



<http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.3683.4.3>

<http://zoobank.org/urn:lsid:zoobank.org:pub:014B4CEE-EF18-4CE5-930E-4E46DCE5118E>

A small, new gerbil-mouse *Eligmodontia* (Rodentia: Cricetidae) from dunes at the coasts and deserts of north-central Chile: molecular, chromosomic, and morphological analyses

ANGEL E. SPOTORNO^{1,5}, CARLOS ZULETA R.², LAURA I. WALKER¹,
GERMAN MANRIQUEZ S.¹, PABLO VALLADARES F.³ & JUAN C. MARIN⁴

¹Laboratorio de Citogenética Evolutiva, Programa de Genética Humana, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile

²Laboratorio de Ecología de Vertebrados, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, Casilla 599, La Serena, Chile

³Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Tarapacá, Velásquez 1775, Arica, Chile.

⁴Laboratorio de Genómica y Biodiversidad. Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío, Campus Fernando May. Av. Andrés Bello s/n, Chillán, Chile

⁵Corresponding author. E-mail. aspotorn@med.uchile.cl

Abstract

A small, new species of gerbil rodents of the genus *Eligmodontia* from the southwestern dunes of the Atacama Desert in northern Chile is described; the genus had not been reported for this western lowland region. Our description is based on cytogenetic and molecular data, as well as cranial and external morphology. In order to support this hypothesis, we studied 27 specimens captured in Playa Los Choros (Coquimbo) and Copiapó (Atacama), comparing them with samples of all the extant species of the genus. Nineteen individuals consistently showed 2N=50, FN=48, with telocentric chromosomes and G-bands identical to those of the geographically northeastern *E. hirtipes*; these two groups were geographically separated by *E. puerulus* (2N=34, FN=48). The phylogenetic analysis of 56 *Eligmodontia* cytochrome-*b* gene sequences yielded a maximum-likelihood phylogenetic tree where the new species formed a divergent and well-supported clade within the genus, which was also confirmed by unweighted parsimony, minimum evolution, and Bayesian analyses. The new species has K2P genetic distances of 12.8% from the geographically distant *E. hirtipes*, and 10.3% from *E. puerulus*. Axes 1 and 2 of Principal Component Analysis based on 12 body and skull measurements clearly separated the new species, the latter having a smaller head+body length (70.6±3.4 mm, n=17) and lower weight (11.9±1.9 g, n=20). We provide strong evidence to recognize a distinct new western lineage within *Eligmodontia* genus, *Eligmodontia dunaris* **sp. nov.**, for which we give a complete taxonomic description and a hypothetical biogeographic scenario. The new species should be considered endangered, due to its level of endemism, its low population numbers (which can be occasionally increased after a blooming desert) and its fragile dry habitat patchily distributed near the Atacama Desert.

Key words: Phyllotini, silky mouse, Atacama Desert, small size, blooming desert, hotspot, endangered

Resumen

Se describe una nueva especie de roedor gerbilo del género *Eligmodontia* en las dunas al suroeste del desierto de Atacama en el norte de Chile; el género no ha sido reportado para esta región oeste de tierras bajas. Nuestra descripción está basada en datos citogenéticos y moleculares, así como en morfología craneana y externa. Para apoyar esta hipótesis, estudiamos 27 especímenes capturados en Playa Los Choros (Coquimbo) y Copiapó (Atacama), comparándolos con muestras de todas las especies existentes del género. Diez y nueve individuos consistentemente mostraron 2N=50, FN=48, con cromosomas telocéntricos y patrones de bandas G idénticos a aquéllos de la geográficamente noreste *E. hirtipes*; estos dos grupos estaban geográficamente separados por *E. puerulus* (2N = 34, FN= 48). El análisis filogenético de 56 secuencias del gen citocromo b de *Eligmodontia* resultó en un árbol filogenético de máxima verosimilitud donde la nueva especie formó un clado divergente y bien robusto dentro del género; un grupo similar se obtuvo en los análisis de parsimonia sin pesaje, evolución mínima y Bayesiano. La nueva especie tiene distancias genéticas K2P de 12.8% con la geográficamente distante