



Facultat de Ciències

Memòria del Treball Final de Grau

# **Diversitat genètica en espècies amenaçades i no amenaçades de lepidosaures**

Estudiant: Marta Major Munich

Grau en Biologia

Correu electrònic: martamajor24@gmail.com

Tutor: José Luís García Marín

Vistiplau tutor:

Nom del tutor: José Luís García Marín

Correu electrònic: joseluis.garcia@udg.edu

Data de dipòsit de la memòria a secretaria de coordinació: 19/02/2020



**ÍNDEX**

<b>RESUM</b> .....	1
<b>RESUMEN</b> .....	2
<b>ABSTRACT</b> .....	3
<b>INTRODUCCIÓ</b> .....	5
Els lepidosaures i el seu estat de conservació.....	5
Diversitat genètica en la conservació.....	8
Els microsatèl·lits com a eina molecular per a estimar la diversitat genètica .....	9
Objectives .....	10
<b>MATERIALS I MÈTODES</b> .....	10
Cerca d'informació bibliogràfica.....	10
Estat de conservació.....	11
Anàlisis estadístics .....	12
Reflexió ètica .....	12
<b>RESULTATS</b> .....	13
Selecció de treballs bibliogràfics .....	13
Esforç realitzat en els treballs segons l'estat de conservació de les espècies .....	15
Nivells de diversitat genètica .....	18
<b>DISCUSSIÓ</b> .....	24
<b>CONCLUSIONS</b> .....	26
<b>BIBLIOGRAFIA</b> .....	28
<b>ANNEX</b> .....	30

## RESUM

Els lepidosaures són el superordre que inclou major nombre d'espècies de rèptils amenaçades i, a més, el seu risc d'extinció és susceptible d'augmentar encara més en un futur imminent perquè són especialment vulnerables als canvis en l'ambient, sobretot per l'acció antròpica i el canvi climàtic. La diversitat genètica permet l'adaptació de les espècies envers els canvis en les condicions ambientals i pot determinar la resposta evolutiva de moltes espècies amenaçades. En aquest treball, s'ha avaluat la relació entre la diversitat genètica i l'estat de conservació dels lepidosaures mitjançant la revisió de 105 articles científics, publicats des del 1998 fins al 2018 i indexats a la *Web of Science*, en els què s'havien realitzat estudis de diversitat genètica en loci microsatèl·lits. S'han obtingut dades de 97 espècies de lepidosaures, principalment dels subordres *Lacertilia* i *Serpentes*, i s'han comparat variables de diversitat al·lèlica i heterozigosi entre les categories de l'estat de conservació i l'estat d'amenaça determinat per la UICN. Els resultats mostren que en ambdós subordres el percentatge d'espècies amenaçades estudiades supera a la proporció d'espècies amenaçades descrites per la UICN. L'esforç de treball en el laboratori (nombre de loci) és major en l'estudi de les espècies amenaçades, potser per a compensar la dificultat de trobar-les durant el treball de camp. Les espècies llistades en les categories no amenaçades (NT, LC) tendeixen a mantenir-se estables, mentre que les incloses en les categories amenaçades (CR, EN, VU) presenten reduccions poblacionals. Les espècies amenaçades d'*Squamata* i de *Lacertilia* solen presentar nivells de diversitat al·lèlica i heterozigosi significativament inferiors que les no amenaçades i, per tant, major risc d'extinció. Així, la mitjana del nombre d'al·lèls en les espècies no amenaçades de *Lacertilia* és de  $8,879 \pm 4,454$  i és de  $6,44 \pm 4,725$  en les amenaçades. També presenten una mitjana d' $H_O$  de  $0,634 \pm 0,122$  en les no amenaçades, de  $0,488 \pm 0,199$  en les amenaçades, i una mitjana d' $H_E$  de  $0,682 \pm 0,139$  en les no amenaçades, significativament superiors als de les amenaçades ( $0,535 \pm 0,237$ ). Aquestes diferències no han sigut tant aparents entre les espècies de *Serpentes*, però en aquest subordre el nombre d'espècies revisades en algunes categories d'amenaça era molt baix.

## RESUMEN

Los lepidosaurios son el superorden que incluye mayor número de especies de reptiles amenazadas y, además, su riesgo de extinción es susceptible de aumentar aún más en un futuro inminente porque son especialmente vulnerables a los cambios en el ambiente, sobre todo por la acción antrópica y el cambio climático. La diversidad genética permite la adaptación de las especies hacia los cambios en las condiciones ambientales y puede determinar la respuesta evolutiva de muchas especies amenazadas. En este trabajo, se ha evaluado la relación entre la diversidad genética y el estado de conservación de los lepidosaurios mediante una revisión de 105 artículos científicos, publicados desde el 1998 hasta el 2018 e indexados en la *Web of Science*, en los que se habían realizado estudios de diversidad genética en loci microsátélites. Se han obtenido datos de 97 especies de lepidosaurios, principalmente de los subórdenes *Lacertilia* y *Serpentes*, y se han comparado variables de diversidad alélica y heterocigosis entre las categorías del estado de conservación y el estado de amenaza determinado por la UICN. Los resultados indican que en ambos subórdenes el porcentaje de especies amenazadas estudiadas supera a la proporción de las especies amenazadas descritas por la UICN. El esfuerzo de trabajo en el laboratorio (número de loci) es mayor en el estudio de las especies amenazadas, quizás para compensar la dificultad de encontrarlas durante el trabajo de campo. Las especies listadas en las categorías de no amenaza (NT, LC) tienden a mantenerse estables, mientras que las incluidas en las categorías de amenaza (CR, EN, VU) presentan reducciones poblacionales. Las especies amenazadas de *Squamata* y de *Lacertilia* suelen presentar niveles de diversidad alélica y heterocigosis significativamente inferiores que las no amenazadas y, por lo tanto, mayor riesgo de extinción. Así, la media del número de alelos en las especies no amenazadas de *Lacertilia* es de  $8,879 \pm 4,454$  y de  $6,44 \pm 4,725$  en las amenazadas. También presenta una media de  $H_O$  de  $0,634 \pm 0,122$  en las no amenazadas, de  $0,488 \pm 0,199$  en las amenazadas, y una media de  $H_E$  de  $0,682 \pm 0,139$  en las no amenazadas, significativamente superiores a los valores de las amenazadas ( $0,535 \pm 0,237$ ). Estas diferencias no han sido tan aparentes entre las especies del suborden *Serpentes* pero en este suborden el número de especies revisadas en algunas categorías de amenaza era muy bajo.

## ABSTRACT

Lepidosaurians are the superorder that includes the largest number of threatened reptile species and their extinction risk is sensitive to rise even more in a close future because they are especially vulnerable to environmental changes as a result of anthropic action and climate change. Genetic diversity allows adaptation of species to environmental changes and can determine the evolutionary response of many threatened species. This work has evaluated the relation between genetic diversity and conservation status of lepidosaurs through a review of 105 scientific articles, published since 1998 until 2018 and indexed in the *Web of Science*, in which genetic diversity studies at loci microsatellites. Recovered data on 97 species of lepidosaurs, basically of the suborders *Lacertilia* and *Serpentes*, have been used to compare variables about allelic diversity and heterozygosity between the categories of conservation status determined by IUCN. The results show that in both suborders the percentage of threatened species studied exceeded the proportion of threatened species described by IUCN. The laboratory effort (number of loci) is greater in the study of threatened species, maybe to compensate the difficulty to capture threatened species during the field work. The species listed on lower risk categories (NT, LC) tend to remain stable in population sizes, but species included in threatened categories (CR, EN, VU) show a reduction of population size. Threatened species of *Squamata* and *Lacertilia* have significantly lower levels of allelic diversity and heterozygosity than non-threatened species and, consequently, higher extinction risk. So, the average of number of alleles in non-threatened species of *Lacertilia* is  $8.879 \pm 4.454$  but  $6.44 \pm 4.725$  in non-threatened species. The average  $H_O$  was  $0.634 \pm 0.122$  in non-threatened species and  $0.488 \pm 0.199$  in threatened, and the average of  $H_E$  ( $0.682 \pm 0.139$ ) in non-threatened was significantly higher to the values of threatened ones ( $0.535 \pm 0.237$ ). These differences haven't been so apparent between the species of *Serpentes* but in this suborder the number of studied species in some threatened categories was very low.



## INTRODUCCIÓ

### Els lepidosaures i el seu estat de conservació

Els rèptils (*Reptilia*) són la classe que aporta major diversitat als vertebrats terrestres. Aquesta classe conté espècies de dos grans grups: els anàpsids (*Anapsida*) i els diàpsids (*Diapsida*). Els anàpsids inclouen l'ordre de les tortugues (*Testudines*), mentre que en els diàpsids s'engloben l'ordre dels cocodrils (*Crocodylia*) i el superordre dels lepidosaures (*Lepidosauria*). Els lepidosaures actuals consten dels rèptils amb major èxit evolutiu (Apesteguía 2007) i es divideixen en l'ordre dels rincocèfals (*Rhynchocephalia*) i en el dels escatosos (*Squamata*). Els escatosos abracen tres subordres: els sauris o sargantanes (*Sauria* o *Lacertilia*), els ofidis o serps (*Ophidia* o *Serpentes*) i els amfíbènids (*Amphisbaenia*) (Uetz & Hošek 2019).

Els rincocèfals només tenen representants vius en el subordre dels esfenodonts (*Sphenodontida*), concretament a la família dels esfenodontíds (*Sphenodontidae*) i del gènere *Sphenodon* (Uetz & Hošek 2019). Són fòssils vivents que es troben a l'arxipèlag de Nova Zelanda i es coneixen vulgarment com a tuatares (Apesteguía 2007). Al 1990, es van fer investigacions amb al·lozims que semblaven indicar que existien dues espècies d'aquest subordre, *Sphenodon punctatus* i *Sphenodon guntheri* (Daugherty et al 1990), però investigacions més recents, fetes amb DNA mitocondrial i nuclear, indiquen que probablement ambdós tàxons són una única espècie (Hay et al. 2010). La Llista Vermella d'Espècies Amenaçades de la UICN l'ha categoritzat com a espècie de risc mínim i, per tant, no està amenaçada (Hitchmough 2019). Aquesta llista classifica les espècies segons el seu estat de conservació en 9 categories (Figura 1). La categoria d'«extinta» (EX) s'assumeix quan es té la certesa que l'últim individu de l'espècie ha mort perquè estudis exhaustius no n'han registrat cap exemplar. Està «extinta en estat salvatge» (EW) quan només es té coneixement d'individus vius en cultius, en captivitat o com a poblacions naturalitzades molt allunyades del seu rang de distribució històric. Hi ha 3 categories en les quals es considera que l'espècie està amenaçada en estat salvatge i que, segons el risc d'extinció decreixent, són: en «perill crític» (CR) quan s'encara a un risc d'extinció extremadament elevat, en «perill» (EN) quan té un risc d'extinció molt elevat i «vulnerable» (VU) quan s'enfronta a un risc d'extinció elevat. Es considera com a «gairebé amenaçada» (NT) quan no s'ha qualificat com a CR, EN o VU però és probable que en un futur proper s'inclouï com a tal. Es diu que una espècie té «risc mínim» (LC) quan no compleix els criteris d'avaluació de la UICN per a classificar-la a cap de les



categories anteriors. L'estat d'amenaça de baix risc o no amenaçat es considera en totes aquelles espècies assumides com a NT i LC. Es cataloga com a «dades insuficients» (DD) quan manca informació per a fer una avaluació del seu risc d'extinció o falten dades d'abundància i/o distribució de l'espècie. Finalment, es declara «sense avaluar» (NE) quan el seu estat de conservació no ha estat avaluat per la UICN (UICN 2017).

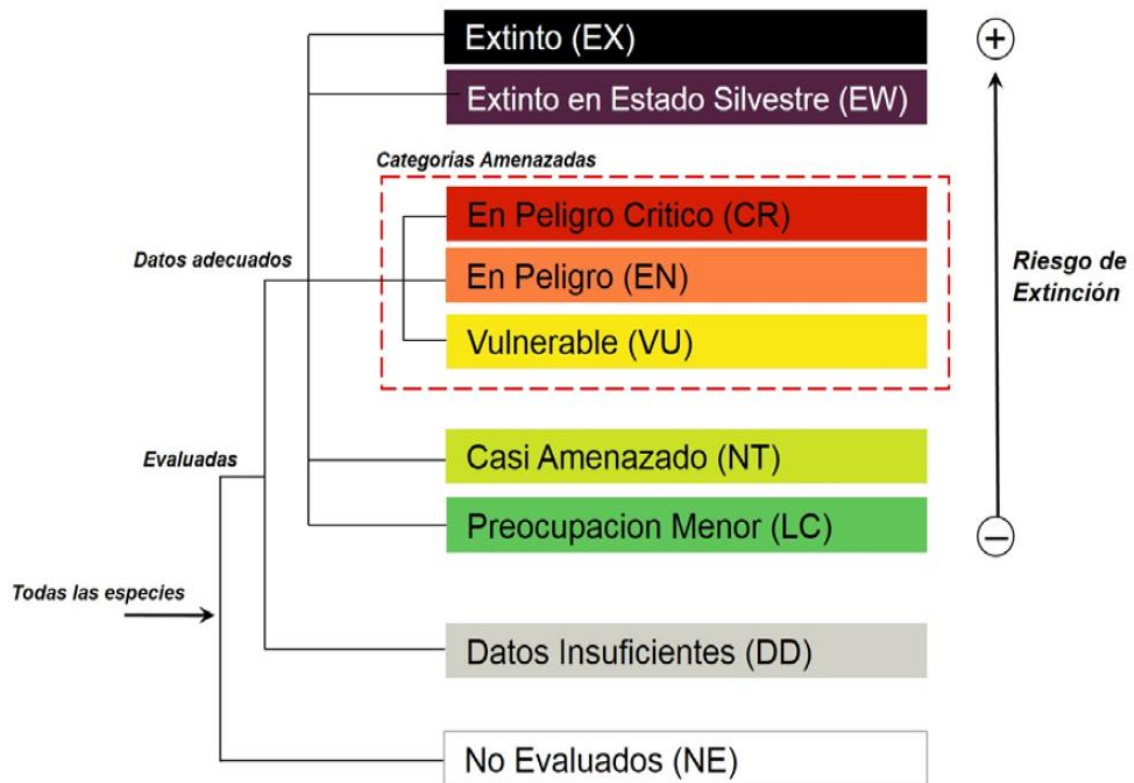


Figura 1. Classificació de les categories de l'estat de conservació de les espècies segons la UICN (font UICN 2017)

El nombre total d'espècies de rèptilscanvia contínuament perquè se'n descobreixen de noves, es classifiquen en categories taxonòmiques diferents o es reconsideren dues espècies –o més– com la mateixa espècie (sinonímia) (Uetz, 2019). Els rèptils són una de les classes de vertebrats menys avaluades per la UICN, només superada pels peixos (Taula 1). Malgrat això, el 18% d'espècies de rèptils estan amenaçades segons la UICN, essent la tercera classe de vertebrats amb més risc.

Taula 1. Nombre d'espècies descrites, avaluades i amenaçades de les classes de vertebrats a l'any 2019.  
Font: IUCN 2019

Vertebrats	Nombre estimat d'espècies descrites	Nombre d'espècies avaluades	Percentatge d'espècies avaluades respecte les descrites	Nombre d'espècies amenaçades	Percentatge d'espècies amenaçades
<b>Rèptils</b>	<b>11050</b>	<b>7829</b>	<b>71%</b>	<b>1409</b>	<b>18%</b>
Amfibis	8104	6794	84%	2200	32,38%
Ocells	11147	11147	100%	1486	13,33%
Mamífers	6495	5850	90%	1244	21,26%
Peixos	35315	19199	54%	2674	13,93%

Segons Böhm et al. (2013), els cocodrils i les tortugues són els ordres dels rèptils amb una riquesa d'espècies menor, però la majoria en algun grau d'amenaça (Taula 2). Els lepidosaures abracen el major nombre d'espècies de rèptils (més del 95%) i el 88,71% d'espècies de rèptils amenaçats són lepidosaures. El subordre *Lacertilia* és en el què hi ha més proporció d'espècies descrites i, a dins del superordre dels lepidosaures, també és el que té més espècies amenaçades.

Taula 2. Nombre d'espècies descrites i percentatge d'espècies amenaçades dels ordres i subordres dels rèptils. Estan indicats en negreta els ordres que pertanyen al superordre Lepidosauria.

Taxonomia	Nombre d'espècies descrites	Espècies amenaçades (%)
<b><i>Rhynchocephalia</i></b>	<b>1</b>	<b>0</b>
<b><i>Amphisbaenia</i></b>	<b>181</b>	<b>7,1</b>
<b><i>Lacertilia</i></b>	<b>5537</b>	<b>21,2</b>
<b><i>Serpentes</i></b>	<b>3346</b>	<b>11,7</b>
<i>Crocodylia</i>	24	75
<i>Testudines</i>	323	51,2
Total ( <i>Reptilia</i> )	9413	18,9

Els lepidosaures tenen un paper important en els ecosistemes perquè hi ha depredadors, preses, herbívors, dispersors de llavors i comensals. Algunes espècies són bioindicadores de l'estat ambiental. Les amenaces principals a les quals s'enfronta aquest superordre són les catàstrofes naturals i les derivades de l'acció antròpica, com la pèrdua i degradació de l'hàbitat, el comerç il·legal d'espècies, la introducció d'espècies invasores o la desforestació. La seva vulnerabilitat es deu, sobretot, al fet que solen especialitzar-se a un tipus concret de sòl i a la seva poca capacitat de dispersió, ja que solen tenir uns rangs de distribució molt més limitats que els mamífers, els ocells o altres classes taxonòmiques

(revisat a Böhm et al. 2013). A més d'això, cal emfatitzar l'amenaça que comporta el canvi climàtic pels lepidosaures a causa de les limitacions termoreguladores derivades de la seva condició com a animals ectotèrmics, ja que els canvis en la temperatura ambiental i la insolació els influeix tant en processos fisiològics com etològics. L'alteració en el règim pluviomètric, les sequeres prolongades o temperatures extremes els poden alterar el rendiment reproductiu i el període de gestació. Per exemple, hi ha diverses espècies de lepidosaures, com les tuatares, que són termo-dependents per la determinació del sexe i, per tant, una hipotètica alteració en la proporció de sexes incrementaria el risc d'extinció de l'espècie en qüestió (Diele-Viegas & Rocha 2018). Així, doncs, l'estat de conservació dels lepidosaures és sensible de canviar a categories de major preocupació i el seu perill d'extinció podria augmentar en un futur immediat.

### **Diversitat genètica en la conservació**

La diversitat biològica és un terme molt ampli que defineix el grau de varietat de la natura. La UICN la subdivideix en tres nivells: diversitat genètica, diversitat d'espècies i diversitat d'ecosistemes. La diversitat genètica es defineix com la suma total de la informació genètica continguda en els gens dels individus de plantes, animals i microorganismes que habiten la Terra (McNeely et al. 1990). Aquesta diversitat resulta de les diferències en les seqüències de DNA entre individus d'una població o entre espècies (Griffiths et al. 2000). La variació genètica i els polimorfismes contribueixen a la viabilitat i al potencial evolutiu de les poblacions naturals perquè permeten adaptar-se als canvis ambientals o a les catàstrofes naturals, com les epidèmies o les sequeres (Jamieson et al. 2008). Així, doncs, és necessària per a la resposta evolutiva davant de situacions adverses com les que s'encaren moltes de les espècies amenaçades. Els nivells baixos de diversitat genètica se solen relacionar amb un èxit reproductiu inferior (Wang et al. 2019) perquè disminueixen l'eficiència biològica o *fitness*, la resiliència i el potencial evolutiu a llarg termini de les espècies. Per consegüent, per a què una espècie sobrevisqui a llarg termini no només s'han de conservar els seus individus, sinó també la seva diversitat genètica (Markert et al. 2010).

Les espècies amenaçades han patit una disminució sobtada o gradual en el seu nombre d'individus i, en ser poblacions de mida petita, són més propenses a l'endogàmia. Aquest fenomen comporta una pèrdua immediata d'eficiència biològica perquè afavoreix l'homozigosi per a gens deleteris i, a causa d'això, es redueixen les probabilitats de

supervivència i reproducció (Zhang et al. 2002). També són especialment vulnerables a la deriva gènica, un mecanisme evolutiu que canvia les freqüències al·lèliques d'una població a l'atzar al llarg de les generacions i que comporta la pèrdua d'alguns al·lells, fins i tot aquells que podrien ser beneficiosos. Tant l'endogàmia com la deriva tenen un potencial impacte negatiu en moltes de les espècies amenaçades, però els seus efectes solen ocórrer a una escala de temps molt més àmplia que els efectes ecològics, motiu pel qual són molt més difícils de detectar (Jamieson et al. 2008).

Hi ha diversos paràmetres que permeten mesurar la diversitat genètica d'una població. Un dels més usats és la diversitat al·lèlica, que indica el nombre d'al·lells diferents que hi ha per locus; com més alt és, més variació genètica té la població (Foulley & Ollivier 2006). També es poden aplicar estimadors del nombre d'al·lells, com ara el nombre efectiu d'al·lells o la riquesa al·lèlica. L'heterozigosi és la condició d'un individu de tenir dos al·lells diferents en un locus i nivells baixos poden deure's a mides poblacionals petites, una pressió del medi molt elevada en poblacions tancades, a l'endogàmia o a una immigració mínima o nul·la de material genètic nou i forà a dins de les poblacions (Frankham, 1996; Cañón et al. 2006). Es pot mesurar com l'heterozigosi observada ( $H_O$ ) a la població i l'heterozigosi esperada ( $H_E$ ) en la població en condicions d'equilibri de Hardy-Weinberg.

### **Els microsatèl·lits com a eina molecular per a estimar la diversitat genètica**

Els microsatèl·lits, també coneguts com a repeticions curtes en tàndem (STR), seqüències úniques de repeticions (SSR) o polimorfismes de longitud única, són seqüències relativament curtes de DNA (d'1 a 6 nucleòtids) repetides en tàndem. Els loci microsatèl·lits solen ser altament polimòrfics, amb molts al·lells que s'hereten de manera codominant (Litt & Luty 1989) i poden arribar a segregar fins a 20 al·lells en poblacions naturals (Unruh & Woolley 1999). Cadascuna de les còpies dels fragments de DNA està flanquejada per seqüències úniques i gràcies a això, es poden analitzar mitjançant l'amplificació per PCR (Shackell et al. 2005). Els fragments amplificats per PCR solen tenir una longitud total d'entre 90 i 400 parells de bases i les mides diferents són els al·lells del locus del microsatèl·lit donat (Hoy 2013). Es troben tant en procariotes com en eucariotes i estan distribuïts àmpliament per tot el genoma (Vieira et al. 2016). Aquest marcadors es consideraven fenotípicament neutres perquè la majoria es troben a regions no codificants del DNA (Hoy 2013). Nogensmenys, estudis recents n'han trobat en

regions codificants (Vieira et al. 2016), les quals poden estar sota selecció natural (Götz & Von der Heyden 2014). Això suggereix que alguns microsatèl·lits poden tenir un rol en l'adaptació de les espècies al llarg de les generacions (Vieira et al. 2016). A diferència d'altres marcadors genètics, com el DNA mitocondrial, presenten taxes de mutacions elevades que faciliten informació sobre processos genètics recents i resulten útils per a estudiar la variació genètica i l'estructura de les poblacions naturals d'espècies amenaçades (Schlotterer 2000).

## **Objectives**

The main objective of this degree's final project is to compare the amount of genetic diversity at microsatellite loci between threatened and non-threatened species of lepidosaurs, based on a review of available scientific papers on species of this superorder.

## **MATERIALS I MÈTODES**

### **Cerca d'informació bibliogràfica**

Per a comparar els nivells de diversitat genètica d'espècies amenaçades i no amenaçades de lepidosaures es va recopilar informació a partir d'estudis previs d'espècies d'aquest superordre. Es van identificar estudis que haguessin usat els microsatèl·lits com a marcadors genètics perquè s'utilitzen sovint en la descripció de la diversitat genètica en les poblacions naturals i abunden els estudis que els han emprat. Els treballs científics es van cercar a la plataforma de bases de dades de publicacions científiques anomenada *Web of Science* (<https://apps.webofknowledge.com>). La via d'accés pels centres de recerca espanyols a dita plataforma és la Fundació Espanyola per a la Ciència i la Tecnologia (FECYT). Es va fer la cerca bàsica de publicacions a totes les bases de dades amb tres temes com a filtre: *Lepidosauria*, “*genetic diversity*” i *microsatellites*. Com que l'estudi es va iniciar abans d'acabar l'any 2019, es va acotar la cerca per a què només sortissin els estudis publicats fins al 2018. Per a cadascun dels treballs recollits, es va obtenir informació referent a variables que es van considerar d'interès sobre l'autoria (any de publicació i de realització del treball, nom i nacionalitat dels autors i títol de l'estudi), l'espècie, la zona estudiada, l'esforç de camp i de laboratori del treball (nombre d'individus, de poblacions i de loci) i els índexs de diversitat genètica (nombre efectiu d'al·lels, nombre d'al·lels, riquesa al·lèlica, heterozigosi observada i heterozigosi esperada).

Els estudis d'accés restringit des de la Universitat de Girona no es van poder consultar i aquells que no contenien informació de diversitat genètica de cap espècie de lepidosaure es van excloure. Tanmateix, es van descartar aquells que proporcionaven informació sobre poblacions captives o invasores, ja que podrien ser poc representatius dels nivells de diversitat genètica dels lepidosaures en estat salvatge. En els estudis en què s'havia recopilat informació de dues o més espècies, es van anotar les variables de cadascuna d'elles de manera independent. Quan diversos treballs havien analitzat les variables d'esforç i els índexs de diversitat genètica de poblacions de la mateixa espècie de lepidosaure, es van fusionar les dades, sumant el nombre d'individus i de poblacions i fent la mitjana de la resta de variables de diversitat genètica.

### **Estat de conservació**

El grau d'amenaça de cadascuna de les espècies i subespècies analitzades en els treballs, es va determinar segons l'estat indicat a la base de dades de la Llista Vermella de la UICN (<https://www.iucnredlist.org>). Es va compilar informació sobre la taxonomia de les espècies (ordre, subordre i família) per a facilitar la cerca de l'espècie a la base de dades de la UICN. L'estat de conservació és molt variable i es revisa periòdicament i, a causa d'això, la UICN ha canviat la categoria d'algunes de les espècies, podent-se consultar els canvis de categoria que hi ha hagut a cadascuna d'elles al llarg dels anys. En aquest treball es va considerar la categoria de la UICN (LC, NT, VU, EN o CR) en què estava classificada cadascuna de les espècies l'any en què els autors les van analitzar. A partir de l'estat de conservació també es va incloure una variable binària sobre l'estat d'amenaça o risc, considerant-se una espècie no amenaçada quan estava a la categoria de LC o NT i amenaçada quan constava com a VU, EN o CR. Finalment, es va anotar la tendència poblacional, podent ser decreixent, estable, creixent, desconeguda o sense especificar. Alguns dels lepidosaures no sortien a la base de dades de la UICN. En aquests casos, es van buscar al catàleg d'espècies *Catalogue of Life* ([catalogueoflife.org](http://catalogueoflife.org)) possibles sinonímies. Aquest catàleg és un índex global d'espècies i consisteix en una llista única de verificació integrada d'espècies i de jerarquia taxonòmica sobre més d'1,8 milions d'espècies (Roskow et al 2019). Per tant, es va usar per a comprovar si el nom científic de l'espècie en el treball i que no es trobava a la Llista Vermella de la UICN tenia sinònims acceptats per a buscar-los novament a dita llista amb aquest nom alternatiu.

## **Anàlisis estadístics**

Per a comprovar si la distribució de les espècies analitzades genèticament en les 5 categories UICN (LC, NT, VU, EN i CR) era igual en els subordres *Lacertilia* i *Serpentes*, es va aplicar el test de khi-quadrat. Aquest test també es va aplicar per a detectar diferències entre aquest dos subordres en el nombre d'espècies no amenaçades (NT i LC) i en les amenaçades (CR, EN i VU) i en les tendències poblacionals (decreixent, estable, creixent, desconeguda i sense especificar). Per a comparar si l'esforç de treball (nombre d'individus, de poblacions i de loci) i la diversitat genètica (nombre efectiu d'al·lels, nombre d'al·lels, riquesa al·lèlica, heterozigosi observada i esperada) presentaven diferències entre les espècies de les 5 categories UICN, es van proposar ANOVAs unifactorials si aquestes variables complien els supòsits de normalitat de les dades i d'homogeneïtat de les variàncies. Alternativament, es va proposar el test no-paramètric de Kruskal-Wallis en aquelles que no complien el supòsit de normalitat i el test de Welch en aquelles que no complien el supòsit d'homoscedasticitat. També es van utilitzar aquests tests per a veure si hi havia diferències en agrupar les categories de la UICN segons l'estat d'amenaça o risc de les espècies (no amenaçada i amenaçada). Aquestes anàlisis es van aplicar tant en les 96 espècies d'*Squamata* com en els subordres *Lacertilia* i *Serpentes* independentment, excloent les dades del subordre *Sphenodontida* de totes elles perquè només consta d'una espècie. En els casos en què es va determinar que existien diferències significatives, es va fer una prova post-hoc per a identificar quines de les 5 categories de la UICN diferien. Per a les variables analitzades amb ANOVA es va realitzar la prova de Tukey, per a les que s'havien analitzat amb Kruskal-Wallis es va aplicar la prova de Dunn i per les analitzades amb el test de Welch es va fer el test T3 de Dunnett. Totes aquestes anàlisis es van fer amb el paquet estadístic R-Studio (RStudio Team 2018).

## **Reflexió ètica**

Per a dur a terme aquest treball, la metodologia va consistir en l'anàlisi i revisió de la recopilació de totes les dades bibliogràfiques disponibles a la *Web of Science* i, per tant, no es va necessitar manipular ni tractar nous animals per avaluar si la diversitat genètica en espècies de Lepidosaures està relacionada amb el seu grau d'amenaça. Aquests tipus d'estudis, on es revisen totes les dades disponibles en base a treballs previs, estan sovint limitats per l'objectiu singular de cada treball, però permeten fer un meta-anàlisi de les

seves dades per avaluar noves hipòtesis com les plantejades en aquest treball. A més, en certa manera, s'evita el risc de subjectivitat en la selecció d'estudis rellevants que tenen les recessions bibliogràfiques, algunes vegades afectades pels interessos subjectius i idees preconcebudes dels autors. Els criteris de selecció d'articles científics aplicats en aquest treball van ser simplement la seva disponibilitat per ésser consultats des de la UdG, així, no es van incloure o excloure estudis basats en la direcció de manifestar que les espècies amenaçades de Lepidosaures presenten menor diversitat genètica.

## RESULTATS

### Selecció de treballs bibliogràfics

La cerca amb els termes *Lepidosauria*, “*genetic diversity*” i *microsatellites* a la base de dades de la WOS va detectar 134 articles científics, publicats en el període 1998-2018. D'aquests, 29 articles no eren accessibles o no tenien informació sobre dades poblacionals de diversitat genètica de lepidosaures. En els 105 treballs restants, es van trobar dades per 13 espècies en captivitat i 1 invasora, que van ser descartades per prosseguir amb l'anàlisi només de poblacions natives. També es van detectar 22 espècies repetides i es van agrupar les dades sobre les variables numèriques d'esforç i de diversitat genètica. Un cop fet aquest triatge es van obtenir dades sobre 104 espècies però 7 no havien estat avaluades per la UICN. D'aquesta manera, aquest treball es basa en 97 espècies diferents de lepidosaures, 62 de les quals pertanyen al subordre dels *Lacertilia* i 34 al de *Serpentes*. També es van obtenir dades sobre la tuatara, única espècie del subordre *Sphenodontida*, que actualment la UICN considera com una espècie de baix risc (LC) . A partir d'aquest resultat, l'estudi se centrarà en les 96 espècies de *Lacertilia* i *Serpentes* (ordre *Squamata*) perquè no es va detectar cap treball sobre espècies del subordre *Amphisbaenia* i no es va tenir en compte el subordre *Sphenodontida* perquè una sola espècie no permet establir comparacions amb la resta de subordres. De les 96 espècies d'*Squamata*, se'n van identificar 59 en «risc mínim» (LC), 7 «gairebé amenaçades» (NT), 14 «vulnerables» (VU), 9 «en perill» (EN) i 7 en «perill greu» (CR). La majoria estan considerades en «risc mínim» (LC), principalment en el subordre *Serpentes* (Figura 2). En aquest subordre, dels 34 *Serpentes* analitzats no n'hi ha cap que estigui dins de la categoria «perill crític», on sí que es troben 7 espècies de *Lacertilia*. Nogensmenys, el nombre d'espècies analitzades a cadascuna d'aquestes 5 categories de la UICN dels dos subordres no semblen ser estadísticament diferents ( $\chi^2 = 6,2281$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,1827$ ). Quan s'agrupen les categories



en no amenaçades i amenaçades, el 31% de les espècies analitzades estan amenaçades. La proporció augmenta al 39% en les sargantanes i és només d'un 18% a les serps, però aquestes diferències tampoc són significatives ( $\chi^2 = 3,6068$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0575$ ). Segons la informació disponible a la Llista Vermella d'Espècies Amenaçades de la UICN, el 60% de les espècies que s'han analitzat dins les categories no amenaçades presenten poblacions estables (Figura 3). Un percentatge semblant de les que s'inclouen a una categoria d'amenaçada estan experimentant un decreixement en les mides poblacionals. En conjunt, s'observen diferències significatives entre la tendència poblacional i el risc d'amenaça ( $\chi^2 = 22,537$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0002$ ).

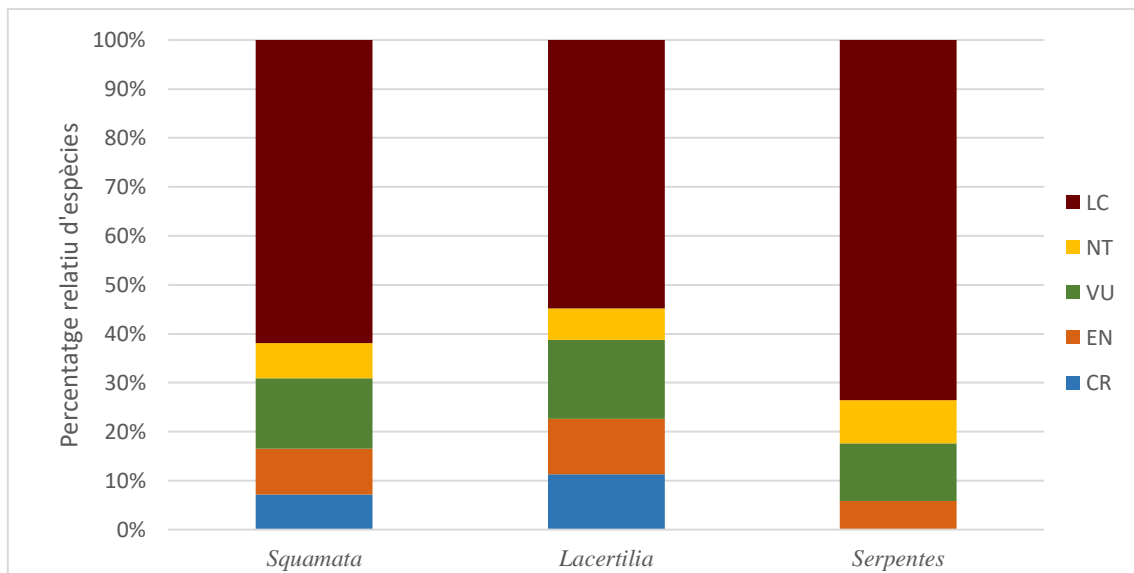


Figura 2. Estat de conservació de les 96 espècies de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes segons el percentatge relatiu d'espècies que pertanyen a cadascuna de les categories de la UICN: «risc mínim» (LC), «gairebé amenaçada» (NT), «vulnerables» (VU), «en perill» (EN) i «en perill greu» (CR)

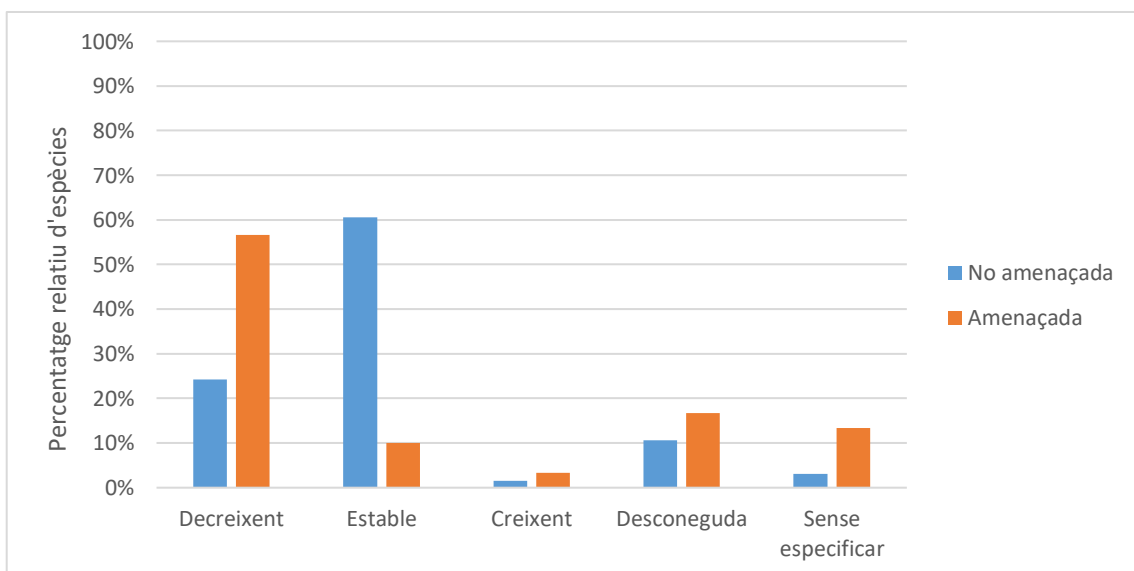


Figura 3. Tendència poblacional (decreixent, creixent, estable, desconeguda i sense especificar) de les 96 espècies d'Squamata segons el percentatge relatiu d'espècies que pertanyen a cadascun dels 2 estats d'amenaça: no amenaçada i amenaçada.

## Esforç realitzat en els treballs segons l'estat de conservació de les espècies

### Nombre de poblacions

Tots els treballs indicaven el nombre de poblacions analitzats per les 96 espècies de l'ordre *Squamata*. Aquesta variable no va seguir una distribució normal a cap de les 5 categories de la UICN, essent el test de Shapiro-Wilks significatiu en CR ( $W = 0,58453$ ,  $P = 0,0002$ ), EN ( $W = 0,71622$ ,  $P = 0,0022$ ), VU ( $W = 0,79$ ,  $P = 0,0038$ ), NT ( $W = 0,62216$ ,  $P = 0,0005$ ) i LC ( $W = 0,62413$ ,  $P \ll 0,0001$ ). Per aquest motiu, es va fer servir el test no-paramètric de Kruskal-Wallis per a comparar aquesta variable d'esforç de treball entre les categories UICN. Tot i tenir un rang més gran en la categoria LC (Figura 4), no es van detectar diferències significatives en el nombre de poblacions analitzades per a les espècies de *Squamata* segons la seva classificació en les categories d'amenaça de la UICN ( $\chi^2 = 3,5618$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,4685$ ). Les 5 categories de la UICN tampoc van presentar diferències significatives en el nombre de poblacions a dins dels subordres *Lacertilia* ( $\chi^2 = 4,9278$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,2948$ ) ni a *Serpentes* ( $\chi^2 = 0,33578$ ,  $df = 3$ ,  $P = 0,9532$ ).

Quan es van agrupar les categories de la UICN segons l'estat d'amenaça, essent no amenaçada o amenaçada (Figura 5), tampoc es van detectar diferències en el nombre de poblacions analitzades en els estudis d'espècies dins d'aquestes dues categories en els *Squamata* en general ( $\chi^2 = 2,5066$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,1134$ ) ni en els *Serpentes* ( $\chi^2 = 0,1027$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,7486$ ). Però dins del subordre *Lacertilia* es va veure que les poblacions analitzades en espècies a dins de la categoria de no amenaçada era superior ( $\chi^2 = 3,9367$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0472$ ).

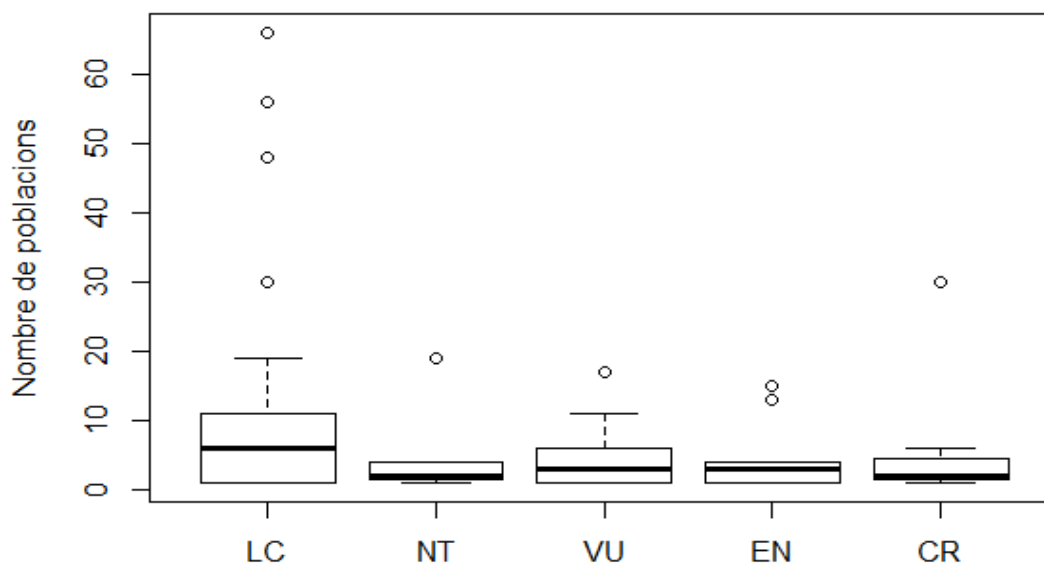


Figura 4. Nombre de poblacions analitzades dins de les 96 espècies de *Squamata* distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

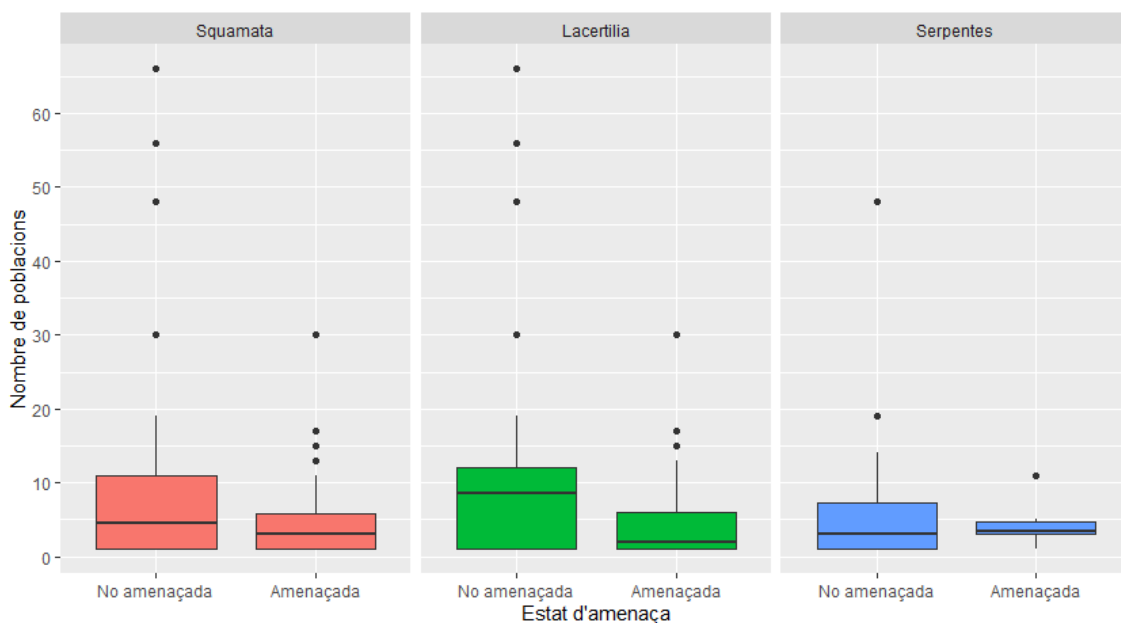


Figura 5. Nombre de poblacions analitzades dins de les 96 espècies de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons el seu estat d'amenaça

### Nombre de loci

També tots els treballs indicaven el nombre de loci utilitzats. Aquesta variable no va seguir una distribució normal en 2 de les 5 categories de la UICN, havent-hi diferències significatives en NT ( $W = 0,57162$ ,  $P = 0,0001$ ) i LC ( $W = 0,94024$ ,  $P = 0,0061$ ). Novament es va decidir fer l'anàlisi de la variable amb el test no-paramètric de Kruskal-Wallis. Segons aquest test, el nombre de loci analitzats per espècie de *Squamata* estaria relacionat amb la categoria UICN ( $\chi^2 = 12,21$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0159$ ). El test post-hoc de Dunn va detectar que les diferències principals en el nombre de loci es trobaven entre les categories CR i NT ( $Z = 3,12089$ ,  $P\text{-adjusted} = 0,0180$ ). Semblaria que els treballs que estudien espècies dins la categoria CR treballen en un major nombre de loci (Figura 6). No es van trobar diferències significatives en el nombre de loci en el subordre *Lacertilia* ( $\chi^2 = 7,9571$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0932$ ) ni en el de *Serpentes* ( $\chi^2 = 6,0153$ ,  $df = 3$ ,  $P = 0,1109$ ). Quan les espècies de *Squamata* s'agrupen en només 2 nivells segons l'estat d'amenaça, (no amenaçada i amenaçada, Figura 7), també el nombre de loci analitzats en les espècies amenaçades resulta ser superior ( $\chi^2 = 6,5097$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0107$ ) en aquesta variable, bàsicament pels resultats obtinguts en els *Lacertilia* ( $\chi^2 = 6,4274$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0112$ ), ja que no hi havia diferències en el de *Serpentes* ( $\chi^2 = 0,1019$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,7496$ ).

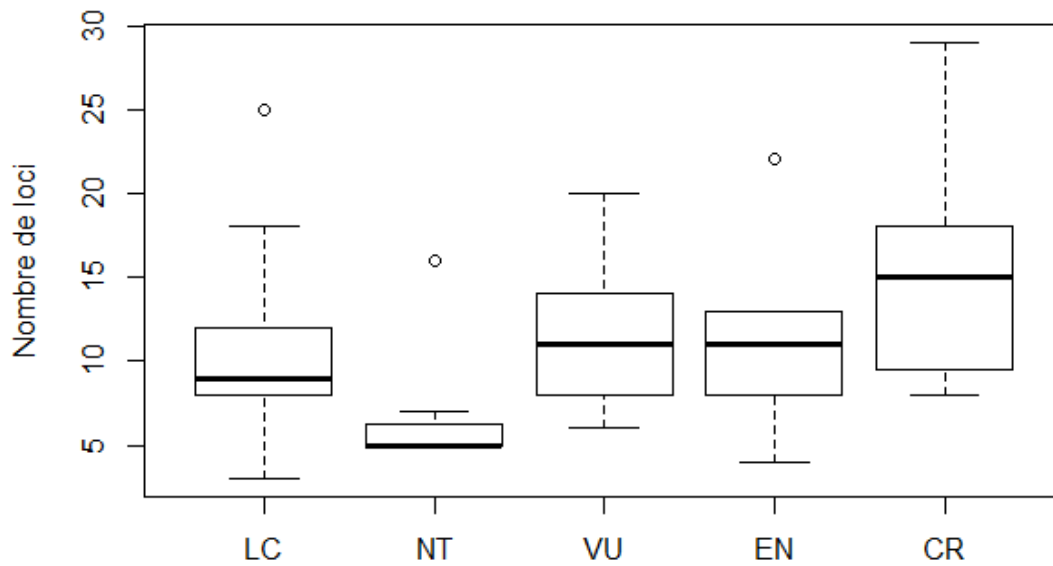


Figura 6. Nombre de loci analitzats dins del les 96 espècies de Squamata distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

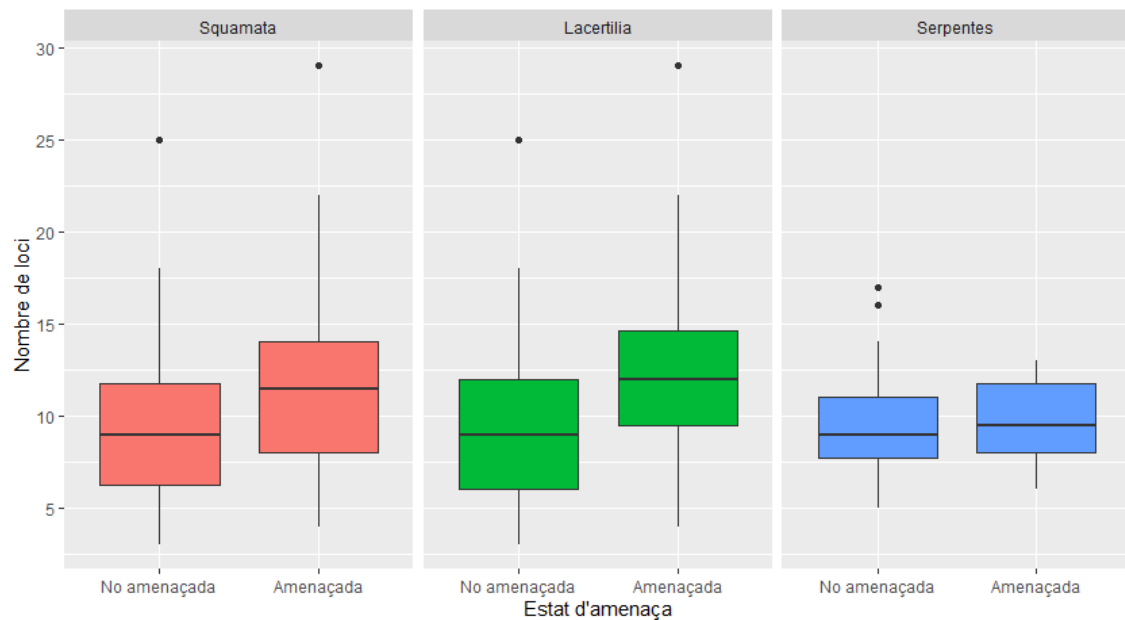


Figura 7. Nombre de loci analitzats dins de les 96 espècies de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons el seu estat d'amenaça

### Nombre d'individus

En aquest cas, només 93 de les 96 espècies tenien indicat el total d'individus analitzats. Aquesta variable no va mostrar distribució normal en 4 de les 5 de les categories de la UICN, essent el test de Shapiro-Wilks significatiu en EN ( $W = 0,81708$ ,  $P = 0,0319$ ), VU ( $W = 0,71347$ ,  $P = 0,0005$ ), NT ( $W = 0,75871$ ,  $P = 0,0156$ ) i LC ( $W = 0,7312$ ,  $P \ll 0,0001$ ). Novament es va fer servir el test no-paramètric de Kruskal-Wallis per a

comparar aquesta variable d'esforç entre les categories UICN i els subordres de *Lacertilia* i *Serpentes*. El nombre d'individus analitzats per espècie dels *Squamata* revisats no va presentar diferències significatives segons la categoria de la UICN ( $\chi^2 = 1,9516$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,7447$ ). Tampoc es van detectar diferències significatives en el nombre d'individus analitzats en el subordre *Lacertilia* ( $\chi^2 = 1,6307$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,8033$ ) ni en el de *Serpentes* ( $\chi^2 = 1,6795$ ,  $df = 3$ ,  $P = 0,6415$ ). En aquest cas, les agrupacions segons els 2 nivells d'amenaça tampoc van indicar diferències significatives en global d'*Squamata* ( $\chi^2 = 0,16889$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,6811$ ), tot i que alguns estudis amb espècies no amenaçades arriben a nombres molt alts (Figura 8). Tampoc es van detectar diferències significatives ni en el subordre *Lacertilia* ( $\chi^2 = 0,7873$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,3749$ ) ni en el *Serpentes* ( $\chi^2 = 0,1654$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,6842$ ).

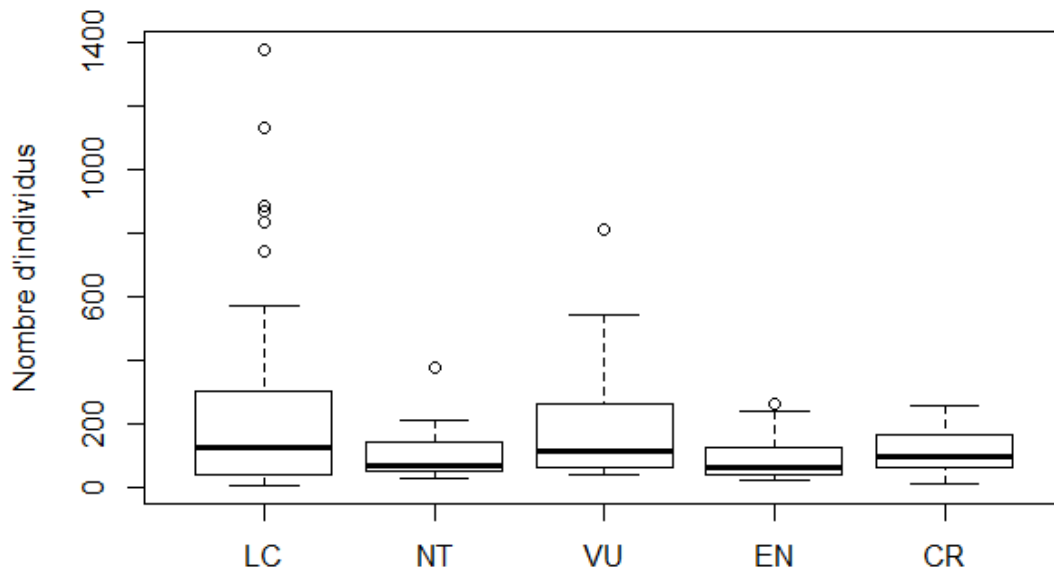


Figura 8. Nombre d'individus analitzats dins de les 93 espècies de *Squamata* estudiades per aquesta variable distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

## Nivells de diversitat genètica

### *Diversitat al·lèlica*

En els treballs analitzats, es van detectar 3 variables per a indicar la diversitat en el nombre d'al·lèls de les espècies estudiades: el nombre d'al·lèls, la riquesa al·lèlica i el nombre efectiu d'al·lèls. Només en 14 espècies de les 96 es van obtenir dades del nombre efectiu d'al·lèls, una d'elles categoritzada com a CR, una altra com a VU, una més a NT i la resta com a LC. L'aplicació d'un test de Kruskal-Wallis per a comparar les 2 espècies categoritzades com a amenaçades respecte les 12 no amenaçades no va detectar diferències significatives ( $\chi^2 = 0,5333$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,4652$ ). Del total d'espècies

analitzades en els treballs, n'hi havia 72 que tenien informació sobre el nombre d'al·lells. Aquesta variable va seguir una distribució normal en 3 categories de la UICN, essent significativament diferent en CR ( $W = 0,77076$ ,  $P = 0,0316$ ) i en LC ( $W = 0,93123$ ,  $P = 0,0143$ ). Per això les comparacions es van fer amb un test de Kruskal-Wallis. Aquest test va indicar que en l'ordre *Squamata* les espècies en les diverses categories de la UICN no presenten el mateix nombre d'al·lells ( $\chi^2 = 11,447$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0220$ ) (Figura 9). El test de Dunn va mostrar les diferències principals entre els grups d'espècies de les categories LC i CR, on les incloses en la categoria CR presentaven menor diversitat que les incloses en LC ( $Z = -3,0123$ ,  $P\text{-adjusted} = 0,0259$ ). Sorprenentment, aquests resultats no es van detectar ni entre les espècies del subordre *Lacertilia* ( $\chi^2 = 8,3478$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0796$ ) ni entre les del *Serpentes* ( $\chi^2 = 2,8912$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0891$ ).

L'agrupació de les categories UICN segons els dos estats d'amenaça no va presentar diferències significatives el seu nombre d'al·lells a l'ordre *Squamata* ( $\chi^2 = 1,6188$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,2033$ ) ni en el subordre *Serpentes* ( $\chi^2 = 2,8912$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0891$ ) però sí en el subordre *Lacertilia*, on les amenaçades presenten menor diversitat ( $\chi^2 = 4,4172$ ,  $df = 1$ ,  $P = 0,0356$ ) (Figura 10).

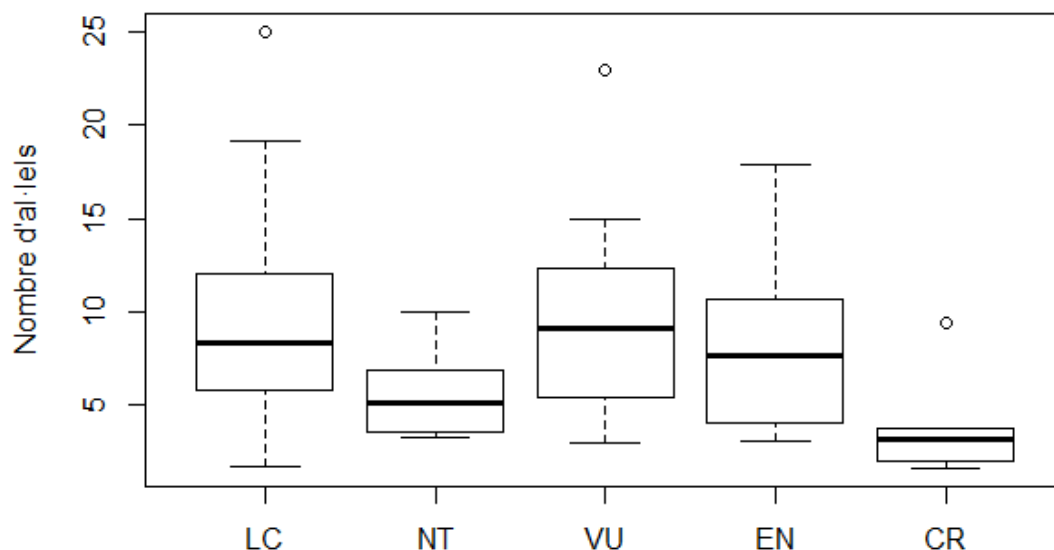


Figura 9. Nombre d'al·lells dins de les 72 espècies d'Squamata estudiades per aquesta variable distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

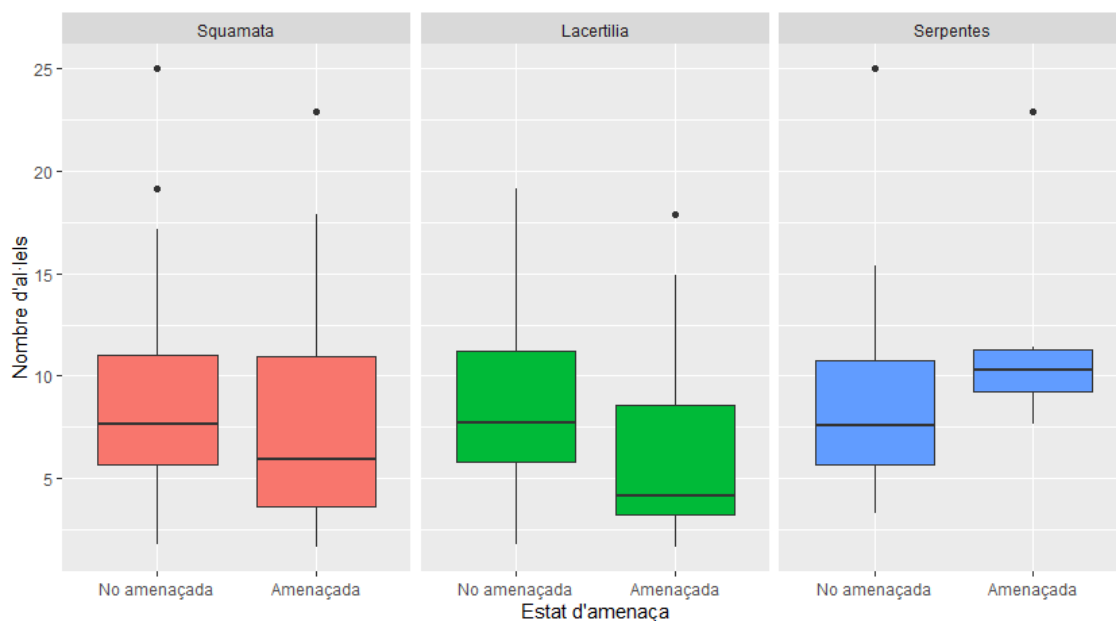


Figura 10. Nombre d'alels dins de de les 72 espècies de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes estudiades per aquesta variable distribuïdes segons el seu estat d'amenaça

Del total d'espècies d'*Squamata* revisats, només s'havia estudiat la riquesa al·lèlica en 45. Aquesta variable va seguir una distribució normal en les categories de la UICN de CR, EN, VU i LC, però no es va poder comprovar aquest supòsit a la categoria NT perquè el test de Shapiro-Wilks requereix un mínim de 3 dades per a poder-se dur a terme i només hi havia 2 espècies incloses a aquesta categoria amb dades de la riquesa al·lèlica (Figura 11). Tot i això, es va assumir que es complia la normalitat a les 5 categories. Com que el test de Levene suggeria que la riquesa al·lèlica no presentava diferències significatives en l'homogeneïtat de variàncies entre les categories UICN, es va decidir fer un ANOVA unifactorial. Aquest va indicar que en l'ordre *Squamata* les 5 categories de la UICN no presentaven diferències significatives en la seva riquesa al·lèlica ( $F = 0,818$ ,  $df = 4$ ; 40,  $P = 0,521$ ) ni tampoc en els subordres *Lacertilia* ( $F = 0,613$ ,  $df = 4$ ; 20,  $P = 0,658$ ) i *Serpentes* ( $F = 0,671$ ,  $df = 3$ ; 16,  $P = 0,582$ ).

Les anàlisis agrupant les categories UICN en no amenaçades i amenaçades, novament tampoc van presentar diferències significatives en el valor de riquesa al·lèlica de les espècies analitzades pertanyents a l'ordre *Squamata* ( $F = 0,353$ ,  $df = 1$ ; 43,  $P = 0,556$ ) ni als 2 subordres (*Lacertilia*  $F = 0,098$ ,  $df = 1$ ; 23,  $P = 0,756$ ; *Serpentes*  $F = 1,43$ ,  $df = 1$ ; 18  $P = 0,247$ ).

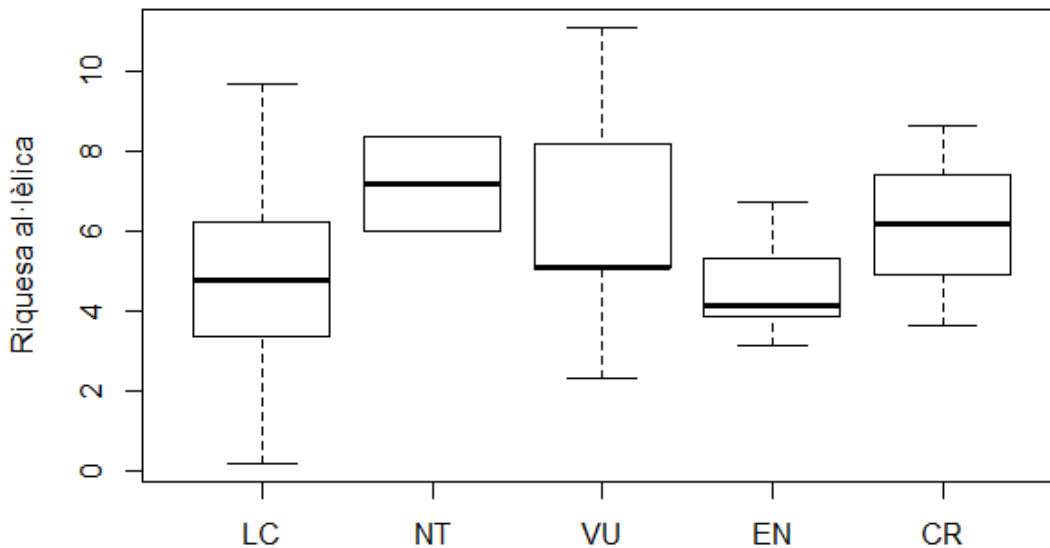


Figura 11. Riquesa al·lèlica dins de les 45 espècies d'Squamata estudiades per aquesta variable distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

### Heterozigosi

L'heterozigosi observada ( $H_0$ ) es va estudiar en 82 de les 96 espècies revisades d'Squamata, mentre que l'heterozigosi esperada ( $H_E$ ) en pràcticament totes, en 94 de les 96 espècies. L'heterozigosi observada ( $H_0$ ) va seguir una distribució normal a totes les categories de la UICN però no va complir amb l'homogeneïtat de variàncies, essent el test de Levene significatiu ( $F = 3,7329$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,0080$ ). Per aquest motiu, es va decidir aplicar el test de Welch. Tot i que la categoria d'espècies CR té una mitjana inferior a la resta (Figura 12), les 5 categories de la UICN no van presentar diferències significatives en l' $H_0$  mitjana per espècie dins de l'ordre Squamata ( $F = 1,9843$ ,  $df = 4$ ;  $15,984$ ,  $P = 0,1456$ ). En canvi, sí que es van detectar en les espècies del subordre Lacertilia ( $F = 5,1531$ ,  $df = 4$ ;  $12,601$ ,  $P = 0,0109$ ). Es va decidir aplicar el test post-hoc T3 de Dunnett, que va suggerir una certa diferenciació entre les categories NT i CR ( $t\text{-value} = 3,713$ ,  $P = 0,0560$ ) on les espècies en la categoria CR tindrien menor  $H_0$  que les llistades com NT. En el subordre Serpentes no es van detectar diferències d' $H_0$  entre les categories UICN ( $F = 1,7669$ ,  $df = 3$ ;  $5,3711$ ,  $P = 0,2628$ ).

El test de Welch va indicar una  $H_0$  menor en les espècies d'Squamata amenaçades que en les no amenaçades ( $F = 5,204$ ,  $df = 1$ ;  $37,549$ ,  $P = 0,0283$ ), segurament degut a la diferència observada en el subordre Lacertilia ( $F = 8,513$ ,  $df = 1$ ;  $30,562$ ,  $P = 0,0066$ ), ja que no se'n van detectar en el de Serpentes ( $F = 0,447$ ,  $df = 1$ ;  $8,1369$ ,  $P = 0,5222$ ). (Figura 13).



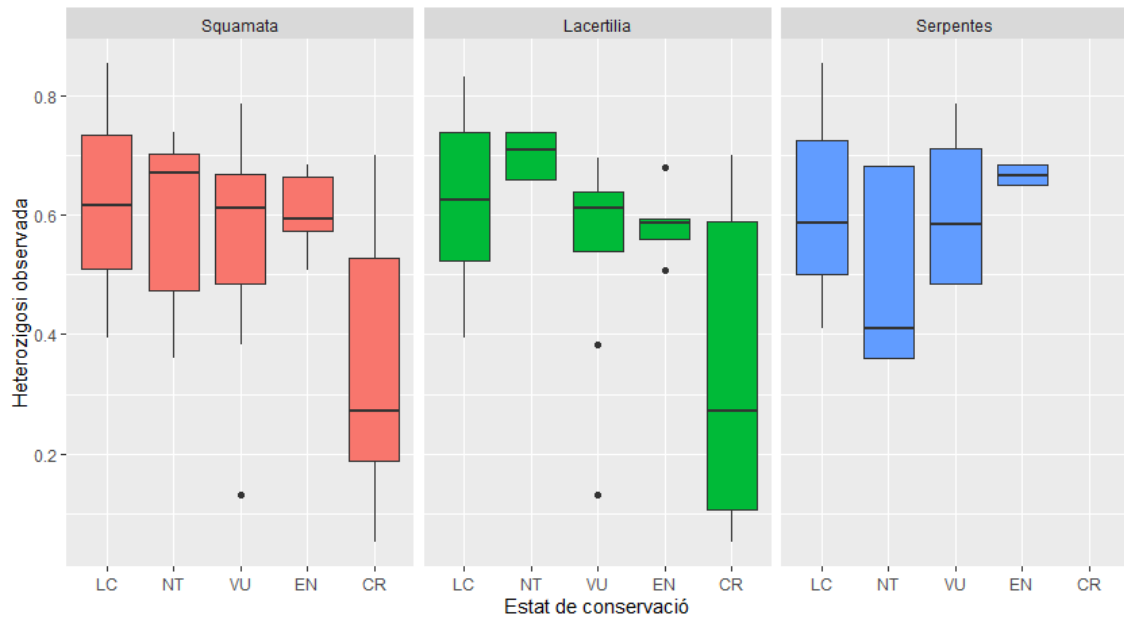


Figura 12. Heterozigosi observada dins de les 82 espècies estudiades per aquesta variable de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

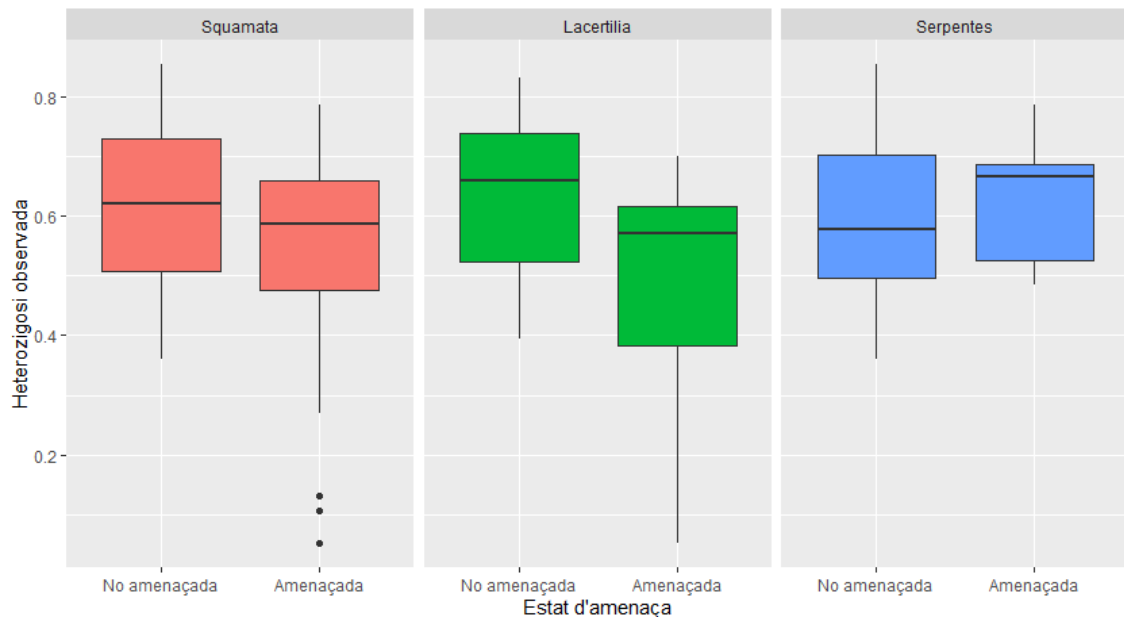


Figura 13. Heterozigosi observada dins de les 82 espècies estudiades per aquesta variable de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons el seu estat d'amenaça

L'heterozigosi esperada en condicions d'equilibri de Hardy-Weinberg va seguir la distribució normal en totes les categories de la UICN però el test de Levene també va mostrar diferències significatives en l'homogeneïtat de variàncies ( $F = 3,0804$ ,  $df = 4$ ,  $P = 0,020$ ), motiu pel qual també es va aplicar el test Welch (Figura 14). En les espècies d'*Squamata*, les diverses categories de la UICN no van presentar la mateixa  $H_E$  ( $F = 3,0192$ ,  $df = 4$ ;  $16,871$ ,  $P = 0,0476$ ). El test T3 de Dunnett va suggerir que les espècies d'*Squamata* de la categoria CR tenen una  $H_E$  menor que aquelles en la categoria LC ( $t\text{-value} = 3,462$ ,  $P = 0,0915$ ). El mateix resultat es va suggerir en el subordre *Lacertilia* ( $F = 2,7941$ ,  $df = 4$ ;  $11,77$ ,  $P = 0,076$ ), on les diferències més accentuades eren entre les

espècies de les categories LC i CR ( $t = 3,458$ ,  $P = 0,0771$ ), però no a *Serpentes* ( $F = 0,81379$ ,  $df = 3$ ;  $5,3325$ ,  $P = 0,536$ ).

Aquesta variable va mostrar valors inferiors en les espècies amenaçades tant a dins de l'ordre *Squamata* ( $F = 4,7202$ ,  $df = 1$ ;  $37,089$ ,  $P = 0,0363$ ) com en el subordre *Lacertilia* ( $F = 6,9663$ ,  $df = 1$ ;  $31,305$ ,  $P = 0,0128$ ) però no en *Serpentes* ( $F = 0,9884$ ,  $df = 1$ ;  $8,3067$ ,  $P = 0,3482$ ) (Figura 15).

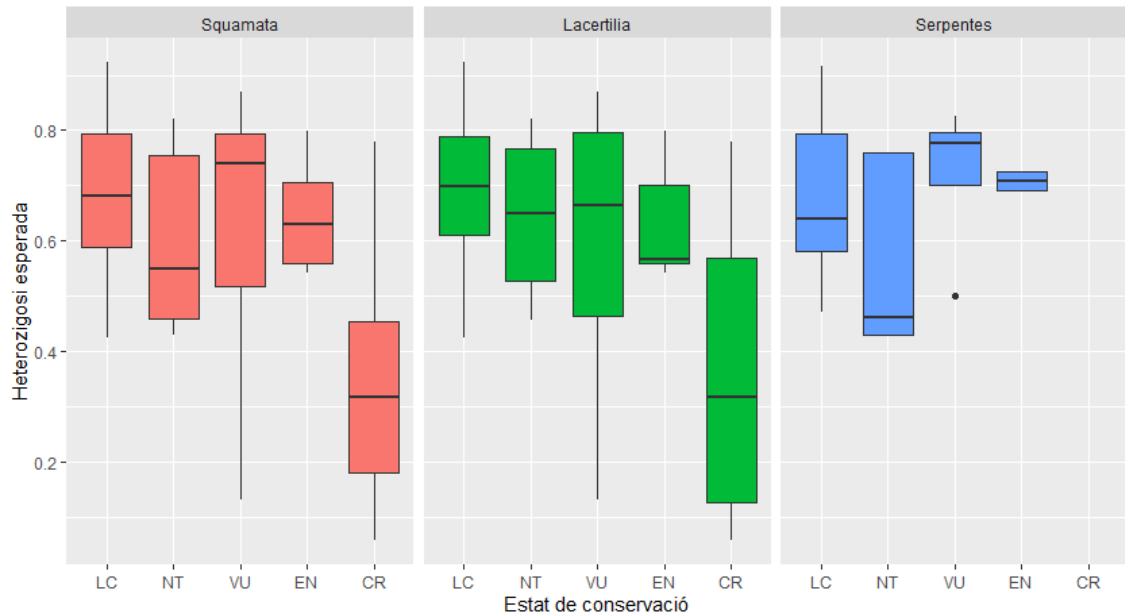


Figura 14. Heterozigosi esperada dins de les 95 espècies estudiades per aquesta variable de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons la seva categoria de la UICN

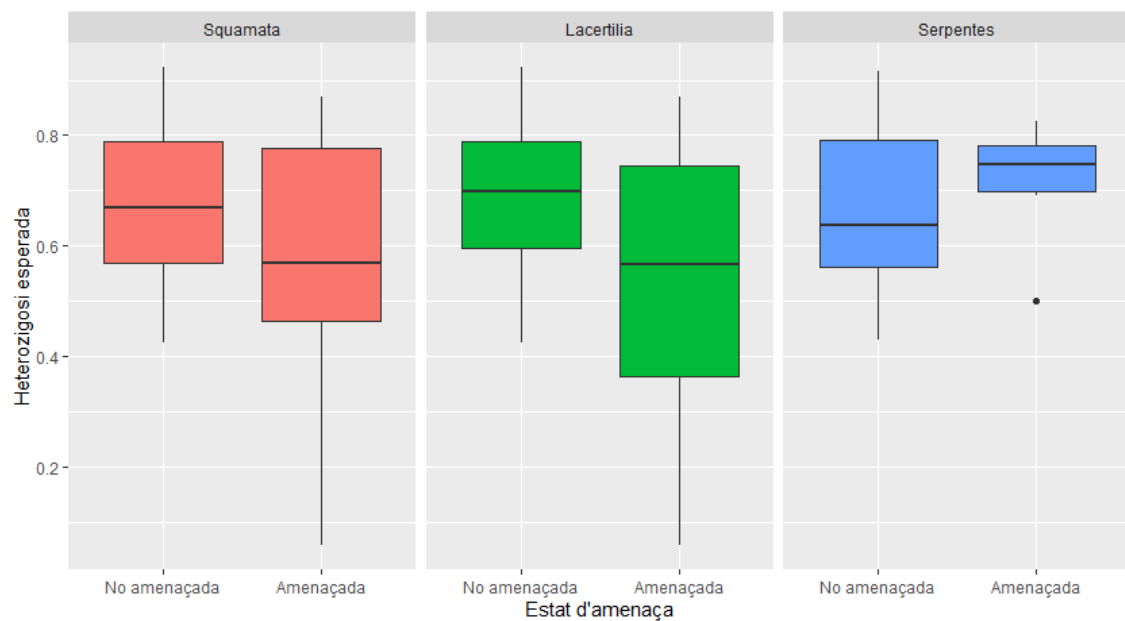


Figura 15. Heterozigosi esperada dins de les 95 espècies estudiades per aquesta variable de l'ordre Squamata i dels subordres Lacertilia i Serpentes distribuïdes segons el seu estat d'amenaça

## DISCUSSION

La revisió a la base de dades de la *Web of Science* només ha permès recopilar informació sobre diversitat genètica en base a loci microsatel·lits per 97 espècies de lepidosaures en el període 1998-2018. Això representa només l'1,07% de les 9065 espècies descrites d'aquest grup segons la UICN (veure Taula 2). S'han trobat dades per l'únic representant de l'ordre *Rhynchocephalia*, *Sphenodon punctatus*, però per a cap de les 181 espècies pertanyent al subordre dels amfíbids (*Amphisbaenia*) en l'ordre *Squamata*. El major nombre d'espècies trobades eren dels subordres *Lacertilia* (62 espècies) i *Serpentes* (34 espècies). En ambdós subordres, el percentatge d'espècies revisades respecte de les descrites segons la Taula 2, era semblant entre ells, essent l'1,12% de les espècies de *Lacertilia* i l'1,02% de les de *Serpentes*. Per tant, no sembla que cap dels dos subordres presenti un interès d'estudi per a la seva conservació major que l'altre segons els treballs revisats. Tot i això, a la categoria de la UICN de menor risc, LC, s'ha trobat una proporció menor d'espècies de *Lacertilia* (54,84%) que les de *Serpentes* (73,53%), mentre que a la categoria de major risc CR és a la inversa (11,29% i 0% respectivament). Per tant, els estudis en *Serpentes* s'han fet principalment en espècies en la categoria LC, mentre que en *Lacertilia* en menor magnitud, però en ambdós subordres el percentatge d'espècies amenaçades estudiades (39% a *Lacertilia*, 18% a *Serpentes*, Figura 2) supera a la proporció d'espècies amenaçades segons les dades de la UICN de la Taula 2: 21,2% per *Lacertilia* i 11,7% per *Serpentes*. Cal indicar que el baix percentatge d'espècies estudiades pot haver afectat a les anàlisis de comparació entre les 5 categories UICN en el subordre *Serpentes*, on es van obtenir pocs resultats estadísticament significatius. La potència dels tests va augmentar quan les 5 categories UICN (LC, NT, VU, EN, CR) es van agrupar en només dos nivells segons l'estat d'amenaça (no amenaçades i amenaçades); en aquestes anàlisis amb només 2 nivells s'han trobat més resultats estadísticament significatius.

La informació recopilada sobre la tendència poblacional de les espècies mostra que el 61% dels *Squamata* no amenaçats estudiats genèticament tenen poblacions que tendeixen a romandre estables, mentre que només el 10% dels amenaçats segueixen aquesta tendència poblacional. De la mateixa manera, només el 24% de les no amenaçades està experimentant reduccions de les seves mides poblacionals, però el percentatge augmenta fins al 57% entre les espècies amenaçades revisades en aquest treball. Per tant, sembla que en ambdós subordres hi ha tendència a l'estudi genètic d'espècies llistades per la

UICN en alguna categoria d'amenaça i que tenen poblacions on continuen disminuint els seus efectius, fet que podria augmentar a curt o mig termini el seu risc d'extinció.

Segons la nostra revisió (Figura 5), sembla que en el treball de camp la variable «nombre de poblacions» és més gran en les espècies no amenaçades, principalment en els *Lacertilia*, on les diferències van ser significatives. Tanmateix, el nombre d'exemplars analitzats no està relacionat amb la categoria d'amenaça on es troba l'espècie estudiada. En canvi, sí que hi ha un esforç de laboratori (nombre de loci) major en els estudis en les espècies amenaçades del conjunt d'*Squamata* (Figura 7). Semblaria que una major dificultat per a obtenir exemplars de les espècies amenaçades, es compensa mitjançant un estudi més exhaustiu en el laboratori, on s'utilitzen més microsatèl·lits per a estimar la diversitat genètica de les espècies. De fet, tradicionalment es considera que la potència de les anàlisis genètiques es pot augmentar en molts casos, o bé afegint individus a la mostra, o afegint loci o seleccionant loci microsatèl·lits amb més al·lels (Selkoe & Toonen 2006).

Hi ha diversos estudis que suggereixen que les espècies amenaçades presenten nivells de diversitat genètica inferiors a les no amenaçades (Spielman et al. 2004; Vandewoestijne et al. 2008; Böhm et al. 2013; Willoughby et al. 2015), ja que el fet de tenir censos poblacionals menors comporta problemes de deriva i consanguinitat, que condueixen a l'expressió d'al·lels deleteris i, en conseqüència, a una disminució de l'eficiència biològica (*fitness*) i a un augment del risc d'extinció (Vandewoestijne et al. 2008). En aquesta revisió s'ha detectat que, per algunes de les variables estudiades de diversitat genètica, les poblacions d'espècies d'*Squamata* incloses en alguna categoria UICN d'amenaça (CR, EN, VU) tenen nivells de diversitat genètica inferiors en comparació a aquelles poblacions d'espècies llistades en categories no amenaçades. En aquest sentit, les espècies d'*Squamata* llistades en categoria de major amenaça de la UICN tenen menys nombre d'al·lels que aquelles incloses a la categoria de menys risc (Figura 9), essent la mitjana de  $3,857 \pm 2,584$  al·lels a la categoria CR i de  $9,229 \pm 4,706$  a la LC. S'ha observat que les espècies de *Lacertilia* de la categoria CR també tenen una mitjana de nombre d'al·lels de  $3,857 \pm 2,584$  (a aquesta categoria no hi ha cap espècie estudiada de *Serpentes*), que és significativament menor al nombre d'al·lels dels *Lacertilia* en la categoria LC ( $9,201 \pm 4,598$ ). La mitjana del nombre d'al·lels en els *Lacertilia* en les espècies no amenaçades és de  $8,879 \pm 4,454$  i és de  $6,44 \pm 4,725$  en les no amenaçades. Tanmateix, les espècies amenaçades d'*Squamata* i de *Lacertilia* solen presentar valors d'heterozigosi menors que no pas les no amenaçades (Figura 13, Figura 15). Concretament, les espècies

del conjunt d'*Squamata* presenten una mitjana de la variable  $H_O$  de  $0,614 \pm 0,128$  en les no amenaçades, de  $0,519 \pm 0,192$  en les amenaçades, i una mitjana d' $H_E$  de  $0,672 \pm 0,137$  en les no amenaçades, essent també superiors als de les amenaçades ( $0,572 \pm 0,229$ ). Aquestes diferències s'accentuen entre les categories de major risc (CR) i menor (LC) (Figura 12, Figura 14). Aquests resultats coincideixen amb els d'altres autors on es veu una correlació positiva entre l'heterozigosi i l'eficiència biològica o *fitness* i on s'associen valors baixos d'heterozigosi amb poc potencial evolutiu i major risc d'extinció en estat salvatge, sobretot envers els canvis ambientals (Spielman et al., 2004; Evans & Sheldon, 2008). Cal remarcar que els lepidosaures són especialment vulnerables a l'acció antròpica, com la destrucció de l'hàbitat, l'explotació o la contaminació, fet que augmenta encara més la preocupació pel seu estat de conservació degut a la probabilitat que els al·lels es perdin a causa de la deriva genètica i l'heterozigosi es redueixi a través de l'endogàmia (Vandewoestijne et al 2008).

Alguns autors han proposat que la UICN hauria d'incorporar criteris addicionals referents a la mida efectiva poblacional i a la diversitat genètica per a usar-les en el rànquing de prioritats de conservació (Willoughby et al., 2015). Aquests criteris podrien ser útil per a re-categoritzar alguna de les espècies, tot i que els valors observats caldria contextualitzar-los amb valors de referència del grup al que pertany l'espècie d'interès. Per exemple la UICN actualment considera l'única espècie de l'ordre *Rynchocephalia*, *Sphenodon punctatus*, dins la categoria de risc mínim (LC). Aquesta espècie presenta un total de 14,00 al·lels (Annex 1), que encaixa plenament amb valors alts observats per espècies llistades com a LC en els *Squamata*, tant si són *Lacertilia* com *Serpentes* (Figura 10). Però a partir dels nivells d'heterozigosi esperada (0,552, Annex) la tuatara segurament seria una espècie amenaçada (Figura 14), aproximant-se força a la categoria CR si l'espècie fos del subordre *Lacertilia*.

## CONCLUSIONS

1. The search on the reported *Web of Science*, 105 papers were published during the period of 1998-2018 about genetic diversity based on microsatellite loci in species of lepidosaurs.
2. After filtering for native populations, information of effort and genetic diversity was compiled for 97 species of lepidosaurs: 1 belonged to the suborder of *Sphenodontida*, 62 to the suborder of *Lacertilia* and 34 to the suborder of *Serpentes*. Nonetheless, none of

the 181 species of *Amphisbaenia* were found. All these data only represent 1.07% of the lepidosaurs species described by IUCN.

3. In both *Lacertilia* and *Serpentes*, the percentage of genetically studied threatened species (38.71% and 17.61% respectively) exceeds the proportion of threatened species according to the most recent IUCN data (21,2% and 11,7% respectively). Furthermore, they are species that still have decreasing population sizes.

4. The species of *Squamata* listed in the highest threat categories of IUCN (CR, EN and VU) have fewer number of alleles and heterozygosity than those listed in the lower risk categories (NT and LC).

**BIBLIOGRAFIA**

- Apesteuguía, S. 2007. La evolución de los lepidosaurios. *Investigación y ciencia*, (367), 54–63.
- Böhm, M., Collen, B., Baillie, J.E.M., Bowles, P., Chanson, J., et al. 2013. The conservation status of the world's reptiles. *Biological Conservation*, (157), 372–85.
- Cañón, J., García, D., García-Atance, M. A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J. A., Ajmone-Marsan, P., & Dunner, S. (2006). Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics*, 37(4), 327–334.
- Diele-Viegas, L.M & Duarte Rocha, F.D. 2018. Unraveling the influences of climate change in lepidosauria (Reptilia). *Journal of Thermal Biology*, (78), 401–14.
- Evans, S. R., & Sheldon, B. C. (2008). Interspecific patterns of genetic diversity in birds: Correlations with extinction risk. *Conservation Biology*, 22(4), 1016–1025.
- Fouller, J.L., Ollivier, L. (2006). Estimating allelic richness and its diversity. *Livestock Science* (101, 150-158).
- Frankham, R. (1996). Relationship of Genetic Variation to Population Size in Wildlife. *Conservation Biology*, 10(6), 1500–1508.
- Götz, F. & Von der Heyden, S. (2014). A review of molecular approaches for investigating patterns of coevolution in marine host–parasite relationships. In *Advances in Parasitology* (84, 209–252).
- Griffiths, A.J.F, Miller, J., Suzuki, D., Lewontin, R.C., Gelbart, W.M. 2000. *An introduction to genetic analysis* (7th edition). New York, N.H Freeman.
- Hay, J. M., & Lambert, D. M. (2008). Microsatellite DNA loci identify individuals and provide no evidence for multiple paternity in wild tuatara (*Sphenodon*: Reptilia). *Conservation Genetics*, 9(4), 1039–1043.
- Hitchmough, R. 2019. *Sphenodon punctatus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2019: e.T131735762A120191347. Consultat el 15 de desembre de 2019.
- Hoy, M.A. 2013. *Insect molecular genetics. An Introduction to principles and applications* (3rd edition). London, Academic Press.
- IUCN. 2019. *Summary statistics. Summary tables. Tables 1 & 2: Threatened species in past and present IUCN Red Lists*. Consultat el 3 de gener de 2020 a <https://www.iucnredlist.org/resources/summary-statistics#Figure 2>
- Jamieson, I.G., Grueber, C.E., Waters, J.M., Glesson, D.M. 2008. Managing genetic diversity in threatened populations: A New Zealand Perspective. *New Zealand Journal of Ecology* 32(1), 130–137.
- Litt, M. & Luty, J.A. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics*, (44), 397–401.
- Markert, J.A., Champlin, D.M., Gutjahr-Gobell, R., Grear, J.S., Kuhn, A., McGreevy, T.J., Roth, A., Bagley, M.J., Nacci, D.E. 2010. Population genetic diversity and fitness in multiple environments. *BMC Evolutionary Biology* 10(1): 5–9.
- McNeely, J. A., Miller, K. R., Reid, W. V., Mittermeier, R. A., Werner, T. B. 1990. *Conserving the world's biological diversity*. IUCN, Hand Switzerland; WRI, CI, WWF-VS and the North Bank, Washington DC. Disponible a <https://portals.iucn.org/library/node/5888>
- Roskov Y., Ower G., Orrell T., Nicolson D., Bailly N., et al. (2019). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 2019. Consultat el 02 de gener de 2020 a [www.catalogueoflife.org](http://www.catalogueoflife.org)
- RStudio Team. (2018). *RStudio: Integrated Development for R*. RStudio, Inc., Boston, MA. Disponible a <http://www.rstudio.com/>

- Schlotterer, C. 2000. Evolutionary Dynamics of Microsatellite DNA. *Chromosoma* 109(6): 365–71.
- Selkoe KA, Toonen RJ. Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*. 2006;9(5):615-29.
- Shackell, G. H., Mathias, H. C., Cave, V. M., & Dodds, K. G. (2005). Evaluation of microsatellites as a potential tool for product tracing of ground beef mixtures. *Meat Science*, 70(2), 337–345.
- Spielman, D., Brook, B. W., & Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(42), 15261–15264.
- Uetz, P. 2019. *The Reptile DataBase: What's new? (December 2019)*. Consultat el 05 de gener 2020 a <http://www.reptile-database.org/db-info/news.html>
- Uetz, P. & Hošek, J. 2019. *The Reptile Database: Higher Taxa*. Consultat el 02 de gener de 2020 a <http://www.reptile-database.org/db-info/taxa.html#Sau>.
- Unruh, T.R & Woolley, J.B. 1999. Handbook of Biological Control. Molecular methods in classical biological control. Bellows, T.S & Fisher T.W, eds. London, Academic Press.
- IUCN. 2017. *Directrices de uso de las Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN. Versión 13. Preparado por el Subcomité de Estándares y Peticiones*. Disponible a <http://www.iucnredlist.org/documents/RedListGuidelines.pdf>.
- Vandewoestijne, S., Schtickzelle, N., & Baguette, M. (2008). Positive correlation between genetic diversity and fitness in a large, well-connected metapopulation. *BMC Biology*, 6, 1–11.
- Vieira, M.L.C., Santini, L., Lima, A.D., de Freitas Munhoz, C.. 2016. Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology* 39(3): 312–28.
- Wang, W., Yitao, Z., Jindong, Z., Meng, Y. 2019. Low genetic diversity in a critically endangered primate: shallow evolutionary history or recent population bottleneck? *BMC Evolutionary Biology* 19(1): 1–13.
- Willoughby, J. R., Sundaram, M., Wijayawardena, B. K., Kimble, S. J. A., Ji, Y., Fernandez, N. B., Antonides, J. D., Lamb, M. C., Marra, N. J., & DeWoody, J. A. (2015). The reduction of genetic diversity in threatened vertebrates and new recommendations regarding IUCN conservation rankings. *Biological Conservation*, 191, 495–503.
- Zhang, Y., Wang, X., Ryder, O., Li, H., Zhang, H. Yong, Y. Wang, P. 2002. Genetic diversity and conservation of endangered animal species. *Pure and Applied Chemistry* 74(4): 575–84.



**ANNEX. Espècies revisades i informació disponible sobre les variables d'aquest estudi.** N. POP - nombre de poblacions; NL - Nombre de loci; NI - nombre d'individus; NEA - nombre efectiu d'al·lels; Na - nombre d'al·lels; RA - riquesa al·lèlica; H<sub>O</sub> - heterozigosi observada; H<sub>E</sub> - heterozigosi observada; UICN - categoria UICN; EA - estat d'amenaça (NA: no amenaçada, A: amenaçada); T POP - tendència poblacional (C: creixent, D: desconeguda, E: estable, M: Decreixent, SE: sense especificar).

Nº	Espècie	Subordre	N POP	NL	NI	NEA	Na	RA	H <sub>O</sub>	H <sub>E</sub>	UICN	EA	T POP	Referència
1	<i>Aipysurus duboisii</i>	Serpentes	4	11	25		7,60	3,80	0,630	0,670	LC	NA	M	(Lukoschek, 2018a)
2	<i>Aipysurus eydouxii</i>	Serpentes	3	11	12		8,50	4,30	0,770	0,810	LC	NA	D	(Lukoschek, 2018a)
3	<i>Aipysurus fuscus</i>	Serpentes	4	11	60		7,65	4,10	0,685	0,725	EN	A	M	(Lukoschek, 2018a; 2018b)
4	<i>Aipysurus laevis</i>	Serpentes	8	11	488		13,40	4,80	0,735	0,785	LC	NA	M	(Lukoschek, 2018b)
5	<i>Anolis bimaculatus</i>	Lacertilia	1	13	32		16,80		0,832	0,870	LC	NA	D	(Johansson et al., 2008)
6	<i>Aspidoscelis sexlineata</i>	Lacertilia	14	6	220			9,12	0,791	0,887	LC	NA	E	(Schrey et al., 2011; Ragsdale et al., 2016)
7	<i>Boa constrictor</i>	Serpentes	1	5	22	2,73	3,60		0,510	0,580	LC	NA	E	(Bushar et al., 2015)
8	<i>Boa constrictor imperator</i>	Serpentes	5	7	149	11,38	25,00		0,592	0,834	LC	NA	E	(Suárez-Atilano et al., 2014)
9	<i>Bradypodion dracomontanum</i>	Lacertilia	1	11	4		3,09		0,719	0,768	LC	NA	E	(Feldheim et al., 2012)
10	<i>Bradypodion melanocephalum</i>	Lacertilia	1	12	50		14,92		0,571	0,845	VU	A	D	(Feldheim et al., 2012)
11	<i>Bradypodion pumilum</i>	Lacertilia	3	10	72		13,33		0,638	0,776	VU	A	M	(Feldheim et al., 2010; 2012)
12	<i>Bradypodion thamnobates</i>	Lacertilia	1	12	38		11,67		0,594	0,798	EN	A	D	(Feldheim et al., 2012)
13	<i>Cerberus rynchops</i>	Serpentes	1	8	150		9,25		0,789	0,753	LC	NA	D	(Lv et al., 2014)
14	<i>Coluber lateralis eurynanthus</i>	Serpentes	12	16	242		8,50	4,88	0,452	0,474	LC	NA	E	(Richmond et al., 2016)
15	<i>Concinnia queenslandiae</i>	Lacertilia	12	9	362				0,674	0,670	LC	NA	E	(Sumner et al., 2004)
16	<i>Conolophus pallidus</i>	Lacertilia	1	20	117		3,60	2,29	0,130	0,130	VU	A	SE	(Tzika et al., 2008)
17	<i>Conolophus subcristatus</i>	Lacertilia	9	15	810		5,76	5,06	0,612	0,614	VU	A	SE	(Tzika et al., 2008; Fabiani et al., 2011)
18	<i>Coronella austriaca</i>	Serpentes	1	8	147			2,56	0,428	0,532	LC	NA	M	(Pernetta et al., 2011)
19	<i>Crotalus horridus</i>	Serpentes	19	9	504			4,94	0,562	0,587	LC	NA	M	(Clark et al., 2010)
20	<i>Crotalus oreganus concolor</i>	Serpentes	11	9	229		4,17	3,59	0,495	0,535	LC	NA	E	(Oyler-McCance & Parker, 2010)
21	<i>Crotalus triseriatus</i>	Serpentes	4	8	73	3,12	5,65	0,17	0,658	0,628	LC	NA	E	(Sunny et al., 2015; 2018)
22	<i>Crotaphytus collaris</i>	Lacertilia	56	11	741	2,62	12,27	3,37	0,395	0,424	LC	NA	E	(Hutchison et al., 2004; Blevins et al., 2011)
23	<i>Ctenosaura melanosterna</i>	Lacertilia	1	22	22		3,68		0,507	0,541	EN	A	M	(Stewart et al., 2012)
24	<i>Ctenotus fallens</i>	Lacertilia	6	9	169			4,50	0,472	0,485	LC	NA	E	(Krawiec et al., 2015)
25	<i>Ctenotus inornatus</i>	Lacertilia	48	18	869	7,05	17,15		0,453	0,761	LC	NA	E	(Harradine et al., 2015a; 2015b)
26	<i>Ctenotus taeniolatus</i>	Lacertilia	1	8	27		9,13		0,759	0,846	LC	NA	E	(Smith & Stow, 2008)
27	<i>Cyclura carinata</i>	Lacertilia	30	29	227			6,17	0,467	0,338	CR	A	M	(Welch et al., 2017)
28	<i>Cyclura cornuta stejnegeri</i>	Lacertilia	2	11	41		4,50		0,560	0,570	EN	A	M	(Rosas et al., 2008)
29	<i>Cyclura cyclura cyclura</i>	Lacertilia	1	8	40		5,13		0,540	0,566	VU	A	M	(Malone et al., 2003)
30	<i>Cyclura cyclura inornata</i>	Lacertilia	1	8	12		1,63		0,270	0,234	CR	A	D	(Malone et al., 2003)
31	<i>Cyclura cyclura figginsi</i>	Lacertilia	6	8	86		2,75		0,272	0,316	CR	A	M	(Malone et al., 2003)
32	<i>Cyclura pinguis</i>	Lacertilia	1	20	33		3,80		0,590	0,570	CR	A	SE	(Mitchell et al., 2011)

Nº	Espècie	Subordre	N POP	NL	NI	NEA	NA	RA	H <sub>O</sub>	H <sub>E</sub>	UICN	EA	T POP	Referència
33	<i>Darevskia armeniaca</i>	Lacertilia	13	5	148		3,95	2,04	0,786	0,558	LC	NA	E	(Tarkhnishvili et al., 2017; Girnyk et al., 2018)
34	<i>Darevskia dahli</i>	Lacertilia	1	5	78		6,00		0,710	0,550	NT	NA	M	(Tarkhnishvili et al., 2017)
35	<i>Darevskia mixta</i>	Lacertilia	1	5	29		10,00		0,660	0,820	NT	NA	M	(Tarkhnishvili et al., 2017)
36	<i>Darevskia portschinskii</i>	Lacertilia	1	5	81		12,40		0,740	0,850	LC	NA	M	(Tarkhnishvili et al., 2017)
37	<i>Darevskia raddei nairensis</i>	Lacertilia	6	3	45					0,507	LC	NA	E	(Omelchenko et al., 2016)
38	<i>Darevskia raddeiraddei</i>	Lacertilia	7	3	20					0,434	LC	NA	E	(Omelchenko et al., 2016)
39	<i>Darevskia valentini</i>	Lacertilia	9	4	78		5,67	2,25	0,676	0,631	LC	NA	E	(Tarkhnishvili et al., 2017; Girnyk et al., 2018) (Omelchenko et al., 2016)
40	<i>Delma impar</i>	Serpentes	3	8	103		9,75	6,74	0,650	0,690	EN	A	M	(Maldonado et al., 2012)
41	<i>Egernia stokesii</i>	Lacertilia	3	11	66		9,97	5,87	0,770	0,787	LC	NA	M	(Pearson et al., 2018)
42	<i>Emydocephalus annulatus</i>	Serpentes	7	11	171		13,50	3,90	0,725	0,795	LC	NA	M	(Lukoschek, 2018a; 2018b)
43	<i>Enhydryis chinensis</i>	Serpentes	1	8	47		6,13		0,710	0,711	LC	NA	C	(Du et al., 2014a)
44	<i>Enhydryis plumbea</i>	Serpentes	1	8	120		4,88		0,410	0,470	LC	NA	E	(Du et al., 2014b)
45	<i>Eulamprus leuraensis</i>	Lacertilia	13	7	241		17,86	5,31	0,680	0,700	EN	A	M	(Dubey & Shine, 2010)
46	<i>Gallotia bravoana</i>	Lacertilia	3	11	99		3,60	3,60	0,107	0,125	CR	A	C	(Gonzalez et al., 2014)
47	<i>Gehyra variegata</i>	Lacertilia	15	13	1129		19,14	7,74	0,740	0,820	LC	NA	E	(Hoehn et al., 2007; Duckett & Stow, 2010; 2013)
48	<i>Gloydium brevicaudus</i>	Serpentes	1	8	12	9,09	12,00		0,854	0,916	LC	NA	E	(Ma et al., 2013)
49	<i>Gongylomorphus bojerii</i>	Lacertilia	2	15	97		9,37	8,63	0,701	0,780	CR	A	E	(Michaelides et al., 2015)
50	<i>Hesperoedura reticulata</i>	Lacertilia	12	9	345			9,67		0,790	LC	NA	E	(Hoehn et al., 2007)
51	<i>Heterodon platirhinos</i>	Serpentes	1	14	27		5,80		0,552	0,634	LC	NA	E	(Xuereb et al., 2014)
52	<i>Hoplocephalus bungaroides</i>	Serpentes	3	13	59		9,08		0,686	0,788	VU	A	D	(Hogg et al., 2018)
53	<i>Iberolacerta monticola</i>	Lacertilia	17	10	316		6,17		0,670	0,713	VU	A	M	(Remón et al., 2013)
54	<i>Iguana delicatissima</i>	Lacertilia	2	16	254	1,15	2,00		0,051	0,057	CR	A	M	(Van Den Burg et al., 2018)
55	<i>Intelligamalesueurii</i>	Lacertilia	10	13	570	3,49	6,23	6,23	0,554	0,613	LC	NA	E	(Littleford-Colquhoun et al., 2017)
56	<i>Lacerta agilis</i>	Lacertilia	30	8	360		6,61	6,00	0,574	0,610	LC	NA	M	(Gullberg et al., 1998; Beebe & Rowe, 2001; Henle et al., 2017)
57	<i>Lacerta schreiber</i>	Lacertilia	19	16	374		4,21			0,457	NT	NA	M	(Godinho et al., 2008)
58	<i>Lacerta viridis viridis</i>	Lacertilia	7	12	84		6,92		0,578	0,619	LC	NA	M	(Böhme et al., 2005; 2007)
59	<i>Laticauda saintgironsi</i>	Serpentes	9	10	302			7,36		0,797	LC	NA	E	(Bech et al., 2016)
60	<i>Leiolepis reevesii</i>	Lacertilia	2	25	34		7,70		0,524	0,694	LC	NA	E	(Hua et al., 2012)
61	<i>Montivipera raddei</i>	Serpentes	4	7	63		6,89	5,98	0,683	0,760	NT	NA	M	(Ettling & Parker, 2017)
62	<i>Naja atra</i>	Serpentes	1	12	262		11,42	8,16	0,485	0,768	VU	A	M	(Lin et al., 2012)
63	<i>Natrix natrix astreptophora</i>	Serpentes	1	13	28		8,08	2,42	0,500	0,570	LC	NA	SE	(Pokrant et al., 2016)
64	<i>Natrix natrix helvetica</i>	Serpentes	2	10	127		6,70	2,51	0,520	0,595	LC	NA	SE	(Pokrant et al., 2016)
65	<i>Nerodia erythrogaster transversa</i>	Serpentes	3	5	32		7,27		0,570	0,790	LC	NA	E	(Rodriguez et al., 2012)
66	<i>Nerodia harteri harteri</i>	Serpentes	2	5	32		3,30		0,410	0,460	NT	NA	E	(Rodriguez et al., 2012)
67	<i>Nerodia harteri paucimaculata</i>	Serpentes	2	5	64		3,60		0,360	0,430	NT	NA	E	(Rodriguez et al., 2012)

Nº	Espècie	Subordre	N POP	NL	NI	NEA	NA	RA	H <sub>O</sub>	H <sub>E</sub>	UICN	EA	T POP	Referència
68	<i>Oligosoma microlepis</i>	Lacertilia	1	4	125						EN	A	M	(Nelson-Tunley et al., 2016)
69	<i>Oligosoma whitakeri</i>	Lacertilia	3	13	51			3,83		0,559	EN	A	E	(K. A. Miller et al., 2009)
70	<i>Pantherophis vulpinus</i>	Serpentes	14	12	833		4,14	4,04		0,605	LC	NA	E	(Row et al., 2011)
71	<i>Plestiodon fasciatus</i>	Lacertilia	1	6	41		10,17		0,740	0,749	LC	NA	E	(Howes et al., 2004)
72	<i>Plestiodon egregius lividus</i>	Lacertilia	1	7	35			5,73	0,633	0,823	LC	NA	M	(Schrey et al., 2012)
73	<i>Plestiodon reynoldsi</i>	Lacertilia	6	8	543			11,09		0,463	VU	A	M	(Schrey et al., 2011; Schrey et al., 2011)
74	<i>Plestiodon skiltonianus</i>	Lacertilia	9	6		4,72				0,703	LC	NA	E	(Delaney et al., 2010)
75	<i>Podarcis erhardii</i>	Lacertilia	14	5	300	1,71	1,77	6,14		0,596	LC	NA	E	(Santonastaso et al., 2017)
76	<i>Podarcis filfolensis</i>	Lacertilia	9	11	31		10,80		0,506	0,734	LC	NA	E	(Rodríguez et al., 2014)
77	<i>Podarcis gaigeae</i>	Lacertilia	1	14	60				0,617	0,796	VU	A	D	(Psonis et al., 2018)
78	<i>Podarcis guadarramae</i>	Lacertilia	9	9	101			3,22	0,694	0,706	LC	NA	D	(Băncilă & Arntzen, 2016)
79	<i>Podarcis milensis</i>	Lacertilia	1	14	56				0,697	0,869	VU	A	E	(Psonis et al., 2018)
80	<i>Podarcis muralis</i>	Lacertilia	66	12	1379		5,50	4,73	0,620	0,656	LC	NA	E	(Schulte et al., 2012; Gassert et al., 2013; Michaelides et al., 2016)
81	<i>Podarcis tauricus ionicus</i>	Lacertilia	1	14	84				0,491	0,923	LC	NA	E	(Psonis et al., 2018)
82	<i>Podarcis tauricus tauricus</i>	Lacertilia	1	14	197				0,524	0,698	LC	NA	E	(Psonis et al., 2018)
83	<i>Python bivittatus</i>	Serpentes	5	8	109	6,20	10,80		0,786	0,826	VU	A	M	(Duan et al., 2017)
84	<i>Sceloporus occidentalis</i>	Lacertilia	10	8		7,37				0,839	LC	NA	E	(Delaney et al., 2010)
85	<i>Sceloporus woodi</i>	Lacertilia	4	6	209	4,01		8,34	0,740	0,749	NT	NA	M	(Schrey et al., 2011, Tucker et al., 2014)
86	<i>Sistrurus catenatus catenatus</i>	Serpentes	4	17	64		9,29		0,587	0,639	LC	NA	D	(Gibbs et al., 2011)
87	<i>Sistrurus catenatus edwardsi</i>	Serpentes	2	6	78		10,75	9,44	0,771	0,837	LC	NA	D	(Anderson et al., 2009)
88	<i>Sistrurus catenatus tergeminus</i>	Serpentes	3	17	46		15,35		0,645	0,820	LC	NA	D	(Gibbs et al., 2011)
89	<i>Sphenodon punctatus</i>	Sphenodontia	17	7	440		14,00	5,03		0,552	LC	NA	D	(MacAvoy et al., 2007; Miller et al., 2010)
90	<i>Uma inornata</i>	Lacertilia	15	13	259		3,11	3,11	0,586	0,561	EN	A	M	(Vandergast et al., 2016)
91	<i>Urosaurus nigricaudus</i>	Lacertilia	11	10	280		7,15		0,617	0,653	LC	NA	E	(Munguia-Vega et al., 2013)
92	<i>Uta stansburiana</i>	Lacertilia	11	8		2,68				0,511	LC	NA	E	(Delaney et al., 2010)
93	<i>Varanus komodoensis</i>	Lacertilia	5	10	117		2,98		0,382	0,388	VU	A	SE	(Ciofi et al., 1999)
94	<i>Vipera berus</i>	Serpentes	48	10	887		14,08	7,84	0,471	0,539	LC	NA	M	(Ursenbacher et al., 2015; Ursenbacher et al., 2009)
95	<i>Vipera ursinii ursinii</i>	Serpentes	11	6	157		22,91	5,07	0,484	0,501	VU	A	M	(Ferchaud et al., 2011)
96	<i>Xantusia riversiana</i>	Lacertilia	8	14	176			7,60			LC	NA	E	(O'Donnell et al., 2018)
97	<i>Xantusia riversiana reticulata</i>	Lacertilia	1	8	516		11,63		0,407	0,450	LC	NA	E	(Holmes et al., 2016)

## Referències

- Anderson, C. D., Gibbs, H. L., Douglas, M. E., & Holycross, A. T. (2009). Conservation genetics of the desert massasauga rattlesnake (*Sistrurus catenatus edwardsii*). *Copeia*, 2009(4), 740–747.
- Băncilă, R. I., & Arntzen, J. W. (2016). Isolation of lizard populations measured with molecular genetic data - *Podarcis guadarramae* in the Ria de Arosa archipelago. *Amphibia Reptilia*, 37(4), 446–449.
- Bech, N., Foucart, T., Fauvel, T., Brischoux, F., Bouchon, D., & Bonnet, X. (2016). Phenotypic variation contrasts with genetic homogeneity across scattered sea snake colonies. *Journal of Biogeography*, 43(8), 1573–1582.
- Beebee, T. J. C., & Rowe, G. (2001). A genetic assessment of british populations of the sand lizard (*Lacerta agilis*). *Herpetological Journal*, 11(1), 23–27.
- Blevins, E., Wisely, S. M., & With, K. A. (2011). Historical processes and landscape context influence genetic structure in peripheral populations of the collared lizard (*Crotaphytus collaris*). *Landscape Ecology*, 26(8), 1125–1136.
- Böhme, M. U., Berendonk, U., & Schlegel, M. (2005). Isolation of new microsatellite loci from the Green Lizard (*Lacerta viridis viridis*). *Molecular Ecology Notes*, 5(1), 45–47.
- Böhme, Manja U., Schneeweiß, N., Fritz, U., Schlegel, M., & Berendonk, T. U. (2007). Small edge populations at risk: Genetic diversity of the green lizard (*Lacerta viridis viridis*) in Germany and implications for conservation management. *Conservation Genetics*, 8(3), 555–563.
- Bushar, L. M., Reynolds, R. G., Tucker, S., Pace, L. C., Lutterschmidt, W. I., Odum, R. A., & Reinert, H. K. (2015). Genetic characterization of an invasive *Boa constrictor* population on the Caribbean Island of Aruba. *Journal of Herpetology*, 49(4), 602–610.
- Ciofi, C., Beaumont, M. A., Swingland, I. R., & Bruford, M. W. (1999). Genetic divergence and units for conservation in the Komodo dragon *Varanus komodoensis*. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 266(1435), 2269–2274.
- Clark, R. W., Brown, W. S., Stechert, R., & Zamudio, K. R. (2010). Roads, interrupted dispersal, and genetic diversity in timber rattlesnakes. *Conservation Biology*, 24(4), 1059–1069.
- Delaney, K. S., Riley, S. P. D., & Fisher, R. N. (2010). A rapid, strong, and convergent genetic response to urban habitat fragmentation in four divergent and widespread vertebrates. *PLoS ONE*, 5(9), 1–11.
- Du, Y., Zheng, X. X., Yao, Y. T., & Lin, C. X. (2014a). Isolation and characterization of microsatellite loci in the Chinese water snake *Enhydris chinensis* (Colubridae). *Conservation Genetics Resources*, 6(3), 729–730.
- Du, Y., Zheng, X. X., Yao, Y. T., & Lin, L. H. (2014b). Development of microsatellite markers in the rice paddy snake *Enhydris plumbea* (Colubridae). *Conservation Genetics Resources*, 7(1), 155–156.
- Duan, Y., Wang, Y., Bai, S., Tian, X., Rong, K., & Ma, J. (2017). Genetic diversity and population genetic structure of *Python bivittatus* in China. *Journal of Forestry Research*, 28(3), 621–628.
- Dubey, S., & Shine, R. (2010). Restricted dispersal and genetic diversity in populations of an endangered montane lizard (*Eulamprus leuraensis*, Scincidae). *Molecular Ecology*, 19(5), 886–897.

- Duckett, P. E., & Stow, A. J. (2010). Rapid isolation and characterisation of microsatellite loci from a widespread Australian gecko, the tree dtella, *Gehyra variegata*. *Conservation Genetics Resources*, 2(SUPPL.1), 349–351.
- Duckett, P. E., & Stow, A. J. (2013). Higher genetic diversity is associated with Estable water refugia for a gecko with a wide distribution in arid Australia. *Diversity and Distributions*, 19(8), 1072–1083.
- Ettling, J. A., & Parker, P. G. (2017). Genetic diversity and population structure of armenian vipers, *Montivipera raddei*, in two landscapes: Implications for conservation. *Herpetological Conservation and Biology*, 12(2), 435–446.
- Fabiani, A., Trucchi, E., Rosa, S., Marquez, C., Snell, H. L., Snell, H. M., Tapia Aguilera, W., & Gentile, G. (2011). Conservation of Galápagos land iguanas: Genetic monitoring and predictions of a long-term program on the island of Santa Cruz. *Animal Conservation*, 14(4), 419–429.
- Feldheim, K. A., Chauke, L. F., Hopkins, K. P., & Tolley, K. A. (2010). Characterization of microsatellite loci from a South African endemic, the cape Dwarf chameleon (*Bradypodion pumilum*). *Conservation Genetics Resources*, 2(SUPPL.1), 165–168.
- Feldheim, K. A., da Silva, J. M., & Tolley, K. A. (2012). Isolation of novel microsatellite loci in dwarf chameleons from KwaZulu-Natal province, South Africa and their cross-amplification in other *Bradypodion* species. *Conservation Genetics Resources*, 4(1), 205–211.
- Ferchaud, A. L., Lyet, A., Cheylan, M., Arnal, V., Baron, J. P., Montgelard, C., & Ursenbacher, S. (2011). High genetic differentiation among french populations of the orsini's viper (*Vipera ursinii ursinii*) based on mitochondrial and microsatellite data: Implications for conservation management. *Journal of Heredity*, 102(1), 67–78.
- Gassert, F., Schulte, U., Husemann, M., Ulrich, W., Rödder, D., Hochkirch, A., Engel, E., Meyer, J., & Habel, J. C. (2013). From southern refugia to the northern range margin: Genetic population structure of the common wall lizard, *Podarcis muralis*. *Journal of Biogeography*, 40(8), 1475–1489.
- Gibbs, H. L., Murphy, M., & Chiucchi, J. E. (2011). Genetic identity of endangered massasauga rattlesnakes (*Sistrurus* sp.) in Missouri. *Conservation Genetics*, 12(2), 433–439.
- Girnyk, A. E., Vergun, A. A., Semyenova, S. K., Guliaev, A. S., Arakelyan, M. S., Danielyan, F. D., Martirosyan, I. A., Murphy, R. W., & Ryskov, A. P. (2018). Multiple interspecific hybridization and microsatellite mutations provide clonal diversity in the parthenogenetic rock lizard *Darevskia armeniaca*. *BMC Genomics*, 19(1), 1–12.
- Godinho, R., Crespo, E. G., & Ferrand, N. (2008). The limits of mtDNA phylogeography: Complex patterns of population history in a highly structured Iberian lizard are only revealed by the use of nuclear markers. *Molecular Ecology*, 17(21), 4670–4683.
- Gonzalez, E. G., Cerón-Souza, I., Mateo, J. A., & Zardoya, R. (2014). Island survivors: Population genetic structure and demography of the critically endangered giant lizard of La Gomera, *Gallotia bravoana*. *BMC Genetics*, 15(1).
- Gullberg, A., Olsson, M., & Tegelström, H. (1998). Colonization, genetic diversity, and evolution in the Swedish sand lizard, *Lacerta agilis* (Reptilia, Squamata). *Biological Journal of the Linnean Society*, 65(3), 257–277.
- Harradine, E., How, R. A., Schmitt, L. H., & Spencer, P. B. S. (2015a). Island size and remoteness have major conservation significance for how spatial diversity is

- partitioned in skinks. *Biodiversity and Conservation*, 24(8), 2011–2029.
- Harradine, E. L., Andrew, M. E., Thomas, J. W., How, R. A., Schmitt, L. H., & Spencer, P. B. S. (2015b). Importance of dispersal routes that minimize open-ocean movement to the genetic structure of island populations. *Conservation Biology*, 29(6), 1704–1714.
- Henle, K., Andres, C., Bernhard, D., Grimm, A., Stoev, P., Tzankov, N., & Schlegel, M. (2017). Are species genetically more sensitive to habitat fragmentation on the periphery of their range compared to the core? A case study on the sand lizard (*Lacerta agilis*). *Landscape Ecology*, 32(1), 131–145.
- Hoehn, M., Sarre, S. D., & Henle, K. (2007). The tales of two geckos: Does dispersal prevent extinction in recently fragmented populations? *Molecular Ecology*, 16(16), 3299–3312.
- Hogg, C. J., Dennison, S., Frankham, G. J., Hinds, M., & Johnson, R. N. (2018). Stopping the spin cycle: genetics and bio-banking as a tool for addressing the laundering of illegally caught wildlife as ‘captive-bred.’ *Conservation Genetics Resources*, 10(2), 237–246.
- Holmes, I. A., Mautz, W. J., & Davis Rabosky, A. R. (2016). Historical environment is reflected in modern population genetics and biogeography of an island endemic lizard (*Xantusia riversiana reticulata*). *PLoS ONE*, 11(11), 1–18.
- Howes, B. J., Lee-Yaw, J. A., Robertson, A. V., Bogart, J. P., & Loughheed, S. C. (2004). Microsatellite loci from the five-lined skink (*Eumeces fasciatus*). *Molecular Ecology Notes*, 4(2), 237–238.
- Hua, L., Mao, L. X., Chen, C., Gao, J. F., & Lin, L. H. (2012). Isolation and characterization of microsatellite loci in the Reeves’s butterfly lizard *Leiolepis reevesii* (Agamidae). *Conservation Genetics Resources*, 4(3), 791–794.
- Hutchison, D. W., Strasburg, J. L., Brisson, J. A., & Cummings, S. (2004). Isolation and characterization of 11 polymorphic microsatellite loci in collared lizards (*Crotaphytus collaris*). *Molecular Ecology Notes*, 4(4), 554–556.
- Johansson, H., Surget-Groba, Y., Gow, J. L., & Thorpe, R. S. (2008). Development of microsatellite markers in the St Lucia anole, *Anolis luciae*. *Molecular Ecology Resources*, 8(6), 1408–1410.
- Krawiec, J., Krauss, S. L., Davis, R. A., & Spencer, P. B. S. (2015). Weak genetic structuring suggests historically high genetic connectivity among recently fragmented urban populations of the scincid lizard, *Ctenotus fallens*. *Australian Journal of Zoology*, 63(4), 279–286.
- Lin, L. H., Qu, Y. F., Li, H., Zhou, K. Y., & Ji, X. (2012). Genetic structure and demographic history should inform conservation: Chinese cobras currently treated as homogenous show population divergence. *PLoS ONE*, 7(4).
- Littleford-Colquhoun, B. L., Clemente, C., Whiting, M. J., Ortiz-Barrientos, D., & Frère, C. H. (2017). Archipelagos of the Anthropocene: rapid and extensive differentiation of native terrestrial vertebrates in a single metropolis. *Molecular Ecology*, 26(9), 2466–2481.
- Lukoschek, V. (2018a). Congruent phylogeographic patterns in a young radiation of live-bearing marine snakes: Pleistocene vicariance and the conservation implications of cryptic genetic diversity. *Diversity and Distributions*, 24(3), 325–340.
- Lukoschek, V. (2018b). Population declines, genetic bottlenecks and potential hybridization in sea snakes on Australia’s Timor Sea reefs. *Biological Conservation*, 225(December 2017), 66–79.

- Lv, X. H., Zhao, S. Z., Zheng, X. X., & Lin, L. H. (2014). Isolation and characterization of microsatellite loci in the dog-faced water snake *Cerberus rynchops* (Colubridae). *Conservation Genetics Resources*, 7(1), 233–234.
- Ma, L., Tong, Q. L., Chen, C., Pan, Y. D., & Lin, L. H. (2013). Isolation and characterization of microsatellite loci in the short-tailed pit viper *Gloydius brevicaudus* (Viperidae). *Conservation Genetics Resources*, 5(4), 1141–1142.
- MacAvoy, E. S., McGibbon, L. M., Sainsbury, J. P., Lawrence, H., Wilson, C. A., Daugherty, C. H., & Chambers, G. K. (2007). Genetic variation in island populations of tuatara (*Sphenodon* spp) inferred from microsatellite markers. *Conservation Genetics*, 8(2), 305–318.
- Maldonado, S. P., Melville, J., Peterson, G. N. L., & Sumner, J. (2012). Human-induced versus historical habitat shifts: Identifying the processes that shaped the genetic structure of the threatened grassland legless lizard, *Delma impar*. *Conservation Genetics*, 13(5), 1329–1342.
- Malone, C. L., Knapp, C. R., Taylor, J. F., & Davis, S. K. (2003). Genetic consequences of Pleistocene fragmentation: Isolation, drift, and loss of diversity in rock iguanas (*Cyclura*). *Conservation Genetics*, 4(1), 1–15.
- Michaelides, S., Cole, N., & Funk, S. M. (2015). Translocation retains genetic diversity of a threatened endemic reptile in Mauritius. *Conservation Genetics*, 16(3), 661–672.
- Michaelides, S. N., While, G. M., Zajac, N., Aubret, F., Calsbeek, B., Sacchi, R., Zuffi, M. A. L., & Uller, T. (2016). Loss of genetic diversity and increased embryonic mortality in non-native lizard populations. *Molecular Ecology*, 25(17), 4113–4125.
- Miller, H. C., Allendorf, F., & Daugherty, C. H. (2010). Genetic diversity and differentiation at MHC genes in island populations of tuatara (*Sphenodon* spp.). *Molecular Ecology*, 19(18), 3894–3908.
- Miller, K. A., Chapple, D. G., Towns, D. R., Ritchie, P. A., & Nelson, N. J. (2009). Assessing genetic diversity for conservation management: A case study of a threatened reptile. *Animal Conservation*, 12(2), 163–171.
- Mitchell, A. A., Lau, J., Chemnick, L. G., Thompson, E. A., Alberts, A. C., Ryder, O. A., & Gerber, G. P. (2011). Using microsatellite diversity in wild Anegada iguanas (*Cyclura pinguis*) to establish relatedness in a captive breeding group of this critically endangered species. *Conservation Genetics*, 12(3), 771–781.
- Munguia-Vega, A., Rodriguez-Estrella, R., Shaw, W. W., & Culver, M. (2013). Localized extinction of an arboreal desert lizard caused by habitat fragmentation. *Biological Conservation*, 157, 11–20.
- Nelson-Tunley, M., Morgan-Richards, M., & Trewick, S. A. (2016). Genetic diversity and gene flow in a rare New Zealand skink despite fragmented habitat in a volcanic landscape. *Biological Journal of the Linnean Society*, 119(1), 37–51.
- O'Donnell, R. P., Drost, C. A., Fellers, G. M., Crabb, B. A., & Mock, K. E. (2018). Rare long-distance dispersal of the Island Night Lizard, *Xantusia riversiana*, maintains high diversity in a fragmented environment. *Conservation Genetics*, 19(4), 803–814.
- Omelchenko, A. V., Girnyk, A. E., Osipov, F. A., Vergun, A. A., Petrosyan, V. G., Danielyan, F. D., Arakelyan, M. S., & Ryskov, A. P. (2016). Genetic differentiation among natural populations of the lizard complex *Darevskia raddei* as inferred from genome microsatellite marking. *Russian Journal of Genetics*, 52(2), 231–235.
- Oyler-McCance, S. J., & Parker, J. M. (2010). A population genetic analysis of the midget faded rattlesnake in Wyoming. *Conservation Genetics*, 11(5), 1623–1629.

- Pearson, S. K., Bull, C. M., & Gardner, M. G. (2018). Selection outweighs drift at a fine scale: Lack of MHC differentiation within a family living lizard across geographically close but disconnected rocky outcrops. *Molecular Ecology*, *27*(9), 2204–2214.
- Pernetta, A. P., Allen, J. A., Beebee, T. J. C., & Reading, C. J. (2011). Fine-scale population genetic structure and sex-biased dispersal in the smooth snake (*Coronella austriaca*) in southern England. *Heredity*, *107*(3), 231–238.
- Pokrant, F., Kindler, C., Ivanov, M., Cheylan, M., Geniez, P., Böhme, W., & Fritz, U. (2016). Integrative taxonomy provides evidence for the species status of the Ibero-Maghrebian grass snake *Natrix astreptophora*. *Biological Journal of the Linnean Society*, *118*(4), 873–888.
- Psonis, N., Antoniou, A., Karameta, E., Leaché, A. D., Kotsakiozi, P., Darriba, D., Kozlov, A., Stamatakis, A., Poursanidis, D., Kukushkin, O., Jablonski, D., Crnobrnja-Isailović, J., Gherghel, I., Lymberakis, P., & Poulakakis, N. (2018). Resolving complex phylogeographic patterns in the Balkan Peninsula using closely related wall-lizard species as a model system. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *125*(March), 100–115.
- Ragsdale, A. K., Frederick, B. M., Dukes, D. W., Liebl, A. L., Ashton, K. G., McCoy, E. D., Mushinsky, H. R., & Schrey, A. W. (2016). Fire increases genetic diversity of populations of six-lined racerunner. *Journal of Heredity*, *107*(7), 654–659.
- Remón, N., Galán, P., Vila, M., Arribas, O., & Naveira, H. (2013). Causes and evolutionary consequences of population subdivision of an iberian mountain lizard, *Iberolacerta monticola*. *PLoS ONE*, *8*(6).
- Richmond, J. Q., Wood, D. A., Swaim, K. E., Fisher, R. N., & Vandergast, A. G. (2016). Historical habitat barriers prevent ring-like genetic continuity throughout the distribution of threatened alameda striped racers (*Coluber lateralis euryxanthus*). *Herpetologica*, August.
- Rodriguez, D., Forstner, M. R. J., McBride, D. L., Densmore, L. D., & Dixon, J. R. (2012). Low genetic diversity and evidence of population structure among subspecies of *Nerodia harteri*, a threatened water snake endemic to Texas. *Conservation Genetics*, *13*(4), 977–986.
- Rodríguez, V., Brown, R. P., Terrasa, B., Pérez-Mellado, V., Picornell, A., Castro, J. A., & Ramon, C. (2014). Genetic diversity and historical biogeography of the Maltese wall lizard, *Podarcis filfolensis* (Squamata: Lacertidae). *Conservation Genetics*, *15*(2), 295–304.
- Rosas, K. G., Pérez-Buitrago, N., Acevedo, J. P., Martínez, N., Funk, S. M., & Mcmillan, W. O. (2008). Development and characterization of 11 microsatellite loci for the Mona Island iguana (*Cyclura cornuta stejnegeri*). *Molecular Ecology Resources*, *8*:825-7
- Row, J. R., Brooks, R. J., MacKinnon, C. A., Lawson, A., Crother, B. I., White, M., & Lougheed, S. C. (2011). Approximate Bayesian computation reveals the factors that influence genetic diversity and population structure of foxsnakes. *Journal of Evolutionary Biology*, *24*(11), 2364–2377.
- Santonastaso, T., Lighten, J., van Oosterhout, C., Jones, K. L., Fofopoulos, J., & Anthony, N. M. (2017). The effects of historical fragmentation on major histocompatibility complex class II  $\beta$  and microsatellite variation in the Aegean island reptile, *Podarcis erhardii*. *Ecology and Evolution*, *7*(13), 4568–4581.
- Schrey, A. W., Ashton, K. G., Heath, S., McCoy, E. D., & Mushinsky, H. R. (2011). Fire alters patterns of genetic diversity among 3 lizard species in Florida scrub habitat. *Journal of Heredity*, *102*(4), 399–408.



- Schrey, A. W., Ashton, K. G., Heath, S., Mushinsky, H. R., & McCoy, E. D. (2012). Range-wide genetic analysis of the threatened bluetail mole skink identifies similar genetic structure with sympatric lizards. *Journal of Herpetology*, *46*(2), 241–247.
- Schrey, A. W., Fox, A. M., Mushinsky, H. R., & McCoy, E. D. (2011). Fire increases variance in genetic characteristics of Florida Sand Skink (*Plestiodon reynoldsi*) local populations. *Molecular Ecology*, *20*(1), 56–66.
- Schulte, U., Veith, M., & Hochkirch, A. (2012). Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (*Podarcis muralis*) through extensive hybridization with introduced lineages. *Molecular Ecology*, *21*(17), 4313–4326.
- Smith, S. M., & Stow, A. J. (2008). Isolation and characterization of microsatellite loci from the coppertail skink (*Ctenotus taeniolatus*). *Molecular Ecology Resources*, *8*(4), 923–925.
- Stewart, E. C., Pasachnik, S. A., Montgomery, C. E., & Hudman, S. P. (2012). Characterization of 22 polymorphic microsatellite loci for the black-chested spiny-tailed iguanas (*Ctenosaura melanosterna*) and cross-amplification success in four other *Ctenosaura* species. *Conservation Genetics Resources*, *4*(1), 47–50.
- Suárez-Atilano, M., Burbrink, F., & Vázquez-Domínguez, E. (2014). Phylogeographical structure within *Boa constrictor imperator* across the lowlands and mountains of Central America and Mexico. *Journal of Biogeography*, *41*(12), 2371–2384.
- Sumner, J., Jessop, T., Paetkau, D., & Moritz, C. (2004). Limited effect of anthropogenic habitat fragmentation on molecular diversity in a rain forest skink, *Gnypetoscincus queenslandiae*. *Molecular Ecology*, *13*(2), 259–269.
- Sunny, A., Monroy-Vilchis, O., Zarco-González, M. M., Mendoza-Martínez, G. D., & Martínez-Gómez, D. (2015). Genetic diversity and genetic structure of an endemic Mexican Dusky Rattlesnake (*Crotalus triseriatus*) in a highly modified agricultural landscape: implications for conservation. *Genetica*, *143*(6), 705–716.
- Sunny, A., Monroy-Vilchis, O., & Zarco-González, M. M. (2018). Genetic diversity and structure of *Crotalus triseriatus*, a rattlesnake of central Mexico. *Journal of Genetics*, *97*(5), 1119–1130.
- Tarkhishvili, D., Murtskhvaladze, M., & Anderson, C. L. (2017). Coincidence of genotypes at two loci in two parthenogenetic rock lizards: How backcrosses might trigger adaptive speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, *121*(2), 1–14.
- Tucker, D. B., McBrayer, L. D., & Harrison, J. S. (2014). Population structure of florida scrub lizards (*Sceloporus woodi*) in an anthropogenically fragmented forest. *Herpetologica*, *70*(3), 266–278.
- Tzika, A. C., Rosa, S. F. P., Fabiani, A., Snell, H. L., Snell, H. M., Marquez, C., Tapia, W., Rassmann, K., Gentile, G., & Milinkovitch, M. C. (2008). Population genetics of Galápagos land iguana (genus *Conolophus*) remnant populations. *Molecular Ecology*, *17*(23), 4943–4952.
- Ursenbacher, S., Monney, J. C., & Fumagalli, L. (2009). Limited genetic diversity and high differentiation among the remnant adder (*Vipera berus*) populations in the Swiss and French Jura Mountains. *Conservation Genetics*, *10*(2), 303–315.
- Ursenbacher, S., Guillon, M., Cubizolle, H., Dupoué, A., Blouin-Demers, G., & Lourdais, O. (2015). Postglacial recolonization in a cold climate specialist in western Europe: Patterns of genetic diversity in the adder (*Vipera berus*) support the central-marginal hypothesis. *Molecular Ecology*, *24*(14), 3639–3651.
- Van Den Burg, M. P., Meirmans, P. G., Van Wagensveld, T. P., Kluskens, B., Madden, H., Welch, M. E., & Breeuwer, J. A. J. (2018). The lesser antillean iguana (*Iguana*

- delicatissima*) on St. Eustatius: Genetically depauperate and threatened by ongoing hybridization. *Journal of Heredity*, 109(4), 426–437.
- Vandergast, A. G., Wood, D. A., Thompson, A. R., Fisher, M., Barrows, C. W., & Grant, T. J. (2016). Drifting to oblivion? Rapid genetic differentiation in an endangered lizard following habitat fragmentation and drought. *Diversity and Distributions*, 22(3), 344–357.
- Welch, M. E., Colosimo, G., Pasachnik, S. A., Malone, C. L., Hilton, J., Long, J., Getz, A. H., Alberts, A. C., & Gerber, G. P. (2017). Molecular variation and population structure in critically endangered Turks and Caicos Rock Iguanas: identifying intraspecific conservation units and revising subspecific taxonomy. *Conservation Genetics*, 18(2), 479–493.
- Xuereb, A. T. J., Austin, J. D., & Loughheed, S. C. (2014). New microsatellite loci for the threatened eastern hog-nosed snake (*Heterodon platirhinos*) in Ontario, Canada. *Conservation Genetics Resources*, 6(1), 69–71.