

Variación cariológica en diferentes poblaciones de *Aspidoscelis maslini* Karyotypic variation in different populations of *Aspidoscelis maslini*

N. L. Manríquez-Morán *

Área Académica de Biología, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

Resumen

Aspidoscelis es un género de lagartijas que se distribuye en Norte y Centroamérica, este grupo es importante evolutivamente debido a que la tercera parte de sus especies son unisexuales, con reproducción clonal y origen híbrido. En la Península de Yucatán, existen tres especies clonales (*A. cozumelus*, *A. maslini* y *A. rodecki*), que en conjunto integran al complejo *A. cozumelus*. *A. maslini* es la especie que presenta una distribución geográfica más amplia y una variabilidad genética y morfológica mayor. El objetivo de este estudio fue evaluar la variación cariológica de *A. maslini*, en distintas poblaciones. Los resultados mostraron que *A. maslini* exhibe el cariotipo híbrido resultante de la combinación del cariotipo haploide de las especies parentales ($2n = 49$), pero los individuos de Cayo Norte presentan los cromosomas telocéntricos 1 y 2 agrandados, lo cual sugiere que este cariotipo pudo haber surgido mediante la duplicación de material genético en esos cromosomas, pues el resto carece de alteraciones en su forma.

Palabras Clave: *Aspidoscelis*, cariotipo, cromosomas, partenogénesis.

Abstract

Aspidoscelis is a genus of lizards distributed in North and Central America, this group is evolutionarily important, because a third of its species are unisexuales, with clonal reproduction and hybrid origin. At the Yucatan Peninsula, there are three clonal species (*A. cozumelus*, *A. maslini* and *A. rodecki*), which together make up the *A. cozumelus* complex. *A. maslini* is the species that has a broader geographical distribution and a greater genetic and morphological variability. Therefore, the objective of this study was to evaluate the karyological variation of *A. maslini* in different populations. The results showed that *A. maslini* exhibits the hybrid karyotype resulting from the combination of the haploid karyotypes of the parental species ($2n = 49$), but individuals from Cayo Norte exhibit enlarged telocentric chromosomes 1 and 2, which suggests that this karyotype could have arisen through the duplication of genetic material in those chromosomes, since the others lack alterations in their shape.

Keywords: *Aspidoscelis*, karyotype, chromosomes, parthenogenesis

1. Introducción

Aspidoscelis es un grupo de lagartijas ampliamente distribuido en Norte y Centroamérica. El género está integrado por más de 45 especies, de las cuales alrededor de 30 son gonocóricas (con machos y hembras) y 15 son unisexuales (constituidas únicamente por hembras). Estas últimas se han originado gracias a la hibridación interespecífica de las especies gonocóricas y se reproducen clonalmente, mediante partenogénesis (Wright, 1993; Barley *et al.*, 2022). Dentro de las especies partenogenéticas, se han detectado especies diploides (con dos juegos de cromosomas) y triploides (con tres juegos de cromosomas). Las especies diploides, se han originado a través de la cruce de machos y hembras de dos especies distintas, mientras que las especies triploides han surgido de eventos de entrecruzamiento entre

hembras unisexuales diploides con machos de una especie gonocórica (Barley *et al.*, 2022).

Las especies de *Aspidoscelis* han sido divididas en cinco grupos, congruentes con la historia evolutiva del taxón. Los grupos *A. deppii* y *A. tigris*, están conformados únicamente por especies gonocóricas, el grupo *A. sexlineatus*, está integrado por especies gonocóricas y unisexuales y los grupos *A. cozumelus* y *A. tessellatus*, están formados solo por especies unisexuales (Reeder *et al.*, 2022). Los estudios cariológicos realizados a la fecha muestran que las especies de cada uno de los grupos poseen un cariotipo particular (Lowe *et al.*, 1970; Reeder *et al.*, 2002).

Los cariotipos de cada grupo fueron definidos tomando en cuenta la clasificación de Lowe *et al.* (1970), en la que los cromosomas se distribuyen en tres grupos: grupo I, integrado por cromosomas metacéntricos y submetacéntricos grandes;

*Autor para la correspondencia: mnorma@uaeh.edu.mx

Correo electrónico: mnorma@uaeh.edu.mx (Norma L. Manríquez-Morán)

grupo II, formado por cromosomas submetacéntricos, subtelocéntricos y telocéntricos medianos; grupo III, conformado por microcromosomas. Las especies del grupo *A. deppii* presentan un cariotipo diploide ($2n$) de 52 cromosomas ($0 + 28 + 24$), mientras que los taxones del grupo *A. tigris*, tienen un cariotipo $2n = 46$ ($6 + 16 + 24$), al igual que las especies del grupo *A. sexlineatus*, $2n = 46$ ($2 + 24 + 20$). Por otra parte, los grupos partenogenéticos *A. tessellatus* y *A. cozumelus*, presentan un cariotipo $2n = 46$ ($4 + 20 + 22$) y $2n = 49$ ($1 + 26 + 22$), respectivamente, constituidos por la combinación de los cariotipos haploides (n) de sus especies parentales Lowe *et al.*, 1970; Reeder *et al.*, 2002; Manríquez-Morán y Méndez-de la Cruz, 2012).

Aspidoscelis maslini es una lagartija partenogenética, que junto con *A. cozumelus* y *A. rodecki*, constituyen al complejo *A. cozumelus*, el cual tiene una distribución restringida a la península de Yucatán, en los estados mexicanos de Campeche, y Quintana Roo, Belice y Guatemala (Manríquez-Morán *et al.*, 2014). Los estudios filogenéticos realizados con las especies del complejo han mostrado que estas lagartijas diploides surgieron a partir de la hibridación de las especies gonocóricas de *Aspidoscelis* que se distribuyen en la península de Yucatán, *A. angusticeps* (grupo *A. sexlineatus*, especie materna) y *A. deppii* (grupo *A. deppii*, especie paterna) (Manríquez-Morán *et al.*, 2014; Barley *et al.*, 2022).

Aspidoscelis cozumelus y *A. rodecki*, tiene una distribución restringida dentro de la península de Yucatán, mientras que *A. maslini* presenta poblaciones en varios sitios de Campeche y Quintana Roo, Belice y Guatemala (Manríquez-Morán *et al.*, 2014). Además, diversos estudios han mostrado que *A. maslini* presenta una diversidad genética y morfológica amplia, que permite caracterizar a los miembros de las distintas poblaciones (Manríquez-Morán, 2007; Manríquez-Morán *et al.*, 2014; Martínez-Bustos, 2018; Taylor y Cooley, 1995). Estudios previos, también han mostrado la posibilidad de variación cariológica en la especie (Fritts, 1969). Dado que la variación en diversos atributos de *A. maslini*, se ha relacionado con su distribución, el objetivo de este estudio fue evaluar la variación cariológica de esta lagartija en siete poblaciones ubicadas en la porción mexicana de su distribución y evaluar su congruencia con la variabilidad genética y morfológica.

2. Métodos

Los especímenes para obtener los cromosomas fueron recolectados utilizando una trampa de desvío hecha con tela de alambre (2.5 m de largo x 0.5 m de alto), en siete localidades (Fig. 1): tres en Campeche (Calakmul, Champotón y Escárcega) y cuatro en Quintana Roo (Cayo Norte, Chetumal, Mahahual y Puerto Morelos), mediante los permisos de colecta, DOO.02.-2498, DOO.02.-2627 y FAUT-0220, (SEMARNAT). Para poder establecer el número de cromosomas en cada uno de los sitios, fueron utilizados tres individuos por población y 20 grupos cromosómicos por individuo. Finalmente, los ejemplares fueron depositados en la Colección de Herpetología del Centro de Investigaciones Biológicas, UAEH.

Los cromosomas para llevar a cabo el estudio se obtuvieron a partir de los leucocitos de la médula ósea de los

huesos largos (fémures) de las extremidades posteriores de las lagartijas (MacGregor y Varley, 1988). Para generar una infección y provocar una respuesta inmune, las lagartijas fueron inyectadas con una solución de levadura y azúcar (0.5 g de azúcar, 0.5 g de levadura y 7 ml de agua), de 24 a 36 horas antes de sacrificarlas. Posteriormente, los ejemplares recibieron una inyección con 0.2-0.3 ml de colchicina al 0.05%, dentro de la cavidad del cuerpo para inhibir la división celular y obtener cromosomas metafásicos. Después de 4 horas, los organismos fueron sacrificados y los fémures fueron extraídos y macerados en 6 ml de solución hipotónica de cloruro de potasio (0.05 M), para obtener las células de la médula ósea. La suspensión celular obtenida se transfirió a un tubo de centrifuga y se dejó reposar de 30-45 min. Transcurrido ese tiempo, la suspensión fue centrifugada por 3 min a 800 rpm, para obtener el botón celular. Posteriormente, el sobrenadante fue removido y el botón fue resuspendido con aire burbujeante. Luego, se agregaron 5 ml de fijador Carnoy (3:1 metanol-ácido acético) y la solución se centrifugó por 3 min a 800 rpm, después de 15 minutos de reposo. Una vez más, el sobrenadante fue eliminado y el botón celular fue resuspendido en 5 ml de fijador. Este proceso se repitió dos o tres veces más y las preparaciones fueron realizadas mediante el goteo de la suspensión en portaobjetos limpios y secados a flama. Finalmente, la tinción se llevó a cabo con una solución de colorante Giemsa al 5% en buffer de fosfatos.

Las preparaciones fueron observadas en un microscopio óptico Motic, con cámara integrada y los cariotipos fueron ensamblados manualmente (considerando la clasificación de cromosomas de Lowe *et al.*, 1970), a partir de las imágenes obtenidas.

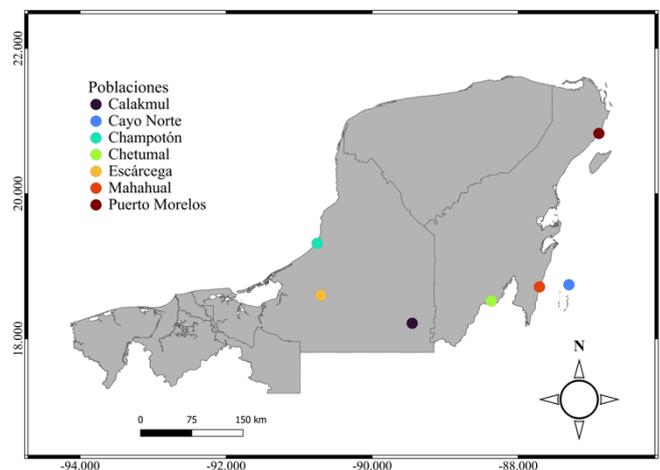


Figura 1. Poblaciones de *Aspidoscelis maslini*, en la Península de Yucatán.

3. Resultados

El análisis de los cromosomas de los individuos de las distintas poblaciones de *Aspidoscelis maslini*, presenta el cariotipo híbrido que resulta de la combinación de los cariotipos haploides de sus especies parentales. El número diploide de la especie es de 49, con una fórmula cromosómica de $1 + 26 + 22$. El cariotipo está integrado por un cromosoma metacéntrico grande, perteneciente al grupo I, 26 cromosomas medianos (14 telocéntricos y 12 subtelocéntricos-submetacéntricos), que forman parte del grupo II y 22 microcromosomas (10 subtelocéntricos y 12

telocéntricos) que conforman el grupo III. El cromosoma telocéntrico 5, presenta satélites terminales (Fig. 2).

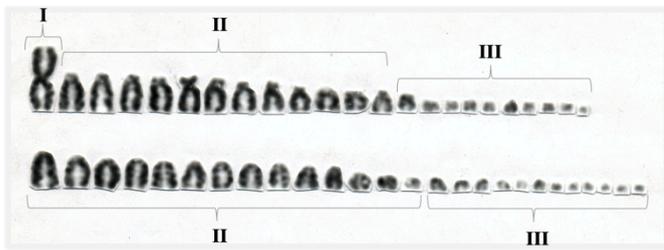


Figura 2. Cariotipo diploide de *Aspidoscelis maslini*, los números romanos indican el grupo cromosómico.

Con respecto al tamaño de los cromosomas, se encontró que en general, los cromosomas subtelo-céntricos del grupo II tienen tamaños que se encuentran entre el 25 y el 65 % del tamaño del cromosoma metacéntrico del grupo I, mientras que los cromosomas telocéntricos presentan tamaños entre el 33 y el 70 % de dicho cromosoma. Solo en la población de Cayo Norte (Banco Chinchorro), fue detectada una variación, ya que los cromosomas telocéntricos 1 y 2, presentan tamaños que corresponden al 96 y 72 % respectivamente, del cromosoma del grupo I (Fig. 3).

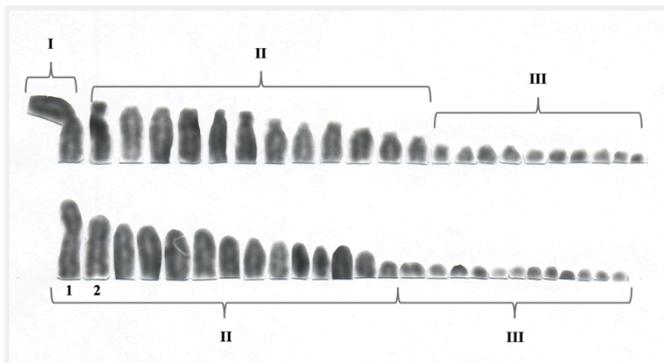


Figura 3. Cariotipo diploide de *Aspidoscelis maslini* de Cayo Norte. Los números romanos indican el grupo cromosómico (1 y 2, identifican a los cromosomas telocéntricos de mayor tamaño).

4. Discusión

La lagartija partenogénica *Aspidoscelis maslini*, presenta un cariotipo diploide ($2n = 49$) que es la combinación exacta de del complemento haploide de sus especies parentales. En el primer estudio cariológico en el que se incluyó a esta especie, Fritts (1969) obtuvo los cariotipos de 12 individuos pertenecientes al estado de Campeche y encontró que solo uno de ellos, recolectado 20.92 km al suroeste de Champotón presentaba este cariotipo. El resto tenía un cariotipo modificado, en el que el cromosoma metacéntrico del grupo I, se había perdido, pero se presentaba un telocéntrico más (grupo II). Posteriormente Manríquez-Morán *et al.* (2000), encontraron que el cariotipo híbrido estaba presente en las poblaciones de Champotón en Campeche, y Mahahual y Puerto Morelos en Quintana Roo. En el presente estudio, se utilizaron individuos de algunas de estas poblaciones y de poblaciones identificadas en años recientes y se confirmó que los individuos de todas ellas

exhiben la misma fórmula cromosómica, $1 + 26 + 22$, en la que el cromosoma del grupo I, proviene del par de cromosomas metacéntricos característicos de *A. angusticeps* (especie materna), los 26 cromosomas del grupo II, corresponden a 12 submetacéntricos – subtelo-céntricos, provenientes de la especie materna y 14 telocéntricos, típicos del cariotipo de *A. deppii* (especie paterna). Finalmente, el grupo III está conformado por 22 microcromosomas, de los cuales, 10 son subtelo-céntricos (de la especie materna) y 12 telocéntricos (de la especie paterna). Contrario a lo que se ha encontrado en otros estudios, el análisis de los cariotipos muestra homogeneidad a lo largo de la distribución de *A. maslini* en México. Los análisis genéticos realizados con DNA mitocondrial han mostrado que a pesar de la reproducción clonal, los individuos de las distintas poblaciones de *A. maslini* muestran divergencias genéticas que varían entre el 0.09 y el 0.45 % (Manríquez-Morán *et al.*, 2014). Aunque las distancias son menores al 1 %, cada población presenta un haplotipo distinto (Martínez-Bustos, 2018), pero todas comparten mismo cariotipo. Esto también contrasta con la diversidad morfológica encontrada en esta especie, pues Taylor y Cooley (1995) encontraron diversos grupos que son morfológicamente distinguibles, aunque estos autores solo evaluaron ejemplares de la costa de Campeche, Guatemala y algunos de Quintana Roo y Belice. Al parecer, el aislamiento geográfico ha permitido la diferenciación morfológica y genética de los individuos de distintas poblaciones. Sin embargo, los cariotipos no permiten identificar a los clones que son detectados con otros atributos. *A. maslini*, es la única especie del complejo *A. cozumelus* con esta característica, pues tanto *A. cozumelus*, como *A. rodecki*, presentan cariotipos híbridos modificados con un número diploide de 50 cromosomas (Lowe *et al.*, 1970; Manríquez-Morán *et al.*, 2000; Manríquez-Morán y Méndez de la Cruz, 2012).

Hay que destacar el cariotipo presente en la población de Cayo Norte, en Banco Chinchorro, ya que presenta una fórmula cromosómica idéntica a la existente en otras poblaciones, pero muestra dos cromosomas telocéntricos de mayor tamaño en el grupo II (cromosomas 1 y 2; Fig 3). Principalmente el primer cromosoma telocéntrico, que prácticamente alcanza el tamaño del cromosoma metacéntrico del grupo I (96 %). Se ha señalado que las fisiones cromosómicas a nivel del centrómero son las responsables de los principales cambios en los cariotipos de varios grupos de escamados, y estas parecen haber moldeado los cariotipos de los otros miembros del complejo *A. cozumelus* (Kolnicki, 2000; Manríquez-Morán *et al.*, 2000; Manríquez-Morán y Méndez de la Cruz, 2012). Sin embargo, en este caso, es posible que la duplicación de material genético al interior de estos cromosomas haya provocado el aumento de tamaño, pues el resto de los elementos, no presenta alteraciones en su forma.



Figura 4. *Aspidoscelis maslini* de Banco Chinchorro (Fotografía: H. Bahena)

En congruencia con lo mostrado por los cariotipos, los individuos de Banco Chinchorro también presentan un patrón de coloración que es más oscuro (pardo; Fig. 4), que el encontrado en otras poblaciones (verde olivo) (Martínez-Bustos, 2018). Dado que *A. maslini* está prácticamente extinta de Isla de Carmen, en Campeche, Banco Chinchorro representa la única población insular de esta especie. Diversos estudios han mostrado que este tipo de hábitats, pueden promover la diversificación fenotípica, al menos en algunos rasgos de los organismos (García-Porta *et al.*, 2016; Losos y Ricklefs, 2009).

5. Conclusión

Aspidoscelis maslini presenta un cariotipo homogéneo a lo largo de su distribución, que se compone del complemento haploide de las especies parentales. Sin embargo, la población de Cayo Norte presenta un par de cromosomas telocéntricos agrandados, que pueden haberse originado mediante la duplicación de material genético.

Agradecimientos

A todas las personas que contribuyeron con el trabajo de campo en múltiples visitas a la península de Yucatán. A J. E. González por su ayuda en la elaboración del mapa.

Referencias

- Barley, A. J., Nieto-Montes de Oca, A., Manríquez-Morán, N. L., & Thomson, R. C. (2022). The evolutionary network of whiptail lizards reveals predictable outcomes of hybridization. *Science*, *377*(6607), 773–777. <https://doi.org/10.1126/science.abn1593>
- Fritts, T. H., (1969). The systematics of the parthenogenetic lizards of the *Cnemidophorus cozumela* complex. *Copeia*, *1969*(3), 519-535. <https://doi.org/10.2307/1441932>
- García-Porta, J., Šmíd, J., Sol, D., Fasola, M., & Carranza, S. (2016). Testing the island effect on phenotypic diversification: insights from the *Hemidactylus geckos* of the Socotra Archipelago. *Scientific Reports*, *6*, 23729. <https://doi.org/10.1038/srep23729>
- Kolnicki R. L. (2000). Kinetochore reproduction in animal evolution: cell biological explanation of karyotypic fission theory. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *97*(17), 9493–9497. <https://doi.org/10.1073/pnas.97.17.9493>
- Losos, J., & Ricklefs, R. E. (2009). Adaptation and diversification on islands. *Nature*, *457*, 830–836. <https://doi.org/10.1038/nature07893>
- Lowe C. H., Wright, J. W., Cole, C. J., & Bezy, R. L. (1970). Chromosomes and evolution of the species groups of *Cnemidophorus* (Reptilia: Teiidae). *Systematic Zoology*, *19*(2), 128-141. <https://doi.org/10.2307/2412450>
- Macgregor, H. C., & Varley, J. M. (1988). Working with animal chromosomes (2a ed.). Wiley.
- Manríquez-Morán, N. L. (2007). Diversidad clonal en los lacertilios insexuales del género *Aspidoscelis*. *Boletín de la Sociedad Herpetológica Mexicana* *15*(1), 1-12.
- Manríquez-Morán, N. L., & Méndez-de la Cruz, F. R. (2012). Origin and clonal diversity of the parthenogenetic lizard *Aspidoscelis rodecki* (Squamata: Teiidae): chromosomal evidence. *Pyllomedusa*, *11*(1), 29-32. <https://doi.org/10.11606/issn.2316-9079.v11i1p29-35>
- Manríquez-Morán, N. L., Villagrán-Santa Cruz, M., & Méndez-de la Cruz, F. R. (2000). Origin and evolution of the parthenogenetic lizards, *Cnemidophorus maslini* and *C. cozumela*. *Journal of Herpetology*, *34*(4), 634–637. <https://doi.org/10.2307/1565287>
- Manríquez-Morán N. L., Méndez de la Cruz, F. R., & Murphy, W. R. (2014). Genetic variation and origin of parthenogenesis in the *Aspidoscelis cozumela* complex, evidence from mitochondrial genes. *Zoological Science*, *31*(1), 14–19. <https://doi.org/10.2108/zsj.31.14>
- Martínez-Bustos, V. M. (2018). Diversidad clonal del complejo *Aspidoscelis cozumela* (Squamata: Teiidae). Tesis de Maestría. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. 91 pp.
- Reeder, T. W., Cole, C. J., & Dessauer, H. C. (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.
- Taylor, H. L., & Cooley, C. R. (1995). A multivariate analysis of morphological variation among parthenogenetic teiid lizards of the *Cnemidophorus cozumela* complex. *Herpetologica*, *51*(1), 67–76. <http://www.jstor.org/stable/3892786>.
- Wright, J. W. (1993). Evolution of whiptail lizards (Genus *Cnemidophorus*). En J. W. Wright & L. J. Vitt (Eds.). *Biology of whiptail lizards (Genus Cnemidophorus)* (pp. 27-82). Oklahoma Museum of Natural History.