboles equivocados (Yang, 1996).

Finalmente, al considerar los resultados tanto de los análisis bayesianos como de MP, ambos análisis muestran un gran número de clados en común. Las topologías arrojadas por los análisis de caracteres combinados poseen valores de apoyo más altos que las topologías generadas en los análisis considerando exclusivamente caracteres moleculares. Adicionalmente, la topología del análisis bayesiano presenta los valores más altos de apoyo para cada una de sus ramas. Es decir, la topología obtenida por el análisis bayesiano de caracteres combinados es la mejor apoyada, y la que muestra las relaciones filogenéticas más coherentes con la morfología y distribución geográfica de las especies (ver límites de especies), por lo que se escogió este árbol para analizar los límites de especies dentro del grupo *Oligosoma* (Fig. 8), considerando como débilmente apoyadas las relaciones filogenéticas con valores de probabilidad posterior menores que 95% (Reeder, 2003; Schmitz *et al.*, 2004; Schmitz *et al.*, 2005).

Divergencia genética.—En el cuadro 4 se muestran las distancias genéticas entre los diferentes clados del análisis filogenético con caracteres combinados del grupo *oligosoma* y entre estos clados y las especies asiáticas de *Scincella* y *Sphenomorphus*. En total, 496 sitios mostraron variación. Los niveles de divergencia genética entre los clados del grupo *oligosoma* fueron siempre más bajos que los niveles entre dichos clados y las especies asiáticas de *Scincella* y *Sphenomorphus*. Dentro del grupo *oligosoma*, el intervalo de divergencia varió entre 0.028 (entre los haplotipos de *S. lateralis*

de Texas y Florida) y 0.185 (entre *S. gemmingeri* de la Faja Volcánica Transmexicana y *S. kikaapoa*). El porcentaje de divergencia genética fue generalmente mayor en las comparaciones que involucraron *S. kikaapoa* y *S. lateralis*, mientras que los haplotipos de *S. gemmingeri* de la Sierra Juárez presentaron en promedio las menores distancias en las comparaciones.

Cuadro 4.- Divergencia genética entre los clados del grupo *oligosoma* en el análisis filogenético con caracteres combinados y entre estos clados y las especies americanas de *Scincella* y *Sphenomorphus*. 1 = *S. kikaapoa*; 2 = *S. lateralis* (Texas); 3 = *S. lateralis* (Florida); 4 = *S. silvicola* (Tuxtlas); 5 = *S. silvicola* (Localidad Tipo y Valle de Tehuacán-Cuicatlan); 6 = *S. silvicola* (Sierra Madre Oriental); 7 = *S. caudaequinae*; 8 = *S. gemmingeri* (Sierra Madre Oriental); 9 = *S. gemmingeri* (Faja Volcánica Transmexicana); 10 = *S. gemmingeri* (Sierra Juárez); 11 = *S. gemmingeri* (Sierra Mixe y Chimalapas); 12 = *S. reveesi*; 13 = *Sphenomorphus maculatus*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	-												
2	0.045	-											
3	0.049	0.028	-										
4	0.175	0.160	0.149	-									
5	0.159	0.150	0.136	0.134	-								
6	0.173	0.169	0.165	0.164	0.111	-							
7	0.169	0.162	0.152	0.154	0.074	0.103	-						
8	0.160	0.146	0.153	0.144	0.136	0.140	0.133	-					
9	0.185	0.172	0.167	0.164	0.127	0.157	0.142	0.103	-				
10	0.171	0.162	0.155	0.150	0.112	0.124	0.123	0.098	0.095	-			
11	0.151	0.137	0.126	0.074	0.116	0.156	0.142	0.146	0.142	0.134	-		
12	0.222	0.217	0.204	0.226	0.201	0.209	0.207	0.205	0.222	0.209	0.207	-	
13	0.230	0.216	0.229	0.235	0.217	0.235	0.216	0.193	0.208	0.200	0.216	0.196	-

Monofilia del grupo *Oligosoma* y de los géneros *Scincella* y *Sphenomorphus*.— La relación taxonómica entre *Scincella* y *Sphenomorphus* ha sido marcadamente controversial y más de una vez se ha puesto en duda la monofilia de estos géneros (Mittleman, 1950; Mittleman, 1952; Greer, 1970; Greer, 1974; Honda *et al.*, 2003). A la fecha, aún es incierta la taxonomía de ambos géneros y de las especies que lo constituyen (Honda, *et al.*, 2003; García-Vázquez 2003). A pesar de que la monofilia del grupo *Oligosoma* no había sido evaluada, sus especies habían sido ubicadas en diversos géneros (*Oligosoma*, *Lygosoma*, *Scincus*, *Leiolopisma* y *Scincella*). El análisis filogenético de los caracteres morfológicos y moleculares muestra que el grupo de las especies americanas de *Scincella* son parafiléticas con respecto a las especies americanas del género *Sphenomorphus*, resultado que coincide con lo mencionado por Mittleman (1950), quien ubicó dentro de *Scincella* a todas las especies americanas de *Leiolopisma*, *Lygosoma* y *Scincus*, argumentando que la presencia de una frontonasal única es variable dentro de las especies de los géneros de la familia Scincidae y que esta característica no es suficiente para hacer una distinción a nivel genérico. La propuesta de Mittleman (1950) se desechó y, de acuerdo con Greer (1974) durante un tiempo, se adoptó el nombre genérico *Sphenomorphus* para las especies americanas de frontoparietal única; este autor justificó esta reasignación argumentando que, además de presentar una escama frontoparietal única, estas especies diferían de las incluidas en el grupo *Oligosoma* en la ausencia de escamas nucales

alargadas y de dos escamas en contacto con cada escama caudal, en ambos lados de cada escama. Sin embargo, en este trabajo se encontró un fuerte solapamiento en estos caracteres, ya que dos especies de *Sphenomorphus* presentan escamas nucales alargadas (Stuart, 1940) y todas las especies del grupo *Oligosoma* presentan dos escamas en contacto con cada escama caudal (García-Vázquez, 2003). Adicionalmente, la inclusión de las especies con frontoparietal única en el género *Sphenomorphus*, no se justifica porque en la descripción original de Fitzinger (1826) se especifica que una de las características que definen a este género es la presencia de la escama frontoparietal dividida (Mittleman, 1952). Por el contrario, morfológicamente todas las formas americanas de *Sphenomorphus* presentan características únicas como la ausencia de escamas postnasales, el tímpano expuesto, cuatro escamas supraoculares, dos loreales y dientes maxilares cónicos, características que son consistentes con la descripción de *Scincella* (Mittleman, 1950) y justifican su inclusión dentro de este género.

Como se mencionó arriba, en este trabajo *Scincella* y *Sphenomorphus* tampoco son monofiléticos, ya que los haplotipos de las especies americanas de cada género no se agrupan con los de sus especies asiáticas. Estos resultados son consistentes con los obtenidos por Honda *et al.* (2003), quienes mencionaron que el género *Scincella* es paráfiletico y sugirieron que todas las especies americanas de *Scincella* y *Sphenomorphus* deben ser incluidas dentro del género *Scincella*.

A pesar de que la decisión de incluir a las especies americanas de *Sphenomorphus* dentro de *Scincella* ha sido adoptada en algunos trabajos herpetofaunísticos (García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006), esto no soluciona la parafilia del género *Scincella*. Con base en los resultados obtenidos, las especies americanas forman un grupo monofilético, por lo que deben ser asignadas a *Scincella*, (Honda *et al.*, 2003; García-Vázquez y Feria Ortiz, 2006), mientras que los haplotipos del Viejo Mundo de *Scincella* y *Sphenomorphus* forman un grupo monofilético exclusivo de las especies americanas, por lo que es necesaria una reasignación a nivel de género para las especies asiáticas. Esta situación es similar a la encontrada para otros géneros de escíncidos de distribución cosmopolita (por ejemplo *Eumeces* y *Mabuya*), cuya historia evolutiva basada en caracteres moleculares ha puesto en evidencia su parafilia, por lo que han requerido una reasignación genérica (Griffith *et al.*, 2000; Mausfeld *et al.*, 2002; Schmitz *et al.*, 2004). En ambos casos, y al igual que en los géneros evaluados en este trabajo, esta reasignación genérica implicó el reconocimiento de grupos americanos monofiléticos con orígenes biogeográficos independientes de los géneros del Viejo Mundo (Griffith, *et al.*, 2000; Mausfeld, *et al.*, 2002; Honda, *et al.*, 2002; García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006). Cabe destacar que únicamente se incluyeron dos muestras Asiáticas, por lo que estos resultados podrían cambiar al incluir un mayor número de muestras.

LIMITES DE ESPECIES

En este trabajo se usó el método para delimitación de especies de Wiens y Penkrot (2002) basado en árboles construidos con secuencias de DNAm. Sin embargo, el árbol que se utilizó para delimitar las especies dentro del grupo *Oligosoma* fue el obtenido del análisis combinado de caracteres morfológicos y moleculares, ya que la topología de este árbol y la del obtenido exclusivamente de los caracteres moleculares fueron iguales, excepto por las relaciones de los haplotipos de *S. s. caudaequinae* y *S. kikaapoa* (ver arriba; figs. 5 y 8), y el incluir los caracteres morfológicos le dio mayor apoyo a los clados obtenidos en el análisis de caracteres exclusivamente moleculares. Este mayor apoyo es importante al usar filogenias para delimitar especies, debido a que aumenta la probabilidad de que las discordancias entre los arreglos de haplotipos en el árbol y la distribución geográfica de los mismos esté dada por las características evolutivas y geográficas propias de los haplotipos y no por una hipótesis filogenética errónea (Wiens y Penkrot, 2002). Adicionalmente, el análisis bayesiano considera cada cambio en los estados de carácter de los caracteres morfológicos como equivalente a una sustitución nucleotídica (con tasas iguales de transiciones y transversiones). De esta manera, la mayor parte de la información filogenética la proveen los caracteres moleculares. Considerando el árbol preferido (Fig. 8), y de acuerdo con el método propuesto por Wiens y Penkrot (2002) para delimitar especies, se podrían reconocer dentro del grupo *Oligosoma* hasta diez especies distintas. A continuación se presenta el análisis realizado para la delimitación de especies, tomando como especies focales a las especies del grupo *Oligosoma* reconocidas por la taxonomía tradicional. Adicionalmente se analizaron, de manera más general, los haplotipos de las especies americanas de *Sphenomorphus*.

***Scincella lateralis* y *S. kikaapoa*.**- Morfológicamente *S. lateralis* y *S. kikaapoa* se distinguen de las demás especies de *Scincella* por la presencia de más de tres escamas nucales, escama temporal terciaria alargada y en contacto con la parietal, y escama nugal separada de la temporal secundaria (Smith, 1964; García-Vázquez, 2003; García-Vázquez *et al.*, en prensa). Sin embargo, *S. kikaapoa* presenta un patrón de coloración con tres líneas oscuras en cada lado del cuerpo, característica única entre las especies de *Scincella* y *Sphenomorphus* con distribución americana (Fig. 9) (García-Vázquez, 2003; García-Vázquez *et al.*, en prensa).



Figura 9.- Ejemplar tipo de *Scincella kikaapoa* (izquierda) donde se observa la presencia de dos líneas oscuras en el costado, y un ejemplar de *S. lateralis* de Texas (derecha) con una sola línea.

Otro factor de importancia es la distribución geográfica (Fig.10); con *S. kikaapoa* restringida a la región de Cuatro Ciénegas en el centro de Coahuila, zona desértica que presenta características únicas como la combinación de estabilidad climática, aislamiento geográfico y abundancia de agua que aflora en forma de pozas (Morafka, 1977) Esta región se reconoce por su gran número de endemismos, entre los que se incluyen dos especies de tortuga ([*Terrapene coahuila* y *Apalone spinifera emory*] Schmid y Owens, 1944; Webb y Legler, 1960), un lacertilio ([*Gerronothus lugoï*] McCoy, 1970), una serpiente ([*Storeira* sp.] Contreras-Arquieta, com. Pers.) y un anfibio ([*Syrrophus* sp.] Malone, com. pers.).

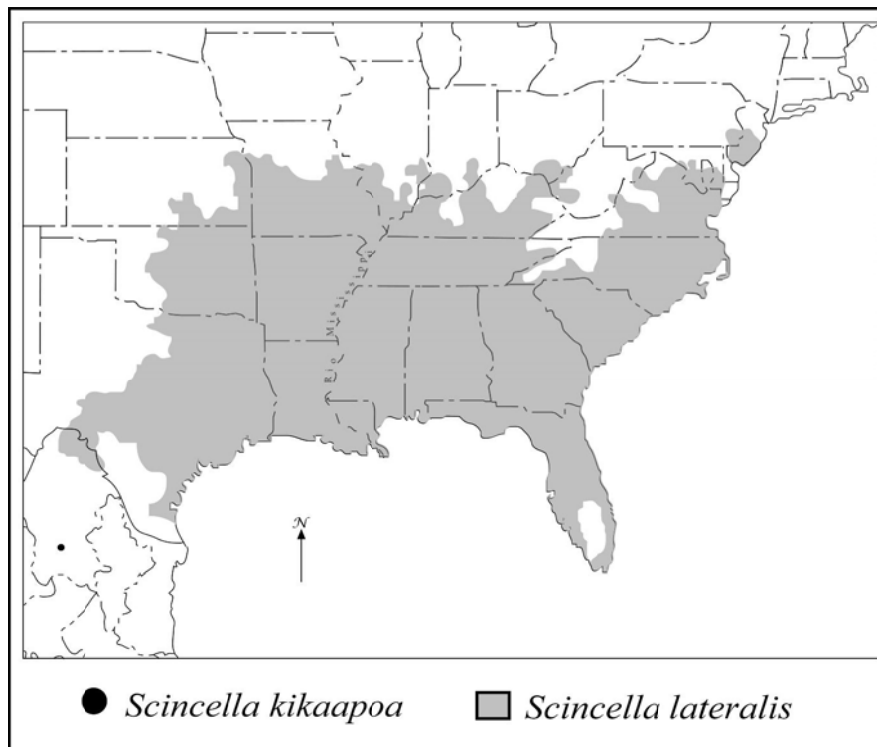


Figura 10.- Mapa de distribución de *Scincella kikaapoa* y *S. lateralis*

La hipótesis filogenética preferida muestra que los haplotipos de *S. lateralis* y *S. kikaapoa* forman un clado bien apoyado, exclusivo y congruente con la geografía, agrupando poblaciones alopátricas del resto de las especies de *Scincella* (Fig. 8). Dado que *S. kikaapoa* es distinta morfológicamente (ver arriba), y sus haplotipos también forman un clado bien apoyado, exclusivo con respecto a los de *S. lateralis*, la hipótesis sugiere que *Scincella lateralis* podría representar una especie no exclusiva con respecto a *S. kikaapoa*.

Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas.— Los valores de correlación obtenidos de la prueba de Mantel no muestran una correlación significativa entre las distancias genéticas y las distancias geográficas ($r = 0.158$; $p = 0.241$).

Evidencia morfológica.— El análisis estadístico de los caracteres morfológicos muestra diferencias significativas entre los tres taxones de este clado en siete caracteres merísticos (Cuadro 5, Fig. 11). Las poblaciones del sur-centro de Estados Unidos (Texas) y norte de México presentan diferencias con respecto a las de los otros dos taxones de este clado al presentar un mayor número de escamas que separan los miembros; adicionalmente, estas poblaciones difieren de las del sureste de Estados Unidos (Florida) por presentar un menor número de escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción posterior del brazo y de escamas palpebrales; y además de las poblaciones de *S. kikaapoa* por la presencia de un menor número de escamas nucales, escamas alrededor de la mitad del cuerpo, y laminillas debajo del cuarto dedo. Las poblaciones del sureste de Estados Unidos (Florida) difieren de las de *S. kikaapoa* por presentar un menor número de laminillas en el cuarto dedo, de escamas nucales y escamas alrededor de la mitad del cuerpo (Fig. 11).

Cuadro 5.- Estadística descriptiva de los caracteres merísticos de los taxones del clado D X = promedio, DE = Desviación estándar, IV = Intervalo de variación y N = Tamaño de la muestra.

	No. de escamas nucales alargadas	No. de escamas palpebrales	No de escamas alrededor de la inserción anterior del brazo	No de escamas alrededor de la mitad del cuerpo	No. de escamas que se separan o sobrelapan las extremidades al plegarlas al cuerpo	No. de laminillas infradigitales del cuarto dedo
<i>S. lateralis</i>	$X = 5.72$	$X = 17.7$	$X = 28.7$	$X = 26.7$	$X = 9.32$	$X = 15.89$
Texas	$DE = 1.32$	$DE = 1.62$	$DE = 1.5$	$DE = 1.65$	$DE = 7$	$DE = 1.1$
$N = 38$	$IV = 4-8$	$IV = 14-20$	$IV = 25-32$	$IV = 24-31$	$IV = 5/23$	$IV = 13-18$
<i>S. lateralis</i>	$X = 6$	$X = 19.31$	$X = 30.1$	$X = 27.31$	$X = 4.05$	$X = 16.42$
Florida	$DE = 0.79$	$DE = 1.9$	$DE = 2.38$	$DE = 1.45$	$DE = 5.21$	$DE = 1.35$
$N = 20$	$IV = 5-8$	$IV = 16-23$	$IV = 25-35$	$IV = 25-30$	$IV = -3/14$	$IV = 14-20$
<i>S. kikaapoa</i>	$X = 6.8$	$X = 18.53$	$X = 29.06$	$X = 28.8$	$X = -4.1$	$X = 17.93$
$N = 15$	$DE = 1.2$	$DE = 2.38$	$DE = 2.54$	$DE = 1.16$	$DE = 4.63$	$DE = 0.99$
	$IV = 5-9$	$IV = 16-21$	$IV = 25-36$	$IV = 26-30$	$IV = -15/1$	$IV = 16-20$

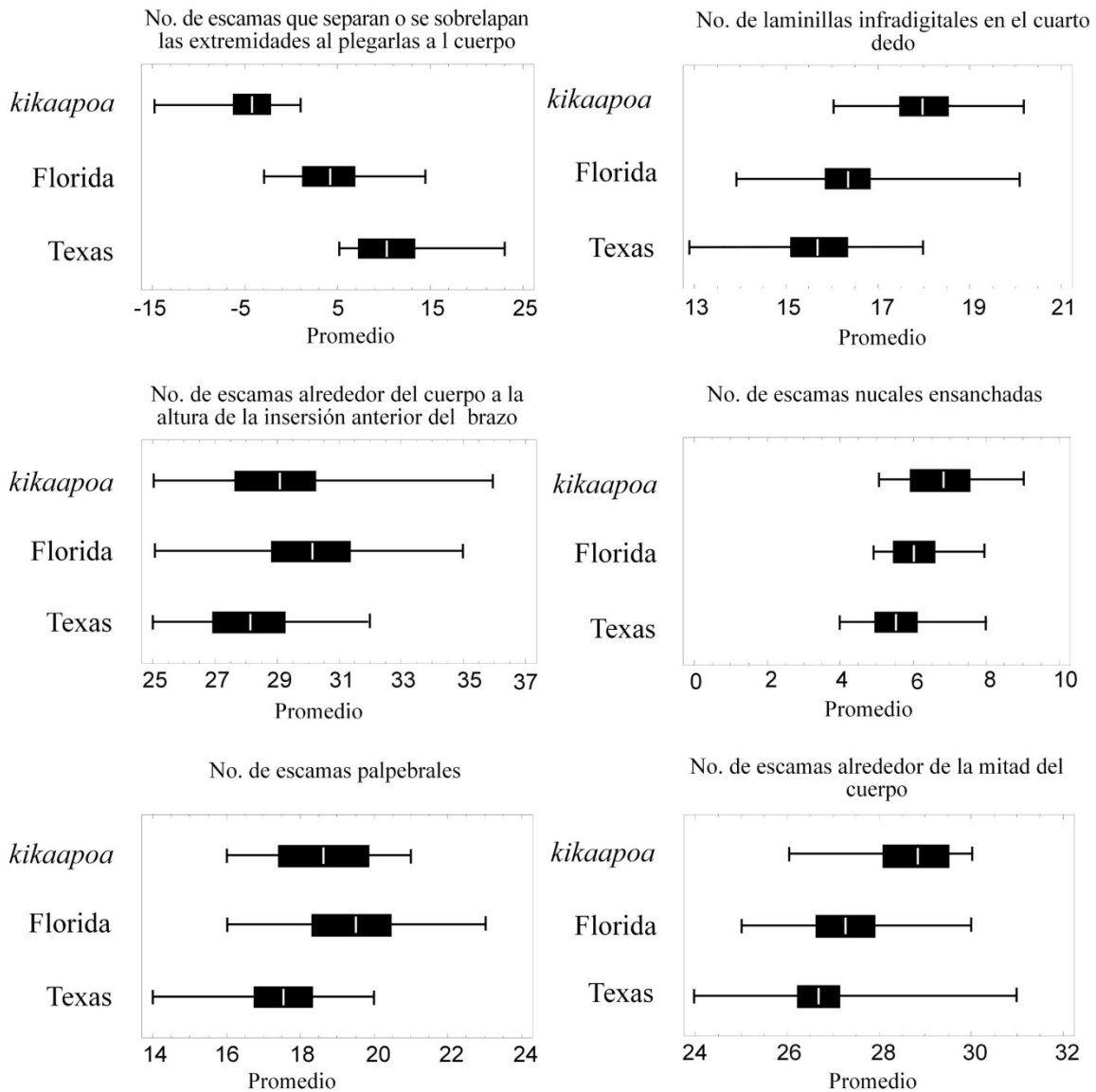


Figura 11.- ANOVA de los caracteres que presentan diferencias significativas entre las especies de *Scincella lateralis* y *S. kikaapoa* reconocidas en el análisis filogenético. La línea vertical representan la media, las barras la desviación estándar y la línea horizontal el intervalo: A ($F = 23.59$, $P = 0.0043$), B ($F = 14.50$, $P = 0.00065$), C ($F = 2.93$, $P = 0.045$), D ($F = 4.75$, $P = 0.0117$), E ($F = 6.22$, $P = 0.0033$), F ($F = 9.84$, $P = 0.0002$).

De estas diferencias encontradas entre *S. kikaapoa* y las poblaciones de *S. lateralis*, el mayor número de escamas nucales, de escamas alrededor del cuerpo y de laminillas debajo del cuarto dedo en la poblaciones de Cuatro Ciénegas fueron consideradas por Morafka (1977) como variación intraespecífica en *S. lateralis*.

En cuanto a las otras dos especies (Florida y Texas) que sugiere el análisis filogenético, el análisis arrojó diferencias estadísticas entre sus poblaciones; la diferencia más evidente la representa el tamaño de los miembros, característica mencionada por Taylor (1946) al comparar las poblaciones

al este y oeste del Río Mississippi, A pesar de que este autor no consideró esta variación suficiente para separar distintos taxones, sí sugirió que un estudio más específico de la variación en esta especie podría llevar al reconocimiento de diferentes razas. Los resultados obtenidos, únicamente muestran diferencias estadísticas, que con base en su solapamiento, no pueden ser utilizados para separar específicamente ambas poblaciones.

El análisis de componentes principales (PCA) de los caracteres merísticos no indica diferencias entre las poblaciones de *Scincella lateralis* de Estados Unidos (Texas) y norte de México y las poblaciones de Florida; sin embargo, *S. kikaapoa* sí se separa parcialmente de estas poblaciones. Las variables que contribuyen en mayor medida a esta separación son el número de escamas que separan las extremidades, número de escamas alrededor de la mitad del cuerpo y número de escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción posterior del brazo (Fig. 12).

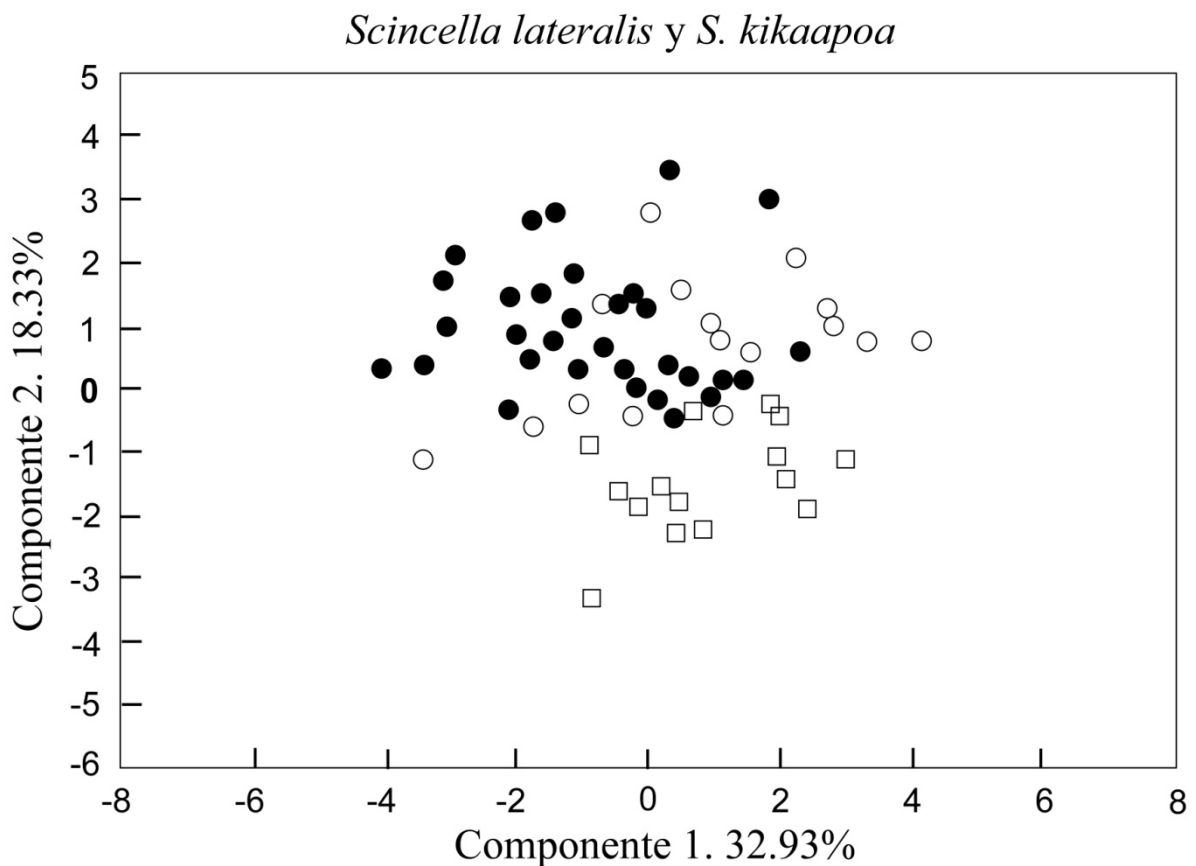


Figura 12.- Gráfica del análisis de componentes principales de los caracteres merísticos en *Scincella lateralis* y *S. kikaapoa*. ○ *Scincella lateralis* (Florida), □ *S. kikaapoa*, ● *S. lateralis* (Texas).

El análisis de los caracteres morfométricos indica una ligera separación de *S. kikaapoa* con respecto al resto de las poblaciones (Fig. 13). Las variables que explican esta separación son el ancho de la cabeza y el tamaño de las extremidades, ambas más grandes en *S. kikaapoa* que en el resto de las poblaciones.

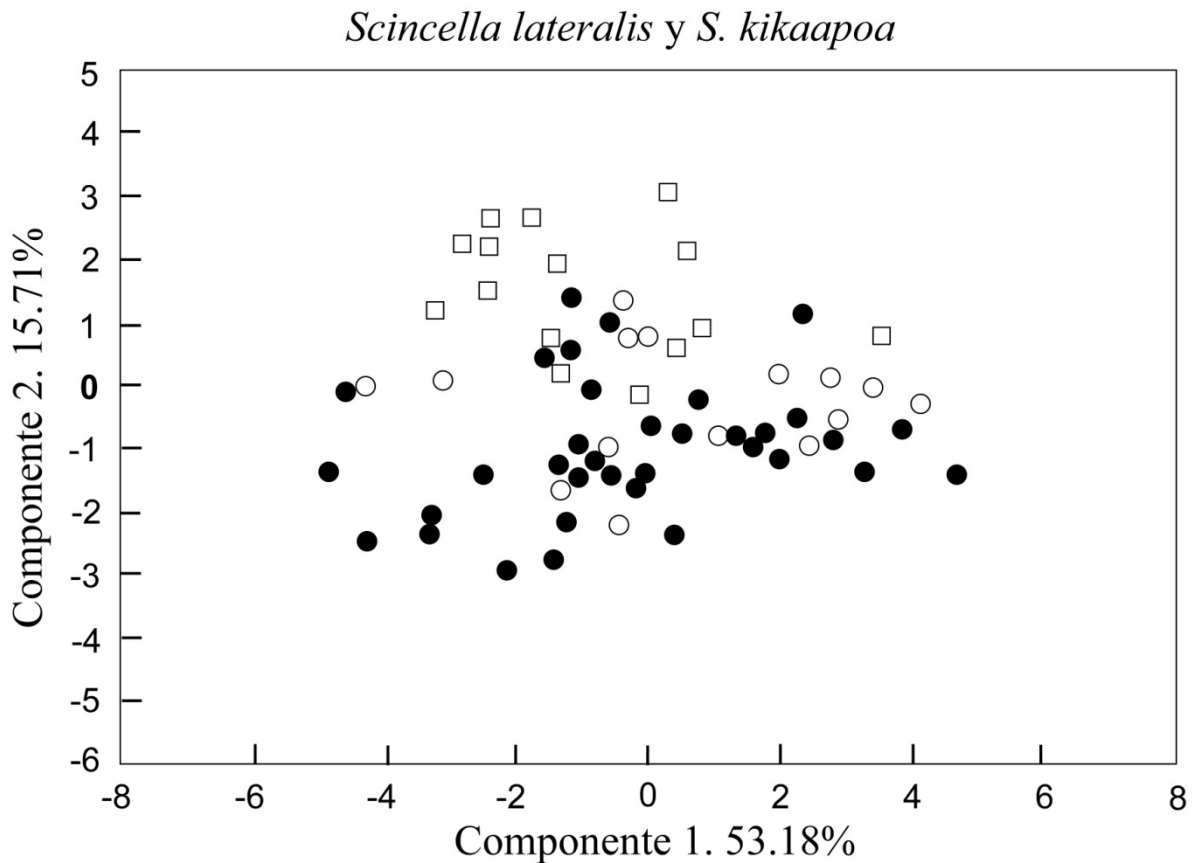


Figura 13.- Gráfica del análisis de componentes principales de los caracteres morfométricos de *Scincella lateralis* y *S. kikaapoa*. ○ *Scincella lateralis* (Florida), □ *S. kikaapoa*, ● *S. lateralis* (Texas).

En conjunto, el análisis morfológico, permite separar únicamente a *Scincella kikaapoa* del resto de las poblaciones, no así a otras poblaciones dentro de *S. lateralis*. Aunque aparentemente podría existir un aislamiento genético entre las poblaciones de *S. lateralis* de Texas y Florida, en este trabajo no se incluyeron poblaciones geográficamente intermedias, lo cual no permite determinar si existe aislamiento geográfico o flujo génico entre ellas (Wiens y Penkrot, 2002). Al evaluar los caracteres morfológicos, no se encontró ningún carácter que permita diferenciar de manera confiable ambas poblaciones, lo cual es necesario para separar especies crípticas cuando no se tienen evidencias suficientes de ausencia de flujo génico (Templeton, 1981; Davis y Nixon, 1992).

Con base en lo anterior, *S. kikaapoa* es una especie válida (García-Vázquez *et al.*, en prensa), mientras que tentativamente *S. lateralis* representa una especie politípica de amplia distribución en el este y sur oeste de Estados Unidos y norte de México, con considerable variación en el tamaño de las extremidades entre las poblaciones del este y oeste del Río Mississippi (Taylor, 1946). Cabe señalar que Martín del Campo (1953) y Lemos-Espinal y Smith (2007) mencionaron la presencia de

esta especie en el norte de Nuevo León y este de Coahuila, respectivamente; ambos organismos fueron revisados y pertenecen en realidad a *S. s. caudaequinae* (García-Vázquez *et al.*, 2005), por lo que la distribución de *S. lateralis* en México se restringe a los bosques de coníferas del norte de Coahuila.

***Scincella gemmingeri*.**- Morfológicamente, las poblaciones tradicionalmente asignadas a *Scincella g. gemmingeri* y *S. g. forbesorum* se caracterizan por presentar un patrón de coloración consistente en un fondo gris claro a oscuro con una franja más clara en cada costado que se extiende desde el ojo hasta la base de la cola, escama parietal separada de la temporal terciaria y extremidades que no se superponen al plegarlas contra el cuerpo. Sin embargo, la variación dentro de *Scincella gemmingeri* ha sido poco estudiada (García-Vázquez, 2003) y los trabajos en los que se reconocen sus subespecies están basados en la revisión de muy pocos organismos (Cope, 1864; Taylor, 1937). Tal como ha sucedido en otros grupos de escíncidos (Szu-Lung y Hikida, 2001; Miralles, 2006), la taxonomía tradicional se ha visto modificada al examinar un mayor número de organismos y otros tipos de caracteres.

Considerando a *Scincella gemmingeri* como especie focal, se puede observar que este taxón es polifilético, dado que sus haplotipos no forman un grupo exclusivo, sino dos grupos lejanamente emparentados y mutuamente exclusivos y alopátridos (Fig 8). Un primer grupo está compuesto por tres subgrupos fuertemente apoyados, exclusivos, aparentemente alopátridos entre sí y concordantes con la geografía (Fig 8, clado C). Un subgrupo incluye a las poblaciones de *S. g. gemmingeri* de la Sierra Madre Oriental (SMO); dentro de este subgrupo se encuentra anidado el haplotipo asignado a *S. g. forbesorum*. Un segundo subgrupo contiene los haplotipos de la Faja Volcánica Transmexicana (FVT), y el tercer subgrupo contiene los haplotipos de la Sierra de Juárez en Oaxaca. El segundo grupo (Fig. 8, clado B) está integrado por los haplotipos de la Sierra Mixe y la región de los Chimalapas en el estado de Oaxaca, y el haplotipo de *S. s. silvicola* de los Tuxtlas. De acuerdo con el método de Wiens y Penkrot (2002), este árbol sugiere que los haplotipos de *S. gemmingeri* de los cuatro clados mencionados no tienen flujo génico entre sí, y podrían representar especies distintas. Sin embargo, los valores de divergencia genética entre los haplotipos de SMO, FVT y Sierra Juárez son los más bajos con respecto a la mayoría de los clados (Cuadro 4), y esta escasa diferenciación genética se refleja también en la morfología externa de las poblaciones muestreadas (ver abajo).

Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas.— Los valores de correlación obtenidos de la prueba de Mantel no muestran una correlación significativa entre las distancias genéticas y las distancias geográficas ($r = 0.0603$; $p = 0.310$).

Evidencia morfológica.— Para el análisis morfológico se consideró a la población asignada a *S. g. forbesorum* como una población más de *S. gemmingeri* de la Sierra Madre Oriental, debido a que el haplotipo de *S. g. forbesorum* quedó anidado dentro del clado de *S. g. gemmingeri* de dicha región y a que García-Vázquez (2003) demostró que no existen diferencias morfológicas entre ambas subespecies, inicialmente no fue considerado así ya que este autor no revisó la serie tipo, por lo que se decidió considerar a *S. g. forbesorum* como subespecies dentro de *S. gemmingeri*. De acuerdo con este análisis, las poblaciones de la Sierra Madre Oriental, incluyendo la población asignada a *S. g. forbesorum* (SMO), difieren estadísticamente de los otros clados de *S. gemmingeri* en presentar un menor número de escamas entre las extremidades al plegarlas al cuerpo (Cuadro 6; Fig. 14). Además, difieren significativamente de las poblaciones de la Sierra Mixe y Sierra de Juárez por presentar, en promedio, un número mayor de escamas alrededor de la mitad del cuerpo; sólo de las poblaciones de la Sierra Mixe por poseer un número mayor de escamas alrededor del cuerpo al nivel de las inserciones anterior y posterior del brazo, y de las poblaciones de la Faja Volcánica Transmexicana por poseer un mayor número de escamas palpebrales y un menor número de escamas infralabiales (Fig. 14). A pesar de las diferencias estadísticas, todos los caracteres se sobrelaparon entre las diferentes poblaciones.

Cuadro 6.- Estadística descriptiva de los caracteres merísticos de los taxones tradicionalmente asignados a *S. gemmingeri*. X = promedio, DE = Desviación estándar, IV = Intervalo de variación y N = Tamaño de la muestra. SM = Sierra Mixe, CHM = Chimalapas, FVT = Faja Volcánica Transmexicana, SMO = Sierra Madre Oriental, SJ = Sierra de Juárez.

	No de escamas palpebrales	No de escamas infralabiales	No de escamas alrededor del cuello	No de escamas alrededor de la inserción anterior del brazo	No de escamas alrededor de la inserción posterior del brazo	No de escamas alrededor de la mitad del cuerpo	No. de escamas que se separan o sobrelapan las extremidades al plegarlas al cuerpo
SM y CHM $N = 19$	$X = 19$ $DE = 1.48$ $IV = 17-23$	$X = 6.05$ $DE = 0.22$ $IV = 6-7$	$X = 28.26$ $DE = 1.48$ $IV = 25-31$	$X = 28.6$ $DE = 1.48$ $IV = 25-32$	$X = 30.63$ $DE = 2.69$ $IV = 27-33$	$X = 25.78$ $DE = 1.00$ $IV = 24-27$	$X = 6.52$ $DE = 4.59$ $IV = -1/19$
FVT $N = 13$	$X = 18.41$ $DE = 1.93$ $IV = 15-23$	$X = 6.38$ $DE = 0.48$ $IV = 6-7$	$X = 29.76$ $DE = 0.97$ $IV = 28-31$	$X = 30.46$ $DE = 1.27$ $IV = 28-33$	$X = 31.84$ $DE = 1.79$ $IV = 29-35$	$X = 27.69$ $DE = 0.46$ $IV = 27-28$	$X = 6.61$ $DE = 3.81$ $IV = 1-15$
SMO $N = 27$	$X = 20.04$ $DE = 1.77$ $IV = 17-23$	$X = 6$ $DE = 0$ $IV = 6-6$	$X = 28.91$ $DE = 1.30$ $IV = 26-31$	$X = 30.14$ $DE = 1.60$ $IV = 27-32$	$X = 32.37$ $DE = 2.23$ $IV = 28-37$	$X = 27.34$ $DE = 1.26$ $IV = 26-30$	$X = 0.62$ $DE = 3.75$ $IV = -5/6$
SJ $N = 24$	$X = 20.00$ $DE = 0.5$ $IV = 18-24$	$X = 6$ $DE = 0$ $IV = 6-6$	$X = 28.45$ $DE = 1$ $IV = 26-31$	$X = 29.30$ $DE = 2$ $IV = 26-33$	$X = 32.04$ $DE = 2$ $IV = 28-36$	$X = 26.33$ $DE = 1.72$ $IV = 24-29$	$X = 3.70$ $DE = 2$ $IV = -5/12$

El clado de la Faja Volcánica Transmexicana (FVT) difiere estadísticamente de los otros clados por la presencia de un mayor número de escamas infralabiales en promedio. Adicionalmente, difiere de las poblaciones de la Sierra Mixe y Sierra de Juárez por poseer un mayor número de escamas

alrededor de la mitad del cuerpo y alrededor del cuello, y asimismo de las poblaciones de la Sierra Mixe en el número de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción anterior del brazo, y de las de la Sierra de Juárez en el número de escamas palpebrales (Fig. 14).

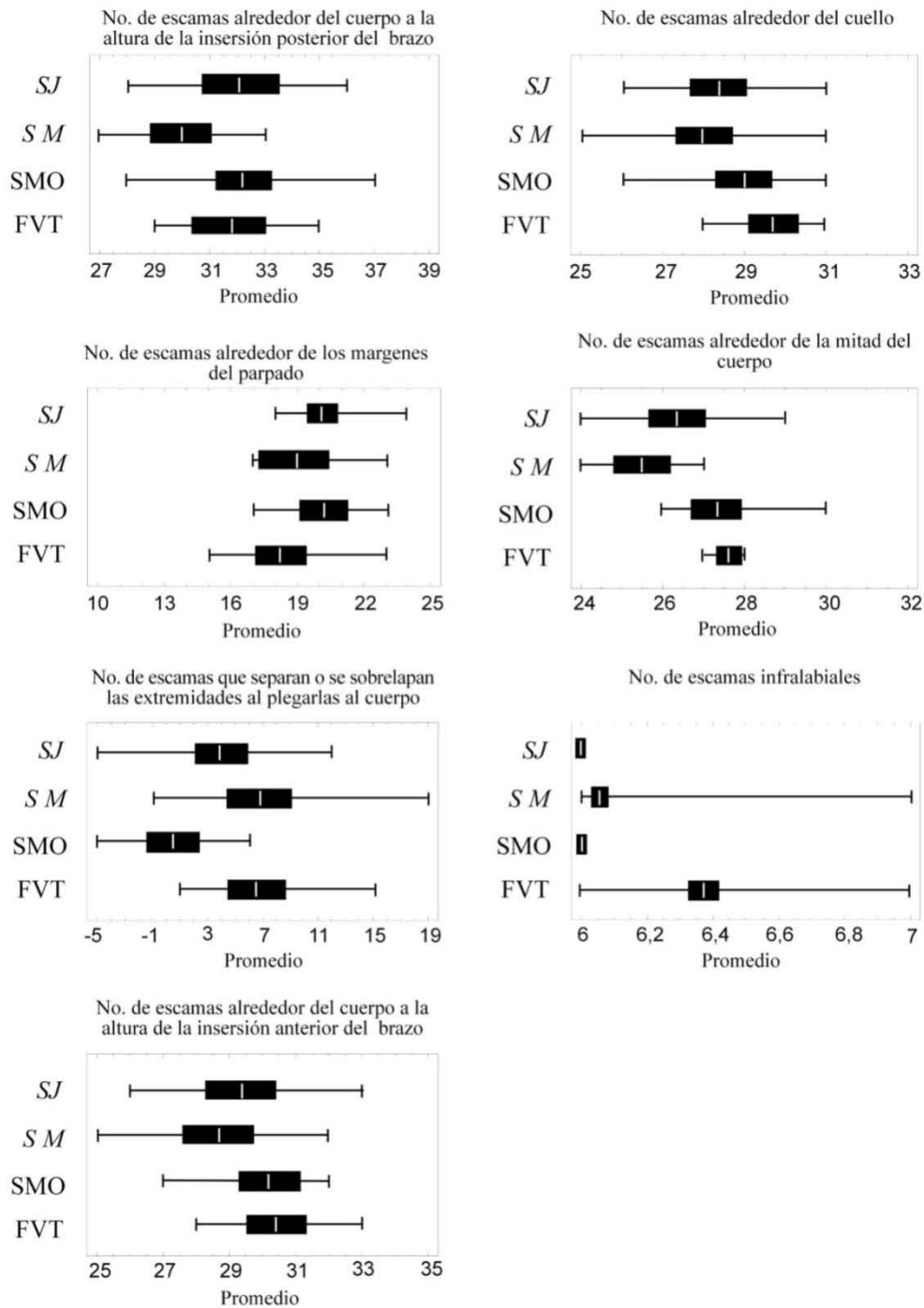


Figura 14.- ANOVAs de los caracteres que nos permiten separar las diferentes especies de *Scincella gemmingeri* sugeridas por el análisis filogenético. La línea vertical representan la media, las barras la desviación estándar y la línea horizontal el intervalo: A ($F = 1.70$, $P = 0.0017$), B ($F = 3.88$, $P = 0.0120$), C ($F = 4.96$, $P = 0.0035$), D ($F = 14.120$, $P = 0.0001$), E ($F = 9.99$, $P = 0.0001$), F ($F = 8.57$, $P = 0.0004$), G ($F = 3.92$, $P = 0.0120$). SM = Sierra Mixe, CHM = Chimalapas, FVT = Franja Volcánica Transmexicana, SMO = Sierra Madre Oriental, SJ = Sierra Juárez.

Además de las diferencias ya mencionadas, las poblaciones de la Sierra Mixe difieren significativamente de las de la Sierra de Juárez por presentar un número menor de escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción posterior del brazo (Fig. 14). En ambos casos, todos los caracteres presentaron un margen amplio de solapamiento y las diferencias encontradas, no permiten establecer una separación clara entre las especies sugeridas.

Los análisis de componentes principales de los caracteres merísticos y morfométricos no indican ninguna diferencia entre las poblaciones de los cuatro clados (Figs. 15 y 16).

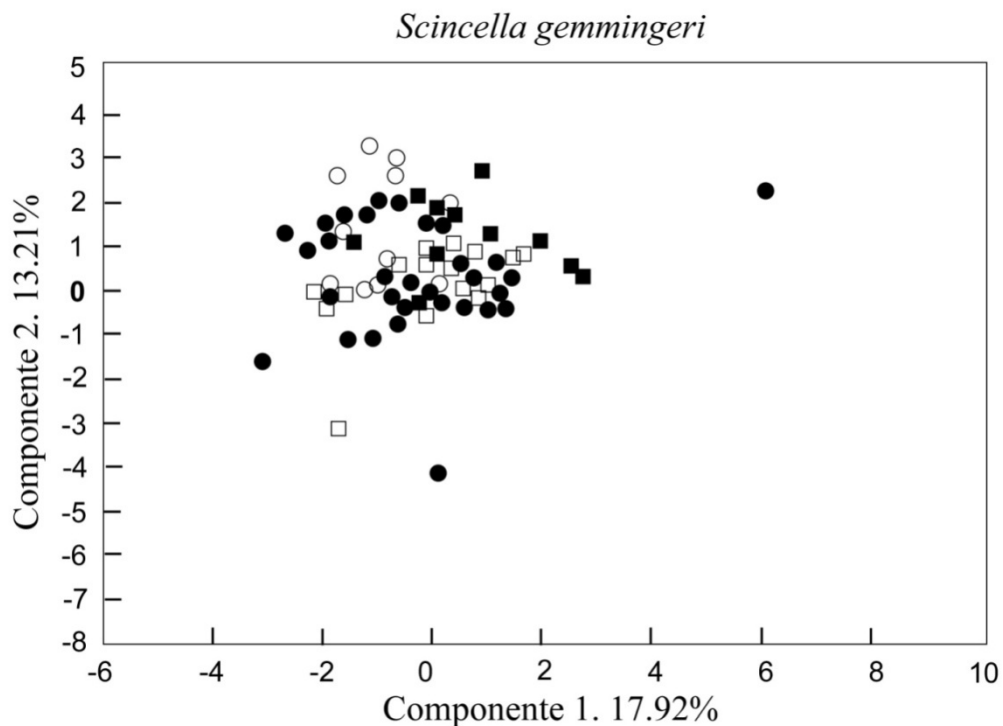


Figura 15.- Gráfica de análisis de componentes principales de los caracteres merísticos en las poblaciones asignadas a *Scincella gemmingeri*. ● Faja Volcánica, ○ Sierra de Juárez, □ SMO, ■ Sierra Mixe.

Finalmente, las tres primeras especies sugeridas por el análisis filogenético forman un solo clado con distribución en la Sierra Madre Oriental, Faja Volcánica Transmexicana y Sierra de Juárez, áreas que se caracterizan por poseer climas diferentes y relaciones biogeográficas independiente (Luna *et al.*, 2004; Ferrusquía-Villafranca, 1990). A pesar del aparente aislamiento geográfico entre ellas, el análisis morfológico únicamente arrojó pequeñas diferencias estadísticas entre sus individuos en todos los caracteres examinados, y siempre con un fuerte solapamiento de sus intervalos de variación (Cuadro 6; figuras 14, 15, 16). Asimismo, la ausencia de flujo génico entre las poblaciones de las tres áreas mencionadas no se ha demostrado en definitiva, ya que existen

registros aislados en zonas intermedias entre ellas que no fueron representados en el análisis filogenético (Apéndice 1).

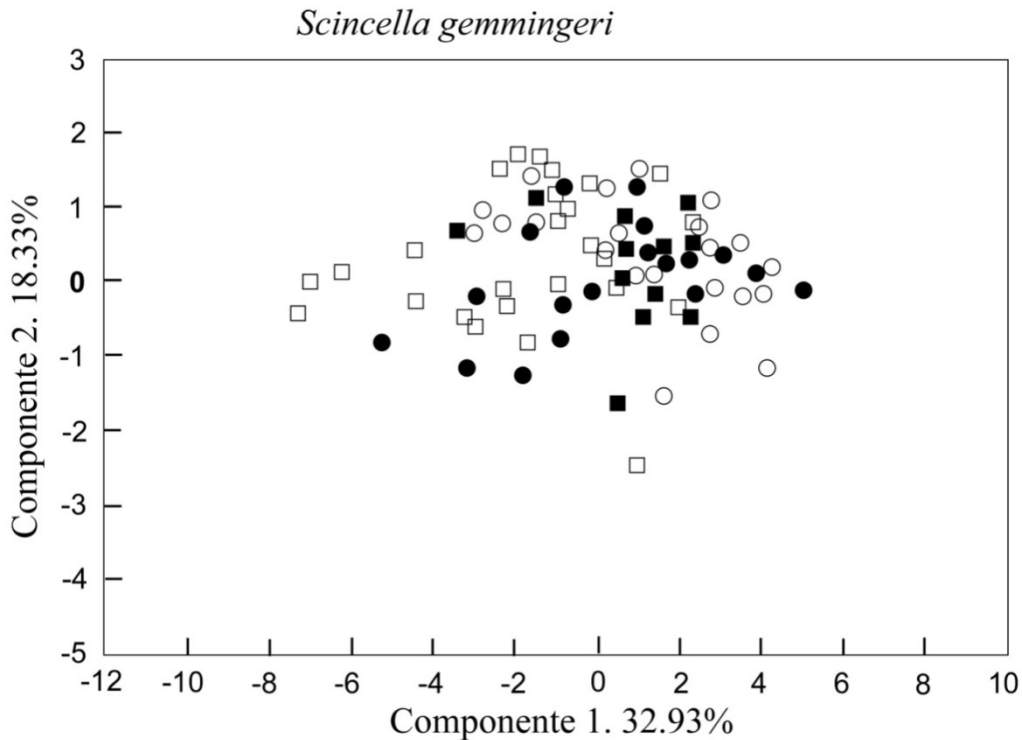


Figura 16.- Gráfica de análisis de componentes principales de los caracteres morfométricos de *Scincella gemmingeri*. ●Faja Volcánica, ○ Sierra de Juárez, □ SMO, ■ Sierra Mixe.

La delimitación de especies crípticas de distribuciones cercanas con base en su aislamiento genético, implica incluir en los análisis un gran número de haplotipos de toda su área de distribución, con énfasis en aquellas áreas cercanas o de contacto (Templeton, 1981; Wiens y Penkrot, 2002), porque una muestra de pocos individuos por localidad puede recobrar una hipótesis filogenética errónea y la inclusión de más individuos arrojar un árbol diferente (Neigel y Avise, 1993; Wiens y Preknot, 2002; Morando *et al.*, 2003). De esta manera, parece arriesgado aquí separar las tres especies sugeridas por el análisis filogenético. Por lo tanto, considerando que el número de escamas alrededor del cuerpo, número de laminillas infradigitales debajo del cuarto dedo, patrón de coloración y tamaño de las extremidades de las poblaciones de la SMO, FVT y SJ son consistentes con la descripción de *Oligosoma gemmingeri* (Cope, 1846) y el análisis de variación en la serie tipo de *Leiolopisma gemmingeri* (Taylor, 1937), estas poblaciones deben seguir tentativamente bajo el nombre específico de *Scincella gemmingeri*, con distribución en el sur de la Sierra Madre Oriental, este de la Faja Volcánica Transmexicana y noroeste de la Sierra Juárez (Fig. 17). En algunos trabajos se ha mencionado la presencia de *S. gemmingeri* en los estados de San Luis Potosí y Nuevo León (Lazcano *et al.*, 2000), sin embargo, el examen de los organismos

mencionados por este autor para San Luís Potosí y Nuevo León reveló características del patrón de coloración y tamaño de las extremidades que coinciden con las de *Scincella caudaequinae* (Taylor, 1946).

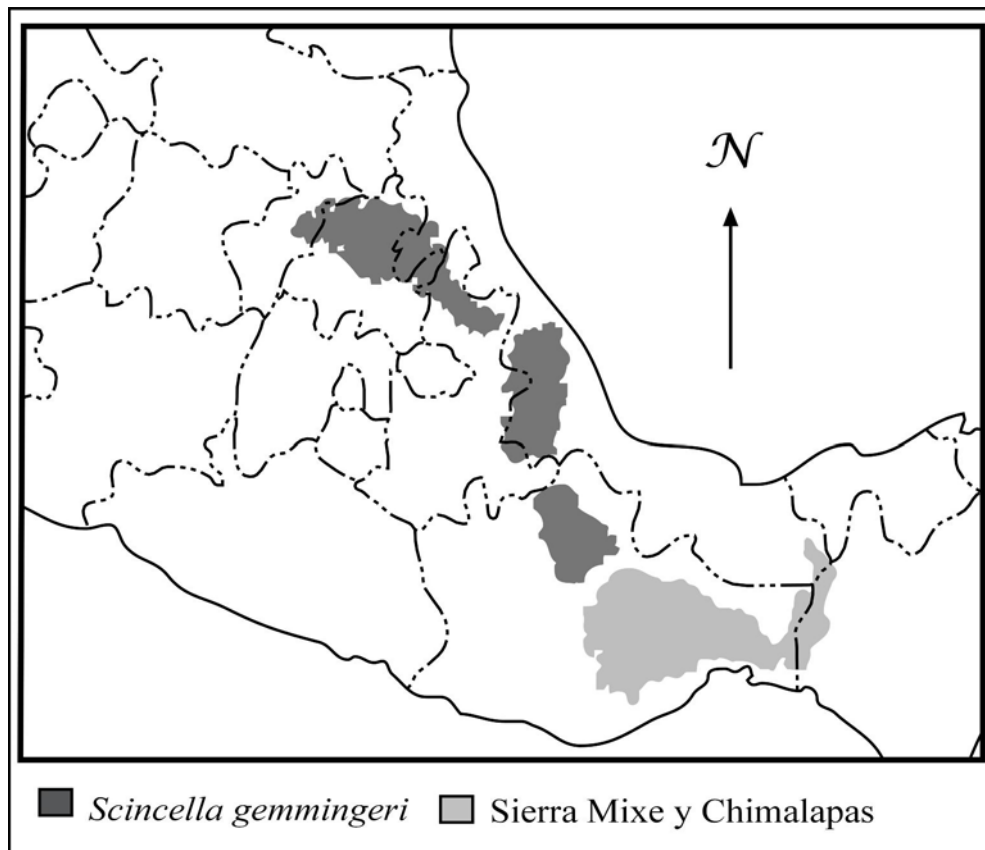


Figura 17.- Distribución de *Scincella gemmingeri* y la especie propuesta con distribución en la Sierra Mixe y zona de los Chimalapas.

Cabe destacar que la distribución de estas tres especies sugeridas por el análisis filogenético incluye regiones con hábitats similares pero de orígenes geológicos diferentes (Ferrusquía-Villafranca, 1990). Esto ha favorecido los eventos de especiación en diferentes grupos de vertebrados (Luna-Vega *et al.*, 2004; León-Paniagua *et al.*, 2007), incluyendo algunos géneros de lagartijas como *Abronia* (Campbell y Frost, 1993), *Anolis* y *Xenosaurus* (Nieto-Montes de Oca, com pers.). Con base en esto, es posible que al incluir en el análisis filogenético un mayor número de haplotipos de las especies sugeridas se confirme la ausencia de flujo génico entre ellas, por lo que *Scincella gemmingeri* pudiera representar tres especies con distribuciones alopátridas.

La cuarta especie sugerida por el análisis filogenético está representada por un clado con distribución en la sierra Mixe y la región de los Chimalapas, más emparentado con el haplotipo de

S. silvicola de los Tuxtlas. Al igual que en los casos anteriores, el análisis de los caracteres morfológicos no permite una diferenciación de estas poblaciones con respecto a las demás poblaciones asignadas a *S. gemmingeri*. Sin embargo, considerando su aislamiento geográfico respecto a estas poblaciones (Fig. 17), así como sus distintas relaciones filogenéticas, las poblaciones de la Sierra Mixe y Los Chimalapas deben ser reconocidas como un linaje independiente (Wiens y Penkrot, 2002; Morando *et al.*, 2003; Sites y Marshal, 2004).

***Scincella silvicola*.**— Dado que el haplotipo de *S. s. silvicola* de Los Tuxtlas no se agrupó con los demás haplotipos de *S. silvicola* (ver arriba), los haplotipos de esta especie focal no fueron exclusivos. La distancia filogenética y geográfica del haplotipo de Los Tuxtlas respecto a los demás haplotipos asignados a *S. s. silvicola*, así como el fuerte apoyo de su relación con haplotipos asignados a *S. gemmingeri*, sugieren que dicho haplotipo representa una especie distinta de *S. silvicola*. Por otra parte, con excepción del haplotipo de los Tuxtlas, los demás haplotipos de *S. silvicola* sí formaron un solo clado. Este clado está compuesto por tres grupos bien apoyados en su mayoría de haplotipos exclusivos, congruentes con la geografía y alopatridos entre sí: un grupo compuesto por los haplotipos de *S. s. silvicola* de la Sierra Madre Oriental (SMO); otro grupo, hermano del primero, compuesto por los haplotipos de *S. s. caudaequinae*, del norte de la SMO, y un tercer grupo integrado por los haplotipos de *S. s. silvicola* de la Faja Volcánica Transmexicana y la Depresión de Valle de Tehuacán-Cuicatlán (Fig. 8, clados A y B). Dado que no hay evidencia de flujo génico entre estos tres grupos, ni entre ellos y el haplotipo de Los Tuxtlas, la hipótesis filogenética sugiere que *S. silvicola* podría ser un taxón compuesto por cuatro especies (Wiens y Penkrot, 2002).

Divergencia genética y correlación entre distancias genéticas y distancias geográficas.— Los valores de correlación obtenidos de la prueba de Mantel no muestran una correlación significativa entre las distancias genéticas y las distancias geográficas ($r = 0.0506$; $p = 0.561$). Los haplotipos de la localidad tipo y del Valle de Tehuacán-Cuicatlán presentan los valores más bajos de divergencia al ser comparados con los haplotipos de *S. caudaequinae* (Cuadro 4).

Evidencia morfológica.— Tradicionalmente, las poblaciones de *S. silvicola* han sido distinguidas de las de otras especies de *Scincella* por poseer más de 30 escamas alrededor de la mitad del cuerpo y extremidades relativamente largas, que al plegarse al cuerpo se superponen entre sí. Además, *S. s. silvicola* posee un patrón de coloración con una franja lateral oscura, difusa, e interrumpida por puntos claros en cada costado, que tiende a desaparecer más atrás de la mitad del cuerpo, mientras que *S. s. caudaequinae* presenta una franja lateral oscura bien definida desde la punta del hocico

hasta la base de la cola. El patrón de coloración de *S. s. silvicola* es único entre las especies de *Scincella*. (Fig. 18).



Figura 18.- Patrón de coloración de *Scincella s. caudaequinae* (izquierda) y *S. s. silvicola* (derecha).

De acuerdo con el análisis estadístico de los caracteres morfológicos, se puede observar que las poblaciones de *S. s. silvicola* de la Sierra Madre Oriental (SMO) presentan diferencias estadísticas con respecto al resto de las poblaciones de *S. s. silvicola* al presentar en promedio mayores números de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción posterior del brazo, alrededor del cuerpo al nivel de la inserción anterior del brazo y alrededor del cuello, y números de escamas dorsales y escamas en ambos márgenes del párpado (Cuadro 7; Fig. 19).

No se encontraron diferencias entre la población de *S. s. silvicola* de la región de Los Tuxtlas y las poblaciones de las partes bajas del estado de Veracruz, sur de Puebla y Valle de Tehuacán-Cuicatlán, que incluyen la serie tipo (*S. silvicola*). Por otra parte, las poblaciones de *Scincella s. caudaequinae* difieren estadísticamente de las poblaciones de *S. s. silvicola* por poseer números menores de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción posterior del brazo, alrededor del cuello, alrededor del cuerpo al nivel de la inserción anterior del brazo, alrededor de la mitad del cuerpo, y de laminillas subdigitales; así como un número mayor de escamas nucales (Cuadro 7; fig. 19). En todos los casos, los caracteres se superlapan entre individuos de las especies sugeridas.

Cuadro 7.- Estadística descriptiva de los caracteres merísticos de los taxones tradicionalmente asignados a *S. silvicola* X = promedio, DE = Desviación estándar, IV = Intervalo de variación y N = Tamaño de la muestra. Sierra Madre Oriental (SMO), Valle de Tehuacán-Cuicatlán, sur de Puebla y partes bajas de Veracruz (*S. silvicola*)

	No. de escamas nucuales alargadas	No. de escamas palpebrales	No de escamas alrededor del cuello	No de escamas alrededor de la inserción anterior del brazo	No de escamas alrededor de la inserción superior del brazo
Los Tuxtlas $N = 13$	$X = 1.76$ $DE = 1.71$ $IV = 0-5$	$X = 21.3$ $DE = 1.43$ $IV = 18-23$	$X = 32.5$ $DE = 1.64$ $IV = 30-36$	$X = 33$ $DE = 1.41$ $IV = 31-36$	$X = 34.6$ $DE = 2.64$ $IV = 33-36$
<i>S. silvicola</i> $N = 25$	$X = 1.32$ $DE = 1.28$ $IV = 0-4$	$X = 19.87$ $DE = 2.33$ $IV = 16-23$	$X = 32$ $DE = 0.7$ $IV = 31-33$	$X = 32.37$ $DE = 1.4$ $IV = 30-35$	$X = 33.5$ $DE = 1.8$ $IV = 30-36$
SMO $N = 35$	$X = 1.48$ $DE = 1.53$ $IV = 0-5$	$X = 22.34$ $DE = 1.37$ $IV = 20-25$	$X = 33.22$ $DE = 1.55$ $IV = 30-36$	$X = 33.94$ $DE = 1.92$ $IV = 29-37$	$X = 36.7$ $DE = 2.95$ $IV = 32-42$
<i>S. caudaequinae</i> $N = 49$	$X = 2.71$ $DE = 1.59$ $IV = 0-7$	$X = 20.46$ $DE = 1.67$ $IV = 16-25$	$X = 30.12$ $DE = 1.39$ $IV = 27-33$	$X = 30.45$ $DE = 2.08$ $IV = 26-35$	$X = 31.97$ $DE = 2.70$ $IV = 27-38$

	No. de escamas alrededor de la mitad del cuerpo	No. de escamas dorsales	No. de escamas que se separan o sobrelapan las extremidades al plegarlas al cuerpo	No. de laminillas infradigitales del cuarto dedo
Tuxtlas $N = 13$	$X = 30.76$ $DE = 1.04$ $IV = 29-32$	$X = 61.46$ $DE = 3.17$ $IV = 57-68$	$X = -7.30$ $DE = 3.42$ $IV = -15/-2$	$X = 18.84$ $DE = 1.02$ $IV = 17-20$
<i>S. silvicola</i> $N = 25$	$X = 30.25$ $DE = 1.19$ $IV = 29-32$	$X = 60.57$ $DE = 2.77$ $IV = 55-64$	$X = -8.75$ $DE = 4.05$ $IV = -18/-4$	$X = 19.37$ $DE = 1.31$ $IV = 17-22$
SMO $N = 35$	$X = 32$ $DE = 0.81$ $IV = 31-33$	$X = 64$ $DE = 3.91$ $IV = 56-71$	$X = -9.33$ $DE = 1.24$ $IV = -11/-8$	$X = 19$ $DE = 1.41$ $IV = 17-20$
<i>S. caudaequinae</i> $N = 49$	$X = 28.87$ $DE = 1.31$ $IV = 26-32$	$X = 61.53$ $DE = 4.08$ $IV = 54-71$	$X = -3.14$ $DE = 4.39$ $IV = -11/9$	$X = 17.79$ $DE = 1.24$ $IV = 15-20$

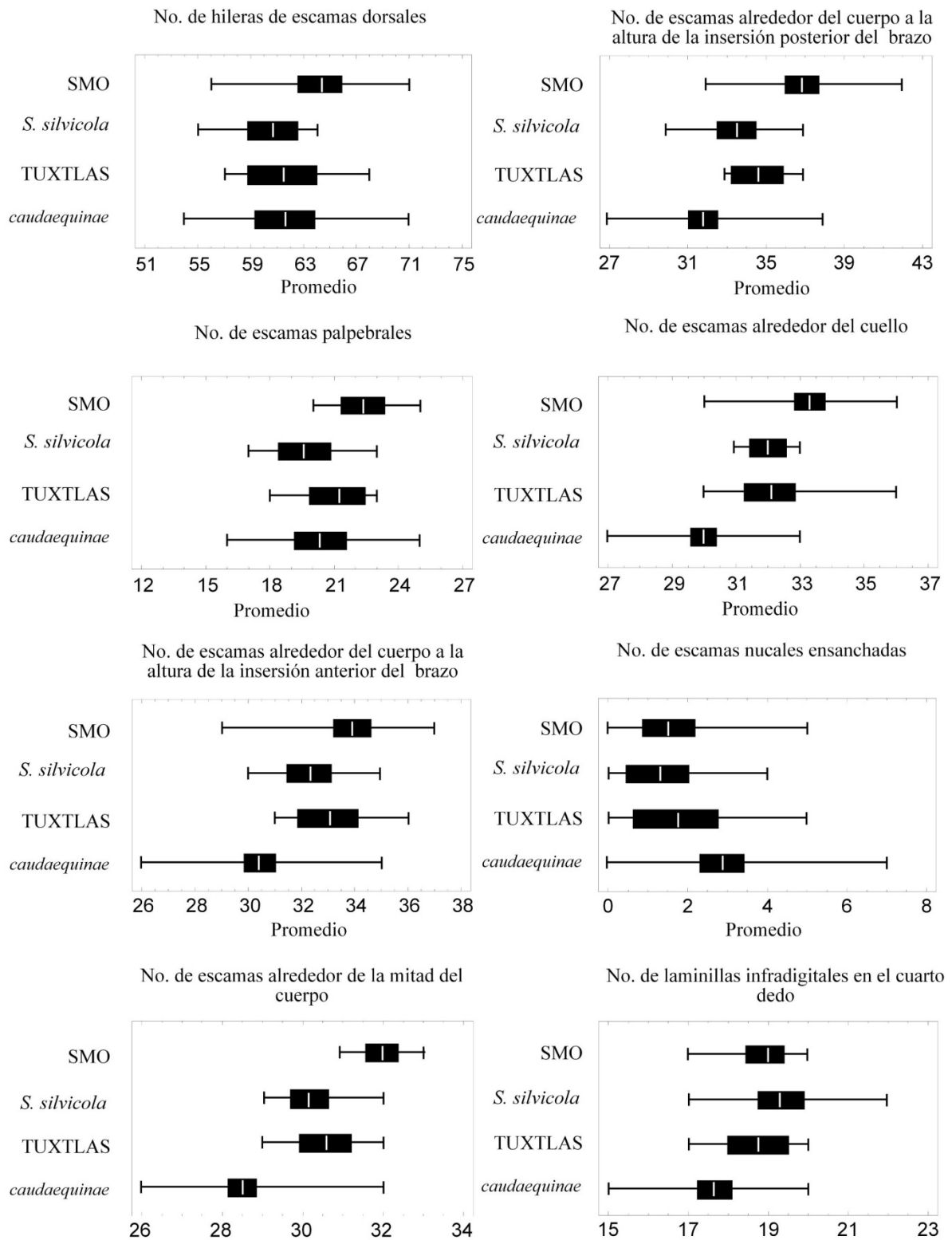


Figura 19.- ANOVA de los caracteres que nos permiten separar dos de las tres especies de *Scincella s. silvicola* reconocidas en el análisis filogenético y a *S. s. caudaequinae*. La línea vertical representan la media, las barras la desviación estándar y la línea horizontal el intervalo: A ($F = 3.58$, $P = 0.016$); B ($F = 22.05$, $P = 0.0003$); C ($F = 9.62$, $P = 0.0002$); D ($F = 36.06$, $P = 0.004$); E ($F = 25.20$, $P = 0.0005$); F ($F = 6.57$, $P = 0.0004$); G ($F = 13.73$, $P = 0.003$) y H ($F = 10.77$, $P = 0.0001$). Sierra Madre Oriental (SMO), Valle de Tehuacán-Cuicatlán, sur de Puebla y partes bajas de Veracruz (*S. silvicola*).

El análisis de PCA de los caracteres merísticos indica una separación de la mayoría de los individuos de *S. s. caudaequinae* con respecto a los de *S. s. silvicola* de la SMO. Las variables que más contribuyen a explicar esta separación son los números de escamas alrededor del cuerpo al nivel de la inserción posterior del brazo y alrededor de la mitad del cuerpo y el número de laminillas infradigitales. Los individuos de las poblaciones de los Tuxtlas y las partes bajas del sur de Puebla y Veracruz y el Valle de Tehuacán-Cuicatlán no se separan de los del resto de las poblaciones (Fig. 20). El análisis de los caracteres morfométricos no indica ninguna separación entre las especies sugeridas por el análisis filogenético (Fig. 21).

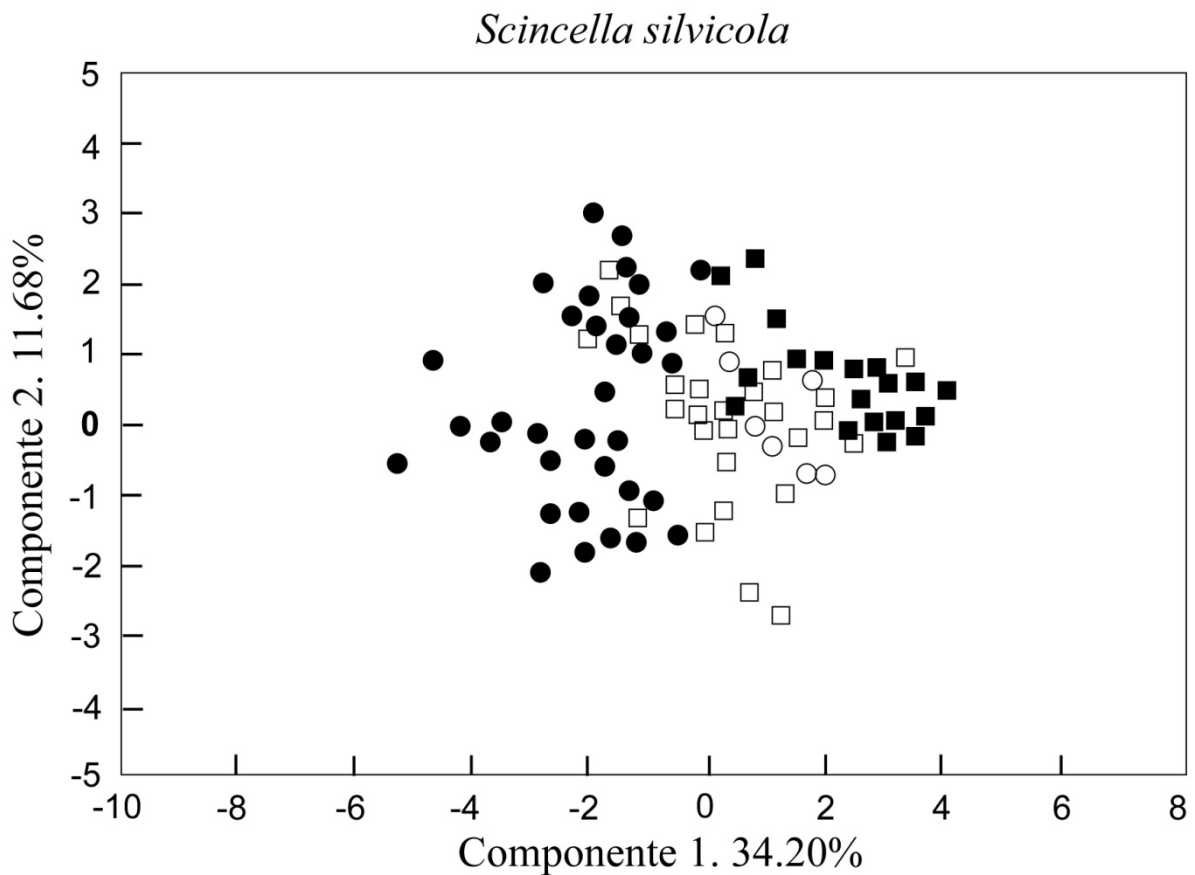


Figura 20.- Gráfica del análisis de componentes principales de los caracteres merísticos de *Scincella silvicola*. ■ SMO, □ Veracruz, Puebla y Oaxaca, ○ Sierra de los Tuxtlas, ● *S. s. caudaequinae*.

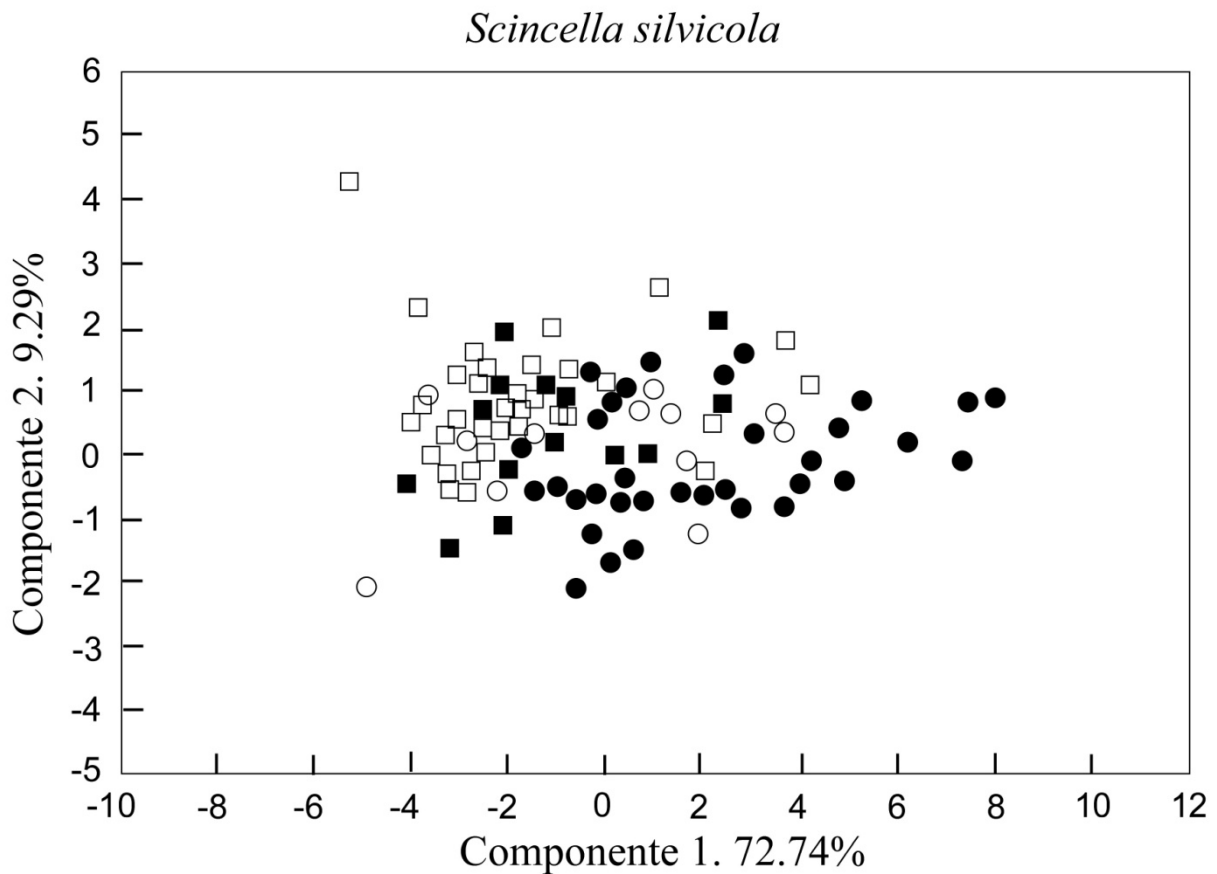


Figura 21.- Gráfica del análisis de componentes principales de los caracteres morfométricos de *Scincella silvicola*. ■ SMO, □ Veracruz, Puebla y Oaxaca, ○ Sierra de los Tuxtlas, ● *S. s. caudaequinae*.

Considerando todas las características anteriores, una de las especies sugeridas por el análisis filogenético corresponde a las poblaciones asignadas a *S. s. caudaequinae* (Smith, 1951), que de acuerdo con el análisis no presenta flujo génico con el resto de las especies de *Scincella* (Wiens y Penkrot, 2002). Adicionalmente, y a pesar de que la variación en la mayoría de sus caracteres morfológicos evaluados muestra un solapamiento con la de *S. s. silvicola* (Cuadro 6; fig. 19), *S. s. caudaequinae* posee en el tamaño de las extremidades y en el patrón de coloración (ver arriba) una combinación única de caracteres que permiten diferenciarla del resto de las especies del género (Smith, 1951). Considerando la ausencia de flujo génico, la exclusividad morfológica y el aislamiento geográfico (Fig 22), y contrario a lo mencionado por Smith (1954), quien la relega a nivel de subespecie dentro de *S. silvicola*, *S. s. caudaequinae* debe ser elevada a nivel de especie como un taxón independiente de *S. silvicola* (García-Vázquez, 2003; García-Vázquez y Feria-Ortiz, 2006), con distribución en la SMO al norte del Río Pánuco (Fig. 22) que aparentemente ha tenido una gran influencia sobre la distribución de las especies al fungir como barrera geográfica (Ruiz-Jiménez et al., 2004); esta distinción entre el norte y sur del río también se ha observado en otros grupos de lagartijas como el género *Xenosaurus* (King y Thompson, 1968).

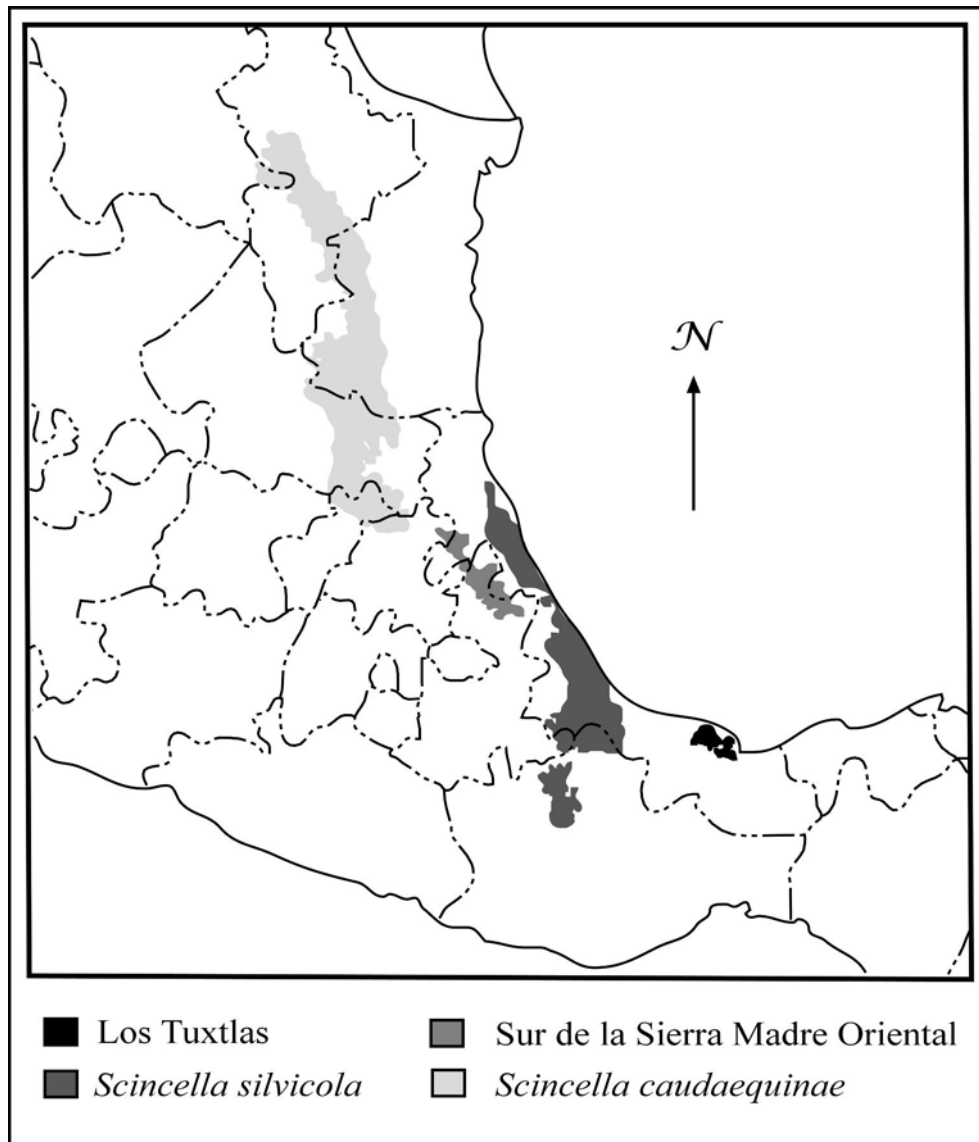


Figura 22.- Distribución de *Scincella caudaequinae*, *Scincella silvicola* y las especies propuestas con distribución en la SMO y en Los Tuxtlas.

Otras dos especies sugeridas por el análisis filogenético corresponden, por una parte, a las poblaciones de la SMO al sur del Río Pánuco y por otra a las poblaciones de la Faja Volcánica Transmexicana (FVT), la Depresión del Valle de Tehuacán-Cuicatlán (T-C) y Planicie Costera. Como sucede en otros taxones del género, ninguna de estas poblaciones presentan características morfológicas exclusivas que permitan diferenciarlas del resto de las poblaciones del género; sin embargo, a pesar del solapamiento en los caracteres morfológicos evaluados y a que únicamente se incluyeron dos y tres haplotipos de cada una, respectivamente, es evidente la ausencia de flujo génico con otras especies morfológicamente más similares, ya que uno de los taxones se encuentra más relacionados a *S. caudaequinae* que pose características morfológicas exclusivas (Smith, 1951). Por otra parte, además del aislamiento geográfico entre estas poblaciones (Fig. 22), es notoria la distinción que existe en el hábitat que ocupan, ya que las poblaciones de la SMO habitan

exclusivamente en bosques mesofilos de montaña (García-Vázquez, 2003; Canseco-Márquez *et al.*, 2004), mientras que las poblaciones de la FVT y la Depresión del Valle T-C, habitan en ambientes más tropicales y a altitudes menores como son el bosque tropical perennifolio y el bosque tropical subcaducifolio (García-Vázquez, 2003). Considerando todas estas características las poblaciones de la SMO deben considerarse como una especie diferente, mientras que las poblaciones de la FVT y la Depresión del Valle T-C (Smith y Taylor, 1960; Pons *et. al.*, 2006) contienen a la localidad tipo de *Leiolopisma silvicolum* y son morfológicamente similares a su serie tipo, (Taylor, 1937), por lo que deben conservar el nombre específico de *Scincella silvicola*.

Cabe aclarar que debido al aislamiento geográfico entre ellas, y a pesar de su similitud morfológica, es necesario incluir en el análisis filogenético más haplotipos de la FVT y Valle de T-C, para determinar de manera más confiable su coespecificidad (Wiens y Penkrot, 2002).

La última especie de *S. silvicola* sugerida por el análisis filogenético corresponde a una población aislada en la región de los Tuxtlas, región que se caracteriza por su diversidad de ambientes, tipos de vegetación y complejidad geológica, lo cual ha permitido el desarrollo de un gran número de endemismos (Dirzo *et al.*, 1997), dentro de los que se incluyen seis taxones de lagartijas (Vogt *et al.*, 1997). A pesar de que aparentemente no existen diferencias morfológicas que nos permitan separar esta especie de *S. silvicola* y las poblaciones de la SMO, esta especie está más relacionada a las poblaciones de *S. gemmingeri* de la Sierra Mixe-Chimalapas, y representa un taxón independiente más relacionado las poblaciones de Oaxaca. Esta relación ha sido ampliamente documentada en otros grupos de herpetozoos como *Abronia* (Campbell y Frost, 1993), *Xenosaurus* (Canseco-Márquez, 2005) y *Crotalus* (Quijada-Mascareñas y Wüster, 2006), en los cuales se han encontrado relaciones filogenéticas estrechas entre especies de los Tuxtlas y del sureste de Oaxaca.

***Sphenomorphus*.**— La hipótesis filogenética sugiere que varias de las especies y subespecies americanas reconocidas dentro de este género no son exclusivas. *Sphenomorphus cherriae* es parafilética con respecto a *S. assatum taylori* de Guerrero; asimismo, *S. c. cherriae* es parafilética con respecto a *S. c. ixbaac* de Campeche y *S. c. stuarti*, mientras que la exclusividad de *Sphenomorphus a. assatum* y *S. incertum* no puede evaluarse en este estudio, debido a que únicamente se incluyó una muestra de cada taxón (Fig. 8).

Evolución de la longitud de las extremidades. —Una de las características más frecuentes dentro de la familia Scincidae es la tendencia a la reducción del tamaño de las extremidades y a una forma del cuerpo elongada, similar a las serpientes (Brandley *et al.*, 2008). Como sucede en otros grupos de escincos (Greer, 1970), dentro de las especies americanas de *Scincella* la reducción de las

extremidades ha ocurrido de manera independiente en diversos grupos. Considerando la hipótesis filogenética planteada en este estudio, esta característica ha evolucionado de manera separada en al menos tres grupos: *Scincella gemmingeri*, *S. lateralis* y *S. sp. nov.* [Mixe], mientras que la presencia de extremidades largas es una característica que se ha conservado en *S. caudaequinae*, *S. silvicola*, *S. sp. nov.* [Tuxtlas] y *S. sp. nov.* [SMO]. En el caso de *S. kikaapoa*, las relaciones filogenéticas sugieren una reversión en el tamaño de los miembros, ya que aparentemente esta especie evolucionó a partir de ancestros con extremidades cortas, situación que se ha encontrado en otros grupos de escamados (Kohlsdorf y Wagner, 2006), y que ha sido explicada como adaptación a factores ecológicos locales, tal como sucede con *S. kikaapoa*, que presenta una distribución restringida a un hábitat con características únicas y diferentes a aquellas de los lugares donde se distribuye *S. lateralis*. Por otra parte, estudios previos han demostrado que casos de homoplasia pueden ser explicados por asociaciones biogeográficas y de competencia (Wiens *et al.*, 2006), y que regiones ecológicas similares puede dar lugar a adaptaciones morfológicas similares en los organismos (Losos *et al.*, 1998). Excluyendo al clado norteño de *S. lateralis* y *S. kikaapoa*, los dos clados de poblaciones con extremidades cortas se distribuyen en bosques mesófilos de montaña de origen biogeográfico independiente (Luna-Vega *et al.*, 2004), pero con características ecológicas similares.

CONCLUSIONES

- El género *Scincella* es un grupo parafilético, ya que algunos haplotipos de *Sphenomorphus* se agrupan con las especies del grupo *Oligosoma*.
- *Scincella lateralis* y *S. kikaapoa* forman un clado bien sustentado, pero el análisis morfológico permite separar únicamente a *Scincella kikaapoa* del resto de las poblaciones; no así a otras poblaciones dentro de *S. lateralis*.
- *Scincella gemmingeri* es un taxón polifilético, dado que sus haplotipos no forman un grupo exclusivo, sino dos grupos lejanamente emparentados y mutuamente exclusivos y alopátridos.
- Dado que no hay evidencia de flujo génico entre estos los dos clados de *S. gemmingeri*, la hipótesis filogenética sugiere que *S. gemmingeri* podría ser un taxón compuesto por dos especies: *S. gemmingeri* y una especie no descrita.

- *Scincella silvicola* es un taxón polifilético, dado que el haplotipo de *S. s. silvicola* de Los Tuxtlas está más relacionado a algunos haplotipos de *S. gemmingeri* que a los demás haplotipos de *S. s. silvicola*.
- La distancia filogenética y geográfica del haplotipo de Los Tuxtlas respecto a los demás haplotipos asignados a *S. s. silvicola*, así como el fuerte apoyo de su relación con haplotipos asignados a *S. gemmingeri*, sugieren que dicho haplotipo representa una especie distinta de *S. silvicola*.
- Dado que no hay evidencia de flujo génico entre los clados de *Scincella silvicola*, ni entre éstos y el haplotipo de Los Tuxtlas, la hipótesis filogenética sugiere que *S. silvicola* podría ser un taxón compuesto por cuatro especies: *S. silvicola*, *S. caudaequinae*, y dos especies no descritas.

DESCRIPCIÓN DE LAS ESPECIES PROPUESTAS

Scincella caudaequinae (Smith, 1951)

Leiolopisma caudaequinae Smith, 1951

Leiolopisma silvicola caudaequinae (Darling y Smith, 1954)

Holotipo.- UIMNH 10131

Localidad tipo.- Salto Cola de Caballo, 25 millas al sureste de Monterrey, Nuevo León.

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 55.3 mm. Frontoparietal dividida; interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 0-7 nucales ensanchadas en series pareadas; 16-25 escamas palpebrales; 26-35 escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción anterior del brazo; 27-33 escamas alrededor del cuello; 26-32 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 54-71 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos ligeramente largos, cuando las extremidades son plegadas al cuerpo, se sobrelapan hasta en 11 escamas (adultos); en crías y jóvenes pueden estar separadas hasta por nueve. 15-20 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Color del cuerpo con el dorso marrón oscuro con puntos negros poco visibles en la mayoría de los ejemplares; franjas dorsolaterales

oscuras y líneas laterales claras, bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca; vientre color crema.

Comparaciones.— *Scincella caudaequinae* difiere de *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), al poseer franjas oscuras y líneas claras dorsolaterales continuas hasta el margen distal de la cloaca; de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal; de *S. gemmingeri* y *S. sp. nov.* (Sierra Mixe) por poseer extremidades más largas (las extremidades se superponen cuando se pliegan al cuerpo en adultos de *S. caudaequinae*, mientras que se separan por hasta 15 escamas en las otras dos especies).

Distribución.— Se localiza en el noreste del país, al norte del Río Pánuco en la Sierra Madre Oriental. Incluye el este de Coahuila (García-Vázquez *et al.*, 2005), norte de Querétaro (Dixon *et al.*, 1972), centro y sur de Nuevo León, este de San Luis Potosí (Smith, 1951), centro y sur de Tamaulipas (Lavin *et al.*, 2006) y norte de Hidalgo (García-Vázquez *et al.*, 2004) (Fig. 22). Esta especie ha sido registrada a altitudes entre los 834 y 1200 m. en bosque de pino, encino y bosque mesófilo de montaña.

***Scincella gemmingeri* (Cope, 1864)**

Leiolopisma forbesorum (Taylor, 1937)

Oligosoma gemmingeri (Cope, 1864)

Lygosoma gemmingeri (Bocourt, 1881)

Leiolopisma gemmingeri (Taylor, 1937)

Leiolopisma gemmingeri gemmingeri (Smith 1951) (en parte)

Leiolopisma gemmingeri forbesorum (Smith 1951)

Lygosoma laterale (Boulenger, 1887)

Holotipo.- USNM 6331

Localidad tipo. Orizaba, Veracruz

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 59.25 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 1-6 nucales ensanchadas en series pareadas; 15-24 escamas palpebrales; 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. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros

pentadáctilos cortos, separados por hasta 15 escamas cuando son plegados al cuerpo, en jóvenes rara vez se sobrelapan y en no más de 5 escamas; 14-19 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Cuerpo con el dorso uniforme de color marrón oscuro sin puntos negros; franjas dorsolaterales oscuras y líneas laterales claras, bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca; vientre color crema.

Comparaciones.— *Scincella gemmingeri* difiere de *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), al poseer franjas oscuras y líneas claras dorsolaterales continuas hasta el margen distal de la cloaca; de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal; de *S. caudaequinae*, *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), por poseer extremidades más cortas (las extremidades se separan hasta por 15 escamas cuando se pliegan al cuerpo, mientras que se superponen en las otras tres especies

Distribución.— *Scincella gemmingeri* se distribuye en el este del país, en el sur de la Sierra Madre Oriental, este de la Franja Volcánica Transmexicana y noreste de la Sierra Madre del Sur, y en la Sierra de Juárez en Oaxaca. Incluye el este de Querétaro (García-Vázquez y Mendoza-Hernández, 2006), centro y sur de Hidalgo (Smith y Taylor, 1966), norte de Puebla (Camarillo, 1995), centro de Veracruz y norte de Oaxaca (Smith y Taylor, 1966). Esta especie ha sido registrada en elevaciones entre los 1500 y 2200 m. en bosque de pino, pino-encino, encino y bosque mesófilo de montaña (Fig. 17)

***Scincella sp. nov.* (Sierra Mixe)**

Leiolopisma gemmingeri (Taylor, 1937) (en parte)

Leiolopisma gemmingeri gemmingeri (Smith 1951) (en parte)

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 64.70 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 0-8 nucales ensanchadas en series pareadas; 17-23 escamas palpebrales; 28-33 escamas alrededor del cuerpo en la inserción anterior del brazo; 25-32 escamas alrededor del cuello; 24-27 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 53-68 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos cortos, separados por hasta 19 escamas cuando son plegados al cuerpo; rara vez se sobrelapan y en no más de una escama; 13-18 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Cuerpo con el dorso uniforme de color marrón oscuro sin puntos negros; franjas dorsolaterales oscuras y líneas laterales claras, bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca; vientre color crema.

Comparaciones.— Esta especie puede distinguirse de *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), al poseer franjas oscuras y líneas claras dorsolaterales continuas hasta el margen distal de la cloaca; de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal; de *S. caudaequinae*, *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), por poseer extremidades más cortas (las extremidades se separan hasta por 19 escamas cuando se pliegan al cuerpo, mientras que se superponen en las otras cuatro especies, no presentas diferencias morfológicas evidentes con respecto a *S. gemmingeri*.

Distribución.— Esta especie se distribuye en el sur del país, este de la Sierra Madre del Sur, en la Sierra Mixe, Región de los Chimalapas (Smith y Taylor, 1966; García-Vázquez, 2003), sur de Tabasco (Auth *et al.*, 1999) y oeste de Chiapas (Luna-Reyes *et al.*, 2007; García-Vázquez *et al.*, en prensa) (Fig. 17). Esta especie habita altitudes entre los 1500 y 2200 m. en bosque de pino, pino-encino, encino y bosque mesófilo de montaña.

***Scincella silvicola* (Taylor, 1937)**

Leiolopisma silviculum (Taylor, 1937)

Leiolopisma silvicola silvicola (Darling y Smith, 1954) (en parte)

Holotipo.- FMNH 100008

Localidad tipo.- San Lorenzo, Córdoba, Veracruz

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 59.4 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 0-4 nucales ensanchadas en series pareadas; 16-23 escamas palpebrales; 26-35 escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción anterior del brazo; 30-35 escamas alrededor del cuello; 29-32 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 54-64 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos ligeramente largos, cuando son plegados al cuerpo, se sobrelapan hasta en 18 escamas y no menos de cuatro. 17-22 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Color del cuerpo con el dorso variable de marrón oscuro a claro, con pequeñas manchas más claras en la parte posterior del cuerpo; franjas dorsales oscuras definidas solamente en la parte de la cabeza e interrumpida en el resto del cuerpo por pequeños puntos más claros; una línea lateral clara a cada lado del cuerpo pobremente definidas, interrumpida frecuentemente por puntos más oscuros.

Comparaciones.— *Scincella silvicola* es fácilmente distinguible de *S. caudaequinane*, *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe), *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por poseer franjas oscuras y líneas

claras dorsolaterales interrumpidas a la mitad del cuerpo; de *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe) y *S. lateralis* por poseer extremidades más largas (las extremidades se superponen cuando se pliegan al cuerpo en adultos de *S. silvicola*, mientras que se separan por hasta 19 escamas en las otras especies); de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* en la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal. No se observan diferencias morfológicas evidentes con respecto a *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO).

Distribución.— Se localiza en el centro-este del país, en la Planicie Costera del Golfo, este de la Franja Volcánica Transmexicana, y norte de la Sierra Madre del Sur. Incluyendo la costa y centro de Veracruz (Smith y Taylor, 1966), sur de Puebla (García Vázquez et. al., en prensa), y norte de Oaxaca en la depresión del Valle de Tehuacán-Cuicatlan (Smith y Taylor, 1966) (Fig. 22). Esta especie ha sido registrada en altitudes entre los 100 y 1600 m en bosque tropical perennifolio y bosque tropical caducifolio.

***Scincella sp. nov.* (SMO)**

Leiolopisma silvicola silvicola (Darling y Smith, 1954) (en parte)

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 58.5 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 0-5 nucales ensanchadas en series pareadas; 20-25 escamas palpebrales; 29-37 escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción anterior del brazo; 30-36 escamas alrededor del cuello; 31-33 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 56-71 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos ligeramente largos, cuando son plegados al cuerpo, se sobrelapan hasta en 11 escamas y no menos de ocho. 17-20 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Color del cuerpo con el dorso marrón claro, con pequeñas manchas oscuras en la parte posterior del cuerpo; franjas dorsales oscuras definidas solamente en la parte de la cabeza e interrumpida en el resto del cuerpo por pequeños puntos más claros; una línea lateral clara a cada lado del cuerpo pobremente definida, interrumpida frecuentemente por puntos más oscuros.

Comparaciones.— Esta especie se diferencia de *S. caudaequinane*, *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe), *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por poseer franjas oscuras y líneas claras dorsolaterales interrumpidas a la mitad del cuerpo; de *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe) y *S. lateralis* por el tamaño de las extremidades, mas grandes en *S. sp. nov.* (SMO), al plegarlas al cuerpo se sobrelapan en adultos mientras que en las otras especies están separados por hasta 23 escamas; de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal.

No se observaron diferencias morfológicas evidentes con respecto a; *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. silvicola*.

Distribución.— Se localiza en el noreste del país, en la Sierra Madre Oriental al sur del Río Pánuco en el norte de Puebla (Camarillo, 1995) y sur de Hidalgo (Fig. 22). Esta especie ha sido registrada en altitudes entre los 600 y 1100 m; habita exclusivamente en bosque mésofilo de montaña.

***Scincella sp. nov.* (Tuxtlas)**

Leiolopisma silvicola silvicola (Darling y Smith, 1954) (En parte)

Descripción.— Especie de tamaño relativamente grande, alcanza una LHC max. de 79.1 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria separada de la parietal por una escama pequeña. 0-5 nucales ensanchadas en series pareadas; 18-23 escamas palpebrales; 31-36 escamas alrededor del cuerpo a la altura de la inserción anterior del brazo; 30-36 escamas alrededor del cuello; 29-32 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 57-68 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos ligeramente largos, cuando son plegados al cuerpo, se sobrelapan hasta en 15 escamas y no menos de dos. 17-20 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Color del cuerpo con el dorso marrón claro, con pequeñas manchas oscuras en la parte posterior del cuerpo, apenas visibles; franjas dorsales oscuras definidas solamente en la parte de la cabeza e interrumpida en el resto del cuerpo por pequeños puntos más claros; una línea lateral clara a cada lado del cuerpo pobremente definida, interrumpida frecuentemente por puntos más oscuros.

Comparaciones.— Esta especie se diferencia de *S. caudaequinae*, *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe), *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por poseer franjas oscuras y líneas claras dorsolaterales interrumpidas a la mitad del cuerpo; de *S. gemmingeri*, *S. sp. nov.* (Sierra Mixe) y *S. lateralis* en el tamaño de las extremidades, mas grandes en esta especie, al plegarlas al cuerpo se sobrelapan en adultos mientras que en los otros taxones están separados por hasta 23 escamas; de *S. kikaapoa* y *S. lateralis* por la presencia de una escama pequeña separando la temporal terciaria de la parietal. No presenta diferencias morfológicas con respecto a *S. sp. nov.* (SMO) y *S. silvicola*.

Distribución.— Esta especie esta restringida a las zonas montañosas de la región de los Tuxtlas (Fig. 22), en altitudes entre los 800 y 1200 m en bosque tropical perennifolio

***Scincella lateralis* (Say)**

Scincus lateralis Say (1823)

Leiolopisma lateralis (Cope (1864)

Lygosoma laterale (Bolenger, 1887)

Holotipo.- USNM 3152

Localidad tipo.- Cape River, Río Missisipi, Missouri, Estados Unidos

Descripción.— Especie de tamaño relativamente mediano, alcanza una LHC max. de 59.4 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria alargada, en contacto con la parietal. 4-8 nucales ensanchadas en series pareadas; 14-23 escamas palpebrales ; 25-35 escamas alrededor del cuerpo en la inserción anterior del brazo; 22-33 escamas alrededor del cuello; 24-31 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 56-71 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos cortos, cuando son plegados al cuerpo separados por hasta 23 escamas; rara vez se sobrelapan y en no más de tres escamas; 13-20 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Cuerpo con el dorso uniforme de color marrón claro ocasionalmente con puntos negros apenas visibles en la parte posterior; franjas dorsolaterales oscuras y líneas laterales claras, bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca; vientre color crema.

Comparaciones.— *Scincella lateralis* difiere de *S. silvicola*, *S. sp. nov.* (Tuxtlas) y *S. sp. nov.* (SMO), al poseer un patrón de coloración de las franjas oscuras y las líneas claras dorsolaterales continuas hasta el margen distal de la cloaca y en el tamaño de las extremidades, mas grandes en estas especies, al plegarlas al cuerpo se sobrelapan en adultos mientras que en *S. lateralis* están separados hasta 23 escamas; de *S. kikaapoa* por la presencia de dos líneas oscuras longitudinales en *S. kikaapoa*; del resto de las especies excepto *S. kikaapoa* en la presencia de una escama temporal terciaria alargada en contacto con la parietal.

Distribución.— Se localiza en la parte sureste de los Estados Unidos, desde Illinois al norte hasta el sur de Florida en el este y el sureste de Texas en el suroeste; en México está restringida a las partes altas del norte de Coahuila (García-Vázquez, 2003). Habita altitudes entre 1200 y 2400 m en bosques de coníferas (Fig. 10).

***Scincella kikaapoa* García-Vázquez, Canseco-Márquez y Nieto Montes de Oca (en prensa)**

Scincella lateralis Morafka (1977)

Holotipo.- MZFC 17664

Descripción.— Especie de tamaño pequeño, alcanza una LHC max. de 48.96 mm. Frontoparietal dividida, interparietal rodeada por parietal; frontal en contacto con frontoparietal; temporal terciaria alargada, en contacto con la parietal. 5-9 nucales ensanchadas en series pareadas; 16-21 escamas palpebrales; 25-36 escamas alrededor del cuerpo en la inserción anterior del brazo; 27-34 escamas alrededor del cuello; 26-30 escamas alrededor de la mitad del cuerpo; 56-71 escamas dorsales. Escamas ventrales entre los miembros anteriores más grandes que las dorsales. Miembros pentadáctilos largos, cuando son plegados al cuerpo se sobrelapan hasta en 15 escamas; en jóvenes pueden estar separados por no más de una escama; 16-20 laminillas infradigitales en el cuarto dedo. Cuerpo con el dorso uniforme de color marrón oscuro, sin puntos negros; dos franjas dorsolaterales oscuras a cada lado del cuerpo y líneas laterales claras, bien definidas extendiéndose desde los nostrilos hasta el nivel del margen distal de la cloaca; vientre color crema.

Comparación.— *Scincella kikaapoa* puede diferenciarse del resto de las especies en el patrón de coloración con dos franjas oscuras y las líneas claras dorsolaterales continuas hasta el margen distal de la cloaca; del resto de las especies excepto *S. lateralis* en la presencia de una escama temporal terciaria alargada en contacto con la parietal.

Distribución.— *Scincella kikaapoa* es conocida solo para la región de Cuatro Ciénegas, Coahuila a 739 m de elevación. Habita en los márgenes de los cuerpos de agua en vegetación halófila (García-Vázquez *et al.*, en prensa) (Fig. 10).

LITERATURA CITADA

Auth, D. L., B. Brown, H. Smith y D. Chiszar. 1999 Geographic distribution *Scincella gemmingeri gemmingeri*. Herpetological Review 30:234

Avise, J. C. 1994. Molecular markers, natural history and evolution. New York: Chapman y Hall.

Avise, J. C. 2000. Phylogeography. The history and formation of new species. Massachusetts: Harvard University Press, 447 pp.

Avise, J. C. y R. M. Ball jr. 1990. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy. Oxford Surveys in Evolutionary Biology 7:45-67

Bocourt, F. 1881. Etudes sur les Reptiles et les Batraciens. Mission Scientifique au Mexique. Recherches Zoologiques 3:1012 pp.

Brandley, M. C., A. Schmitz y T. W. Reeder. 2005. Partitioned bayesian analyses, partition choice, and the phylogenetic relationships of Scincid lizards. Systematic Biology. 54:373-390.

Brandley, M. C., J. P. Huelsenbeck y J. J. Wiens. 2008. Rates and patterns in the evolution of snakes-like body form in Squamate reptiles: Evidence for repeated re-evolution of lost digits and long-term persistence of intermediate body forms. Evolution 2008:1-22.

Buckley, T.R., P. Arensburger, C. Simon, G. K. Chambers. 2002. Combine data, bayesian phylogenetics, and the origin of the New Zealand cicada genera. Systematic Biology 51: 4–18.

Camarillo, R. J. L. 1995. Distribution records for some amphibians and reptiles from México. Bulletin of Maryland Herpetological Society. 31:191-197.

Campbell, J. A. y D. R. Frost. 1993. Anguid lizards of the genus *Abronia*: revisionary notes, descriptions of four new species, a phylogenetic analysis, and key. Bulletin of the American Museum of Natural History 216:121 pp.

Cameron, S.A. y P. H. Williams. 2003. Phylogeny of bumble bees in the New World subgenus *Fervidobombus* (Hymenoptera: Apidae): congruence of molecular and morphological data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 28:552–563.

Camper, J. D. y J. R. Dixon. 1994. Geographic variation and systematics of the striped whipsnakes (*Masticophis taeniatus* complex; Reptilia: Serpentes: Colubridae). *Annals of Carnegie Museum*. 63:1 1-48.

Canseco-Márquez, L. 2005. Filogenia de lagartijas del género *Xenosaurus* Peters (Sauria: Xenosauridae) basada en morfología externa. Tesis de maestría, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México.

Canseco-Márquez, L., F. Mendoza-Quijano y G. Gutiérrez-Mayen. 2004. Análisis de la distribución de la herpetofauna. *En*: Luna, I., J. J. Morrone y D. Espinosa (eds), *Biodiversidad de la Sierra Madre Oriental*. Las prensas de Ciencias, México D.F. 417-437 pp.

Carpenter, J. M. y W. C. Wheeler, 1999. Towards simultaneous analysis of morphological and molecular data in Hymenoptera. *Zoologica Scripta* 28:251-260

Chappill, J.A. 1989. Quantitative characters in phylogenetic analysis. *Cladistics* 5:217-234.

Cope, E. D. 1864. *Contribution to the Herpetology of Tropical América*. Proceeding of Academy of Natural Science, Philadelphia. 180 pp.

Cracraft, J. 1983. Species concepts and speciation analysis. *Current Ornithology* 1:159-187

Cranston, P. S. y C. J. Humphries. 1988. Cladistics and computers: A chironomid conundrum. *Cladistics* 4:72-92.

Crawford, A. J. y E. N. Smith, 2005. Cenozoic biogeography and evolution in direct-developing frogs of Central America (Leptodactylidae: *Eleutherodactylus*) as inferred from a phylogenetic analysis of nuclear and mitochondrial genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 35:536-555.

Darling, D. M. y H. M. Smith. 1954. A collection of reptiles and amphibians from eastern México. *Transaction Kansas Academy of Science* 57:180-195.

Davis, J. I. y K. C. Nixon. 1992. Populations, genetic variation and the delimitation of phylogenetics species. *Systematic Biology* 41:421-435.

Dirzo, R., E. González Soriano y R.C. Vogt. 1997. *Historia Natural de Los Tuxtlas*. Instituto de Biología e Instituto de Ecología. UNAM.

Dixon, J. R., C. A. Kétchersid and C. S. Lieb. 1972. The herpetofauna of Queretaro, Mexico, with remarks on taxonomic problems. *The Southwestern Naturalist* 16:225-237.

Donoghue, M. J. y M. J. Sanderson. 1992. The suability of molecular and morphological evidence in reconstructing plant phylogeny. 340-360 pp. *In* Solis D., P. Solis, J. Doyle. 1992. *Molecular Systematics in Plant* Chapman and Hall, New York.

Duméril, A. M. C. y G. Bibron. 1839. *Erpetologie générale ou Histoire Naturelle Complete des Reptiles*. Errata. De l'ordre des Lézards ou des Sauriens. Ed. Roret. Paris. 5:1-856.

Epperson B. K. 2003. *Geographical genetics*. Princeton University Press, Princeton, NJ, USA.

Farris, J. S. 1972. Estimating phylogenetic trees from distance matrices. *American Naturalist* 106: 645-668.

Felsenstein, J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequenses: a maximum likelihood approach. *Journal of Molecular Evolution* 17:368-376.

Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.

Felsenstein, J., y H. Kishino. 1993. Is there something wrong with the bootstrap on phylogenies? A reply to Hillis and Bull. *Systematic Biology* 42:193-200

Ferrusquía-Villafranca, I. 1990. Regionalización biográfica. Mapa IV. 8. 10. En *Atlas nacional de México*, Vol. III. Instituto de Geografía, UNAM, México, D.F.

Filho J. A. F y M. P. C. Telles. 2002. Spatial autocorrelation analysis and the identification of operational units for conservation in continuous populations. *Conservation Biology* 16: 924-935.

Forgie, S. A., U, Kryger, P. Bloomer y C. H. Scholtz. 2006. Evolutionary relationships among the Scarabaeini (Coleoptera: Scarabaeidae) based on combined molecular and morphological data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40:662-678.

Frost, D. R. y D. M. Hillis. 1990. Species in concept and practice: herpetological applications. *Herpetologica* 46: 87-104

García-Vázquez, U. O. 2003. Revisión taxonómica del genero *Scincella* (Lacertilia: Scincidae) de México. Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma de Puebla. 63 pp.

García-Vázquez, U. O. y M. Feria-Ortiz. 2006. Skinks of México. *Reptilia. The European Herp Magazine* 63:12-19

García-Vázquez, U. O., F. Mendoza-Quijano y L. Canseco-Márquez. 2004. Geographic distribution *Scincella silvicola caudaequinae*. *Herpetological Review*. 35:290

García-Vázquez, U. O., D. Lazcano-Villareal, M. C. Garcia-De la Peña, y Gamaliel Castañeda. 2005. Geographic distribution *Scincella silvicola caudaequinae*. *Herpetological review*. 36:337.

García-Vázquez, U. O. y A. A. Mendoza-Hernández. 2007. Geographic distribution. *Scincella gemmingeri*. *Herpetological review*. 38:219-220.

García-Vázquez, U. O., E. Pérez-Ramos e I. Durán-Fuentes. Geographic distribution. *Scincella gemmingeri*. *Herpetological review*. En prensa.

García-Vázquez, U. O., L. Canseco-Márquez, J. L. Aguilar-López, I Solano-Zavaleta y R. J. Maceda-Cruz. Noteworthy records of Amphibians and Reptiles from Puebla, México. *Herpetological Review*. En prensa.

García-Vázquez, U. O., A. Nieto-Montes de Oca y L. Canseco-Márquez. A New Species of *Scincella* (Squamata: Scincidae) from Coahuila, Mexico. *Herpetologica*. En prensa.

Greer, A. E. Jr. 1970. A Subfamilial Classification of Scincid Lizards. *Bulletin of the Museum of Zoology*. 139:3 151-183 pp.

Greer A. E. Jr. 1974. The generic relationships of the scincid lizard genus *Leiolopisma* and its relatives. *Australian Journal of Zoology*. Supplementary series. 31:31-34.

Griffith, H., A. Ngo y R. W. Murphy. 2000. A cladistic evaluation of the cosmopolitan genus *Eumeces* Wiegmann (Reptilia, Squamata, Scincidae). *Russian Journal of Herpetology* 7:1-16.

Hall, B. G. *Phylogenetic trees made easy: A how-to manual for molecular biologists*. Sinauer Associates, Inc. 179 pp.

Henning, W. 1966. *Phylogenetic systematic*. University of Illinois Press, Urbana.

Hillis, D. M. 1987. Molecular versus morphological approaches to systematic. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18:23-42

Hillis, D. M., y J. J. Wiens. 2000. Molecules versus morphology in systematics: Conflicts, artifacts, and misconceptions. Pages 1–19 *in* Wiens J. J. (Ed). *Phylogenetic analysis of morphological data*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Honda, M., H. Ota, G. Köhler, I. Ineich, L. Chirio, S.-L. Chen, y 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.

Janvier P. 1984. Teoría, propósito e implicaciones evolutivas. *Cladistica*. 1-9 pp.

King W., y F. G. Thompson, 1968. A review of the American lizard of the genus *Xenosaurus* Peters. *Bulletin Florida State Museum of Biological Science* 12:93-123

Kjer, K.M., R. J. Blahnik y R. W. Holzenthal. 2001. Phylogeny of *Trichoptera* (Caddisflies): characterization of signal and noise within multiple data sets. *Systematic Biology* 50:781–816.

Kluge G. A. 1990. Species as historical individuals. *Biology and Philosophy* 5:417-431

Kohlsdorf, T., y G. P. Wagner. 2006. Evidence for the reversibility of digit loss: a phylogenetic study of limb evolution in *Bachia* (Gymnophthalmidae: Squamata). *Evolution* 60:1896-1912.

Kumazawa, Y. y M. Nishida. 1999. Complete mitochondrial DNA sequences of the green turtle and blue-tailed mole skink: statistical evidence for archosaurian affinity of turtles. *Molecular Biology and Evolution* 16:784-792.

Lavín P. A. M., X. M. Sampablo, O. M. Hinojosa, J. R. Dixon y D. L. Villarreal. 2005. La Herpetofauna. 498-508 pp. *En* Sánchez-Ramos G., P. Reyes-Castillo y R. Dirzo (Eds.). *Historia Natural de la Reserva de la Biosfera El Cielo, Tamaulipas, México*. CONABIO, México D.F.

Leaché, A. D., y J. A. McGuire. 2006. Phylogenetic relationships of horned lizards (*Phrynosoma*) based on nuclear and mitochondrial data: Evidence for a misleading mitochondrial gene tree. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 39:628-644.

Lee, M.S.Y. 2001. Unalignable sequences and molecular evolution. *Trends Ecology Evolution*. 16:681-685.

Lemos-Espinal, J. A. y H. M. Smith. 2007. Anfibios y Reptiles del estado de Coahuila, México/Amphibians and Reptiles of the state of Coahuila, Mexico. Universidad Nacional Autónoma de México-Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. 550 pp.

León-Paniagua, L., A. G. Navarro-Sigüenza, B. E. Hernandez-Baños y J. C. Morales. 2007. Diversification on the arboreal mice of the genus *Abromys* (Rodentia: Cricetidae: Neorominae) in the Mesoamerican highlands. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42:653-664.

Llorente, J. 1994. Conceptos en cladismo. *En* J. Llorente e I. Luna. *Taxonomía Biológica*. UNAM. Fondo de cultura económica. 117-141

Lipscomb, D. 1998. *Basic of cladistic analysis*. George Washington University. Copywrite 3-6 pp.

Losos, J. B., T. R. Jackman, A- Larso, K. de Queiroz y L. Rodrigues-Schettino. 1998. Historical contingency and determinism in replicate adaptative radiations of Island *Anolis* lizards. *Science* 279:2115-2118.

Luna Vega, I., J. J. Morrone y D. E. Organista (Eds). 2004. Biodiversidad de la Sierra Madre Oriental. México. UNAM, Facultad de Ciencias. 2004. 527 pp.

Luna-Reyes R., U. O. García-Vázquez y A. A. Mendoza-Hernández. 2007. Geographic distribution. *Scincella gemmingeri*. Herpetological Review 38:353

Lutzoni, F. 1995. Phylogeny of lichen and non-lichen forming omphalinoid mushrooms and the utilizing of testing for combinability among multiple data sets. Systematic Biology 43:373-406

Lutzoni, F., P. Wagner, V. Reeb y S. Zoller. 2000. Integrating ambiguously aligned region of DNA sequences in phylogenetic analysis without violating positional homology. Systematic Biology 49:628-651.

Manel S. S. M. K., G. Luikart y. Taberlet. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. Trends in Ecology and Evolution 15:290-295.

Martin Del Campo, R. 1953. Contribución al conocimiento de la herpetología de Nuevo León. Universidad 11:53-77.

Mausfeld, P., A. Schmitz, W. Böhme, B. Misof, D. Vrcibradic y C. F. Duarte-Rocha. 2002. Phylogenetic affinities of *Mabuya atlantica* Schmidt, 1945, endemic to the atlantic ocean archipelago of Fernando de Noronha (Brazil): necessity of partitioning the genus *Mabuya* Fitzinger, 1826 (Scincidae: Lygosominae). Zoologischer Anzeiger 241:281-293.

McCoy, C.J. 1970. A new alligator lizard (genus *Gerrhonotus*) from the Cuatro Ciénegas Basi, Coahuila, México. The Southwestern Naturalist 5:37-44.

Miller, M. P. 2005. Alleles in Space: Computer software for the joint analysis of interindividual spatial and genetic information. Journal of Heredity 96:722-724.

Mittleman, M. B. 1950. The generic status of *Scincus lateralis* Say, 1823. Herpetologica 6(2):17-19.

Mittleman, M. B. 1952. A generic synopsis of the lizard of the subfamily Lygosominae. *Smithsonian Miscellaneous Collections* 117:1-35.

Miralles A. 2006. A new species of *Mabuya* (Reptilia, Squamata, scincidae) from the Caribbean Islans of San Andres, whit a new interpretation of nuchal scales: a character of taxonomic importance. *Herpetological Journal* 16:1-7

Morafka, D.J. 1977. A Biogeographical Analysis of the Chihuahuan Desert through its Herpetofauna. The Hague, Netherlands.

Morando, M., L. J. Avila y J. W. Sites Jr. 2003. Sampling strategies for delimiting species: genes, individuals, and populations in *Liolaemus elongatus-kriegi* complex (Squamata: Liolaemidae) in the Andean-Patagonian South America. *Systematic Biology* 52:159-185.

Morrone J. J. 2001. El lenguaje de la cladística. Dirección general de Publicaciones y Fomento editorial. UNAM. México.

Müller, J. y R. Reisz, 2006. The phylogeny of early Eureptiles: Comparing parsimony and bayesian approaches in the investigation of a basal fossil clade. *Systematic Biology* 55:503-511.

Nagy, Z. T., R. Lawson, U. Jogers y M. Wink. 2004. Molecular systematics of racers, whipsnakes and relatives (Reptilia: Colubridae) using mitochondrial and nuclear markers. *Journal Zoology Systematic Evolution Research* 42:223–233

Neigel J. E., y J. C. Avise. 1993. Application of a random walk model to geographic distributions of animal mitochondrial DNA variation. *Genetics* 135:1209-1220.

Nixon, K. C. y Q. D. Wheeler. 1990. An amplification of the phylogenetics species concept. *Cladistic* 6:211-223.

Nylander, J. A. A., F. Ronquist, J. P. Huelsenbeck y J. L. Nieves-Aldrey. 2004. Bayesian phylogenetics analysis of combined data. *Systematic Biology* 43:47-67.

Palumbi, L. 1996. Nucleic Acids II. Polymerase Chain Reaction, pp. 205-247 in: Hillis, D. M., C. Moritz y B. Mabee (Eds.) *Molecular systematics*. Sinaue Associates, Inc. Sunderland, MA.

Parra-Olea G., M. Garcia-Paris y D. B Wake. 2002 Phylogenetic relationships among the Salamanders of the *Bolitoglossa macrinii* species group (Amphibia: Plethodontidae), with descriptions of two new species from Oaxaca (Mexico). *Journal of Herpetology* 36:356-366.

Pimentel R. A. y R. Riggins 1987. The nature of cladistic data. *Cladistics* 3:201-209.

Pons J., T. G. Berraclough, J. Gomez-Zurita. A. Cardoso, D. P. Duran, S. Hazell, S. Kamoun, W. D. Sumlin y A. P. Vogler. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology* 55:595-609.

Reeder, T. W., C. J. Cole y H. C. Dessauer. 2002. Phylogenetic relationships of whiptail lizards of the genus *Cnemidophorus* (Squamata: Teiidae): A test of monophyly, reevaluation of karyotypic evolution, and review of hybrid origins. *American Museum Novitates* 3365:1-61.

Reeder, T. W. 2003. A phylogeny of the Australian *Sphenomorphus* group (Scincidae: Squamata) and the phylogenetic placement of crocodile skinks (*Tribolonotus*): Bayesian approaches to assessing congruence and obtaining confidence in maximum likelihood inferred relationships. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 27:384-397.

Quijada-Mascareñas A. y W. Wüster. 2006. From Yucatan to Patagonia: The natural history of the Neotropical rattlesnake. *The European Herp Magazine* 63:67-73.

Sanderson, M. J., y M. J. Donoghue. 1989. Patterns in variation in levels on homoplasy. *Evolution* 43:1781-1795.

Say, 1823. Long's Expedition to the Rocky Mountains. 2:1-234

Scotland, R. W., R. G. Olmstead y J. R. Bennett Phylogeny Reconstruction: The Role of Morphology. *Systematic Biology* 52:539-548.

Schmid, K. P. y D. W. Owens. 1944. Amphibians and reptiles of northern, Coahuila, México. *Zoological Series of the Field Museum of Natural History* 29:97-115.

- Schmitz, A., P. Mausfeld y D. Embert. 2004. Molecular studies on the genus *Eumeces* Wiegmann, 1834: Phylogenetic relationships and taxonomic implications. *Hamadryad* 28(1-2):73–89.
- Schmitz, A., M. C. Brandley, P. Mausfeld, M. Vences, F. Glaw, R. A. Nussbaum y T. W. Reeder. 2005. Opening the black box: phylogenetics and morphological evolution of the Malagasy fossorial lizards of subfamily “Scincidae”. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 34:118-133.
- Schneider, C. J., J. B. Losos, y K. D. Queiroz. Evolutionary Relationships of *the Anolis bimaculatus* Group from the Northern Lesser Antilles. *Journal of Herpetology* 35: 1-12.
- Simmons, M.P. y H. Ochoterena. 2000. Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology* 49:369–381.
- Sites, J. W. y K. A. Crandall. 1997. Testing species boundaries in biodiversity studies. *Conservation Biology* 11:1289-1297.
- Sites J. W. y J C. Marshall. 2004. Operational criteria for delimiting species. *Annual Reviews Ecology Evolution and Systematic* 35:199-227
- Smith H. M. 1951. A new species of *Leiopisma* (Reptilia: Sauria), from México. *Kansas University Science Bulletin* 34:195-200
- Smith H. M. y E. Taylor. 1966 *Herpetology of México*, annotated checklist and keys to the Amphibians and Reptiles. Smithsonian Institution, United States National Museum. Bulletin. 194
- Smith, H. M., D. L. Auth y D. Chiszar. 1997 *Scincella lateralis* from Durango, México. *Herpetological Review* 28:230.
- Smith, E. S, y R. L. Gutberlet. 2001. Generalized frequency coding: A method of preparing polymorphic multistate characters for phylogenetic analysis. *Systematic Biology* 50:156-169.
- Sorensen, M. V. y G. Giribet. 2006. A modern approach to rotiferan phylogeny: Combining morphological and molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40:585-608.

Stuart, L. C. 1940. Notes on the "*Lampropholis*" group of Middle American *Lygosoma* (Scincidae) with descriptions of two new forms. Occasional Papers of the Museum of Zoology. University of Michigan 421:1-16.

Szu-Lung C. y T. Hikida. 2001. Taxonomic Status of the Korean Populations of the Genus *Scincella* (Squamata: Scincidae). *Journal of Herpetology* 35:122-129

Taylor E. H. 1937 Two new Lizards of the genus *Leiopisma* from México, with comments on another Mexican Species. *Copeia* 1937:5-11

Taylor. H. L. y B. Derek 1993. A Multivariate Analisis of geographic variation in the teiid lizard *Cnemidophorus tigris septentrionalis*. *Herpetologica* 49:42-51.

Templeton, A. R. 1981. Mechanims of speciation a population genetic approach. *Annual Revision of Ecology and Systematic* 12:23-48

Templeton, A. R. 1994. The role of molecular genetics in speciation studies. In B. Schierwater, B. Streit, G. P. Wagner and R. DeSalle (eds.). *Molecular ecology and evolution: approaches and applications*. Birkhauser Verlag, Basel, Switzerland 455-477

Thiele, K. 1993. The holy grail of the perfect character: the cladistic treatment of morphometric data. *Cladistics* 9:275-304.

Vogt, R. C., Villarreal-Benítez, J. L. y Pérez-Higareda, G. 1997. Anfibios y Reptiles, Historia natural de especies. En: González-Soriano, E., Dirzo, R. y Vogt, R. C. (Eds.). *Historia Natural de los Tuxtlas*. UNAM. México. Pp. 507-522.

Webb, R. G., y J. M. Legler, 1960. A new softshell turtle (genus *Trionyx*) from Coahuila, Mexico. *Univiversity of Kansas Science Bulletin* 40:21-30

Wheeler, W. C. 1995. Sequence alignment, parameter sensitivity, and the phylogenetic analysis of molecular data. *Systematic Biology*. 44:321–332.

Wheeler, W. 1999. Fixed character states and the optimization of molecular sequence data. *Cladistics*. 15: 379–385

Wiens, J. J. 1993. Phylogenetics systematics on the tree lizards (genus *Urosaurus*). *Herpetologica* 49:399-420.

Wiens, J. J. 1995. Polymorphic characters in phylogenetic systematics. *Systematic Biology* 44:482-500.

Wiens, J. J. y M. R. Servedio, 1997. Accuracy of phylogenetic analysis including and excluding polymorphic characters. *Systematic Biology* 46:332-345.

Wiens, J. J. y 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., T. W. Reeder y A. Nieto-Montes de Oca. 1999. Molecular phylogenetics and evolution of sexual dichromatism among population of the Yarrow's spiny lizard (*Sceloporus jarrovi*). *Evolution* 53 :1884-1897.

Wiens, J. J., M. C. Brandley y T. W. Reeder. 2006. Why does a trait evolve multiple times within a clade? repeated evolution of snakelike body form in Squamata reptiles. *Evolution* 60(1): 123-141.

Wilcox, T. P., D. J. Zwickl, T. A. Heath y D. M. Hillis. Phylogenetic relationships of the dwarf boas and a comparison of Bayesian and bootstrap measures of phylogenetic support. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 25:361-371.

Yang, Z. 1994. Estimating the pattern of nucleotide substitution. *Journal of Molecular Evolution* 39:105-111.

Yang, Z. 1996. Among-site rate variation and its impact on phylogenetic analysis. *Trends in Ecology and Evolution* 11:367-372.

Zaldivar-Riverón A., M. Mori y L. J. D. Quicke. 2006. Systematic of the cyclostome subfamilies of braconid parasitic wasps (Hymenoptera: Ichneumonoidea): A simultaneous molecular and morphological Bayesian approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38:130-145

Anexo 1.- Material examinado.

Para las colecciones nacionales se utilizaron los acrónimos sugeridos por Flores-Villela y Hernández (1992) y Leviton *et al.* (1985), con la adición de: Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Puebla (EBUAP); Instituto Tecnológico Agropecuario del Estado de Hidalgo, (ITA); Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM (MZFC); Instituto de Biología, UNAM (IBH), Estación de Biología, los Tuxtlas (UNAM-LT), Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN (ENCB), Universidad Autónoma de Tamaulipas (UAT); Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL) . Y colectas personales: Jonathan A. Campbell (JAC); Eric N. Smith (ENS); Carlos Hernández Jiménez (CHJ) Luis Canseco Márquez (LCM); Edmundo Pérez Ramos (EPR); Alberto Mendoza Hernández (AMH); José Luis Aguilar López (JLAL); Itzel Duran Fuentes (IDF); Luis Enrique Chong Alcázar (LECHA); Uri Omar García Vázquez (UOGV).

Scincella caudaequinae (47).— **Coahuila** (1) Los Lirios (UANL 5255). **Querétaro** (8): El Trapiche (JAC 24531-2); Jalpan de Serra (MZFC 8830, 9423); Neblinas (MZFC 9804, 9831-32); Rio Tancuilin (MZFC 9805). **Hidalgo** (1): Tepehuacan de Guerrero (ITAH 998). **Tamaulipas** (9): Alta Cima (UPO 001, MZFC 8514, UTH 145, 171, 218, 238, JAC 24547, UOGV 516-7). **Nuevo León** (21): Chipinque (JLAL 243, 246, ENCB 605-6); Santiago (MZFC 11220, FMNH 30698-99, 30701, 36993-95); Paraje los Osos (KU 92614-15); La Huasteca (KU 192606); Zaragoza (KU 87736-41); Cadereyta (UTH 674). **San Luis Potosí** (8): Pago Pago (MZFC 5462); Ciudad del Maíz (IBH 131550-51); El Naranjo (FMNH 100414-17); 10 mi. W del Naranjo (UIMNH 10132).

Scincella gemmingeri (66).— **Querétaro** (1): Cadereyta de Montes (MZFC 9781). **Hidalgo** (19): Cerro Burrotepec (ITAH 592); Tlachinol (UTACV R-31011-12, 11993, ITAH 107-08, 223); Mexquititlan (ENCB 12330-31); Lolotla (UTACV 11989-91, 11995); Tlapexco (ITAH 335); Molango (MZFC 3449, UTACV 111992); Tenango de Doria (MZFC 13582); Huautla (ITAH 740, 748); La Placita (FMNH 100528-31, 100418, UIMNH 27399-40); Tolantongo (MZFC 7586). **Oaxaca** (24): Vista Hermosa (UTACV 8439-40, 12011, 12014, 12088-90); La Esperanza (UTACV 30316-17, R-30314-15, MZFC 10545); Metates (UTACV 12013, R-30331); Cerro Pelón (UTACV 8429); San Mateo Yetla (JAC 21635, 21637-38); San José Tenango (MZFC 13458); Puerto Antonio (MZFC 4502-04); Buena Vista (UTACV12087); San Isidro Buenos Aires (AMH 064). **Puebla** (11): Zacatlán (EBUAP sin número); Jilotzingo (EBUAP sin número); Tepango de Rodríguez (IBH 6896-98, IBH 6898-2); Tahitic (LCM 1154); Apulco (UOGV 112-15). **Veracruz** (11): Xico (JAC 24979); Tequyutepec (UIMNH 48882-85); La Perla (JAC 22563, 22567); Ciudad Mendoza (UNAM-LT 3534); Ixhuatlan del Café (UNAM-LT 3551, 4020) Meztitlan (MZFC 5579)

Scincella sp. nov. (**Sierra Mixe**) (22).— **Oaxaca** (19): Rudolfo Figueroa (MZFC 7058, 9956, UTACV 5679, 12095-97, JAC 21732, JAC 21732); Totontepec (JAC 21140, 21543, UTACV 8558, 12005-06, 12008-10, 12091-92, R-30329-30). **Chiapas** (3): Cañón del Sumidero (IHNHERP 3377, 3383-84)

Scincella silvicola (26).— **Oaxaca** (18): Quiotepec (MZFC 6035, 8592, 8595, 8604, EBUAP 725); Santa María Texcatitlán (CHJ 131, EBUAP 726, LECHA 129); Cuicatlan (IBH 11194-98); Tutepetongo (JAC 22686, 22688); Concepción Papalo (JSA 209, 211); Ecatepec (MZFC 6514). **Veracruz** (8): Tebanca (UTACV 3138, 3197); Palma Sola (ENCB 7545); San Lorenzo (FMNH 10008, 104678); Mocambo (MZFC 603); Nautla (MZFC 182); Amatlan de Los Reyes (3527)

Scincella sp. nov. (**SMO**) (47).— **Puebla** (36): Las Hamacas (LCM 1160, EBUAP 1535); Ayotoxco de Guerrero (LCM 1165, UOGV 072); Jonotla (MZFC 6449); San Andres Tzicuilan (IFP 212,226,237,251, 265, 292, 311, 313, 331, 410, 430, 432, 441-43, EBUAP 1541, 1544-45, 1547-48, 1552); Cuetzalan (JAC 22499); Xalpana (EBUAP 1527, Yancuictlapan (EBUAP 1529); Tzinacapan (EBUAP 1530-32); Taxipehualt (EBUAP 1533-34); Cuichat (EBUAP 1542); Tzanaco (EBUAP 1550). **Hidalgo** (11): Acuatempa (CHH 008, 010); Tlapexco (ITAH 336); Yahualica (ITAH 373, ENCB 11281); Atempa (ITAH 741-45); Tutontepec (MZFC 7743).

Scincella sp. nov. (**Tuxtlas**) (20).— Veracruz (20): Catemaco (IBH 140, 50597, 50569, UNAM-LT 2916, 2660-61, 3944, MZFC 7373); San Andres Tuxtla (UNAM-LT 1200, 3554, 3576, 1103, 3069, 3550, 3577, 3529); San Martin (UTACV 51096, 51930); El Bastonal (MZFC 4302, 10618).

Scincella lateralis (54).— **Estados Unidos: Alabama** (6): Pike (UF 41098-99); Hale (41108); Millry (UF 41109); Henry (UF 9426); Irwin Mill Creek (UF 4124). **Florida** (9): Citrus Co. (CAS 214306); NE Lake Rosalie, Osceola (UF 41295-97); Winter Haven, Lake Shipp, Polk (41313, 41317-18); S Medart, Wakulla (41366-67). **Mississippi** (4): 9 mi. N de Plaperville (UF 41406); Hancock (UF 41407-09). **North Carolina** (2): 10 mi. SW Vass, Moore (UF 7935); Robeson (UF 41410). **Oklahoma** (7): Payne (UF 105833); Carter (41411); Kansas (UF 105834); Comanche (UF 105836); Mohawk (IBH 6325 [2], 6326). **South Carolina** (7): Jasper (UF 41412); Lee (UF 7936); Marlboro (UF 7934); Berkeley (UF 1539 [cuatro especímenes]). **Texas** (20): 10 mi. E Collage Station, Brazos (UF 1023-25); Cherokee, Houston (UTA 11118-22); El llano, Houston (UTA 14905-10, 14912); NW of Normangee, Leon (UF 1019-21) **México: Coahuila** (1): Melchor Muzquiz (FMNH 28663).

Scincella kikaapoa (15).— **México: Coahuila** (15): Poza El Mojarral, 4 km SE Cuatro Ciénegas (MZFC 17664, 17667); Poza Azul, 13 km S Cuatro Ciénegas (MZFC 17664–17666); Poza Churince, 12.5 km SE Cuatro Ciénegas (MZFC 2012, KU 47088–47089); 9.17 km SE Cuatro Ciénegas (UIMNH 43231–43236, 48328).

Scincella assata assata (30).— **Guatemala: Huhehuetenango** (2): Finca Buena Vista (ENS 8920); Huehuetenango (UTACV 42012). **Quetzaltenango** (14): Volcán Santa María, Finca el Faro, 4 km. N de El Palmar (UTACV 20366, 20373, 20380, 20382, 20386-88, 20391, 20393, 20396, 20401, 203407-08, 20310). **San Marcos** (8): Malacatón, Finca san Ignacio (UTACV 45936, 45940, 45942); Aldea Fraternidad (UTACV 40538-39, 40562-63, 40567). **Santa Rosa** (3): Barberena (UTACV 33251, 40555-56). Suchitepequez (3): Volcan Zunil (CAS 68569, 68528, 68531).

Scincella assata taylori (21).— **México: Guerrero** (6): Agua de Obispo (FMNH 126728-29); Puerto del Balsamo, Zihuatanejo (JAC 25253-54, 25256-57). **Michoacán** (2): Farito, Caleta de Campos (MZFC 10364-65), **Colima** (1): Minatitlan (MZFC 8270). **Jalisco** (1): Manantlan (JAC 23908). **Oaxaca** (11): Santa Maria Juquila (MZFC 15643-46); Putla, Villa de Guerrero (MZFC 13450); San Andres (MZFC 13457); Tuxtepec (MZFC 4505); Sola de Vega (JAC 21755, R-4294).

Scincella sp. [Material no identificado] (14).— Durango (2): Picardias (UF 105868-69). Puebla (8): Xocoyolo (EBUAP 1078-81, 1553-54). Oaxaca (4): Chalchijapa (EPR 077, 130, 309, LCM 377).

Scincella cherriae ixbaac (13).— **Belice: Toledo** (1): Blue Creek Vigage (UTACV 11065). **Guatemala: El Peten** (3): Tikal (UTACV 35009, 46092, 71379). **México: Chiapas** (10): Palenque (UTACV 44392, MZFC 494); Yaxilán (MZFC 11881-84, 11886, 11947, 12192, 13150).

Scincella cherriae cherriae (52).— **México: Oaxaca** (4): Jalahuí (MZFC 5606, 5612, 6638, 6643). **Veracruz** (17): **Sontecomeapan** (UTACV 3114, 6993, 6997-98, 7010, 7013, 9470-71, 9446, 9448, 9474, 10094-95, 10097); Cofradía (MZFC 51931); San Martín (MZFC 51928-29). **Costa Rica: Rica Cartago** (1): Pavones de Turrialba (UTACV 12891); **Santa María** (2): El Palmar (UTACV 20378, AMNH 9551). **Honduras: Tegucigalpa** (1): Tegucigalpa (UTACV 41238). **Guatemala: Alta Verapaz** (8): Finca Rubelpec (UTACV 46651, 46653, 46656); Finca Pueblo Viejo (UTACV 27287-88, 27290-91); Parque Nacional Lachua (UTACV 42007). **Huehuetenango** (3): Finca Chiblac (UTACV 42001-02, 28967). **Izabal** (12): Finca Guapinol (UTACV 20469-70, 20472);

Puerto Santo Tomas (UTACV 20474, 20473); Mariscos (UTACV 20477, 20482, 20488, 20493, 20495); Sierra Santa Cruz, Semococh (UTACV 22114, 15). **Zacapa** (4): Sierra del Merendon, La Unión (UTACV 33253, 33256-57, 40592).

Scincella incerta (43).— **México: Chiapas** (13): Tulanca (UTACV 8884-85); Jitotol (UTACV 12048); Rayon Mezcala (UTACV 12102); Teopisca (UTACV 5768-69, 6094, 12099-100, 12103-04, 31009, 41780). **Guatemala: Baja Verapaz** (9): La Unión Barros (UTACV 28968-70, 28976, 46662); Chilasco (UTACV 40542, 40545); Niño Perdido (UTACV 28979, 28981). **Chiquimula** (1): Concepción Las Minas (UTACV 40546). **Guatemala** (2): Parque San Jorge Muxbal (UTACV 28975, 28977). **Huehuetenango** (6): Barrillos (ENS 8910); San Sebastian (UTACV 40565-66); Ojo de Agua (UTACV 45946, 42006); Aldea Jalambojoch (UTACV 46037). **Jalapa** (1): El Mojón (UTACV 33264). **Quiche** (5): Uspatan (UTACV 41896-99); Chichicastenango (UTACV 27273). **Sacatepequez** (1): San Lucas (UTACV 40569). **San Marcos** (5): San Rafael Pie de la Cuesta (UTACV 25224, 42004, 45932-34).

Scincella reveesi (5).— **Myanmar: Shan** (1): Kyaug Maw Village (CAS 216298). **Yangon** (1): Hlawga park (CAS 204984). **Mandalay** (2): Kyaug Pan Tawn (CAS 214063); Moe Kok (CAS 216394). **Tailandia: Chian Maig** (1): Doi Suthep (CAS 172716).

Scincella potanini (5).— **China: Sichuan** (5): **Quiliba** (CAS 194917-19, 194923, 194929).

Sphenomorphus indicus (3).— **China: Yunnan** (1): Fugong (CAS 214892). **Myanmar: Magwe** (1): **Mimbu** (CAS 213623). **Tailandia: Chiang Mai** (1): Doi Suthep (CAS 172732).

Sphenomorphus maculatus (5).— **Myanmar: Sagaing** (4): Alaungdaw Kathapa (CAS 204863-66). **Burma: Bago** (1): Yoma (CAS 208405).

Mabuya unimarginata (2).— **México: Oaxaca** (2): Zanatepec (JAC 21318, 21350)

Plestiodon brevirostris brevirostris (1).— **México: Puebla** (1): Flor del Bosque (EBUAP 155)

Anexos 2.- Alineamiento de los caracteres moleculares y morfológicos

```
#NEXUS
BEGIN DATA;
dimensions ntax=49 nchar=1793;
Format datatype=mixed(DNA:1-1761, Standard:1762-1793) interleave=yes gap=-
missing=?;
[Format symbols ="0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 A C G T N" equate= "N={ACGT}"
interleave=yes gap=- missing=?;]

matrix
brevirostrisPUEBLA -----
mabuyaCRMF6419 -----
cherriaeCHIMASLCM260 -----
silviTLATLAUOGV72 -----
cherriaYAXILANART428 -----
kikapooaUOGV566 -----
brevirostrisOAX -----
indubitusJAL2 -----
kikapooaUOGV569 TTTAGGTTGGGGCGGCTTCGGAACCAAATAAACTTCGGAGCACAGAACC
lateralisTEXMF4740 TTTAAGGTGGGGCGACATCGGAACAAAATAAACTTCGGAGCACAGAACC
lateralisTEXWGS1 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAATAAACTTCGGAGCACAGAACC
lateralisFLOCAS214306 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
TayloriBALSAMOJAC25254 TTTGAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAATAAACTTCGGAGCACAAAACC
silvicolaTIPOUOGV910 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAACC
assataVIDRIOANMO1068 TTTGAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAATTAAGCTTCGGAGCACAAAACA
caudaeQROJAC24532 -----CC
caudaeSLPJAC25991 GTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAAGCTTCGGAGCACAGAATC
caudaeTAMMZFC647 TTTAAGGAGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAACC
caudaTIPOUOGV561 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
caudaTAMAUJAC24547 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAACC
silviTUXTLASUOGV378 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
silviTEXCATIAMH191 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAATC
silviCOYULALCM1181 TACTAGTTTGTGGGCTTCGGAACAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAATC
incertumQUICHEJAC19573 -----
gemminCOYULAUOGV242 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCATGGGAGC
gemminTIPOJAC22567 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAGAACTTCGGAGCACAGAAGC
gemminTENANGOMZFC14215 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGGACTAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
gemminZACATLANFH122 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACTAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
gemminSELVAUOGV500 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACCAAATAAACTTCGGAGCACAGAAGC
gemminVISHERJJW794 -----TCCGAGCATGGAGCC
gemminGUIENAGAJAC22952 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
gemminTOTONTEJAC21543 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
cherriaeIZABALENS7113 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
gemminCHIMASJAC23168 TTTAAGTTGGGGGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
gemminXICOJAC24979 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAAGC
cherriaeCHOAPASJLAL GTTGAGTGGGGCGACTTCGTAATAAATCAAGACTTCGGAGCACAGAACC
stuartiCORDOBAUOGV342 TTTGAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
ixbaacCAMPECHEISZ211 TTTGAGTGGGGCGACTTCGGAATAAAAACAAGACTTCGGAGCACAGAACC
cherriaALAJUAELAMF6067 TTTGAGTTGGGGCGACTTCGGAATAAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
cherriaeATLANMEA893 TTTGAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACAGAACC
tayloriCHILPANUOGV629 TTTAAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTTCGGAGCACGGAAAC
reveesiCHINAKU291934 -----AAACTTCGGAGAACAGACCC
silvicolaCUETZJAC22499 TTTAAGTTGGGCCGAATTCGGAACCAAACAAGACTTCGGAGCACAGAACC
Eumecesegregius TTTGAGTTGGGGCGACTTCGGAGCCAAAAAACCTTCGGAGCACAGAATC
gemminAPULCOUOGV112 -----
gemminTLANCHIJTB90 TCTGAGTTGGGGCGACTTCGGAACAAAAAACTCCCGAGCCAAGAACC
indubitusJAL -----GTTGGGGCGACTTCGGAATCAAAAACCCCTTCGGAGCACAGAATC
maculatusMYANCAS204863 TCTGAGTTGGGGCGGCTTCGGAATTAAGCAAATCTTCGGAGCATAGAAGC
gemminYETLAJAC21632 TTTAAGTGGGGCGACTTCGGAACAAAACAAACTGCGGAGCATAGGAGC
```

```

brevirostrisPUEBLA ----- [ ----- ] -----
mabuyaCRM6419 ----- [ ----- ] -----
cherriaeCHIMASLCM260 ----- [ ----- ] -----
silviTLATLAUOGV72 ----- [ ----- ] -----
cherriaYAXILANART428 ----- [ ----- ] -----
kikapooaUOGV566 ----- [ ----- ] -----
brevirostrisOAX ----- [ ----- ] -----
indubitusJAL2 ----- [ ----- ] -----
kikapooaUOGV569 ACCCACTCTTACCGGGGCTAACAAGCC [ GA----CATAAA ] TGACCCAGT
lateralisTEXMF4740 ACCACTTCTTACCAAGGCTAACAAGCC [ GA----CATAAA ] TGACCCAGT
lateralisTEXWGS1 ACCACTTCTTACCAAGGCTAACAAGCC [ GA--TATAAA-- ] TGACCCAGT
lateralisFLOCAS214306 ACCACTTCTTACCGAGGCTAACAAGCC [ GACATAGA---- ] TGACCCAGT
TayloriBALSAMOJAC25254 ACCGTTTATAACCAAGGCCCACAAGCC [ GAA-CACAA--- ] TGACCCAGT
silvicolaTIPOUOGV910 ACCACTTCGAACCTAGGCCCACAAGCC [ AAGACACA---C ] TGACCCAGT
assataVIDRIOANMO1068 ACCGTTTCTAAACGAGGCCTACAAGCC [ AA---ACATAAA ] TGATCCAGT
caudaeQROJAC24532 CCCCATTCCTACCAAGGCCCAGATGCC [ AAGATACAG--C ] TGACCCAGT
caudaeSLPJAC25991 CACAATTCTAACCAAGGCCCCCAAGCC [ AAGATACAG--C ] TGACCCAGT
caudaeTAMMZFC647 ACCATTTCTAACCCAGGCCCACAAGCC [ AAGACACAG--C ] TGACCCAGT
caudaTIPOUOGV561 ACCATTTCTAACCAAGGCCCACAAGCC [ AAGACACAG--C ] TGACCCAGT
caudaTAMAUJAC24547 ACCATTTCTAACCCAGGCCCACAAGCC [ AAGACACAG--C ] TGACCCAGT
silviTUXTLASUOGV378 ACCACTTCTAACCAAGGCTTACGGGCC [ AAGACACAG--C ] TGACCCAGT
silviTEXCATIAMH191 ACCATTTCTAACCTAGGCCCACAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
silviCOYULALCM1181 ACCACTTCTAACCCTAAGGCCACAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
incertumQUICHEJAC19573 -----TACCCTAGTCCCCCAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
gemminCOYULAUOGV242 ATCACTTCTTACCAAGGCCCACAAGCC [ AAG--ACATAAT ] TGACCCAGT
gemminTIPOJAC22567 ACTCCTTCTAACCAGGGGCCCACAAGCC [ AAG--ACATAAT ] TGACCCAGT
gemminTENANGOMZFC14215 ACCCACTCTAACCAAGGCCCACAAGCC [ AAGA--CATAAC ] TGACCCAGT
gemminZACATLANFH122 ACCACTTCTAACCAAGGCCTACAAGCC [ AAGACATAA--C ] TGACCCAGT
gemminSELVAUOGV500 ATCACTTCTAATCAAGGCCCACAAGCC [ AAG--ACATAAC ] TGACCCAGT
gemminVISHERJW794 ATCACTCCTAACCAAGGCCCCCAAGCC [ AAGACACAA--T ] TGACCCAGT
gemminGUIENAGAJAC22952 ACCACTTCTAACCAAGGCCTACAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
gemminTOTONTEJAC21543 ACCACTTCTAACCAAGGCTTACAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
cherriaeIZABALENS7113 ACCACTTCTAACCAAGGCCCACAAGCC [ AAGACACAA--C ] TGACCCAGT
gemminCHIMASJAC23168 ACCACTTCTAACCAAGGCTTACAAGCC [ AAGGCACAA--C ] TGACCCAGT
gemminXICOJAC24979 ACTCCTTCTAACCAAGGCCCACAAGCC [ AAG--ACAAAAC ] TGACCCAGT
cherriaeCHOAPASJLAL ACCAATTTTAAATCAAGGCCTACAAGTC [ AAGATACAAA-- ] TGACCCAGT
stuartiCORDOBAUOGV342 ACCATTTCTAATCAAGGCTCACAAGCC [ AAGACACAAA-- ] TGACCCAGT
ixbaacCAMPECHEISZ211 ACCATTTCTAACCGAGGCCTACAAGCC [ AAGACACAAA-- ] TGACCCAGT
cherriaALAJUAELAMF6067 ACAATTTCTAATCAAGGCCACATGCC [ TAAACACAAA-- ] TGACCCAGT
cherriaeATLANMEA893 ACAATTTCCCAATCAAGGCCACACGCC [ GAAACACAAG-- ] TGACCCAGT
tayloriCHILPANUOGV629 ACCCTTTTTTAAATCAAGGCCTACAAGCC [ GAAACATAAA-- ] CGACCCAGT
reveesiCHINAKU291934 CGCAGTTCTAACTAAGGCAGACATGCC [ AAAA-ACAATT ] TGACCCAGT
silvicolaCUETZJAC22499 GCCCATTTCTAACCCAGGCCCACAAGCC [ AAAACACAGG-C ] TGAACCAGT
Eumecesegregius ACCAATTTCTTACTAAGACCTACAAGTC [ AAAGTACAAAAC ] TGACCCAGT
gemminAPULCOUOGV112 -----TAACCATGGCGTACAAGAC [ CAAGACATAAGC ] TGACCCAGT
gemminTLANCHIJTB90 ACCGTTCTAATCTAAGGCCAACAAGCC [ AAAGCATAAAA- ] TGACCCAGT
indubitusJAL ACCCATTTCTTACTAAGACCAACAAGTC [ AAAGTCCGAAAC ] TGACCCAGT
maculatusMYANCAS204863 ACCCACTTCTATCAAGGCAGACATGCC [ AAAGGACATGTC ] CGACCCAGT
gemminYETLAJAC21632 ATCAATTTCTAACCAAGTCCCACAAGCC [ AAGACACATAAT ] TGACCCAGT

```

brevirostrisPUEBLA	-----
mabuyaCRM6419	-----
cherriaeCHIMASLCM260	-----
silviTLATLAUOGV72	-----
cherriaYAXILANART428	-----TGCTTCTTCC
kikapooaUOGV566	-----
brevirostrisOAX	-----
indubitusJAL2	-----
kikapooaUOGV569	CATATTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
lateralisTEXMF4740	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
lateralisTEXWGS1	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
lateralisFLOCAS214306	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
TayloriBALSAMOJAC25254	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
silvicolaTIPOUOGV910	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
assataVIDRIOANMO1068	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCCATCTTCT
caudaeQROJAC24532	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
caudaeSLPJAC25991	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
caudaeTAMMZFC647	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
caudaTIPOUOGV561	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
caudaTAMAUJAC24547	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
silviTUXTLASUOGV378	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
silviTEXCATIAMH191	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
silviCOYULALCM1181	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
incertumQUICHEJAC19573	CACGCTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminCOYULAUOGV242	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminTIPOJAC22567	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminTENANGOMZFC14215	CATACTGATCAACGACCCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminZACATLANFH122	CATACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminSELVAUOGV500	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminVISHERJW794	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminGUIENAGAJAC22952	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminTOTONTEJAC21543	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
cherriaeIZABALENS7113	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminCHIMASJAC23168	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminXICOJAC24979	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
cherriaeCHOAPASJLAL	CAAATGATCAACGATCCAAGTTACCCCAGGGATATCAGCGCTATCTTCT
stuartiCORDOBAUOGV342	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
ixbaacCAMPECHEISZ211	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
cherriaALAJUAELAMF6067	CAAGATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
cherriaeATLANMEA893	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
tayloriCHILPANUOGV629	CAAATGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
reveesiCHINAKU291934	CACACTGATCAACGAACCAAGTTACGCCAGGGATAACAGCGCTATCTTTT
silvicolaCUETZJAC22499	CATACTGACCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGGGCTATCTTCT
Eumecesegregius	ACTACTGACTAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminAPULCOUOGV112	CATGCTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminTLANCHIJTB90	CAAATGATTAACGAATCAAGTTACGCCGGGGATAACAGCGCCATCTTCT
indubitusJAL	AACACTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCCATCTTCT
maculatusMYANCAS204863	TCCCCTGATCAACGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT
gemminYETLAJAC21632	CAAATGATCAGCGAACCAAGTTACCCCAGGGATAACAGCGCTATCTTCT

```

brevirostrisPUEBLA -----
mabuyacRMF6419 -----
cherriaeCHIMASLCM260 -----
silviTLATLAUOGV72 -----
cherriaYAXILANART428 AAGAGGTGCCAATTTGGGAAGAAGGTTTACGGCCTCGATGTTGGATCAGG
kikapooaUOGV566 -----CAAGAAGGTTTACGTCTCGATGTTAGGTCAGG
brevirostrisOAX -----
indubitusJAL2 -----
kikapooaUOGV569 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
lateralisTEXMF4740 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
lateralisTEXWGS1 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
lateralisFLOCAS214306 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
TayloriBALSAMOJAC25254 TCGAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
silvicolaTIPOUOGV910 TCAAGAGTCCCTATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
assataVIDRIOANMO1068 TCGAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
caudaeQROJAC24532 TCAAGAGTTCATATGGACAAGAAGGTTTCCGACCTCGATGTTGGATCAGG
caudaeSLPJAC25991 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
caudaeTAMMZFC647 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTCTCCCTCCTCGATGTTGGATCAGG
caudaTIPOUOGV561 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
caudaTAMAUJAC24547 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
silviTUXTLASUOGV378 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
silviTEXCATIAMH191 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
silviCOYULALCM1181 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
incertumQUICHEJAC19573 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminCOYULAUOGV242 TCGAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminTIPOJAC22567 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminTENANGOMZFC14215 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGGTGGATCAGG
gemminZACATLANFH122 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminSELVAUOGV500 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminVISHERJW794 TCGAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminGUIENAGAJAC22952 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminTOTONTEJAC21543 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
cherriaeIZABALENS7113 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminCHIMASJAC23168 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminXICOJAC24979 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
cherriaeCHOAPASJLAL TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
stuartiCORDOBAUOGV342 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
ixbaacCAMPECHEISZ211 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
cherriaALAJUAELEMF6067 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
cherriaeATLANMEA893 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
tayloriCHILPANUOGV629 TCAAGAGTTCATATCGACAGGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
reveesiCHINAKU291934 TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
silvicolaCUETZJAC22499 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
Eumecesegregius TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminAPULCOUOGV112 TCAAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminTLANCHIJTB90 TCAAGAGTCCCTATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
indubitusJAL TCAAGAGTTCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
maculatusMYANCAS204863 TCGAGAGTCCCATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG
gemminYETLAJAC21632 TCGAGAGTCCATATCGACAAGAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG

```



```

brevirostrisPUEBLA -----
mabuyaCRM6419 -----TAAGGGTTCGTTTTGTCAACGATTAA-----
cherriaeCHIMASLCM260 -----
silviTLATLAUOGV72 -----
cherriaYAXILANART428 AGACCCAAATGGTGCAGTCGCTATTTAAAGGTTGGTTTGTTC AACGATTAA
kikapooaUOGV566 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
brevirostrisOAX -----
indubitusJAL2 -----
kikapooaUOGV569 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
lateralisTEXMF4740 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
lateralisTEXWGS1 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
lateralisFLOCAS214306 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
TayloriBALSAMOJAC25254 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
silvicolaTIPOUOGV910 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
assataVIDRIOANMO1068 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
caudaeQROJAC24532 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTATTCA AACGATTAA
caudaeSLPJAC25991 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
caudaeTAMMZFC647 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
caudaTIPOUOGV561 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
caudaTAMAUJAC24547 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
silviTUXTLASUOGV378 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
silviTEXCATIAMH191 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
silviCOYULALCM1181 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
incertumQUICHEJAC19573 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminCOYULAUOGV242 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminTIPOJAC22567 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminTENANGOMZFC14215 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminZACATLANFH122 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminSELVAUOGV500 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminVISHERJW794 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminGUIENAGAJAC22952 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminTOTONTEJAC21543 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
cherriaeIZABALENS7113 ACACCCAAATGGTGCAGTCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminCHIMASJAC23168 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminXICOJAC24979 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
cherriaeCHOAPASJLAL ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
stuartiCORDOBAUOGV342 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
ixbaacCAMPECHEISZ211 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
cherriaALAJUAELAMF6067 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
cherriaeATLANMEA893 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
tayloriCHILPANUOGV629 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
reveesiCHINAKU291934 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
silvicolaCUETZJAC22499 GCACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
Eumecesegregius ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminAPULCOUOGV112 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminTLANCHIJTB90 ACACCCAAATGGTGAAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
indubitusJAL ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
maculatusMYANCAS204863 ACACCCAAATGGTGTAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA
gemminYETLAJAC21632 ACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTTAAAGGTTTCGTTTGTTC AACGATTAA

```

brevirostrisPUEBLA	-----CGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
mabuyaCRMf6419	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeCHIMASLCM260	-----
silviTLATLAUOGV72	---TCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeYAXILANART428	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
kikapooaUOGV566	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
brevirostrisOAX	-----CGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
indubitusJAL2	----TCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
kikapooaUOGV569	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
lateralisTEXMF4740	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
lateralisTEXWGS1	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
lateralisFLOCAS214306	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
TayloriBALSAMOJAC25254	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
silvicolaTIPOUOGV910	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
assataVIDRIOANMO1068	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
caudaeQROJAC24532	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
caudaeSLPJAC25991	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
caudaeTAMMZFC647	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
caudaTIPOUOGV561	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
caudaTAMAUJAC24547	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
silviTUXTLASUOGV378	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
silviTEXCATIAMH191	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
silviCOYULALCM1181	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
incertumQUICHEJAC19573	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminCOYULAUOGV242	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGAAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminTIPOJAC22567	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminTENANGOMZFC14215	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminZACATLANFH122	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminSELVAUOGV500	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminVISHERJW794	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminGUIENAGAJAC22952	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminTOTONTEJAC21543	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeIZABALENS7113	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminCHIMASJAC23168	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminXICOJAC24979	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeCHOAPASJLAL	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
stuartiCORDOBAUOGV342	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
ixbaacCAMPECHEISZ211	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeALAJUAELAMF6067	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
cherriaeATLANMEA893	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
tayloriCHILPANUOGV629	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
reveesiCHINAKU291934	TAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
silvicolaCUETZJAC22499	CAGTCCCACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
Eumecesegregius	T-GTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminAPULCOUOGV112	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminTLANCHIJTB90	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGAAATCCAGGTCGGTTTCTA
indubitusJAL	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA
maculatusMYANCAS204863	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGTAATCCAGGTCGGTTTCTA
gemminYETLAJAC21632	CAGTCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAGCAATCCAGGTCGGTTTCTA

brevirostrisPUEBLA TCTATGTAGCCACCCCTTTCAGTACGAAAGGACAAAGGGGGGAGACCAA
 mabuyaCRMF6419 TCTATGAAGCCCCCTTCTTCAGTATGAAAGGAAAAAGAAGGCCGGACCAA
 cherriaeCHIMASLCM260 -----AAAGGGGCATGGCTA
 silviTLATLAUOGV72 TCTATGATGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGAGGGGGCCCA
 cherriaYAXILANART428 TCTATGAAGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGACGGGGCCCA
 kikapooaUOGV566 TCTATGTTGCTACCCCTTTCAGTACGAAAGGACAAAGGGGGCATGGCCTA
 brevirostrisOAX TCTATGCAGCTACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGAAGGACCCA
 indubitusJAL2 TCTATGCAGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGGGACCAA
 kikapooaUOGV569 TCTATGATGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCC
 lateralisTEXMF4740 TCTATGACGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCC
 lateralisTEXWGS1 TCTATGACGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCC
 lateralisFLOCAS214306 TCTATGACGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCC
 TayloriBALSAMOJAC25254 TCTATGACGCTATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGCCGGGGCCCA
 silvicolaTIPOUOGV910 TCTATGACGCCCCCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGAGGGCCTA
 assataVIDRIOANMO1068 TCTATGACGTTACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGCCGGGGCCCA
 caudaeQROJAC24532 TCTATGACGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGGGTGGGGCCCA
 caudaeSLPJAC25991 TCTATGACGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGGGAGGGCCCA
 caudaeTAMMZFC647 TCTATGACGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGGGAGGGCCCA
 caudaTIPOUOGV561 TCTATGACGCCCCCTTCTTCAGTACGAAAGGAAAAAGAAGGGAGGGCCTA
 caudaTAMAUJAC24547 TCTATGACGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGGGAGGGCCCA
 silviTUXTLASUOGV378 TCTATGATGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCA
 silviTEXCATIAMH191 TCTATGACGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGAGGGCCTA
 silviCOYULALCM1181 TCTATGACGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGAGGGCCTA
 incertumQUICHEJAC19573 TCTATGACGCCACCTTCTTCAGTACNAAAGGACAAAGAAGGGAGGGCCTA
 gemminCOYULAUOGV242 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCAA
 gemminTIPOJAC22567 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCAA
 gemminTENANGOMZFC14215 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGAAAGGGCCCA
 gemminZACATLANFH122 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGATAAAGAAGAAAGGGCCCA
 gemminSELVAUOGV500 TCTATGCTGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCTA
 gemminVISHERJW794 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCAA
 gemminGUIENAGAJAC22952 TCTATGATGCCATCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAGGGGGCCTA
 gemminTOTONTEJAC21543 TCTATGACGCCATCTTTTTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCTA
 cherriaeIZABALENS7113 TCTATGACGCCGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGACGGGGCCCA
 gemminCHIMASJAC23168 TCTATGACGCCATCTTTTTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCTA
 gemminXICOJAC24979 TCTATGACGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCAA
 cherriaeCHOAPASJLAL TCTATGATGCCACCCCTTTCAGTACGAAAGGACCAAGGGGGCAGGGCCTA
 stuartiCORDOBAUOGV342 TCTATGTTGCTACCCCTTTCAGTACGAAAGGACAAAGGGGGCATGGCCTA
 ixbaacCAMPECHEISZ211 TCTATGATGCTACCCCTTTCAGTACGAAAGGACAAAGGGGGTAGGGCCTA
 cherriaALAJUAELAMF6067 TCTATGATGCCACTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGCCGGGGCCTA
 cherriaeATLANMEA893 TCTATGATGCCCCCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGCCAGGGCCTA
 tayloriCHILPANUOGV629 TCTATGACGCTAACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGACAGGGCCTA
 reveesiCHINAKU291934 TCTATGATGCACCCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAAAAGGGGGGGCCCC
 silvicolaCUETZJAC22499 TCTATGATGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGGGGGCCCA
 Eumecesegregius TCTATGTAGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAGGGGGGGACCCA
 gemminAPULCOUOGV112 TCTATGATGCCAGCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCCA
 gemminTLANCHIJTB90 TCTATGACGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAGGGACCCCC
 indubitusJAL TCTATGCAGCCACCTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGGGGGACCAA
 maculatusMYANCAS204863 TCTATGTTGCATATTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAAAAAGGACCTA
 gemminYETLAJAC21632 TCTATGATGCCAACTTCTTCAGTACGAAAGGACAAAGAAGAAAGGGCCAA

brevirostrisPUEBLA TGCCACAGGCACGTCT [CAAACCCCT-----] AACTGAACAAAACCTAAA
 mabuyaCRMF6419 CGTTACAAACGAGTCC [CAAAACAC-----] AGGTGAATAAAACCTAAA
 cherriaeCHIMASLCM260 TTTAA--AGGACGCTC [TCATTT-----] CAGGGGACCAAACCTAAA
 silviTLATLAUOGV72 TGCTACACGCCCATTT [TAAATCC-----] GGCTGAAATAAAACCTAAA
 cherriaYAXILANART428 TGTTAATTACACGCCC [GC---CAAACCA---] GGCTGAAGAAAACCTAAA
 kikapooaUOGV566 TGTTAACAGCACG-CC [---T--ACATAT-AC] AGCTGAACAAAACCTAAA
 brevirostrisOAX TGCCACAAGCACGTCC [-----CAGACCA-AT] AACTGAACAAAACCTAAA
 indubitusJAL2 TGCCACAAGCACGTCC [-----CAGACCA-CT] AACTGAACAAAACCTAAA
 kikapooaUOGV569 TGCTAATGGTATGCCC [---A--TAAAT--TT] AACTGAAAAAAACCTAAA
 lateralisTEXMF4740 TGCTAATGGTATGCCC [---G--TAAAT--TT] AACTGAAAAAAACCTAAA
 lateralisTEXWGS1 TGCTAATGGTATGCCC [---G--TAAAT--TT] AACTGAAAAAAACCTAAA
 lateralisFLOCAS214306 TGCTAATGGTATGCCC [A--T--AAAT---TT] AACTGAAAAAAACCTAAA
 TayloriBALSAMOJAC25254 TGTCAGAAGCACGCCC [---A--AAATTT-TA] AGCTGAAAAAAACCTAAA
 silvicolaTIPOUOGV910 TACTAAAAGCACGCCC [ATTC-TAAACCC---] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 assataVIDRIOANMO1068 TGTCGAGGACACGCCC [-----AAAATTTTTTA] AGCTGATAAAGACTTAA
 caudaeQROJAC24532 TGCTATAAGCACGCCC [ATTTT-AAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 caudaeSLPJAC25991 TGCTATAAAGCACGCC [CATTTTAAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 caudaeTAMMZFC647 TGCTAAAAGCACGCCC [ATTTTTAAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 caudaTIPOUOGV561 TGCTATAAGCACGCCC [ATTT--CTTCGC-CC] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 caudaTAMAUJAC24547 TGCTAAAAGCACGCCC [ATTTTTAAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 silviTUXTLASUOGV378 TGTAAAGATACGCCC [---C--CATCAA-AC] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 silviTEXCATIAMH191 TGCTAAGAGCACGCCC [AT-T--CTAAAC-CC] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 silviCOYULALCM1181 TGCTAAGAGCACGCCC [ATTCT-AAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 incertumQUICHEJAC19573 TGCTAAGAGCACGCCC [ATTCT-AAACC---C] GGCTGAAAAAAACCTAAA
 gemminCOYULAUOGV242 TGTTAGTAGCACGCCC [-----ATACAATA] GGCTGAAATAAAACCTAAA
 gemminTIPOJAC22567 TGTTAAAACACGCCC [----A-TAAAT-AA] GGCTGAAACAAAATCAA
 gemminTENANGOMZFC14215 TGTTAGTAACACGCCC [---AT-AAACCA---] GGCTGAAGTAAACTCAA
 gemminZACATLANFH122 TGTTAGTAACACGCCC [A--T--AAAACC--A] GGCTGAAGTAAACTCAA
 gemminSELVAUOGV500 TGTTAATAACACGCCC [-----ATAAAC-CA] GGCTGAAATAAACTTAA
 gemminVISHERJW794 TGTTAATAGCACGCCC [-----ATACAATA] GGCTGAAATAAACTTAA
 gemminGUIENAGAJAC22952 TGTTAAAGATACGCCC [---A--CCATCA-AC] GGCTGAA-AAAACCTCAA
 gemminTOTONTEJAC21543 TGTCAAAGATACGCCC [A--C--CATCAA-AC] GGCTGAA-AAAACCTCAA
 cherriaeIZABALENS7113 TGTTAATAACACGCCC [GC-C--AAACCA---] GGCTGAAGAAAACCTAAA
 gemminCHIMASJAC23168 TGTCAAAGATACGCCC [-A-C--CATCAA-AC] GGCTGAA-AAAACCTCAA
 gemminXICOJAC24979 TGTTAAGAGCACGCCC [---A--TAAAT-AA] GGCTGAAACAAAATCAA
 cherriaeCHOAPASJLAL TATTAAGGATACGCCC [-----AATGT-AT] AGCTGAACAAAACCTGAA
 stuartiCORDOBAUOGV342 TGTTAACAGCACG-CC [---T--ACATAT-AC] AGCTGAACAAAACCTAAA
 ixbaacCAMPECHEISZ211 TGTTAATGACACGCCC [----A-TGTGCG-C-] AGCTGAACAAAACCTGAA
 cherriaALAJUAEAMF6067 TGCTAGCAACACGCCC [----T-AAAACA--C] AGCTGAACACATCTAAA
 cherriaeATLANMEA893 TGTTAACACACGCCC [---T--AAAATA-C-] AGCTGAACACATCTAAA
 tayloriCHILPANUOGV629 TGCTAACAGCACGCCC [---A--CTAGCA-C-] AGCTGAATAAAACCTAAA
 reveesiCHINAKU291934 TGCCAACAGCATGCCC [----TACACCAATAT] GACTGAACACAACCTAAA
 silvicolaCUETZJAC22499 TGCTAAAAGCACGCCC [ATTTT-AAATC---C] GGCTGAAATAAAACCTAAA
 Eumecesegregius TGCCACCGGCACGTCC [-----TAAACCA-TT] AACTGAACAAAACCTAAA
 gemminAPULCOUOGV112 TGTTAGTAACACGCCC [---A--TAAAC-CA] GGCTGAAATAAACTCAA
 gemminTLANCHIJTB90 TGTTAACAACACGTCC [---T--TACCAT-AT] AACTGAGTAAAACCTAAA
 indubitusJAL TGCCACAAGCACGTCC [-----CAGACCA-CT] AACTGAACAAAACCTAAA
 maculatusMYANCAS204863 TGCCAACAGTACGTCC [-----TAGACCC-AT] AACTGAATATAACCTAAA
 gemminYETLAJAC21632 TGTTAATAGCACGCCC [-----ATACAATA] GGCTGAAATAAACTTAA

brevirostrisPUEBLA GT[TA----A-ACAGCTA--C-CC--CC-A--CGACCAAAGAT----CG]
 mabuyaCRMF6419 GC[TATC--A-ATGGCTA--C-AA--GT-----AGCCGGAGATAGACGG]
 cherriaeCHIMASLCM260 GC[-A----A-TTAGC-A--C-CC--CT-T--AAGCCGAGGTC----AG]
 silviTLATLAUOGV72 GC[CT----A--CGGCAA--T-CA--GC---CGAGCCAA-GAC----GC]
 cherriaYAXILANART428 GC[CA----A-ACAGCAA--A-CA--AC-T-AAAGCCAA-GAC----AT]
 kikapooaUOGV566 GC[-A----A-ATAGCAA--C-CA--TCTT--AAGCCGA-GAT----AG]
 brevirostrisOAX GT[TA----A-ACAGCTA--C-CA--CC-A--CGACCAAAGAT----CG]
 indubitusJAL2 GT[AA----A-ACAGCTA--C-TA--CC-A--CGACCAAAGAT----CG]
 kikapooaUOGV569 GT[TT----T--CAGCAA--T-CA--AA-A--AAGCCGA-GAT----AT]
 lateralisTEXMF4740 GT[TT----T--CAGCAA--T-CA--AA-A--AAGCCGAA-AT----AT]
 lateralisTEXWGS1 GT[TT----T--CAGCAA--T-CA--AA-A--AAGCCGAA-AT----AT]
 lateralisFLOCAS214306 GT[TT----T--CAGCAA--T-CA--AA-A--AAGCCGAT-AT----AT]
 TayloriBALSAMOJAC25254 GC[TA----T--CAGCAA--T-CA--GT-G--AAGCCGA-GAT----AT]
 silvicolaTIPOUOGV910 GC[CT-----ACGGCAA-----TCAATCAAGCCAA-GAT----GC]
 assataVIDRIOANMO1068 GC[TA----A-TCAACAA--C-TA--AT-G--AAGCCGA-GAT----AT]
 caudaeQROJAC24532 GC[CT----G--CGGCAA--T-CA--AC---CGAGCCAA-GAT----GC]
 caudaeSLPJAC25991 GC[CT----G--CGGCAA--T-CA--AC---CAAGCCAA-GAT----GC]
 caudaeTAMMZFC647 GC[CT----A--CGGCAA--T-CA--AC---CGAGCCAA-GAT----GC]
 caudaTIPOUOGV561 GC[CT----A--CGGCAA--T-CA--AT---CAAGCCAA-GAT----GC]
 caudaTAMAUJAC24547 GC[CT----A--CGGCAA--T-CA--AC---CGAGCCAA-GAT----GC]
 silviTUXTLASUOGV378 GC[CCT---C-GGCAATA--A-GC--CT-A--GAGCCGA-GAC----AT]
 silviTEXCATIAMH191 GC[CT----A--CGGCAA--T-TC--AA-T-CAGGCCAA-GAT----GC]
 silviCOYULALCM1181 GC[CT----A--CGGCAA--T-TC--AA-T-CAGGCCAA-GAT----GC]
 incertumQUICHEJAC19573 GC[CT----A--CGGCAA--T-TC--AA-T-CAGGCCAA-GAT----GC]
 gemminCOYULAUOGV242 GC[GT----A-GCGGCAA--T-AA--AT-G--AAGCCAA-GAC----AT]
 gemminTIPOJAC22567 GC[CC----A-ACGGCAA--T-AA--AT-G--AAGCCAA-GAC----AC]
 gemminTENANGOMZFC14215 GC[CC----A-ACGGCAA--C-G----C-A-CAAGCCAA-GAC----AT]
 gemminZACATLANFH122 GC[CC----A-ACGGCAACGC-A-----CAAGCCAA-GAC----AT]
 gemminSELVAUOGV500 GC[CC----A-ACGGCAA--AATA--C--A--GGCCAAGACAT----CG]
 gemminVISHERJW794 GC[CT----A-GCGGCAA--T-AA--AT-G--AAGCCGA-GAC----AT]
 gemminGUIENAGAJAC22952 GC[CC----T--CGGCAA--T-AA--CTTA--GGGCCGA-GACA---TT]
 gemminTOTONTEJAC21543 GC[CA----T--CGGCAATAA-AC--TT-A--GAGCCGA-GACA---TT]
 cherriaeIZABALENS7113 GC[CA----A-ACAGCAA--A-CA--AC-T-AAAGCCAA-GAC----AT]
 gemminCHIMASJAC23168 GC[CA----T--CGGCAA--T-AACTT-A--GAGCCGA-GAC----AT]
 gemminXICOJAC24979 GC[CC----A-ACGGCAA--T-AA--AT-G--AAGCCAA-GAC----AT]
 cherriaeCHOAPASJLAL GC[CT----A-ACAGCAA--C-CA--AT---CAAGCCGA-GAT----AG]
 stuartiCORDOBAUOGV342 GC[-A----A-ATAGCAA--C-CA--CT-T--AAGCCGA-GAT----AG]
 ixbaacCAMPECHEISZ211 GC[CA----A-ACAGCAA--C-CA--TT-T--AAGCCGA-GAT----AG]
 cherriaALAJUAELAMF6067 GC[TA----ATATGGCAA--T-CA--AC---CAAGCCAA-GAT----AG]
 cherriaeATLANMEA893 GC[TA----C-ATGGCAG--C-CA--AT-T--AAGCCAA-GAT----AG]
 tayloriCHILPANUOGV629 GC[CA----G-ACAGCAA--C-AA--CC-A--TAGCCGA-GAT----AC]
 reveesiCHINAKU291934 GT[CACACTA-GCAACCA--C-AAACCT-G--TGGCCAAAGAT----AG]
 silvicolaCUETZJAC22499 GC[CT----A--CGGCAA--T-CA--GC---CGAGCCAA-GAC----GC]
 Eumecesegregius GT[TA----A-ACAGCTA--T-TA--CC-A-CGACTAAA-GAT----CG]
 gemminAPULCOUOGV112 GC[CC----A-ACGGCAA--C-GT--AC----AAGCCAA-GAC----AT]
 gemminTLANCHIJTB90 GT[TA----C-ATAGGCAACC-TA--TG-T--CAGCCCAGAT----CA]
 indubitusJAL GT[AA----A-ACAGCTA--C-TA--CC-A--CGACCAAAGAT----CG]
 maculatusMYANCAS204863 GT[TA----T-ATTGCAA--A-TA--CC-A--CAGCCGAAGAT----AA]
 gemminYETLAJAC21632 GC[CT----A-ACGGCAA--T-AA--AT-G--AAGCCAA-GAC----AT]

brevirostrisPUEBLA	TGATTTGTTGGGGTGGCAGAGCCAGGTATA-TGCAAAAGGCCTAAAACCT
mabuyaCRMF6419	CTATTTATTAGGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCAAAAGGCCTAAGATCT
cherriaeCHIMASLCM260	GGGTTTATTAAGGTGGCAGAGCCGGTTA-A-TGCATAAGTCCTAAGATCT
silviTLATLAUOGV72	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
cherriaeYAXILANART428	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCACAAGTCCTAAGGTCT
kikapooaUOGV566	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
brevirostrisOAX	TGGTTTATTAGGGTGGCAGAGCCAGGTACA-TGCATAAGGCCTAAAACCT
indubitusJAL2	TGGTTTATTAGGGTGGCAGAGCCAGGTATA-TGCAAAAGGCCTAAAACCT
kikapooaUOGV569	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
lateralisTEXMF4740	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
lateralisTEXWGS1	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
lateralisFLOCAS214306	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
TayloriBALSAMOJAC25254	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
silvicolaTIPOUOGV910	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
assataVIDRIOANMO1068	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCACAAGTCCTAAGATCT
caudaeQROJAC24532	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
caudaeSLPJAC25991	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
caudaeTAMMZFC647	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
caudaTIPOUOGV561	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
caudaTAMAUJAC24547	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
silviTUXTLASUOGV378	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
silviTEXCATIAMH191	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
silviCOYULALCM1181	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
incertumQUICHEJAC19573	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminCOYULAUOGV242	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminTIPOJAC22567	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminTENANGOMZFC14215	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminZACATLANFH122	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminSELVAUOGV500	--GCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminVISHERJW794	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminGUIENAGAJAC22952	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminTOTONTEJAC21543	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
cherriaeIZABALENS7113	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCACAAGTCCTAAGGTCT
gemminCHIMASJAC23168	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminXICOJAC24979	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
cherriaeCHOAPASJLAL	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTAAAATGCATAAGTCCTAAGATCT
stuartiCORDOBAUOGV342	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTAAA-TGCATAAGTCCTAAGATCT
ixbaacCAMPECHEISZ211	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTAAAATGCATAAGTCCTAAGATCT
cherriaeALAJUAELAMF6067	CGACTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATA-TGCATAAGTCCTAAGATCT
cherriaeATLANMEA893	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
tayloriCHILPANUOGV629	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCACAAGTCCTAAGATCT
reveesiCHINAKU291934	TGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCAGAAGACCTAAGATCT
silvicolaCUETZJAC22499	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
Eumecesegregius	TGGTTTATTAGGGTGGCAGAGCCAGGTATA-TGCAAAAGGCCTAAAACCT
gemminAPULCOUOGV112	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT
gemminTLANCHIJTB90	GGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTAAAATGCATAAGTCCTAAGATCT
indubitusJAL	TGGTTTATTAGGGTGGCAGAGCCAGGTATA-TGCAAAAGGCCTAAAACCT
maculatusMYANCAS204863	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCGGGTA-A-TGCAAAAGTCCTAAGATCT
gemminYETLAJAC21632	CGGCTTATTAAGGTGGCAGAGCCAGGTATAATGCATAAGTCCTAAGATCT

brevirostrisPUEBLA TTACTTCAGATGTTCAAATCGTCTCCCCAACCATGCATTGACTTTTCACA
 mabuyaCRMF6419 TTACATCAGATGTTCAAATCATCTCCCTAATCATGCAAAACCTATTATTA
 cherriaeCHIMASLCM260 TCTTACCAGATGTTCAAATCATTTCCTTAATAATGAGCTTCATCCTACTT
 silviTLATLAUOGV72 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTCCACATTAATT
 cherriaYAXILANART428 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCGCCCCACACTACTT
 kikapooaUOGV566 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTTTCAACTACTT
 brevirostrisOAX TTACTTCAGGTGTTCAAATCACCTCCCTAATCATGCGCCTACTTTTAGTA
 indubitusJAL2 TTACTTCAGATGTTCAAATCATCTCCCTAATCATGCACTCATTFTTCGCA
 kikapooaUOGV569 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTTTACACTACTT
 lateralisTEXMF4740 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTTTACACTACTT
 lateralisTEXWGS1 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTTTACACTACTT
 lateralisFLOCAS214306 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTTTACACTACTT
 TayloriBALSAMOJAC25254 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCACACTACTT
 silvicolaTIPOUOGV910 TCCTATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTCACACTAATT
 assataVIDRIOANMO1068 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCACACTACTT
 caudaeQROJAC24532 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTCCACATTAATT
 caudaeSLPJAC25991 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTCCACATTAATT
 caudaeTAMMZFC647 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATCCACATTAATT
 caudaTIPOUOGV561 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCCACACTAATT
 caudaTAMAUJAC24547 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCCACACTAATT
 silviTUXTLASUOGV378 TCCTTTTCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTTACATTAATT
 silviTEXCATIAMH191 TCCTATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCGCCTCACACTAATT
 silviCOYULALCM1181 TCCTATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCGCCCCACACTAATT
 incertumQUILICHEJAC19573 TCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCGCCTCACACTAATT
 gemminCOYULAUOGV242 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACGCCACACTACTT
 gemminTIPOJAC22567 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACACCACACTACTT
 gemminTENANGOMZFC14215 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTCCACACTACTT
 gemminZACATLANFH122 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTCCACACTACTT
 gemminSELVAUOGV500 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTCCACACTACTT
 gemminVISHERJW794 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACGCCACACTACTT
 gemminGUIENAGAJAC22952 TCCTTTTCAGGTGTTCAAATCACCTCCTTAATAATGCATTTCACACTACTT
 gemminTOTONTEJAC21543 TCCTTTTCAGGTGTTCAAATCACCTCCTTAATAATGCATTTCACACTACTT
 cherriaeIZABALENS7113 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCCACACTACTT
 gemminCHIMASJAC23168 TCCTTTTCAGGTGTTCAAATCACCTCCTTAATAATGCATTTCACACTACTT
 gemminXICOJAC24979 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACACCACACTACTT
 cherriaeCHOAPASJLAL TCCCACCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCATCCTACTT
 stuartiCORDOBAUOGV342 TCCTACCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAGCTTCATCCTACTT
 ixbaacCAMPECHEISZ211 TCCCACCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCACCCACTACTT
 cherriaALAJUAELAMF6067 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATCTTATTCTACTT
 cherriaeATLANMEA893 TCCTATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATCTTACTACTGCTT
 tayloriCHILPANUOGV629 TCCTATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCACACTATTA
 reveesiCHINAKU291934 TTCACCCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTCGACCCTGCTT
 silvicolaCUETZJAC22499 TCTCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCATTTCACATTAATT
 Eumecesegregius TTACCTCAGACGTTCAAATCCTCTCCCTAATCATGCACCTACTTCTTACC
 gemminAPULCOUOGV112 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACCTCCACACTACTT
 gemminTLANCHIJTB90 TCCCTCCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAACAATGCACCCCATATTAATT
 indubitusJAL TTACTTCAGATGTTCAAATCATCTCCCTAATCATGCACTCATTFTTCGCA
 maculatusMYANCAS204863 TTCACCCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGAATTCGCCCCTACTC
 gemminYETLAJAC21632 TCCCATCAGATGTTCAAATCATCTCCTTAATAATGCACGCCACACTACTT

brevirostrisPUEBLA	CACACCATTAACCCCTACTTTACATTATCCCTATTTTTGGTGGCGGTAGC
mabuyaCRMF6419	TACGTAATCAACCCCTACTCTACATCATCCCATCCTAATCGCAGTCGC
cherriaeCHIMASLCM260	TACCTCATCAACCCCTACTTTATATTATCCCAATCCTCATTGCAGTCGC
silviTLATLAUOGV72	TACCTTATTAACCCCTACTCTATATTATCCCTATTTTTAGTGCAGTCGC
cherriaYAXILANART428	TACCTTATTAATCCCCCTACTCTATATTATCCCAATCCTAATTGCAGTTGC
kikapooaUOGV566	TATCTAATTAACCCCTTATTATTTATTATCCCAATCCTAATTGCAGTAGC
brevirostrisOAX	CACATTATTAACCCCTACTCTATATTGTTCCCATCTTACTGGCTGTAGC
indubitusJAL2	CACATTATTAACCCCTACTCTACATTATCCCATCCTAATCGCCGTAGC
kikapooaUOGV569	TATCTAATTAACCCCTTATTATTTATTATCCCAATCCTAATTGCAGTAGC
lateralisTEXMF4740	TATCTAATTAACCCCTTATTATTTATTATCCCGATCCTAATTGCAGTAGC
lateralisTEXWGS1	TATCTAATTAACCCCTTATTATTTATTATCCCGATCCTAATTGCAGTAGC
lateralisFLOCAS214306	TATCTAATTAACCCCTTATTATTTATTATCCCGATCCTAATTGCAGTGGC
TayloriBALSAMOJAC25254	TACCTCATCAACCCATACTTTACATTATCCCATCCTTGTGCAGTTGC
silvicolaTIPOUOGV910	TACCTTATTAACCCACTACTTTATATTATCCCTATCTTAGTTGCAGTCGC
assataVIDRIOANMO1068	TACCTCATCAACCCATACTTTACATCATCCCATCCTTGTGTGCAGTCGC
caudaeQROJAC24532	TACCTTATTAACCCCTTACTTTATATTATCCCATTTTTAATCGCAGTAGC
caudaeSLPJAC25991	TACCTTATTAACCCCTTACTTTATATTATCCCATTTTTAATCGCAGTAGC
caudaeTAMMZFC647	TACCTTATTAACCCCTACTTTTATATTGTCCCTATTTTTAATCGCAGTAGC
caudaTIPOUOGV561	TACCTTATTAACCCCTACTTTTATATTATCCCTATTTTTAGTGCAGTTGC
caudaTAMAUJAC24547	TACCTTATTAACCCCTACTTTTATATTGTCCCTATTTTTAATCGCAGTAGC
silviTUXTLASUOGV378	TACCTTATTAACCCACTACTCTATGTTGTCCCATCCTAATCGCAGTCGC
silviTEXCATIAMH191	TACCTTATTAACCCCTTACTTTATATTGTCCCTATCCTAATCGCAGTTGC
silviCOYULALCM1181	TACCTTATTAACCCCTTACTTTATATTGTCCCTATCCTAATCGCAGTTGC
incertumQUICHEJAC19573	TACCTTATTAACCCCTTACTCTATATTGTCCCTATCCTAATCGCAGTTGC
gemminCOYULAUOGV242	TACCTTATTAACCCCTACTCTACATCATCCCTATCCTAATTGCAGTCGC
gemminTIPOJAC22567	TACCTTATTAACCCGTTACTCTATATTATCCCTGTTTTAATTGCAGTTGC
gemminTENANGOMZFC14215	TACCTCATTAACCCCTTACTCTATATTATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
gemminZACATLANFH122	TACCTCATTAACCCCTTACTCTATATTATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
gemminSELVAUOGV500	TACCTTATTAACCCCTACTCTATATTATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
gemminVISHERJW794	TACCTTATTAACCCCTACTCTACATCATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
gemminGUIENAGAJAC22952	TACCTTATTAACCCACTACTTTATATTGTCCCATCCTACTCGCAGTAGC
gemminTOTONTEJAC21543	TACCTTATTAACCCACTACTCTACATTATCCCATCCTAATCGCAGTGGC
cherriaeIZABALENS7113	TACCTTATTAATCCCTACTCTATATTATCCCAATCCTAATTGCAGTTGC
gemminCHIMASJAC23168	TACCTTATTAACCCACTACTCTACATTATCCCATCCTAATCGCAGTGGC
gemminXICOJAC24979	TACCTTATTAATCCTCTACTCTATATTACCCCTATTTTTAATTGCAGTTGC
cherriaeCHOAPASJLAL	TATCTCATCAACCCCTACTCTATATCATCCCATCCTAATTGCAGTCGC
stuartiCORDOBAUOGV342	TACCTCATCAACCCCTACTTTATATTATCCCAATCCTCATTGCAGTCGC
ixbaacCAMPECHEISZ211	TACCTCATCAACCCCTTACTCTACATCATCCCAATCCTAGTTGCAGTTGC
cherriaALAJUAEAMF6067	TACCTCATTAACCCCTTGCTCTATGTCCATCCAGTTCTTATTGCAGTCGC
cherriaeATLANMEA893	TACCTTATTAACCCCTTACTTTATATTATCCCTGTTCTTATTGCTGTAGC
tayloriCHILPANUOGV629	TATCTTATTAACCCCTACTCTATGTTGCACCTATTCTTATTGCAGTGGC
reveesiCHINAKU291934	TACCTAATTAACCCCTACTTTACATTATCCCTGTCCTCGTCAGTCGC
silvicolaCUETZJAC22499	TACCTTATTAACCCCTACTCTATATCATCCCTATTTTTAGTGCAGTCGC
Eumecesegregius	CACATTATTAACCCCTGCTCTATATTATCCGGTTTTAGTAGCCGTAGC
gemminAPULCOUOGV112	TACCTCATTAACCCCTTACTCTATATTATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
gemminTLANCHIJTB90	TACCTTATTAACCCACTACTCTATATTATCCCTATTTTTAATTGCAGTCGC
indubitusJAL	CACATTATTAACCCCTACTCTACATTATCCCATCCTAATCGCCGTAGC
maculatusMYANCAS204863	TACCTAATTAATCCTCTACTCTATATTATCCCAATCCTTATTGCAGTCGC
gemminYETLAJAC21632	TACCTTATTAACCCCTACTATACATCATCCCTATCCTAATTGCAGTCGC

brevirostrisPUEBLA	CTTCCTCACACTCCTGGAACGAAAAGCCCTTGGTTATATACAACCTTCGAA
mabuyaCRMf6419	TTTCCTCACGCTTCTAGAACGAAAAGTGCTCGGCTATATACAATTACGCA
cherriaeCHIMASLCM260	CTTTCTCACCTTACTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTTCGAA
silviTLATLAUOGV72	TTTCCTTACACTACTAGAACGAAAAGTCCTCGGATATATGCAACTACGAA
cherriaYAXILANART428	CTTTCTTACACTACTGGAACGAAAAGTATTAGGATACATACAACCTACGGA
kikapooaUOGV566	CTTCCTTACCCTTCTAGAACGTAATAATCCTCGGCTACATGCAACTACGAA
brevirostrisOAX	ATTTCCTTACACTTTTGTAGAACGAAAATCCTTGGCTATATACAACCTTCGAA
indubitusJAL2	CTTCCTCACACTTCTAGAACGAAAATCCTTGGCTACATACAACCTTCGAA
kikapooaUOGV569	CTTCCTTACCCTTCTAGAACGTAATAATCCTCGGCTATATGCAACTACGAA
lateralisTEXMF4740	CTTCCTAACCTTCTAGAACGTAATAATCCTCGGCTATATGCAACTACGAA
lateralisTEXWGS1	CTTCCTAACCTTCTAGAACGTAATAATCCTCGGCTATATGCAACTACGAA
lateralisFLOCAS214306	CTTCCTTACCCTTCTAGAACGTAATAATCCTCGGCTATATGCAACTACGAA
TayloriBALSAMOJAC25254	CTTCCTCACCTTATTAGAACGAAAAGTCCTAGGATACATACAACCTACGAA
silvicolaTIPOUOGV910	CTTCCTCACACTATTAGAACGAAAAGTCCTCGGATATATACAACCTACGAA
assataVIDRIOANMO1068	CTTCCTCACCTTACTAGAACGAAAATCCTCGGATACATACAACCTACGAA
caudaeQROJAC24532	CTTCCTTACACTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAATTACGAA
caudaeSLPJAC25991	CTTCCTTACACTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAATTACGAA
caudaeTAMMZFC647	CTTCCTTACACTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTACGAA
caudaTIPOUOGV561	CTTCCTTACACTGTTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTACGAA
caudaTAMAUJAC24547	CTTCCTTACACTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTACGAA
silviTUXTLASUOGV378	CTTTCTTACACTTCTAGAGCGAAAAGTCCTTGGCTACATACAACCTGCGAA
silviTEXCATIAMH191	CTTCCTTACGCTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTACGGA
silviCOYULALCM1181	CTTCCTTACGCTATTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTACGGA
incertumQUICHEJAC19573	CTTCCTTACGCTATTAGAACGAAAAGTACTCGGATACATACAACCTTCGAA
gemminCOYULAUOGV242	TTTTCTTACACTACTAGAACGAAAATCCTTAGGATACATACAACCTACGAA
gemminTIPOJAC22567	CTTCCTCACATTACTAGAGCGGAAAAGTCCTAGGGTATATACAACCTACGAA
gemminTENANGOMZFC14215	TTTTCTTACATTACTAGAGCGGAAAAGTCCTAGGGTACATACAACCTACGAA
gemminZACATLANFH122	TTTTCTTACATTACTAGAGCGGAAAAGTCCTAGGGTACATACAACCTACGAA
gemminSELVAUOGV500	CTTTCTTACACTACTGGAGCGGAAAAGTCCTAGGATACATACAACCTACGAA
gemminVISHERRJW794	TTTTCTT-ACACTACTAGAACGAAAAGTCCTAGGATATATACAACCTACGAA
gemminGUIENAGAJAC22952	CTTCCTCACACTTCTAGAACGAAAATCCTTGGCTACATACAACCTACGAA
gemminTOTONTEJAC21543	CTTCCTGACACTTCTAGAACGAAAAGTCCTTGGCTACATACAACCTACGAA
cherriaeIZABALENS7113	CTTTCTTACACTACTGGAACGAAAAGTATTAGGATACATACAACCTACGGA
gemminCHIMASJAC23168	CTTCCTTACACTTCTAGAACGAAAAGTCCTTGGCTACATACAACCTACGAA
gemminXICOJAC24979	CTTCCTCACATTGCTAGAACGAAAAGTCTTAGGATACATACAACCTACGAA
cherriaeCHOAPASJLAL	TTTTCTAACCTATTAGAACGAAAAGTACTCGGATACATGCAACTTCGAA
stuartiCORDOBAUOGV342	CTTTCTCACCTTACTAGAACGAAAAGTCCTTGGATATATACAACCTTCGAA
ixbaacCAMPECHEISZ211	TTTTCTCACCTATTAGAACGAAAATCCTCGGATACATACAACCTTCGAA
cherriaALAJUAELEMF6067	CTTTCTTACCCTATTAGAACGAAAAGTCCTAGGATACATACAACCTACGAA
cherriaeATLANMEA893	CTTTCTTACCCTATTAGAACGAAAAGTCCTGGGATATATACAACCTACGAA
tayloriCHILPANUOGV629	TTTTCTCACACTACTAGAACGTAATAATCCTCGGATATATACAACCTACGAA
reveesiCHINAKU291934	CTTCCTAACCTTACTAGAACGAAAATCCTTAGGGTGGATACAACCTACGAA
silvicolaCUETZJAC22499	TTTTCTTACACTACTAGAACGAAAAGTCCTCGGATACATGCAAGTACGAA
Eumecesegregius	CTTCCTCACCTCCTAGAACGAAAAGTCTTGGCTATATACAACCTTCGAA
gemminAPULCOUOGV112	CTTCCTTACATTACTAGAGCGGAAAAGTCCTAGGGTACATACAACCTACGAA
gemminTLANCHIJTB90	CTTTCTTACACTACTGGAGCGGAAAAGTCCTAGGATATATACAACCTACGAA
indubitusJAL	CTTCCTCACACTTCTAGAACGAAAATCCTTGGCTACATACAACCTTCGAA
maculatusMYANCAS204863	TTTTCTCACATTACTAGAACGAAAAGTACTAGGCTATATACAAGTACGAA
gemminYETLAJAC21632	TTTTCTTACACTACTAGAACGAAAAGTCCTAGGATACATACAACCTACGAA

brevirostrisPUEBLA AGGGGCCAAACATTGTTGGCCCCGTATGGCTTATTACAGCCGGTTCGAGAT
 mabuyaCRMF6419 AAGGGCCTAATATTGTAGGTCCCTACGGCCTATTACAACCAATTGCTGAC
 cherriaeCHIMASLCM260 AAGGGCCCAATATTGTTGGCCCTTACGGCCTACTACAACCCATCGCTGAC
 silviTLATLAUOGV72 AAGGGCCCAATATTATTGGCCCTATGGCCTACTACAGCCTGTGCTGAC
 cherriaYAXILANART428 AAGGGCCCTAACATCGTCGGCCCCCTACGGCCTACTTCAACCTGTTGCAGAC
 kikapooaUOGV566 AAGGGCCCTAACATCGTCGGCCCCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCTGAC
 brevirostrisOAX AAGGGCCAAACATCGTCGGCCCCATGCGGCTTGTTCACCCGATTCGAGAT
 indubitusJAL2 AAGGGCCCAACATCATCGGCCCGTACGGCCTATTACAACCAATTGAGAT
 kikapooaUOGV569 AAGGGCCCTAACATTGTAGGACCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCTGAC
 lateralisTEXMF4740 AAGGGCCCTAACATTGTGGGACCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCTGAC
 lateralisTEXWGS1 AAGGGCCCTAACATTGTGGGACCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCTGAC
 lateralisFLOCAS214306 AAGGGCCCTAACATTGTAGGACCATACGGCCTACTCCAACCCATTGCTGAC
 TayloriBALSAMOJAC25254 AAGGACCAATATTGTAGGCCCTACGGCCTACTACAACCAATCGCTGAC
 silvicolaTIPOUOGV910 AAGGGCCCAACATTATTGGCCCATACGGCCT-----
 assataVIDRIOANMO1068 AAGGGCCCAATATCATGGGGCCGTACGGCGTA-----
 caudaeQROJAC24532 AAGGGCCTAATATTATCGGCCCATACGGCCTGCTACAACCTATCGCTGAC
 caudaeSLPJAC25991 AAGGGCCTAATATTATCGGCCCATACGGCCTACTCCAGCCTGTGCTGAC
 caudaeTAMMZFC647 AAGGGCCTAATATTATTGGGCCCATACGGCCTGCTCCAACCTGTGCTGAC
 caudaTIPOUOGV561 AAGGGCCTAATATTATTGGGCCCTACGGCCTACTCCAACCTGTTGCTGAC
 caudaTAMAUJAC24547 AAGGGCCTAATATTATTGGGCCCATACGGCCTGCTCCAACCTGTGCTGAC
 silviTUXTLASUOGV378 AAGGGCCCAATATTGTAGGCCCATACGGCCTACTCCAGCCCATTGCCGAC
 silviTEXCATIAMH191 AAGGGCCCAATATTATGGGCCCATACGGCCTACTCCAACCTGTGCTGAC
 silviCOYULALCM1181 AAGGGCCCAATATTATTGGGCCCATACGGCCTACTCCAACCTGTGCTGAC
 incertumQUICHEJAC19573 AAGGGCCCAATATTGTAGGCCCTTACGGCCTATTACAGCCCGTCCGGGAC
 gemminCOYULAUOGV242 AAGGGCCCAATATCATCGGCCCATACGGCCTGCTAAAACCTATCGCTGAC
 gemminTIPOJAC22567 AAGGGCCCTAATATTATTGGGCCCATACGGCCTACTTCAACCCATTGCCGAC
 gemminTENANGOMZFC14215 AAGGGCCCTAATATTATTGGGCCCATACGGACTTCTGCAACCCGTTGCTGAT
 gemminZACATLANFH122 AAGGGCCCTAATATTAGTGGGCCCATACGGCTTCTTTCAACCCGTTGGGGAT
 gemminSELVAUOGV500 AAGGGCCCTAATATTGTAGGCCCATACGGAC-----
 gemminVISHERJW794 AAGGGCCCTAATATCGGTGGCTCATACGGCCTACTTCAACCAATTGCTGAT
 gemminGUIENAGAJAC22952 AAGGGCCCAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTCCAGCCCGTTGCCGAC
 gemminTOTONTEJAC21543 AAGGGCCCAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTCCAACCCCTTGCCGAC
 cherriaeIZABALENS7113 AAGGGCCCTAATATCGTCGGGCCCATACGGCCTACTTCAACCTGTTGCAGAC
 gemminCHIMASJAC23168 AAGGGCCCAACATTGTAGGCCCATACGGCCTACTACAGCCATTGCCGAC
 gemminXICOJAC24979 AAGGGCCCTAATATTATTGGGCCCATATGGCCTACTTCAACCCATTGCTGAC
 cherriaeCHOAPASJLAL AAGGGCCCTAATATTGTGCGCCCCCTACGGCCTATTACAGCCCGTTCGCTGAC
 stuartiCORDOBAUOGV342 AAGGGCCCAATATTGTTGGCCCTTACGGCCTACTACAACCCATCGCTGAC
 ixbaacCAMPECHEISZ211 AAGGGCCCTAATATTGTTGGCCCATGCGGCCTATTTCAACCCGTTCGCTGAC
 cherriaALAJUAELAMF6067 AAGGGCCCAATATCATTGGGCCCATACGGCCTCTTACAACCCCTTGTGCTGAT
 cherriaeATLANMEA893 AAGGGCCCAATATCATTGGGCCCATACGGCCTCTTACAACCCCTTGTGCTGAT
 tayloriCHILPANUOGV629 AAGGGCCCAATATTATTGGGCCCGTATGGCCTACTTCAACCTGTTGCAGAC
 reveesiCHINAKU291934 AAGGGCCCGAATATTGTAGGACGATACGGCCTTCTACAACCAATTGCC--
 silvicolaCUETZJAC22499 AAGGGCCCAATATTATTGGGCCCATATGGCCTACTACAGCCTGTGCTGAC
 Eumecesegregius AAGGGCCCAATATTGTGGGCCCATACGGCCTCCTTCAACCAATCGCAGAT
 gemminAPULCOUOGV112 AAGGTCTAATATTATCGGCCCATACGGACTTCTTCAACCCGTTGCTGAT
 gemminTLANCHIJTB90 AAGGTCTAATATTGTGGGCCCATACGGACTTCTCCAACCTGTTGCTGAC
 indubitusJAL AAGGGCCCAACATCATCGGCCCGTACGGCCTATTACAACCAATTGAGAT
 maculatusMYANCAS204863 AAGGACCTAATATTATAGGCCCGGACGGCTTACTTCAAGCCA-----
 gemminYETLAJAC21632 AAGGGCCCTAATATTATTGGGCCCATACGGCCTACTTCAACCAATCGCTGAC

brevirostrisPUEBLA	GGCGTAAAAC TTTTCATTAAGAACC
mabuyaCRMF6419	GGAGTAAAAC TCTTTATTAAGAACC
cherriaeCHIMASLCM260	GGCGTAAAAC TATTTACTAAAGAGCC
silviTLATLAUOGV72	GGCGTAAAAC TCTTTACCAAAGAACC
cherriaYAXILANART428	GGCGTTAAAC TTTACCAAAGAACC
kikapooaUOGV566	GGCGTAAAAC TTGTTTCATCAAAGAG
brevirostrisOAX	GGCGTAAAAC TTTTCATTAAGAACC
indubitusJAL2	GGTGTGAAAC TTTTCATTAAGAACC
kikapooaUOGV569	GGCGTAAAAC TTGTTTCATCAAAGAG
lateralisTEXMF4740	GGCGTAAAAC TATTCATCAAAGAACC
lateralisTEXWGS1	GGCGTAAAAC TATTCATCAAAGAACC
lateralisFLOCAS214306	GGCGTAAAAC TTGTTTCATCAAAGAG
TayloriBALSAMOJAC25254	GGGGTAAAAC TATTTATTAAGAACC
silvicolaTIPOUOGV910	-----
assataVIDRIOANMO1068	-----
caudaeQROJAC24532	GGCGTAAAAC TCTTTACCAAAGAGCC
caudaeSLPJAC25991	GGCGTGAAAC TCTTTACCAAAGAGCC
caudaeTAMMZFC647	GGCGTAAAAC TATTTACCAAAGAACC
caudaTIPOUOGV561	GGCGTAAAAC TATTTACCAAAGAGCC
caudaTAMAUJAC24547	GGCGTAAAAC TATTTACCAAAGAACC
silviTUXTLASUOGV378	GGTGTGAAAC TATTCACCAAAGAGCC
silviTEXCATIAMH191	GGCGTGAAAC TCTTTACCAAAGAGCC
silviCOYULALCM1181	GGCGTGAAAC TCTTTACCAAAGAGCC
incertumQUILICHEJAC19573	GGCGTAAAAC TATTTACTAAAGAGCC
gemminCOYULAUOGV242	GGCGTAAAAC TCTTTACCAAAGAGCC
gemminTIPOJAC22567	GGTGTAAAAC TCTTTATCAAAGAACC
gemminTENANGOMZFC14215	GGTGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
gemminZACATLANFH122	GGTGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
gemminSELVAUOGV500	-----
gemminVISHERJW794	GGTGTAAAAC TCTTTATTAAGAACC
gemminGUIENAGAJAC22952	GGTGTGAAAC TATTCACCAAAGAACC
gemminTOTONTEJAC21543	GGTGTAAAAC TATTCACCAAAGAACC
cherriaeIZABALENS7113	GGCGTTAAAC TCTTTACCAAAGAACC
gemminCHIMASJAC23168	GGTGTAAAAC TATTCACCAAAGAACC
gemminXICOJAC24979	GGTGTAAAAC TCTTTATCAAAGAACC
cherriaeCHOAPASJLAL	GGCGTAAAAC TATTTACTAAAGAACC
stuartiCORDOBAUOGV342	GGCGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
ixbaacCAMPECHEISZ211	GGTGTAAAAC TGTTTACTAAAGAGCC
cherriaALAJUAELAMF6067	GGTGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
cherriaeATLANMEA893	GGTGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
tayloriCHILPANUOGV629	GGTATTA AAC TCTTTACTAAAGAACC
reveesiCHINAKU291934	-----
silvicolaCUETZJAC22499	GGCGTAAAAC TCTTTACCAAAGAACC
Eumecesegregius	GGCGTTAAAC TTTTTATCAAGGAGCC
gemminAPULCOUOGV112	GGTGTAAAAC TATTTATTAAGAAGCC
gemminTLANCHIJTB90	GGTGTAAAGC TATTTATTAAGAACC
indubitusJAL	GGTGTGAAAC TTTTCATTAAGAACC
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	GGTGTAAAAC TCTTTATTAAGAACC

brevirostrisPUEBLA	GACACTGTTTCATCATTACCCCAACACNNGGCCCTGTTTTTAGCCCTAATAA
mabuyaCRMF6419	AACACTATTTATTATCACCCCGACCTTAGCCCTCTTCCCTAGCCATAATAA
cherriaeCHIMASLCM260	CACATTATTCATTCTTACTCCAACAGTAGCTTTATTCTTAGCCCTTATAA
silviTLATLAUOGV72	AACACTATTTATTATTACCCCAACACTAGCACTATTCCCTAGCCATTATAA
cherriaeYAXILANART428	TACATTATTTATCCTTACCCCAACACTAGCCCTTTTCCCTGGCCCTTATAA
kikapooaUOGV566	AACACTATTTATTGCTACCCCAACACTAGCCCTTTTCCCTTGCTTTAATAA
brevirostrisOAX	AACACTATTCATCATTACTCCAACACTGGCCCTATTTTTAGCCCTGATGA
indubitusJAL2	GACGCTATTCATCATTACCCCTACACTAGCCCTATTTCTAGCCCTTATAA
kikapooaUOGV569	AACACTATTTATTGCTACCCCAACACTAGCCCTTTTCCCTTGCTTTAATAA
lateralisTEXMF4740	AACACTATTTATTGTTACCCCAACACTAGCCCTTTTCCCTTGCTTTAATAA
lateralisTEXWGS1	AACACTATTTATTGCTACCCCAACACTAGCCCTTTTCCCTTGCTTTAATAA
lateralisFLOCAS214306	AACACTATTTATTGCTACTCCAACACTAGCTCTTTTCCCTTGCTTTAATAA
TayloriBALSAMOJAC25254	AACGCTATTTATTATTACCCCAACGCTAGCGCTTTTCCCTAGCCCTAATAA
silvicolaTIPOUOGV910	-----
assataVIDRIOANMO1068	-----
caudaeQROJAC24532	AACACTATTTATTATTACCCCTACACTAGCACTATTTCTAGCCATAATAA
caudaeSLPJAC25991	AACACTATTTATTATTACCCCTACACTAGCACTATTTCTAGCCATAATAA
caudaeTAMMZFC647	AACACTATTTATTATTACCCCTACACTAGCACTATTTCTAGCCATAATAA
caudaTIPOUOGV561	AACACTATTTATCATTACCCCAACACTAGCATTATTCCCTAGCCATTATAA
caudaTAMAUJAC24547	AACACTATTTATTATTACCCCTACACTAGCACTATTTCTAGCCATAATAA
silviTUXTLASUOGV378	AATACTATTTATCATCACCCCAACACTCGCACTATTCTTAGCCCTTATAA
silviTEXCATIAMH191	AATACTATTTATCATTACCCCAACACTGGCACTATTCCCTAGCCCTTATAA
silviCOYULALCM1181	AATACTATTTATCATTACCCCAACACTGGCACTATTCCCTAGCCCTTATAA
incertumQUICHEJAC19573	CACACTATTTATCCTTACTCCAACACTAGCCTTTATTTTTAGCCCTTATAA
gemminCOYULAUOGV242	AACACTATTTATTATTACCCCTACACTAGCACTATTTCTAGCCATAATAA
gemminTIPOJAC22567	AACATTATTTATCTTTACCCCAACACTAGCACTATTCTTAGCCCTTATAA
gemminTENANGOMZFC14215	AACACTATTTATTCTTACCCCAACACTAGCACTATTTTTAGCCCTTATAA
gemminZACATLANFH122	AATACCATTTATTCTTACCCCAACACTAGCACTATTTTTAGCCCTTATAA
gemminSELVAUOGV500	-----
gemminVISHERJW794	AACATTATTTATTTTTACCCCAACACTAGCATTATTCTTAGCCCTTATAA
gemminGUIENAGAJAC22952	AACATTATTTATTATTACCCCGACACTAGCCTTATTCTTAGCCCTTATAA
gemminTOTONTEJAC21543	AATACTATTTATCACTACCCCAACACTAGCACTATTCCCTGGCCCTTATAA
cherriaeIZABALENS7113	TACATTATTTATCCTTACCCCAACACTAGCCTTATTCCCTGGCCCTTATAA
gemminCHIMASJAC23168	AATACTATTTATCACTACCCCAACACTAGCACTATTCCCTGGCCCTTATAA
gemminXICOJAC24979	AATATTGTTTTATTTTTACCCCAACACTAGCATTATTCTTAGCCCTTATAA
cherriaeCHOAPASJLAL	CACATTATTTATTCTTACCCCAACACTAGCTCTATTCTTAGCCCTCATAA
stuartiCORDOBAUOGV342	CACATTATTCATTCTTACTCCAACAGTAGCTTTATTCTTAGCCCTTATAA
ixbaacCAMPECHEISZ211	CACACTATTTATCCTCACTCCAACACTGGCTTTATTTTTAGCCCTTATAA
cherriaeALAJUAELAMF6067	GACACTATTTATCCTAACTCCAACACTAGCTTTATTCTTAGCCATAATAA
cherriaeATLANMEA893	GACACTATTTATCCTAACTCCAACACTAGCTTTATTCTTAGCCATAATAA
tayloriCHILPANUOGV629	AACACTATTTATCCTCACCCCAACACTAGCCTTATTCTTAGCCCTTATAA
reveesiCHINAKU291934	-----
silvicolaCUETZJAC22499	AACACTATTTATTATTACCCCAACACTAGCACTATTCCCTAGCCATTATAA
Eumecesegregius	TACACTTTTTATTATTACCCCAACACTAGCCCTATTCTTAGCCCTTATGA
gemminAPULCOUOGV112	AACACTATTTATTCTTACCCCAACACTAGCACTATTCCCTAGCCCTTATAA
gemminTLANCHIJTB90	GACACTATTTATTCTTACCCCAACACTAGCACTATTTTTAGCCCTTATAA
indubitusJAL	GACGCTATTCATCATTACCCCTACACTAGCCCTATTTCTAGCCCTTATAA
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	AACATTATTTATTTTTACCCCAACACTAGCATTATTCTTAGCCCTTATAA

brevirostrisPUEBLA	TCTGAACACCCCTCCCAATACCCATGACGCTCGCAGATATAAACCTCGGC
mabuyaCRMf6419	TCTGAACCCCCCTACCAATACCCGCCACCCTAGCAGACATAAACCTAGGA
cherriaeCHIMASLCM260	TCTGACTCCCCTACCAATACCCCTCACCATTAGCAGACCTCAACCTAGGA
silviTLATLAUOGV72	TCTGACTGCCCCCTACCAATACCTGCCCCCTAGCAGACCTTAACCTCGGA
cherriaYAXILANART428	TCTGACTTCCCCTGCCCATACTGCCTCATTAGCAGATCTCAACCTAGGA
kikapooaUOGV566	TTTGACTCCCCTACCAATACCAGCCTCATTAGCAGACCTAAACCTAGGA
brevirostrisOAX	TCTGAACACCCCTCCCAATACCCATGACGCTCGCAGATATAAACCTCGGC
indubitusJAL2	TCTGAACACCCTCCCAATGCCACAACACTTGCGGATATAAACCTTGGC
kikapooaUOGV569	TTTGACTCCCCTACCAATACCAGCCTCATTAGCAGACCTAAACCTAGGA
lateralisTEXMF4740	TTTGACTTGCCCTACCAATACCAGCCTCATTAGCAGACCTAAACCTAGGA
lateralisTEXWGS1	TTTGACTCCCCTACCAATACCAGCCTCATTAGCAGACCTAAACCTAGGA
lateralisFLOCAS214306	TTTGACTCCCCTACCAATACCAGCCTCACTAGCAGACCTCAACCTAGGA
TayloriBALSAMOJAC25254	TCTGAACCCCCCTTACCAATACCTGTGTCAATAACAGACCTTAACCTAGGG
silvicolaTIPOUOGV910	-----
assataVIDRIOANMO1068	-----
caudaeQROJAC24532	TCTGACTCCCCCTCCCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGA
caudaeSLPJAC25991	TCTGACTCCCCCTCCCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGA
caudaeTAMMZFC647	TCTGACTACCCCTACCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGA
caudaTIPOUOGV561	TTTGACTTCCCCTCCCAATACCTGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTGGGA
caudaTAMAUJAC24547	TCTGACTCCCCCTACCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGA
silviTUXTLASUOGV378	TTTGACTCCCCTTACCCATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTCAACCTAGGG
silviTEXCATIAMH191	TCTGGCTACCCCTACCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGG
silviCOYULALCM1181	TCTGGCTACCCCTACCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGG
incertumQUICHEJAC19573	TTTGACTTCCATTACCCATACCCGTACCCTAGCAGACCTCAACCTAGGG
gemminCOYULAUOGV242	TCTGACTCCCCCTCCCAATACCCGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTCGGA
gemminTIPOJAC22567	TCTGACTCCCCCTTACCCATACCCGCCCCCTATTAGCAGACCTTAACCTGGG
gemminTENANGOMZFC14215	TCTGACTTGCCCTACCAATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTTAATCTGGGG
gemminZACATLANFH122	TCTGACTTGCCCTACCAATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTTAACCTGGGG
gemminSELVAUOGV500	-----
gemminVISHERJW794	TTTGACTCCCCCTGCCAATACCTGCCTCATTAGCAGATCTTAACCTTGGGA
gemminGUIENAGAJAC22952	TCTGACTCCCATTACCCATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTAAACCTAGGA
gemminTOTONTEJAC21543	TTTGAGTCCCCCTGCCCATAACCAGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTAGGC
cherriaeIZABALENS7113	TCTGACTTCCCCTGCCCATAACCAGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTAGGA
gemminCHIMASJAC23168	TTTGAAATCCCCTGCCCATAACCAGCCCCCTAGCAGACCTCAACCTAGGC
gemminXICOJAC24979	TCTGACTCCCCTTACCAATGCCCGCCTCATTAGCAGACCTTAACCTGGG
cherriaeCHOAPASJLAL	TTTGACTTCCCTACCAATACCCTCACCCTAGCAGACCTCAACCTGGGC
stuartiCORDOBAUOGV342	TCTGACTCCCCTACCAATACCCTCACCATTAGCAGACCTCAACCTAGGA
ixbaacCAMPECHEISZ211	TTTGACTTCCCTACCTATGCCGTACCCTAGCAGACCTCAACCTAGGG
cherriaeALAJUAELAMF6067	TCTGAACCCCCCTCCCCATAACCATCATCATTAGCAGACCTTAACCTGGGA
cherriaeATLANMEA893	TCTGAACCCCCCTCCCCATAACCATCATCATTAGCAGACCTTAACCTGGGA
tayloriCHILPANUOGV629	TTTGACTACCCTGCCAATGCCATCCTCACTAGCTGACCTAAACCTTGGGA
reveesiCHINAKU291934	-----
silvicolaCUETZJAC22499	TCTGACTACCCCTACCAATACCTGCCCCCTTAGCAGACCTTAACCTCGGA
Eumecesegregius	TCTGAACCCCCCTCCCAATGCCCTATAGCACTCGCAGACATAAACCTAGGA
gemminAPULCOUOGV112	TCTGACTTGCCCTACCAATACCCGCCCCCTTAGCAGACCTTAACCTGGGA
gemminTLANCHIJTB90	TCTGACTACCCTACCAATACCCGCCCCCTTAGCAGATCTTAACCTGGGG
indubitusJAL	TCTGAACACCCTCCCAATGCCACAACACTTGCGGATATAAACCTTGGC
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	TTTGACTCCCCATGCCAATACCTGCCTCATTAGCAGATCTTAACCTTGGGA

brevirostrisPUEBLA	CTGCTCTTTTATACTAGCCCTTTCAAGCATGGCCGTATATTCGATTCTNTG
mabuyaCRMF6419	CTTTTATTCATATTAGCATTATCCAGCATAGCAGTGTACTCAATCCTATG
cherriaeCHIMASLCM260	CTACTTTTTATGTTGGCCCTATCAAGTATAGCCGTATACTCCACCCTTTG
silviTLATLAUOGV72	CTGCTATTTTATACTAGCCCTCTCAAGCATGGCCGTATACTCAATTCTTTG
cherriaYAXILANART428	TTACTTTTTCATATTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAACCCTTTG
kikapooaUOGV566	CTACTCTTTTACACTAGCCCTATCCAGCATAGCTGTATACTCAATCCTTTG
brevirostrisOAX	GTGCTCTTTTATACTAGCCCTTTCAAGCATGGCTGTATATTCGATTCTTTG
indubitusJAL2	TTACTCTTTCATACTAGCCCTCTCAAGTATAGCTGTATACTCAATCCTGTG
kikapooaUOGV569	CTACTCTTTTACACTAGCCCTATCCAGCATAGCTGTATACTCAATCCTTTG
lateralisTEXMF4740	CTACTATTTTATACTAGCCCTATCCAGCATAGCTGTGTACTCAATCCTTTG
lateralisTEXWGS1	CTACTATTTTATACTAGCCCTATCCAGCATAGCTGTGTACTCAATCCTTTG
lateralisFLOCAS214306	CTACTATTTTATACTAGCCCTATCCAGCATAGCTGTGTACTCAATCCTTTG
TayloriBALSAMOJAC25254	GTATTATTTCTTATTAGCCCTATCTAGCATAGCAGTCTATTCAATCCTTTG
silvicolaTIPOUOGV910	-----
assataVIDRIOANMO1068	-----
caudaeQROJAC24532	CTGCTATTTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATCCTCTG
caudaeSLPJAC25991	CTGCTATTTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATCCTCTG
caudaeTAMMZFC647	CTGCTATTTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATCCTCTG
caudaTIPOUOGV561	CTGTTATTTTATACTAGCACTCTCAAGCATGGCCGTATACTCAATCCTTTG
caudaTAMAUJAC24547	CTGCTATTTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATCCTCTG
silviTUXTLASUOGV378	CTACTATTTTATATTAGCCCTGTCCAGTATGGCCGTATACTCAATCCTATG
silviTEXCATIAMH191	CTGCTATTTTATATTAGCCCTCTCAAGCATAGCCGTATAATTCAATCCTTTG
silviCOYULALCM1181	CTGCTATTTTATATTAGCCCTCTCAAGCATAGCCGTATAATTCAATCCTTTG
incertumQUICHEJAC19573	TTATTATTTTCATATTAGCCCTATCAAGTATGGCCGTGTACTCCACCCTTTG
gemminCOYULAUOGV242	CTGCTATTTTATACTGGCCCTCTCAAGTATGGCCGTATACTCAATCCTCTG
gemminTIPOJAC22567	TTATTATTTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCAGTATACTCAATCCTCTG
gemminTENANGOMZFC14215	TTATTATTTTATACTCGCCCTATCAAGCATGGCTGTATATTCAATCCTTTG
gemminZACATLANFH122	TTATTATTTTATACTAGCCCTATCTAGCATGGCTGTGTATTCAATCCTTTG
gemminSELVAUOGV500	-----
gemminVISHERJW794	CTATTATTTTATGCTGGCCTTATCAAGTATAGCAGTATACTCTATTCTCTG
gemminGUIENAGAJAC22952	CTACTATTTTATGCTAGCCCTCTCTAGTATGGCCGTGTACTCAATCCTATG
gemminTOTONTEJAC21543	TTACTATTTTATGCTAGCCCTATCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTG
cherriaeIZABALENS7113	TTACTTTTTCATATTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAACCCTTTG
gemminCHIMASJAC23168	TTACTATTTTATGCTAGCCCTGTCTAGTATGGCCGTATACTCAATCCTGTG
gemminXICOJAC24979	TTGTTATTTTATACTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAATCCTCTG
cherriaeCHOAPASJLAL	CTACTTTTTTATGCTGGCTCTATCAAGTATGGCCGTGTACTCCACCCTTTG
stuartiCORDOBAUOGV342	CTACTTTTTTATGTTGGCCCTATCAAGTATAGCCGTATACTCCACCCTTTG
ixbaacCAMPECHEISZ211	CTACTATTTTATGCTGGCCCTATCAAGCATGGCCGTGTACTCCACCCTGTG
cherriaALAJUAELAMF6067	CTACTATTTTCATGCTAGCTTTGTGCGAGTATGGCCGTATACTCAATCCTTTG
cherriaeATLANMEA893	CTACTATTTTCATGCTAGCTTTGTGCGAGTATGGCCGTATACTCAATCCTTTG
tayloriCHILPANUOGV629	CTTCTATTTTATGTTAGCCCTATCAAGCATGGCCGTGTACTCAACACTTTG
reveesiCHINAKU291934	-----
silvicolaCUETZJAC22499	CTGCTGTTTATACTAGCCCTCTCAAGCATGGCCGTATACTCAATCCTTTG
Eumecesegregius	CTACTCTTTCATACTAGCCCTCTCCAGCATGGCCGTATACTCAATCCTATG
gemminAPULCOUOGV112	CTATTATTTTATACTAGCCCTATCAAGCATGGCTGTATATTCAATCCTTTG
gemminTLANCHIJTB90	TTATTATTTTCATACTAGCTCTATCAAGCATAGCTGTATATTCAATCCTTTG
indubitusJAL	TTACTCTTTCATACTAGCCCTCTCAAGTATAGCTGTATACTCAATCCTGTG
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	CTATTATTTTATGCTAGCCCTATCAAGCATAGCAGTATACTCAATCCTCTG

brevirostrisPUEBLA	ATCCGGATGAGCATCAAACCTCAAATACCCCTTTAATTGGGGCCCTTCGAG
mabuyaCRMF6419	GTCTGGCTGAGCATCCAATTCAAATACCCGCTAATTGGGAGCTCTACGAG
cherriaeCHIMASLCM260	ATCAGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGCACCCTACGAG
silviTLATLAUOGV72	ATCTGGGTGAGCATCAAATTCAAAATACCCACTAATTGGGGCCCTACGGG
cherriaeYAXILANART428	ATCTGGATGGGCATCAAATTCAAAATACCCCTTTAATCGGAGCCCTACGGG
kikapooaUOGV566	ATCAGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTTACGAG
brevirostrisOAX	GTCCGGATGGGCATCAAACCTCAAATACCCCTTAATTGGGGCCCTTCGAG
indubitusJAL2	GTCTGGTTGAGCATCGAACTCAAATATCCCTTAATCGGAGCCCTCCGAG
kikapooaUOGV569	ATCAGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTTACGAG
lateralisTEXMF4740	ATCAGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCCTTAATCGGGGCCCTTGGGGG
lateralisTEXWGS1	ATCAGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCCTTAATCGGGGCCCTTGGGAG
lateralisFLOCAS214306	GTCCGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTTACGAG
TayloriBALSAMOJAC25254	ATCTGGGTGAGCCTCAAACCTCAAATACCCCTTATCGGAGCCCTCCGGG
silvicolaTIPOUOGV910	-----
assataVIDRIOANMO1068	-----
caudaeQROJAC24532	ATCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGG
caudaeSLPJAC25991	ATCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGG
caudaeTAMMZFC647	ATCTGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGG
caudaTIPOUOGV561	ATCTGGGTGAGCATCAAATTCAAAGTATCCATTAATTGGGGGCCCTCCGGG
caudaTAMAUJAC24547	ATCTGGGTGGGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGG
silviTUXTLASUOGV378	ATCTGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGGAGCACTTCGTG
silviTEXCATIAMH191	ATCTGGCTGGGCCTCAAACCTCAAAGTACCCATTAATTGGGAGCCCTGCGGG
silviCOYULALCM1181	ATCGGGTGGGCCTCAAACCTCAAAGTACCCATTAATTGGGAGCCCTGCGGG
incertumQUICHEJAC19573	ATCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTCCGGG
gemminCOYULAUOGV242	GTCCGGGTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGGGCCCTTCCGGG
gemminTIPOJAC22567	GTCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATAAACGGGGCCCTTCCGGG
gemminTENANGOMZFC14215	GTCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCACTAATCGGGGCCCTTCCGGG
gemminZACATLANFH122	-----
gemminSELVAUOGV500	GTCCGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATCGGAGCCCTTCGAG
gemminVISHERJW794	GTCTGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGGGCACTCCGTG
gemminGUIENAGAJAC22952	GTCTGGCTGAGCATCGAATTCAAAATACCCATTAATTGGGGCACTCCGAG
gemminTOTONTEJAC21543	ATCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCCTTTAATCGGAGCCCTACGGG
cherriaeIZABALENS7113	ATCTGGCTGAGCATCGAATTCAAAATACCCATTAATTGGGGCACTCCGAG
gemminCHIMASJAC23168	GTCCGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCCTTAATCGGAGCCCTTCCGGG
gemminXICOJAC24979	ATCAGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGGTGCCCTGCGGG
cherriaeCHOAPASJLAL	ATCAGGCTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGGCGCCCTACGAG
stuartiCORDOBAUOGV342	GTCCGGGTGAGCATCAAATTCAAAGTACCCCTGTAATTGGGCGCCCTTCGAG
ixbaacCAMPECHEISZ211	ATCGGGGTGAGCATCAAACCTCAAAGTACCCCTGATCGGGGCCCTTCGAG
cherriaeALAJUAELAMF6067	ATCGGGGTGAGCATCAAACCTCAAAGTACCCCTGATCGGGGCCCTTCGAG
cherriaeATLANMEA893	ATCCGGGTGAGCATCAAATTCAAAATACCCATTAATTGGGGGCCCTCCGAG
tayloriCHILPANUOGV629	-----
reveesiCHINAKU291934	ATCTGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCACTAATTGGGGGCCCTACGGG
silvicolaCUETZJAC22499	GTCTGGATGAGCATCAAACCTCAAATACCCCTTAATCGGGGCCCTTCCGGG
Eumecesegregius	GTCCGGATGGGCGTCAAATTCAAAATATCCACTAATCGGGGCCCTTCCGGG
gemminAPULCOUOGV112	GTCTGGATGAGCATCTAATTCAAAATACCCGTTAATCGGGGCCCTGCGGG
gemminTLANCHIJTB90	GTCTGGTTGAGCATCGAACTCAAATATCCCTTAATCGGAGCCCTCCGAG
indubitusJAL	-----
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	GTCCGGATGAGCATCAAATTCAAAATACCCACTAATCGGGGCCCTTCCGAG

brevirostrisPUEBLA	CCGTGGCCCAAACCATCTCCTATGAGGTAACCTTGGGGGTTATTTTGCTT
mabuyaCRMF6419	CTGTAGCCCAAACCATCTCTTGAGAAGTCACCCTAGGAATTATCCTACTG
cherriaeCHIMASLCM260	CAGTAGCACAGACCATCTCGTATGAGGTTACACTCGGACTTATCCTACTA
silviTLATLAUOGV72	CTGTAGCACAAACCATTTCTTATGAAGTTACACTCGGCCTTATTCTACTA
cherriaYAXILANART428	CTGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTGACACTCGGGCTCATCCTACTA
kikapooaUOGV566	CAGTAGCACAAACTATTTCCACGAAGTTACACTTGGACTCATTCTACTA
brevirostrisOAX	CCGTAGCTCAAACCATCTCCTATGAGGTAACCCCTAGGGATTATTTTGCTT
indubitusJAL2	CCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTAACCCCTCGGGATTATTTTACTC
kikapooaUOGV569	CAGTAGCACAAACTATTTCCACGAAGTTACACTTGGGCTCATTCTACTA
lateralisTEXMF4740	CAGTAGCACAAACCATTTCCATACGAAGTTACACTTGGACTCATTCTACTA
lateralisTEXWGS1	CAGTAGCACAAACCATTTCCACGAAGTTACACTTGGACTCATTCTACTA
lateralisFLOCAS214306	CAGTAGCACAAACTATTTCCATGAGGTTACACTCGGACTTATTCTACTA
TayloriBALSAMOJAC25254	CCGTGCGACAAACAATCTCATATGAGGTTACACTAGGGGTTATTCTATTA
silvicolaTIPOUOGV910	-----TTCTA
assataVIDRIOANMO1068	-----TATCCTATTA
caudaeQROJAC24532	CTGTAGCACAAACCATTTCCATGAGGTCACACTAGGCCTTATTCTGTTA
caudaeSLPJAC25991	CTGTAGCACAAACCATTTCCATGAAGTCACATTAGGCCTTATTCTGTTA
caudaeTAMMZFC647	CTGTAGCACAAACCATTTCCATGAGGTCACACTAGGCCTTATTCTGTTA
caudaTIPOUOGV561	CTGTAGCACAAACCATCTCTTATGAGGTCACACTCGGCCTTATTCTATTA
caudaTAMAUJAC24547	CTGTAGCACAAACCATTTCCATGAAGTCACACTAGGCCTTATTCTGTTA
silviTUXTLASUOGV378	CTGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTGACACTCGGACTAATTTTACTA
silviTEXCATIAMH191	CTGTAGCACAAACCATCTCTTATGAAGTTACACTTGGCCTTATTCTACTA
silviCOYULALCM1181	CAGTGGCACAACCATCTCCTATGAAGTTACACTTGGCCTTATTCTACTA
incertumQUICHEJAC19573	CAGTGGCACAACCATCTCCTACGAAGTTACCCTGGGGCTCATCTTACTA
gemminCOYULAUOGV242	CTGTAGCACAAACCATTTCCATGAGGTCACACTAGGCCTTATTCTGTTA
gemminTIPOJAC22567	CCGTAGCACAAACTATTTCCATGAAGTGACACTAGGACTTATCTTATTA
gemminTENANGOMZFC14215	CTGTAGCCCAAACATTTCCATATGAAGTAACACTAGGACTCATCTTAGTA
gemminZACATLANFH122	CTGTAGCCCAAACATTTCCATATGAAGCAACACTAGGACTCATCTTATTA
gemminSELVAUOGV500	-----
gemminVISHERJW794	CCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTGACACTGGGACTCATCTTACTA
gemminGUIENAGAJAC22952	CCGTGCGACAAACAATCTCCTACGAAGTAACACTCGGACTAATCCTACTA
gemminTOTONTEJAC21543	CCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACACTCGGACTAATCCTACTA
cherriaeIZABALENS7113	CTGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTAACACTCGGGCTCATCCTACTA
gemminCHIMASJAC23168	CCGTTGCACAAACAATCTCCTATGAAGTAACACTCGGACTAATCCTACTA
gemminXICOJAC24979	CCGTAGCACAAACTATTTCCATGAGGTTGACACTAGGACTCATCTTATTA
cherriaeCHOAPASJLAL	CAGTAGCACAAACCATCTCCTACGAAGTTACACTGGGGCTTATTTTACTA
stuartiCORDOBAUOGV342	CAGTAGCACAGACCATCTCCTATGAGGTTACACTCGGACTTATCCTACTA
ixbaacCAMPECHEISZ211	CAGTAGCACAAACCATCTCATAACGAGGTCACGCTGGGGCTCATCCTACTA
cherriaALAJUAELAMF6067	CAGTAGCACAAACTATCTCCTATGAAGTAACACTAGGACTTATCTTATTA
cherriaeATLANMEA893	CAGTAGCACAAACTATCTCCTATGAAGTAACACTAGGACTTATCTTATTA
tayloriCHILPANUOGV629	CAGTAGCACAAACTATCTCATATGAAGTAACACTCGGACTCATTTTATTA
reveesiCHINAKU291934	-----
silvicolaCUETZJAC22499	CTGTAGCACAAACCATTTCTTATGAAGTTACACTCGGCCTTATTCTACTA
Eumecesegregius	CCGTAGCACAAACCATTTCCATGAAGTAACCCCTAGGGATTATTCTACTA
gemminAPULCOUOGV112	CTGTAGCCCAAACATTTCCATATGAGGTAACACTAGGACTTATCTTATTA
gemminTLANCHIJTB90	CCGTGGCCCAAACATTTCCATACGAAGTAACACTAGGACTTATCTTACTA
indubitusJAL	CCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAAGTAACCCCTCGGGATTATTTTACTC
maculatusMYANCAS204863	-----
gemminYETLAJAC21632	CCGTAGCACAAACCATCTCCTATGAGGTTGACACTCGGGCTCATCTTATTA

brevirostrisPUEBLA	GCCCTCATCATCCTGACGGGGGGATTTACCCTGCACACACTAACCGTCAC
mabuyaCRMF6419	ACAGTAATTATTTTAGTAGGCGGCTTACCATACAAATACTTCTAATTAC
cherriaeCHIMASLCM260	ACAATTATTGTGCTGACGGGGGGGTTTACAATACAAACACTCACAACCAC
silviTLATLAUOGV72	ACAGTTGTCAATCTAGCAGGCGGGTTTACGATGCAAACACTTACAACCAC
cherriaeYAXILANART428	ACAATTATTGTATTAGCAGGCGGGTTTACCATGCAAACAATTACAACAAC
kikapooaUOGV566	ACAATTATTGTTTTAACAGGCGGATTACAAATACAAACACTCACAGCTAC
brevirostrisOAX	GCCCTCATCATCCTGACGGGGGGCTTACCCTGCACACACTAACCACCAC
indubitusJAL2	ACCATCATCATCTTAACAGGGGGGTTTACCCTACACACACTAGTCATCAC
kikapooaUOGV569	ACAATTATTGTTTTAACAGGCGGATTCACTATACAAACACTCACAGCTAC
lateralisTEXMF4740	ACAATTATTGTTTTAGCAGGCGGATTTACAATACAAACACTCACAATTAC
lateralisTEXWGS1	ACAATTATTGTTTTAGCAGGCGGATTTACAATACAAACACTCACAATTAC
lateralisFLOCAS214306	ACAATTATTGTTTTAACAGGCGGATTACAATACAAACACTTACAACCAC
TayloriBALSAMOJAC25254	ACAATTATTATCTTAATCGGGGGCTTTACAATACAAACACTTCTAATTAC
silvicolaTIPOUOGV910	TACATTATCCTTTTTAGCAGGCGGATTACGCTGCAAACACTTACAACCAC
assataVIDRIOANMO1068	ACAGTCGCTGTACTTGTGGGCGGGTTTACGATACAAACACTCACAGTCAC
caudaeQROJAC24532	ACAGTCATCATCTTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTAC
caudaeSLPJAC25991	ACAATCATCATCTTAGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTAC
caudaeTAMMZFC647	ACAGTTATCATCTTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACAACCCT
caudaTIPOUOGV561	ACAATTGTTATCTGACAGGCGGATTTACCATGCAAACACTTACAGCCGC
caudaTAMAUJAC24547	ACAGTTATCATCTTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACAACCCT
silviTUXTLASUOGV378	ACAATCATTATCCTAGCAGGCGGGTTTACAATACAAACCATTACGACCAC
silviTEXCATIAMH191	ACAATTATCATTTTTGGCAGGCGGGTTTACCATGCAAACACTTACAACCAC
silviCOYULALCM1181	ACAATTATCATTTTTGGCAGGCGGGTTTACCATGCAAACACTTACAACCAC
incertumQUICHEJAC19573	ACAATCATCATCTTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTAC
gemminCOYULAUOGV242	ACAATCATTATCTTGGCAGGCGGATTTACCATACAAACACTTACTACTAC
gemminTIPOJAC22567	ACAATCCTTTGTCTTTACAGGCGGGTTTACAATACAAATACTCACAGTTTC
gemminTENANGOMZFC14215	ACAATCATCATATTGACAGGCGGATTTACAATACAAATACTCACAATTTTC
gemminZACATLANFH122	ACAATCATCATATTGACAGGCGGGTTTACAATACAAATACTCACAATTTTC
gemminSELVAUOGV500	-----AGGCGGATTTACAATACAAATCCTCACGATTTTC
gemminVISHERJW794	ACAATCATTATATTTACAGGCGGGTTTACAATACAAATACTTACGATCTC
gemminGUIENAGAJAC22952	ACAATCATCATCTTAGCAGGCGGGTTTACAATACAAACCCTCACAACCAC
gemminTOTONTEJAC21543	ACAATCATTATCTTGGCAGGCGGGTTTACAATACAAACCCTTACAACCAC
cherriaeIZABALENS7113	ACAATCATTGTATTAGCAGGCGGGTTTACCATGCAAACAATTACAACAAC
gemminCHIMASJAC23168	ACAATCATCATCTTGGCAGGCGGGTTTACAACACAAACCCTTACAACCAC
gemminXICOJAC24979	ACAATTATTGTCTTTACAGGCGGGTTTACAATACAAATGCTCACAATTTTC
cherriaeCHOAPASJLAL	ACGATTATTGTACTAACAGGGGGGTTTACAATACAAACACTCACAACAAC
stuartiCORDOBAUOGV342	ACAATTATTGTGCTGACGGGGGGATTTACAATACAAACACTCACAACCAC
ixbaacCAMPECHEISZ211	ACAATCATTGTATTAACAGGCGGATTTACAATACAAACACTCACAACCAC
cherriaeALAJUAELAMF6067	ACAATTATCGTACTGACAGGGGGTTTTACCCTACAAACACTCACAGTTAC
cherriaeATLANMEA893	ACAATTATCGTACTGACAGGGGGTTTTACTATACAAACACTCACAGTTAC
tayloriCHILPANUOGV629	ACAATTATTGTACTGACAGGCGGATTTACTATACAAACACTTACTACTAC
reveesiCHINAKU291934	-----TTTCCTTTTTAGCCGGCGGCTTACCATACAAATACTTTCAATTAC
silvicolaCUETZJAC22499	ACAGTTGTCAATCTAGCAGGCGGGTTTACAATGCAAACACTTACAACCAC
Eumecesegregius	ACTATTATCATCCTCGCAGGGGGGTTTACCCTACAAACATTAACCACCAC
gemminAPULCOUOGV112	ACAATCATCATATTGACAGGCGGATTTACAATACAAATACTTACAATTTTC
gemminTLANCHIJTB90	ACAATTATTATATTAACAGGCGGATTTACAATACAAATACTCACGATCTC
indubitusJAL	ACCATCATCATCTTAACAGGGGGGTTTACCCTACACACACTAGTCATCAC
maculatusMYANCAS204863	-----TTTTACCATACAAATTTAAATTATTG
gemminYETLAJAC21632	ACAATTATTATATTTACAGGCGGGTTTACAATACAAATACTTACGACCTC

brevirostrisPUEBLA	ACAAGAACACACTTGGCTAGCACTATCTTCTTGGCCCTAATAATAATAT
mabuyaCRMF6419	ACAAGAACCACCTGACTACTACTACCCTCATGACCCCTAATAATAATGT
cherriaeCHIMASLCM260	ACAAAACCTCAACATGGCTCCTATTTTCTCTTGACCACTTGCAACAATGT
silviTLATLAUOGV72	ACAAGAGCTCACCTGACTTCTACTAGCCTCTTGACCTCTGGCAATAATAT
cherriaeYAXILANART428	ACAAGACTCAAATTGACTACTCTTCTCCTCATGACCCTTAGCAATAATGT
kikapooaUOGV566	ACAAGACTCAACTTGGCTCTTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
brevirostrisOAX	ACAAGACCACACTTGACTAGCACTATCTTCTTGACCCTTAATAATGATAT
indubitusJAL2	ACAAGAGCACACCTGACTAGCACTATGTTCTTGCCCTTGATAATAATGT
kikapooaUOGV569	ACAAGACTCAACTTGGCTCTTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
lateralisTEXMF4740	ACAAGACTCAACTTGGCTCTTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
lateralisTEXWGS1	ACAAGACTCAACTTGGCTCTTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
lateralisFLOCAS214306	ACAAGACTCAACCTGGCTCTTACTCTCCTCTTGACCCCTAGCAATAATAT
TayloriBALSAMOJAC25254	CCAGAACTACCCTGACTAATCCTATCCTCTTGACCCCTGGCAATAATAT
silvicolaTIPOUOGV910	ACAAAACCTCAGACTGACTCCTACTATCCTCCTGACCCCTAGCAATAATGT
assataVIDRIOANMO1068	ACAAAAGTTGACTTGATTGCTGCTCTCCGCCTGACCCCTAGCAATAATGT
caudaeQROJAC24532	ACAAAACCTCAAACCTGATTACTACTATCCTCCTGACCTCTAGCAATAATGT
caudaeSLPJAC25991	ACAAAACCTCAAACCTGATTACTACTATCCTCCTGACCTCTAGCAATAATGT
caudaeTAMMZFC647	ACAAAACCTCAAACCTGACTACTACTATCCTCCTGACCTCTAGCAATAATGT
caudaTIPOUOGV561	ACAGGACTCAAACCTGACTACTACTGTCTCATGACCTCTAGCAATAATGT
caudaTAMAUJAC24547	ACAAAACCTCAAACCTGACTACTACTATCCTCCTGACCTCTAGCAATAATGT
silviTUXTLASUOGV378	CCAAAACCTCCAGCTGGCTTCTACTCCCCTCTTGACCCCTAGCAATAATGT
silviTEXCATIAMH191	ACAAAACCTCAAACCTGACTCCTACTGTCTCCTGACCCCTAGCAATAATGT
silviCOYULALCM1181	ACAAAACCTCAAACCTGACTCCTACTGTCTCCTGACCCCTAGCAATAATGT
incertumQUICHEJAC19573	ACAAGACTCAAATTGACTACTCTTCTCCTCATGACCCTTAGCAATAATAT
gemminCOYULAUOGV242	ACAAAACCTCAAACCTGATTACTACTATCCTCCTGACCTCTAGCAATAATGT
gemminTIPOJAC22567	ACAAGATTCAAACCTGACTCTTATTCTCCTCCTGACCCCTAGCCATAATAT
gemminTENANGOMZFC14215	ACAAAATTCAAAACCTGGCTCCTACTTTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGT
gemminZACATLANFH122	ACAAAATTCAAAACCTGGCTCCTACTTTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGT
gemminSELVAUOGV500	ACAAAATTCAAAACCTGACTCCTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
gemminVISHERJW794	ACAAAATTCAAAACCTGACTCTTACTTTTCTCCTGACCATTAGCAATAATAT
gemminGUIENAGAJAC22952	CCAAAACCTCAAATTGACTTCTTCTCCTCTTGCCCTTAGCAATAATGT
gemminTOTONTEJAC21543	CCAAAACCTCCAACCTGACTCCTACTCTCCTCTTGACCCTTAGCAATAATAT
cherriaeIZABALENS7113	ACAAGACTCAAATTGACTACTCTTCTCCTCATGACCCTTAGCAATAATAT
gemminCHIMASJAC23168	CCAAAACCTCCCCTGACTCCTACTCTCCTCTTGACCCTTAGCAATAATAT
gemminXICOJAC24979	ACAAAATTCAAAACCTGACTTTTACTCTCCTCCTGACCTTTAGCAATAATAT
cherriaeCHOAPASJLAL	ACAAAACCTCAACCTGGCTCCTGTTTTCTCTTGACCACTTGCAACAATGT
stuartiCORDOBAUOGV342	ACAAAACCTCAACATGGCTCCTATTTCTCCTCTTGACCACTTGCAACAATAT
ixbaacCAMPECHEISZ211	ACAAAATTCAACCTGGTTGCTGTTTTCTCCTGACCACTTGCAATAATAT
cherriaeALAJUAELAMF6067	ACAAAACCCCACTTGGCTTCTTTTCTCCTCCTGACCCCTTACAATAATGT
cherriaeATLANMEA893	ACAAAACCTCAACTGACTACTATTTTCTCCTGACCCCTTGCAATAATGT
tayloriCHILPANUOGV629	ACAAAATTCAACCTGACTACTATTTTCTCCTGACCCCTTGCAATAATGT
reveesiCHINAKU291934	CCAAAACCCCACTGGAATACTCTTATGCTCATGACCTTTAGCCATAATAT
silvicolaCUETZJAC22499	ACAAGAGCTCACCTGACTTCTACTAGCCTCTTGACCTCTAGCAATAATAT
Eumecesegregius	ACAAGAGCACACTTGACTACTATTTGTGCGCTTGACCCTTAACAATAATAT
gemminAPULCOUOGV112	ACAAAATTCAAAATTTGGCTCCTACTTTTCTCTTGACCATTAGCAATAATGT
gemminTLANCHIJTB90	ACAAAATTCAAAACCTGACTCCTACTTTTCTCTTGACCACTAGCAATAATAT
indubitusJAL	ACAAGAGCACACCTGACTAGCACTATGTTCTTGCCCTTGATAATAATGT
maculatusMYANCAS204863	ACAAAACACCCATTGACTACTACTTTTGTCTTGACCAGTCGCCATAATAT
gemminYETLAJAC21632	ACAAAATTCAAAACCTGACTCTTACTTTTCTCCTGGCCATTGCAATAATAT

brevirostrisPUEBLA	GGTTTACTTCAACACTCGCCGAGACCAACCGAGCACCCTTCGACCTCAG
mabuyaCRMF6419	GGTTTATTTCAACACTAGCAGAAACAAACCGAGCCCCATTTGATCTAACA
cherriaeCHIMASLCM260	GGTTTATCTCTACACTAGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGATCTTACA
silviTLATLAUOGV72	GATTTATCTCTACCCTAGCTGAAACCAATCGGGCCCCATTTGACCTTACA
cherriaYAXILANART428	GGTTTATTTCTACCCTAGCCGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGATCTCACA
kikapooaUOGV566	GATTCATCTCCACTCTGGCTGAAACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
brevirostrisOAX	GGTTTATCTCAACACTCGCTGAAACCAATCGAGCACCATTTGACCTCACA
indubitusJAL2	GATTTATCTCAACACTAGCTGAAACCAATCGAGCACCATTTGACCTCACA
kikapooaUOGV569	GATTCATCTCCACTCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
lateralisTEXMF4740	GGTTTATCTCCACTCTGGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
lateralisTEXWGS1	GGTTTATCTCCACTCTGGCTGAAACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
lateralisFLOCAS214306	GATTCATCTCCACTCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
TayloriBALSAMOJAC25254	GGTTCATCTCCACACTCGCCGAAACCAACCGAGCCCCATTTGATCTTACA
silvicolaTIPOUOGV910	GATTTATCTCTACCCTAGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTTACA
assataVIDRIOANMO1068	GGTTCATCTCCACCCTAGCTGAAACCAATCGTGCCCCCTTTGACCTCACA
caudaeQROJAC24532	GGTTCATCTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGGGCCCCATTTGACCTTACA
caudaeSLPJAC25991	GGTTCATCTCTACCCTAGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTTACA
caudaeTAMMZFC647	GGTTCATCTCTACCCTAGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTTACA
caudaTIPOUOGV561	GATTCATCTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCATTTGACCTTACA
caudaTAMAUJAC24547	GGTTCATCTCTACCCTAGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTTACA
silviTUXTLASUOGV378	GGTTTATCTCTACCCTGGCTGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTCACA
silviTEXCATIAMH191	GGTTTATTTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCATTTGACCTTACA
silviCOYULALCM1181	GGTTTATTTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCATTTGACCTTACA
incertumQUILCHEJAC19573	GGTTTATTTCTACCCTAGCCGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGATCTCACA
gemminCOYULAUOGV242	GGTTTATCTCTACCCTAGCTGAAACCAACCGGGCCCCATTTGATTTTACA
gemminTIPOJAC22567	GGTTTATTTCCACCCTAGCTGAGACCAACCGAGCCCCCTTTTGATTTAACA
gemminTENANGOMZFC14215	GATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCCTTTTGATCTAACA
gemminZACATLANFH122	GATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCCTTTTGACCTAACA
gemminSELVAUOGV500	GGTTTATCTCCACCCTAGCTGAAACCAATCGAGCCCCATTTGATCTAACA
gemminVISHERJW794	GATTTATTTCCACCCTAGCTGAGACCAATCGAGCCCCATTTGATCTAACA
gemminGUIENAGAJAC22952	GGTTTATCTCAACCCTGGCTGAGACTAACCAGAGCCCCATTTGACCTTACA
gemminTOTONTEJAC21543	GGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
cherriaeIZABALENS7113	GGTTTATCTCCACCCTAGCCGAAACTAACCAGAGCCCCATTTGATCTTACA
gemminCHIMASJAC23168	GGTTTATCTCAACCCTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTTGACCTTACA
gemminXICOJAC24979	GGTTTATTTCCACCCTAGCCGAGACCAACCGAGCCCCCTTTTGATTTAACA
cherriaeCHOAPASJLAL	GATTTATCTCCACATAGCTGAAACCAATCGAGCCCCATTTGATCTCACA
stuartiCORDOBAUOGV342	GGTTTATCTCCACACTAGCTGAGACTAATCGAGCCCCATTTGATCTCACA
ixbaacCAMPECHEISZ211	GATTCATCTCCACACTAGCTGAGACCAACCGGGCCCCATTTGACCTTACA
cherriaALAJUAELAMF6067	GGTTTATCTCCACCCTAGCCGAAACCAACCGGGCCCCCTTTGACCTTACA
cherriaeATLANMEA893	GGTTTATCTCTACCCTGGCCGAAACTAACCAGAGCCCCCTTTGACCTTACA
tayloriCHILPANUOGV629	GGTTTATTTCTACTCTTTGCCGAAACAAACCGAGCCCCCTTTGACCTAACA
reveesiCHINAKU291934	GATTTATCTCAACCCTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCCTTTGACCTAACA
silvicolaCUETZJAC22499	GATTTATCTCTACCCTAGCTGAAACCAATCGGGCCCCATTTGACCTTACA
Eumecesegregius	GGTTCATTTCAACACTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCATTTGACCTTACA
gemminAPULCOUOGV112	GATTTATCTCCACCCTAGCTGAAACTAATCGAGCCCCCTTTTGACCTAACA
gemminTLANCHIJTB90	GGTTTATCTCCACCCTAGCTGAAACCAATCGAGCCCCATTTGATCTAACA
indubitusJAL	GATTTATCTCAACACTAGCTGAAACCAATCGAGCACCATTTGACCTCACA
maculatusMYANCAS204863	GGTTTATTTCAACCCTAGCTGAAACCAACCGAGCCCCCTTTGACCTAACA
gemminYETLAJAC21632	GGTTTATTTCCACCCTAGCTGAGACCAATCGAGCCCCATTTGACCTAACA

brevirostrisPUEBLA	GAGGGGGAATCTGAACTAGTTTCTGGCTTCAACGTTGAATACGCAGCGGG
mabuyaCRMf6419	GAAGGGGAATCAGAAATTAGTCTCAGGATTTAACGTAGAATACGCAGCAGG
cherriaeCHIMASLCM260	GAGGGAGAATCAGAGCTTGTTTTCCGGGTTTAAATGTGGAGTATGCTGCTGG
silviTLATLAUOGV72	GAAGGAGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCCGG
cherriaYAXILANART428	AAGGGGGAATCAGGGCTT-----
kikapooaUOGV566	GAAGGCGAATCAGAGCTCGTATCCGGCTTTAATGTAGAATATGCAGCTGG
brevirostrisOAX	GAGGGGGAATCTGAGCTGGTTTTCTGGCTTCAACGTTGAATACGCAGCGGG
indubitusJAL2	GAGGGAGAATCCGAACTAGTGTCCGGCTTCAATGTTGAATACGCAGCAGG
kikapooaUOGV569	GAAGGCGAATCAGAGCTCGA-----
lateralisTEXMF4740	GAAGGCGAATCAGAGCTTGATCAGGCTTTAATGTAGAATATCCAGCTGG
lateralisTEXWGS1	GAAGGCGAATCAGAGCTTGATCAGGCTTTAATGTAGAATATGCAGCTGG
lateralisFLOCAS214306	GAAGGCGAATCAGAACTAGTATCTGGCTTTAATGTGGAAATATGCAGCTGG
TayloriBALSAMOJAC25254	GAAGGGGAATCCGAACTCGTTTTCCGGTTTTCAATGTGGAGTACGCCGCTGG
silvicolaTIPOUOGV910	GAAGGGGAATCAGAACTAGTATCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCCGG
assataVIDRIOANMO1068	GAAGGGGAATCCGAGCTCGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCTGCCGG
caudaeQROJAC24532	GAAGGAGAATCAGAACTCGTGTCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCCGG
caudaeSLPJAC25991	GAAGGAGAATCAGAACTCGTATCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCCGG
caudaeTAMMZFC647	GAAGGAGAATCAGAACTAGTGTCCGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCCGG
caudaTIPOUOGV561	GAGGGGGAATCAGAACTAGTATCCGGCTTCAATGTAGAATATGCAGCCGG
caudaTAMAUJAC24547	GAAGGAGAATCAGAACTAGTGTCCGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCCGG
silviTUXTLASUOGV378	GAGGGGGAGTCAGAACTTGTCTCCGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
silviTEXCATIAMH191	GAAGGAGAGTCAGAACTGGTATCCGGCTTCAATGTGGAGTATGCAGCCGG
silviCOYULALCM1181	GAAGGAGAGTCAGAACTGGTATCCGGCTTCAATGTGGAGTATGCAGCCGG
incertumQUICHEJAC19573	GAGGGGGAATCAGAGCTTGATCAGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCTGG
gemminCOYULAUOGV242	GAAGGAGAATCAGAACTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
gemminTIPOJAC22567	GAAGGAGAGTCAGAACTAGTCTCCGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
gemminTENANGOMZFC14215	GAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
gemminZACATLANFH122	GAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCCGCCGG
gemminSELVAUOGV500	GAAGGAGAATCAGAACTGGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCTGG
gemminVISHERJW794	GAAGGAGAATCAGAAC-----
gemminGUIENAGAJAC22952	GAAGGAGAATCAGAACTTGATCAGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGG
gemminTOTONTEJAC21543	GAAGGAGAGTCAGAACTCGTATCAGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGG
cherriaeIZABALENS7113	GAAGGAGAGTCAGAACTTGTCTCCGGGTTTAACTAGAATATGCTGCTGG
gemminCHIMASJAC23168	GAAGGAGAGTCAGAACTTGTGTCCGGCTTCAACGTAGAGTACGCAGCCGG
gemminXICOJAC24979	GAAGGAGAGTCAGAACTAGTCTCTGGTTTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
cherriaeCHOAPASJLAL	GAGGGGGAATCAGAACTTGTTTTCCGGATTTAATGTAGAATATGCTGCCGG
stuartiCORDOBAUOGV342	GAAGGAGAGTCCGAACTTGTTTTCCGGGTTTAACTAGAGTATGCTGCCGG
ixbaacCAMPECHEISZ211	GAGGGAGAATCAGAACTTGTCTCCGGATTTAACGTAGAGTATGCTGCCGG
cherriaALAJUAELAMF6067	GAGGGGGAGTCTGAACTTGTCTCTGGCTTCAACGTAGAGTACGCCGCCGG
cherriaeATLANMEA893	GAAGGGGAGTCAGAACTTGTTCTCTGGGTTCAATGTGGAGTACGCCGCCGG
tayloriCHILPANUOGV629	GAGGGTGAATCAGAGCTTGTTTTCAGGGTTCAATGTAGAATATGCTGCTGG
reveesiCHINAKU291934	GAGGGCGAATCTGAACTTGTATCCGGCTTCAACGTAGAATACGCAGCCGG
silvicolaCUETZJAC22499	GAAGGAGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCCGG
Eumecesegregius	GAGGGGGAATCAGAGCTCGTCTCCGGCTTCAATGTTGAATACGCAGCAGG
gemminAPULCOUOGV112	GAGGGGGAATCAGAGCTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG
gemminTLANCHIJTB90	GAGGGGGAATCAGAACTGGTCTCTGGCTTCAATGTAGAATACGCAGCTGG
indubitusJAL	GAGGGAGAATCCGAACTAGTGTCCGGCTTCAATGTTGAATACGCAGCAGG
maculatusMYANCAS204863	GAAGGAGAATCCGAACTTGTTTTCCGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCAGG
gemminYETLAJAC21632	GAAGGAGAGTCAGAACTAGTCTCTGGCTTCAACGTAGAATATGCAGCCGG

brevirostrisPUEBLA	CCCGTTGCGCCCTGTTTTTCTTAGCAGAGTATGCAAACATTCTAATAATAA
mabuyaCRMF6419	CCCATTGCGACTCTTCTTCCCTAGCAGAATACTCAAACATCATATTAATAA
cherriaeCHIMASLCM260	GCCATTTGCACTGATTTTCCCTTGCCGAATACACCAATATCATACTAATAA
silviTLATLAUOGV72	ACCATTGCGCTATTCTTTTTTAGCTGAGTACACAAACATTATACTAATAA
cherriaeYAXILANART428	-----
kikapooaUOGV566	TCCATTTGCACTATTCTTTCTTGCTGAATATGCAAATATTATACTAATAA
brevirostrisOAX	CCCGTTGCGCCTGTTTTTCTTAGCGGAGTACGCAAACATTCTAATAATAA
indubitusJAL2	CCCATTGCGCCCTCTTCTTCCCTAGCAGAATACGCAAATATCCTAATAATAA
kikapooaUOGV569	-----
lateralisTEXMF4740	TCCATTGCGCACTATTTTTTCTTGCTGAATATGCAAATATTATACTAATAA
lateralisTEXWGS1	TCCATTGCGCACTATTTTTTCTTGCTGAATATGCAAATATTATACTAATAA
lateralisFLOCAS214306	TCCATTGCGCACTGTTTTTCTTGCTGAGTATGCAAATATTATACTAATAA
TayloriBALSAMOJAC25254	ACCTTTTGCCCTATTCTTTCTTGCCGAATACGCAAACATCATATTAATGA
silvicolaTIPOUOGV910	ACCATTGCGCACTATTTTTTCTAGCTGAGTACACAAACATCATACTAATAA
assataVIDRIOANMO1068	ACCCTTTGCCCTATTCTTTCTTGCTGAGTACGCAAACATCATATTAATGA
caudaeQROJAC24532	ACCATTGCACTGTTTTTTTTTAGCTGAGTACGCAAACATTATACTAATAA
caudaeSLPJAC25991	ACCATTGCACTGTTTTTTTTTAGCTGAGTACGCAAACATTATACTAATAA
caudaeTAMMZFC647	ACCATTGCACTATTTTTTTTTAGCCGAGTACGCAAACATTATACTAATAA
caudaTIPOUOGV561	GCCGTTTGCACTATTTTTTTTTAGCCGAGTACACAAACATTATGCTAATAA
caudaTAMAUJAC24547	ACCATTGCACTATTTTTTTTTAGCCGAGTACGCAAACATTATACTAATAA
silviTUXTLASUOGV378	ACCATTGCGCTCTTTTTCTTAGCCGAATACACAAACATCATACTAATGA
silviTEXCATIAMH191	ACCATTGCACTATTTTTTCTAGCTGAGTACACAAACATCATGCTAATAA
silviCOYULALCM1181	ACCATTGCACTATTTTTTCTAGCTGAGTACACAAACATCATGCTAATAA
incertumQUILICHJAC19573	ACCCTTTGCATTATTTTTTCTTGCCGAGTACACAAACATTCTGTTAATAA
gemminCOYULAUOGV242	ACCATTGCGCACTATTCTTCCCTTGCCGAGTATACAAATATTATAATAATAA
gemminTIPOJAC22567	ACCCTTTCGCACTATTTTTTCCCTTGCCGAATACACAAACATCATAATAATAA
gemminTENANGOMZFC14215	ACCATTGCGCACTATTTTTTCCCTTGCCGAATACACAAATATTATATTAATAA
gemminZACATLANFH122	ACCATTGCGCACTATTTTTTCCCTTGCCGAATACACAAATATTATATTAATAA
gemminSELVAUOGV500	ACCATTGCACTATTCTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATACTAATAA
gemminVISHERJW794	-----
gemminGUIENAGAJAC22952	ACCTTTTGCGCTCTTTTTCTTAGCCGAATACGCAAACATCATACTAATGA
gemminTOTONTEJAC21543	ACCTTTTGCACTCTTTTTCTTAGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAA
cherriaeIZABALENS7113	ACCATTGCACTATTCTTCCCTTGCCGAGTATACCAATATCATGTTAATAA
gemminCHIMASJAC23168	ACCTTTTGCACTCTTTTTCTTGCCGAATACGCAAACATTATACTAATAA
gemminXICOJAC24979	ACCATTGCACTATTTTTTCCCTTGCCGAATACACAAATATCATAATAATAA
cherriaeCHOAPASJLAL	ACCATTGCACTGTTTTTCCCTTGCCGAATACACTAATATCATACTAATAA
stuartiCORDOBAUOGV342	ACCCTTTGCGCTGTTTTTCCCTTGCCGAATACACCAATATTATACTAATAA
ixbaacCAMPECHEISZ211	GCCATTTGCACTATTTTTTCCCTGCGGAATACACCAATATTATACTAATAA
cherriaeALAJUAELAMF6067	ACCATTGCACTATTCTTCCCTTGCCGAGTACGCAAATATTATACTAATAA
cherriaeATLANMEA893	ACCCTTTGCATTATTCTTTCTTGCCGAGTACACAAACATCATATTAATAA
tayloriCHILPANUOGV629	ACCATTGCACTTTTTTCTTGCTGAGTATGCAAATATTATACTAATAA
reveesiCHINAKU291934	CCCATTGCGCACTTTTTCTTCCCTGCGGAGTATGCTAATATTATATTAATAA
silvicolaCUETZJAC22499	ACCATTGCGCTATTCTTTTTTAGCTGAGTACACAAACATTATACTAATAA
Eumecesegregius	CCCCTTTCGCCCTTTTTCTTCCCTAGCAGAATATGCAAACATCCTCATAATAA
gemminAPULCOUOGV112	ACCATTGCGCACTATTTTTTCCCTTGCCGAATACACAAATATTATATTAATAA
gemminTLANCHIJTB90	ACCATTGCGCACTATTCTTTCTTGCCGAATACACAAATATTATATTAATAA
indubitusJAL	CCCATTGCGCCCTCTTCTTCCCTAGCAGAATACGCAAATATCCTAATAATAA
maculatusMYANCAS204863	ACCTTTGCGCACTCTTTTTCTTAGCCGAATATGCCAACATTATAATAATAA
gemminYETLAJAC21632	ACCATTGCACTATTCTTCCCTTGCCGAATACACAAATATTATAATAATAA

brevirostrisPUEBLA	ACACCCTCACATGCATCCTATTTATTAACCCGGGAACAGTCCACCCGAAC
mabuyaCRMF6419	ATACCCTCACCTGCATTTTATTTATTAATCCAGGAAACCCACCAACAGAC
cherriaeCHIMASLCM260	ACACCTTAACAACCATCTTATTTCTCAACCCAGGGAATATTGATCCAAAC
silviTLATLAUOGV72	ATACCCTAACGACCATCTTATTTATAAGCCCTGGAAGTACGCACCCAGAT
cherriaYAXILANART428	-----
kikapooaUOGV566	ATACTCTAACAACTATTTTTATTCTCAACCCAGGAAATACTCACCCAGAT
brevirostrisOAX	ACACCCTCACATGCATCCTATTTATCAACCCAGGAAACAATCCACCCGGAC
indubitusJAL2	ACACCCTTACATGCACCCTATTCATTAATCCAGGAAACAATCCACCCAGAC
kikapooaUOGV569	-----
lateralisTEXMF4740	ACACTCTAACAACTATCTTATTTCAGTAACCCAGGAAATACTCACCCAGAT
lateralisTEXWGS1	ACACTCTAACAACTATCTTATTCTTAACCCAGGAAATACTCACCCAGAT
lateralisFLOCAS214306	ACACTCTAACAACTATTTTTATTCTTTAAACCCGGGAAACTCACCCAGAT
TayloriBALSAMOJAC25254	ACACCCTAACAAACAATCTTATTTCTTAACCCAGGGGATACGTACCCGGAT
silvicolaTIPOUOGV910	ATACCCTAACAGCCGTCTTATTTCTTAGCCCCGGAAGCACCTCCCCAAAT
assataVIDRIOANMO1068	ACACCCTAACAGCAATTTTTATTTCTTAACCCCTGGGGACACACACCCAAAC
caudaeQROJAC24532	ATACCCTAACGGCCATCTTATTTCTTAACCCCTGGAAATATACACCCAAAC
caudaeSLPJAC25991	ATACCCTAACGGCCATCTTATTTCTTAACCCCGGAAATATATACCCAAAC
caudaeTAMMZFC647	ATACCCTAACAGCTGTCTTATTTCTTAACCCCTGGAAATACACACCCAAAT
caudaTIPOUOGV561	ATACACTAACGACCATCTTATTTCTTAGCCCTGGAAACACACACCCAAAC
caudaTAMAUJAC24547	ATACCCTAACAGCTGTCTTATTTCTTAACCCCTGGAAATACACACCCAAAT
silviTUXTLASUOGV378	ACACTCTAACCACTGTGTTATTCTTAAACCCAGGAAACTCCGACCCAGAT
silviTEXCATIAMH191	ACACCCTAACGGCCGTCTTATTTCTTAACCCCTGGAAACACCTCCCCAAAT
silviCOYULALCM1181	ACACCCTAACGGCCGTCTTATTTCTTAACCCCTGGAAACACCTCCCCAAAT
incertumQUICHEJAC19573	ACACCCTTACTGCAATCCTTATTTCTTAACCCCGGAAACACGCACCCGAAC
gemminCOYULAUOGV242	ACACTTTAACAACTGTCTTATTTCTCAACCCGGGAGGCATCCCCCAGAT
gemminTIPOJAC22567	ACACCCTGACAACCATCTTATTTCTCAACCCCGGGGGCACTCACCCAGAC
gemminTENANGOMZFC14215	ACACTCTAACAGCTATCTTGTCTTCAACCCAGGAAGCACGCACCCAGAC
gemminZACATLANFH122	ACACTCTAACAGCTATCTTGTCTTCAAGCCAGGAAGCACGCACCCAGAC
gemminSELVAUOGV500	ACACCCTAACAGCTATCTTATTTCTAAACCCAGGAAGCACACACCCAGAC
gemminVISHERJW794	-----
gemminGUIENAGAJAC22952	ACACCCTGACCACCGTCTTATTTCTTAACCCAGGGAACACCGACCCCAAC
gemminTOTONTEJAC21543	ACACCTTAACCGCTGTCTTATTTCTTAAACCCAGGAAACACCGACCCCAAC
cherriaeIZABALENS7113	ACACCCTAACAGCTATTTTTATTTATTAACCCCGGAAACATGCCCTCAAAC
gemminCHIMASJAC23168	ACACCTTAACCGCTGTCTTATTTCTTAAACCCAGGAAACGCCGACCCCAAC
gemminXICOJAC24979	ACACTCTAACAACTATTTTTATTTCTCAACCCAGGAAGCACCCACCCAGAC
cherriaeCHOAPASJLAL	ACACCCTAACAACTATTTTTATTTCTCAACCCGGGGAACACCCCCCAAT
stuartiCORDOBAUOGV342	ACACCATAACAACCATCTTATTTCTCAACCCAGGGAACACCCCCCAAC
ixbaacCAMPECHEISZ211	ACACCCTAACAACTATCTTATTTATTAACCCCTGGGAACATGTCTTCAAAC
cherriaALAJUAELAMF6067	ATACCCTAACAGTAGTCTTATTTCTCAACCCAGGAGATATGCCCCAAAC
cherriaeATLANMEA893	ACACCCTAACGGCCATCCTATTTCTCAATCCGGGGGACACGCCCCAGAC
tayloriCHILPANUOGV629	ATACCCTTACAACCATCTTATTTATTAACCCCGGGGGCGTACCACCCAGAC
reveesiCHINAKU291934	ATACTCTCACATGCATCCTATTTCTTAATCCAGGGAACACCCAACCAAAC
silvicolaCUETZJAC22499	ATACCCTAACGACCATCTTATTTATAAGCCCTGGAAGTACGCACCCGGAT
Eumecesegregius	ACACACTCACGTGCATTTTATTTATTAACCCCTGGGACCGCTCACCCAGAC
gemminAPULCOUOGV112	ACACTCTAACAGCCATCTTGTCTTCAACCCAGGAAGCACGCACCCAGAC
gemminTLANCHIJTB90	ACACCCTAACAGCTATCTTATTTCTAAACCCAGGAAGCACGCACCCAGAC
indubitusJAL	ACACCCTTACATGCACCCTATTCATTAATCCAGGAAACAATCCACCCAGAC
maculatusMYANCAS204863	ACACTCTTACTTGTGTTTTATTTCTTAAACCCGGGAGACCTCCATC-AAAC
gemminYETLAJAC21632	ATACTTTAACAACTGTCTTATTTCTCAACCCGGGAGACATCCCCCAGAT

brevirostrisPUEBLA ATGTTTTCCCGCCAACCTCATACTAAAAGCATCCGCACTCACAGCCCTCTT
 mabuyaCRMf6419 TTATTCCCAATGAACCTAATATTTAAAAACAATGCTATTAACAGCACTATT
 cherriaeCHIMASLCM260 ACATTCTCACTTAGTTTAATACTAAAAACAATGCTGCTAACCGCACTATT
 silviTLATLAUOGV72 ATTTTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATACTCCTAACCAACCTTATT
 cherriaYAXILANART428 -----
 kikapooaUOGV566 ATATTTTTCATTTAACTTAGCCCTCAAATCAGTGCTATTAACAACCCTATT
 brevirostrisOAX ATATTTCCCGCCAACCTCATACTAAAAGCATCCGCACTCACAACCCTCTT
 indubitusJAL2 ATATTCCCATCAACCTTATATTTAAAAGCATCAGCACTCACAACCCTGTT
 kikapooaUOGV569 -----
 lateralisTEXMF4740 ATATTTTTCATTTAACTAATCCTCAAATCAATGCTATTAACAACCCTATT
 lateralisTEXWGS1 ATATTTTTCATTTAACTAATCCTCAAATCAATGCTATTAACAACCCTATT
 lateralisFLOCAS214306 ATATTTTTCCTAAACCTGATCCTCAAATCAATACTATTAATAACCCTATT
 TayloriBALSAMOJAC25254 GCCTTCTCACTCAATCTTATACTCAAAACAGTATTATTAACCACCCTGTT
 silvicolaTIPOUOGV910 ATGTTTCCCACTAAACCTTATGTTTAAAAACAATATTACTAACAACCCTATT
 assataVIDRIOANMO1068 ACCTTTTTCCTAAATCTGATACTCAAAACAATACTACTGACCACCCTATT
 caudaeQROJAC24532 ATATTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATATTACTAACAACCCTATT
 caudaeSLPJAC25991 ATATTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATACTACTAACAACCCTATT
 caudaeTAMMZFC647 ACATTTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATATTACTAACAACCCTGTT
 caudaTIPOUOGV561 ATATTTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATTTACTAACAACCCTATT
 caudaTAMAUJAC24547 ACATTTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATACTACTAACAACCCTGTT
 silviTUXTLASUOGV378 GCATTTCCCAATAAACTTAATACTAAAAACGATACTATTAACAGCCCTATT
 silviTEXCATIAMH191 ATGTTCCCACTAAACCTTATATTTTAAAAACAATATTACTAACAACCCTATT
 silviCOYULALCM1181 ATGTTCCCACTAAACCTTATATTTTAAAAACAATATTACTAACAACCCTATT
 incertumQUICHEJAC19573 TTATTTTTCCTCAACCTTAGTCTTTAAAAACAACATTATTAACAACCCTATT
 gemminCOYULAUOGV242 ATGTTCTCATTAAACCTGATACTTTAAAAACAGCACTATTAACAATCCTATT
 gemminTIPOJAC22567 CTATTCTCACTAAACCTAATACTTTAAAAACAGCGCTACTAACAACCCTATT
 gemminTENANGOMZFC14215 ATATTTTTCCTAAACCTTATACTCAAAACAGCACTATTAACGACCCTGTT
 gemminZACATLANFH122 ATATTTTTCCTAAACCTTATACTCAAAACAGCACTATTAACGACCCTGTT
 gemminSELVAUOGV500 ATATTTTTCCTAAACCTTATACTCAAAACAGCACTATTAACCGTCTTATT
 gemminVISHERJW794 -----
 gemminGUIENAGAJAC22952 GCTTTTTTCAATAAACTTGATACTAAAAGCAATACTATTAACAGCCTTGTT
 gemminTOTONTEJAC21543 ACATATCCAATAAACTTGATACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTT
 cherriaeIZABALENS7113 ATATTTTTCATTTAGTTTAATACTCAAAACAATACTGCTAACTACACTATT
 gemminCHIMASJAC23168 ACATATCCAATAAACTTGATACTAAAAACAACACTATTGACAGCTCTGTT
 gemminXICOJAC24979 CTATTCTCACTGAATCTAATACTTTAAAAACGGCATTATTAACAGCCCTATT
 cherriaeCHOAPASJLAL ATGTTCTCACTTAGTTTGATATTTAAAAACAATGTTGCTAACCGCACTATT
 stuartiCORDOBAUOGV342 ATATTCTCACTCAGTTTAAATATTTAAAGACAATACTACTAACCAGCACTATT
 ixbaacCAMPECHEISZ211 ATATTTTTCCTTAGTTTAATACTCAAAACGATACTACTAACCACACTATT
 cherriaALAJUAEELAMF6067 ATATTCTCATTAACTCTTATACTAAAAACAACACTGCTAACTATAATATT
 cherriaeATLANMEA893 ATATTTTTCATTCAACCTTATATTTAAAAACAATACTACTAACTACGGTATT
 tayloriCHILPANUOGV629 ACATTTTTCCTCAACTTTATACTAAAAGTAGCACTACTAACAACACTTTT
 reveesiCHINAKU291934 ATATTCCCAATCAACCTAATATTTTAAAAACCATGTTATTAACAGGCCTTTT
 silvicolaCUETZJAC22499 ATTTTTCCCACTAAACCTCATACTTTAAAAACAATACTACTAACAACCCTTATT
 Eumecesegregius ATGTTTCCCAATTAACCTCATGCTAAAAGCATCGGCACTCACAGCCCTATT
 gemminAPULCOUOGV112 ATATTTTTCCTAAACCTCATGCTAAAACAGCACTATTAACGACCCTCTT
 gemminTLANCHIJTB90 ATATTTTTCCTAAACCTCATACTCAAAACAGCACTATTAACCGTCTTATT
 indubitusJAL ATATTCCCATCAACCTTATATTTAAAAGCATCAGCACTCACAACCCTGTT
 maculatusMYANCAS204863 ATATACCCAATTAGCCTTATATTTAAAGACAATACTACTTACAATTCTATT
 gemminYETLAJAC21632 ATGTTCTCATTAAAGCCTGATACTTTAAAAACAGCACTATTAACAATCCTATT

```

brevirostrisPUEBLA      CCTATGGGCCCCGAGCCTCCTACCCCGCTTCCGATACGACCAGCTCATGC
mabuyaCRMF6419         TCTCTGAACCCGAGCATCCTACCCCTCGATTCCGCTACGACCAACTAATAC
cherriaeCHIMASLCM260   CCTTTGAACTCGAGCATCATACCCCGATTTTCGATATGACCAATTAATAC
silviTLATLAUOGV72     TTTTATGGGTCCGAGCATCATACCCCGATTTTCGGTACGACCAACTAATGC
cherriaYAXILANART428  -----
kikapooaUOGV566       TCTATGAACACGAGCATCATACCCACGATTCCGATACGATCAATTAATAC
brevirostrisOAX       CCTATGAGCCCGAGCCTCCTACCCACGCTTCCGATACGACCAGCTCATGC
indubitusJAL2         CCTATGAGCCCGAGCCTCCTACCCGCGCTTTTCGATATGACCAACTCATA
kikapooaUOGV569       -----
lateralisTEXMF4740    TCTATGAACACGAGCATCATACCCACGATTCCGATACGATCAACTAATAC
lateralisTEXWGS1      TCTATGAACACGAGCATCATACCCACGATTCCGATACGATCAACTAATAC
lateralisFLOCAS214306 TTTTATGAACACGAGCATCATACCCACGATTCCGGTATGATCAGCTAATAC
TayloriBALSAMOJAC25254 TCTTTGGGTACGTGCATCTTACCCACGATTCCGATACGACCAGTTAATGC
silvicolaTIPOUOGV910  TTTTATGGGCCCCGAGCATCATACCCGCGATTTTCGATACGACCAACTAATGC
assataVIDRIOANMO1068 TCTTTGGGTGCGTGCATCATACCCCGGTTTTTCGATATGACCAATTAATAC
caudaeQROJAC24532    TCTATGGGTCCGAGCATCATACCCCGATTTTCGATACGACCAACTAATGC
caudaeSLPJAC25991    TCTATGGGTCCGAGCATCATACCCCGATTTTCGATACGACCAACTAATGC
caudaeTAMMZFC647     TTTTATGGGTCCGAGCATCATACCCCTCGATTTTCGATACGACCAACTAATGC
caudaTIPOUOGV561     TTTTATGGGTCCGAGCATCATACCCACGATTTCGGTACGACCAATTAATAC
caudaTAMAUJAC24547   TTTTATGGGTCCGAGCATCATACCCCTCGATTTTCGATACGACCAACTAATGC
silviTUXTLASUOGV378  CTTGTGAACACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAACTAATGC
silviTEXCATIAMH191   TTTTATGGGCCCCGAGCATCATACCCACGATTTCGATACGACCAACTAATGC
silviCOYULALCM1181   TTTTATGGGCCCCGAGCATCATACCCACGATTTCGATACGACCAACTAATGC
incertumQUICHEJAC19573 CTTTATGGGACACGAGCATCGTACCCACGATTTCGATATGACCAACTAATAC
gemminCOYULAUOGV242  TTTTATGGACACGAGCATCATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATAC
gemminTIPOJAC22567   TTTTATGGACACGGGCATCTTACCCCGCTTCCGATACGATCAATTAATAC
gemminTENANGOMZFC14215 TTTTATGAACACGAGCGTCATACCCACGCTTCCGATACGACCAATTAATGC
gemminZACATLANFH122  TTTTATGAACACGAGCATCATACCCACGCTTCCGATACGACCAATTAATAC
gemminSELVAUOGV500   TTTTATGAGCGCGAGCATCGTACCCACGCTTCCGATACGACCAATTAATGC
gemminVISHERJW794    -----
gemminGUIENAGAJAC22952 CTTTATGGACACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATAC
gemminTOTONTEJAC21543 CTTTATGAACACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGC
cherriaeIZABALENS7113 TCTTTGAAACACGAGCATCATACCCACGATTTCGATACGACCAGCTTATAC
gemminCHIMASJAC23168 TTTTATGAGCACGAGCATCTTACCCCGTTTTTCGATATGACCAGCTAATGC
gemminXICOJAC24979   TTTTATGGACACGAGCATCTTACCCCGCTTCCGATATGATCAATTAATAC
cherriaeCHOAPASJLAL  CCTTTGAAACACGAGCATCATACCCCTCGATTTTCGGTATGATCAACTAATAC
stuartiCORDOBAUOGV342 CCTTTGAAACACGGGCATCTTACCCCGATTTTCGATATGACCAACTAATAC
ixbaacCAMPECHEISZ211 TCTTTGAAACACGAGCATCATACCCCGATTTTCGGTATGATCAGCTGATGC
cherriaALAJUAELAMF6067 CCTATGAACACGAGCATCATACCCACGATTTCGCTACGATCAATTAATAC
cherriaeATLANMEA893  CCTCTGAACACGAGCCTCATACCCGCGTTTTTCGCTACGATCAATTAATGC
tayloriCHILPANUOGV629 CCTATGAACCCGAGCATCATACCCCTCGATTCCGATATGATCAATTAATAC
reveesiCHINAKU291934 TTTTATGGGTCCGAGCATCATACCCGCGATTTTCGGTACGACCAACTATTGC
silvicolaCUETZJAC22499 TTTTATGGACCCGAGCCTCTTACCCCGTTTTTCGTTATGACCAACTAATAC
Eumecesegregius     TTTTATGAACACGAGCATCATACCCGCGCTTCCGATACGACCAATTAATGC
gemminAPULCOUOGV112  TTTTATGGACGCGAGCATCATACCCCGCTTCCGATACGACCAATTAATGC
gemminTLANCHIJTB90   TTTTATGGACGCGAGCATCATACCCCGCTTCCGATACGACCAATTAATGC
indubitusJAL         CCTATGAGCCCGAGCCTCCTACCCGCGCTTTTCGATATGACCAACTCATA
maculatusMYANCAS204863 TCTATGAACTCGAGCATCATACCCACGATTCCGATACGACCAGCTAATAC
gemminYETLAJAC21632  CCTATGGACACGAGCATCATACCCCGCTTCCGATATGATCAGCTGATAC

```


brevirostrisPUEBLA ACCTCTTATGAAAAAATTTCTCCCCCTCACACTTGCTTTGTTTTTATGA
 mabuyaCRMF6419 ATCTTTTATGAAAAAATTTCTACCCTACCCTAGCCCTGTTTATATGA
 cherriaeCHIMASLCM260 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATCACCCCTGGCCCTAATGTTATGA
 silviTLATLAUOGV72 ACCTACTATGAAAGAGCTTTCTGCCAATTACACTCGCCCTGCTCCTATGA
 cherriaYAXILANART428 -----
 kikapooaUOGV566 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCTATTACATTAGCCCTACTACTATGA
 brevirostrisOAX ACCTCTTATGAAAAAATTTCTCCCCCTCACACTCGCTTTGTTTTTATGA
 indubitusJAL2 ACCTTTTATGAAAAAATTTCTCCCCCTCACACTCGCCCTATTTTTTATGA
 kikapooaUOGV569 -----
 lateralistEXMF4740 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATTACATTAGCCCTACTACTATGA
 lateralistEXWGS1 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATTACATTAGCCCTACTACTATGA
 lateralisFLOCAS214306 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATCACATTAGCCCTGTTACTATGA
 TayloriBALSAMOJAC25254 ACCTCCTATGAAAAAATTTCTTCCAATCACCCCTGGCCCTGGCACTATGA
 silvicolaTIPOUOGV910 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACACTCGCCCTACTCCTATGG
 assataVIDRIOANMO1068 ACCTTCTATGAAAAAATTTCTTCCAATTACCCTAGCCCTGATACTGTGA
 caudaeQROJAC24532 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTACGCTCGCCCTCCTCCTATGA
 caudaeSLPJAC25991 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTACGCTCGCCCTCCTCCTATGA
 caudaeTAMMZFC647 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACGCTCGCCCTCCTCCTATGA
 caudaTIPOUOGV561 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTACGCTTGCCCTCCTCCTATGA
 caudaTAMAUJAC24547 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACGCTCGCCCTCCTCCTATGA
 silviTUXTLASUOGV378 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCTATCACCCCTAGCATTGCTCTTATGA
 silviTEXCATIAMH191 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTACACTCGCCCTACTCCTATGA
 silviCOYULALCM1181 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTACACTCGCCCTACTCCTATGA
 incertumQUICHEJAC19573 ACCTGTTGTGAAAAAATTTCTACCTATTACCCTGGCCCTACTACTATGA
 gemminCOYULAUOGV242 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATCACCCCTGGCCCTATTACTATGA
 gemminTIPOJAC22567 ACCTGTTATGAAAAAATTTCTACCAATCACCTTGCCCTACTATTATGA
 gemminTENANGOMZFC14215 ACCTACTATGAAAAAATTTCTCCCAATCACAGGGCCTTGCTACTTTGA
 gemminZACATLANFH122 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATCACCTTGCCCTTGCTACTTTGA
 gemminSELVAUOGV500 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATCACCCCTAGCCCTGCTACTCTGA
 gemminVISHERJW794 -----
 gemminGUIENAGAJAC22952 ACCTGTTATGAAAAAATTTCTGCCTATCACCCCTAGCCCTGCTTTTTATGG
 gemminTOTONTEJAC21543 ACCTGTTGTGAAAAAATTTCTGCCTATCACCCCTGGCCCTACTTTTTATGG
 cherriaeIZABALENS7113 ACTTATTATGAAAAAATTTCTACCCATCACCCCTGGCCCTAATACTATGA
 gemminCHIMASJAC23168 ACCTGTTGTGAAAAAATTTCTGCCTATCACCTTGCCCTACTTTTTATGG
 gemminXICOJAC24979 ACCTATTATGAAAAAATTTCTACCAATTACCCTCGCCCTACTACTATGA
 cherriaeCHOAPASJLAL ACCTTCTATGAAAAAATTTCTGCCAATCACCTTAGCCCTGATATTATGA
 stuartiCORDOBAUOGV342 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACTTTGGCCCTAATATTATGA
 ixbaacCAMPECHEISZ211 ACCTACTATGAAAAAATTTCTGCCAATCACCCCTAGCTCTAATATTATGA
 cherriaALAJUAELAMF6067 ACTTATTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACCCTGGCCCTATTACTGTGG
 cherriaeATLANMEA893 ACTTATTATGAAAAAATTTCTGCCAATCACCCCTCGCCCTAATATTATGA
 tayloriCHILPANUOGV629 ACCTTCTATGAAAAAATTTTTTGCCCTTACTTTAGCCCTAATGCTATGA
 reveesiCHINAKU291934 ACCTTCTATGAAAAAATTTCTGCCAATTACCCTAGCCATGTTTTTATGA
 silvicolaCUETZJAC22499 ACGTATTGTGAAAGAGCTCTTACCAATTGCACTCGCCCTGCTCTTGTGA
 Eumecesegregius ACCTCTTATGAAAAAATTTCTCCCTATCACGCTTGCCGTATTTATATGA
 gemminAPULCOUOGV112 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATCACCTTGCCCTTGCTACTTTGA
 gemminTLANCHIJTB90 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCTATCACCCCTAGCCCTGCTACTCTGA
 indubitusJAL ACCTTTTATGAAAAAATTTCTCCCCCTCACACTCGCCCTATTTTTTATGA
 maculatusMYANCAS204863 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATTTTATTAGCCCTATTCTATGG
 gemminYETLAJAC21632 ACCTACTATGAAAAAATTTCTACCAATCACCCCTGGCCCTATTACTATGA

brevirostrisPUEBLA	CACGTCTCGTTTTCCAGTAACACTCTCCGGACTTCCTCCACAATAA-----
mabuyaCRMF6419	CACATCACATTTCCCCACAGCCCTCTCAGGCCTCCCTCCACAATAAAAAAGA
cherriaeCHIMASLCM260	CACATCTCTTTTTCCAATAATATTGGCAGGCCTCCCACCACAACAA-----
silviTLATLAUOGV72	CACGCCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCACCACAATAA-----
cherriaYAXILANART428	-----
kikapooaUOGV566	CACACTTCTTTTTCCAATAATACTAGCAGGCCTACCACCACAATAA-----
brevirostrisOAX	CACGTCTCATTTCCCAGTCACACTCTCCGGACTTCACCACAATAA-----
indubitusJAL2	CACGCCTCATTTCCCAACAATACTCTCCGGACTCCCACCACAATAA-----
kikapooaUOGV569	-----
lateralisTEXMF4740	CACACTTCTCTTTCCAATAATACTAGCAGGCCTACCACCACAATAA-----
lateralisTEXWGS1	CACACTTCTTTTTCCAATAATACTAGCAGGCCTACCACCACAATAA-----
lateralisFLOCAS214306	CACACTTCTTTTTCCAATAGTACTAGCAGGCCTGCCACAACAATAA-----
TayloriBALSAMOJAC25254	CACACCACCTTTCTTACAGCACTAGCAAGCCTACCACCGCAGTAG-----
silvicolaTIPOUOGV910	CACACCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCACCACAATAA-----
assataVIDRIOANMO1068	CACACCTCGCTCCCTACAACACTAGCAAGCCTGCCACCACAGTAA-----
caudaeQROJAC24532	CACGCCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCTCCACAATAA-----
caudaeSLPJAC25991	CACGCCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCTCCACAATAA-----
caudaeTAMMZFC647	CACGCCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCTCCACAATAA-----
caudaTIPOUOGV561	CACACCTCATTTCCCAACAACACTGGCAGGCCTACCACCACAGTAA-----
caudaTAMAUJAC24547	CACGCCTCATTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCTCCACAATAA-----
silviTUXTLASUOGV378	CACGCCTCATTTCCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAGTAA-----
silviTEXCATIAMH191	CACACCTCATTTCCCGACAACCCTAGCAGGCCTACCACCACAGTAA-----
silviCOYULALCM1181	CACACCTCATTTCCCGACAACCCTAGCAGGCCTACCACCACAGTAA-----
incertumQUIICHEJAC19573	CACACCTCATTTCCCGACAATGTTAGCAGGCCTCCCCCTCAATAA-----
gemminCOYULAUOGV242	CACACTTCTTTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTGCCTCCACAATAA-----
gemminTIPOJAC22567	CACACTTCTTTTCCCAATAACACTAGCAGGATTGCCCCCAACAATAA-----
gemminTENANGOMZFC14215	CATGCCTCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----
gemminZACATLANFH122	CATGCCTCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----
gemminSELVAUOGV500	CATGCCTCTTTTCCCGACCATACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----
gemminVISHERJW794	-----
gemminGUIENAGAJAC22952	CACGCTTCATTTCCCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAATAA-----
gemminTOTONTEJAC21543	CACGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAATAA-----
cherriaeIZABALENS7113	CACACCTCATTTCCCAACAATGCTGGCGGCCTCCCTCCACAACAA-----
gemminCHIMASJAC23168	CACGCTTCATTACCAATAATACTAGCAGGCCTTCCACCACAATAA-----
gemminXICOJAC24979	CACGCTTCTTTTCCCAACAACACTAGCAGGGTTGCCCAACAATAA-----
cherriaeCHOAPASJLAL	CACACCTCTTTTTCCAACAATACTGGCAGGCCTCCCACCACAATAG-----
stuartiCORDOBAUOGV342	CACACCTCTTTTTCCAACAATGTTGGCAGGTCTTCCACCACAACAG-----
ixbaacCAMPECHEISZ211	CACACCTCATTTCCCAACAATATTGGCGGCCTCCCCCAACAACAA-----
cherriaALAJUAELAMF6067	CACACCTCATTTCCGATAATATTAGCAGGTCTTCTCTCCTCAACAG-----
cherriaeATLANMEA893	CAGGCCTCCTTTCCAATAATATTAGCAGGTCTTCCCCCTCAACAA-----
tayloriCHILPANUOGV629	CACACCTCATTTCCAACAATATTAGCTGGCCTTCCCCCAACAATAA-----
reveesiCHINAKU291934	CATGCCTCCTTTCCCAACAATACTAGCCGGCCTACCACCACAATAA-----
silvicolaCUETZJAC22499	CACGCATCATTTCCCGCAACACTAGCAGGCCTGCCGCCACAATAA-----
Eumecesegregius	CACGCCTCATTTCCAACAACGCTCTCCGGGCTCCCACCACAATAG-----
gemminAPULCOUOGV112	CATACCTCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----
gemminTLANCHIJTB90	CATGCCTCTTTTCCCAACCATACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----
indubitusJAL	CACGCCTCATTTCCCAACAATACTCTCCGGACTCCCACCACAATAA-----
maculatusMYANCAS204863	TATGCATCATTTCCAACCGCATTTCGCTGGGCTACCCCAACAATAA-----
gemminYETLAJAC21632	CACACTTCTTTTCCCAACAACACTAGCAGGCCTACCCCAACAATAA-----

brevirostrisPUEBLA --GGAAATGTGCCCCGAACCTTAAGGGCCACTTTTGATAGAGTAGAACACAGA
 mabuyaCRMF6419 ATGGAAGTGTGCCTGAATTAAGGACTACTTTTGATAGAGTAGAAAATAGG
 cherriaeCHIMASLCM260 -TAGAAGTGTGCCCCGATTTTAAGGATCACTTTTGATAGAGTGAAACAAAGG
 silviTLATLAUOGV72 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTTAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 cherriaYAXILANART428 -----
 kikapooaUOGV566 -CAGAAATGTGCCCCGACTTCAAGGGTTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 brevirostrisOAX --GGAAATGTGCCCCGAACCTTAAGGGCCACTTTTGATAGAGTAGAACACAGA
 indubitusJAL2 --GGAAATGTGCCCCGAACCTAAGGACCCTTTTGATAGAGTAGAACACAGA
 kikapooaUOGV569 -----
 lateralisTEXMF4740 -TAGAAATGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAACCAAGG
 lateralisTEXWGS1 -TAGAAATGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 lateralisFLOCAS214306 -TAGAAATGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAGCAAAGG
 TayloriBALSAMOJAC25254 --GGAAATGTGCCCCGATTTTAAGGGTCACTTTTGATAGAGTGAAACAAAGG
 silvicolaTIPOUOGV910 -TGGAAGCGTGCCCTGATCTTAAGGGTTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 assataVIDRIOANMO1068 -TGGAAGCGTGCCCCGATTTTAAGGGCCACTTTTGATAGAGTGAAATAAAGG
 caudaeQROJAC24532 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 caudaeSLPJAC25991 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 caudaeTAMMZFC647 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 caudaTIPOUOGV561 -CGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 caudaTAMAUJAC24547 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 silviTUXTLASUOGV378 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 silviTEXCATIAMH191 -TGGAAGCGTGCCCTGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 silviCOYULALCM1181 -TGGAAGCGTGCCCTGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 incertumQUICHEJAC19573 --GGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGACTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 gemminCOYULAUOGV242 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGA
 gemminTIPOJAC22567 -CGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 gemminTENANGOMZFC14215 -TGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 gemminZACATLANFH122 -TGGAAGCGGGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 gemminSELVAUOGV500 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 gemminVISHERJW794 -----
 gemminGUIENAGAJAC22952 -CGGAAATGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 gemminTOTONTEJAC21543 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAGCAAAGG
 cherriaeIZABALENS7113 -TAG-----
 gemminCHIMASJAC23168 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 gemminXICOJAC24979 -CGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 cherriaeCHOAPASJLAL -TGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGATCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG
 stuartiCORDOBAUOGV342 -TAGAAGTGTGCCCCGATCTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAGCAAAGG
 ixbaacCAMPECHEISZ211 -TGGAAGTGTGCCCCGATTTTAAGGATCACTTTTGATAGAGTGAAACAAAGG
 cherriaALAJUAELAMF6067 -TAGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTGAAATAAAGG
 cherriaeATLANMEA893 -TAGAAGCGTGCCCCGATTTCAAGGATCACTTTTGATAGAGTGAAACAAAGG
 tayloriCHILPANUOGV629 -TGGAAGTGTGCCCCGATCTTCAAGGATCACTTTTGATAGAGTGAAATAAAGG
 reveesiCHINAKU291934 -CGGAAATGTGCCCCGAATTTAAGGCTTACTTTTGATAGAGTAAAACATAGA
 silvicolaCUETZJAC22499 -TGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAACACAGG
 Eumecesegregius -TGGAATGTGCCCCGAACCCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACACAGA
 gemminAPULCOUOGV112 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAATAAAGG
 gemminTLANCHIJTB90 -TGGAAGCGTGCCCCGATTTTAAGGATTACTTTTGATAGAGTAAAATAAATG
 indubitusJAL --GGAAATGTGCCCCGAACCTAAGGACCCTTTTGATAGAGTAGAACACAGA
 maculatusMYANCAS204863 -CGGAAGTGTGCCCCGACTTCAAGGAATACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGA
 gemminYETLAJAC21632 -CGGAAGCGTGCCCCGACTTCAAGGGTCACTTTTGATAGAGTAAAACAAAGG

brevirostrisPUEBLA GGT TAAAGCCCTCTCATTTCCAGAAAAACAGGACTCGAACCTGTACTAA
 mabuyaCRMF6419 GGT TCAAGCCCCCTCATTTCCCTAGAAAGAACAGGACACGAACCTGTACCTT
 cherriaeCHIMASLCM260 GGT TTTAAATCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGGTATGAACCTGCACCAA
 silviTLATLAUOGV72 GGT TAGAATCCCCCTCGCTTCCCTAGAAAAGCAGGACACGAACCTGCACCAA
 cherriaYAXILANART428 -----
 kikapooaUOGV566 GGTGAAAATCCCCCTCATTTCTTAGAAAAACAGGATACGAACCTGCACCAA
 brevirostrisOAX GGT TAAAGCCCTCTCATTTCCAGAAAAACAGGACTCGAACCTGTACTAA
 indubitusJAL2 GGT TAAAATCCTCTCATTTCCAGAAAAGACAGGACTCGAACCTGCACCTAA
 kikapooaUOGV569 -----
 lateralistEXMF4740 GGTGAAAATCCCCCTCATTTCCCTAGAAAAACAGGAAACGACCCTGCACCAA
 lateralistEXWGS1 GGTGAAAATCCCCCTCATTTCTTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 lateralisFLOCAS214306 GGGGAAAATCCCCCTCATTTCTTAGAAAAGCAGGAACCGAACCTGCACCAA
 TayloriBALSAMOJAC25254 GGT TCAAACCCCCCTCATTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 silvicolaTIPOUOGV910 CGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAAAAAAGCAGGACACGAACCTGCACCAA
 assataVIDRIOANMO1068 GGT TTTAAGCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 caudaeQROJAC24532 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGTACCAA
 caudaeSLPJAC25991 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGTGCCAG
 caudaeTAMMZFC647 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAG
 caudaTIPOUOGV561 GGT TAGAGTCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAGCAGGACACGAGCCTGCACCAA
 caudaTAMAUJAC24547 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 silviTUXTLASUOGV378 GGT TAAAACCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAGCAGGATACGAACCTGCACCTAA
 silviTEXCATIAMH191 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCTAAAAAAGCAGGACACGAACCTGTCCCAA
 silviCOYULALCM1181 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAAAAAAGCAGGACACGAACCTGCACCAA
 incertumQUICHEJAC19573 GGT TAAAATCCCCCTCATTTCCCTAGAAAAACAGGATACGAACCTGCACCCGG
 gemminCOYULAUOGV242 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 gemminTIPOJAC22567 AGT TAAAACCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGTACCAA
 gemminTENANGOMZFC14215 GGT TAAAGGCCCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGGTACGAACCTGCACCTAA
 gemminZACATLANFH122 GGT TAAAACCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAAC-----
 gemminSELVAUOGV500 GGT TAAAATCCCCCTCCCTTCCCTAGAAAAACAGGGTACGAACCTGCACCTAA
 gemminVISHERJW794 -----
 gemminGUIENAGAJAC22952 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCTAA
 gemminTOTONTEJAC21543 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCTAA
 cherriaeIZABALENS7113 -----
 gemminCHIMASJAC23168 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACGGGACACGAACCTGCACCTAA
 gemminXICOJAC24979 GGT TAAAGCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 cherriaeCHOAPASJLAL GGT TTTAAATCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGGGTGAACCTGCACCGA
 stuartiCORDOBAUOGV342 GGT TTTAAATCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGGTATGAGCCTGCACCAT
 ixbaacCAMPECHEISZ211 GGT TTTAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 cherriaALAJUAELAMF6067 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA
 cherriaeATLANMEA893 GGCTAAAATCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGGTACGAGCCTGCACCTAA
 tayloriCHILPANUOGV629 GGT TGAAGCCCCCTCACTTCTTAGAAAAACAGGACACGAACCTGTACTGG
 reveesiCHINAKU291934 GGT TTTAAACCCCCCTCACTTCCCTAGAATTACAGGAAAGAAAACAGGGACGC
 silvicolaCUETZJAC22499 CATAGAAATCCCCCTCGCTTCCCTAGAGAAGCAGGACACGAACCTGCAGCAA
 Eumecesegregius GGT TAAAATCCTCTCATTTCCCTAGAAAAACAGGACCTGAACCTGCACCAA
 gemminAPULCOUOGV112 GGT TAAAGCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGGTACGAACCTGCACCTAA
 gemminTLANCHIJTB90 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGGTACGAACCTGCACCTAA
 indubitusJAL GGT TAAAATCCTCTCATTTCCAGAAAAGACAGGACTCGAACCTGCACCTAA
 maculatusMYANCAS204863 GGT TAAAATCCTCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGGACAGAACCTGCACCTAA
 gemminYETLAJAC21632 GGT TAAAATCCCCCTCACTTCCCTAGAAAAACAGGACACGAACCTGCACCAA

brevirostrisPUEBLA	GGGGCCCAAACCCACGTACCTCCTATACTACTCTCTAGTAAGGTCAGC
mabuyaCRMF6419	AAGGCTCAAACCTCACGCACCTACCTATACGATCCTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaeCHIMASLCM260	GGGGCCCAAACCCCGTGTACTTCATATACTACTTCTCTAGTAAAGTCAGC
silviTLATLAUOGV72	AGGGCCCAAACCCCATGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaYAXILANART428	-----
kikapooaUOGV566	AGGGCCCAAACCCCTTGTACTTCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
brevirostrisOAX	GGGGCTCAAACCCCGGTACCTCCTATACTATTCTCTAGTAAAGTCAGC
indubitusJAL2	GGAGCTCAAACCCACGTACTTCTATACTACCCTCTAGTAAAGTCAGC
kikapooaUOGV569	-----
lateralisTEXMF4740	GGGCCCCAAAACCCCTTGTACTTCTAATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
lateralisTEXWGS1	AGGGCCCAAACCCCTATGTACTTCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
lateralisFLOCAS214306	AGGGCCCAAAC-----
TayloriBALSAMOJAC25254	AAGACCCAAAATCTTTTGTACTTCATATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
silvicolaTIPOUOGV910	GGGGCCCAAACCCCATGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
assataVIDRIOANMO1068	AAGACCCAAAATCTTTTGTACTTCTTATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
caudaeQROJAC24532	GGGGCCCAAACCCCATGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
caudaeSLPJAC25991	GGGGCCCAAACCCCATGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
caudaeTAMMZFC647	GGGGCCCAAACCCCATGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
caudaTIPOUOGV561	AGGGCCCAAACCCCTTGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
caudaTAMAUJAC24547	GGGGCCCAAACCCCATGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
silviTUXTLASUOGV378	AAGGCCCAAACCCCTTGTACTTCTTATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
silviTEXCATIAMH191	GGGGCCCAAACCCCTGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
silviCOYULALCM1181	GGGGCCCAAACCCCTGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
incertumQUICHEJAC19573	GGGGCTCAAACCCCTGGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminCOYULAUOGV242	AGGGCCCAAACCCCTGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminTIPOJAC22567	GGGGCTCAAACCCCATGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminTENANGOMZFC14215	GGGGCCCAAACCCCTTGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminZACATLANFHH122	-----
gemminSELVAUOGV500	AGGGCCCAAACCCCTGTACTTCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminVISHERJW794	-----
gemminGUIENAGAJAC22952	AAGGCCCAAACCCCTTGTACTTCTTATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminTOTONTEJAC21543	AAGGCCCAAACCCCTTGTACTTCTTATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaeIZABALENS7113	-----
gemminCHIMASJAC23168	AAGGCCCAAACCCCTTGTACTTTCTATACT-----
gemminXICOJAC24979	AGGGCCCAAACCCCTGGGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaeCHOAPASJLAL	GGGGCCCAAACCCCGTGTACTTCATATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
stuartiCORDOBAUOGV342	GGAGCCCAAACCTCCTTGTACTTCATATACTACTTTTCTAGGAAAGTCAGC
ixbaacCAMPECHEISZ211	GGGGCCCAAACCCCATGTACTTTCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaALAJUAELAMF6067	AAGGGCCAAAACCCCTTGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
cherriaeATLANMEA893	AAGGCCCAAACCCCTTGTACTCCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
tayloriCHILPANUOGV629	GGGACCCAAAACCCCGTGTACTCCATATACTACTTTTCTAGTAAAGTCAGC
reveesiCHINAKU291934	CGAGCCC-----
silvicolaCUETZJAC22499	AGGGCCCAAAC-----
Eumecesegregius	GAGGCTCAAACCCCTCGTACTTCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminAPULCOUOGV112	AGGGCCCAAACCCCTTGTACTCCCTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC
gemminTLANCHIJTB90	AGGGCCCAAACCCCTCTGTACT-----
indubitusJAL	GGAGCTCAAACCCAGGTACTTCTTATACTACCCTCTAGTAAAGTCAGC
maculatusMYANCAS204863	AGAACTCAAATCTCTGTACGTCCTATACTACTCCCTGGTAACGTCGCT
gemminYETLAJAC21632	AGGGCCCAAACCCCTTGTACTTCTTATACTATTTTCTAGTAAAGTCAGC

Tesis de Maestría: Uri Omar García Vázquez

[1a 1b 1c 1d 1e 2a 2b 2c 2d 3a 3b 3c I1 I2 I3]

brevirostrisPUEBLA TAATTAAGCTCTGGGGCCCATACC ?????????? ?????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????? ????????????? CAAACCCCT ?????????? AACAGCTACCCCCACGACCAAAGATCG ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????? ? 2 0

mabuyaCRMF6419 TAATTAAGCTCTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? CAAAACAC ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? ? 3 ?

cherriaeCHIMASL260 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????????????????????????????????? AATTAGCACCCCTTAAGCCGAGGTCAG
 ?????????????????????????????????? ? ? 1

silviTLATLAUOGV72 TAATCAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TACGGCAATCAGCCGAGCCAAAGACGC ? ? 2

cherriaYAXILANART428 ----- ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? GCCAAACCA ?????????? AACAGCAAACAATAAGCCAAGACAT ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? ? 2 0

kikapooaUOGV566 ----- ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TACATATAC ?????????? AAATAGCAACCATCTTAAGCCGAGATAG ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? ? 2 0

brevirostrisOAX TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? CAGACCAAT ?????????? AACAGCTACCACCACGACCAAAGATCG ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? ? 2 0

indubitusJAL2 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? CAGACCACT ?????????? AACAGCTACTACCACGACCAAAGATCG ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? ? 2 0

kikapooaUOGV569 ----- ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAATTT ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TTCAGCAATCAAAAAAGCCGAGATAT 0 3 2

lateralisTEXMF4740 TTAATAACCT----- ?????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????????? GACATAA
 ?????????????????? ?????????????? GTAAATTT ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TTCAGCAATCAAAAAAGCCGAAATAT 0 3 2

lateralisTEXWGS1 TAACTAAGCTTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? GATATAAA ??????????
 ?????????????????? ?????????????? GTAAATTT ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TTCAGCAATCAAAAAAGCCGAAATAT 1 3 2

lateralisFLOCAS214306 ----- ?????????????? ?????????????? ?????????????? GACATAGA ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAATTT ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TTCAGCAATCAAAAAAGCCGATATAT 1 3 2

TayloriBALSAMOJAC25254 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? GAACACAA ??????????
 ?????????????????? ?????????????? AAAATTTTA ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 ATCAGCAATCAGTGAAGCCGAGATAT 1 2 2

silvicolaTIPOUOGV910 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? AAGACACA ??????????
 ?????????????????? ATTCTAAACCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TACGGCAATCAATCAAGCCCAAGATGC 1 1 2

assataVIDRIOANMO1068 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? ?????????????? AAACATAA ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? AATCAACAACATAAGCCGAGATAT
 ?????????????????????????????????? ? 1 ? 1

caudaeQROJAC24532 TAATCAAGCTCT----- ?????????????? ?????????????? AAGATACAG ?????????? ??????????
 ?????????????????? ATTTTAAACCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TGCGGCAATCAACCGAGCCAAAGATGC 2 1 2

caudaeSLPJAC25991 TAATCAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGATACAG ?????????? ??????????
 CATTTTAAACCC ?????????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TGCGGCAATCAACCAAGCCAAAGATGC 2 0 2

caudaeTAMMZFC647 TAATCAAGC----- ?????????????? ?????????????? AAGACACAG ?????????? ??????????
 ATTTTAAACCC ?????????????? ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TACGGCAATCAACCGAGCCAAAGATGC 2 0 2

caudaTIPOUOGV561 TAATTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAG ?????????? ??????????
 ATTTCTTCGCC ?????????????? ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TACGGCAATCAATCAAGCCAAAGATGC 2 0 2

caudaTAMAUJAC24547 TAATCAAGCTCTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAG ?????????? ??????????
 ATTTTAAACCC ?????????????? ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ?????????????????????????????????
 TACGGCAATCAACCGAGCCAAAGATGC 2 0 2

silviTUXTLASUOGV378 TAATTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAG ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? CCATCAAC ?????????? CTCGGCAATAAGCCTAGAGCCGAGACAT ?????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 2 0

silviTEXCATIAMH191 TAATTAAGCTCTTGGGGCC----- ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ATTCTAAACCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? TACGGCAATCAATCAGGCCAAGATGC
 ?????????????????????????????????????? 2 1 1

silviCOYULALCM1181 TAACTAAGCTCTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ATTCTAAACCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? TACGGCAATCAATCAGGCCAAGATGC
 ?????????????????????????????????????? 2 1 1

incertumQUICHEJAC19573 TAATCAAG----- ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ATTCTAAACCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? TACGGCAATCAATCAGGCCAAGATGC
 ?????????????????????????????????????? 2 1 1

gemminCOYULAUOGV242 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACATAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATACAACCA ?????????? ?????????????????????????????????????????? TAGCGGCAATAAATGAAGCCAAGACAT
 ?????????????????????????????????????? 2 2 1

gemminTIPOJAC22567 TAATTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACATAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAAATAA ?????????? ?????????????????????????????????????????? CAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACAC
 ?????????????????????????????????????? 2 2 1

gemminTENANGOMZFC14215 TAACTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????? ?????????? AAGACATAA ?????????? ??????????
 ?????????????? ?????????????? ??????????? ATAAACCA ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 CAACGGCAACGCACAAGCCAAGACAT 2 3 2
 gemminZACATLANFHH122 ----- ?????????????? ?????????????? AAGACATAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAAACCA ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 CAACGGCAACGCACAAGCCAAGACAT 2 2 2
 gemminSELVAUOGV500 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACATAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAAACCA ?????????? CAACGGCAAAATACAGGCCAAGACATCG ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 2 0
 gemminVISHERRJW794 ----- ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATACAACCTA ?????????? ?????????????????????????????????????????? TAGCGGCAATAAATGAAGCCGAGACAT
 ?????????????????????????????????????? 2 2 1
 gemminGUIENAGAJAC22952 TAACTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ACCATCAAC ?????????? CTCGGCAATAACTTAGGGCCGAGACATT ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 2 0
 gemminTOTONTEJAC21543 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 ? ?
 cherriaeIZABALENS7113 ----- ?????????????? ?????????????? AAGACACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? GCCAAACCA ?????????? AAACAGCAAACAATAAGCCAAGACAT ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 2 0
 gemminCHIMASJAC23168 ----- ?????????????? ?????????????? AAGGCACAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????? ?????????? ATCGGCAATAAACTTAGAGCCGAGACAT ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 2 ? 0
 gemminXICOJAC24979 TAA----- ?????????????? ?????????????? AAGACAAAA ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAAATAA ?????????? ?????????????????????????????????????????? CAACGGCAATAAATGAAGCCAAGACAT
 ?????????????????????????????????????? 2 2 1
 cherriaeCHOAPASJLAL TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? AAGATACAAA ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? TAACAGCAACCAATCAAGCCGAGATAG
 ?????????????????????????????????????? 3 ? 1
 stuartiCORDOBAUOGV342 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? AAGACACAAA ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TACATATAC ?????????? ?????????????????????????????????????????? AAATAGCAACCACTTAAGCCGAGATAG
 ?????????????????????????????????????? 3 2 1
 ixbaacCAMPECHEISZ211 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC ?????????????? AAGACACAAA ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATGTGCGC ?????????????????????????????????????????? AAACAGCAACCAATTTAAGCCGAGATAG
 ?????????????????????????????????????? 3 3 1
 cherriaALAJUAEAMF6067 TAATTAAGCTCTTGGGGCCCATACC ?????????????? TAAACACAAA ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TAAAACAC AATATGGCAATCAACCAAGCCAAGATAG ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 3 3 0
 cherriaeATLANMEA893 TAATTAAGCTCTGG----- ?????????????? GAAACACAAG ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ?????????? TAAAATAC ?????????????????????????????????????????? ACATGGCAGCCAATTAAGCCAAGATAG
 ?????????????????????????????????????? 3 3 1
 tayloriCHILPANUOGV629 TAATTAAGCTCTCGGGCCCATAC- ?????????????? GAAACATAAA ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ACTAGCAC ?????????????????????????????????????????? AGACAGCAACAACCATAGCCGAGATAG
 ?????????????????????????????????????? 3 3 1
 reveesiCHINAKU291934 ----- ?????????????? AAAACAACCT ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? TACACCAATAT ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 3 1 ?
 silvicolaCUETZJAC22499 ----- ?????????????? AAAACACAGG ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ATTTTAAATCC ?????????? ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 TACGGCAATCAGCCGAGCCAAGACGC 3 1 2
 Eumecesegregius TAATTAAGCTTTTGGGGCCCATAC- AAAGTACAAAA ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TAAACCATT ?????????? AAACAGCTATTACCACGACTAAAGATCG ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 4 2 1
 gemminAPULCOUGV112 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC CAAGACATAAG ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATAAAACCA ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 CAACGGCAACGTACAAGCCAAGACAT 4 2 2
 gemminTLANCHIJTB90 ----- AAAGCATAAAA ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TTACCATAT ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 4 2 ?
 indubitusJAL TAATTAAGCTCTCGGGCCCATACC AAAGTCCGAAA ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? CAGACCACT ?????????? AAACAGCTACTACCACGACCAAGATCG ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 4 2 1
 maculatusMYANCAS204863 TAAATTAGCTTCTGGGG----- AAAGGACATGT ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? TAGACCCAT ?????????? ATATTGCAAATACCACAGCCGAAGATAA ??????????????????????????????????????????
 ?????????????????????????????????????? 4 2 1
 gemminYETLJAC21632 TAACTAAGCTCTCGGGCCCATACC AAGACACATAA ?????????????? ?????????? ?????????? ??????????
 ?????????????????? ?????????????? ATACAACCTA ?????????? ?????????????????????????????????????????? ??????????????????????????????????????????
 TACGGCAATAAATGAAGCCAAGACAT 4 2 2

[1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
	24	25	26	27	28	29]							
brevirostrisPUEBLA	0	1	1	1	1	2	1	2	1	5	0	5	
	1	0	1	1	0	0	7	0	9	3	0	5	
	3	5	7	2	2								
mabuyaCRMF6419	0	0	0	0	0	2	1	2	1	3	0	0	
	7	2	3	1	4	1	7	0	3	4	0	3	
	2	1	0	1	2								

Tesis de Maestría: Uri Omar García Vázquez

cherriaeCHIMASLCM260	1	2	0	1	1	0	1	2	0	5	6
6	4	4	3	4	6	6	7	5	1	3	8
5	4	6	1	3							
silviTLATLAUOGV72	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	7
7	7	7	7	7	4	4	8	5	4	4	5
5	3	5	4	6							
cherriaYAXILANART428	1	2	0	1	1	0	1	2	0	5	7
5	5	4	3	6	3	6	6	5	3	4	7
4	4	5	3	5							
kikapooaUOGV566	0	1	1	0	2	1	0	0	9	4	
7	3	3	3	2	5	5	5	7	2	4	4
6	3	4	5	2	6						
brevirostrisOAX	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
indubitusJAL2	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
kikapooaUOGV569	0	1	1	0	0	1	0	0	8	3	
7	2	3	3	2	3	4	8	4	3	2	2
2	2	2	8	2	2						
lateralisTEXMF4740	0	1	1	0	0	1	0	0	8	3	7
2	3	3	2	3	4	8	4	3	2	2	5
2	2	8	2	2							
lateralisTEXWGS1	0	1	1	0	0	1	0	0	8	3	
7	2	3	3	2	3	4	8	4	3	2	2
2	2	2	8	2	2						
lateralisFLOCAS214306	0	1	1	0	0	1	0	0	8	5	7
4	3	4	3	4	4	7	5	2	2	4	6
3	3	7	2	4							
TayloriBALSAMOJAC252541	1	0	1	0	1	0	0	0	1	3	5
1	2	2	1	2	4	8	3	7	2	2	8
2	2	6	2	6							
silvicolaTIPOUGV910	0	0	0	0	1	0	1	0	3	3	7
4	5	5	4	6	3	4	9	5	5	4	6
5	5	4	2	7							
assataVIDRIOANMO1068	1	2	0	1	0	0	0	0	0	4	6
3	1	1	3	4	9	2	6	0	1	6	1
1	1	8	3	0							
caudaeQROJAC24532	0	0	0	0	0	1	0	0	3	0	
8	5	4	5	5	5	3	5	6	3	6	5
6	4	4	5	5	6						
caudaeSLPJAC25991	0	0	0	0	0	1	0	0	3	3	
7	1	2	3	2	4	5	6	7	3	5	4
4	4	3	4	2	9						
caudaeTAMMZFC647	0	0	0	0	0	1	0	0	5	1	
6	4	3	4	3	5	2	5	8	5	4	3
5	4	4	4	0	6						
caudaTIPOUGV561	0	0	0	0	0	1	0	0	4	2	
7	5	3	4	3	5	3	6	6	4	5	4
4	3	3	5	3	6						
caudaTAMAUJAC24547	0	0	0	0	0	1	0	0	5	1	6
4	3	4	3	5	2	5	8	5	4	3	7
4	4	4	0	6							
silviTUXTLASUOGV378	0	1	0	0	1	1	1	0	2	0	7
5	5	5	5	6	3	5	8	5	6	4	7
4	4	4	5	7							
silviTEXCATIAMH191	0	2	0	0	1	0	1	0	1	2	7
4	4	5	4	6	4	6	7	7	5	4	4
4	4	6	6	6							
silviCOYULALCM1181	0	2	0	0	1	0	1	0	1	0	7
5	4	5	5	6	5	5	8	6	6	4	5
4	4	5	5	6							
incertumQUICHEJAC195731	2	0	1	0	1	0	0	0	1	5	6
5	2	3	2	2	3	8	3	7	1	1	6
2	1	7	2	4							
gemminCOYULAUOGV242	0	0	0	0	0	1	0	0	3	0	8
5	2	4	3	4	3	6	6	5	3	3	5
3	2	5	7	2							
gemminTIPOJAC22567	0	0	0	0	0	1	0	0	5	2	6
2	3	4	3	4	3	8	5	7	2	1	6
3	2	6	4	3							
gemminTENANGOMZFC142150	0	0	0	0	1	0	0	0	5	0	7
3	2	4	4	4	1	6	4	4	4	3	7
3	3	6	6	5							
gemminZACATLANFHH122	0	0	0	0	0	1	0	0	7	0	6
5	2	4	3	3	2	7	3	1	8	4	6
3	2	4	5	6							

Tesis de Maestría: Uri Omar García Vázquez

gemminSELVAUOGV500	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	7
3	2	4	4	4	1	6	4	4	4	3	7
3	3	6	6	5							4
gemminVISHERJJW794	0	0	0	0	0	1	0	0	4	0	7
5	2	3	3	3	2	7	3	8	1	1	6
3	1	6	5	3							3
gemminGUIENAGAJAC229520	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	7
3	1	3	2	2	1	7	2	8	2	1	7
2	1	7	6	2							2
gemminTOTONTEJAC21543	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	7
3	1	3	2	2	1	7	2	8	2	1	7
2	1	7	6	2							2
cherriaeIZABALENS7113	1	2	0	0	1	0	1	2	0	5	7
7	6	5	5	8	6	5	8	7	5	4	5
4	4	5	5	5							4
gemminCHIMASJAC23168	0	0	0	0	0	1	0	0	7	1	6
4	2	3	3	3	3	8	6	4	2	1	4
2	1	8	2	2							3
gemminXICOJAC24979	0	0	0	0	0	1	0	0	5	2	6
2	3	4	3	4	3	8	5	7	2	1	6
3	2	6	4	3							3
cherriaeCHOAPAJAL	1	2	0	0	1	0	1	2	0	5	7
8	6	5	5	7	6	7	7	6	4	3	6
3	3	5	5	6							4
stuartiCORDOBAUOGV342	1	2	0	0	1	1	1	2	0	4	7
5	4	3	3	5	6	5	7	6	1	2	7
3	2	6	4	4							2
ixbaacCAMPECHEISZ211	1	2	0	0	1	0	1	2	0	5	7
6	4	4	4	6	3	6	9	5	3	3	7
3	3	3	2	5							3
cherriaeALAJUAELAMF60671	2	0	0	1	0	1	2	0	5	7	
8	4	5	5	7	5	5	6	8	3	2	3
3	2	3	4	3							3
cherriaeATLANMEA893	1	2	0	0	1	0	1	2	0	5	7
3	8	0	0	4	4	8	8	0	7	3	9
1	2	5	9	8							1
tayloriCHILPANUOGV629	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	5
3	2	3	2	3	6	9	3	5	1	1	4
2	1	7	2	2							0
reveesiCHINAKU291934	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
silvicolaCUETZJAC22499	0	0	0	0	0	1	0	1	0	2	0
7	7	5	6	6	6	4	5	9	7	7	4
6	5	5	6	5	5						5
Eumecesegregius	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
gemminAPULCOUGV112	0	0	0	0	0	1	0	0	6	0	7
0	2	3	3	4	1	6	3	4	5	2	8
3	2	5	2	5							3
gemminTLANCHIJTB90	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	6
4	2	4	4	4	2	6	4	2	5	4	8
4	2	5	3	3							5
indubitusJAL	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
maculatusMYANCAS204863	0	?	0	0	0	1	0	1	1	0	6
7	7	9	9	9	9	9	0	8	1	9	9
9	9	9	2	2	9						7
gemminYETLAJAC21632	0	0	0	0	0	1	0	0	4	0	7
4	2	3	4	4	2	6	5	6	3	2	8
3	2	5	4	5;							4