

Evolução e filogeografia do complexo de espécies *Acanthodactylus scutellatus* no Norte de África

SARA LOPES^{1,2}, GUILLERMO VELO-ANTÓN¹, VANESSA O. LIMA¹, PAULO PEREIRA¹, KARIN TAMAR³, SALVADOR CARRANZA³,
PIERRE-ANDRÉ CROCHET⁴, RAQUEL GODINHO^{1,2}, JOSÉ C. BRITO^{1,2}

¹CIBIO/InBIO, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos da Universidade do Porto. R. Padre Armando Quintas, 4485-661 Vairão, Portugal.

²Departamento de Biologia da Faculdade de Ciências da Universidade do Porto. Rua Campo Alegre, 4169-007 Porto, Portugal.

³Institute of Evolutionary Biology (CSIC-Universitat Pompeu Fabra). Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49, 08003 Barcelona, Spain.

⁴Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS-UMR 5175. Route de Mende 1919, 34293 Montpellier-cedex 5, France.

Eventos geológicos e paleoclimáticos são duas forças essenciais que atuam sobre os processos evolutivos na natureza. Estes são fenómenos pouco estudados no Norte de África, apesar da sua grande diversidade de habitats, paisagens heterogéneas, e histórias climáticas e geológicas complexas. Os padrões atuais de biodiversidade do Sahara e do adjacente Sahel provavelmente resultaram de oscilações fortes no clima e paisagem. O complexo de espécies *Acanthodactylus scutellatus* inclui importantes elementos da herpetofauna de ecossistemas áridos no Norte de África, e bem adaptados a condições xéricas. Apesar da sua notável diversidade, a taxonomia dentro do complexo é controversa, e com a exceção de dados morfológicos, pouco é sabido acerca destes organismos. Observações de indivíduos com morfologia intermédia em áreas de simpatria sugerem hibridação entre estas taxa. Este estudo pretende: 1) inferir relações filogenéticas dentro deste grupo e identificar as linhagens principais; 2) compreender os padrões filogeográficos das linhagens do Nordeste de África; 3) inferir o fluxo génico contemporâneo numa zona de contacto na Mauritânia. As análises filogenéticas e filogeográficas basearam-se em cerca de 450 indivíduos sequenciados para ambos os genes mitocondriais 12S e Cyt-b (756 total bp) e para o gene nuclear C-mos (513 total bp). Cerca de 210 indivíduos da zona de contacto foram genotipados para 17 microssatélites. Os nossos resultados preliminares mostram que as linhagens principais recuperadas não coincidem com a sistemática atual, sugerindo que taxonomia e sistemática necessitam de revisão. A estrutura genética encontrada é geograficamente coerente e possivelmente explicada pelas oscilações passadas no clima e extensão do deserto. As análises de genotipagem confirmaram as linhagens históricas encontradas e mostram ausência de fluxo génico entre elas, não sendo detetados híbridos apesar da grande amostragem e vasta cobertura geográfica. A falta de fluxo de genes observado levanta questões acerca do potencial papel de barreiras reprodutivas e seleção do habitat na prevenção de hibridação. As ferramentas moleculares aplicadas permitiram maior compreensão sobre os limites definindo as espécies, relações evolutivas, história e diversidade dentro deste grupo, para além de contribuir para o conhecimento sobre fluxo de genes no Sahara-Sahel.

Evolution and phylogeography of the *Acanthodactylus scutellatus* species complex in North Africa

Geological and paleoclimatic events are two main forces driving evolutionary processes in nature. These are poorly studied phenomena in North Africa, despite its great diversity of habitats, heterogeneous landscapes, and complex climatic and geological histories. Modern biodiversity patterns of the Sahara and the adjacent arid Sahel likely resulted from strong oscillations in climate and land-cover. *Acanthodactylus scutellatus* species complex comprises important elements of the herpetofauna of arid ecosystems in North Africa, and well adapted to xeric conditions. Despite their remarkable diversity, the taxonomy within the complex is controversial, and with the exception of morphological data, little is known about these organisms. Observations of morphologically intermediate individuals in sympatry areas suggested hybridization between taxa. The present study aims to: 1) infer phylogenetic relationships within this group and identify major lineages; 2) understand the phylogeographic patterns of north-western African lineages; 3) infer contemporary gene flow in a contact zone in Mauritania. Phylogenetic and phylogeographic analyses were based on about 450 specimens that were sequenced for both 12S and Cyt-b mitochondrial genes (756 total bp), and for the C-mos nuclear gene (513 total bp). About 210 individuals of the contact zone were genotyped for 17 microsatellites. Our preliminary results show that recovered major lineages do not match with current systematics, suggesting that taxonomy and systematics need revision. The genetic structure found is geographically coherent and it is likely explained by past oscillations in climate and desert extent. Genotyping analyses confirmed the historical lineages found in the studied contact zone and show absence of gene flow between them, with no hybrids detected despite the large sampling and broad geographic coverage. Lack of observed gene flow raises questions about the putative role of reproductive barriers and habitat selection in preventing admixture. Finally, the molecular tools applied allowed for insights on the species boundaries, relationships, history and diversity of this group, in addition to contributing to the knowledge about gene flow in the Sahara-Sahel.

Acanthodactylus scutellatus, North Africa, phylogeny, phylogeography, gene flow.